

nature.com 이용 가이드

이 가이드는 nature.com 에서 제공되는 우수한 온라인 톨과 서비스에 대한 설명서입니다 . 만일 정보 검색, 관련 논문 열람, 개인을 위한 E-mail Alerts 서비스 설정 또는 RSS 피드 (RSS feed) 정보 제공 서비스 설정 등을 원하실 때 , nature.com 의 어디를 찾아봐야 할 것인지를 알고 있다면 많은 도움이 될 것입니다 .



쉬운 등록 절차

nature.com 에서 최선의 결과를 얻기 위해서 제일 먼저 할 일은 등록을 통해 본인 계정을 만드는 것입니다 . 간단한 3 단계의 과정을 통해서 nature.com 에 한번에 등록 할 수 있습니다 . 개인 구독자의 경우 이러한 등록 과정은 필수입니다 .

개인 정보를 입력합니다 .

서비스를 원하시면 , 관심 분야 또는 해당 저널을 선택하여 주십시오 .

입력된 개인 정보가 정확 한지 체크 하시고 , '확인' 버튼을 눌러 주십시오 .

Register

1. Your Details 2. Your Work 3. Confirm Details

Welcome. Thank you for choosing to register on nature.com. Please complete your details below.

Your Personal Details
(Please note all fields are required)

E-mail address

Confirm e-mail address

Password

Confirm password

First name

Country

Your Work Details
(Please note all fields are required. This information will enable us to develop content in line with your interests. *If 'Other' is selected, you must specify a value in the free-text area next to the dropdown)

General field of interest

Place of work

Primary specialty

Secondary specialty

Position

Main activity

사용하기 편리한 홈페이지

nature.com 에서 제공되는 저널들은 모두 동일한 형태의 웹 페이지 디자인으로 되어 있기 때문에 , 여러 저널의 웹사이트를 방문하더라도 쉽게 이용할 수 있습니다 . 저널 홈페이지에는 온라인에서 발행된 가장 최신 내용이 제공되며 , 저널의 과월호 및 온라인 서비스들도 볼 수 있습니다 . 왼쪽 및 오른쪽에 있는 네비게이션 바 (navigation bar) 의 링크들을 이용하여 손쉽게 접속하시기 바랍니다 .

최신 연구 결과를 먼저 읽어 보십시오 - 온라인저널은 인쇄저널보다 먼저 논문들이 게재됩니다 .

목차를 보기 위해서는 Current issue 를 선택하시기 바랍니다 .

최신 뉴스에 대한 링크는 Nature News 에 있습니다 .

원하는 년도또는 이슈 별로 저널의 Archive 를 살펴 볼 수 있습니다 .

Supplements 와 Web focuses 에는 주요 토픽들이 하이라이트되며 , 정규 이슈에 추가되어 발행됩니다 .

다양한 저널들은 비디오와 팟캐스트 (podcast) 와 같은 형태의 미디어로도 발행됩니다 .



본 저널의 Sign up for e-alerts 에 가입하십시오 . 만일 등록한 아이디가 있으면 자동으로 업데이트 됩니다 .

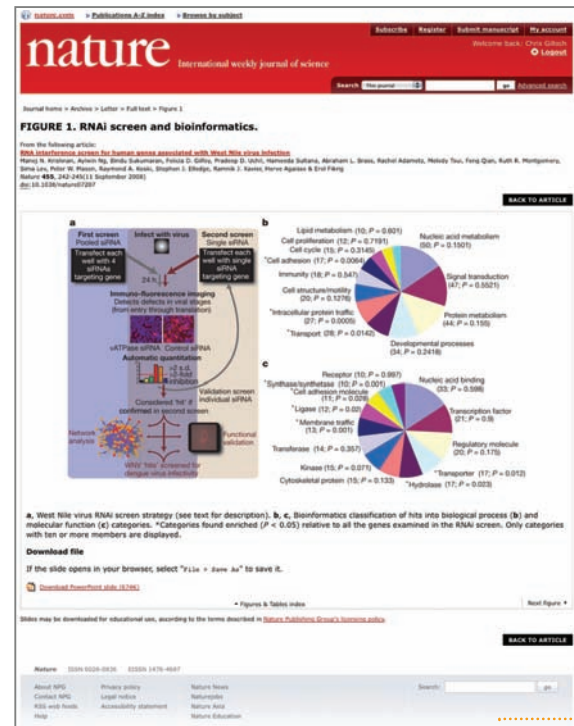
만약 이 저널을 근무지 또는 연구를 위해서 이용하고자 한다면 , 도서관 또는 정보 전문가에게 구독신청을 요청하시기 바랍니다 .

