

【公報種別】特許法第17条の2の規定による補正の掲載

【部門区分】第1部門第1区分

【発行日】平成23年9月29日(2011.9.29)

【公開番号】特開2010-263906(P2010-263906A)

【公開日】平成22年11月25日(2010.11.25)

【年通号数】公開・登録公報2010-047

【出願番号】特願2010-155397(P2010-155397)

【国際特許分類】

C 1 2 Q 1/68 (2006.01)

【F I】

C 1 2 Q 1/68 A

【手続補正書】

【提出日】平成23年8月4日(2011.8.4)

【手続補正1】

【補正対象書類名】特許請求の範囲

【補正対象項目名】全文

【補正方法】変更

【補正の内容】

【特許請求の範囲】

【請求項1】

ヒトの皮膚の健康を評価するための方法であって、

a) ミトコンドリアマンガンスーパーオキシドジスムターゼ(MnSOD)をコードする遺伝子；b) 細胞質銅／亜鉛スーパーオキシドジスムターゼ(CZSOD)をコードする遺伝子；c) カタラーゼをコードする遺伝子；d) ヒトグルタチオンペルオキシダーゼ(hGPX1)をコードする遺伝子；e) グルタチオンSトランスフェラーゼP1(GSTP1)をコードする遺伝子；f) NAD(P)H：キノン酸化還元酵素をコードする遺伝子；g) エポキシドヒドロラーゼをコードする遺伝子；h) 腫瘍壊死因子α(TNF-α)をコードする遺伝子；i) NADH／NADPHオキシダーゼp22サブユニット(phox遺伝子)をコードする遺伝子；j) 酸化窒素合成酵素をコードする遺伝子；k) シトクロムP450をコードする遺伝子；l) マトリックスメタロプロテイナーゼ1(MMP-1)をコードする遺伝子；およびm) プロフィラグリンをコードする遺伝子からなる群から選択される少なくとも2つの遺伝子において、ヒトゲノムにおける障害関連多形の発生を評価する工程を包含し、それによって任意の障害関連多形の発生が、該ヒトが、そのゲノムが任意の障害関連多形を含まないヒトより乏しい皮膚の健康を有する指標であり、そしてそれによって複数の障害関連多形の発生が、該ヒトが、そのゲノムが任意の障害関連多形を含まないヒトよりなおより乏しい皮膚の健康を有する指標である、方法。

【請求項2】

前記障害関連多形の発生が、少なくとも3つの遺伝子で評価される、請求項1に記載の方法。

【請求項3】

前記障害関連多形の発生が、少なくとも4つの遺伝子で評価される、請求項1に記載の方法。

【請求項4】

前記障害関連多形の発生が、少なくとも5つの遺伝子で評価される、請求項1に記載の方法。

【請求項5】

A) ミトコンドリアMnSODをコードするオープンリーディングフレームにおける多形；B) 細胞質CZSODをコードするオープンリーディングフレームにおける多形；C

）カタラーゼをコードする遺伝子のプロモーター領域における多形；D）hGPX1をコードするオープンリーディングフレームにおける多形；E）GSTP1をコードするオープンリーディングフレームにおける多形；F）NAD（P）H：キノン酸化還元酵素をコードするオープンリーディングフレームにおける多形；G）エポキシドヒドロラーゼをコードするオープンリーディングフレームにおける多形；H）TNF- α をコードする遺伝子のプロモーター領域における多形；I）phox遺伝子のオープンリーディングフレームにおける多形；J）酸化窒素合成酵素をコードするオープンリーディングフレームにおける多形；K）シトクロムP450をコードする遺伝子の5' 隣接配列における多形；およびL）MMP-1をコードする遺伝子のプロモーター領域における多形からなる群から選択される少なくとも2つの障害関連多形の発生を評価する工程を包含する、請求項1に記載の方法。

