(12) 특허협력조약에 의하여 공개된 국제출원

(19) 세계지식재산권기구
국제사무국

(43) 국제공개일
2021 년 3 월 11 일 (11.03.2021)

WIPO | PCT

(10) 국제공개번호
WO 2021/045270 A1

(51) 국제특허분류:
G16B 25/10 (2019.01) *G16B 30/10* (2019.01)

(21) 국제출원번호: PCT/KR2019/011488

(22) 국제출원일: 2019 년 9 월 5 일 (05.09.2019)

(25) 출원언어: 한국어

(26) 공개언어: 한국어

(30) 우선권정보:
10-2019-0108357 2019 년 9 월 2 일 (02.09.2019) KR

(71) 출원인: 주식회사 클리노믹스 (**CLINOMICS CO.**) [KR/KR]; 44919 울산시 울주군 언양읍 유니스트길 50, 경영관 806-6호, Ulsan (KR).

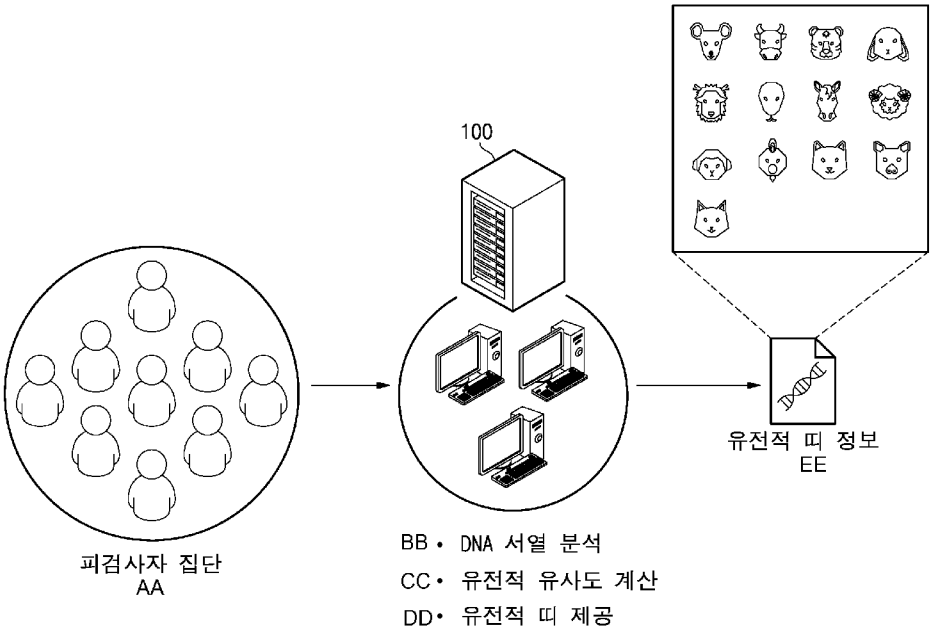
(72) 발명자: 조윤성 (**CHO, Yun Sung**); 16953 경기도 용인시 기흥구 흥덕1로79번길 37, 503동 1702호, Gyeonggi-do (KR). 이황열 (**LEE, Hwang Yeol**); 16953 경기도 용인시 기흥구 흥덕1로79번길 37, 504동 1201호, Gyeonggi-do (KR). 김병철 (**KIM, Byung Chul**); 16713 경기도 수원시 영통구 봉영로1744번길 11, 222동 802호, Gyeonggi-do (KR). 박종화 (**BHAK, Jong Hwa**); 44936 울산시 울주군 언양읍 반천강변길 51, 101동 1710호, Ulsan (KR).

(74) 대리인: 특허법인 메이저 (**MAJOR PATENT AND LAW FIRM**); 06235 서울시 강남구 테헤란로20길 10, 3층 (역삼동, 쓰리엠타워), Seoul (KR).

(81) 지정국 (별도의 표시가 없는 한, 가능한 모든 종류의 국내 권리의 보호를 위하여): AE, AG, AL, AM, AO, AT, AU, AZ, BA, BB, BG, BH, BN, BR, BW, BY, BZ, CA, CH, CL, CN, CO, CR, CU, CZ, DE, DJ, DK, DM, DO, DZ, EC, EE, EG, ES, FI, GB, GD, GE, GH, GM, GT, HN, HR, HU, ID, IL, IN, IR, IS, JO, JP, KE, KG, KH, KN, KP, KW, KZ, LA, LC, LK, LR, LS, LU, LY, MA, MD, ME, MG, MK, MN, MW, MX, MY, MZ, NA, NG, NI, NO, NZ, OM, PA, PE, PG, PH, PL, PT, QA, RO, RS, RU, RW, SA, SC, SD,

(54) Title: SYSTEM FOR PROVIDING GENETIC ZODIAC SIGN USING GENETIC INFORMATION BETWEEN TESTEE AND ORGANISM, AND METHOD THEREFOR

(54) 발명의 명칭: 피검사자와 생물체 간의 유전자 정보를 이용한 유전적 띠 제공 시스템 및 그 방법



AA ... Testee group
BB ... Analysis of DNA sequence
CC ... Calculation of genetic similarity
DD ... Provision of genetic zodiac sign
EE ... Genetic zodiac sign information

(57) Abstract: The present invention relates to a system for providing a genetic zodiac sign using genetic information between a testee and an organism, and a method therefor. The present invention addresses the technical problem of providing a genetic similarity by comparing the genetic information of a testee with genomes of various organisms, and calculating a relative rank of the genetic similarity of the testee on the basis of the provided genetic similarity, and presenting the relative rank as a genetic zodiac sign related to the organisms. For example, disclosed is a system for providing a genetic zodiac sign using genetic information between a testee and an organism, the system comprising: a DNA sequence analysis unit which analyzes a testee's DNA sequence on the basis of a

WO 2021/045270 A1

[다음 쪽 계속]

SE, SG, SK, SL, SM, ST, SV, SY, TH, TJ, TM, TN, TR, TT, TZ, UA, UG, US, UZ, VC, VN, ZA, ZM, ZW.

(84) 지정국 (별도의 표시가 없는 한, 가능한 모든 종류의 역내 권리의 보호를 위하여): ARIPO (BW, GH, GM, KE, LR, LS, MW, MZ, NA, RW, SD, SL, ST, SZ, TZ, UG, ZM, ZW), 유라시아 (AM, AZ, BY, KG, KZ, RU, TJ, TM), 유럽 (AL, AT, BE, BG, CH, CY, CZ, DE, DK, EE, ES, FI, FR, GB, GR, HR, HU, IE, IS, IT, LT, LU, LV, MC, MK, MT, NL, NO, PL, PT, RO, RS, SE, SI, SK, SM, TR), OAPI (BF, BJ, CF, CG, CI, CM, GA, GN, GQ, GW, KM, ML, MR, NE, SN, TD, TG).

공개:

— 국제조사보고서와 함께 (조약 제21조(3))

DNA sample collected from each testee belonging to a group; a genetic similarity calculation unit that calculates the genetic similarity between an organism and the testee by comparing the testee's DNA sequence with a standard genomic map of the organism; and a genetic zodiac sign information provision unit that provides, on the basis of the genetic similarity, genetic zodiac sign information including the relative similarity of each organism to each testee, a relative similarity rank, and a relative similarity rank of each testee relative to each organism in the group.

(57) 요약서: 본 발명은 피검사자와 생물체 간의 유전자 정보를 이용한 유전적 띠 제공 시스템 및 그 방법에 관한 것으로, 해결하고자 하는 기술적 과제는 피검사자의 유전정보를 다양한 생물체의 게놈과 비교하여 유전적 유사성을 제공하고, 이를 바탕으로 피검사자의 유전적 유사성에 대한 상대적 순위를 계산하여 생물체와 관련된 유전적 띠로 제시하는데 있다. 일례로, 집단 내 소속된 피검사자로부터 각각 채취한 DNA 샘플에 기초하여 피검사자 DNA 서열을 분석하는 DNA 서열 분석부; 상기 피검사자 DNA 서열을 생물체의 표준게놈지도에 각각 비교하여 생물체와 피검사자 간의 유전적 유사도를 계산하는 유전적 유사도 계산부; 및 상기 유전적 유사도에 기초하여, 각 피검사자에 대한 생명체 별 상대적 유사도, 상대적 유사도 순위, 및 상기 집단 내에서 각 생명체에 대한 피검사자 별 상대적 유사도 순위를 포함하는 유전적 띠 정보를 제공하는 유전적 띠 정보 제공부를 포함하는 피검사자와 생물체 간의 유전자 정보를 이용한 유전적 띠 제공 시스템을 개시한다.

명세서

발명의 명칭: 피검사자와 생물체 간의 유전자 정보를 이용한 유전적 띠 제공 시스템 및 그 방법

기술분야

[1] 본 발명의 실시예는 피검사자와 생물체 간의 유전자 정보를 이용한 유전적 띠 제공 시스템 및 그 방법에 관한 것이다.

배경기술

[2] 모든 지구상의 생물체는 똑같은 유전물질을 가지고 있어, 아무리 유전적 거리가 멀어도 어떠한 형태로든 생물체 간의 상관성을 표현할 수 있다.

[3] 따라서, 동물, 식물, 미생물, 바이러스 등은 이들의 게놈에 속한 각종 유전자, RNA(Ribonucleic acid), 후성 유전자, 단백질 등 유전자 변에서 비롯한 유전적 지표를 이용하여 상호 연관성의 정도를 갖는 순위를 책정하여 표현할 수 있다.

[4] 이러한 유전적 상관성 정보는 오락적, 의료적, 생물학적, 기타 실용적인 목적으로서 매우 다양한 응용이 가능하다. 모든 생물체의 유전자 기반의 연관성을 인간 개개인의 게놈의 유전자 기반의 다양성과 비교할 수 있다.

[5] 이러한 비교 결과를 개개인이 속한 집단 내에서 상대적으로 어떤 개인이 다른 개인보다 타 종의 게놈 정보에 더 가까운지 아닌지를 정밀하게 표현할 수 있다.

[6] 가장 대표적인 예로, 중화문화권이나 서구의 각종 점성학적인 동물들과 개개인의 유전적 거리를 계산이 가능하다. 중국문화권의 경우, 12가지 동물을 활용해 매해를 상징하며, 이는 한국을 비롯한 동북아시아, 중앙아시아, 동남아시아, 서남아시아까지 널리 통용되고 있다. 서구나 문화권에도 이런 12가지 동물과 연관성이 있다. 나라마다 12가지 동물의 종류가 유사하거나 상이한데, 예를 들어, 베트남과 네팔에서는 토끼 띠 대신 고양이 띠가 대신하고, 네팔에서는 용 대신 독수리가 대신한다.

