

ATAC-seq 技术及其在家禽重要性状中的研究进展

李劭明^{1,2}, 柯文涛^{1,2}, 梁 豪^{1,2}, 董天舒^{1,2}, 方 春¹, 田光明¹, 皮劲松², 游 蕾^{3*}, 吴 艳^{2*}

(1. 长江大学动物科学技术学院, 湖北荆州 434025; 2. 湖北省农业科学院畜牧兽医研究所, 动物胚胎工程与分子育种湖北省重点实验室, 湖北武汉 430064; 3. 长江大学城市建设学院, 湖北荆州 434025)

摘 要: 家禽作为全球畜牧业的重要经济物种, 表观遗传调控对其生长、繁殖、抗病能力具有关键影响。近年来, 染色质转座酶可及性测序 (Assay for Transposase Accessible Chromatin With High-Throughput Sequencing, ATAC-seq) 技术的兴起, 为解析家禽表观遗传的调控机制提供了关键技术支撑。本文综述了 ATAC-seq 技术在家禽生长发育、繁殖性状及疾病研究中的进展, 旨在为染色质可及性及基因表达调控的相关研究提供参考资料。

关键词: 家禽; ATAC-seq; 染色质可及性; 生长发育; 繁殖性状; 家禽疾病

中图分类号: S831.2

文献标识码: A

DOI 编号: 10.19556/j.0258-7033.20250513-08

表观遗传学属于生物可遗传表型变化的范畴, 这类变化由基因表达的修饰和基因翻译的调控所诱导, 而非通过改变遗传密码本身的 DNA 结构实现^[1-2]。在家禽领域中染色质转座酶可及性测序技术 (Assay for Transposase Accessible Chromatin with High-Throughput Sequencing, ATAC-seq) 可用于分析家禽品种的遗传多样性, 确定不同品种的家禽基因表达调控的异同, 进而为研究家禽品种间生长发育、繁殖性状、家禽疾病等方面差异提供理论参考^[3]。染色质可及性变化作为表观遗传调控的重要组成部分, 在动物发育过程中发挥着关键作用。ATAC-seq 技术作为近年来热门的表现遗传学技术^[4], 能够在全基因组水平上有效揭示染色质可及性, 是研究染色质可及性的重要方法。

近年来, ATAC-seq 技术发展迅速, 在治疗人类

各种疾病以及在动物上都有广泛应用, Sylvain 等^[5]在动物基因组功能注释计划 (Functional Annotation of ANimal Genomes, FAANG) 中利用 ATAC-seq 技术创建家养动物的参考功能图谱, 该研究首次提供了多个家养动物物种的多组学功能注释, 填补了家养动物功能基因组学的空白, 揭示了跨物种的基因调控保守性, 为家养动物的遗传育种、疾病研究和生产性能改良提供了理论依据。ATAC-seq 技术在家禽的各个领域都有所研究, 本文系统综述了 ATAC-seq 技术在家禽重要性状中的应用, 包括在家禽生长发育方面揭示了染色质开放区域的动态变化与肌肉发育、脂肪沉淀、不饱和脂肪酸合成等性状的调控关联; 在家禽繁殖性状方面, 该技术从表观遗传层面解析了性腺分化、卵泡发育、产蛋性能的调控机制, 为提升家禽繁殖性能提供了分子靶点; 在家禽疾病机制方面, ATAC-seq 联合多组学技术阐明了炎症反应、脂肪肝形成、蛋壳缺陷和新城疫病毒的表现遗传调控网络, 为疾病防控提供了新策略, 旨在为深入理解家禽染色质可及性调控机制及其与表型性状的关系提供参考。

1 ATAC-seq 技术简介

ATAC-seq 技术是一种基于高通量测序的染色质可及性分析技术, 其核心原理是利用高活性的 Tn5 转座酶携带的特异性测序接头, 靶向插入染色质开放区域 (Accessible Chromatin Regions, ACRs), 通过“剪切-连接”机制对全基因组范围内的可及性染色质进行标记

