

(19)日本国特許庁(JP)

(12)公表特許公報(A)

(11)公表番号

特表2022-538078

(P2022-538078A)

(43)公表日 令和4年8月31日(2022.8.31)

(51)国際特許分類

G 1 6 B 30/00 (2019.01)

F I

G 1 6 B 30/00

審査請求 有 予備審査請求 未請求 (全20頁)

(21)出願番号 特願2021-576259(P2021-576259)
 (86)(22)出願日 令和1年9月5日(2019.9.5)
 (85)翻訳文提出日 令和3年12月20日(2021.12.20)
 (86)国際出願番号 PCT/KR2019/011488
 (87)国際公開番号 WO2021/045270
 (87)国際公開日 令和3年3月11日(2021.3.11)
 (31)優先権主張番号 10-2019-0108357
 (32)優先日 令和1年9月2日(2019.9.2)
 (33)優先権主張国・地域又は機関 韓国(KR)
 (81)指定国・地域 AP(BW,GH,GM,KE,LR,LS,MW,MZ,NA, RW,SD,SL,ST,SZ,TZ,UG,ZM,ZW),EA(AM,AZ,BY,KG,KZ,RU,TJ,TM),EP(AL,AT,BE,BG,CH,CY,CZ,DE,DK,EE,ES,FI,FR, GB,GR,HR,HU,IE,IS,IT,LT,LU,LV,MC, 最終頁に続く

(71)出願人 521555373
 クリノミックス インコーポレーテッド
 CLINOMICS INC.
 大韓民国、44919 ウルサン ウルジ
 ユーグン オンヤン-ウプ ユニストーギ
 ル、50、110ドン、3フロア、30
 1-3ホ
 301-3ho, 3F, 110dong
 , 50, UNIST-gil Eony
 ang-eup Ulju-gun Ul
 san 44919, Republic
 of Korea
 (74)代理人 100130111
 弁理士 新保 育
 (72)発明者 チョ、ユン ソン

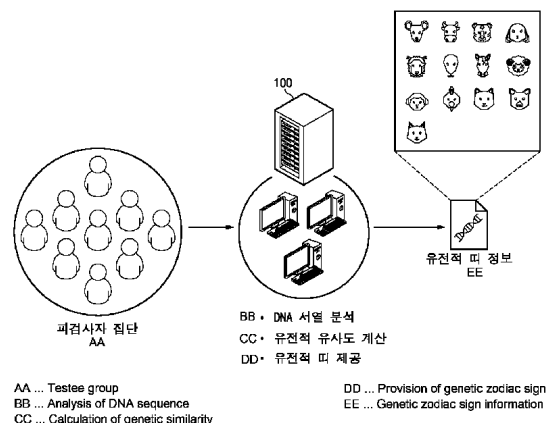
最終頁に続く

(54)【発明の名称】 被検査者と生物体間の遺伝子情報を用いた遺伝的干支提供システムおよびその方法

(57)【要約】

被検査者と生物体間の遺伝子情報を利用した遺伝的干支提供システムおよびその方法に関し、被検査者の遺伝情報と多様な生物体のゲノムとを比較して遺伝的類似性を提供し、当該遺伝的類似性に基づいて被検査者の遺伝的類似度に対する相対的な順位を計算して、生物体に関連した遺伝的干支として提示する。一例として、集団に属している被検査者からそれぞれ採取したDNAサンプルに基づいて被検査者DNA配列を分析するDNA配列分析部と、前記被検査者DNA配列と生物体の標準ゲノムマップとをそれぞれ比較して、生物体と被検査者間の遺伝的類似度を計算する遺伝的類似度計算部と、前記遺伝的類似度に基づいて、各被検査者に対する各生物体の相対的類似度、相対的類似度順位、および前記集団内で各生物体に対する各被検査者の相対的類似度順位を含む遺伝的干支情報を提供する遺伝的干支情報提供部と、を含む被検査者と生物体間の遺伝子情報を用いた遺伝的干支提供システムを開示する。

【選択図】図1



【特許請求の範囲】

【請求項 1】

集団に属している被検査者からそれぞれ採取した DNA サンプルに基づいて被検査者 DNA 配列を分析する DNA 配列分析部と、

前記被検査者 DNA 配列と生物体の標準ゲノムマップとをそれぞれ比較して、生物体と被検査者間の遺伝的類似度を計算する遺伝的類似度計算部と、

前記遺伝的類似度に基づいて、各被検査者に対する各生物体の相対的類似度、相対的類似度順位、および前記集団内で各生物体に対する各被検査者の相対的類似度順位を含む遺伝的干支情報を提供する遺伝的干支情報提供部と、を含む
ことを特徴とする被検査者と生物体間の遺伝子情報を用いた遺伝的干支提供システム。

10

【請求項 2】

前記遺伝的類似度計算部は、

前記被検査者 DNA 配列を解読過程を通じて多数のフラグメント (f r a g m e n t s) の絶対的な DNA 配列を生成し、前記絶対的な DNA 配列を前記標準ゲノムマップの DNA 配列にマッピングして被検査者と生物体間の DNA マッピング率を計算し、計算した前記 DNA マッピング率に基づいて生物体と被検査者間の遺伝的類似度を計算する第 1 類似度計算部を含む

請求項 1 に記載の被検査者と生物体間の遺伝子情報を用いた遺伝的干支提供システム。

【請求項 3】

前記遺伝的類似度計算部は、

前記被検査者 DNA 配列を解読過程を通じて多数のフラグメント (f r a g m e n t s) の絶対的な DNA 配列を生成し、前記絶対的な DNA 配列を前記標準ゲノムマップの DNA 配列にマッピングして前記絶対的な DNA 配列と前記標準ゲノムマップの DNA 配列間で違いがある DNA 変異 (v a r i a n t) を抽出し、抽出した前記 DNA 変異に基づいて生物体と被検査者間の遺伝的類似度を計算する第 2 類似度計算段階を含む

請求項 1 に記載の被検査者と生物体間の遺伝子情報を用いた遺伝的干支提供システム。

20

【請求項 4】

前記遺伝的類似度計算部は、

前記被検査者 DNA 配列を解読過程を通じて多数のフラグメント (f r a g m e n t s) の絶対的な DNA 配列を生成し、前記絶対的な DNA 配列を前記標準ゲノムマップの DNA 配列にマッピングして前記絶対的な DNA 配列と前記標準ゲノムマップの DNA 配列間で違いがある DNA 変異 (v a r i a n t) を抽出し、抽出した前記 DNA 変異と被検査者の遺伝情報をベースとして生物体と被検査者間の遺伝距離 (g e n e t i c d i s t a n c e) を測定し、測定した前記遺伝距離に基づいて生物体と被検査者間の遺伝的類似度を計算する第 3 類似度計算部を含む