[7] 더불어, 같은 해에 태어난 사람은 모두 같은 띠를 갖는다. 뿐만 아니라, 각 문화에서 개개인이 좋아하는 꽃이나 생물에 관한 연관성과 그에 맞는 기호가 있다.

발명의 상세한 설명

기술적 과제

[8] 본 발명의 실시예는, 피검사자의 유전정보를 다양한 생물체의 게놈 혹은 게놈 일부와 비교하여 유전적 유사성을 제공하고, 이를 바탕으로 피검사자의 유전적 유사성에 대한 상대적 순위를 계산하여 생물체와 관련된 유전적 띠로 제시하는 피검사자와 생물체 간의 유전자 정보를 이용한 유전적 띠 제공 시스템 및 그 방법을 제공한다.

과제 해결 수단

[9] 본 발명의 일 실시예에 따른 피검사자와 생물체 간의 유전자 정보를 이용한

유전적 띠 제공 시스템은, 집단 내 소속된 피검사자로부터 각각 채취한 DNA 샘플에 기초하여 피검사자 DNA 서열을 분석하는 DNA 서열 분석부; 상기 피검사자 DNA 서열을 생물체의 표준게놈지도에 각각 비교하여 생물체와 피검사자 간의 유전적 유사도를 계산하는 유전적 유사도 계산부; 및 상기 유전적 유사도에 기초하여, 각 피검사자에 대한 생명체 별 상대적 유사도, 상대적 유사도 순위, 및 상기 집단 내에서 각 생명체에 대한 피검사자 별 상대적 유사도 순위를 포함하는 유전적 띠 정보를 제공하는 유전적 띠 정보 제공부를 포함한다.

[10] 또한, 상기 유전적 유사도 계산부는, 상기 피검사자 DNA 서열을 해독 과정을 통해 다수의 플래그먼트(fragments)의 절대적 DNA 서열을 생성하고, 상기 절대적 DNA 서열을 상기 표준게놈지도의 DNA 서열과 매핑하여 피검사자와 생물체 간의 DNA 매핑율을 계산하고, 계산된 상기 DNA 매핑율에 기초하여 생물체와 피검사자 간의 유전적 유사도를 계산하는 제1 유사도 계산부를 포함할 수 있다.

[11] 또한, 상기 유전적 유사도 계산부는, 상기 피검사자 DNA 서열을 해독 과정을 통해 다수의 플래그먼트(fragments)의 절대적 DNA 서열을 생성하고, 상기 절대적 DNA 서열을 상기 표준게놈지도의 DNA 서열과 매핑하여 상기 절대적 DNA 서열과 상기 표준게놈지도의 DNA 서열과 차이가 나는 DNA 변이(variant)를 추출하고, 추출된 상기 DNA 변이에 기초하여 생물체와 피검사자 간의 유전적 유사도를 계산하는 제2 유사도 계산 단계를 포함할 수 있다.

[12] 또한, 상기 유전적 유사도 계산부는, 상기 피검사자 DNA 서열을 해독 과정을 통해 다수의 플래그먼트(fragments)의 절대적 DNA 서열을 생성하고, 상기 절대적 DNA 서열을 상기 표준게놈지도의 DNA 서열과 매핑하여 상기 절대적 DNA 서열과 상기 표준게놈지도의 DNA 서열과 차이가 나는 DNA 변이(variant)를 추출하고, 추출된 상기 DNA 변이와 피검사자의 유전정보를 기반으로 생물체와 피검사자 간의 유전적 거리(genetic distance)를 측정하고, 측정된 상기 유전적 거리에 기초하여 생물체와 피검사자 간의 유전적 유사도를 계산하는 제3 유사도 계산부를 포함할 수 있다.

[13] 본 발명의 다른 실시예에 따른 피검사자와 생물체 간의 유전자 정보를 이용한 유전적 띠 제공 방법은, 집단 내 소속된 피검사자로부터 각각 채취한 DNA 샘플에 기초하여 피검사자 DNA 서열을 분석하는 DNA 서열 분석 단계; 상기 피검사자 DNA 서열을 생물체의 표준게놈지도에 각각 비교하여 생물체와 피검사자 간의 유전적 유사도를 계산하는 유전적 유사도 계산 단계; 및 상기 유전적 유사도에 기초하여, 각 피검사자에 대한 생명체 별 상대적 유사도, 상대적 유사도 순위, 및 상기 집단 내에서 각 생명체에 대한 피검사자 별 상대적 유사도 순위를 포함하는 유전적 띠 정보를 제공하는 유전적 띠 정보 제공 단계를 포함한다.

[14] 또한, 상기 유전적 유사도 계산 단계는, 상기 피검사자 DNA 서열을 해독 과정을 통해 다수의 플래그먼트(fragments)의 절대적 DNA 서열을 생성하고,

상기 절대적 DNA 서열을 상기 표준게놈지도의 DNA 서열과 매핑하여 피검사자와 생물체 간의 DNA 매핑율을 계산하고, 계산된 상기 DNA 매핑율에 기초하여 생물체와 피검사자 간의 유전적 유사도를 계산하는 제1 유사도 계산 단계를 포함할 수 있다.

[15] 또한, 상기 유전적 유사도 계산 단계는, 상기 피검사자 DNA 서열을 해독 과정을 통해 다수의 플래그먼트(fragments)의 절대적 DNA 서열을 생성하고, 상기 절대적 DNA 서열을 상기 표준게놈지도의 DNA 서열과 매핑하여 상기 절대적 DNA 서열과 상기 표준게놈지도의 DNA 서열과 차이가 나는 DNA 변이(variant)를 추출하고, 추출된 상기 DNA 변이에 기초하여 생물체와 피검사자 간의 유전적 유사도를 계산하는 제2 유사도 계산 단계를 포함할 수 있다.

[16] 또한, 상기 유전적 유사도 계산 단계는, 상기 피검사자 DNA 서열을 해독 과정을 통해 다수의 플래그먼트(fragments)의 절대적 DNA 서열을 생성하고, 상기 절대적 DNA 서열을 상기 표준게놈지도의 DNA 서열과 매핑하여 상기 절대적 DNA 서열과 상기 표준게놈지도의 DNA 서열과 차이가 나는 DNA 변이(variant)를 추출하고, 추출된 상기 DNA 변이와 피검사자의 유전정보를 기반으로 생물체와 피검사자 간의 유전적 거리(genetic distance)를 측정하고, 측정된 상기 유전적 거리에 기초하여 생물체와 피검사자 간의 유전적 유사도를 계산하는 제3 유사도 계산 단계를 포함할 수 있다.

발명의 효과

[17] 본 발명에 따르면, 피검사자의 유전정보를 다양한 생물체의 게놈 혹은 게놈의 일부와 비교하여 유전적 유사성을 제공하고, 이를 바탕으로 피검사자의 유전적 유사성에 대한 상대적 순위를 계산하여 생물체와 관련된 유전적 띠로 제시하는 피검사자와 생물체 간의 유전자 정보를 이용한 유전적 띠 제공 시스템 및 그 방법을 제공할 수 있다.

도면의 간단한 설명

[18] 도 1은 본 발명의 일 실시예에 따른 피검사자와 생물체 간의 유전자 정보를 이용한 유전적 띠 제공 시스템을 나타낸 개요도이다.

[19] 도 2는 본 발명의 일 실시예에 따른 피검사자와 생물체 간의 유전자 정보를 이용한 유전적 띠 제공 시스템의 전체 구성을 나타낸 블록도이다.

[20] 도 3은 본 발명의 일 실시예에 따른 유전적 유사도 계산부의 상세 구성을 나타낸 블록도이다.

[21] 도 4는 본 발명의 일 실시예에 따른 제1 및 제2 유전적 유사도 계산 방식을 설명하기 위해 나타낸 도면이다.

[22] 도 5는 본 발명의 일 실시예에 따른 제3 유전적 유사도 계산 방식을 설명하기 위해 나타낸 도면이다.

[23] 도 6은 본 발명의 일 실시예에 따른 유전적 띠 정보 제공부를 통해 제공되는 피검사자에 대한 생명체 별 상대적 유사도와 상대적 유사도 순위 정보를 나타낸

도면이다.

[24] 도 7은 본 발명의 일 실시예에 따른 유전적 띠 정보 제공부를 통해 제공되는 집단 내에서 각 생명체에 대한 피검사자 별 상대적 유사도 순위 정보를 나타낸 도면이다.

[25] 도 8은 본 발명의 일 실시예에 따른 유전적 띠 정보 제공부를 통해 최종적으로 제공되는 유전적 띠 정보를 나타낸 도면이다.

[26] 도 9는 본 발명의 다른 실시예에 따른 피검사자와 생물체 간의 유전자 정보를 이용한 유전적 띠 제공 방법을 나타낸 블록도이다.

[27] 도 10은 본 발명의 다른 실시예에 따른 유전적 유사도 계산 방식을 나타낸 블록도이다.

발명의 실시를 위한 최선의 형태

[28] 도 1은 본 발명의 일 실시예에 따른 피검사자와 생물체 간의 유전자 정보를 이용한 유전적 띠 제공 시스템을 나타낸 개요도이고, 도 2는 본 발명의 일 실시예에 따른 피검사자와 생물체 간의 유전자 정보를 이용한 유전적 띠 제공 시스템의 전체 구성을 나타낸 블록도이고, 도 3은 본 발명의 일 실시예에 따른 유전적 유사도 계산부의 상세 구성을 나타낸 블록도이고, 도 4는 본 발명의 일 실시예에 따른 제1 및 제2 유전적 유사도 계산 방식을 설명하기 위해 나타낸 도면이고, 도 5는 본 발명의 일 실시예에 따른 제3 유전적 유사도 계산 방식을 설명하기 위해 나타낸 도면이고, 도 6은 본 발명의 일 실시예에 따른 유전적 띠 정보 제공부를 통해 제공되는 피검사자에 대한 생명체 별 상대적 유사도와 상대적 유사도 순위 정보를 나타낸 도면이고, 도 7은 본 발명의 일 실시예에 따른 유전적 띠 정보 제공부를 통해 제공되는 집단 내에서 각 생명체에 대한 피검사자 별 상대적 유사도 순위 정보를 나타낸 도면이며, 도 8은 본 발명의 일 실시예에 따른 유전적 띠 정보 제공부를 통해 최종적으로 제공되는 유전적 띠 정보를 나타낸 도면이다.

