

AI를 활용한 데이터 정리, 자료 추출, 논문 작성

Hyunwook Kwon, MD, PhD.

Division of Kidney & Pancreas Transplantation,

Department of Surgery, University of Ulsan College of Medicine
and Asan Medical Center

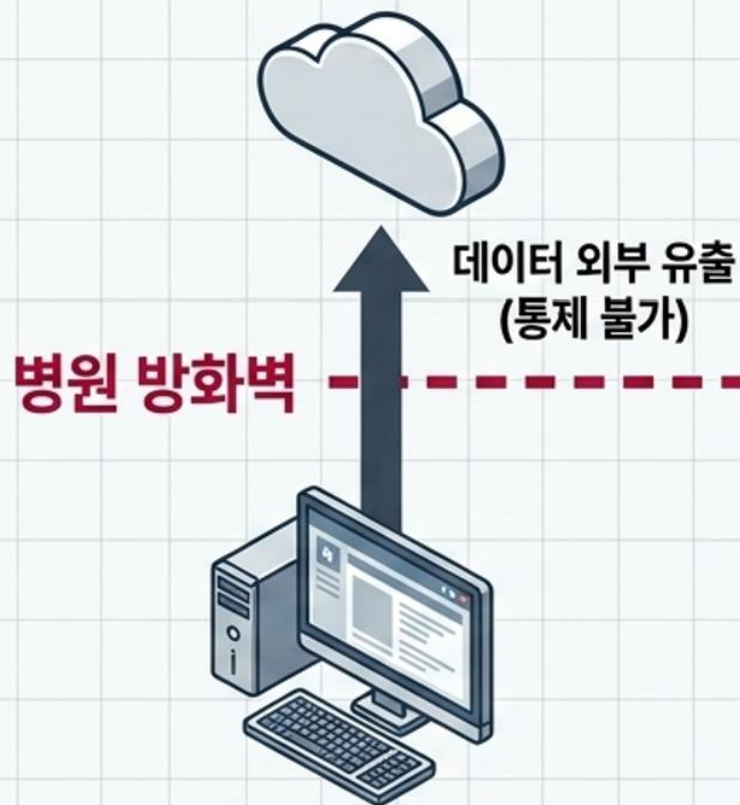


01

Introduction: LLM

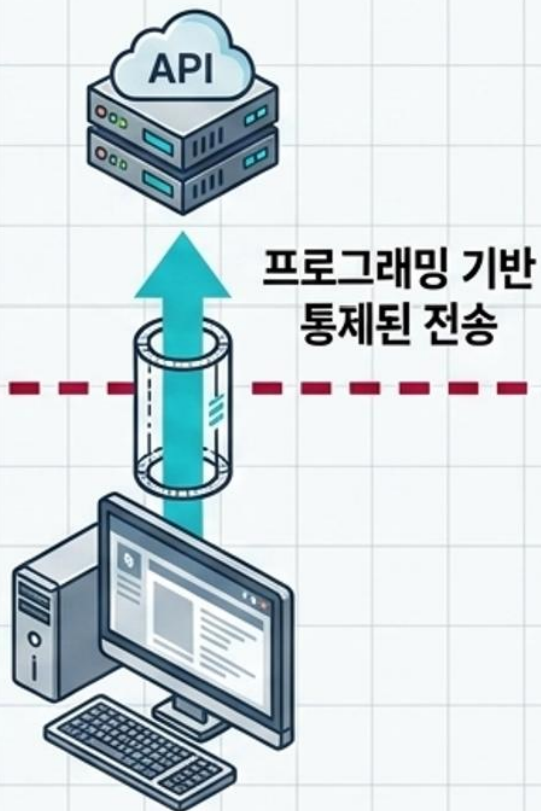
Classification of LLM

구독형 Web UI



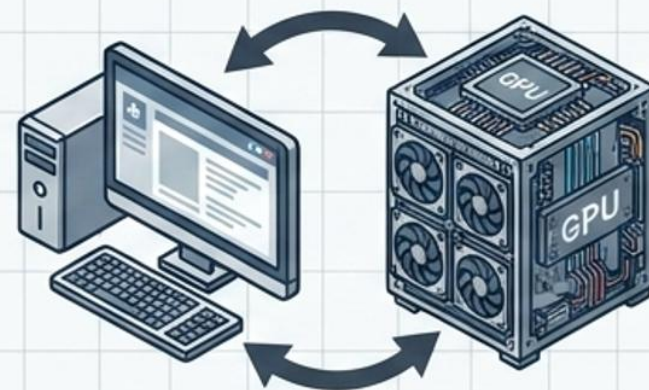
데이터 외부 유출 (통제 불가)

CLI / API 연동



프로그래밍 기반 통제된 전송

오픈소스 로컬 구축

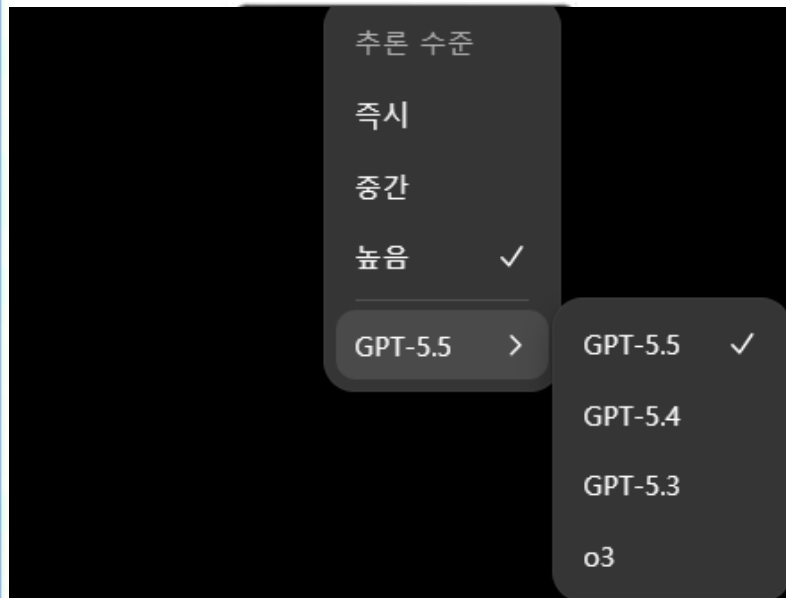


방화벽 내부 완전 격리

Web UI Frontier Model

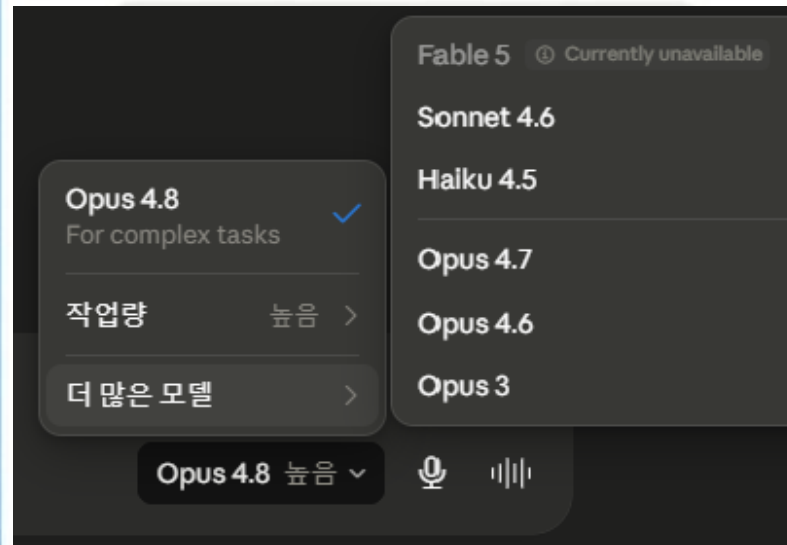
1) OpenAI (GPT 계열)

GPT-5.5 (2026년 4월 23일): 현존 최강 SOTA 모델. 추론 효율성을 극대화하여 더 적은 토큰으로 복잡한 의사결정을 수행합니다.



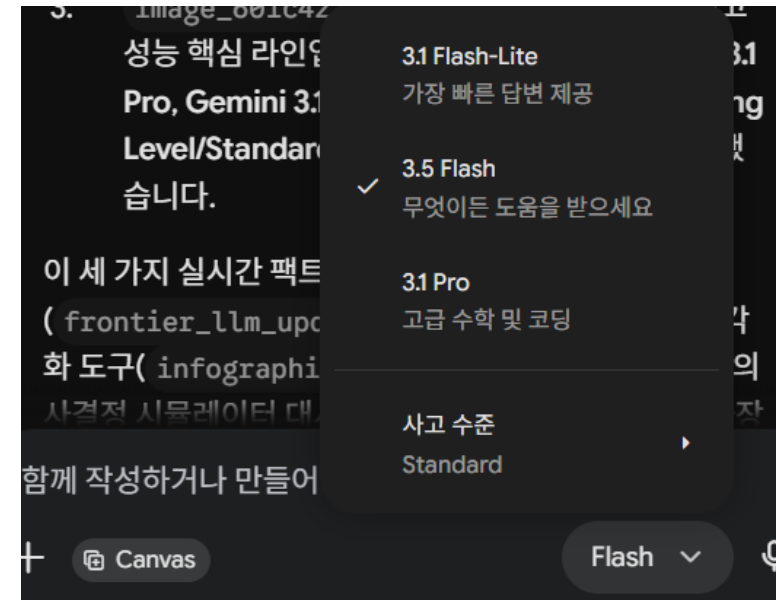
2) Anthropic (Claude 계열)

Claude Opus 4.8 (2026년 6월 초 출시): Fable 5가 정부 조치로 강제 비활성화되면서, 현재 실무진이 합법적으로 쓸 수 있는 최상위 대안 모델입니다.



3) Google (Gemini 계열)

Gemini 3.5 Flash (2026년 5월 출시): 초저지연 모바일 연동 및 동적 에이전트 구동에 극대화된 경량 모델.



01 introduction

File Edit Selection View Go Run Terminal Help

Local Testing Guide app.json README.md JS App.js JS EditResponseScreen.js N8n Workflow Template

환자 문답 시스템 개발

kasan-ai-app

.expo

web

devices.json

README.md

.vercel

project.json

README.txt

api

assets

dist

KT 진료지침 출판 ...

node_modules

src

components

config

screens

JS DoctorDashbo...

JS EditResponseS...

JS LoginScreen.js

JS PasswordRese...

JS PatientC... M

JS RegisterScree...

services

theme

.env

.env.example

.gitignore

JS App.js

app.json

firebase.rul... M

JS index.js

package-lo... M

package.json M

README.md

vercel.json M

KASAN_AI_Pr... 1

N8n Workflow Template 3 months ago

```
    }
  ]
},
"id": "gpt-1",
"name": "GPT-4o",
"type": "n8n-nodes-base.openAi",
"typeVersion": 1,
"position": [
  420,
  300
]
},
{
  "parameters": {
    "resource": "text",
    "operation": "generate",
    "model": "models/gemini-1.5-pro",
    "prompt": "=당신은 아산병원 임상 의사를 도와주는 조수입니다. 친절하게 환자의 질문에 답변해주세요.\n\n환자 질문: {{ $('Webhook').item.json.body.content || '안녕하세요' }}"
  },
  "id": "gemini-1",
  "name": "Gemini 1.5 Pro",
  "type": "n8n-nodes-base.googleGemini",
  "typeVersion": 1,
  "position": [
    640,
    300
  ]
},
{
  "parameters": {
    "operation": "update",
    "projectId": "kasan-ai-patient-qa",
    "collectionId": "messages",
    "documentId": "={{ $('Webhook').item.json.body.messageId || 'test_id' }}",
    "columns": {
      "field": [
        "-----"
      ]
    }
  }
}
```

Problems 1 Output Debug Console Terminal Ports

powershell + @ |

PS C:\Users\ultra\KASANA\환자 문답 시스템 개발>

master* 0 1

Open Agent Manager

View Changelog

Agent

환자 문답 시스템 개발

Ask anything, @ to mention, / for workflows

Planning Gemini 3.5 Flash (Medium)

Reviewing Conversation History 3mo

Creating Presentation Slides 3mo

Firebase Image Upload Test 4mo

See all

AI may make mistakes. Double-check all generated code.

Antigravity - Settings

Open Sauce LLM

Ollama

Content-type: application/json (JSON 데이터의 프로그래밍 언어)

4. 요청 데이터 예시 (JSON):

ollma 모델에 전달할 JSON 데이터의 예시는 다음과 같습니다. 이 예시는 프롬프트를 ollma 모델에 전달하고 생성된 텍스트를 받기 위한 것입니다.

```
json
{
  "prompt": "Hello, ollma!",
  "max_tokens": 50
}
```

Copy

주의 사항:

- ollma 서버가 실제로 실행 중인지 확인하세요.
- 포트 번호가 올바르게 설정되었는지 확인하세요.
- ollma 서버와 n8n 데이터 소스의 네트워크 연결이 정상인

이 정보가 n8n에서 로컬 ollma 모델을 연결하는 데 도움이 되
다면 언제든지 질문해주세요!



