

BIOF3 组学数据分析

# 04 Peak 可视化与多样本比较

导出日期: 2026年5月12日

## 04 Peak 可视化与多样本比较

本章把 ChIPseeker + DiffBind 的结果变成能直接用于论文的图。

配套脚本 [epi04\\_visualization\\_sci.R](#) 输出 6 张图:

```
Rscript scripts/epigenomics/epi04_visualization_sci.R
```



## 每张图看什么

### Peak width distribution

Narrow peaks (TF binding) typically 100-500 bp; broader = histone marks

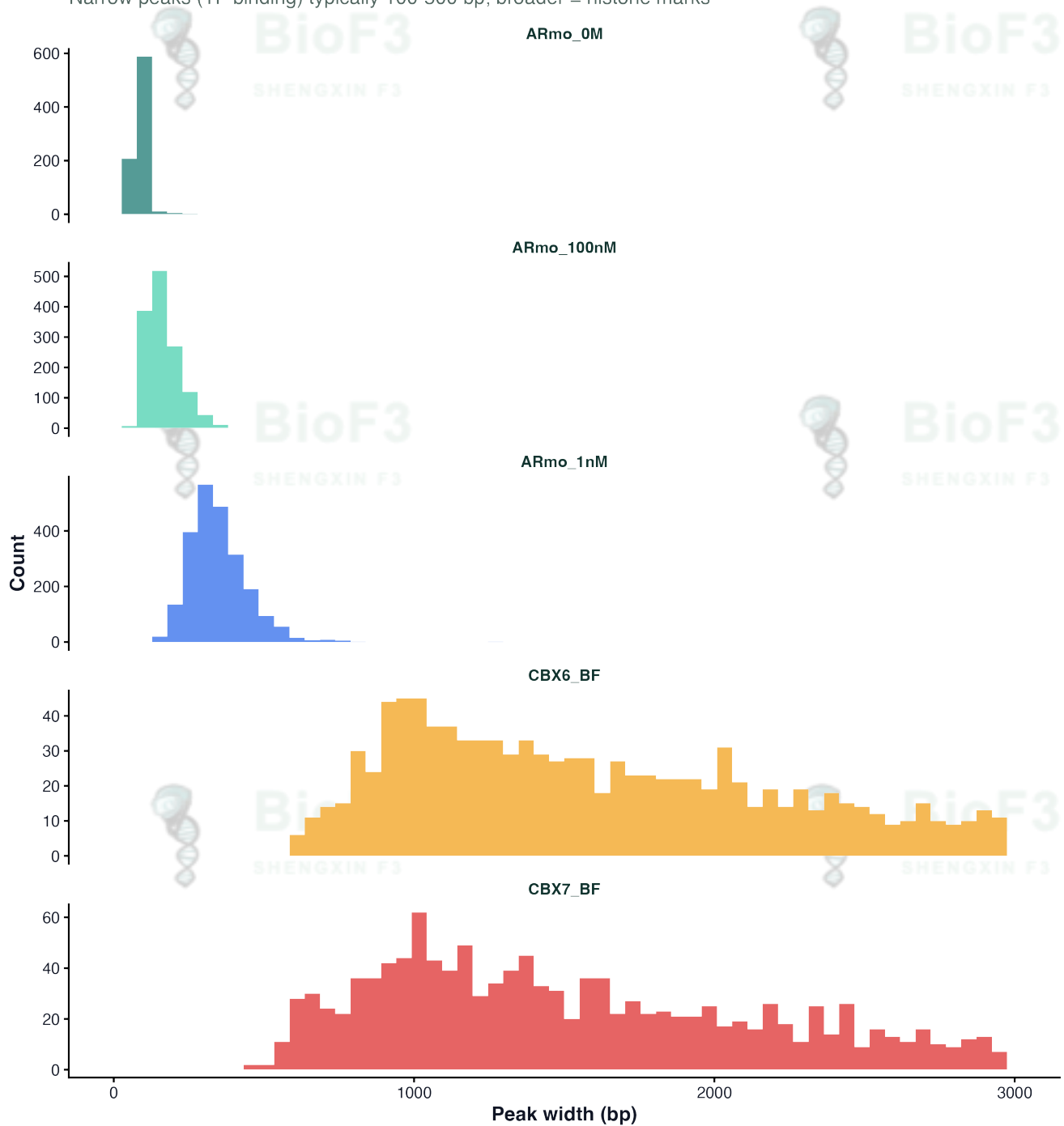


图 1: 每个样本的 peak 宽度分布。TF ChIP-seq 的 narrow peak 通常 100-500bp; 组蛋白修饰的 broad peak 可以到几 kb。

