

RECOMMENDED READING

# siRNA screening references

HorizonのsiRNAライブラリー製品は、世界中の主要な研究機関で活用され、貴重な成果を収めています。

## 全ゲノムライブラリー

遺伝子発現を指標にしたsiRNAスクリーニングによる機能の同じタンパク質の同定

Neilsen BK *et al.* [High-throughput identification of protein functional similarities using a gene-expression-based siRNA screen](#). *Sci. Data*. 7, 27 (2020).

使用ライブラリー：Human siGENOME siRNA Library - Genome - SMARTpool

サイトカインIL-10の生成を制御する遺伝子の探索

Okamura Y *et al.* [Genome-wide siRNA screening in mouse bone marrow-derived macrophages revealed that knockdown of ribosomal proteins suppresses IL-10 and enhances TNF- \$\alpha\$  production](#). *J. Clin. Exp. Hematop.* 58(2), 87-94 (2018).

使用ライブラリー：Mouse siGENOME siRNA Library - Genome - SMARTpool

ヒットの検証：Mouse siGENOME Set of 4 siRNA

リンパ管内皮細胞の遊走の制御に関する遺伝子の探索

Williams SP *et al.* [Systematic high-content genome-wide RNAi screens of endothelial cell migration and morphology](#). *Sci. Data*. 4, 170009 (2017).

使用ライブラリー：Human siGENOME siRNA Library - Genome - SMARTpool

ヒットの検証：Human siGENOME Set of 4 siRNA

リポ多糖に対するヒトマクロファージのTNF- $\alpha$ 応答を制御する遺伝子の探索

Sun J *et al.* [Genome-wide siRNA screen of genes regulating the LPS-induced TNF- \$\alpha\$  response in human macrophages](#). *Sci. Data*. 4, 170007 (2017).

使用ライブラリー：Human siGENOME siRNA Library - Genome - SMARTpool

ヒットの検証：他社製のsiRNA

繊毛形成および細胞周期進行を調節する遺伝子の探索

Kim JH *et al.* [Genome-wide screen identifies novel machineries required for both ciliogenesis and cell cycle arrest upon serum starvation](#). *Biochim Biophys Acta*. 1863(6), 1307-1318 (2016).

使用ライブラリー：Human ON-TARGETplus siRNA Library - Genome - SMARTpool

ヒットの検証：Human ON-TARGETplus individual siRNA

真正細菌の感染に関与する遺伝子の探索

Kuhbacher A *et al.* [Genome-Wide siRNA Screen Identifies Complementary Signaling Pathways Involved in Listeria Infection and Reveals Different Actin Nucleation Mechanisms during Listeria Cell Invasion and Actin Comet Tail Formation](#). *mBio* 6, Issue 3 e00598-15. (2015).

使用ライブラリー：Human ON-TARGETplus siRNA Library - Genome - SMARTpool

ヒットの検証：Human ON-TARGETplus Individual siRNAおよび他社製のsiRNA

クローン病感受性遺伝子であるNOD2の活性化によるインターロイキン8の分泌を制御する遺伝子の探索

Warner N *et al.* [A Genome-wide Small Interfering RNA \(siRNA\) Screen Reveals Nuclear Factor- \$\kappa\$ B \(NF- \$\kappa\$ B\)-independent Regulators of NOD2-induced Interleukin-8 \(IL-8\) Secretion](#). *J. Biol. Chem.* 289, 28213-28224 (2014).

使用ライブラリー：Human siGENOME siRNA Library - Genome - SMARTpool

ヒットの検証：Human ON-TARGETplus SMARTpool siRNA

クローン病感受性遺伝子であるNOD2の関与するシグナル伝達系を制御する遺伝子の探索

Warner N *et al.* [A Genome-wide siRNA screen reveals positive and negative regulators of the NOD2 and NF- \$\kappa\$ B signaling pathways](#). *Science Signaling* 6, 258 (2013).

使用ライブラリー：Human siGENOME siRNA Library - Genome - SMARTpool

ヒットの検証：Human ON-TARGETplus SMARTpool siRNA

クラスリンでコートされた被覆小胞の原形質膜における形成を制御する遺伝子の探索

Kozik P *et al.* [A human genome-wide screen for regulators of clathrin-coated vesicle formation reveals an unexpected role for the V-ATPase](#). *Nat. Cell Biol.* 15, 50-60 (2013).

