



tigeR: 肿瘤免疫治疗 基因表达数据分析R包

陈逸豪^{1,2,3}, 何丽娜², 张远哲², 龚静如⁴, 徐双斌³,
舒跃龙¹, 张迪⁵, 余光创³, 左志向²

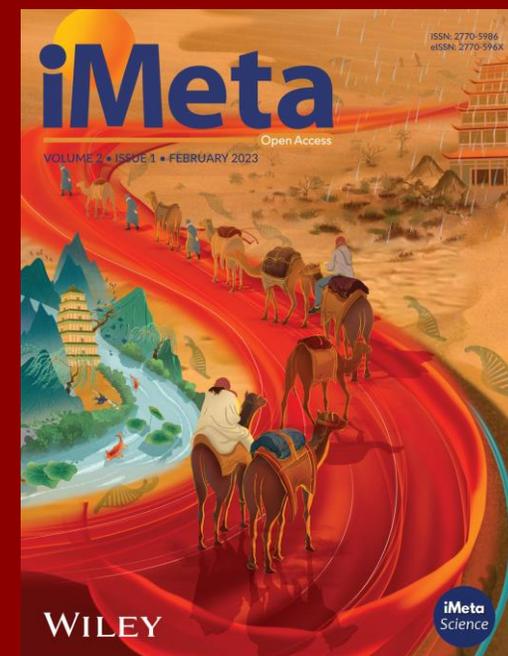
¹中国医学科学院病原生物学研究所 / 北京协和医学学院

²中山大学肿瘤防治中心

³南方医科大学基础医学院生物信息学系

⁴南方医科大学药学院

⁵中山大学附属第六医院

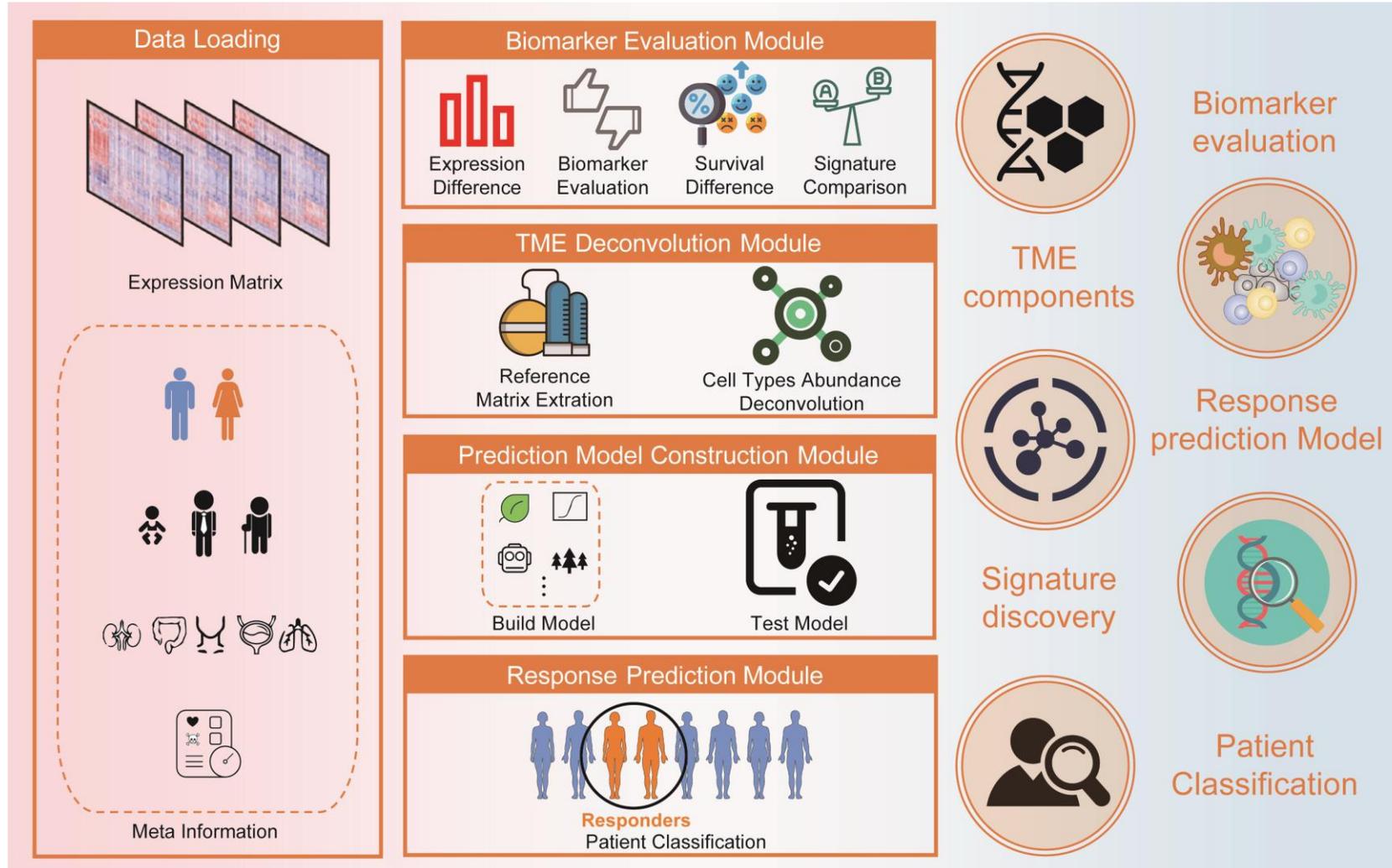


Yihao Chen, Li-Na He, Yuanzhe Zhang, Jingru Gong, Shuangbin Xu, Yuelong Shu, Di Zhang, Guangchuang Yu, Zhixiang Zuo. 2024. tigeR: Tumor immunotherapy gene expression data analysis R package. *iMeta* 3: e229.

