

별첨1-4 AI 활용 보고서 (Track1)

1. 참가팀 정보

| 연구 내용 | 지정/선택 여부 | 지정 | 연구분야 | 바이오 |
|----------|-------------|--|------|-----|
| | 연구주제 | ST + WSI 멀티모달 데이터를 이용한 tumor 예측 XAI 모델 | | |

2. 활용 AI 모델 정보

| AI 모델명 | GPT 5.2 | AI 모델 URL | https://chatgpt.com/ |
|-----------|----------------------|-----------------|----------------------------|
| | Perplexity Sonar | | https://www.perplexity.ai/ |
| | Claude Sonnet 4.5 | | https://claude.ai/ |

※ 자체제작 AI 모델 활용 시, 재현성 검증을 위해 해당 AI 모델을 사용 또는 다운받을 수 있는 URL을 제시

3. 연구 절차별 AI 기여도(자체평가)

| 연 번 | 연구 절차 | 배점 (A) | AI 기여도 자체평가 (0~100%) (B) | AI 기여도 산출 (C=A × B) | AI 작업내용 (간략히) |
|--------|-----------------|-----------|-----------------------------------|---------------------------|----------------------------|
| 1 | 주제 선정 및 연구문제 도출 | 10 | 75% | 7.5 | 후보 주제 목록 생성 |
| 2 | 선행연구 조사 및 문헌 검토 | 5 | 75% | 3.75 | 관련 논문 요약 및 연구 흐름 정리 |
| 3 | 연구목적 및 문제 정의 | 15 | 50% | 7.5 | Pain point 및 연구 목표 정리 |
| 4 | 연구계획 및 방법론 설정 | 20 | 50% | 10 | 모델 및 모듈 타당성 검토 |
| 5 | 자료(데이터) 수집 | 10 | 50% | 5 | 후보 데이터셋 조사 및 데이터셋 개요 정리 |
| 6 | 자료(데이터) 분석 | 20 | 75% | 15 | 코드 검토 및 실험 결과 분석 보조 |
| 7 | 논문 작성 | 5 | 50% | 2.5 | 논문 초안 작성 및 번역 |
| 8 | 자체 리뷰 및 수정 | 15 | 75% | 11.25 | 비문·오타자 교정 및 연구 타당성 평가 |
| 총점 | | 100 | | 62.5 | |

※ AI 기여도 자체평가 기준: “의사결정 및 행동의 주체가 누구인가”

※ 항목별 배점 x 기여도 자체평가의 총합이 60% 이상이어야 함

붙임

AI 작업내용 상세 (활용 증빙 스크린샷, URL, 로그파일 등)

1. 주제 선정 및 연구문제 도출

1) 연구 주제 후보 생성 및 구체화

- ChatGPT: <https://chatgpt.com/share/6954851d-608c-8007-8cd4-e29e47f99a96>

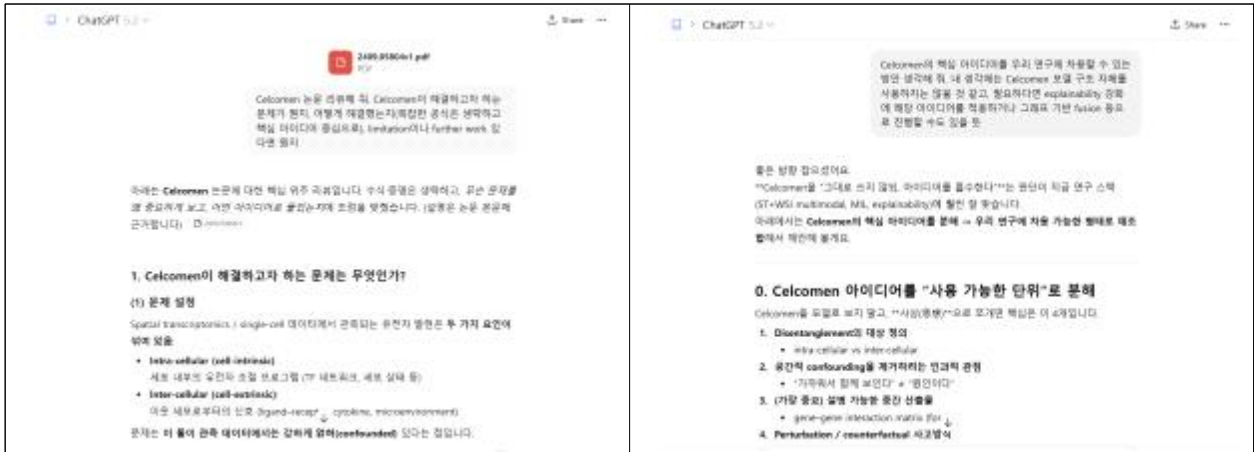
The left screenshot shows a user asking for research topic suggestions based on ST data. The AI provides a list of topics including H&E vs ST, H&E vs ST, and GNN-Transformer. The right screenshot shows the user asking for a pain point in the research. The AI identifies the difficulty of integrating ST data with computer vision models.

- 1)ST 데이터를 활용한 multimodal model 연구를 목표하는 상황에서 주제 scope 확립을 위한 세부 주제 후보 선정을 위해 AI를 활용함.
- ST 데이터를 중심으로 computer vision과 biomedical AI를 결합할 수 있는 연구 방향을 제시하도록 지시하고, tumor detection/prediction, tumor subtype 분류, 예후 예측 등 가능한 세부 주제 후보들을 비교 및 정리함으로써 연구 scope를 단계적으로 구체화함.
- 나아가 ST 데이터를 활용한 computer vision 및 medical AI 관련 선행 연구 조사를 지시(2. 선행연구 조사 및 문헌 검토 단계와도 연결되는 내용)하여, 이를 바탕으로 본 연구가 기존 연구 대비 어떤 차별성과 확장 가능성을 가질 수 있는지에 대한 타당성 평가를 수행함.
- 배경 상황 설명과 함께 방향성의 큰 틀을 제시하고 그에 대한 세부 사항 및 근거 제공을 요청하였으므로, AI의 답변이 사용자의 의도 및 요구에서 크게 달라지지 않음.

2. 선행연구 조사 및 문헌 검토

1) 논문 review – Celcomen

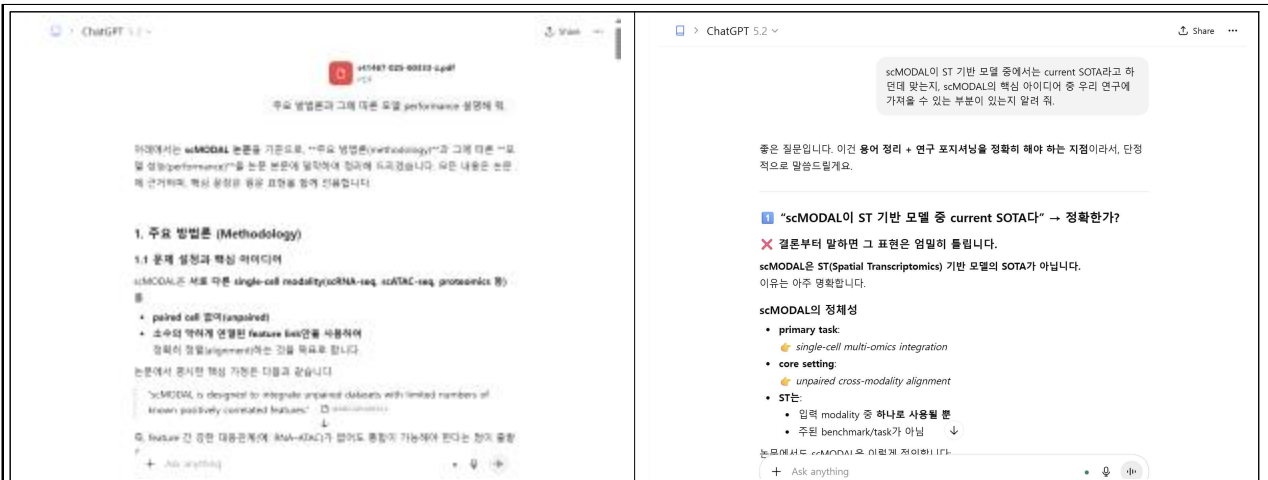
- ChatGPT: <https://chatgpt.com/share/697a062d-f1fc-8007-9138-4623a89871fd>



- ST 데이터에서 세포 내(intra-cellular) 및 세포 간(inter-cellular) 유전자 조절을 인과적으로 분리하고, 공간적 perturbation을 생성하는 선행 연구(Celcomen)에 대한 논문 리뷰를 지시하여, 논문의 문제 설정 및 핵심 아이디어를 파악하고 이를 본 연구에 적용할 수 있는 방안을 탐색함.
- Celcomen의 핵심 개념인 인과적 영향력(force) 관점을 attention 기반 explainability 프레임으로 재해석하여, 본 연구의 explainability 강화 및 fusion 전략에 적용할 수 있는 가능성을 검토함.
- 단순히 "논문을 review할 것"을 지시하기보다는 논문에서 중점적으로 볼 요소를 지정해 요청함으로써, AI가 사용자 친화적인 요약물을 제공함.

