

---

**Produktname: Rpb1 (Phospho Ser1619) Kaninchen-Polyclonal-Antikörper****Katalog-Nr.: APRab05384**

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, Affe
<b>Konjugation</b>	Unkonjugiert
<b>Modifikation</b>	Phosphoryliert
<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 1:200-1:1000,ELISA 1:5000-1:20000
<b>Molekulargewicht</b>	250kDa

**Antigen-Informationen**

<b>Genname</b>	POLR2A POLR2A; POLR2; DNA-directed RNA polymerase II subunit RPB1; RNA polymerase II subunit
<b>Alternative Namen</b>	B1; DNA-directed RNA polymerase II subunit A; DNA-directed RNA polymerase III largest subunit; RNA-directed RNA polymerase II subunit RPB1
<b>Gen-ID</b>	5430.0
<b>SwissProt ID</b>	P24928
<b>Immunogen</b>	Das Antiserum wurde gegen ein synthetisches Peptid hergestellt, das vom humanen POLR2A im Bereich der Phosphorylierungsstelle Ser1619 abgeleitet ist. Aminosäurebereich: 1585–

## Hintergrund

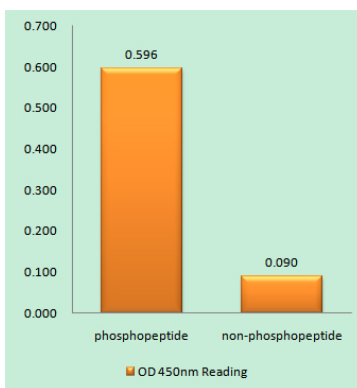
Dieses Gen kodiert die größte Untereinheit der RNA-Polymerase II, der Polymerase, die für die Synthese von mRNA in Eukaryoten verantwortlich ist. Das Genprodukt enthält eine C-terminale Domäne aus Heptapeptid-Wiederholungen, die für die Polymeraseaktivität essenziell sind. Diese Wiederholungen enthalten Serin- und Threoninreste, die in aktiv transkribierender RNA-Polymerase phosphoryliert werden. Zusätzlich bildet diese Untereinheit zusammen mit mehreren anderen Polymerase-Untereinheiten die DNA-Bindungsdomäne der Polymerase, eine Furche, in der die DNA-Vorlage in RNA transkribiert wird. [bereitgestellt von RefSeq, Juli 2008], katalytische Aktivität: Nucleosidtriphosphat + RNA(n) = Diphosphat + RNA(n+1), Funktion: Die DNA-abhängige RNA-Polymerase katalysiert die Transkription von DNA in RNA unter Verwendung der vier Ribonucleosidtriphosphate als Substrate. Die größte und katalytischste Komponente der RNA-Polymerase II (Pol II) synthetisiert mRNA-Vorläufer und viele funktionelle nicht-kodierende RNAs. Sie bildet zusammen mit der zweitgrößten Untereinheit das aktive Zentrum der Polymerase. Pol II ist die zentrale Komponente des basalen Transkriptionsapparats der RNA-Polymerase II. Sie besteht aus beweglichen Elementen, die sich relativ zueinander bewegen. RPB1 ist Teil des Kernelements mit der zentralen großen Spalte, dem Klammerelement, das sich bewegt, um die Spalte zu öffnen und zu schließen, und den „Kiefern“, die vermutlich die einlaufende DNA-Vorlage greifen. Zu Beginn der Transkription befindet sich ein einzelsträngiger DNA-Vorlagenstrang des Promotors in der zentralen aktiven Spalte von Pol II. Eine Brückenhelix geht von RPB1 aus und überquert die Spalte nahe dem katalytischen Zentrum. Sie fördert vermutlich die Translokation von Pol II, indem sie wie eine Ratsche wirkt und den RNA-DNA-Hybrid durch das aktive Zentrum bewegt, indem sie bei jedem Nucleotidanbauschnitt zwischen gerader und gekrümmter Konformation wechselt. Während der Transkriptionselongation bewegt sich Pol II entlang der Vorlage, während das Transkript verlängert wird. Die Elongation wird durch den Phosphorylierungsstatus der C-terminalen Domäne (CTD) der größten Pol-II-Untereinheit (RPB1) beeinflusst. Diese dient als Plattform für die Assemblierung von Faktoren, die die Transkriptionsinitiierung, -elongation, -termination und mRNA-Prozessierung regulieren. In Verbindung mit dem kleinen Delta-Antigen des Hepatitis-Delta-Virus fungiert Pol II als RNA-abhängige RNA-Polymerase und wirkt sowohl als Replikase als auch als Transkriptase für das virale zirkuläre RNA-Genom. Die Bindung von Ribonucleosidtriphosphat an den RNA-Polymerase-II-Transkriptionskomplex erfolgt wahrscheinlich in zwei Schritten. Die initiale Bindung findet vermutlich an der Eintrittsstelle (E) statt und involviert ein Magnesiumion, das temporär durch drei konservierte Aspartatreste der beiden größten RNA-Pol-II-Untereinheiten koordiniert wird. Das Ribonucleosidtriphosphat wird durch eine Rotation zur Nucleotid-Additionsstelle (A) übertragen, um sich mit der Matrizen-DNA zu paaren. Die katalytische A-Stelle umfasst drei konservierte Aspartatreste der größten Untereinheit der RNA-Polymerase II, die permanent ein zweites Magnesiumion koordinieren. PTM: Die Tandemwiederholungen von 7 Aminosäuren in der C-terminalen Domäne (CTD) können stark phosphoryliert werden. Die Phosphorylierung aktiviert Pol II. Sie erfolgt hauptsächlich an den Resten Ser-2 und Ser-5 der Heptapeptidwiederholung. Der Phosphorylierungszustand wird auf das Zusammenspiel von ortsspezifischen CTD-Kinasen und -Phosphatasen zurückgeführt. Es wurde ein „CTD-Code“ vorgeschlagen, der die Position von Pol II im Transkriptionszyklus festlegt. Ähnlichkeit: Gehört zur Familie der  $\beta$ -Ketten der RNA-Polymerase. Ähnlichkeit: Enthält einen Zinkfinger vom Typ  $C_2H_2$ . Untereinheit: Bestandteil des RNA-Polymerase-II-(Pol-II)-Komplexes, der aus 12 Untereinheiten besteht (aufgrund von Ähnlichkeit). Die phosphorylierte C-terminale Domäne interagiert

