

비만 관련 SNP genotype-phenotype 정보기반의 맞춤 식단음 추천

Personalized Dietary SickdanOme Recommendation based on Obesity Related SNP Genotype and Phenotype

신가희*, 이상민*, 강병철*, 장대자**, 권대영**, 김민정**, 김리량**, 김진희**, 양혜정**
(주)인실리코젠*, 한국식품연구원**

Ga-Hee Shin(ghshin@insilicogen.com)*, Sang-Min Lee(smlee@insilicogen.com)*,
Byeong-Chul Kang(bckang@insilicogen.com)*, Dai-Ja Jang(djjang@kfri.re.kr)*,
Dae Young Kwon(dyk@kfri.re.kr)*, Min-Jung Kim(mjk@kfri.re.kr)*,
Ri-Rang Kim(rrk@kfri.re.kr)*, Jin-Hee Kim(jhk@kfri.re.kr)*,
Hye Jeong Yang(yhj@kfri.re.kr)**

요약

전 세계적으로 비만인구의 증가로 인해 경제적 부담이 확대되고 있으며, 그 원인으로 육체적 활동의 감소 및 식이관리의 실패가 손꼽히고 있다. 영양성분 및 칼로리를 기반으로 한 맞춤 식단정보 제공 시스템과는 차별적으로 본 연구는 개인 맞춤형 기능성 식품을 추천하기 위해 비만 관련 SNP (single nucleotide polymorphism) 정보를 활용하였다. 본 연구를 위해 GWAS (Genome-wide association study) 분석을 수행하여 한국인 특이적인 비만 관련 SNP를 발굴하고, 이를 활용하여 유전적 정보를 입력하여 SNP genotype-phenotype 정보에 따른 맞춤 식단음을 추천하였다. 또한 USDA (The United States Department of Agriculture) 식품 정보를 활용할 수 있도록 식품 통합 Database를 구축하여 식단 추천에 적용하였다. 그 결과, 표현형 정보 BMI (Body Mass Index)는 정상 수치를 가지고 있으나, 비만 관련 SNP 정보를 가지고 있는 샘플은 유전적 비만 위험도를 나타내어 식이관리가 필요하다는 정보를 확인하였으며, 관련 식품 정보를 제공하였다. 따라서 표현형에 따른 비만에 관한 정보와 유전형 정보가 일치하는 것은 아니며, 이는 표현형적 정보만을 이용한 비만 관리 식이 추천에는 한계가 있음을 의미하며 이러한 결과는 비만외 다른 성인병들에도 적용이 필요하며 이를 위해서는 표현형-유전적 통합정보를 기반 한 맞춤식이 추천이 필요함을 나타내었다.

■ 중심어 : | 전통식품표준참조 | 시맨틱 | 식단음 | 통합데이터베이스 |

Abstract

Obesity extends the global economic burden and it causes that the failure of a reduction of physical activity, and diet management. In this work, nutritional information and personalized diet based on calorie supply system and is discriminatory utilized the obesity-related SNP information in order to recommend a personalized functional foods. This study performed a GWAS analysis for the excavation of a Korean-specific and obesity-related SNP, which utilizes genetic information were recommended by entering a personalized diet in accordance with the SNP genotype-phenotype information. In addition, we integrated Database with relation of nutrient for utilizing the USDA Food information and it was applied to recommend with Sickdanome. As a result, the obesity-related SNP information was confirmed in the sample which has the normal value BMI. In this study, we have recognized that the phenotype information related obesity, BMI is inconsistent with the SNP genotype information. This result is shown that it is necessary to provide the personalized dietary SickdanOme recommendation based on the both phenotype-genotype information.

