

製品名: Rpb1 (リン酸化 Ser1619) ウサギポリクローナル抗体**カタログ番号: APRab05384**

研究使用のみ

概要

説明	ウサギポリクローナル抗体
宿主	うさぎ
応用	WB,IHC,ICC/IF,ELISA
反応性	人間、マウス、ラット、サル
標識	非共役
修飾	リン酸化
アイソタイプ	IgG
クローン性	ポリクローナル
形態	液体
濃度	1mg/ml
保存	アリコートし、-20°Cで保存してください（12 ヶ月有効）。凍結/融解サイクルを避けてください。
輸送	氷袋
バッファー	50% グリセロール、0.5% 保護タンパク質、0.02% 新タイプ防腐剤 N を含む PBS 液。
精製	アフィニティー精製

応用

希釈倍率	WB 1:500-1:2000,IHC 1:100-1:300,ICC/IF 1:200-1:1000,ELISA 1:5000-1:20000
分子量	250kDa

抗原情報

遺伝子名	POLR2A POLR2A; POLR2; DNA-directed RNA polymerase II subunit RPB1; RNA polymerase II subunit
別名	B1; DNA-directed RNA polymerase II subunit A; DNA-directed RNA polymerase III largest subunit; RNA-directed RNA polymerase II subunit RPB1
遺伝子 ID	5430.0
SwissProt ID	P24928
免疫原	抗血清は、Ser1619 のリン酸化部位周辺のヒト POLR2A 由来の合成ペプチドに対して作製された。アミノ酸範囲: 1585-1634