2) 논문 review – scMODAL

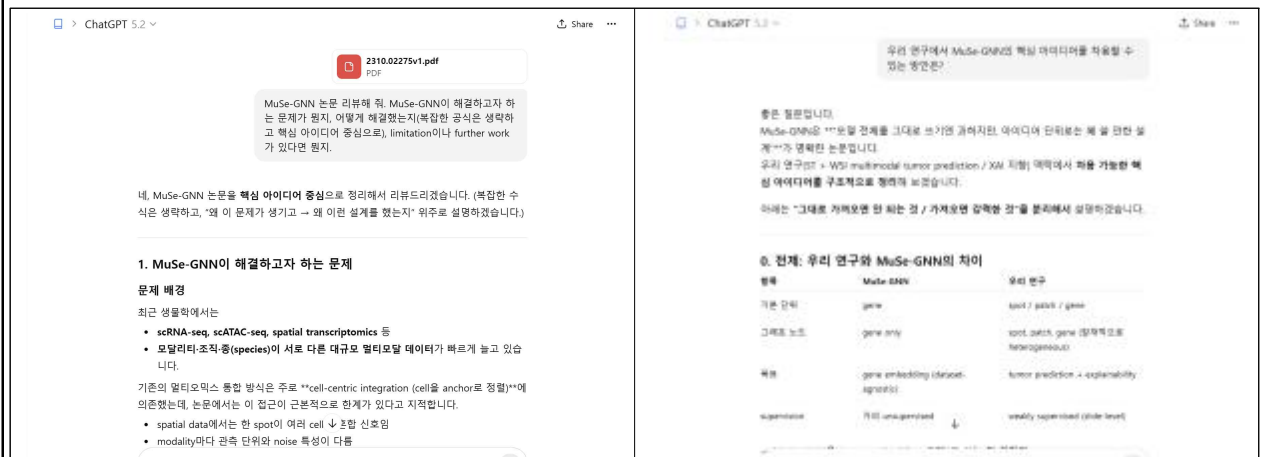
- ChatGPT: <https://chatgpt.com/share/6969ef4a-7f34-8007-8d2d-825067b3a4f3>



- Multi-omics 데이터 통합에서 강한 feature correspondence 없이도 alignment를 수행하는 선행 연구(scMODAL)에 대한 논문 리뷰를 지시하여, 논문의 문제 설정 및 핵심 아이디어를 파악하고 이를 본 연구에 적용할 수 있는 방안을 탐색함.
- ST를 종양 예측의 직접적인 입력보다는 WSI와 scRNA를 연결하는 중간 표현 공간(bridge modality)으로 활용하는 관점을 도출하였으며, ST의 좌표 정보를 구조적 제약으로 활용하여 공간적으로 인접한 spot들의 embedding은 서로 가깝게, 멀리 떨어진 spot들의 embedding은 멀어지도록 정규화하는 방식이 효과적일 수 있음을 논의함.
- 논문의 내용뿐 아니라 우리 연구와 연결할 수 있는 요소를 질의하여, AI를 "챗봇"을 넘어선 "연구동료"로 활용함.

3) 논문 review – MuSe-GNN

- ChatGPT: <https://chatgpt.com/share/697abe80-0288-8007-a34a-88e7f4c5d992>



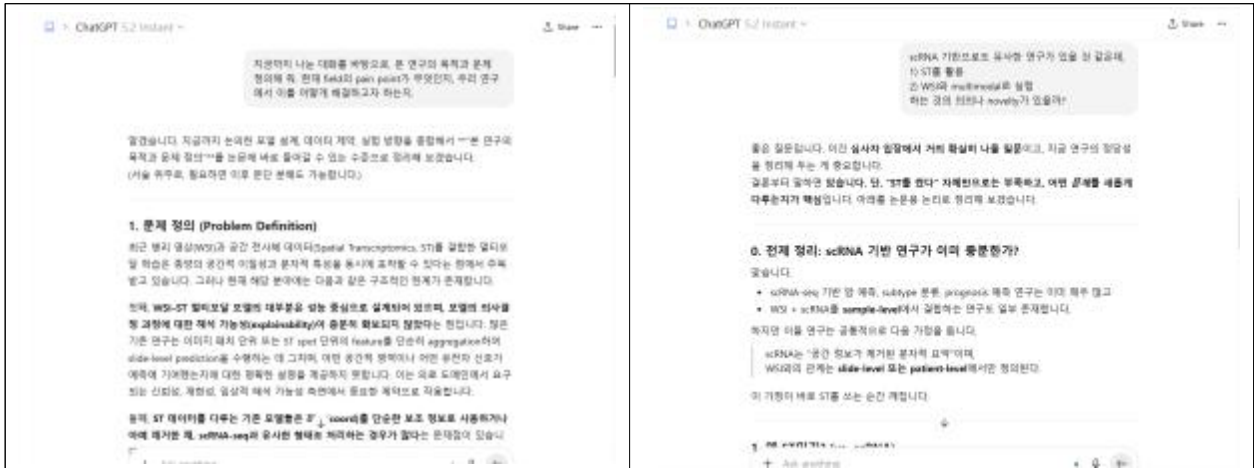
- 유전자를 공통 언어로 삼아 서로 다른 multimodal biological graph를 정렬하는 선행 연구 (MuSe-GNN)에 대한 논문 리뷰를 지시하여, 논문의 문제 설정 및 핵심 아이디어를 파악하고 이를 본 연구에 적용할 수 있는 방안을 탐색함.

- 이를 바탕으로, 본 연구의 ST-WSI multimodal 설정에서도 단순한 feature 결합을 넘어 생물학적 의미 단위의 정렬을 loss 수준에서 유도하는 설계 가능성을 탐색함.
- 또한 scMODAL 논문과 동일한 맥락에서, 공간 좌표 정보를 입력 feature로 직접 사용하기 보다는 spot 간 관계를 정의하는 relation generator로 해석하는 관점을 도출하였으며, 이를 통해 좌표 정보를 기반으로 ST 표현 학습 및 explainability를 강화하는 방향을 연구 설계에 반영하고자 함.

3. 연구목적 및 문제 정의

1) 연구 목적, 문제 정의 및 연구 novelty 파악

- ChatGPT: <https://chatgpt.com/share/697ac127-e958-8007-8ee1-9e66a0378283>
- Perplexity: https://www.perplexity.ai/search/daehoe-jeculyong-nonmuneul-jag-u_8rk6MR.OU_hAe8bbW78Q#4

