



닭 정자난자 모태 세포 유도하는 핵심 열쇠 찾았다.

- 체세포를 원시생식세포로 유도하는 핵심 조절인자 10종 발굴
- 원시생식세포 유전자 작동을 눈으로 확인하는 형광 추적 기술 개발
- 가금 유전자원 보존 및 고부가가치 신품종 연구 기반 마련

농촌진흥청(청장 이승돈)은 닭 체세포에서 원시생식세포의 특징을 나타내는 유전자가 작동하도록 하는 핵심 조절인자를 밝히고, 이를 형광으로 확인할 수 있는 추적 기술을 개발했다고 밝혔다.

원시생식세포는 초기 배아 발달 단계에 나타나며, 성장하면서 정자와 난자로 분화하는 세포이다.

원시생식세포는 일반 체세포와 달리 DAZL, DDX4와 같은 생식세포 관련 유전자를 발현하는 특징이 있다. 그러나 어떤 전사인자(유전자의 작동을 조절하는 단백질)가 이러한 유전자들의 발현을 조절하는지는 아직 명확히 밝혀지지 않았다.

연구진은 원시생식세포 관련 유전자를 조절하는 핵심 전사인자를 찾기 위해 대규모 유전자 정보를 분석해 후보 전사인자 10종*을 선발했다. 이어 유전자가위(CRISPR/Cas9) 기술을 이용해 생식세포 관련 유전자인 DAZL이 발현되면 형광이 나타나는 추적 세포를 개발했다.

*선발 전사인자(10종): NANOG, POUV, SOX2, LIN28A, Blimp1 (PRDM1), TFAP2C, PRDM14, HNF4A, OTX2, CDX2

연구 결과, 선발한 전사인자를 도입한 체세포에서는 DAZL 유전자가 발현

되면서 형광이 나타났다. 또한, 원시생식세포의 특징을 보여주는 유전자와 단백질도 함께 확인됐다. 이를 통해 연구진은 선발한 전사인자들이 원시생식세포 관련 유전자 발현을 조절하는 데 중요한 역할을 한다는 사실을 증명했다.

이번 연구는 닭에서 원시생식세포 유도 과정을 정밀하게 연구할 수 있는 기반을 마련했다는 점에서 큰 의미가 있다. 앞으로 원시생식세포 유도 원리를 명확히 구명하고, 차세대 가금 생명공학 연구를 위한 연구 플랫폼으로 광범위하게 활용될 것으로 기대된다.

이 연구 성과는 축산 분야 국제학술지 「Animal Bioscience」 저널*에 게재됐고, 관련 기술은 특허** 등록을 완료했다.

* 논문게재: '26.1. (Impact factor: 2.5)

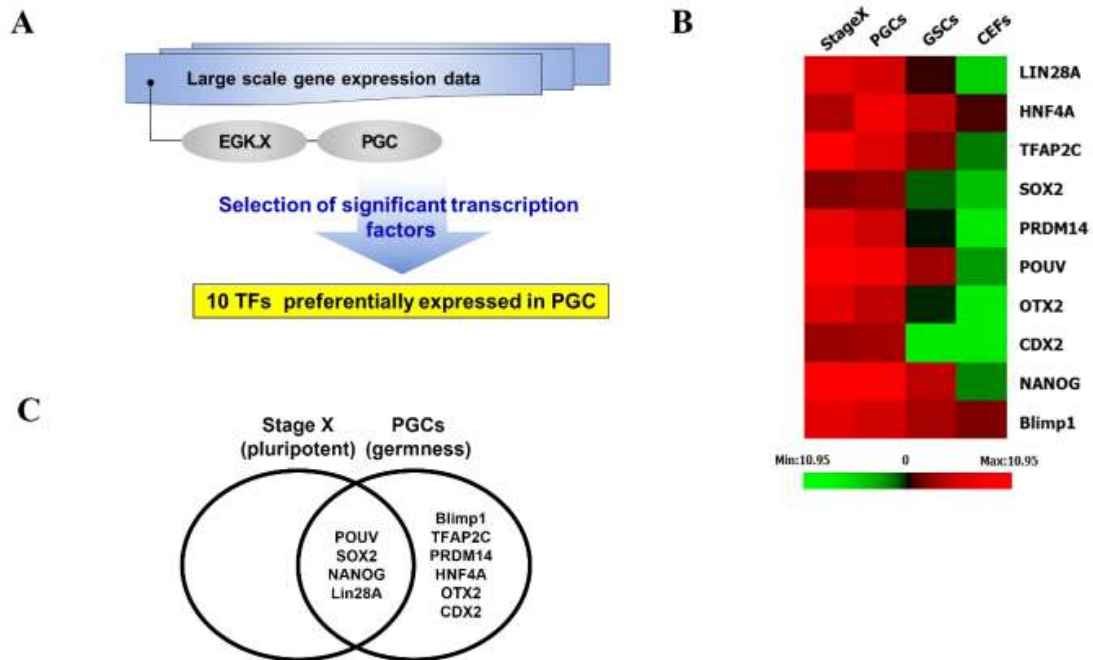
** 특허등록: DAZL 녹인 생식세포 분화 추적용 세포주 및 이의 용도(10-2944659-0000)