■ keyword : | Korea Traditional Food Standard Reference | Semantics | Sickdanome | Integrated Database |

I. 서론

인간의 genome project가 완성됨에 따라, 특정 식품의 섭취와 건강관련 지수들의 상관관계를 해석하는 실마리를 찾게 되었다. 그동안 비슷한 음식을 섭취하는 경우에도 인체 내에서 나타나는 현상이 개인별로 큰 차이가 나고, 섭취하는 음식이 건강에 미치는 영향이 큰 이유에 대해 유전적으로 해석함에 따른 것이다[1-3]. 이는 개인별로 같은 음식을 섭취하여도 개인별 유전적 차이(genotype)에 따라 대사결과가 다르게 나타나기 때문이다[4].

개인별 유전적 차이에 따라 표현형적 차이를 보이는 한 예로 비만을 들 수 있으며, 일반적으로 비만은 체내 에너지가 다 소모되지 못한 잉여 에너지의 축적으로 생기는 현상이다[5]. 예를 들어, 식사량이 다른 사람들에 비해 많지 않고 꾸준히 운동함에도 불구하고 쉽게 체중이 증가하거나, 충분한 식사를 하고도 운동량이 부족한 사람이 평생 일정하게 체중을 유지하거나 늘지 않는 경우를 접할 수 있다[6]. 비만의 발생 기작에 대해서는 아직 완벽히 밝혀지지 않았지만, 비만은 유전적, 환경적, 정서적 요인 등의 복합적인 원인에 의한 것으로 알려져 있다. 특별히 최근 20-30년 내에 전 세계적으로 유병율이 증가하고 있으며[7] 우리나라도 서서히 증가하고 있는 추세이다[8]. 2010년 국민건강영양조사(Korean National Statistical Office)에 의하면 우리나라 19세 이상 성인 비만율은 30.8% (남자 36.3%, 여자 24.8%)인 것으로 조사되었다[9]. 비만은 유전적인 뿐만 아니라 식이섭취 증가와 운동량 부족과 같은 환경적 요인이 작용하고 있으므로 개인별 유전적 특이성과 식이 및 생활환경에 따른 복합적인 식이 패턴에 관한 연구는 매우 중요하다[10].

최근에는 개인의 유전자 다형성과 질환 유병율과의 상관관계를 통해 특정 영양소가 특정 질환에 관여하는 유전자들의 발현을 조절하여 질병을 예방할 수 있는 영양 치료의 가능성도 제시되고 있다[11]. 본 연구에서는 SNP(Single Nucleotide Polymorphism) 형태의 genotype과 체질량 지수(BMI) 정보를 이용한 유전형-표현형 정보 기반의 개인 맞춤 식단 (식단음, Sickdanome) 추천 시스템을 구축하고자 한다. 식단음 (SickdanOme)은 대체 가능한 음식들이 포함된 여러 가지 식단을 의미하

는 것으로, 본 연구를 통해 개발된 신개념용어이다. 또한, 시스템 내에 개인 유전체 정보를 바탕으로 비만위험도 시스템이 식품 통합 데이터 베이스와 연결되어 유전형과 관련된 식이를 추천할 수 있도록 인실리코푸드 시스템을 구성하였다(그림 1).

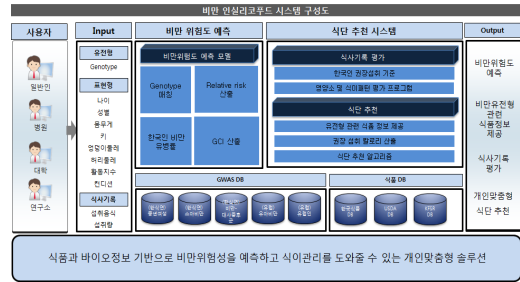


그림 1. 인실리코푸드 시스템 구성도

따라서 본 시스템은 비만위험도 예측, 비만유전형 관련 식품정보 제공, 식사기록 평가, 개인맞춤형 식단 추천 정보들을 제공함으로써 능동적인 식이관리 개인맞춤형 솔루션을 제시한 것에 의미가 있다.

