

의생명과학 및 임상 의학의 대전환: 최상위 저널(**Nature**, **Science**, **Cell**, **NEJM**, **Lancet**, **JAMA**)에 게재된 파운데이션 모델의 심층 분석 및 서사 구조 연구

요약 (**Executive Summary**)

지난 3-4년(2022-2025)은 의생명과학(Biomedicine)과 임상 의학(Clinical Medicine) 분야에서 인공지능(AI)의 역할이 보조적인 도구에서 지식을 창출하고 가설을 검증하는 핵심 주체로 변화한 결정적인 시기이다. 특히 *Nature*, *Science*, *Cell*과 같은 기초 과학 저널과 *NEJM*, *The Lancet*, *JAMA* 등 임상 저널은 '파운데이션 모델(Foundation Model)'의 등장을 대거 조명했다. 본 보고서는 이들 최상위 저널에 게재된 주요 파운데이션 모델 논문들을 망라하여 분석한다.

본 연구는 단순히 모델의 성능을 나열하는 것을 넘어, 생성형 AI(Generative AI)가 어떻게 분류(Classification)와 회귀(Regression)라는 고전적인 과학적 난제를 해결하는지 그 메커니즘을 규명한다. 또한, 각 도메인—특히 신경과학(Neuroscience)—에서 연구자들이 파운데이션 모델이라는 새로운 패러다임을 학계에 설득하기 위해 서론(Introduction)에서 어떠한 수사학적 전략(Rhetorical Strategy)과 내러티브(Narrative)를 구사했는지 심층 분석한다. 이를 통해 데이터의 규모가 어떻게 질적인 이해의 도약으로 이어지는지, 그리고 이것이 미래의 과학적 발견과 의료 서비스에 미칠 파급력을 종합적으로 전망한다.

1. 서론: 특화형 모델에서 범용 파운데이션 모델로의 패러다임 이동

1.1 의생명과학 데이터의 폭발과 기존 방법론의 한계

21세기 초반, 고성능 컴퓨팅과 차세대 염기서열 분석(NGS), 디지털 병리학 스캐너, 고해상도 뇌 영상 기술의 발달로 의생명과학 데이터는 기하급수적으로 증가했다. 그러나 2020년대 초반까지 주류를 이루었던 '지도 학습(Supervised Learning)' 기반의 AI 모델들은 명확한 한계를 노출했다.

첫째, 데이터의 파편화와 레이블링 비용(**Annotation Cost**) 문제이다. 병리학에서 암 세포를 구획하거나, 뇌 영상에서 특정 활동을 레이블링하는 작업은 고도로 훈련된 전문가의 막대한 시간을 요구한다. 이로 인해 모델들은 특정 병원의 특정 데이터셋에 과적합(Overfitting)되기 일쑤였고, 외부 데이터에 대한 일반화(Generalization) 성능은 저조했다.¹

둘째, 단일 태스크(**Single-Task**)의 경직성이다. 폐렴을 진단하는 모델은 결절을 찾지 못하고,

유전자 A의 발현을 예측하는 모델은 유전자 B의 기능을 추론하지 못했다. 이는 생명 현상의 상호연관성—유전형(Genotype)이 표현형(Phenotype)으로, 세포의 미세환경이 조직의 구조로 연결되는 복잡성—을 담아내지 못하는 근본적인 결함이었다.

1.2 파운데이션 모델의 등장과 학계의 반응

2022년을 기점으로 '파운데이션 모델'이라는 용어가 의생명과학 논문에 등장하기 시작했다. 대규모의 레이블 없는 데이터(Unlabeled Data)를 사용하여 데이터 자체의 구조와 문법을 학습하는 '자기지도 학습(Self-Supervised Learning, SSL)'이 그 핵심이었다. *Nature*와 *Science* 등은 이 기술이 생물학의 '언어'를 해독할 수 있다는 가능성에 주목했다.

특히 주목할 점은, 이러한 파운데이션 모델들이 텍스트나 이미지를 생성하는 것뿐만 아니라, 과학적 발견의 핵심인 정밀한 예측(Prediction)—즉, 분류와 회귀 태스크—에서 인간 전문가나 기존의 최고 성능 모델(SOTA)을 압도하기 시작했다는 것이다. 본 보고서는 이러한 기술적 진보가 신경과학, 병리학, 유전체학, 그리고 임상 의학 전반에 걸쳐 어떻게 전개되고 있는지 추적한다.

