

OMNIS: пространственно-информированная мультиомная платформа глубокого обучения для прогнозирования рецидивов опухолей и дифференциации первичных и метастатических опухолей

Источник: Frontiers in AI — Medicine

Оригинал: <https://www.frontiersin.org/articles/10.3389/frai.2026.1817043>

геномика

глубокое обучение

диагностика

мультиомика

онкология

прогнозирование

Введение

Рецидив рака и отдаленное метастазирование являются основными причинами смерти, связанной с онкологическими заболеваниями, однако существующие биомаркеры и модели на основе одиночных омических данных (single-omics) имеют ограниченную точность и интерпретируемость для различных типов опухолей.

Методы

Мы разработали **OMNIS** (**OM**ics **N**etwork **I**ntegration and **S**patial representation — Интеграция омических сетей и пространственное представление), платформу на основе сверточного глубокого обучения, которая встраивает мультиомные профили в пятиканальное геномное изображение, упорядоченное в соответствии с хромосомной близостью, полученной с помощью метода **Hi-C**. Данные о соматических мутациях, изменениях числа копий генов, метилировании ДНК и экспрессии генов из 1578 опухолей **TCGA** (The Cancer Genome Atlas — Атлас ракового генома), охватывающих 33 типа

рака, использовались для обучения классификаторов риска рецидива и статуса «первичная опухоль против метастаза». Эффективность оценивалась с помощью 10-кратной перекрестной проверки с использованием показателей **AUROC** (Area Under the Receiver Operating Characteristic curve — площадь под ROC-кривой), **AUPR** (Area Under the Precision-Recall curve — площадь под кривой точности-полноты) и метрик на основе пороговых значений. С помощью метода интегрированных градиентов (integrated gradients) были получены показатели атрибуции для каждого гена; гены с наивысшим рейтингом оценивались на предмет прогностической ценности в двух независимых когортах пациентов с немелкоклеточным раком легкого (GSE31210, n = 226; GSE135222, n = 27) с использованием анализа выживаемости.

Результаты

OMNIS продемонстрировал высокую дискриминационную способность для прогнозирования рецидива (**AUROC/AUPR** 0,970/0,937) и метастазирования (0,980/0,883), при этом точность составила 0,873–0,911, а прогностическая значимость отрицательного результата (NPV) составила $\geq 0,970$ для всех задач. Пространственное геномное встраивание ускорило сходимость модели и превзошло не пространственные базовые модели. Атрибуция выявила семь генов, связанных с рецидивом (включая **IBA57**, **DNTTIP1**, **SLC20A2** и **TMEM201**), и десять генов, связанных с метастазированием (включая **PLXNA1**, **POLR3D**, **TTLL4**, **SREBF2**, **TYMP** и **ZBTB7C**). Во внешних когортах экспрессия этих генов показала независимые, зависящие от стадии ассоциации с безрецидивной выживаемостью и общей выживаемостью.

Заключение

OMNIS представляет собой мультиомиксную платформу с учетом пространственной организации, которая сочетает в себе точное прогнозирование с интерпретируемостью на уровне генов. Путем внедрения трехмерной организации генома в модели глубокого обучения, **OMNIS** выявляет биологически согласованные, контекстно-зависимые драйверы прогрессирования заболевания и может служить руководством для будущей разработки биомаркеров и персонализированной терапии в прецизионной онкологии.

Перевод выполнен: 17.07.2026 | ai4med.ru

Машинный перевод. Рекомендуем сверять с оригиналом при клиническом использовании.