

Nombre del Producto: Anticuerpo monoclonal de conejo Dnmt1 (6V9)**Nº de Catálogo: AMRe10088**

Solo para uso en investigación.

Resumen

Descripción	Anticuerpo monoclonal de conejo recombinante
Huésped	Conejo
Aplicación	WB,ICC/IF,FC,IP
Reactividad	Humano
Conjugación	No conjugado
Modificación	Sin modificar
Isotipo	IgG
Clonalidad	Monoclonal
Formato	Líquido
Concentración	0,5 mg/ml. La concentración de este producto puede variar según el lote.
Almacenamiento	Hacer alícuotas y almacenar a -20°C (válido por 12 meses). Evitar ciclos de congelación/descongelación.
Envío	Bolsas de hielo
Tampon	IgG de conejo en solución salina tamponada con fosfato, pH 7,4, 150 mM de NaCl, 0,02 % de conservante de nuevo tipo N y 50 % de glicerol. Conservar a +4 °C a corto plazo. Conservar a -20 °C a largo plazo. Evitar el ciclo de congelación/descongelación.
Purificación	Purificación por afinidad

Aplicación

Relación de Dilución	WB 1:500-1:2000,ICC/IF 1:20-1:50,FC 1:20-1:100,IP 1:20-1:50
Peso Molecular	183kDa

Información del Antígeno

Nombre del Gen	DNMT1
Nombres Alternativos	ADCADN; CXXC finger protein 9; CXXC9; DNA methyltransferase 1; DNA MTase; Dnmt1o; HSN1E; M.Hsal; MCMT; Met1; MommeD2;
ID del Gen	1786.0
ID SwissProt	P26358
Inmunógeno	Un péptido sintético de Dnmt1 humano

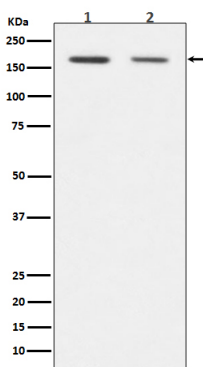
Antecedentes

La metilación del ADN en los residuos de citosina en células de mamíferos es una modificación epigenética hereditaria que resulta crucial para la correcta regulación de la expresión génica, la impronta genómica y el desarrollo. Es responsable del mantenimiento de los patrones de metilación establecidos durante el desarrollo. La metilación del ADN se coordina con la metilación de las histonas. Media la represión transcripcional mediante la unión directa a HDAC2. Metila residuos CpG. Metila preferentemente el ADN hemimetilado. Se asocia con los sitios de replicación del ADN en la fase S, manteniendo el patrón de metilación en la hebra recién sintetizada, lo cual es esencial para la herencia epigenética. Se asocia con la cromatina durante las fases G2 y M para mantener la metilación del ADN independientemente de la replicación. Es responsable del mantenimiento de los patrones de metilación establecidos durante el desarrollo. La metilación del ADN se coordina con la metilación de las histonas. Media la represión transcripcional mediante la unión directa a HDAC2. En asociación con DNMT3B y a través del reclutamiento de CTCFL/BORIS, participa en la activación de la expresión del gen BAG1 modulando la dimetilación de la histona promotora H3 en H3K4 y H3K9. Probablemente forma un complejo correpresor necesario para la hipermetilación del promotor mediada por KRAS activado y el silenciamiento transcripcional de genes supresores de tumores (TSG) u otros genes relacionados con tumores en células de cáncer colorrectal (CCR) (PubMed:24623306). También es necesario para mantener un estado de represión transcripcional de genes en células madre embrionarias (ESC) indiferenciadas (PubMed:24623306). Se asocia a las regiones promotoras de genes supresores de tumores (TSG), lo que conduce a su silenciamiento génico (PubMed:24623306). Promueve el crecimiento tumoral (PubMed:24623306).

Área de Investigación

Epigenética y señalización nuclear

Datos de Imagen



Análisis de transferencia Western de la expresión de Dnmt1 en (1) lisado de células HEK293; (2) lisado de células NIH/3T3.