2. 신경과학(Neuroscience)의 파운데이션 모델: 뇌 활동의 문법을 해독하다

신경과학은 뇌의 복잡성, 개체 간의 변동성(Inter-subject variability), 그리고 측정 데이터(fMRI, EEG, Calcium imaging 등)의 고차원적 특성으로 인해 파운데이션 모델의 적용이 가장 도전적인 분야였다. 그러나 2024-2025년 *Nature*와 주요 학회에 발표된 연구들은 이러한 장벽을 넘어서고 있다.

2.1 Wang et al. (Nature 2025): "Foundation model of neural activity predicts response to new stimulus types"

이 연구는 쥐의 시각 피질(Visual Cortex)에서 측정된 대규모 신경 활동 데이터를 학습하여, 본 적 없는 시각 자극에 대한 뉴런의 반응을 예측하고, 나아가 기능적 데이터만으로 해부학적 구조를 추론해낸 기념비적인 연구이다.³

2.1.1 서론 내러티브 심층 분석 (Narrative Deconstruction)

Wang 등의 논문 서론은 파운데이션 모델의 필요성을 역설하기 위해 매우 정교한 "문제-해결(Problem-Solution)" 구조와 "CARS (Creating a Research Space)" 모델을 차용한다.

1. 영역 설정 (Establishing the Territory - The Epistemic Gap):

- 내러티브: 저자들은 "신경 회로의 복잡성은 뇌의 지능 알고리즘을 해독하는 것을 어렵게 만든다(The complexity of neural circuits makes it challenging to decipher...)"는 문장으로 시작한다. 이는 신경과학의 궁극적 목표가 단순한 현상 기술이 아닌 '알고리즘적 해독'에 있음을 천명하는 것이다.

- 전략: 기존의 딥러닝(DNN) 모델들이 뇌 활동 시뮬레이션에 기여했음을 인정하며 독자의 공감을 얻는다.

2. 니치 설정 (**Establishing the Niche - The Crisis of Generalization**):

- 내러티브: "그러나 이러한 모델들은 훈련 분포를 벗어난 경우 일반화(Generalize)하기 어려워 그 유용성이 제한된다(However, it is difficult for such models to generalize beyond their training distribution...)."
- 분석: 여기서 저자들은 기존 '시스템 신경과학' 모델들의 치명적인 약점을 타격한다. 특정 자극(예: 단순한 격자 무늬)에 맞춰진 모델은 자연 영상(Natural videos)이나 노이즈 패턴과 같은 새로운 자극(Out-of-distribution)에 대해 완전히 실패한다는 것이다. 이는 모델이 뇌를 '이해'한 것이 아니라 데이터를 '암기'했음을 시사한다.

3. 해결책 제시 (**Occupying the Niche - The Foundation Paradigm**):

- 내러티브: "방대한 데이터셋으로 훈련된 파운데이션 모델의 등장은 놀라운 일반화 능력을 가진 새로운 AI 패러다임을 도입했다."
- 전략: 여기서 '규모(Scale)'가 질적 전환을 가져온다는 AI 분야의 가설(Scaling Law)을 신경과학에 도입한다. 저자들은 자신들의 모델이 특정 태스크가 아닌, '뇌 활동의 보편적 표현(Universal Representation)'을 학습했음을 강조한다.

2.1.2 하위 태스크 분석: 회귀와 분류의 융합

이 모델은 생성형 사전 학습을 거쳤지만, 그 진가는 다운스트림 태스크인 회귀와 분류에서 발휘된다.

- 회귀(**Regression**) - 신경 반응 예측: 모델은 임의의 자연 영상(Natural video)이 주어졌을 때, 수천 개의 뉴런이 시시각각 어떻게 발화할지(Firing rate)를 연속적인 수치로 예측한다. 이는 단순한 패턴 매칭을 넘어, 뇌가 시각 정보를 처리하는 비선형적 함수를 근사(Approximate)하는 회귀 문제이다.
- 분류(**Classification**) - 세포 유형 및 구조 예측: 가장 놀라운 점은 모델이 뉴런의 '기능적 활동(Activity)'만을 보고 그 뉴런의 '해부학적 유형(Anatomical cell type)'과 '연결성(Connectivity)'을 분류해냈다는 것이다.⁶ 이는 기능(Function)이 구조(Structure)를 반영한다는 생물학적 가설을 AI를 통해 역으로 증명한 사례로, 파운데이션 모델이 단순한 예측 기계를 넘어 과학적 발견의 도구가 될 수 있음을 시사한다.