다양한 저널들이 RSS 뉴스 피드 (news feed) 형태의 최신 목차를 제공하고 있습니다 .

인터넷 뉴스 상에 보도된 Nature 의 저널및 논문들을 확인할 수 있습니다 .

논문에서 얻을 수 있는 정보

관심 있는 논문을 찾는 것이 처음 시작 포인트가 될 것입니다. 하지만, nature.com 에서는 단순히 논문을 읽는 것뿐만 아니라 다양한 작업들을 하는 것이 가능합니다. 본인의 연구 결과를 다른 사람들과 공유하고, 의견을 올리고, 슬라이드 상의 도표를 옮기고, 참고문헌 저장할 수 있습니다. 인쇄물로는 제공이 잘 되지 않는 보충자료에 접속할 수 있으며, 필요한 장비를 주문하는 것도 가능합니다.



논문 종류

DOI 및 일자

논문 제목

저자명, 소속, 대표저자 연락처

논문 초록

그림, 실험방법, 참고문헌은
논문에 포함되어 있으며,
풀사이즈 (full-size) 로 확대
할 수 있습니다.

참고문헌은 링크로 연결되어 있으며, 논문 마지막 부분에 리스트 되어 있습니다.

어떤 논문은 논평과 토론을
할 수 있는 옵션이 있습니다.

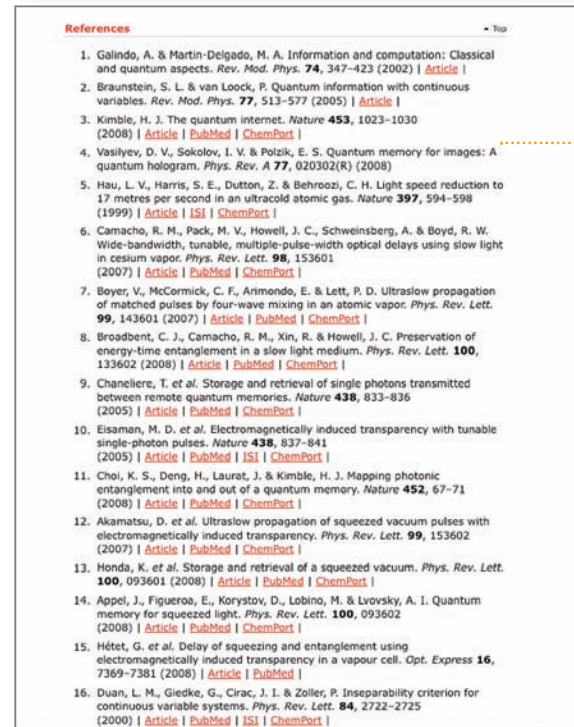
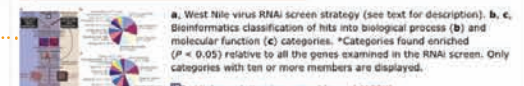


Figure 1: RNAi screen and bioinformatics.



The RNAi screen identified 283 HSFs and 22 HRFs (of which 273 and 21 respectively are novel; [Supplementary Tables 1 and 2](#)). The number of HRFs constituted 7% of the total host factors identified. The identification of (1) some of the known HSFs (vATPase, endosomal transport regulators⁴) and HRFs (IRF3; ref. 11) of WNV infection, and (2) multiple components of macromolecular assemblies—for example, vATPase, the endoplasmic-reticulum-associated

nature | Publications A-Z Index | Browse by subject

[Home](#)
[About Nature](#)
[Contact Us](#)
[Privacy Policy](#)
[Terms & Conditions](#)

nature

International weekly journal of science

Welcome back: Chris Gilloch
[Logout](#)

Bookmark the Darwin 200 special for the growing collection of updated news, research and analysis



Journal home > Archive > Letter > Full Text

Search go [Advanced search](#)

