



# iMLGAM: 基于集成机器学习和遗传算法驱动的多组学分析用于泛癌症免疫治疗反应预测

叶必成<sup>1#</sup>, 范骏<sup>2#</sup>, 薛磊<sup>2#</sup>, 庄宇<sup>3,4#</sup>, 罗鹏<sup>5</sup>, 江爱民<sup>6</sup>, 谢嘉桁<sup>7</sup>, 李启凡<sup>8</sup>,  
梁小庆<sup>9</sup>, 谭家雄<sup>10</sup>, 赵松筠<sup>11</sup>, 周文航<sup>12\*</sup>, 任传利<sup>13\*</sup>, 林浩然<sup>2\*</sup>, 张朋朋<sup>2,10\*</sup>

<sup>1</sup>东南大学医学院, <sup>2</sup>南京医科大学第一附属医院, <sup>3</sup>南京市胸科医院

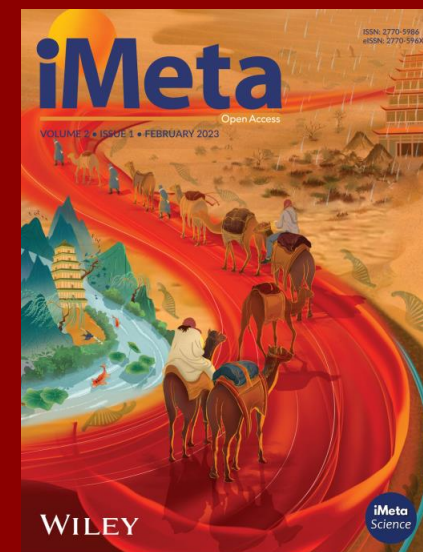
<sup>4</sup>南京医科大学附属脑科医院, <sup>5</sup>南方医科大学珠江医院, <sup>6</sup>海军军医大学长海医院,

<sup>7</sup>中南大学湘雅医院, <sup>8</sup>苏州大学第一附属医院, <sup>9</sup>重庆医科大学第一附属医院

<sup>10</sup>天津医科大学肿瘤医院, <sup>11</sup>温州医科大学第一附属医院,

<sup>12</sup>徐州医科大学附属淮安医院

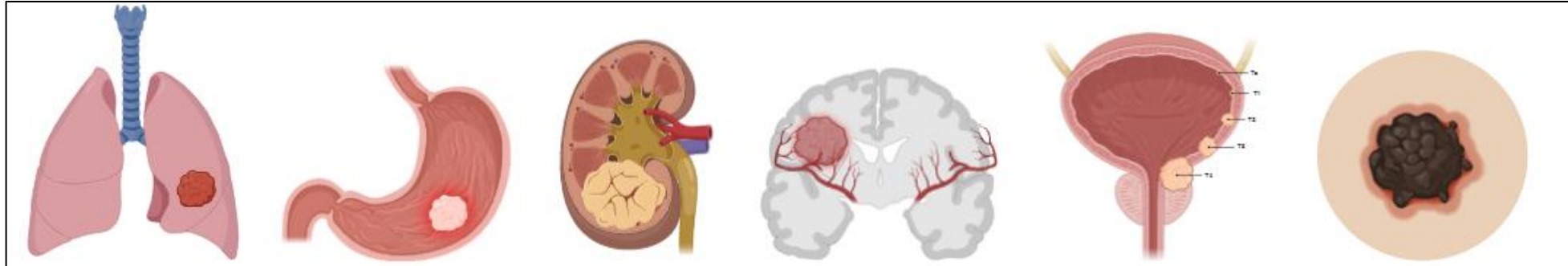
<sup>13</sup>扬州大学附属苏北人民医院



Bicheng Ye, Jun Fan, Lei Xue, Yu Zhuang, Peng Luo, Aimin Jiang, et al. 2025. iMLGAM: integrated Machine Learning and Genetic Algorithm-driven Multiomics analysis for pan-cancer immunotherapy response prediction. *iMeta* 4: e70011.

<https://doi.org/10.1002/imt2.70011>

# 简介



## iMLGAM: integrated Machine Learning and Genetic Algorithm-driven Multiomics analysis for pan-Cancer immunotherapy response prediction

### Overview

This repository contains data and code related to the study of predictive models for pan-cancer immunotherapy. The purpose of this study is to construct a signature based on RNA sequencing data to predict the outcomes of immunotherapy in patients with pan-cancer.