2.2 BrainLM (ICLR 2024 / biorxiv): fMRI를 위한 대규모 언어 모델

BrainLM은 fMRI 데이터의 시공간적 역동성(Spatiotemporal dynamics)을 학습하기 위해 트랜스포머 기반의 마스킹 모델링(Masked Autoencoder)을 적용했다.⁷

- 서론의 내러티브: fMRI 연구의 고질적인 문제인 '소규모 표본'과 '개인차'를 지적한다. 언어 모델이 문법을 배우듯, 뇌 활동의 시퀀스를 대규모로 학습하면 특정 과제(Task-free) 없이도 뇌의 기저 상태(Intrinsic brain states)를 포착할 수 있다는 논리를 펼친다.
- 다운스트림 태스크:
 - 분류: 우울증, PTSD, 불안 장애 등 정신 질환의 유무를 분류한다. 이는 기존의 설문지 기반 진단을 보완할 수 있는 객관적 바이오마커로서의 가능성을 보여준다.
 - 회귀: 미래의 뇌 활동 상태를 예측하거나, 뇌 활동 패턴으로부터 행동 변수(Behavioral traits)를 역으로 추정한다.

모델명	주요 저널/학회	핵심 데이터	다운스트림 태스크 (분류/회귀)	서론의 핵심 키워드
Wang et al.	Nature (2025)	Mouse Visual Cortex (Calcium imaging)	자극에 따른 발화율 예측(Reg), 해부학적 세포 유형 판별(Cls)	Generalization gap, Out-of-distribution, Scaling law
BrainLM	ICLR / biorxiv	Human fMRI (Massive corpus)	정신 질환 분류(Cls), 뇌 활동 재구성(Reg)	Spatiotemporal dynamics, Task-free learning
BrainGFM	arxiv (2025)	fMRI Graph data	뇌 질환 진단(Cls), Few-shot learning	Graph representation, Topology

3. 단일 세포 유전체학(Single-Cell Genomics): 세포를 문장으로 읽다

단일 세포 전사체(scRNA-seq) 분야는 세포 내 수만 개 유전자의 발현량을 동시에 측정할 수 있게 되면서, 이를 자연어 처리(NLP)의 텍스트 데이터와 유사하게 취급하는 접근이 폭발적으로 증가했다. *Nature Methods*, *Cell Research* 등에 게재된 논문들은 "세포는 문장(Sentence), 유전자는 단어(Word)"라는 강력한 은유를 바탕으로 파운데이션 모델을 구축했다.

3.1 scGPT (Nature Methods 2024): 생성형 사전 학습의 표준화

scGPT는 3,300만 개 이상의 단일 세포 데이터를 학습하여 세포 생물학의 'GPT'가 되고자 했다.⁹

- 기술적 혁신 - **비닝(Binning)**을 통한 회귀의 토큰화: 유전자 발현량은 연속적인 실수(Float) 값이다. scGPT는 이를 텍스트 토큰처럼 처리하기 위해 값을 여러 구간(Bin)으로 나누어 이산화(Discretization)했다. 이를 통해 모델은 유전자의 존재 여부뿐만 아니라 '얼마나 많이 발현되었는가'를 학습할 수 있게 되었다.
- 서론 내러티브 분석:
 - 파편화 비판: 기존의 단일 세포 분석 도구들이 특정 태스크(예: 세포 유형 분류, 배치 효과 제거)에만 특화되어 있어, 전체 데이터의 잠재력을 활용하지 못함을 지적한다.
 - 보편성 주장: 대규모 데이터에서 학습된 '보편적 지식(Universal knowledge)'이

존재하며, 이를 통해 미세 조정(Fine-tuning)만으로 모든 하위 태스크를 해결할 수 있다는 'One model for all' 전략을 내세운다.

