

BIOF3 FIGCODE · SCI 绘图代码集

MA 图 (DiffBind MA Plot)

导出日期: 2026年6月27日



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。

分类: 差异分析 | 依赖包: ggplot2

解决的生物学问题

两组之间哪些染色质区域的蛋白结合或组蛋白修饰发生了显著变化?

应用场景

- ChIP-seq 差异结合分析结果展示
- 组蛋白修饰变化位点鉴定
- ATAC-seq 差异开放区域分析
- 药物处理前后结合变化

输入数据格式

DiffBind DBA 对象 (已 dba.analyze)

关键参数

- th FDR 阈值 (0.05)
- method 分析方法 (DBA_DESEQ2 / DBA_EDGER)
- contrast 对比设计
- bFlip 是否翻转 fold change 方向
- bSmooth 是否平滑 MA 曲线

快速开始

1. 直接在线运行

打开 [FigCode 在线绘图](#)，点击本工具卡片的"在线绘图"按钮即可用内置示例数据出图，零环境配置。

2. 本地复现

下载脚本和示例数据，本地 RStudio 运行：

```
# 下载
curl -O https://<your-site>/figcode/scripts/diffbind-ma.R
curl -O https://<your-site>/figcode/data/diffbind-ma.csv
```

3. 安装依赖

```
# CRAN 包
install.packages(c("ggplot2"))

# Bioconductor 包 (如需)
# BiocManager::install(c())
```

完整代码

```
library(ggplot2)

# --- Demo: simulate DiffBind-style MA data ---
set.seed(42)
n <- 5000
diffbind_df <- data.frame(
  Conc = runif(n, 2, 12),
  Fold = rnorm(n, 0, 1.2),
  FDR = runif(n, 0, 1)
)
diffbind_df$FDR[sample(n, 200)] <- runif(200, 1e-6, 0.04)
diffbind_df$sig <- ifelse(diffbind_df$FDR < 0.05, "Significant", "NS")

# --- Plot ---
ggplot(diffbind_df, aes(x = Conc, y = Fold, color = sig)) +
  geom_point(size = 0.4, alpha = 0.5) +
  scale_color_manual(values = c(Significant="#dc2626", NS="#9ca3af")) +
  geom_hline(yintercept = 0, color = "grey40") +
  labs(x = "log Concentration", y = "log Fold Change",
       title = "DiffBind MA Plot", color = "FDR < 0.05") +
  theme_classic()
```

替换为自己的数据

脚本中以 `# --- Demo data ---` 标注的段落是示例数据生成代码。替换为自己的数据时，**保持列名一致**即可：

- 输入格式：DiffBind DBA 对象（已 dba.analyze）
- 使用 `read.csv()` / `readRDS()` 读取本地文件

延伸阅读

- 相关教程：[MA 图 完整流程](#)
- 出现 bug？欢迎在 [FigCode 页面](#) 点击对应卡片，在评论区留言。