

## BIOF3 组学数据分析

# 03 DiffBind 差异结合分析

导出日期：2026年5月12日

## 03 DiffBind 差异结合分析

ChIP-seq 的差异分析和 RNA-seq 思路一样：把每个 peak 在每个样本里的 reads 数当作"表达量"，用 DESeq2 或 edgeR 做统计检验。DiffBind 把这条流程封装成几个函数，从 peak 文件 + BAM 到差异结合位点一步到位。

本章用 DiffBind 自带的 tamoxifen 数据演示：11 个乳腺癌细胞系的 ER（雌激素受体）ChIP-seq，分为 Responsive（对他莫昔芬敏感）和 Resistant（耐药）两组。

### 真实示例

配套脚本 [epi03\\_diffbind\\_sci.R](#) 在 tamoxifen 数据上跑完整的差异结合分析：

```
Rscript scripts/epigenomics/epi03_diffbind_sci.R
```

### 每张图看什么

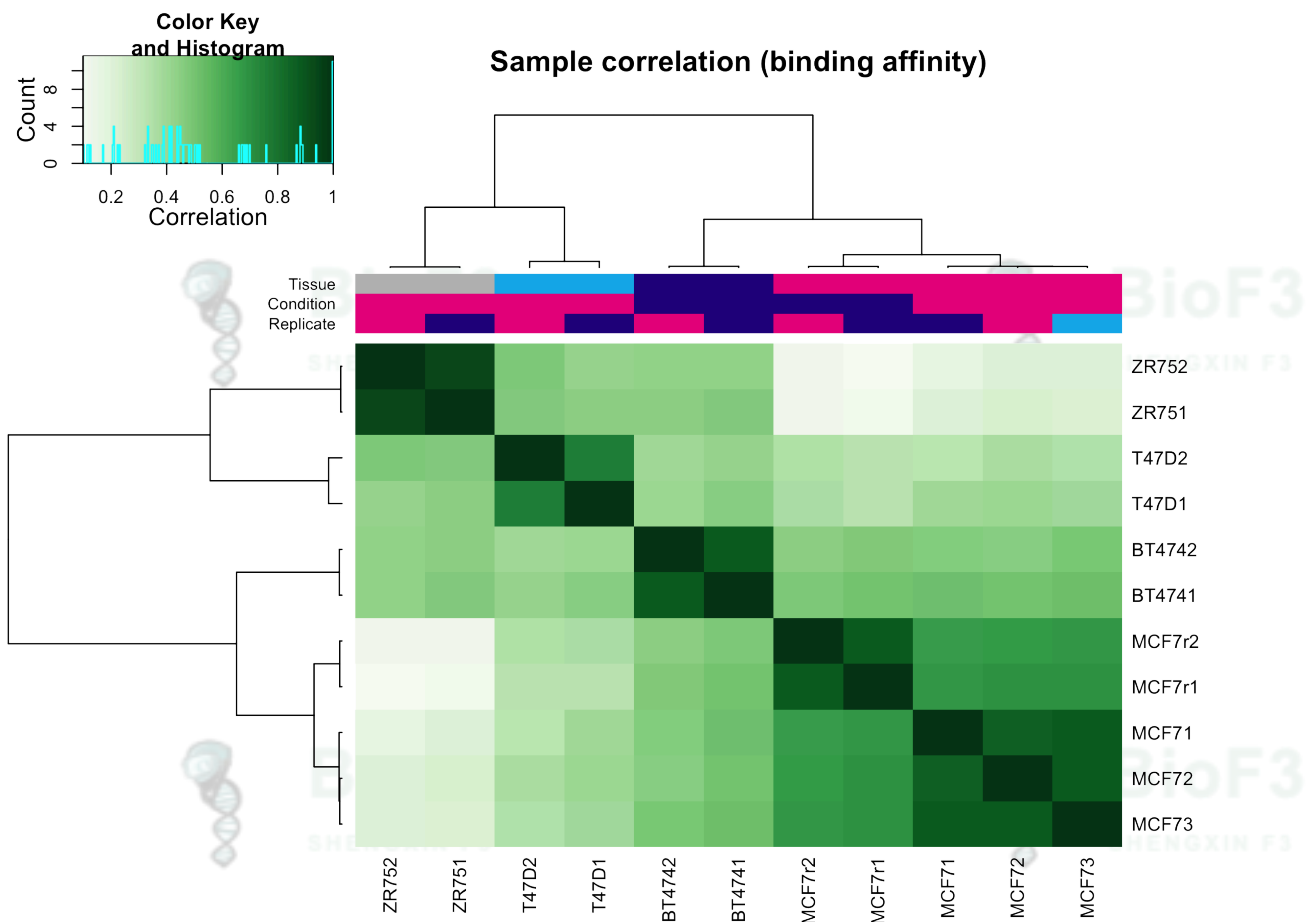