收稿日期: 2025-05-13; 修回日期: 2025-06-18

资助项目: 国家自然科学基金项目 (32202665); 国家重点研发计划资助 (2022YFD1300100); 国家现代农业产业技术体系资助 (CARS-40、CARS-41); 湖北省支持种业高质量发展资金项目 (HBZY2023B007)

作者简介: 李劭明 (2001-), 男, 湖北恩施人, 硕士研究生, 主要从事家禽遗传育种与分子生物学研究, E-mail: 2797792686@qq.com

* 通信作者: 游蕾 (1978-), 女, 湖北荆州人, 硕士, 副教授, 主要从事畜禽绿色生态养殖模式设计, E-mail: 45367875@qq.com; 吴艳 (1979-), 女, 陕西西安人, 博士, 研究员, 主要从事家禽遗传育种与分子生物学研究, E-mail: wuyanwh@163.com

和片段化。随后,通过特异引物构建测序文库并对其进行高通量测序与数据分析^[6],不仅可以精准绘制染色质开放区域的分布图谱,还能解析核小体的占据模式及潜在转录因子结合位点^[7],从而为研究基因调控提供强有力的技术支持。相较于其他表观遗传学技术,ATAC-seq 具有多项独特优势:首先,该技术不仅能够获取染色质开放区域的信息,还能揭示核小体分布的相关特征;其次,其对样本量要求低,500~50 000 个细胞即可识别基因组中调控序列,显著降低了样本制备的难度^[8];此外,ATAC-seq 操作流程简便,仅需 3 个步骤(细胞核的制备、转座与纯化、PCR 扩增构建文库),整个试验过程可在 3 h 内完成^[9];同时,该技术具有极高的灵敏度和重复性,Tn5 转座酶能高效靶向标记染色质开放区域,且标准化的试验流程可有效减少人为操作带来的数据偏差^[10];最后,ATAC-seq 极易与其他组学数据(如 RNA-seq、ChIP-seq)整合^[11],可用于识别启动子、增强子等关键调控元件,进而揭示复杂的基因调控网络及表观遗传机制。

2 ATAC-seq 在家禽生长发育研究中的应用

2.1 调控家禽肌肉发育 肌肉发育对家禽生长与健康至关重要,一直是家禽染色质可及性研究的重点方向之一。DNA 转录依赖染色质的开放状态。染色质可及性的动态变化会影响转录因子(TFs)和 RNA 聚合酶等 DNA 结合蛋白的结合,从而调控基因表达^[12]。Zhu 等^[13]通过 ATAC-seq 构建了鸡 11 个组织的染色质可及性图谱,整合全基因组关联数据,鉴定出 *CAB39L*、*RCBTB1* 等调控体重的候选基因,说明染色质可及性在家禽生长发育及重要经济性状调控中的直接作用。已有研究发现长链非编码 RNA(lncRNA)在调控染色质可及性方面发挥重要作用。Cai 等^[14]鉴定出 45 条与肌纤维染色质可及性密切相关的差异表达长链非编码 RNA,其中 MYH1G-AS 在转录因子 SMAD3 与 SP2 的调控下,参与调节成肌细胞的增殖与分化。Zhang 等^[15]比较了不同鸡品种的胸肌与肌肉脂肪,发现染色质环结构促进了远端可及区域与肌肉发生相关基因之间的相互作用,该相互作用在快速生长型与慢速生长型之间存在显著差异,从而影响了与肌肉脂肪沉积相关的基因的表达。Gu 等^[16]通过 RNA-seq 和 ATAC-seq 技术,对比康沃尔与白洛克肉鸡胸肌发育关键节点(D21 与 D42),

发现染色质开放区域与基因表达呈正相关,*ACTC1*、*NRG1* 等基因通过调控胆固醇代谢与肌纤维重塑驱动肌肉生长,为理解染色质开放区域及肌肉品质调控提供了新视角。

