

Direct Transcriptional Regulation of Human Hepatic Cytochrome P450 3A4 (CYP3A4) by Peroxisome Proliferator-Activated Receptor Alpha (PPAR α)

Maria Thomas, Oliver Burk, Britta Klumpp, Benjamin A. Kandel, Georg Damm, Thomas S. Weiss, Kathrin Klein,
Matthias Schwab, Ulrich M. Zanger
Molecular Pharmacology

Supplemental Table 3: Gene expression analysis (fold changes) by qRT-PCR

GENE	RNAI/1	RNAI/2	RNAI/3	RNAI	StDev	WY14,643/1	WY14,643/2	WY14,643/3	WY14,643	StDev	POPC1	POPC2	POPC3	POPC	StDev
ABCB1	1.15	1.02	0.86	1.01	0.12	1.16	1.27	0.19	0.87	0.49	1.11	0.67	1.21	1.00	0.24
ABCC2	0.96	0.85	1.13	0.98	0.12	1.13	1.24	1.18	1.18	0.04	0.96	0.67	1.25	0.96	0.24
ABCG2	1.23	1.28	1.13	1.21	0.06	1.20	0.78	1.02	1.00	0.17	1.09	1.12	0.86	1.02	0.12
ACOX1	0.79	0.57	0.63	0.66	0.09	1.45	2.67	1.84	1.99	0.51	1.48	1.51	1.68	1.56	0.09
ADH1A	1.00	0.86	1.03	0.96	0.07	1.12	1.06	1.17	1.12	0.05	0.92	1.12	1.08	1.04	0.09
AHR	1.09	1.23	0.86	1.06	0.15	0.90	1.24	1.31	1.15	0.18	0.86	0.97	1.02	0.95	0.07
ALAS1	0.77	0.68	0.53	0.66	0.10	1.67	1.86	2.17	1.90	0.21	1.82	2.53	1.67	2.01	0.38
ALDH2	0.86	0.75	1.26	0.96	0.22	0.87	1.13	1.57	1.19	0.29	0.95	1.12	1.37	1.15	0.17
ARNT	0.89	1.21	0.86	0.99	0.16	0.91	1.12	1.02	1.02	0.08	0.93	1.18	1.24	1.12	0.14
CCL2	0.64	0.72	0.84	0.73	0.08	1.15	1.34	0.95	1.15	0.16	0.72	0.97	1.12	0.94	0.16
CEBP	1.27	0.94	1.12	1.11	0.13	1.14	1.21	1.07	1.14	0.06	1.03	1.27	1.11	1.14	0.10
CPT1A	0.62	0.73	0.53	0.63	0.08	3.28	4.24	2.78	3.43	0.61	2.49	1.86	1.67	2.01	0.35
CREBBP	1.29	1.11	0.86	1.09	0.17	1.05	0.98	1.12	1.05	0.06	1.01	0.94	1.27	1.07	0.14
CRP	0.66	0.82	0.54	0.67	0.11	1.86	1.54	1.77	1.72	0.13	1.89	1.92	1.77	1.86	0.06
CYP1A1	0.31	0.61	0.43	0.45	0.12	1.84	1.54	1.89	1.76	0.15	1.37	1.54	1.67	1.53	0.12
CYP1A2	0.78	0.56	0.42	0.59	0.15	1.34	1.67	1.89	1.63	0.23	1.89	1.57	1.87	1.78	0.15
CYP2A6	1.04	0.86	0.91	0.94	0.08	1.70	1.34	1.24	1.43	0.20	1.67	1.31	1.11	1.36	0.23
CYP2B6	0.76	0.54	0.59	0.63	0.09	1.70	2.15	2.67	2.17	0.39	1.74	1.57	1.67	1.66	0.07
CYP2C19	1.07	0.96	1.21	1.08	0.10	1.21	1.24	1.02	1.16	0.10	1.13	0.95	1.15	1.08	0.09
CYP2C8	0.59	0.37	0.48	0.48	0.09	2.19	3.45	2.87	2.84	0.52	3.67	3.89	3.45	3.67	0.18
CYP2C9	0.92	1.09	1.12	1.04	0.09	1.11	0.94	0.68	0.91	0.18	1.21	1.08	1.31	1.20	0.09
CYP2D6	0.92	1.25	0.73	0.97	0.21	1.96	1.51	0.68	1.38	0.53	1.49	1.57	0.86	1.31	0.32
CYP2E1	0.82	1.25	1.34	1.14	0.22	1.07	1.32	1.08	1.16	0.12	0.97	0.67	1.44	1.03	0.32
