

Produktname: Phospho-POLR2A (S2) (1B7) Kaninchen-monoklonaler Antikörper
Katalog-Nr.: AMRe05979

Nur für Forschungszwecke.

Zusammenfassung

Beschreibung	Rekombinanter monoklonaler Kaninchenantikörper
Host	Kaninchen
Anwendung	WB,IHC,ICC/IF,FC,IP
Reaktivität	Mensch, Maus, Ratte
Konjugation	Unkonjugiert
Modifikation	Phosphoryliert
Isotyp	IgG
Klonalität	Monoklonal
Form	Flüssig
Konzentration	0,5 mg/ml. Die Konzentration dieses Produkts kann chargenabhängig sein.
Lagerung	Aliquotieren und bei -20°C lagern (12 Monate haltbar).Frost/Tau-Zyklen vermeiden.
Versand	Eisbeutel
Puffer	Geliefert in 50 mM Tris-Glycin (pH 7,4), 0,15 M NaCl, 40 % Glycerin, 0,01 % Konservierungsmittel N (neuer Typ) und 0,05 % Schutzprotein.
Aufreinigung	Affinitätsreinigung

Anwendung

Verdünnungsverhältnis	WB 1:500-1:2000,IHC 1:200-1:2000,ICC/IF 1:200-1:500,FC 1:200-1:500,IP 1:20-1:50
Molekulargewicht	192kDa

Antigen-Informationen

Genname	POLR2A
Alternative Namen	POLR2A; POLR2; RNA polymerase II CTD repeat YSPTSPS;
Gen-ID	5430.0
SwissProt ID	P24928
Immunogen	Ein synthetisches Phosphopeptid, das den Aminosäureresten um Ser2 der CTD-Repeat-Domäne der humanen RNA-Polymerase II (YSPTSPS) entspricht.

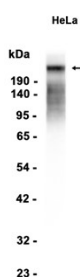
Hintergrund

Während der Transkriptionselongation bewegt sich Pol II entlang der DNA-Vorlage, während das Transkript verlängert wird. Die Elongation wird durch den Phosphorylierungsstatus der C-terminalen Domäne (CTD) der größten Untereinheit von Pol II (RPB1) beeinflusst. Diese dient als Plattform für die Assemblierung von Faktoren, die die Initiierung, Elongation, Termination und mRNA-Prozessierung der Transkription regulieren. Die DNA-abhängige RNA-Polymerase katalysiert die Transkription von DNA in RNA mithilfe der vier Ribonukleosidtriphosphate als Substrate. Pol II ist die größte und katalytische Komponente der RNA-Polymerase II, die mRNA-Vorläufer und viele funktionelle nicht-kodierende RNAs synthetisiert. Zusammen mit der zweitgrößten Untereinheit bildet sie das aktive Zentrum der Polymerase. Pol II ist die zentrale Komponente des basalen RNA-Polymerase-II-Transkriptionsapparats. 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-Matrizenstrang des Promotors in der zentralen aktiven Spalte der RNA-Polymerase II (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 die aktive Spalte bewegt. Dies geschieht durch den Wechsel von einer geraden zu einer gekrümmten Konformation bei jedem Nukleotidanbau. Während der Transkriptionselongation bewegt sich Pol II entlang der Matrize, während das Transkript wächst. Die Elongation wird durch den Phosphorylierungsstatus der C-terminalen Domäne (CTD) der größten Untereinheit von Pol II (RPB1) beeinflusst. Diese dient als Plattform für die Assemblierung von Faktoren, die die Initiierung, Elongation, Termination und mRNA-Prozessierung der Transkription regulieren. Die Regulation der Genexpressionsniveaus hängt vom Gleichgewicht zwischen Methylierungs- und Acetylierungsgraden der Lysine in der CTD ab (ähnlich wie bei anderen Untereinheiten). Die Initiierung oder frühen Elongationsschritte der Transkription von durch Wachstumsfaktoren induzierten Immediate-Early-Genen werden durch den Acetylierungsstatus der CTD reguliert (PubMed:24207025). Methylierung und Dimethylierung haben eine repressive Wirkung auf die Expression von Zielgenen (durch Ähnlichkeit).

Forschungsbereich

Epigenetik und nukleäre Signalgebung

Bilddaten



Western-Blot-Analyse von Extrakten aus HeLa-Zellen unter Verwendung des monoklonalen Kaninchen-Antikörpers Phospho-POLR2A (S2) (1B7) in einer Verdünnung von 1:1000.