

AI科學家的登場

協助植物研究的OASIS故事



Kim Kyungjin 律師

KIMKJ.COM

序言：尋找資料並提出假說的AI科學家的登場

在生命科學研究中，需要閱讀的論文和需要分析的資料不斷累積。生命科學是研究生物如何生存以及如何對環境做出反應的學問。探討植物如何在鹽分高的土地中生存也屬於這個領域。研究者不能只停留在閱讀論文，還必須連結不同的實驗結果來找出背後的原因。

觀察生物體內的資料也有很多種。基因是DNA的一部分，包含構建和維持生物體所需的資訊。生物擁有的全部遺傳資訊稱為基因體。廣泛調查基因運作程度、產生哪些蛋白質與物質的研究，統稱為體學。將這些資料放在一起觀察，就能找出僅憑單一種類資料難以發現的關聯。

然而，資料多並不代表答案會自然顯現。每篇論文的實驗條件都不相同，保存資料的地方和標示方式也不一樣。要確認一項研究中找到的基因是否與另一項研究中的基因相同，也需要耗費時間。研究者要閱讀並連結所有需要的資訊，變得越來越困難。

為了減輕這種負擔，人工智慧進入了研究領域。AI協助尋找文獻、整理長文並分析資料。如今更出現了增加擬定研究計畫、使用所需

工具以及檢視結果等功能的系統。經過多個步驟來協助科學研究的這類系統，被稱為AI科學家。

AI科學家提出的假說，是尚未得到確認的解釋。在科學中，假說必須既能解釋觀察結果，又能透過實驗或分析來檢驗。尋找某個基因與植物鹽害相關的論文，和連結多種資料以提出新的研究候選對象，是兩件不同的事。後者需要仔細推敲各項資料支持了何種關係的過程。

OASIS是為了研究植物對困境反應過程而打造的AI科學家。由中國農業科學院深圳農業基因體研究所的Lianguang Shang(商连光)研究團隊等人開發。崖州灣國家實驗室與鹽鹼地綜合利用國家技術創新中心也參與了共同開發。鹽鹼地是指鹽分高或鹼性強、農作物難以生長的土地。

OASIS處理的環境包括鹽害、乾旱、高溫與低溫。鹽害是指因鹽分過多而使植物受到的損害。植物在這種環境下承受的負擔稱為非生物逆境。這是為了與害蟲或病原菌等活體生物引起的損害相區分的詞彙。OASIS的設計是透過連結6種植物的相關文獻與生物學資料，來回答研究問題。

在這個系統內部，有6個負責不同任務的AI代理。代理是根據給定目標執行必要工作的AI組成要素。在OASIS中，它們分工負責擬定計畫、尋找資料、篩選證據、查詢數據、檢視進展情況以及整合結果。這種架構的重點在於接續進行多個步驟的工作，而不是只給出單一次的回答。

它還具備重新運用過去工作經驗的功能。自我進化經驗學習，即SEEL，能從工作歷程與修正錯誤的經驗中，取得可重複使用的程序規則。然而，擁有累積經驗的功能，並不代表新的答案都會正確。確認規則是否有幫助，與檢驗研究假說是否正確，這兩件事必須加以區分。

研究人員透過研究用評估題目與水稻實驗案例，檢視了OASIS的能力。能把評估題目解得很好這項事實，是判斷其尋找並連結資料能力的依據。以實際植物為對象的實驗，則是確認所提出的候選對象是否與生物反應相關的依據。這兩種結果回答了不同的問題。

在水稻案例中，研究團隊透過多次提問來引導分析。OASIS連結相關資料，為5個候選基因排定了優先順序。研究團隊從中選出OsPP2a進行實際實驗。實驗結果提供了該基因參與水稻鹽逆境反應的證據。

AI科學家的登場讓人重新思考研究者該承擔的工作。即便能迅速找出資料之間的關係，仍然需要決定要研究什麼，並判斷該相信哪項證據。將看似合理的解釋修整為可檢驗的假說，以及在實際結果與預期不同時探究原因的過程依然不可或缺。AI給出的答案價值，取決於可以查證的根據，而非句子的自信程度。

參考資料

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/kjyz/b0960d967c964346b50cb50c4886c209.htm>

