

**Nombre del Producto: Anticuerpo policlonal de conejo SRRM1****Nº de Catálogo: APRab18286**

Solo para uso en investigación.

**Resumen**

<b>Descripción</b>	Anticuerpo policlonal de conejo
<b>Huésped</b>	Conejo
<b>Aplicación</b>	WB,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 conteniendo 50% de glicerol, y 0,02% de conservante nuevo tipo N.
<b>Purificación</b>	Purificación por afinidad

**Aplicación**

<b>Relación de Dilución</b>	WB 1:500-1:2000,ELISA 1:5000-1:20000
<b>Peso Molecular</b>	99kDa

**Información del Antígeno**

<b>Nombre del Gen</b>	SRRM1 SRM160
<b>Nombres Alternativos</b>	-
<b>ID del Gen</b>	10250.0
<b>ID SwissProt</b>	Q8IYB3
<b>Inmunógeno</b>	Péptido sintetizado derivado de una región parcial de la proteína humana

**Antecedentes**

Función: Forma parte de complejos multiproteicos de mRNP pre y post empalme. Participa en numerosos eventos de procesamiento del pre-ARNm. Promueve la activación del empalme dependiente del potenciador de empalme constitutivo y

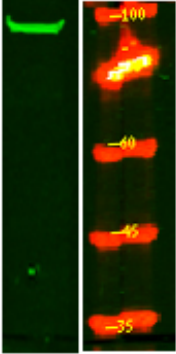
exónico (ESE) mediante la unión de factores específicos de secuencia (proteínas de la familia SR, SFRS4, SFRS5 y TRA2B/SFRS10) y snRNP basales (SNRP70 y SNRPA1) del espliceosoma. Estimula la escisión del extremo 3' del ARNm independientemente de la formación de un complejo de unión exónica. Se une tanto al pre-ARNm como al ARNm empalmado 20-25 nt aguas arriba de las uniones exón-exón. Se une al ARN y al ADN con baja especificidad de secuencia y tiene una preferencia similar por sustratos de ácidos nucleicos de cadena doble o sencilla. Similitud: Pertenece a la familia de factores de empalme SR. Similitud: Contiene 1 dominio PWI. Subunidad: Identificada en el complejo C del espliceosoma, al menos compuesto por AQR, ASCC3L1, C19orf29, CDC40, CDC5L, CRNKL1, DDX23, DDX41, DDX48, DDX5, DGCR14, DHX35, DHX38, DHX8, EFTUD2, FRG1, GPATC1, HNRPA1, HNRPA2B1, HNRPA3, HNRPC, HNRPF, HNRPH1, HNRPK, HNRPM, HNRPR, HNRPU, KIAA1160, KIAA1604, LSM2, LSM3, MAGOH, MORG1, PABPC1, PLRG1, PNN, PPIE, PPIL1, PPIL3, PPWD1, PRPF19, PRPF4B, PRPF6, PRPF8, RALY, RBM22, RBM8A, RBMX, SART1, SF3A1, SF3A2, SF3A3, SF3B1, SF3B2, SF3B3, SFRS1, SKIV2L2, SNRPA1, SNRPB, SNRPB2, SNRPD1, SNRPD2, SNRPD3, SNRPE, SNRPF, SNRPG, SNW1, SRRM1, SRRM2, SYF2, SYNCRIP, TFIP11, THOC4, U2AF1, WDR57, XAB2 y ZCCHC8. Se encuentra en un complejo de empalme de pre-ARNm con SFRS4, SFRS5, SNRP70, SNRPA1, SRRM1 y SRRM2. Se encuentra en un complejo potenciador de empalme exónico (ESE) de pre-ARNm con SNRP70, SNRPA1, SRRM1 y TRA2B/SFRS10. Se encuentra en un complejo de unión exónica (EJC) dependiente de empalme de ARNm con DEK, PRPF8, NCBP1, RBM8A, RNPS1, SRRM1 y THOC4. Interactúa con BAT1, CPSF1, RBM8A, RNPS1 y THOC4. Parece ser un compuesto de complejos de exportación de ARN que se liberan de las motas de forma dependiente de ATP. Función: Forma parte de complejos multiproteicos de mRNP pre- y post-empalme. Participa en numerosos eventos de procesamiento de pre-ARNm. Promueve la activación del empalme dependiente del potenciador de empalme constitutivo y exónico (ESE) mediante la unión de factores específicos de secuencia (proteínas de la familia SR, SFRS4, SFRS5 y TRA2B/SFRS10) y snRNP basales (SNRP70 y SNRPA1) del espliceosoma. Estimula la escisión del extremo 3' del ARNm independientemente de la formación de un complejo de unión exónica. Se une tanto al pre-ARNm como al ARNm empalmado 20-25 nt aguas arriba de las uniones exón-exón. Se une al ARN y al ADN con baja especificidad de secuencia y tiene una preferencia similar por sustratos de ácidos nucleicos de cadena doble o sencilla. Similitud: Pertenece a la familia de factores de empalme SR. Similitud: Contiene 1 dominio PWI. Subunidad: Identificada en el complejo C del espliceosoma, al menos compuesto por AQR, ASCC3L1, C19orf29, CDC40, CDC5L, CRNKL1, DDX23, DDX41, DDX48, DDX5, DGCR14, DHX35, DHX38, DHX8, EFTUD2, FRG1, GPATC1, HNRPA1, HNRPA2B1, HNRPA3, HNRPC, HNRPF, HNRPH1, HNRPK, HNRPM, HNRPR, HNRPU, KIAA1160, KIAA1604, LSM2, LSM3, MAGOH, MORG1, PABPC1, PLRG1, PNN, PPIE, PPIL1, PPIL3, PPWD1, PRPF19, PRPF4B, PRPF6, PRPF8, RALY, RBM22, RBM8A, RBMX, SART1, SF3A1, SF3A2, SF3A3, SF3B1, SF3B2, SF3B3, SFRS1, SKIV2L2, SNRPA1, SNRPB, SNRPB2, SNRPD1, SNRPD2, SNRPD3, SNRPE, SNRPF, SNRPG, SNW1, SRRM1, SRRM2, SYF2, SYNCRIP, TFIP11, THOC4, U2AF1, WDR57, XAB2 y ZCCHC8. Se encuentra en un complejo de empalme de pre-ARNm con SFRS4, SFRS5, SNRP70, SNRPA1, SRRM1 y SRRM2. Se encuentra en un complejo potenciador de empalme exónico (ESE) de pre-ARNm con SNRP70, SNRPA1, SRRM1 y TRA2B/SFRS10. Se encuentra en un complejo de unión exónica (EJC) dependiente de empalme de ARNm con DEK, PRPF8, NCBP1, RBM8A, RNPS1, SRRM1 y THOC4. Interactúa con BAT1, CPSF1, RBM8A, RNPS1 y THOC4. Parece ser un compuesto de complejos de exportación de ARN que se liberan de las motas de forma dependiente de ATP.

## Área de Investigación

Epigenética y señalización nuclear; ADN/ARN; Procesamiento de ARN; Empalme

---

## Datos de Imagen



Análisis Western Blot de la lisis de Hela, utilizando el anticuerpo primario a una dilución de 1:1000. El anticuerpo secundario se diluyó a 1:10000.