

AI 과학자의 등장

식물 연구를 돕는 OASIS 이야기



김경진 변호사

KIMKJ.COM

프로로그: 자료를 찾고 가설을 제안하는 AI 과학자의 등장

생명과학 연구에는 읽을 논문과 분석할 자료가 계속 쌓인다. 생명과학은 생물이 어떻게 살아가고 환경에 반응하는지 연구하는 학문이다. 식물이 짠 땅에서 어떻게 버티는지 밝히는 일도 여기에 속한다. 연구자는 논문을 읽는 데서 그치지 않고, 서로 다른 실험 결과를 연결해 그 이유를 찾아야 한다.

생물의 몸속을 살피는 자료도 여러 종류다. 유전자는 생물의 몸을 만들고 유지하는 데 필요한 정보를 담은 DNA의 한 부분이다. 생물이 가진 유전 정보 전체를 유전체라고 한다. 유전자가 얼마나 작동하는지, 어떤 단백질과 물질이 생기는지를 넓게 조사하는 연구들을 묶어 오믹스라고 부른다. 이런 자료를 함께 보면 한 종류의 자료만으로는 찾기 어려운 관계를 알아낼 수 있다.

하지만 자료가 많다고 답이 저절로 드러나지는 않는다. 논문마다 실험 조건이 다르고, 자료를 보관하는 곳과 표시 방식도 다르다. 한 연구에서 찾은 유전자가 다른 연구의 유전자와 같은 것인지 확인하는 데도 시간이 든다. 연구자가 필요한 정보를 모두 읽고 연결하기는 점점 어려워진다.

이런 부담을 줄이기 위해 AI가 연구에 들어왔다. AI는 문헌을 찾고 긴 글을 정리하며 자료를 분석하는 일을 돕는다. 여기에 연구 계획을 세우고, 필요한 도구를 쓰고, 결과를 검토하는 기능을 더한 시스템이 등장하고 있다. 여러 단계를 거쳐 과학 연구를 돕는 이런 시스템을 AI 과학자라고 부른다.

AI 과학자가 제안하는 가설은 아직 확인되지 않은 설명이다. 과학에서 가설은 관찰 결과를 설명하면서 실험이나 분석으로 시험할 수 있어야 한다. 어떤 유전자가 식물의 소금 피해와 관련이 있다는 논문을 찾는 일과, 여러 자료를 연결해 새로운 연구 후보를 제안하는 일은 다르다. 후자에는 각 자료가 어떤 관계를 뒷받침하는지 따져 보는 과정이 필요하다.

OASIS는 식물이 어려운 환경에 반응하는 과정을 연구하도록 만든 AI 과학자다. 중국농업과학원 선전 농업유전체연구소의 Lianguang Shang(商连光) 연구팀 등이 개발했다. 야저우완 국가실험실과 염알칼리 지 종합이용 국가기술혁신센터도 공동개발에 참여했다. 염알칼리지는 염분이 많거나 알칼리성이 강해 작물이 자라기 어려운 땅을 뜻한다.

OASIS가 다루는 환경은 염해, 가뭄, 고온, 저온이다. 염해는 소금기가 많아 식물이 입는 피해다. 이런 환경에서 식물이 겪는 부담을 비생물적 스트레스라고 한다. 해충이나 병원균처럼 살아 있는 생물이 일으키는 피해와

구분하는 말이다. OASIS는 식물 6종에 관한 문헌과 생물학 자료를 연결해 연구 질문에 답하도록 설계됐다.

이 시스템 안에는 말은 일이 다른 AI 에이전트 6개가 있다. 에이전트는 주어진 목표에 맞춰 필요한 작업을 수행하는 AI 구성요소다. OASIS에서는 계획을 세우고, 자료를 찾고, 증거를 추리고, 데이터를 조회하고, 진행 상황을 검토하고, 결과를 종합하는 역할을 나눠 맡는다. 한 번의 답변보다 여러 단계의 작업을 이어 가는 데 초점을 둔 구조다.

지난 작업 경험을 다시 쓰는 기능도 갖췄다. 자기진화 경험학습, 곧 SEEL은 작업 이력과 오류를 고친 경험에서 재사용할 절차 규칙을 얻는다. 다만 경험을 쌓는 기능이 있다고 해서 새로운 답이 모두 옳아지는 것은 아니다. 규칙이 도움이 되는지 확인하는 일과 연구 가설이 맞는지 시험하는 일은 구분해야 한다.

OASIS의 능력은 연구용 평가 문제와 벼 실험 사례를 통해 살폈다. 평가 문제를 잘 푼다는 사실은 자료를 찾고 연결하는 능력을 판단하는 근거가 된다. 실제 식물을 대상으로 한 실험은 제안한 후보가 생물의 반응과 관련 되는지 확인하는 근거가 된다. 두 결과는 서로 다른 질문에 답한다.

벼 사례에서는 연구진이 여러 차례 질문하며 분석을 이끌었다. OASIS는 관련 자료를 연결해 후보 유전자 5개의 우선순위를 정했다. 연구진은 그

중 OsPP2a를 골라 실제 실험을 진행했다. 실험 결과는 이 유전자가 벼의 염 스트레스 반응에 관여한다는 증거를 제공했다.

AI 과학자의 등장은 연구자가 말을 일을 다시 생각하게 한다. 자료 사이의 관계를 빠르게 찾더라도, 무엇을 연구할지 정하고 어느 증거를 믿을지 판단해야 한다. 그럴듯한 설명을 시험 가능한 가설로 다듬고, 실제 결과가 예상과 다를 때 이유를 살피는 과정도 남는다. AI가 내놓은 답의 가치는 문장의 자신감보다 확인할 수 있는 근거에 달려 있다.

참고자료

Han, Y., Wei, H., Wang, X., Li, Y., Zhang, Z., Liu, B., Wen, S., Pan, N., He, H., Qian, Q., & Shang, L. (2026). OASIS, a self-evolving AI scientist that integrates omics data and literature knowledge for plant stress research. *Molecular Plant*. [온라인 선게재; 권·호·쪽 미확인]
<https://doi.org/10.1016/j.molp.2026.09.005>

김영길, 이용주, 임수중, 송화전, 정문영, & 권오욱. (2026). AI Scientist 기술 개발 동향. *전자통신동향분석*, 41(5), 72-84.
<https://doi.org/10.22648/ETRI.2026.J.410507>

한국과학기술한림원. (2026-07-14). AI Scientist 시대, 인간 과학자의 자리. YouTube. [동영상] <https://www.youtube.com/watch?v=WxsUB-eCYo>

刘祯. (2026-08-24). 【新华社】从“工具”到“搭档” AI应怎样助力科研. 新华社（中国科学院转载）.

https://www.cas.cn/cm/202608/t20260824_5118852.shtml

Gottweis, J., Weng, W.-H., Daryin, A., Tu, T., Sirkovic, P., Myaskovsky, A., Glowaty, G., Weissenberger, F., Orlandi, A., Popovici, D., Palepu, A., Rong, K., Tanno, R., Saab, K., Zhang, F., Blum, J., Carroll, A., Kulkarni, K., Tomashev, N., ... Natarajan, V. (2026). Accelerating scientific discovery with Co-Scientist. *Nature*, 655(8122), 487–496.

<https://doi.org/10.1038/s41586-026-10644-y>

Lu, C., Lu, C., Lange, R. T., Yamada, Y., Hu, S., Foerster, J., Ha, D., & Clune, J. (2026). Towards end-to-end automation of AI research. *Nature*, 651(8107), 914–919.

<https://doi.org/10.1038/s41586-026-10265-5>

中国农业科学院深圳农业基因组研究所（大鹏湾实验室）. (2026-09-21).

Molecular Plant | 基因组所商连光团队开发自进化AI科学家“绿洲”助力作物耐盐碱研究. 中国农业科学院深圳农业基因组研究所（大鹏湾实验室）.

<https://www.agis.org.cn/xwzx/kyjz/b0960d967c964346b50cb50c4886c209.htm>

목차

프롤로그: 자료를 찾고 가설을 제안하는 AI 과학자의 등장

1장: 자료에서 답을 찾는 일과 가설을 세우는 일

2장: 논문과 생물학 자료가 많아도 답을 찾기 어려운 이유

3장: OASIS의 일을 나눠 맡는 6개 AI 에이전트

4장: 실패를 다음 연구의 규칙으로 바꾸는 SEEL

5장: 여러 AI 과학자 사이에서 OASIS가 맡는 일

6장: PlantStressQA 84점이 알려 주는 것과 알려 주지 않는 것

7장: 여러 식물의 단서를 연결해 OsPP2a를 고르다

8장: AI가 낸 가설을 실제 벼로 확인하다

9장: 무엇을 묻고 어떤 결론을 내릴지는 사람이 정한다

에필로그: 더 많은 답 앞에서 더 좋은 질문을

1장: 자료에서 답을 찾는 일과 가설을 세우는 일

연구자가 논문에서 답을 찾는 일과 새로운 가설을 세우는 일은 이어져 있다. 어떤 유전자가 식물의 소금 피해와 관련되는지 알려면 기존 연구부터 읽어야 한다. 그러나 관련 논문을 찾았다고 해서 그 유전자가 다른 식물에서도 같은 일을 한다고 말할 수는 없다. 그 사이에는 추가 자료를 확인하고 설명을 시험하는 과정이 필요하다.

대형언어모델은 많은 글을 학습해 질문에 맞는 문장을 만들어 내는 AI다. 흔히 LLM이라는 약자로 부른다. 연구자는 이런 모델로 긴 논문을 정리하거나 낯선 용어를 설명받을 수 있다. 다만 자연스러운 문장이 곧 정확한 답을 뜻하지는 않는다. 모델이 사실과 다른 내용을 그럴듯하게 만드는 현상을 환각이라고 한다.

이 문제를 줄이는 방법 중 하나가 검색증강생성, 곧 RAG다. RAG는 질문과 관련된 외부 자료를 찾아 AI에 함께 제공하는 방식이다. AI는 그 자료를 참고해 답을 만든다. 학습할 때 접하지 못한 정보를 답에 반영하거나, 답의 근거가 된 문서를 제시하는 데 도움이 된다.

RAG를 문헌 요약만 하는 기술로 이해하면 범위를 잘못 잡게 된다. 찾아온 자료로 여러 근거를 비교하고 설명을 구성할 수도 있다. 연구 계획이나 데이터 분석 기능을 갖춘 시스템 안에서 RAG를 쓸 수도 있다. 다만 자료를 검색해 답을 만드는 기능에, 분석 도구를 고르고 가설을 시험하는 절차가 저절로 포함되는 것은 아니다.

차이는 질문에 답하기 위해 어떤 작업이 필요한지에 있다. 이미 알려진 유전자의 기능을 묻는 질문은 문헌 검색으로 답을 얻을 수 있다. 반면 아직 기능을 확인하지 않은 유전자를 연구 후보로 고르려면 여러 종류의 증거가 필요하다. 다른 식물에서의 기능, 유전 정보의 유사성, 실험 자료의 변화를 함께 살펴야 한다.

전문 용어를 제대로 구분하는 일도 중요하다. 식물 연구에서 ABA는 아브시스산이라는 식물 호르몬을 뜻한다. 호르몬은 생물의 몸 안에서 반응을 조절하는 신호 물질이다. 아브시스산은 식물이 건조한 환경 등에 반응하는 데 관여한다. 같은 약자가 다른 분야에서는 다른 뜻으로 쓰이므로, 문맥에 맞춰 해석해야 한다.

FT와 CO도 글자만 보고 뜻을 짐작해서는 안 된다. FT는 꽃이 피는 과정에 관련된 유전자 이름이다. CO는 유전자가 작동하는 과정을 조절하는 단백질의 이름이다. CO처럼 특정 유전자의 작동을 조절하는 단백질을 전

사인자라고 한다. 두 이름이 함께 등장한다는 사실과, 하나가 다른 하나를 어떻게 조절한다는 설명은 서로 다른 정보다.