使用ライブラリー：Human siGENOME siRNA Library - Genome - SMARTpool

ヒットの検証：Human ON-TARGETplus SMARTpool siRNA

ヒトES細胞において自己複製および多様性の特性を制御する遺伝子の探索

Chia NY *et al.* [A genome-wide RNAi screen reveals determinants of human embryonic stem cell identity](#). *Nature* 668, 316-320 (2010)

使用ライブラリー：Human siGENOME siRNA Library - Genome - SMARTpool

ヒットの検証：Human siGENOME Set of 4 siRNA

### mTORC1シグナル伝達系の阻害に関する遺伝子の探索

Hoffman GR *et al.* [A high-throughput, cell-based screening method for siRNA and small molecule inhibitors of mTORC1 signaling using the In Cell Western technique.](#) *Assay Drug Development Technologies* 8(2), 186-199 (2010).

使用ライブラリー：Human siGENOME siRNA Library - Genome - SMARTpool

ヒットの検証：Human siGENOME Set of 4 siRNA

### マウスES細胞において自己複製に必要な遺伝子の探索

Hu G *et al.* [A genome-wide RNAi screen identifies a new transcriptional module required self renewal.](#) *Genes and Dev.* 23, 2837-848 (2009).

使用ライブラリー：Mouse siGENOME siRNA Library - Genome - SMARTpool

ヒットの検証：Mouse siGENOME Set of 4 siRNA

### Kinesin-5 inhibitorの活性化あるいは抑制に関する遺伝子の探索

Tsui M *et al.* [An intermittent live cell imaging screen for siRNA enhancers and suppressors of a kinesin-5inhibitor.](#) *PLoS ONE* 4(10), e7339 (2009).

使用ライブラリー：Human siGENOME siRNA Library - Genome - SMARTpool

ヒットの検証：Human siGENOME Set of 4 siRNA

### HIV感染に関わる宿主細胞の遺伝子の探索

Brass A *et al.* [Identification of host proteins required for HIV infection through a functional genomic screen.](#) *Science* 319, 921-926 (2008).

使用ライブラリー：Human siGENOME siRNA Library - Genome - SMARTpool

ヒットの検証：Human siGENOME Set of 4 siRNA

### 西ナイルウイルス感染に影響するヒト遺伝子の探索

Krishnan MN *et al.* [RNA interference screen for human genes associated with West Nile virus infection.](#) *Nature* 455, 243-247 (2008).

使用ライブラリー：Human siGENOME siRNA Library - Genome - SMARTpool

ヒットの検証：Human siGENOME Set of 4 siRNA

### 抗がん剤に対する細胞の応答性に関する遺伝子の探索

Whitehurst AW *et al.* [Synthetic lethal screen identification of chemosensitizer loci in cancer cells.](#) *Nature* 446, 815-819 (2007).

使用ライブラリー：Human siGENOME siRNA Library - Genome - SMARTpool

ヒットの検証：Human siGENOME Set of 4 siRNAおよび、それとは別配列の4種類のsiRNAのpool

## コレクションライブラリー

### ミトコンドリアへのParkinの移行を調節する遺伝子の探索

Scott HL *et al.* [A dual druggable genome-wide siRNA and compound library screening approach identifies modulators of parkin recruitment to mitochondria.](#) *J. Biol. Chem.* 295, 3285-3300 (2020).

使用ライブラリー：Human siGENOME siRNA Library - druggable genome - SMARTpool

ヒットの検証：他社製のsiRNA

### Wnt/ $\beta$ -cateninシグナリングを調節する遺伝子の探索

Ou D *et al.* [CDK11 negatively regulates Wnt/ \$\beta\$ -catenin signaling in the endosomal compartment by affecting microtubule stability.](#) *Cancer Biol. Med.* 17(2), 328-342 (2020).

使用ライブラリー：Human siGENOME siRNA Library - Protein kinase - SMARTpool

### 正常な核の形の維持に関するエピジェネティック関連遺伝子の探索

Tamashunas AC *et al.* [High-throughput gene screen reveals modulators of nuclear shape.](#) *Mol. Biol. Cell.* 31, 1392-1402 (2020).

