

Nombre del Producto: Anticuerpo policlonal de conejo SMC1 (fosfo Ser966)**Nº de Catálogo: APRab05452**

Solo para uso en investigación.

Resumen

Descripción	Anticuerpo policlonal de conejo
Huésped	Conejo
Aplicación	WB,IHC,ICC/IF,ELISA
Reactividad	Humano, Ratón, Rata
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 1:5000-1:20000
Peso Molecular	160kDa

Información del Antígeno

Nombre del Gen	SMC1A
Nombres Alternativos	SMC1A; DXS423E; KIAA0178; SB1.8; SMC1; SMC1L1; Structural maintenance of chromosomes protein 1A; SMC protein 1A; SMC-1-alpha; SMC-1A; Sb1.8
ID del Gen	8243.0
ID SwissProt	Q14683
Inmunógeno	El antisuero se produjo contra el péptido sintetizado derivado de SMC1 humano alrededor del sitio de fosforilación de Ser966. Rango de AA: 932-981.

Antecedentes

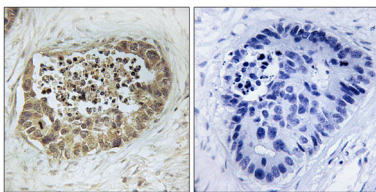
mantenimiento estructural de los cromosomas 1A (SMC1A) Homo sapiens La cohesión adecuada de las cromátidas hermanas es un prerrequisito para la segregación correcta de los cromosomas durante la división celular. El complejo multiproteico de cohesión es necesario para la cohesión de las cromátidas hermanas. Este complejo está compuesto en parte por dos proteínas de mantenimiento estructural de los cromosomas (SMC), SMC3 y SMC1B o la proteína codificada por este gen. La mayoría de los complejos de cohesión se disocian de los cromosomas antes de la mitosis, aunque los complejos en el cinetocoro permanecen. Por lo tanto, se cree que la proteína codificada es una parte importante de los cinetocoros funcionales. Además, esta proteína interactúa con BRCA1 y es fosforilada por ATM, lo que indica un papel potencial para esta proteína en la reparación del ADN. Este gen, que pertenece a la familia de genes SMC, se encuentra en un área del cromosoma X que escapa a la inactivación de X. Las mutaciones en este gen resultan en el síndrome de Cornelia de Lange. Enfermedad alternativa: Los defectos en SMC1A son la causa del síndrome de Cornelia de Lange tipo 2 (CDLS2) [MIM:300590], también conocido como síndrome de Cornelia de Lange ligado al cromosoma X. El CDLS es un trastorno del desarrollo clínicamente heterogéneo asociado con malformaciones que afectan a múltiples sistemas. Se caracteriza por dismorfismos faciales, manos y pies anormales, retraso del crecimiento, retraso cognitivo y diversas malformaciones, incluyendo disfunción gastroesofágica y anomalías cardíacas, oftalmológicas y genitourinarias. Dominio: El dominio bisagra flexible, que separa las grandes regiones intramoleculares en espiral, permite la interacción heterotípica con el dominio correspondiente de SMC3, formando un heterodímero en forma de V. Las dos cabezas del heterodímero se conectan mediante extremos diferentes de la proteína RAD21, formando una estructura de anillo. Función: Participa en la cohesión cromosómica durante el ciclo celular y en la reparación del ADN. Componente central del complejo de cohesión. El complejo de cohesión es necesario para la cohesión de las cromátidas hermanas tras la replicación del ADN. El complejo de cohesión aparentemente forma un gran anillo proteínico dentro del cual las cromátidas hermanas pueden quedar atrapadas. En la anafase, el complejo se escinde y se disocia de la cromatina, lo que permite la segregación de las cromátidas hermanas. El complejo de cohesión también puede desempeñar un papel en el ensamblaje de los polos del huso durante la mitosis. Participa en la reparación del ADN mediante su interacción con BRCA1 y su fosforilación relacionada por ATM, o mediante su fosforilación por ATR. Funciona como un efector descendente tanto en la rama ATM/NBS1 como en la rama ATR/MSH2 del punto de control de la fase S. PTM: Fosforilado por ATM tras la radiación ionizante de forma dependiente de NBS1. Fosforilado por ATR tras la metilación del ADN de forma dependiente de MSH2/MSH6. La fosforilación de Ser-957 y Ser-966 la activa y es necesaria para la activación del punto de control de la fase S. Similitud: Pertenece a la familia SMC. Subfamilia SMC1. Ubicación subcelular: Se asocia con la cromatina. Antes de la profase, se encuentra disperso a lo largo de los brazos cromosómicos. Durante la profase, la mayoría de los complejos de cohesina se disocian de la cromatina, probablemente debido a la fosforilación por PLK, excepto en los centrómeros, donde permanecen. En la anafase, la subunidad RAD21 del complejo de cohesina se escinde, lo que lleva a la disociación del complejo de los cromosomas, permitiendo la separación cromosómica. En las células germinales, el complejo de cohesina se disocia de la cromatina en la profase I y puede ser reemplazado por un complejo de cohesina específico de la meiosis. La forma fosforilada de Ser-957 y Ser-966 se asocia con la cromatina durante las fases G1/S/G2, pero no durante la fase M, lo que sugiere que la fosforilación no regula la función de la cohesina. Componente integral del complejo funcional centrómero-cinetocoro en la región del cinetocoro durante la mitosis. Subunidad: Interactúa con POLE. Interactúa con SYCP2. Interactúa con BRCA1. Se encuentra en un complejo con CDCA5, SMC3 y RAD21, PDS5A/APRIN y PDS5B/SCC-112 (por similitud). Forma un

heterodímero con SMC3 en complejos de cohesina. Los complejos de cohesina están compuestos por el heterodímero SMC1 (SMC1A o SMC1B) y SMC3 unidos a través de su dominio bisagra, RAD21 que los une, y una proteína STAG (STAG1, STAG2 o STAG3), que interactúa con RAD21. En los complejos de cohesión de células germinales, SMC1A es mutuamente excluyente con SMC1B. Interactúa con BRCA1. Interactúa con NDC80.

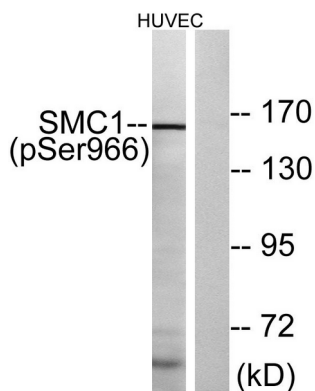
Área de Investigación

Ciclo celular G1S; Ciclo celular G2M ADN; Meiosis del ovocito;

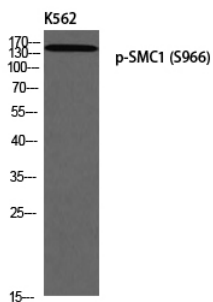
Datos de Imagen



Análisis inmunohistoquímico de carcinoma pulmonar humano incluido en parafina, utilizando el anticuerpo SMC1 (Phospho-Ser966). La imagen de la derecha está bloqueada con el péptido fosforilado.



Análisis de Western blot de lisados de células HUVEC tratadas con etopósido 24 μ M durante 24 h, utilizando el anticuerpo SMC1 (Phospho-Ser966). El carril derecho está bloqueado con el péptido fosfo.



Análisis de transferencia Western de K562 utilizando el anticuerpo p-SMC1 (S966) .