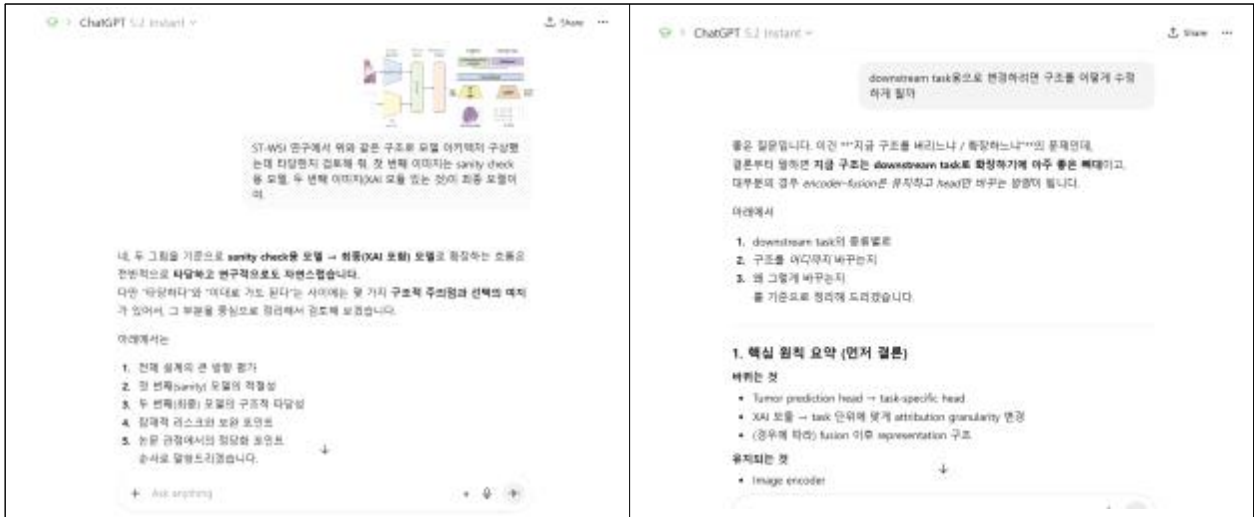


- 주제 선정과 선행 연구 분석 대화를 기반으로, WSI+ST multimodal 연구의 목적과 novelty를 구체화함.
- ST 데이터를 활용함으로써 유전자가 “어디에서 발현되었는지”에 대한 공간 정보를 유지할 수 있으며, 이는 공간 정보가 소실되는 scRNA-seq 기반 기존 연구 대비 중요한 강점임을 확인함.
- ST 단독 모델에서는 조직학적 morphology 정보를 직접적으로 활용하기 어렵다는 한계를 WSI와의 multimodal 구조를 통해 보완할 수 있음을 정리하였으며, WSI는 조직 구조와 형태학적 패턴을, ST는 분자적 신호를 제공함으로써 두 modality의 결합이 강점을 가짐을 확인함.
- 본 연구의 목적을 단순한 암 존재 여부 예측을 넘어, 모델의 예측이 어떤 공간적 영역과 어떤 분자 신호의 결합에 의해 이루어졌는지를 구조적으로 추적하고 설명하기 위한 합리적인 연구 파이프라인 및 모델 구조를 고안하는 것으로 설정함.

4. 연구계획 및 방법론 설정

1) 모델 구조 검토

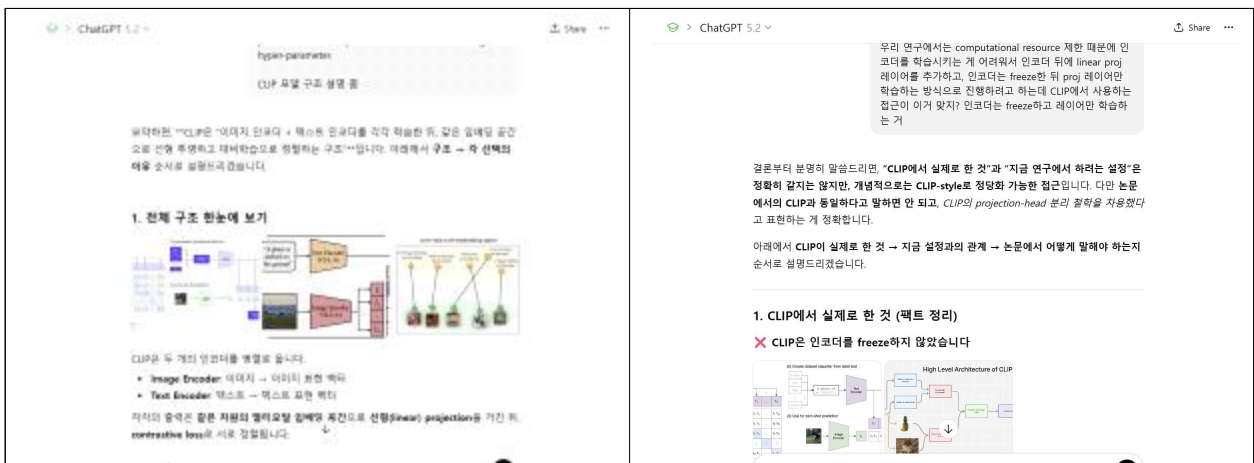
- ChatGPT: <https://chatgpt.com/share/697afdd8-f938-8007-9196-3f57c64598be>



- 본격적인 모델 구현 전 구상한 모델 architecture가 타당한지 검토하고, 구현 세부사항 및 확장 가능성을 검토함.

2) CLIP 방법론 차용

- ChatGPT: <https://chatgpt.com/share/696d9bd7-e1a8-8007-91c7-451ebb6c9c5f>



- 이미지-텍스트 multimodal 모델인 CLIP의 encoder-proj 구조를 본 연구에 적용하기 위해 (a) CLIP 원 논문을 기반으로 모델 구조 및 학습 방식의 설계 의도를 검토하고, (b) CLIP 모듈 중 linear projection layer의 역할과 필요성을 중심으로 우리 연구에 차용 가능한 요소를 파악하였으며, (c) 본 연구의 계산 자원 제약을 고려하여 encoder를 freeze한 상태에서 proj layer만 학습하는 접근이 타당한지에 대한 분석을 수행하도록 함.

- 이를 통해 CLIP의 end-to-end 학습 방식과 본 연구의 제한 조건 하에서의 변형된 적용 방

식 간의 차이를 명확히 구분하고, 본 연구 설정이 CLIP-inspired downstream adaptation으로 정당화될 수 있음을 확인함.

3) 모델 코드 수정 검토

- Perplexity: <https://www.perplexity.ai/search/meoltimodalin-ai-modelyi-kodeu-hnFTaBFwSRG6FPCoyyJUUV>

- Multimodal로 구현된 모델을 unimodal로 사용할 수 있도록 코드를 수정하기 위해 구현 방식 개요와 예시 코드를 요청함.

4) Encoder architecture 검토

- ChatGPT: <https://chatgpt.com/share/697b0be1-ff60-8007-b56f-28ea1cd3b0f5>

- ST 인코더에 scBERT와 scGPT 중 어떤 모델을 사용하는 것이 나은지 검토하기 위해, 각 모델의 장단점과 본 연구와의 적합성 분석을 요청하였고, BERT와 GPT 구조적 특성과 사전 학습된 parameter 접근 여부, 구현 난이도 등을 고려해 각 모델의 적용 가능성을 검토함.

3) 모델 코드 검토

- ChatGPT: <https://chatgpt.com/share/697afb32-4614-8007-adc7-f93159051df4>

Left Screenshot: ChatGPT 5.2 Instant v. Code review for a model architecture. The code snippet shows a function that returns 'spot_embeddings' and 'out'. The review discusses the use of 'spot_embeddings' and 'major' for multi-modal ablation. The right screenshot shows a table for 'multi-modal ablation (optional)' with columns for 'img_encoder', 'st_encoder', 'fusion', 'spot_embeddings', and 'loss'. The table lists three configurations: 'image+st', 'image only', and 'st only', with their respective loss functions and whether they are 'major' or 'minor'.

| 설정 | img_encoder | st_encoder | fusion | spot_embeddings | 손실 |
|------------|-------------------------------------|-------------------------------------|-------------------------------------|-----------------|----|
| image+st | <input checked="" type="checkbox"/> | <input checked="" type="checkbox"/> | <input checked="" type="checkbox"/> | concat (st) | 정상 |
| image only | <input checked="" type="checkbox"/> | <input checked="" type="checkbox"/> | <input checked="" type="checkbox"/> | img_test | 정상 |
| st only | <input checked="" type="checkbox"/> | <input checked="" type="checkbox"/> | <input checked="" type="checkbox"/> | st_test | 정상 |

- 모델 architecture 구현 이후, multi/unimodal ablation을 위한 encoder on/off 구조가 의도대로 동작하는지 코드 레벨에서 검토를 요청하여 실험 분기(WSI only/ST only/WSI+ST)가 논리적으로 올바르게 구성되었음을 확인함.
- 치명적인 런타임 오류를 사전에 식별하고, 최소 수정으로 모든 ablation 설정에서 안정적으로 학습 및 추론이 가능하도록 개선함.
- 모델 학습에 긴 시간과 연산 자원이 소요되는 상황에서 학습 도중에 문제가 발생하면 치명적이고, 긴 코드를 수동으로 디버깅하는 것은 비효율적이므로 AI를 통한 코드 검토가 필수적임.

