

(12) 특허협력조약에 의하여 공개된 국제출원

(19) 세계지식재산권기구
국제사무국

(43) 국제공개일

2020 년 6 월 11 일 (11.06.2020)



(10) 국제공개번호

WO 2020/116840 A1

(51) 국제특허분류:

C12Q 1/6883 (2018.01)

(BF, BJ, CF, CG, CI, CM, GA, GN, GQ, GW, KM, ML, MR, NE, SN, TD, TG).

(21) 국제출원번호:

PCT/KR2019/016257

공개:

(22) 국제출원일:

2019 년 11 월 25 일 (25.11.2019)

— 국제조사보고서와 함께 (조약 제21조(3))

(25) 출원언어:

한국어

— 청구범위 보정 기한 만료 전의 공개이며, 보정서를 접수하는 경우 그에 관하여 별도 공개함 (규칙 48.2(h))

(26) 공개언어:

한국어

(30) 우선권정보:

10-2018-0153714 2018 년 12 월 3 일 (03.12.2018) KR

(71) 출원인: 사회복지법인 삼성생명공익재단 (SAMSUNG LIFE PUBLIC WELFARE FOUNDATION) [KR/KR]; 04348 서울시 용산구 이태원로55길 48, Seoul (KR).

(72) 발명자: 박용양 (PARK, Woong Yang); 06351 서울시 강남구 일원로 81, 미래의학연구원 지하2층, Seoul (KR). 차소연 (CHA, So Yeon); 06351 서울시 강남구 일원로 81, 미래의학연구원 지하2층, Seoul (KR). 김진호 (KIM, Jin Ho); 06351 서울시 강남구 일원로 81, 미래의학연구원 지하2층, Seoul (KR).

(74) 대리인: 리앤목 특허법인 (Y.P.LEE, MOCK & PARTNERS); 06292 서울시 강남구 언주로30길 13 대림아크로텔 12층, 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, 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

(54) Title: COMPOSITION FOR PREDICTING SENSITIVITY IN TASTE PREFERENCE, KIT, AND METHOD USING SAME

(54) 발명의 명칭: 미각 선호도에 대한 민감도 예측용 조성물, 키트, 및 이를 이용한 방법

(57) Abstract: According to a composition for predicting or detecting sensitivity in taste preference, comprising a polynucleotide capable of detecting a single nucleotide polymorphism marker; a kit; and a method for providing information for predicting or detecting sensitivity in taste preference of a subject, the degree to which body fat decreases according to the subject's taste preference can be predicted or measured. The predicted or measured degree to which body fat decreases according to the subject's taste preference may be applied to an individualized obesity treatment to enhance the efficacy thereof.

(57) 요약서: 단일염기다형성 마커를 검출할 수 있는 폴리뉴클레오티드를 포함하는 미각 선호도에 대한 민감도 예측 또는 진단하기 위한 조성물, 및 키트 및 개체의 미각 선호도에 대한 민감도 예측 또는 진단하기 위한 정보를 제공하는 방법에 의하면, 개체의 미각 선호도에 따른 체지방이 감소하는 정도를 예측 또는 측정할 수 있다. 예측 또는 측정된 개체의 미각 선호도에 따른 체지방이 감소하는 정도는 개인 맞춤형의학 적 비만 치료에 적용하여 효과를 증대시킬 수 있다.



WO 2020/116840 A1

명세서

발명의 명칭: 미각 선호도에 대한 민감도 예측용 조성물, 키트, 및 이를 이용한 방법

기술분야

- [1] 미각 선호도에 대한 민감도 예측 또는 진단을 위한 조성물 및 키트, 및 개체의 미각 선호도에 대한 민감도를 예측 또는 진단하기 위한 정보를 제공하는 방법을 제공한다.

배경기술

- [2] 생활 수준의 향상으로 인한 우리나라 식생활의 서구화 및 인구의 고령화에 따라 비만, 고혈압, 당뇨병, 뇌졸중, 고지혈증 등 심혈관질환의 발병이 증가 추세에 있다. 이와 같은 만성 질환의 증가는 사람들의 식사, 흡연, 운동 등과 같은 생활 양식의 큰 변화 때문이며 식사 패턴의 변화가 바람직하지 않은 영양 상태를 초래하여 이들 만성적 비전염성 질환을 발병시키는 원인이 되고 있는 것으로 세계 보건 기구에서는 보고하고 있다. 2009년도 국민건강영양조사 결과에 의하면 19세 이상 성인 중 비만 유병률은 1998년 26.0%에서 2001년 30.6%, 2005년 30.8%, 2009년 31.3%로 우리나라 비만 인구의 지속적인 증가 추세를 나타내고 있다.
- [3] 미각은 유전적 인자는 물론 환경적 영향(미각을 변화시키는 질병)을 받아 형성되는데 식행동을 변화시킴으로써 또 다른 질병 위험률에 영향을 주게 된다. 우리나라 사람을 대상으로 미각의 민감도와 선호도를 연구한 보고는 많지 않은 가운데, 발표된 연구는 주로 짠맛에 대한 것으로서 고혈압 위험성과의 관련을 다루었다. 외국인을 대상으로 한 단맛 연구로는, 연령, 및 노화, 월경주기상 단계, 심리적 섭식장애 등이 있다. 이들은 주로 사람이 조절할 수 없는 요인들과 관련된 단맛의 민감도와 선호도를 연구한 것이다.
- [4] 인간에게서 비만을 유발하는 것으로 알려진 유전자로는 POMC, MC4R 등이 있으며, 대한민국 등록특허번호 10-1561656 등은 유전적 특징을 이용하여 비만 유병률을 예측할 수 있는 유전적 지표에 대하여 개시하고 있어, 유전적 특징을 이용하여 비만을 예측하기 위한 연구는 지속적으로 다양하게 수행되어 왔다. 그러나, 비만을 치료 또는 개선하기 위한 지침으로서, 유전적 특징을 이용하여 비만 치료시에 치료 또는 개선 정도를 예측할 수 있는 유전적 지표에 대한 연구는 미흡한 실정이다.

발명의 상세한 설명

기술적 과제

- [5] 일 양상은 미각 선호도에 대한 민감도 예측 또는 진단을 위한 조성물을 제공한다.
- [6] 다른 양상은 미각 선호도에 대한 민감도 예측 또는 진단을 위한 키트를

제공한다.

- [7] 다른 양상은 개체의 미각 선호도에 대한 민감도를 예측 또는 진단하기 위한 정보를 제공하는 방법을 제공한다.

- [8] 다른 양상은 단일염기다형성 마커를 검출할 수 있는 폴리뉴클레오티드를 포함하는 조성물의 미각 선호도에 대한 민감도 예측 또는 진단을 위한 용도를 제공한다.

과제 해결 수단

- [9] 일 양상은 단일염기다형성 마커를 검출할 수 있는 폴리뉴클레오티드를 포함하는, 미각 선호도에 대한 민감도 예측 또는 진단을 위한 조성물을 제공한다.
- [10] 상기 미각 선호도에 대한 민감도는 체중 조절로 표현되는 것일 수 있다.
- [11] 상기 조성물은 미각 선호도에 따른 체중 조절 예측 또는 진단을 위한 조성물인 것일 수 있다.
- [12] 단일염기다형성(single nucleotide polymorphism: SNP)은 당해 기술분야에 통상적으로 알려진 의미로 사용된다. 단일염기다형성은 유전체 상에서 단일 염기 또는 뉴클레오티드(A, T, C 또는 G, 뉴클레오티드 A는 아데닌, 뉴클레오티드 T는 티민, 뉴클레오티드 C는 시토신, 뉴클레오티드 G는 구아닌을 의미함)가 종의 멤버들 간 또는 집단 내 계통에 존재하는 염기 또는 뉴클레오티드 서열의 다양성 또는 다형을 의미한다. 단일염기다형성은 인간 유전체 상에 가장 많이 존재하는 유전적 다형성으로, 유전학적으로 단일염기다형성에 따라 각 개체에 큰 차이를 야기할 수 있다. 상기 단일염기다형성은 단일뉴클레오티드변이(single nucleotide variant: SNV)와 혼용될 수 있다. 상기 단일뉴클레오티드변이는 유전체 상에서 하나의 염기 또는 뉴클레오티드의 차이를 보이는 서열의 변경을 의미한다.
- [13] 상기 단일염기다형성 마커는, 인간의 18번째 염색체의 23524924번째 염기가 C 또는 T(rs1808579), 인간의 3번째 염색체의 130418627번째 염기가 A 또는 G(rs1542829), 인간의 3번째 염색체의 12366779번째 염기가 A 또는 G(rs2938397), 인간의 12번째 염색체의 49853685번째 염기가 A 또는 G(rs7138803), 인간의 3번째 염색체의 12350682번째 염기가 A 또는 G(rs17036333), 인간의 1번째 염색체의 111730863번째 염기가 T 또는 C(rs1546924), 인간의 9번째 염색체의 36969208번째 염기가 G 또는 T(rs16933812), 인간의 8번째 염색체의 64279894번째 염기가 A 또는 G(rs11787111), 인간의 2번째 염색체의 24935412번째 염기가 T 또는 C(rs713587), 인간의 3번째 염색체의 12334081번째 염기가 T 또는 C(rs76608844), 인간의 11번째 염색체의 111125247번째 염기가 G 또는 A(rs321358), 인간의 1번째 염색체의 50094148번째 염기가 T 또는 C(rs11583200), 인간의 1번째 염색체의 230705813번째 염기가 A 또는 G(rs3827749), 인간의 1번째 염색체의 230707692번째 염기가 C 또는

G(rs3789666), 인간의 1번째 염색체의 230707700번째 염기가 A 또는 G(rs3789667), 인간의 1번째 염색체의 230707887번째 염기가 A 또는 G(rs3789669), 인간의 1번째 염색체의 230708054번째 염기가 G 또는 T(rs3789671), 인간의 1번째 염색체의 74527379번째 염기가 T 또는 C(rs1514174), 인간의 1번째 염색체의 230708375번째 염기가 A 또는 G(rs2478545), 인간의 1번째 염색체의 74536509번째 염기가 A 또는 G(rs12566985), 인간의 9번째 염색체의 110129355번째 염기가 T 또는 C(rs17806457), 인간의 1번째 염색체의 83226700번째 염기가 A 또는 C(rs2389438), 인간의 5번째 염색체의 96381018번째 염기가 G 또는 A(rs7713317), 인간의 11번째 염색체의 8652392번째 염기가 G 또는 C(rs4256980), 인간의 11번째 염색체의 8640969번째 염기가 C 또는 T(rs11042023), 인간의 4번째 염색체의 44580470번째 염기가 A 또는 G(rs10938353), 인간의 19번째 염색체의 51270548번째 염기가 G 또는 A(rs1878047), 인간의 22번째 염색체의 40208941번째 염기가 G 또는 T(rs4820408), 인간의 12번째 염색체의 23922574번째 염기가 G 또는 A(rs7970953), 인간의 3번째 염색체의 141556594번째 염기가 T 또는 G(rs16851483), 또는 이들의 조합인 것일 수 있다.