2.2 调控家禽脂肪沉积 家禽腹部脂肪过度沉积影响其健康和养殖效益,且传统育种难以解决该问题。ATAC-seq 技术等多组学数据和高通量测序技术的发展为揭示其机制提供了机会,Sun 等^[17]通过多组学联合分析发现,KLF4 等转录因子通过调控 *CDK1*、*FABP4* 等基因的染色质可及性,促进脂质生成。此外,Liu 等^[18]利用 ATAC-seq 技术解析了鸡多不饱和脂肪酸(Polyunsaturated Fatty Acids, PUFA)合成相关基因(如 *ELOVL1*、*FADS2*)的核心启动子区域,为改善鸡肉脂肪组成提供了表观遗传依据。

目前,ATAC-seq 技术在家禽研究领域的应用较少,需要进一步深入研究。通过整合 RNA-seq、全基因组甲基化测序(Whole Genome Bisulfite Sequencing, WGBS)及 ChIP-seq 等多组学技术,可构建多维基因调控网络,全面解析禽类生长发育、疾病抗性等复杂性状的功能基因及其表观遗传机制,为家禽遗传改良提供分子层面的理论依据。

3 ATAC-seq 在家禽繁殖性状研究中的应用

3.1 调控家禽性腺分化与性别 鸡是人类肉蛋的主要来源之一^[19]。全球家禽产业近年来基于不同目标需求,积极探索有效的家禽性别调控技术,在蛋鸡行业,仅需保留雌性个体,雄性雏鸡被扑杀的行业惯例,既严重违背了动物福利准则,又造成了经济损失。对家禽性腺进行染色质可及性测序可为研究家禽性腺发育和性别分化提供不同的见解。Zhang 等^[20]通过 ATAC-seq 技术揭示了鸡性别逆转过程中基因表达与染色质可及性的动态关联,发现 *DMRT1*、*SOX9*、*TOX3*、*FOXL2*、*CYP19A1*、*FGFR3* 等关键候选基因及其顺式调控元件的表达水平在性别分化阶段受表观遗传修饰调控。Li 等^[21]对鸡胚胎性腺发育过程进行了系统分析,构建了鸡胚胎性腺发育的动态转录和染色质可及性图谱,发现 *LHX9*、*PITX2* 通过调控染色质开放性决定卵巢不对称发育,为家禽性别分化研究提供了分子机制与新的见解,有利于人类不育症的研究。

3.2 调控家禽卵巢卵泡发育 禽产蛋性能与卵巢及卵

泡发育密切相关。染色质可及性分析可解析其表观遗传调控机制,通过识别关键调控元件如 *FOXL2*^[22]、*CYP19A1* 及动态染色质区域,结合多组学数据揭示 *Wnt*、*p53* 等通路对卵泡发育的调控作用^[23],为提升家禽繁殖效能的遗传改良提供理论依据。杨爽等^[24]采用 RNA-seq 与 ATAC-seq 技术对天府肉鹅母鹅胚胎期至 28 日龄卵巢组织进行多组学分析,随着卵巢发育,染色质开放区域显著增加, *HNF1b*、*GATA3*、*SF1* 等转录因子及 *p53*、*Wnt*、*FoxO* 信号通路协同调控卵母细胞成熟与募集,为解析鹅卵巢早期发育的染色质开放性变化及转录调控网络奠定了基础。Li 等^[25]整合 ATAC-seq、Hi-C 及 RNA-seq 技术揭示了鸡卵泡颗粒细胞异质性,鉴定出 5 个功能亚群及其发育轨迹,发现 *FOS*、*NR5A2*、*CEBPB* 等转录因子通过动态调控染色质可及性,影响基因表达,构建了颗粒细胞表观遗传调控网络,为禽类生殖机制研究与育种改良提供理论支撑。Zhang 等^[26]通过 RNA-seq 与 ATAC-seq 联合分析发现,泰和乌骨鸡产蛋高峰期血清激素 (*FSH*、*LH*、*E2*、*P4*) 显著升高,卵巢抗氧化能力降低,并鉴定出 *STAR*、*WNT4* 等关键基因及 *Fli1*、*Etv2* 转录因子调控的染色质可及性区域,构建了卵巢多组学调控网络,为家禽产蛋性能表观遗传调控研究提供理论支撑。

