

Nombre del Producto: Anticuerpo policlonal de conejo Abl1 (fosfo Thr735)**Nº de Catálogo: APRab04194**

Solo para uso en investigación.

Resumen

Descripción	Anticuerpo policlonal de conejo
Huésped	Conejo
Aplicación	WB,IHC,ICC/IF,ELISA
Reactividad	Humano, Ratón, Rata, Mono
Conjugación	No conjugado
Modificación	Fosforilado
Isotipo	IgG
Clonalidad	Policlonal
Formato	Líquido
Concentración	1 mg/ml
Almacenamiento	Hacer alícuotas y almacenar a -20°C (válido por 12 meses). Evitar ciclos de congelación/descongelación.
Envío	Bolsas de hielo
Tampon	Líquido en PBS que contiene 50% de glicerol, 0,5% de proteína protectora y 0,02% de conservante de nuevo tipo N.
Purificación	Purificación por afinidad

Aplicación

Relación de Dilución	WB 1:500-1:2000,IHC 1:100-1:300,ICC/IF 1:50-1:200,ELISA 1:5000-1:10000
Peso Molecular	125(200kDa BCR-ABL complex)

Información del Antígeno

Nombre del Gen	ABL1
Nombres Alternativos	ABL1; ABL; JTK7; Tyrosine-protein kinase ABL1; Abelson murine leukemia viral oncogene homolog 1; Abelson tyrosine-protein kinase 1; Proto-oncogene c-Abl; p150
ID del Gen	25.0
ID SwissProt	P00519
Inmunógeno	El antisuero se produjo contra el péptido sintetizado derivado de ABL1 humano alrededor del sitio de fosforilación de Thr735. Rango de AA: 701-750.

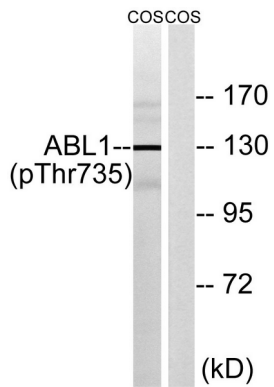
Antecedentes

Este gen es un protooncogén que codifica una proteína tirosina quinasa involucrada en una variedad de procesos celulares, incluyendo la división celular, adhesión, diferenciación y respuesta al estrés. La actividad de la proteína es regulada negativamente por su dominio SH3, por lo que la delección de la región que codifica este dominio resulta en un oncogén. La proteína expresada ubicuamente tiene actividad de unión al ADN que es regulada por la fosforilación mediada por CDC2, lo que sugiere una función del ciclo celular. Este gen se ha encontrado fusionado a una variedad de genes asociados a translocación en varias leucemias, más notablemente la translocación t(9; 22) que resulta en una fusión con el extremo 5' del gen de la región del grupo de puntos de ruptura (BCR; MIM: 151410). El empalme alternativo de este gen resulta en dos variantes de transcripción, que contienen primeros exones alternativos que se empalman a los exones comunes restantes. Actividad catalítica: $ATP + \text{una [proteína]-L-tirosina} = ADP + \text{un fosfato de [proteína]-L-tirosina}$. Cofactor: Magnesio o manganeso. Enfermedad: Una aberración cromosómica que afecta a ABL1 es causa de leucemia mieloide crónica (LMC) [MIM:608232]. Translocación t(9;22)(q34;q11) con BCR. La translocación produce un BCR-ABL que también se encuentra en la leucemia mieloide aguda (LMA) y la leucemia linfoblástica aguda (LLA). Regulación enzimática: Se estabiliza en su forma inactiva mediante la asociación entre el dominio SH3 y la región de enlace SH2-TK, las interacciones de la tapa aminoterminal y las contribuciones de un grupo miristoílo aminoterminal y fosfolípidos. Se activa mediante autofosforilación, así como por fosforilación mediada por cinasas de la familia SRC. Activado por la unión de RIN1 a los dominios SH2 y SH3. Inhibido por el mesilato de imatinib (Gleevec), utilizado para el tratamiento de la leucemia mieloide crónica (LMC). Función: Regula la remodelación del citoesqueleto durante la diferenciación, división y adhesión celular. Se localiza en las estructuras dinámicas de actina y fosforila CRK y CRKL, DOK1 y otras proteínas que controlan la dinámica del citoesqueleto. Regula la reparación del ADN potencialmente activando la vía proapoptótica cuando el daño en el ADN es demasiado grave para ser reparado. Información en línea: Entrada de Abl, PTM: Fosforilado por PRKDC (por similitud). La activación de c-Abl inducida por daño en el ADN requiere la fosforilación de ATM y Ser-446. La isoforma IB está miristoilada en Gly-2. La fosforilación en Thr-735 es necesaria para la unión de las proteínas 14-3-3 para la translocación citoplasmática. Similitud: Pertenece a la superfamilia de las proteínas quinasas. Familia de las proteínas quinasas Tyr. Similitud: Pertenece a la superfamilia de las proteínas quinasas. Familia de las proteínas quinasas Tyr. Subfamilia ABL. Similitud: Contiene un dominio de proteína quinasa. Similitud: Contiene un dominio SH2. Similitud: Contiene un dominio SH3. Ubicación subcelular: Se ha informado que la proteína c-ABL miristoilada es nuclear. Se secuestra en el citoplasma mediante la interacción con las proteínas 14-3-3. Subunidad: Interactúa con SORBS1 tras la estimulación con insulina. Se encuentra en un complejo trimolecular que contiene CDK5 y CABLES1. Interactúa con CABLES1 y PSTPIP1. Interactúa con ZDHHC16 (por similitud). Interactúa con INPPL1/SHIP2. Interactúa con las proteínas 14-3-3, YWHAB, YWHAE, YWHAG, YWHAH, SFN Y YWHAZ; la interacción con las proteínas 14-3-3 requiere fosforilación en Thr-735 y secuestra ABL1 en el citoplasma., especificidad tisular: Ampliamente expresado.

Área de Investigación

ErbB_HER;Ciclo celular_G1S;Ciclo celular_G2M_ADN;Guía axonal;Neurotrofina;Infección por Escherichia coli patógena;Vías en el cáncer;Leucemia mieloide crónica;Miocarditis viral;

Datos de Imagen



Análisis de Western blot de lisados de células COS7 tratadas con EGF 200 ng/ml durante 30 minutos, utilizando el anticuerpo ABL1 (Phospho-Thr735). El carril derecho está bloqueado con el péptido fosforilado.