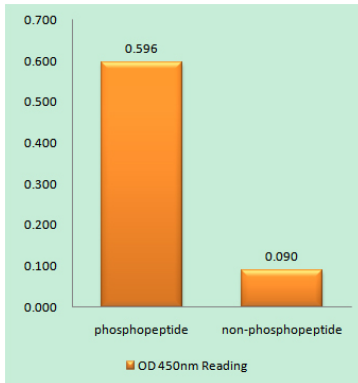
背景

この遺伝子は、真核生物においてメッセンジャー RNA の合成を担うポリメラーゼである RNA ポリメラーゼ II の最大のサブユニットをコードしています。この遺伝子産物には、ポリメラーゼ活性に必須のヘプタペプチドリピートからなるカルボキシ末端ドメインが含まれています。これらのリピートには、RNA ポリメラーゼの転写が活発に行われている際にリン酸化されるセリンおよびスレオニン残基が含まれています。さらに、このサブユニットは、他のいくつかのポリメラーゼサブユニットと組み合わせさせて、ポリメラーゼの DNA 結合ドメイン (DNA テンプレートが RNA に転写される溝) を形成します。[RefSeq 提供、2008 年 7 月],触媒活性: $\text{ヌクレオシド三リン酸} + \text{RNA}(n) = \text{二リン酸} + \text{RNA}(n+1)$,機能: DNA 依存性 RNA ポリメラーゼは、4つのリボヌクレオシド三リン酸を基質として DNA から RNA への転写を触媒します。 mRNA 前駆体および多くの機能性非コード RNA を合成する RNA ポリメラーゼ II の最大の触媒成分です。2番目に大きいサブユニットと共にポリメラーゼの活性中心を形成します。Pol II は、基本的な RNA ポリメラーゼ II 転写機構の中心的な成分です。互いに相対的に移動する可動要素で構成されています。RPB1 は、中央の大きな溝、溝を開閉するために移動するクランプ要素、および入ってくる DNA テンプレートを掴むと考えられているジョーを備えたコア要素の一部です。転写の開始時に、プロモーターの 1 本鎖 DNA テンプレート鎖は、Pol II の中央の活性部位の溝内に位置します。RPB1 から橋渡しヘリックスが発生し、触媒部位付近の溝を横切り、ヌクレオチド付加の各段階で直線状から曲がった構造に切り替えることで、RNA-DNA ハイブリッドを活性部位を介して移動させるラチェットとして機能し、Pol II の転座を促進すると考えられています。転写伸長過程において、ポリメラーゼ II は転写産物が伸長するにつれて鋳型上を移動する。伸長はポリメラーゼ II 最大サブユニット (RPB1) の C 末端ドメイン (CTD) のリン酸化状態によって影響を受ける。RPB1 は、転写開始、伸長、終結、および mRNA プロセッシングを制御する因子の集合のためのプラットフォームとして機能する。デルタ肝炎ウイルスの小デルタ抗原と結合すると、RNA 依存性 RNA ポリメラーゼとして機能し、ウイルス RNA 環状ゲノムの複製および転写酵素として作用する。、その他: リボヌクレオシド三リン酸の RNA ポリメラーゼ II 転写複合体への結合は、おそらく 2 段階の機構を伴う。最初の結合はエントリー部位 (E) で起こり、2つの最大の RNA ポリメラーゼ II サブユニットの 3つの保存されたアスパラギン酸残基によって一時的に配位されたマグネシウムイオンが関与する。リボヌクレオシド三リン酸は回転によってヌクレオチド付加部位 (A) に移動し、鋳型 DNA と対合する。触媒 A 部位は、RNA ポリメラーゼ II の最大サブユニットの 3つの保存されたアスパラギン酸残基を含み、これらは 2 番目のマグネシウムイオンを恒久的に配位する。、PTM: C 末端ドメイン (CTD) の 7 残基タンデムリピートは高度にリン酸化される。リン酸化は RNA ポリメラーゼ II を活性化する。リン酸化は主にヘプタペプチドリピートの「Ser-2」および「Ser-5」残基で起こる。リン酸化状態は、部位特異的な CTD キナーゼとリン酸化酵素のバランスの取れた作用の結果であると考えられており、転写サイクルにおける RNA ポリメラーゼ II の位置を特定する「CTD コード」が提案されている。、類似性: RNA ポリメラーゼ β 鎖ファミリーに属する。、類似性: C2H2 型ジンクフィンガーを 1 つ含む。、サブユニット: 12 個のサブユニットからなる RNA ポリメラーゼ II (Pol II) 複合体の構成要素 (類似性による)。リン酸化 C 末端ドメインは FNBP3 および SYNCRIP と相互作用する。SAFB/SAFB1 と相互作用する。CCNL1 および MYO1C と相互作用する (相同性による)。CCNL2 および SFRS19 と相互作用する。少なくとも HTATSF1/Tat-SF1、P-TEFb 複合体の構成要素である CDK9 および CCNT1、RNA ポリメラーゼ II、SUPT5H、および NCL/ヌクレオリンから構成される複合体の構成要素である。PAF1 と相互作用する。

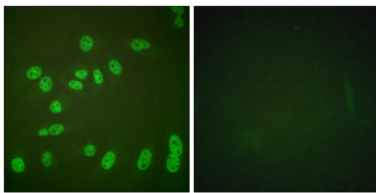
研究分野

プリン代謝、ピリミジン代謝、RNA ポリメラーゼ、ハンチントン病、

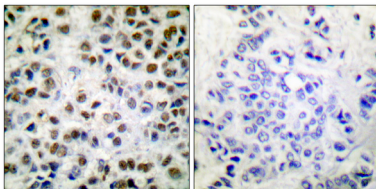
画像データ



POLR2A (リン酸化 Ser1619) 抗体を用いたリン酸化ペプチド (リン酸化左) および非リン酸化ペプチド (リン酸化右) 免疫原の酵素結合免疫吸着測定法 (リン酸化 ELISA)



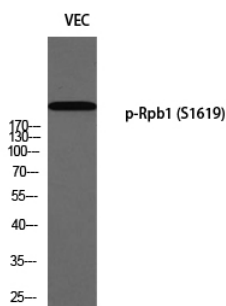
POLR2A (リン酸化 Ser1619) 抗体を用いた、PMA 125 ng/ml 30 分処理した HeLa 細胞の免疫蛍光染色。右の写真はリン酸化ペプチドでブロッキングした。



POLR2A (リン酸化 Ser1619) 抗体を用いたパラフィン包埋ヒト乳癌の免疫組織化学染色。右の写真はリン酸化ペプチドでブロッキングした状態。



EGF 200 ng/ml 30 分処理した COS7 細胞ライセートの POLR2A (リン酸化 Ser1619) 抗体を用いたウェスタンブロット解析。右レーンはリン酸化ペプチドでブロッキングされている。



p-Rpb1 (S1619) 抗体を用いた VEC のウェスタンブロット解析。抗体は 1:2000 に希釈した。