mit FNB3 und SYNCRIP. Sie interagiert mit SAFB/SAFB1. Sie interagiert (aufgrund von Ähnlichkeit) mit CCNL1 und MYO1C. Sie interagiert mit CCNL2 und SFRS19. Sie ist Bestandteil eines Komplexes, der mindestens aus HTATSF1/Tat-SF1, den P-TEFb-Komplexkomponenten CDK9 und CCNT1, RNA-Polymerase II, SUPT5H und NCL/Nucleolin besteht. Sie interagiert mit PAF1.

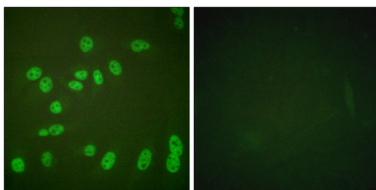
## Forschungsbereich

Purinstoffwechsel; Pyrimidinstoffwechsel; RNA-Polymerase; Huntington-Krankheit;

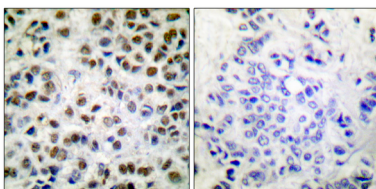
## Bilddaten



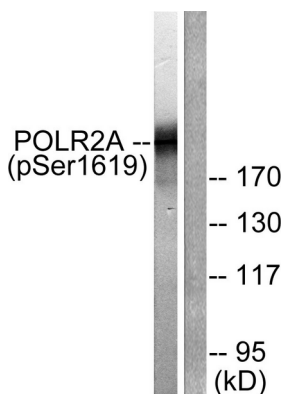
Enzymgebundener Immunadsorptionstest (Phospho-ELISA) für Immunogen-Phosphopeptid (Phospho-links) und Nicht-Phosphopeptid (Phospho-rechts) unter Verwendung des POLR2A (Phospho-Ser1619)-Antikörpers



Immunfluoreszenzanalyse von HeLa-Zellen, die 30 Minuten lang mit 125 ng/ml PMA behandelt wurden, unter Verwendung des POLR2A (Phospho-Ser1619)-Antikörpers. Das Bild rechts zeigt eine Blockierung mit dem Phosphopeptid.



Immunhistochemische Analyse von in Paraffin eingebettetem menschlichem Mammakarzinomgewebe mittels POLR2A (Phospho-Ser1619)-Antikörper. Das Bild rechts zeigt eine Blockierung mit dem Phosphopeptid.



Western-Blot-Analyse von Lysaten aus COS7-Zellen, die mit 200 ng/ml EGF 30 ' behandelt wurden, unter Verwendung des POLR2A (Phospho-Ser1619)-Antikörpers. Die Spur rechts ist mit dem Phosphopeptid blockiert.

Western-Blot-Analyse von VEC unter Verwendung des p-Rpb1 (S1619)-Antikörpers.  
Der Antikörper wurde 1:2000 verdünnt.