농촌진흥청 국립축산과학원 동물바이오유전체과 이경태 과장은 “이번 연구로 닭 체세포에서 원시생식세포 유도 과정을 분자 수준에서 연구할 수 있는 기틀을 마련했다.”라며 “유도 세포가 실제 원시생식세포의 기능적 특성을 완벽히 갖추었는지 확인하고, 원시생식세포 유도 기술을 고도화하는 후속 연구를 이어갈 계획이다.”라고 말했다.

붙임. 닭 원시생식세포 유도 과정을 추적하는 기술 개발(그림)

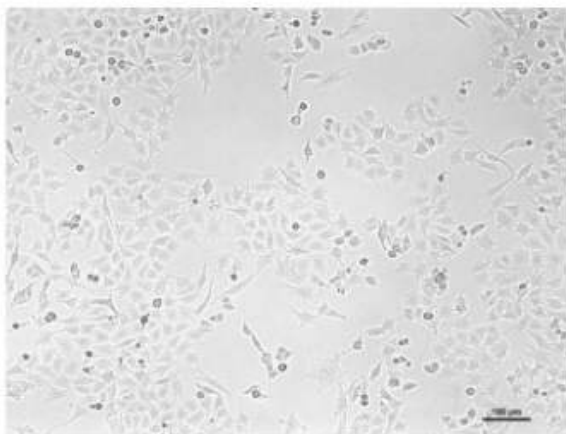
담당 부서	국립축산과학원 동물바이오유전체과	책임자	과 장	이경태 (063-238-7250)
		담당자	연구사	양 현 (063-238-7263)
농촌진흥청에서 연구·개발한 농업의 모든 것 농사로 				

□ 핵심 전사인자 선발

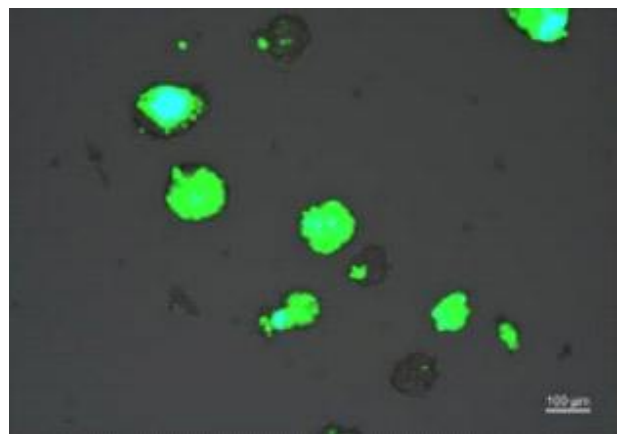


- * (A) Large-scale 유전자 발현 데이터 기반 분석을 통한 핵심 전사인자 선발, (B) 세포(pluripotent cells, germ cells)별 차등발현 유전자 히트맵, (C) 선발된 10개의 핵심 전사인자