- [14] 상기 폴리뉴클레오티드는 하나의 단일가닥 폴리뉴클레오티드가 미각 선호도에 대한 민감도 또는 미각 선호도에 따른 체중 조절과 연관되어 있는 경우, 상기 단일가닥 폴리뉴클레오티드에 상보적인 폴리뉴클레오티드도 당연히 미각 선호도에 대한 민감도 또는 미각 선호도에 따른 체중 조절과 연관되어 있는 것을 판단될 수 있다. 따라서, 일 양상에 따른 조성물은, 하나의 특정한 서열을 가진 미각 선호도에 따른 체중 조절과 연관되어 있는 단일가닥 폴리뉴클레오티드 및 그에 상보적인 서열을 가진 폴리뉴클레오티드를 포함한다.
- [15] 예를 들면, 인간의 4번 염색체의 24293557번째 염기(단일염기다형성 마커)는 "C" 또는 "T"이다. 이 경우, 상기 조성물은 인간의 4번 염색체의 24293557번째 염기(단일염기다형성 마커)의 "C" 또는 "T" 뉴클레오티드를 포함할 뿐만 아니라, 인간의 4번 염색체의 24293557번째 염기(단일염기다형성 마커)에 대응되는 위치에 "G" 또는 "A" 뉴클레오티드를 갖는 상보적인 단일가닥 폴리뉴클레오티드를 포함한다. 상기 조성물은 인간의 4번 염색체의 24293557번째 염기(단일염기다형성 마커)를 검출할 수 있다. 또는 상기 조성물은 인간의 4번 염색체의 24293557번째 염기(단일염기다형성 마커)에서 C>T를 검출할 수 있다.
- [16] 상보적인 서열을 가진 폴리뉴클레오티드는 다른 단일염기다형성 마커에 대하여, 동일하게 적용된다.
- [17] 상기 단일염기다형성 마커는 비만과 연관된 것으로 알려진 단일염기다형성 마커 중에서도, 미각 선호도에 따른 체중 조절 또는 체지방이 변화하는 정도와 특이적으로 연관되어 있는 것일 수 있다.

- [18] 상기 미각 선호도는 짬맛, 단맛, 또는 기름진 맛인 것일 수 있다. 상기 미각 선호도는 음식 선호도(Food Intake Preferences)와 동일한 의미로서, 짬맛, 단맛, 및 기름진 맛 각각은 짬음식 선호도, 단음식 선호도, 및 기름진 음식 선호도인 것일 수 있다.
- [19] 짬맛 선호도에 대한 민감도 예측 또는 진단을 위한 조성물의 경우, 상기 폴리뉴클레오티드는 인간의 18번째 염색체의 23524924번째 염기가 C 또는 T(rs1808579), 인간의 3번째 염색체의 130418627번째 염기가 A 또는 G(rs1542829), 인간의 3번째 염색체의 12366779번째 염기가 A 또는 G(rs2938397), 인간의 12번째 염색체의 49853685번째 염기가 A 또는 G(rs7138803), 인간의 3번째 염색체의 12350682번째 염기가 A 또는 G(rs17036333), 인간의 1번째 염색체의 111730863번째 염기가 T 또는 C(rs1546924), 인간의 9번째 염색체의 36969208번째 염기가 G 또는 T(rs16933812), 인간의 8번째 염색체의 64279894번째 염기가 A 또는 G(rs11787111), 인간의 2번째 염색체의 24935412번째 염기가 T 또는 C(rs713587), 인간의 3번째 염색체의 12334081번째 염기가 T 또는 C(rs76608844), 또는 이들의 조합을 분석하기 위한 것일 수 있다.
- [20] 단맛 선호도에 대한 민감도 예측 또는 진단을 위한 조성물의 경우, 상기 폴리뉴클레오티드는 인간의 11번째 염색체의 111125247번째 염기가 G 또는 A(rs321358), 인간의 1번째 염색체의 50094148번째 염기가 T 또는 C(rs11583200), 인간의 1번째 염색체의 230705813번째 염기가 A 또는 G(rs3827749), 인간의 1번째 염색체의 230707692번째 염기가 C 또는 G(rs3789666), 인간의 1번째 염색체의 230707700번째 염기가 A 또는 G(rs3789667), 인간의 1번째 염색체의 230707887번째 염기가 A 또는 G(rs3789669), 인간의 1번째 염색체의 230708054번째 염기가 G 또는 T(rs3789671), 인간의 1번째 염색체의 74527379번째 염기가 T 또는 C(rs1514174), 인간의 1번째 염색체의 230708375번째 염기가 A 또는 G(rs2478545), 인간의 1번째 염색체의 74536509번째 염기가 A 또는 G(rs12566985), 또는 이들의 조합을 분석하기 위한 것일 수 있다.
- [21] 기름진맛 선호도에 대한 민감도 예측 또는 진단을 위한 조성물의 경우, 상기 폴리뉴클레오티드는 인간의 9번째 염색체의 110129355번째 염기가 T 또는 C(rs17806457), 인간의 1번째 염색체의 83226700번째 염기가 A 또는 C(rs2389438), 인간의 5번째 염색체의 96381018번째 염기가 G 또는 A(rs7713317), 인간의 11번째 염색체의 8652392번째 염기가 G 또는 C(rs4256980), 인간의 11번째 염색체의 8640969번째 염기가 C 또는 T(rs11042023), 인간의 4번째 염색체의 44580470번째 염기가 A 또는 G(rs10938353), 인간의 19번째 염색체의 51270548번째 염기가 G 또는 A(rs1878047), 인간의 22번째 염색체의 40208941번째 염기가 G 또는 T(rs4820408), 인간의 12번째 염색체의 23922574번째 염기가 G 또는 A(rs7970953), 인간의 3번째 염색체의 141556594번째 염기가 T 또는 G(rs16851483), 또는 이들의 조합을 분석하기 위한

것일 수 있다.

- [22] 용어 "유전자"는 유전 정보를 결정하는 구조 단위를 의미하며, 단백질의 아미노산 서열 또는 기능 RNA(tRNA, rRNA 등)의 염기 배열을 결정하는 정보를 가지는 구조 유전자, 및/또는 구조 유전자의 발현을 제어하는 조절 유전자, 예를 들면, 프로모터, 억제자(repressor), 작동유전자(operator) 등을 포함하는 것일 수 있다. 본 명세서에서 용어 "유전자"는 유전자의 산물을 생성하기 위해 전사되는 뉴클레오티드 서열을 포함하는 단일 가닥 쪽을 의미하는 것으로 이해된다.
- [23] 통상의 기술자라면 상기 등록번호를 이용하여 단일염기다형성 마커 및 서열을 용이하게 확인할 수 있을 것이다. UCSC genome browser 또는 GenBank에 등록되어 있는 번호에 해당하는 구체적인 서열은 시간이 지남에 따라 다소 변경될 수 있다. 본 발명의 범위가 상기 변경된 서열에도 미치는 것은 통상의 기술자에게 자명할 것이다.
- [24] 용어 "폴리뉴클레오티드"는 임의의 길이를 지닌 뉴클레오티드 폴리머를 의미하며, 상기 폴리뉴클레오티드는 핵산, 또는 올리고뉴클레오티드와 상호교환적으로 사용할 수 있다. 상기 폴리뉴클레오티드는 표적 영역의 뉴클레오티드 서열과 특이적으로 결합하는 것일 수 있다. 이러한 폴리뉴클레오티드의 특이적 결합 특성을 이용하여, 혼합물로로부터 표적 영역을 포함하는 표적 유전자 또는 그의 단편을 효과적으로 분리할 수 있다.
- [25] 상기 폴리뉴클레오티드는 단수개 또는 복수개인 것일 수 있고, 단일 가닥 또는 이중 가닥의 형태인 것일 수 있다. 상기 폴리뉴클레오티드는 또한, 상보적인 뉴클레오티드와 수소 결합에 의하여 혼성화될 수 있는 성질을 갖는 것이면, 천연 뉴클레오티드로 구성된 것뿐만 아니라, 천연 뉴클레오티드, 천연 뉴클레오티드의 유사체, 천연 뉴클레오티드의 당, 염기 또는 인산 부위가 변형되어 있는 뉴클레오티드 및 이들 조합으로 이루어진 군으로부터 선택되는 뉴클레오티드를 포함하는 것일 수 있다(Scheit, Nucleotide Analogs, John Wiley, New York(1980); Uhlman 및 Peyman, Chemical Reviews, 90:543-584(1990)). 상기 폴리뉴클레오티드는 DNA 또는 RNA인 것일 수 있다.
- [26] 상기 폴리뉴클레오티드는 상기 단일염기다형성 마커를 포함하는 연속 뉴클레오티드 서열을 포함하는 폴리뉴클레오티드 또는 이의 상보적인 폴리뉴클레오티드인 것일 수 있다.
- [27] 용어 "연속 뉴클레오티드 서열(contiguous nucleotide sequence)"은 인접한 2개 이상의 뉴클레오티드 서열을 의미한다.
- [28] 용어 "상보적(complementary)"은 어떤 특정한 혼성화(hybridization) 또는 어닐링 조건하에서 상기 뉴클레오티드 서열에 선택적으로 혼성화할 수 있을 정도의 상보성을 갖는 것을 의미한다.
- [29] 상기 폴리뉴클레오티드의 크기는 5 내지 200nt(nucleotide : nt)인 것일 수 있다. 예를 들면, 상기 폴리뉴클레오티드는 길이가 10 내지 150 nt, 10 내지 100 nt, 또는 15 내지 100 nt인 것일 수 있다.