II. 관련기술

1. 식단을 추천 시스템

균형 잡힌 식단정보를 추천하기 위해 2010년 개정된 한국인영양섭취기준으로 키, 몸무게 등 개인 표현형 정보를 기반 하여 연령에 따라 권장 칼로리별 식사패턴 정보를 활용하였다. 권장식사패턴은 곡류, 고기류, 채소류, 과일류, 유제품류, 유지당류 6가지 식품군별로 제공하도록 알고리즘을 개발하였으며, 이는 권장식사패턴과 한국인 영양소 섭취 기준을 조합하여 식단을 추천하도록 개발되었다. 시스템은 표현형 정보를 입력하여 권장 섭취 칼로리를 산출하고, 목표 달성 몸무게와 기간을 설정하여 체중변화 예측 모델로부터 섭취 칼로리 산출하여 권장식사패턴에 맞게 식단정보(Sikdanome)를 추천하도록 구성되었다. 그리고 유전형 정보를 입력하여 입력된 유전형 정보와 GWAS데이터 셋을 비교하여 비만위험도를 계산하고, 입력된 개인 SNP와 관련된 유

전자, 대사물질, 음식 정보들을 KFSR DB를 통해 검색 가능하도록 시스템을 구축하였다.

2. 비만위험도 계산 시스템

개인 유전형 기반의 비만 위험도 계산 프로그램을 개발하였으며, 이를 이용하여 NHGRI (National Human Genome Research Institute) DB내 비만관련 SNP 정보와 본 연구 참여기관에서 수행한 연구결과인 비만형질 (BMR, BMI) 데이터셋을 비교하여 비만 위험도를 계산하였다. 비만위험도 계산을 위해 확률적으로 정확한 계산을 나타내는 각 좌위별 RR(Relative Risk)를 구하여, Odds ratio를 RR로 변환함으로써 특정 형질에 영향이 있는 전체 좌위에 대한 상대 위험도를 계산한 GCI (genetic composition index) score를 산출하였다. 각 좌위별 Odds ratio를 RR(Relative Risk)로 변환하기 위해서는 전체 유전좌위의 상대위험도 점수 산출이 필요하므로 <식1>과 같은 계산과정을 통해 Odds ratio를 RR로 변환하였다. GCI 값은 한 개인의 전체 SNP좌위에 대한 하나의 형질과의 관련성을 점수로 RR값 multiplicative model 계산법을 적용하였다[12]. 본 시스템에서는 전체 GWAS 데이터의 odds ratio값을 이용하여 전체 좌위에 대한 GCI값 계산하여 비만위험도로 산출하였다<식1>.

$$RR = \frac{OR}{1 - Rc + (Rc \times OR)} \quad Rc: prevalence$$

$$p(D) = f_{RR}P(D|RR) + f_{RN}P(D|RN) + f_{NN}P(D|NN)$$

$$\rightarrow \frac{p(D)}{p(D|NN)} = f_{RR}\lambda_{RR} + f_{RN}\lambda + f_{NN} = \sum f_i\lambda_i$$

$$\rightarrow \frac{\lambda_{RR}}{\sum f_i\lambda_i} = \frac{\lambda_{RR}P(D|NN)}{P(D)} = \frac{P(D|RR)}{P(D)}$$

D: Disease
R: risk allele
N: non risk allele
λ: relative risk
f: genotype frequency

$$\rightarrow GCI(g_1, \dots, g_k) = \prod_{i=1}^k \lambda_{gi}^i$$

식 1. GCI 계산과정

이는 높은 GCI score는 하나의 질병에 대해 위험도가 높다고 추정함을 의미한다. 본 논문에서 GCI값 1.0~2.0은 정상범위로 간주하고, 2.0이상인 경우는 비만으로 평

가하였다.