【請求項6】

i) ミトコンドリアMnSODのアミノ酸残基9におけるアラニンをコードするコドンの発生として表される多形；ii) ミトコンドリアMnSODのアミノ酸残基9におけるバリンをコードするコドンの発生として表される多形；iii) ミトコンドリアMnSODのアミノ酸残基58におけるイソロイシンをコードするコドンの発生として表される多形；iv) ミトコンドリアMnSODのアミノ酸残基58におけるチミンをコードするコドンの発生として表される多形；v) 細胞質CZSODのアミノ酸残基7におけるバリンをコードするコドンの発生として表される多形；vi) 細胞質CZSODのアミノ酸残基7におけるグルタミン酸をコードするコドンの発生として表される多形；vii) 細胞質CZSODのアミノ酸残基6におけるシステインをコードするコドンの発生として表される多形；viii) 細胞質CZSODのアミノ酸残基6におけるフェニルアラニンをコードするコドンの発生として表される多形；ix) カタラーゼ遺伝子のヌクレオチド残基-262におけるシトシン残基の発生として表される多形；x) カタラーゼ遺伝子のヌクレオチド残基-262におけるチミン残基の発生として表される多形；xi) hGPX1のアミノ酸残基198におけるプロリンをコードするコドンの発生として表される多形；xii) hGPX1のアミノ酸残基198におけるロイシンをコードするコドンの発生として表される多形；xiii) GSTP1のアミノ酸残基105におけるバリンをコードするコドンの発生として表される多形；xiv) GSTP1のアミノ酸残基105におけるイソロイシンをコードするコドンの発生として表される多形；xv) NAD（P）H：キノン酸化還元酵素をコードする遺伝子のヌクレオチド残基242におけるシトシン残基の発生として表される多形；xvi) NAD（P）H：キノン酸化還元酵素をコードする遺伝子のヌクレオチド残基242におけるチミン残基の発生として表される多形；xvii) エポキシドヒドロラーゼをコードする遺伝子のエキソン3におけるヌクレオチド残基113におけるチミン残基の発生として表される多形；xviii) エポキシドヒドロラーゼをコードする遺伝子のエキソン3におけるヌクレオチド残基113におけるシトシン残基の発生として表される多形；xix) TNF- α をコードする遺伝子のヌクレオチド残基-238におけるアデニン残基の発生として表される多形；xx) TNF- α をコードする遺伝子のヌクレオチド残基-308におけるアデニン残基の発生として表される多形；xxi) phox遺伝子のヌクレオチド残基242におけるシトシン残基の発生として表される多形；xxii) phox遺伝子のヌクレオチド残基242におけるチミン残基の発生として表される多形；xxiii) 酸化窒素合成酵素をコードする遺伝子のヌクレオチド残基5130と5511の間の27ヌクレオチド残基繰り返しの発生として表される多形；xxiv) 酸化窒素合成酵素をコードする遺伝子のヌクレオチド残基5130と5511の間の27ヌクレオチド残基繰り返しが発生しないとして表される多形；xxv) シトクロムP450をコードする遺伝子のヌクレオチド残基-290におけるアデニン残基の発生として表される多形（すなわち、CYP3A4シトクロムP450改変体と称される多形）；xxvi) シトクロムP450をコードする遺伝子のヌクレオチド残基-290におけるグアニン残基の発生として表される多形（すなわち、CYP3A4シトクロムP450改変体と称される多形）；xxvii) MMP-1をコードするヒト遺伝子

のヌクレオチド残基－１６０７における単一のグアニン残基の発生として表される多形；およびxxviii)MMP－１をコードするヒト遺伝子のヌクレオチド残基－１６０７における２つの連続するグアニン残基の発生として表される多形からなる群から選択される第１の多形の発生を評価する工程を包含する、請求項１に記載の方法。