<https://doi.org/10.1002/imt2.229>

简介

一个强有力的鉴定免疫治疗疗效预测标志物和构建预测模型的工具

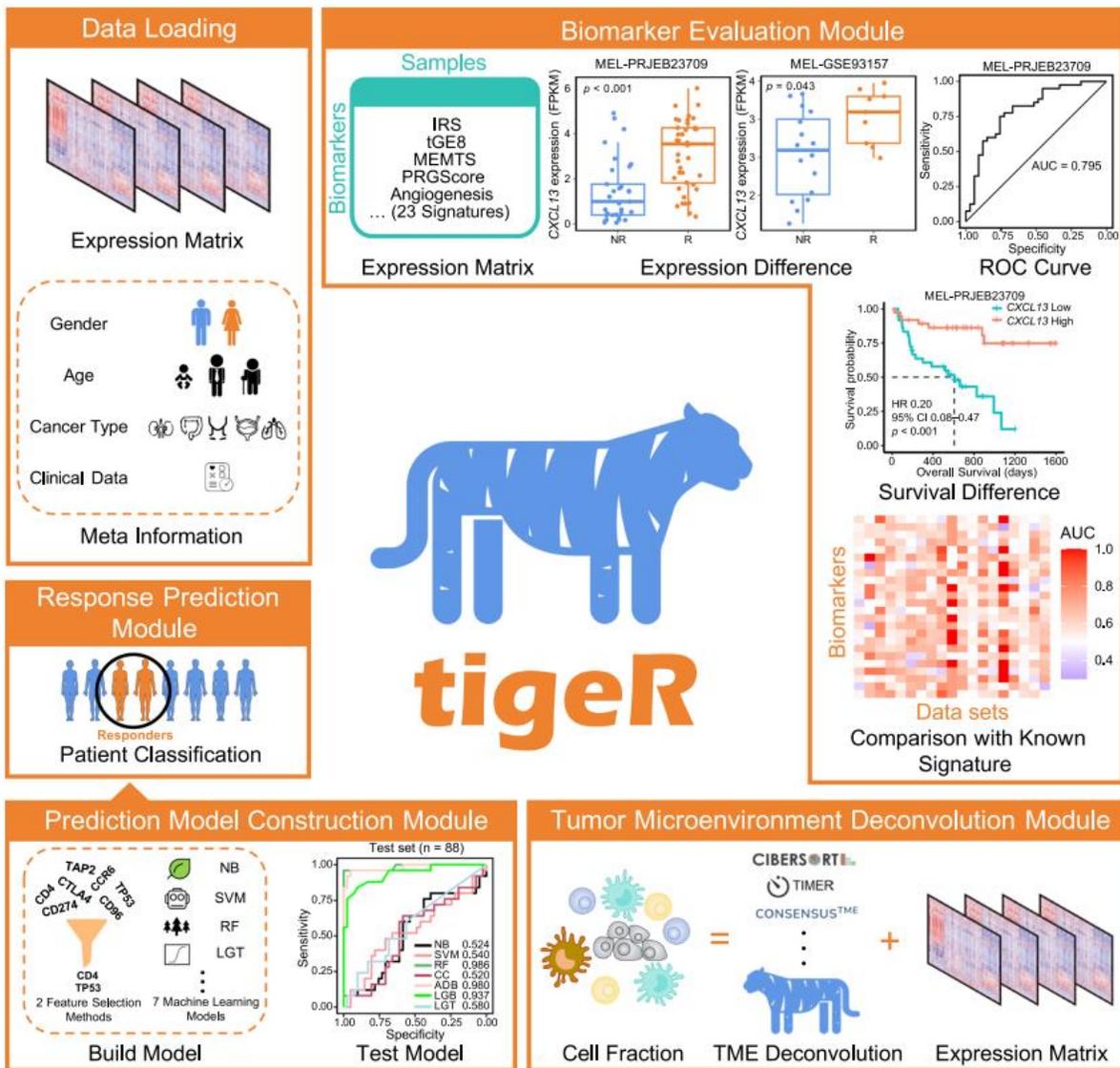




亮点

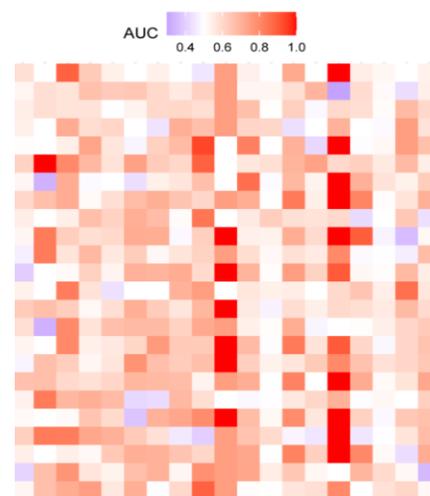
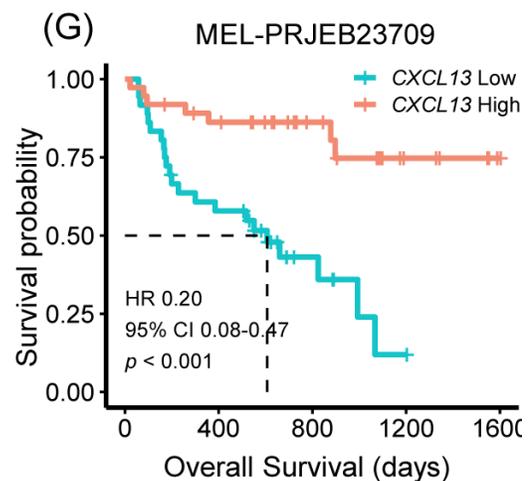
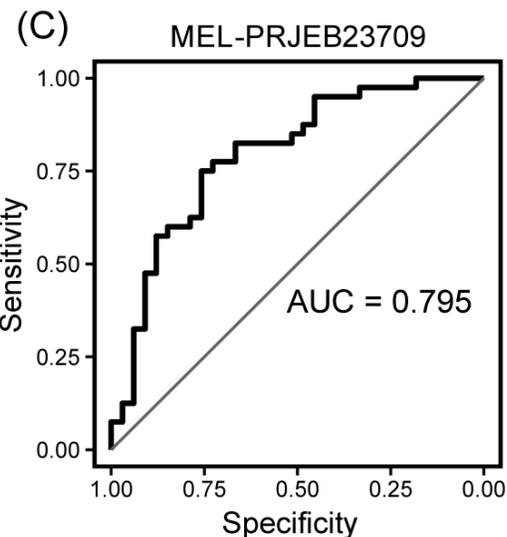
