

XX 细胞/组织 ATAC-seq 结题报告

项目编号: XXX

客户单位: XXX

联系人: XXX

联系方式

胡志伟

手机号码: 18667909633

河南臻质生物科技有限公司

河南省郑州市金水区鸿苑路 65 号金科智汇谷 1 号楼 2 层

目录

一、背景介绍.....	3
二、实验原理.....	3
三、实验材料.....	4
1. 主要试剂.....	4
2. 样本材料.....	4
2.1 细胞.....	4
2.2 实验方案设计.....	5
四、技术路线.....	5
五、实验步骤.....	5
1.细胞核提取.....	5
2.转座反应.....	5
3.DNA 纯化.....	5
4.PCR 扩增建库.....	6
5.文库质检与测序.....	6
六、测序与生信分析结果.....	7
1.数据质控汇总.....	7
2.开放区域分布统计.....	7
3.差异开放区域分析.....	7
4.转录因子结合 motif 富集分析.....	7
七、实验结论.....	7



一、背景介绍

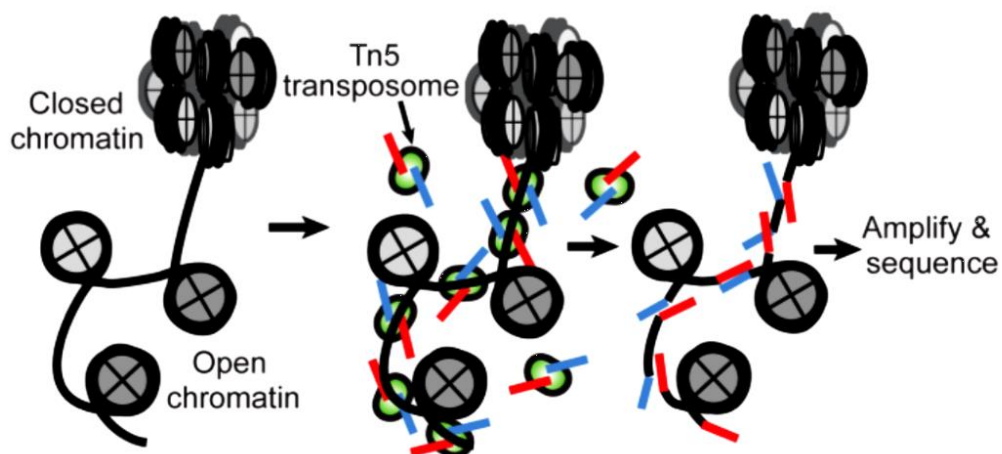
染色质可及性（Chromatin Accessibility）是指染色质中 DNA 序列能否被转录因子、调控蛋白等分子接近并结合的物理状态，是表观遗传调控的关键指标之一。开放染色质区域通常与基因调控元件（如启动子、增强子、绝缘子等）密切相关，调控基因的时空特异性表达。

ATAC-seq（Assay for Transposase-Accessible Chromatin with high-throughput sequencing）是一种高效、灵敏的染色质可及性检测技术。该技术利用工程化 Tn5 转座酶切割并标记开放染色质区域，直接构建测序文库，无需抗体和交联，所需细胞量少（可低至 500 个细胞），实验周期短，且能同时捕捉核小体分布信息。目前 ATAC-seq 已广泛应用于发育生物学、肿瘤研究、免疫细胞分化、疾病机制探索等领域，为解析细胞状态和基因调控网络提供了重要工具。

二、实验原理

ATAC-seq 基于 Tn5 转座酶的特性，该酶可在开放染色质区域同时完成 DNA 切割与测序接头连接。实验首先提取细胞核，接着将携带接头的 Tn5 转座酶加入细胞核悬液中，转座酶会优先进入染色质松散的区域，并将接头插入切割位点。随后提取 DNA 并进行 PCR 扩增，构建测序文库。通过对文库进行高通量测序，可获得全基因组范围内的染色质开放区域信息，并通过片段大小分布分析推断核小体位置。





实验原理图

三、实验材料

1. 主要试剂

试剂名称	供应商
ATAC-seq Assay Kit	Illumina
细胞核提取缓冲液	Beyotime
核酸纯化试剂盒	TIANGEN
PBS 缓冲液	Hyclone
高通量测序试剂盒	Illumina