### Directory Structure

- `Figure1`, `Figure2`, ...: Data and original code for saving generated figures.
- The source code of the iMLAGA package.

### Prerequisites

Make sure you have R and the following packages installed: iMLAGA. Install "iMLAGA" via this [GitHub page](#) or by running the code.

```
devtools::install_github("Yelab1994/iMLGAM")
```

<https://github.com/Yelab1994/iMLGAM>

## Calculate iMLGAM Score for Guiding ICI Therapy

If the iMLGAM score is lower than 0.966, it may benefit from ICI therapy.

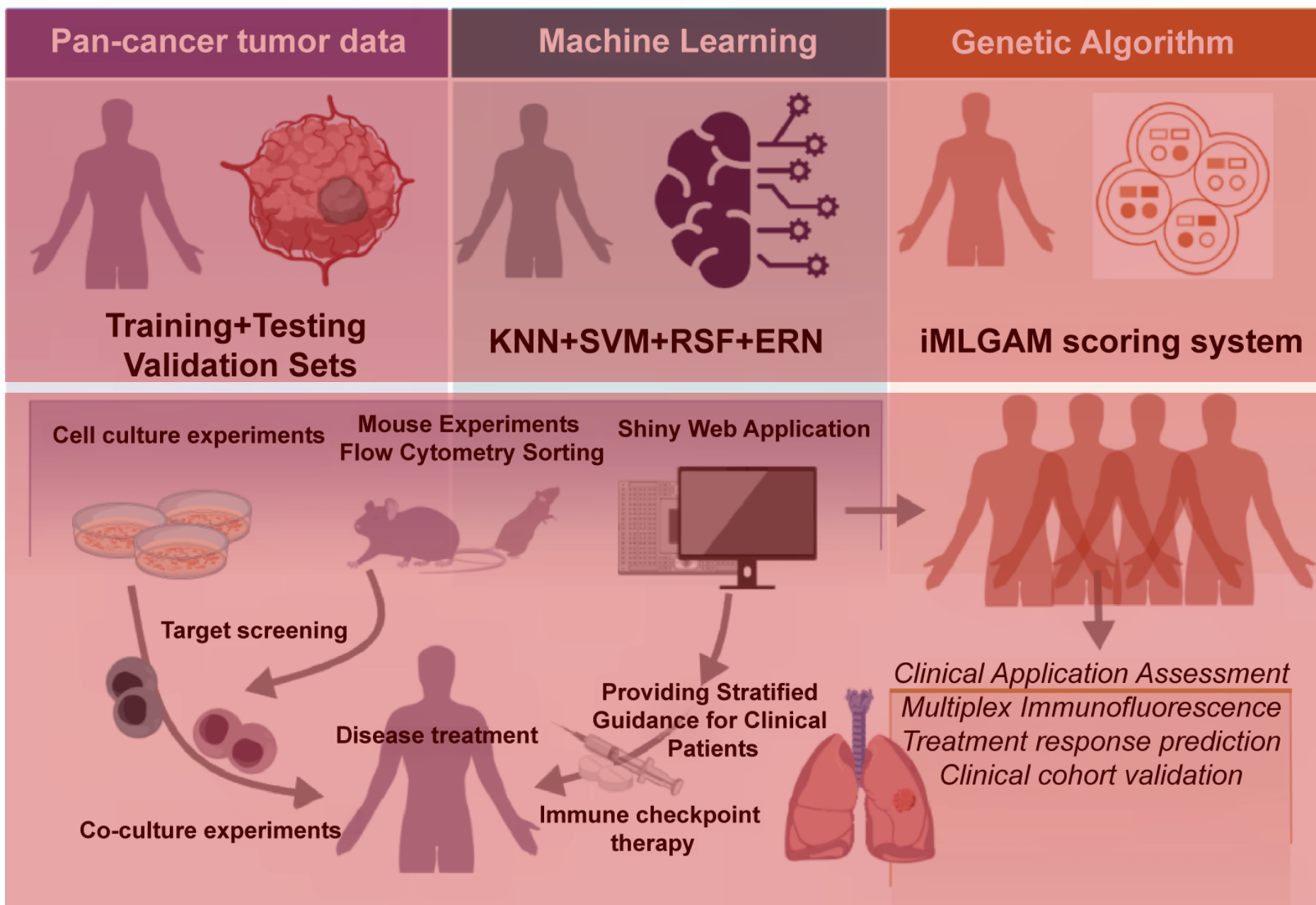
Expression	
<b>BMP2</b>	<b>SELE</b>
<input type="text" value="0"/>	<input type="text" value="0"/>
<b>CD274</b>	<b>SH3TC1</b>
<input type="text" value="0"/>	<input type="text" value="0"/>
<b>CHST15</b>	<b>LAG3</b>
<input type="text" value="0"/>	<input type="text" value="0"/>
<b>CKLF</b>	<b>TLR7</b>
<input type="text" value="0"/>	<input type="text" value="0"/>
<b>ESCO2</b>	<b>RXRA</b>
<input type="text" value="0"/>	<input type="text" value="0"/>

