



국제엠바고를 준수하여 주시기 바랍니다  
2020. 9.29.(화), 00:00 이후 보도하여 주시기 바랍니다.

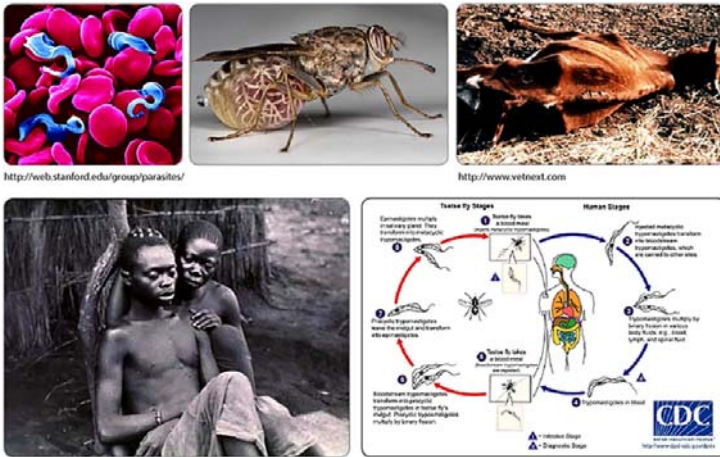
문의 : 담당자 연락처(02-880-4822)  
연구단장/연구책임자 김희발 교수(02-880-4803) / 교신저자

## 아프리카소 진화의 비밀 국내연구진 풀어, 유전학 최고 권위지 표지논문 선정

- 서울대 김희발 교수팀과 (주) 조앤김지노믹스는 아프리카와 유럽 6개국이 참여한 아프리카소 진화 유전체 연구를 8년간 주도하여 유전학 최고의 권위지 네이처 지네틱스에 9월 28일 (영국시간 오후 4시) 온라인으로 발표하였다. 본 논문은 네이처 지네틱스 10월호 표지 논문으로 선정되었다.
- 아프리카는 면적과 인구에서 아시아 다음으로 큰 대륙이다. 아프리카 문명의 역사는 4억 마리 가까운 아프리카소의 진화와 적응의 역사라고 해도 과언이 아니다. 12억 인구에서 3명당 1마리의 소를 가지고 있는 셈이다.
- 1,300여년전 인디커스 품종의 소가 유입되며 약 10,000년 전부터 고대 이집트 수단 등에 존재하던 타우러스 품종의 소와 폭발적인 유전적 혼합을 통해 광범위한 유목의 문명이 진행되었다.
- 이를 통해 아프리카 전역의 다양한 식생과 기후 그리고 질병에 적응하게 되고 그 결과로 아프리카에는 150여개의 토착 품종이 형성되었다.
- 아프리카소의 진화와 토착 품종의 형성은 진화연구에서 가장 역동적이라고 추정되었으나 그 과정은 베일에 싸여있었다. 본 연구진은 아프리카 야생 물소를 비롯한 대표 토착 16개 품종을 포함한 45개 품종 330여 마리의 유전체를 분석하여 그동안 풀지 못했던 아프리카소의 진화와 적응의 역사를 해독하였다.
- 분석의 결과 타우러스 품종과 인디커스 품종이 약 750-1,050년 전에 아프리카의 뿔

지역에서 (소말리아, 에리트레아, 에티오피아, 지부티가 속한 동아프리카 지역) 유전적으로 혼합되고 이후 아프리카 전역으로 퍼진 것으로 보고하고 있다.

- 아프리카소가 아프리카인들의 인구수와 같이 증가하면서 인수공통 전염병의 위험도 커지게 되었다. 이 중에서 사하라 사막 이남의 아프리카에 존재하는 흡혈 체체파리는



는 수면병의 원인균을 인간과 동물에 전달하고 죽음에 이르게 한다. 아프리카 토착품종 중에서 체체벨트(흡혈파리가 존재하는 중부 아프리카 지역)에서 오랫동안 적응 진화해온 앤다마 품종의 유전체 진화 분석을 통하여 수면병에 견디

어 내는 유전인자를 규명하였다. 또한 면역과 번식 그리고 열 저항성에 관여하는 유전자도 보고 하였다.

- 코로나19의 대유행을 통해서 보듯이 인수공통 전염병에서 동물이나 인간이 병원인자의 숙주로서 진화해온 것이 냉전시대의 군비확장경쟁과 비슷하고 숙주의 적응 진화가 유전체에 기록되어 있는 것을 생각하면 시사하는 바가 크다 할 수 있다.
- 본 연구는 아프리카 토착소 품종 150여개 중에서 가장 중요한 16개 품종을 분석하였으며 이는 주요한 경제형질과 관련된 유전인자를 규명하는 기본틀을 제공하고 인수공통 전염병을 극복하는 중요한 기초자료로 이용될 것이다.
- 본 연구는 농촌진흥청 차세대 바이오그린21 사업 (세부과제번호: PJ01323701)의 지원에 의해 주로 이루어졌다.
- 참여국가 및 기관: 대한민국 (서울대학교, (주) 조앤김지노믹스, 농촌진흥청 축산과학원, 전북대학교, 경상대학교), 에티오피아 (국제축산연구소, Bahir Dar 대학교), 케냐 (국제축산연구소), 수단 (Khartoum 대학교), 스웨덴 (스웨덴 농업과학 대학교), 영국 (Edinburgh 대학교, Nottingham 대학교)