使用ライブラリー：Human siGENOME siRNA Library - druggable genome - SMARTpool

### 細胞分裂の重要過程に関する長鎖non-coding RNAの探索

Stojic L *et al.* [A high-content RNAi screen reveals multiple roles for long noncoding RNAs in cell division.](#) *Nat. Commun.* 11(1), 1851 (2020).

使用ライブラリー：Human Lincode siRNA Library - SMARTpool

### トリプルネガティブ乳癌の治療標的遺伝子の探索

Abo-Elfadl MT *et al.* [Silencing of the cytokine receptor TNFRSF13B: A new therapeutic target for triple-negative breast cancer.](#) *Sci. Direct.* 125, 154790. (2020).

使用ライブラリー：Human ON-TARGETplus siRNA Library - cytokine receptor - SMARTpool

ヒットの検証：Dharmacon individual siRNA

### 染色体不安定性に関する遺伝子の探索

Liskovych M *et al.* [A novel assay to screen siRNA libraries identifies protein kinases required for chromosome transmission.](#) *Genome Res.* 29(10), 1719-1732 (2019).

使用ライブラリー：Human ON-TARGETplus siRNA Library - Protein kinase およびPhosphatase - SMARTpool

ヒットの検証：Dharmacon individual siRNA等

### パラプトーシスを制御する遺伝子の探索

Kim JY *et al.* [RNAi Screening-based Identification of USP10 as a Novel Regulator of Paraptosis.](#) *Sci. Rep.* 9(1), 4909 (2019).

使用ライブラリー：Human ON-TARGETplus druggable subset siRNA Library - ion channels, proteases, phosphatases, kinases, ubiquitin

conjugation-related factors, G-protein coupled receptors (GPCRs) - individual

### 線維芽細胞から筋線維芽細胞への移行を制御する遺伝子の探索

Oh RS *et al.* [RNAi screening identifies a mechanosensitive ROCK-JAK2-STAT3 network central to myofibroblast activation.](#) *J. Cell Sci.* 131(10), jcs209932. doi: 10.1242/jcs.209932. (2018).

使用ライブラリー：Human ON-TARGETplus siRNA Library - kinasesおよびphosphatases, G-protein coupled receptors (GPCRs), druggable targets - SMARTpool

ヒットの検証：Human ON-TARGETplus Set of 4 siRNA

### 上皮間葉転換を制御する遺伝子の探索

Ding NH *et al.* [NEK4 kinase regulates EMT to promote lung cancer metastasis.](#) *J. Cell Mol. Med.* 22(11), 5877-5887 (2018).

使用ライブラリー：Human siGENOME siRNA Library - kinases - SMARTpool

### 結腸直腸癌細胞株における必須遺伝子および薬物の相乗的な組み合わせのスクリーニング

Williams SP *et al.* [High-throughput RNAi screen for essential genes and drug synergistic combinations in colorectal cancer.](#) *Sci. Data.* 4, 170139 (2017).

使用ライブラリー：Human siGENOME siRNA Library - Protein kinases - SMARTpoolおよび Human siGENOME SMARTpool siRNA custom Library

ヒットの検証：Human siGENOME Set of 4 siRNA

### TRIM5a抗ウイルス活性に必要なユビキチン結合酵素 (E2) 遺伝子の探索

Fletcher *et al.* [TRIM5a requires Ube2W to anchor Lys63-linked ubiquitin chains and restrict reverse transcription.](#) *The EMBO J.* 34, 2078-2095 (2015).

使用ライブラリー：Human siGENOME siRNA Library - Ubiquitin conjugation subset - SMARTpool

### DNA損傷に対するES細胞のアポトーシス応答を調節するユビキチン結合酵素遺伝子の探索

von Stechow *et al.* [The E3 Ubiquitin Ligase ARIH1 Protects against Genotoxic Stress by Initiating a 4EHP-Mediated mRNA Translation Arrest.](#) *Mol. Cell. Biol.* 35, 1254-1268 (2015).

使用ライブラリー：Mouse siGENOME siRNA Library - Ubiquitin conjugation subset #1~3 - SMARTpool

ヒットの検証：Mouse siGENOME Set of 4 siRNA

## KRAS遺伝子に変異のあるヒト結腸癌細胞の生存や増殖に関する遺伝子の探索

Steckel M *et al.* [Determination of synthetic lethal interactions in KRAS oncogene-dependent cancer cells reveals novel therapeutic targeting strategies.](#) *Cell Research* **22**, 1227-1245 (2012).