請求項 1 に記載の被検査者と生物体間の遺伝子情報を用いた遺伝的干支提供システム。

30

【請求項 5】

集団に属している被検査者からそれぞれ採取した DNA サンプルに基づいて被検査者 DNA 配列を分析する DNA 配列分析段階と、

前記被検査者 DNA 配列と生物体の標準ゲノムマップとをそれぞれ比較して、生物体と被検査者間の遺伝的類似度を計算する遺伝的類似度計算段階と、

前記遺伝的類似度に基づいて、各被検査者に対する各生物体の相対的類似度、相対的類似度順位、および前記集団内で各生物体に対する各被検査者の相対的類似度順位を含む遺伝的干支情報を提供する遺伝的干支情報提供段階と、を含む
ことを特徴とする被検査者と生物体間の遺伝子情報を用いた遺伝的干支提供方法。

40

【請求項 6】

前記遺伝的類似度計算段階は、前記被検査者 DNA 配列を解読過程を通じて多数のフラグメント (f r a g m e n t s) の絶対的な DNA 配列を生成し、前記絶対的な DNA 配列を前記標準ゲノムマップの DNA 配列にマッピングして被検査者と生物体間の DNA マッピング率を計算し、計算した前記 DNA マッピング率に基づいて生物体と被検査者間の

50

遺伝的類似度を計算する第1類似度計算段階を含む

請求項5に記載の被検査者と生物体間の遺伝子情報を用いた遺伝的干支提供方法。

【請求項7】

前記遺伝的類似度計算段階は、

前記被検査者DNA配列を解読過程を通じて多数のフラグメント (f r a g m e n t s) の絶対的なDNA配列を生成し、前記絶対的なDNA配列を前記標準ゲノムマップのDNA配列にマッピングして前記絶対的なDNA配列と前記標準ゲノムマップのDNA配列間で違いがあるDNA変異 (v a r i a n t) を抽出し、抽出した前記DNA変異に基づいて生物体と被検査者間の遺伝的類似度を計算する第2類似度計算段階を含む

請求項5に記載の被検査者と生物体間の遺伝子情報を用いた遺伝的干支提供方法。

10

【請求項8】

前記遺伝的類似度計算段階は、

前記被検査者DNA配列を解読過程を通じて多数のフラグメント (f r a g m e n t s) の絶対的なDNA配列を生成し、前記絶対的なDNA配列を前記標準ゲノムマップのDNA配列にマッピングして前記絶対的なDNA配列と前記標準ゲノムマップのDNA配列間で違いがあるDNA変異 (v a r i a n t) を抽出し、抽出した前記DNA変異と被検査者の遺伝情報をベースとして生物体と被検査者間の遺伝距離 (g e n e t i c d i s t a n c e) を測定し、測定した前記遺伝距離に基づいて生物体と被検査者間の遺伝的類似度を計算する第3類似度計算段階を含む

請求項5に記載の被検査者と生物体間の遺伝子情報を用いた遺伝的干支提供方法。

20

【発明の詳細な説明】

【技術分野】

【0001】

本発明の実施例は、被検査者と生物体間の遺伝子情報を用いた遺伝的干支提供システムおよびその方法に関する。

【背景技術】

【0002】

すべての地球上の生物体は、同じ遺伝物質を有していて、いくら遺伝距離が遠くても、いかなる形態でも生物体間の相関性を表現できる。

【0003】

したがって、動物、植物、微生物、ウイルスなどは、これらのゲノムに属する各種遺伝子、RNA (R i b o n u c l e i c a c i d) 、後性遺伝子、タンパク質など遺伝子変異から始まった遺伝的指標を用いて相互関連性の程度を有する順位を策定して表現できる。

30

【0004】

このような遺伝的相関性情報は、娯楽的、医療的、生物学的、その他実用的な目的として非常に多様な応用が可能である。すべての生物体の遺伝子基盤の関連性を個々人のゲノムの遺伝子基盤の多様性と比較できる。

【0005】

このような比較結果を個々人が属する集団内で相対的に任意の個人が他の個人より他の種のゲノム情報にさらに近いかなかを精密に表現できる。

40

【0006】

最も代表的な例として、中国文化圏や西欧の各種占星術的な動物と個々人の遺伝距離を計算可能である。中国文化圏の場合、12種の動物を活用して毎年を象徴し、これは、韓国をはじめとする東北アジア、中央アジア、東南アジア、西南アジアまで広く通用されている。西欧文化圏にも、このような12種の動物と関連性がある。国ごとに12種の動物の種類が類似しているか、または異なっているが、例えば、ベトナムとネパールでは、ウサギの干支の代わりにネコの干支を使用し、ネパールでは、タツの代わりにワシを使用する。

【0007】

50

しかも、同じ年に生まれた人間は、全部同じ干支を有する。それだけでなく、各文化で個々人が好きな花や生物に関する関連性とそれに合う記号がある。

【発明の概要】

【発明が解決しようとする課題】

【0008】

本発明の実施例は、被検査者の遺伝情報を多様な生物体のゲノムあるいはゲノムの一部と比較して遺伝的類似性を提供し、当該遺伝的類似性に基づいて被検査者の遺伝的類似度に対する相対的な順位を計算して、生物体と関連した遺伝的干支として提示する被検査者と生物体間の遺伝子情報を用いた遺伝的干支提供システムおよびその方法を提供する。

【課題を解決するための手段】

【0009】

本発明の一実施例に係る被検査者と生物体間の遺伝子情報を用いた遺伝的干支提供システムは、集団に属している被検査者からそれぞれ採取したDNAサンプルに基づいて被検査者DNA配列を分析するDNA配列分析部と、前記被検査者DNA配列と生物体の標準ゲノムマップとをそれぞれ比較して、生物体と被検査者間の遺伝的類似度を計算する遺伝的類似度計算部と、前記遺伝的類似度に基づいて、各被検査者に対する各生物体の相対的類似度、相対的類似度順位、および前記集団内で各生物体に対する各被検査者の相対的類似度順位を含む遺伝的干支情報を提供する遺伝的干支情報提供部と、を含む。