Submit

[https://ici-theaphy-gms.shinyapps.io/my\\_shiny\\_app/](https://ici-theaphy-gms.shinyapps.io/my_shiny_app/)



# 亮点





# iMLGAM评分系统开发

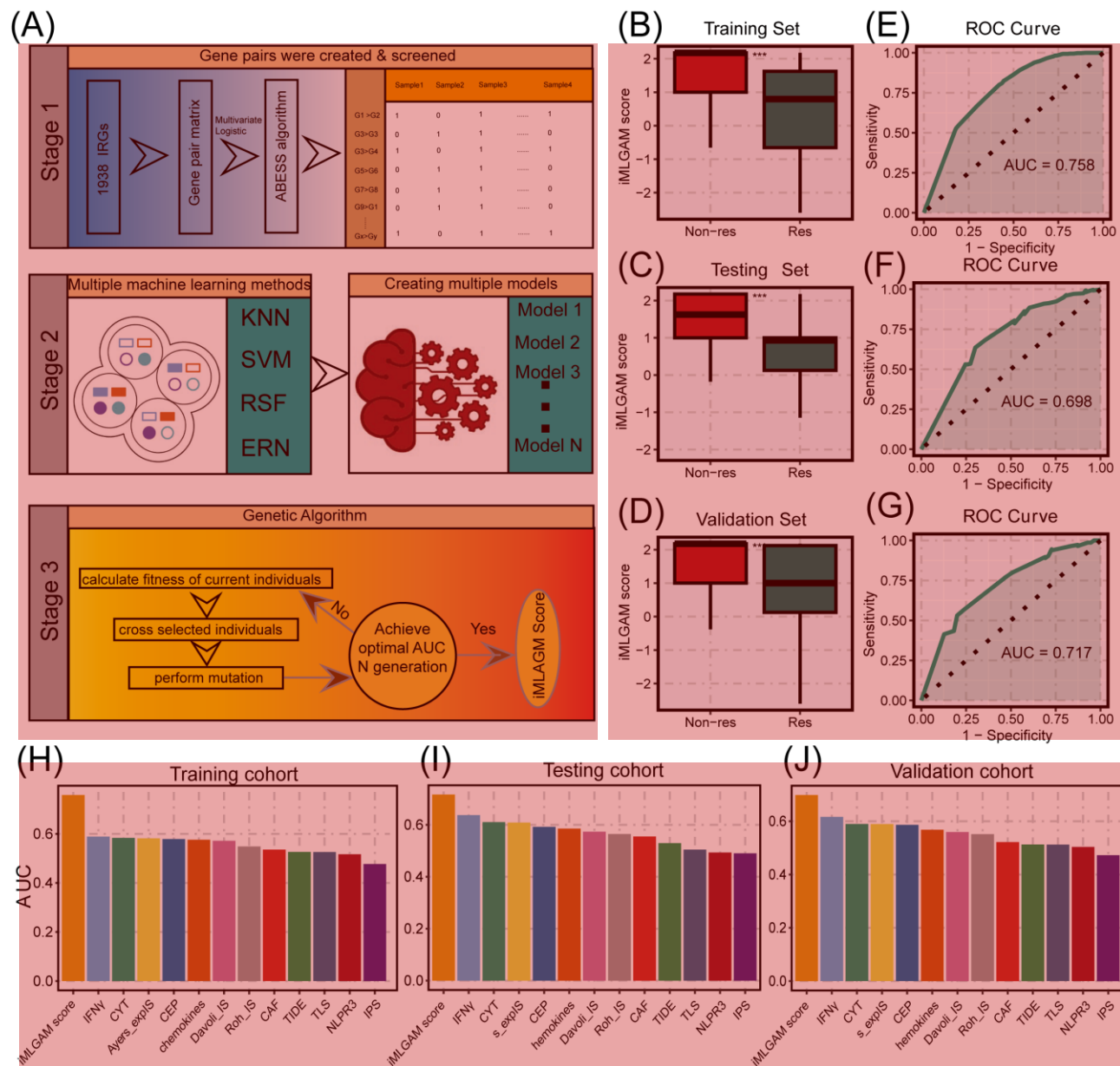