- [Journal home](#)
- [Advance online publication](#)
- [Current issue](#)
- [Nature News](#)
- [Archive](#)
- [Supplements](#)
- [Web focuses](#)
- [Multimedia](#)
- [About the Journal](#)
- [For authors and referees](#)
- [Online submission](#)
- [Advertising](#)
- [Reprints and permissions](#)
- [Nature Awards](#)
- [Nature Conferences](#)
- [Help](#)

Letter

Nature 455, 242–245 (11 September 2008) | doi:10.1038/nature07207; Received 23 March 2008; Accepted 26 June 2008; Published online 6 August 2008

RNA interference screen for human genes associated with West Nile virus infection

Manoj N. Krishnan¹, Aylwin Ng², Bindu Sukumaran¹, Felicia D. Gilroy⁵, Pradeep D. Uchil¹, Hameeda Sultan¹, Abraham L. Brass³, Rachel Adametz², Melody Tsui⁴, Feng Qian⁴, Ruth R. Montgomery⁵, Sima Lev⁵, Peter W. Mason⁵, Raymond A. Koski², Stephen J. Elledge^{7,10}, Ramnik J. Xavier^{8,11}, Hervé Agaisse^{3,11} & Erol Fikri^{1,10,11}

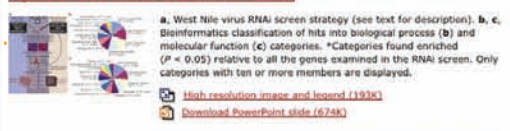
1. Section of Infectious Diseases,
2. Section of Rheumatology, Department of Internal Medicine,
3. Section for Microbial Pathogenesis, Yale University School of Medicine, New Haven, Connecticut 06520-8031, USA
4. Center for Computational and Integrative Biology, and Gastrointestinal Unit, Massachusetts General Hospital, Harvard Medical School, Boston, Massachusetts 02114, USA
5. Department of Pathology, University of Texas Medical Branch, Galveston, Texas 77555, USA
6. Department of Systems Biology,
7. Department of Genetics, Center for Genetics and Genomics, Brigham and Women's Hospital, Harvard Medical School, Boston, Massachusetts 02115, USA
8. Department of Neurobiology, Weizmann Institute of Science, Israel
9. IZ Diagnostics, 300 George Street, New Haven, Connecticut 06511, USA
10. Howard Hughes Medical Institute, Chevy Chase, Maryland 20815-6789, USA
11. These authors contributed equally to this work.

Correspondence to: Erol Fikri erol.fikri@yale.edu; Correspondence and requests for materials should be addressed to E.F. (Email: erol.fikri@yale.edu).

West Nile virus (WNV), and related flaviviruses such as tick-borne encephalitis, Japanese encephalitis, yellow fever and dengue viruses, constitute a significant global human health problem¹. However, our understanding of the molecular interaction of such flaviviruses with mammalian host cells is limited². WNV encodes only 10 proteins, implying that it may use many cellular proteins for infection³. WNV enters the cytoplasm through pH-dependent endocytosis, undergoes cycles of translation and replication, assembles progeny virions in association with endoplasmic reticulum, and exits along the secretory pathway^{4–7,3}. RNA interference (RNAi) presents a powerful forward genetics approach to dissect virus–host cell interaction^{4,5,6}. Here we report the identification of 305 host proteins that affect WNV infection, using a human-genome-wide RNAi screen. Functional clustering of the genes revealed a complex dependence of this virus on host cell physiology, requiring a wide variety of molecules and cellular pathways for successful infection. We further demonstrate a requirement for the ubiquitin ligase CBL1 in WNV internalization, a post-entry role for the endoplasmic-reticulum-associated degradation pathway in viral infection, and the monocarboxylic acid transporter MCT4 as a viral replication resistance factor. By extending this study to dengue virus, we show that flaviviruses have both overlapping and unique interaction strategies with host cells. This study provides a comprehensive molecular portrait of WNV–human cell interactions that forms a model for understanding single plus-stranded RNA virus infection, and reveals potential antiviral targets.