图 1：样本间 binding affinity 的相关性热图。同一条件的样本应该聚在一起。

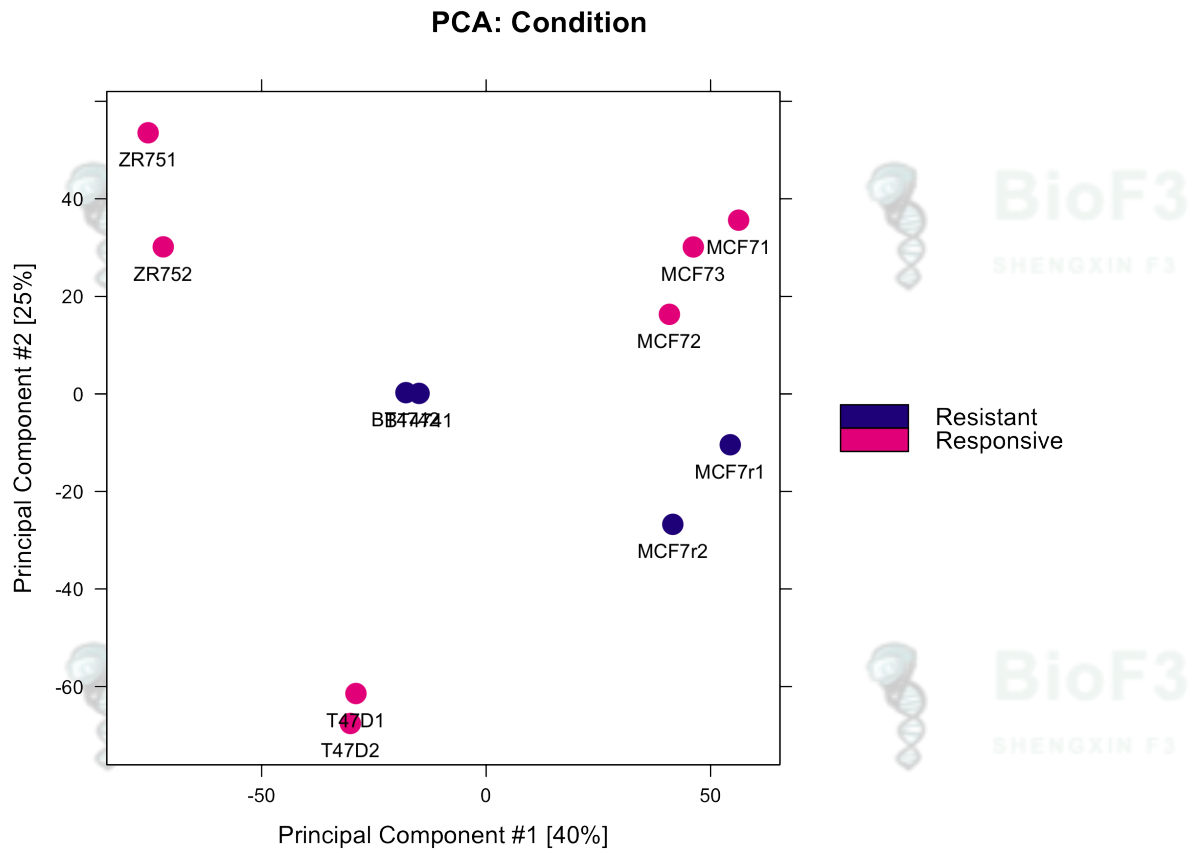


图 2: PCA 按条件着色。Responsive 和 Resistant 在 PC1 上分开。

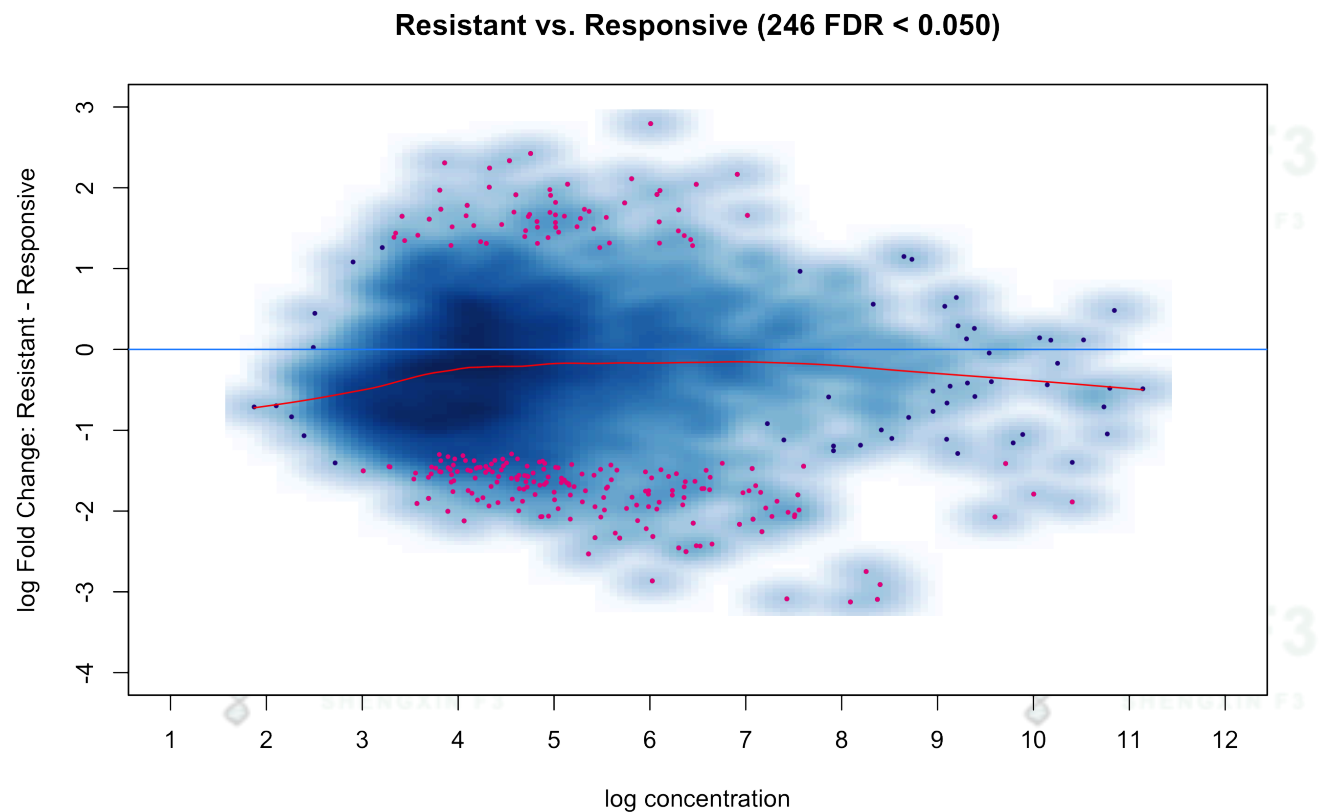


图 3: MA plot。红点是 FDR < 0.05 的差异结合位点。

