Объяснимый искусственный интеллект выявляет кандидаты в биомаркеры циркулирующих микроРНК для обнаружения рака поджелудочной железы на основе жидкой биопсии

Источник: Frontiers in AI — Medicine

Оригинал: https://www.frontiersin.org/articles/10.3389/frai.2026.1810551

биомаркеры | диагностика | жидкая биопсия | машинное обучение | объяснимый ИИ | онкология

Введение

Рак поджелудочной железы (РПЖ) остается высоколетальным злокачественным новообразованием из-за бессимптомного течения, позднего выявления и отсутствия надежных биомаркеров жидкой биопсии для неинвазивной ранней диагностики. Циркулирующие микроРНК (ц-мРНК) представляют собой перспективные клинические индикаторы благодаря их стабильности в биологических жидкостях и регуляторному влиянию на онкогенные пути.

Методы

В данном исследовании представлена интегрированная вычислительная платформа, сочетающая крупномасштабное профилирование экспрессии сывороточных мРНК с дифференциальным анализом экспрессии, методами машинного обучения (МО) и объяснимым искусственным интеллектом (XAI). Были проанализированы пять общедоступных наборов данных GEO, включающих 1101 образец сыворотки, с применением предварительной

обработки, включая нормализацию, импутацию пропущенных значений и коррекцию пакетных эффектов на основе метода ComBat. Байесовский стековый ансамблевый классификатор, объединяющий алгоритмы XGBoost, Random Forest, SVC (метод опорных векторов), Naïve Bayes (наивный Байес) и k-NN (k ближайших соседей), был оптимизирован с использованием алгоритма SMOTE для устранения дисбаланса классов и минимизации ограничений по весам с помощью метода SLSQP (квадратичное программирование последовательных приближений).

Результаты

Анализ экспрессии генов выявил 148 значительно дисрегулируемых мРНК (|log2FC| ≥ 2, скорректированный p < 0,05). Модель продемонстрировала отличные предиктивные характеристики (AUC = 0,97; точность = 97,28%; чувствительность = 94%; специфичность = 99%). Интерпретация на основе объяснимого ИИ (XAI) с использованием метода SHAP выделила 20 мРНК в качестве наиболее значимых предикторов, включая hsa-miR-125a-3p, hsa-miR-1290, hsa-miR-614 и hsa-miR-497-5p. Анализ обогащения путей с использованием DIANA-miRPath и miRDB подтвердил их участие в ключевых онкогенных путях (MAPK, CDK, TP53).

Обсуждение

В рамках ретроспективного вычислительного исследования полученные данные представляют собой кандидаты в биомаркеры, приоритизированные вычислительными методами, которые требуют валидации в независимых внешних когортах и экспериментальных подходах перед внедрением в клиническую практику. Предложенный конвейер демонстрирует прозрачный и воспроизводимый подход к открытию биомаркеров и подтверждает клинический потенциал циркулирующих мРНК для неинвазивной ранней диагностики рака поджелудочной железы на основе жидкой биопсии.

Перевод выполнен: 31.10.2026 | ai4med.ru

Машинный перевод. Рекомендуем сверять с оригиналом при клиническом использовании.