

**Nombre del Producto: Anticuerpo policlonal de conejo Cbl (fosfo Tyr674)****Nº de Catálogo: APRab04391**

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, Ratón, Rata
<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 1:5000-1:10000
<b>Peso Molecular</b>	120kDa

**Información del Antígeno**

<b>Nombre del Gen</b>	CBL CBL; CBL2; RNF55; E3 ubiquitin-protein ligase CBL; Casitas B-lineage lymphoma proto-oncogene; Proto-oncogene c-Cbl; RING finger protein 55; Signal transduction protein
<b>Nombres Alternativos</b>	CBL
<b>ID del Gen</b>	867.0
<b>ID SwissProt</b>	P22681
<b>Inmunógeno</b>	El antisuero se produjo contra el péptido sintetizado derivado del CBL humano alrededor del sitio de fosforilación de Tyr674. Rango de AA: 640-689.

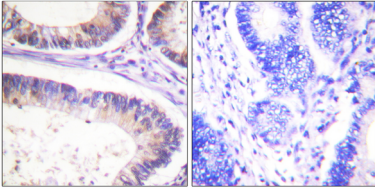
## Antecedentes

Protooncogén Cbl (CBL) Homo sapiens Este gen es un protooncogén que codifica una ligasa de ubiquitina E3 de dedo RING. La proteína codificada es una de las enzimas necesarias para seleccionar sustratos para su degradación por el proteasoma. Esta proteína media la transferencia de ubiquitina desde las enzimas conjugadoras de ubiquitina (E2) a sustratos específicos. Esta proteína también contiene un dominio de unión a fosfotirosina N-terminal que le permite interactuar con numerosos sustratos fosforilados en tirosina y seleccionarlos para la degradación por el proteasoma. Como tal, funciona como un regulador negativo de muchas vías de transducción de señales. Se ha descubierto que este gen está mutado o translocado en muchos cánceres, incluida la leucemia mieloide aguda, y la expansión de repeticiones CGG en el 5' UTR se ha asociado con el síndrome de Jacobsen. Las mutaciones en este gen también son la causa del trastorno similar al síndrome de Noonan. [Proporcionado por RefSeq, jul. de 2016], enfermedad: Puede convertirse en una proteína oncogénica mediante deleciones o mutaciones que alteran su capacidad para inhibir las RTK., dominio: El extremo N-terminal está compuesto por el dominio de unión a la fosfotirosina (PTB), una región de enlace corta y el dedo de zinc tipo RING. El dominio PTB, también llamado dominio TKB (de unión a la tirosina quinasa), se compone de tres subdominios diferentes: un haz de cuatro hélices (4H), una mano EF de unión al calcio y un dominio SH2 divergente., dominio: El dominio dedo de zinc tipo RING media la unión a una enzima conjugadora de ubiquitina E2., función: Participa en la transducción de señales en células hematopoyéticas. Proteína adaptadora que funciona como regulador negativo de numerosas vías de señalización que parten de receptores en la superficie celular. Actúa como una ubiquitina-proteína ligasa E3, que acepta la ubiquitina de enzimas conjugadoras de ubiquitina E2 específicas y la transfiere a sustratos, promoviendo su degradación por el proteasoma. Reconoce las tirosina quinasa receptoras activadas, como PDGFA, EGF y CSF1, y termina la señalización. Varios: Esta proteína posee un sitio funcional de unión al calcio. Vía: Modificación de proteínas; ubiquitinación de proteínas. PTM: Fosforilada en residuos de tirosina por EGFR, SYK, FYN y ZAP70 (por similitud). Fosforilada en residuos de tirosina por INSR. Similitud: Contiene un dominio N-terminal de CBL. Similitud: Contiene un dedo de zinc tipo RING. Similitud: Contiene un dominio SH2. Similitud: Contiene un dominio UBA. Similitud: Contiene dos dominios tipo mano EF. Subunidad: Se asocia con NCK a través de su dominio SH3. El extremo C-terminal fosforilado interactúa con CD2AP a través de su segundo dominio SH3. Se une a UBE2L3. Interactúa con los adaptadores SLA y SLA2 y con el extremo C-terminal fosforilado de SH2B2. Interactúa con EGFR, SYK y ZAP70 a través de la región Cbl-N altamente conservada. También interactúa con SORBS1 e INPPL1/SHIP2. Interactúa con LAT2 fosforilado. Puede interactuar con CBLB.

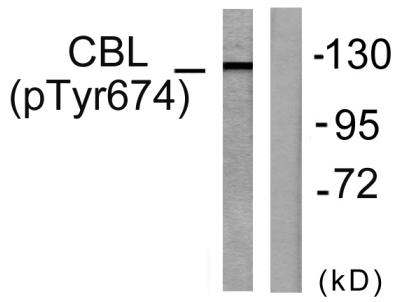
## Área de Investigación

ErbB\_HER;Proteólisis mediada por ubiquitina;Endocitosis;Jak\_STAT;Receptor de células T;Receptor de insulina;Vías en el cáncer;Leucemia mieloide crónica;

## Datos de Imagen



Análisis inmunohistoquímico de carcinoma de colon humano incluido en parafina, utilizando el anticuerpo CBL (Phospho-Tyr674). La imagen de la derecha está bloqueada con el péptido fosforilado.



Análisis de Western blot de lisados de células HepG2 tratadas con  $\text{Na}_2\text{VO}_3$  0,3 nM 40', utilizando el anticuerpo CBL (Phospho-Tyr674). El carril derecho está bloqueado con el péptido fosforilado.