综上所述,ATAC-seq 技术为家禽性腺发育与遗传改良提供了一些理论依据,但是家禽胚胎期性别检测还是家禽养殖业中存在的大问题,因此可以利用一系列的高通量测序技术联合分析,为家禽性别调控技术提供理论参考。

4 ATAC-seq 在家禽疾病研究中的应用

4.1 调控家禽炎症与免疫 疾病是危害家禽健康,影响其生产效率的重要因素。疾病不仅会使家禽的死亡率大幅提升,还会导致其产蛋率下降,肉质变差,给家禽养殖业造成重大的经济损失。脂多糖 (*Lipopolysaccharide*, *LPS*) 是革兰氏阴性细菌的主要抗原成分,可诱导动物系统性炎症反应 (*SIR*),导致器官损伤、免疫功能抑制和生产性能下降。Lv 等^[27]通过构建 *LPS* 诱导的鸡系统性炎症反应 (*Systemic Inflammatory Response*, *SIR*) 模型,将 180 只公鸡分为 *LPS* 组 (炎症诱导)、*CON* 组 (对照组) 和 *DA* 组 (染料木黄酮干预组),ATAC-seq 分析显示, *LPS* 组脾脏中存在 3 491 个差异

开放染色质位点,主要富集于基因启动子区域,研究表明,染料木黄酮 (大豆异黄酮) 通过抑制拓扑异构酶 II 活性,调控染色质开放状态,显著降低促炎基因的表达,改善肉鸡生长性能,为缓解 *SIR* 提供了新策略。蛋壳表面钙化颗粒 (丘疹蛋) 的形成与子宫炎症密切相关,但其机制尚不明确。Li 等^[28]对产正常蛋和丘疹蛋的芦花鸡子宫组织进行 RNA-Seq 和 ATAC-Seq 联合分析,发现产丘疹蛋母鸡的胶原蛋白信号通路增强,而离子转运基因 (*ATP1A1*、*ATP2B2*) 和昼夜节律基因 (*PER2*、*EGR1*) 表达下调,该研究不仅阐明了鸡子宫中细胞类型特异性基因调控网络及蛋壳形成的分子机制,还鉴定了与丘疹蛋形成相关的关键基因。这些成果为解析蛋鸡产蛋性状的遗传调控网络提供了重要理论依据,对优化家禽生产性能与蛋品质改良具有潜在应用价值。

4.2 调控家禽脂肪肝与肺动脉高压 番鸭 (*Cairina Moschata*) 是一种重要的经济家禽,易患脂肪肝,但导致肝脏脂肪堆积的基因机制尚不明确^[29]。Xu 等^[30]结合 ATAC-seq 与 Hi-C 技术,发现番鸭脂肪酸 β -氧化基因 (如 *CPT1A*、*MGLL*) 的染色质可及性降低导致脂肪肝易感性,该研究从进化医学的角度为脂肪肝的遗传机制提供了新的见解,并强调了番鸭作为研究人类非酒精性脂肪肝 (*Non-alcoholic Fatty Liver Disease*, *NAFLD*) 的模式动物的潜力。Alzahrani 等^[31]通过 ATAC-seq 技术,揭示了肉鸡肺动脉高压易感品系与抗性品系在缺氧条件下肺动脉组织的染色质可及性存在显著差异,尤其发现与血管重构 (如 *SPI*) 和氧化应激 (如 *RN5S*) 相关的基因调控区域可及性动态变化,该研究从表观遗传层面阐明了肺动脉高压综合征 (*Pulmonary Hypertension*, *PHS*) 的分子调控机制,凸显了染色质可及性分析在解析代谢性疾病遗传基础中的重要性,并为肉鸡作为人类缺氧性心血管疾病研究模型提供了新依据。