Find model...

qwen3-vl:30b



qwen3-vl:8b



qwen3-vl:4b



qwen3:30b



qwen3:8b



qwen3:4b



llama3.1:8b

Send a message



gemma3:4b





02

Data

Data cleansing

ID	sex	age	dx_date	lab_date	rutherford	HD_date	HD	op1_date	op1	op2_date	op2	op12_date	op12	d1_date	d2_date	KT	KT_date	f
10511639		2	80	2009-11-03	2009-11-03	0		0		0		0		0	2016-04-22	0		
10515244	1	72	2010	ID	cholesterol					TG				LDL				
10518616	1	83	2008	10511639	189					94				101				
10519114	1	63	2017	10513541	147					240				153				
10523517	2	74	2017	10515244	139					86				90				
10530111	2	68	2008	10515244	113					94				65				
10538122	1	64	2009	10515244	135					51				82				
10566893	1	76	2012	10515244	64					80				29				
10575006	2	72	2013	10515244	93					98				45				
10583487	1	61	2014	10518616	138					70				75				
10597671	2	73	2017	10519114	128					115				69				
10612936	1	60	2017	10523517	141					82				75				
10614653	1	37	2012	10523517	141					82				75				
10623044	1	59	2014	10530111	148					96				84				
10629035	2	69	2008	10530111														
10652129	1	64	2018	10538122	97					56				30				
10667114	1	50	2009	10538122	97					56				30				
10671492	1	50	2019	10538122	97					56				30				
10694387	1	70	2008	10538122														
10700787	1	59	2013	10538122	97					56				30				
10716047	1	76	2017	10538122	79					56				30				
10754443	1	70	2018	10538122	69					18				32				
10768550	2	67	2008	10538122														
10790470	2	59	2010	10538122														
10811036	2	60	2017	10538122														
10836864	1	67	2013	10538122														
10888928	1	54	2008	10538122														
10900152	1	66	2008-10-13	2008-10-15	3		0			0	#####	1	2008-10-15	1			0	
10926642	1	60	2009-02-09	2009-02-25	2		0			0		0		0			0	

ESRD ASO Lipid Data 5_검사 및 lab ▾

	ID	cholesterol	TG	LDL
1	10511639	189	94	101
2	10513541	147	240	153

ID 별로 cholesterol TG LDL 최대값 정리해줘



메시지 ▾

I have summarized the maximum cholesterol, TG, and LDL values for each ID. You can now review the organized data. Let me know if you need further analysis or adjustments! [~]

정리된 파일에서 cholesterol > 220 이면 1, 아니면 0 / TG > 150 이면 1, 아니면 0 / LDL > 200 이면 1 아니면 0으로 정리해줘

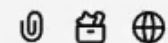


Flagged Cholesterol, TG, LDL By ID				
	ID	cholesterol	TG	LDL
1	10511639	189.0	94.0	101.0
2	10513541	147.0	240.0	153.0
3	10515244	139.0	98.0	90.0
4	10518616	138.0	70.0	75.0
5	10519114	128.0	115.0	69.0
6	10523517	141.0	82.0	75.0

I have added columns indicating whether each ID exceeds the specified thresholds for cholesterol, TG, and LDL. You can now review the updated data. Let me know if you need further assistance! [~]

🔊 📄 📌 🗑️ 🔍 ↺

메시지 ChatGPT





Flagged Cholesterol, TG, LDL By ID

	cholesterol_flag	TG_flag	LDL_flag	
1	0	0	0	
2	0	1	0	
3	0	0	0	
4	0	0	0	
5	0	0	0	
6	0	0	0	

I have added columns indicating whether each ID exceeds the cholesterol, TG, and LDL. You can now review the updated data assistance! [-]

python

Load the newly uploaded raw 항상 세부 정보 표시 ☐ 복사

```
raw_data_path = '/mnt/data/ESRD ASO raw data241122.csv'
```

```
raw_data = pd.read_csv(raw_data_path)
```

```
# Merge the raw data with the flagged data based on ID, keeping  
merged_data = pd.merge(raw_data, max_values, on='ID', how='left'
```

```
# Display the merged dataframe to the user
```

```
tools.display_dataframe_to_user(name="Merged ESRD ASO Data with
```



ESRD ASO raw data241122.csv

스프레드시트

이 파일에다가 바로 직전에 정리된 Glaged choelesterl, TG, LDL 값을 병합해줘 ID 기준으로 하고 ESRD ASO raw data241122의 환자 명단은 유지해줘



ChatGPT는 실수를 할 수 있습니다. 중요한 정보를 확인하세요

H139 $\times$ $\checkmark$ f_x $\times$ $\checkmark$ Negative

Claude

요약: BKV_통합은 4,148명 환자의 개별 검사 기록(26,832건)이고, 환자요약은 이를 환자 단위로 집계한 테이블입니다. ID와 T_DATE가 두 시트의 연결 키입니다.

H139 selected

Reply

+

Opus 4.6 

F16     f_x 

Claude

기존 시트와의 연결: KT 시트의 ID (C열)가 BKV 통합/환자요약의 ID 와 연결 키이며, KT에도 BKV 관련 변수(BKV, BKVN, INF_BKV, BKV_DNA_Peak 등)가 포함되어 있습니다. 총 **4,559명** 환자 데이터입니다.

Reply

Opus 4.6

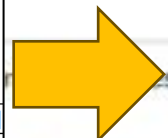
A screenshot of the Claude AI interface. At the top, the word "Claude" is displayed in white on a dark background. Below the header, there's a navigation bar with a menu icon, a clock icon, a plus icon, and a vertical ellipsis icon. The main content area has a dark background with the text "Get started with these skills:" in white. Below this text, there are four rounded rectangular buttons stacked vertically, each containing a skill name in white text: "/audit-xls", "/clean-data-xls", "/dcf-model", and "/comps-analysis". Below these buttons, the text "Create and manage skills" is underlined in white, followed by "on your Claude account" in a smaller white font. At the bottom, there's a white bar with a dark background. On the left, it says "A1 selected" in dark text. In the center, there's a dark rounded rectangle containing the Korean text "두시트 병합하려고 하니까 데이터 확인해봐" in white, with "두시트" underlined in red. On the right side of this bar, it says "Opus 4.6" in dark text, followed by a downward arrow icon. At the bottom right, there's a white rounded square button with a dark upward arrow icon.

< > BKV_통합 환자요약 BKV_20명 + : ◀ ▶

준비  접근성: 계속 진행 가능     100%

14 Data cleansing: chat GPT-4.0

C	D	E	F	G	DZ
ID	BDATE	AGE	Sex	T_DATE	Biopsy
30572830	1964-01-03	40	1	2005-01-06	[2018.01.11 - Kidney (Needle biopsy)(Des)[Histochemistry],Tissue] [2019.07.15 - Kidney,Right (Needle biopsy)(Des)[Histochemistry],Tissue]
18439940	1959-03-15	45	1	2005-01-17	A) Kidney, allograft, needle biopsy (14 years 5 months 23 days posttransplantation): - C4d immunopositivity with acute and chronic microcirculation injury, suspicious for chronic active antibody-mediated rejection. - Suspicious (Borderline) for acute T cell-mediated rejection. - Moderate interstitial fibrosis and tubular atrophy. - Focal global (2/42) and focal segmental (1/42) glomerular sclerosis. (See note)
11181435	1959-12-11	45	1	2005-02-02	[2005.04.29 - Kidney (Needle biopsy)(Des)[Histochemistry],Tissue]
15805430	1959-12-20	45	0	2005-02-03	[2005.07.07 - Kidney (Needle biopsy)(Des)[Histochemistry],Tissue]
26718550	1981-01-28	23	1	2005-03-07	[2007.06.25 - Kidney (Needle biopsy)(Des)[Histochemistry],Tissue]
29258831	1959-07-26	45	1	2005-03-10	[2012.02.28 - Kidney (Needle biopsy)(Des)[Histochemistry],Tissue]
30553480	1963-08-19	41	0	2005-03-28	[2005.04.19 - Kidney (Needle biopsy)(Des)[Histochemistry],Tissue]
29987766	1976-11-05	28	0	2005-04-07	[2022.03.30 - Kidney,Right (Needle biopsy)(Des)[Histochemistry],Ti
19775377	1978-01-25	27	1	2005-04-08	[2010.12.01 - Kidney (Needle biopsy)(Des)[Histochemistry],Tissue]
28460167	1966-09-19	38	1	2005-04-14	[2013.05.16 - Kidney (Needle biopsy)(Des)[Histochemistry],Tissue]
31205366	1952-10-07	52	0	2005-04-14	[2008.07.30 - Kidney (Needle biopsy)(Des)[Histochemistry],Tissue]
31174291	1987-02-09	18	1	2005-04-28	[2005.10.05 - Kidney (Needle biopsy)(Des)[Histochemistry],Tissue]
25498411	1971-08-27	33	1	2005-05-01	[2017.06.14 - Kidney (Needle biopsy)(Des)[Histochemistry],Tissue]
31704609		44	0	2005-05-11	[2005.09.30 - Kidney (Needle biopsy)(Des)[Histochemistry],Tissue]
25965562		30	0	2005-05-16	[2022.07.04 - Kidney,Right (Needle biopsy)(Des)[Histochemistry],Ti



	A	B	C	D	E	F	G	H	I	J	K
1	ID	i	t	ti	v	g	ci	ct	cg	mm	cv
2	22980454	1	0	1	0	2	1	1	0	2	2
3	58003527	1	1	1	0	0	0	1	0	0	1
4	57550710	1	2	1	0	0	1	1	0	0	1
5	48015143	0	1	1	0	2	2	2	3	1	1
6	55227052	3	1	3	0	3	1	1	0	2	2
7	57579540	1	1	1	0	0	1	1	0	2	1
8	49806102	1	1	2	0	0	2	2	0	0	0
9	58513790	2	1	2	0	2	1	1	0	1	2
10	17003122	0	1	0	0	1	0	1	0	1	1
11	58381157	2	1	2	0	0	0	0	0	1	0
12	59012865	0	1	1	0	3	1	1	0	1	0
13	57548678	1	1	1	0	0	0	1	0	2	1
14	43755408	1	1	1	0	1	0	1	0	1	0
15	58765306	3	1	3	0	0	1	1	0	0	1
16	36210370	2	1	2	0	3	1	1	0	2	1
17	47520604	1	1	1	0	0	1	1	0	1	2
18	39972792	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
19	58730432	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
20	55444174	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
21	57758437	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
22	44395892	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
23	53983200	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
24	58154937	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
25	46990495	1	1	2	0	0	3	3	0	2	3
26	58294138	1	0	1	0	1	0	1	0	1	0
27	12875904	0	1	0	0	3	1	1	2	2	0
28	57515647	2	2	2	0	0	1	1	0	0	1
29	59155313	0	1	1	0	2	1	1	0	1	2

Data cleansing: chat GPT-4.0

A	B	C	D	E	F	G	H	I	J	K	L	M	N	O	P	Q	R
	ID	T_DATE	i	t	ti	v	g	ci	ct	cg	ptcml	mm	cv	ah	i-IFTA	t-IFTA	ptc
0	30572830	20050106	1	1	1	0	1	1	1	0		1	1	3			2
3	31083371	20050110	1	0	2	0	0	2	2	0		3	1	2			0
4	31083371	20050110															
6	18439940	20050117	1	1	1	0	3	2	2	1		0	1	2	2		3
7	18439940	20050117	2	1	2	0	3	1	1	1		1	3	2	2		3
26	26550127	20050302	1	0	2	0	0	2	2	0		0	3	0			0
27	26550127	20050302	2	2	2	0	1	2	2	0		0	2	2	2		0
29	29258831	20050310	2	0	1	0	1	1	1	3		1	0	1			3
30	29258831	20050310	1	0	2	0	2	2	2	3		1	2	3			2
31	29258831	20050310	1	1	1	0	1	3	3	3		1	1	3	1		2
39	19775377	20050408	3	3	3	1	1	2	2	0		1	1	2			2
40	19775377	20050408	1	2	3	1	1	3	3	2		1	1	2			3
44	28460167	20050414	2	3	2	0	0	2	2	0		1	1	3			2
45	31205366	20050414	1	1	2	0	0	1	1	0		0	1	0			0
46	31205366	20050414	1	1	3	0	0	3	3	0		3	1	1			3
48	31174291	20050428	0	0	2	0	0	2	2	0		0	2	3			0
50	25498411	20050501	2	1	2	0	3	1	1	1		1	1	3			1
51	25498411	20050501	0	0	0	0	2	1	1	0		0	2	2			0
52	25498411	20050501	2	1	3	0	3	2	2	1		1	2	3	3		0
54	31368849	20050509	1	1	3	0	0	3	3	0		2	1	1			1
57	27190117	20050516	1	1	1	0	0	2	2	0		0	0	1			2
58	27190117	20050516	0	0	2	0	1	3	3	0		0	3	3			0
65	31039088	20050602	1	1	1	0	3	1	1	3	0	2	3	3	1	1	0

2.9 Python



TensorFlow



PyTorch

Learn ▾ Ecosystem ▾



PyTorch

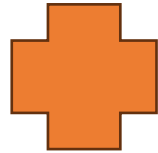


Keras

Simple. Flexible. Powerful.



ChatGPT



python™



Hugging Face



pandas



scikit-learn

Install User Guide API Examp

scikit-learn

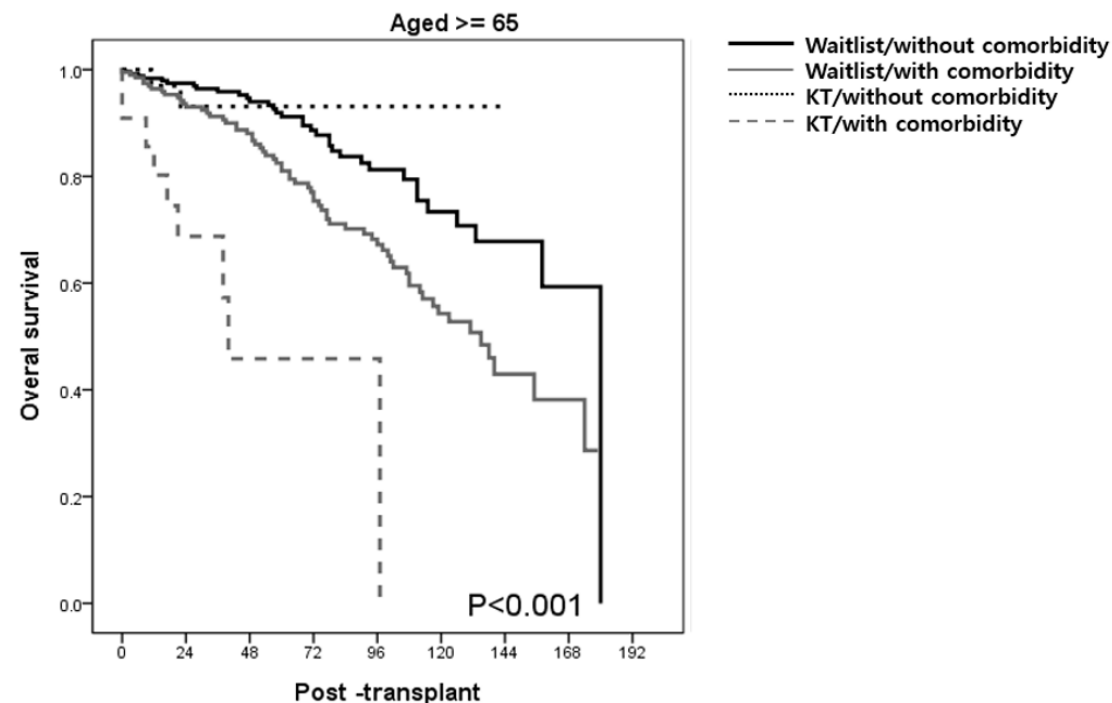
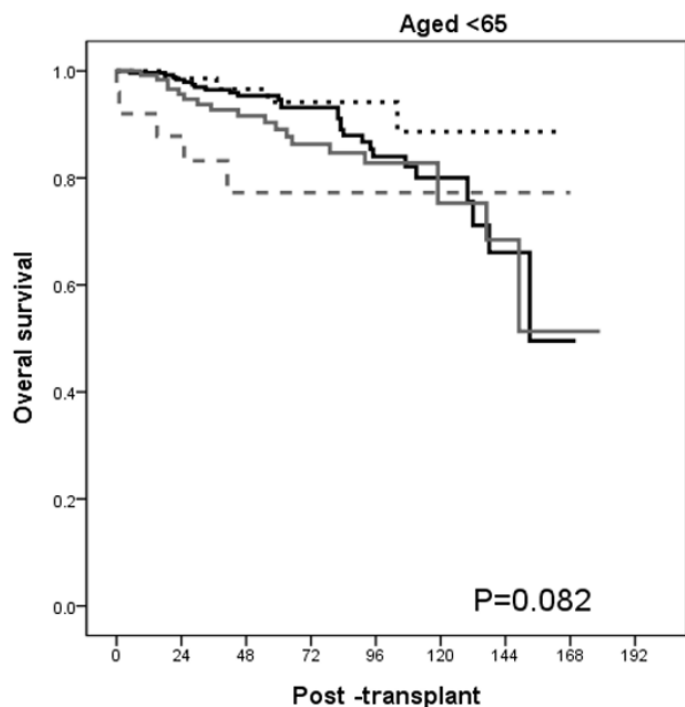
Machine Learning in Python