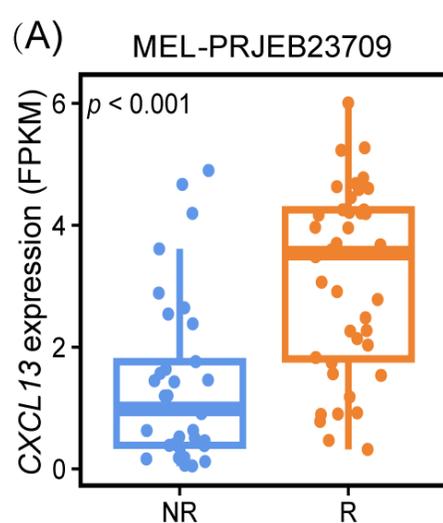
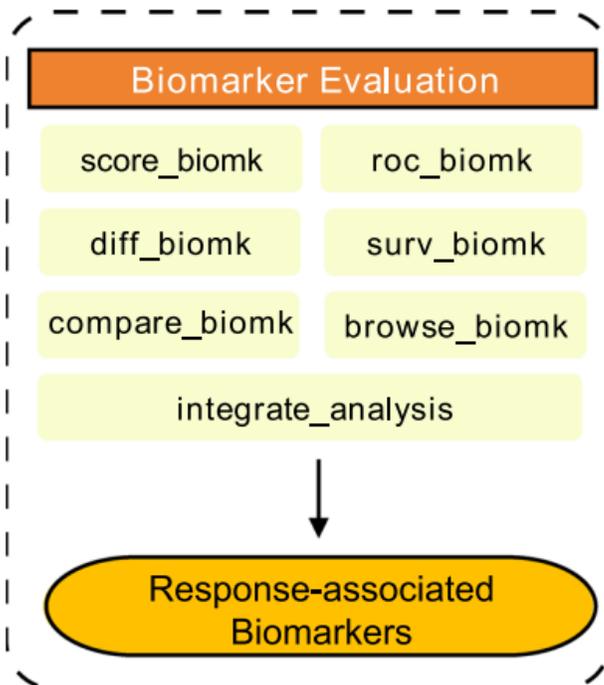
- tigeR是一款功能强大且易于使用的R工具包，其致力于探索肿瘤免疫治疗疗效预测标志物并构建疗效预测模型；
- tigeR支持灵活的输入数据类型，包括内置的和用户自定义的基因表达数据以及对应的免疫治疗结局信息；
- tigeR包括4个不同的但高度关联的分析模块，即标志物评估模块、肿瘤微环境反卷积模块、预测模型构建模块和疗效预测模块。

