

Разработка алгоритма оценки биологического возраста на базе системы объяснимого искусственного интеллекта с использованием лабораторных биомаркеров и показателей биоимпеданса

К. С. Белан², К. А. Лемберг², И. Р. Фатхутдинов², К. К. Антонов², О. Е. Тихонова², Н. В. Грязева¹

¹ ФГБУ ДПО «Центральная государственная медицинская академия» Управления делами Президента Российской Федерации, Москва, Россия

² ООО «Медицинский центр Атлас», Москва, Россия

РЕЗЮМЕ

По мере динамичного развития исследований в области медицины долголетия биологический возраст все чаще рассматривается как наиболее перспективный интегральный показатель, объединяющий сигнатуры биомаркеров и обладающий клинической значимостью. В данной работе описан процесс разработки системы искусственного интеллекта для оценки биологического возраста на основе мультимодальных биомедицинских данных. Исследованы восемь категорий биомаркеров: биоимпедансометрия, общий и биохимический анализ крови, коагулограмма, липидный профиль, эндокринный статус, маркеры воспаления и простатический специфический антиген. Для более точной интерпретации применены глубокие нейросетевые архитектуры (MLP, DANet, FT-Transformer, GANDALF) и методы объяснимого ИИ (SHAP). Агрегированная модель, использующая несколько категорий показателей, достигла средней абсолютной ошибки 6.7 года и коэффициента корреляции Пирсона 0,83 с хронологическим возрастом. Система обеспечивает интерпретацию вклада отдельных биомаркеров в возрастную акселерацию и стратификацию пациентов по рискам, что открывает возможности для персонализированной медицины и превентивных стратегий. Результаты валидированы на российской популяции.

КЛЮЧЕВЫЕ СЛОВА: старение, биомаркеры старения, биологический возраст, искусственный интеллект, здоровое долголетие

КОНФЛИКТ ИНТЕРЕСОВ. Авторы заявляют об отсутствии конфликта интересов.

Авторы заявляют, что при создании данной рукописи не использовался генеративный искусственный интеллект.

Development of an algorithm for assessing biological age based on an explainable artificial intelligence system using laboratory biomarkers and bioimpedance indicators

K. S. Belan², K. A. Lemberg², I. R. Fatkhutdinov², K. K. Antonov², O. E. Tikhonova², N. V. Gryazeva¹

¹ Central State Medical Academy of the Administrative Department of the President of Russian Federation, Moscow, Russia

² Atlas Medical Center LLC, Moscow, Russia

SUMMARY

As research in longevity medicine rapidly develops, biological age is increasingly viewed as the most promising integrated indicator combining biomarker signatures and possessing clinical significance. This paper describes the development of an artificial intelligence system for estimating biological age based on multimodal biomedical data. Eight categories of biomarkers were analyzed: bioimpedance analysis, complete blood count and biochemistry, coagulation profile, lipid profile, endocrine status, inflammatory markers, and prostate-specific antigen. Deep neural network architectures (MLP, DANet, FT-Transformer, GANDALF) and explainable AI methods (SHAP) were applied to achieve a more accurate interpretation. The aggregated model, using multiple categories of indicators, achieved a mean absolute error of 6.7 years and a Pearson correlation coefficient of 0.83 with chronological age. The system enables the interpretation of the contribution of individual biomarkers to age-related acceleration and patient risk stratification, opening up opportunities for personalized medicine and preventive strategies. The results have been validated in the Russian population.

KEYWORDS: aging, aging biomarkers, biological age, artificial intelligence, healthy longevity

CONFLICT OF INTEREST. The authors declare no conflict of interest.

The authors declare that no generative artificial intelligence was used in the creation of this manuscript.

В условиях глобального роста продолжительности жизни наблюдается усиление интереса к количественной оценке темпов старения человека и рисков развития возраст-ассоциированных заболеваний. Старение как биологический процесс носит многофакторный, системный характер, что предопределяет необходимость поиска и валидации надёжных биомаркеров, а также формирования интегральных панелей показателей для количественной оценки возрастной акселерации. В этом контексте особую значимость приобретает концепция

«биологического возраста», понимаемого как совокупность объективных параметров, отражающих функциональное состояние основных физиологических систем организма и адаптационный потенциал при возрастных изменениях.