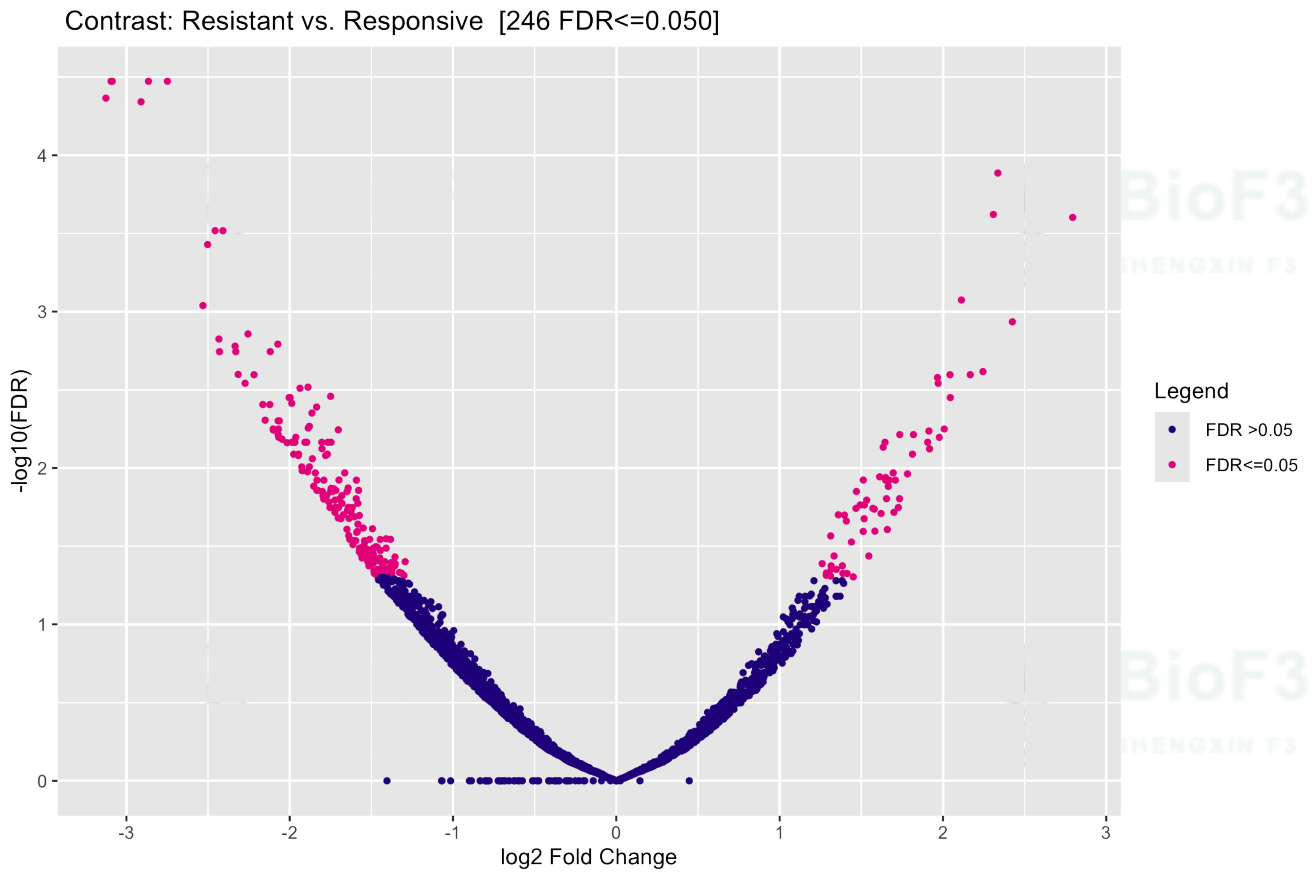


图 4: 火山图。横轴 log2FC, 纵轴 -log10(FDR)。

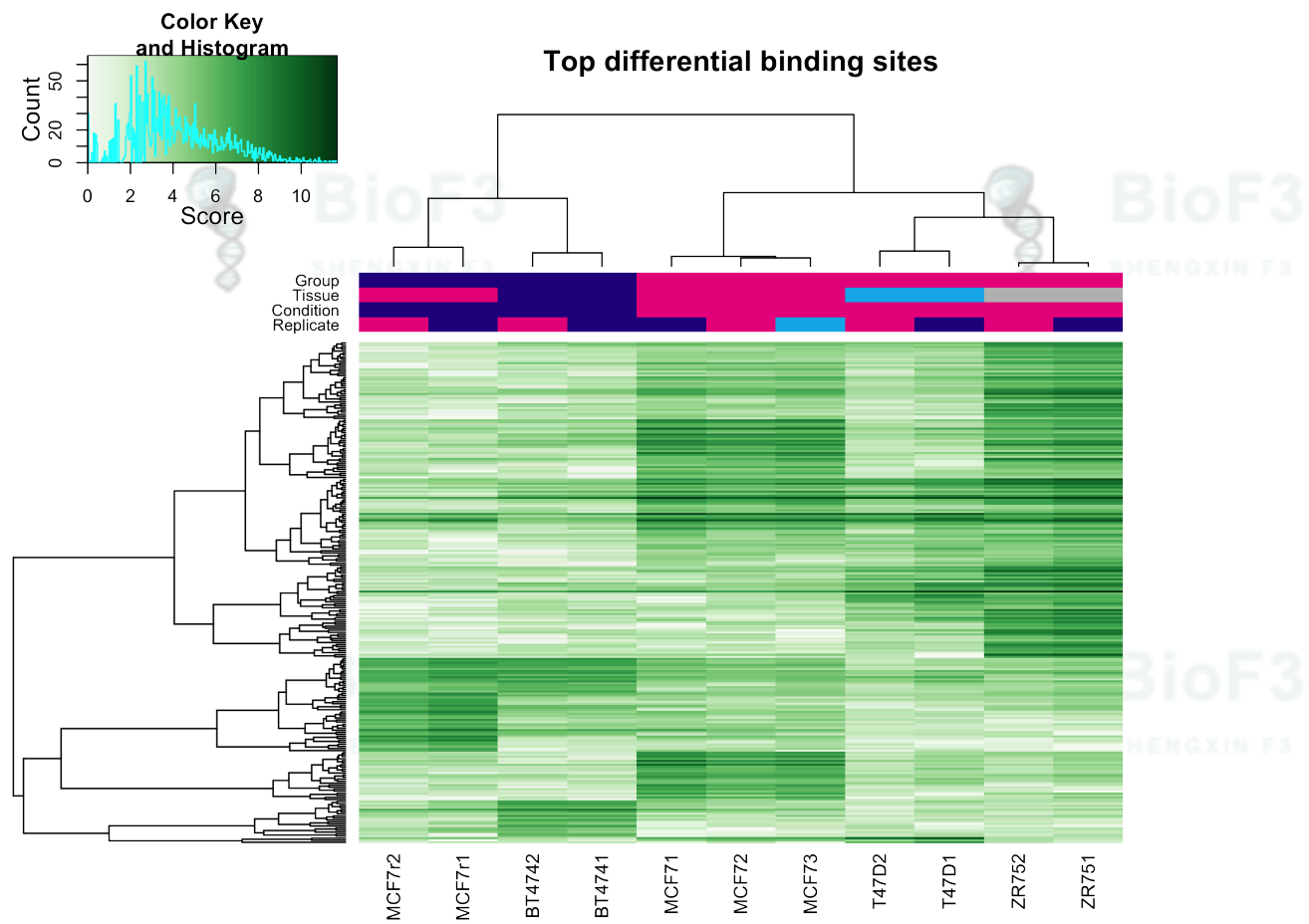
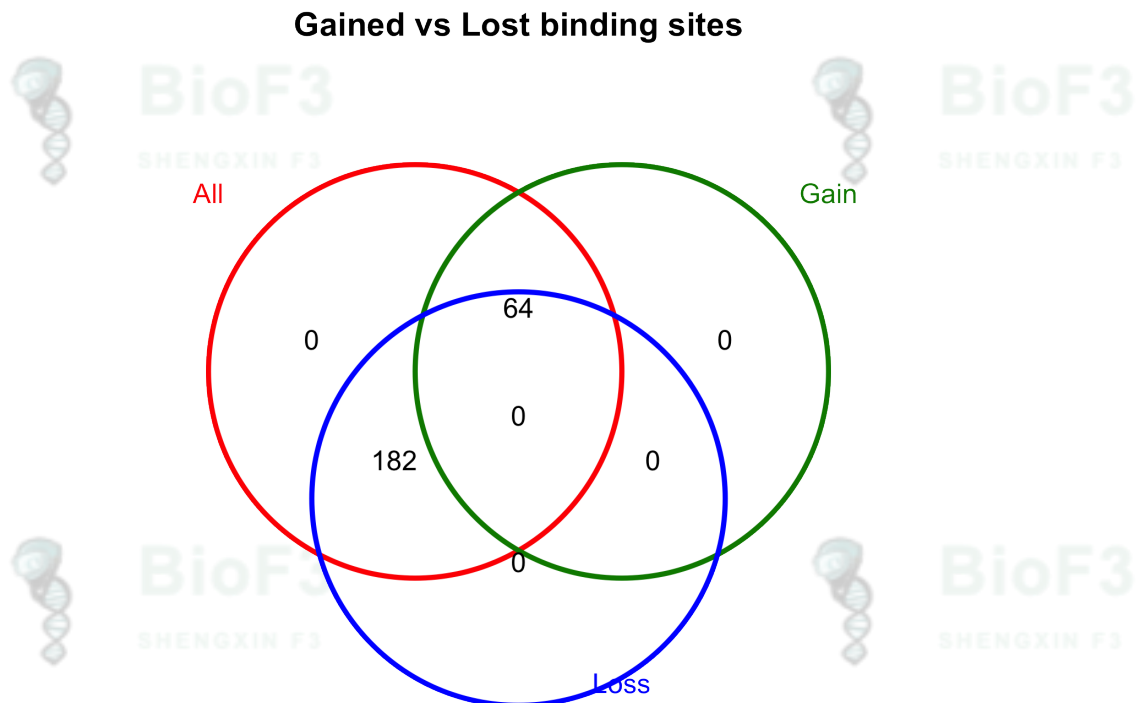


图 5：差异结合位点的 binding affinity 热图。每行一个 peak，每列一个样本。



Resistant vs. Responsive:DB:DESeq2

图 6：差异位点按方向分：Gained（Responsive 里更强）vs Lost（Resistant 里更强）。

## 核心代码

```
library(DiffBind)
data(tamoxifen_counts)

# 设置对比
tamoxifen <- dba.contrast(tamoxifen, categories = DBA_CONDITION)

# 差异分析 (DESeq2 后端)
tamoxifen <- dba.analyze(tamoxifen, method = DBA_DESEQ2)

# 提取结果
db_report <- dba.report(tamoxifen)
```

## 下载资源

**epi03\_diffbind\_sci.R**  
6 KB

[下载 DiffBind 差异结合完整脚本 ↗](#)

## 参考资源

- [DiffBind vignette](#)
- [Ross-Innes et al. 2012, tamoxifen 数据源](#)



扫码关注微信公众号【生信F3】

获取文章完整内容，分享生物信息学最新知识。