3. 식품통합 DB 검색 시스템

국내 비만인구의 증가에도 불구하고 현재까지 비만 관련 식품DB를 제공하지 못하고 있으므로 비만관련 식품-식재료-영양성분 DB 구축과 기존에 구축되어진 식품 기능/영양 DB를 통합하여 신뢰성 있는 DB 구축이 필요하다. 따라서 본 연구에서는 식품, 오믹스, 질병 등 공개 데이터베이스를 통합하여 온톨로지 정보를 함께 제공하는 식품 통합 DB 시스템을 구축하였다. USDA 식품 영양성분 (SR24), 식품 생리 활성 물질 및 영양성분 효능 정보를 텍스트 마이닝 기법을 통해 정보를 추출하고, 데이터 모델링을 수행하였다. 식품 통합 DB에는 총 1,500만 건의 단일 노트정보와 2,700만 건의 관계 정보가 포함되어 있으며, 비만 위험도 계산 산출값에 따라 개인별로 관련된 비만 마커 SNP좌위들은 식품통합 DB와 연동되어 유전자, 대사물질, 식품정보들을 검색가능하도록 개발되었다[그림 2].

식품통합DB

한국식품연구원 대사체 DB 한국식품연구원 오믹스 DB

식품통합 DB 검색 Gene 검색

식품통합 DB 세부검색 Metabolite 검색

검색 결과: 15,054건, 페이지: 1 / 총 1,506

NO.	SNP	Gene	Metabolite	Food	Reference
1	rs138816296	PAH	L-Tyrosine	사료의 알미노	pmid:None
2	rs188008462	PAH	L-Tyrosine	사료의 알미노	pmid:None
3	rs6115764	PAH	L-Tyrosine	사료의 알미노	pmid:None
4	rs148954939	PAH	L-Tyrosine	사료의 알미노	pmid:None
5	rs6051545	PAH	L-Tyrosine	사료의 알미노	pmid:None
6	rs201761723	PAH	L-Tyrosine	사료의 알미노	pmid:None
7	rs201358730	PAH	L-Tyrosine	사료의 알미노	pmid:None
8	rs200434347	PAH	L-Tyrosine	사료의 알미노	pmid:None
9	rs61729220	PAH	L-Tyrosine	사료의 알미노	pmid:None
10	rs115742898	PAH	L-Tyrosine	사료의 알미노	pmid:None

< 1 2 3 4 5 >

그림 2. 식품 통합 DB 검색결과

4. 유전형-표현형 정보를 이용한 개인 맞춤 식단을 추천 시스템

개인 유전형 기반의 비만 위험도 모델을 기반으로 NHGRI GWAS 데이터 셋[13][14]을 비롯하여 한국식품연구원 GWAS 데이터 셋 [15][16] 3종을 포함한 6종의 비만 형질관련 SNP정보를 DB화 하였다. 데이터베이스는 한국인 20대 여성 77명을 대상으로 비만과 SNP 간의 상관관계를 연구한 GWAS 데이터, 소아비만 118명 대상 GWAS데이터, 비만/대사증후군 표현형을 가

지는 1,332명의 GWAS데이터, 그 외 공개 GWAS 데이터셋이 통합되어 있다.

유전형 정보는 23andMe genome 분석 툴을 이용한 분석 결과를 활용하였으며, 유전정보는 비만 위험도 모델 시스템을 통해 GCI 값을 산출하여, 관련 SNP 정보를 제공하였다. 개인별 비만 관련 SNP는 식품 통합 DB와 연동되어 유전자, 대사물질, 관련 식품정보를 지원하여 입력된 개인유전정보와 관련된 식품정보를 검색하였다. 또한, 키, 몸무게, 허리둘레, 엉덩이둘레 정보를 입력하여 목표 칼로리를 기반으로 5대 영양소의 균형 잡힌 식단을 제공하여 개인 맞춤 식단을 선택할 수 있도록 정보를 제공하였다.

III. 성능평가

1. 샘플

시스템의 성능 평가를 위해 서로 다른 사람의 유전형 정보를 입력하여 적절한 식품정보를 추천받기 위해 한국식품연구원 내 5명의 연구원의 타액을 이용하여 23andMe Genome 분석을 수행하였으며, 샘플 정보는 [Table 1]에 나타내었다. 분석된 개인 유전형 정보를 본 시스템의 비만위험도 프로그램에 적용하여 GCI값을 산출하였으며, 표현형에 따른 겉보기 비만의 정도와 유전적 요인에 의한 비만 정도를 비교하였다.