tigeR概述



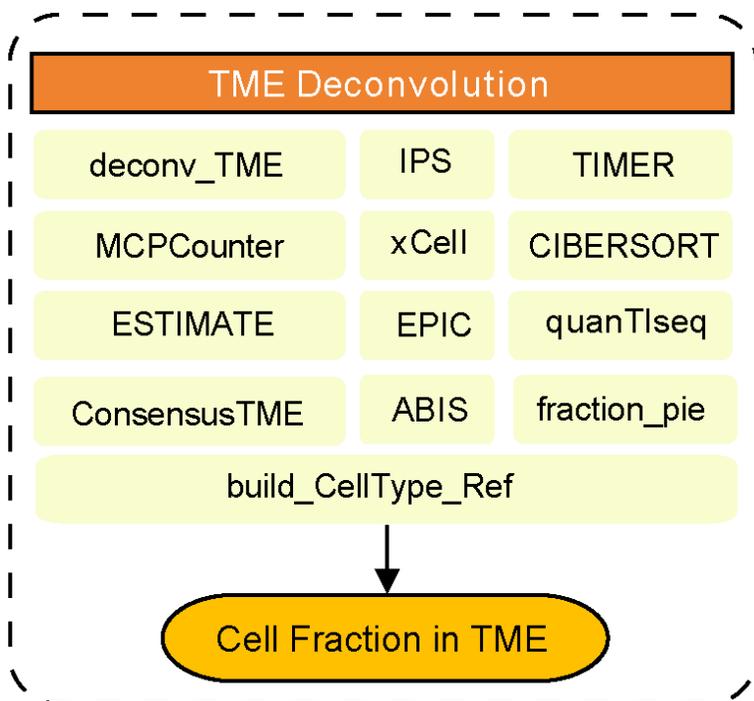
tigeR支持对内置的数据集和用户自定义的数据集的探索, 包括4个不同但高度关联的分析模块, 即生物标志物评估模块 (Biomarker Evaluation module)、肿瘤微环境反卷积模块 (Tumor Microenvironment Deconvolution module)、预测模型构建模块 (Prediction Model Construction module)、和疗效预测模块 (Response Prediction module)