- [30] 상기 폴리뉴클레오티드는 프라이머, 프로브, 또는 이들의 조합인 것일 수 있다. 상기 프라이머 또는 프로브는, 표적 영역의 뉴클레오티드 서열에 완전하게(perfectly) 상보적인 뉴클레오티드 서열이 이용될 수 있으나, 특이적으로 혼성화를 방해하지 않는 범위 내에서 실질적으로(substantially) 상보적인 뉴클레오티드 서열이 이용될 수도 있다. 또한, 상기 프라이머 또는 프로브는, 표적 영역의 뉴클레오티드 서열에 대하여 특이적으로 혼성화를 방해하지 않는 범위 내에서, 변형된 뉴클레오티드 서열을 갖는 것일 수 있다.
- [31] 용어 "프라이머(primer)"는 중합효소에 의한 뉴클레오티드의 중합 반응에서, 개시점으로 작용할 수 있는 단일 가닥의 올리고뉴클레오티드를 의미한다. 예를 들면, 상기 프라이머는 적합한 온도 및 적합한 완충액 내에서 적합한 조건, 즉, 4종의 다른 뉴클레오티드 트리포스페이트 및 중합효소의 존재 하에서 주형-지시(template-directed) DNA 합성의 개시점으로 작용할 수 있는 단일 가닥의 올리고뉴클레오티드인 것일 수 있다. 프라이머의 적합한 길이는 다양한 인자, 예를 들면, 온도와 프라이머의 용도에 따라 달라질 수 있다. 상기 프라이머는 길이가 5 내지 100nt, 5 내지 70nt, 10 내지 50nt, 또는 15 내지 30nt인 것일 수 있다. 예를 들면, 프라이머의 길이가 짧을수록, 낮은 어닐링(annealing) 온도에서 주형과 충분히 안정된 혼성화 복합체를 형성할 수 있다. 상기 프라이머의 길이가 5nt 미만의 크기를 가질 경우 표적 영역을 캡처하기 위한 정확도가 낮으며, 100nt 초과 크기를 가질 경우 합성 비용이 증가하는 단점을 갖는다. 따라서 상기 프라이머는 경제적이면서 유전자 다형성 또는 변이 검출에 최적화된 크기를 갖는다. 프라이머의 설계는 주어진 증폭하고자 하는 표적 영역의 뉴클레오티드 서열을 참조하여 통상의 기술자에 의해 용이하게 실시할 수 있다. 예를 들면, 상업적으로 구입가능한 프라이머 설계용 프로그램을 사용하여 설계할 수 있다. 상기 상업적으로 구입가능한 프라이머 설계용 프로그램의 예는 PRIMER 3 프로그램이 포함된다.
- [32] 상기 프라이머는 포스포로티오에이트(phosphorothioate), 알킬포스포로티오에이트와 같은 뉴클레오티드 유사체(analogue), 펩티드 핵산(peptide nucleic acid) 또는 삽입 물질(intercalating agent)을 더 포함하는 것일 수 있다. 또한, 형광, 인광 또는 방사성을 발하는 표지 물질을 더 포함하는 것일 수 있다. 상기 형광 표지 물질은 VIC, NED, FAM, PET, 또는 이들의 조합인 것일 수 있다. 상기 표지 물질은 상기 폴리뉴클레오티드의 5' 말단에 표지되는 것일 수 있다. 또한, 방사성 표지 물질은, ^{32}P 또는 ^{35}S 와 같은 방사성 동위원소가 첨가된 중합효소 연쇄 반응(polymerase chain reaction: PCR)의 반응액을 이용한 PCR 반응을 통해 증폭 산물에 혼입되는 것일 수 있다.
- [33] 상기 프라이머는 대립유전자 특이적인 PCR(allele specific PCR), PCR 연장 분석, PCR 단일 가닥 고차 구조 다형성(PCR-single strand conformation polymorphism: PCR-SSCP), TaqMan 방법 및 시퀀싱 등을 이용한 방법에 이용되는 것일 수 있다.

- [34] 용어 "프로브(probe)"는 상보적인 폴리뉴클레오티드 가닥에 서열 특이적으로 결합할 수 있는 폴리뉴클레오티드를 의미한다. 상기 프로브는 길이가 5 내지 100nt, 10 내지 90nt, 15 내지 80nt, 20 내지 70nt, 또는 30 내지 50nt인 것일 수 있다. 상기 프로브의 길이가 10nt 미만의 크기를 가질 경우 표적 영역을 캡처하기 위한 정확도가 낮으며, 100nt 초과 크기를 가질 경우 합성 비용이 증가하는 단점을 갖는다. 따라서 상기 프로브는 경제적이면서 유전자 다형성 또는 변이 검출에 최적화된 크기를 갖는다. 상기 프로브는, 예를 들면, 표적 영역의 뉴클레오티드 서열에 완전 상보적인 서열로 이루어진 완전 매치 프로브(perfect match probe) 및 단일염기다형성 마커를 제외한 모든 뉴클레오티드 서열에 대하여 완전 상보적인 서열을 갖는 프로브로 이루어진 군으로부터 선택되는 것일 수 있다.
- [35] 상기 프로브는 혼성화 방법, 예를 들면, 마이크로어레이(microarray), 서던 블로팅, 다이내믹 대립유전자 혼성화(dynamic allele-specific hybridization) 및 DNA 칩 등을 이용한 방법에 이용되는 것일 수 있다. 마이크로어레이는 당해 기술 분야에 알려진 의미로 사용되며, 예를 들면, 기관 상의 복수 개의 구분된 영역에 프로브 또는 프로브의 집단이 고정화되어 있는 것일 수 있다. 상기 기관은 적합한 견고성 또는 반-견고성 지지체로서, 예를 들면, 막, 필터, 칩, 슬라이드, 웨이퍼(wafer), 파이버(fiber), 자기성 비드 또는 비자기성 비드, 젤, 튜빙, 플레이트, 고분자, 미소입자 및 모세관을 포함하는 것일 수 있다. 상기 프로브 또는 그에 상보적인 프로브는 개체로부터 획득된 핵산과 혼성화되고 그로부터 얻어지는 혼성화 정도를 측정할 수 있는 방법에 이용되는 것일 수 있다.
- [36] 상기 체중 조절은 체지방이 감소하는 정도인 것일 수 있다. 상기 단일염기다형성 마커는 비만과 관련된 일반적인 신체적 특징 중에서도, 체지방이 변화하는 정도와 특이적으로 연관되어 있는 것일 수 있다.
- [37] 상기 체중 조절은 상대적으로 체지방이 감소하는 정도인 것일 수 있다. 예를 들면, 상기 체중 조절은 체지방이 감소하는 정도가 상기 단일염기다형성을 갖지 않는 군 또는 참조 유전체의 유전형과 동일한 유전형을 갖는 군에 비하여, 증가되어 있는지 또는 유의한 차이가 없는지를 나타내는 것일 수 있다. 또한, 상기 체중 조절은 특정 대립인자 또는 유전형을 갖는 개체가 다른 특정 대립인자 또는 유전형을 갖는 개체에 비하여 체지방이 감소하는 정도가 증가되어 있는지 또는 유의한 차이가 없는지를 나타내는 것일 수 있다.
- [38] 상기 예측 또는 진단은 척추동물, 포유동물, 또는 인간(*Homo sapiens*)을 포함하는 것일 수 있다. 상기 예측 또는 진단은 한국인을 대상으로 하는 것일 수 있다. 상기 예측 또는 진단은 약 40 세 내지 약 70 세의 한국인인 것일 수 있다.
- [39] 상기 단일염기다형성 마커는 미각 선호도에 대한 민감도 또는 미각 선호도에 따른 체중 조절을 예측 또는 진단하기 위한 마커로 사용될 수 있다. 상기 단일염기다형성 마커는 짠맛 선호도, 단맛 선호도, 또는 기름진맛 선호도에 따른 체지방이 감소하는 정도를 예측 또는 진단하기 위한 마커로 사용될 수 있다.