【0010】

また、前記遺伝的類似度計算部は、前記被検査者DNA配列を解読過程を通じて多数のフラグメント (f r a g m e n t s) の絶対的なDNA配列を生成し、前記絶対的なDNA配列を前記標準ゲノムマップのDNA配列にマッピングして、被検査者と生物体間のDNAマッピング率を計算し、計算した前記DNAマッピング率に基づいて生物体と被検査者間の遺伝的類似度を計算する第1類似度計算部と、を含んでもよい。

【0011】

また、前記遺伝的類似度計算部は、前記被検査者DNA配列を解読過程を通じて多数のフラグメント (f r a g m e n t s) の絶対的なDNA配列を生成し、前記絶対的なDNA配列を前記標準ゲノムマップのDNA配列にマッピングして、前記絶対的なDNA配列と前記標準ゲノムマップのDNA配列間で違いがあるDNA変異 (v a r i a n t) を抽出し、抽出した前記DNA変異に基づいて生物体と被検査者間の遺伝的類似度を計算する第2類似度計算段階を含んでもよい。

【0012】

また、前記遺伝的類似度計算部は、前記被検査者DNA配列を解読過程を通じて多数のフラグメント (f r a g m e n t s) の絶対的なDNA配列を生成し、前記絶対的なDNA配列を前記標準ゲノムマップのDNA配列にマッピングして、前記絶対的なDNA配列と前記標準ゲノムマップのDNA配列間で違いがあるDNA変異 (v a r i a n t) を抽出し、抽出した前記DNA変異と被検査者の遺伝情報をベースに生物体と被検査者間の遺伝距離 (g e n e t i c d i s t a n c e) を測定し、測定した前記遺伝距離に基づいて生物体と被検査者間の遺伝的類似度を計算する第3類似度計算部を含んでもよい。

【0013】

本発明の他の実施例に係る被検査者と生物体間の遺伝子情報を用いた遺伝的干支提供方法は、集団に属している被検査者からそれぞれ採取したDNAサンプルに基づいて被検査者DNA配列を分析するDNA配列分析段階と、前記被検査者DNA配列と生物体の標準ゲノムマップとをそれぞれ比較して、生物体と被検査者間の遺伝的類似度を計算する遺伝的類似度計算段階と、前記遺伝的類似度に基づいて、各被検査者に対する各生物体の相対的類似度、相対的類似度順位、および前記集団内で各生物体に対する各被検査者の相対的類似度順位を含む遺伝的干支情報を提供する遺伝的干支情報提供段階と、を含む。

【0014】

また、前記遺伝的類似度計算段階は、前記被検査者DNA配列を解読過程を通じて多数のフラグメント (f r a g m e n t s) の絶対的なDNA配列を生成し、前記絶対的なD

10

20

30

40

50

N A 配列を前記標準ゲノムマップの D N A 配列にマッピングして、被検査者と生物体間の D N A マッピング率を計算し、計算した前記 D N A マッピング率に基づいて生物体と被検査者間の遺伝的類似度を計算する第 1 類似度計算段階を含んでもよい。

【 0 0 1 5 】

また、前記遺伝的類似度計算段階は、前記被検査者 D N A 配列を解読過程を通じて多数のフラグメント (f r a g m e n t s) の絶対的な D N A 配列を生成し、前記絶対的な D N A 配列を前記標準ゲノムマップの D N A 配列にマッピングして、前記絶対的な D N A 配列と前記標準ゲノムマップの D N A 配列間で違いがある D N A 変異 (v a r i a n t) を抽出し、抽出した前記 D N A 変異に基づいて生物体と被検査者間の遺伝的類似度を計算する第 2 類似度計算段階を含んでもよい。

10

【 0 0 1 6 】

また、前記遺伝的類似度計算段階は、前記被検査者 D N A 配列を解読過程を通じて多数のフラグメント (f r a g m e n t s) の絶対的な D N A 配列を生成し、前記絶対的な D N A 配列を前記標準ゲノムマップの D N A 配列にマッピングして、前記絶対的な D N A 配列と前記標準ゲノムマップの D N A 配列間で違いがある D N A 変異 (v a r i a n t) を抽出し、抽出した前記 D N A 変異と被検査者の遺伝情報をベースに生物体と被検査者間の遺伝距離 (g e n e t i c d i s t a n c e) を測定し、測定した前記遺伝距離に基づいて生物体と被検査者間の遺伝的類似度を計算する第 3 類似度計算段階を含んでもよい。

【発明の効果】

【 0 0 1 7 】

20

本発明によれば、被検査者の遺伝情報を多様な生物体のゲノムあるいはゲノムの一部と比較して遺伝的類似性を提供し、当該遺伝的類似性に基づいて被検査者の遺伝的類似度に対する相対的な順位を計算して、生物体と関連した遺伝的干支として提示する被検査者と生物体間の遺伝子情報を用いた遺伝的干支提供システムおよびその方法を提供できる。

【図面の簡単な説明】

【 0 0 1 8 】

【図 1】本発明の一実施例に係る被検査者と生物体間の遺伝子情報を用いた遺伝的干支提供システムを示す概要図である。

【図 2】本発明の一実施例に係る被検査者と生物体間の遺伝子情報を用いた遺伝的干支提供システムの全体構成を示すブロック図である。

30

【図 3】本発明の一実施例に係る遺伝的類似度計算部の詳細構成を示すブロック図である。

【図 4】本発明の一実施例に係る第 1 および第 2 遺伝的類似度計算方式を説明するために示す図である。

【図 5】本発明の一実施例に係る第 3 遺伝的類似度計算方式を説明するために示す図である。

【図 6】本発明の一実施例に係る遺伝的干支情報提供部を通じて提供される被検査者に対する各生物体の相対的類似度と相対的類似度順位情報を示す図である。

【図 7】本発明の一実施例に係る遺伝的干支情報提供部を通じて提供される集団内で各生物体に対する各被検査者の相対的類似度順位情報を示す図である。

40

【図 8】本発明の一実施例に係る遺伝的干支情報提供部を通じて最終的に提供される遺伝的干支情報を示す図である。

【図 9】本発明の他の実施例に係る被検査者と生物体間の遺伝子情報を用いた遺伝的干支提供方法を示すブロック図である。

【図 10】本発明の他の実施例に係る遺伝的類似度計算方式を示すブロック図である。

【発明を実施するための形態】

【 0 0 1 9 】

図 1 は、本発明の一実施例に係る被検査者と生物体間の遺伝子情報を用いた遺伝的干支提供システムを示す概要図であり、図 2 は、本発明の一実施例に係る被検査者と生物体間の遺伝子情報を用いた遺伝的干支提供システムの全体構成を示すブロック図であり、図 3