이런 관계를 정리하는 방법으로 지식 그래프가 있다. 유전자와 단백질 같은 대상을 각각 표시하고, 대상 사이의 관계를 연결한 자료다. 어떤 단백질이 어느 유전자의 작동을 조절하는지 관계를 따라가며 찾을 수 있다. 낱말이 비슷한 문서를 찾는 데서 더 나아가, 생물학적 연결을 살피도록 돕는다.

PlantScience.ai는 식물학 지식을 바탕으로 질문에 답하는 별도의 AI 시스템이다. 자동으로 과학 지식을 정리하는 AutoSKG를 통해 지식 그래프를 만들었다. 여기에 문서 속 유전자와 단백질 등의 이름을 구분하는 기능을 결합했다. 질문을 받으면 뜻이 비슷한 자료를 찾는 검색과, 지식 그래프의 관계를 따라가는 탐색을 함께 수행한다. 이런 방식을 그래프 기반 RAG라고 부른다.

PlantScience.ai는 찾은 관계들을 지식 사슬로 연결해 답의 근거를 제시한다. 전문가가 추린 1,770개 문항으로 평가했을 때, 비교 대상인 범용 언어모델에 따라 73.1~87.6%의 문항에서 더 낫거나 비슷한 결과를 보였다. 이 수치는 모든 질문의 정답률을 뜻하지 않는다. 비교 대상과 견주어 우수하거나 동등했던 문항의 비율이다.

문헌 속 관계를 잘 찾는 능력만으로 모든 연구 질문을 해결할 수는 없다. 연구자는 유전자의 작동량을 측정한 수치와 식물의 특징이 달라지는 위치 정보도 함께 살핀다. 이때 전사체는 세포에서 유전자 정보가 RNA로 옮겨 적힌 결과 전체를 뜻한다. 전사체를 비교하면 조건에 따라 어떤 유전자의 작동이 달라지는지 알릴 수 있다.

QTL은 키나 소금 피해를 견디는 정도처럼 수치로 나타내는 특징과 관련된 유전체 구간이다. eQTL은 유전자의 작동량 차이와 관련된 유전체 위치다. 어떤 구간이 식물의 특징과 관련된다고 해서, 그 안의 특정 유전자가 원인이라고 곧바로 확정할 수는 없다. 문헌의 설명과 실제 측정 자료를 더 연결해야 연구 후보를 좁힐 수 있다.

AI 에이전트를 결합한 연구 시스템은 이런 작업을 여러 단계로 나눈다. 연구 질문을 세부 과제로 바꾸고, 필요한 문헌과 수치 자료를 찾는다. 이어 자료가 가설을 뒷받침하는지 살피고 결과를 정리한다. 시스템에 따라 분석 코드를 작성하거나 실행하는 기능을 포함하기도 한다. 코드 실행은 계산을 수행하는 과정이며, 그 결과의 생물학적 의미까지 보장하지는 않는다.

OASIS는 식물 스트레스 연구에서 문헌과 오믹스 자료를 연결하도록 역할을 나눴다. 문헌에서 작용 원리를 찾는 작업과 데이터에서 관련 증거를

조회하는 작업을 함께 수행한다. 검토 역할은 증거가 필요한 범위를 다뤘는지, 과제를 마쳤는지 확인한다. 이를 모든 환각이나 논리 오류를 걸러내는 장치로 볼 수는 없다.

며 연구 사례에서도 한 번의 질문으로 발견이 끝난 것은 아니다. 연구진이 여러 차례 질문하며 분석을 이끌었고, OASIS는 그 과정에서 후보들의 근거를 연결했다. 연구진은 제안된 후보 중 실제 실험할 대상을 선택했다. 이 사례가 보여 주는 차이는 검색의 유무보다, 자료를 연결해 시험할 후보를 좁히는 작업의 범위에 있다.

가설을 만드는 AI에도 한계가 있다. Bisht 연구팀의 비판적 연구는 출판된 글에 크게 의존하는 AI의 문제를 지적한다. 연구 현장에서 몸으로 익힌 요령이나 공개되지 않은 실패 결과는 논문만으로 충분히 배우기 어렵다. 학습 자료에 드러나지 않은 조건 때문에, 글로는 설득력 있던 제안이 실제 실험에서는 맞지 않을 수 있다.

여러 에이전트를 둔다고 가설이 저절로 다양해지는 것도 아니다. 사람의 평가와 선호에 맞춰 답하도록 조정된 모델들은 비슷한 설명에 모일 수 있다. Bisht 연구팀은 이를 가설의 다양성이 줄어드는 위험으로 논의한다. 여러 답변이 일치하더라도, 서로 독립된 실험 증거가 모인 것과 같지는 않다.

자료에서 답을 찾는 능력과 가설을 세우는 능력은 경쟁 관계가 아니다. 정확한 검색은 가설의 출발점이 되고, 가설은 어떤 자료를 더 찾아야 할지 알려 준다. 연구에 필요한 것은 이 과정을 이어 가면서 각 단계의 근거를 확인하는 일이다. 새로운 후보를 제안했다면, 왜 그 후보인지 설명하고 무엇으로 시험할지도 분명해야 한다.

참고자료

Yu, H., Zhou, S., Huang, M., Ding, L., Chen, Y., Wang, Y., Ren, Y., Cheng, N., Wang, X., Liang, J., Zhang, H., Ding, Y., & Li, K. (2026). PlantScience.ai: An LLM-powered virtual scientist for plant science. *Molecular Plant*, 19(5), 1117–1123.
<https://doi.org/10.1016/j.molp.2026.03.010>

Han, Y., Wei, H., Wang, X., Li, Y., Zhang, Z., Liu, B., Wen, S., Pan, N., He, H., Qian, Q., & Shang, L. (2026). OASIS, a self-evolving AI scientist that integrates omics data and literature knowledge for plant stress research. *Molecular Plant*. [온라인 선거재; 권·호·쪽 미확인]
<https://doi.org/10.1016/j.molp.2026.09.005>

Bisht, H., Kumar, V., Jablonka, K. M., Mausam, & Krishnan, N. M. A. (2026). Agentic AI Scientists Are Not Built For Autonomous Scientific Discovery. *arXiv preprint (cs.AI)*. [프리프린트]
<https://arxiv.org/abs/2605.08956>

Lyu, Y., Zhang, X., Zhao, Y., Papakostas, K., Yi, X., Guo, S., Hu, W., Piotrowski, J., Kaliski, J., Urbani, J., Meng, Z., Zhou, L., Ren, Z., & Yan, X. (2026). EvoScientist: Towards Multi-Agent Evolving AI Scientists for End-to-End Scientific Discovery. arXiv preprint (cs.CL). [프린트]
<https://arxiv.org/abs/2603.08127>

2장: 논문과 생물학 자료가 많아도 답을 찾기 어려운 이유

작물은 자라는 동안 가뭄과 고온, 소금기 많은 토양을 견뎌야 한다. 이런 환경은 식물의 성장을 방해하고 수확량을 줄일 수 있다. 기후 변화로 극단적인 날씨에 대응할 필요가 커지면서, 연구자들은 작물이 환경 변화에 버티는 원리를 찾고 있다. 그 원리를 알아야 어떤 특징을 가진 작물을 길러야 할지 판단할 수 있다.

식물의 반응을 이해하려면 겉모습만 보아서는 부족하다. 유전 정보가 어떻게 달라졌는지, 어떤 유전자가 더 많이 작동하는지 함께 살펴야 한다. 단백질과 몸속 물질의 변화도 반응을 이해하는 단서가 된다. 서로 다른 종류의 자료를 함께 분석하는 연구를 다중 오믹스라고 한다.

다중 오믹스에 포함되는 자료는 각각 다른 내용을 보여 준다. 유전체 자료는 생물이 가진 DNA 정보를 다룬다. 전사체 자료는 유전자 정보가 RNA로 옮겨 적힌 상태를 보여 준다. 단백질체 자료는 단백질 전체를, 대사체 자료는 생명 활동 과정에서 만들어지거나 쓰이는 물질 전체를 다룬다. 후성유전체 자료는 DNA의 글자 순서가 달라지지 않아도 유전자의 작동에 영향을 주는 표지 등을 살핀다.

DNA의 정보를 빠르게 읽는 기술과 식물의 특징을 대량으로 측정하는 장비가 발전하면서 자료도 늘었다. 식물의 키와 잎 모양 같은 관찰 가능한 특징을 표현형이라고 한다. 연구자는 유전 정보와 표현형을 비교하며 관련성을 찾는다. 그러나 자료를 생산하는 속도와 그 의미를 밝혀내는 속도는 같지 않다.

연구가 막히는 지점 중 하나는 자료가 여러 곳에 흩어져 있다는 점이다. 논문에는 특정 유전자의 기능 설명이 있고, 별도의 데이터베이스에는 측정값이 있다. 또 다른 곳에는 그 유전자의 위치가 기록돼 있다. 데이터베이스는 이런 자료를 일정한 방식으로 모아 검색하도록 만든 저장소다. 필요한 자료가 어디에 있는지 찾은 뒤에도 서로 맞춰 보는 일이 남는다.

같은 유전자를 다른 이름으로 표시하기도 한다. 연구에서는 유전자를 구분하는 식별번호인 유전자 ID를 쓴다. 하지만 데이터베이스마다 ID 체계가 다를 수 있다. 벼 연구에는 RAP-DB와 MSU 자료가 쓰이고, 애기장대에는 TAIR, 감자에는 Spud DB 같은 자료원이 있다. 이름을 그대로 비교하면 같은 대상을 다른 유전자로 잘못 셀 수 있다.

유전자의 위치를 나타내는 기준도 확인해야 한다. 참조 유전체는 여러 연구가 위치를 비교할 때 기준으로 삼는 유전체 정보다. 이 기준이 새로 정리되면 같은 유전자의 좌표가 달라질 수 있다. 서로 다른 판본의 위치를

그대로 겹쳐 놓으면, 실제로 가까운 대상을 떨어져 있다고 판단하거나 그 반대로 판단할 수 있다.

자료의 형식과 설명도 제각각이다. 유전자의 기능을 설명해 붙인 정보를 주석이라고 한다. 어떤 자료에는 기능이 자세히 적혀 있지만, 다른 자료에는 아직 알 수 없다고 표시돼 있다. 측정값의 단위와 실험 조건을 적는 방식도 다르다. 자료를 한곳에 모으는 작업만으로는 이런 차이를 해결할 수 없다.

같은 작물 안의 차이도 고려해야 한다. 벼에는 자포니카와 인디카 같은 계통이 있고 통일형 품종도 있다. 계통과 품종에 따라 유전적 바탕이 달라 같은 환경에서도 반응이 다를 수 있다. 한 품종에서 찾은 염 스트레스 관련 신호가 다른 품종에서도 그대로 나타난다고 가정해서는 안 된다.

식물이 자란 단계와 주변 환경도 결과를 바꾼다. 어린 모종일 때와 줄기가 갈라지거나 이삭이 나올 때의 반응은 다를 수 있다. 온도와 습도, 빛의 조건도 영향을 준다. 유전적 특징에 따라 환경의 영향이 달라지는 관계를 유전형과 환경의 상호작용이라고 한다. 유전 정보만 보거나 환경만 보아서 반응은 충분히 설명하기 어렵다는 뜻이다.

연구자는 이런 차이를 줄이기 위해 통계 방법을 쓴다. BLUP은 여러 관측값과 조건 차이를 고려해 특징의 값을 예측하는 방법이다. 여러 연구의 결

과를 함께 분석하는 메타분석도 쓴다. 하지만 통계로 차이를 보정했다고 해서 모든 조건이 같아지지는 않는다. 관련된 유전자 구간을 찾는 일과 실제 원인 유전자의 작용을 밝히는 일 사이에는 여전히 간격이 있다.

