

製品名: SMC1 ウサギポリクローナル抗体**カタログ番号: APRab18010**

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	ヒト、マウス
標識	非共役
修飾	未修正
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 1:50-1:200,ELISA 1:5000-1:20000
分子量	143kDa

抗原情報

遺伝子名	SMC1A
別名	SMC1A; DXS423E; KIAA0178; SB1.8; SMC1; SMC1L1; Structural maintenance of chromosomes protein 1A; SMC protein 1A; SMC-1-alpha; SMC-1A; Sb1.8
遺伝子 ID	8243.0
SwissProt ID	Q14683
免疫原	抗血清はヒト SMC1 由来の合成ペプチドに対して作製された。アミノ酸範囲: 931-980

背景

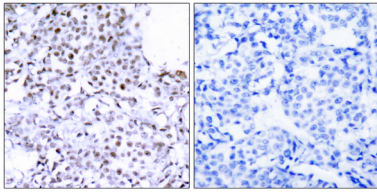
染色体構造維持 1A (SMC1A) Homo sapiens 細胞分裂中に染色体が正しく分離されるためには、姉妹染色分体の適切な接着が必須で

す。姉妹染色分体の接着には、コヒーシン多タンパク質複合体が必要です。この複合体は、2つの染色体構造維持 (SMC) タンパク質、SMC3 と、SMC1B またはこの遺伝子によってコードされるタンパク質のいずれかから構成されます。コヒーシン複合体のほとんどは有糸分裂前に染色体から解離しますが、動原体の複合体は残ります。そのため、コードされるタンパク質は機能的な動原体の重要な部分であると考えられています。さらに、このタンパク質は BRCA1 と相互作用し、ATM によってリン酸化されることから、DNA 修復においてこのタンパク質が役割を果たしている可能性があります。SMC 遺伝子ファミリーに属するこの遺伝子は、X 染色体の不活性化を免れる領域に位置しています。この遺伝子の変異は、コルネリア・デ・ランゲ症候群を引き起こします。別疾患:SMC1A の欠陥は、コルネリア・デ・ランゲ症候群 2 型 (CDLS2) [MIM:300590] の原因です。X連鎖性コルネリア・デ・ランゲ症候群としても知られています。CDLS は、複数のシステムに影響を及ぼす奇形に関連する臨床的に異質な発達障害です。CDLS は、顔面異形、手足の異常、成長遅延、認知遅延、および胃食道機能障害、心臓、眼、泌尿生殖器の異常を含むその他のさまざまな奇形を特徴とします。ドメイン:大きな分子内コイルドコイル領域を分離する柔軟なヒンジドメインは、SMC3 の対応するドメインとの異型相互作用を可能にし、V字型のヘテロダイマーを形成します。ヘテロ二量体の2つの頭部は、切断可能な RAD21 タンパク質の異なる末端によって接続され、リング構造を形成します。機能:細胞周期中の染色体接着および DNA 修復に関与します。コヒーシン複合体の中心的成分です。コヒーシン複合体は、DNA 複製後の姉妹染色分体の接着に必要です。コヒーシン複合体は、姉妹染色分体を捕捉できる大きなタンパク質リングを形成するようです。後期には、複合体は切断されてクロマチンから解離し、姉妹染色分体が分離できるようになります。コヒーシン複合体は、有糸分裂中の紡錘体極の組み立てにも関与している可能性があります。BRCA1 との相互作用および ATM による関連するリン酸化、または ATR によるリン酸化を介して DNA 修復に関与します。S 期チェックポイントの ATM/NBS1 分岐と ATR/MSH2 分岐の両方において下流エフェクターとして働く。PTM:NBS1 依存的に電離放射線を受けると ATM によってリン酸化される。MSH2/MSH6 依存的に DNA メチル化を受けると ATR によってリン酸化される。Ser-957 と Ser-966 のリン酸化によって活性化され、S 期チェックポイントの活性化に必要である。類似性:SMC ファミリーに属する。SMC1 サブファミリー。細胞内局在:クロマチンと関連する。前期前は染色体腕に沿って散在する。前期中、コヒーシン複合体の大部分は、おそらく PLK によるリン酸化のためにクロマチンから解離するが、セントロメアではコヒーシン複合体が残る。分裂後期には、コヒーシン複合体の RAD21 サブユニットが切断され、複合体が染色体から解離して染色体が分離します。生殖細胞では、コヒーシン複合体は前期 I でクロマチンから解離し、減数分裂特異的なコヒーシン複合体に置換される可能性があります。Ser-957 および Ser-966 のリン酸化型は、G1/S/G2 期にはクロマチンと結合しますが、M 期には結合しないことから、リン酸化はコヒーシンの機能を制御しないことが示唆されています。有糸分裂中の動原体領域における機能的なセントロメア-動原体複合体の不可欠な構成要素です。サブユニット: POLE と相互作用します。SYCP2 と相互作用します。BRCA1 と相互作用します。CDCA5、SMC3、RAD21、PDS5A/APRIN、PDS5B/SCC-112 との複合体中に存在します (類似性による)。コヒーシン複合体において SMC3 とヘテロ二量体を形成する。コヒーシン複合体は、ヒンジドメインを介して結合した SMC1 (SMC1A または SMC1B) と SMC3 のヘテロ二量体、これらを連結する RAD21、および RAD21 と相互作用する1つの STAG タンパク質 (STAG1、STAG2、または STAG3) から構成される。生殖細胞コヒーシン複合体において、SMC1A は SMC1B と相互排他的である。BRCA1 と相互作用する。NDC80 と相互作用する。

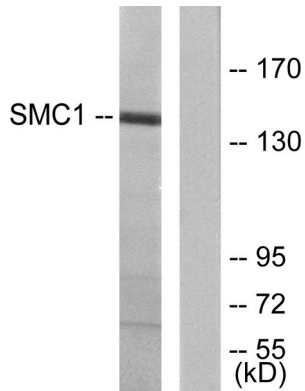
研究分野

Cell_Cycle_G1S;Cell_Cycle_G2M_DNA;卵母細胞減数分裂;

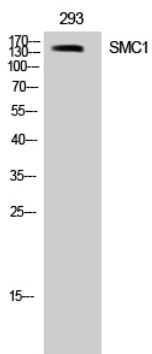
画像データ



SMC1 抗体を用いたパラフィン包埋ヒト乳癌組織の免疫組織化学染色。右の写真は合成ペプチドでブロッキングした状態。



SMC1 抗体を用いた、UV15°処理した 293 細胞ライセートのウェスタンブロット解析。右レーンは合成ペプチドでブロッキングされている。



SMC1 ポリクローナル抗体を用いた 293 細胞のウェスタンブロット解析