50

は、本発明の一実施例に係る遺伝的類似度計算部の詳細構成を示すブロック図であり、図 4 は、本発明の一実施例に係る第 1 および第 2 遺伝的類似度計算方式を説明するために示す図であり、図 5 は、本発明の一実施例に係る第 3 遺伝的類似度計算方式を説明するために示す図であり、図 6 は、本発明の一実施例に係る遺伝的干支情報提供部を通じて提供される被検査者に対する各生物体の相対的類似度と相対的類似度順位情報を示す図であり、図 7 は、本発明の一実施例に係る遺伝的干支情報提供部を通じて提供される集団内で各生物体に対する各被検査者の相対的類似度順位情報を示す図であり、図 8 は、本発明の一実施例に係る遺伝的干支情報提供部を通じて最終的に提供される遺伝的干支情報を示す図である。

【0020】

図 1 および図 2 を参照すると、本発明の一実施例に係る被検査者と生物体間の遺伝子情報を用いた遺伝的干支提供システム 100 は、DNA 配列分析部 110 と、遺伝的類似度計算部 120 と、遺伝的干支情報提供部 130 と、を含む。

【0021】

本実施例では、十二支の動物（ネズミ、ウシ、トラ、ウサギ、タツ、ヘビ、ウマ、ヒツジ、サル、トリ、イヌ、ブタ）の標準ゲノムマップを利用して被検査者との遺伝的類似性を判断でき、これだけでなく、十二支の他に、他の動物、植物、微生物など多様な生物体に対する標準ゲノムマップを利用してこれらと被検査者との遺伝的類似性を判断して、遺伝的干支情報を提供できる。ただし、発明の理解を助けるために、以下では、十二支の動物（ネズミ、ウシ、トラ、ウサギ、タツ、ヘビ、ウマ、ヒツジ、サル、トリ、イヌ、ブタ）の標準ゲノムマップを利用することを一例として説明する。

【0022】

前記 DNA 配列分析部 110 は、集団に属している被検査者からそれぞれ採取した DNA サンプルに基づいて被検査者 DNA 配列を分析できる。この際、被検査者の DNA 配列を解読する過程で短いフラグメント（*fragments*）の絶対的な DNA 配列情報のみが生成されるが、以下では、遺伝的類似性を計算するために、上述した絶対的な DNA 配列を利用する。

【0023】

前記遺伝的類似度計算部 120 は、被検査者 DNA 配列と生物体の標準ゲノムマップとをそれぞれ比較して、生物体と被検査者間の遺伝的類似度を計算できる。このために、遺伝的類似度計算部 120 は、DNA 配列のマッピング（*mapping*）方式を利用する第 1 類似度計算部 121 と、DNA 変異（*variant*）抽出方式を利用する第 2 類似度計算部 122 と、遺伝距離（*genetic distance*）測定方式を利用する第 3 類似度計算部 123 と、を含んでもよい。

【0024】

前記第 1 類似度計算部 121 は、被検査者 DNA 配列を解読過程を通じて多数のフラグメント（*fragments*）の絶対的な DNA 配列を生成し、相対的 DNA 配列を十二支の動物に対する標準ゲノムマップの DNA 配列にマッピングして、被検査者と当該動物間の DNA マッピング率を計算し、計算した DNA マッピング率に基づいて動物と被検査者間の遺伝的類似度を計算できる。ここで、十二支の動物は、生物体の一例であり、他の動物または植物、微生物なども適用して、これらと被検査者との遺伝的類似度を計算できる。

【0025】

より具体的に、被検査者の DNA 配列が解読されるとき、短いフラグメント（*fragments*）の絶対的な DNA 配列情報が生成されるが、解読された DNA 配列がどの領域のまたはどの遺伝子に該当する配列であるかは、DNA 配列自体だけをもって判断しにくい。したがって、解読された絶対的な DNA 配列がどの位置の DNA 配列であるかを確認するためには、それぞれの DNA 配列と当該生物体（十二支の動物）の標準ゲノムマップ（*reference*）の DNA 配列とを比較して、被検査者の各絶対的な DNA 配列がどの位置、そして、どの遺伝子に属する DNA 配列であるかを確認する過程が必要で

10

20

30

40

50

ある。この際、生物体の標準ゲノムマップは、すべてのDNA配列の順序を染色体別に順番に沿って組み立てた情報に該当する。したがって、生物体の標準ゲノムマップは、一種のパズル盤の役割をすることになり、被検査者のそれぞれ絶対的なDNA配列は、パズルのピースを解析できる。

【0026】

図4に示された「Reference」は、十二支の動物の標準ゲノムマップにおいて連続したDNA配列をあらかじめ組み立てたものであり、「short reads」というものが、被検者の短いDNA配列、すなわちフラグメント (fragments) の絶対的なDNA配列に該当する。このような十二支の動物の標準ゲノムマップ (reference) に被検者のDNA断片をマッピング (mapping) すると、様々な動物の標準ゲノムマップ (reference) と被検査者のDNA配列が類似した部分は、マッピング (mapping) がうまくいき、DNA配列が異なる部分は、マッピング (mapping) がうまくいかない。このような方式に従って、被検査者のDNA配列が十二支の動物の標準ゲノムマップ (reference) と比べてどれほどマッピング (mapping) されるか、すなわちマッピング率 (mapping rate) がどれくらいであるかをDNA配列個数自体を計算することによって得ることができ、これによって、十二支の動物と被検査者間の遺伝的類似度をそれぞれ測定できる。

10

【0027】

前記第2類似度計算部122は、被検査者DNA配列を解読過程を通じて多数のフラグメント (fragments) の絶対的なDNA配列を生成し、絶対的なDNA配列を標準ゲノムマップ (reference) のDNA配列にマッピングして、絶対的なDNA配列と標準ゲノムマップ (reference) のDNA配列間で違いがあるDNA変異 (variant) を抽出し、抽出したDNA変異に基づいて生物体と被検査者間の遺伝的類似度を計算できる。