Оценка биологического возраста рассматривается как одна из ключевых задач современной геронтологии, медицины долголетия и системного здравоохранения. Данный подход позволяет не только характеризовать скорость возрастной акселерации, но и оценивать

функциональный статус отдельных органов и систем, а также организма в целом. Биологический возраст обладает существенной прогностической ценностью: он даёт возможность выявлять ранние проявления возраст-ассоциированных нарушений, оценивать индивидуальную предрасположенность к развитию заболеваний до появления клинической симптоматики и формировать персонализированные стратегии превентивной медицины. Доказано, что биологический возраст тесно связан с риском сердечно-сосудистых, нейродегенеративных, онкологических, эндокринных заболеваний, остеопороза и других патологических состояний, критичных для здоровья [1].

Существенное превышение биологического возраста над хронологическим рассматривается как возможный индикатор скрытых инфекционно-воспалительных процессов, метаболической дисрегуляции и системных нарушений, а также ускоренного старения организма в целом. В этой связи измерение биологического возраста выполняет не только диагностическую, но и важную прогностическую функцию: позволяет стратифицировать пациентов по уровням риска и отслеживать эффективность терапевтических и превентивных вмешательств, направленных на замедление преждевременного старения.

Современная медицина долголетия и смежные биотехнологические направления ориентированы на разработку стратегий минимизации как физиологического, так и патологического старения, с приоритетом повышения качества жизни в пожилом возрасте. Конечной целью этих подходов является увеличение продолжительности здоровой жизни (Healthspan) и её максимальное сближение с общей продолжительностью жизни (Lifespan). В данном контексте оценка биологического возраста выступает объективным инструментом мониторинга воздействия антивозрастных интервенций и средством валидации их клинической эффективности.

Эволюция подходов к созданию часов биологического возраста

В исследованиях, направленных на оценку биологического возраста, используются гетерогенные группы биомаркеров: генетические, эпигенетические, молекулярные, метаболические и биометрические показатели. Одним из наиболее распространённых и практически значимых направлений является анализ биомаркеров сыворотки крови. Данный метод обладает рядом преимуществ: он отличается малоинвазивностью, широко доступен в клинической практике и отличается высокой информативностью. На основе данных рутинных лабораторных исследований (клинического и биохимического анализа крови), содержания микронутриентов, липидного профиля, гормонального статуса, маркеров воспаления и других параметров могут быть построены модели биологического возраста различной степени сложности.

Среди наиболее известных моделей биологического возраста, основанных на анализе крови, выделяется PhenoAge, оценивающая фенотипический возраст по совокупности биохимических показателей и продемонстрировавшая

высокую прогностическую ценность в отношении продолжительности и качества жизни [1]. При этом, учитывая, что данная модель была разработана на основе данных когортного исследования National Health and Nutrition Examination Survey (NHANES, США), её экстраполяция на другие популяции, в том числе на население Российской Федерации, может быть ограничена.

Помимо биохимических показателей крови, в ряде работ предлагается включение дополнительных данных [2, 3, 4, 5]. Показано, что использование антропометрических характеристик (рост, масса тела, индекс массы тела, окружность талии) в сочетании с лабораторными биомаркерами повышает точность предсказательных моделей биологического возраста и ассоциированных с ним рисков [6, 7, 8, 9]. Антропометрия была использована, в частности, в моделях, продемонстрировавших высокую прогностическую ценность в отношении смертности от сердечно-сосудистых заболеваний, болезни Альцгеймера и хронической обструктивной болезни лёгких, а также стресс-индуцированных патологий. Среди неинвазивных исследований биомаркеров широкое распространение получили показатели биоимпедансного анализа тела. В исследованиях показатели биоимпедансного анализа применялись совместно с антропометрическими данными для описания возрастного ремоделирования телосложения у мужчин и женщин [10–15].

Ключевая особенность значительной части существующих моделей биологического возраста состоит в том, что их архитектуры основаны преимущественно на линейных методах (например, Elastic Net или линейные регрессионные подходы). Подобные модели позволяют выявлять главным образом линейные зависимости между биомаркерами и возрастом, в то время как динамика многих показателей в течение жизни подчиняется нелинейным закономерностям и демонстрирует нелинейную связь с риском смертности и развитием возраст-ассоциированных патологий. В ряде исследований стали применяться относительно простые нелинейные методы машинного обучения, в том числе многослойные перцептроны, которые нередко превосходят линейные модели по прогностической эффективности за счёт способности учитывать сложные, высокоразмерные и нелинейные взаимодействия между признаками.

