

---

**Produktname: IRTKS Kaninchen-Polyclonal-Antikörper****Katalog-Nr.: APRab12762**

Nur für Forschungszwecke.

**Zusammenfassung**

<b>Beschreibung</b>	polyklonaler Kaninchenantikörper
<b>Host</b>	Kaninchen
<b>Anwendung</b>	WB,IHC,ICC/IF,ELISA
<b>Reaktivität</b>	Mensch, Maus, Ratte
<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**

<b>Verdünnungsverhältnis</b>	WB 1:500-1:2000,IHC 1:100-1:300,ICC/IF 1:50-1:200,ELISA 1:5000-1:10000
<b>Molekulargewicht</b>	57kDa

**Antigen-Informationen**

<b>Genname</b>	BAIAP2L1
<b>Alternative Namen</b>	BAIAP2L1; IRTKS; Brain-specific angiogenesis inhibitor 1-associated protein 2-like protein 1; BAI1-associated protein 2-like protein 1; Insulin receptor tyrosine kinase substrate
<b>Gen-ID</b>	55971.0
<b>SwissProt ID</b>	Q9UHR4
<b>Immunogen</b>	Das Antiserum wurde gegen ein synthetisches Peptid hergestellt, das vom humanen BAIAP2L1 abgeleitet ist. Aminosäurebereich: 111–160

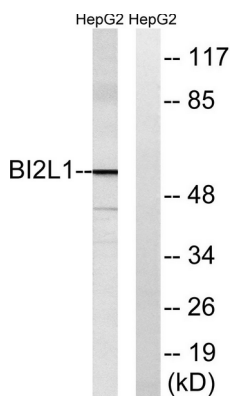
## Hintergrund

Dieses Gen kodiert für ein Mitglied der IMD-Familie (IRSp53/MIM-Homologiedomäne). Mitglieder dieser Familie lassen sich anhand des Vorhandenseins oder Fehlens der SH3-Domäne (Src-Homologie 3) in zwei Gruppen unterteilen: die IRSp53-ähnlichen und die MIM-ähnlichen Proteine. Das von diesem Gen kodierte Protein besitzt am N-Terminus eine konservierte IMD-Domäne, auch bekannt als F-Aktin-Bündelungsdomäne, und nahe dem C-Terminus eine kanonische SH3-Domäne und gehört somit zur IRSp53-ähnlichen Gruppe. Dieses Protein ist das Substrat der Insulinrezeptor-Tyrosinkinase und bindet an die kleine GTPase Rac. Es ist an Signaltransduktionswegen beteiligt, die die Deformation der Plasmamembran und die Umstrukturierung des Aktin-Zytoskeletts miteinander verknüpfen. Es fördert außerdem die Aktinpolymerisation und Membranausstülpungen bei Überexpression in Säugetierzellen und ist essenziell für die Bildung eines potenten Aktinpolymerisationskomplexes während der EHEC-Pedestaldomäne (Enterohämorrhagische Escherichia coli). Die IMD-Domäne besitzt vermutlich eine helikale Struktur. Sie kann Aktinbündelung und Filopodienbildung induzieren. Funktion: Kann als Adapterprotein fungieren (potenziell). Beteiligt an der Bildung von Aktinbündelclustern. PTM: Phosphoryliert an Tyrosin als Reaktion auf Insulin. Ähnlichkeit: Enthält 1 IMD-Domäne (IRSp53/MIM-Homologie). Ähnlichkeit: Enthält 1 SH3-Domäne. Untereinheit: Interagiert mit RAC1. Bindet an F-Aktin.

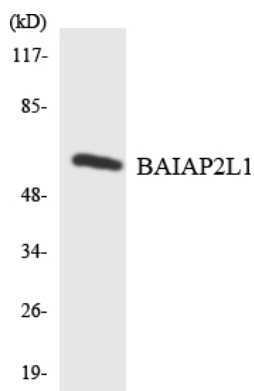
## Forschungsbereich

-

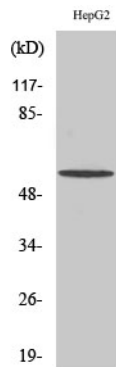
## Bilddaten



Western-Blot-Analyse von Lysaten aus HepG2-Zellen unter Verwendung des BAIAP2L1-Antikörpers. Die Spur rechts ist mit dem synthetisierten Peptid blockiert.



Western-Blot-Analyse der Lysate aus K562-Zellen unter Verwendung des BAIAP2L1-Antikörpers.



Western-Blot-Analyse verschiedener Zellen unter Verwendung des polyklonalen IRTKS-Antikörpers in einer Verdünnung von 1:2000