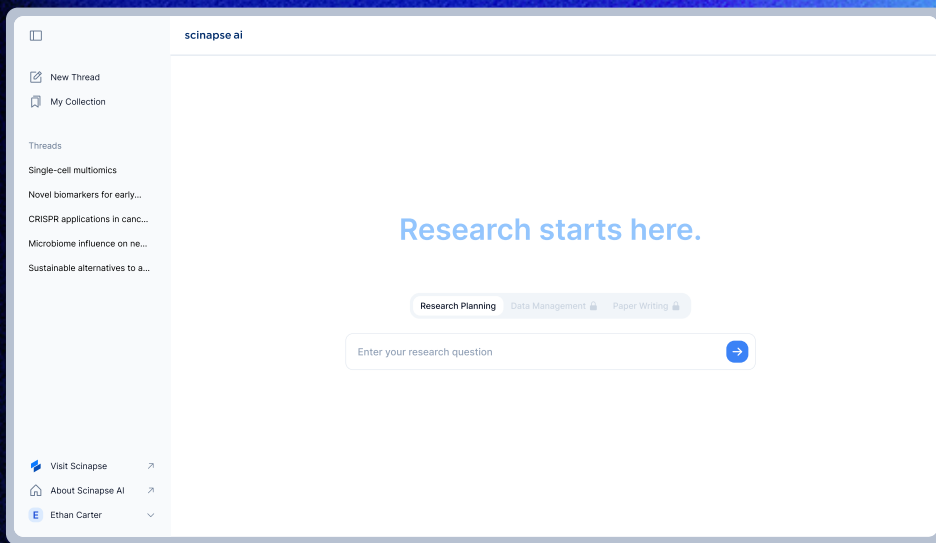


scinapse ai

과학자처럼 사고하는 AI 연구 파트너

당신의 연구를 동료 연구자처럼 진정으로 이해하는 최초의 AI

깊이 있는 과학적 이해 · 정교한 분석 · 신뢰할 수 있는 결과
문헌 조사부터 아이디어 검증까지, 신뢰할 수 있는 검증된 학술 논문을 기반으로 진행됩니다.



대화형 AI 인터페이스



연구 워크플로우 전반을 지원하는 에이전트 : 탐색부터 검증까지



2억 6천만 건의 논문을 스마트하게 탐색

과학 연구에서 AI가 안고 있는 한계

오늘날의 AI는 연구가 요구하는 깊이를 따라가지 못합니다.
복잡한 연구 내용을 지나치게 단순화하고, 존재하지 않는 논문과 출처를 만들어내며,
요약 이상의 가치를 제공하지 못합니다.



정밀도 손실 (Loss of Precision)

AI가 복잡한 내용을 단순화하는 과정에서 방법론, 매개변수, 미세한 연구 결과 등이 손실됩니다.



검증 불가 (No Verification)

조작된 인용, 불확실한 출처, 상충되는 주장 생성으로 인해, 결과를 신뢰할 수 없습니다.

진짜 연구자처럼 사고하는 AI

Scinapse AI는 실제 연구자들의 체계적인 워크플로우를 따르며, 각 단계에 특화된 AI 에이전트가 작업을 수행합니다.

Survey

Review

Challenge

Idea

Novelty

Critical Review

Survey Report

최적의 문헌을 찾기 위해 여러 차례 자동 반복 검색을 수행

- ✓ AI 에이전트가 AND·OR·NOT 논리를 활용한 정교한 검색식 (Boolean 검색식)을 자동으로 생성
- ✓ 2억 6천만 편의 논문을 지능적으로 탐색
- ✓ 수십 회 반복 검색을 통한 최적화
- ✓ 핵심 관련 문헌만 정확하게 선별

Survey Report

Survey Report

A total of 3,080 papers related to the research purpose were found. The accuracy is 95%.

The research purpose identified by the tool is as follows:

To understand the methodologies and applications of single-cell multiomics in biological research.

Below are sample papers.

Sample Papers

Title	Year	Journal
MOFA+: a statistical framework for comprehensive integration of multi-modal single-cell data	2020	Genome biology

Single-Cell Multi-omic Integration Compares and

Review Report

최신 핵심 연구를 자동으로 종합하고 구조화

- ✓ 연구 동향 분석
- ✓ 관련 문헌의 인용 패턴 분석
- ✓ 최신 연구 동향과 주요 연구 성과 도출

Review Report

Integrative Computational Methods Drive Advances in Single-Cell Multi-Omics Analysis

Introduction

Single-cell multi-omics, the simultaneous measurement of multiple data types (e.g., RNA, DNA, protein) from individual cells, has revolutionized biological research. The past five years have witnessed significant advancements in computational methods designed to integrate and analyze these complex datasets. This mini-review focuses on key trends in the development of computational tools for single-cell multi-omics data integration, highlighting the evolution of methodologies and their applications.

Multi-Omics Data Integration: Unsupervised Approaches

A major focus has been on developing unsupervised methods to integrate multi-omics data and identify shared biological signals. Early work in this area focused on statistical frameworks like MOFA+ developed by Ricard Argelaguet's group at the EMBL, which uses a factor analysis approach to identify common factors across

Challenge Report

연구 가치가 높은 미해결 문제를 정확히 식별

- ✓ 기존 문헌에서 해결되지 않은 문제(Research gaps) 식별
- ✓ 기술적 실현 가능성 분석
- ✓ 잠재적 영향력 평가

Challenge Report

1. Developing Robust and Scalable Single-Cell Multi-Omics Integration Methods

Current computational methods for single-cell multi-omics data integration, while advanced, often face limitations in terms of robustness across diverse datasets and scalability for extremely large and complex datasets. A significant challenge lies in developing new algorithms and frameworks that can consistently perform well regardless of data heterogeneity, noise levels, and increasing cell numbers and omics modalities, ensuring their applicability to real-world biological studies.

