
Produktname: Pinin Kaninchen polyklonaler Antikörper**Katalog-Nr.: APRab16157**

Nur für Forschungszwecke.

Zusammenfassung

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

Anwendung

Verdünnungsverhältnis	WB 1:500-1:2000,IHC 1:50-1:300
Molekulargewicht	85kDa

Antigen-Informationen

Genname	PNN PNN; DRS; MEMA; Pinin; 140 kDa nuclear and cell adhesion-related phosphoprotein;
Alternative Namen	Desmosome-associated protein; Domain-rich serine protein; DRS protein; DRSP; Melanoma metastasis clone A protein; Nuclear protein SDK3; SR-like protein
Gen-ID	5411.0
SwissProt ID	Q9H307
Immunogen	Das Antiserum wurde gegen ein synthetisches Peptid aus humanem PNN hergestellt. Aminosäurebereich: 211–260

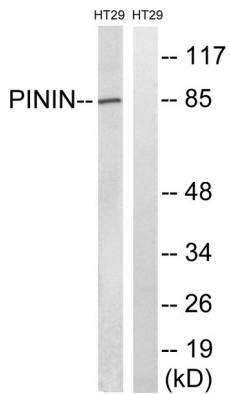
Hintergrund

Funktion: Transkriptionsaktivator, der an die E-Box-1-Kernsequenz des E-Cadherin-Promotorgens bindet; die Kernbindungssequenz lautet 5'CAGGTG-3'. Kann die CTBP1-vermittelte Transkriptionsrepression aufheben. Beteiligt sich außerdem an der Regulation des alternativen prä-mRNA-Spleißens. Bindet an gespleißte mRNA innerhalb von 60 nt stromaufwärts der 5'-Spleißstellen. Ist an der Etablierung und Aufrechterhaltung der Zell-Zell-Adhäsion von Epithelzellen beteiligt. Potenzieller Tumorsuppressor für Nierenzellkarzinome. PTM: Phosphoryliert nach DNA-Schädigung, wahrscheinlich durch ATM oder ATR. Ähnlichkeit: Gehört zur Pinin-Familie. Subzelluläre Lokalisation: Zell-Zell-Kontaktbereich, vorwiegend Desmosomen interzellulärer Adhäsionsverbindungen. Kein nukleozytoplasmatisches Transportprotein. Untereinheit: Bildet einen Komplex mit SR-Proteinen. Bildet einen mRNP-Komplex mit RNPS1. Interagiert mit C6orf111/SRRP130, CTBP1, CTBP2, KRT8, KRT18, KRT19, PS1D/PNO40, PPIG, RNPS1, SFRS4 und SRRM2. Identifiziert im Spliceosom-C-Komplex, der mindestens aus folgenden Proteinen besteht: AQR, ASCC3L1, C19orf29, CDC40, CDC5L, CRNKL1, DDX23, DDX41, DDX48, DDX5, DGCR14, DHX35, DHX38, DHX8, EFTUD2, FRG1, GPATC1, HNRPA1, HNRPA2B1, HNRPA3, HNRPC, HNRPF, HNRPH1, HNRPK, HNRPM, HNRPR, HNRPU, KIAA1160, KIAA1604, LSM2, LSM3, MAGOH, MORG1, PABPC1, PLRG1, PNN, PPIE, PPIL1, PPIL3, PPWD1, PRPF19, PRPF4B, PRPF6, PRPF8, RALY, RBM22, RBM8A, RBMX, SART1, SF3A1, SF3A2, SF3A3, SF3B1, SF3B2, SF3B3, SFRS1, SKIV2L2, SNRPA1, SNRPB, SNRPB2, SNRPD1, SNRPD2, SNRPD3, SNRPE, SNRPF, SNRPG, SNW1, SRRM1, SRRM2, SYF2, SYNCRIP, TFIP11, THOC4, U2AF1, WDR57, XAB2 und ZCCHC8. Gewebespezifität: Exprimiert in Plazenta, Lunge, Leber, Niere, Pankreas, Milz, Thymus, Prostata, Hoden, Eierstock, Dünndarm, Dickdarm, Herz, Epidermis, Speiseröhre, Gehirn sowie glatter und Skelettmuskulatur. Stark exprimiert in