

3. ATAC-seq Analiz Hizmetleri

ATAC-seq analizleri, kromatin erişilebilirliğinin genom çapında incelenmesini sağlayarak gen regülasyonu ve transkripsiyonel kontrol mekanizmalarının anlaşılmasına katkı sunar. Bu hizmet kapsamında ham ATAC-seq verileri kalite kontrol, hizalama ve peak çağırımı yapılır; açık kromatin bölgeleri, diferansiyel erişilebilirlik ve motif zenginleşme analizleri sistematik olarak değerlendirilir.

Aşağıda ATAC-seq analizine ait temel, karşılaştırmalı ve motif odaklı paket içerikleri sunulmaktadır.

Paket	Kapsam	Çıktılar
3.1. QC, Hizalama & Peak Çağırımı	<ul style="list-style-type: none">• FastQC + MultiQC QC analizi• Adapter trimming• Hizalama• Duplicate marking & filtreleme• Coverage QC• bigWig normalizasyonu• Peak çağırımı• Peak anotasyonu	<ul style="list-style-type: none">• FastQC & MultiQC raporları• Aligned BAM + index• Insert size & duplication istatistikleri• Normalized bigWig dosyaları• Peak listeleri (narrowPeak / broadPeak)• Peak anotasyon tabloları• FRiP skorları & peak QC metrikleri
3.2. Konsensus Peak Set & Diferansiyel Erişilebilirlik (DA)	<ul style="list-style-type: none">• Örnekler arası peak birleştirme• peak read sayımı• DA analizi• PCA & sample similarity analizi• Volcano & heatmap üretimi	<ul style="list-style-type: none">• Konsensus peak matrisi (raw counts)• DA peak tabloları (log2FC, p-adj)• PCA plot• Sample distance heatmap• Volcano & heatmap görselleri• peak intersection grafikleri
3.3. TF Aktivite & Motif Analizi	<ul style="list-style-type: none">• Motif enrichment	<ul style="list-style-type: none">• Motif enrichment tabloları• IGV session