4.3 调控家禽抗病机制解析 新城疫病毒 (*Newcastle Disease Virus*, *NDV*) 感染和热应激 (*Heat Stress*, *HS*) 对家禽健康和生产性能造成严重影响,而脾脏和滑囊是家禽关键免疫器官,在 *NDV* 感染应答和 *HS* 中发挥核心作用。Wang 等^[32]比较了抗病型 (*Fayoumi*) 与易感型 (*Leghorn*) 鸡的染色质状态,发现 *NDV* 感染后,抗病型鸡脾脏中强活性启动子区域富集程度低于易感型鸡,表明表观遗传差异影响免疫应答效率,该研究为解析家禽抗 *NDV* 机制提供了新见解,并为抗病育种和精

准选育奠定了表观遗传学基础。

疾病的检测与防治一直是养殖业的重中之重, ATAC-seq 技术与其他组学联合分析, 虽为研究一些疾病的调控机制提供了一些有价值的见解, 但是由于实际养殖业中存在着多种复杂情况, 使得 ATAC-seq 技术的疾病机制研究成果难以快速转化为养殖场实际可用的检测和治疗方案, 未来需要开发针对养殖业特点的多组学联合分析算法, 推动结果应用化, 从而实现对疾病的高效防控。

5 小结与展望

近年来, ATAC-seq 技术在家禽功能基因组学领域的应用取得了显著进展, 该技术通过揭示染色质开放区域的动态变化, 深入解析了家禽生长发育性状、繁殖性状以及疾病机制等关键领域的表观遗传调控机制。这些成果证实了染色质可及性动态与基因表达调控的高度协同性, 揭示了表观遗传调控网络在家禽重要经济性状形成中的枢纽作用。

尽管 ATAC-seq 技术在家禽研究中取得了重要进展, 但仍存在部分工作等待拓展, 迄今为止, 在利用 ATAC-seq 技术开展的家禽研究中, 鸡的相关研究占比相对较大, 相比之下, 针对鸭、鹅、鹌鹑等其他家禽的研究则较少。这种研究失衡导致多物种表观遗传调控网络解析不完整, 如: 水禽特有性状(如羽绒发育、水生适应性)的表观调控机制尚未系统揭示, 跨物种比较表观基因组学分析的缺失制约了禽类进化发育研究的深度, 疫病抗性表观标记的物种特异性研究空白, 限制了精准育种技术在其他禽类的推广应用。所以对水禽的表观遗传特性需要进一步深入研究, 同时 ATAC-seq 技术与 RNA-seq、WGBS 及 ChIP-seq 等测序技术联合分析将有利于禽类的生长发育、疾病、水禽特有性状等功能基因的挖掘。

参考文献:

- [1] Klemm S L, Shipony Z, Greenleaf W J. Chromatin accessibility and the regulatory epigenome[J]. *Nat Rev Genet*, 2019, 20(4): 207-220.
- [2] Gibney E R, Nolan C M. Epigenetics and gene expression[J]. *Heredity*, 2010, 105(1): 4-13.
- [3] 丁晓玲, 刘源, 冯雪, 等. 染色质转座酶可及性测序技术在畜禽分子育种中的应用研究进展 [J]. *中国畜牧杂志*, 2025, 61(2): 76-81.
- [4] Buenrostro J D, Giresi P G, Zaba L C, *et al.* Transposition of native chromatin for fast and sensitive epigenomic profiling of open chromatin, DNA-binding proteins and nucleosome position[J]. *Nat Methods*, 2013, 10(12): 1213-1218.
- [5] Foissac S, Djebali S, Munyard K, *et al.* Multi-species annotation of transcriptome and chromatin structure in domesticated animals[J]. *BMC Biol*, 2019, 17: 108.
- [6] 陈彦名, 周韵, 吴涵玥, 等. ATAC-seq 技术在人类发育相关研究领域中的应用进展 [J]. *科技视界*, 2024, 14(16): 42-47.
- [7] Sun Y Y, Miao N, Sun T. Detect accessible chromatin using ATAC-sequencing, from principle to applications[J]. *Hereditas*, 2019, 156(1): 29.
- [8] Tsompana M, Buck M J. Chromatin accessibility: a window into the genome[J]. *Epigenetics Chromatin*, 2014, 7(1): 33.
- [9] 廖彬, 杨佳怡, 陈桂芳, 等. 染色质转座酶可及性测序研究与数据分析 [J]. *中国测试*, 2020, 46(10): 4-10.
- [10] Buenrostro J D, Giresi P G, Zaba L C, *et al.* Transposition of native chromatin for fast and sensitive epigenomic profiling of open chromatin, DNA-binding proteins and nucleosome position[J]. *Nat Methods*, 2013, 10(12): 1213-1218.
- [11] 吴杰, 全建平, 叶勇, 等. 染色质转座酶可及性测序研究进展 [J]. *遗传*, 2020, 42(4): 333-346.
- [12] Gottesfeld J M, Carey M F. Introduction to the thematic mini-review series: chromatin and transcription[J]. *J Biol Chem*, 2018, 293(36): 13775-13777.
- [13] Zhu X N, Wang Y Z, Li C, *et al.* Chicken chromatin accessibility atlas accelerates epigenetic annotation of birds and gene fine-mapping associated with growth traits[J]. *Zool Res*, 2023, 44(1): 53-62.
- [14] Cai B L, Ma M T, Yuan R S, *et al.* MYH1G-AS is a chromatin-associated lncRNA that regulates skeletal muscle development in chicken[J]. *Cell Mol Biol Lett*, 2024, 29: 9.
- [15] Wang Z, Tian W H, Guo Y L, *et al.* Dynamic alternations of three-dimensional chromatin architecture contribute to phenotypic characteristics of breast muscle in chicken[J]. *Commun Biol*, 2024, 7: 910.
- [16] Gu S, Huang Q, Jie Y C, *et al.* Transcriptomic and epigenomic landscapes of muscle growth during the postnatal period of broilers[J]. *J Anim Sci Biotechnol*, 2024, 15: 91.
- [17] Sun X, Liu X Y, Wang C H, *et al.* Deciphering mechanisms of adipocyte differentiation in abdominal fat of broilers[J]. *J Agric Food Chem*, 2024, 72(45): 25403-25413.
- [18] Li X Q, Zhang F, Sun Y X, *et al.* A novel candidate gene CLN8 regulates fat deposition in avian[J]. *J Anim Sci Biotechnol*, 2023, 14: 70.
- [19] Tizard M L, Jenkins K A, Cooper C A, *et al.* Potential benefits of gene editing for the future of poultry farming[J]. *Transgenic Res*, 2019, 28(Suppl 2): 87-92.
- [20] Zhang X A, Li J B, Wang X Q, *et al.* ATAC-seq and RNA-seq analysis unravel the mechanism of sex differentiation and infertility in sex reversal chicken[J]. *Epigenetics Chromatin*, 2023, 16: 2.
- [21] Li J B, Sun C J, Zheng J X, *et al.* Time-course transcriptional and chromatin accessibility profiling reveals genes associated