【請求項７】

i)からxxviii)の少なくとも４の障害関連多形のヒトゲノムにおける発生を評価する工程を包含する、請求項６に記載の方法。

【請求項８】

i)からxxviii)の少なくとも６のヒトゲノムにおける発生を評価する工程を包含する、請求項６に記載の方法。

【請求項９】

i)からxxviii)の少なくとも１０のヒトゲノムにおける発生を評価する工程を包含する、請求項６に記載の方法。

【請求項１０】

i)からxxviii)の少なくとも１５のヒトゲノムにおける発生を評価する工程を包含する、請求項６に記載の方法。

【請求項１１】

i)からxxviii)の各々のヒトゲノムにおける発生を評価する工程を包含する、請求項６に記載の方法。

【請求項１２】

個々の障害関連多形の発生が、ヒトゲノムに由来する核酸を、前記障害関連多形と、対応する障害非関連多形とより高いストリンジェンシーでアニールする第１のヌクレオチドと接触する工程、および該第１のオリゴヌクレオチドの該障害関連および障害非関連多形とのアニーリングを鑑別するに十分なハイブリダイゼーション条件下で、該第１のオリゴヌクレオチドと該核酸とのアニーリングを評価する工程によって評価され、それによって、該第１のオリゴヌクレオチドと該核酸とのアニーリングが、ヒトゲノムが該障害関連多形を含むことの指標である、請求項１に記載の方法。

【請求項１３】

前記第１のオリゴヌクレオチドが、支持体に付着されている、請求項１２に記載の方法。

【請求項１４】

前記支持体が、それに付着した複数の異なる第１のオリゴヌクレオチドを有し、各オリゴヌクレオチドが、障害関連多形と、前記の群から選択される遺伝子の対応する障害非関連多形とより高いストリンジェンシーでアニールする、請求項１３に記載の方法。

【請求項１５】

前記支持体が、それに付着した少なくとも５の、前記障害関連多形と、前記対応する障害非関連多形とより高いストリンジェンシーでアニールする第１のオリゴヌクレオチドを有する、請求項１４に記載の方法。

【請求項１６】

前記支持体が、それに付着した少なくとも１０の、前記障害関連多形と、前記対応する障害非関連多形とより高いストリンジェンシーでアニールする第１のオリゴヌクレオチドを有する、請求項１４に記載の方法。

【請求項１７】

前記支持体が、それに付着した少なくとも１５の、前記障害関連多形と、前記対応する障害非関連多形とより高いストリンジェンシーでアニールする第１のオリゴヌクレオチドを有する、請求項１４に記載の方法。

【請求項１８】

前記第１のオリゴヌクレオチドが分子ビーコンオリゴヌクレオチドである、請求項１２に記載の方法。

【請求項１９】

個々の障害関連多形の発生が、前記核酸を、障害非関連多形と、前記障害非関連多形とより高いストリンジェンシーでアニールする第2のオリゴヌクレオチドと接触する工程、および、前記第1のオリゴヌクレオチドの前記障害関連および障害非関連多形とのアニーリングを鑑別するに十分なハイブリダイゼーション条件下での該第2のオリゴヌクレオチドと該核酸とのアニーリングを評価する工程によってさらに評価され、それによって、該第2のオリゴヌクレオチドと該核酸とのアニーリングが、前記ヒトのゲノムが、障害関連多形を含まないことの指標である、請求項12に記載の方法。

【請求項20】

前記第2のオリゴヌクレオチドが、支持体に付着されている、請求項19に記載の方法。

【請求項21】

前記第1および第2のオリゴヌクレオチドが、同じ支持体に付着されている、請求項20に記載の方法。

【請求項22】

前記第2のオリゴヌクレオチドが、分子ビーコンオリゴヌクレオチドである、請求項19に記載の方法。

【請求項23】

前記第1および第2のオリゴヌクレオチドが、スペクトル的に別個の分子ビーコンオリゴヌクレオチドである、請求項22に記載の方法。

【請求項24】

障害関連多形が前記ヒトのゲノムにおいて生じる選択された遺伝子の各々について、定数と相関係数の積を合計することによって皮膚の健康を算出する工程をさらに包含する請求項1に記載の方法であって、ここで、該相関係数が、対応する障害を示すヒトの障害関連多形についてヘテロ接合性またはホモ接合性の割合を表し、それによって該皮膚の健康スコアが、皮膚障害に対する該ヒトの相対的感受性を表す、方法。