[29] 도 1 및 도 2를 참조하면, 본 발명의 일 실시예에 따른 피검사자와 생물체 간의 유전자 정보를 이용한 유전적 띠 제공 시스템(100)은 DNA 서열 분석부(110), 유전적 유사도 계산부(120) 및 유전적 띠 정보 제공부(130)를 포함한다.

[30] 본 실시예에서는 12간지 동물(쥐, 소, 호랑이, 도끼, 용, 뱀, 말, 양, 원숭이, 닭, 개, 돼지)의 표준게놈지도를 이용하여 피검사자와의 유전적 유사성을 판단할 수 있으며, 이뿐만 아니라 12간지 외 다른 동물, 식물, 미생물 등 다양한 생물체에 대한 표준게놈지도를 이용하여 이들과 피검사자들과의 유전적 유사성을 판단하여 유전적 띠 정보를 제공할 수 있다. 다만, 발명의 이해를 돕기 위하여 이하에는 12간지 동물(쥐, 소, 호랑이, 도끼, 용, 뱀, 말, 양, 원숭이, 닭, 개, 돼지)의 표준게놈지도를 이용하는 것을 일례로 하여 설명한다.

[31] 상기 DNA 서열 분석부(110)는, 집단 내 소속된 피검사자로부터 각각 채취한 DNA 샘플에 기초하여 피검사자 DNA 서열을 분석할 수 있다. 이때, 피검사자의

DNA 서열을 해독하는 과정에서 짧은 플래그먼트(fragments)의 절대적 DNA 서열정보만이 생성되는데, 이하 유전적 유사성을 계산하기 위해 상술한 절대적 DNA 서열을 이용한다.

[32] 상기 유전적 유사도 계산부(120)는, 피검사자 DNA 서열을 생물체의 표준게놈지도에 각각 비교하여 생물체와 피검사자 간의 유전적 유사도를 계산할 수 있다. 이를 위해, 유전적 유사도 계산부(120)는 DNA 서열의 매핑(mapping) 방식을 이용하는 제1 유사도 계산부(121), DNA 변이(variant) 추출 방식을 이용하는 제2 유사도 계산부(122), 및 유전적 거리(genetic distance) 측정 방식을 이용하는 제3 유사도 계산부(123)을 포함할 수 있다.

[33] 상기 제1 유사도 계산부(121)는, 피검사자 DNA 서열을 해독 과정을 통해 다수의 플래그먼트(fragments)의 절대적 DNA 서열을 생성하고, 상대적 DNA 서열을 12간지 동물에 대한 표준게놈지도의 DNA 서열과 매핑하여 피검사자와 해당 동물들 간의 DNA 매핑율을 계산하고, 계산된 DNA 매핑율에 기초하여 동물들과 피검사자 간의 유전적 유사도를 계산할 수 있다. 여기서, 12간지 동물들은 생물체의 일례로, 다른 동물 또는 식물, 미생물 등도 적용하여 이들과 피검사자와의 유전적 유사도를 계산할 수 있다.

[34] 좀 더 구체적으로, 피검사자의 DNA 서열이 해독될 때, 짧은 플래그먼트(fragments)의 절대적 DNA 서열정보만이 생산되는데, 해독된 DNA 서열이 어느 영역의 또는 어느 유전자에 해당되는 서열인지는 DNA 서열 자체만 가지고는 판단하기 어렵다. 따라서, 해독된 절대적 DNA 서열이 어느 위치의 DNA 서열인지를 확인하기 위해서는, 각각의 DNA 서열을 해당 생물체(12간지 동물) 표준게놈지도(reference)의 DNA 서열과 비교하여, 피검사자의 각 절대적 DNA 서열이 어느 위치 그리고 어느 유전자에 속하는 DNA 서열인지를 확인하는 과정이 필요하다. 이때, 생물체의 표준게놈지도는 모든 DNA 서열의 순서를 염색체 별로 그 순서를 맞춰 조립해 놓은 정보에 해당된다. 따라서 생물체의 표준게놈지도는 일종의 퍼즐판 역할을 하게 되며, 피검사자의 각각 절대적 DNA 서열은 퍼즐 조각을 해석할 수 있다.

[35] 도 4에 도시된 'Reference'는 12간지 동물의 표준게놈지도에서 연속된 DNA서열을 미리 조립한 것이고, 'short reads'라는 것이 피검자의 짧은 DNA서열 즉 플래그먼트(fragments)의 절대적 DNA 서열에 해당한다. 이와 같은 12간지 동물의 표준게놈지도(reference)에 피검자의 DNA 조각을 매핑(mapping)하면, 여러 동물들의 표준게놈지도(reference)와 피검사자의 DNA 서열이 유사한 부분은 매핑(mapping)이 잘 되며, DNA 서열이 상이한 부분은 매핑(mapping)이 잘 되지 않는다. 이러한 방식에 따라서, 피검사자의 DNA 서열이 12간지 동물의 표준게놈지도(reference) 대비 얼마나 매핑(mapping)되는지 즉 매핑율(mapping rate)이 얼마인지를 DNA 서열 개수 자체를 계산함으로써 얻을 수 있으며, 이에 따라 12간지 동물과 피검사자 간의 유전적 유사도를 각각 측정할 수 있다.

[36] 상기 제2 유사도 계산부(122)는, 피검사자 DNA 서열을 해독 과정을 통해

다수의 플래그먼트(fragments)의 절대적 DNA 서열을 생성하고, 절대적 DNA 서열을 표준게놈지도(reference)의 DNA 서열과 매핑하여 절대적 DNA 서열과 표준게놈지도(reference)의 DNA 서열과 차이가 나는 DNA 변이(variant)를 추출하고, 추출된 DNA 변이에 기초하여 생물체와 피검사자 간의 유전적 유사도를 계산할 수 있다.

[37] 좀 더 구체적으로, 도 4를 참조하면 DNA 서열이 매핑(mapping)된 위치는 피검사자의 유전형(genotype) 정보를 확인할 수 있는데, 생물체의 표준게놈지도(reference)와 차이가 나는 DNA 서열이 변이(variant)로 추출될 수 있다. 즉, 매핑(mapping)된 데이터로부터 생물체의 표준게놈지도(reference)와 차이 나는 변이(variant)를 추출하여 생물체와 피검사자 간의 유전적 유사도를 계산할 수 있다. 이때, 생물체와 피검사자 간의 유전적 유사도가 높으면 변이(variant)가 상대적으로 적게 추출되며, 생물체와 피검사자 간의 유전적 유사도가 낮으면 변이(variant)가 상대적으로 많이 추출될 수 있다.

[38] 상기 제3 유사도 계산부(123)는, 피검사자 DNA 서열을 해독 과정을 통해 다수의 플래그먼트(fragments)의 절대적 DNA 서열을 생성하고, 절대적 DNA 서열을 표준게놈지도(reference)의 DNA 서열과 매핑하여 절대적 DNA 서열과 표준게놈지도의 DNA 서열과 차이가 나는 DNA 변이(variant)를 추출하고, 추출된 DNA 변이(variant)와 피검사자의 유전정보를 기반으로 생물체와 피검사자 간의 유전적 거리(genetic distance)를 측정하고, 측정된 유전적 거리에 기초하여 생물체와 피검사자 간의 유전적 유사도를 계산할 수 있다.

[39] 생물체의 유전정보 유사성을 계산하는 유전영역은 전체 게놈영역이 될 수도 있고, 유전자 등 특정 영역이 될 수 있다. 본 실시예에서 유전적 유사도 혹은 유사성을 계산하기 위하여 특정한 유전영역을 한정하는 것이 아니다.

[40] 본 실시예에 따라 상술한 3가지의 유전적 유사도 계산 방법은 선택적으로 실행 즉, 어느 하나의 방법에 따라 계산할 수 있으며, 필요에 따라 둘 이상의 방법을 선택하여 유전적 유사도의 계산 결과에 대한 신뢰도를 높일 수 있도록 한다.

[41] 또한, 유전형(genotype)과 변이(variant) 정보 등을 이용하여 2가지의 개체와 동물 간의 유전적 거리를 직접적으로 계산할 수 있는 공지되어 있다. 계산에 사용될 DNA 위치들을 정의하여, 각 개체와 동물 간에 같고 다른 DNA 위치들의 수를 기준으로 유전적 거리(genetic distance)를 측정하여 생물체와 피검사자 간의 유전적 유사도를 계산할 수 있다. 예를 들어, 도 5에 도시된 바와 같이 계통수 분석(phylogenetic tree), PCA 등 유전적 거리(genetic distance)를 계산하기 위한 다양한 공지 방법들이 있다.

[42] 상기 유전적 띠 정보 제공부(130)는, 유전적 유사도에 기초하여 각 피검사자에 대한 생명체 별 상대적 유사도, 상대적 유사도 순위, 및 집단 내에서 각 생명체에 대한 피검사자 별 상대적 유사도 순위를 포함하는 유전적 띠 정보를 제공할 수 있다.

[43] 예를 들어, 도 6에 도시된 바와 같이 피검사자에 대한 12간지 동물 별 상대적

유사도와 상대적 유사도 순위를 나타내는 유전적 띠 정보를 제공할 수 있으며, 좀 더 구체적으로 각 피검사자는 쥐(71.98%, 8위), 소(78.54%, 5위), 호랑이(80.45%, 3위), 토끼(78.11%, 7위), 용(43.92%, 11위), 뱀(43.45%, 12위), 말(81.72%, 2위), 양(78.10%, 9위), 원숭이(93.58%, 1위), 닭(46.96%, 10위), 개(80.01%, 4위), 돼지(78.53%, 6위) 간에 상대적 유사도(%)와 상대적 유사도 순위를 각각 표시하여 제공할 수 있다. 도 6에서는 12간지의 동물 순서대로 나열하는 방식으로 제공하였으나, 이에 한정되는 것이 아니라, 상대적 유사도와 유사도 순위에 따라 각 동물들과 그에 대한 유사성 정보가 나타나도록 재정렬하여 제공할 수도 있다. 물론, 본 실시예에서는 12간지의 동물을 일례로 하여 설명하였으나, 다른 동물, 식물, 미생물에 대한 유사성 측정을 통한 유전적 띠 정보를 제공할 수 있다.