CYP3A4	0.56	0.72	0.63	0.64	0.07	1.80	2.42	2.65	2.29	0.36	4.12	1.89	1.27	2.43	1.22
CYP3A5	0.54	0.37	0.68	0.53	0.13	1.24	1.78	1.36	1.46	0.23	1.56	1.67	1.74	1.66	0.07
CYP3A7	0.68	0.87	0.51	0.69	0.15	1.30	1.66	1.83	1.60	0.22	1.64	1.81	1.76	1.74	0.07
CYP7A1	0.19	0.24	0.57	0.33	0.17	0.47	0.51	0.37	0.45	0.06	0.37	0.36	0.48	0.40	0.05
DPVD	0.67	0.91	1.24	0.94	0.23	0.85	1.21	1.12	1.06	0.15	0.83	1.18	1.34	1.12	0.21
ELK1	1.01	1.24	1.25	1.17	0.11	0.95	0.89	1.02	0.95	0.05	0.95	1.08	1.17	1.07	0.09
FABP1	0.64	0.43	0.55	0.54	0.08	2.70	3.12	2.74	2.85	0.19	1.88	2.18	2.18	2.08	0.14
FDFIT1	0.92	1.19	1.21	1.11	0.13	1.17	1.12	1.02	1.10	0.06	1.17	1.18	1.27	1.21	0.04
FOS	1.13	1.63	0.34	1.03	0.53	1.77	1.48	1.36	1.54	0.17	1.41	1.37	1.58	1.45	0.09
FOXO1	1.21	0.84	0.67	0.91	0.22	1.00	0.85	0.67	0.84	0.14	0.97	1.08	0.94	1.00	0.06
GGPC	0.95	1.12	0.87	0.98	0.10	1.12	0.97	1.11	1.07	0.07	1.09	1.17	1.18	1.15	0.04
GSTA2	0.62	1.12	1.32	1.02	0.30	0.83	0.92	1.54	1.10	0.32	0.90	1.12	1.27	1.10	0.15
GSTM1	0.87	1.15	0.67	0.90	0.20	0.83	0.56	1.24	0.88	0.28	0.95	0.92	0.94	0.94	0.01
GSTP1	1.01	1.24	0.86	1.04	0.16	0.93	1.08	1.33	1.11	0.16	0.86	1.05	1.21	1.04	0.14
HK2	1.10	0.75	0.36	0.74	0.30	1.09	1.12	1	1.07	0.05	1.04	0.86	1.15	1.02	0.12
HMGCR	0.98	1.05	0.84	0.96	0.09	0.92	1.67	1.88	1.49	0.41	1.00	1.27	1.57	1.28	0.23
HMGCS2	0.68	0.42	0.37	0.49	0.13	4.06	3.12	4.65	3.94	0.63	3.34	2.67	3.12	3.04	0.28
HMOX1	1.29	1.19	1.24	1.24	0.04	1.74	1.57	1.21	1.51	0.22	1.63	1.27	1.54	1.48	0.15
HNF1A	0.77	0.57	0.61	0.65	0.09	0.97	1.34	1.27	1.19	0.16	1.01	1.21	1.08	1.10	0.08
HNF4A	0.72	0.76	0.84	0.77	0.05	0.91	1.34	1.12	1.12	0.18	0.89	0.96	1.08	0.98	0.08
IL1b	1.39	1.58	2.4	1.79	0.44	0.45	0.64	0.75	0.61	0.12	0.66	0.53	0.42	0.54	0.10
IL6	1.57	1.86	1.57	1.67	0.14	0.86	0.48	0.77	0.70	0.16	0.87	0.94	0.76	0.86	0.07
IL8	1.47	1.53	1.56	1.52	0.04	1.08	0.82	0.71	0.87	0.16	1.10	0.48	0.86	0.81	0.25
INSIG1	0.63	0.51	0.37	0.50	0.11	0.97	1.12	1.08	1.06	0.06	1.21	1.12	1.08	1.14	0.05
INSIG2	1.44	1.12	1.02	1.19	0.18	0.90	1.05	1.16	1.04	0.10	0.86	1.28	0.57	0.90	0.29
JUN	1.96	1.24	1.12	1.44	0.37	1.05	0.94	0.86	0.95	0.08	1.02	1.18	0.97	1.06	0.09
NAT1	0.75	0.86	1.04	0.88	0.12	1.10	1.34	1.25	1.23	0.10	0.99	1.02	1.34	1.12	0.16
NAT2	0.80	0.94	1.21	0.98	0.17	0.99	1.27	1.26	1.17	0.13	0.96	1.27	1.64	1.29	0.28
NCOA1	1.14	1.12	1.08	1.11	0.02	1.12	1.35	1.23	1.23	0.09	1.09	0.97	0.84	0.97	0.10