20

【0028】

より具体的に、図4を参照すると、DNA配列がマッピング (mapping) された位置は、被検査者の遺伝子型 (genotype) 情報を確認でき、生物体の標準ゲノムマップ (reference) と違いがあるDNA配列が変異 (variant) として抽出され得る。すなわち、マッピング (mapping) されたデータから生物体の標準ゲノムマップ (reference) と違いがある変異 (variant) を抽出して、生物体と被検査者間の遺伝的類似度を計算できる。この際、生物体と被検査者間の遺伝的類似度が高いと、変異 (variant) が相対的に少なく抽出され、生物体と被検査者間の遺伝的類似度が低いと、変異 (variant) が相対的に多く抽出され得る。

30

【0029】

前記第3類似度計算部123は、被検査者DNA配列を解読過程を通じて多数のフラグメント (fragments) の絶対的なDNA配列を生成し、絶対的なDNA配列を標準ゲノムマップ (reference) のDNA配列にマッピングして、絶対的なDNA配列と標準ゲノムマップのDNA配列間で違いがあるDNA変異 (variant) を抽出し、抽出したDNA変異 (variant) と被検査者の遺伝情報をベースとして生物体と被検査者間の遺伝距離 (genetic distance) を測定し、測定した遺伝距離に基づいて生物体と被検査者間の遺伝的類似度を計算できる。

40

【0030】

生物体の遺伝情報の類似度を計算する遺伝領域は、全体ゲノム領域になってもよく、遺伝子など特定領域になってもよい。本実施例において遺伝的類似度あるいは類似性を計算するために特定の遺伝領域を限定するものではない。

【0031】

本実施例によって上述した3つの遺伝的類似度計算方法は、選択的に実行、すなわちいずれか一つの方法により計算でき、必要に応じて2つ以上の方法を選択して遺伝的類似度の計算結果に対する信頼度を高めることができる。

【0032】

50

また、遺伝子型 (genotype) と変異 (variant) 情報などを利用して2つの個体と動物間の遺伝距離を直接的に計算できることが知られている。計算に使用されるDNA位置を定義して、各個体と動物間に同じまたは異なるDNA位置の数を基準として遺伝距離 (genetic distance) を測定して、生物体と被検査者間の遺伝的類似度を計算できる。例えば、図5に示されたように、系統樹解析 (phylogenetic tree)、PCAなど遺伝距離 (genetic distance) を計算するための多様な公知の方法がある。

【0033】

前記遺伝的干支情報提供部130は、遺伝的類似度に基づいて各被検査者に対する各生物体の相対的類似度、相対的類似度順位、および集団内で各生物体に対する各被検査者の相対的類似度順位を含む遺伝的干支情報を提供できる。

10

【0034】

例えば、図6に示されたように、被検査者に対する十二支の動物の相対的類似度と相対的類似度順位を示す遺伝的干支情報を提供でき、より具体的に、各被検査者は、ネズミ (71.98%、8位)、ウシ (78.54%、5位)、トラ (80.45%、3位)、ウサギ (78.11%、7位)、タツ (43.92%、11位)、ヘビ (43.45%、12位)、ウマ (81.72%、2位)、ヒツジ (78.10%、9位)、サル (93.58%、1位)、トリ (46.96%、10位)、イヌ (80.01%、4位)、ブタ (78.53%、6位) 間に相対的類似度 (%) と相対的類似度順位をそれぞれ表示して提供できる。図6では、十二支の動物を順に羅列する方式で提供したが、これに限定されるものではなく、相対的類似度と類似度順位によって各動物とそれに対する類似度情報が表示されるように再整列して提供することもできる。もちろん、本実施例では、十二支の動物を一例として説明したが、他の動物、植物、微生物に対する類似度測定を通じた遺伝的干支情報を提供できる。

20

【0035】

なお、図7に示されたように、集団内で各生物体に対する各被検査者の相対的類似度順位を提供できる。図7では、100人の集団内で被検査者自身がそれぞれの十二支の動物に対して各動物とどれほど遺伝的に類似度を有するかに対する集団内での順位情報を提供できる。

【0036】

最終的に、図8に示されたように、各被検査者は、自分がどの動物と最も遺伝的に類似しているかに関する結果情報を遺伝的干支情報として提供され得る。

30

【0037】

すべての人間は、十二支の動物のうち霊長類であるサルと最も類似し、爬虫類であるヘビと最も異なっている。したがって、絶対的類似度を基準として遺伝的干支を提示する場合、すべての人間は、サルの干支を有することになる。

【0038】

既存のゲノム研究を通じて、十二支の動物と人間との進化的距離は、ネズミは88百万年、ウマは94百万年、トラは94百万年、ウサギは88百万年、ヘビは320百万年、ウマは94百万年、ヒツジは94百万年、サルは28百万年、トリは320百万年、イヌは94百万年、ブタは94百万年であることが報告されている。この際、タツは、想像の動物であるから、タツの代わりに、トカゲ (320百万年) を活用して計算できる。

40

【0039】

したがって、被検査者が属する集団と比較して被検査者が各生物体の相対的類似度順位を計算して遺伝的干支を提示することによって、被検査者ごとに互いに異なる遺伝的干支を有することができるようにする。

【0040】

図9は、本発明の他の実施例に係る被検査者と生物体間の遺伝子情報を用いた遺伝的干支提供方法を示すブロック図であり、図10は、本発明の他の実施例に係る遺伝的類似度計算方式を示すブロック図である。

50

【0041】

図9および図10を参照すると、本発明の他の実施例に係る被検査者と生物体間の遺伝子情報を用いた遺伝的干支提供方法S100は、DNA配列分析段階S110と、遺伝的類似度計算段階S120と、遺伝的干支情報提供段階S130と、を含む。

【0042】

本実施例では、十二支の動物（ネズミ、ウシ、トラ、ウサギ、タツ、ヘビ、ウマ、ヒツジ、サル、トリ、イヌ、ブタ）の標準ゲノムマップを利用して被検査者との遺伝的類似性を判断でき、これだけでなく、十二支の他に、他の動物、植物、微生物など多様な生物体に対する標準ゲノムマップを利用してこれらと被検査者との遺伝的類似性を判断して、遺伝的干支情報を提供できる。ただし、発明の理解を助けるために、以下では、十二支の動物（ネズミ、ウシ、トラ、ウサギ、タツ、ヘビ、ウマ、ヒツジ、サル、トリ、イヌ、ブタ）の標準ゲノムマップを利用することを一例として説明する。