使用ライブラリー：Human siGENOME siRNA Library - Protein kinase, GPCR, およびDruggable genome -- SMARTpool

ヒットの検証：Human ON-TARGETplus SMARTpool siRNAおよび Human siGENOME Set of 4 siRNA

## ハンチントン病原因タンパク質huntingtinのN末端の分解に関するプロテアーゼ遺伝子の探索

Ratovitsk T. *et al.* [Cysteine Proteases Bleomycin Hydrolase and Cathepsin Z Mediate N-terminal Proteolysis and Toxicity of Mutant Huntingtin.](#) *J. Biol. Chem.* **286**, 12578 - 12589 (2011).

使用ライブラリー：Human ON-TARGETplus siRNA Library - Protease - SMARTpool

ヒットの検証：Human ON-TARGETplus SMARTpool siRNA

## 抗がん剤シスプラチン感受性の制御に関する遺伝子の探索

Nijwening JH *et al.* [Screening for modulators of cisplatin sensitivity: unbiased screens reveal common themes.](#) *Cell Cycle* **10**(3), 380-386 (2011).

使用ライブラリー：Human siGENOME siRNA Library - Protein kinaseおよび Druggable genome - SMARTpool

ヒットの検証：Human siGENOME Set of 4 siRNAおよびHuman ON-TARGETplus Set of 4 siRNA

## 神経芽細胞腫の増殖に関するプロテインキナーゼ遺伝子の探索

Cole KA *et al.* [RNAi screen of the protein kinome identifies checkpoint kinase 1 \(CHK1\) as a therapeutic target in neuroblastoma.](#) *PNAS.* **108**(8), 3336-41 (2011).

使用ライブラリー：Human siGENOME siRNA Library - Protein kinase - SMARTpool

ヒットの検証：Human ON-TARGETplus SMARTpool siRNA

## トランスフェクションの困難なHUVEC細胞におけるsiRNAスクリーニング

Zumbasen M *et al.* [First siRNA library screening in hard-to-transfect HUVEC cells.](#) *Journal of RNAi and Gene Silencing* **6**, 354-360 (2010).

使用ライブラリー：Human siGENOME siRNA Library - Protein kinaseおよび Cell cycle regulation - SMARTpool

ヒットの検証：Human siGENOME Set of 4 siRNAおよびHuman ON-TARGETplus siRNA

## デングウイルスの感染に関する膜輸送遺伝子の探索

Ang F *et al.* [Small interference RNA profiling reveals the essential role of human membrane trafficking genes in mediating the infectious entry of dengue virus.](#) *J. Virol.* **7**, 1-17 (2010).

使用ライブラリー：Human siGENOME siRNA Library - Membrane trafficking - SMARTpool

ヒットの検証：Human siGENOME SMARTpool siRNA

## IgEを介したマスト細胞の活性化に関するホスファターゼ遺伝子の探索

Zhang J *et al.* [Small Interfering RNA Screen for Phosphatases Involved in IgE-Mediated Mast Cell Degranulation.](#) *J. Immunol.* **184**, 7178-7185 (2010).

使用ライブラリー：Mouse siGENOME siRNA Library - Phosphatase - SMARTpool

ヒットの検証：Mouse siGENOME SMARTpool siRNA

## がん細胞毎のviabilityに関するプロテインキナーゼ遺伝子の探索

Iorns E *et al.* [Integrated functional gene expression and genomic analysis for the identification of cancer targets.](#) *PLoS ONE* **4**(4), e5120 (2009).

使用ライブラリー：Human siGENOME siRNA Library - Protein kinase - SMARTpool

ヒットの検証：Human ON-TARGETplus SMARTpool siRNA

## 肝細胞増殖因子 (HGF) に依存した細胞分散を制御する脱ユビキチン化関連遺伝子の探索

Buus R *et al.* [Deubiquitinase activities required for hepatocyte growth factor-induced scattering of epithelial cells.](#) *Current Biol.* **19**, 1463-1466 (2009).

