

Nombre del Producto: Anticuerpo policlonal de conejo SPT16**Nº de Catálogo: APRab18220**

Solo para uso en investigación.

Resumen

Descripción	Anticuerpo policlonal de conejo
Huésped	Conejo
Aplicación	WB,IHC,ICC/IF,ELISA
Reactividad	Humano, Ratón
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 1:50-1:200,ELISA 1:5000-1:20000
Peso Molecular	119kDa

Información del Antígeno

Nombre del Gen	SUPT16H SUPT16H; FACT140; FACTP140; FACT complex subunit SPT16; Chromatin-specific
Nombres Alternativos	transcription elongation factor 140 kDa subunit; FACT 140 kDa subunit; FACTp140; Facilitates chromatin transcription complex subunit SPT16; hSPT16
ID del Gen	11198.0
ID SwissProt	Q9Y5B9
Inmunógeno	El antisuero se produjo contra el péptido sintetizado derivado del SUPT16H humano. Rango de AA: 941-990.

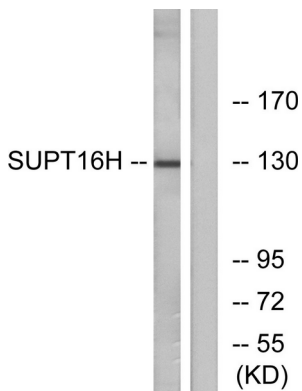
Antecedentes

La transcripción de genes codificantes de proteínas puede reconstituirse en ADN desnudo utilizando únicamente los factores de transcripción generales y la ARN polimerasa II. Sin embargo, este sistema mínimo no puede transcribir el ADN empaquetado en cromatina, lo que indica que factores accesorios pueden facilitar el acceso al ADN. Uno de estos factores, FACT (facilitando la transcripción de la cromatina), interactúa específicamente con las histonas H2A/H2B para efectuar el desensamblaje de nucleosomas y la elongación de la transcripción. FACT está compuesto por una subunidad de 80 kDa y una subunidad de 140 kDa; este gen codifica la subunidad de 140 kDa. [Proporcionado por RefSeq, feb. de 2009], Precaución: Aunque relacionada con la familia de las peptidasas M24, esta proteína carece de residuos conservados en su sitio activo, lo que sugiere que podría carecer de actividad peptidasa. Dominio: La región ácida rica en Glu en el extremo C-terminal es esencial para la actividad de FACT. Función: Componente del complejo FACT, un factor general de la cromatina que actúa para reorganizar los nucleosomas. El complejo FACT participa en múltiples procesos que requieren ADN como molde, como la elongación del ARNm, la replicación del ADN y la reparación del ADN. Durante la elongación de la transcripción, el complejo FACT actúa como una chaperona de histonas que desestabiliza y restaura la estructura nucleosómica. Facilita el paso de la ARN polimerasa II y la transcripción al promover la disociación de un dímero de histona H2A-H2B del nucleosoma, y posteriormente promueve el restablecimiento del nucleosoma tras el paso de la ARN polimerasa II. El complejo FACT probablemente también participa en la fosforilación de 'Ser-392' de p53/TP53 a través de su asociación con CK2 (caseína quinasa II). También participa en la regulación de la transcripción acoplada a la vitamina D mediante su asociación con el complejo WINAC, un complejo de remodelación de la cromatina reclutado por el receptor de vitamina D (VDR), necesario para la transrepresión del gen CYP27B1 mediada por el VDR unido a ligando. PTM: ADP-ribosilado. La ADP-ribosilación por PARP1 es inducida por estrés genotóxico y se correlaciona con la disociación de FACT de la cromatina. Precaución: Secuencia contaminante. Posible secuencia poli-A. Similitud: Pertenece a la familia de las peptidasas M24, subfamilia SPT16. Ubicación subcelular: Se colocaliza con la ARN polimerasa II en la cromatina. Reclutado en loci de transcripción activa. Subunidad: Componente del complejo FACT, un heterodímero estable de SSRP1 y SUPT16H. También es componente del complejo CK2-SPT16-SSRP1 que se forma tras la radiación UV, compuesto por SSRP1, SUPT16H, CSNK2A1, CSNK2A2 y CSNK2B. Componente del complejo WINAC, compuesto al menos por SMARCA2, SMARCA4, SMARCB1, SMARCC1, SMARCC2, SMARCD1, SMARCE1, ACTL6A, BAZ1B/WSTF, ARID1A, SUPT16H, CHAF1A y TOP2B. Interactúa con NEK9. Se une a la histona H2A-H2B. Interactúa con GTF2E2. Especificidad tisular: Ubicuo.

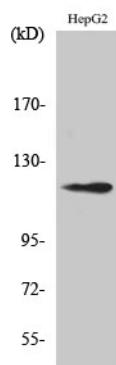
Área de Investigación

-

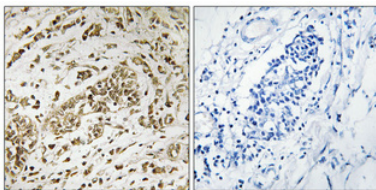
Datos de Imagen



Análisis de inmunotransferencia de lisados de células HepG2 y Jurkat, utilizando el anticuerpo SUPT16H. El carril derecho está bloqueado con el péptido sintetizado.



Análisis Western Blot de varias células utilizando el anticuerpo policlonal SPT16.



Análisis inmunohistoquímico de cáncer de mama humano incluido en parafina. El anticuerpo se diluyó a 1:100 (4°C, durante la noche). Se utilizó Tris-EDTA a alta presión y temperatura, pH 8,0, para la recuperación del antígeno. El control negativo (derecha) obtenido del anticuerpo fue preabsorbido por el péptido inmunógeno.