生物标志物评估模块

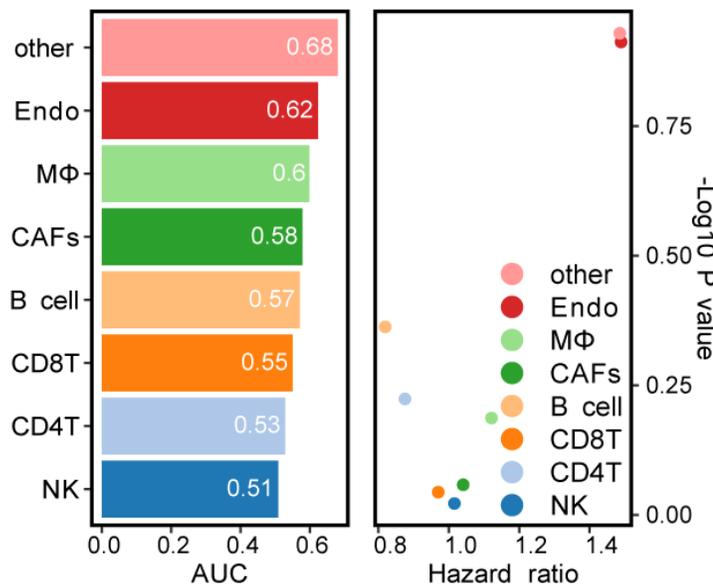
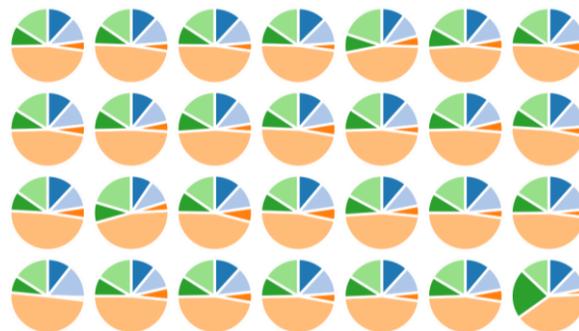


- `diff_biomk()`: 可视化差异分析结果
- `roc_biomk()`: 可视化受试者操作特征曲线
- `surv_biomk()`: 建立了生物标志物与接受ICB治疗的患者总体生存率提高之间的关联, 该关联使用Kaplan-Meier曲线可视化
- `compare_biomk()`: 将感兴趣的生物标志物与这些现有生物标志物进行比较