The host proteins previously reported to facilitate WNV infection (termed host susceptibility factors, HSFs) comprise endosomal transport regulators and vATPase (for entry), eEF1A, TIA-1/TIAR and HMGR (for replication), and c-Yes (for secretion)^{7,7,7,8,9,10}. Other host proteins may reduce WNV infection (termed host resistance factors, HRFs): components of the antiviral IRF3 pathway are known HRFs of WNV infection¹¹. In this context, we performed a genome-scale small interfering RNA (siRNA)-based screen silencing 21,121 human genes in HeLa cells to comprehensively identify the cellular proteins associated with the early stages of WNV infection, from viral entry through to the intracellular translation of viral RNA. Defects in the later stages of infection, such as replication, assembly or secretion, were not scored by the assay. The assay involved infection of gene-silenced cells with WNV for 24 h, followed by a microscopy-based quantification of the cells immunostained for viral envelope protein to select the candidate host proteins. The screen was done in two steps: a primary screen using a pool of four siRNAs per gene, followed by a validation screen, testing each individual siRNA within the pool separately (for the hits selected in the primary screen) to minimize potential off-target hits (Fig. 1a). The details of the assay and screen are described in Methods and Supplementary Fig. 1.

Figure 1: RNAi screen and bioinformatics.



a. West Nile virus RNAi screen strategy (see text for details). b, c. Bioinformatic classification of hits into biological process (b) and molecular function (c) categories. *Categories formed enriched ($P < 0.05$) relative to all the genes examined in the RNAi screen. Only categories with ten or more members are displayed.

[High resolution image and legend \(193K\)](#)
[Download PowerPoint slide \(674K\)](#)

Slides may be downloaded for educational use, according to the terms described in [Nature Publishing Group's licensing policy](#).

subscribe to Nature

[Subscribe](#)

FULL TEXT

• Previous | Next •

Table of contents

Download PDF

Send to a friend

CrossRef lists 2 articles citing this article

Scopus lists 4 articles citing this article

Submit a correspondence

Export citation

Export references

Rights and permissions

Order commercial reprints

Bookmark in Cennotea

* Abstract

* Methods Summary

* References

* Acknowledgements

* Figures and tables

* Supplementary info

* Online methods

SEE ALSO

* [Editor's Summary](#)

SEARCH PUBMED FOR

* [Manoj N. Krishnan](#)

* [Aylwin Ng](#)

* [Bindu Sukumaran](#)

* [Felicia D. Gilroy](#)

* [Pradeep D. Uchil](#)

* [Hameeda Sultan](#)

* [more authors of this article](#)

naturejobs

Gastroenterologist

Deaconess Clinic
Indiana, USA

Scientific Affairs Manager

Europe, Middle East and Africa

Monsanto
Based in Brussels, with a high degree of travel

* More science jobs

* Post a job for free

natureproducts

search buyers guide

nature geoscience



· 논문은 PDF 포맷으로
읽거나 출력할 수 있습니다.

논문을 동료와 친구들에게
보낼 수 있습니다.

Letters to the Editor 에서
당신의 의견을 보낼 수 있습
니다.

Export Citation 은 워드 또는 노트패드 포맷으로 되어 있습니다.

다른 연구자들과 공유할 수 있도록 자신의 Connotea 계정에 논문을 북마크 해 놓을 수 있습니다.

이 링크들을 통해서 다른
논문으로 이동할 수
있습니다.

Supplementary info 를 PDF
포맷으로 확대합니다 .

이 논문의 저자들이 발표한
추가 논문들이 PubMed 로
연결되어 있습니다.

관련 분야의 취업 정보를
위한 NatureJobs 로 연결되
어 있습니다 .

연구에 사용이 된 제품 및
기구들을 서로 비교하고 주
할 수 있는 Nature Products
로 연결되어 있습니다.

nature.com 에 실려 있는
광고를 볼 수 있습니다.
광고는 논문 내용에 따라서
바뀝니다.



SUPPLEMENTARY INFORMATION

Legends for Supplementary Tables 1 and 2.

Supplementary Table 1. RNAi screen identifies 283 human genes required for West Nile virus (WNV) infection. All of the identified 283 genes that qualified the selection criteria are arranged in alphabetical order. Column E shows how many individual siRNAs scored out of the four comprising the pool against each gene, when tested separately. Columns G, I, Q, V and AI: shows the fold reduction in WNV infection when the indicated genes were silenced with either individual siRNAs (G, I, Q, V) or pooled siRNAs (AI); and columns H, M, R, W and AJ are the corresponding Z-scores (standard deviation (SD) from the mean infection of control samples). The relative cell numbers (RCN; number of cells in gene silenced wells/number of cells in control) for G, I, Q, V and AI are shown in I, N, S, X and AK; and the corresponding SD are shown in J, O, T, Y and AL. Column AN shows fold reduction of dengue virus (DENV) infection (column AO shows the corresponding SD) when genes were silenced with pooled siRNAs. The RCN corresponding to AN is shown in AP (AQ shows the corresponding SD). 'NT' indicates not tested in the individual siRNA screen against WNV. 'NTD' indicates not tested against dengue virus.