Современные тенденции в данной области связаны с активным развитием специализированных глубоких нейросетевых архитектур, адаптированных для анализа табличных медицинских данных. Эти методы учитывают специфику структурированных клинических выборок и позволяют достигать более высокого качества моделей по сравнению с классическими алгоритмами. Интеграция таких архитектур с методами объяснимого искусственного интеллекта (Explainable Artificial Intelligence, XAI) открывает новые перспективы для медицины долголетия, обеспечивая интерпретируемость вкладов отдельных биомаркеров в прогноз биологического возраста и повышая клиническую применимость получаемых результатов.

Процесс создания модели и выбора возраст-зависимых биомаркеров

Материал и методы

Для выбора наиболее коррелируемых с возрастом маркеров рассматривались различные показатели лабораторных и инструментальных исследований. В основе отбора лежал принцип статистической значимости параметра. В результате были сформированы следующие подвыборки:

- данные биоимпедансометрии,
- показатели общего анализа крови,
- параметры биохимического анализа крови,
- результаты коагулограммы,
- показатели липидного профиля,
- данные эндокринного статуса,
- маркеры системного воспаления,
- специфический антиген при простатите.

После выбора подходящих маркеров проводилась оценка корреляционной зависимости с параметрами хронологического возраста и построение предиктивных моделей. С этой целью были использованы современные глубокие нейросетевые архитектуры, специально адаптированные для анализа табличных данных. Отличительной особенностью такого типа данных является наличие заранее определённого набора признаков при отсутствии естественной позиционной структуры, характерной, например, для текстовых или последовательностных данных. В рамках исследования были апробированы следующие архитектуры: MLP (Multi-Layer Perceptron), DANet (Deep Abstract Network), FT-Transformer (Feature Tokenizer and Transformer), а также GANDALF (Gated Adaptive Network for Deep Automated Learning of Features) [16–22].

Глубокие нейронные сети традиционно относятся к классу «непрозрачных» моделей, внутренние механизмы которых трудно поддаются прямой интерпретации. В связи с этим особую роль приобретают методы объяснимого искусственного интеллекта (XAI), позволяющие количественно оценивать вклад отдельных признаков в итоговые предсказания модели. Одним из наиболее распространённых подходов является метод SHAP (SHapley Additive exPlanations), основанный на теоретико-игровом вычислении маргинального вклада каждого признака в индивидуальное предсказание модели. Применение SHAP-значений даёт возможность идентифицировать биомаркеры, имеющие наибольшее значение для оценки биологического возраста в конкретной выборке.

Перед обучением предиктивных моделей была выполнена стратификация выборки по возрасту: все наблюдения распределялись по пяти возрастным подгруппам, что обеспечивало репрезентативное представление различных возрастных диапазонов в обучающем наборе. Общая выборка разбивалась на две части: 80% данных использовались для обучения и валидации моделей, а оставшиеся 20% – для независимого тестирования.

Результаты исследования

В выборке данных биоимпедансометрии было использовано 415 образцов и проанализировано 20 маркеров. Исследования проводились с применением анализатора состава тела InBody 770. Наибольшая по модулю корреляция с хронологическим возрастом отмечена для сопротивления

правой руки на частоте 50 кГц ($-0,52$). Модель, построенная на основе этих показателей, продемонстрировала среднюю абсолютную ошибку 9,25 года и коэффициент корреляции 0,75 между реальным и предсказанным возрастом на тестовой выборке. Наиболее значимым фактором в рамках данной модели выступает сопротивление левой руки на частоте 50 кГц.

В набор данных общего анализа крови вошел 2691 образец и 23 показателя (рис. 1). Наибольшую корреляцию с возрастом показал параметр относительной ширины распределения эритроцитов по объёму (стандартное отклонение), равный 0,34. Модель биологического возраста, построенная по этим данным, достигает средней абсолютной ошибки 16,44 года и корреляции 0,51 на тестовой выборке. Ведущим признаком, определяющим предсказания модели, является относительная ширина распределения эритроцитов по объёму.

Для биохимического анализа крови использовано 1071 наблюдение и 10 показателей. Наибольшая корреляция с хронологическим возрастом была выявлена для мочевины (0,33). Соответствующая модель обеспечивает среднюю абсолютную ошибку 13,67 года и тестовую корреляцию 0,53. Наибольший вклад в предсказание биологического возраста вносит щелочная фосфатаза.

В выборку по коагулограмме вошли 639 образцов и 6 показателей. Наиболее выраженную связь с возрастом демонстрирует тромбиновое время (коэффициент корреляции 0,25). Модель, основанная на данных коагулограммы, характеризуется средней абсолютной ошибкой 17,78 года при корреляции 0,53 на тестовой выборке. Наиболее значимым параметром в этой модели выступает тромбиновое время.