图1. iMLGAM评分系统的构建与验证



# iMLGAM评分网页开发和通路分析

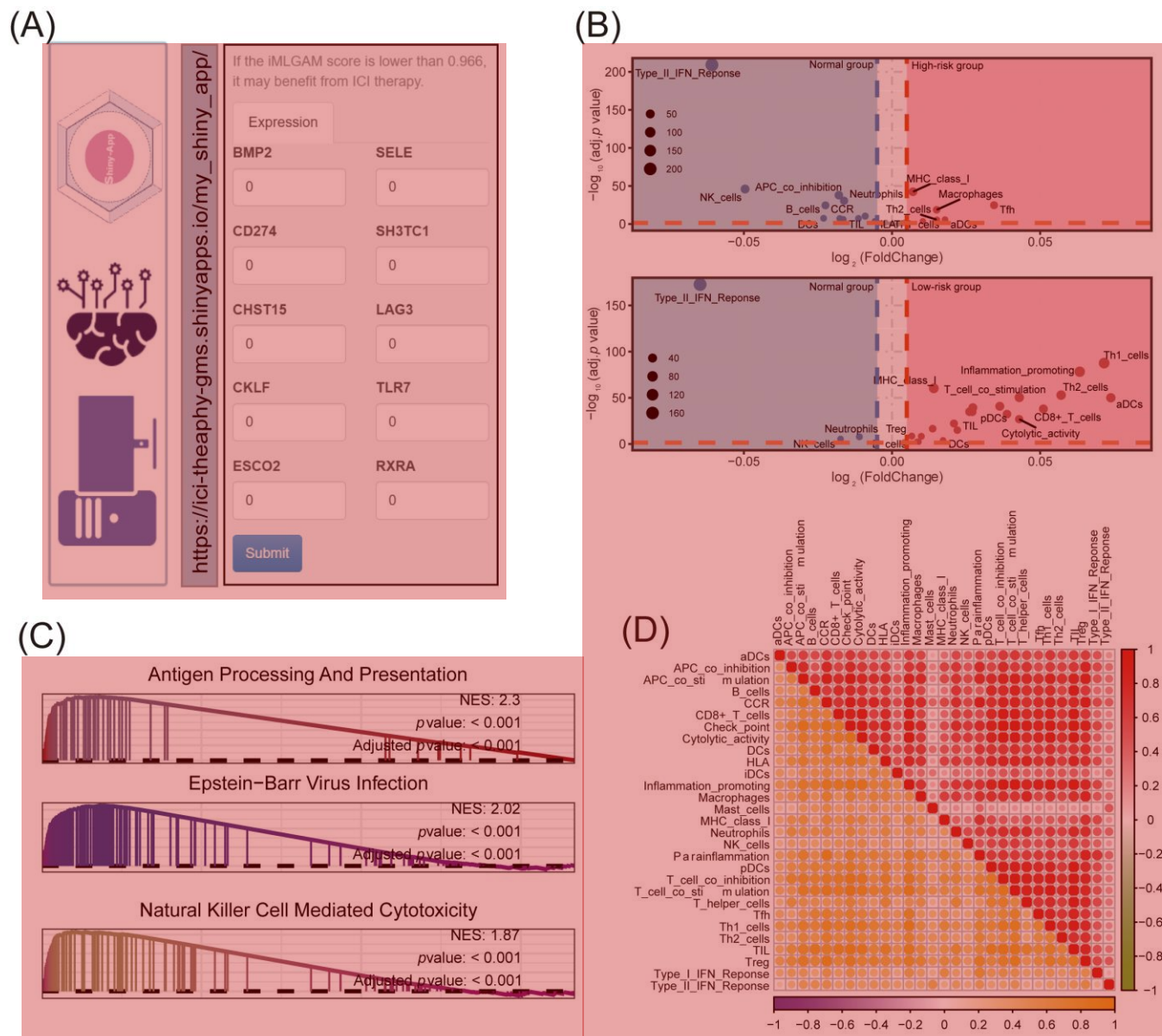


图2. iMLGAM评分与免疫特征和分子通路的关联分析