Table 1. 샘플 정보

No.	연령대	성별	BMI
S1	20~30	여	20
S2	20~30	여	19
S3	30~40	여	22
S4	40~50	여	32
S5	50~60	남	24

2. 성능결과

키, 몸무게 정보를 이용하여 BMI 지수에 따른 겉보기 비만의 정도를 분석하고, 각 샘플별 분석된 유전정보로 유전적 비만위험도를 비교하였다. BMI 정상 범위에 속하는 (S1) BMI 20, (S2)BMI 19인 두 개의 샘플의 유전적 요인에 의한 비만 위험가능성을 계산한 결과,

표현형적으로는 정상범위의 BMI값을 가지고 있으나, 유전적인 비만수치인 GCI의 값은 각각 차별적인 값이 (S1: 5.26032, S2: 1.22453) 계산되었다[그림 3-5]. 즉, BMI상으로는 정상범위에 속하지만, 유전적인 부분에서는 S1 샘플이 유전적으로 향후 비만이 될 가능성을 제시하는 결과를 보여주었다. S1은 5개의 마커 SNP좌위에서 비만 상대위험도(Relative Risk)를 나타내었으며, S2는 4개 마커 SNP좌위에서 비만 상대위험도를 나타내었다. 또한 동일한 마커 SNP 좌위라 할지라도 상대위험도가 다르게 계산되었으며, 이는 유사한 겉보기의 비만정도를 가지고 있다 할지라도, 유전적으로 각 개인별로 다양한 성향을 특성을 가지고 있음을 의미하므로, 개인적 맞춤식이나 비만정도를 확인하기 위해서는 유전적 분석도구 또한 필요한 부분임을 나타내다.

그림 3. Obesity Risk Calculator 입력화면

이러한 비만 위험도 예측결과들을 통해 나온 비만 마커 SNP 좌위들은 식품 통합 DB와 연동하여 유전자, 대사물질, 식품정보를 포함한 관련 SNP와의 네트워크를 가지고 있는 식품 정보를 추출하였다. 유전형 정보에 따른 관련 식품 정보뿐만 아니라, 표현형에 따라 5대 영양소 및 칼로리 기반의 식단음도 추천하여 제공하였다[그림 6]. 표현형 기반

해주는 서비스 시장이 확대되고 있으므로 향후 SNPs 검사를 통한 개인의 질환 유병률을 진단하고 특정 기능성식품을 추천하여 판매하는 서비스 시장도 확대될 것이다.