目錄

序言：尋找資料並提出假說的AI科學家的登場

第1章：從資料中尋找答案與建立假說

第2章：論文與生物學資料雖多卻難以找到答案的原因

第3章：分工承擔OASIS工作的6個AI代理

第4章：將失敗轉化為後續研究規則的SEEL

第5章：在眾多AI科學家中OASIS所承擔的工作

第6章：PlantStressQA 84分告訴我們的事與沒告訴我們的事

第7章：連結多種植物的線索選出OsPP2a

第8章：以實際水稻驗證AI提出的假說

第9章：要問什麼以及該下什麼結論由人來決定

尾聲：在更多答案面前提出更好的問題

第1章：從資料中尋找答案與建立假說

研究者在論文中尋找答案與建立新假說的工作是相連的。若想了解某個基因是否與植物的鹽害相關，必須先閱讀既有的研究。然而，即使找到了相關論文，也不能說該基因在其他植物中也會做同樣的事情。在這之間，需要確認追加資料並檢驗解釋的過程。

大型語言模型是透過學習大量文章來生成符合提問句子的AI。通常以縮寫LLM來稱呼。研究者可以利用這種模型來整理長篇論文，或請它解釋陌生的名詞。然而，自然的句子並不等於準確的答案。模型將不實內容描繪得煞有介事的現象稱為幻覺。

減少這個問題的方法之一是檢索增強生成，也就是RAG。RAG是尋找與提問相關的外部資料並同時提供給AI的方式。AI參考該資料來生成答案。這有助於在答案中反映學習時未接觸到的資訊，或提出作為答案根據的文件。

如果將RAG理解為僅能進行文獻摘要的技術，就會弄錯它的應用範圍。利用檢索到的資料，也可以比較多項根據並建構解釋。在具備研究計畫或數據分析功能的系統中，也可以使用RAG。然而，在檢

索資料來生成答案的功能中，並不會自然包含選擇分析工具與檢驗假說的程序。

差異在於為了回答問題需要進行何種工作。詢問已知基因功能的問題，可以透過文獻檢索獲得答案。相對地，若要挑選尚未確認功能的基因作為研究候選對象，則需要多種證據。必須同時檢視其在其他植物中的功能、遺傳資訊的相似性，以及實驗資料的變化。

正確區分專業術語也很重要。在植物研究中，ABA代表名為離層酸的植物荷爾蒙。荷爾蒙是在生物體內調節反應的訊息物質。離層酸參與植物對乾燥環境等做出反應的過程。由於相同的縮寫在其他領域可能有不同的意義，因此必須結合上下文來解讀。

對於FT和CO，也不能單看文字就揣測其涵義。FT是與開花過程相關的基因名稱。CO是調節基因運作過程的蛋白質名稱。像CO這樣調節特定基因運作的蛋白質稱為轉錄因子。兩個名稱同時出現的事實，與其中一個如何調節另一個的解釋，是彼此不同的資訊。

整理這種關係的方法之一是知識圖譜。這是將基因和蛋白質等對象分別標示，並連結對象之間關係的資料。可以順著關係追蹤哪種蛋白質調節了哪個基因的運作。它超越了單純尋找詞彙相似的文件，進一步協助檢視生物學上的連結。

PlantScience.ai是以植物學知識為基礎來回答問題的獨立AI系統。它透過自動整理科學知識的AutoSKG建立了知識圖譜。並在此結合了區分文件中基因與蛋白質等名稱的功能。接收到提問時，它會同時進行尋找語義相近資料的檢索，以及沿著知識圖譜關係前進的探索。這種方式被稱為基於圖譜的RAG。

PlantScience.ai將找到的關係串連為知識鏈，藉此提出答案的根據。在以專家挑選的1,770個題目進行評估時，根據比較的通用語言模型不同，在73.1~87.6%的題目中展現了更好或相近的結果。這個數值並不代表所有問題的答對率，而是相較於比較對象表現優秀或相當的題目比例。

僅憑善於找出文獻中關係的能力，無法解決所有的研究問題。研究者還會同時檢視測量基因運作量的數值，以及植物特徵發生改變的位置資訊。此時，轉錄體是指細胞中基因資訊轉錄為RNA的全部結果。比較轉錄體，就能檢視隨條件變化哪些基因的運作發生了改變。