# iMLGAM评分的临床验证

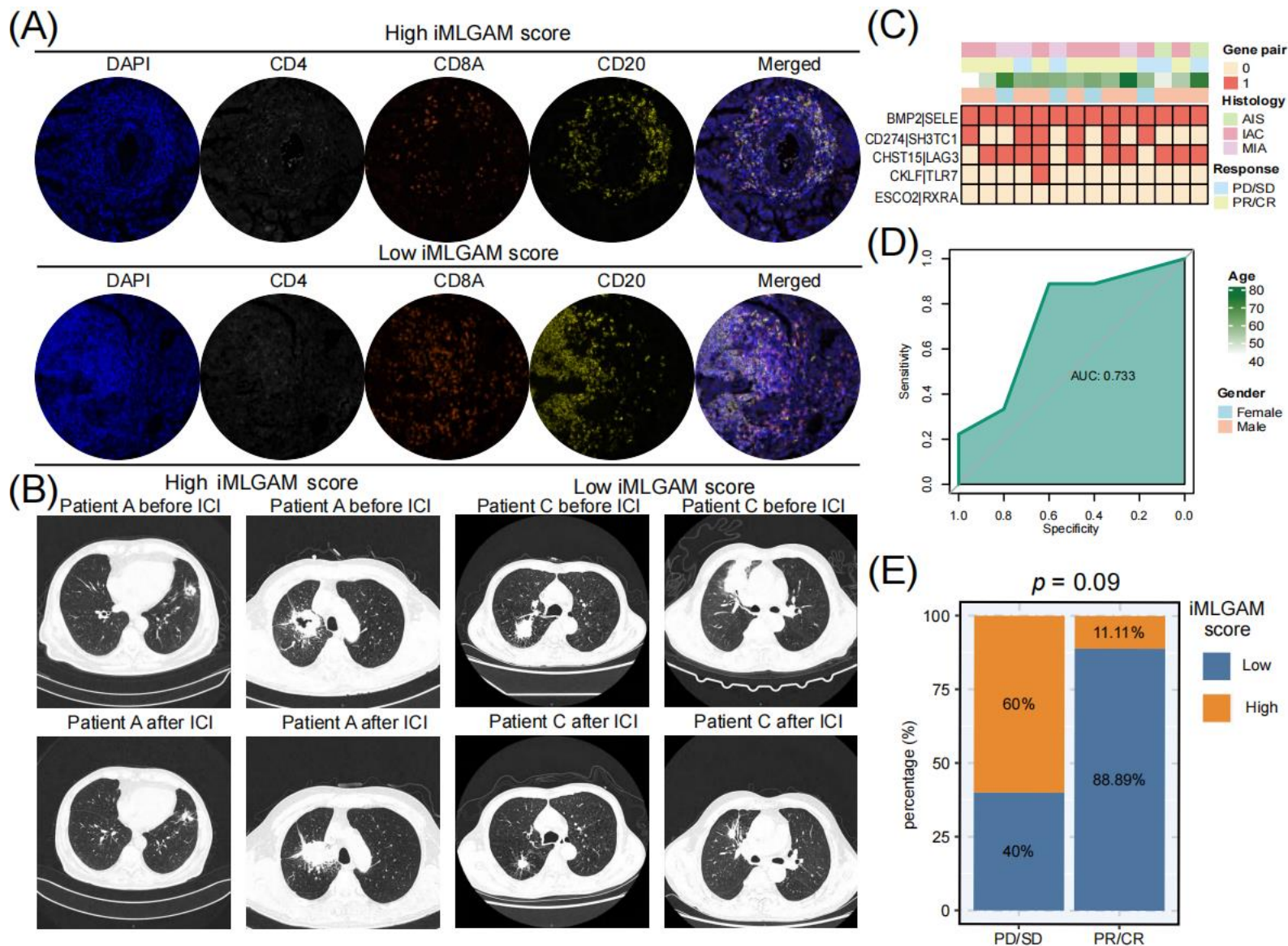


图3. iMLGAM评分在院内队列中的临床验证