肿瘤微环境反卷积模块

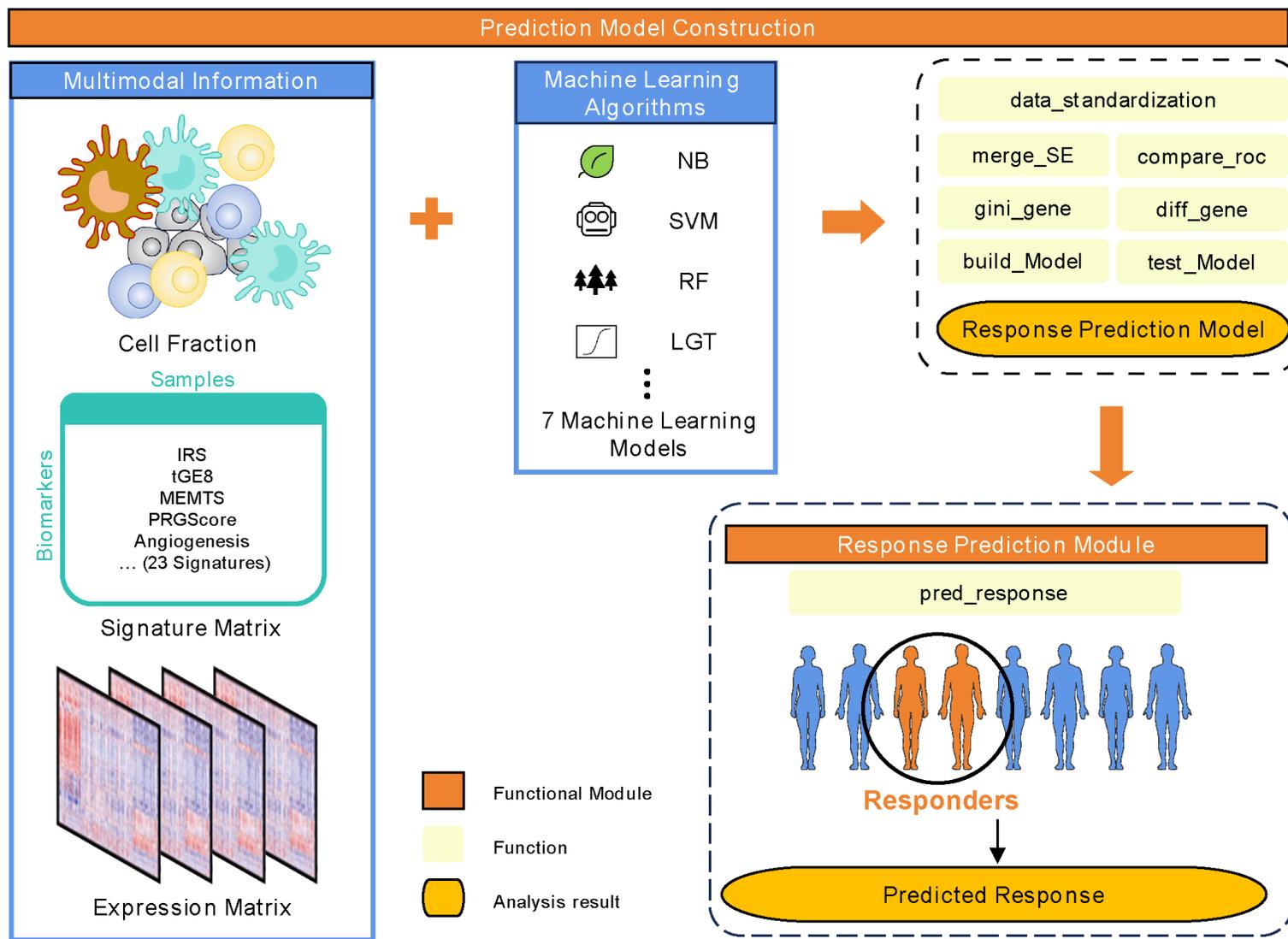


Legend for cell types in pie charts:
T cells CD4 (Blue), Neutrophil (Light Blue), Macrophage (Orange), mDCs (Light Orange), B cells (Green), T cells CD8 (Light Green)