3) train/test 코드 검토

- ChatGPT: <https://chatgpt.com/share/697af85f-ec9c-8007-87b9-47f49065cec9>

Left Screenshot: ChatGPT 5.2 Instant v. Code review for training and testing code. The code snippet shows a function that returns 'train.py' and 'test.py'. The review discusses the use of 'train.py' and 'test.py'. The right screenshot shows a table for 'train.py (ablation optional)' with columns for 'train.py', 'test.py', and 'loss'. The table lists three configurations: 'train.py', 'test.py', and 'loss', with their respective loss functions and whether they are 'major' or 'minor'.

| 설정 | train.py | test.py | 손실 |
|----------|-------------------------------------|-------------------------------------|-------------|
| train.py | <input checked="" type="checkbox"/> | <input checked="" type="checkbox"/> | concat (st) |
| test.py | <input checked="" type="checkbox"/> | <input checked="" type="checkbox"/> | img_test |
| loss | <input checked="" type="checkbox"/> | <input checked="" type="checkbox"/> | st_test |

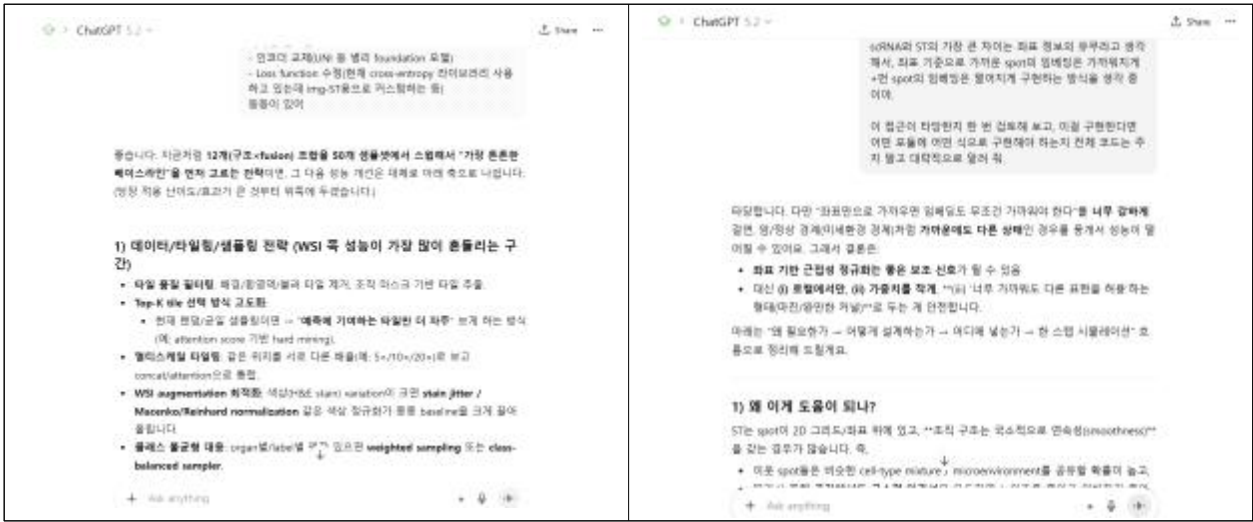
- 모델 학습 및 평가 코드(train.py, test.py, train_ablation.py, test_ablation.py)를 점검하기 위

해 ablation 설정(st-only/img-only/multimodal)에 따른 로직 분기, gradient 흐름, 학습-추론 안정성 등에서 치명적인 오류가 없는지 검토함.

- 코드 리뷰를 통해 test 단계는 XAI(UMAP 시각화, 중요 patch/gene/spot 추출)에 집중하고, 성능 지표(ROC/AUC, P/R/F1)는 train/validation 단계에서만 계산하는 역할 분리를 명확히 정리함.

3) 성능 개선 전략

- ChatGPT: <https://chatgpt.com/share/697af50b-5618-8007-a090-2055454953c4>

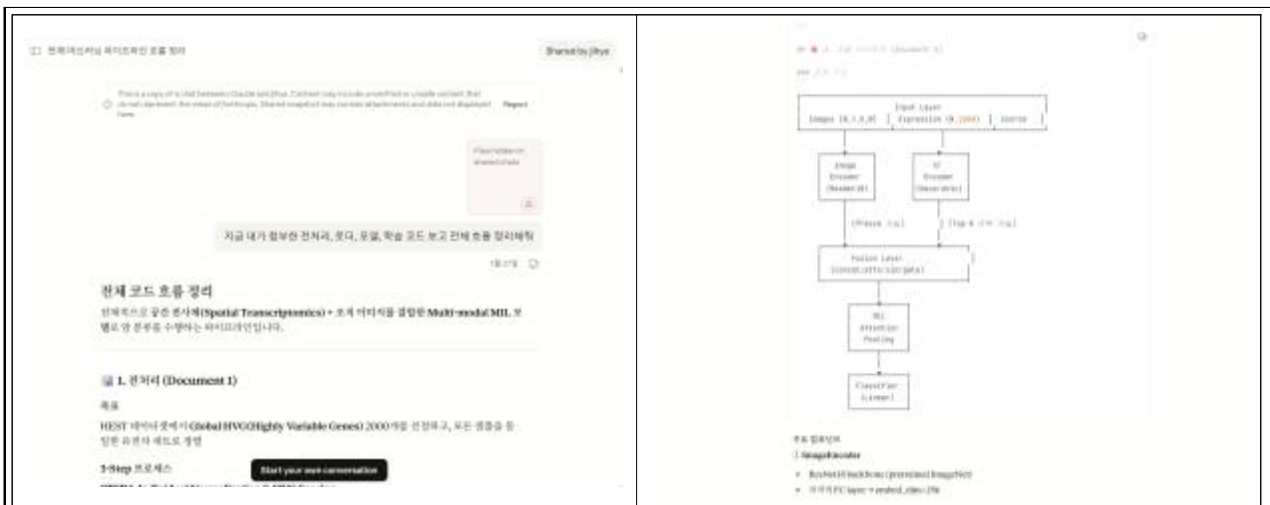


- Baseline 모델 학습 이후, 지금까지 논의한 내용(논문, 기존 구현 사항 등)들을 고려하여 모델 성능을 개선할 수 있는 여러 전략들을 요청해 가능한 방안을 검토함.
- ST 데이터의 좌표 정보를 활용한 보조 loss 설계 방안을 검토하기 위해, AI를 활용하여 좌표 기반 임베딩 정규화(근접 spot 간 유사도 강화, 원거리 spot 간 분리) 접근의 타당성과 잠재적 한계를 분석함.
- 해당 보조 loss를 기존 cross-entropy 기반 이진 분류 학습에 결합하는 방식에 대해, 어떤 표현 수준(spot-level embedding)에 적용하는 것이 적절한지와 모듈 삽입 위치(ST 인코더 출력 이후)를 중심으로 구현 전략을 구체화함.

4) 전체 머신러닝 파이프라인 정리

- Claude: <https://claude.ai/share/0807d86d-4ec5-44a2-bf1a-f488807e0352>

| | |
|--|--|
| | |
|--|--|



- 데이터 추출-전처리-모델 학습의 실험 전체 파이프라인을 검토할 것을 지시함.
- AI가 전송한 코드 기반으로 모델 구조도를 구상하도록 요청하여, 단순히 오류의 유무를 report하는 것을 넘어 사용자의 의도와 맞게 코드가 잘 짜였는지 확실히 알 수 있도록 함.