# CEP55基因CRISPR筛选和功能分析

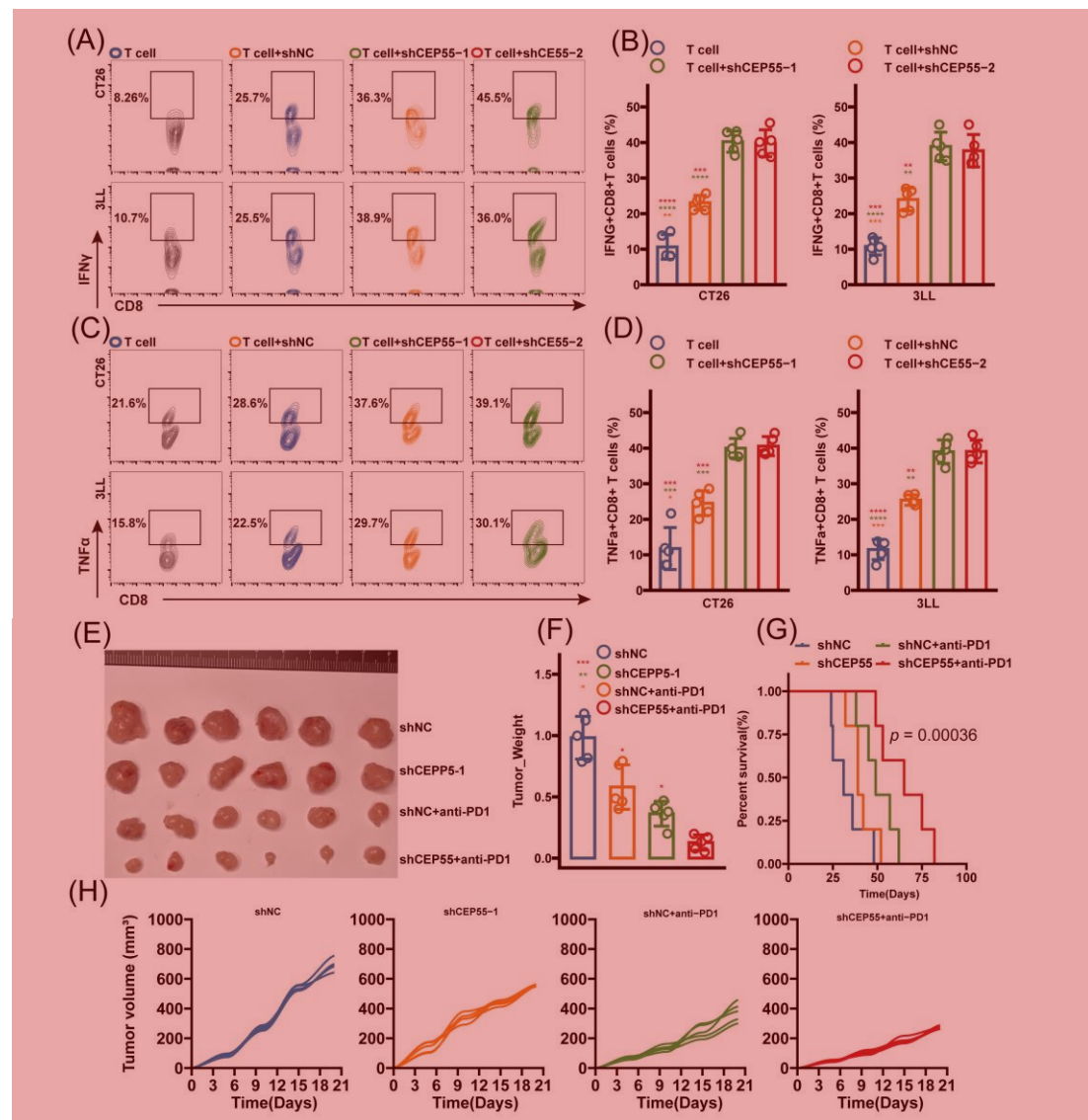
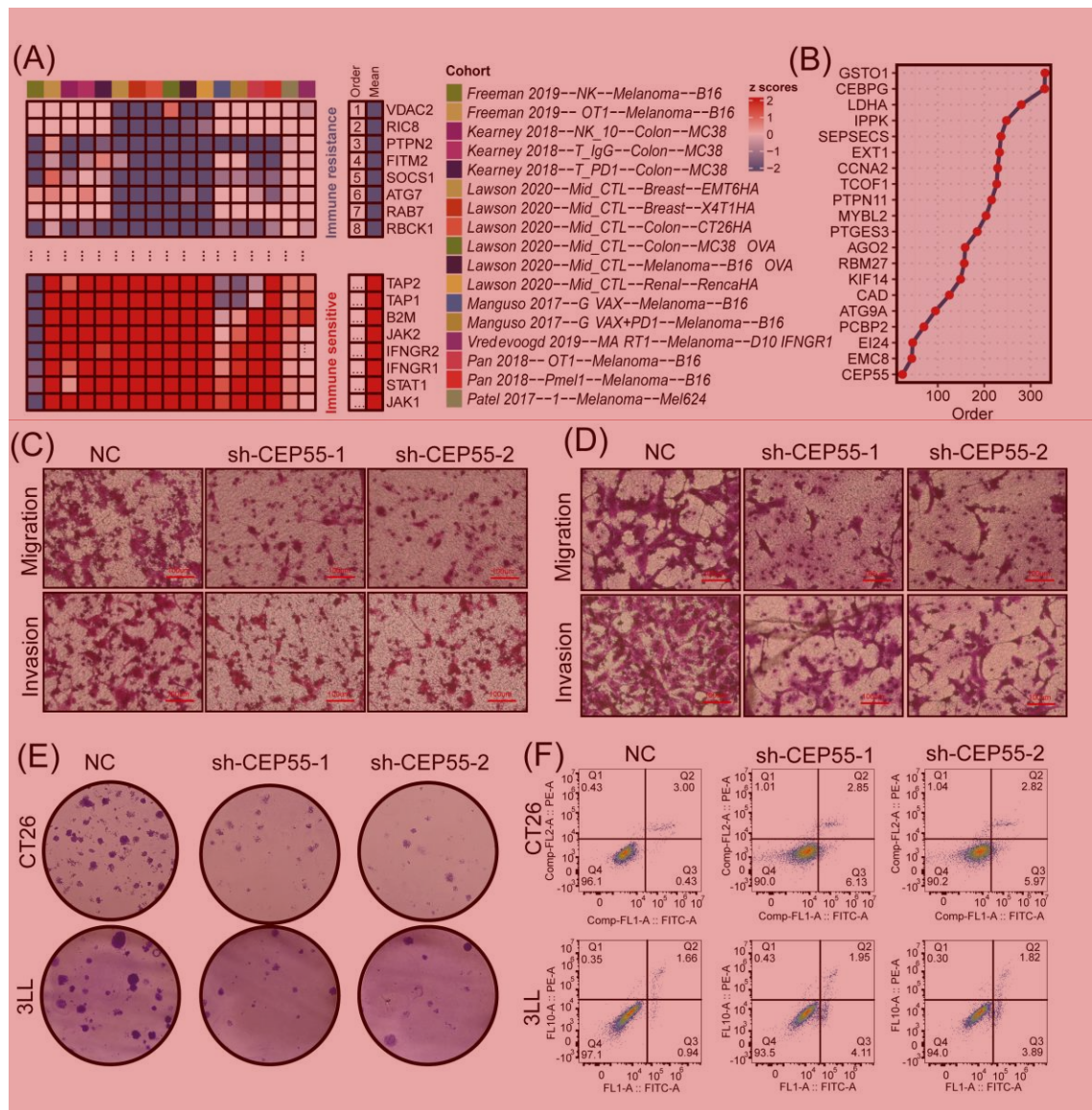