참 고 문 헌

- [1] M. A. Roberts, D. M. Mutch, and J. B. German, "Genomics: food and nutrition," *Current Opinion in Biotechnology*, Vol.12, No.5, pp.516-522, 2001.
- [2] E. J. Schiffrin and S. Blum, "Food Processing: probiotic microorganisms for beneficial foods," *Current Opinion in Biotechnology*, Vol.12, No.5, pp.499-502, 2001.
- [3] C. T. Verrips, M. M. C. G. Warmoeskerken, and J. A. Post, "General introduction to the importance of genomics in food biotechnology and nutrition," *Current Opinion in Biotechnology*, Vol.12, No.5, pp.483-487, 2001.
- [4] Z. David, K. Tal, Z. Niv, I. David, R. Daphna, W. Adina, B.-Y. Orly, L. Dar, A.-S. Tali, L.-P. Maya, S. Jotham, A. M. Jemal, M. Elad, M. Gal Malka, K. Noa, R. Michal, Z.-S. Gili, D. Lenka, P.-F. Meirav, B. Rony, H. Zamir, E. Eran, and S. Eran, "Personalized Nutrition by Prediction of Glycemic Response," *Cell*, Vol.163, No.5, pp.1079-1094, 2015.
- [5] R. J. Kuczmarski, K. M. Flegal, S. M. Campbell, and C. L. Johnson, "Increasing prevalence of overweight among US adults : The National Health and Nutrition Examination Surveys, 1960 to 1991," *JAMA*, Vol.272, No.3, pp.205-211, 1994.
- [6] N. E. A. Gaboon, "Nutritional genomics and personalized diet," *The Egyptian Journal of Medical Human Genetics*, Vol.12, No.1, pp.1-7, 2001.
- [7] P. G. Kopelman, "Obesity as a medical problem," *Nature*, Vol.404, pp.635-643, 2000.
- [8] J. S. Lee, K. Kawakubo, C. M. Park, and A. Akabayashi, "Rapidly increasing prevalence of obesity and their confident determinants in Korea," *Korean J Health Educ Promot*, Vol.23, No.5, pp.1-11, 2006.
- [9] Korean National Statistical Office, *The statistics of life table*, 2010.
- [10] B. H. Choi, J. B. Kim, and M. S. Do, "Current Trends in Nutrigenomics," *J Korean Soc Food Sci Nutr*, Vol.34, No.10, pp.1642-1654, 2005.
- [11] L. AFMAN and M. MÜLLER, "Nutrigenomics: From Molecular Nutrition to Prevention of Disease," *Journal of the Academy of Nutrition and Dietetics*, Vol.106, No.4, pp.569-576, 2006.
- [12] B. Padhukasahasram, E. Halperin, J. Wessel, D. J. Thomas, E. Silver, H. Trumbower, M. Cargill, and D. A. Stephan, "Presymptomatic Risk Assessment for Chronic Non-Communicable Diseases," *PlosOne*, Vol.5, No.12, p.e14338, 2010.
- [13] Sonja I. Berndt, Stefan Gustafsson, Reedik Mägi, Andrea Ganna, Eleanor Wheeler, Mary F. Feitosa, Anne E. Justice, Keri L. Monda, Damien C Croteau-Chonka, Felix R Day, Tõnu Esko, Tove Fall, Teresa Ferreira, Davide Gentilini, Anne U Jackson, Jian'an Luan, Joshua C Randall, Sailaja Vedantam, Cristen J Willer, Thomas W Winkler, Andrew R Wood, Tsegaselassie Workalemahu, Yi-Juan Hu, Sang Hong Lee, and Liming Liang, "Genome-wide meta-analysis identifies 11 new loci for anthropocentric traits and provides insights into genetic architecture," *Nat Genet*, Vol.45, No.5, pp.501-512, 2013.
- [14] E. Wheeler, N. Huang, E. Bochukova, J. M. Keogh, S. Lindsay, S. Garg, E. Henning, H. Blackburn, R. J. F. Loos, N. J. Wareham, S. O'Rahilly, M. E. Hurles, I. Barroso, and I. Sadaf Farooqi, "Genome-wide SNP and CNV analysis identifies common and low-frequency variants associated with severe early-onset obesity," *Nat*

Genet, Vol.45, No.5, pp.513-517, 2013.

- [15] M. S. Lee, D. Y. Kwon, M. S. Kim, C. R. Choi, M. Y. Park, and A. J. Kim, "Genome-wide association study for the interaction between BMR and BMI in obese Korean women including overweight," *Nutr Res Pract.*, Vol.10, No.1, pp.115-124, 2016.
- [16] J. R. Choi, I. S. Kwon, D. Y. Kwon, M. S. Kim, and M. S. Lee, "TT Mutant Homozygote of Kruppel-like Factor 5 Is a Key Factor for Increasing Basal Metabolic Rate and Resting Metabolic Rate in Korean Elementary School Children," *Genomics Inform.*, Vol.11, No.4, pp.263-271, 2013.
- [17] 김규아, 박만곤, "A Study on the U-Healthcare Service System for Obesity Patients," 2010년도 추계학술발표논문집, pp.720-722, 2010.
- [18] 김경훈, 송영재, "A Design of Prescription management System using Network Analysis Technique," *한국콘텐츠학회논문지*, 제11권, 제12호, pp.112-121, 2011.
- [19] J. B. German, A. M. Zivkovic, D. C. Dallas, and J. T. Smilowitz, "Nutrigenomics and Personalized Diets: What Will They Mean for Food?," *Annu Rev Food Sci Technol.*, Vol.2, pp.97-123, 2011.
- [20] M. Barnett, W. Young, J. Cooney, and N. Roy, "Metabolomics and Proteomics, and What to Do with All These 'Omes': Insights from Nutrigenomic Investigations in New Zealand," *J Nutrient Nutrigenomics*, Vol.7, pp.274-282, 2014.