- 다운스트림 태스크:
 - 회귀 (**Perturbation Prediction**): 특정 유전자를 제거(Knockout)했을 때 다른 유전자들의 발현량이 어떻게 변할지 예측한다. 이는 실험실에서 수행해야 할 수만 번의 실험을 컴퓨터 시뮬레이션으로 대체하는 효과를 가진다.
 - 분류 (**Cell Type Annotation**): 신규 데이터셋의 세포 유형을 자동으로 명명한다. 이는 전문가의 수동 주석보다 빠르고 일관성 있는 결과를 제공한다.

3.2 GeneCompass (Cell Research 2024): 지식

기반(**Knowledge-Informed**) 학습

GeneCompass는 1억 2,600만 개의 데이터를 학습하여 현존 최대 규모를 자랑하며, 인간과 쥐의 데이터를 통합하여 종간 전이(Cross-species transfer)를 실현했다.¹¹

- 서론의 차별점: 단순한 데이터의 양적 팽창(Scaling)만으로는 생물학적 복잡성을 다 담을 수 없다고 주장한다. 대신, 유전자 조절 네트워크(GRN)와 같은 **'사전 생물학적 지식(Prior Knowledge)'**를 모델 학습 과정에 주입해야 함을 강조한다. 이는 순수 데이터 기반 접근법(Data-driven)과 지식 기반 접근법(Knowledge-driven)의 융합을 제안하는 것이다.
- 핵심 성과: 유전자 조절 관계를 추론하는 태스크(Regression/Structure Learning)에서 기존 방법론을 압도했다. 이는 모델이 단순히 데이터의 통계적 패턴을 외운 것이 아니라, 생물학적 인과관계(Causality)를 어느 정도 파악했음을 시사한다.

3.3 Universal Cell Embedding (UCE) (Nature/biorxiv):

제로샷(**Zero-shot**)의 구현

UCE는 레이블이 전혀 없는 상태에서 세포의 보편적 임베딩 공간을 구축하는 데 집중했다.¹³

- 서론 내러티브: "재학습의 굴레(Cycle of Retraining)"를 비판한다. 새로운 조직이나 종의 데이터가 나올 때마다 모델을 다시 학습해야 한다면 진정한 파운데이션 모델이 아니라는 것이다. UCE는 단백질 서열 정보를 활용하여, 모델이 본 적 없는 유전자가 포함된 세포라도 그 기능을 유추하여 매핑할 수 있음을 보였다.
- 의의: 이는 분류 태스크에서 **'미지의 클래스(Unseen Class)'**를 처리하는 능력을 획기적으로 향상시켰다.

4. 디지털 병리학(**Digital Pathology**): 기가픽셀 컨텍스트의 이해

병리학의 전체 슬라이드 이미지(WSI)는 수십 억 픽셀에 달하는 거대한 데이터이다. 이를 처리하기 위해 2024년 *Nature*와 *Nature Medicine*에는 시각적 파운데이션 모델들이 잇달아 발표되었다.

4.1 Virchow (Nature Medicine 2024): 데이터 효율성의 승리

Paige.ai와 MSKCC가 개발한 Virchow는 150만 장의 슬라이드를 학습했다.¹⁵

- 서론 내러티브: "병리학 진단은 암 치료의 골드 스탠다드(Gold Standard)"라는 권위 있는 명제로 시작한다. 그러나 "전문가 데이터의 희소성(Scarcity of expert annotation)"이 AI 도입의 병목임을 지적하며, 자기지도 학습을 통한 레이블 없는 학습만이 유일한 대안임을 논증한다.
- 다운스트림 태스크 - 희귀 암 감지(**Classification**): Virchow의 가장 강력한 점은 **데이터 효율성(Data Efficiency)**이다. 희귀 암(Rare cancer)의 경우 학습 데이터가 극히 적음에도 불구하고, 파운데이션 모델의 풍부한 표현력을 바탕으로 높은 분류 정확도를 달성했다.¹⁶ 이는 AI가 희귀 질환 진단의 불평등을 해소할 수 있음을 시사한다.

