

**Nombre del Producto: Anticuerpo policlonal de conejo PIASy****Nº de Catálogo: APRab16122**

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
<b>Conjugación</b>	No conjugado
<b>Modificación</b>	Sin modificar
<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 1:10000-1:20000
<b>Peso Molecular</b>	56kDa

**Información del Antígeno**

<b>Nombre del Gen</b>	PIAS4
<b>Nombres Alternativos</b>	PIAS4; PIASG; E3 SUMO-protein ligase PIAS4; PIASy; Protein inhibitor of activated STAT protein 4; Protein inhibitor of activated STAT protein gamma; PIAS-gamma
<b>ID del Gen</b>	51588.0
<b>ID SwissProt</b>	Q8N2W9
<b>Inmunógeno</b>	El antisuero se elaboró contra el péptido sintetizado derivado de PIAS4 humano. Rango de AA: 451-500.

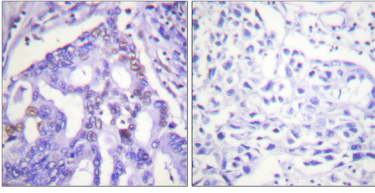
## Antecedentes

**Dominio:** El motivo LXXLL es una firma correguladora esencial para la correpresión transcripcional. **Función:** Actúa como una ligasa modificadora pequeña similar a la ubiquitina (SUMO) tipo E3, estabilizando la interacción entre UBE2I y el sustrato, y como factor de anclaje a SUMO. Desempeña un papel crucial como corregulación transcripcional en diversas vías celulares, incluyendo la vía STAT, la vía p53, la vía Wnt y la vía de señalización de hormonas esteroideas. Participa en el silenciamiento génico. Promueve la sumoilación de PARK7. En la señalización Wnt, reprime LEF1 y potencia las actividades transcripcionales de TCF4 al promover sus sumoilaciones. **Vía:** Modificación de proteínas; sumoilación de proteínas. **PTM:** Sumoilado. Lys-35 es el principal sitio de sumoilación. La sumoilación es necesaria para la sumoilación de TCF4 y la activación transcripcional. Reprime la actividad transcripcional de LEF1. SUMO1 es el conjugado preferido. **Similitud:** Pertenece a la familia PIAS. **Similitud:** Contiene un dominio SAP. **Similitud:** Contiene un dedo de zinc tipo SP-RING. **Ubicación subcelular:** Se colocaliza con SUMO1, TCF7L2/TCF4 y LEF1 en un subconjunto de cuerpos nucleares de PML (leucemia promielocítica). **Subunidad:** Interactúa con AR, GATA2, LEF1, TP53 y STAT1 (inducido por IFNG). Se une a secuencias de ADN ricas en AT, conocidas como regiones de unión a la matriz o al andamiaje (MAR/SAR) (por similitud). Interactúa con TICAM1. Interactúa con KLF8. La interacción resulta en la ligadura de SUMO y la represión de la actividad transcripcional de KLF8 y de la progresión de su ciclo celular a la fase G(1)., **Especificidad tisular:** Altamente expresado en testículos y, en niveles más bajos, en bazo, próstata, ovario, colon y leucocitos de sangre periférica., **Dominio:** El motivo LXXLL es una firma correguladora esencial para la correpresión transcripcional., **Función:** Funciona como una ligasa pequeña modificadora similar a la ubiquitina (SUMO) tipo E3, estabilizando la interacción entre UBE2I y el sustrato, y como un factor de anclaje de SUMO. Desempeña un papel crucial como corregulación transcripcional en varias vías celulares, incluyendo la vía STAT, la vía p53, la vía Wnt y la vía de señalización de la hormona esteroidea. Implicado en el silenciamiento génico. Promueve la sumoilación de PARK7. En la señalización de Wnt, reprime LEF1 y potencia las actividades transcripcionales de TCF4 mediante la promoción de sus sumoilaciones. **Vía:** Modificación de proteínas; sumoilación de proteínas. **PTM:** Sumoilado. Lys-35 es el principal sitio de sumoilación. La sumoilación es necesaria para la sumoilación de TCF4 y la activación transcripcional. Reprime la actividad transcripcional de LEF1. SUMO1 es el conjugado preferido. **Similitud:** Pertenece a la familia PIAS. **Similitud:** Contiene un dominio SAP. **Similitud:** Contiene un dedo de zinc tipo SP-RING. **Ubicación subcelular:** Se colocaliza con SUMO1, TCF7L2/TCF4 y LEF1 en un subconjunto de cuerpos nucleares de PML (leucemia promielocítica). **Subunidad:** Interactúa con AR, GATA2, LEF1, TP53 y STAT1 (inducido por IFNG). Se une a secuencias de ADN ricas en AT, conocidas como regiones de unión a la matriz o al andamiaje (MAR/SAR) (por similitud). Interactúa con TICAM1. Interactúa con KLF8; esta interacción resulta en la ligación de SUMO y la represión de la actividad transcripcional de KLF8 y de la progresión de su ciclo celular a la fase G(1). **Especificidad tisular:** Altamente expresado en testículos y, en menor medida, en bazo, próstata, ovario, colon y leucocitos de sangre periférica.

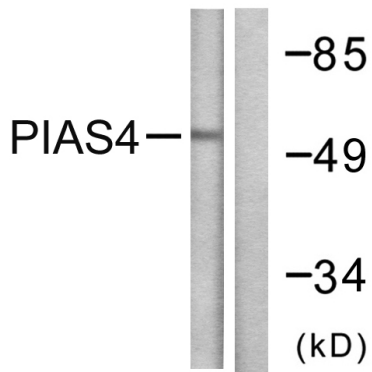
## Área de Investigación

Proteólisis mediada por ubiquitina; Jak\_STAT; Vías en el cáncer; Cáncer de pulmón de células pequeñas;

## Datos de Imagen



Análisis inmunohistoquímico de tejido de carcinoma pulmonar humano incluido en parafina, utilizando el anticuerpo PIAS4. La imagen de la derecha está bloqueada con el péptido sintetizado.



Análisis de inmunotransferencia de lisados de células Jurkat con el anticuerpo PIAS4. El carril derecho está bloqueado con el péptido sintetizado.