[붙임] 1. 연구결과 2. 연구자 이력사항

# 연구 결과

DispatchDate: 12.09.2020 · ProofNo: 694, p.1

nature  
genetics

ARTICLES

<https://doi.org/10.1038/s41588-020-0694-2>

Check for updates

## The mosaic genome of indigenous African cattle as a unique genetic resource for African pastoralism

Kwondo Kim<sup>1,2</sup>, Taehyung Kwon<sup>1</sup>, Tadelles Dessie<sup>3</sup>, DongAhn Yoo<sup>4</sup>, Okeyo Ally Mwai<sup>5</sup>, Jisung Jang<sup>4</sup>, Samsun Sung<sup>2</sup>, SaetByeol Lee<sup>2</sup>, Bashir Salim<sup>6</sup>, Jaehoon Jung<sup>1</sup>, Heesu Jeong<sup>4</sup>, Getinet Mekuriaw Tarekegn<sup>7,8</sup>, Abdulfatai Tijjani<sup>3,9</sup>, Dajeong Lim<sup>10</sup>, Seoae Cho<sup>2</sup>, Sung Jong Oh<sup>11</sup>, Hak-Kyo Lee<sup>12</sup>, Jaemin Kim<sup>13</sup>, Choongwon Jeong<sup>14</sup>, Stephen Kemp<sup>5,9</sup>, Olivier Hanotte<sup>3,9,15</sup> and Heebal Kim<sup>1,2,4</sup>

Cattle pastoralism plays a central role in human livelihood in Africa. However, the genetic history of its success remains unknown. Here, through whole-genome sequence analysis of 172 indigenous African cattle from 16 breeds representative of the main cattle groups, we identify a major taurine × indicine cattle admixture event dated to circa 750–1,050 yr ago, which has shaped the genome of today's cattle in the Horn of Africa. We identify 16 loci linked to African environmental adaptations across crossbred animals showing an excess of taurine or indicine ancestry. These include immune-, heat tolerance- and reproduction-related genes. Moreover, we identify one highly divergent locus in African taurine cattle, which is putatively linked to trypanotolerance and present in crossbred cattle living in trypanosomosis-infested areas. Our findings indicate that a combination of past taurine and recent indicine admixture-derived genetic resources is at the root of the present success of African pastoralism.

(2020년 8월 18일, Nature Genetics Accept 됨)

The mosaic genome of indigenous African cattle as a unique genetic resource for African pastoralism

본 연구는 아프리카 대륙 토착 소의 진화적 역사를 해석하는데 그 목적이 있다. 아프리카 대륙 고유 특징을 보유한 토착 소 유전체가 현재의 상태에 이르기까지 아프리카 대륙의 역사적 사건들을 수백의 유전체 자료 분석을 통하여 확인하였다. 진화적 분석을 통하여 기존에 제시된 가설인 인디커스 품종의 대규모 유입을 확인하였고, 더 세부적으로는 질병 저항, 열저항, 생식 등의 기능과 관련된 유전자의 유입을 확인하였으며 유용 유전자원으로서 확보하였다. 이를 통해 토착 소 유전체의 혼합이 아프리카 대륙에서의 생존을 위하여 중요한 역할을 하였다는 점을 보였고 아프리카

라는 특수한 환경에서의 진화를 보여주었다. 또한, 본 연구는 대규모적이면서 양질의 유전체 자료 생산을 통해 진화 유전체 연구에 높은 활용도를 가진 자료를 확보하였으며, 현재 생산성 향상을 위해 진행되고 있는 무분별한 육종에 의해 사라지고 있는 아프리카 토착 품종의 유전체 자료를 후대에 남기는 면에도 의의가 있다.

# 연구자 이력사항 (김희발 교수)

## 1. 인적사항

- 소속 : 서울대학교 농생명공학부 교수
- 전화 : 02-880-4803
- E-mail : [heebal@snu.ac.kr](mailto:heebal@snu.ac.kr)

## 2. 학력

- 1991 서울대학교 축산학 학사
- 1997 서울대학교 동물유전학 석사
- 2003 Univ. of Delaware 컴퓨터정보학 박사
- 2003 Univ. of Delaware 동물유전체학 박사

## 3. 경력사항

- 1996 - 2004 농촌진흥청 분자유전연구 연구사
- 2003 - 2004 미국 Rockefeller University 박사후 연구원
- 2006 - 2007 바이오그린 동물유전체 사업단 단장
- 2004 - 2005 서울대학교 농생대 전임강사
- 2006 - 2009 서울대학교 농생대 조교수
- 2010 - 2015 서울대학교 농생대 부교수
- 2013 - 현재 서울대학교 자연대 생물정보학 운영위원
- 2015 - 현재 서울대학교 농생대 교수