- with asymmetrical gonadal development in Chicken embryos [J]. *Front Cell Dev Biol*, 2022, 10: 832132.
- [22] Wang J, Zhao C C, Li J Q, *et al.* Transcriptome analysis of the potential roles of FOXL2 in chicken pre-hierarchical and pre-ovulatory granulosa cells[J]. *Comp Biochem Physiol D*, 2017, 21: 56-66.
- [23] Vainio S, Heikkilä M, Kispert A, *et al.* Female development in mammals is regulated by Wnt-4 signalling[J]. *Nature*, 1999, 397(6718): 405-409.
- [24] 杨爽. 鹅卵巢早期发育过程中的染色质开放性和转录组学研究 [D]. 成都: 四川农业大学, 2019.
- [25] Li D Y, Ning C Y, Zhang J M, *et al.* Dynamic transcriptome and chromatin architecture in granulosa cells during chicken folliculogenesis[J]. *Nat Commun*, 2022, 13: 131.
- [26] Zhang J Y, Cui Y, Ruan J M, *et al.* Transcriptome and chromatin accessibility landscape of ovarian development at different egg-laying stages in taihe black-bone silky fowls[J]. *Poult Sci*, 2025, 104(3): 104864.
- [27] Lv Z P, Fan H, Gao M K, *et al.* The accessible chromatin landscape of lipopolysaccharide-induced systemic inflammatory response identifying epigenome signatures and transcription regulatory networks in chickens[J]. *Int J Biol Macromol*, 2024, 266: 131136.
- [28] Li W Q, Ma X Y, Li X M, *et al.* Integrating single-cell RNA-Seq and ATAC-Seq analysis reveals uterine cell heterogeneity and regulatory networks linked to pimpled eggs in Chickens[J]. *Int J Mol Sci*, 2024, 25(24): 13431.
- [29] Hérault F, Houée-Bigot M, Baéza E, *et al.* RNA-seq analysis of hepatic gene expression of common Pekin, Muscovy, mule and hinny ducks fed ad libitum or overfed[J]. *BMC Genomics*, 2019, 20: 13.
- [30] Xu M M, Gu L H, Lv W Y, *et al.* Chromosome-level genome assembly of the Muscovy duck provides insight into fatty liver susceptibility[J]. *Genomics*, 2022, 114(6): 110518.
- [31] Alzahrani K. Genetic and epigenetic investigations on pulmonary hypertension syndrome in meat type-chickens[D]. Fayetteville: University of Arkansas, 2018.
- [32] Chanthavixay G, Kern C, Wang Y, *et al.* Integrated transcriptome and histone modification analysis reveals NDV infection under heat stress affects bursa development and proliferation in susceptible Chicken line[J]. *Front Genet*, 2020, 11: 567812.

Research Advances in ATAC-seq Technology for Key Poultry Traits

LI Shaoming^{1,2}, KE Wentao^{1,2}, LIANG Hao^{1,2}, DONG Tianshu^{1,2}, FANG Chun¹,
TIAN Guangming¹, PI Jinsong², YOU Lei^{3*}, WU Yan^{2*}

(1.College of Animal Science and Technology, Yangtze University, Hubei Jingzhou 434025, China;

2.Hubei Academy of Agricultural Sciences, Institute of Animal Husbandry and Veterinary Medicine; Hubei

Key Laboratory of Animal Embryo Engineering and Molecular Breeding, Hubei Wuhan 430064, China;

3.College of Urban Construction, Yangtze University, Hubei Jingzhou 434025, China)

Abstract: Poultry, as economically important species in global animal husbandry, exhibit critical epigenetic regulation governing their growth, reproduction, and disease resistance. In recent years, the emergence of Assay for Transposase-Accessible Chromatin using sequencing (ATAC-seq) technology has provided a pivotal technical tool for deciphering epigenetic regulatory mechanisms in poultry. This review summarizes research advances in ATAC-seq applications for investigating poultry growth and development, reproductive traits, and disease-related studies. It further serves as a reference for future investigations into chromatin accessibility and gene expression regulation, offering valuable insights for epigenetic research in avian species.

Keywords: Poultry; ATAC-seq; Chromatin accessibility; Growth and development; Reproductive traits; Poultry diseases

(责任编辑: 石丽丹)