Модель по липидному профилю была построена на основе 661 образца и 6 показателей. Наибольшая корреляция с возрастом зафиксирована для общего холестерина (0,19). Средняя абсолютная ошибка модели составляет 23,11 года, а коэффициент корреляции на тесте – 0,42. Ведущим признаком является холестерин липопротеидов низкой плотности.

В исследовании эндокринного статуса было использовано 372 образца и 3 показателя. Наибольшую корреляцию с возрастом продемонстрировал фолликулостимулирующий гормон (0,45). Модель, построенная на основании этих данных, достигает средней абсолютной ошибки 13,07 года и корреляции 0,63 на тестовой выборке. Ключевым признаком, определяющим предсказание возраста, является фолликулостимулирующий гормон.

Для анализа системного воспаления использовались данные 341 образца и 3 показателя. Наибольшая корреляция с возрастом отмечена у скорости оседания эритроцитов (СОЭ) (0,32). Модель, основанная на этих признаках, оценивает возраст с ошибкой 20,53 года и корреляцией 0,55 на тесте. При этом наибольший вклад в предсказание биологического возраста, согласно XAI-анализу, вносит мочева кислота.

Набор данных по простатическому специфическому антигену включал 310 образцов и 3 показателя. Наибольшую корреляцию с возрастом (0,46) продемонстрировал свободный простата-специфический антиген. Соответствующая модель имеет среднюю абсолютную ошибку 13,27 года и коэффициент корреляции 0,61. Наиболее значимым признаком в этой модели оказался общий простата-специфический антиген.