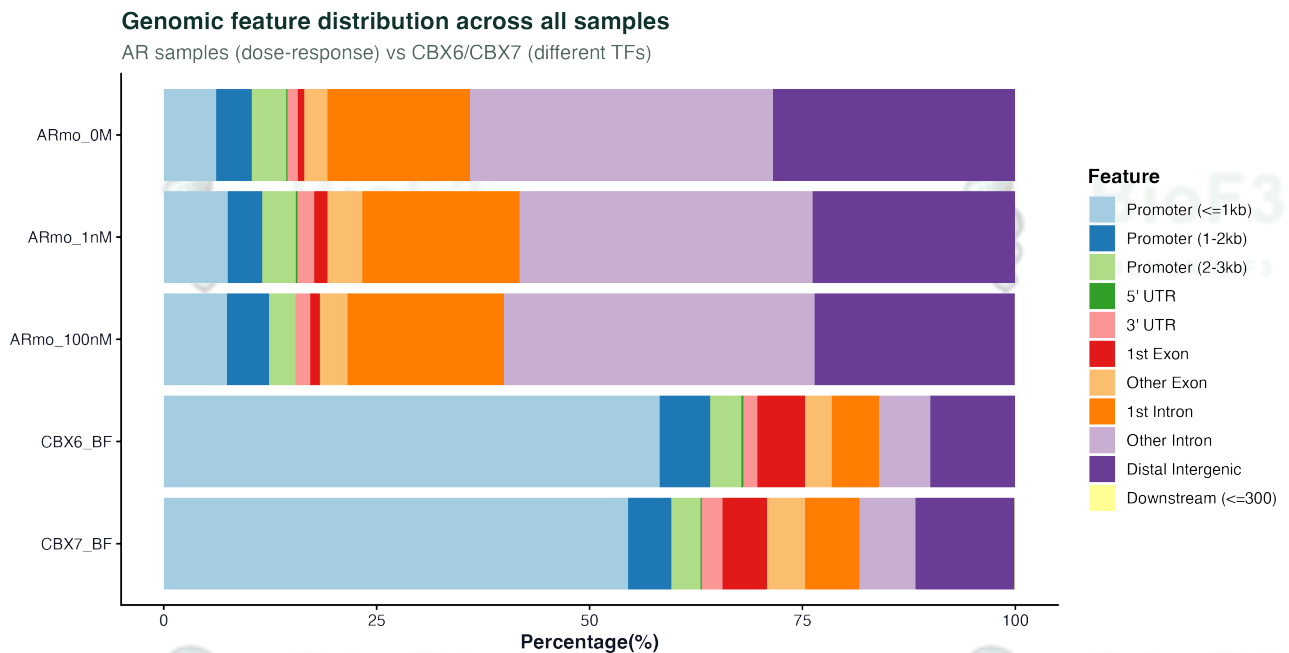


图 2：5 个样本的基因组区域分布对比。AR (TF) 和 CBX6/CBX7 (chromatin reader) 的分布模式不同。

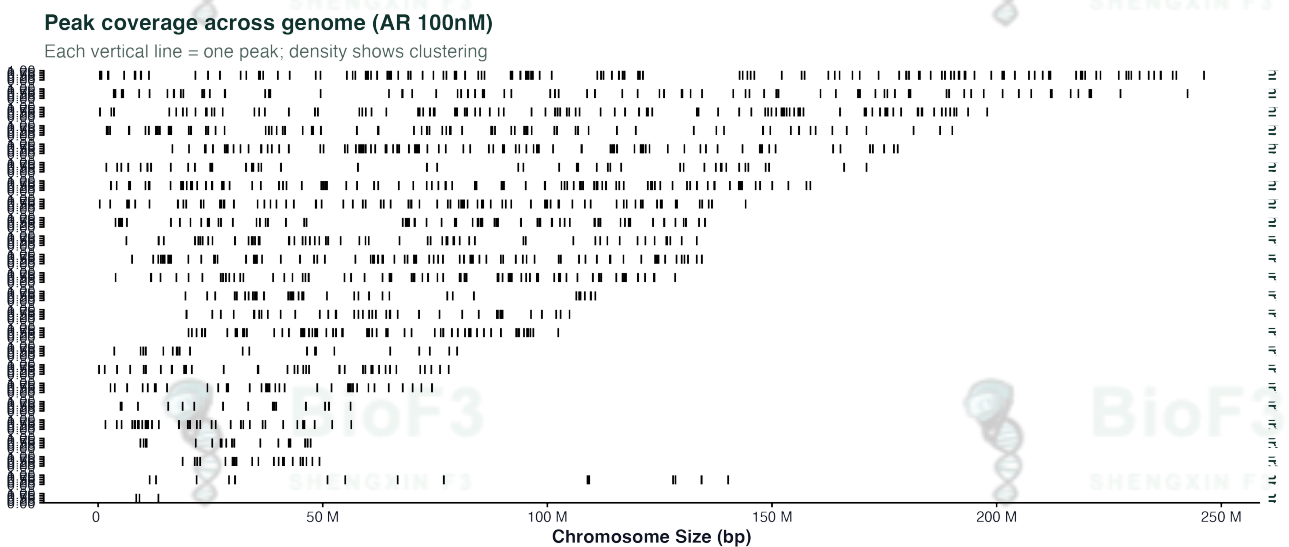


图 3：AR 100nM 的 peak 在全基因组上的覆盖密度。某些染色体区域 peak 特别密集，可能对应 super-enhancer 或基因密集区。

### Peak overlap across AR doses (consensus regions)

Shared peaks = consistent binding; dose-specific = dose-dependent