- [40] 다른 양상은 미각 선호도에 대한 민감도 예측 또는 진단을 위한 키트를 제공한다.
- [41] 상기 키트는 미각 선호도에 따른 체중 조절 예측 또는 진단을 위한 키트인 것일 수 있다. 상기 키트는 상기 조성물을 포함하는 것일 수 있다. 상기 키트는 단일염기다형성 마커를 검출할 수 있는 폴리뉴클레오티드를 포함하고, 상기 단일염기다형성 마커는 전술한 바와 동일하다.
- [42] 상기 키트는, 예를 들면, 상기 폴리뉴클레오티드와 그의 특정 용도에 필요한 구성들을 포함하는 것일 수 있다. 상기 폴리뉴클레오티드와 함께 그의 사용 방법에 필요한 시약을 포함하는 것일 수 있다. 상기 키트는 상기 폴리뉴클레오티드가 핵산과 혼성화하는데 요구되는 알려진 물질을 더 포함하는 것일 수 있다. 상기 키트는 표적 영역의 뉴클레오티드 서열을 특이적으로 증폭하고, 증폭 산물의 존재 유무를 통하여, 개체의 체중 조절을 예측 또는 진단하기 위한 키트인 것일 수 있다. 또는 상기 폴리뉴클레오티드 또는 그로부터 유래된 프로브를 시료 중의 핵산과 혼성화시키고, 그 혼성화 결과로부터 개체의 체중 조절을 예측 또는 진단하기 위한 키트인 것일 수 있다. 예를 들면, 상기 핵산의 혼성화에 필요한 시약, 버퍼, 보조인자, 및/또는 기질을 더 포함하는 것일 수 있다. 또한 상기 키트가 PCR 증폭 과정에 적용되는 경우 선택적으로, PCR 증폭에 필요한 시약, 예를 들면, 완충액, DNA 중합효소, DNA 중합효소보조인자 및 dNTPs를 포함하는 것일 수 있다. 또한, 상기 키트는 표적 영역을 증폭하기 위하여 사용하기 위한 설명서를 더 포함할 수 있으며, 상기한 시약 성분을 포함하는 다수의 별도 패키징 또는 컴파트먼트로 제작될 수 있다. 상기 사용 설명서는 예를 들면, 상기 특이적 프라이머를 사용한 증폭 반응에서 표적 영역이 증폭되고, 상기 비특이적 프라이머를 사용한 증폭 반응에서 표적 영역이 증폭되지 않는 경우, 증폭에 사용된 시료 중에서 체중 조절과 연관된 표적 영역, 다형성 또는 변이가 존재하는 것으로 결정하고, 그 결과로부터 개체의 미각 선호도에 따른 체중 조절 정도를 결정하는 것에 대한 설명을 포함한, 결과 판정에 대한 설명을 포함하는 것일 수 있다.
- [43] 다른 양상은 개체의 미각 선호도에 대한 민감도를 예측 또는 진단하기 위한 정보를 제공하는 방법을 제공한다. 상기 방법은 개체의 미각 선호도에 따른 체중 조절을 예측 또는 진단하기 위한 정보를 제공하는 것일 수 있다.
- [44] 상기 방법은 개체의 생물학적 시료로부터 핵산 시료를 획득하는 단계; 및 획득된 핵산 시료로부터 단일염기다형성 마커의 유전형을 분석하는 단계를 포함하는 것일 수 있다.
- [45] 상기 단일염기다형성 마커는, 인간의 18번째 염색체의 23524924번째 염기가 C 또는 T(rs1808579), 인간의 3번째 염색체의 130418627번째 염기가 A 또는 G(rs1542829), 인간의 3번째 염색체의 12366779번째 염기가 A 또는 G(rs2938397), 인간의 12번째 염색체의 49853685번째 염기가 A 또는 G(rs7138803), 인간의 3번째 염색체의 12350682번째 염기가 A 또는 G(rs17036333), 인간의 1번째

염색체의 111730863번째 염기가 T 또는 C(rs1546924), 인간의 9번째 염색체의 36969208번째 염기가 G 또는 T(rs16933812), 인간의 8번째 염색체의 64279894번째 염기가 A 또는 G(rs11787111), 인간의 2번째 염색체의 24935412번째 염기가 T 또는 C(rs713587), 인간의 3번째 염색체의 12334081번째 염기가 T 또는 C(rs76608844), 인간의 11번째 염색체의 111125247번째 염기가 G 또는 A(rs321358), 인간의 1번째 염색체의 50094148번째 염기가 T 또는 C(rs11583200), 인간의 1번째 염색체의 230705813번째 염기가 A 또는 G(rs3827749), 인간의 1번째 염색체의 230707692번째 염기가 C 또는 G(rs3789666), 인간의 1번째 염색체의 230707700번째 염기가 A 또는 G(rs3789667), 인간의 1번째 염색체의 230707887번째 염기가 A 또는 G(rs3789669), 인간의 1번째 염색체의 230708054번째 염기가 G 또는 T(rs3789671), 인간의 1번째 염색체의 74527379번째 염기가 T 또는 C(rs1514174), 인간의 1번째 염색체의 230708375번째 염기가 A 또는 G(rs2478545), 인간의 1번째 염색체의 74536509번째 염기가 A 또는 G(rs12566985), 인간의 9번째 염색체의 110129355번째 염기가 T 또는 C(rs17806457), 인간의 1번째 염색체의 83226700번째 염기가 A 또는 C(rs2389438), 인간의 5번째 염색체의 96381018번째 염기가 G 또는 A(rs7713317), 인간의 11번째 염색체의 8652392번째 염기가 G 또는 C(rs4256980), 인간의 11번째 염색체의 8640969번째 염기가 C 또는 T(rs11042023), 인간의 4번째 염색체의 44580470번째 염기가 A 또는 G(rs10938353), 인간의 19번째 염색체의 51270548번째 염기가 G 또는 A(rs1878047), 인간의 22번째 염색체의 40208941번째 염기가 G 또는 T(rs4820408), 인간의 12번째 염색체의 23922574번째 염기가 G 또는 A(rs7970953), 인간의 3번째 염색체의 141556594번째 염기가 T 또는 G(rs16851483), 또는 이들의 조합인 것일 수 있다.

- [46] 상기 미각 선호도에 대한 민감도는 체중 조절로 표현되는 것일 수 있다.
- [47] 상기 방법은 개체의 생물학적 시료로부터 핵산 시료를 획득하는 단계를 포함한다.
- [48] 상기 개체는 미각 선호도에 따른 체중 조절을 예측 또는 진단하기 위한 대상을 의미한다. 상기 개체는 척추동물, 포유동물, 인간(*Homo sapiens*), 마우스, 래트, 소, 말, 돼지, 양, 염소, 개, 고양이 등을 포함하는 것일 수 있다. 예를 들면, 상기 인간은 아시아계 인, 한국인, 또는 약 40 세 내지 약 70 세의 한국인인 것일 수 있다.
- [49] 상기 생물학적 시료는 생물로부터 획득된 시료를 말한다. 상기 생물학적 시료는 예를 들면 혈액, 조직, 소변, 점액, 타액, 눈물, 혈장, 혈청, 객담, 척수액, 흉수, 유두 흡인물, 림프액, 기도액, 장액, 비노생식관액, 모유, 림프계 체액, 정액, 뇌척수액, 기관계내 체액, 복수, 난성 종양 체액, 양수액 또는 이들의 조합인 것일 수 있다. 생물학적 시료는 순수하게 분리된 핵산, 조 분리된 핵산, 핵산을 포함하는 세포 파쇄물, 또는 세포 유리 핵산을 포함하는 것일 수 있다.

- [50] 생물학적 시료로부터 유전체 핵산을 분리하는 방법은 통상의 핵산 분리 방법에 의하여 수행될 수 있다. 예를 들면, 표적 핵산을 중합효소 연쇄 반응(polymerase chain reaction: PCR), 리가제 연쇄 반응(ligase chain reaction: LCR), 전사 증폭(transcription amplification), 또는 실시간-핵산 서열 기초 증폭(realtime-nucleic acid sequence based amplification: NASBA)을 통하여 증폭하고 이를 정제하여 얻을 수 있다.
- [51] 상기 방법은 수득된 핵산 시료로부터 단일염기다형성 마커의 유전형을 분석하는 단계를 포함한다.
- [52] 상기 방법에서 단일염기다형성 마커의 유전형을 분석하는 단계는 염색체 내 표적 영역 또는 단일염기다형성 마커의 각 위치에서의 뉴클레오티드를 결정하는 것을 의미한다. 예를 들면, 알려진 핵산의 뉴클레오티드 시퀀싱 방법(sequencing method)에 의하여 염색체 내 표적 영역 또는 각 위치에서의 뉴클레오티드를 직접적으로 결정할 수 있다. 뉴클레오티드 서열 결정 방법은 생거(또는 디데옥시) 시퀀싱 방법 또는 막삼-길버트(화학 절단) 방법을 포함하는 것일 수 있다. 또한, 프로브를 대상 폴리뉴클레오티드와 혼성화시키고, 혼성화 결과를 분석함으로써, 표적 영역의 뉴클레오티드 서열을 결정할 수 있다. 혼성화 정도는 예를 들면, 검출 가능한 표지를 대상 핵산에 표지하고, 혼성화된 대상 핵산을 검출함으로써 확인되거나, 전기적 방법 등에 의하여 확인될 수 있다. 또한, 단일 염기 연장(single base primer extension: SBE) 방법이 이용될 수 있다. 뉴클레오티드 서열 결정 방법은 또한, 차세대 염기 시퀀싱을 포함하는 것일 수 있다. 용어 "차세대 염기시퀀싱(next generation sequencing: NGS)은 칩(Chip)기반 그리고 PCR 기반 쌍-말단(paired end) 형식으로 전장 유전체를 조각내고, 상기 조각을 화학적인 반응(hybridization)에 기초하여 초고속으로 시퀀싱을 수행하는 기술을 의미한다. 차세대 염기시퀀싱에 의해 짧은 시간 내에 분석 대상이 되는 시료에 대해 대량의 염기서열 데이터를 생성할 수 있다.
- [53] 상기 유전형을 분석하는 단계는 상기 단일염기다형성 마커에서의 특정 대립유전자의 유무 또는 특정 유전형의 유무에 근거하여, 개체 또는 피검체가 미각 선호도에 따른 현저한 체중 조절 효과를 보일 것인지를 판별할 수 있다.
- [54] 상기 미각은 짠맛, 단맛 또는 기름진맛인 것일 수 있다.
- [55] 상기 체중 조절은 체지방이 감소하는 정도인 것일 수 있다.
- [56] 상기 방법은, 단일염기다형성 마커의 유전형을 분석한 결과, 인간의 18번째 염색체의 23524924번째 염기가 C(rs1808579), 인간의 3번째 염색체의 130418627번째 염기가 A(rs1542829), 인간의 3번째 염색체의 12366779번째 염기가 G(rs2938397), 인간의 12번째 염색체의 49853685번째 염기가 G(rs7138803), 인간의 3번째 염색체의 12350682번째 염기가 G(rs17036333), 인간의 1번째 염색체의 111730863번째 염기가 C(rs1546924), 인간의 9번째 염색체의 36969208번째 염기가 G(rs16933812), 인간의 8번째 염색체의 64279894번째 염기가 G(rs11787111), 인간의 2번째 염색체의 24935412번째