가뭄과 고온이 함께 닥치면 상황은 더 복잡해진다. 식물 잎의 기공은 물과 기체가 드나드는 작은 구멍이다. 기공을 통한 수분 손실을 줄이는 일은 가뭄을 견디는 데 도움이 된다. 한편 물이 증발하며 식는 과정은 고온에 대응하는 데 관련된다. 두 환경이 겹치면 식물은 서로 다른 요구에 함께 대응해야 한다.

그래서 가뭄 때의 변화와 고온 때의 변화를 각각 알아도, 두 조건이 겹친 결과를 그대로 더해 예측하기 어렵다. 유전자의 작동과 몸속 물질의 변화가 별도의 양상을 보일 수 있기 때문이다. 한 가지 스트레스를 연구한 자료를 복합 스트레스에 적용하려면, 어떤 조건에서 얻은 결과인지 다시 따져야 한다.

많은 유전자를 후보로 찾은 뒤에도 해석은 남는다. GWAS는 유전체 전반의 차이와 생물의 특징 사이에 어떤 관련이 있는지 살피는 분석이다. QTL 분석은 수치로 나타내는 특징과 관련된 유전체 구간을 찾는다. 이런 분석으로 관련 위치를 좁힐 수 있지만, 그 위치에 있는 어느 유전자가 어떤 일을 하는지까지 곧바로 알 수는 없다.

전사체 분석에서도 비슷한 문제가 생긴다. 소금물 처리 뒤 어떤 유전자의 작동량이 달라졌다고 하자. 그 변화는 피해를 줄이는 데 기여한 반응일 수도 있고, 식물이 이미 피해를 입어서 나타난 결과일 수도 있다. 측정값이 달라졌다는 사실만으로 원인과 결과를 정할 수는 없다. 기능을 모르는 유전자라면 해석에 필요한 문헌도 부족할 수 있다.

문헌 검색은 이런 자료를 해석하는 데 도움을 준다. 다른 식물에서 비슷한 유전자가 어떤 일을 하는지 찾을 수 있기 때문이다. 그러나 문헌에서 확인한 기능과 현재 측정한 수치가 같은 조건을 다루는지 살펴야 한다. 유전자 이름이 맞는지, 자료의 위치 기준이 같은지, 실험 조건이 비교 가능한지도 확인해야 한다.

검색증강생성인 RAG도 자료를 찾고 근거를 제시하는 데 쓸 수 있다. 다만 문헌을 읽어 답하는 기능만 갖춘 시스템에는 수치 자료를 맞추고 분석하는 별도의 과정이 필요하다. 표 안의 측정값과 유전체 좌표를 비교하려면 글을 잘 읽는 능력에 더해 자료의 형식과 의미를 다루는 기능이 요구된다.

OASIS는 이런 간격을 줄이기 위해 문헌과 오믹스 자료를 하나의 작업 과정으로 연결한다. 벼 연구에서는 다른 식물의 기능 연구와 벼의 유전 자료를 함께 살펴 후보를 좁혔다. 연구진의 질문에 따라 서로 다른 증거를 이

어 붙였다는 점에서, 자료 통합이 가설 탐색에 어떻게 쓰이는지 보여 준다.

생명과학의 어려움은 필요한 숫자가 부족해서만 생기지 않는다. 같은 이름이 같은 대상을 뜻하는지, 같은 수치가 같은 조건을 나타내는지 확인해야 한다. 관련성이 작용 원리를 뜻하는지도 구분해야 한다. 자료를 연구에 쓸 수 있는 증거로 바꾸려면, 이런 해석과 연결의 과정을 거쳐야 한다.

참고자료

Han, Y., Wei, H., Wang, X., Li, Y., Zhang, Z., Liu, B., Wen, S., Pan, N., He, H., Qian, Q., & Shang, L. (2026). OASIS, a self-evolving AI scientist that integrates omics data and literature knowledge for plant stress research. *Molecular Plant*. [온라인 선게재; 권·호·쪽 미확인]
<https://doi.org/10.1016/j.molp.2026.09.005>

Gao, J., Kim, T.-H., Baek, D.-H., Lee, C.-J., Park, W.-G., Yun, S. D., & Kim, S.-M. (2026). Integrative genomic and transcriptomic dissection of salt tolerance for Japonica rice improvement. *Frontiers in Plant Science*, 16, Article 1751273. <https://doi.org/10.3389/fpls.2025.1751273>

Xu, C., Chen, R., Li, W., Song, L., Huang, S., Zhang, F., Liu, Y., Huang, X., Li, N., Du, L., & Shen, S. (2026). Genomics, Multi-Omics, and Emerging Artificial Intelligence for Combined Drought–Heat Stress Resilience in Plants: A Structured Narrative Review. *Plants (Basel)*, 15(16), Article 2516. <https://doi.org/10.3390/plants15162516>

Dong, Y., Li, J., Li, F., Luo, J., Jia, Y., Li, D., Wang, L., Su, X., Hu, J., Shang, Y., Huang, S., Zhu, Y., & Jia, Y. (2026). Potato Agent: AI-Driven Data and Knowledge Exploration on an Agent-Ready Potato Multi-Omics Platform. bioRxiv preprint (openRxiv). [프리프린트]
<https://doi.org/10.64898/2026.08.12.744101>

Wang, Z., Liang, C., Zhang, X., Wei, W., & Li, K. (2026). BOLE: A Knowledge-Enhanced Multi-Agent Framework for Intelligent Genomic Breeding. bioRxiv preprint (openRxiv). [프리프린트]
<https://doi.org/10.64898/2026.02.04.703673>

中国农业科学院深圳农业基因组研究所（大鹏湾实验室）. (2026-09-21). Molecular Plant | 基因组所商连光团队开发自进化AI科学家“绿洲”助力作物耐盐碱研究. 中国农业科学院深圳农业基因组研究所（大鹏湾实验室）.
<https://www.agis.org.cn/xwzx/kyjz/b0960d967c964346b50cb50c4886c209.htm>

3장: OASIS의 일을 나눠 맡는 6개 AI 에이전트

연구 질문 하나에 답하려 해도 여러 종류의 작업이 필요하다. 문헌을 찾고, 실험 조건을 읽고, 수치 자료를 비교해야 한다. 찾은 증거가 질문에 충분히 답하는지도 살펴야 한다. 서로 성격이 다른 이 작업들을 이어 가려면, 각 단계가 무엇을 맡고 어떤 결과를 넘길지 정해야 한다.

OASIS는 그 일을 6개의 전문 에이전트에 나눴다. 에이전트는 맡은 목표에 따라 작업을 수행하는 AI 구성요소다. 여러 에이전트를 결합한 구조를 다중 에이전트 시스템이라고 한다. OASIS에서는 기획, 하이브리드 검색, 증거 추출, 데이터 조회, 검토, 종합이라는 여섯 역할이 협력한다.

역할을 나누는 것만으로 답이 정확해지지는 않는다. 문헌에서 찾은 유전자와 데이터에서 조회한 유전자가 같아야 한다. 검색한 내용이 연구 질문과 관련되는지도 확인해야 한다. 각 에이전트가 어떤 자료를 다뤘는지 이어서 살필 수 있어야, 결과에 문제가 생겼을 때 그 이유를 찾아볼 수 있다.

이 작업의 바탕에는 식물 스트레스 관련 자료가 있다. OASIS는 애기장대, 벼, 옥수수, 밀, 대두, 육지면 등 식물 6종을 다룬다. 육지면은 목화의 한 종류다. 자료가 다루는 스트레스는 염해, 가뭄, 고온, 저온의 네 종류

다. 서로 다른 식물에서 얻은 결과를 연결하되, 종과 환경 조건의 차이를 함께 고려해야 한다.

문헌 자료에는 15만 편 이상의 논문 초록과 약 1만 5천 편의 전문이 포함된다. 초록은 연구의 목적과 방법, 결과 등을 짧게 정리한 글이다. 전문은 논문 전체 글을 뜻한다. 필요한 지식을 모아 검색할 수 있도록 만든 이런 자료 집합을 지식베이스라고 한다. 문헌 수가 많아도 질문에 맞는 근거를 찾아내는 작업은 따로 필요하다.

OASIS는 글로 된 문헌에 더해 오믹스와 유전체 자료를 연결한다. 조건에 따라 유전자의 작동량이 달라진 자료, 식물 집단 사이의 유전적 차이, 특징과 관련된 유전체 위치 등이 여기에 속한다. 문헌이 어떤 유전자의 작용 원리를 설명한다면, 데이터는 그 설명과 맞는 측정 결과가 있는지 살펴본다.

첫 번째 역할은 기획이다. 기획 에이전트는 연구자가 던진 질문을 실행할 수 있는 작은 과제로 나눈다. 질문에 답하려면 무엇을 알아야 하는지, 어떤 자료를 먼저 찾아야 하는지 정리한다. 한 작업의 결과가 있어야 다른 작업을 할 수 있다면 그 순서도 고려한다.

기획은 넓은 연구 목표와 실제 조회 사이를 연결한다. 식물의 염 스트레스 반응을 알아보라는 요청만으로는 찾아야 할 자료의 범위가 넓다. 관련 유

전자를 찾는 일인지, 알려진 기능을 비교하는 일인지에 따라 필요한 증거가 달라진다. 세부 과제를 나누면 검색 결과가 원래 질문에서 벗어났는지도 살피기 쉬워진다.

두 번째 역할은 하이브리드 검색이다. 하이브리드는 서로 다른 방식을 결합한다는 뜻이다. 문장의 뜻이 비슷한 자료를 찾는 방법과, 유전자 이름이나 전문 용어가 일치하는 자료를 찾는 방법을 함께 쓴다. 뜻을 따라 찾는 검색은 표현이 달라도 관련 자료를 찾는 데 도움이 된다. 이름을 맞춰 찾는 검색은 특정 유전자나 용어를 구분하는 데 필요하다.

두 검색 방식은 살피는 대상이 다르다. 같은 생물학적 과정을 논문마다 다른 말로 설명할 수 있다. 반대로 이름이 비슷한 유전자들이 서로 다른 기능을 가질 수도 있다. 따라서 표현의 유사성과 대상의 정확한 이름을 함께 확인해야 한다. 검색 단계는 답을 확정하기보다, 검토할 자료를 모으는 과정이다.

세 번째 역할은 증거 추출이다. 검색한 글에는 질문과 직접 관련 없는 내용도 섞여 있다. 증거 추출 에이전트는 그중 연구 목표와 관련된 작용 원리의 근거를 추린다. 어떤 유전자가 어느 반응과 연결되는지, 그 설명이 어떤 실험 조건에 근거하는지 살피는 데 필요한 내용을 남긴다.

생물학에서 작용 원리를 기전이라고 부른다. 두 대상이 함께 언급됐다는 사실만으로 기전이 설명되지는 않는다. 예를 들어 한 유전자의 작동이 달라졌을 때 어떤 반응이 이어졌는지가 연구 질문과 관련될 수 있다. 문헌 속 이런 근거를 추려 두면, 뒤에서 실제 데이터와 연결할 내용을 분명히 할 수 있다.

네 번째 역할은 데이터 조회다. 이 에이전트는 연결된 오믹스와 유전체 자료에서 질문에 필요한 정보를 찾아 살핀다. 문헌에 적힌 설명을 읽는 것과 달리, 측정값과 유전체 위치 같은 자료를 다룬다. 조건에 따른 유전자의 작동 변화나 특정 위치의 관련 신호를 확인해 문헌 증거와 연결한다.

유전체 위치 정보는 연구 후보를 좁히는 데 도움이 된다. QTL은 수치로 나타내는 특징과 관련된 유전체 구간이고, eQTL은 유전자의 작동량 차이와 관련된 위치다. 두 신호가 같은 위치나 겹치는 구간에 나타나는 것을 공위치라고 한다. 공위치는 후보를 살필 근거가 될 수 있지만, 그것만으로는 어느 유전자가 원인인지 확정할 수는 없다.