Impact of Comorbidities on Long-term Survival Rate in Deceased Donor Kidney : Transplantation Versus Continued Waiting list in Patients Aged 60 and Above

Patients

Elderly patients aged 60 and above

- Underwent deceased donor kidney transplantation at Asan Medical Center, (n=165)
- Registered on the waiting list for kidney transplantation at Asan Medical Center, (n=895)



아 거기서 T_no=1이 이식 환자군이고 T_no=0 그룹이야 두군의 생존율을 비교해야하는데 이 부터 이식시까지 생존한 사람들만 포함되니까 당연히 투석이후 생존 기간이 길게 나올꺼 HD duration 이 유사한 사람들만 뽑아 이식한 생존율 대기환자들은 대기시작 부터 생존율을 공평하겠지? 이식 환자에서 투석 기간은 HD_duration들은 투석시작시점부터 대기 했으니까 PSmonths 생존기간이거든? 이걸 어떻게 공평한 군으로

Here's the updated code to handle this process:

```
python

import pandas as pd
from sklearn.neighbors import NearestNeighbors
import numpy as np

# Load the original dataset
file_path = 'For TEST R Deceasedonor KT.csv'
data = pd.read_csv(file_path)

# Select relevant columns
selected_columns = ["T_no", "HD_duration", "PSmonths", "AGE", "Sex", "Bwt", "BMI", "DM", "CVA", "abdrMM", "CIT", "PRA1", "PRA2", "Dage", "KDRI", "KDPI", "D_CRR"]
data_filtered = data[selected_columns]

# Split the data into transplant and dialysis groups
transplant_group = data_filtered[data_filtered["T_no"] == 1].copy()
dialysis_group = data_filtered[data_filtered["T_no"] == 0].copy()

# Nearest Neighbors model to match based on HD_duration
nn = NearestNeighbors(n_neighbors=1, metric='euclidean')

# Apply the Nearest Neighbors model to match based on HD_duration
nn.fit(dialysis_group[["HD_duration"]]) # Fit the model on dialysis group HD_duration
distances, indices = nn.kneighbors(transplant_group[["HD_duration"]]) # Match with transp

# Extract the matched dialysis data
matched_dialysis_data = dialysis_group.iloc[indices.flatten()]

# Merge the matched transplant and dialysis data
matched_transplant_data = transplant_group.reset_index(drop=True)
matched_data_full = pd.concat([matched_transplant_data, matched_dialysis_data.reset_index(drop=True)])

# Add T_no values for transplant and dialysis groups
matched_data_full["T_no"] = np.concatenate([np.ones(matched_transplant_data.shape[0]), np.zeros(matched_dialysis_data.shape[0])])

# Save the matched data to a CSV file
output_file = "matched_HD_duration_final.csv"
matched_data_full.to_csv(output_file, index=False)
```

코드 복사

! 대기 환자군(T_no=0) 간에 공정한 비교를 위해 비슷 . 매칭 기준은 **HD_duration(투석 기간)**을 사용하여, 형태로 만듭니다.

생존한 환자들만 포함되므로 **selection bias(선택 편

(투석 기간)이 유사한 환자들만 비교하면 공정성을 확보

칭합니다.

n과 가장 가까운 값의 투석 대기 환자군(T_no=0)을 찾

atching)

st Neighbors)**을 사용합니다.

. 활용해 각 이식 환자군의 HD_duration에 대해 투석 환 : 가진 환자를 찾습니다.



파일



{x}



..



sample_data



For TEST R Deceasedonor KT.c...



HD_duration_matched_data_fin...

+ 코드 + 텍스트

RAM
디스크

Gemini



```
import pandas as pd
from sklearn.neighbors import NearestNeighbors
import numpy as np

# Load the original dataset
file_path = 'For TEST R Deceasedonor KT.csv'
data = pd.read_csv(file_path)

# Select relevant columns
selected_columns = ["T_no", "HD_duration", "PSmonths", "AGE", "Sex", "B",
                    "CVA", "abdrMM", "CIT", "PRA1", "PRA2", "Dage", "KDI"]
data_filtered = data[selected_columns]

# Split the data into transplant and dialysis groups
transplant_group = data_filtered[data_filtered["T_no"] == 1].copy()
dialysis_group = data_filtered[data_filtered["T_no"] == 0].copy()

# Nearest Neighbors model to match based on HD_duration
nn = NearestNeighbors(n_neighbors=1, metric='euclidean')

# Apply the Nearest Neighbors model to match based on HD_duration
nn.fit(dialysis_group[["HD_duration"]]) # Fit the model on dialysis group
distances, indices = nn.kneighbors(transplant_group[["HD_duration"]])

# Extract the matched dialysis data
matched_dialysis_data = dialysis_group.iloc[indices.flatten()]

# Merge the matched transplant and dialysis data
```



디스크

75.24 GB 사용 가능

이게 70세 이상 이식 받은
환자수가 너무 적다. 그냥
60-64세 65세 이상 전부에
서 이식군과 투석군 Mor_G
에 따라 같은형태의
Survival curve 그리고 비교
해줘



Alright, I'll adjust the analysis to combine the 65-69 and 70+ age groups into one. This way, we'll have a 60-64 group and a 65+ group. Let me provide a code that generates the Kaplan-Meier survival curves comparing transplant and dialysis groups, split by Mor_G, in both age categories: 60-64 and 65+.

Survival Analysis Age Groups

This script will generate Kaplan-Meier survival curves for both age groups, split by Mor_G (0 or 1), and display the log-rank p-values for comparison between transplant and dialysis groups. Let me know if you need any further modifications or analysis!

70세 이상 이식 환자수가 너무 적으니 전체를 두개로 나누자고 60-64세 환자들 하나 그리고 65세이상인 환자들 전부 70세 이상도 모두 포함(65세 이상 전체 한그룹). 이렇게 두개로 나눈 환자에서 Mor_G 에 따라 survival curve 비교해 보자 24개월 간격 N at risk 위치 유지해

```
1 imp
2 imp
3 imp
4 frc
5 frc
6 frc
7
8 # l
9 mat
10
11 # l
12 age
13
14
15 ]
16
17 # l
18 for
```



Alright, I'll adjust the analysis to combine the 65-69 and 70+ age groups into one. This way, we'll have a 60-64 group and a 65+ group. Let me provide a code that generates the Kaplan-Meier survival curves comparing transplant and dialysis groups, split by Mor_G, in both age categories: 60-64 and 65+.

Survival Analysis Age Groups

```
1 # Set the figure size and font size for better readability
2 ax.set_xlabel('Months')
3 ax.set_ylabel('Survival Probability')
4 ax.set_xticks(np.arange(0, age_group["PSmonths"].max() + 24, 24))
5 ax.legend()
6 ax.grid(True)
```

Survival Analysis Age Groups

This script will generate Kaplan-Meier survival curves for both age groups, split by Mor_G (0 or 1), and display the log-rank p-values for comparison between transplant and dialysis groups. Let me know if you need any further modifications or analysis!

70세 이상 이식 환자수가 너무 적으니 전체를 두개로 나누자고 60-64세 환자들 하나 그리고 65세이상인 환자들 전부 70세 이상도 모두 포함(65세 이상 전체 한그룹). 이렇게 두개로 나눈 환자에서 Mor_G 에 따라 survival curve 비교해 보자 24개월 간격 N at risk 위치 유지해

age_ma

dialysis

erved=age_group Mor_G_0_dialysis["PS"], label="Dialysis")

l=age_group Mor_G_0_dialysis["PS"], label="Dialysis")

파일



+ 코드 + 텍스트



RAM
디스크

Gemini



sample_data



For TEST R Deceasedonor KT.c...



HD_duration_matched_data_fin...



matched_HD_duration_final.csv

```
import pandas as pd
import numpy as np
import matplotlib.pyplot as plt
from lifelines import KaplanMeierFitter
from lifelines.statistics import logrank_test
from lifelines.plotting import add_at_risk_counts

# Load the matched data
matched_data = pd.read_csv("HD_duration_matched_data_final.csv")

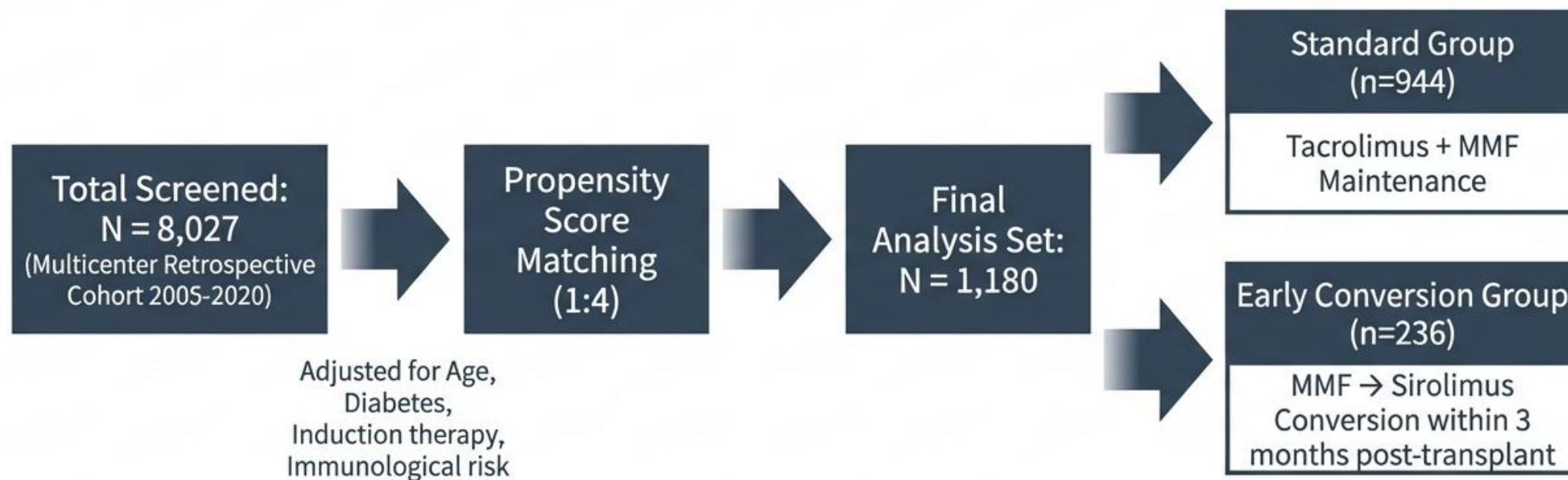
# Define age groups
age_groups = [
    (60, 64, "60-64"),
    (65, np.inf, "65+")
]

# Iterate through each age group
for age_min, age_max, label in age_groups:
    # Filter the data for patients in the age group
    age_group = matched_data[(matched_data['AGE'] >= age_min) & (matched_data['AGE'] < age_max)]

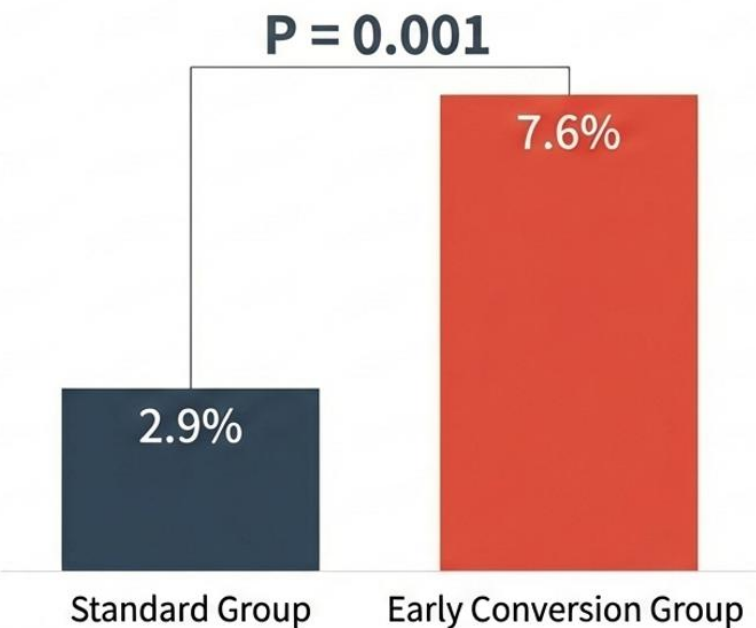
    # Split the group into two based on Mor_G (0 = no comorbidity, 1 = comorbidity)
    age_group_Mor_G_0 = age_group[age_group['Mor_G'] == 0]
    age_group_Mor_G_1 = age_group[age_group['Mor_G'] == 1]
```

Clinical Precision meets High-End Editorial

Study Design & Patient Population



Primary Endpoint: Biopsy-Proven Acute Rejection (BPAR) between 3-12 months post-transplant



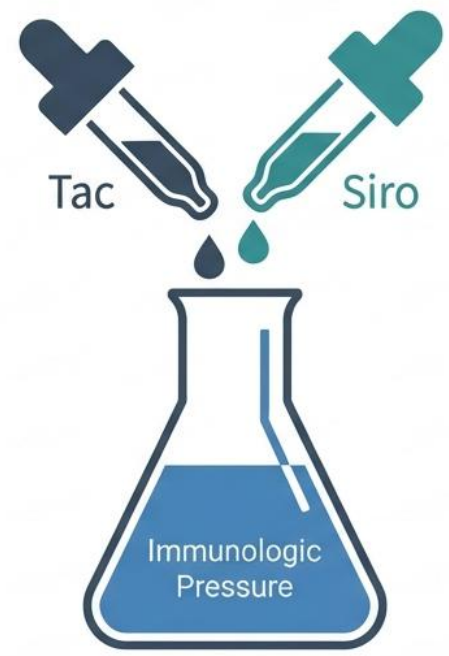
Introduction of a New Metric: Tac-Siro Csum

The cumulative exposure of both drugs, rather than the individual drug concentrations, determines the immunosuppressive effect.

Csum = (Tacrolimus Trough + Sirolimus Trough)

(Average sum of the two drug concentrations measured between 3 to 12 months post-transplantation)

Hypothesis: Both Tacrolimus and Sirolimus inhibit the IL-2 pathway; therefore, the sum of their concentrations must exceed a certain level to prevent rejection.



