

Мультимодальная модель цифрового двойника превосходит традиционную стратификацию по биомаркерам при раке поджелудочной железы

Источник: Frontiers in AI — Medicine

Оригинал: <https://www.frontiersin.org/articles/10.3389/frai.2026.1873681>

байесовские модели

биомаркеры

онкология

персонализированная медицина

цифровые двойники

Более точный отбор пациентов для лечения имеет решающее значение для улучшения как онкологической помощи, так и разработки терапевтических препаратов в онкологии. Возможность заранее прогнозировать индивидуальный ответ пациентов на противораковое лечение могла бы трансформировать онкологическую помощь, существенно повлияв на исходы, качество жизни и стоимость лечения. Мы создали молекулярные цифровые двойники отдельных участников с помощью байесовской фундаментальной модели рака (FarrSight®) в рамках клинического исследования COMPASS (нерандомизированное исследование mFOLFIRINOX и гемцитабина + набопаклитаксела в качестве терапии первой линии при распространённом раке поджелудочной железы). Мы сравнили прогнозы этих индивидуальных цифровых двойников с существующей классификацией Moffitt для протоковой аденокарциномы поджелудочной железы. Индивидуальные прогнозы цифровых двойников в отношении ответа на mFOLFIRINOX превзошли классификацию Moffitt в подтипе базального типа: AUC составила 72,3% по сравнению с 44,8% у традиционного биомаркера; общая точность — 65,8% против 47,4%; прогностическая ценность положительного результата (PPV) — 60% против 40%; прогностическая ценность отрицательного результата (NPV) — 72,2% против 52,2%. Индивидуальные прогнозы ответа пациентов с использованием таких моделей, как FarrSight®, обладают

потенциалом для более точного отбора пациентов для лечения уже одобренными терапевтическими препаратами, а также в ходе разработки новых препаратов, по сравнению с биомаркерами, основанными на популяционных средних значениях.

Перевод выполнен: 04.09.2026 | ai4med.ru

Машинный перевод. Рекомендуем сверять с оригиналом при клиническом использовании.