10

【0043】

前記DNA配列分析段階S110は、集団に属している被検査者からそれぞれ採取したDNAサンプルに基づいて被検査者DNA配列を分析できる。この際、被検査者のDNA配列を解読する過程で短いフラグメント（*fragments*）の絶対的なDNA配列情報のみが生成されるが、以下では、遺伝的類似性を計算するために、上述した絶対的なDNA配列を利用する。

【0044】

前記遺伝的類似度計算段階S120は、被検査者DNA配列と生物体の標準ゲノムマップとをそれぞれ比較して、生物体と被検査者間の遺伝的類似度を計算できる。このために、遺伝的類似度計算段階S120は、DNA配列のマッピング（*mapping*）方式を利用する第1類似度計算段階S121と、DNA変異（*variant*）抽出方式を利用する第2類似度計算段階S122と、遺伝距離（*genetic distance*）測定方式を利用する第3類似度計算段階S123と、を含んでもよい。

20

【0045】

前記第1類似度計算段階S121は、被検査者DNA配列を解読過程を通じて多数のフラグメント（*fragments*）の絶対的なDNA配列を生成し、相対的DNA配列を十二支の動物に対する標準ゲノムマップのDNA配列にマッピングして、被検査者と当該動物間のDNAマッピング率を計算し、計算したDNAマッピング率に基づいて動物と被検査者間の遺伝的類似度を計算できる。ここで、十二支の動物は、生物体の一例であり、他の動物または植物、微生物なども適用して、これらと被検査者との遺伝的類似度を計算できる。

30

【0046】

より具体的に、被検査者のDNA配列が解読されるとき、短いフラグメント（*fragments*）の絶対的なDNA配列情報が生成されるが、解読されたDNA配列がどの領域のまたはどの遺伝子に該当する配列であるかは、DNA配列自体だけをもって判断しにくい。したがって、解読された絶対的なDNA配列がどの位置のDNA配列であるかを確認するためには、それぞれのDNA配列と当該生物体（十二支の動物）の標準ゲノムマップ（*reference*）のDNA配列とを比較して、被検査者の各絶対的なDNA配列がどの位置、そして、どの遺伝子に属するDNA配列であるかを確認する過程が必要である。この際、生物体の標準ゲノムマップは、すべてのDNA配列の順序を染色体別に順番に沿って組み立てた情報に該当する。したがって、生物体の標準ゲノムマップは、一種のパズル盤の役割をすることになり、被検査者のそれぞれ絶対的なDNA配列は、パズルのピースを解析できる。

40

【0047】

図4に示された「*Reference*」は、十二支の動物の標準ゲノムマップにおいて連続したDNA配列をあらかじめ組み立てたものであり、「*short reads*」というものが、被検査者の短いDNA配列、すなわちフラグメント（*fragments*）の絶対的なDNA配列に該当する。このような十二支の動物の標準ゲノムマップ（*refe*

50

rence) に被検者の DNA 断片をマッピング (mapping) すると、様々な動物の標準ゲノムマップ (reference) と被検査者の DNA 配列が類似した部分は、マッピング (mapping) がうまくいき、DNA 配列が異なる部分は、マッピング (mapping) がうまくいかない。このような方式に従って、被検査者の DNA 配列が十二支の動物の標準ゲノムマップ (reference) と比べてどれほどマッピング (mapping) されるか、すなわちマッピング率 (mapping rate) がどれくらいであるかを DNA 配列個数自体を計算することによって得ることができ、これによって、十二支の動物と被検査者間の遺伝的類似度をそれぞれ測定できる。

【0048】

前記第2類似度計算段階S122は、被検査者DNA配列を解読過程を通じて多数のフラグメント (fragments) の絶対的なDNA配列を生成し、絶対的なDNA配列を標準ゲノムマップ (reference) のDNA配列にマッピングして、絶対的なDNA配列と標準ゲノムマップ (reference) のDNA配列間で違いがあるDNA変異 (variant) を抽出し、抽出したDNA変異に基づいて生物体と被検査者間の遺伝的類似度を計算できる。

【0049】

より具体的に、図4を参照すると、DNA配列がマッピング (mapping) された位置は、被検査者の遺伝子型 (genotype) 情報を確認でき、生物体の標準ゲノムマップ (reference) と違いのあるDNA配列が変異 (variant) として抽出され得る。すなわち、マッピング (mapping) されたデータから生物体の標準ゲノムマップ (reference) と違いがある変異 (variant) を抽出して、生物体と被検査者間の遺伝的類似度を計算できる。この際、生物体と被検査者間の遺伝的類似度が高いと、変異 (variant) が相対的に少なく抽出され、生物体と被検査者間の遺伝的類似度が低いと、変異 (variant) が相対的に多く抽出され得る。

【0050】

前記第3類似度計算段階S123は、被検査者DNA配列を解読過程を通じて多数のフラグメント (fragments) の絶対的なDNA配列を生成し、絶対的なDNA配列を標準ゲノムマップ (reference) のDNA配列にマッピングして、絶対的なDNA配列と標準ゲノムマップのDNA配列間で違いがあるDNA変異 (variant) を抽出し、抽出したDNA変異 (variant) と被検査者の遺伝情報をベースとして生物体と被検査者間の遺伝距離 (genetic distance) を測定し、測定した遺伝距離に基づいて生物体と被検査者間の遺伝的類似度を計算できる。

【0051】

生物体の遺伝情報類似度を計算する遺伝領域は、全体ゲノム領域になってもよく、遺伝子など特定領域になってもよい。本実施例において遺伝的類似度あるいは類似性を計算するために特定の遺伝領域を限定するものではない。

【0052】

また、遺伝子型 (genotype) と変異 (variant) 情報などを利用して2つの個体と動物間の遺伝距離を直接的に計算できることが知られている。計算に使用されるDNA位置を定義して、各個体と動物間に同じまたは異なるDNA位置の数を基準として遺伝距離 (genetic distance) を測定して、生物体と被検査者間の遺伝的類似度を計算できる。例えば、図5に示されたように、系統樹解析 (phylogenetic tree)、PCAなど遺伝距離 (genetic distance) を計算するための多様な公知の方法がある。

【0053】

前記遺伝的干支情報提供段階S130は、遺伝的類似度に基づいて各被検査者に対する各生物体の相対的類似度、相対的類似度順位、および集団内で各生物体に対する各被検査者の相対的類似度順位を含む遺伝的干支情報を提供できる。