염기가 T(rs713587), 인간의 3번째 염색체의 12334081번째 염기가 C(rs76608844), 인간의 11번째 염색체의 111125247번째 염기가 G(rs321358), 인간의 1번째 염색체의 50094148번째 염기가 T(rs11583200), 인간의 1번째 염색체의 230705813번째 염기가 G(rs3827749), 인간의 1번째 염색체의 230707692번째 염기가 G(rs3789666), 인간의 1번째 염색체의 230707700번째 염기가 G(rs3789667), 인간의 1번째 염색체의 230707887번째 염기가 G(rs3789669), 인간의 1번째 염색체의 230708054번째 염기가 T(rs3789671), 인간의 1번째 염색체의 74527379번째 염기가 T(rs1514174), 인간의 1번째 염색체의 230708375번째 염기가 G(rs2478545), 인간의 1번째 염색체의 74536509번째 염기가 A(rs12566985), 인간의 9번째 염색체의 110129355번째 염기가 T(rs17806457), 인간의 1번째 염색체의 83226700번째 염기가 A(rs2389438), 인간의 5번째 염색체의 96381018번째 염기가 A(rs7713317), 인간의 11번째 염색체의 8652392번째 염기가 C(rs4256980), 인간의 11번째 염색체의 8640969번째 염기가 T(rs11042023), 인간의 4번째 염색체의 44580470번째 염기가 A(rs10938353), 인간의 19번째 염색체의 51270548번째 염기가 G(rs1878047), 인간의 22번째 염색체의 40208941번째 염기가 T(rs4820408), 인간의 12번째 염색체의 23922574번째 염기가 A(rs7970953), 인간의 3번째 염색체의 141556594번째 염기가 G(rs16851483), 또는 이들의 조합인 경우, 미각 선호도에 대한 민감도가 대조군(다른 개체)에 비하여 큰 것으로 결정하는 단계를 더 포함하는 것일 수 있다. 또는 짠맛 선호도, 단맛 선호도, 또는 기름진맛 선호도가 감소함에 따라 체지방이 감소하는 정도가 대조군(다른 개체)에 비하여 큰 것으로 결정하는 단계를 더 포함하는 것일 수 있다.

- [57] 상기 방법은, 단일염기다형성 마커의 유전형을 분석한 결과, 인간의 18번째 염색체의 23524924번째 염기가 C(rs1808579), 인간의 3번째 염색체의 130418627번째 염기가 A(rs1542829), 인간의 3번째 염색체의 12366779번째 염기가 G(rs2938397), 인간의 12번째 염색체의 49853685번째 염기가 G(rs7138803), 인간의 3번째 염색체의 12350682번째 염기가 G(rs17036333), 인간의 1번째 염색체의 111730863번째 염기가 C(rs1546924), 인간의 9번째 염색체의 36969208번째 염기가 G(rs16933812), 인간의 8번째 염색체의 64279894번째 염기가 G(rs11787111), 인간의 2번째 염색체의 24935412번째 염기가 T(rs713587), 인간의 3번째 염색체의 12334081번째 염기가 C(rs76608844), 또는 이들의 조합인 경우, 짠맛 선호도가 감소함에 따라 체지방이 감소하는 정도가 대조군(다른 개체)에 비하여 큰 것으로 결정하는 단계를 더 포함하는 것일 수 있다. 상기 방법은 단일염기다형성 마커의 유전형을 분석한 결과, 상기 단일염기다형성을 갖는 경우, 상기 짠맛 선호도에 대한 민감도가 대조군(다른 개체)에 비하여 큰 것으로 결정하는 단계를 더 포함하는 것일 수 있다.

- [58] 상기 방법은, 단일염기다형성 마커의 유전형을 분석한 결과, 인간의 11번째 염색체의 111125247번째 염기가 G(rs321358), 인간의 1번째 염색체의

50094148번째 염기가 T(rs11583200), 인간의 1번째 염색체의 230705813번째 염기가 G(rs3827749), 인간의 1번째 염색체의 230707692번째 염기가 G(rs3789666), 인간의 1번째 염색체의 230707700번째 염기가 G(rs3789667), 인간의 1번째 염색체의 230707887번째 염기가 G(rs3789669), 인간의 1번째 염색체의 230708054번째 염기가 T(rs3789671), 인간의 1번째 염색체의 74527379번째 염기가 T(rs1514174), 인간의 1번째 염색체의 230708375번째 염기가 G(rs2478545), 인간의 1번째 염색체의 74536509번째 염기가 A(rs12566985), 또는 이들의 조합인 경우, 단맛 선호도가 감소함에 따라 체지방이 감소하는 정도가 대조군(다른 개체)에 비하여 큰 것으로 결정하는 단계를 더 포함하는 것일 수 있다. 상기 방법은 단일염기다형성 마커의 유전형을 분석한 결과, 상기 단일염기다형성을 갖는 경우, 상기 단맛 선호도에 대한 민감도가 대조군(다른 개체)에 비하여 큰 것으로 결정하는 단계를 더 포함하는 것일 수 있다.

- [59] 상기 방법은, 단일염기다형성 마커의 유전형을 분석한 결과, 인간의 9번째 염색체의 110129355번째 염기가 T(rs17806457), 인간의 1번째 염색체의 83226700번째 염기가 A(rs2389438), 인간의 5번째 염색체의 96381018번째 염기가 A(rs7713317), 인간의 11번째 염색체의 8652392번째 염기가 C(rs4256980), 인간의 11번째 염색체의 8640969번째 염기가 T(rs11042023), 인간의 4번째 염색체의 44580470번째 염기가 A(rs10938353), 인간의 19번째 염색체의 51270548번째 염기가 G(rs1878047), 인간의 22번째 염색체의 40208941번째 염기가 T(rs4820408), 인간의 12번째 염색체의 23922574번째 염기가 A(rs7970953), 인간의 3번째 염색체의 141556594번째 염기가 G(rs16851483), 또는 이들의 조합인 경우, 기름진맛 선호도가 감소함에 따라 체지방이 감소하는 정도가 대조군(다른 개체)에 비하여 큰 것으로 결정하는 단계를 더 포함하는 것일 수 있다. 상기 방법은 단일염기다형성 마커의 유전형을 분석한 결과, 상기 단일염기다형성을 갖는 경우, 상기 기름진맛 선호도에 대한 민감도가 대조군(다른 개체)에 비하여 큰 것으로 결정하는 단계를 더 포함하는 것일 수 있다.

- [60] 상기 개체의 미각 선호도에 따른 체중 조절을 예측 또는 진단하기 위한 정보를 제공하는 것은 미각 선호도에 따라 상대적으로 체지방이 감소하는 정도를 예측 또는 진단하기 위한 것일 수 있다. 예를 들면, 상기 수치는 참조 유전체 서열을 갖고 있는 군 또는 상기 단일염기다형성을 갖지 않는 군에 비하여 체지방이 감소하는 정도가 증가되어 있는지를 예측 또는 진단하기 위한 것일 수 있다.

- [61] 용어 "참조 유전체 서열(reference genome sequence)"은 다형성 또는 변이 확인을 위해 참조가 되는, 인간 유전체 서열인 것일 수 있다. 참조 유전체 서열은, 참조 유전체의 뉴클레오티드 서열, 예를 들면, 미국 국립보건원 산하 생물공학정보연구소의 데이터베이스에 게시된 인간 유전자의 뉴클레오티드 서열, 구체적으로, NCBI37.1 또는 UCSC hg19(GRCh37)인 것일 수 있다. 상기

개체의 뉴클레오티드 서열과 참조 유전체 서열 간의 비교는 공지된 다양한 서열 비교 분석프로그램, 예를 들면 Maq, Bowtie, SOAP, GSNAP 등을 이용하여 수행할 수 있다.

