

4. ChIP-seq Analiz Hizmetleri

ChIP-seq analiz hizmeti, transkripsiyon faktörleri veya histon modifikasyonlarının genom üzerindeki bağlanma profillerinin detaylı olarak çıkarılmasını kapsar. Ham verilerden başlayarak kalite kontrol, hizalama, peak çağırımı, anotasyon ve diferansiyel bağlanma analizleri standart ChIP-seq kalite metrikleri dikkate alınarak gerçekleştirilir. Aşağıda ChIP-seq analiz sürecine ait paketler ve her bir aşamada üretilen çıktılar yer almaktadır.

Paket	Kapsam	Çıktılar
4.1. QC, Trimming, Hizalama & Peak Çağırımı	<ul style="list-style-type: none">• Ham veri QC (FastQC, MultiQC)• Adapter trimming• Mapping• Duplicate marking & filtreleme• ChIP-seq QC metrikleri• Coverage QC• Normalized bigWig oluşturma• Peak çağırımı• Peak kalite ölçümleri (FRiP, peak counts)	<ul style="list-style-type: none">• QC raporları• Aligned BAM/CRAM + index dosyaları• NSC/RSC skorları• fingerprint/profile grafikleri• Normalized bigWig dosyaları• Per-sample peak listeleri• FRiP skorları ve peak QC metrikleri
4.2. Peak Anotasyonu & Motif Analizi	<ul style="list-style-type: none">• Peaklerin gen/promoter/fonksiyonel elementlerle eşleştirilmesi• Motif zenginleşme analizi• Peak-to-gene annotation QC	<ul style="list-style-type: none">• Anotasyon tabloları• Motif enrichment raporları• Peak-to-gene dağılım grafikleri
4.3. Konsensus Peak Set & Diferansiyel Bağlanma (DB) Analizi	<ul style="list-style-type: none">• Örnekler arası peak• Peak için read sayımı• Diferansiyel bağlanma analizi• PCA & örnek benzerlik analizi• Volcano / heatmap üretimi• UpSetR intersection analizi• IGV session file oluşturma	<ul style="list-style-type: none">• Konsensus peak matrisi (raw counts)• Diferansiyel peak tabloları (log₂FC, p-adj)• PCA plot• Sample similarity heatmap• Volcano & heatmap görselleri• UpSetR peak intersection grafikleri igv_session.xml