5. 자료(데이터) 수집

1) 데이터 조사 및 선정

- ChatGPT: <https://chatgpt.com/share/697a0036-1fc4-8007-aa55-3de33b06d543>
- Perplexity: <https://www.perplexity.ai/search/st-spatial-transcriptomics-wsi-SDOQTrPOSlyNZk0Y6fu0Hg#1>

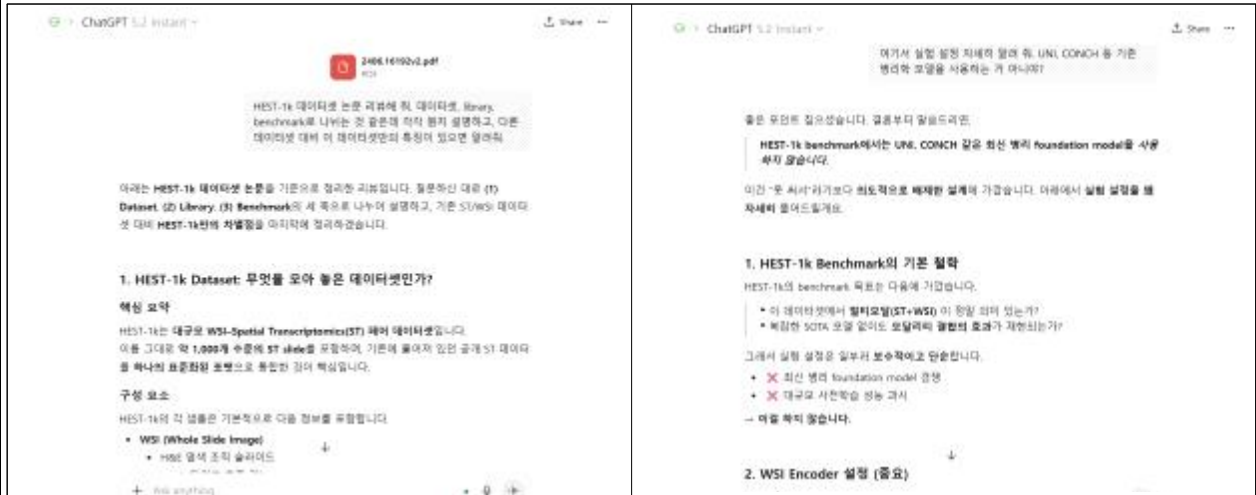


- ST 데이터 중에서도 암 관련 연구에 활용 가능한 데이터셋을 중심으로, Hugging Face 등 플랫폼의 데이터셋이나 raw 데이터 수준에서 접근 가능한 공공 repository 조사를 요청함.
- 이후 본 연구에서 활용할 HEST-1k 및 STImage-1K4M 데이터셋에 대해, 데이터의 규모, 포함된 modality(WSI, spatial gene expression), species, organ 범위 등 연구 설계에 필요한 최소한의 메타 정보 요약을 지시함.

6. 자료(데이터) 분석

1) 논문 review – HEST-1k

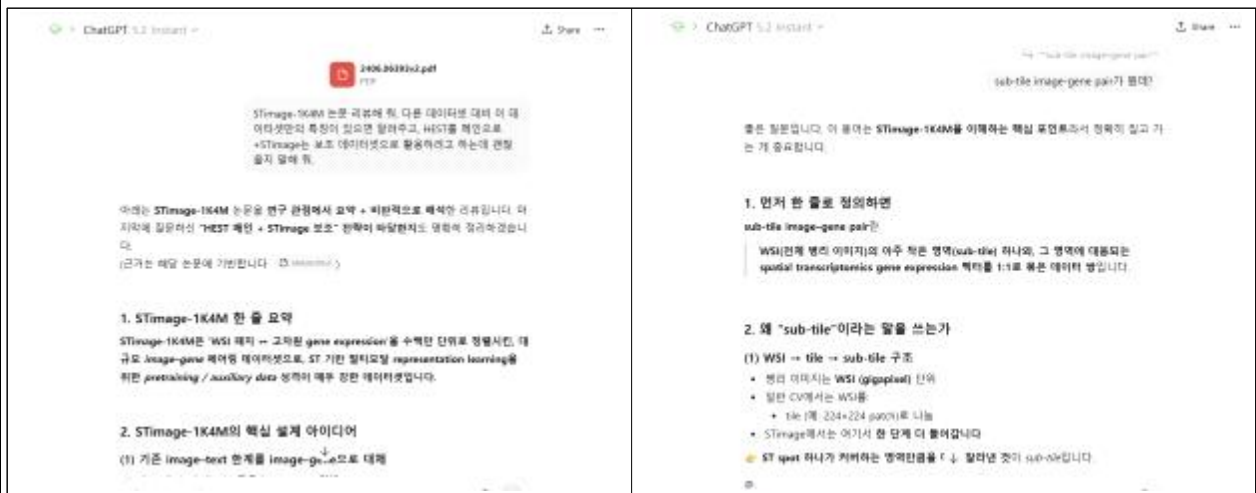
- ChatGPT: <https://chatgpt.com/share/697aeae-7770-8007-bd15-6ac18b4438ef>



- 데이터셋 선정 이후, 주요 실험 데이터셋으로 HEST-1k를 채택함에 따라 해당 데이터셋의 논문에 대한 체계적인 리뷰를 지시하여, HEST-1k가 기존 ST 데이터셋과 비교해 가지는 규모, 구성, multimodal(WSI-ST) 특성 등 정보를 파악하고 본 연구에의 적합성을 검토함.
- 이때 논문에서 제시하는 Dataset, Library, Benchmark의 세 가지 구성 요소를 구분하여 분석하였고, 데이터셋으로서의 특징뿐 아니라 데이터 접근 방식(공식 라이브러리)과 실험 설정(benchmark)을 종합적으로 이해하고자 함.
- 또한 논문에 포함된 benchmark 실험을 중심으로 실험 설정과 baseline 모델 구성, 그리고 ST-only, WSI-only, ST+WSI 조건에서의 성능 스케일을 분석하도록 질의함.

2) 논문 review – STImage-1K4M

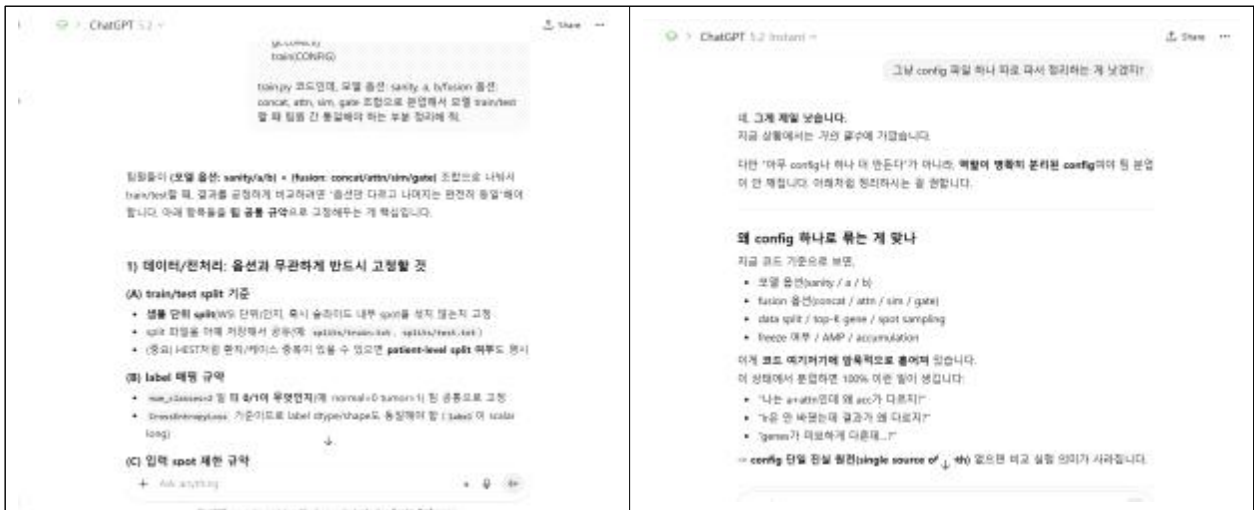
- ChatGPT: <https://chatgpt.com/share/697af27e-727c-8007-95af-459f966806ff>



- 보조 데이터셋으로 STimage-1K4M을 검토함에 따라, 해당 데이터셋의 논문에 대한 구조적 리뷰를 지시하여 STimage-1K4M의 특성을 파악하고 본 연구에서의 활용 가능성을 검토함.
- 논문에 포함된 contrastive learning 기반 실험을 중심으로, image encoder fine-tuning 방식과 평가 설정을 검토해 본 연구에서 HEST-1k를 주요 실험 데이터셋으로 유지한 채 STimage-1K4M을 보조적 학습 데이터로 사용하는 전략의 타당성을 검토함.