[44] 한편, 도 7에 도시된 바와 같이 집단 내에서 각 생명체에 대한 피검사자 별 상대적 유사도 순위를 제공할 수 있다. 도 7에서는 100명의 집단 내에서 피검사자 자신이 각각의 12간지 동물에 대하여 각 동물과 얼마나 유전적으로 유사성을 갖는지에 대한 집단 내에서의 순위 정보가 제공될 수 있다.

[45] 최종적으로, 도 8에 도시된 바와 같이 각 피검사자는 자신의 어느 동물과 가장 유전적으로 유사한지에 대한 결과정보를 유전적 띠 정보로서 제공 받을 수 있다.

[46] *모든 인간은 12간지의 동물 중 영장류인 원숭이와 가장 유사하고, 파충류인 뱀과 가장 상이하다. 따라서, 절대적 유사성을 기준으로 유전적 띠를 제시할 경우 모든 인간은 원숭이 띠를 갖고 된다.

[47] 기존 게놈 연구를 통하여, 12간지의 동물과 인간과의 진화적 거리는 쥐는 88백만년, 소는 94백만년, 호랑이는 94백만년, 토끼는 88백만년, 뱀은 320백만년, 말은 94백만년, 양은 94백만년, 원숭이는 28백만년, 닭은 320백만년, 개는 94백만년, 돼지는 94백만년 이라고 보고되어 있다. 이때, 용은 상상의 동물이기 때문에, 용 대신 도마뱀(320백만년)을 활용하여 계산할 수 있다.

[48] 따라서, 피검사자가 속한 집단과 비교하여 피검사자가 생물체 별 상대적 유사성 순위를 계산하여 유전적 띠를 제시함으로써 피검사자마다 서로 다른 유전적 띠를 가질 수 있도록 한다.

[49] 도 9는 본 발명의 다른 실시예에 따른 피검사자와 생물체 간의 유전자 정보를 이용한 유전적 띠 제공 방법을 나타낸 블록도이고, 도 10은 본 발명의 다른 실시예에 따른 유전적 유사도 계산 방식을 나타낸 블록도이다.

[50] 도 9 및 도 10을 참조하면, 본 발명의 다른 실시예에 따른 피검사자와 생물체 간의 유전자 정보를 이용한 유전적 띠 제공 방법(S100)은 DNA 서열 분석 단계(S110), 유전적 유사도 계산 단계(S120) 및 유전적 띠 정보 제공 단계(S130)를 포함한다.

[51] 본 실시예에서는 12간지 동물(쥐, 소, 호랑이, 도끼, 용, 뱀, 말, 양, 원숭이, 닭, 개, 돼지)의 표준게놈지도를 이용하여 피검사자와의 유전적 유사성을 판단할 수 있으며, 이뿐만 아니라 12간지 외 다른 동물, 식물, 미생물 등 다양한 생물체에

대한 표준게놈지도를 이용하여 이들과 피검사자들과의 유전적 유사성을 판단하여 유전적 띠 정보를 제공할 수 있다. 다만, 발명의 이해를 돕기 위하여 이하에는 12간지 동물(쥐, 소, 호랑이, 도끼, 용, 뱀, 말, 양, 원숭이, 닭, 개, 돼지)의 표준게놈지도를 이용하는 것을 일례로 하여 설명한다.

[52] 상기 DNA 서열 분석 단계(S110)는, 집단 내 소속된 피검사자로부터 각각 채취한 DNA 샘플에 기초하여 피검사자 DNA 서열을 분석할 수 있다. 이때, 피검사자의 DNA 서열을 해독하는 과정에서 짧은 플래그먼트(fragments)의 절대적 DNA 서열정보만이 생성되는데, 이하 유전적 유사성을 계산하기 위해 상술한 절대적 DNA 서열을 이용한다.

[53] 상기 유전적 유사도 계산 단계(S120)는, 피검사자 DNA 서열을 생물체의 표준게놈지도에 각각 비교하여 생물체와 피검사자 간의 유전적 유사도를 계산할 수 있다. 이를 위해, 유전적 유사도 계산 단계(S120)는 DNA 서열의 매핑(mapping) 방식을 이용하는 제1 유사도 계산 단계(S121), DNA 변이(variant) 추출 방식을 이용하는 제2 유사도 계산 단계(S122), 및 유전적 거리(genetic distance) 측정 방식을 이용하는 제3 유사도 계산 단계(S123)을 포함할 수 있다.

[54] 상기 제1 유사도 계산 단계(S121)는, 피검사자 DNA 서열을 해독 과정을 통해 다수의 플래그먼트(fragments)의 절대적 DNA 서열을 생성하고, 상대적 DNA 서열을 12간지 동물에 대한 표준게놈지도의 DNA 서열과 매핑하여 피검사자와 해당 동물들 간의 DNA 매핑율을 계산하고, 계산된 DNA 매핑율에 기초하여 동물들과 피검사자 간의 유전적 유사도를 계산할 수 있다. 여기서, 12간지 동물들은 생물체의 일례로, 다른 동물 또는 식물, 미생물 등도 적용하여 이들과 피검사자와의 유전적 유사도를 계산할 수 있다.

[55] 좀 더 구체적으로, 피검사자의 DNA 서열이 해독될 때, 짧은 플래그먼트(fragments)의 절대적 DNA 서열정보만이 생산되는데, 해독된 DNA 서열이 어느 영역의 또는 어느 유전자에 해당되는 서열인지는 DNA 서열 자체만 가지고는 판단하기 어렵다. 따라서, 해독된 절대적 DNA 서열이 어느 위치의 DNA 서열인지를 확인하기 위해서는, 각각의 DNA 서열을 해당 생물체(12간지 동물) 표준게놈지도(reference)의 DNA 서열과 비교하여, 피검사자의 각 절대적 DNA 서열이 어느 위치 그리고 어느 유전자에 속하는 DNA 서열인지를 확인하는 과정이 필요하다. 이때, 생물체의 표준게놈지도는 모든 DNA 서열의 순서를 염색체 별로 그 순서를 맞춰 조립해 놓은 정보에 해당된다. 따라서 생물체의 표준게놈지도는 일종의 퍼즐판 역할을 하게 되며, 피검사자의 각각 절대적 DNA 서열은 퍼즐 조각을 해석할 수 있다.

[56] 도 4에 도시된 'Reference'는 12간지 동물의 표준게놈지도에서 연속된 DNA서열을 미리 조립한 것이고, 'short reads'라는 것이 피검자의 짧은 DNA서열 즉 플래그먼트(fragments)의 절대적 DNA 서열에 해당한다. 이와 같은 12간지 동물의 표준게놈지도(reference)에 피검자의 DNA 조각을 매핑(mapping)하면, 여러 동물들의 표준게놈지도(reference)와 피검사자의 DNA 서열이 유사한

부분은 매핑(mapping)이 잘 되며, DNA 서열이 상이한 부분은 매핑(mapping)이 잘 되지 않는다. 이러한 방식에 따라서, 피검사자의 DNA 서열이 12간지 동물의 표준게놈지도(reference) 대비 얼마나 매핑(mapping)되는지 즉 매핑율(mapping rate)이 얼마인지를 DNA 서열 개수 자체를 계산함으로써 얻을 수 있으며, 이에 따라 12간지 동물과 피검사자 간의 유전적 유사도를 각각 측정할 수 있다.

[57] 상기 제2 유사도 계산 단계(S122)는, 피검사자 DNA 서열을 해독 과정을 통해 다수의 플래그먼트(fragments)의 절대적 DNA 서열을 생성하고, 절대적 DNA 서열을 표준게놈지도(reference)의 DNA 서열과 매핑하여 절대적 DNA 서열과 표준게놈지도(reference)의 DNA 서열과 차이가 나는 DNA 변이(variant)를 추출하고, 추출된 DNA 변이에 기초하여 생물체와 피검사자 간의 유전적 유사도를 계산할 수 있다.

[58] 좀 더 구체적으로, 도 4를 참조하면 DNA 서열이 매핑(mapping)된 위치는 피검사자의 유전형(genotype) 정보를 확인할 수 있는데, 생물체의 표준게놈지도(reference)와 차이가 나는 DNA 서열이 변이(variant)로 추출될 수 있다. 즉, 매핑(mapping)된 데이터로부터 생물체의 표준게놈지도(reference)와 차이 나는 변이(variant)를 추출하여 생물체와 피검사자 간의 유전적 유사도를 계산할 수 있다. 이때, 생물체와 피검사자 간의 유전적 유사도가 높으면 변이(variant)가 상대적으로 적게 추출되며, 생물체와 피검사자 간의 유전적 유사도가 낮으면 변이(variant)가 상대적으로 많이 추출될 수 있다.

[59] 상기 제3 유사도 계산 단계(S123)는, 피검사자 DNA 서열을 해독 과정을 통해 다수의 플래그먼트(fragments)의 절대적 DNA 서열을 생성하고, 절대적 DNA 서열을 표준게놈지도(reference)의 DNA 서열과 매핑하여 절대적 DNA 서열과 표준게놈지도의 DNA 서열과 차이가 나는 DNA 변이(variant)를 추출하고, 추출된 DNA 변이(variant)와 피검사자의 유전정보를 기반으로 생물체와 피검사자 간의 유전적 거리(genetic distance)를 측정하고, 측정된 유전적 거리에 기초하여 생물체와 피검사자 간의 유전적 유사도를 계산할 수 있다.

[60] 생물체의 유전정보 유사성을 계산하는 유전영역은 전체 게놈영역이 될 수도 있고, 유전자 등 특정 영역이 될 수 있다. 본 실시예에서 유전적 유사도 혹은 유사성을 계산하기 위하여 특정한 유전영역을 한정하는 것이 아니다.

[61] 또한, 유전형(genotype)과 변이(variant) 정보 등을 이용하여 2가지의 개체와 동물 간의 유전적 거리를 직접적으로 계산할 수 있는 공지되어 있다. 계산에 사용될 DNA 위치들을 정의하여, 각 개체와 동물 간에 같고 다른 DNA 위치들의 수를 기준으로 유전적 거리(genetic distance)를 측정하여 생물체와 피검사자 간의 유전적 유사도를 계산할 수 있다. 예를 들어, 도 5에 도시된 바와 같이 계통수 분석(phylogenetic tree), PCA 등 유전적 거리(genetic distance)를 계산하기 위한 다양한 공지 방법들이 있다.