Suggested Keywords:

- robustness
- scalability
- single-cell multi-omics
- data integration
- computational methods
- heterogeneity

Idea Report

발전이 가능한 구체적이고 인용 가능한 아이디어 제시

- ✓ 명확한 문제 정의 및 연구 질문 제안
- ✓ 구체적 방법론 프레임워크 제시
- ✓ 문헌 근거 및 참신성(novelty) 평가
- ✓ 실행 가능성 분석 및 예상 결과 제시

Idea Report

1. Robust Single-Cell Multi-Omics Integration via Bio-Inspired Noise Reduction and Invariant Feature Learning

Problem Statement

Current single-cell multi-omics data integration methods struggle with robustness against data heterogeneity and noise, limiting their applicability. This research addresses the need for novel computational methods to enhance robustness and generalizability.

Research Question

Can principles of biological noise reduction and invariant feature learning be effectively adapted to develop computational methods that enhance the robustness and generalizability of single-cell multi-omics data integration across diverse datasets and noise levels?

Proposed Approach



Novelty Report

체계적인 독창성 검증

- ✓ 다각적 문헌 탐색 (50회 이상 쿼리 검색)
- ✓ 관련 연구와 정밀 비교
- ✓ 기존 연구와 차별점 분석
- ✓ 객관적인 참신성(novelty) 지표 제공

Novelty Report

Novelty Report

Overall Novelty Assessment

Medium to High

Novelty Justification

The proposed idea exhibits medium to high novelty, primarily due to its unique combination of "Bio-Inspired Noise Reduction" with "Invariant Feature Learning" specifically for "Robust Single-Cell Multi-Omics Integration". While individual components like multi-omics integration (e.g., Welch et al., 2019; Zhao et al., 2025) and invariant feature learning/domain adaptation (e.g., Tzeng et al., 2017; Le et al., 2011) are present in existing literature, their synergistic application in the single-cell multi-omics context, particularly with an emphasis on bio-inspired approaches for noise reduction, appears to be a less explored avenue. The paper published in Communications Biology (Zhao et al., 2025) comes closest by addressing single-cell data integration and using domain adaptation for harmonization, which touches upon invariant feature learning. However, the explicit inclusion of a "bio-inspired noise reduction" mechanism as a core component of the integration strategy is a key



Critical Review Report

본격적인 연구 착수 전 건설적 피드백 제공

- ✓ 방법론적 위험 요소 및 한계 포착
- ✓ 실행 가능성을 현실적으로 검증
- ✓ 구체적인 개선 방안 제시
- ✓ 편향 없는 객관적 평가 제공

Critical Review Report

Critical Review Points

Concern - Methodology

The idea proposes combining "Bio-Inspired Noise Reduction" with "Invariant Feature Learning." The conceptual framework for how these two distinct approaches will synergistically interact is not clear. Will noise reduction precede invariant feature learning, or will they be deeply intertwined within a unified framework? A lack of clear integration strategy could lead to increased complexity without guaranteed performance gains.

Concern - Feasibility

Single-cell multi-omics data is often large and high-dimensional. Bio-inspired algorithms, while powerful, can sometimes be computationally intensive. There's a potential concern regarding the computational feasibility and scalability of applying a novel bio-inspired noise reduction technique alongside invariant feature learning to such complex and large datasets.

유연한 연구 파트너 — 무엇이든 논의하세요.

대화하며 맥락을 추가하고, 피드백을 주고받으면서 아이디어가 발전하는 과정을 경험하세요.

How It Works



User

연구 분야 입력
+ 진행과정에서 피드백 제공



Orchestrator

사용자가 요청한 작업에 맞는
전문 에이전트로 자동 연결



Agents

학술 자료에 근거해
상세한 보고서를 작성

Result

연구 맥락에 최적화되고 과학 문헌을 이용해 검증된 인사이트

Why Scinapse AI is Different

✓ The Scinapse AI Approach

과학적 정확성을 유지하는 새로운 설계 방식



직접적인 문헌 검색

데이터 손실, 추정 없는
정확한 키워드와 인용 기반 검색



영향력 기반 선별

특정 연구 분야에서 과학적
영향력이 높은 논문만 선별



선별이 아닌 '종합'을 위한 LLM

검증된 정보와 자료만 종합
— AI가 임의로 논문 관련도나
완성도를 판단하지 않습니다.

결과: 과학적 정밀도를 완전히 보존

데이터 압축 없이 정보를 온전히 유지하고,
인용 네트워크를 활용해 연구에 필요한 정밀도를 확보합니다.

★ 실제 연구는 이렇게 달라집니다

타협 없는 정밀도

- ✓ 좋은 연구와 뛰어난 연구를 가르는 미세한 차이까지 포착
- ✓ 첫 검색부터 최종 검증까지 과학적 정밀도 유지
- ✓ 모든 주장에 검증 가능한 출처 제공 — 임의 생성이나 추측 없음

End-to-End 연구 파트너

- ✓ 문헌 검토, 분석, 아이디어 개발, 검증, 비평: 연구의 전 과정 지원
- ✓ 대화하며 변화하는 맥락을 이해하고 아이디어를 구체화
- ✓ 바로 활용 가능한 실질적 결과물 제공