3) 코드 검토를 통한 실험 환경 설정

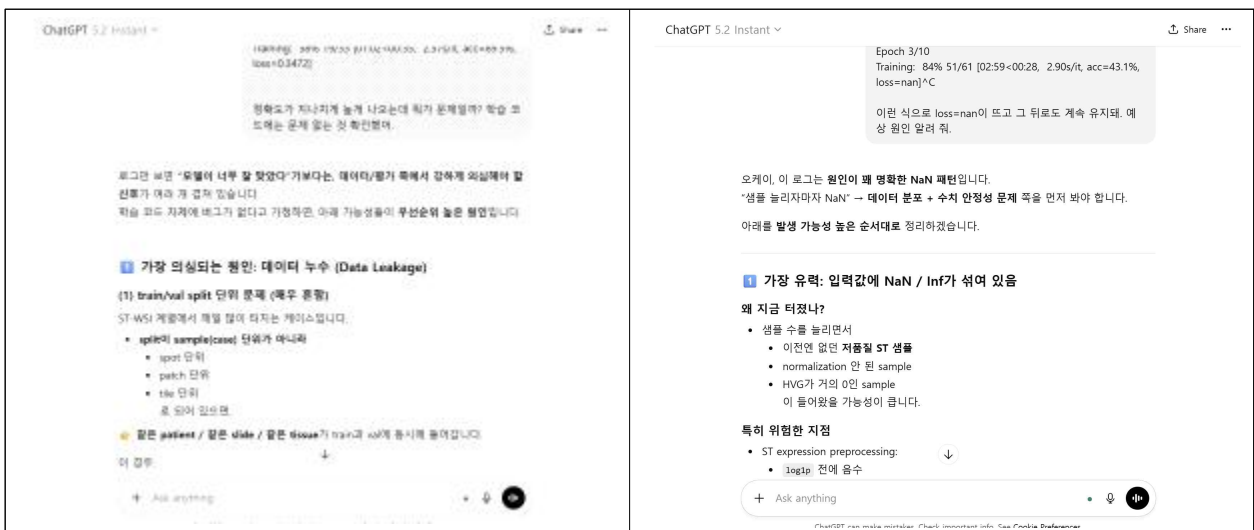
- ChatGPT: <https://chatgpt.com/share/6969b0b1-af80-8007-b33a-fc4ec2d44f5d>



- Option별 모델 성능 테스트 시 팀원들 간 실험 환경 통일을 위해 변수 설정을 요청해 어떤 변수를 통일해야 하는지, 다르게 두어도 되는 설정은 무엇인지 파악함.

4) 학습 로그 분석 및 실험 코드 오류 해결

- ChatGPT: <https://chatgpt.com/share/697b049d-150c-8007-a56a-c39153f1375f>



- 모델 학습 과정에서 발생한 과도한 성능 및 NaN loss 문제에 대해, AI를 활용하여 로그 패턴을 분석하고 데이터 누수, 수치 불안정성, AMP(autocast) 사용에 따른 영향 등 가능한 원인을 점검함.
- Autocast(AMP) 사용 여부가 ST-only 모델에서 수치 안정성과 최적화 경로에 미치는 영향을 분석하고, 실험 공정성과 재현성을 고려하여 학습 설정을 통일하거나 예외를 명시적으로 정당화하는 방향으로 실험 설계를 수정함.
- 수정된 실험 설정에서 얻은 학습 로그(accuracy, AUC, precision/recall 변화) 해석을 요청함.

5) 실험 결과 분석

- ChatGPT: <https://chatgpt.com/share/697d5a5c-de3c-8007-a44c-6d9c8ae6a8a9>
- ChatGPT: <https://chatgpt.com/share/697d5a60-66cc-8007-aeb7-974ed0970090>

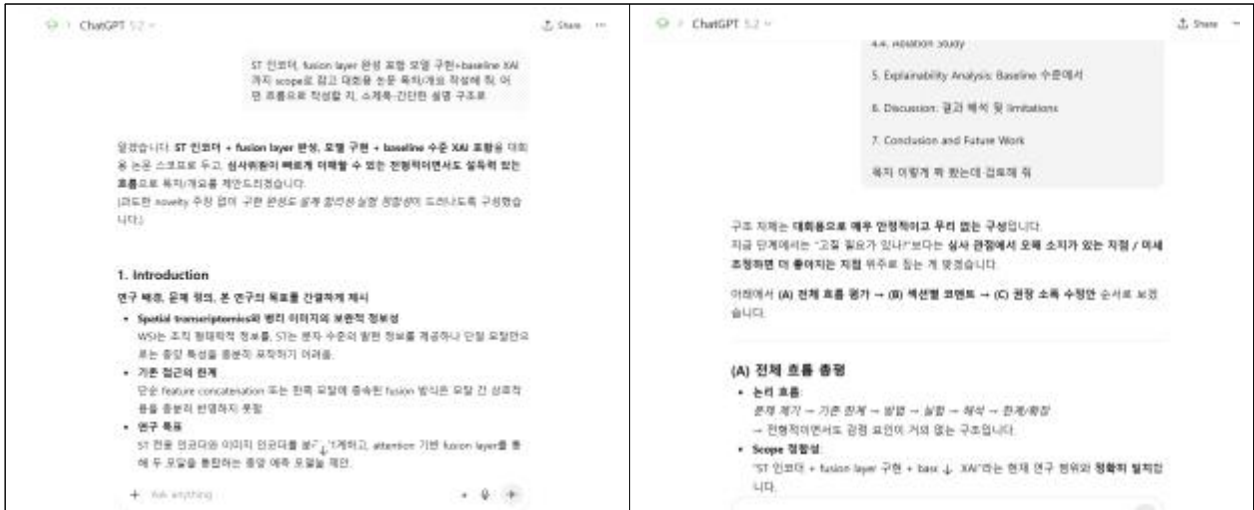


- Unimodal vs. Multimodal 성능 비교를 위해, 모델별 학습 로그 기반 학습 양상 및 성능 분석을 요청함.
- Epoch별 accuracy, ROC/AUC, precision, recall, f1-score 변화를 통해 학습이 정상적으로 이루어졌는지, 모델이 label 예측에서 어떤 강점과 약점을 가지는지 즉시 확인할 수 있었으며, 긴 출력 로그를 수작업으로 확인하고 분석하는 데 드는 시간을 극단적으로 단축할 수 있다는 점에 AI를 통한 결과 분석의 의의가 존재함.
- Test 출력인 embedding UMAP, scatter plot, gene importance 등을 파악하고, 이를 바탕으로 논문 초안 작성을 요청함. 모델 출력이 여러 파일에 걸쳐 산발적으로 존재하는 상황에서, 이를 한 번에 취합해 결론을 도출함으로써 효율적인 연구를 진행할 수 있음.

7. 논문 작성

1) Abstract 초안 및 논문 개요 제안

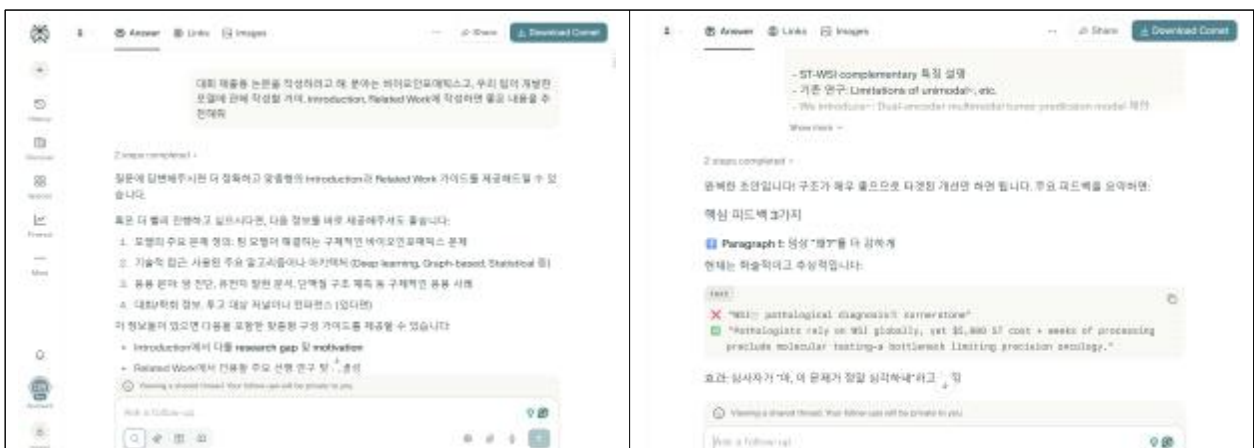
- ChatGPT: <https://chatgpt.com/share/695b6108-ffe4-8007-a99b-08f077328270>



- 본격적인 논문 작성 전, 논문의 흐름을 파악하기 위해 abstract와 개요 작성을 요청함.
- 이전 대화들로 인해 모델이 본 연구의 목표와 진행 상황을 알고 있는 상황에서 별도의 상세 설명 없이 빠르게 작업할 수 있었으며, 이후 상호 피드백을 통해 원하는 구조의 개요와 설명 흐름을 도출함.