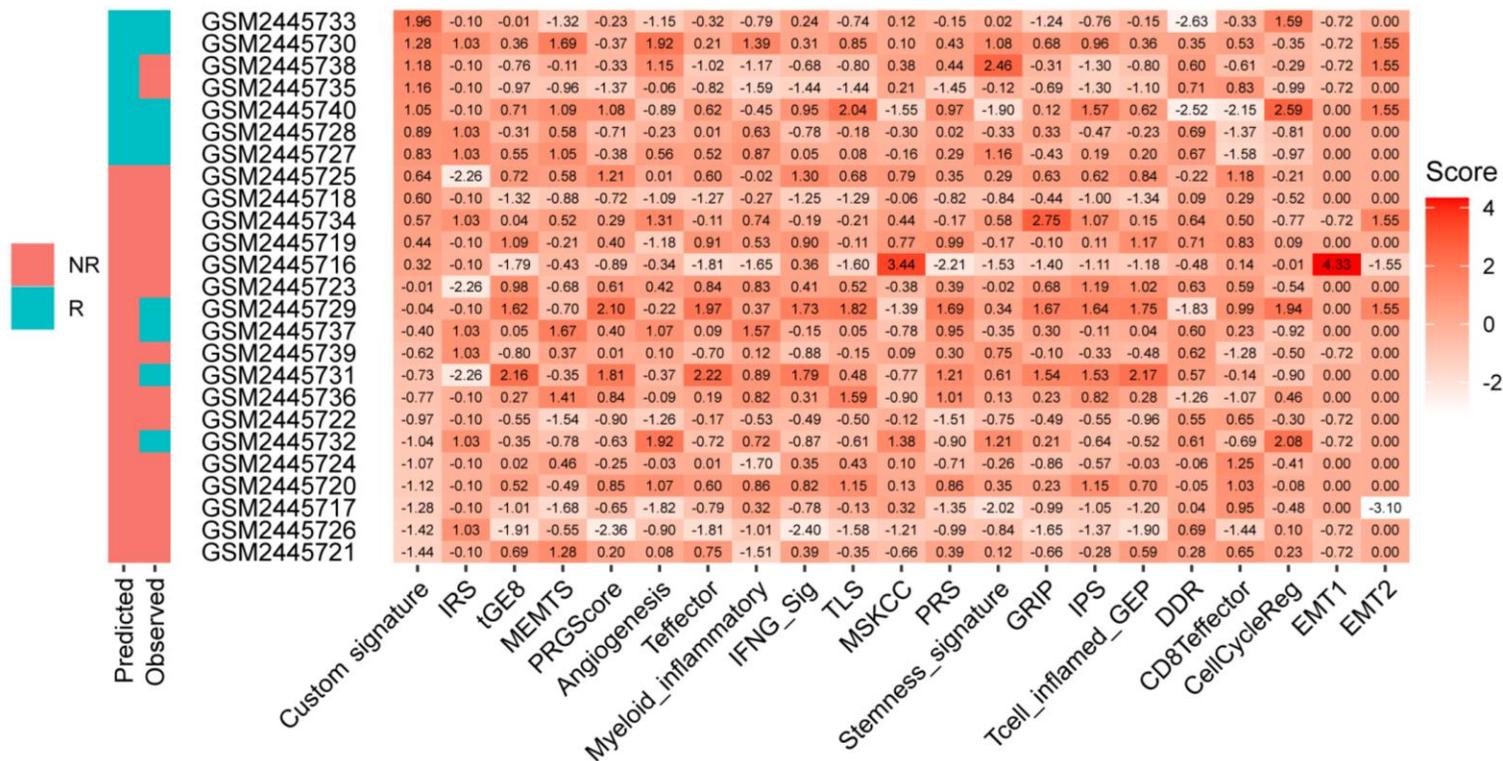
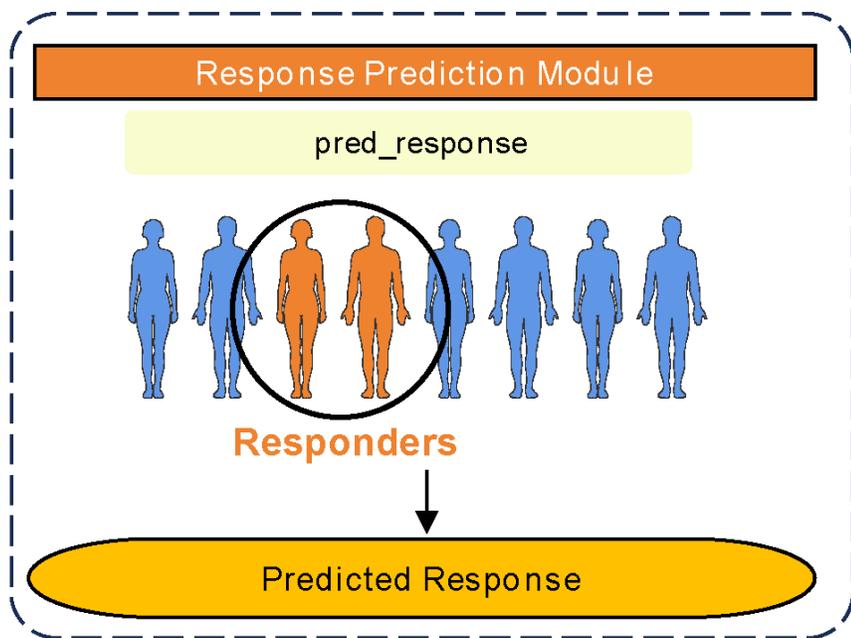
- `deconv_TME()`: 使用10种开源算法从基因表达数据中推导出不同肿瘤微环境细胞类型的比例
- `build_CellType_Ref()`: 根据scRNA-seq分析结果生成细胞类型特征矩阵
- `browse biomk()`: 生成一个由表示AUC的条形图和表示危险比和P值的点图组成的单一布局

