

可鑑定致肥胖風險之ESR1及PPAR γ 基因多型性標記及其方法

本院覽號

12A-980722

公告日期

智財權狀態

美國臨時案已申請、台灣(發明) I382093放棄維護

摘要

本發明以兩階段相關性研究設計及重複驗證，比對514名嚴重肥胖病例及606名正常對照之三十餘個肥胖候選基因，證實台灣漢人的病態肥胖與ESR1和PPAR γ 兩個基因高度相關，並發現了在其上預測病態肥胖的三個「單一核酸多型性，SNP」新位點。

技術優勢

文獻中所報導的ESR1和PPAR γ 位點患者的攜帶比例很低，同時在漢人肥胖中並未扮演決定性的角色。我們所發現的SNPs位點為新位點，百分之五的嚴重肥胖者同時帶有三個風險多型性，對嚴重肥胖的解釋力很高。

應用範圍

一個人若僅有一個位點帶了變異，其成為病態肥胖的風險增加約30-40%；若兩個位點帶變異其風險為兩倍；若三個位點均帶變異，其危險性超過了5倍。大約5%的病態肥胖同時帶有這三個SNPs，反之正常者僅1%帶有這三個SNPs。此項發明可用在肥胖家族成員或兒童、青少年肥胖者的病態肥胖風險評估，並可針對帶風險基因SNPs者發展個人化肥胖治療方法。

創作人

潘文涵、李威傑、陳信宏



中央研究院
ACADEMIA SINICA