다섯 번째 역할은 검토다. 검토 에이전트는 수집한 증거가 과제에 필요한 범위를 다루는지 확인한다. 계획한 작업을 마쳤는지도 살핀다. 자료를 찾았다는 사실과 질문에 충분히 답했다는 판단 사이를 점검하는 역할이다. 이를 거쳤더라도 과학적 결론의 정확성이 자동으로 보장되지는 않는다.

검토가 필요한 이유는 작업의 완료와 증거의 충분함이 다르기 때문이다. 문헌을 여러 편 찾았어도 필요한 식물이나 조건을 다루지 않을 수 있다. 데이터 조회 결과가 있어도 질문의 일부만 다뤘을 수 있다. 증거 범위와 과제 완료 상태를 살피면, 무엇을 확인했고 무엇이 남았는지 구분할 수 있다.

여섯 번째 역할은 종합이다. 종합 에이전트는 문헌에서 추린 근거와 데이터 조회 결과를 연결해 연구자가 읽을 수 있는 답으로 정리한다. 연구 질문에 따라 가설이나 후보 유전자의 우선순위를 제시할 수 있다. 이때 결과와 근거를 함께 제시해야 연구자가 판단 과정을 살필 수 있다.

종합 결과에서는 관찰한 사실과 그로부터 얻은 추론을 구분해야 한다. 특정 위치에서 관련 신호를 찾았다는 것은 자료에서 확인한 내용이다. 그 위치의 유전자가 염 스트레스 반응에 관여할 수 있다는 설명은 시험할 가설이 된다. 둘을 구분해야 후보를 추천한 이유와 추가 확인이 필요한 부분을 이해할 수 있다.

여섯 역할은 연구자의 질문과 연결돼 움직인다. 벼 연구에서는 연구진이 여러 차례 질문하며 분석의 방향을 이끌었다. OASIS는 그에 따라 문헌과 데이터의 근거를 연결하고 후보들의 우선순위를 정했다. 따라서 에이전

트의 역할 분담은 사람의 질문이나 선택 없이 연구 전체가 끝났다는 뜻이 아니다.

이 구조에서 중요한 연결은 문헌의 설명과 데이터의 신호 사이에 있다. 기획은 필요한 작업을 정하고, 검색과 증거 추출은 문헌 근거를 마련한다. 데이터 조회는 수치와 위치 자료를 살피며, 검토와 종합은 과제의 범위와 결과를 정리한다. 각 단계에서 어떤 근거가 더해졌는지 살필 수 있을 때, 연구자는 제안된 가설을 실제로 검토할 수 있다.

참고자료

Han, Y., Wei, H., Wang, X., Li, Y., Zhang, Z., Liu, B., Wen, S., Pan, N., He, H., Qian, Q., & Shang, L. (2026). OASIS, a self-evolving AI scientist that integrates omics data and literature knowledge for plant stress research. *Molecular Plant*. [온라인 선게재; 권·호·쪽 미확인]
<https://doi.org/10.1016/j.molp.2026.09.005>

中国农业科学院深圳农业基因组研究所（大鹏湾实验室）. (2026-09-21). *Molecular Plant* | 基因组所商连光团队开发自进化AI科学家“绿洲”助力作物耐盐碱研究. 中国农业科学院深圳农业基因组研究所（大鹏湾实验室）.
<https://www.agis.org.cn/xwzx/kyjz/b0960d967c964346b50cb50c4886c209.htm>

韩漾. (2026-10-20). AI智能体“绿洲”发布 助力植物抗逆研究. 中国农业科学院（来源：农业基因组研究所，作者韩漾）.

<https://caas.cn/xwzx/kyhd/28164b3f0e7f4996a5749892288670bc.htm>

김영길, 이용주, 임수중, 송화전, 정문영, & 권오욱. (2026). AI Scientist 기술 개발 동향. 전자통신동향분석, 41(5), 72-84.

<https://doi.org/10.22648/ETRI.2026.J.410507>

Bu, D., Sun, J., Li, K., He, Z., Huang, W., Hu, J., Zhang, S., Lei, S., Huo, P., Wang, Z., et al. (2026). Empowering AI data scientists using a multi-agent LLM framework with self-evolving capabilities for autonomous, tool-aware biomedical data analyses. Nature Biomedical Engineering. [온라인 선게재; 권·호·쪽 미확인]

<https://doi.org/10.1038/s41551-026-01634-6>

4장: 실패를 다음 연구의 규칙으로 바꾸는 SEEL

AI가 연구 자료를 찾고 분석하는 과정은 한 번의 답변으로 끝나지 않는다. 여러 자료를 읽고 도구를 차례로 쓰는 동안 오류가 생길 수 있다. 같은 유전자라도 자료마다 이름이나 식별 번호가 다르면 연결이 막힌다. 유전자는 생물의 몸이 만들어지고 작동하는 데 필요한 정보를 담은 DNA의 일부다. 유전자에 붙인 번호를 잘못 연결하면 다른 유전자의 자료를 가져올 수도 있다.

자료의 숫자 표기가 서로 다르거나 분석 프로그램이 맞지 않아도 작업이 멈춘다. 도구를 쓰는 순서가 어긋나면 필요한 결과를 얻지 못할 수 있다. 이런 문제를 한 번 고쳤더라도 다음 과제에서 그 경험을 쓰지 못하면 같은 시행착오를 되풀이한다. 연구를 돕는 AI에는 답을 만드는 능력과 함께, 지나간 작업에서 배운 내용을 다시 쓰는 능력이 필요하다.

OASIS에는 이런 목적의 자기진화 경험학습 기능이 들어 있다. 영어 이름은 Self-Evolving Experience Learning이며, 줄여서 SEEL이라고 부른다. 여기서 경험은 AI가 과제를 수행하며 남긴 작업 기록을 뜻한다. 자기진화란 그 기록에서 얻은 교훈을 이후 작업에 쓸 수 있도록 바꾸는 것이다.

SEEL은 처음부터 끝까지 아무 문제 없이 마친 결과만 보는 데 그치지 않는다. 처음에는 실패했지만 오류를 고쳐 마친 과정도 살핀다. 실패했을 때 어떤 단계를 거쳤고, 무엇을 바꾼 뒤 작업을 마쳤는지 비교한다. 성공한 답만 저장하면 놓칠 수 있는 교정 과정을 함께 보는 셈이다.

핵심은 지나간 기록을 그대로 쌓아 두는 데 있지 않다. SEEL은 그 기록에서 다른 과제에도 다시 쓸 수 있는 작업 규칙을 뽑는다. 이를 절차적 규칙이라고 한다. 결과로 얻은 지식이 무엇을 알게 되었는지에 해당한다면, 절차적 규칙은 어떤 순서와 방법으로 일을 해야 하는지에 해당한다.

실패한 경로와 고친 경로를 비교하면, 작업의 어느 부분을 바꿔야 하는지 살필 수 있다. 이렇게 얻은 경험은 한 과제의 긴 기록보다 다시 쓰기 좋은 형태가 된다. 다만 한 번 도움이 된 방법이 모든 과제에 맞는 것은 아니다. 잘못된 교훈을 규칙으로 남기면 같은 오류를 여러 작업으로 퍼뜨릴 위험도 있다.

그래서 OASIS는 검증된 경험을 기술 라이브러리에 넣는다. 기술 라이브러리는 이후 작업에서 다시 꺼내 쓸 방법을 모아 둔 곳이다. 경험에서 규칙을 뽑는 일과, 그 규칙을 믿고 다시 써도 되는지 확인하는 일은 구분된다. 실패 기록이 많다는 사실만으로 시스템이 나아졌다고 볼 수는 없다.

SEEL이 다룬 구체적인 사례로는 PlantStressQA의 과제 수행 이력 86건이 있다. PlantStressQA는 식물이 소금기나 가뭄 같은 어려운 환경에 반응하는 문제를 AI가 얼마나 잘 다루는지 평가하는 문제 모음이다. SEEL은 이 과제들의 수행 기록에서 이후 작업에 쓸 경험을 얻었다. 여기서 86건은 경험학습에 쓰인 이력 과제 수다.

이런 경험학습이 겨냥하는 것은 연구 과정의 반복이다. 새 과제라도 자료를 연결하거나 도구를 사용하는 일부 단계는 지난 과제와 닮을 수 있다. 검증된 규칙을 다시 쓸 수 있다면 이미 해결한 문제를 처음부터 풀 필요가 줄어든다. 다만 규칙을 적용할 조건이 맞는지 살피는 과정은 여전히 필요하다.

다른 AI 연구 시스템에서도 경험을 남겨 다시 쓰려는 시도가 이어진다. EvoScientist는 연구 아이디어와 실험 수행의 기억을 나누어 관리하는 구조를 제안한다. 연구 중의 기록을 이후 작업에 연결한다는 점에서 SEEL과 비교할 수 있다. 그러나 서로 다른 시스템이 같은 기억 구조나 같은 개선 방법을 쓴다고 볼 수는 없다.

작업을 잘 수행하는 규칙과 생물학적 사실은 구별해야 한다. 자료를 빠짐없이 찾고 분석 오류를 줄였다고 해서 새 가설이 곧 사실이 되는 것은 아니다. SEEL이 돕는 일은 과거의 교정 경험을 다음 작업에 이어 주는 것이

다. 그 과정을 거쳐 나온 가설이 실제 식물에서도 맞는지는 별도의 실험으로 확인해야 한다.

참고자료

Han, Y., Wei, H., Wang, X., Li, Y., Zhang, Z., Liu, B., Wen, S., Pan, N., He, H., Qian, Q., & Shang, L. (2026). OASIS, a self-evolving AI scientist that integrates omics data and literature knowledge for plant stress research. *Molecular Plant*. [온라인 선게재; 권·호·쪽 미확인]
<https://doi.org/10.1016/j.molp.2026.09.005>

中国农业科学院深圳农业基因组研究所（大鹏湾实验室）. (2026-09-21). *Molecular Plant* | 基因组所商连光团队开发自进化AI科学家“绿洲”助力作物耐盐碱研究. 中国农业科学院深圳农业基因组研究所（大鹏湾实验室）.
<https://www.agis.org.cn/xwzx/kyjz/b0960d967c964346b50cb50c4886c209.htm>

Lyu, Y., Zhang, X., Zhao, Y., Papakostas, K., Yi, X., Guo, S., Hu, W., Piotrowski, J., Kaliski, J., Urbani, J., Meng, Z., Zhou, L., Ren, Z., & Yan, X. (2026). EvoScientist: Towards Multi-Agent Evolving AI Scientists for End-to-End Scientific Discovery. *arXiv preprint (cs.CL)*. [프리프린트]
<https://arxiv.org/abs/2603.08127>

Ghareeb, A. E., Chang, B., Mitchener, L., Yiu, A., Szostkiewicz, C. J., Shved, D., Gyimesi, G. J., Laurent, J. M., Wright, S. M., Razzak, M. T., White, A. D., Finnemann, S. C., Hinks, M. M., & Rodrigues, S. G. (2026). A

multi-agent system for automating scientific discovery. *Nature*, 655(8122), 497–505. <https://doi.org/10.1038/s41586-026-10652-y>

Srikanth, D., Zhao, B., Xu, D., Wu, Y., & Jiang, Z. (2026). Recursive self-improvement of AI research agents. arXiv preprint. [프리프린트] <https://arxiv.org/abs/2609.26457>

5장: 여러 AI 과학자 사이에서 OASIS가 맡는 일

AI 과학자라는 이름을 쓴다고 해서 모두 같은 일을 하지는 않는다. 어떤 시스템은 컴퓨터 안에서 실험을 수행하고, 어떤 시스템은 질병 치료에 관한 가설을 제안한다. 식물 자료를 찾는 데 초점을 맞춘 시스템도 있다. 서로 비교하려면 먼저 어떤 문제를 풀도록 만들었는지 살펴야 한다.