✓ 분석 함수 (p-value 기반 cutoff 탐색)

python

코드 복사

```
def find_optimal_cutoff(df, outcome_col, group_col='studygroup', dose_col='dose', p_threshold=0.05):
    cutoffs = np.arange(df[dose_col].min(), df[dose_col].max(), 0.1)
    results = []
```

```
for cutoff in cutoffs:
```

```
    # Tac+Siro에서
```

```
    siro_high = df
```

```
    mmf_group = df
```

```
    # 2x2 테이블 만
```

```
    rej_siro = siro
```

```
    nonrej_siro =
```

```
    rej_mmf = mmf
```

```
    nonrej_mmf = 1
```

```
    # 안전성 검사
```

```
    if len(siro_high):
```

```
        table = [[
```

```
            try:
```

```
                p =
```

```
            except:
```

```
                p = np
```

```
        results.append
```

```
            'cutoff'
```

```
            'p_value'
```

```
            'n_siro'
```

```
            'rej_r'
```

```
            'rej_r'
```

```
    })
```

```
df_result = pd.DataFrame(results)
```

```
cutoff_found = df_result[df_result['p_value'] >= p_threshold].head(1)
```

```
return cutoff_found, df_result
```

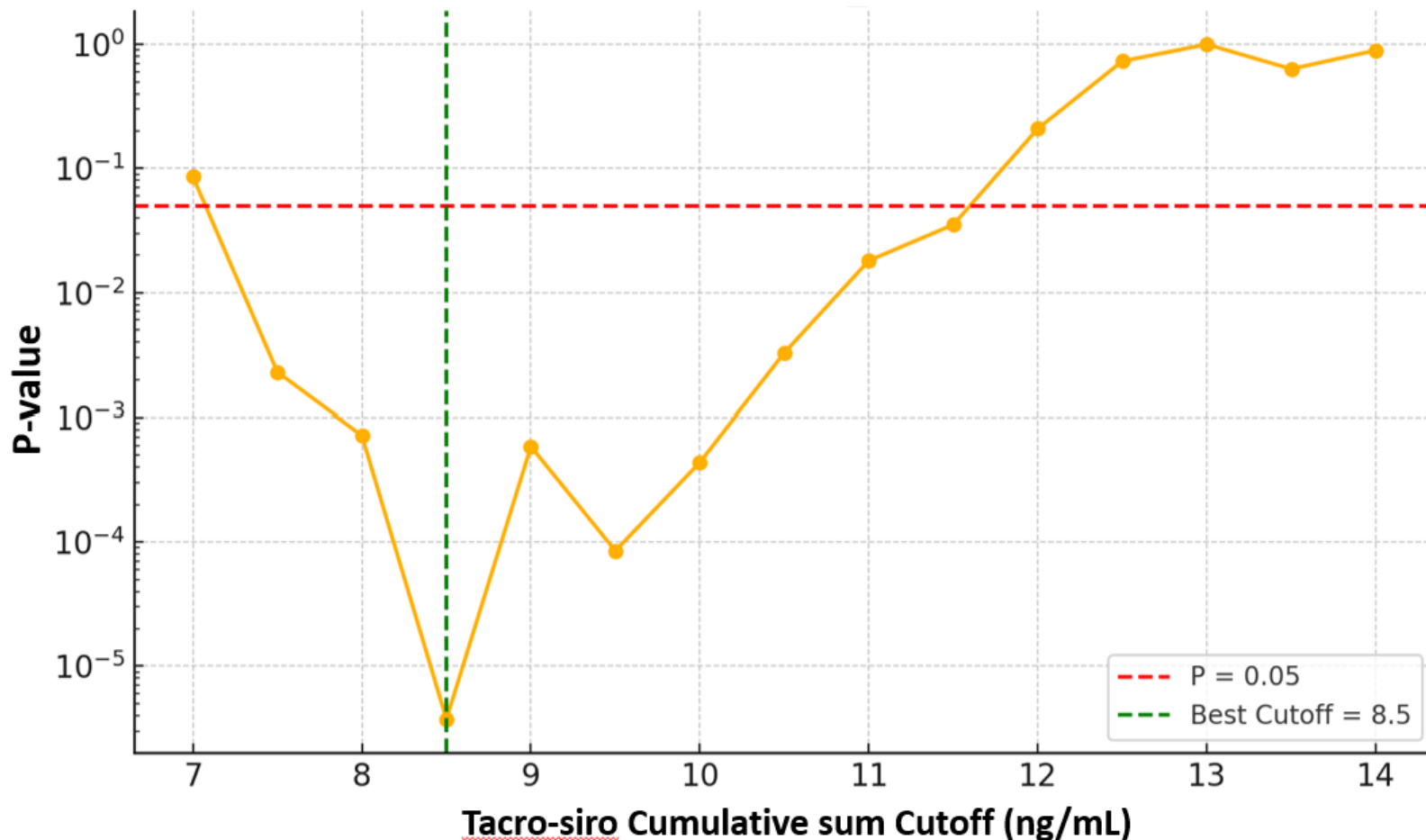
✓ 적용: 1년 / 2년 거부반응에 대해

python

코드 복사

```
# 1년 기준
```

```
cutoff_1yr, all_1yr = find_optimal_cutoff(df, outcome_col='rej_rate_1yr')
```



코드 복사

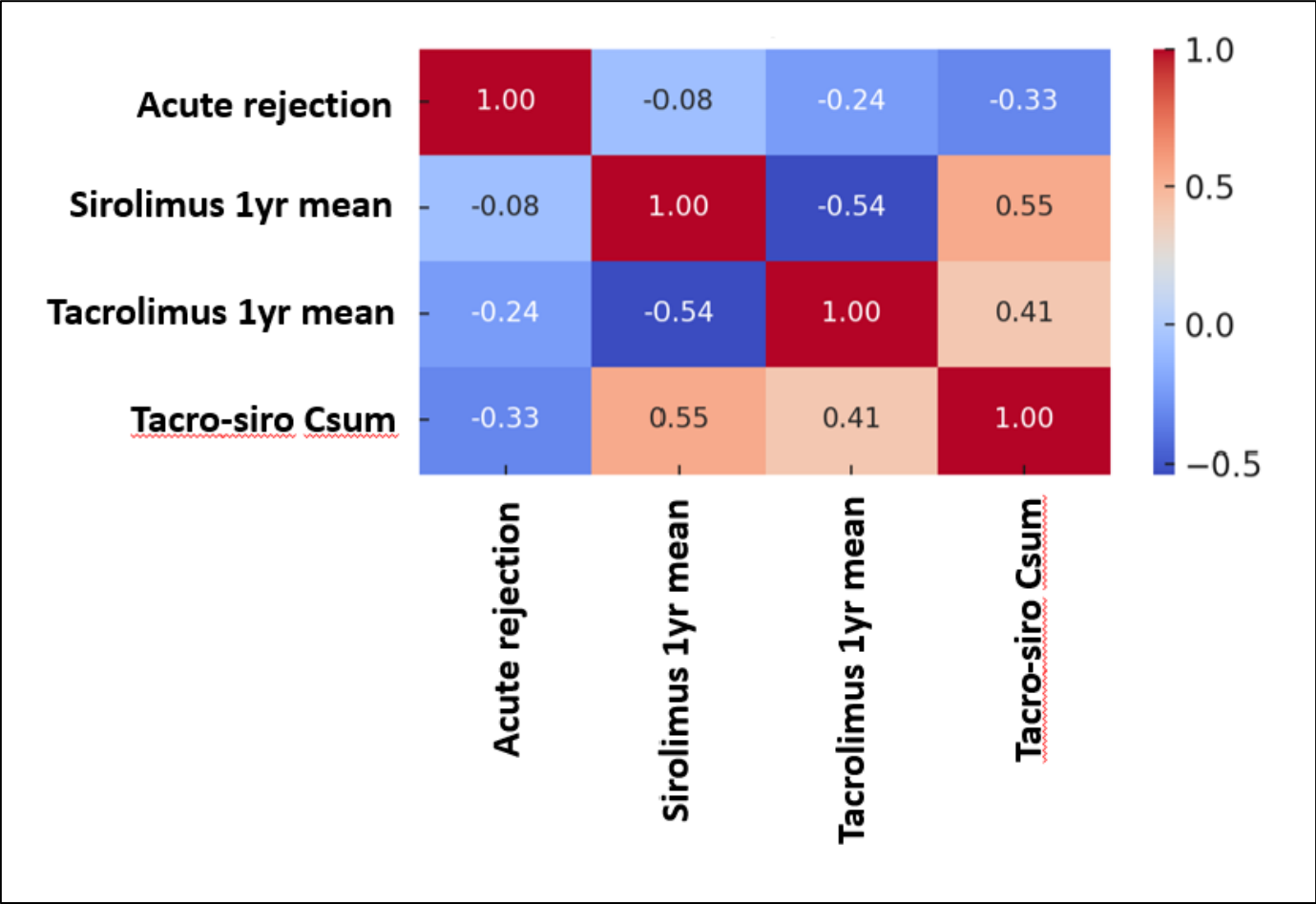
코드 복사

yaml

✓ 1년 기준 통계적 차이 사라지는 최소 cutoff:

cutoff	p_value	n_siro_high	rej_rate_siro	rej_rate_mmf	
0	10.2	0.064	49	0.18	0.20

Pearson correlation analysis



02

Writing

Data description

Table 1. Demographics, clinical characteristics, and outcomes

	Total	Non-HD	HD	P-value
Number of patients	2733 (100)	2516 (92.1)	217 (7.9)	
Mean age (years)	65.1±10.9	65.2±11	63.3±9.9	0.014
Male sex	2256(82.5)	2087 (82.9)	169 (77.9)	0.059
BMI (kg/m²)				0.863
BMI < 18.5	1083 (39.7)	1005 (39.9)	78 (36.0)	
18.5 ≤ BMI <23.0	121 (4.3)	112 (4.5)	9 (4.1)	
23.0 ≤ BMI <25.0	641 (23.5)	591 (23.5)	50 (23.0)	
25.0 ≤ BMI	888 (32.5)	808 (32.1)	80 (36.9)	
Diabetes mellitus	982 (35.9)	831(33.0)	151 (69.6)	<0.001
Dyslipidemia	1365 (50.0)	1250 (49.7)	115 (53.0)	0.35



Table 1. Demographics, Clinical Characteristics, and Outcomes of Study Patients with and without Hemodialysis



Characteristic	Total	Non-HD	HD	P-value
Number of patients	2733 (100%)	2516 (92.1%)	217 (7.9%)	-
Mean age (years)	65.1±10.9	65.2±11	63.3±9.9	0.014
Male sex	2256 (82.5%)	2087 (82.9%)	169 (77.9%)	0.059
BMI (kg/m ²)	-	-	-	

↻ Regenerate response

describe table in the form of research article



ChatGPT may produce inaccurate information about people, places, or facts. [ChatGPT Mar 23 Version](#)

Prompt engineering for research paper



Table 1. Baseline and clinical characteristics of the study patients

Total	KT	LT&KT	P-value
Number of patients	4312 (100)	4268 (99.0)	44 (1.0) –
Mean age (years)	47.0 ± 12.4	47.0 ± 12.4	50.2 ± 8.2 0.090
Female sex	1814 (42.1)	1807 (42.3)	7 (15.9) <0.001
Diabetes mellitus	1034 (24.0)	1018 (23.9)	16 (36.4) 0.053
Hypertension	3637 (84.3)	3605 (84.5)	32 (72.7) 0.033
Hepatitis B virus	144 (3.3)	132 (3.1)	12 (27.3) <0.001
Hepatitis C virus	79 (1.8)	78 (1.8)	1 (2.3) 0.827
Body mass index, kg/m ²	23.4 ± 39.9	23.4 ± 40.1	22.0 ± 2.7 0.819
ABO incompatible	735 (14.6)	730 (14.6)	5 (11.4) 0.542
FCXM positive	261 (6.1)	259 (6.1)	2 (4.5) 0.673
HLA-A, B, DR mismatch	3.2 ± 1.7	3.2 ± 1.7	3.5 ± 1.9 0.168
PRA class I	13.1 ± 25.8	13.1 ± 25.8	11.3 ± 24.2 0.627
PRA class II	15.2 ± 27.6	15.2 ± 27.6	13.40 ± 26.7 0.773
Cadaveric donor	857 (19.9)	844 (19.8)	13 (29.5) 0.106
Living donor	3455 (80.1)	3424 (80.2)	31 (70.5)
Calcineurin inhibitor	0.924		
Tacrolimus	3306 (76.7)	3272 (76.7)	34 (77.3)
Cyclosporin	1006 (23.3)	996 (23.3)	10 (22.7)
SLKT	11 (25.0)	–	
KT after LT	33 (75.0)		

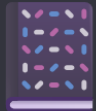
Continuous data are presented as means ± standard deviations, categorical data are presented

- 10.1038/nrneph.2015.144. PubMed PMID: 26324199.
11. Shimmura H, Tanabe K, Ishikawa N, Tokumoto T, Takahashi K, Toma H. ROLE OF ANTI-A/B ANTIBODY TITERS IN RESULTS OF ABO-INCOMPATIBLE KIDNEY TRANSPLANTATION¹. *Transplantation*. 2000;70(9):1331-5.
12. Toki D, Ishid H, Setoguchi K, Shimizu T, Omoto K, Shirakawa H, et al. Acute antibody-mediated rejection in living ABO-incompatible kidney transplantation: long-term impact and risk factors. *American Journal of Transplantation*. 2009;9(3):567-77.
13. Toki D, Ishida H, Horita S, Yamaguchi Y, Tanabe K. Blood group O recipients associated with early graft deterioration in living ABO-incompatible kidney transplantation. *Transplantation*. 2009;88(10):1186-93.
14. Yang JJ, Baek CH, Kim H, Kwon H, Shin S, Kim YH, et al. Hyperacute rejection in ABO-incompatible kidney transplantation: Significance of isoagglutinin subclass. *Transplant Immunology*. 2021;69:101484.
15. Chung BH, Lim JU, Kim Y, Kim J-I, Moon IS, Choi BS, et al. Impact of the baseline anti-A/B antibody titer on the clinical outcome in ABO-incompatible kidney transplantation. *Nephron Clinical Practice*. 2013;124(1-2):79-88.
16. Kim H, Choe W, Shin S, Kim YH, Han DJ, Park SK, et al. ABO-incompatible kidney transplantation can be successfully conducted by monitoring IgM isoagglutinin titers during desensitization. *Transfusion*. 2020;60(3):598-606.
17. Ma Y, Man J, Gui H, Niu J, Yang L. Advancement in preoperative desensitization therapy for ABO incompatible kidney transplantation recipients. *Transpl Immunol*. 2023;80:101899. Epub 2023/07/12. doi: 10.1016/j.trim.2023.101899. PubMed PMID: 37433394.
18. Kim H, Choe W, Shin S, Kim YH, Han DJ, Park SK, et al. ABO-incompatible kidney transplantation can be successfully conducted by monitoring IgM isoagglutinin titers during desensitization. *Transfusion*. 2020;60(3):598-606. Epub 2020/01/21. doi: 10.1111/trf.15672. PubMed PMID: 31957888.
19. Loupy A, Haas M, Roufosse C, Naesens M, Adam B, Afrouzian

최근 노트북

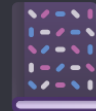


새 노트 만들기



Untitled notebook

2026. 3. 12. · 소스 9개



Untitled notebook

2026. 3. 11. · 소스 0개



start_thought
Clinical Protocols...

