

# 보도자료



보도일시	즉시 보도 가능
	2023. 9. 11.(월)
문의	연구책임자 김희발 교수(02-880-4822) / 교신저자
	장지성 연구원 / 제1저자

## 한우 고품질 표준유전체 조립 및 소 (*Bos taurus*) Pangenome 구축

### ■ 요약

연구 필요성	한우를 포함한 아시아 소 ( <i>Bos taurus</i> )의 경우 공개된 표준 유전체가 없었다. 서울대학교 김희발 교수팀은 척추동물 유전체 프로젝트(Vertebrate genome project, 이하 'VGP')의 일원으로서 축적된 표준유전체 연구 경험을 바탕으로, 이후 한우 유전체 연구의 기반이 될 고품질 표준유전체 자료를 제공하고자 하였다.
연구성과/ 기대효과	서울대학교 김희발 교수팀은 Asian <i>Bos taurus</i> 중에서는 최초로 한우의 고품질 표준유전체를 구축하여 공개하였으며, 현존하는 소 고품질 표준유전체 14개를 모두 모아 Pangenome을 구축하였으며, 구조변이 (Structural variation) 연구의 기반을 마련하였다.

### ■ 본문

□ 서울대학교 김희발 교수팀은 Asian *Bos taurus* 중에서는 최초로 한우의 표준유전체를 고품질로 조립하였으며, 현존하는 모든 고품질 표준유전체 14개를 모아 다양한 품종의 구조변이 정보를 포함하는 Pangenome을 구축하였다. 이를 유전체 분야 권위지인 사이언티픽 데이터 (Scientific Data, Impact factor 8.501)에 2023년 8월 23일에 게재하였다.

□ 연구팀은 서울대학교 평창캠퍼스의 농업생명과학대학 목장에서 키운 한우 거세우 개체를 도축하여 PacBio Hifi, Isoform, Illumina RNA 시퀀싱 등의 기술을 이용하여 염색체 수준 고품질 표준 유전체 조립과 Protein annotation을 수행하였다. 조립된 유전체는 contig N50이 55 Mb 이상, scaffold N50이 89 Mb 이상이며, BUSCO 점수로 측정한 완성도는 95.8%로 고품질임을 확인하였다. 한우 유전체의 48.7%는 DNAs, tandem repeats, long interspersed nuclear elements, simple repeats 등 다양한 반복 요소 또한 확인하였다. 총 27,314개의 단백질 코딩 유전자가 발견되었으며, 그 중 25,302개는 유전자 이름이 추론된 단백질이었다.

□ 연구팀은 한우를 포함한 14종 Bos taurus의 Pangenome 그래프를 구축하였다. 세계 각지의 다양한 품종을 대표하는 것들로 연구팀이 최초로 구축한 한우에, Hereford, Angus, Brown Swiss, Highland, Holstein, Jersey, Original Braunvieh, Piedmontese, Simmental, Brahman, Nellore, N'Dama, Ankole 을 더하여 구축하였다. Pangenome 그래프를 통해 14종 Bos taurus 자동 염색체에서 총 528.47 Mb의 Non-reference 영역과 61.87 Mb의 한우 특이 영역을 확인하였다.

#### □ 연구결과

- 염색체 수준 고품질 한우 유전체 조립과 14품종의 Pangenome 그래프는 Bos taurus 종의 연구에 귀중한 자료가 될 것이며, 모든 자료는 발표된 논문을 통해 활용이 가능하도록 공개되었다.

#### □ 용어설명

- Pangenome 이란, 여러 종이나 개체의 유전체를 하나로 표현하는 방법으로, 유전체 간의 차이와 공통된 영역을 쉽게 파악할 수 있다. 기존의 단일 참조유전체 기반에서는 확인이 어렵던 구조변이를 포함하여, 유전체들 간의 공통적인 영역과 차이가 나는 영역을 동시에 확인하고 시각화할 수 있다는 장점이 있다.