

**Produktname: ADAMTS-7 Kaninchen-polyklonaler Antikörper****Katalog-Nr.: APRab06602**

Nur für Forschungszwecke.

**Zusammenfassung**

<b>Beschreibung</b>	polyklonaler Kaninchenantikörper
<b>Host</b>	Kaninchen
<b>Anwendung</b>	IHC, ICC/IF, ELISA
<b>Reaktivität</b>	Mensch, Ratte, Maus
<b>Konjugation</b>	Unkonjugiert
<b>Modifikation</b>	Unverändert
<b>Isotyp</b>	IgG
<b>Klonalität</b>	Polyklonal
<b>Form</b>	Flüssig
<b>Konzentration</b>	1 mg/ml
<b>Lagerung</b>	Aliquotieren und bei -20°C lagern (12 Monate haltbar). Frost/Tau-Zyklen vermeiden.
<b>Versand</b>	Eisbeutel
<b>Puffer</b>	Flüssigkeit in PBS mit 50 % Glycerin, 0,5 % Schutzprotein und 0,02 % Konservierungsmittel vom neuen Typ N.
<b>Aufreinigung</b>	Affinitätsreinigung

**Anwendung**

**Verdünnungsverhältnis** IHC 1:100-1:300, ICC/IF 1:50-1:200, ELISA 1:20000-1:40000

**tnis**

**Molekulargewicht**

**Antigen-Informationen**

<b>Genname</b>	ADAMTS7
<b>Alternative Namen</b>	ADAMTS7; A disintegrin and metalloproteinase with thrombospondin motifs 7; ADAM-TS 7; ADAM-TS7; ADAMTS-7; COMPase
<b>Gen-ID</b>	11173.0
<b>SwissProt ID</b>	Q9UKP4
<b>Immunogen</b>	Synthetisiertes Peptid, abgeleitet von ADAMTS-7, Aminosäurebereich: 150-230

**Hintergrund**

Das von diesem Gen kodierte Protein gehört zur ADAMTS-Familie (A Disintegrin and Metalloproteinase with Thrombospondin Motifs). Mitglieder dieser Familie weisen mehrere unterschiedliche Proteinmodule auf, darunter eine Propeptidregion, eine Metalloproteinase-Domäne, eine Disintegrin-ähnliche Domäne und ein Thrombospondin-Typ-1-Motiv (TS). Die einzelnen Mitglieder dieser Familie unterscheiden sich in der Anzahl der C-terminalen TS-Motive, und einige besitzen einzigartige C-terminale Domänen. Das kodierte Präproprotein wird proteolytisch prozessiert, um das reife Enzym zu generieren. Dieses Enzym enthält zwei C-terminale TS-Motive und reguliert möglicherweise die Migration vaskulärer glatter Muskelzellen (VSMC). Mutationen in diesem Gen können mit einer erhöhten Anfälligkeit für koronare Herzkrankheit assoziiert sein. [bereitgestellt von RefSeq, Feb. 2016], Cofaktor: Bindet 1 Zinkion pro Untereinheit, Domäne: Das konservierte Cystein im Cystein-Switch-Motiv bindet das katalytische Zinkion und hemmt dadurch das Enzym. Die Abspaltung des Cysteins vom Zinkion nach Freisetzung des Aktivierungspeptids aktiviert das Enzym. Domäne: Die Spacer-Domäne und die TSP-Typ-1-Domänen sind wichtig für eine enge Interaktion mit der extrazellulären Matrix. Funktion: Metalloprotease, die möglicherweise am Abbau von COMP beteiligt ist. Induktion: Hochreguliert in Gelenkknorpel und Synovialmembran von Arthritispatienten. PTM: Kann durch eine Furin-Endopeptidase gespalten werden (aufgrund von Ähnlichkeit). Die Vorstufe wird sequenziell prozessiert. PTM: N-glykosyliert. PTM: O-glykosyliertes Proteoglykan. Enthält Chondroitinsulfat. Ähnlichkeit: Enthält 1 Disintegrin-Domäne. Ähnlichkeit: Enthält 1 Peptidase-M12B-Domäne. Ähnlichkeit: Enthält 1 PLAC-Domäne. Ähnlichkeit: Enthält 8 TSP-Typ-1-Domänen. Subzelluläre Lokalisation: Auch an der äußeren Zelloberfläche assoziiert. Untereinheit: Interagiert mit COMP. Gewebespezifität: Wird in Herz, Gehirn, Plazenta, Lunge, Leber, Skelettmuskulatur, Niere und Pankreas exprimiert. Nachweisbar in Meniskus, Knochen, Sehnen, Knorpel, Synovialmembran, Fettgewebe und Bändern.

## Forschungsbereich

-

## Bilddaten



Immunohistochemische Analyse von in Paraffin eingebettetem menschlichem Tonsillengewebe. 1. Der Antikörper wurde 1:200 verdünnt (über Nacht bei 4 °C inkubiert). 2. Zur Antigenrückgewinnung wurde Tris-EDTA (pH 9,0) verwendet. 3. Der Sekundärantikörper wurde 1:200 verdünnt (30 Minuten bei Raumtemperatur inkubiert).