2026. 3. 9. · 소스 7개



Clinical and
Morphological...

2026. 2. 19. · 소스 11개



BK Virus and
Nephropathy in...

2026. 2. 9. · 소스 47개

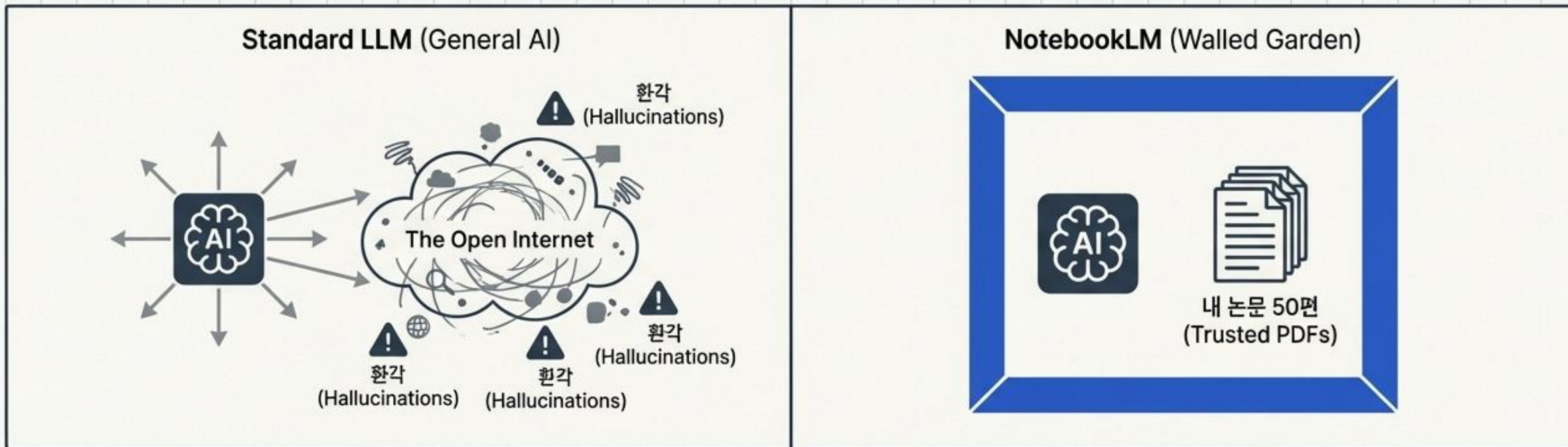


Intelligent Kidney
Transplant...

2025. 12. 5. · 소스 1개

Stage 3: NotebookLM - 연구자를 위한 '핵심 프로세서'

일반 AI(ChatGPT)는 세상의 모든 정보를 학습하여 답변하지만, NotebookLM은 오직 '내가 업로드한 신뢰할 수 있는 소스' 안에서만 작동합니다.



1. 폐쇄형 생태계 (Walled Garden):

할루시네이션(환각) 리스크 제로. 출처가
분명한 자료만 기반으로 답변을 생성합니다.

2. 대규모 소스 처리:

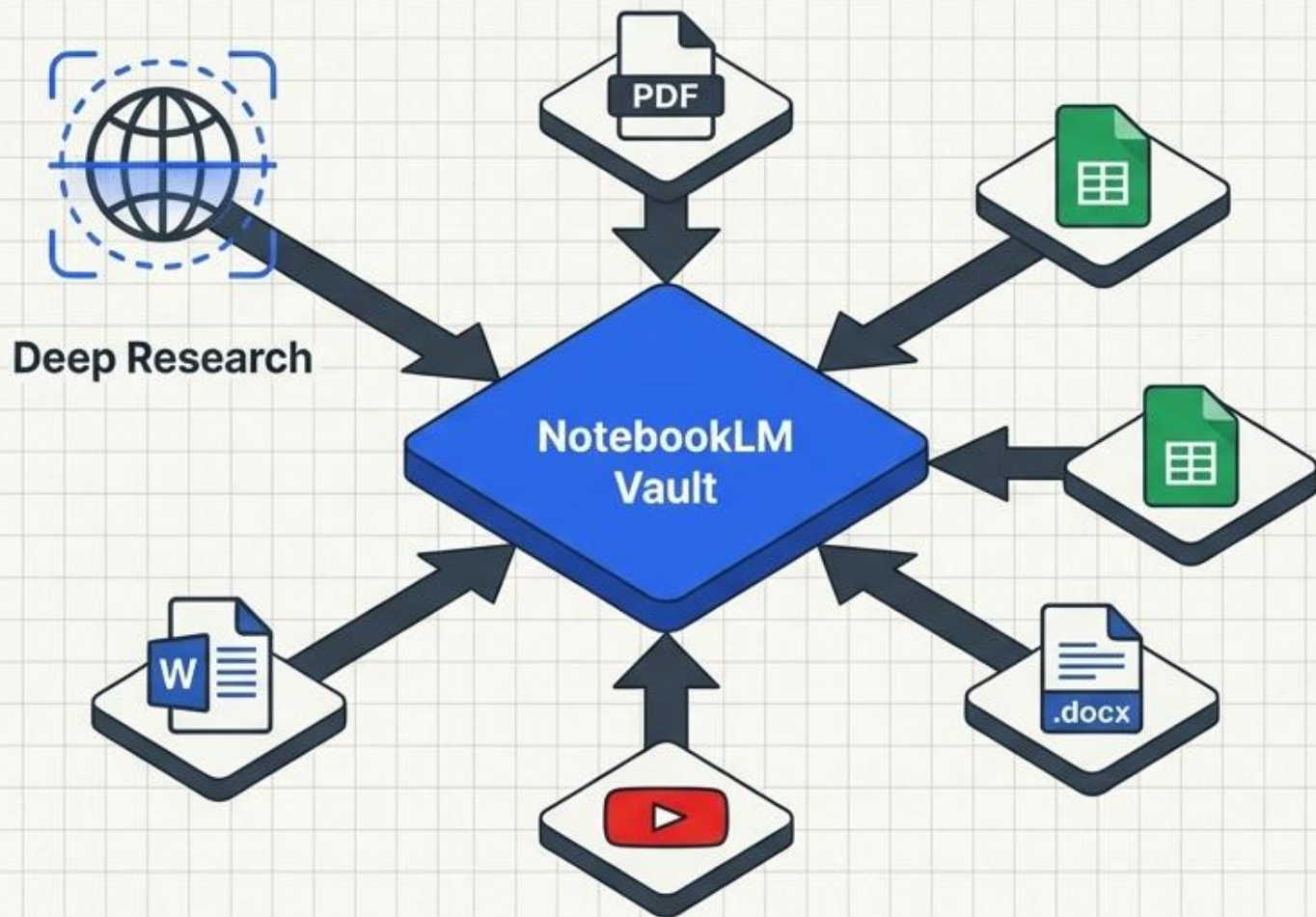
무료 버전에서도 최대 50개의 소스(각 50만
단어)를 동시에 업로드하고 교차 분석할 수
있습니다.

3. 인라인 인용 (Deep Links):

AI가 생성한 모든 문장에는 출처 표시가 붙어
있어, 클릭 시 PDF 원문의 정확한 위치로 즉시
이동하여 팩트체크가 가능합니다.

NotebookLM 확장 모듈: Deep Research & 멀티모달 소스

단순한 텍스트 분석을 넘어, 복잡한 웹 리서치와 멀티미디어 분석을 자동화합니다.



Deep Research 에이전트

관심 주제를 입력하면, AI가 백그라운드에서 수백 개의 웹사이트를 탐색하고 고품질 소스를 선별하여 심층 보고서를 생성한 뒤 노트북에 자동 추가합니다. (Discover Sources)

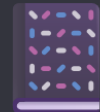
멀티모달 데이터 통합

- 문서: PDF, Google Docs, MS Word (.docx)
- 데이터베이스: Google Sheets (통계 및 요약 추출)
- 시각 자료 & 미디어: 이미지(필기 노트 등), YouTube 영상 URL (영상 내용을 텍스트 기반으로 분석)

최근 노트북



새 노트 만들기



Untitled notebook

2026. 3. 12. · 소스 9개



Untitled notebook

2026. 3. 11. · 소스 0개



start_thought
Clinical Protocols...

2026. 3. 9. · 소스 7개



Clinical and
Morphological...

2026. 2. 19. · 소스 11개



BK Virus and
Nephropathy in...

2026. 2. 9. · 소스 47개



Intelligent Kidney
Transplant...

2025. 12. 5. · 소스 1개

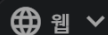


출처



+ 소스 추가

🔍 웹에서 새 소스를 검색하세요



웹



Fast Research

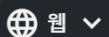


저장된 소스가 여기에 표시됩니다

위의 소스 추가를 클릭하여 PDF, 웹사이트, 텍스트, 동영상 또는 오디오 파일을 추가하세요. 또는 Google Drive에서 파일을 직접 가져올 수 있습니다.

사용자의 메모를 활용해 AI 오디오 및 동영상 오버뷰 만들기

🔍 웹에서 새 소스를 검색하세요



웹



Fast Research



또는 파일 드롭

PDF, 이미지, 문서, 오디오 등

📁 파일 업로드

🌐 웹사이트

📁 Drive

📄 복사된 텍스트

입력을 시작하세요...

소스 0개



스튜디오



AI 오디오 오버뷰



슬라이드 자료



동영상 개요



마인드맵



보고서



플래시카드



퀴즈



인포그래픽



데이터 표



스튜디오 출력이 여기에 저장됩니다
소스를 추가한 후 클릭하여 AI 오디오 오버뷰, 학습 가이드, 마인드맵 등을 추가해 보세요.

📝 메모 추가



출처 > 소스 탐색



gender differences in ESRD prognosis

말기 신장 질환(ESRD) 예후에서 관찰되는 성별 격차, 생물학적 요인 및 치료 접근성 차이를 다각도로 조명합니다.

모든 소스 선택



젊은 여성 환자의 사망 위험이 높은 원인과 이식을 강조합니다.

Gender Disparities in Access to Kidney Transplant: Inequiti...
여성이 신장 이식 대기자 명단에 오르기 어려운 사회적 장벽입니다.



The effect of gender on survival for hemodialysis patients: ...
체액량 기준 투석 처방이 여성에게 불리하게 작용함을 지적합니다.



Sex and gender differences in health-related quality of life ...
투석 치료 중 여성이 남성보다 낮은 삶의 질을 보고합니다.



Gender differences in outcomes of arteriovenous fistulas i...
혈관 직경 차이 외에 여성의 동정맥루 성숙도가 낮은 원인입니다.



Evaluation of Gender Differences in the Association betwe...
서버에 따라 비형 과기 지표와 사망률이 사과과계르 분석하



소스 8개 선택됨

가져오기

채팅



Untitled notebook

소스 0개

입력을 시작하세요...

소스 0개



스튜디오



AI 오디오 ...



슬라이드 ...



동영상 개요



마인드맵



보고서



플래시카드



퀴즈



인포그래픽



데이터 표



스튜디오 출력이 여기에 저장됩니다

소스를 추가한 후 클릭하여 AI 오디오 오버뷰, 학습 가이드, 마인드맵 등을 추가해 보세요.

메모 추가



출처

+ 소스 추가

🔍 웹에서 새 소스를 검색하세요

🌐 웹

⚡ Fast Research

→

모든 소스 선택

▶ Gender Disparities in Access to Kid...

▶ Gender differences in outcomes of ...

▶ Sex Differences in Mortality and Rec...

○ Sex and gender differences in healt...

▶ Sex hormones and their influence o...

▶ The effect of gender on survival for ...

▶ Understanding sex differences in pr...

채팅

젊은 여성 만성신부전 환자에서 생존율 역전 현상이 나타나는 원인이 궁금해요.

에스트로겐이 신장 보호에 미치는 긍정적인 효과와 한계는 무엇인가요?

reference 가 6개면 본문에도 6번까지 citation 번호가 있어야지 순서대로 적되 중복되지 나오면 최초에 번호로 하는 논문 인용 번호 매기는 방법으로

지적해 주셔서 감사합니다. 논문 인용의 기본 원칙(등장 순서대로 1번부터 번호를 부여하고, 중복 인용 시 최초 부여된 번호를 재사용)을 **✓** 격히 적용하여, 본문 내 인용 번호(**1**, **2** 등)와 하단의 참고문헌(References) 목록이 정확히 일치하도록 수정하였습니다.

소스에 포함된 논문으로 논문 introduction 을 작성해줘, research article 형식, academic tone 으로 영문으로 작성하고 SCIE 논문에 실을 논문 형식과 문제를 유지해줘, reference는 논문에 작성하는 형식으로 작성하되 순서대로 적되 중복되서 나오면 최초에 번호로 하는 논문 인용 번호 매기는 방법으로, 3단락으로 작성, 1번째 단락은 Background로 만성신부전에서 예후에 미치는 과거 연구 현황 소개 2번째 단락은 최근 투석 기술 발달 및 신장이식 기술 발달로 인해 만성신부전 환자의 예후가 상승 되었음을 이야기 해 3번째 단락은 unmet need 로 그러나 이러한 발전속에서 성별에 따른 만성신부전 환자의 예후의 차이를 밝히는 최신 연구가 부족하다는 것 마지막 단락은 연구목적으로 single center retrospective 연구로 남성과 여성에서의 최근 10년간 생존율을 확인하

소스 7개

→

스튜디오

🔊 AI 오디오 오버뷰

📄 슬라이드 자료

📺 동영상 개요

🗺 마인드맵

📄 보고서

📄 플래시카드

📄 퀴즈

📊 인포그래픽

📊 데이터 표

📄 만성 신질환 환자의 성별에 따른 10... 1분 전

📄 만성 신질환 환자의 성별에 따른 10... 1분 전

📄 메모 추가



03

CLI 기반 AI 모델

Claude Code란 무엇인가?

Anthropic의 공식 AI 코딩 어시스턴트 — 터미널 & VS Code에서 직접 실행

핵심 특징

- 🔧 CLI 기반: 터미널에서 자연어로 코딩 지시
- 📁 파일 읽기/쓰기/편집 — 코드베이스 전체 접근
- ⚡ Bash 명령 실행 — Python 스크립트 직접 실행
- 🔍 코드 검색 (Glob, Grep) — 파일/패턴 탐색
- 🧠 프로젝트 컨텍스트 유지 — CLAUDE.md+Memory
- 🤖 Sub-Agent 시스템 — 복잡한 작업 병렬 처리

vs. ChatGPT / Copilot

- 💬 ChatGPT: 코드 복붙 → Claude Code: 직접 파일 수정
- ✎ Copilot: 자동완성 → Claude Code: 전체 파이프라인 구축
- 📊 실제 데이터 파일을 읽고 분석 코드 작성 + 실행
- 📄 분석 결과를 논문 형식(Table, Figure)으로 자동 출력
- 🔄 대화하며 반복 수정 — "이 그래프 색 바꿔줘"
- 💾 프로젝트별 Memory로 이전 작업 맥락 기억

VS Code 안에서 어떻게 작동하는가?