여기서 에이전트란 목표에 맞춰 자료를 찾거나 도구를 쓰며 작업을 진행하는 AI 프로그램을 뜻한다. 여러 에이전트를 함께 쓰는 시스템은 역할을 나누기도 한다. 자료를 찾는 역할과 결과를 검토하는 역할을 따로 두는 식이다. 이런 구성은 연구의 여러 단계를 연결하려는 방법이지만, 실제 맡는 일의 범위는 시스템마다 다르다.

사카나 AI의 The AI Scientist는 주로 AI와 머신러닝 연구의 자동화를 다룬다. 머신러닝은 컴퓨터가 자료에서 규칙을 배우도록 하는 기술이다. 이 시스템은 연구 아이디어를 만들고, 실험용 코드를 작성하고 실행하며, 결과를 정리하는 과정을 연결한다. 논문 작성과 자동 검토도 연구 대상에 들어간다. 중심 무대는 컴퓨터로 수행하는 연구다.

구글의 Co-Scientist는 연구자가 제시한 목표에 따라 과학적 가설을 만들고 다듬는다. 여러 에이전트가 제안을 만들고 검토하며 순위를 매긴다. 후보끼리 비교하고 수정하는 과정을 거쳐 더 살펴볼 가설을 좁힌다. 컴퓨터 실험의 전 과정을 자동화하는 일과, 검토할 가설의 질을 높이는 일은 목적이 다르다.

Co-Scientist의 적용 사례에는 급성 골수성 백혈병의 치료 후보를 찾는 연구가 있다. 기존 약물을 다른 치료에 쓸 가능성이나 약물 조합을 살피는 방식이다. 간에 흉터 조직이 쌓이는 간섬유화와 항생제 내성에 관한 연구도 다뤘다. 이런 사례에서는 AI가 제안한 가설과 연구진이 실험으로 확인한 결과를 나누어 읽어야 한다.

Biomni는 생의학 연구의 여러 작업을 수행하는 범용 에이전트다. 다양한 도구와 자료, 프로그램 실행 환경을 연결해 분석을 진행한다. 질병과 관련된 유전자 후보를 좁히거나 분자생물학 연구의 작업을 돕는 것이 그 범위에 들어간다. 폭넓은 도구를 연결해 여러 종류의 연구 문제를 다루려는 접근이다.

CellVoyager는 개별 세포에서 얻은 생물학 자료를 분석하는 데 초점을 맞춘다. 그중 단일세포 전사체 자료는 세포마다 어떤 유전자의 정보가 얼마나 읽혔는지 보여 준다. 같은 조직의 세포라도 활동 상태가 다를 수 있

어 세포별 분석이 필요하다. CellVoyager는 이런 자료를 분석하고 가설을 시험하는 작업을 돕는다.

Robin도 OASIS와 구분해야 하는 생명과학 연구 시스템이다. 문헌 검색과 데이터 분석을 연결하고, 실험 결과를 후속 연구에 반영하는 흐름을 다룬다. 적용 사례에는 눈의 중심 시력을 해치는 건성 황반변성의 치료 후보를 찾는 연구가 있다. 생명과학을 다룬다는 공통점만으로 이 성과를 OASIS의 성과로 옮길 수는 없다.

식물을 대상으로 한 에이전트에도 서로 다른 목적이 있다. BotAI는 식물 다양성 자료를 바탕으로 정보를 찾고 탐색하는 일을 돕는다. PotatoAgent는 감자 연구에 초점을 맞춘다. 감자의 여러 생물학 자료와 유전체 자료를 연결해 유전자 탐색 같은 작업을 지원한다. 대상이 식물이라는 점은 같지만, 다루는 자료와 연구 질문은 다르다.

OASIS는 식물이 어려운 환경에 반응하는 문제에 초점을 맞춘다. 소금기, 가뭄, 고온, 저온처럼 생물이 아닌 환경 요인 때문에 받는 부담을 비생물적 스트레스라고 한다. 같은 스트레스라도 식물 종과 유전자에 따라 반응이 달라질 수 있다. OASIS는 이런 차이를 문헌과 생물학 자료를 연결해 살피도록 만들어졌다.

OASIS가 다루는 범위는 애기장대, 벼, 옥수수, 밀, 대두, 육지면의 6개 식물 종이다. 문헌 자료에는 초록 15만 편 이상과 논문 전문 약 1만 5천 편이 포함된다. 초록은 논문의 핵심을 짧게 정리한 글이고, 전문은 논문 전체다. 여기에 유전자 활동과 유전체 차이 등을 넓게 측정한 오믹스 자료를 연결한다.

식물 종이 달라지면 유전자의 이름과 번호, 자료 형식도 달라질 수 있다. 한 식물에서 알려진 유전자의 역할이 다른 식물에서도 이어지는지 살펴려면 이런 차이를 맞춰야 한다. OASIS의 전문성은 식물 스트레스라는 연구 질문에 필요한 자료를 함께 다루는 데 있다. 다른 시스템이 그런 자료를 전혀 다룰 수 없다는 뜻은 아니다.

OASIS는 계획, 검색, 증거 정리, 데이터 조회, 검토, 종합의 역할을 나누어 작업한다. 수행 이력을 재사용할 규칙으로 바꾸는 SEEL도 갖추고 있다. 이 구성은 문헌의 설명과 실제 측정 자료를 연결하려는 목적에 맞춰져 있다. 도구 수가 많거나 역할이 여럿이라는 사실만으로 연구 결과의 가치를 판단할 수는 없다.

AI 과학자를 비교할 때는 어느 시스템이 더 넓은 이름을 가졌는지보다 무엇을 맡길 수 있는지가 중요하다. 컴퓨터 실험, 의학 가설 제안, 세포 분석, 작물 자료 탐색에는 서로 다른 준비가 필요하다. OASIS가 보여 준 가

능성은 식물 스트레스 연구에서 흩어진 근거를 연결하고 검토할 후보를 좁히는 데 있다. 그 범위를 분명히 해야 연구자는 자신의 질문에 맞는 시스템을 고를 수 있다.

참고자료

Han, Y., Wei, H., Wang, X., Li, Y., Zhang, Z., Liu, B., Wen, S., Pan, N., He, H., Qian, Q., & Shang, L. (2026). OASIS, a self-evolving AI scientist that integrates omics data and literature knowledge for plant stress research. *Molecular Plant*. [온라인 선게재; 권·호·쪽 미확인]
<https://doi.org/10.1016/j.molp.2026.09.005>

Gottweis, J., Weng, W.-H., Daryin, A., Tu, T., Sirkovic, P., Myaskovsky, A., Glowaty, G., Weissenberger, F., Orlandi, A., Popovici, D., Palepu, A., Rong, K., Tanno, R., Saab, K., Zhang, F., Blum, J., Carroll, A., Kulkarni, K., Tomashev, N., ... Natarajan, V. (2026). Accelerating scientific discovery with Co-Scientist. *Nature*, 655(8122), 487–496.
<https://doi.org/10.1038/s41586-026-10644-y>

Lu, C., Lu, C., Lange, R. T., Yamada, Y., Hu, S., Foerster, J., Ha, D., & Clune, J. (2026). Towards end-to-end automation of AI research. *Nature*, 651(8107), 914–919.
<https://doi.org/10.1038/s41586-026-10265-5>

Huang, K., Zhang, S., Wang, H., Qu, Y., Lu, Y., Li, R., Roohani, Y., Qiu, L., Cao, S., Li, G., Zhang, J., Yin, D., et al. (2026). Autonomous biomedical

research with an artificial intelligence agent. *Science*, 393(6813), ead4351. <https://doi.org/10.1126/science.adz4351>

Dong, Y., Li, J., Li, F., Luo, J., Jia, Y., Li, D., Wang, L., Su, X., Hu, J., Shang, Y., Huang, S., Zhu, Y., & Jia, Y. (2026). Potato Agent: AI-Driven Data and Knowledge Exploration on an Agent-Ready Potato Multi-Omics Platform. *bioRxiv preprint (openRxiv)*. [프리프린트] <https://doi.org/10.64898/2026.08.12.744101>

Ghareeb, A. E., Chang, B., Mitchener, L., Yiu, A., Szostkiewicz, C. J., Shved, D., Gyimesi, G. J., Laurent, J. M., Wright, S. M., Razzak, M. T., White, A. D., Finnemann, S. C., Hinks, M. M., & Rodrigues, S. G. (2026). A multi-agent system for automating scientific discovery. *Nature*, 655(8122), 497–505. <https://doi.org/10.1038/s41586-026-10652-y>

中国农业科学院深圳农业基因组研究所（大鹏湾实验室）. (2026-09-21). *Molecular Plant* | 基因组所商连光团队开发自进化AI科学家“绿洲”助力作物耐盐碱研究. 中国农业科学院深圳农业基因组研究所（大鹏湾实验室）. <https://www.agis.org.cn/xwzx/kjz/b0960d967c964346b50cb50c4886c209.htm>

Alber, S., Chen, B., Sun, E., Isakova, A., Wilk, A. J., & Zou, J. (2026). CellVoyager: AI CompBio agent generates new insights by autonomously analyzing biological data. *Nature Methods*, 23(4), 749–759. <https://doi.org/10.1038/s41592-026-03029-6>

中国科学院植物研究所. (2026-10-28). 植物所植物科学数据中心团队发布植物多样性智能体BotAI. 中国科学院植物研究所 官网 科研进展. [기관 소식] https://ib.cas.cn/2019gb/kjz2019/202610/t20261028_8299763.html

6장: PlantStressQA 84점이 알려 주는 것과 알려 주지 않는 것

AI가 연구를 얼마나 잘 돕는지 알려면 같은 기준으로 능력을 비교해야 한다. 이를 위해 쓰는 시험이나 평가 기준을 벤치마크라고 한다. 다만 어떤 시험을 치렀는지에 따라 점수의 뜻도 달라진다. 수학 문제를 잘 푼다는 사실만으로 식물 연구 자료를 잘 분석한다고 판단할 수는 없다.

식물 스트레스 연구에서는 글의 뜻을 이해하는 능력만으로 부족하다. 논문에서 필요한 증거를 찾고, 측정 자료를 읽고, 서로 다른 결과가 어떻게 이어지는지 따져야 한다. 유전자의 이름을 안다고 해서 그 유전자가 소금기에 대한 반응에 관여하는지 곧바로 알 수 있는 것은 아니다. 관련 근거를 찾아 연결하는 능력을 따로 평가할 필요가 있다.

PlantStressQA는 이런 연구 문제를 평가하기 위해 만든 문제 모음이다. 전문가들이 마련한 200개 문항으로 구성된다. 식물 스트레스에 관한 지식과 자료를 AI가 얼마나 잘 다루는지 살피는 데 목적이 있다. 평가 범위에는 6개 식물 종과 소금기, 가뭄, 고온, 저온의 4가지 스트레스가 들어간다.

이런 문제를 풀려면 유전자에 관한 설명과 실제 측정 결과를 함께 읽어야 한다. 유전자의 기능은 몸 안에서 어떤 일에 관여하는지를 뜻한다. 유전자 발현은 그 유전자의 정보가 읽혀 사용되는 과정이다. 어떤 환경에서 발현량이 달라졌다는 결과는 기능을 추리할 단서가 되지만, 그것만으로 역할을 확정할 수는 없다.

유전체에서 어떤 위치가 식물의 특징과 관련되는지 찾는 자료도 필요하다. 이때 염색체의 넓은 구간이 단서로 나타날 수 있다. 그 구간에는 여러 유전자가 들어 있을 수 있으므로, 위치를 찾는 일과 원인이 되는 유전자를 고르는 일은 다르다. 문헌과 다른 측정 결과를 함께 살펴야 하는 이유다.

OASIS는 PlantStressQA에서 100점 만점에 84.0점을 받았다. 비교 기준으로 삼은 언어모델들보다 33.9점에서 50.2점 높았다. 이 수치는 점수의 차이다. 성능이 33.9퍼센트에서 50.2퍼센트만큼 올랐다는 뜻으로 바꾸면 안 된다.