【請求項25】

前記の同一の定数が各選択された遺伝子について用いられる、請求項24に記載の方法。

【請求項26】

発生が評価される前記障害関連多形の各々が、単一ヌクレオチド多形（SNP）である、請求項1に記載の方法。

【請求項27】

SNPの発生が、前記ヒトのゲノム由来の核酸を、該SNPに隣接する領域にその3'側で相補的であるプライマーとアニールする工程、該プライマーを、該プライマーに該SNPに相補的なヌクレオチド残基を付加するためにポリメラーゼを用いて伸長する工程、および該SNPに相補的なヌクレオチド残基の同一性を検出する工程によって評価される、請求項1に記載の方法。

【請求項28】

前記ヌクレオチド残基が、伸長不能な残基である、請求項27に記載の方法。

【請求項29】

ヒトが皮膚障害を発症する可能性を評価する方法であって、a) ミトコンドリアMnSODをコードする遺伝子；b) 細胞質CZSODをコードする遺伝子；c) カタラーゼをコードする遺伝子；d) hGPX1をコードする遺伝子；e) GSTP1をコードする遺伝子；f) NAD(P)H：キノン酸化還元酵素をコードする遺伝子；g) エポキシドヒドロラーゼをコードする遺伝子；h) TNF- α をコードする遺伝子；i) phox遺伝子；j) 酸化窒素合成酵素をコードする遺伝子；k) シトクロムP450をコードする遺伝子；l) MMP-1をコードする遺伝子；およびm) プロフィラグリンをコードする遺伝子からなる群から選択される少なくとも2つの遺伝子において、ヒトゲノムにおける障害関連多形の発生を評価する工程を包含し、それによって任意の障害関連多形の発生が、該ヒトが、そのゲノムが該障害関連多形を含まないヒトより該皮膚障害により感受性であ

る指標であり、そしてそれによって複数の障害関連多形の発生が、該ヒトが、そのゲノムが該障害関連多形を含まないヒトより該皮膚疾患に対してなおより感受性であることの指標である、方法。

【請求項 30】

A) ミトコンドリア Mn S O D をコードするオープンリーディングフレームにおける多形； B) 細胞質 C Z S O D をコードするオープンリーディングフレームにおける多形； C) カタラーゼをコードする遺伝子のプロモーター領域における多形； D) h G P X 1 をコードするオープンリーディングフレームにおける多形； E) G S T P 1 をコードするオープンリーディングフレームにおける多形； F) N A D (P) H : キノン酸化還元酵素をコードするオープンリーディングフレームにおける多形； G) エポキシドヒドロラーゼをコードするオープンリーディングフレームにおける多形； H) T N F - α をコードする遺伝子のプロモーター領域における多形； I) p h o x 遺伝子のオープンリーディングフレームにおける多形； J) 酸化窒素合成酵素をコードする遺伝子のオープンリーディングフレームにおける多形； K) シトクロム P 4 5 0 をコードする遺伝子の 5' 隣接配列における多形； および L) M M P - 1 をコードする遺伝子のプロモーター領域における多形からなる群から選択される少なくとも 2 つの障害関連多形の発生を評価する工程を包含する、請求項 29 に記載の方法。