Claude Code의 내장 도구 (Built-in Tools) 시스템

Read

파일 읽기

코드, 데이터, 이미지,
PDF 등 모든 파일 읽기

Edit

파일 편집

기존 코드를 정확히 찾아
원하는 부분만 수정

Write

파일 생성

새 스크립트, 설정 파일
등을 처음부터 작성

Bash

명령 실행

Python 스크립트 실행,
pip install, git 등

Glob

파일 검색

패턴으로 파일 찾기
예: **/*.xlsx

Grep

내용 검색

코드 내 텍스트 검색
정규식 지원

Agent

서브에이전트

복잡한 작업을 독립
에이전트에 위임

✨ 모든 도구는 사용자 승인 하에 실행 | Permission 시스템으로 안전하게 제어 | 프로젝트별 허용 규칙 설정 가능

프로젝트 컨텍스트 시스템 & 확장성

CLAUDE.md — 프로젝트 지시서

- 📄 프로젝트 루트에 위치, 매 대화 자동 로드
- 🐍 Python 환경 경로, 패키지 목록 명시
- 📐 코딩 규칙: seed=42, 한글폰트, 300DPI
- 📊 의학 분석 워크플로우 가이드 (EDA → ML → DL)
- 📄 출력 형식: p-value, 95% CI, HR/OR 논문 형식

Auto Memory — 세션 간 기억

- 🧠 프로젝트별 진행 상황 자동 기록
- 📁 파일 경로, 코호트 크기, 모델 성능 기억
- ⚠️ 기술 이슈 & 해결법 축적 (한글경로, 인코딩 등)
- 🔄 새 세션에서도 이전 맥락 이어서 작업
- 📁 프로젝트 5개 동시 관리 — 각각 독립 메모리

확장성: MCP (Model Context Protocol)

-MCP는 Claude Code에 외부 도구를 연결하는 표준 프로토콜
-내장 도구만 사용 (Read, Edit, Write, Bash, Glob, Grep, Agent)
→ 파일 시스템 + Python 실행만으로 전체 분석 파이프라인 구현 가능

확장 가능한 MCP 서버 예시:

- 🌐 Web Search/Fetch — 논문 검색, 참고문헌 자동 수집
- 🗄️ Database MCP — SQL DB 직접 쿼리
- 📧 Slack/Email MCP — 결과 공유 자동화
- 👤 GitHub MCP — 코드 버전관리, PR 자동 생성

FileEditSelectionViewGoRun

EXPLORER

OPEN EDITORS

GROUP 1

IS_raw_DataBKV infection algorith...

GROUP 2

통계 분석 agent 폴더에는 내가 연구하는...

통계분석AGENT

.claude

BKV infection algorith...

~\$처방력_11patients.xlsx

~\$처방력_30898501.xlsx

~\$처방력_전체환자.xlsx

IS_raw_Data

process_IS_all.py

process_IS_data.py

Recipient_IS_order_1(자료6).xlsx

Recipient_IS_order_2(자료6).xlsx

처방력_11patients.xlsx

처방력_30898501.xlsx

처방력_전체환자.xlsx

venv

.gitignore

CLAUDE.md

requirements.txt

OUTLINE

IS_raw_Data

처방력_30898501.xlsx

BKV infection algorith...

처방력_30898501.xlsx

The file is not displayed in the text editor because it is either binary or uses an unsupported text encoding.

Open Anyway

통계 분석 agent 폴더에는 내가 연구하는...

통계 분석 agent 폴더에는 내가 연구하는 CSV ...

File 1 (6_1 시트) 데이터 요약

크기: 900,001 rows x 39 columns (매우 대용량)

100K rows 기준: 환자 187명, 전부 입원 처방 데이터

총 4개 시트: 6_1 (raw 데이터), 환자30898501_입원투여량 (정리 예시), Sheet1 (치료 타임라인), 30898501_처방력 (처방 요약)

핵심 컬럼 (39개)

그룹	주요 컬럼
환자	병원등록번호 (ID), T_DATE (이식일), 처방나이
내원	내원일자, 퇴원일자, 진료구분코드NM (입원/외래)
약물	처방코드, 처방코드NM (약물명), 의약품성분명
분류	약효세분류코드NM (칼시뉴린 억제제, 코티코스테로이드, 대사 길항제 등)
용량	입력투여량, 처방횟수, 투여간격코드, 함량단위환산투여량
기간	처방지시일자, 처방일수, 처방입력일시

면역억제제 분류 현황

카테고리	건수	대표 약물
칼시뉴린 억제제 (CNI)	51,377	Prograf(tacrolimus), Sandimmun(CsA), Cipol-N, Tacrobell
코티코스테로이드	24,264	Methylon(methylprednisolone), Calcort(deflazacort)
대사 길항제(MMF)	22,972	Cellcept, Myfortic(MPA), Myrept, Myconol
선택적 면역억제제	1,294	Rapamune(sirolimus)
단클론항체	45	Mabthera(rituximab)

이미 정리된 예시 (환자 30898501)

ctrl esc to focus or unfocus Claude

Edit automatically

IS_raw_Data

100% used

FileEditSelectionViewGoRun

EXPLOREROPEN EDITORSGROUP 1IS_raw_Data BKV infection algorithmt처방력_30898501.xlsx BKV infection algorithmt20221020_KT_권혜은_2022-0139_(자료3.L...t20221020_KT_권혜은_2022-0139_(자료5.L...GROUP 2통계 분석 agent 폴더에는 내가 연구하는...통계분석AGENT.claudeBKV infection algorithmt~\$Lab_level_30898501.xlxt~\$처방력_11patients.xlxt~\$처방력_30898501.xlxt~\$처방력_전체환자_파일2.xlxt~\$처방력_전체환자.xlxt20221020_KT_권혜은_2022-0139_(자료3.Lab...t20221020_KT_권혜은_2022-0139_(자료5.Lab...IS_raw_DataLab_level_30898501.xlxtLab_level_전체환자.xlxtprocess_IS_all_file2.pyprocess_IS_all.pyprocess_IS_data.pyprocess_lab_all.pyprocess_lab_level.pyRecipient_IS_order_1(자료6).xlxtRecipient_IS_order_2(자료6).xlxt처방력_11patients.xlxt처방력_30898501.xlxt처방력_전체환자_파일2.xlxt처방력_전체환자.xlxtOUTLINETIMELINE

20221020_KT_권혜은_2022-0139_(자료5.Lab5)_DC0003_(4.6)_BKV.xlsx20221020_KT_권혜은_2022-0139_(자료5.Lab5)_DC0003_(4.6)_BKV.xlsx

!

The file is not displayed in the text editor because it is either binary or uses an unsupported text encoding.

Open Anyway

통계 분석 agent 폴더에는 내가 연구하는...

통계 분석 agent 폴더에는 내가 연구하는 CSV ...

- 파일1과 파일2 간 41명이 중복 되어 있으니, 추후 압실 때 중복 처리가 필요합니다.

좋았어 우선 그럼 약물 처방력과 농도는 정리 되었으니 추후 알고리즘 개발시 활용 가능하게 정리 된거지?

Thinking

맞습니다. 현재 정리된 데이터 구조를 정리하면:
정리 완료된 파일 3개:

파일	내용	환자 수	행 수
처방력_전체환자.xlsx	IS 처방력 (파일1)	2,074	59,585
처방력_전체환자_파일2.xlsx	IS 처방력 (파일2)	2,440	77,137
Lab_level_전체환자.xlsx	약물 농도	4,493	210,408

공통 키 구조:

- 환자 ID (병원등록번호) → 3개 파일 모두 동일 ID 체계
- T_DATE (이식일) → 동일 형식 YYYY-MM-DD
- 날짜 (처방일/접수일자) → 동일 형식 YYYY-MM-DD
- POD (이식 후 일수) → 모두 ≤ 730 (2년) 기준

이 구조로 추후 BKV 발생일을 기준으로:

- 감염 전 약물 용량 변화 추적 (처방력)
- 감염 전후 약물 농도 변화 추적 (Lab level)
- Sirolimus/Everolimus 전환 시점과 감염 시점 비교
- CNI 종류(FK506 vs CsA), 용량, 농도를 위험인자로 투입

이런 분석이 날짜 기반 조인으로 바로 가능합니다. BKV 감염 데이터가 준비되면 환자 ID + 날짜로 연결하면 됩니다.

지금 BKV raw data 파일을 넣었어

Edit automaticallyIS_raw_Data

FileEditSelectionViewGoRun<>

EXPLORER

OPEN EDITORS

IS_raw_Data BKV infection algorith...

처방력_30898501.xlsx BKV infection algorith...

20221020_KT_권혜은_2022-0139_(자료3.Lab3 FK,CSA,MMF,si...

stage1_cox_timevarying.py BKV infection algorith...

20221020_KT_권혜은_2022-0139_(자료5.Lab5)_DC0003_(4.6)_...

아스텔라스 다기관 연구 KT registry AMC 4차 infection 결과 추...

Recipient_HLA_DSA_flow(자료1).xlsx BKV infection algorith...

GROUP 2

지금 통계 분석 agent 설치하고 BK...

통계분석AGENT

BKV infection algorith...

process_IS_data.py

process_lab_all.py

process_lab_level.py

Recipient_HLA_DSA_flow(자료1).xlsx

Recipient_IS_order_1(자료6).xlsx

Recipient_IS_order_2(자료6).xlsx

stage1_cox_timevarying.py

stage2_landmark_ml.py

stage3_deep_survival.py

stage4_validation.py

아스텔라스 다기관 연구 KT registry AMC 4차 infection 결과 추가...

처방력_11patients.xlsx

처방력_30898501.xlsx

처방력_전체환자_파일2.xlsx

처방력_전체환자.xlsx

venv

.gitignore

CLAUDE.md

nul

requirements.txt

OUTLINE

stage1_cox_timevarying.py 5

20221020_KT_권혜은_2022-0139_(자...

BKV infection algorith...

stage1_cox_timevarying.py > ...

def fit_cox_multivariate(df, tv_vars, static...

print(f' {idx:25s}: HR={row["HR"]:.3...

return ctv, summary, sig_vars

=====

5b. Z-score Standardized Multivariate (per...

=====

def fit_cox_standardized(df, tv_vars, static...

"""

모든 연속 변수를 z-score 표준화 -> HR per 1 S

Rituximab dose (200~8000mg), ATG dose (300...

등 스케일이 다른 변수의 효과 크기를 직접 비교 가

"""

print('\n' + '-' * 60)

print('Standardized Multivariate Cox (HR |

print('-' * 60)

강제 포함 변수: 임상적으로 중요한 변수는 p-va

forced_vars = ['FK506', 'Lymphocyte', 'Ne

'Creatinine', 'CNI_dose',

'AGE', 'IND_Rituximab_dose

'ABOi', 'Desensitization']

forced_vars = [v for v in forced_vars if v

univariate p<0.1 변수도 추가

sig_vars = uni_results[uni_results['p_val

all_model_vars = list(dict.fromkeys(forced

cols = ['id', 'start', 'stop', 'event'] +

cols = [c for c in cols if c in df.column

df_z = df[cols].dropna().copy()

분산 0 제거

to_drop = [v for v in all_model_vars if v

if to_drop:

df_z = df_z.drop(columns=to_drop)

지금 통계 분석 agent 설치하고 BK...

지금 통계 분석 agent 설치하고 BKV infection...

Thinking

Stage 2 진행하겠습니다. 먼저 현재 stage2_landmark_ml.py 파일을 읽어

서 업데이트할 부분을 확인하겠습니다.

Read c:\Users\ultra\통계분석agent\BKV infection algorith\stage2_la

ndmark_ml.py

Thinking

현재 stage2_landmark_ml.py 에서 업데이트가 필요한 부분:

1. DYNAMIC_VARS: Neutrophil, Monocyte 추가 필요

2. STATIC_VARS: abdrMM 제거, IND_ATG_dose, IND_Rituximab_dose,

CDC_Pos, CNI_F506 추가

3. load_data(): 중복 ID 제거 + NLR 파생 변수 추가

4. Feature engineering: 벡터화로 속도 대폭 개선 (현재 per-patient 루프

는 매우 느림)

5. Output: paper_outputs/ 에도 저장

전체 업데이트된 파일을 작성하겠습니다.

Update Todos

Update stage2_landmark_ml.py with v5 variables and optimized

feature engineering

Run Stage 2 and verify results

Copy Stage 2 results to paper_outputs/

Vibing...

Queue another message...

Ask before edits </> paper_table1.py

FileEditSelectionViewGoRun

EXPLORER

OPEN EDITORS

Donor_lab_HLA.xlsx

Donor_flow_sheet_origin_information.xlsx

Recipient_pnumonia_stool_CMV_EBV(자료5).xlsx

process_lab_level.py

20221020_KT_권혜은_2022-0139_(자료5.La

아스텔라스 다기관 연구 KT registry AMC 4차 infection 결과 추...

Recipient_HLA_DSA_flow(자료1).xlsx

GROUP 2

지금 통계 분석 agent 설치하고 BK...

통계분석AGENT

BKV infection algorith...

IS_raw_Data

Lab_level_30898501.xlsx

Lab_level_전체환자.xlsx

merge_cmv_data.py

merge_donor_data.py

merge_rejection_data.py

paper_fig1_km.py

paper_table1.py

process_basic_lab_all.py

process_bkv_all.py

process_hla_dsa_flow_all.py

process_induction_all.py

process_IS_all_file2.py

process_IS_all.py

process_IS_data.py

process_lab_all.py

process_lab_level.py

Recipient_HLA_DSA_flow(자료1).xlsx

Recipient_IS_order_1(자료6).xlsx

Recipient_IS_order_2(자료6).xlsx

OUTLINE

TIMELINE

process_lab_level.py

BKV infection algorith...

```
56
57 # 약물별 단위 (통일)
58 DRUG_UNITS = {
59     'FK506': 'ng/mL',
60     'CsA': 'ng/mL',      # ng/ml = ug/L 동일
61     'MPA': 'ug/mL',
62     'Sirolimus': 'ng/mL',
63     'Everolimus': 'ng/mL',
64 }
65
66 # 출력 컬럼 순서
67 DRUG_COLUMNS = ['FK506', 'CsA', 'MPA', 'Sirolimus']
68
69
70 def parse_date(date_val):
71     if isinstance(date_val, datetime):
72         return date_val
73     s = str(date_val).strip()
74     if len(s) == 8:
75         return datetime.strptime(s, '%Y%m%d')
76     return datetime.strptime(s[:10], '%Y-%m-%d')
77
78
79 def safe_float(val):
80     """결과값을 숫자로 변환. 비슷자면 None 반환."""
81     if val is None:
82         return None
83     try:
84         return float(val)
85     except (ValueError, TypeError):
86         # '<5.0' 같은 값 처리
87         s = str(val).strip()
88         s = s.lstrip('<').strip()
89         try:
90             return float(s)
91         except (ValueError, TypeError):
92             return None
93
94
```

지금 통계 분석 agent 설치하고 BK...