[62] 상기 유전적 띠 정보 제공 단계(S130)는, 유전적 유사도에 기초하여 각 피검사자에 대한 생명체 별 상대적 유사도, 상대적 유사도 순위, 및 집단 내에서

각 생명체에 대한 피검사자 별 상대적 유사도 순위를 포함하는 유전적 띠 정보를 제공할 수 있다.

[63] 예를 들어, 도 6에 도시된 바와 같이 피검사자에 대한 12간지 동물 별 상대적 유사도와 상대적 유사도 순위를 나타내는 유전적 띠 정보를 제공할 수 있으며, 좀 더 구체적으로 각 피검사자는 쥐(71.98%, 8위), 소(78.54%, 5위), 호랑이(80.45%, 3위), 토끼(78.11%, 7위), 용(43.92%, 11위), 뱀(43.45%, 12위), 말(81.72%, 2위), 양(78.10%, 9위), 원숭이(93.58%, 1위), 닭(46.96%, 10위), 개(80.01%, 4위), 돼지(78.53%, 6위) 간에 상대적 유사도(%)와 상대적 유사도 순위를 각각 표시하여 제공할 수 있다. 도 6에서는 12간지의 동물 순서대로 나열하는 방식으로 제공하였으나, 이에 한정되는 것이 아니라, 상대적 유사도와 유사도 순위에 따라 각 동물들과 그에 대한 유사성 정보가 나타나도록 재정렬하여 제공할 수도 있다. 물론, 본 실시예에서는 12간지의 동물을 일례로 하여 설명하였으나, 다른 동물, 식물, 미생물에 대한 유사성 측정을 통한 유전적 띠 정보를 제공할 수 있다.

[64] 한편, 도 7에 도시된 바와 같이 집단 내에서 각 생명체에 대한 피검사자 별 상대적 유사도 순위를 제공할 수 있다. 도 7에서는 100명의 집단 내에서 피검사자 자신이 각각의 12간지 동물에 대하여 각 동물과 얼마나 유전적으로 유사성을 갖는지에 대한 집단 내에서의 순위 정보가 제공될 수 있다.

[65] 최종적으로, 도 8에 도시된 바와 같이 각 피검사자는 자신의 어느 동물과 가장 유전적으로 유사한지에 대한 결과정보를 유전적 띠 정보로서 제공 받을 수 있다.

[66] *모든 인간은 12간지의 동물 중 영장류인 원숭이와 가장 유사하고, 파충류인 뱀과 가장 상이하다. 따라서, 절대적 유사성을 기준으로 유전적 띠를 제시할 경우 모든 인간은 원숭이 띠를 갖고 된다.

[67] 기존 게놈 연구를 통하여, 12간지의 동물과 인간과의 진화적 거리는 쥐는 88백만년, 소는 94백만년, 호랑이는 94백만년, 토끼는 88백만년, 뱀은 320백만년, 말은 94백만년, 양은 94백만년, 원숭이는 28백만년, 닭은 320백만년, 개는 94백만년, 돼지는 94백만년 이라고 보고되어 있다. 이때, 용은 상상의 동물이기 때문에, 용 대신 도마뱀(320백만년)을 활용하여 계산할 수 있다.

[68] 따라서, 피검사자가 속한 집단과 비교하여 피검사자가 생물체 별 상대적 유사성 순위를 계산하여 유전적 띠를 제시함으로써 피검사자마다 서로 다른 유전적 띠를 가질 수 있도록 한다.

청구범위

[청구항 1] 집단 내 소속된 피검사자로부터 각각 채취한 DNA 샘플에 기초하여 피검사자 DNA 서열을 분석하는 DNA 서열 분석부;
상기 피검사자 DNA 서열을 생물체의 표준게놈지도에 각각 비교하여 생물체와 피검사자 간의 유전적 유사도를 계산하는 유전적 유사도 계산부; 및
상기 유전적 유사도에 기초하여, 각 피검사자에 대한 생명체 별 상대적 유사도, 상대적 유사도 순위, 및 상기 집단 내에서 각 생명체에 대한 피검사자 별 상대적 유사도 순위를 포함하는 유전적 띠 정보를 제공하는 유전적 띠 정보 제공부를 포함하는 것을 특징으로 하는 피검사자와 생물체 간의 유전자 정보를 이용한 유전적 띠 제공 시스템.

[청구항 2] 제1 항에 있어서,
상기 유전적 유사도 계산부는,
상기 피검사자 DNA 서열을 해독 과정을 통해 다수의 플래그먼트(fragments)의 절대적 DNA 서열을 생성하고, 상기 절대적 DNA 서열을 상기 표준게놈지도의 DNA 서열과 매핑하여 피검사자와 생물체 간의 DNA 매핑율을 계산하고, 계산된 상기 DNA 매핑율에 기초하여 생물체와 피검사자 간의 유전적 유사도를 계산하는 제1 유사도 계산부를 포함하는 것을 특징으로 하는 피검사자와 생물체 간의 유전자 정보를 이용한 유전적 띠 제공 시스템.

[청구항 3] 제1 항에 있어서,
상기 유전적 유사도 계산부는,
상기 피검사자 DNA 서열을 해독 과정을 통해 다수의 플래그먼트(fragments)의 절대적 DNA 서열을 생성하고, 상기 절대적 DNA 서열을 상기 표준게놈지도의 DNA 서열과 매핑하여 상기 절대적 DNA 서열과 상기 표준게놈지도의 DNA 서열과 차이가 나는 DNA 변이(variant)를 추출하고, 추출된 상기 DNA 변이에 기초하여 생물체와 피검사자 간의 유전적 유사도를 계산하는 제2 유사도 계산 단계를 포함하는 것을 특징으로 하는 피검사자와 생물체 간의 유전자 정보를 이용한 유전적 띠 제공 시스템.

[청구항 4] 제1 항에 있어서,
상기 유전적 유사도 계산부는,
상기 피검사자 DNA 서열을 해독 과정을 통해 다수의 플래그먼트(fragments)의 절대적 DNA 서열을 생성하고, 상기 절대적 DNA 서열을 상기 표준게놈지도의 DNA 서열과 매핑하여 상기 절대적 DNA 서열과 상기 표준게놈지도의 DNA 서열과 차이가 나는 DNA 변이(variant)를 추출하고, 추출된 상기 DNA 변이와 피검사자의

유전정보를 기반으로 생물체와 피검사자 간의 유전적 거리(genetic distance)를 측정하고, 측정된 상기 유전적 거리에 기초하여 생물체와 피검사자 간의 유전적 유사도를 계산하는 제3 유사도 계산부를 포함하는 것을 특징으로 하는 피검사자와 생물체 간의 유전자 정보를 이용한 유전적 띠 제공 시스템.

[청구항 5] 집단 내 소속된 피검사자로부터 각각 채취한 DNA 샘플에 기초하여 피검사자 DNA 서열을 분석하는 DNA 서열 분석 단계;
상기 피검사자 DNA 서열을 생물체의 표준게놈지도에 각각 비교하여 생물체와 피검사자 간의 유전적 유사도를 계산하는 유전적 유사도 계산 단계; 및
상기 유전적 유사도에 기초하여, 각 피검사자에 대한 생명체 별 상대적 유사도, 상대적 유사도 순위, 및 상기 집단 내에서 각 생명체에 대한 피검사자 별 상대적 유사도 순위를 포함하는 유전적 띠 정보를 제공하는 유전적 띠 정보 제공 단계를 포함하는 것을 특징으로 하는 피검사자와 생물체 간의 유전자 정보를 이용한 유전적 띠 제공 방법.

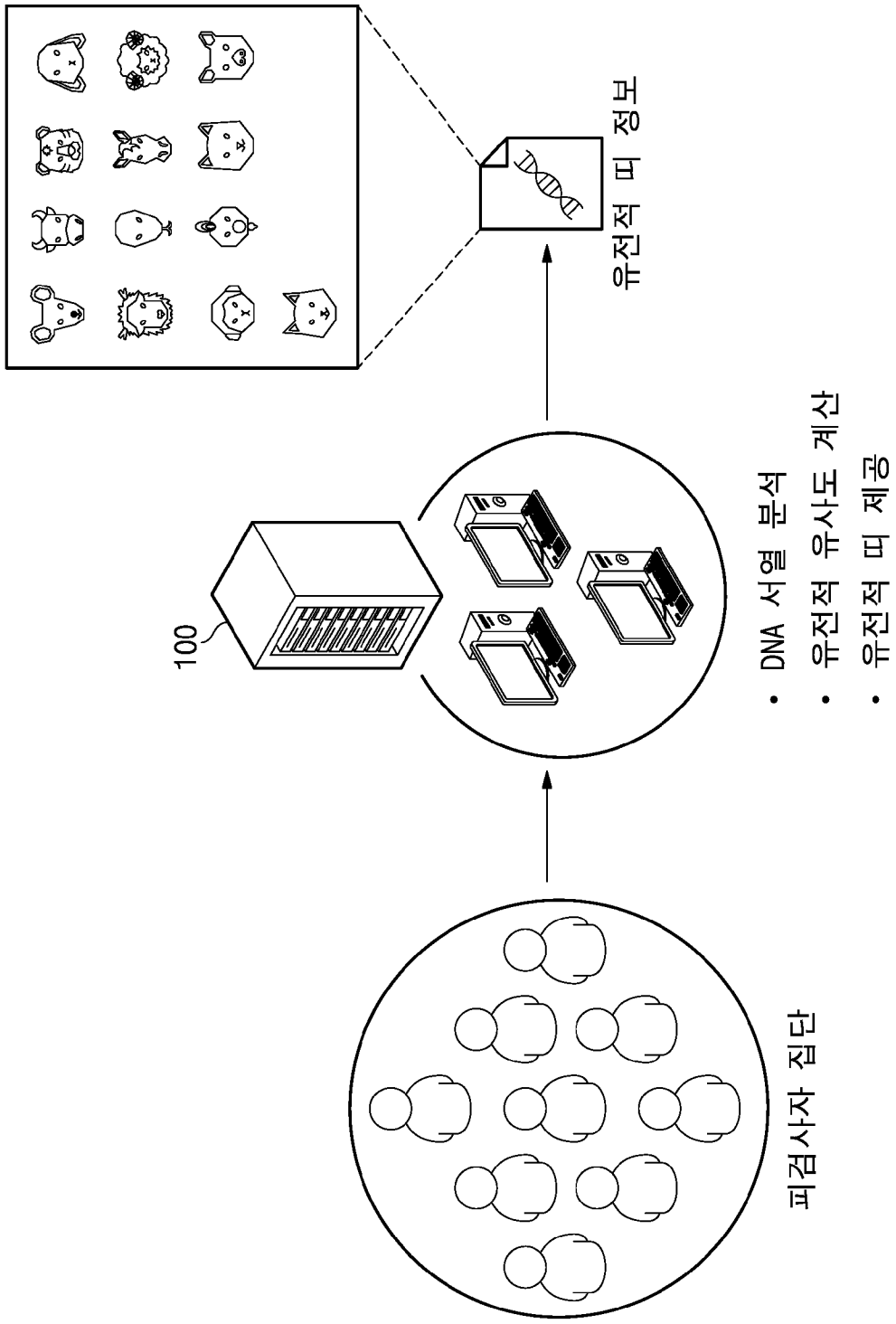
[청구항 6] 제5 항에 있어서,
상기 유전적 유사도 계산 단계는,
상기 피검사자 DNA 서열을 해독 과정을 통해 다수의 플래그먼트(fragments)의 절대적 DNA 서열을 생성하고, 상기 절대적 DNA 서열을 상기 표준게놈지도의 DNA 서열과 매핑하여 피검사자와 생물체 간의 DNA 매핑율을 계산하고, 계산된 상기 DNA 매핑율에 기초하여 생물체와 피검사자 간의 유전적 유사도를 계산하는 제1 유사도 계산 단계를 포함하는 것을 특징으로 하는 피검사자와 생물체 간의 유전자 정보를 이용한 유전적 띠 제공 방법.

