
Produktname: SPT16 Kaninchen-Polyclonal-Antikörper**Katalog-Nr.: APRab18220**

Nur für Forschungszwecke.

Zusammenfassung

Beschreibung	polyklonaler Kaninchenantikörper
Host	Kaninchen
Anwendung	WB,IHC,ICC/IF,ELISA
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 1:100-1:300,ICC/IF 1:50-1:200,ELISA 1:5000-1:20000
Molekulargewicht	119kDa

Antigen-Informationen

Genname	SUPT16H SUPT16H; FACT140; FACTP140; FACT complex subunit SPT16; Chromatin-specific
Alternative Namen	transcription elongation factor 140 kDa subunit; FACT 140 kDa subunit; FACTp140; Facilitates chromatin transcription complex subunit SPT16; hSPT16
Gen-ID	11198.0
SwissProt ID	Q9Y5B9
Immunogen	Das Antiserum wurde gegen ein synthetisches Peptid hergestellt, das vom humanen SUPT16H abgeleitet ist. Aminosäurebereich: 941–990

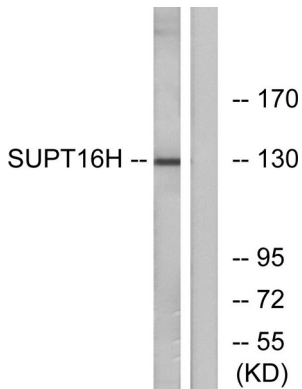
Hintergrund

Die Transkription von proteinkodierenden Genen kann auf nackter DNA mit den allgemeinen Transkriptionsfaktoren und der RNA-Polymerase II wiederhergestellt werden. Dieses minimale System kann jedoch keine in Chromatin verpackte DNA transkribieren, was darauf hindeutet, dass zusätzliche Faktoren den Zugang zur DNA erleichtern. Ein solcher Faktor, FACT (facilitates chromatin transcription), interagiert spezifisch mit den Histonen H2A/H2B, um die Auflösung von Nukleosomen und die Verlängerung der Transkription zu bewirken. FACT besteht aus einer 80 kDa und einer 140 kDa großen Untereinheit; dieses Gen kodiert die 140 kDa große Untereinheit. [bereitgestellt von RefSeq, Feb. 2009], Achtung: Obwohl dieses Protein mit der Peptidase-M24-Familie verwandt ist, fehlen ihm konservierte Aminosäurereste im aktiven Zentrum, was darauf hindeutet, dass es möglicherweise keine Peptidaseaktivität besitzt., Domäne: Die glutamatreiche saure Region am C-Terminus ist für die FACT-Aktivität essenziell., Funktion: FACT ist Bestandteil des FACT-Komplexes, eines allgemeinen Chromatinfaktors, der Nukleosomen reorganisiert. Der FACT-Komplex ist an verschiedenen Prozessen beteiligt, die DNA als Matrize benötigen, wie z. B. der mRNA-Elongation, der DNA-Replikation und der DNA-Reparatur. Während der Transkriptionselongation fungiert der FACT-Komplex als Histon-Chaperon, das die Nukleosomenstruktur sowohl destabilisiert als auch wiederherstellt. Er erleichtert den Durchtritt der RNA-Polymerase II und die Transkription, indem er die Dissoziation eines Histon-H2A-H2B-Dimers vom Nukleosom fördert und anschließend die Wiederherstellung des Nukleosoms nach dem Durchtritt der RNA-Polymerase II unterstützt. Der FACT-Komplex ist wahrscheinlich auch an der Phosphorylierung von Ser-392 von p53/TP53 durch seine Assoziation mit CK2 (Caseinkinase II) beteiligt. Er ist außerdem an der Vitamin-D-gekoppelten Transkriptionsregulation durch seine Assoziation mit dem WINAC-Komplex beteiligt, einem Chromatin-Remodellierungskomplex, der vom Vitamin-D-Rezeptor (VDR) rekrutiert wird und für die Liganden-gebundene, VDR-vermittelte Transrepression des CYP27B1-Gens erforderlich ist. PTM: ADP-ribosyliert. Die ADP-Ribosylierung durch PARP1 wird durch genotoxischen Stress induziert und korreliert mit der Dissoziation von FACT vom Chromatin. Sequenzwarnung: Kontaminierende Sequenz. Potenzielle Poly-A-Sequenz. Ähnlichkeit: Gehört zur Peptidase-M24-Familie, SPT16-Subfamilie. Subzelluläre Lokalisation: Kolokalisiert mit der RNA-Polymerase II auf Chromatin. Rekrutiert an aktiv transkribierte Loci. Untereinheit: Bestandteil des FACT-Komplexes, eines stabilen Heterodimers aus SSRP1 und SUPT16H. Außerdem Bestandteil eines CK2-SPT16-SSRP1-Komplexes, der sich nach UV-Bestrahlung bildet und aus SSRP1, SUPT16H, CSNK2A1, CSNK2A2 und CSNK2B besteht. Bestandteil des WINAC-Komplexes, der mindestens aus SMARCA2, SMARCA4, SMARCB1, SMARCC1, SMARCC2, SMARCD1, SMARCE1, ACTL6A, BAZ1B/WSTF, ARID1A, SUPT16H, CHAF1A und TOP2B besteht. Interagiert mit NEK9. Bindet an Histon H2A-H2B. Interagiert mit GTF2E2. Gewebespezifität: Ubiquitär.

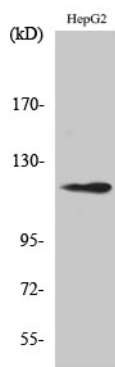
Forschungsbereich

-

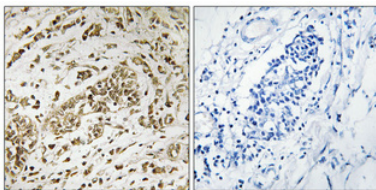
Bilddaten



Western-Blot-Analyse von Lysaten aus HepG2- und Jurkat-Zellen unter Verwendung des SUPT16H-Antikörpers. Die Spur rechts ist mit dem synthetisierten Peptid blockiert.



Western-Blot-Analyse verschiedener Zellen unter Verwendung des polyklonalen Antikörpers SPT16.



Immunhistochemische Analyse von in Paraffin eingebettetem menschlichem Brustkrebsgewebe. Der Antikörper wurde 1:100 verdünnt (4 °C, über Nacht). Zur Antigenrückgewinnung wurde Tris-EDTA-Puffer (pH 8,0) unter hohem Druck und hoher Temperatur verwendet. Die Negativkontrolle (rechts) wurde durch Präadsorption des Antikörpers mit Immunogenpeptid erhalten.