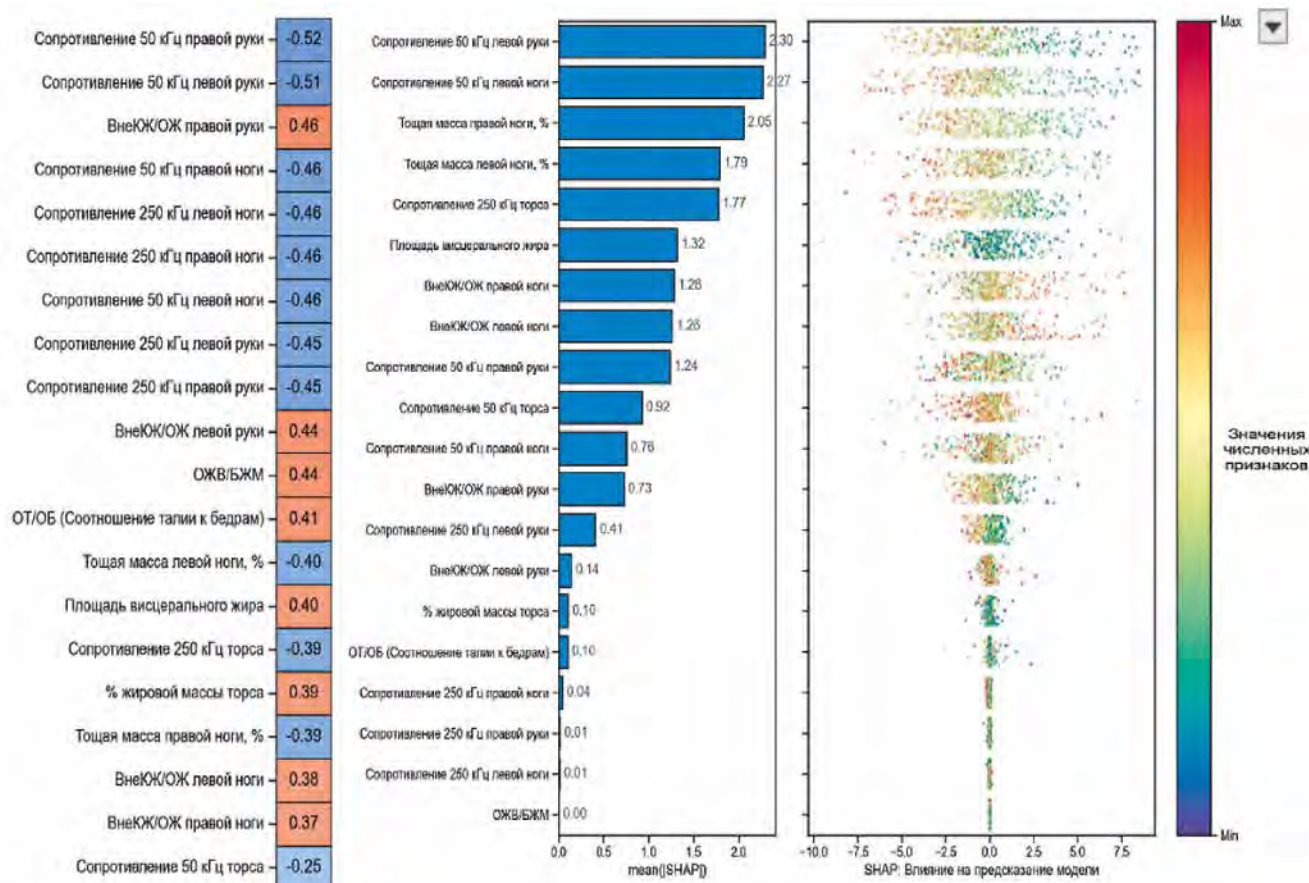


Рисунок 1. Модель оценки биологического возраста по данным биоимпедансометрии. Значения коэффициента корреляции Пирсона признаков модели с хронологическим возрастом, цветовая шкала соответствует величине значения. Рейтинг важности признаков в модели на основе SHAP-значений

Для каждого участника исследования были рассчитаны показатели возрастной акселерации по максимально возможному числу моделей, определяемому объемом доступных групп анализов. Далее результаты агрегировались с учётом числа одновременно применённых моделей у каждого испытуемого. По мере увеличения количества используемых моделей наблюдалось снижение средней абсолютной ошибки предсказания и рост коэффициента корреляции Пирсона между предсказанным и хронологическим возрастом; при этом величина ошибки уменьшалась на 3–4 года. Это указывает на то, что комбинирование предсказаний множества моделей способствует повышению точности оценки биологического возраста. Итоговая агрегированная модель продемонстрировала среднюю абсолютную ошибку 6.7 года и коэффициент корреляции 0,83.

Разработка интерфейса

Для обеспечения практической применимости разработанных моделей машинного обучения одним из ключевых этапов стала их интеграция в специализированный программный интерфейс. Внедрение подобных моделей в клиническую практику предполагает не только высокую точность предсказаний, но и удобство взаимодействия для медицинского персонала. Создание программного интерфейса позволяет стандартизировать процедуру ввода данных, автоматизировать обработку лабораторных результатов и формировать наглядные визуализированные отчёты, что сокращает риск ошибок и снижает временные затраты специалистов.

В качестве инструмента реализации интерфейса был выбран фреймворк Gradio. С позиции разработчика Gradio обеспечивает декларативный подход к созданию веб-приложений, позволяя собирать интерфейс из готовых компонентов при минимальном объеме кода, что ускоряет прототипирование и тестирование. Для конечного пользователя данный фреймворк предоставляет интуитивно понятный веб-интерфейс для загрузки данных, настройки параметров и оперативного получения результатов с визуализацией предсказаний и интерпретацией работы модели. Важным преимуществом Gradio является наличие встроенных механизмов защиты данных, что соответствует требованиям по работе с конфиденциальной медицинской информацией.

По завершении вычислений пользователю предоставляется блок с результатами, включающий файл с предсказанными значениями, оценку средней абсолютной ошибки и коэффициент корреляции Пирсона между хронологическим и предсказанным возрастом по загруженным данным. Дополнительно формируются графики зависимости предсказанного возраста от хронологического, а также возрастной акселерации (рис. 2).

Для каждой группы признаков генерируются детализированные отчёты объяснимости: каскадные графики, иллюстрирующие вклад отдельных признаков в итоговую возрастную акселерацию, и визуализации коэффициентов корреляции Пирсона между каждым показателем и хронологическим возрастом по общей выборке (рис. 3).



Рисунок 2. Результаты локальной объяснимости оценки биологического возраста для выбранного образца данных

Для каждого признака указывается его конкретное значение и характеристика («понижен», «средний» или «повышен») в контексте распределения данного показателя среди лиц соответствующего возрастного диапазона. Классификация осуществляется по терциям распределения: 0–33% – «понижен», 33–66% – «средний», 66–100% – «повышен». При этом подчёркивается, что индивидуальный вклад признака в возрастную акселерацию не всегда совпадает с направлением и величиной общей корреляции, что отражает влияние индивидуальных вариаций.