2) Introduction, related work 개요 제안 및 퇴고

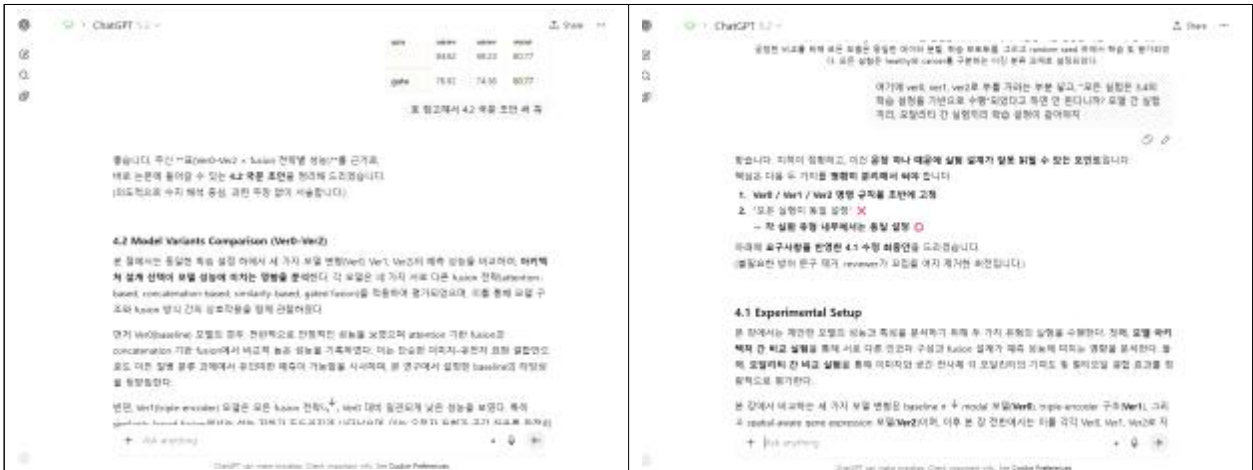
- Perplexity: https://www.perplexity.ai/search/daehoe-jeculyong-nonmuneul-jag-u_8rk6MR.OUhAe8bbW78Q#4



- Introduction-related work의 개요 및 본문 작성을 요청하고, 상호 피드백을 반복하며 내용을 개선함.

2) Experiment 국문 초안 퇴고 및 번역

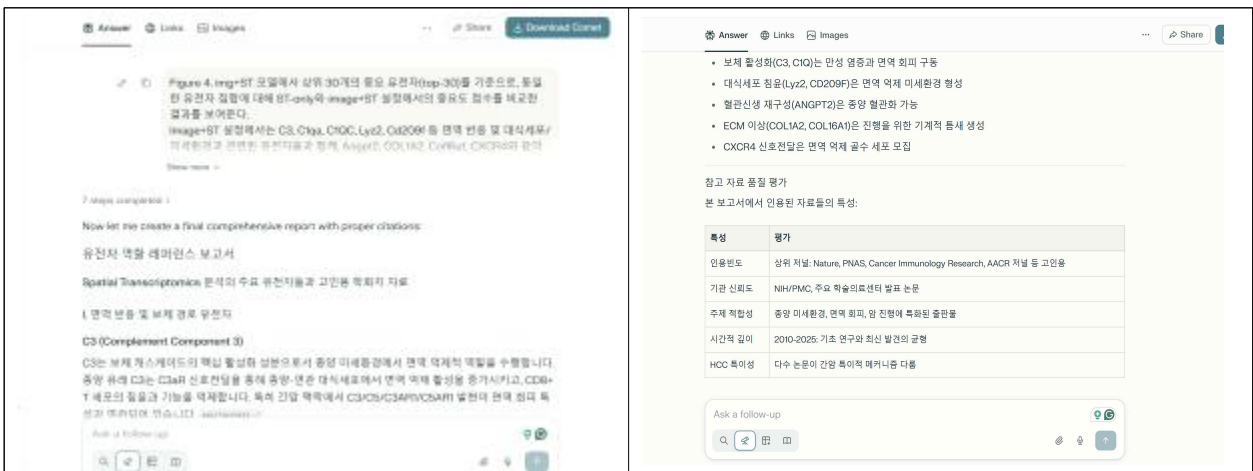
- ChatGPT: <https://chatgpt.com/share/697d592d-c950-8007-a14e-9311ea335ff7>
- ChatGPT: <https://chatgpt.com/share/697d58a2-7b14-8007-ad91-b5a680a3e035>
- ChatGPT: <https://chatgpt.com/share/697d5a60-66cc-8007-aeb7-974ed0970090>



- 내용

3) 레퍼런스 검색

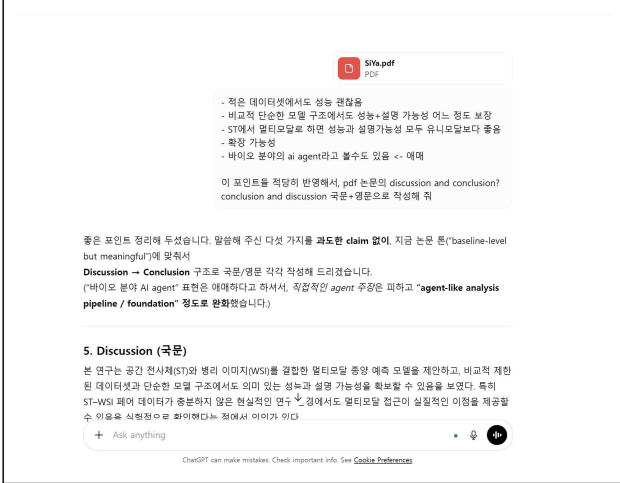
- Perplexity: <https://www.perplexity.ai/search/figure-4-img-st-modelese-sang-JAHczkG2R4ehgplCbRzQ6A#0>



- Perplexity deep research 기능을 사용하여, ChatGPT가 작성한 gene important 분석에 포함된 gene 특성 설명에 대한 레퍼런스를 검색함. 인용 수나 기관 공신력에 따른 필터링을 요청함으로써, 신뢰도 없는 자료를 출력하거나 hallucination이 발생하는 등의 문제를 사전 예방하고자 함.
- 도메인 지식이 부족하거나 해당 분야의 학회 및 저널에 익숙하지 않은 입장에서, AI를 활용해 레퍼런스 검색을 자동화하여 논문을 빠르게 작성할 수 있었음.

4) Discussion 작성

- ChatGPT: <https://chatgpt.com/share/697dba1f-373c-8007-b17f-06cb9ea54924>

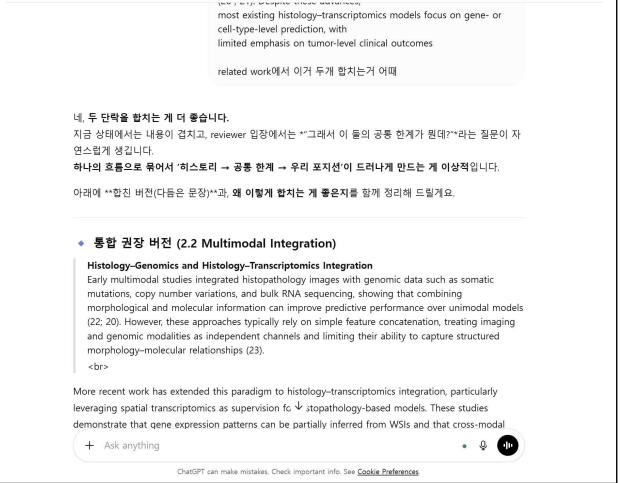


좋은 포인트 정리해 두었습니다. 말씀해 주신 다섯 가지를 **과도한 claim** 없이, 지금 논문("baseline-level but meaningful")에 맞춰서

Discussion → Conclusion 구조로 국문/영문 각각 작성해 드리겠습니다.
("바이오 분야 AI agent" 표현은 애매하다고 하셔서, **직접적인 agent** 주장은 피하고 **"agent-like analysis pipeline / foundation"** 정도로 완회했습니다.)