【0054】

例えば、図6に示されたように、被検査者に対する十二支の動物の相対的類似度と相対

10

20

30

40

50

的類似度順位を示す遺伝的干支情報を提供でき、より具体的に、各被検査者は、ネズミ（71.98%、8位）、ウシ（78.54%、5位）、トラ（80.45%、3位）、ウサギ（78.11%、7位）、タツ（43.92%、11位）、ヘビ（43.45%、12位）、ウマ（81.72%、2位）、ヒツジ（78.10%、9位）、サル（93.58%、1位）、トリ（46.96%、10位）、イヌ（80.01%、4位）、ブタ（78.53%、6位）間に相対的類似度（%）と相対的類似度順位をそれぞれ表示して提供できる。図6では、十二支の動物を順に羅列する方式で提供したが、これに限定されるものではなく、相対的類似度と類似度順位によって各動物とそれに対する類似度情報が表示されるように再整列して提供することもできる。もちろん、本実施例では、十二支の動物を一例として説明したが、他の動物、植物、微生物に対する類似度測定を通した遺伝的干支情報を提供できる。

10

【0055】

なお、図7に示されたように、集団内で各生物体に対する各被検査者の相対的類似度順位を提供できる。図7では、100人の集団内で被検査者自身がそれぞれの十二支の動物に対して各動物とどれほど遺伝的に類似度を有するかに対する集団内での順位情報を提供できる。

【0056】

最終的に、図8に示されたように、各被検査者は、自分がどの動物と最も遺伝的に類似しているかに関する結果情報を遺伝的干支情報として提供され得る。

【0057】

すべての人間は、十二支の動物のうち霊長類であるサルと最も類似し、爬虫類であるヘビと最も異なっている。したがって、絶対的類似度を基準として遺伝的干支を提示する場合、すべての人間は、サルの干支を有することになる。

【0058】

既存のゲノム研究を通じて、十二支の動物と人間との進化的距離は、ネズミは88百万年、ウマは94百万年、トラは94百万年、ウサギは88百万年、ヘビは320百万年、ウマは94百万年、ヒツジは94百万年、サルは28百万年、トリは320百万年、イヌは94百万年、ブタは94百万年であることが報告されている。この際、タツは、想像の動物であるから、タツの代わりに、トカゲ（320百万年）を活用して計算できる。

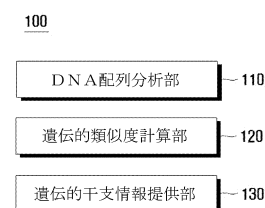
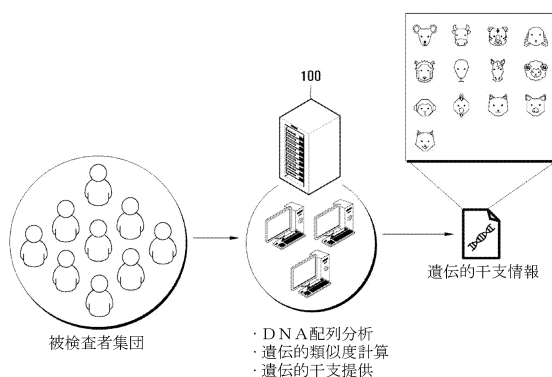
【0059】

したがって、被検査者が属する集団と比較して被検査者が各生物体の相対的類似度順位を計算して遺伝的干支を提示することによって、被検査者ごとに互いに異なる遺伝的干支を有することができるようにする。