Выводы

В ходе работы была создана прикладная система искусственного интеллекта для оценки биологического возраста на основе мультимодальных биомедицинских данных. Разработанные модели машинного обучения продемонстрировали высокую прогностическую точность, особенно при агрегировании информации из различных групп анализов. Важным результатом стало построение комбинированной модели, использующей до восьми категорий показателей и обеспечивающей среднюю абсолютную ошибку 6.7 года и коэффициент корреляции Пирсона 0,83 относительно хронологического возраста. Это подтверждает, что интеграция разнородных источников данных повышает надёжность оценки биологического возраста и позволяет частично компенсировать ограничения отдельных методов.

Ключевым достижением также стало внедрение методов объяснимого искусственного интеллекта (в частности, анализа SHAP-значений), что обеспечивает не только определение

биологического возраста, но и интерпретацию вклада отдельных биомаркеров в процессы возрастной акселерации. Такой подход открывает новые возможности для персонализированной медицины, позволяя выявлять пациентов с повышенными рисками развития возраст-ассоциированных патологий, оптимизировать терапевтические стратегии и контролировать эффективность медицинских вмешательств.

Перспективы дальнейшего развития проекта связаны с расширением обучающих выборок, включением дополнительных классов биомаркеров (прежде всего генетических и эпигенетических), а также проведением клинических испытаний для валидации системы в реальных условиях. Интеграция подобных технологий в практику здравоохранения представляет собой важный шаг в направлении персонализации медицины и повышения качества жизни за счёт раннего выявления и коррекции процессов ускоренного старения.

Список литературы / References

1. Levine M.E. et al. An epigenetic biomarker of aging for lifespan and healthspan // *Aging (Albany NY)*. 2018. Vol. 10, № 4. P. 573–591.
2. Drewelies J. et al. Using blood test parameters to define biological age among older adults: association with morbidity and mortality independent of chronological age validated in two separate birth cohorts // *GeroScience*. 2022. Vol. 44, № 6. P. 2685–2699.
3. Mamoshina P. et al. Population Specific Biomarkers of Human Aging: A Big Data Study Using South Korean, Canadian, and Eastern European Patient Populations // *J Gerontol A Biol Sci Med Sci*. 2018. Vol. 73, № 11. P. 1482–1490.
4. Bortz J. et al. Biological age estimation using circulating blood biomarkers // *Commun Biol*. 2023. Vol. 6. P. 1089.
5. Jia Q. et al. A biological age model based on physical examination data to predict mortality in a Chinese population // *iScience*. 2024. Vol. 27, № 3. P. 108891.
6. Putin E. et al. Deep biomarkers of human aging: Application of deep neural networks to biomarker development // *Aging (Albany NY)*. 2016. Vol. 8, № 5. P. 1021–1030.
7. Li X. et al. Application of biological age assessment of Chinese population in potential anti-ageing technology // *Immun Ageing*. 2018. Vol. 15. P. 33.
8. Bae C.-Y. et al. Biological age and lifestyle in the diagnosis of metabolic syndrome: the NHIS health screening data, 2014–2015 // *Sci Rep*. 2021. Vol. 11. P. 444.
9. Kang Y.G. et al. Models for estimating the metabolic syndrome biological age as the new index for evaluation and management of metabolic syndrome // *Clin Interv Aging*. 2017. Vol. 12. P. 253–261.
10. Kang Y.G. et al. Biological age as a health index for mortality and major age-related disease incidence in Koreans: National Health Insurance Service – Health screening 11-year follow-up study // *Clin Interv Aging*. 2018. Vol. 13. P. 429–436.
11. Chen L. et al. Modeling biological age using blood biomarkers and physical measurements in Chinese adults // *eBioMedicine*. 2023. Vol. 89. P. 104458.
12. Verschoor C.P. et al. Comparing Biological Age Estimates Using Domain-Specific Measures From the Canadian Longitudinal Study on Aging // *J Gerontol A Biol Sci Med Sci*. 2020. Vol. 76, № 2. P. 187–194.
13. Zhong X. et al. Estimating Biological Age in the Singapore Longitudinal Aging Study // *J Gerontol A Biol Sci Med Sci*. 2020. Vol. 75, № 10. P. 1913–1920.
14. Fermín-Martínez C.A. et al. AnthroAge, a novel approach to integrate body composition into the estimation of biological age // *Aging Cell*. 2022. Vol. 22, № 1. P. e13756.
15. Bae C.-Y. et al. A model for estimating body shape biological age based on clinical parameters associated with body composition // *Clin Interv Aging*. 2013. Vol. 8. P. 11–18.
16. Maaten L., Hinton G.E. Visualizing Data using t-SNE // *Journal of Machine Learning Research*. 2008. Vol. 9. P. 2579–2605.
17. Pearson K. III. On lines and planes of closest fit to systems of points in space // *The London, Edinburgh, and Dublin Philosophical Magazine and Journal of Science*. Taylor & Francis, 1901. Vol. 2, № 11. P. 559–572.