4.2 Prov-GigaPath (Nature 2024): 전체를 보는 눈 (**Whole-Slide Context**)

Prov-GigaPath는 기존 모델들이 슬라이드를 작은 타일(Tile)로 쪼개어 분석함으로써 잃어버렸던 **'전체 맥락(Whole-slide context)'**을 복원하는 데 초점을 맞췄다.¹⁷

- 서론 내러티브: 기존의 '타일 기반(Tile-based)' 접근법을 비판한다. 암 세포 하나하나의 모양도 중요하지만, 그 세포가 놓인 **미세환경(Microenvironment)**과 조직 전체의 구조적 패턴이 예후 예측에 결정적임을 역설한다. 이를 위해 거대한 시퀀스를 처리할 수 있는 'LongNet' 기술을 도입했음을 밝힌다.
- 다운스트림 태스크 - 유전자 변이 예측(**Regression/Classification**): 놀랍게도 이 모델은 이미지만 보고 해당 종양의 유전자 변이(Mutation) 여부를 예측하고, 종양의 아형(Subtype)을 분류해냈다. 이는 병리학 이미지가 유전체 정보(Genomics)를 암시적으로 포함하고 있음을 증명한 것이며, 고가의 유전자 검사를 AI 기반 이미지 분석으로 선별(Screening)할 수 있는 가능성을 열었다.¹⁹

모델명	저널	핵심 기술	서론의 핵심 논점	주요 성과
Virchow	<i>Nature Medicine</i>	DINOv2, Tile-based	데이터 희소성 해결, 희귀 암 진단	적은 데이터로도 희귀 암 분류 SOTA 달성
Prov-GigaPath	<i>Nature</i>	LongNet, Whole-slide modeling	타일 기반의 맥락 부재 비판, 전체 문맥 통합	이미지 기반 유전자 변이 예측 및 아형 분류
UNI / CONCH	<i>Nature</i>	Visual-Langua	시각-언어	텍스트 캡션

	Medicine	ge Alignment	멀티모달 통합	기반 제로샷 암 분류
--	----------	--------------	---------	-------------

5. 일반 의료 인공지능(GMAI)의 부상과 임상적 함의

Nature, NEJM, The Lancet 등은 모델 자체의 기술적 제안을 넘어, 이러한 파운데이션 모델들이 임상 현장을 어떻게 바꿀 것인지에 대한 거시적 담론을 주도하고 있다.

5.1 GMAI의 정의와 비전 (Moor et al., Nature 2023)

Moor 등의 논문은 '일반 의료 인공지능(GMAI)'이라는 개념을 정립했다.²

- **패러다임의 전환:** 기존 의료 AI가 특정 질병(예: 당뇨망막병증)에만 작동하는 '좁은 AI(Narrow AI)'였다면, GMAI는 하나의 모델이 진단, 치료 계획 수립, 환자 상담, 행정 업무 등 다양한 태스크를 수행하는 '범용 AI'로의 전환을 의미한다.
- **멀티모달 통합:** 텍스트(EHR), 이미지(MRI/CT), 유전체 데이터를 통합적으로 해석하여, 의사의 복합적인 질문("이 환자의 MRI와 유전자 검사 결과를 고려할 때 최적의 항암제는?")에 답할 수 있어야 한다.

5.2 임상 저널의 검증과 우려 (NEJM, Lancet 2023-2024)

임상 저널들은 GMAI의 가능성을 인정하면서도, 그 안전성과 유효성에 대해 날카로운 검증을 요구한다.

- **NEJM AI Collection:** NEJM은 'AI in Medicine' 섹션을 신설하여 GPT-4 등의 모델이 의학 지식 평가(USMLE 등)에서 높은 점수를 기록했음을 보고했다.²¹ 그러나 이러한 '시험 성적'이 실제 '진료 능력'과 직결되지 않음을 경고하며, 환각(Hallucination) 현상이 환자에게 잘못된 정보를 제공할 위험성을 지속적으로 제기한다.
- **The Lancet Viewpoints:** The Lancet은 파운데이션 모델이 실제 병원 워크플로우(Workflow)에 통합될 때 발생하는 문제—데이터 프라이버시, 규제(Regulation), 의사의 책임 소재—를 구체적으로 다룬다.²³ 특히, 생성형 AI가 내놓은 진단이나 예측(분류/회귀 결과)에 대해 **'설명 가능성(Explainability)**'을 확보하는 것이 임상 도입의 전제 조건임을 강조한다.