[청구항 7] 제5 항에 있어서,
상기 유전적 유사도 계산 단계는,
상기 피검사자 DNA 서열을 해독 과정을 통해 다수의 플래그먼트(fragments)의 절대적 DNA 서열을 생성하고, 상기 절대적 DNA 서열을 상기 표준게놈지도의 DNA 서열과 매핑하여 상기 절대적 DNA 서열과 상기 표준게놈지도의 DNA 서열과 차이가 나는 DNA 변이(variant)를 추출하고, 추출된 상기 DNA 변이에 기초하여 생물체와 피검사자 간의 유전적 유사도를 계산하는 제2 유사도 계산 단계를 포함하는 것을 특징으로 하는 피검사자와 생물체 간의 유전자 정보를 이용한 유전적 띠 제공 방법.

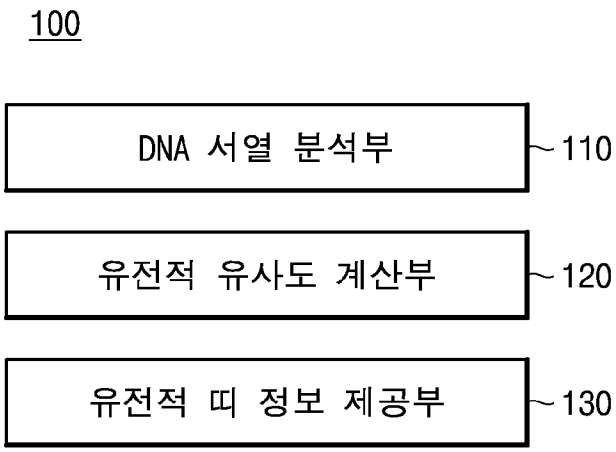
[청구항 8] 제5 항에 있어서,
상기 유전적 유사도 계산 단계는,
상기 피검사자 DNA 서열을 해독 과정을 통해 다수의 플래그먼트(fragments)의 절대적 DNA 서열을 생성하고, 상기 절대적

DNA 서열을 상기 표준게놈지도의 DNA 서열과 매핑하여 상기 절대적 DNA 서열과 상기 표준게놈지도의 DNA 서열과 차이가 나는 DNA 변이(variant)를 추출하고, 추출된 상기 DNA 변이와 피검사자의 유전정보를 기반으로 생물체와 피검사자 간의 유전적 거리(genetic distance)를 측정하고, 측정된 상기 유전적 거리에 기초하여 생물체와 피검사자 간의 유전적 유사도를 계산하는 제3 유사도 계산 단계를 포함하는 것을 특징으로 하는 피검사자와 생물체 간의 유전자 정보를 이용한 유전적 띠 제공 방법.

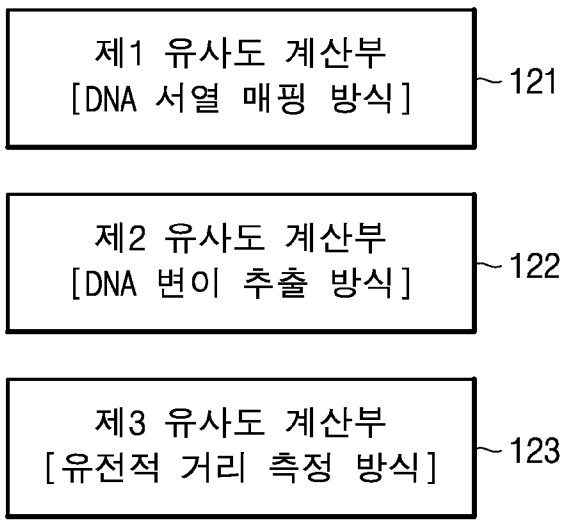
[도1]



[도2]

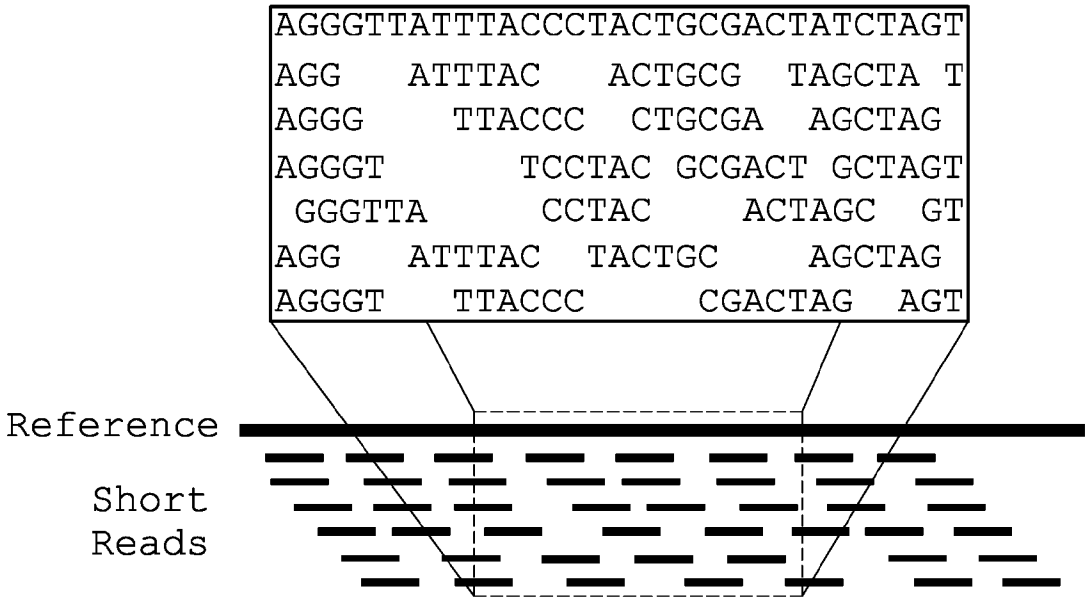

100
DNA 서열 분석부
110
유전적 유사도 계산부
120
유전적 띠 정보 제공부
130

[도3]


120
제1 유사도 계산부
[DNA 서열 매핑 방식]
121
제2 유사도 계산부
[DNA 변이 추출 방식]
122
제3 유사도 계산부
[유전적 거리 측정 방식]
123

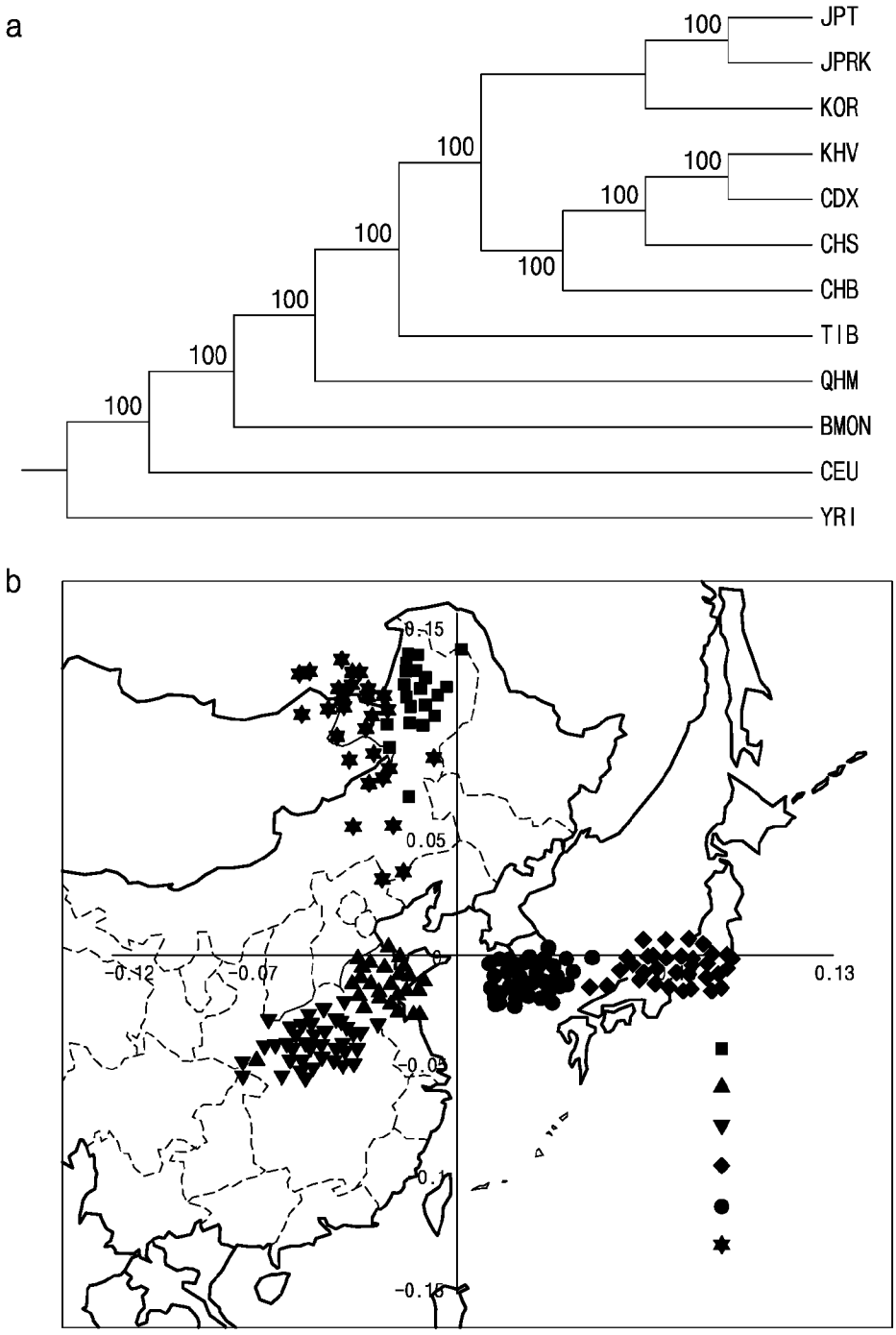
[도4]