预测模型构建模块



build_Model(): 构建预测免疫治疗疗效的机器学习预测模型。 **test_Model():** 测试构建的预测模型。

疗效预测模块

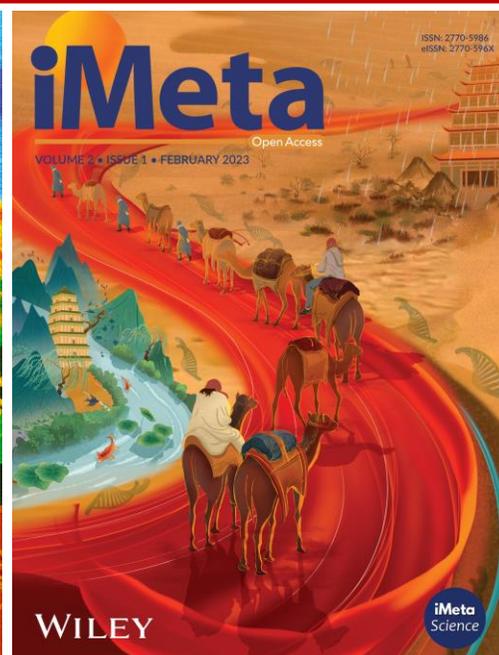
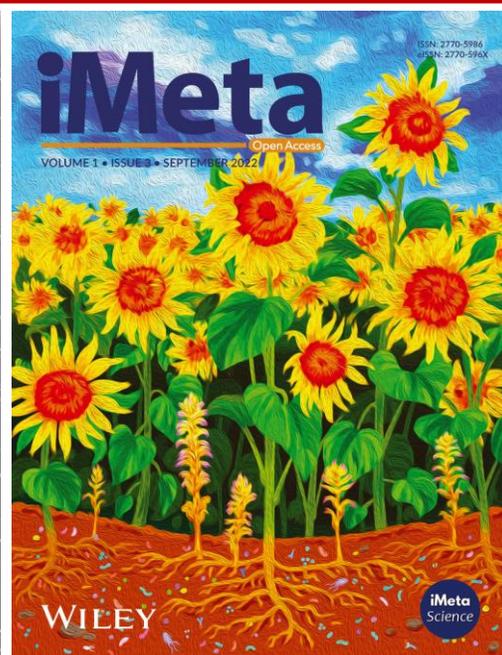


- `pred_response()`: 预测个体患者的免疫治疗反应。

总结

- ❑ 在这项研究中，我们介绍了tigeR，为研究人员挖掘免疫治疗的疗效预测生物标志物和构建预测模型提供了一个自动化和一体化的分析管道。
- ❑ 目前，tigeR工具包具有四个不同但高度关联的功能模块，内置1060个具有免疫治疗临床信息的样本，23个来自文献的免疫治疗反应相关生物标志物，以及10种开源TME分析算法，有助于更深入地理解抗肿瘤免疫应答背后的分子机制。
- ❑ tigeR不仅简化了分析流程，而且还可促进肿瘤免疫治疗领域的新发现，最终助力于患者个体化管理的实施和治疗结局的改善。
- ❑ 网站: <https://github.com/YuLab-SMU/tigeR>

Yihao Chen, Li-Na He, Yuanzhe Zhang, Jingru Gong, Shuangbin Xu, Yuelong Shu, Di Zhang, Guangchuang Yu, Zhixiang Zuo. 2024. tigeR: Tumor immunotherapy gene expression data analysis R package. *iMeta* 3: e229.
<https://doi.org/10.1002/imt2.229>



“**iMeta**” (影响因子**23.7**) 由威立、肠菌分会和数千名华人科学家出版的期刊，主编刘双江和傅静远教授。
收稿范围：任何领域高影响力的研究、方法和综述，重点关注微生物组、生物信息、大数据和多组学等；
影响力：[ESCI/WOS/JCR](#)、[PubMed](#)、[Google](#)、[Scopus](#) 收录，**IF 23.7** 位列微生物学研究期刊全球第一；
时效性：外审平均21天；投稿至发表中位数57天；
“**iMetaOmics**” 主编赵方庆和于君教授，定位IF>10的高水平交叉学科综合期刊，欢迎投稿！



主页: <http://www.imeta.science>

出版社: <https://wileyonlinelibrary.com/journal/imeta>



office@imeta.science

imetaomics@imeta.science



投稿: <https://wiley.atyponrex.com/journal/IMT2>

<https://wiley.atyponrex.com/journal/IMO2>



宣传片



[iMeta](#)