【請求項 31】

i) ミトコンドリア Mn S O D のアミノ酸残基 9 におけるアラニンをコードするコドンの発生として表される多形； i i) ミトコンドリア Mn S O D のアミノ酸残基 9 におけるバリンをコードするコドンの発生として表される多形； i i i) ミトコンドリア Mn S O D のアミノ酸残基 58 におけるイソロイシンをコードするコドンの発生として表される多形； i v) ミトコンドリア Mn S O D のアミノ酸残基 58 におけるチミンをコードするコドンの発生として表される多形； v) 細胞質 C Z S O D のアミノ酸 7 におけるバリンをコードするコドンの発生として表される多形； v i) 細胞質 C Z S O D のアミノ酸 7 におけるグルタミン酸をコードするコドンの発生として表される多形； v i i) 細胞質 C Z S O D のアミノ酸 6 におけるシステインをコードするコドンの発生として表される多形； v i i i) 細胞質 C Z S O D のアミノ酸 6 におけるフェニルアラニンをコードするコドンの発生として表される多形； i x) カタラーゼ遺伝子のヌクレオチド残基 - 262 におけるシトシン残基の発生として表される多形； x) カタラーゼ遺伝子のヌクレオチド残基 - 262 におけるチミン残基の発生として表される多形； x i) h G P X 1 のアミノ酸残基 198 におけるプロリンをコードするコドンの発生として表される多形； x i i) h G P X 1 のアミノ酸残基 198 におけるロイシンをコードするコドンの発生として表される多形； x i i i) G S T P 1 のアミノ酸残基 105 におけるバリンをコードするコドンの発生として表される多形； x i v) G S T P 1 のアミノ酸残基 105 におけるイソロイシンをコードするコドンの発生として表される多形； x v) N A D (P) H : キノン酸化還元酵素をコードする遺伝子のヌクレオチド残基 242 におけるシトシン残基の発生として表される多形； x v i) N A D (P) H : キノン酸化還元酵素をコードする遺伝子のヌクレオチド残基 242 におけるチミン残基の発生として表される多形； x v i i) エポキシドヒドロラーゼをコードする遺伝子のエキソン 3 におけるヌクレオチド残基 113 におけるチミン残基の発生として表される多形； x v i i i) エポキシドヒドロラーゼをコードする遺伝子のエキソン 3 におけるヌクレオチド残基 113 におけるシトシン残基の発生として表される多形； x i x) T N F - α をコードする遺伝子のヌクレオチド残基 - 238 におけるアデニン残基の発生として表される多形； x x) T N F - α をコードする遺伝子のヌクレオチド残基 - 308 におけるアデニン残基の発生として表される多形； x x i) p h o x 遺伝子のヌクレオチド残基 242 におけるシトシン残基の発生として表される多形； x x i i) p h o x 遺伝子のヌクレオチド残基 242 におけるチミン残基の発生として表される多形； x x i i i) 酸化窒素合成酵素をコードする遺伝子のヌクレオチド残基 5130 と 5511 の間の 27 ヌクレオチド残基の発生として表される多形； x x i v) 酸化窒素合成酵素をコードする遺伝子のヌクレオチド残基 5130 と 5511 の間の 27 ヌクレ

オチド残基繰り返しの発生として表される多形；x x v) シトクロム P 4 5 0 をコードする遺伝子のヌクレオチド残基－2 9 0 におけるアデニン残基の発生として表される多形；x x v i) シトクロム P 4 5 0 をコードする遺伝子のヌクレオチド残基－2 9 0 におけるグアニン残基の発生として表される多形；x x v i i) MMP－1 をコードするヒト遺伝子のヌクレオチド残基－1 6 0 7 を含む部位における単一のグアニン残基の発生として表される多形；および x x v i i i) MMP－1 をコードするヒト遺伝子のヌクレオチド残基－1 6 0 7 における2つの連続するグアニン残基の発生として表される多形からなる群から選択される第1の多形の発生を評価する工程を包含する、請求項29に記載の方法。

【請求項32】

ヒトへの投与のための皮膚を保護する組成物の用量を選択するための方法であって、a) ミトコンドリア Mn S O D をコードする遺伝子；b) 細胞質 C Z S O D をコードする遺伝子；c) カタラーゼをコードする遺伝子；d) h G P X 1 をコードする遺伝子；e) G S T P 1 をコードする遺伝子；f) N A D (P) H：キノン酸化還元酵素をコードする遺伝子；g) エポキシドヒドロラーゼをコードする遺伝子；h) T N F－α をコードする遺伝子；i) p h o x 遺伝子；j) 酸化窒素合成酵素をコードする遺伝子；k) シトクロム P 4 5 0 をコードする遺伝子；l) MMP－1 をコードする遺伝子；および m) プロフィラグリンをコードする遺伝子からなる群から選択される少なくとも2つの遺伝子において、ヒトゲノムにおける障害関連多形の発生を評価する工程であって、それによって任意の障害関連多形の発生が、該組成物のより大きな用量が該ヒトに投与されるべきことの指標である工程；および該障害関連多形の発生を基に該組成物の用量を選択する工程、を包含する、方法。

