

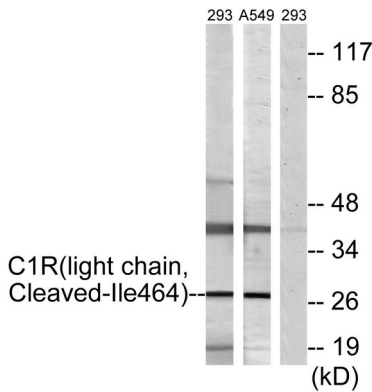


개 EGF 유시 도메인을 포함한다. 유성 1 개 펩타이드 S1 도메인을 포함한다. 유성 2 개 CUB 도메인을 포함한다. 유성 2 개 Sushi(CCP/SCR) 도메인을 포함한다. 소위 C1 은 1:2:2 의 물로 조는 C1q, C1r 및 C1s 의 결합 중심을 포함한다. C1r 은 동일한 사슬 두 개가 결합하여 이 구조이며 각 사슬은 아형 결합으로 연결된 A 와 B 두 개의 사슬로 절단되어 형성된다. 최적의 보체 유도체는 C1s 의 Lys(또는 Arg)-Ile 결합을 선택적으로 절단하여 활성 C1s(EC 3.4.21.42)를 형성한다. 기능 C1r B 사슬은 사슬 펩타이드 C1q 및 C1s 와 결합하여 보체 사슬의 고전적 경로의 첫 번째 구성요인 C1 을 형성한다. 특정 보체 구성요 C1r 결합 MIM:216950]은 고전적 보체 사슬 활성화 경로의 C1 결합을 초월한다. C1 결합은 나노몰 감도에 매우 취약하여 전정형성 특이(SLE)와 같은 자연적 질환 병유에 더 민감하다. PTM: 아미노산과 아미노산 및 옥시글루탐산의 인산화는 EGF 도메인 내 R) 양쪽을 포함한다. 유성 펩타이드 S1 결합을 포함한다. 유성 1 개 EGF 유시 도메인을 포함한다. 유성 1 개 펩타이드 S1 도메인을 포함한다. 유성 2 개 CUB 도메인을 포함한다. 유성 2 개 Sushi(CCP/SCR) 도메인을 포함한다. 소위 C1 은 1:2:2 의 물로 조는 C1q, C1r 및 C1s 의 결합 중심을 포함한다. C1r 은 동일한 사슬 두 개가 결합하여 이 구조이며 각 사슬은 아형 결합으로 연결된 A 와 B 두 개의 사슬로 절단되어 형성된다.

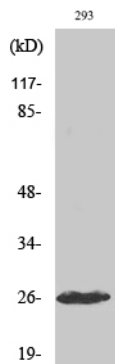
## 연구 분야

보체 및 고전적 보체 전정형성

## 이미지 데이터



이 실험은 25µM 로 사출된 293 및 A549 세포 용출물 C1R(경계 절단 Ile464) 항를 사용하여 단백질 분석을 하였다. 오른쪽 레인을 포함하여 두 번 실험하였다.



Cleaved-C1r LC (I464) 다른 항를 사용하여 단백질 분석