

Nombre del Producto: Anticuerpo policlonal de conejo Daxx**Nº de Catálogo: APRab09795**

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	Sin modificar
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 1:200-1:1000,ELISA 1:10000-1:20000
Peso Molecular	85-115kDa

Información del Antígeno

Nombre del Gen	DAXX
Nombres Alternativos	DAXX; BING2; DAP6; Death domain-associated protein 6; Daxx; hDaxx; ETS1-associated protein 1; EAP1; Fas death domain-associated protein
ID del Gen	1616.0
ID SwissProt	Q9UER7
Inmunógeno	El antisuero se elaboró contra el péptido sintetizado derivado del DAXX humano. Rango de AA: 361-410.

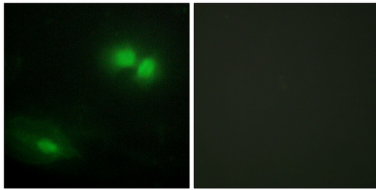
Antecedentes

Este gen codifica una proteína multifuncional que reside en múltiples ubicaciones en el núcleo y en el citoplasma. Interactúa con una amplia variedad de proteínas, como el antígeno de apoptosis Fas, la proteína C del centrómero y el homólogo 1 del oncogén del virus de la eritroblastosis E26 del factor de transcripción. En el núcleo, la proteína codificada funciona como un potente represor de la transcripción que se une a factores de transcripción sumoílados. Su represión puede aliviarse mediante el secuestro de esta proteína en cuerpos nucleares o nucléolos de leucemia promielocítica. Esta proteína también se asocia con centrómeros en fase G2. En el citoplasma, la proteína codificada puede funcionar para regular la apoptosis. La localización subcelular y la función de esta proteína están moduladas por modificaciones postraduccionales, que incluyen sumoílación, fosforilación y poliubiquitinación. El empalme alternativo produce una función de varianza de transcripción múltiple: se propone que media la activación de la vía JNK y la apoptosis a través de MAP3K5 en respuesta a la señalización de TNFRSF6 y TGFBR2. La interacción con HSPB1/HSP27 puede prevenir la interacción con TNFRSF6 y MAP3K5 y bloquear la apoptosis mediada por DAXX. Por el contrario, en las células linfoides, la activación de JNK y la apoptosis mediada por TNFRSF6 podrían no involucrar a DAXX. Parece regular la transcripción en los corpúsculos nucleares PML/POD/ND10 junto con PML y, por lo tanto, puede influir en la apoptosis dependiente de TNFRSF6. Inhibe la transcripción basal y activada. Parece actuar como correpresor transcripcional e inhibe PAX3 y ETS1 mediante la interacción proteína-proteína directa. Modula la actividad de PAX5. Su actividad represora de la transcripción se modula al reclutarlo a compartimentos subnucleares como el nucléolo o los cuerpos nucleares PML/POD/ND10 a través de interacciones con MCSR1 y PML, respectivamente., inducción: Tras estimulación mitogénica por concanavalina A., PTM: Fosforilado tras daño del ADN, probablemente por ATM o ATR. Fosforilado por HIPK1 tras privación de glucosa., PTM: Poliubiquitinado; que es promovido por CUL3 y SPOP y resulta en degradación proteasomal., PTM: Sumoílado., similitud: Pertenece a la familia DAXX., ubicación subcelular: Disperso por todo el nucleoplasma, en cuerpos nucleares PML/POD/ND10 y en nucléolos. Colocaliza con un subconjunto de centrómeros en interfase, pero está ausente de los centrómeros mitóticos. Detectado en estructuras puntiformes citoplasmáticas. Se transloca del núcleo al citoplasma tras la privación de glucosa o el estrés oxidativo. Subunidad: Homomultímero. Se une al dominio de muerte de TNFRSF6 a través de su extremo C-terminal y a PAX5. Se une a SLC2A4/GLUT4, MAP3K5, TGFBR2, HSPB1/HSP27 dímero fosforilado, CENPC1, ETS1, PML sumoílado, UBE2I y MCSR1. Forma parte de un complejo que contiene PAX5 y CREBBP. Interactúa con HIPK2 y HIPK3 a través de su extremo N-terminal. Interactúa con HIPK1, lo que induce la translocación desde los corpúsculos nucleares de PML/POD/ND10 a la cromatina y potencia la asociación con HDAC1 (por similitud). La forma no fosforilada se une a PAX3, PAX7, DEK, HDAC1, HDAC2, HDAC3, la histona H4 acetilada y las histonas H2A, H2B, H3 y H4. Interactúa con SPOP. Forma parte de un complejo compuesto por DAXX, CUL3 y SPOP. Interactúa con CBP; esta interacción depende de la sumoílación de CBP y suprime su actividad transcripcional mediante el reclutamiento de HDAC2 (por similitud). Interactúa con la fosfoproteína pp71 del tegumento del HCMV. Especificidad tisular: ubicua.

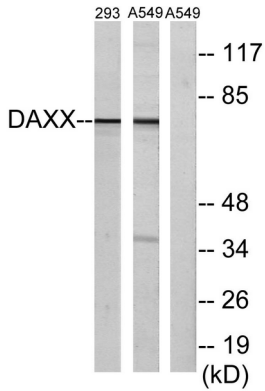
Área de Investigación

MAPK_ERK_Crecimiento;MAPK_G_Proteína;Esclerosis lateral amiotrófica (ELA);

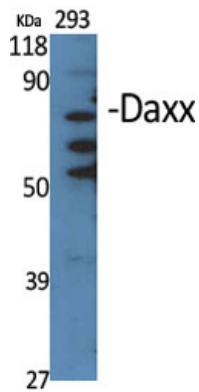
Datos de Imagen



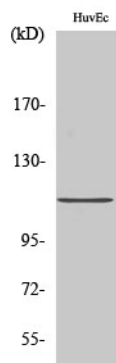
Análisis de inmunofluorescencia de células HeLa con el anticuerpo DAXX. La imagen de la derecha muestra el péptido sintetizado.



Análisis de inmunotransferencia de lisados de células 293 y A549, utilizando el anticuerpo DAXX. El carril derecho está bloqueado con el péptido sintetizado.



Análisis Western Blot de varias células utilizando el anticuerpo policlonal Daxx



Análisis Western Blot de células A549 usando el anticuerpo policlonal Daxx