Melanommetastasen und fortgeschrittenen Primärtumoren. Funktion: Transkriptionsaktivator, der an die E-Box-1-Kernsequenz des E-Cadherin-Promotorgens bindet; die Kernbindungssequenz lautet 5'CAGGTG-3'. Kann die CTBP1-vermittelte Transkriptionsrepression aufheben. Beteiligt sich außerdem an der Regulation des alternativen prä-mRNA-Spleißens. Bindet an gespleißte mRNA innerhalb von 60 nt stromaufwärts der 5'-Spleißstellen. Beteiligt an der Etablierung und Aufrechterhaltung der Zell-Zell-Adhäsion von Epithelzellen. Potenzieller Tumorsuppressor für Nierenzellkarzinome. PTM: Phosphoryliert nach DNA-Schädigung, wahrscheinlich durch ATM oder ATR. Ähnlichkeit: Gehört zur Pinin-Familie. Subzelluläre Lokalisation: Zell-Zell-Kontaktbereich, vorwiegend Desmosomen interzellulärer Adhäsionsverbindungen. Kein nukleozytoplasmatisches Transportprotein. Untereinheit: Bildet einen Komplex mit SR-Proteinen. Befindet sich in einem mRNP-Komplex mit RNPS1. Interagiert mit C6orf111/SRRP130, CTBP1, CTBP2, KRT8, KRT18, KRT19, PS1D/PNO40, PPIG, RNPS1, SFRS4 und SRRM2. Identifiziert im Spliceosom-C-Komplex, der mindestens aus folgenden Proteinen besteht: AQR, ASCC3L1, C19orf29, CDC40, CDC5L, CRNKL1, DDX23, DDX41, DDX48, DDX5, DGCR14, DHX35, DHX38, DHX8, EFTUD2, FRG1, GPATC1, HNRPA1, HNRPA2B1, HNRPA3, HNRPC, HNRPF, HNRPH1, HNRPK, HNRPM, HNRPR, HNRPU, KIAA1160, KIAA1604, LSM2, LSM3, MAGOH, MORG1, PABPC1, PLRG1, PNN, PPIE, PPIL1, PPIL3, PPWD1, PRPF19, PRPF4B, PRPF6, PRPF8, RALY, RBM22, RBM8A, RBMX, SART1, SF3A1, SF3A2, SF3A3, SF3B1, SF3B2, SF3B3, SFRS1, SKIV2L2, SNRPA1, SNRPB, SNRPB2, SNRPD1, SNRPD2, SNRPD3, SNRPE, SNRPF, SNRPG, SNW1, SRRM1, SRRM2, SYF2, SYNCRIP, TFIP11, THOC4, U2AF1, WDR57, XAB2 und ZCCHC8. Gewebespezifität: Expression in Plazenta, Lunge, Leber, Niere, Pankreas, Milz, Thymus, Prostata, Hoden, Eierstock, Dünndarm, Dickdarm, Herz, Epidermis, Speiseröhre, Gehirn sowie glatter und Skelettmuskulatur. Starke Expression in Melanommetastasen und fortgeschrittenen Primärtumoren.

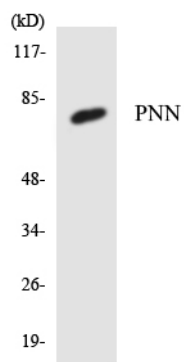
Forschungsbereich

Epigenetik und nukleäre Signalübertragung; Transkription; Transkriptionsfaktoren; Krebs; Onkoproteine/Suppressoren; Tumorsuppressoren; Krebsanfälligkeit; DNA/RNA; RNA-Prozessierung; Spleißen; Domänenfamilien; HLH/Leucin-Zipper; HLH

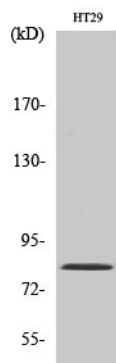
Bilddaten



Western-Blot-Analyse von Lysaten aus HT-29-Zellen unter Verwendung des PNN-Antikörpers. Die Spur rechts ist mit dem synthetisierten Peptid blockiert.



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



Western-Blot-Analyse verschiedener Zellen unter Verwendung des polyklonalen Pinin-Antikörpers