

**Nombre del Producto: Anticuerpo policlonal de conejo BRCA1 (fosfo Ser1524)****Nº de Catálogo: APRab04332**

Solo para uso en investigación.

**Resumen**

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

**Aplicación**

<b>Relación de Dilución</b>	WB 1:500-1:2000,IHC 1:100-1:300,ICC/IF 1:50-1:200,ELISA 1:5000-1:20000
<b>Peso Molecular</b>	-

**Información del Antígeno**

<b>Nombre del Gen</b>	BRCA1
<b>Nombres Alternativos</b>	BRCA1; RNF53; Breast cancer type 1 susceptibility protein; RING finger protein 53
<b>ID del Gen</b>	672.0
<b>ID SwissProt</b>	P38398
<b>Inmunógeno</b>	El antisuero se produjo contra el péptido sintetizado derivado del gen BRCA1 humano, alrededor del sitio de fosforilación de Ser1524. Rango de AA: 1491-1540.

**Antecedentes**

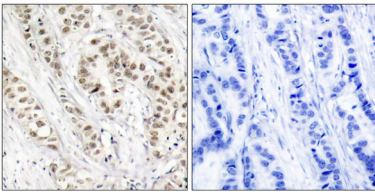
Este gen codifica una fosfoproteína nuclear que contribuye al mantenimiento de la estabilidad genómica y actúa como supresor tumoral. La proteína codificada se combina con otros supresores tumorales, sensores de daño del ADN y transductores de señales para formar un gran complejo proteico multisubunitario conocido como complejo de vigilancia del genoma asociado a BRCA1 (BASC). Este producto génico se asocia con la ARN polimerasa II y, a través del dominio C-terminal, también interactúa con complejos de histonas desacetilasas. Por lo tanto, esta proteína participa en la transcripción, la reparación de roturas bicatenarias del ADN y la recombinación. Las mutaciones en este gen son responsables de aproximadamente el 40 % de los cánceres de mama hereditarios y de más del 80 % de los cánceres de mama y ovario hereditarios. El splicing alternativo modula la localización subcelular y la función fisiológica de este gen. Variación de muchas transcripciones con empalme alternativo: Los defectos en BRCA1 son causa de susceptibilidad genética al cáncer de mama (CM) [MIM:113705, 114480]. El CM es una neoplasia maligna extremadamente común que afecta a una de cada ocho mujeres a lo largo de su vida. Se ha identificado un historial familiar positivo como un factor importante en el riesgo de desarrollar la enfermedad, y esta relación es sorprendente en el caso del cáncer de mama de inicio temprano. Se cree que las mutaciones en BRCA1 son responsables del 45 % de los casos de cáncer de mama hereditario. Además, las portadoras de BRCA1 tienen un riesgo cuatro veces mayor de cáncer de colon, mientras que los hombres portadores se enfrentan a un riesgo tres veces mayor de cáncer de próstata. Las células que carecen de BRCA1 muestran defectos en la reparación del ADN por recombinación homóloga., enfermedad: Los defectos en BRCA1 son una causa de susceptibilidad genética al cáncer de ovario [MIM:113705], enfermedad: Los defectos en BRCA1 son una causa de susceptibilidad al cáncer de mama-ovario familiar tipo 1 (BROVCA1) [MIM:604370]. Se cree que las mutaciones en BRCA1 son responsables de más del 80% del cáncer de mama-ovario hereditario., dominio: Los dominios BRCT reconocen y se unen al motivo pSXXF fosforilado en las proteínas. La interacción con el motivo pSXXF fosforilado de FAM175A/Abraxas recluta a BRCA1 en los sitios de daño del ADN. Dominio: El dominio de dedo de zinc tipo RING interactúa con BAP1. Función: El heterodímero BRCA1-BARD1 coordina diversas vías celulares, como la reparación del daño del ADN, la ubiquitinación y la regulación transcripcional, para mantener la estabilidad genómica. Actúa mediando la actividad de la ubiquitina E3 ligasa, necesaria para su función supresora tumoral. Desempeña un papel central en la reparación del ADN al facilitar la respuesta celular a la reparación del ADN. Es necesario para la detención adecuada del ciclo celular tras la irradiación ionizante, tanto en la fase S como en la fase G2. Participa en la regulación transcripcional de P21 en respuesta al daño del ADN. Es necesario para la orientación de FANCD2 a los sitios de daño del ADN. Puede funcionar como regulador transcripcional. Inhibe la síntesis de lípidos al unirse a ACACA fosforilada inactiva y evitar su desfosforilación., información en línea: entrada BRCA1, información en línea: la base de datos de polimorfismos y mutaciones humanas de Singapur, vía: modificación de proteínas, ubiquitinación de proteínas., polimorfismo: existe evidencia de que la presencia de la forma rara de los polimorfismos Gln-356-Arg y Leu-871-Pro puede estar asociada con un mayor riesgo de desarrollar cáncer de ovario., PTM: fosforilado en respuesta a IR, UV y varios estímulos que causan la activación del punto de control, probablemente por ATM o ATR., similitud: contiene 1 dedo de zinc tipo RING., similitud: contiene 2 dominios BRCT., ubicación subcelular: se localiza en sitios de daño del ADN en roturas de doble cadena (DSB); El reclutamiento a los sitios de daño del ADN está mediado por el complejo BRCA1-A., subunidad: Parte del complejo de vigilancia del genoma asociado a BRCA1 (BASC), que contiene BRCA1, MSH2, MSH6, MLH1, ATM, BLM, PMS2 y el complejo proteico RAD50-MRE11-NBN. Esta asociación podría ser un proceso dinámico que cambia a lo largo del ciclo celular y dentro de los dominios subnucleares. Componente del complejo BRCA1-A, al menos compuesto por BRCA1, BARD1, UIMC1/RAP80, FAM175A/Abraxas, BRCC3/BRCC36, BRE/BRCC45 y

MERIT40/NBA1. Interactúa (a través de los dominios BRCT) con FAM175A/Abraxas y RBBP8. Se asocia con la holoenzima ARN polimerasa II. Interactúa con SMC1A y COBRA1/NELFB. Interactúa (a través de los dominios BRCT) con BRIP1. Interactúa con FANCD2 (ubiquitinado). Interactúa con BAP1. Interactúa con DCLRE1C/Artemis y CLSPN. Interactúa con H2AFX (fosforilado en 'Ser-140'). Interactúa con CHEK1/CHK1. Interactúa con BRCC3. Interactúa (a través de dominios BRCT) con ACACA (fosforilado); la interacción previene la desfosforilación de ACACA. Especificidad tisular: Las isoformas 1 y 3 se expresan ampliamente. La isoforma 3 está reducida o ausente en varias líneas celulares de cáncer de mama y ovario.

## Área de Investigación

Akt\_PKB;Proteólisis mediada por ubiquitina;

## Datos de Imagen



Análisis inmunohistoquímico de carcinoma de mama humano incluido en parafina, utilizando el anticuerpo BRCA1 (Phospho-Ser1524). La imagen de la derecha está bloqueada con el péptido fosfo.