QTL是與株高或耐鹽害程度等以數值呈現的特徵相關的基因體區段。eQTL是與基因運作量差異相關的基因體位置。即使某個區段與植物特徵相關，也不能立刻斷定其中的特定基因就是原因。必須進

一步連結文獻的解釋與實際測量資料，才能縮小研究候選對象的範圍。

結合AI代理的研究系統將這項工作劃分為多個步驟。將研究問題轉化為細部任務，並尋找所需的文獻與數值資料。接著檢視資料是否支持假說並整理結果。依系統不同，有時也包含撰寫或執行分析程式碼的功能。執程式碼是進行運算的過程，並不保證該結果的生物學意義。

OASIS在植物逆境研究中劃分角色，以連結文獻與多體學資料。它同時執行在文獻中尋找作用機制的工作，以及在數據中查詢相關證據的工作。審查角色負責確認是否涵蓋了需要證據的範圍，以及是否完成了任務。這不能被視為能過濾掉所有幻覺或邏輯錯誤的機制。

在水稻研究案例中，發現也不是透過單一次提問就完成的。研究團隊透過多次提問來引導分析，OASIS在此過程中連結了各個候選對象的依據。研究團隊從提出的候選對象中選擇了實際進行實驗的對象。這個案例所展現的差異，比起是否存在檢索，更在於連結資料以縮小待檢驗候選對象範圍的工作範疇。

建立假說的AI也有其侷限。Bisht研究團隊的批判性研究指出了AI高度依賴已出版文章的問題。在研究現場親身體會到的訣竅或未公開的失敗結果，很難僅透過論文充分學習。由於存在未顯現在學習資料中的條件，文字上看似具有說服力的提議，在實際實驗中可能並不相符。

設置多個代理並不代表假說就會自然變得多樣化。為了迎合人類評估與偏好而調整回答的模型，可能會趨向於相似的解釋。Bisht研究團隊將此討論為假說多樣性減少的風險。即使多個回答一致，也不等於匯集了彼此獨立的實驗證據。

從資料中尋找答案的能力與建立假說的能力並非競爭關係。準確的檢索是假說的起點，而假說則提示了該進一步尋找哪些資料。研究所需要的是延續這個過程，並確認每個步驟的根據。如果提出了新的候選對象，就必須解釋為何是該對象，且用什麼來檢驗也必須明確。

參考資料

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 선게재; 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)*. [프리프린트]
<https://arxiv.org/abs/2603.08127>

第2章：論文與生物學資料雖多 卻難以找到答案的原因

農作物在生長過程中必須耐受乾旱、高溫以及鹽分多的土壤。這種環境會阻礙植物生長並減少產量。隨著氣候變遷使得應對極端天氣的需求增加，研究者正在尋找農作物耐受環境變化的機制。只有了解這個機制，才能判斷該培育具有何種特徵的農作物。

要理解植物的反應，僅看外表是不夠的。必須同時檢視遺傳資訊發生了何種變化，以及哪些基因運作得更多。蛋白質與體內物質的變化也是理解反應的線索。將不同種類的資料合併分析的研究稱為多體學。

多體學包含的資料各自展現不同的內容。基因體資料處理生物擁有的DNA資訊。轉錄體資料呈現基因資訊轉錄為RNA的狀態。蛋白質體資料處理全部蛋白質，代謝體資料則處理生命活動過程中產生或消耗的全部物質。表觀基因體資料檢視即使DNA文字序列沒有改變也會影響基因運作的標記等。

隨著快速讀取DNA資訊的技術以及大量測量植物特徵的設備發展，資料也隨之增加。植物株高和葉片形狀等可觀察的特徵稱為表型。

研究者透過比對遺傳資訊與表型來尋找關聯性。然而，產生資料的速度與揭示其意義的速度並不相同。

研究陷入瓶頸的節點之一在於資料分散在多處。論文中有特定基因的功能說明，個別的資料庫中有測量數值。在另一個地方則記錄著該基因的位置。資料庫是以一定方式收集這些資料以便檢索的儲存庫。在找到所需資料位於何處之後，依然面臨著將它們彼此比對的工作。