121/122


AGGGTTATTTACCCTACTGCGACTATCTAGT
AGG ATTTAC ACTGCG TAGCTA T
AGGG TTACCC CTGCGA AGCTAG
AGGGT TCCTAC GCGACT GCTAGT
GGGTTA CCTAC ACTAGC GT
AGG ATTTAC TACTGC AGCTAG
AGGGT TTACCC CGACTAG AGT
Reference
Short
Reads

[도5]

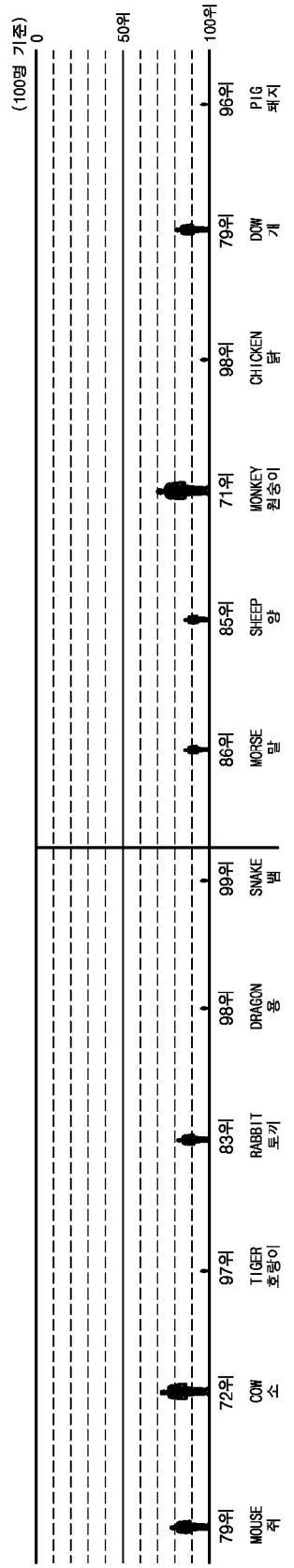
123


a
100
JPT
JPRK
KOR
KHV
CDX
CHS
CHB
TIB
QHM
BMON
CEU
YRI
b
0.15
0.05
-0.12
-0.07
0
0.13
-0.05
0.1
-0.15

[도6]


피검사자 A
쥐
MOUSE
71.98%
8위
소
COW
78.54%
5위
호랑이
TIGER
80.45%
3위
토끼
RABBIT
78.11%
7위
용
DRACON
43.92%
11위
뱀
SNAKE
43.45%
12
말
HORSE
80.72%
2위
양
SHEEP
78.10%
7위
원숭이
MONKEY
93.58%
1위
닭
CHICKEN
46.96%
10위
개
DOG
80.01%
3위
돼지
PIG
78.53%
6위

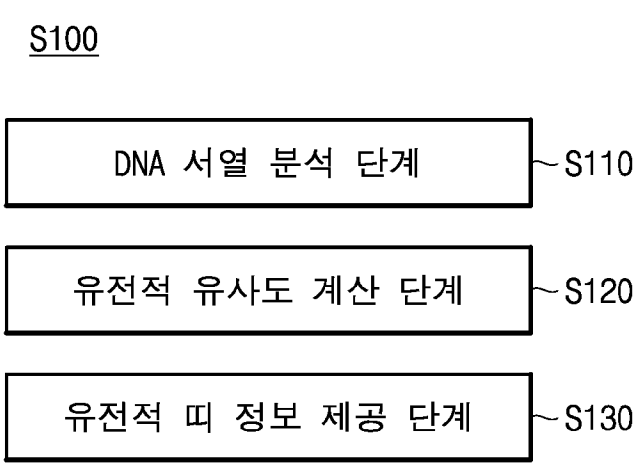
[도7]


(100명 기준)
0
50위
100위
79위
MOUSE
쥐
72위
COW
소
97위
TIGER
호랑이
83위
RABBIT
토끼
98위
DRAGON
용
99위
SNAKE
뱀
86위
MORSE
말
85위
SHEEP
양
71위
MONKEY
원숭이
98위
CHICKEN
닭
79위
DOW
개
95위
PIG
돼지

[도8]


당신의 유전적 띠는?
원숭이띠 입니다.
유전자 분석결과 참여자님은 12가지 동물형 중 원숭이와 한국인 중에서 상대적으로 높은 순위로 유전자가 유사하다는 결과가 나왔습니다.
모든 인간의 게놈은 영장류인 원숭이와 가장 유사하고 파충류인 뱀과 가장 상이하지만, 본 게놈 보고서에서는 유전자에 따른 동물형 분석을 위해 참여자님의 각 동물과의 게놈 유사도를 한국인 평균 유사도 분포와 비교하여 12가지 동물 중 상대적으로 가장 가까운 유전자 동물형으로 분류하였습니다.

[도9]


S100
DNA 서열 분석 단계
S110
유전적 유사도 계산 단계
S120
유전적 띠 정보 제공 단계
S130

[도10]


S120
제1 유사도 계산 단계
[DNA 서열 매핑 방식]
S121
제2 유사도 계산 단계
[DNA 변이 추출 방식]
S122
제3 유사도 계산 단계
[유전적 거리 측정 방식]
S123

INTERNATIONAL SEARCH REPORT

International application No.
PCT/KR2019/011488

A. CLASSIFICATION OF SUBJECT MATTER

G16B 25/10(2019.01)i, G16B 30/10(2019.01)i

According to International Patent Classification (IPC) or to both national classification and IPC

B. FIELDS SEARCHED

Minimum documentation searched (classification system followed by classification symbols)

G16B 25/10; C12Q 1/68; G06F 19/00; G06F 19/10; G16B 30/10

Documentation searched other than minimum documentation to the extent that such documents are included in the fields searched
Korean utility models and applications for utility models: IPC as above
Japanese utility models and applications for utility models: IPC as above

Electronic data base consulted during the international search (name of data base and, where practicable, search terms used)

eKOMPASS (KIPO internal) & Keywords: genetic zodiac, examinee, organism, genetic information, DNA sequence analysis, genetic similarity

C. DOCUMENTS CONSIDERED TO BE RELEVANT

Category*	Citation of document, with indication, where appropriate, of the relevant passages	Relevant to claim No.
Y	EBERSBERGER, I. et al. Genomewide comparison of DNA sequences between humans and chimpanzees. American Journal of Human Genetics. 2002, vol. 70, pp. 1490-1497 See pages 1491-1493.	1-8
Y	KR 10-2011-0074527 A (NAVIGENICS INC.) 30 June 2011 See paragraph [0043].	1-8
A	KR 10-2009-0105921 A (NAVIGENICS INC.) 07 October 2009 See entire document.	1-8
A	KR 10-2009-0105921 A (NAVIGENICS INC.) 07 October 2009 See entire document.	1-8
A	KR 10-2011-0053995 A (NAVIGENICS INC.) 24 May 2011 See entire document.	1-8

☐ Further documents are listed in the continuation of Box C. ☒ See patent family annex.

* Special categories of cited documents:
"A" document defining the general state of the art which is not considered to be of particular relevance
"E" earlier application or patent but published on or after the international filing date
"L" document which may throw doubts on priority claim(s) or which is cited to establish the publication date of another citation or other special reason (as specified)
"O" document referring to an oral disclosure, use, exhibition or other means
"P" document published prior to the international filing date but later than the priority date claimed
"T" later document published after the international filing date or priority date and not in conflict with the application but cited to understand the principle or theory underlying the invention
"X" document of particular relevance; the claimed invention cannot be considered novel or cannot be considered to involve an inventive step when the document is taken alone
"Y" document of particular relevance; the claimed invention cannot be considered to involve an inventive step when the document is combined with one or more other such documents, such combination being obvious to a person skilled in the art
"&" document member of the same patent family

Date of the actual completion of the international search	Date of mailing of the international search report
04 JUNE 2020 (04.06.2020)	**04 JUNE 2020 (04.06.2020)**
Name and mailing address of the ISA/KR Korean Intellectual Property Office Government Complex Daejeon Building 4, 189, Cheongsa-ro, Seo-gu, Daejeon, 35208, Republic of Korea Facsimile No. +82-42-481-8578	Authorized officer Telephone No.