과제별 비교에서 가장 큰 차이로 제시된 분야는 군집 변이와 유전 위치 분석이다. 군집 변이는 여러 개체 집단의 유전체에서 나타나는 차이를 다루는 과제다. 이 분야의 격차는 55.6점이었다. 유전 위치 분석은 특정한 특징과 관련된 유전체 위치를 찾는 과제이며, 격차는 52.3점이었다. 전체 평가의 점수 차이와 과제별 점수 차이는 구분해서 읽어야 한다.

이 결과는 OASIS가 해당 평가에서 비교 대상보다 문제를 잘 풀었다는 근거다. 문헌과 측정 자료를 함께 다루도록 만든 시스템이 전문 연구 문제에서 도움이 될 수 있음을 보여 준다. 그러나 전체 점수 하나만으로 어떤 기능이 차이를 얼마나 만들었는지까지 알 수는 없다. 검색, 데이터 조회, 검토, 경험학습의 기여를 나누려면 그에 맞는 비교가 필요하다.

84.0점을 실제 실험의 성공률 84퍼센트로 읽어서도 안 된다. 이 점수는 PlantStressQA 문항에 대한 평가 결과다. AI가 유전자 후보 100개를 제시하면 그중 84개가 실험에서 맞는다는 뜻이 아니다. 모든 종류의 식물 연구에서 같은 성능을 낸다는 보장도 아니다.

평가 문항을 푸는 일과 새로운 연구 문제를 해결하는 일에는 차이가 있다. 실제 연구에서는 필요한 자료가 빠져 있거나 결과가 서로 맞지 않을 수 있다. 생물의 반응은 실험 조건에 따라 달라지기도 한다. 정해진 문제 모음에서 얻은 점수만으로 이런 상황을 얼마나 잘 다룰지 모두 판단하기는 어렵다.

벼의 OsPP2a 사례도 시험 점수와 실험 증거가 다른 종류의 근거임을 보여 준다. 연구진은 여러 차례 질문하며 OASIS의 분석을 이끌었다. OASIS가 우선순위를 정한 5개 후보 가운데 연구진이 OsPP2a를 골라 실제 실험을 수행했다. 그 실험은 이 유전자가 벼의 염 반응에 관여한다는

유전적·분자적 증거를 제공했다. 이는 PlantStressQA의 점수에서 자동으로 따라 나오는 결과가 아니다.

벤치마크는 연구 도구를 고르고 개선할 때 쓸 수 있는 근거다. 어떤 분야에서 비교적 강한지, 어떤 과제에서 차이가 큰지 살피게 해 준다. 다만 점수가 답해 주는 질문의 범위를 지켜야 한다. PlantStressQA의 84.0점은 정해진 식물 스트레스 문제를 다루는 능력의 평가이며, 새 가설의 진위를 대신 판정하는 숫자는 아니다.

참고자료

Han, Y., Wei, H., Wang, X., Li, Y., Zhang, Z., Liu, B., Wen, S., Pan, N., He, H., Qian, Q., & Shang, L. (2026). OASIS, a self-evolving AI scientist that integrates omics data and literature knowledge for plant stress research. *Molecular Plant*. [온라인 선게재; 권·호·쪽 미확인]
<https://doi.org/10.1016/j.molp.2026.09.005>

中国农业科学院深圳农业基因组研究所（大鹏湾实验室）. (2026-09-21). *Molecular Plant* | 基因组所商连光团队开发自进化AI科学家“绿洲”助力作物耐盐碱研究. 中国农业科学院深圳农业基因组研究所（大鹏湾实验室）.
<https://www.agis.org.cn/xwzx/kyjz/b0960d967c964346b50cb50c4886c209.htm>

韩漾. (2026-10-20). AI智能体“绿洲”发布 助力植物抗逆研究. 中国农业科学院（来源：农业基因组研究所，作者韩漾）.

<https://caas.cn/xwzx/kyhd/28164b3f0e7f4996a5749892288670bc.htm>

Bisht, H., Kumar, V., Jablonka, K. M., Mausam, & Krishnan, N. M. A. (2026). Agentic AI Scientists Are Not Built For Autonomous Scientific Discovery. arXiv preprint (cs.AI). [프리프린트]
<https://arxiv.org/abs/2605.08956>

Yu, H., Zhou, S., Huang, M., Ding, L., Chen, Y., Wang, Y., Ren, Y., Cheng, N., Wang, X., Liang, J., Zhang, H., Ding, Y., & Li, K. (2026). PlantScience.ai: An LLM-powered virtual scientist for plant science. *Molecular Plant*, 19(5), 1117–1123.
<https://doi.org/10.1016/j.molp.2026.03.010>

7장: 여러 식물의 단서를 연결해 OsPP2a를 고르다

토양에 소금기가 많이 쌓이면 벼가 자라는 데 어려움을 겪는다. 이런 환경을 견디는 능력을 내염성이라고 한다. 내염성을 높이는 데 도움이 될 유전자를 찾으려면 많은 후보 가운데 실제로 관여할 가능성이 있는 것을 좁혀야 한다. 유전자의 이름을 길게 모으는 것과 실험할 대상을 고르는 것은 다른 일이다.

연구 자료마다 알려 주는 내용도 다르다. 어떤 논문은 유전자가 식물 몸 안에서 맡는 일을 설명한다. 어떤 자료는 소금기를 받았을 때 유전자 활동이 어떻게 달라지는지 보여 준다. 또 다른 자료는 내염성과 관련된 유전체 위치를 알려 준다. 이 단서들이 같은 후보를 가리키는지 살피는 과정이 필요하다.

OASIS의 벼 연구는 AI 혼자 질문을 정하고 끝까지 진행한 사례가 아니다. 연구진이 여러 차례 질문하며 분석을 이끌었다. OASIS는 질문에 따라 문헌과 생물학 자료를 연결하고 후보를 좁혔다. 연구진의 질문과 판단이 분석 과정 안에 들어 있었다.

분석의 출발점에는 애기장대의 조절 유전자 284개가 있었다. 애기장대는 식물의 생명 현상을 연구할 때 널리 쓰는 작은 식물이다. 조절 유전자는 다른 유전자의 활동이나 몸 안의 반응을 조절하는 데 관여한다. 연구진과 OASIS는 애기장대에서 얻은 지식 가운데 벼 연구의 단서가 될 내용을 살폈다.

초기 문헌 탐색에서 OASIS가 정리한 반응에는 이온의 균형과 나트륨·칼륨의 이동, ABA 신호와 삼투 조절이 포함됐다. 삼투 조절은 세포 안팎의 물 이동과 관련된 균형을 조절하는 과정이다. 활성산소(ROS)의 균형, MAPK 신호전달, 칼슘 이온(Ca^{2+}) 신호도 살폈다. 활성산소는 반응성이 큰 산소 관련 물질이고, MAPK 신호전달은 단백질들이 차례로 신호를 전하는 과정이다. 칼슘 이온도 세포 안에서 신호를 전하는 데 쓰인다. 이런 반응들을 정리한 것은 후보를 찾는 바탕이며, OsPP2a가 이 모든 반응을 조절한다고 확인한 것은 아니다.

서로 다른 식물의 유전자를 연결할 때는 상동성을 살핀다. 상동성은 유전자들이 공통 조상에서 비롯되어 닮은 관계를 뜻한다. 이 가운데 종이 나뉘면서 각 종에 이어진 유전자 관계를 직계동형이라고 한다. 이런 관계는 한 식물의 연구 결과를 다른 식물에서 살펴볼 출발점이 된다. 다만 닮은 유전자라고 해서 모든 조건에서 같은 역할을 한다고 단정할 수는 없다.

후보를 살피는 데 쓰인 단서 중 하나는 애기장대의 TAP46이었다. TAP46은 식물 호르몬인 아브시스산, 곧 ABA의 신호와 관련된다. 호르몬은 몸 안에서 반응을 조절하는 신호 물질이다. 이런 문헌 속 작동 원리와 유전자 사이의 닮은 관계를 연결하면, 벼에서 어떤 유전자를 살펴볼지 근거를 얻을 수 있다.

여기에 벼 자체에서 얻은 유전체 자료를 연결했다. 유전체는 한 생물이 지닌 유전 정보 전체다. GWAS는 여러 개체의 유전체 차이와 특징을 비교해 관련 위치를 찾는 분석이다. QTL은 내염성처럼 정도의 차이가 있는 특징과 관련된 염색체 구간을 뜻한다. 이런 자료는 후보 유전자가 벼의 내염성과 관련된 위치에 있는지 살피게 해 준다.

여러 QTL 연구 결과를 모아 분석한 구간은 meta-QTL이라고 한다. 한 연구의 위치 정보에 다른 연구의 단서를 더해 살피는 방법이다. 그러나 그 구간에 유전자가 들어 있다는 사실만으로 원인 유전자라고 확정할 수는 없다. 넓은 구간 안에 여러 후보가 함께 들어 있을 수 있기 때문이다.

eQTL은 유전자의 발현량 차이와 관련된 유전체 위치를 뜻한다. 유전자 발현량은 유전자의 정보가 얼마나 읽혀 사용되는지 보여 주는 값이다. 후보 유전자의 위치가 eQTL 신호의 위치와 겹치는 것을 공위치라고 한다.

위치가 겹친다는 결과도 후보를 검토할 근거가 되지만, 그 자체로 작동 원리를 모두 설명하지는 않는다.

OsPP2a는 이런 여러 단서를 함께 살펴 우선순위를 정한 후보 가운데 하나다. 식별 번호는 LOC_Os12g04290이다. 이 유전자는 애기장대 TAP46과 대응하는 벼 유전자로 검토되었다. 벼 내염성과 관련된 meta-QTL 구간에 있고, eQTL 신호 하나와 위치가 겹친다는 단서도 있었다.

각 단서는 서로 다른 질문에 답한다. 문헌은 관련된 생물학적 반응을 알려 주고, 상동성은 식물 종 사이의 연결을 보여 준다. 벼의 유전체 자료는 그 후보를 벼 안에서 살펴볼 이유를 더한다. 어느 한 단서에만 기대기보다 이 근거들이 어떻게 이어지는지 따져 후보를 좁힌 것이다.

이 과정을 거쳐 OASIS는 5개 후보에 우선순위를 매겼다. 이는 5개 유전자의 내염성 조절 기능이 모두 확인되었다는 뜻이 아니다. 실험으로 살펴볼 가치가 있는 후보를 골라 놓은 단계다. 연구진은 그 가운데 OsPP2a를 검증 대상으로 선택했다. OsPP2a의 벼 내염성 조절 참여는 이전에 직접 보고되지 않았다는 점도 이 후보를 살펴볼 이유였다.

이런 분석은 이미 알려진 내용을 찾아 옮기는 일보다 더 나아간다. 다른 식물에서 알려진 작동 원리와 벼에서 얻은 자료를 연결해 새로 시험할 가

설을 만든다. 다만 검색증강생성인 RAG가 요약만 할 수 있다는 뜻은 아니다. RAG는 외부 자료를 찾아 답을 만드는 방식이며, 그 자료를 바탕으로 추론을 돕는 데도 쓸 수 있다. 이 사례의 핵심은 특정 기술의 이름보다 후보를 뒷받침하는 근거를 어떻게 연결했는지에 있다.

OsPP2a를 고른 뒤에는 실제 벼를 대상으로 확인하는 단계가 필요했다. 연구진의 후속 실험은 이 유전자가 벼의 염 스트레스 반응에 관여한다는 증거를 제공했다. 후보 선정 단계에서 세운 가설과 실험으로 얻은 증거는 구별해야 한다. 284개의 애기장대 유전자에서 출발한 탐색은 벼에서 직접 물어볼 수 있는 연구 질문으로 좁혀졌다.