- [62] 상기 단일염기다형성 마커에서 다형성의 수가, 1개 이상, 2개 이상, 3개 이상, 4개 이상, 또는 5개 이상인 경우, 미각 선호도에 따른 체지방이 감소하는 정도가 증가되어 있다고 판단할 수 있으며, 예측 또는 진단에 대한 정확도가 높아질 수 있다.
- [63] 상기 유전형을 분석하는 단계는 시퀀싱, 마이크로어레이에 의한 혼성화, 대립유전자 특이적인 PCR(allele specific PCR), 다이내믹 대립유전자 혼성화(dynamic allele-specific hybridization), PCR 연장 분석, PCR-SSCP(PCR-single strand conformation polymorphism), TaqMan 방법 또는 이들의 조합에 의해 수행되는 것일 수 있다.
- [64] 시퀀싱 분석은 염기서열 결정을 위한 통상적인 방법을 사용할 수 있으며, 자동화된 유전자 분석기를 이용하여 수행될 수 있다. 대립유전자 특이적 PCR은 단일염기다형성 마커가 위치하는 염기를 3' 말단으로 하여 고안한 프라이머를 포함한 프라이머 세트와 상기 단일염기다형성 마커가 위치하는 DNA 단편을 증폭하는 PCR 방법을 의미한다. PCR 연장 분석은 먼저 단일염기다형성 마커가 위치하는 염기를 포함하는 DNA 단편을 프라이머 쌍으로 증폭한 다음, 반응에 첨가된 모든 뉴클레오티드를 탈인산화시킴으로써 불활성화시키고, 여기에 단일염기다형성 마커에 특이적인 연장 프라이머, dNTP 혼합물, 디디옥시뉴클레오티드, 반응 완충액 및 DNA 중합효소를 첨가하여 프라이머 연장반응을 수행함으로써 이루어진다. TaqMan 방법은 원하는 DNA 단편을 증폭할 수 있도록 프라이머 및 TaqMan 탐침을 설계 및 제작하고, 서로 다른 대립유전자의 탐침을 FAM 및 VIC로 표지(Applied Biosystems)하여, 증폭 및 분석하는 단계로 수행된다.
- [65] 다른 양상은 단일염기다형성 마커를 검출할 수 있는 폴리뉴클레오티드를 포함하는 조성물의 미각 선호도에 대한 민감도 예측 또는 진단을 위한 용도를 제공한다.
- [66] 상기 미각 선호도에 대한 민감도는 체중 조절로 표현되는 것일 수 있다. 상기 조성물의 용도는 미각 선호도에 따른 체중 조절 예측 또는 진단을 위한 용도일 수 있다. 상기 단일염기다형성 마커는 전술한 바와 동일하다.

발명의 효과

- [67] 단일염기다형성 마커를 검출할 수 있는 폴리뉴클레오티드를 포함하는 미각 선호도에 대한 민감도 예측 또는 진단하기 위한 조성물, 및 키트 및 개체의 미각 선호도에 대한 민감도 예측 또는 진단하기 위한 정보를 제공하는 방법에 의하면, 개체의 미각 선호도에 따른 체지방이 감소하는 정도를 예측 또는 측정할 수 있다. 예측 또는 측정된 개체의 미각 선호도에 따른 체지방이 감소하는 정도는

개인 맞춤의학적 비만 치료에 적용하여 효과를 증대시킬 수 있다.

발명의 실시를 위한 형태

- [68] 본 발명은 하기 실시예에 의하여 더욱 구체적으로 설명한다. 그러나, 하기 실시예는 본 발명의 이해를 돕기 위한 것일 뿐, 어떤 의미로든 본 발명의 범위가 이러한 실시예에 의하여 한정되는 것은 아니다.
- [69] 실시예 1. 짠맛 선호도, 단맛 선호도, 및 기름진맛 선호도에 따른 체지방과 단일염기다형성과의 연관성 분석
- [70] 1. 연구 대상 선정
- [71] 코호트 연구(Cohort study)는 어떤 특성을 공유하는 집단 구성원들에 대하여 장기간 추적조사를 통해 건강 상태를 확인함으로써 위험 요인들과 질병 발생 간의 원인적 연관성을 밝혀내는 의학 연구방법이다. 본 연구는 질병관리본부 국립보건연구원 유전체역학과에서 수행 중인 한국인유전체역학조사사업 내 지역사회기반 코호트 자료를 이용하였다. 본 연구는 전향성 코호트 연구라는 방법적인 특성을 고려하여, 연구 대상자의 추적관리를 통하여 이루어졌다. 지역사회기반 코호트는 2001년 내지 2002년 경기도 안산과 안성 지역에 거주하는 40 내지 69세 성인을 대상으로 기반조사를 시작하여, 이후 매 2년마다 반복 추적조사를 수행하였다. 초기 8840명을 검사 대상으로 하였다. 매 조사 시 건강 및 생활습관 정보 등의 역학 자료와 함께 혈액, 소변 등의 생체시료를 수집하였다.
- [72] 2. 미각 선호도에 따른 체지방 차이와 단일염기다형성과의 연관성 분석
- [73] 상기의 검사 대상자에 대하여 미각 선호도에 따른 단일염기다형성과의 연관성을 분석하였다.
- [74] 구체적으로, 미각 선호도와 관련하여 짠맛, 단맛, 및 기름진맛 선호도에 대한 설문조사를 사용하여 확인하였다.
- [75] "짠 음식의 선호도" 문항은 1=아주싫다, 2=싫어한다, 3=보통이다, 4=좋아한다, 5=아주좋다로 하였고, "단 음식의 선호도" 문항은 1=아주싫다, 2=싫어한다, 3=보통이다, 4=좋아한다, 5=아주좋다로 하였고, "기름진 음식의 선호도" 문항은 1=아주싫다, 2=싫어한다, 3=보통이다, 4=좋아한다, 5=아주좋다로 하였다.
- [76] 개인별 미각 선호도의 차이에 따른 체지방 변화에 대한 유전적인 영향을 조사하였다. 이후에, 미각 선호도의 차이에 의해 유도된 체지방 변화에 대하여 연령이 조정된 (Age-adjusted)선형 모델(linear model)을 이용한 통계학적 분석을 실시하였다.
- [77] $\Delta\text{BMI} \sim X + \text{SNP} + X \cdot \text{SNP} + \text{Gender} + \text{Age}$
- [78] 그 결과, 비만과 관련된 다형성이라고 알려진 7248종의 다형성들 중, 10종의 다형성은 짠맛 선호도 감소에 의해 유도된 체지방의 감소와 현저하게 연관되어 있음을 확인하였다 ($P=(0.001292342)-(0.015188604)$).
- [79] 비만과 관련된 다형성이라고 알려진 7248종의 다형성들 중, 10종의 다형성은

단맛 선호도 감소에 의해 유도된 체지방 감소와 현저하게 연관되어 있음을 확인하였다 ($P=(0.000793839)-(0.008577709)$).

- [80] 비만과 관련된 다형성이라고 알려진 7248종의 다형성들 중, 10종의 다형성은 기름진맛 선호도 감소에 의해 유도된 체지방 감소와 현저하게 연관되어 있음을 확인하였다 ($P=(0.000381878)-(0.022943187)$).

- [81] [표1]
짠맛 선호도와 관련된 단일염기다형성

Rs#	P-Value
rs1808579	0.001292342
rs1542829	0.002369246
rs2938397	0.006737605
rs7138803	0.006984449
rs17036333	0.007000085
rs1546924	0.010253035
rs16933812	0.011810143
rs11787111	0.012207763
rs713587	0.014674742
rs76608844	0.015188604

- [82] [표2]
단맛 선호도 감소에 의한 체질량지수 변화와 다형성의 회귀 분석

Rs#	P-Value
rs321358	0.000793839
rs11583200	0.00089111
rs3827749	0.001991254
rs3789666	0.00265186
rs3789667	0.00274485
rs3789669	0.003146946
rs3789671	0.004724516
rs1514174	0.007330753
rs2478545	0.008002341
rs12566985	0.008577709

[83] [표3]

기름진맛 선호도와 관련된 단일염기다형성

Rs#	P-Value
rs17806457	0.000381878
rs2389438	0.002704613
rs7713317	0.004283235
rs4256980	0.007346787
rs11042023	0.009648288
rs10938353	0.00969894
rs1878047	0.012163276
rs4820408	0.019050455
rs7970953	0.021151206
rs16851483	0.022943187

[84]

청구범위

- [청구항 1] 단일염기다형성 마커를 검출할 수 있는 폴리뉴클레오티드를 포함하는, 미각 선호도에 대한 민감도 예측 또는 진단을 위한 조성물로서, 상기 단일염기다형성 마커는,
- 인간의 18번째 염색체의 23524924번째 염기가 C 또는 T(rs1808579),
 인간의 3번째 염색체의 130418627번째 염기가 A 또는 G(rs1542829),
 인간의 3번째 염색체의 12366779번째 염기가 A 또는 G(rs2938397),
 인간의 12번째 염색체의 49853685번째 염기가 A 또는 G(rs7138803),
 인간의 3번째 염색체의 12350682번째 염기가 A 또는 G(rs17036333),
 인간의 1번째 염색체의 111730863번째 염기가 T 또는 C(rs1546924),
 인간의 9번째 염색체의 36969208번째 염기가 G 또는 T(rs16933812),
 인간의 8번째 염색체의 64279894번째 염기가 A 또는 G(rs11787111),
 인간의 2번째 염색체의 24935412번째 염기가 T 또는 C(rs713587),
 인간의 3번째 염색체의 12334081번째 염기가 T 또는 C(rs76608844),
 인간의 11번째 염색체의 111125247번째 염기가 G 또는 A(rs321358),
 인간의 1번째 염색체의 50094148번째 염기가 T 또는 C(rs11583200),
 인간의 1번째 염색체의 230705813번째 염기가 A 또는 G(rs3827749),
 인간의 1번째 염색체의 230707692번째 염기가 C 또는 G(rs3789666),
 인간의 1번째 염색체의 230707700번째 염기가 A 또는 G(rs3789667),
 인간의 1번째 염색체의 230707887번째 염기가 A 또는 G(rs3789669),
 인간의 1번째 염색체의 230708054번째 염기가 G 또는 T(rs3789671),
 인간의 1번째 염색체의 74527379번째 염기가 T 또는 C(rs1514174),
 인간의 1번째 염색체의 230708375번째 염기가 A 또는 G(rs2478545),
 인간의 1번째 염색체의 74536509번째 염기가 A 또는 G(rs12566985),
 인간의 9번째 염색체의 110129355번째 염기가 T 또는 C(rs17806457),
 인간의 1번째 염색체의 83226700번째 염기가 A 또는 C(rs2389438),
 인간의 5번째 염색체의 96381018번째 염기가 G 또는 A(rs7713317),
 인간의 11번째 염색체의 8652392번째 염기가 G 또는 C(rs4256980),
 인간의 11번째 염색체의 8640969번째 염기가 C 또는 T(rs11042023),
 인간의 4번째 염색체의 44580470번째 염기가 A 또는 G(rs10938353),
 인간의 19번째 염색체의 51270548번째 염기가 G 또는 A(rs1878047),
 인간의 22번째 염색체의 40208941번째 염기가 G 또는 T(rs4820408),
 인간의 12번째 염색체의 23922574번째 염기가 G 또는 A(rs7970953),
 인간의 3번째 염색체의 141556594번째 염기가 T 또는 G(rs16851483),
 또는 이들의 조합이고,
- 상기 미각 선호도에 대한 민감도는 체중 조절로 표현되는 것인 조성물.
- [청구항 2] 청구항 1에 있어서, 상기 미각은 짭맛, 단맛 또는 기름진 맛인 것인