저 자 소 개

신 가 희(Ga-Hee Shin)

정회원



- 2008년 6월 ~ 현재 : 인실리코젠 책임연구원
- 2008년 10월 : 베를린공과대학교 생명공학과(공학박사)
- 2004년 4월 : 베를린공과대학교 생명공학과(Dipl.Ing)

▪ 1997년 2월 : 동서대학교 식품공학과(공학사)

<관심분야> : 분자생물, Omics 정보, 생물공정

이 상 민(Sang-Min Lee)

정회원



- 2013년 12월 ~ 현재 : 인실리코젠 주임연구원
- 2013년 12월 : 동국대학교 생명과학과(박사수료)
- 2011년 2월 : 경희대학교 기초과학과(석사졸업)

▪ 2009년 2월 : 대구외국어대학교 생명과학과(공학사)

<관심분야> : 분자생물, Omics 정보, 독성학

강 병 철(Byeong-Chul Kang)

정회원



- 2006년 2월 ~ 현재 : 인실리코젠 R&D 연구소장
- 2004년 8월 : 부산대학교 생물정보학과(공학박사)
- 1998년 2월 : 부경대학교 기계공학과(공학석사)

▪ 1996년 2월 : 부경대학교 기계공학과(공학사)

<관심분야> : 생물정보, Omics 정보, 시맨틱 DB

장 대 자(Dai-Ja Jang)

정회원

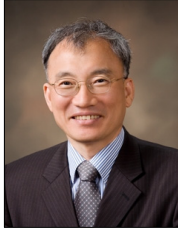


- 1989년 12월 ~ 현재 : 한국식품연구원 책임연구원
- 1986년 2월 : 건국대학교 농산물가공학과(농학석사)
- 2004년 2월 : 건국대학교 응용생물화학과(이학박사)

<관심분야> : 전통식품 콘텐츠 개발, 생물정보

권 대 영(Dae Young Kwon)

정회원



- 1988년 5월 ~ 현재 : 한국식품 연구원 책임연구원
- 1986년 2월 : KAIST 식품공학과(이학박사)
- 1983년 2월 : KAIST 식품공학과(이학석사)

▪ 1981년 2월 : 서울대학교 식품공학과(농학사)
<관심분야> : 기능성식품, 생물정보

양 혜 정(Hye Jeong Yang)

정회원



- 1995년 2월 ~ 현재 : 한국식품 연구원 선임연구원
- 1995년 2월 : 서울여자대학교 식품과학과(이학석사)
- 1993년 2월 : 서울여자대학교 식품과학과(이학사)

<관심분야> : Nutrigenomics, 기능성식품

김 민 정(Min-Jung Kim)

정회원



- 1995년 5월 ~ 현재 : 한국식품 연구원 연구원
- 2015년 2월 : 용인대학교 식품영양학과(이학박사)
- 2001년 2월 : 용인대학교 식품영양학과(이학석사)

▪ 1999년 2월 : 용인대학교 식품영양학과(이학사)
<관심분야> : 대사체학, 기능성식품

김 리 랑(Ri-Rang Kim)

정회원



- 2012년 10월 ~ 현재 : 한국식품 연구원 연구원
- 2012년 2월 : 신한대학교 식품영양학과(이학사)

<관심분야> : 기능성식품, 전통식품인증

김 진 희(Jin-Hee Kim)

정회원



- 2005년 10월 ~ 현재 : 한국식품 연구원 연구원
- 2005년 2월 : 용인대학교 식품영양학(이학석사)
- 2003년 2월 : 용인대학교 식품영양학(이학사)

<관심분야> : 대사체학, 기능성식품