6. 결론 및 미래 전망: 예측을 통한 이해의 확장

최근 3-4년 사이 최상위 저널에 게재된 파운데이션 모델 연구들은 의생명과학의 연구 방법론을 근본적으로 변화시키고 있다.

1. **내러티브의 진화:** 각 도메인의 최초 파운데이션 모델 논문들은 공통적으로 **"데이터의 폭발과 지도 학습의 한계(Crisis)"**를 서론의 출발점으로 삼고, **"자기지도 학습을 통한 범용 표현 학습(Solution)"**을 그 해결책으로 제시하는 서사 구조를 취한다. 특히 신경과학

분야에서는 '일반화 실패'를, 병리학에서는 '전문가 주석의 비용'을, 유전체학에서는 '태스크별 파편화'를 핵심 문제로 규정했다.

2. 분류와 회귀의 고도화: 이들 모델은 '생성형(Generative)' 아키텍처를 기반으로 하지만, 그 궁극적인 가치는 생성 그 자체가 아니라, 이를 통해 달성한 **정밀한 분류(진단)**와 회귀(예측) 성능에 있다. 파운데이션 모델은 회귀 암을 찾아내고(분류), 유전자 조작의 결과를 시뮬레이션하며(회귀), 뇌 활동을 예측(회귀)함으로써 과학적 발견의 도구로 자리 잡았다.
3. 발현적 속성(**Emergent Properties**): 데이터의 규모가 커짐에 따라 모델은 명시적으로 배우지 않은 능력(예: Prov-GigaPath의 유전자 변이 예측, Wang et al.의 구조-기능 매핑)을 발현적으로 보여주고 있다. 이는 앞으로 더 많은 멀티모달 데이터가 통합될수록, 우리가 알지 못했던 생명 현상의 새로운 연결 고리가 AI를 통해 드러날 것임을 강력하게 시사한다.

결론적으로, 파운데이션 모델은 의생명과학에서 단순한 효율화 도구를 넘어, 생물학적 복잡성을 해석하고 새로운 가설을 생성하는 **인 실리코(*In Silico*) 연구 파트너**로서 그 지위를 확고히 하고 있다. 향후 연구는 이러한 모델의 예측 정확도를 높이는 것을 넘어, 그 예측의 생물학적 기전을 설명할 수 있는 투명성을 확보하고, 임상 현장에서의 안전성을 검증하는 방향으로 나아가야 할 것이다.

주요 참고 문헌 출처:

- **Neuroscience:** Wang et al., *Nature* (2025)³; BrainLM, ICLR/biorxiv.⁷
- **Pathology:** Virchow, *Nature Medicine* (2024)¹⁵; Prov-GigaPath, *Nature* (2024).¹⁷
- **Genomics:** scGPT, *Nature Methods* (2024)⁹; GeneCompass, *Cell Research* (2024)¹¹; UCE, *Nature/biorxiv*.¹³
- **GMAI:** Moor et al., *Nature* (2023)²; NEJM AI²²; *The Lancet*.²³

참고 자료

1. Foundation models for generalist medical artificial intelligence | Request PDF, 12월 28, 2025에 액세스,
https://www.researchgate.net/publication/369991868_Foundation_models_for_generalist_medical_artificial_intelligence
2. Foundation models for generalist medical artificial intelligence - IDEAS/RePEc, 12월 28, 2025에 액세스,
https://ideas.repec.org/a/nat/nature/v61y2023i7956d10.1038_s41586-023-05881-4.html
3. Foundation Model of Neural Activity Predicts Response to New Stimulus Types, 12월 28, 2025에 액세스, https://digitalcommons.library.tmc.edu/baylor_docs/5323/
4. Foundation model of neural activity predicts response to new stimulus types - MPG.PuRe, 12월 28, 2025에 액세스,
https://pure.mpg.de/pubman/faces/ViewItemOverviewPage.jsp?itemId=item_3649505
5. Foundation model of neural activity predicts response to new stimulus types and