使用ライブラリー：Human siGENOME siRNA Library - Deubiquitinating enzyme - SMARTpool

ヒットの検証：Human siGENOME Set of 4 siRNAおよびHuman ON-TARGETplus Set of 4 siRNA

## ErbB2タンパク質レベルを制御する脱ユビキチン化関連遺伝子の探索

Liu H *et al.* [Regulation of ErbB2 receptor status by the proteasomal DUB POH1.](#) *PLoS One* **4** e5544 (2009).

使用ライブラリー：Human siGENOME siRNA Library - Deubiquitinating enzyme - SMARTpool

ヒットの検証：Human ON-TARGETplus Set of 4 siRNA

## Stress granuleおよびProcessing bodyの形成を抑制する遺伝子の探索

Ohn T *et al.* [A functional RNAi screen links O-GlcNAc modification of ribosomal proteins to stress granule and processing body assembly.](#) *Nat. Cell Biol.* **10**, 1224-1231 (2008).

使用ライブラリー：Human siGENOME siRNA Library - Druggable genome - SMARTpool

ヒットの検証：Human siGENOME Set of 4 siRNA

## がん細胞の増殖やviabilityに関するチロシンキナーゼ遺伝子の探索

Tyner JW *et al.* [RNAi screening of the tyrosine kinome identifies therapeutic targets in acute myeloid leukemia.](#) *Blood* **15**, 2238-2245 (2008).

使用ライブラリー：Human siGENOME siRNA Library - Tyrosine kinase - SMARTpool

## IAP阻害化合物LBW242を投与した細胞のviabilityに関するアポトーシス関連遺伝子の探索

Gaither A *et al.* [A Smac mimetic rescue screen reveals roles for inhibitor of apoptosis proteins in tumor necrosis factor-A signaling.](#) *Cancer Res.* **67**, 11493-11498 (2007).

使用ライブラリー：Human siGENOME siRNA Library - Apoptosis - SMARTpool

ヒットの検証：Human siGENOME SMARTpool およびSet of 4 siRNA

## カスタムライブラリー

### カポジ肉腫関連ヘルペスウイルス感染中に溶菌遺伝子を抑制する宿主遺伝子の探索

Naik NG *et al.* [Epigenetic factor siRNA screen during primary KSHV infection identifies novel host restriction factors for the lytic cycle of KSHV.](#) *PLoS Pathog.* **16**(1), e1008268. doi: 10.1371/journal.ppat.1008268. (2020).

使用ライブラリー：Human siGENOME SMARTpool siRNA custom Library (お客様が選択した392種類のエピジェネティック関連遺伝子)

### siRNAスクリーニングを用いたribonuclease機能の網羅的解析

Hojka-Osinska A *et al.* [High-throughput siRNA screening reveals functional interactions and redundancies of human processive exoribonucleases.](#) *BioRxiv.* <https://doi.org/10.1101/2020.08.05.238006> (2020)

使用ライブラリー：Human ON-TARGETplus SMARTpool siRNA custom Library (お客様が選択したRNA代謝関連遺伝子)

### 粘液腫ウイルスの細胞親和性を調節する宿主遺伝子の探索

Bahman MM *et al.* [Identification of host DEAD-box RNA helicases that regulate cellular tropism of oncolytic Myxoma virus in human cancer cells.](#) *Sci. Rep.* **7**(1), 15710 (2017).

使用ライブラリー：Human ON-TARGETplus SMARTpool siRNA custom Library (お客様が選択した58種類のRNAヘリカーゼ遺伝子)

### 上皮間葉転換を制御する遺伝子の探索

Gregoire JM *et al.* [Identification of epigenetic factors regulating the mesenchyme to epithelium transition by RNA interference screening in breast cancer cells.](#) *BMC Cancer.* **16**, 700 (2016)

使用ライブラリー：Human SMARTpool siRNA custom Library (お客様が選択した729種類のクロマチン修飾関連遺伝子)

### P53に依存した転写を制御する遺伝子の探索

Sammons MA *et al.* [A Chromatin-Focused siRNA Screen for Regulators of p53-Dependent Transcription.](#) *G3: GENES, GENOMES, GENETICS.* **6**, 2671-2678 (2016).