지금 통계 분석 agent 설치하고 BKV infection...

아 그건 아니고 이 연구 시작하기 전에 깃허브에서 통계 연구 관련 MCP 를 많이 연동했는데 그걸 이용한건지 아니면 자체적으로 진행한건지 궁금해서

Thinking

이번 BKV 연구에서는 통계 관련 MCP를 전혀 사용하지 않았습니다. 전부 자체적으로 진행했습니다.

작업 방식은:

1. Python 스크립트 직접 작성 (Write/Edit 도구) → .py 파일 생성

2. powershell로 실행 → powershell -Command "& 'venv\python.exe' 'script.py'"

3. 결과 확인 → 콘솔 출력 + PNG/Excel 파일 확인

사용한 것은 순수하게 venv에 설치된 Python 패키지들입니다:

lifelines (Cox model, KM curve)

scikit-learn (Logistic, calibration)

xgboost, lightgbm (ML models)

torch (GRU)

shap (feature importance)

scipy (통계 검정)

matplotlib (시각화)

현재 .claude/mcp.json 에 있는 3개 MCP (filesystem, sequential-thinking, jupyter)도 이번 세션에서 호출된 적이 없습니다. 이전에 설치해둔 통계 MCP가 있다면 활용하지 못한 셈이네요. 혹시 어떤 MCP를 설치했었는지 기억하신다면, 다음 작업에서 활용할 수 있는지 확인해볼 수 있습니다.

좋아 그럼 이번 분석에 사용된 통계 분석 툴 버전 포함, 통계 방법 우리 stage 1-4 단계 까지해서 논문의 method 의 통계 부분에 들어갈 내용을 직접 논문 형식에 맞게 작성해줘

Ask before edits

</> process_lab_level.py

89% used

KIDNEY TRANSPLANTATION RESEARCH | Asan Medical Center

Dynamic Prediction of BK Virus Viremia after Kidney Transplantation

60-Day Prediction Window | Internal + External Validation

4,493 KT Recipients | 15 Time-Varying Covariates | GRU Deep Learning

BKV Viremia Threshold: PCR $\geq 10,000$ copies/mL ($4.0 \log_{10}$) | External Validation: AMC $\rightarrow$ CMC

Stage 4 Result: Final Model Comparison (w60, Bootstrap 1,000x)

POD 30

1 month post-KT

N=4,097 | BKV+ 159

GRU	0.618	(0.574–0.658)
-----	--------------	---------------

Logistic	0.574
----------	-------

XGBoost	0.565
---------	-------

LightGBM	0.534
----------	-------

POD 90

3 months post-KT

N=3,781 | BKV+ 146

GRU	0.676	(0.633–0.717)
-----	--------------	---------------

Logistic	0.605
----------	-------

XGBoost	0.547
---------	-------

LightGBM	0.486
----------	-------

POD 180

6 months post-KT

N=3,399 | BKV+ 48

GRU	0.637	(0.559–0.713)
-----	--------------	---------------

LightGBM	0.615
----------	-------

XGBoost	0.602
---------	-------

Logistic	0.572
----------	-------

GRU best at all 3 key time points | Peak AUC 0.676 at POD 90 (w60)

Feature Importance: What Drives Predictions? (w60)

SHAP analysis reveals which variables contribute most to BKV risk prediction at each time point

Early (POD 14–30)

CMV viral load (max)



CMV viral load (last)



ANC (count)



ATG induction dose



Recipient age



Donor age



Mid-term (POD 90)

CMV viral load (last)



Neutrophil slope



CMV viral load (mean)



R_CMV_ever



CMV positive (count)



Rituximab induction



Late (POD 180–365)

eGFR CV



Monocyte slope



NLR (min)



CNI dose (mean)



Lymphocyte (mean)



IS Maintenance Score



Early: CMV load dominates | Mid: Neutrophil + CMV | Late: eGFR variability & immune markers

논문 작성

1

과거 논문 8편에서 포맷·어투 추출

줄간격·들여쓰기·Discussion ¶1 패턴·Authorship 코드

2

재사용 헬퍼 모듈 구축

ManuscriptBuilder · 레퍼런스 검색 · EndNote 변환 · IFA 파서

3

반복 개선 → 메모리에 규칙 확정

파일명·포맷·저자 roster·Ref 품질 필터 · 다음 논문부터 자동 적용

실제 작성 흐름 — Zeroday_WICS / Transplantation

1

/write-paper 실행

분석 폴더 지정 → 논문 폴더 자동 생성

2

대화형 팝업에 주제만 입력

저널 + Intro 3¶ + Discussion 5-6¶ + 저자 정보

3

"작성" 한 마디

IFA 웹 파싱 · 32 refs · 3,449단어 본문 · 6개 파일 생성

4

EndNote 셋업 (1회, 30초)

새 library → RIS import

5

Word에서 Update Citations

32 refs 자동 매칭 · Bibliography 자동 · 투고 준비 완료

FileEditSelectionViewGoRunTerminalHelp<=>논문 작성 agent

EXPLORER

OPEN EDITORS

GROUP 1

Welcome

GROUP 2

Build automated paper wr...

논문 작성 AGENT

> .claude

> paper_agent

> Zeroday_WICS

> 과거논문자료

① README.md

OUTLINE

Welcome

Visual Studio Code

Editing evolved

Start

New File...

Open File...

Open Folder...

Clone Git Repository...

Connect to...

Generate New Workspace...

Recent

stock-trading-bot C:\

Zeroday_WICS C:\Users\ul...

통계분석agent C:\Users\ult...

Zeroday_biopsy C:\Users\...

skin_graft_analysis C:\User...

More...

Walkthroughs

Get started with ...

Customize your editor, learn the basics, and start coding

Learn the Funda...

GitHub ... Updated

Get Star... Updated

Get Started with ...

More...

Show welcome page on startup

Build automated paper wr...

Build automated paper writing agent for st...

그래 이제 나가봐야 해서 채팅창이랑 agent 다 저장해뒀 이따 다시 컴퓨터 켤게

다음에 컴퓨터 키시면 바로 하실 일

1. EndNote 실행 → 현재 library 닫기 (64개 쓰레기 저장 안 함)

2. File → New... → Zeroday_WICS.enl 저장

3. File → Import → File... → RIS 고르기 → Import → 정확히 32개 들어감

4. Word에서 manuscript_endnote.docx 열기 → EndNote 탭 → Update Citations

대화 이어서 하실 때 "이어서 하자" / "Zeroday_WICS EndNote 작업 이어가자" 같이 말씀하시면 memory 읽고 바로 이 지점부터 진행합니다. 수고하셨습니다.

지금 우리가 만든 논문 작성 AGENT 발표에 사용하게 ppt 2장 정도로 지금 개발한 과정 1장, 지금 논문 작성 및 eND NOTE 연동 실제 작성 과정 1장 이렇게 만들어줘

Thought for 21s

PPT 2장 만들겠습니다. python-pptx 확인하고 제작합니다.

Bash Check python-pptx availability

IN "c:/Users/ultra/통계분석agent/venv/Scripts/pip.exe" show python-pptx ;

OUT Name: python-pptx

Version: 1.0.2

Summary: Create, read, and update PowerPoint 2007+ (.pptx) files.

Booping...

Queue another message...

+ Edit automatically

Zero

day_WICS

←

→

↑

↺

🖥️

>

권현욱

>

통계분석agent

>

논문 작성 agent

>

Zero

day_WICS

>

Zero

day_WICS

검색

🔍

⊕ 새로 만들기 ▾

✂

📄

📁

📄

📄

🗑

↕ 정렬 ▾

☰ 보기 ▾

⋮

📖 세부 정보

↓ 다운로드

📄 문서

🖼 사진

🎵 음악

🎬 동영상

📁 통계분석agent

📁 paper_final

📁 Zero

day_WICS

📁 병원 컴퓨터 공유 폴

📁 NST AI발표자료

내 PC

로컬 디스크 (C:)

MYBOX (N:)

네트워크

이름	수정한 날짜	유형
📁 _agent	2026-04-19 오전 10:37	파일 폴더
📁 figures	2026-04-18 오후 10:15	파일 폴더
📁 Zero	day biopsy 논문 작성 agent 생성 파일	2026-04-19 오전 10:32 파일 폴더
📁 Zero	day_WICS.Data	2026-04-19 오전 10:53 파일 폴더
📁 zerodaybx.Data	2026-04-19 오전 8:29	파일 폴더
📄 paper_form.md	2026-04-18 오후 10:26	MD 파일
📄 Zero	day_WICS.enl	2026-04-19 오전 10:53 EndNote Libra
📄 Zero	day_WICS_Transplantation(cover letter).docx	2026-04-18 오후 11:24 Microsoft Wor
📄 Zero	day_WICS_Transplantation(manuscript).docx	2026-04-19 오전 10:41 Microsoft Wor
📄 Zero	day_WICS_Transplantation(manuscript_endnote).docx	2026-04-20 오전 9:18 Microsoft Wor
📄 Zero	day_WICS_Transplantation(references).json	2026-04-19 오전 10:41 JSON 원본 파
📄 Zero	day_WICS_Transplantation(references).ris	2026-04-19 오전 10:41 RIS Formatted
📄 Zero	day_WICS_Transplantation(tables).docx	2026-04-18 오후 11:32 Microsoft Wor
📄 zerodaybx.enl	2026-04-19 오전 10:47	EndNote Libra

FileEditSelectionViewGoRunTerminalHelp<-->논문 작성 agent

EXPLORER

OPEN EDITORS

GROUP 1

Welcome

GROUP 2

Build automated paper wr...

논문 작성 AGENT

> _presentation

> .claude

> paper_agent

> Zeroday_WICS

> 과거논문자료

① README.md

OUTLINE

Welcome

Build automated paper wr...

Disc 12Disc 13Disc 14Disc 15

Discussion 12 에 적을 내용?

☐ 각 WICS 성분의 병리학적 근거

cg=chronic ABMR, ci=donor-derived fibrosis, ah=small-vessel, mm=glomerular stress; ct/cv 가 왜 redundant 인지

☐ Donor-derived chronic injury 의 지속성

Zero-day 만성 병변이 post-tx chronic biopsy 로 그대로 이어짐 (rho 0.60–0.74)

☐ 12 빈칸

이 단락 작성하지 않음

☐ Other

1 Submit answers

Esc to cancel

필요하면 말씀해주세요.

아 그거 한번 지금 다시 뛰어봐

:small-vessel, mm=glomerular

대로 이어짐 (rho 0.60–0.74)



Title Page

Title: A weighted zero-day biopsy chronic score (WICS) predicts long-term death-censored graft survival and renal-function decline in kidney transplant recipients

Running title: WICS predicts kidney graft outcomes

[First Author, MD^a, Hye Eun Kwon, MD^a, Jin-Myung Kim, MD, PhD^a, Youngmin Ko, MD^a, Sung Shin, MD, PhD^a, Young Hoon Kim, MD^a, Joo Hee Jung, MS^a, Chung Hee Baek, MD, PhD^b, Hyosang Kim, MD^b, Hyunwook Kwon, MD, PhD^a

a Division of Kidney and Pancreas Transplantation, Department of Surgery, Asan Medical Center, University of Ulsan College of Medicine, Seoul, Korea

b Division of Nephrology, Department of Internal Medicine, Asan Medical Center, University of Ulsan College of Medicine, Seoul, Korea

데이터 분석 프로세스: Multi-Agent Harnessing & Air-Gap 로드맵

CURRENT FRAMEWORK: HARNESSING PIPELINE



FUTURE MISSION: KNOWLEDGE TRANSFER



Open-Source LLM 오프라인 학습

상용 LLM에서 검증 완료된
데이터 정리 & 논문 작성 파이프라
인 코드

병원 내부 폐쇄망(Air-Gap) 환경 구축
의료 데이터 보안 무결성 확보

현재 구현된 다중 에이전트 하네스(Harness) 교차 검증 로직을 오픈소스 LLM에 이식하여
병원 내 독립 연구 생태계를 구축하는 것이 최종 목표

NEXT-GEN MEDICAL PLATFORM

LLM-Native EMR

보조 소프트웨어를 넘어, LLM 자체가 곧 병원 운영 체제(OS)이자 차세대 EMR이 되는
데이터 병합 중심의 의사결정 및 자율 에이전트 시스템 연구 모델

EMR-native Medical LLM: LLM 자체가 EMR이 되는 통합 의료 플랫폼

분절된 의료데이터를 환자 중심으로 통합하고, 멀티 에이전트가 진료·기록·처방·행정 업무를 보조



궁극적 연구 목표: “EMR에 LLM을 붙이는 것”이 아니라, LLM이 EMR의 지능형 운영체제가 되는 병합형 플랫폼 구축

김민준 M / 45Y

ID: #940821-20912

NSTEMI

병실: ICU-03

금식 (NPO)

BP (혈압)

142/90

HR (맥박)

88 bpm

CR (신장)

1.40

📖 투약 및 처방창 (ORDERS)

Aspirin 100mg

PO

1 Tab QD | 아침 식후 30분

Clopidogrel 75mg

PO

1 Tab QD | 아침 식후 30분

Lisinopril 2.5mg (감량)

AI 제안

PO

0.5 Tab QD | 5mg에서 신장기능 보호를 위한 감량 조정

김민준 환자 오늘 오전 혈액 검사 수치(Lab) 분석하고, 현재 혈압 추이 연동해서 복용 중인 ACE 억제제 (Lisinopril) 처방 변경 가이드 제안해줘.



📌 실시간 임상 통합 분석 결과

환자의 오늘 오전 Serum Creatinine 수치가 기존 1.12 mg/dL에서 1.40 mg/dL로 급격히 상승(▲25%)하였습니다. 현재 혈압은 142/90 mmHg로 경미한 수축기 고혈압을 유지하고 있습니다.

⚠️ 오처방 경고 및 처방 제안

신장 기능 저하(Kidney Injury suspect) 맥락을 고려 시, 현재 Lisinopril 5mg 유지 시 고칼륨혈증 및 신 기능 악화 위험이 있습니다. Lisinopril 5mg을 2.5mg으로 감량 조정할 것을 추천합니다.

Serum Creatinine (mg/dL) 추이



▲ 1.40 (위험 경계)

처방을 아래와 같이 업데이트하시겠습니까?

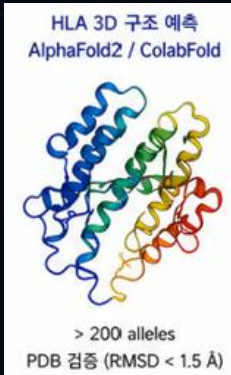
📄 처방 즉시 승인 및 전송

👥 신장내과 자동 협진(Consult) 의뢰

> Lisinopril 감량 처방 승인해줘.

✔️ [처방 완료] Lisinopril 2.5mg PO QD 처방전이 원내 약국 및 EMR에 반영되었습니다!