5. Discussion (국문)

본 연구는 공간 전사체(ST)와 병리 이미지(WSI)를 결합한 멀티모달 중앙 예측 모델을 제안하고, 비교적 제한된 데이터셋과 단순한 모델 구조에서도 의미 있는 성능과 설명 가능성을 확보할 수 있음을 보였다. 특히 ST-WSI 패어 데이터가 충분하지 않은 현실적인 연구 환경에서도 멀티모달 접근이 실질적인 이점을 제공할 수 있음을 실험적으로 확인했다. 본 점에서 나아가 이차



most existing histology-transcriptomics models focus on gene- or cell-type-level prediction, with limited emphasis on tumor-level clinical outcomes

related work에서 이거 두개 합치는거 어떤

네, 두 단락을 합치는 게 더 좋습니다.
지금 상태에서는 내용이 겹치고, reviewer 입장에서는 "그래서 이 둘의 공통 한계가 뭔대?"라는 질문이 자연스럽게 생깁니다.
하나의 흐름으로 묶어서 "히스토리리 → 공통 한계 → 우리 포지션이 드러나게 만드는 게 이상적입니다."
아래에 "합친 버전(다음은 문장)"과, 왜 이렇게 합치는 게 좋은지를 함께 정리해 드릴게요.

통합 권장 버전 (2.2 Multimodal Integration)

Histology-Genomics and Histology-Transcriptomics Integration
Early multimodal studies integrated histopathology images with genomic data such as somatic mutations, copy number variations, and bulk RNA sequencing, showing that combining morphological and molecular information can improve predictive performance over unimodal models (22; 20). However, these approaches typically rely on simple feature concatenation, treating imaging and genomic modalities as independent channels and limiting their ability to capture structured morphology-molecular relationships (23).

More recent work has extended this paradigm to histology-transcriptomics integration, particularly leveraging spatial transcriptomics as supervision for pathology-based models. These studies demonstrate that gene expression patterns can be partially inferred from WSIs and that cross-modal

- 실험 내용까지 논문 작성을 완료한 상황에서, introduction부터 experiment까지의 내용을 전체 검토하고 이에 기반하여 discussion, limitation, 그리고 conclusion 작성을 요청함.

- 이후 분량 조절을 위한 내용 조절을 지시하였으며, 최종 퇴고까지 상호 피드백을 반복하며 논문 작성을 완료함.

- 수작업으로 검토할 경우 오랜 시간이 소요될 뿐 아니라 미처 발견하지 못한 오류가 남아 있을 수 있는데, AI를 활용해 빠르고 정확한 검토가 가능함.

8. 자체 리뷰 및 수정

1) 논문 최종본 review

- ChatGPT: <https://chatgpt.com/share/697dba1f-373c-8007-b17f-06cb9ea54924>

*7(4)에서 활용한 링크이나, 이전 대화 history 활용을 위해 해당 채팅에서 최종본 review까지 진행하였으므로 다시 첨부

심사 주안점

| 구분 | 항목 | 비고 |
|----|--------|---|
| 1 | 주제 관련성 | 연구가 주제와 관련된지, 연구가 주제와 관련된지, 연구가 주제와 관련된지 |
| 2 | 연구 방법론 | 연구가 방법론을 올바르게 사용했는지, 연구가 방법론을 올바르게 사용했는지, 연구가 방법론을 올바르게 사용했는지 |
| 3 | 연구 결과 | 연구가 결과를 올바르게 제시했는지, 연구가 결과를 올바르게 제시했는지, 연구가 결과를 올바르게 제시했는지 |
| 4 | 연구 결론 | 연구가 결론을 올바르게 제시했는지, 연구가 결론을 올바르게 제시했는지, 연구가 결론을 올바르게 제시했는지 |
| 5 | 연구 요약 | 연구가 요약을 올바르게 제시했는지, 연구가 요약을 올바르게 제시했는지, 연구가 요약을 올바르게 제시했는지 |
| 6 | 연구 배경 | 연구가 배경을 올바르게 제시했는지, 연구가 배경을 올바르게 제시했는지, 연구가 배경을 올바르게 제시했는지 |
| 7 | 연구 의의 | 연구가 의의를 올바르게 제시했는지, 연구가 의의를 올바르게 제시했는지, 연구가 의의를 올바르게 제시했는지 |

제정 기준인데, 우리 논문이 여기에 fit한지도 검토해 줘. 항목별로 조건을 만족하는지 아닌지 따져 봐.

좋은 타이밍에 점검하셨습니다.
이 기준으로 보면 우리 논문은 전반적으로 잘 fit하지만, 몇 항목은 "의도는 충족, 표현은 보완 필요" 상태입니다.
아래에서 **항목별로 충족 여부 / 근거 / 리스크 / 보완 포인트**를 냉정하게 나눠서 보겠습니다.

1 주제 의 실용성 (20점) → 충족 (◎)

평가 기준

연구가 실제로 유의미하고 실질적인 문제를 다루고 있으며, 사회적·학문적 가치가 있는지

심사 주안점

| 구분 | 항목 | 비고 |
|----|--------|---|
| 1 | 주제 관련성 | 연구가 주제와 관련된지, 연구가 주제와 관련된지, 연구가 주제와 관련된지 |
| 2 | 연구 방법론 | 연구가 방법론을 올바르게 사용했는지, 연구가 방법론을 올바르게 사용했는지, 연구가 방법론을 올바르게 사용했는지 |
| 3 | 연구 결과 | 연구가 결과를 올바르게 제시했는지, 연구가 결과를 올바르게 제시했는지, 연구가 결과를 올바르게 제시했는지 |
| 4 | 연구 결론 | 연구가 결론을 올바르게 제시했는지, 연구가 결론을 올바르게 제시했는지, 연구가 결론을 올바르게 제시했는지 |
| 5 | 연구 요약 | 연구가 요약을 올바르게 제시했는지, 연구가 요약을 올바르게 제시했는지, 연구가 요약을 올바르게 제시했는지 |
| 6 | 연구 배경 | 연구가 배경을 올바르게 제시했는지, 연구가 배경을 올바르게 제시했는지, 연구가 배경을 올바르게 제시했는지 |
| 7 | 연구 의의 | 연구가 의의를 올바르게 제시했는지, 연구가 의의를 올바르게 제시했는지, 연구가 의의를 올바르게 제시했는지 |

제정 기준인데, 우리 논문이 여기에 fit한지도 검토해 줘. "심사자 입장에서" 항목별로 조건을 만족하는지 아닌지 따져 봐. 인간 심사자, AI 심사자 둘 다로서 한번 해 봐

좋습니다. 이번에는 완전히 "심사자 입장"으로 보겠습니다.
의도·노력·역량은 최대한 배제하고, 제출된 논문 텍스트만 보고 판단하는 상황을 가정하겠습니다.
그리고 요청하신 대로 ① 인간 심사자 / ② AI 심사자 두 관점에서 항목별로 합격/부합/미흡을 냉정하게 나누겠습니다.

① 인간 심사자 관점 평가

전제:

- "AI/ML 전공 교수 또는 박사급 연구자"

- 작성한 논문 전체 파일을 전송하여 전체적인 교정을 지시하였으며, 해당 과정 전반에서 논리 전개 흐름과 주장의 일관성 등 주요한 부분부터 비문/오타자 교정 등의 사소한 요소까지 전체적인 검토를 요청함.
- 공지사항의 "심사 주안점" 표를 첨부해 결과물이 심사 조건에 부합하는지 항목별로 분석하도록 지시하였으며, 특히 심사자 입장에서 판단할 것을 요청하여 보다 객관적이고 비판적인 평가가 가능하도록 함.