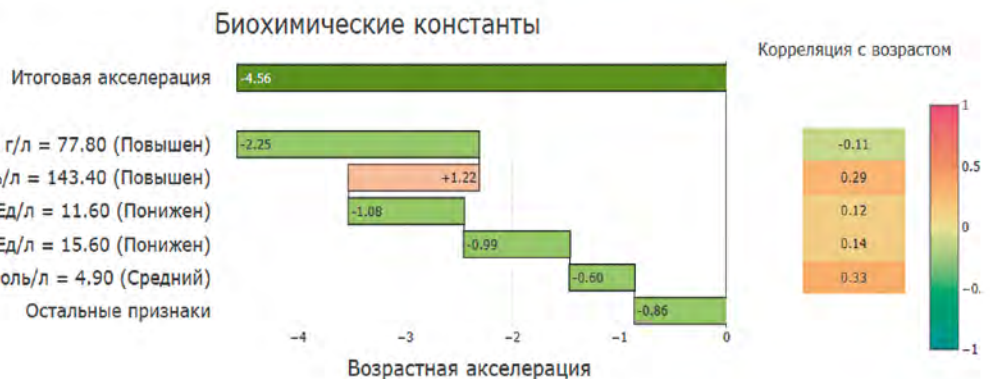


Рисунок 3. Детальные результаты объяснимости на примере показателей биохимических констант, включающие вклад каждого признака в итоговую возрастную акселерацию, а также корреляцию Пирсона каждого признака с хронологическим возрастом

18. Tenenbaum J.B., Silva V. de, Langford J.C. A Global Geometric Framework for Nonlinear Dimensionality Reduction // *Science. American Association for the Advancement of Science*. 2000. Vol. 290, № 5500. P. 2319–2323.
19. Kruskal J.B. Nonmetric multidimensional scaling: A numerical method // *Psychometrika*. 1964. Vol. 29, № 2. P. 115–129.
20. Kruskal J.B. Multidimensional scaling by optimizing goodness of fit to a nonmetric hypothesis // *Psychometrika*. 1964. Vol. 29, № 1. P. 1–27.
21. Dasgupta S., Gupta A. An elementary proof of a theorem of Johnson and Lindenstrauss // *Random Structures & Algorithms*. 2003. Vol. 22, № 1. P. 60–65.
22. Achlioptas D. Database-friendly random projections: Johnson-Lindenstrauss with binary coins // *Journal of Computer and System Sciences*. 2003. Vol. 66, № 4. P. 671–687.

Статья поступила / Received 22.02.2026
Получена после рецензирования / Revised 10.03.2026
Принята в печать / Accepted 10.03.2026

Сведения об авторах

Белан Кирилл Сергеевич, руководитель направления превентивной медицины². E-mail: kirbelan@gmail.com. ORCID: 0009-0001-7183-8965
Лемберг Ксения Александровна, генеральный директор². E-mail: IR_FATHUTDINOV@protek.ru
Антонов Константин Константинович, к.м.н. заведующий клиниками Атлас². E-mail: antonov.kk@atlasclinic.ru
Тихонова Олеся Евгеньевна, системный аналитик². E-mail: lesya.pashkovski@gmail.com. ORCID: 0009-0004-6695-4509
Грязева Наталья Владимировна, д.м.н., профессор кафедры дерматовенерологии и косметологии¹. E-mail: tytnik@yandex.ru. ORCID: 0000-0003-3437-5233

¹ ФГБУ ДПО «Центральная государственная медицинская академия» Управления делами Президента Российской Федерации, Москва, Россия
² ООО «Медицинский центр Атлас», Москва, Россия

Автор для переписки: Белан Кирилл Сергеевич. E-mail: kirbelan@gmail.com

Для цитирования: Белан К.С., Лемберг К.А., Фатхутдинов И.Р., Антонов К.К., Тихонова О.Е., Грязева Н.В. Разработка алгоритма оценки биологического возраста на базе системы объяснимого искусственного интеллекта с использованием лабораторных биомаркеров и показателей биоимпеданса. *Медицинский алфавит*. 2026; (3): 110–115. <https://doi.org/10.33667/2078-5631-2026-3-110-115>