NCOA2	0.93	1.24	1.08	1.08	0.13	0.98	0.86	0.67	0.84	0.13	1.02	0.67	1.12	0.94	0.19
NCOA3	1.30	1.34	1.21	1.28	0.05	1.08	1.21	1.02	1.10	0.08	1.02	0.67	0.98	0.89	0.16
NFKBIA	1.16	1.02	1.32	1.17	0.22	1.41	1.24	1.26	1.30	0.07	1.23	1.32	1.12	1.22	0.08
NOS2	1.95	1.24	1.65	1.61	0.29	4.88	3.24	2.67	3.60	0.94	2.67	2.15	2.77	2.53	0.27
NR0B2	1.78	1.54	1.86	1.73	0.14	1.05	1.53	1.45	1.34	0.21	0.95	1.12	1.34	1.14	0.16
NR1H3	0.76	0.86	0.98	0.87	0.09	1.14	1.23	1.27	1.21	0.05	1.10	1.17	1.11	1.13	0.03
NR1H4	0.84	0.95	1.14	0.98	0.12	0.87	1.18	1.64	1.23	0.32	0.90	0.92	0.87	0.90	0.02
NR1I2	0.89	0.64	0.71	0.75	0.10	1.48	1.34	1.58	1.47	0.10	0.99	1.34	1.54	1.29	0.23
NR1I3	0.79	0.76	0.54	0.70	0.11	1.71	1.67	2.34	1.91	0.31	1.18	1.76	1.87	1.60	0.30
NR2F1	0.82	0.94	1.31	1.02	0.21	0.83	0.89	0.91	0.88	0.03	0.88	1.34	1.28	1.17	0.20
NR2F2	0.97	1.24	0.58	0.93	0.27	0.88	0.94	0.93	0.92	0.03	1.03	1.12	1.38	1.18	0.15
NR3C1	1.22	1.56	1.57	1.45	0.16	0.90	0.76	0.58	0.75	0.13	0.87	0.95	0.99	0.94	0.05
PCK1	1.44	1.57	0.92	1.31	0.28	1.29	1.05	1.23	1.19	0.10	1.13	1.34	1.18	1.22	0.09
PDK4	0.38	0.55	0.48	0.47	0.07	4.35	5.34	5.67	5.12	0.56	3.79	3.75	3.64	3.73	0.06
POLR2A	0.97	1.12	1.33	1.14	0.15	0.98	1.16	1.31	1.15	0.14	0.95	0.96	0.97	0.96	0.01
PON1	0.68	0.57	0.64	0.63	0.04	1.47	1.34	1.54	1.45	0.08	1.44	1.54	1.67	1.55	0.09
POR	1.27	0.7	0.64	0.87	0.28	1.58	1.62	1.43	1.54	0.08	1.58	1.57	1.34	1.50	0.11
PPARA	0.56	0.48	0.67	0.57	0.08	1.68	1.52	1.87	1.69	0.14	1.05	1.36	1.28	1.23	0.13
PPARG	1.75	1.31	0.85	1.30	0.37	1.05	1.24	1.32	1.20	0.11	1.02	1.37	1.38	1.26	0.17
PTGS2	4.61	1.53	1.75	2.63	1.40	1.01	0.68	0.74	0.81	0.14	0.64	0.84	0.97	0.82	0.14
RXRA	0.79	0.83	0.71	0.78	0.05	0.87	0.89	0.91	0.89	0.02	0.96	0.67	1.24	0.96	0.23
SCD	0.79	0.86	0.92	0.86	0.05	1.52	1.34	1.67	1.51	0.13	1.57	1.67	1.84	1.69	0.11
SLC10A1	0.84	1.32	0.87	1.01	0.22	0.81	0.84	0.97	0.87	0.07	0.81	1.34	1.58	1.24	0.32
SLC22A7	0.62	0.75	1.11	0.83	0.21	1.39	1.37	1.42	1.39	0.02	1.09	0.94	0.88	0.97	0.09
SLCO1B1	0.70	0.67	1.11	0.83	0.20	0.96	1.02	1.34	1.11	0.17	1.04	0.67	0.81	0.84	0.15
SOC3	0.90	0.83	0.67	0.80	0.10	1.34	1.12	1.68	1.38	0.23	1.57	1.34	1.08	1.33	0.20
SOD2	1.69	1.54	1.64	1.62	0.06	0.83	0.92	1.11	0.95	0.12	0.87	1.12	1.34	1.11	0.19
SREBF1	0.86	1.41	1.13	1.13	0.22	1.27	1.34	1.58	1.40	0.13	1.24	1.71	1.02	1.32	0.29
SREBF2	1.01	1.08	0.98	1.02	0.04	0.96	0.94	0.76							