【図面】

【図1】

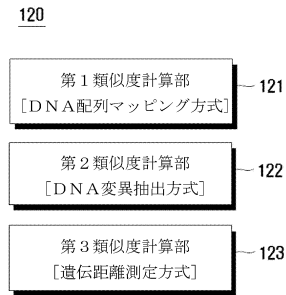
【図2】



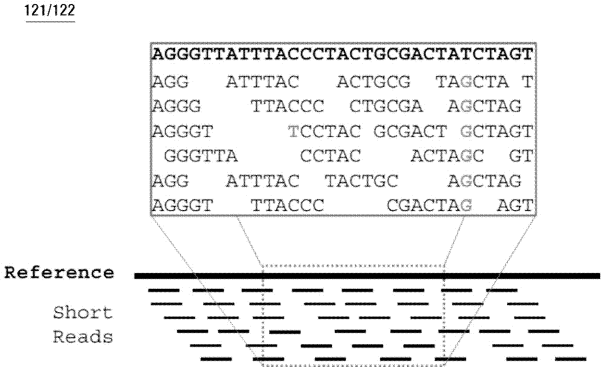
40

50

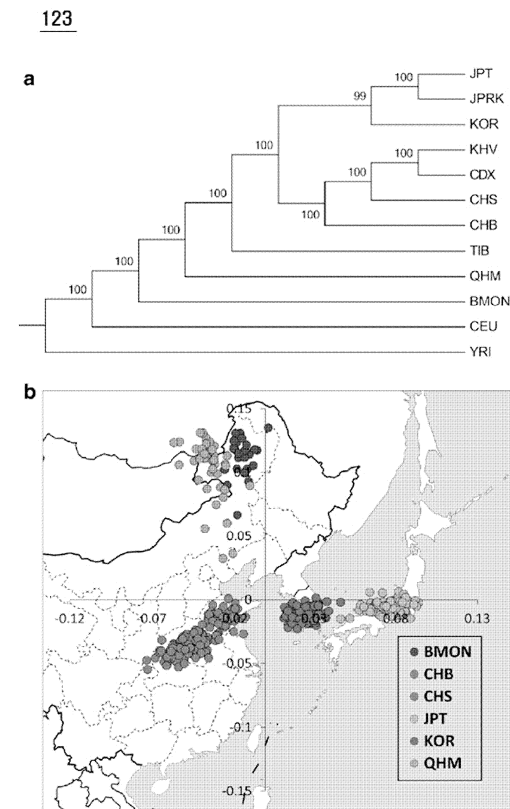
【図 3】



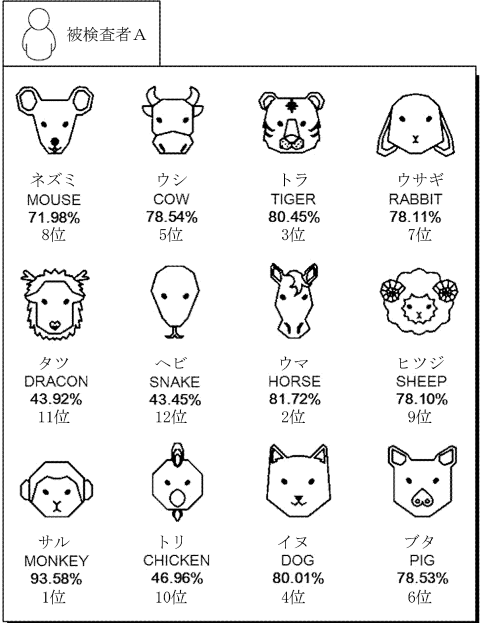
【図 4】



【図 5】



【図 6】



10

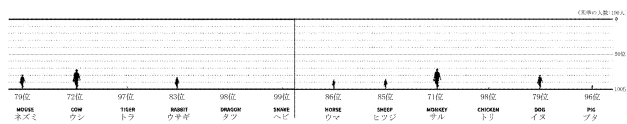
20

30

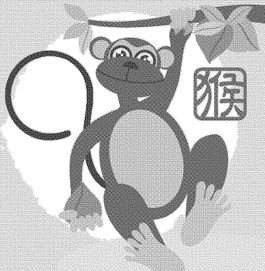
40

50

【図 7】



【図 8】



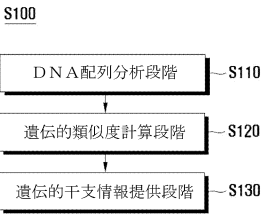
あなたの遺伝的干支は？
サルの干支です。

遺伝子分析の結果、ご参加者は 12 種の動物タイプのうちサルと韓国人の中で比較的高い順位で遺伝子が類似しているという結果が出ました。

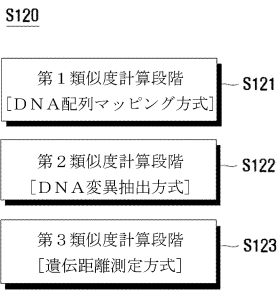
すべての人間のゲノムは、霊長類であるサルと最も類似しており、爬虫類であるヘビと最も異なっていますが、このゲノムレポートでは、遺伝子による動物タイプの分析のために、ご参加者の各動物とのゲノム類似度を韓国人の平均類似度分布と比較して 12 種の動物のうち比較的最も近い遺伝子動物タイプに分類しました。

10

【図 9】



【図 10】



20

30

40

50

【国際調査報告】

INTERNATIONAL SEARCH REPORT		International application No. PCT/KR2019/011488																		
A. CLASSIFICATION OF SUBJECT MATTER G16B 25/10(2019.01); G16B 30/10(2019.01); 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 <table border="1"> <thead> <tr> <th>Category*</th> <th>Citation of document, with indication, where appropriate, of the relevant passages</th> <th>Relevant to claim No.</th> </tr> </thead> <tbody> <tr> <td>Y</td> <td>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.</td> <td>1-8</td> </tr> <tr> <td>Y</td> <td>KR 10-2011-0074527 A (NAVIGENICS INC.) 30 June 2011 See paragraph [0043].</td> <td>1-8</td> </tr> <tr> <td>A</td> <td>KR 10-2009-0105921 A (NAVIGENICS INC.) 07 October 2009 See entire document.</td> <td>1-8</td> </tr> <tr> <td>A</td> <td>KR 10-2009-0105921 A (NAVIGENICS INC.) 07 October 2009 See entire document.</td> <td>1-8</td> </tr> <tr> <td>A</td> <td>KR 10-2011-0053995 A (NAVIGENICS INC.) 24 May 2011 See entire document.</td> <td>1-8</td> </tr> </tbody> </table>			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
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 "I" 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 "I" 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 04 JUNE 2020 (04.06.2020)		Date of mailing of the international search report 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.																		

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 P10918889 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 1423151 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 1363309 B	01/05/2012
		US 2008-0131887 A1	05/06/2008
		US 2010-0293130 A1	18/11/2010
KR 10-2009-0127939 A	14/12/2009	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
		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

Form PCT/ISA/210 (patent family annex) (January 2015)

10

20

30

40

50

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 10-2011-0053995 A	24/05/2011	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
		AU 2009-279434 A1	11/02/2010
		BR P10917089 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 1423063 B	11/01/2014
		TW 1516969 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

10

20

30

40

50

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), 피검자 (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 이후 "X"에 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 2020년 06월 04일 (04.06.2020)		국제조사보고서 발송일 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

서식 PCT/ISA/210 (두 번째 용지) (2019년 7월)

10

20

30

40

50

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 P10918889 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 1423151 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 1363309 B	2012/05/01
		US 2008-0131887 A1	2008/06/05
		US 2010-0293130 A1	2010/11/18
KR 10-2009-0127939 A	2009/12/14	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
		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

서식 PCT/ISA/210 (대응특허 추가용지) (2019년 7월)

국제조사보고서 대응특허에 관한 정보		국제출원번호 PCT/KR2019/011488	
국제조사보고서에서 인용된 특허문헌	공개일	대응특허문헌	공개일
KR 10-2011-0053995 A	2011/05/24	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
		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 1423063 B	2014/01/11
		TW 1516969 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

서식 PCT/ISA/210 (대응특허 추가용지) (2019년 7월)

10

20

30

40

50

フロントページの続き

MK,MT,NL,NO,PL,PT,RO,RS,SE,SI,SK,SM,TR),OA(BF,BJ,CF,CG,CI,CM,GA,GN,GQ,GW,KM,ML,MR,NE,SN,TD,TG),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,SE,SG,SK,SL,SM,ST,SV,SY,TH,TJ,TM,TN,TR,TT,TZ,UA,UG,US,UZ,VC,VN,ZA,ZM,ZW

大韓民国、1 6 9 5 3 キョンギード ヨンインーシ キフンーグ、フンドク 1ーロ 7 9 ボンーギル、3 7、# 5 0 3ー1 7 0 2

(72)発明者 イ、ファン ヨル

大韓民国、1 6 9 5 3 キョンギード ヨンインーシ キフンーグ、フンドク 1ーロ 7 9 ボンーギル、3 7、# 5 0 4ー1 2 0 1

(72)発明者 キム、ピョン チョル

大韓民国、1 6 7 1 3 キョンギード スウォンーシ ヨントンーグ、ボンヨンーロ 1 7 4 4 ボンーギル、1 1、# 2 2 2ー8 0 2

(72)発明者 パク、ジョン ファ

大韓民国、4 4 9 3 6 ウルサン ウルジューグン オンヤンーウプ、パンチョンガンピョンーギル、5 1、# 1 0 1ー1 7 1 0