About authors

Belan Kirill S., head of Preventive Medicine². Email: kirbelan@gmail.com. ORCID: 0009-0001-7183-8965
Lemberg Ksenia A., general director². Email: IR_FATHUTDINOV@protek.ru
Antonov Konstantin K., PhD Med Sci, head of Atlas Clinics². Email: antonov.kk@atlasclinic.ru
Tikhonova Olesya E., systems analyst². Email: lesya.pashkovski@gmail.com. ORCID: 0009-0004-6695-4509
Gryazeva Natalya V., Dr Med Sci (habil.), professor at Dept of Dermatovenereology and Cosmetology¹. E-mail: tytnik@yandex.ru. ORCID: 0000-0003-3437-5233

¹ Central State Medical Academy of the Administrative Department of the President of Russian Federation, Moscow, Russia
² Atlas Medical Center LLC, Moscow, Russia

Corresponding author: Belan Kirill S. E-mail: kirbelan@gmail.com

For citation: Belan K.S., Lemberg K.A., Fatkhutdinov I.R., Antonov K.K., Tikhonova O.E., Gryazeva N.V. Development of an algorithm for assessing biological age based on an explainable artificial intelligence system using laboratory biomarkers and bioimpedance indicators. *Medical alphabet*. 2026; (3): 110–115. <https://doi.org/10.33667/2078-5631-2026-3-110-115>



DOI: 10.33667/2078-5631-2026-3-115-117

Комбинированные протоколы трехмерного омоложения лица

Е. В. Круглик¹, С. В. Круглик^{1,2}

¹ Сеть клиник пластической хирургии и косметологии «VIP clinic», Калининград, Россия

² АО «Институт пластической хирургии и косметологии», Москва, Россия

РЕЗЮМЕ

Современная эстетическая хирургия лица стремится к комплексному восстановлению как положения тканей, так и утраченного объема при коррекции инволютивных изменений. Композитный SMAS-лифтинг (техника Deep Plane) обеспечивает надежную репозицию опущенных глубоких структур, в то время как структурный липофиллинг позволяет корректировать возрастную атрофию жировых компартментов. Выполнение этих процедур в рамках одной операции представляет собой синергичный подход, направленный на достижение максимально естественного и долговременного результата омоложения. В данной статье детально описаны хирургические этапы и технические нюансы комбинированной методики, включая забор, обработку по протоколу Coleman и введение аутологичного жира после выполнения глубокой плоскостной подтяжки. Особое внимание уделено вопросам безопасности, интеграции трансплантата и преимуществам одномоментного выполнения процедуры.

КЛЮЧЕВЫЕ СЛОВА: композитный SMAS-лифтинг, Deep Plane, липофиллинг, аутологичная трансплантация жира, структурное омоложение лица, комбинированная ритидэктомия.

КОНФЛИКТ ИНТЕРЕСОВ. Авторы заявляют об отсутствии конфликта интересов.

Авторы заявляют, что при создании данной рукописи не использовался генеративный искусственный интеллект.

Combined 3D facial rejuvenation correction

E. V. Kruglik¹, S. V. Kruglik^{1,2}

¹ Network of Plastic Surgery and Cosmetology Clinics "VIP Clinic", Kaliningrad, Russia

² Institute of Plastic Surgery and Cosmetology, Moscow, Russia

SUMMARY

Modern aesthetic facial surgery strives for comprehensive restoration of both tissue position and lost volume during the correction of involuntional changes. Composite SMAS lifting (Deep Plane technique) ensures reliable repositioning of sagging deep structures, while structural lipofilling corrects age-related atrophy of fat compartments. Performing these procedures in a single operation represents a synergistic approach aimed at achieving the most natural and long-lasting rejuvenation results. This article describes in detail the surgical stages and technical nuances of the combined technique, including harvesting, processing according to the Coleman protocol, and injection of autologous fat after a deep plane lift. Particular attention is paid to safety, graft integration, and the advantages of a single-stage procedure.

KEYWORDS: composite SMAS lifting, Deep Plane technique, lipofilling, autologous fat grafting, structural facial rejuvenation, combined rhytidectomy.

CONFLICT OF INTEREST. The authors declare no conflict of interest.

The authors declare that no generative artificial intelligence was used in the creation of this manuscript.