- 조성물.
- [청구항 3] 청구항 1에 있어서, 상기 체중 조절은 체지방이 감소하는 정도인 것인 조성물.
- [청구항 4] 청구항 1에 있어서, 상기 예측 또는 진단은 한국인을 대상으로 하는 것인 조성물.
- [청구항 5] 하기 단계를 포함하는 개체의 미각 선호도에 대한 민감도를 예측 또는 진단하기 위한 정보를 제공하는 방법으로서,
 개체의 생물학적 시료로부터 핵산 시료를 획득하는 단계; 및
 획득된 핵산 시료로부터 단일염기다형성 마커의 유전형을 분석하는 단계를 포함하고,
 상기 단일염기다형성 마커는,
 인간의 18번째 염색체의 23524924번째 염기가 C 또는 T(rs1808579),
 인간의 3번째 염색체의 130418627번째 염기가 A 또는 G(rs1542829),
 인간의 3번째 염색체의 12366779번째 염기가 A 또는 G(rs2938397),
 인간의 12번째 염색체의 49853685번째 염기가 A 또는 G(rs7138803),
 인간의 3번째 염색체의 12350682번째 염기가 A 또는 G(rs17036333),
 인간의 1번째 염색체의 111730863번째 염기가 T 또는 C(rs1546924),
 인간의 9번째 염색체의 36969208번째 염기가 G 또는 T(rs16933812),
 인간의 8번째 염색체의 64279894번째 염기가 A 또는 G(rs11787111),
 인간의 2번째 염색체의 24935412번째 염기가 T 또는 C(rs713587),
 인간의 3번째 염색체의 12334081번째 염기가 T 또는 C(rs76608844),
 인간의 11번째 염색체의 111125247번째 염기가 G 또는 A(rs321358),
 인간의 1번째 염색체의 50094148번째 염기가 T 또는 C(rs11583200),
 인간의 1번째 염색체의 230705813번째 염기가 A 또는 G(rs3827749),
 인간의 1번째 염색체의 230707692번째 염기가 C 또는 G(rs3789666),
 인간의 1번째 염색체의 230707700번째 염기가 A 또는 G(rs3789667),
 인간의 1번째 염색체의 230707887번째 염기가 A 또는 G(rs3789669),
 인간의 1번째 염색체의 230708054번째 염기가 G 또는 T(rs3789671),
 인간의 1번째 염색체의 74527379번째 염기가 T 또는 C(rs1514174),
 인간의 1번째 염색체의 230708375번째 염기가 A 또는 G(rs2478545),
 인간의 1번째 염색체의 74536509번째 염기가 A 또는 G(rs12566985),
 인간의 9번째 염색체의 110129355번째 염기가 T 또는 C(rs17806457),
 인간의 1번째 염색체의 83226700번째 염기가 A 또는 C(rs2389438),
 인간의 5번째 염색체의 96381018번째 염기가 G 또는 A(rs7713317),
 인간의 11번째 염색체의 8652392번째 염기가 G 또는 C(rs4256980),
 인간의 11번째 염색체의 8640969번째 염기가 C 또는 T(rs11042023),
 인간의 4번째 염색체의 44580470번째 염기가 A 또는 G(rs10938353),
 인간의 19번째 염색체의 51270548번째 염기가 G 또는 A(rs1878047),

인간의 22번째 염색체의 40208941번째 염기가 G 또는 T(rs4820408),
인간의 12번째 염색체의 23922574번째 염기가 G 또는 A(rs7970953),
인간의 3번째 염색체의 141556594번째 염기가 T 또는 G(rs16851483),
또는 이들의 조합인 것이고,

상기 미각 선호도에 대한 민감도는 체중 조절로 표현되는 것인 방법.

[청구항 6] 청구항 5에 있어서, 상기 미각은 짠맛, 단맛 또는 기름진 맛인 것인 방법.

[청구항 7] 청구항 5에 있어서, 상기 체중 조절은 체지방이 감소하는 정도인 것인 방법.

[청구항 8] 청구항 5에 있어서,

인간의 18번째 염색체의 23524924번째 염기가 C 또는 T(rs1808579),
인간의 3번째 염색체의 130418627번째 염기가 A 또는 G(rs1542829),
인간의 3번째 염색체의 12366779번째 염기가 A 또는 G(rs2938397),
인간의 12번째 염색체의 49853685번째 염기가 A 또는 G(rs7138803),
인간의 3번째 염색체의 12350682번째 염기가 A 또는 G(rs17036333),
인간의 1번째 염색체의 111730863번째 염기가 T 또는 C(rs1546924),
인간의 9번째 염색체의 36969208번째 염기가 G 또는 T(rs16933812),
인간의 8번째 염색체의 64279894번째 염기가 A 또는 G(rs11787111),
인간의 2번째 염색체의 24935412번째 염기가 T 또는 C(rs713587),
인간의 3번째 염색체의 12334081번째 염기가 T 또는 C(rs76608844),
인간의 11번째 염색체의 111125247번째 염기가 G 또는 A(rs321358),
인간의 1번째 염색체의 50094148번째 염기가 T 또는 C(rs11583200),
인간의 1번째 염색체의 230705813번째 염기가 A 또는 G(rs3827749),
인간의 1번째 염색체의 230707692번째 염기가 C 또는 G(rs3789666),
인간의 1번째 염색체의 230707700번째 염기가 A 또는 G(rs3789667),
인간의 1번째 염색체의 230707887번째 염기가 A 또는 G(rs3789669),
인간의 1번째 염색체의 230708054번째 염기가 G 또는 T(rs3789671),
인간의 1번째 염색체의 74527379번째 염기가 T 또는 C(rs1514174),
인간의 1번째 염색체의 230708375번째 염기가 A 또는 G(rs2478545),
인간의 1번째 염색체의 74536509번째 염기가 A 또는 G(rs12566985),
인간의 9번째 염색체의 110129355번째 염기가 T 또는 C(rs17806457),
인간의 1번째 염색체의 83226700번째 염기가 A 또는 C(rs2389438),
인간의 5번째 염색체의 96381018번째 염기가 G 또는 A(rs7713317),
인간의 11번째 염색체의 8652392번째 염기가 G 또는 C(rs4256980),
인간의 11번째 염색체의 8640969번째 염기가 C 또는 T(rs11042023),
인간의 4번째 염색체의 44580470번째 염기가 A 또는 G(rs10938353),
인간의 19번째 염색체의 51270548번째 염기가 G 또는 A(rs1878047),
인간의 22번째 염색체의 40208941번째 염기가 G 또는 T(rs4820408),
인간의 12번째 염색체의 23922574번째 염기가 G 또는 A(rs7970953),

인간의 3번째 염색체의 141556594번째 염기가 T 또는 G(rs16851483), 또는 이들의 조합인 경우, 미각 선호도에 대한 민감도가 다른 개체에 비하여 큰 것으로 결정하는 단계를 더 포함하는 것인 방법.

[청구항 9] 청구항 5에 있어서, 상기 예측 또는 진단은 한국인을 대상으로 하는 것인 방법.

[청구항 10] 청구항 5에 있어서, 상기 유전형을 분석하는 단계는 시퀀싱, 마이크로어레이에 의한 혼성화, 대립유전자 특이적인 PCR(allele specific PCR), 다이내믹 대립유전자 혼성화(dynamic allele-specific hybridization), PCR 연장 분석, PCR-SSCP(PCR-single strand conformation polymorphism), TaqMan 방법 또는 이들의 조합에 의해 수행되는 것인 방법.

[청구항 11] 단일염기다형성 마커를 검출할 수 있는 폴리뉴클레오티드를 포함하는 조성물의 미각 선호도에 대한 민감도 예측 또는 진단을 위한 용도로서, 상기 단일염기다형성 마커는,

인간의 18번째 염색체의 23524924번째 염기가 C 또는 T(rs1808579),
 인간의 3번째 염색체의 130418627번째 염기가 A 또는 G(rs1542829),
 인간의 3번째 염색체의 12366779번째 염기가 A 또는 G(rs2938397),
 인간의 12번째 염색체의 49853685번째 염기가 A 또는 G(rs7138803),
 인간의 3번째 염색체의 12350682번째 염기가 A 또는 G(rs17036333),
 인간의 1번째 염색체의 111730863번째 염기가 T 또는 C(rs1546924),
 인간의 9번째 염색체의 36969208번째 염기가 G 또는 T(rs16933812),
 인간의 8번째 염색체의 64279894번째 염기가 A 또는 G(rs11787111),
 인간의 2번째 염색체의 24935412번째 염기가 T 또는 C(rs713587),
 인간의 3번째 염색체의 12334081번째 염기가 T 또는 C(rs76608844),
 인간의 11번째 염색체의 111125247번째 염기가 G 또는 A(rs321358),
 인간의 1번째 염색체의 50094148번째 염기가 T 또는 C(rs11583200),
 인간의 1번째 염색체의 230705813번째 염기가 A 또는 G(rs3827749),
 인간의 1번째 염색체의 230707692번째 염기가 C 또는 G(rs3789666),
 인간의 1번째 염색체의 230707700번째 염기가 A 또는 G(rs3789667),
 인간의 1번째 염색체의 230707887번째 염기가 A 또는 G(rs3789669),
 인간의 1번째 염색체의 230708054번째 염기가 G 또는 T(rs3789671),
 인간의 1번째 염색체의 74527379번째 염기가 T 또는 C(rs1514174),
 인간의 1번째 염색체의 230708375번째 염기가 A 또는 G(rs2478545),
 인간의 1번째 염색체의 74536509번째 염기가 A 또는 G(rs12566985),
 인간의 9번째 염색체의 110129355번째 염기가 T 또는 C(rs17806457),
 인간의 1번째 염색체의 83226700번째 염기가 A 또는 C(rs2389438),
 인간의 5번째 염색체의 96381018번째 염기가 G 또는 A(rs7713317),
 인간의 11번째 염색체의 8652392번째 염기가 G 또는 C(rs4256980),