2. 样本材料

2.1 细胞

样品名称	分组编号
实验组细胞	ATAC-exp
对照组细胞	ATAC-ctrl

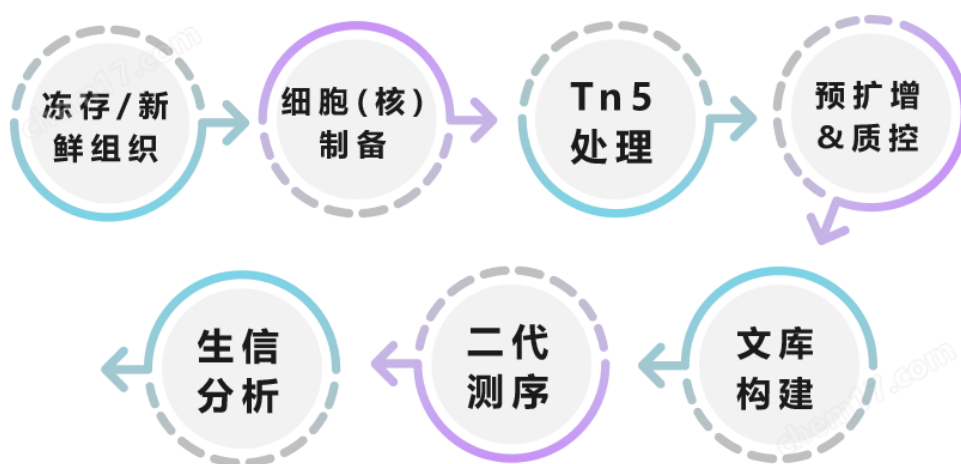


2.2 实验方案设计

实验方案设计分组如下：

对照组	实验组
正常/对照状态细胞	处理/特定状态细胞

四、技术路线



五、实验步骤

1.细胞核提取

- (1) 收集新鲜细胞 ($5 \times 10^4 - 1 \times 10^5$ 个)，冷 PBS 清洗。
- (2) 加入裂解缓冲液轻柔裂解细胞膜，释放细胞核，离心收集核沉淀。

2.转座反应

- (1) 加入裂解缓冲液轻柔裂解细胞膜，释放细胞核，离心收集核沉淀。
- (2) 加入 DNA 纯化试剂终止反应。

3.DNA 纯化

加入 DNA 纯化试剂终止反应。



联系电话：18667909633

4.PCR 扩增建库

- (1) 对纯化后 DNA 进行有限循环 PCR，添加完整测序接头及样本索引。
- (2) 再次纯化 PCR 产物，获得最终测序文库。

5.文库质检与测序

- (1) 使用 Qubit、Agilent 2100 检测文库浓度与片段分布。
- (2) 按比例混合文库，使用 Illumina 平台进行双端测序（PE150）。



六、测序与生信分析结果

1.数据质控汇总

样本	原始读数	比对率	唯一比对数	峰值数
ATAC-exp	XX M	XX%	XX M	XXXX
ATAC-ctrl	XX M	XX%	XX M	XXXX

2.开放区域分布统计

启动子区域占比：~XX%

增强子区域占比：~XX%

基因间区占比：~XX%

3.差异开放区域分析

实验组 vs 对照组共鉴定出 XXX 个差异开放区域（如：上调 XXX 个，下调 XXX 个）。

4.转录因子结合 motif 富集分析

在实验组特有开放区域中，显著富集的转录因子结合 motif 包括：YYY、ZZZ 等，提示相关调控通路可能被激活。

七、实验结论

- （1） 测序数据质量良好，比对率、片段分布符合 ATAC-seq 分析要求。
- （2） 实验组与对照组在全基因组范围内染色质开放图谱存在显著差异，表明处理/状态改变影响了染色质可及性格局。
- （3） 差异开放区域主要富集于基因启动子及增强子区域，部分与已知功能基因（如炎症、衰老、代谢等相关基因）重叠。
- （4） motif 富集分析提示 XXX、YYY 等转录因子可能在该过程中起关键调



控作用。

综上，本项目成功通过 ATAC-seq 技术绘制了实验组与对照组的染色质可及性图谱，并鉴定出关键差异开放区域与潜在调控因子，为后续机制研究提供了可靠的表观基因组学依据。

