

**Produktname: TFIID Kaninchen-Polyclonal-Antikörper****Katalog-Nr.: APRab18830**

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 1:200-1:1000,ELISA 1:20000-1:40000
<b>Molekulargewicht</b>	38kDa

**Antigen-Informationen**

<b>Genname</b>	TBP
<b>Alternative Namen</b>	TBP; GTF2D1; TF2D; TFIID; TATA-box-binding protein; TATA sequence-binding protein; TATA-binding factor; TATA-box factor; Transcription initiation factor TFIID TBP subunit
<b>Gen-ID</b>	6908.0
<b>SwissProt ID</b>	P20226
<b>Immunogen</b>	Das Antiserum wurde gegen ein synthetisches Peptid, abgeleitet von humanem TBP, hergestellt. Aminosäurebereich: 151–200

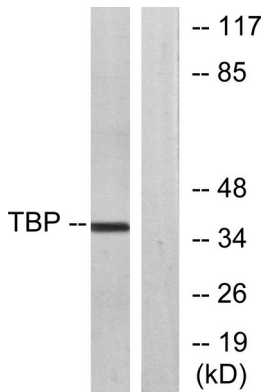
## Hintergrund

Die Initiierung der Transkription durch die RNA-Polymerase II erfordert die Aktivität von mehr als 70 Polypeptiden. Das Protein, das diese Aktivitäten koordiniert, ist der Transkriptionsfaktor IID (TFIID). Er bindet an den Kernpromotor, um die Polymerase korrekt zu positionieren, dient als Gerüst für die Assemblierung des restlichen Transkriptionskomplexes und fungiert als Kanal für regulatorische Signale. TFIID besteht aus dem TATA-Bindeprotein (TBP) und einer Gruppe evolutionär konservierter Proteine, den sogenannten TBP-assoziierten Faktoren (TAFs). TAFs können an der Basaltranskription beteiligt sein, als Koaktivatoren fungieren, die Promotorerkennung vermitteln oder allgemeine Transkriptionsfaktoren (GTFs) modifizieren, um die Komplexbildung und die Initiierung der Transkription zu erleichtern. Dieses Gen kodiert für TBP, das TATA-Bindeprotein. Ein charakteristisches Merkmal von TBP ist eine lange Glutaminkette am N-Terminus. Dieser Bereich des Proteins moduliert die DNA-Bindung: Defekte im TBP-Gen sind die Ursache der spinocerebellären Ataxie Typ 17 (SCA17) [MIM:607136]. Die spinocerebelläre Ataxie ist eine klinisch und genetisch heterogene Gruppe von Kleinhirnerkrankungen. Patienten zeigen eine fortschreitende Gangunsicherheit und häufig eine beeinträchtigte Koordination von Händen, Sprache und Augenbewegungen aufgrund der Degeneration des Kleinhirns mit variabler Beteiligung des Hirnstamms und des Rückenmarks. SCA17 ist eine autosomal-dominante zerebelläre Ataxie (ADCA), die durch eine ausgedehnte zerebrale und zerebelläre Atrophie, Demenz und extrapyramidale Symptome gekennzeichnet ist. Der molekulare Defekt bei SCA17 ist die Expansion einer CAG-Repeat-Sequenz in der kodierenden Region des TBP-Gens. Längere Expansionen führen zu einem früheren Krankheitsbeginn und schwereren klinischen Manifestationen. Funktion: Allgemeiner Transkriptionsfaktor, der im Zentrum des DNA-bindenden Multiproteinfaktors TFIID fungiert. Die Bindung von TFIID an die TATA-Box ist der erste Transkriptionsschritt des Präinitiationskomplexes (PIC) und spielt eine Rolle bei der Aktivierung eukaryotischer Gene, die von der RNA-Polymerase II transkribiert werden. Polymorphismus: Die Poly-Gln-Region von TBP ist bei gesunden Individuen hochpolymorph (25 bis 42 Wiederholungen) und ist bei Patienten mit spinocerebellärer Ataxie Typ 17 (SCA17) auf etwa 47–63 Wiederholungen expandiert. Ähnlichkeit: Gehört zur TBP-Familie. Untereinheit: Gehört zusammen mit den TBP-assoziierten Faktoren (TAFs) zum TFIID-Komplex. Bestandteil des Transkriptionsfaktor-SL1/TIFIB-Komplexes, der aus TBP und mindestens TAF1A, TAF1B, TAF1C und TAF3 besteht. Bindet als Monomer an DNA. Interagiert mit TAFs, TFIIB, NCOA6, DRAP1, DR1 und ELF3. Interagiert mit SPIB, SNAPC1, SNAPC2 und SNAPC4. Interagiert mit HIV-1 Tat. Interagiert mit UTF1, das als Koaktivator der Transkriptionsaktivität von ATF2 fungiert. Interagiert (aufgrund von Ähnlichkeit) mit GPBP1. Interagiert mit BRF2. Gewebespezifität: Weit verbreitet exprimiert, mit den höchsten Konzentrationen in Hoden und Eierstöcken.

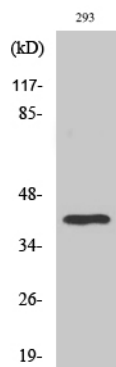
## Forschungsbereich

Basale Transkriptionsfaktoren; Huntington-Krankheit;

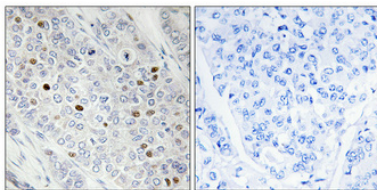
## Bilddaten



Western-Blot-Analyse von Lysaten aus 293-Zellen unter Verwendung des TBP-Antikörpers. Die Spur rechts ist mit dem synthetisierten Peptid blockiert.



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



Immunohistochemische 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.