참고자료

Han, Y., Wei, H., Wang, X., Li, Y., Zhang, Z., Liu, B., Wen, S., Pan, N., He, H., Qian, Q., & Shang, L. (2026). OASIS, a self-evolving AI scientist that integrates omics data and literature knowledge for plant stress research. *Molecular Plant*. [온라인 선게재; 권·호·쪽 미확인]
<https://doi.org/10.1016/j.molp.2026.09.005>

中国农业科学院深圳农业基因组研究所（大鹏湾实验室）. (2026-09-21). *Molecular Plant* | 基因组所商连光团队开发自进化AI科学家“绿洲”助力作物耐盐碱研究. 中国农业科学院深圳农业基因组研究所（大鹏湾实验室）.
<https://www.agis.org.cn/xwzx/kyjz/b0960d967c964346b50cb50c4886c209.htm>

韩漾. (2026-10-20). AI智能体“绿洲”发布 助力植物抗逆研究. 中国农业科学院 (来源：农业基因组研究所，作者韩漾) .

<https://caas.cn/xwzx/kyhd/28164b3f0e7f4996a5749892288670bc.htm>

Gao, J., Kim, T.-H., Baek, D.-H., Lee, C.-J., Park, W.-G., Yun, S. D., & Kim, S.-M. (2026). Integrative genomic and transcriptomic dissection of salt tolerance for Japonica rice improvement. *Frontiers in Plant Science*, 16, Article 1751273. <https://doi.org/10.3389/fpls.2025.1751273>

8장: AI가 낸 가설을 실제 버로 확인하다

컴퓨터가 어떤 유전자를 연구할 후보로 골랐다고 해서 그 유전자의 역할이 밝혀지는 것은 아니다. 유전자는 생물이 자라고 살아가는 데 필요한 정보를 담은 DNA의 한 부분이다. 자료를 분석하면 유전자의 역할을 짐작할 수 있다. 그 짐작이 실제 생물에서도 맞는지 알려면 실험으로 확인해야 한다.

OASIS의 버 연구에서도 이 두 과정은 구분되어 있었다. OASIS는 논문과 생물학 자료를 연결해 소금에 건디는 능력과 관련이 있을 만한 유전자를 추렸다. 인간 연구진은 분석 방향을 이끌고 실험 대상을 골랐다. 실제 버를 기르고 소금에 대한 반응을 측정한 주체도 인간 연구진이었다.

연구진은 한 번 질문한 뒤 결과를 기다리기만 하지 않았다. 여러 차례 질문하면서 분석을 이끌었다. OASIS는 연구에 자주 쓰이는 식물인 애기장대의 조절 유전자 284개를 출발점으로 삼았다. 이어 버의 비슷한 유전자, 논문에 나온 작동 원리, 버의 유전 자료를 연결했다. 이 과정을 거쳐 연구할 후보 5개의 우선순위를 정했다.

연구진은 그 가운데 OsPP2a를 실험 대상으로 골랐다. 이 유전자를 자료에서 구별하는 이름은 LOC_Os12g04290이다. 후보를 고르는 일은 실험의 출발점을 정하는 판단이었다. OASIS가 제시한 근거를 검토한 뒤, 실제 벼에서 그 역할을 확인하기로 한 것이다.

살아 있는 식물이나 세포, 시약을 직접 다루는 실험을 습식 실험이라고 부른다. 컴퓨터 안에서 자료를 비교하는 분석과 달리, 생물이 주어진 조건에서 어떻게 반응하는지 관찰하는 과정이다. OsPP2a를 연구할 때도 자료 속 연결이 실제 벼의 변화로 나타나는지 확인하는 일이 필요했다.

연구진은 OsPP2a 유전자의 기능이 상실된 벼 두 계통을 조사했다. 두 계통은 서로 독립적인 Ospp2a 돌연변이 계통이었다. 돌연변이 계통은 유전 정보에 변화가 생긴 식물 무리를 뜻한다. 연구진은 이 벼들을 비교 기준이 되는 일반형 벼와 함께 살펴보았다.

실험에서는 어린 벼에 150 mM NaCl 조건을 주었다. NaCl은 소금의 주 성분인 염화나트륨이고, mM은 용액의 농도를 나타내는 단위다. 이 조건에서 벼가 소금 때문에 받는 부담을 염 스트레스라고 한다. 연구진은 일반형 벼와 돌연변이 벼가 같은 염 처리에 어떻게 반응하는지 비교했다.

두 Ospp2a 돌연변이 계통은 일반형 벼보다 소금에 더 민감한 모습을 보였다. 소금에 견디는 능력이 좋아진 것이 아니라, 소금의 영향을 더 크게

받은 것이다. 염 처리를 마치고 정상 조건으로 옮긴 뒤에도 차이가 나타났다. 돌연변이 벼는 회복 과정에서 살아남은 비율이 더 낮았다.

겉으로 드러나는 반응과 생존율만으로는 벼 안에서 어떤 변화가 일어났는지 알기 어렵다. 연구진은 식물체 안에 들어 있는 이온의 양도 측정했다. 이온은 전기를 띠는 작은 입자다. 여기서 살펴본 것은 나트륨 이온인 Na^+ 와 칼륨 이온인 K^+ 였다.

염 스트레스 조건에서 돌연변이 벼에는 나트륨 이온이 더 많이 쌓였다. 나트륨과 칼륨 사이의 균형도 달라졌다. 칼륨에 견준 나트륨의 비율인 Na^+/K^+ 비율이 높아진 것이다. 이 결과는 돌연변이 벼의 염 민감성이 식물체 안의 이온 변화와 함께 나타났음을 보여준다.

연구진은 유전자가 얼마나 발현되는지도 조사했다. 유전자 발현은 유전 정보가 읽혀 작동에 쓰이는 과정이다. 그 과정에서 만들어지는 RNA의 양을 측정하면 발현 정도를 살펴볼 수 있다. 연구진이 쓴 RT-qPCR은 특정 유전자에서 나온 RNA의 양을 비교하는 방법이다.

이 분석에서는 나트륨 이동과 관련된 OsSOS1과 OsHKT1;5 유전자를 살펴보았다. Ospp2a 돌연변이 벼에서는 두 유전자의 발현 수준에 변화가 나타났다. 이는 생존율과 이온 함량 측정에 더해, 유전자 발현에서도

차이가 있음을 보여주는 결과였다. 다만 이 결과만으로 두 유전자가 변한 모든 이유나 세포 안의 전체 작동 과정까지 밝혀졌다고 할 수는 없다.

실험에서 얻은 증거들은 서로 다른 측면을 보여준다. 염 처리 뒤의 생존율은 벼가 받은 영향을 보여준다. 이온 측정은 나트륨과 칼륨의 상태를 알려준다. 유전자 발현 분석은 분자 수준의 변화를 살펴보게 한다. 이 결과들을 함께 보면 OsPP2a가 벼의 염 스트레스 반응에 관여한다는 근거가 된다.

이때 실험 결과가 말하는 범위를 지키는 일이 중요하다. 연구진은 두 독립 돌연변이 계통을 정해진 염 처리 조건에서 비교했다. 그 결과는 OsPP2a의 역할을 뒷받침하는 유전·분자 수준의 증거다. 모든 재배 환경에서 같은 효과가 나타난다거나, 이 유전자만 바꾸면 소금에 강한 벼를 만들 수 있다는 뜻까지 담고 있지는 않다.

이 연구에서 AI의 분석은 무엇을 시험할지 좁히는 데 기여했다. 인간 연구진은 그 제안을 검토해 실험 대상을 정하고, 비교 조건을 마련하고, 결과를 측정했다. 자료에서 나온 가설과 실제 벼에서 얻은 증거가 연결되려면 이 과정들이 모두 필요했다.

실험 결과를 해석할 때도 같은 구분이 이어진다. AI가 낸 설명에 맞춰 관찰을 읽는 대신, 관찰한 결과가 그 설명을 얼마나 뒷받침하는지 따져야 한

다. OsPP2a 연구의 의미는 AI의 제안을 그대로 정답으로 받아들였다는 데 있지 않다. 시험할 수 있는 가설을 실제 식물에 묻고, 그 답을 여러 종류의 측정으로 확인했다는 데 있다.

참고자료

Han, Y., Wei, H., Wang, X., Li, Y., Zhang, Z., Liu, B., Wen, S., Pan, N., He, H., Qian, Q., & Shang, L. (2026). OASIS, a self-evolving AI scientist that integrates omics data and literature knowledge for plant stress research. *Molecular Plant*. [온라인 선게재; 권·호·쪽 미확인]
<https://doi.org/10.1016/j.molp.2026.09.005>

中国农业科学院深圳农业基因组研究所（大鹏湾实验室）. (2026-09-21). *Molecular Plant* | 基因组所商连光团队开发自进化AI科学家“绿洲”助力作物耐盐碱研究. 中国农业科学院深圳农业基因组研究所（大鹏湾实验室）.
<https://www.agis.org.cn/xwzx/kyjz/b0960d967c964346b50cb50c4886c209.htm>

韩漾. (2026-10-20). AI智能体“绿洲”发布 助力植物抗逆研究. 中国农业科学院（来源：农业基因组研究所，作者韩漾）.
<https://caas.cn/xwzx/kyhd/28164b3f0e7f4996a5749892288670bc.htm>

농촌진흥청. (2026-08-20). 농촌진흥청, 벼 '염 스트레스' 내성 조절 유전자 기능 규명. 대한민국 정책브리핑.
<https://m.korea.kr/briefing/pressReleaseView.do?gubun=pressRelease&newsId=156774969&pageIndex=1&repCode=B00006>

Gottweis, J., Weng, W.-H., Daryin, A., Tu, T., Sirkovic, P., Myaskovsky, A., Glowaty, G., Weissenberger, F., Orlandi, A., Popovici, D., Palepu, A., Rong, K., Tanno, R., Saab, K., Zhang, F., Blum, J., Carroll, A., Kulkarni, K., Tomashev, N., ... Natarajan, V. (2026). Accelerating scientific discovery with Co-Scientist. *Nature*, 655(8122), 487–496.
<https://doi.org/10.1038/s41586-026-10644-y>

9장: 무엇을 묻고 어떤 결론을 내릴지는 사람이 정한다

AI가 연구할 후보를 제안하면 사람은 무엇을 해야 할까. 결과를 받아 실험하는 일만 남는 것은 아니다. 무엇을 알아낼지 정하고, 어떤 근거를 믿을지 따지고, 어디까지 결론을 내릴지 판단해야 한다. AI가 연구에 더 깊이 참여할수록 이런 선택의 무게도 커진다.

자료를 빠르게 분석하는 능력과 자연을 정확히 설명하는 능력은 같은 뜻이 아니다. 컴퓨터가 여러 자료 사이에서 연결을 찾았더라도, 그 연결이 실제 생물에서 어떤 역할을 하는지는 별도로 확인해야 한다. 잘 정리된 설명이나 자신 있게 쓴 문장도 실험 증거를 대신하지 못한다.

가설은 관찰한 현상을 설명하기 위해 세우는 생각이다. 가설에는 확인할 가치가 있지만, 틀릴 가능성도 남아 있다. AI가 가설을 많이 제안한다고 해서 그만큼 많은 사실이 밝혀지는 것은 아니다. 어떤 가설을 시험할지 고르는 판단과 시험 결과를 해석하는 과정이 뒤따라야 한다.

여기서 연구의 막힘이 생길 수 있다. 제안은 빠르게 늘어나는데 실험에 쓸 시간과 비용, 장비는 한정되어 있기 때문이다. 확인해야 할 후보가 쌓여 연구가 더 나아가기 어려운 상태를 검증의 병목이라고 한다. 이때 필요한

것은 후보 목록을 더 길게 만드는 일만이 아니다. 근거를 비교해 먼저 시험할 대상을 정하는 일이다.

좋은 연구 질문은 탐색의 방향을 잡아준다. 무엇을 알아내려는지, 어떤 생물을 대상으로 삼는지, 어떤 조건에서 확인할지를 정해야 한다. 목표가 흐리면 자료를 많이 모아도 무엇이 중요한 근거인지 가리기 어렵다. 연구자는 AI에게 일을 맡기기 전에 이런 기준을 세우고, 분석 도중에도 질문을 다듬어야 한다.