□ 원시생식세포로 유도 후 형광 발현 확인



유전자 편집한 닭 체세포(DF1)
(원시생식세포로 유도 전)



유전자 편집한 닭 체세포(DF1)
(원시생식세포로 유도 후)

Open Access

Anim Biosci 2026;39(1):250233
https://doi.org/10.5713/ab.25.0233
pISSN 2765-0189 eISSN 2765-0235



Induction of germ cell-like cells from deleted in azoospermia-like enhanced green fluorescent protein gene knock-in chicken somatic cells via transgenic expression of pluripotency and germ cell-specific transcription factors

Bo Ram Lee^{1,*}, Hyeon Yang¹, Sun Keun Jung¹, Sung June Byun², and Tae Sub Park^{2,3*}

* Corresponding Author: Tae Sub Park
Tel: +82-33-339-5721
E-mail: taesubpark@jnu.ac.kr

¹Animal Biotechnology and Genomics Division, National Institute of Animal Science, Rural Development Administration, Wanju, Korea

²Poultry Research Center, National Institute of Animal Science, Rural Development Administration, Pyeongchang, Korea

³Graduate School of International Agricultural Technology and Institute of Green Bio Science and Technology, Seoul National University, Pyeongchang, Korea

* Current affiliation: Department of Bio-medical Analysis, Bio Campus of Korea Polytechnic, Nonsan, Korea

ORCID

Bo Ram Lee
https://orcid.org/0000-0002-0537-6205
Hyeon Yang
https://orcid.org/0000-0003-4162-4410
Sun Keun Jung
https://orcid.org/0000-0002-7787-2718
Sung June Byun
https://orcid.org/0000-0001-6909-1025
Tae Sub Park
https://orcid.org/0000-0002-0372-5467

Submitted Apr 8, 2025; Revised Jun 9, 2025;
Accepted Jul 13, 2025

Objective: Germ cell identity is regulated by the coordinated action of multiple key transcription factors during embryonic development, which includes the induction and control of germ-line-specific gene expression. The expression of *DEAD-box helicase 4 (DDX4)* and *deleted in azoospermia-like (DAZL)* genes in chickens plays a pivotal role in germplasm formation and the specification of germ cell lineage from a totipotent genome. This study aimed to investigate the regulatory mechanisms underlying germ cell fate determination.

Methods: Large-scale gene expression profiling was conducted to screen and select critical transcription factors. This analysis identified differentially expressed genes in chicken primordial germ cells (PGCs), comprising 1,020 transcription factors. Additionally, we generated a chicken DF1 cell line featuring an enhanced green fluorescent protein (eGFP) reporter precisely knocked into the transcriptional start site of the *DAZL* gene using the CRISPR-Cas9 system, enabling real-time monitoring of *DAZL* expression during reprogramming.

Results: Through analysis of transcription factor binding sites within approximately 10 kb upstream regions of *DDX4* and *DAZL*, resulting in the selection of 10 candidate transcription factors for germ cell induction. Subsequently, the ten transcription factors identified as regulators of germ cell identity were transduced into the *DAZL*-knock-in eGFP DF1 cells. This approach led to the successful induction of eGFP-expressing cells *in vitro*, driven by the endogenous *DAZL* promoter. We conducted further characterization of these cells to confirm their germ cell-specific properties.

Conclusion: Our findings offer new insights into the transcriptional regulation of chicken germ cells by identifying key factors that activate *DAZL* expression. These results indicated valuable opportunities for advancing germ cell induction from somatic cells, with potential applications of *in vitro* models for studying germ cell-specific gene regulatory pathways in avian species.

Keywords: Chicken; Deleted in Azoospermia-like; Genome Editing; Germness; Reporter System

INTRODUCTION

Germ cell identity is regulated by the coordinated expression of germline-specific genes, including transcription factors (TFs) and RNA-binding proteins (RBPs) [1,2]. During early embryogenesis, primordial germ cells (PGCs) develop through specialized genetic programs that distinguish them from somatic cells. These programs are crucial for the proper