图4、5.基于iMLGAM评分的CEP55基因CRISPR筛选和功能分析

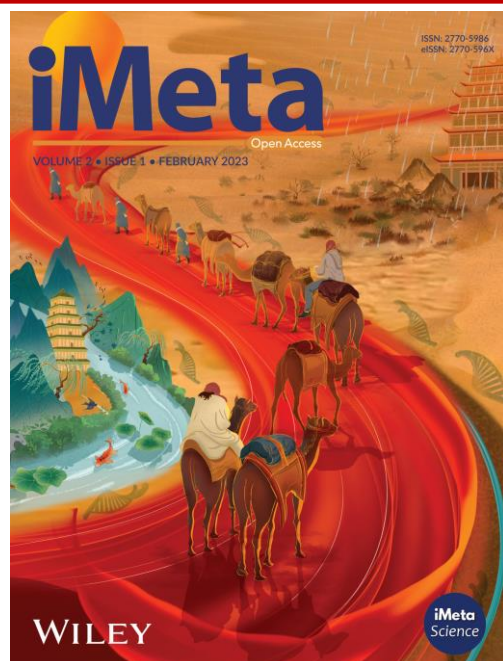
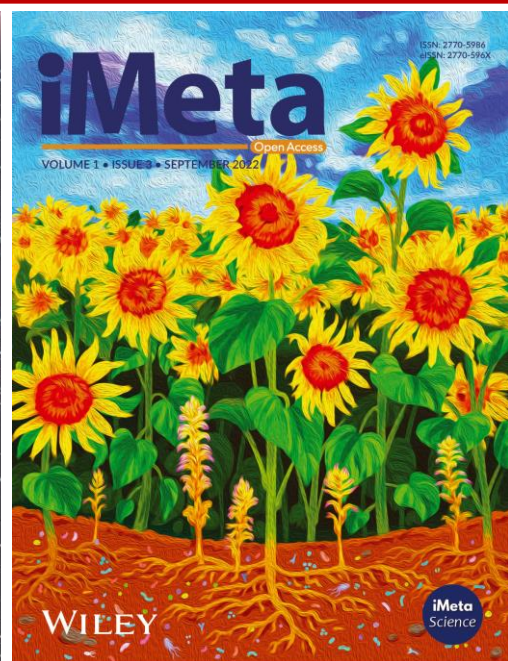


# 总结

- ❑ 在这项研究中，我们开发了iMLGAM评分系统，这是一个整合机器学习和遗传算法的多组学分析工具，用于预测肿瘤患者对免疫治疗的反应；
- ❑ 通过多队列验证，我们发现iMLGAM评分能够有效预测免疫检查点阻断(ICB)治疗的效果；
- ❑ 为方便用户使用，我们开发了在线分析工具，可通过网页界面直接访问[https://ici-theaphy-gms.shinyapps.io/my\\_shiny\\_app](https://ici-theaphy-gms.shinyapps.io/my_shiny_app)；
- ❑ iMLGAM的R包版本已在GitHub开源，研究人员可从<https://github.com/Yelab1994/iMLGAM>获取使用。

Bicheng Ye, Jun Fan, Lei Xue, Yu Zhuang, Peng Luo, Aimin Jiang, et al. 2025. iMLGAM: integrated Machine Learning and Genetic Algorithm-driven Multiomics analysis for pan-cancer immunotherapy response prediction. *iMeta* 4: e70011.

<https://doi.org/10.1002/imt2.70011>



**iMeta**期刊(影响因子**23.8**)由宏科学、千名华人科学家和威立出版, 主编刘双江和傅静远教授。目标为生物医学国际综合顶刊群(对标Nature/Cell), 任何领域高影响力的研究、方法和综述均欢迎投稿, 重点关注生物技术、生信和微生物组等前沿交叉学科, 已被SCIE、PubMed等收录, 位列全球SCI期刊前千分之五, 微生物学研究类期刊全球第一; 外审平均21天, 投稿至发表中位数57天。  
子刊*MetaOmics*(主编赵方庆和于君教授)、*MetaMed*定位IF>10的综合、医学期刊, 欢迎投稿!



主页: <http://www.imeta.science>

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



[office@imeta.science](mailto:office@imeta.science)

[imetaomics@imeta.science](mailto:imetaomics@imeta.science)



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

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



宣传片



iMeta