OASIS의 벼 연구에서는 인간 연구진이 여러 차례 질문하며 분석을 이끌었다. OASIS는 자료를 연결해 유전자 후보 5개의 우선순위를 정했다. 그 가운데 OsPP2a를 실제 실험 대상으로 고른 쪽은 연구진이었다. 분석 과정의 제안과 연구를 진행할 결정이 어떻게 이어졌는지 보여주는 사례다.

후보를 고를 때는 추천 순위만 보아서는 부족하다. 어떤 자료가 그 후보를 뒷받침하는지, 자료 사이에 맞지 않는 부분은 없는지 살펴야 한다. 서로 다른 식물에서 얻은 근거를 연결했다면, 한 식물에서 알려진 역할이 다른 식물에서도 같을지 물어야 한다. 자료가 가리키는 가능성과 이미 확인된 사실을 구별하는 일이 필요하다.

연구자는 AI의 답이 어디에서 왔는지도 확인해야 한다. AI는 없는 내용을 사실처럼 제시하거나, 자료의 뜻을 잘못 읽을 수 있다. 서로 떨어져 있는

자료를 연결하는 과정에서 중요한 조건을 놓칠 수도 있다. 답이 매끄럽다는 이유로 믿기보다, 근거 자료와 그 자료가 말하는 범위를 함께 살펴야 한다.

그 뒤에는 가설에 맞는 시험을 설계해야 한다. 무엇을 비교 기준으로 삼을지, 어떤 조건을 줄지, 무엇을 측정할지에 따라 답할 수 있는 질문이 달라진다. OsPP2a 연구에서는 돌연변이 벼와 일반형 벼를 비교하고, 생존율과 이온 함량, 유전자 발현을 조사했다. 연구자는 이런 측정이 처음의 질문에 어떤 답을 주는지 해석해야 한다.

기대한 결과가 나오더라도 결론의 범위는 따져야 한다. 정해진 실험 조건에서 얻은 증거를 모든 상황에 적용할 수는 없다. OsPP2a 실험은 이 유전자가 벼의 염 스트레스 반응에 관여한다는 근거를 제공했다. 그 사실을 곧바로 모든 환경에서 소금에 강한 벼를 만들 수 있다는 결론으로 넓히면 증거보다 앞서 나가게 된다.

AI가 경험을 바탕으로 작업 절차를 고치는 기능을 갖추더라도 이 원칙은 달라지지 않는다. OASIS의 자기진화 경험학습인 SEEL은 수행 이력과 오류를 고친 경험을 다시 쓸 절차 규칙으로 바꾸는 방식이다. 검증된 경험을 모아 두는 일과 새로운 가설이 생물학적으로 맞는지 확인하는 일은 서로 다르다. 과거에 도움이 된 절차가 이번 결론까지 보증하지는 않는다.

연구 결과를 다루는 책임도 남는다. 자료를 유리한 쪽으로만 고르거나, 기대와 다른 결과를 숨기면 연구에 대한 신뢰가 무너진다. 사람과 환경에 영향을 줄 수 있는 연구라면 그 위험도 검토해야 한다. AI가 분석에 참여했다는 사실은 연구자가 이런 판단과 설명의 책임에서 벗어나는 이유가 될 수 없다.

AI의 제안이 연구할 가치가 있는지 판단하려면 빠른 답보다 깊은 질문이 필요하다. 이 가설을 확인하면 무엇을 알게 되는가. 지금 가진 근거로 시험할 수 있는가. 결과가 예상과 달라도 배울 것이 있는가. 연구자는 이런 질문으로 한정된 자원을 어디에 쓸지 결정한다.

사람의 역할이 자료를 찾고 정리하는 일에만 머물 필요는 없다. AI의 도움으로 그 일을 줄일 수 있다면, 질문과 실험, 해석을 더 세심하게 다룰 여지가 생긴다. 다만 그런 변화가 저절로 이루어지는 것은 아니다. 연구자가 분석의 근거를 이해하고 결과를 비판적으로 살필 때 가능한 변화다.

연구의 끝에서 남겨야 할 것은 확인한 내용과 아직 모르는 내용의 경계다. 그 경계를 분명히 그으면 다른 연구자도 결과를 검토하고 새로운 질문을 세울 수 있다. AI가 아무리 설득력 있는 답을 내놓아도, 그 답을 어느 범위에서 받아들일지 판단하고 설명하는 일은 연구를 맡은 사람에게 남는다.

참고자료

Han, Y., Wei, H., Wang, X., Li, Y., Zhang, Z., Liu, B., Wen, S., Pan, N., He, H., Qian, Q., & Shang, L. (2026). OASIS, a self-evolving AI scientist that integrates omics data and literature knowledge for plant stress research. *Molecular Plant*. [온라인 선게재; 권·호·쪽 미확인]
<https://doi.org/10.1016/j.molp.2026.09.005>

刘祯. (2026-08-24). 【新华社】从“工具”到“搭档” AI应怎样助力科研. 新华社 (中国科学院转载) .
https://www.cas.cn/cm/202608/t20260824_5118852.shtml

한국과학기술한림원. (2026-07-14). AI Scientist 시대, 인간 과학자의 자리.
YouTube. [동영상] https://www.youtube.com/watch?v=WxsUB_-eCYo

Bisht, H., Kumar, V., Jablonka, K. M., Mausam, & Krishnan, N. M. A. (2026). Agentic AI Scientists Are Not Built For Autonomous Scientific Discovery. *arXiv preprint (cs.AI)*. [프리프린트]
<https://arxiv.org/abs/2605.08956>

김영길, 이용주, 임수중, 송화전, 정문영, & 권오욱. (2026). AI Scientist 기술 개발 동향. *전자통신동향분석*, 41(5), 72–84.
<https://doi.org/10.22648/ETRI.2026.J.410507>

中国农业科学院深圳农业基因组研究所 (大鹏湾实验室) . (2026-09-21). *Molecular Plant* | 基因组所商连光团队开发自进化AI科学家“绿洲”助力作物耐盐碱研究. 中国农业科学院深圳农业基因组研究所 (大鹏湾实验室) .
<https://www.agis.org.cn/xwzx/kyjz/b0960d967c964346b50cb50c4886c209.htm>

에필로그: 더 많은 답 앞에서 더 좋은 질문을

농업이 마주한 질문은 실험실 안에서 끝나지 않는다. 가뭄과 더위, 토양의 소금기는 작물이 자라는 데 부담을 준다. 이런 환경에서 작물이 어떻게 견디는지 알아내는 일은 안정적으로 식량을 생산하려는 노력과 이어져 있다. 작은 유전자의 역할을 묻는 연구도 그 큰 질문의 한 부분이다.

그 답을 찾기 위해 생명과학은 많은 자료를 쌓아 왔다. 생물의 유전 정보를 읽고, 어떤 유전자가 얼마나 작동하는지 조사하며, 조건에 따른 변화를 기록한다. 자료가 늘면 찾을 수 있는 연결도 많아진다. 하지만 자료가 많다는 이유만으로 중요한 연결이 저절로 드러나는 것은 아니다.

과학 연구를 돕는 AI는 그 사이에서 새로운 일을 맡고 있다. 떨어져 있던 자료를 함께 살피고, 사람이 시험해 볼 만한 설명을 제안한다. OASIS의 의미도 자료를 모으는 데서 멈추지 않고 실험으로 이어질 후보를 제시했다는 데 있다. 그 후보 가운데 하나는 연구진의 선택과 실제 버를 이용한 실험을 거쳐 염 반응에 관여한다는 증거를 얻었다.

이 증거의 가치는 모든 질문을 끝냈다는 데 있지 않다. 무엇을 더 물을 수 있는지 구체적으로 보여주었다는 데 있다. 정해진 조건에서 확인한 결과

는 다음 판단의 근거가 된다. 동시에 아직 확인하지 못한 조건과 설명은 남는다. 아는 것과 모르는 것을 구별할 때 연구는 앞으로 나아갈 수 있다.

AI가 제안을 더 많이 내놓을수록 선택은 더 중요해진다. 실험에 쓸 시간과 비용은 한정되어 있다. 제안의 수보다 어떤 질문에 그 자원을 쓸지 따지는 능력이 연구의 방향을 가른다. 그 판단에는 근거의 탄탄함과 시험할 수 있는 가능성, 질문이 지닌 가치가 함께 들어가야 한다.

기후 변화에 대응할 작물을 연구하는 일에서도 가능성과 성과를 구별해야 한다. 유전자의 역할을 이해한 결과가 곧바로 새로운 품종이나 농업 현장의 해결책이 되는 것은 아니다. AI가 그 간격을 모두 메웠다고 말하기보다, 어떤 단계의 탐색을 도왔는지 정확히 밝히는 편이 연구의 가치를 더 잘 드러낸다.

속도를 높이려는 노력과 근거를 꼼꼼히 살피는 태도는 함께 갈 수 있다. AI가 자료를 연결하는 동안 사람은 그 연결이 타당한지 물을 수 있다. 실험이 예상과 다른 답을 내놓으면 처음의 설명을 고칠 수 있다. 중요한 것은 처음 낸 답을 지키는 일이 아니라, 얻은 증거에 맞춰 생각을 바꾸는 일이다.

연구에 대한 신뢰는 큰 약속보다 확인할 수 있는 근거에서 자란다. 어떤 자료를 보았는지, 어떤 조건에서 시험했는지, 결과가 어디까지 말해 주는

지 드러내야 한다. 그래야 다른 사람도 그 결과를 살피고 이어서 연구할 수 있다. AI가 참여하는 과학에서도 이 기준은 그대로 필요하다.

AI와 함께하는 과학의 가능성은 아직 정해진 결말이 아니다. 어떤 질문을 던지고 어떤 증거를 요구하느냐에 따라 그 쓰임이 달라진다. 더 많은 답을 얻는 힘을 더 좋은 질문으로 이어 가는 것, 그리고 답이 닿는 곳과 닿지 못하는 곳을 정직하게 밝히는 것이 탐구를 이어 가는 길이다.

참고자료

Han, Y., Wei, H., Wang, X., Li, Y., Zhang, Z., Liu, B., Wen, S., Pan, N., He, H., Qian, Q., & Shang, L. (2026). OASIS, a self-evolving AI scientist that integrates omics data and literature knowledge for plant stress research. *Molecular Plant*. [온라인 선게재; 권·호·쪽 미확인]
<https://doi.org/10.1016/j.molp.2026.09.005>

한국과학기술한림원. (2026-07-14). AI Scientist 시대, 인간 과학자의 자리. YouTube. [동영상] https://www.youtube.com/watch?v=WxsUB_-eCYo

刘祯. (2026-08-24). 【新华社】从“工具”到“搭档” AI应怎样助力科研. 新华社 (中国科学院转载).
https://www.cas.cn/cm/202608/t20260824_5118852.shtml

윤시아. (2026-10-12). 과학의 다음 질문, 이제 AI가 고른다. MIT 테크놀로지 리뷰 코리아 (MIT Technology Review Korea).
<https://www.technologyreview.kr/과학의-다음-질문-이제-ai가-고른다/>

김영길, 이용주, 임수중, 송화전, 정문영, & 권오욱. (2026). AI Scientist 기술 개발 동향. 전자통신동향분석, 41(5), 72-84.

<https://doi.org/10.22648/ETRI.2026.J.410507>

中国农业科学院深圳农业基因组研究所（大鹏湾实验室）. (2026-09-21). Molecular Plant | 基因组所商连光团队开发自进化AI科学家“绿洲”助力作物耐盐碱研究. 中国农业科学院深圳农业基因组研究所（大鹏湾实验室）.

<https://www.agis.org.cn/xwzx/kyjz/b0960d967c964346b50cb50c4886c209.htm>

© 2026 김경진. All rights reserved.

KIMKJ.COM