

scTIME: интерпретируемое моделирование иммуноассоциированных иммунных состояний при иммунотерапии немелкоклеточного рака легкого на основе данных одиночных клеток

Источник: Frontiers in AI — Medicine

Оригинал: <https://www.frontiersin.org/articles/10.3389/frai.2026.1918104>

биомаркеры

иммунотерапия

интерпретируемый ИИ

машинное обучение

немелкоклеточный рак легкого

онкология

транскриптомика

Ответ на иммунные ингибиторы контрольных точек у пациентов с немелкоклеточным раком легкого (НМРЛ) отражает согласованные состояния опухоли и иммунной системы, которые не могут быть полностью охвачены с помощью единичных биомаркеров. Мы разработали scTIME — интерпретируемую модель, которая преобразует одноядерные иммунные программы в баллы транскриптомики на уровне популяции (bulk), и интегрировали открытые когорты одноядерных данных, рецепторов Т-клеток, транскриптомики, выживаемости и протеогеномики. Моделирование ответа проводилось на двух когортах с различными конечными точками (40 пациентов) и сравнивало шесть алгоритмов. В качестве модели с разреженным откликом был выбран ElasticNet, который показал объединенный пятикратный вневыборочный ROC-AUC на уровне 0,810; вложенный отбор модели дал показатель 0,772. Стратификация с использованием независимой тестовой выборки выявила группы scTIME, обогащенные ответом, при прямом описательном сравнении с CD274, тогда как рассчитанный балл подчеркивал программы цитотоксических CD8+, натуральных киллеров, макрофагов SPP1, интерферон-ответа и презентации антигена. Одноядерный анализ и внешние проекции связали эти программы с рекрутированием через CXCL10-CXCR3, состояниями, ассоциированными с

эксклюзией, и экологией рецепторов Т-клеток в различных молекулярных контекстах. Исследовательский анализ выживаемости и кросс-омиксные исследования расширили рамки применения этой модели за пределы когорт ответа, однако интерпретировались как проекция, а не как независимая валидация. Вместе взятые результаты показывают, как иммунологическая биология на уровне отдельных клеток может поддерживать прозрачное развитие многоомиксных биомаркеров без сведения ответа к одному пути. scTIME остается исследовательским инструментом, поскольку выбор модели был постфактум, когорты были небольшими и клинически гетерогенными, а внешняя валидация с совпадающими конечными точками отсутствовала.

Перевод выполнен: 06.10.2026 | ai4med.ru

Машинный перевод. Рекомендуем сверять с оригиналом при клиническом использовании.