인간의 11번째 염색체의 8640969번째 염기가 C 또는 T(rs11042023),
인간의 4번째 염색체의 44580470번째 염기가 A 또는 G(rs10938353),
인간의 19번째 염색체의 51270548번째 염기가 G 또는 A(rs1878047),
인간의 22번째 염색체의 40208941번째 염기가 G 또는 T(rs4820408),
인간의 12번째 염색체의 23922574번째 염기가 G 또는 A(rs7970953),
인간의 3번째 염색체의 141556594번째 염기가 T 또는 G(rs16851483),
또는 이들의 조합이고,
상기 미각 선호도에 대한 민감도는 체중 조절로 표현되는 것인, 조성물의
미각 선호도에 대한 민감도 예측 또는 진단을 위한 용도.

INTERNATIONAL SEARCH REPORT

International application No.

PCT/KR2019/016257

A. CLASSIFICATION OF SUBJECT MATTER

C12Q 1/6883(2018.01)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)

C12Q 1/6883; G06F 19/22

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: taste, preference, single nucleotide polymorphism(SNP), weight(BMI), obesity, eating behavior, sensitivity, NPC1, MPC1, COL6A5, PPARG, INKA2, PAX5, LINC01212, ELAVL4, AGT, LRRRC53, PALM2, AKAP2, LOC101929710, TRIM66, LINC01872, TNRC6B, SOX5, RASA2

C. DOCUMENTS CONSIDERED TO BE RELEVANT

Category*	Citation of document, with indication, where appropriate, of the relevant passages	Relevant to claim No.
Y	CECIL, Joanne et al. Obesity and eating behaviour in children and adolescents: contribution of common gene polymorphisms. International Review of Psychiatry. June 2012, vol. 24, no. 3, pages 200-210 See abstract; page 201, right column, lines 1-14; page 202, right column, bottom part; page 203, left column, top part; page 203, right column, bottom part; page 205, right column, bottom part.	1-11
Y	MATHEW, Hanna et al. Role of genes in obesity. Science Open Library, Genetic Science. 18 October 2018, vol. 1, no. 2, pages 49-55 See abstract; page 50; page 51, bottom part; page 52, top part.	1-11
Y	ROZU, Zohra et al. A comparative study on characterizations of genetic recombination hotspots in PPARG gene between Kirgiz and Uygher ethnic in Xinjiang. National Medical Journal of China. 16 August 2016, vol. 96, no. 31, pages 2487-2492 See abstract.	1-11
Y	KLIMENTIDIS, Yann C. et al. High genetic-risk individuals benefit less from resistance exercise intervention. International Journal of Obesity (Lond). September 2015, vol. 39, no. 9, pages 1371-1375 See abstract; Discussion section.	1-11



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

31 MARCH 2020 (31.03.2020)

Date of mailing of the international search report

31 MARCH 2020 (31.03.2020)

Name and mailing address of the ISA/KR

Korean Intellectual Property Office
Government Complex Daejeon Building 4, 189, Cheongsu-ro, Seo-gu,
Daejeon, 35208, Republic of Korea

Facsimile No. +82-42-481-8578

Authorized officer

Telephone No.

INTERNATIONAL SEARCH REPORT

International application No.

PCT/KR2019/016257

C (Continuation). DOCUMENTS CONSIDERED TO BE RELEVANT		
Category*	Citation of document, with indication, where appropriate, of the relevant passages	Relevant to claim No.
A	DOORNWEERD, Stienke. Obesity and food reward regulation by the brain: genetic and environmental factors. Dissertation, VRIJE UNIVERSITEIT, Amsterdam, The Netherlands. 26 June 2018, ISBN 978-94-6182-894-1, pages 1-192 See the entire document.	1-11
A	KR 10-2017-0141059 A (GENOPLAN KOREA INC.) 22 December 2017 See the entire document.	1-11
A	CHAMOUN, E. et al. A review of the associations between single nucleotide polymorphisms in taste receptors, eating behaviors, and health. Critical Reviews In Food Science And Nutrition. Electronic publication on 21 July 2017, vol. 58, no. 2, pages 194-207 See abstract; pages 196-202; tables 3-7.	1-11
A	CHAMOUN, E. et al. Single Nucleotide Polymorphisms in Taste Receptor Genes Are Associated with Snacking Patterns of Preschool-Aged Children in the Guelph Family Health Study: A Pilot Study. Nutrients. 30 January 2018, vol. 10, thesis no.:153, pages 1-11, doi: 10.3390/nu10020153 See abstract; figures 1-4.	1-11

INTERNATIONAL SEARCH REPORT
Information on patent family members

International application No.

PCT/KR2019/016257

Patent document cited in search report	Publication date	Patent family member	Publication date
KR 10-2017-0141059 A	22/12/2017	None	

A. 발명이 속하는 기술분류(국제특허분류(IPC))

C12Q 1/6883(2018.01)i

B. 조사된 분야

조사된 최소문헌(국제특허분류를 기재)

C12Q 1/6883; G06F 19/22

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: 미각(taste), 선호도(preference), 단일염기다형성(SNP), 체중(weight, BMI), 비만(obesity), 식습관(eating behavior), 민감도(sensitivity), NPC1, MPC1, COL6A5, PPARG, INKA2, PAX5, LINC01212, ELAVL4, AGT, LRR53, PALM2, AKAP2, LOC101929710, TRIM66, LINC01872, TNRC6B, SOX5, RASA2

C. 관련 문헌

카테고리*	인용문헌명 및 관련 구절(해당하는 경우)의 기재	관련 청구항
Y	CECIL, JOANNE 등, "Obesity and eating behaviour in children and adolescents : contribution of common gene polymorphisms", International Review of Psychiatry, 2012.06., 24권, 3호, 200-210 페이지 abstract; 201 페이지, 오른쪽 컬럼, 1-14줄; 202 페이지, 오른쪽 컬럼 하단 - 203 페이지, 왼쪽 컬럼 상단; 203 페이지, 오른쪽 컬럼 하단; 205 페이지, 오른쪽 컬럼 하단 참조.	1-11
Y	MATHEW, HANNA 등, "Role of genes in obesity", Science Open Library, Genetic Science, 2018.10.18., 1권, 2호, 49-55 페이지 abstract; 50 페이지; 51 페이지 하단 - 52 페이지 상단 참조.	1-11
Y	ROZU, ZOHRA 등, "A comparative study on characterizations of genetic recombination hotspots in PPARG gene between Kirgiz and Uygher ethnic in Xinjiang", National Medical Journal of China, 2016.08.16., 96권, 31호, 2487-2492 페이지 abstract 참조.	1-11
Y	KLIMENTIDIS, YANN C. 등, "High genetic-risk individuals benefit less from resistance exercise intervention", International Journal of Obesity (Lond), 2015.09., 39권, 9호, 1371-1375 페이지. Abstract; Discussion 섹션 참조.	1-11

☒ 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 가진 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 03월 31일 (31.03.2020)

국제조사보고서 발송일

2020년 03월 31일 (31.03.2020)

ISA/KR의 명칭 및 우편주소



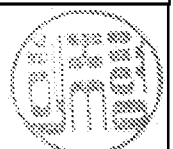
대한민국 특허청
(35208) 대전광역시 서구 청사로 189,
4동 (둔산동, 정부대전청사)

팩스 번호 +82-42-481-8578

심사관

허주형

전화번호 +82-42-481-8150



C (계속). 관련 문헌		
카테고리*	인용문헌명 및 관련 구절(해당하는 경우)의 기재	관련 청구항
A	DOORNWEERD, STIENEKE, "Obesity and food reward regulation by the brain: genetic and environmental factors", Dissertation, VRIJE UNIVERSITEIT, Amsterdam, The Netherlands, 2018.06.26., ISBN 978-94-6182-894-1, 1-192 페이지 문헌 전체 참조.	1-11
A	KR 10-2017-0141059 A (제노플랜코리아 주식회사) 2017.12.22 문헌 전체 참조.	1-11
A	CHAMOUN, E. 등, `A review of the associations between single nucleotide polymorphisms in taste receptors, eating behaviors, and health`, Critical Reviews In Food Science And Nutrition, 전자공개 2017.07.21, 58권, 2호, 페이지 194-207 초록; 페이지 196-202; 표 3-7 참조.	1-11
A	CHAMOUN, E. 등, `Single Nucleotide Polymorphisms in Taste Receptor Genes Are Associated with Snacking Patterns of Preschool-Aged Children in the Guelph Family Health Study: A Pilot Study`, Nutrients, 2018.01.30, 10권, 논문번호: 153, 페이지 1-11, doi: 10.3390/nu10020153 초록; 도면 1-4 참조.	1-11

국제조사보고서에서
인용된 특허문헌

공개일

대응특허문헌

공개일

KR 10-2017-0141059 A

2017/12/22

없음