

Nombre del Producto: Anticuerpo policlonal de conejo MNT**Nº de Catálogo: APRab14010**

Solo para uso en investigación.

Resumen

Descripción	Anticuerpo policlonal de conejo
Huésped	Conejo
Aplicación	WB,IHC,ELISA
Reactividad	Humano, Rata, 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 1:50-1:300,ELISA 1:2000-1:20000
Peso Molecular	62kDa

Información del Antígeno

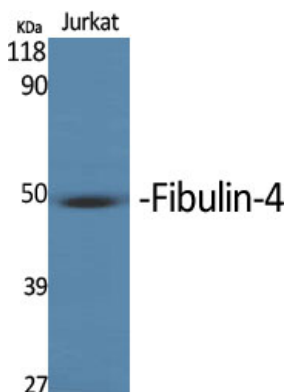
Nombre del Gen	MNT
Nombres Alternativos	MNT; BHLHD3; ROX; Max-binding protein MNT; Class D basic helix-loop-helix protein 3; bHLHd3; Myc antagonist MNT; Protein ROX
ID del Gen	4335.0
ID SwissProt	Q99583
Inmunógeno	El antisuero se elaboró contra un péptido sintetizado derivado del MNT humano. Rango de AA: 315-364.

Antecedentes

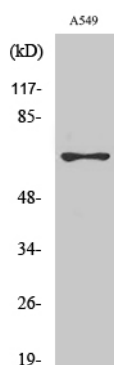
La red Myc/Max/Mad comprende un grupo de factores de transcripción que cointeractúan para regular la activación o represión transcripcional específica de cada gen. Este gen codifica una proteína miembro de la red Myc/Max/Mad. Esta proteína posee un dominio básico de hélice-bucle-hélice-cremallera (bHLHzip) con el que se une a la secuencia de ADN canónica CANNTG, conocida como caja E, tras la heterodimerización con proteínas Max. Es probable que esta proteína sea un represor transcripcional y un antagonista de la activación transcripcional dependiente de Myc y del crecimiento celular. Esta proteína reprime la transcripción uniéndose a proteínas de unión al ADN en su dominio de interacción Sin3 N-terminal. [proporcionado por RefSeq, jul. de 2008], función: Se une al ADN como heterodímero con MAX y reprime la transcripción. Se une a la secuencia canónica de la caja E 5'-CACGTG-3' y, con mayor afinidad, a 5'-CACGCG-3'. Similitud: Contiene un dominio básico de hélice-bucle-hélice (bHLH). Subunidad: La unión eficiente al ADN requiere la dimerización con otra proteína bHLH. Se une al ADN como homodímero o heterodímero con MAX.

Área de Investigación

Datos de Imagen



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



Análisis Western Blot de células A549 usando el anticuerpo policlonal MNT.