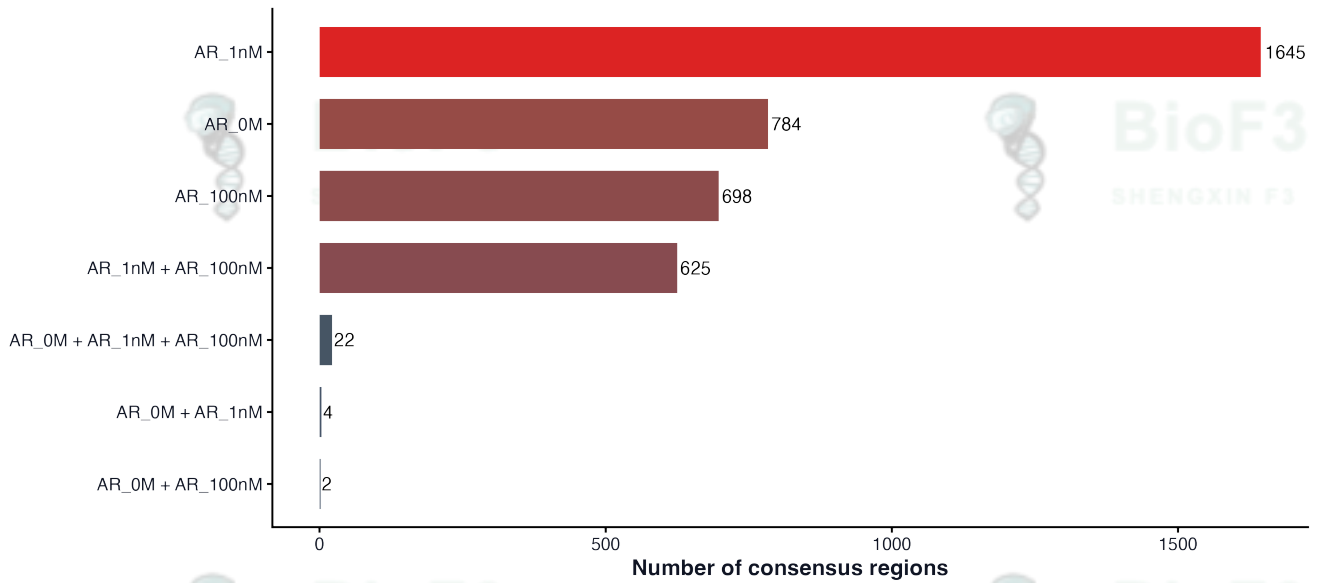


图 4: AR 三个剂量的 consensus peak 重叠。"三个剂量都有"的是核心结合位点; "只在 100nM 出现"的是剂量依赖的新增位点。

potential binding sites, genomic annota

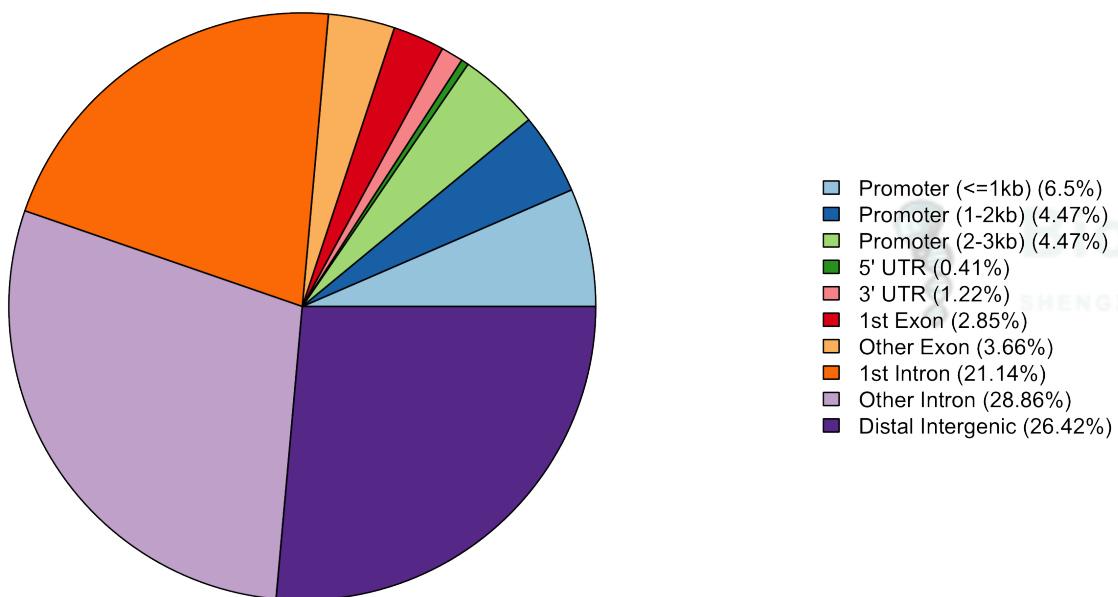


图 5: DiffBind 差异结合位点的基因组区域注释。差异位点主要落在哪里 (启动子 vs 增强子) 决定了它们的功能解读方向。

### Differential binding: fold change vs distance to TSS

Promoter-proximal DB sites (near 0) vs distal enhancer-like sites