【請求項33】

皮膚障害に対するヒトの相対的感受性を評価するためのキットであって、a) ミトコンドリア Mn S O D をコードする遺伝子；b) 細胞質 C Z S O D をコードする遺伝子；c) カタラーゼをコードする遺伝子；d) h G P X 1 をコードする遺伝子；e) G S T P 1 をコードする遺伝子；f) N A D (P) H：キノン酸化還元酵素をコードする遺伝子；g) エポキシドヒドロラーゼをコードする遺伝子；h) T N F－α をコードする遺伝子；i) p h o x 遺伝子；j) 酸化窒素合成酵素をコードする遺伝子；k) シトクロム P 4 5 0 をコードする遺伝子；l) MMP－1 をコードする遺伝子；および m) プロフィラグリンをコードする遺伝子からなる群から選択される少なくとも2つの遺伝子において、ヒトゲノムにおける障害関連多形の発生を評価するための試薬を含む、キット。

【請求項34】

前記試薬が、前記障害関連多形と、対応する障害非関連多形とより高いストリンジェンシーでアニールする第1のオリゴヌクレオチドを含む、請求項33に記載のキット。

【請求項35】

前記第1のオリゴヌクレオチドの各々が、支持体に付着されている、請求項34に記載のキット。

【請求項36】

前記第1のオリゴヌクレオチドの各々が、同じ支持体に付着されている、請求項35に記載のキット。

【請求項37】

前記第1のオリゴヌクレオチドの各々が、異なる支持体に付着されている、請求項35に記載のキット。

【請求項38】

前記第1のオリゴヌクレオチドが、分子ビーコンオリゴヌクレオチドである、請求項34に記載のキット。

【請求項39】

前記キットが、障害非関連多形と、対応する障害関連多形とより高いストリンジェンシーでアニールする第2のオリゴヌクレオチドをさらに含む、請求項34に記載のキット。

【請求項40】

前記第1および第2のオリゴヌクレオチドが、スペクトル的に別個の分子ビーコンオリゴヌクレオチド対である、請求項39に記載のキット。

【請求項41】

前記試薬が、前記疾患関連多形の特徴的残基に隣接する領域に相補的であるプライマーを、少なくとも該特徴的残基を増幅するために含む、請求項33に記載のキット。

【請求項42】

前記特徴的残基に相補的なヌクレオチド残基を添加することにより前記プライマーを伸長し得るポリメラーゼをさらに含む、請求項41に記載のキット。

【請求項43】

伸長不能なヌクレオチド残基をさらに含む、請求項42に記載のキット。

【請求項44】

定数および相関係数の積を表す数値を含む指示書材料をさらに含む請求項33に記載のキットであって、該相関係数が、前記対応する障害を示すヒトの障害関連多形についてヘテロ接合性またはホモ接合性の割合を表す、キット。