Form PCT/ISA/210 (second sheet) (January 2015)

INTERNATIONAL SEARCH REPORT
Information on patent family members

International application No.
PCT/KR2019/011488

Patent document cited in search report	Publication date	Patent family member	Publication date
KR 10-2011-0074527 A	30/06/2011	AU 2009-291577 A1	18/03/2010
		BR PI0918889 A2	01/12/2015
		CN 102187344 A	14/09/2011
		EP 2335174 A1	22/06/2011
		GB 2477868 A	17/08/2011
		JP 2012-502398 A	26/01/2012
		JP 2015-007985 A	15/01/2015
		TW 201033910 A	16/09/2010
		TW I423151 B	11/01/2014
		US 2010-0070455 A1	18/03/2010
		WO 2010-030929 A1	18/03/2010
KR 10-2009-0105921 A	07/10/2009	AU 2007-325021 A1	05/06/2008
		AU 2007-325021 B2	09/05/2013
		CA 2671267 A1	05/06/2008
		CN 101617227 A	30/12/2009
		CN 101617227 B	11/12/2013
		CN 103642902 A	19/03/2014
		CN 103642902 B	20/01/2016
		EP 2102651 A2	23/09/2009
		EP 2102651 A4	17/11/2010
		GB 2444410 A	04/06/2008
		GB 2444410 B	24/08/2011
		HK 1139737 A1	11/04/2014
		IS 8695 A	31/05/2008
		JP 2010-522537 A	08/07/2010
		JP 2014-140387 A	07/08/2014
		TW 200847056 A	01/12/2008
		TW I363309 B	01/05/2012
		US 2008-0131887 A1	05/06/2008
		US 2010-0293130 A1	18/11/2010
		US 9092391 B2	28/07/2015
		WO 2008-067551 A2	05/06/2008
		WO 2008-067551 A3	11/12/2008
		ZA 200903761 B	25/08/2010
KR 10-2009-0127939 A	14/12/2009	AU 2008-231425 A1	02/10/2008
		AU 2008-231425 B2	20/03/2014
		CA 2681928 A1	02/10/2008
		CN 101874120 A	27/10/2010
		CN 101874120 B	14/01/2015
		EA 019953 B1	30/07/2014
		EA 200970891 A1	30/04/2010
		EP 2137324 A2	30/12/2009
		EP 2527466 A2	28/11/2012
		EP 2527466 A3	15/05/2013
		EP 2540840 A2	02/01/2013
		EP 2540840 A3	15/05/2013
		IL 201217 A	31/03/2014

INTERNATIONAL SEARCH REPORT
Information on patent family members

International application No.
PCT/KR2019/011488

Patent document cited in search report	Publication date	Patent family member	Publication date
		JP 2010-522555 A	08/07/2010
		JP 5676245 B2	25/02/2015
		MX 2009010439 A	20/10/2009
		NZ 580490 A	31/08/2012
		US 2011-0117545 A1	19/05/2011
		WO 2008-117314 A2	02/10/2008
		WO 2008-117314 A3	18/12/2008
		ZA 200907471 B	26/03/2014
KR 10-2011-0053995 A	24/05/2011	AU 2009-279434 A1	11/02/2010
		BR PI0917089 A2	15/12/2015
		CN 102171697 A	31/08/2011
		EP 2321753 A1	18/05/2011
		GB 2478065 A	24/08/2011
		IS 8948 A	23/02/2011
		JP 2011-530750 A	22/12/2011
		JP 2015-064884 A	09/04/2015
		TW 201020844 A	01/06/2010
		TW 201407399 A	16/02/2014
		TW I423063 B	11/01/2014
		TW I516969 B	11/01/2016
		US 2010-0042438 A1	18/02/2010
		US 2014-0172444 A1	19/06/2014
		WO 2010-017520 A1	11/02/2010

국제조사보고서

국제출원번호
PCT/KR2019/011488

A. 발명이 속하는 기술분류(국제특허분류(IPC))

G16B 25/10(2019.01)i, G16B 30/10(2019.01)i

B. 조사된 분야

조사된 최소문헌(국제특허분류를 기재)
G16B 25/10; C12Q 1/68; G06F 19/00; G06F 19/10; G16B 30/10

조사된 기술분야에 속하는 최소문헌 이외의 문헌
한국등록실용신안공보 및 한국공개실용신안공보: 조사된 최소문헌란에 기재된 IPC
일본등록실용신안공보 및 일본공개실용신안공보: 조사된 최소문헌란에 기재된 IPC

국제조사에 이용된 전산 데이터베이스(데이터베이스의 명칭 및 검색어(해당하는 경우))
eKOMPASS(특허청 내부 검색시스템) & 키워드:유전적 띠 (genetic zodiac), 피검사자 (examinee), 생물체 (organism), 유전자 정보 (genetic information), DNA 서열 분석 (DNA sequence analysis), 유전적 유사도 (genetic similarity)

C. 관련 문헌

카테고리*	인용문헌명 및 관련 구절(해당하는 경우)의 기재	관련 청구항
Y	EBERSBERGER, I. 등, 'Genomewide comparison of DNA sequences between humans and chimpanzees', American Journal of Human Genetics, 2002, 70권, 페이지 1490-1497 페이지 1491-1493	1-8
Y	KR 10-2011-0074527 A (네이비제닉스 인크.) 2011.06.30 단락 [0043]	1-8
A	KR 10-2009-0105921 A (네이비제닉스 인크.) 2009.10.07 전체 문헌	1-8
A	KR 10-2009-0105921 A (네이비제닉스 인크.) 2009.10.07 전체 문헌	1-8
A	KR 10-2011-0053995 A (네이비제닉스 인크.) 2011.05.24 전체 문헌	1-8

☐ 추가 문헌이 C(계속)에 기재되어 있습니다.

☒ 대응특허에 관한 별지를 참조하십시오.

* 인용된 문헌의 특별 카테고리:

"A" 특별히 관련이 없는 것으로 보이는 일반적인 기술수준을 정의한 문헌

"D" 본 국제출원에서 출원인이 인용한 문헌

"E" 국제출원일보다 빠른 출원일 또는 우선일을 가지나 국제출원일 이후에 공개된 선출원 또는 특허 문헌

"L" 우선권 주장에 의문을 제기하는 문헌 또는 다른 인용문헌의 공개일 또는 다른 특별한 이유(이유를 명시)를 밝히기 위하여 인용된 문헌

"O" 구두 개시, 사용, 전시 또는 기타 수단을 언급하고 있는 문헌

"P" 우선일 이후에 공개되었으나 국제출원일 이전에 공개된 문헌

"T" 국제출원일 또는 우선일 후에 공개된 문헌으로, 출원과 상충하지 않으며 발명의 기초가 되는 원리나 이론을 이해하기 위해 인용된 문헌

"X" 특별한 관련이 있는 문헌. 해당 문헌 하나만으로 청구된 발명의 신규성 또는 진보성이 없는 것으로 본다.

"Y" 특별한 관련이 있는 문헌. 해당 문헌이 하나 이상의 다른 문헌과 조합하는 경우로 그 조합이 당업자에게 자명한 경우 청구된 발명은 진보성이 없는 것으로 본다.

"&" 동일한 대응특허문헌에 속하는 문헌

국제조사의 실제 완료일	국제조사보고서 발송일
2020년 06월 04일 (04.06.2020)	2020년 06월 04일 (04.06.2020)

ISA/KR의 명칭 및 우편주소
대한민국 특허청
(35208) 대전광역시 서구 청사로 189, 4동 (둔산동, 정부대전청사)
팩스 번호 +82-42-481-8578

심사관
허주형
전화번호 +82-42-481-8150

국제조사보고서
대응특허에 관한 정보

국제출원번호
PCT/KR2019/011488

국제조사보고서에서 인용된 특허문헌	공개일	대응특허문헌	공개일
KR 10-2011-0074527 A	2011/06/30	AU 2009-291577 A1	2010/03/18
		BR PI0918889 A2	2015/12/01
		CN 102187344 A	2011/09/14
		EP 2335174 A1	2011/06/22
		GB 2477868 A	2011/08/17
		JP 2012-502398 A	2012/01/26
		JP 2015-007985 A	2015/01/15
		TW 201033910 A	2010/09/16
		TW I423151 B	2014/01/11
		US 2010-0070455 A1	2010/03/18
		WO 2010-030929 A1	2010/03/18
KR 10-2009-0105921 A	2009/10/07	AU 2007-325021 A1	2008/06/05
		AU 2007-325021 B2	2013/05/09
		CA 2671267 A1	2008/06/05
		CN 101617227 A	2009/12/30
		CN 101617227 B	2013/12/11
		CN 103642902 A	2014/03/19
		CN 103642902 B	2016/01/20
		EP 2102651 A2	2009/09/23
		EP 2102651 A4	2010/11/17
		GB 2444410 A	2008/06/04
		GB 2444410 B	2011/08/24
		HK 1139737 A1	2014/04/11
		IS 8695 A	2008/05/31
		JP 2010-522537 A	2010/07/08
		JP 2014-140387 A	2014/08/07
		TW 200847056 A	2008/12/01
		TW I363309 B	2012/05/01
		US 2008-0131887 A1	2008/06/05
		US 2010-0293130 A1	2010/11/18
		US 9092391 B2	2015/07/28
		WO 2008-067551 A2	2008/06/05
		WO 2008-067551 A3	2008/12/11
		ZA 200903761 B	2010/08/25
KR 10-2009-0127939 A	2009/12/14	AU 2008-231425 A1	2008/10/02
		AU 2008-231425 B2	2014/03/20
		CA 2681928 A1	2008/10/02
		CN 101874120 A	2010/10/27
		CN 101874120 B	2015/01/14
		EA 019953 B1	2014/07/30
		EA 200970891 A1	2010/04/30
		EP 2137324 A2	2009/12/30
		EP 2527466 A2	2012/11/28
		EP 2527466 A3	2013/05/15
		EP 2540840 A2	2013/01/02
		EP 2540840 A3	2013/05/15
		IL 201217 A	2014/03/31

국제조사보고서
대응특허에 관한 정보

국제출원번호
PCT/KR2019/011488

국제조사보고서에서 인용된 특허문헌	공개일	대응특허문헌	공개일
		JP 2010-522555 A	2010/07/08
		JP 5676245 B2	2015/02/25
		MX 2009010439 A	2009/10/20
		NZ 580490 A	2012/08/31
		US 2011-0117545 A1	2011/05/19
		WO 2008-117314 A2	2008/10/02
		WO 2008-117314 A3	2008/12/18
		ZA 200907471 B	2014/03/26
KR 10-2011-0053995 A	2011/05/24	AU 2009-279434 A1	2010/02/11
		BR PI0917089 A2	2015/12/15
		CN 102171697 A	2011/08/31
		EP 2321753 A1	2011/05/18
		GB 2478065 A	2011/08/24
		IS 8948 A	2011/02/23
		JP 2011-530750 A	2011/12/22
		JP 2015-064884 A	2015/04/09
		TW 201020844 A	2010/06/01
		TW 201407399 A	2014/02/16
		TW I423063 B	2014/01/11
		TW I516969 B	2016/01/11
		US 2010-0042438 A1	2010/02/18
		US 2014-0172444 A1	2014/06/19
		WO 2010-017520 A1	2010/02/11