LLM native EMR Pilot Model



진단 면역

HLA 교차시험 및 타이핑



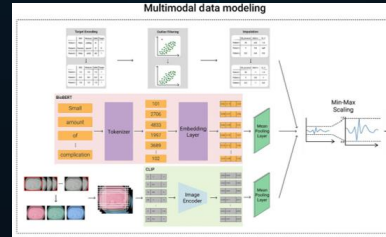
신장이식

CLINICAL TOTAL ART



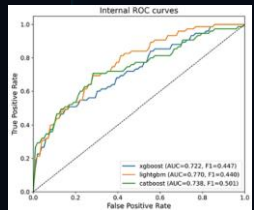
병리학

이식 조직 면역염색 판독



수술 외과

혈관 문합 및 복잡 기법



Data Warehouse



Data Lake



영상 의학

초음파, CT 실시간 모니터링



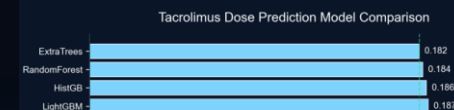
감염 합병증

면역저하에 따른 기회감염



약물 조절

면역억제제 농도 정밀 추적



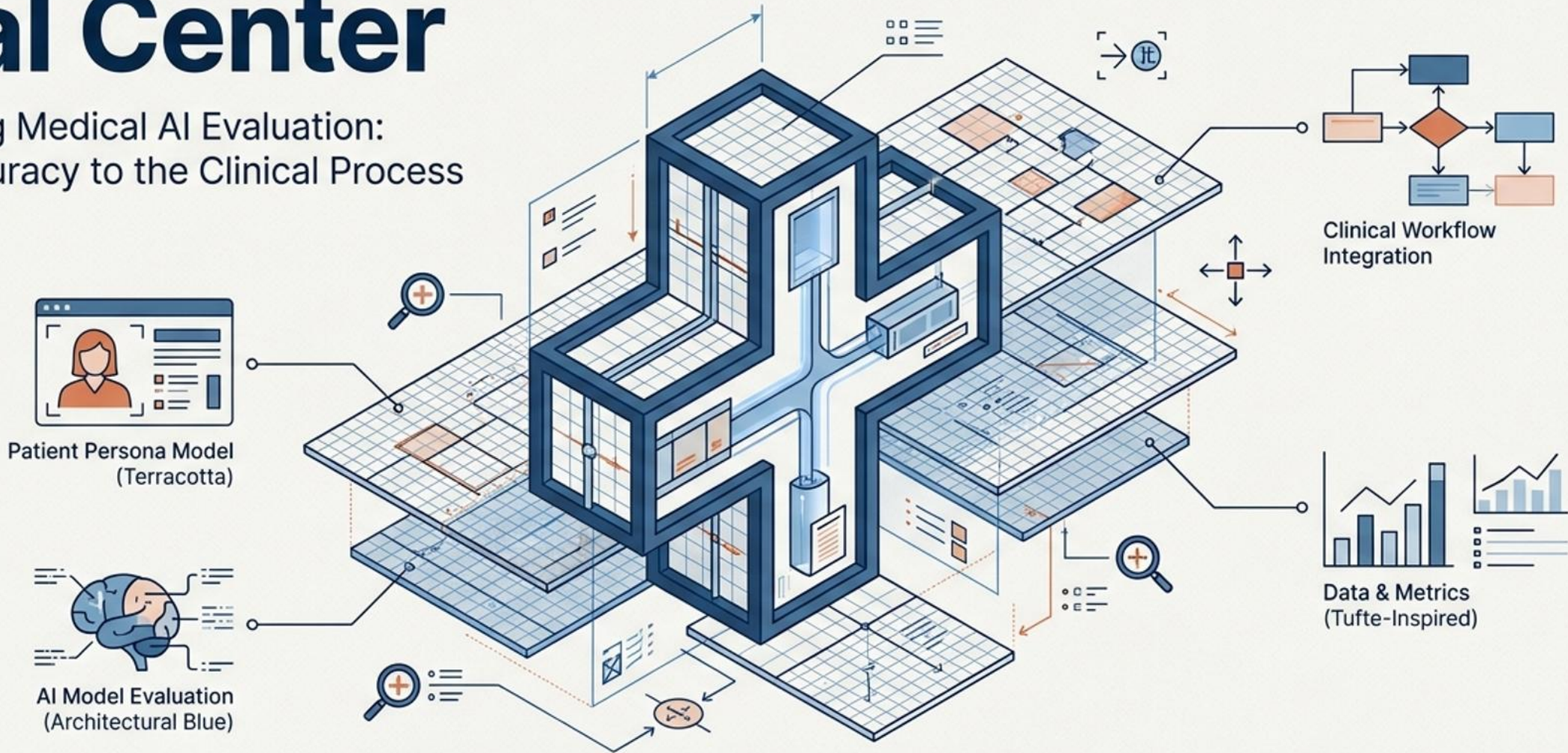
POD 90
3 months post-KT
N=3,781 | BKV+ 146

GRU	0.676	(0.633-0.717)
Logistic	0.605	
XGBoost	0.547	
LightGBM	0.486	

LLM-Native EMR

Virtual Clinical Trial Center

Redefining Medical AI Evaluation:
From Accuracy to the Clinical Process



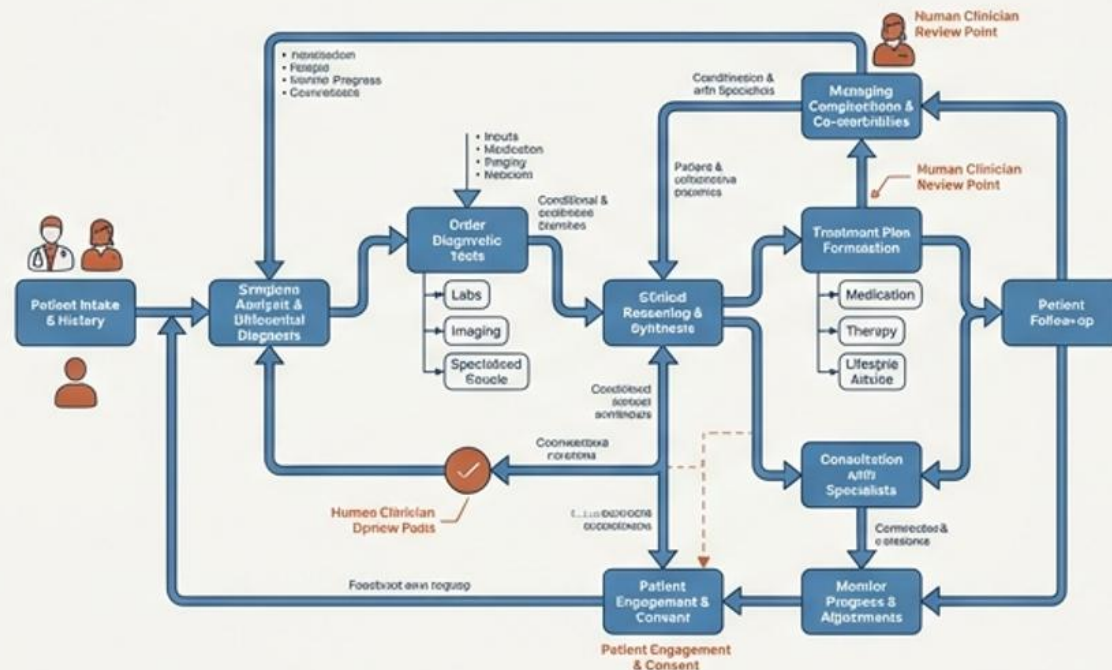
The ultimate goal is not measuring accuracy.

It is testing a Medical Agent's true capability to navigate the entire clinical journey, comparing the whole process against human clinicians.

Standard AI: Focus on the Answer



Medical Agent: Focus on the Clinical Process



GOOD SCORE $\neq$ GOOD CARE

The Evaluation Arena: A New Standard

	Traditional AI Testing	Virtual Clinical Benchmark
Test Subject	Isolated Algorithm	Medical Agent
Environment	Static Datasets	 Virtual EMR 
Patient	Paper Case / Text Prompts	Interactive Persona (Voice/Chat) 
Primary Focus	Diagnosis Accuracy	The Complete Care Process

CURRENT-TIME SUMMARY

Transplant remark

현재 시점까지 확인된 정보

환자 정보

Recipient age 64
Sex female
Diabetes 0
Hypertension 1
BMI 24.5982031111102013

이식 정보

Transplant number 1
Deceased donor 0
ABO incompatible 0
Cold ischemic time 201

면역학 정보

HLA ABDR mismatch 2
HLA-DQ mismatch 1
PRA class I 0
PRA class II 59
Pre-transplant DSA 1832
Desensitization 1
Medication data available in source extract
Current immunosuppression mycophenolate 500 mg/day
Current immunosuppression tacrolimus 3.75 mg/day

수술-공여자 정보

Donor age 37
Donor sex female
Donor creatinine 0.59

KIDNEY TRANSPLANT OUTPATIENT FLOWSHEET

신장이식 외래 Flow Sheet

현재 방문까지의 결과 가용일 기준

22개 결과일 · 24개 검사 항목 날짜를 행, 검사 항목을 열로 표시합니다.

☒ 최근 결과부터 보기 ☐ 높음·양성 ☐ 낮음 ☐ 위험

결과일	POD	CBC							Urine				Renal / chemistry			Inflammation	Viral PCR			Immunology				Immunosuppressant TDM	
		WBC	Hb	Hct	PLT	Neut%	Lymph%	Eos%	UA-WBC	UA-RBC	UA-Protein	Urine protein/Cr	BUN	Cr	Albumin	CRP	CMV PCR	CMV log	BKV PCR	DSA status	DSA MFI	DSA-I	DSA-II	FK	MPA
		10 ³ /uL	g/dL	%	10 ³ /uL	%	%	%	ordinal_midpoint	ordinal_midpoint	ordinal_score	g/gCr	mg/dL	mg/dL	g/dL	mg/dL		log10			MFI			ng/mL	ug/mL
2021.10.09 현재	148	7.3	11.6	36.3	135	62.2	26.7	1.6	1	1	0	57.6	18	1.08	3.9	—	positive	2.19	negative	—	—	—	—	5.7	—
2021.09.14	123	7.3	10.3	32	186	56.2	27.4	0	1	4	0	147.8	20	0.97	3.7	—	negative	—	—	—	—	—	—	5.6	—
2021.08.31	109	1.9	9.4	28.9	196	22.7	66.5	0	1	4	0.5	220.3	19	0.96	3.6	—	negative	—	negative	—	—	—	—	8.5	—
2021.08.24	102	1.6	9.4	29.9	197	42.1	53.5	0	1	1	0.5	190.1	15	0.94	3.5	—	positive	1.84	negative	—	—	—	—	8	—
2021.08.03	81	4.6	8.8	27.1	175	74.1	16.9	0.6	1	8	0.5	181.8	23	1.2	3.2	—	positive	4.13	negative	—	—	—	—	12.5	—
2021.07.13	60	3.1	9.2	28.3	161	71	19.6	0.3	1	4	0	308.1	20	0.97	3.3	—	positive	3.51	negative	—	—	—	—	8.5	—
2021.06.22	39	5.7	9.8	29.3	179	79.6	12	0.2	1	4	0	114.2	33	1.2	3.4	—	positive	2.04	negative	—	—	—	—	9.7	—
2021.06.11 임원/수술 후 참고	28	3.8	10	30.2	160	—	—	—	1	1	0	—	27	1.39	3.5	0.1	negative	1.49	—	—	—	—	—	7.4	—
2021.06.02 임원/수술 후 참고	19	5.4	9.7	29.1	132	—	—	—	1	1	0	—	26	1.39	3.4	0.1	negative	—	—	—	—	—	—	7.2	4.3
2021.05.26 임원/수술 후 참고	12	6.6	7.9	22.8	127	—	—	—	—	—	—	—	44	1.48	2.3	0.12	—	—	—	—	—	—	—	—	—

MANDATORY VISIT DECISION

현재 검사 결과를 보고 별도의 조치가 필요합니까?

제출한 판단은 수정할 수 없으며, 저장된 후 다음 방문이 열립니다.

1. 별도의 조치 필요 없음

현재 치료 유지-정규 추적 → 즉시 저장

2. 별도의 조치가 필요함

필요한 조치를 작성한 후 저장

FROZEN RISK SIGNAL

상승 기준 미만

60일 내 임상적 조치가 필요한 이식편 이상 위험

0.5% 침수 기준 후 60일

현재 고정 경고 기준 미만입니다. 낮은 침수는 이상이 없음을 보장하지 않으므로 원 자료를 독립적으로 판단하십시오.

침수 기준 시점	2021-09-11 · POD 120
현재 표시 방문	POD 148
침수 경과일	28일
적용 정책	latest_prior_locked_monthly_grid
활동성 사구체질환 등	0.0%
BK virus 관련	0.0%
365일 내 만성 병변	0.2%
내피세포-AMR 관련	0.1%
손상-약제독성 관련	0.1%
비기부 actionable	0.1%
T-cell 관련	0.4%
30일 내 긴급 actionable	0.2%

위험 신호는 현재 자료를 다시 검토하기 위한 연구용 보조정보이며, 특정 진료행위를 지시하지 않습니다.

LOCAL CLINICAL ASSISTANT

현재 방문까지만 사용

Gemma EMR 진료보조

6

현재 시점 요약

이식 후 148일째인 환자는 크레아티닌 수치가 1.08 mg/dL로 안정적이며, 최근 0.97 mg/dL에서 약간 상승했습니다. FK506 수치는 5.7 ng/mL로 안정적입니다. 단백뇨(UPCR)는 57.6 g/gCr로 감소했지만 여전히 높습니다. CMV PCR 검사는 양성으로 나타났으며, 이전 검사에서는 음성이었습니다. BKV PCR 검사는 음성입니다. DSA 검사는 음성입니다. 전반적으로 신장 기능은 안정적이지만 단백뇨와 CMV 양성 상태를 주의 깊게 모니터링해야 합니다.



Conclusion

▼ **AI can be a valuable tool for writing research papers. However, its effectiveness largely depends on certain conditions being met.**

- 1 Verifying the accuracy of the information provided by AI
- 2 Guiding AI towards accurately completing the desired task by asking appropriate questions
- 3 In tasks such as coding, analysis, and translation, AI demonstrates exceptional performance

▼ **Exercise caution with AI-generated information and verify its accuracy to avoid hallucinations.**

AI serves as a helpful **friend** and **partner** in strenuous research efforts.

An aerial photograph of the Asan Medical Center in Seoul, Korea, featuring several large, modern hospital buildings with green roofs and glass facades, surrounded by parking lots and greenery. A semi-transparent blue and orange banner is overlaid across the middle of the image.

Thank you !

Hyunwook Kwon, M.D., pH.D.

Division of Kidney & Pancreas Transplantation, Department of
Surgery, Asan Medical Center, University of Ulsan College of
Medicine, Seoul, Korea

hwkwon@amc.seoul.kr