【請求項45】

同一の前記定数が、各選択された遺伝子について用いられる、請求項44に記載のキット。

【請求項46】

ヒトゲノムにおける、I) ミトコンドリアMnSODのアミノ酸残基9におけるアラニン残基からバリン残基への変化として表される多形；II) ミトコンドリアMnSODのアミノ酸残基58におけるイソロイシン残基からチミン残基への変化として表される多形；III) 細胞質CZSODのアミノ酸7におけるバリン残基からグルタミン酸残基への変化として表される多形；IV) 細胞質CZSODのアミノ酸6におけるシステイン残基からフェニルアラニン残基への変化として表される多形；V) カタラーゼ遺伝子のヌクレオチド残基-262におけるシトシン残基からチミン残基への変化として表される多形；VI) グルタチオンペルオキシダーゼのアミノ酸残基198におけるプロリン残基のロイシン残基への変化として表される多形；VII) グルタチオンS-トランスフェラーゼP1のアミノ酸残基105におけるバリン残基のイソロイシン残基への変化として表される、GSTP7遺伝子における多形；VIII) NAD(P)H：キノン酸化還元酵素をコードする遺伝子のヌクレオチド残基242におけるシトシン残基からチミン残基の変化として表される多形；IX) エポキシドヒドロラーゼをコードする遺伝子のエキソン3におけるヌクレオチド残基113におけるチミン残基からシトシン残基への変化として表される多形；X) TNF- α をコードする遺伝子のヌクレオチド残基-238におけるアデニン残基への変化として表される多形；XI) TNF- α をコードする遺伝子のヌクレオチド残基-308におけるアデニン残基への変化として表される多形；XII) phox遺伝子のヌクレオチド残基242におけるシトシン残基からチミン残基への変化として表される多形；XIII) 酸化窒素合成酵素をコードする遺伝子のヌクレオチド残基5130と5511の間の27ヌクレオチド残基繰り返しとして表される多形；XIV) シトクロムP450をコードする遺伝子のヌクレオチド残基-290におけるアデニン残基からグアニン残基の変化として表される多形；およびXV) MMP-1をコードするヒト遺伝子のヌクレオチド残基-1607を含む部位における2つの連続するグアニン残基の発生として表される多形からなる群から選択される少なくとも2つの多形の発生を評価するための試薬を含む、請求項33に記載のキット。

【請求項47】

ヒトが、皮膚の保護薬剤を含む栄養製品を採用すべきであることの適否を評価する方法であって、a) ミトコンドリアMnSODをコードする遺伝子；b) 細胞質CZSODをコードする遺伝子；c) カタラーゼをコードする遺伝子；d) hGPX1をコードする遺伝子；e) GSTP1をコードする遺伝子；f) NAD(P)H：キノン酸化還元酵素をコードする遺伝子；g) エポキシドヒドロラーゼをコードする遺伝子；h) TNF- α をコードする遺伝子；i) phox遺伝子；j) 酸化窒素合成酵素をコードする遺伝子

子；k) シトクロム P 4 5 0 をコードする遺伝子；l) MMP-1 をコードする遺伝子；および m) プロフィラグリンをコードする遺伝子からなる群から選択される少なくとも 2 つの遺伝子において、ヒトゲノムにおける障害関連多形の発生を評価する工程を包含し、それによって任意の障害関連多形の発生が、該ヒトが、そのゲノムが該障害関連多形を含まないヒトより該栄養製品を採用するより得策である指標であり、そしてそれによって複数の障害関連多形の発生が、該ヒトが、そのゲノムが該障害関連多形を含まないヒトより該栄養製品を採用すべきであることがなにより得策であることの指標である、方法。

【請求項 48】

栄養製品においてヒトへの投与のための皮膚の保護薬剤の用量を選択する方法であって、a) ミトコンドリア Mn S O D をコードする遺伝子；b) 細胞質 C Z S O D をコードする遺伝子；c) カタラーゼをコードする遺伝子；d) h G P X 1 をコードする遺伝子；e) G S T P 1 をコードする遺伝子；f) N A D (P) H : キノン酸化還元酵素をコードする遺伝子；g) エポキシドヒドロラーゼをコードする遺伝子；h) T N F - α をコードする遺伝子；i) p h o x 遺伝子；j) 酸化窒素合成酵素をコードする遺伝子；k) シトクロム P 4 5 0 をコードする遺伝子；l) MMP-1 をコードする遺伝子；および m) プロフィラグリンをコードする遺伝子からなる群から選択される少なくとも 2 つの遺伝子において、ヒトゲノムにおける障害関連多形の発生を評価する工程を包含し、それによって任意の障害関連多形の発生が、より多い用量の該薬剤が該栄養製品中で該ヒトに投与されるべきであることの指標である工程；および該障害関連多形の発生を基に該栄養製品のための該薬剤の用量を選択する工程を包含する、方法。