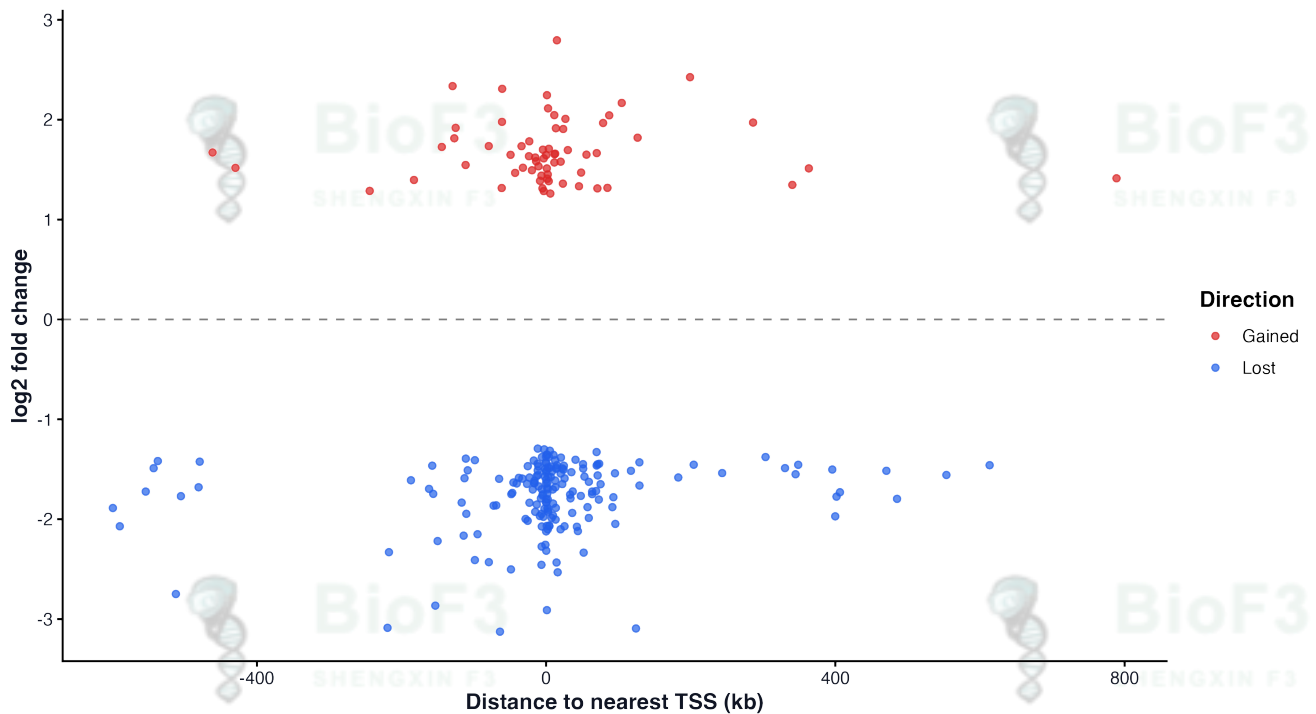


图 6：差异结合位点的 fold change vs 到最近 TSS 的距离。靠近 TSS 的位点（启动子区域）和远离 TSS 的位点（增强子区域）可能有不同的 fold change 分布。

## 下载资源

epi04\_visualization\_sci.R

8 KB

[下载表观组可视化完整脚本 ↗](#)

## 参考资源

- [ChIPseeker 文档](#)
- [DiffBind 文档](#)
- [deepTools \(Python 端覆盖度可视化\)](#)



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。