使用ライブラリー：Human SMARTpool siRNA custom Library (お客様が選択した589種類のクロマチン制御関連遺伝子)

### ミトコンドリアダイナミクスを制御する遺伝子の同定

Park SJ *et al.* [Down-regulation of Mortalin Exacerbates Aβ-mediated Mitochondrial Fragmentation and Dysfunction.](#) *J. Biol. Chem.* **289**, 2195-2204 (2014).

使用ライブラリー：Human siGENOME SMARTpool siRNA custom Library (お客様が選択した約500種類のミトコンドリア遺伝子)

### ゴルジ装置の構築を制御する遺伝子の探索

Chia J *et al.* [RNAi screening reveals a large signaling network controlling the Golgi apparatus in human cells.](#) *Mol. Syst. Biol.* **8**, 629 (2012).

使用ライブラリー：SMARTpool siRNA custom Library (お客様が選択した膜輸送調節に関する遺伝子)

ヒットの検証：Set of 4 siRNA

### タンパク質の構成的な分泌に必要なSNARE遺伝子の同定

Gordon DE *et al.* [A targeted siRNA screen to identify SNAREs required for constitutive secretion in mammalian cells.](#) *Traffic.* **11**(9), 1191-204 (2010).

使用ライブラリー：Human ON-TARGETplus SMARTpool siRNA custom Library (お客様が選択した38種類のSNARE遺伝子、4種類のSNARE様遺伝子および7種類のSec1/Munc18タンパク質遺伝子)

ヒットの検証：Human ON-TARGETplus Set of 4 siRNA

### がん細胞の放射線感受性に関するDNA損傷修復関連遺伝子の探索

Higgins G *et al.* [A small interfering RNA screen of genes involved in DNA repair identifies tumor-specific radiosensitization by POLQ knockdown.](#) *Cancer Res.* **70**(7), 2984-93 (2010).

使用ライブラリー：Human siGENOME SMARTpool siRNA custom Library (お客様が選択した200種類のDNA損傷修復関連遺伝子)

ヒットの検証：Human ON-TARGETplus SMARTpool siRNAおよびHuman ON-TARGETplus Set of 4 siRNA

### US2を介したMHC Iのコピキチン化に関する遺伝子の探索

Stagg HR *et al.* [The TRC8 E3 ligase ubiquitinates MHC class I molecules before dislocation from the ER.](#) *J. Cell. Biol.* **186**(5), 685-92 (2009).

使用ライブラリー：Human ON-TARGETplus SMARTpool siRNA custom Library (お客様が選択した373種類のE3 ubiquitin ligase遺伝子)

ヒットの検証：Human ON-TARGETplus Set of 4 siRNA

### EGFRタンパク質レベルを制御するコピキチン関連遺伝子の探索

Deux JE and Sorkin A. [RNA interference screen identifies Usp18 as a regulator of epidermal growth factor receptor synthesis.](#) *Mol. Biol. Cell.* **20**, 1833-1844 (2009).

使用ライブラリー：Human siGENOME SMARTpool siRNA custom Library (お客様が選択したコピキチン化関連遺伝子)

ヒットの検証：Human siGENOME Set of 4 siRNA

### 上皮細胞の遊走を制御する遺伝子の探索

Simpson KJ *et al.* [Identification of genes that regulate epithelial cell migration using a siRNA screening approach.](#) *Nat. Cell Biol.* **10**, 1027-1038 (2008).

使用ライブラリー：Human siGENOME SMARTpool siRNA custom Library (お客様が選択した1,081種類の遺伝子[phosphatases, kinasesおよび、細胞の移動や接着に影響を与えると予測されたタンパク質])

ヒットの検証：Human ON-TARGETplus SMARTpool siRNA

## ホライゾン・ディスカバリー株式会社

〒150-0001東京都渋谷区神宮前4-18-6 イスルギビル #326

Tel: 03-6434-5410

rnai.jp@horizondiscovery.com

www.horizondiscoverykk.com

All trademarks are the property of Horizon Discovery Company unless otherwise specified. ©2020 Horizon Discovery Group Company—All rights reserved. First published December 2017. UK Registered Head Office: Building 8100, Cambridge Research Park, Cambridge, CB25 9TL, United Kingdom.

B041-2010-v1

**horizon**<sup>TM</sup>  
INSPIRED CELL SOLUTIONS