anatomy, 12월 28, 2025에 액세스,

<https://pmc.ncbi.nlm.nih.gov/articles/PMC10055288/>

6. Foundation model of neural activity predicts response to new stimulus types - PMC, 12월 28, 2025에 액세스, <https://pmc.ncbi.nlm.nih.gov/articles/PMC11981942/>
7. BrainLM: A foundation model for brain activity recordings - bioRxiv, 12월 28, 2025에 액세스,
<https://www.biorxiv.org/content/10.1101/2023.09.12.557460v1.full-text>
8. Brain-JEPA: Brain Dynamics Foundation Model with Gradient Positioning and Spatiotemporal Masking - arXiv, 12월 28, 2025에 액세스,
<https://arxiv.org/html/2409.19407v1>
9. scGPT: toward building a foundation model for single-cell multi-omics using generative AI, 12월 28, 2025에 액세스, <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/38409223/>
10. scGPT: Towards Building a Foundation Model for Single-Cell Multi-omics Using Generative AI | bioRxiv, 12월 28, 2025에 액세스,
<https://www.biorxiv.org/content/10.1101/2023.04.30.538439v1>
11. GeneCompass: deciphering universal gene regulatory mechanisms with a knowledge-informed cross-species foundation model - ResearchGate, 12월 28, 2025에 액세스,
https://www.researchgate.net/publication/384731357_GeneCompass_deciphering_universal_gene_regulatory_mechanisms_with_a_knowledge-informed_cross-species.foundation_model
12. Cell-GraphCompass: modeling single cells with graph structure foundation model | National Science Review | Oxford Academic, 12월 28, 2025에 액세스,
<https://academic.oup.com/nsr/article/12/10/nwaf255/8172492>
13. Universal Cell Embeddings: A Foundation Model for Cell Biology - bioRxiv, 12월 28, 2025에 액세스,
<https://www.biorxiv.org/content/10.1101/2023.11.28.568918v2.full-text>
14. Census Models - CZ CELLxGENE, 12월 28, 2025에 액세스,
<https://cellxgene.cziscience.com/census-models>
15. We are just at the beginning | Medical School, 12월 28, 2025에 액세스,
<https://med.umn.edu/pathology/news/we-are-just-beginning>
16. A foundation model for clinical-grade computational pathology and rare cancers detection, 12월 28, 2025에 액세스,
https://www.researchgate.net/publication/382458789_A.foundation.model.for.clinical-grade.computational.pathology.and.rare.cancers.detection
17. A whole-slide foundation model for digital pathology from real-world data - Squarespace, 12월 28, 2025에 액세스,
https://static1.squarespace.com/static/603ab50ab81d5532a0a4a42b/t/66acea20db987e715c3500ef/1722608175345/P24_s41586-024-07441-w.pdf
18. A whole-slide foundation model for digital pathology from real-world data - ResearchGate, 12월 28, 2025에 액세스,
https://www.researchgate.net/publication/380788897_A.whole-slide.foundation.model.for.digital.pathology.from.real-world.data
19. GigaPath: Whole-Slide Foundation Model for Digital Pathology - Microsoft Research, 12월 28, 2025에 액세스,

<https://www.microsoft.com/en-us/research/blog/gigapath-whole-slide-foundation-model-for-digital-pathology/>

20. Foundation models for generalist medical artificial intelligence | NSF Public Access Repository, 12월 28, 2025에 액세스,
<https://par.nsf.gov/biblio/10471867-foundation-models-generalist-medical-artificial-intelligence>
21. Leveraging foundation and large language models in medical artificial intelligence - PMC, 12월 28, 2025에 액세스,
<https://pmc.ncbi.nlm.nih.gov/articles/PMC11556979/>
22. The use of artificial intelligence for cancer therapeutic decision-making - PubMed Central, 12월 28, 2025에 액세스,
<https://pmc.ncbi.nlm.nih.gov/articles/PMC12530061/>
23. Digital Therapeutics for Cognitive Impairment: Exploring Innovations, Challenges, and Future Prospects - Journal of Medical Internet Research, 12월 28, 2025에 액세스, <https://www.jmir.org/2025/1/e73689/PDF>
24. AI & MACHINE LEARNING IN MEDICINE, 12월 28, 2025에 액세스,
https://downloads.ctfassets.net/otzakoj1abuh/1HWU364gkbmdOqQZ4TetJv/6cb59b4231fbe0c9bd5190399497e8d6/NEJM_AI_Collection.pdf