Supplementary Table 2. RNAi screen identifies 22 human genes whose silencing enhances West Nile virus (WNV) infection. All of the identified 22 genes that qualified the selection criteria are arranged in alphabetical order. Column E shows how many individual siRNAs scored out of the four comprising the pool against each gene, when

정확한 검색 결과를 원하십니까?

nature.com 에서 정확한 정보를 찾는 것은 쉽고 간단합니다. 모든 저널 페이지의 오른쪽 상단에는 고급 검색 (Advanced Search) 기능을 사용하여 보다 정확한 결과를 얻을 수 있는 검색창이 있습니다. Nature.com 의 Save Search 기능은 검색어를 저장한 후 재검색을 할 수 있도록 해주며, 새로운 검색 결과를 자동으로 수집하여 이용자에게 전송합니다.

검색어를 이용한 검색 또는 선택한 저널 내에서 정확한 검색이 가능합니다.

저자, 논문명, 출판일 등으로 제한하여 보다 정확한 검색이 가능합니다.

DOI (Digital Object Identifier) 로 검색을 할 수 있습니다.

검색을 좀 더 정확하게 하거나 다시 하려면 여기에 있는 링크들을 선택하십시오.

검색을 좀 더 정확하게 하거나 다시 하려면 여기에 있는 링크들을 선택하십시오.

여기에 있는 드랍 다운 (drop-down) 메뉴를 이용하여 검색 결과를 보는 방식을 변경할 수 있습니다.

논문의 'Summary' 및 'Context' 를 보이지 않게 할 수 있습니다.

논문의 초록 (Abstract), 원문 또는 PDF 버전의 원문을 읽고 싶을 때 클릭하십시오.

Saved Searches 탭을 선택하면 자신이 저장해 놓은 검색 결과를 볼 수 있습니다. 이에 대해서는 아래에 있는 화면에서 설명하고 있습니다.

CrossRef Search 는 전문적인 연구 내용에 대해서 출판사 상호간 무료 원문 검색을 가능하게 해 줍니다.

화면에 보여지는 검색 결과의 방식을 선택할 수 있습니다.

- 관련성에 따라서 나열 (by relevance)
- 날짜에 따라서 나열 (by date)
- 출판물에 따라서 나열 (by publication)
- 논문 종류에 따라서 나열 (by article)
- 한 페이지당 최대 100 개의 결과 까지 나열

동일한 검색어를 이용하여 재검색을 하는 경우, Save Search 를 하여 주십시오. 처음 포함한 결과를 자동으로 수집하여 이용자에게 전송합니다.

검색 기간이나 새로운 결과를 수정하여 결과 파일을 언제든지 등록한 E-mail 로 다운로드 할 수 있습니다.

특정 저널 또는 주제분야에 대해서만 검색할 수 있습니다.

논문 이외에 제공되는 정보

팟캐스트 (podcasts): Nature 및 다른 저널에서 뽑은 한 주간 최고의 하이라이트를 무료 오디오 자료로 다운로드 받을 수 있습니다.

비디오 (video): 연구 결과에 대해서 연구자들이 서로 논의하고 분석하고 있는 비디오 자료를 재생하여 볼 수 있습니다.

이 외에 또 다른 기능들 : 인터랙티브 그래픽 (interactive graphics), 퀴즈 (quizzes), 비디오 갤러리 (video galleries), 그림 (pictures), 만화 (comics), 그 밖에 많은 볼거리들. nature.com 의 최신 기능들에 대한 소식이 궁금하다면, www.nature.com/launchpad 에 정기적으로 방문해 주십시오.

블로그 (blogs): 오늘의 뉴스에 대한 의견을 남기거나 보다 넓은 범위의 주제에 대한 논의를 할 수 있습니다.

구글 어스 파일 (google earth files): Google Earth 와 같은 기반한 프로그램이 과학자들에게 새로운 것을 발견하고 정보를 공유하는데 어떤 도움을 주는지 알 수 있습니다.