同一個基因有時也會以不同的名稱標示。研究中使用區分基因的識別編號即基因ID。但是每個資料庫的ID體系可能有所不同。水稻研究使用RAP-DB與MSU資料，阿拉伯芥有TAIR，馬鈴薯則有如Spud DB等資料來源。若直接比對名稱，可能會把同一個對象誤算為不同的基因。

呈現基因位置的基準也必須確認。參考基因體是多項研究在比較位置時作為基準的基因體資訊。當這個基準重新整理時，同一個基因的座標可能會改變。如果將不同版本的定位直接重疊放置，可能會把實際上接近的對象誤判為距離遙遠，或是得出相反的判斷。

資料的格式與說明也各自不同。為解釋基因功能而附加的資訊稱為註釋。有些資料詳細記錄了功能，但另一些資料則標示為尚不明

確。記錄測量值單位與實驗條件的方式也不同。僅憑將資料集中在一處的工作，無法解決這種差異。

同一種農作物內部的差異也必須納入考量。水稻有粳稻與秈稻等品系，也有統一型品種。由於品系與品種的遺傳背景不同，即使在相同環境下反應也可能不同。不能假設在某個品種中找到的鹽逆境相關訊號，在其他品種中也會原封不動地出現。

植物生長的階段與周遭環境也會改變結果。幼苗期與分蘗期或抽穗期時的反應可能有所不同。溫度、濕度以及光照條件也會產生影響。環境影響因遺傳特徵而異的關係稱為基因型與環境的交互作用。這意味著單看遺傳資訊或單看環境，都難以充分解釋反應。

研究者為了減少這種差異而採用統計方法。BLUP是考量多個觀測值與條件差異來預測特徵數值的方法。也會使用將多項研究結果進行合併分析的統合分析。然而，透過統計修正了差異，並不代表所有條件都變得相同。在尋找相關基因區段與揭示實際關鍵基因的作用機制之間，依然存在差距。

當乾旱與高溫同時來臨時，情況會變得更加複雜。植物葉片上的氣孔是水分與氣體進出的小孔。減少透過氣孔流失水分有助於耐受乾

旱。另一方面，水分蒸發降溫的過程則與應對高溫相關。當兩種環境重疊時，植物必須同時應對互不相同的需求。

因此，即便分別了解乾旱時的變化與高溫時的變化，也很難將兩種條件重疊的結果直接相加來進行預測。這是因為基因的運作與體內物質的變化可能會呈現截然不同的模式。若要將研究單一逆境的資料應用於複合逆境，就必須重新審視該結果是在何種條件下獲得的。

在找到許多基因作為候選對象之後，依然需要進行詮釋。GWAS是檢視全基因體差異與生物特徵之間有何關聯的分析。QTL分析則是尋找與數值呈現特徵相關的基因體區段。雖然透過這種分析可以縮小相關位置的範圍，但無法立刻知道該位置上的哪個基因正在執行何種工作。

在轉錄體分析中也會出現類似的問題。假設在鹽水處理後，某個基因的運作量發生了改變。這項改變可能是對減輕傷害有所貢獻的反應，也可能是植物已經受損而呈現的結果。單憑測量數值發生改變的事實，無法斷定因果關係。如果是未知功能的基因，用於詮釋所需的文獻也可能不足。

文獻檢索對詮釋這類資料有所幫助。因為可以在其他植物中尋找相似基因執行何種工作。然而，必須檢視在文獻中確認的功能與目前測量的數值是否探討相同的條件。基因名稱是否正確、資料的定位基準是否相同，以及實驗條件是否具備可比性，也都需要逐一確認。

檢索增強生成RAG也能用於尋找資料並提出根據。然而，對於僅具備閱讀文獻回答問題功能的系統而言，需要額外的過程來比對並分析數值資料。若要比對表格內的測量值與基因體座標，除了擅長閱讀文章的能力之外，還需要處理資料格式與涵義的功能。

OASIS為了縮小這種差距，將文獻與多體學資料串連為單一工作流程。在水稻研究中，同時檢視其他植物的功能研究與水稻的遺傳資料，進而縮小了候選對象的範圍。從根據研究團隊的提問將不同證據銜接在一起這點來看，它展現了資料整合如何應用於假說探索。

生命科學的難題並非僅因缺乏所需數據而產生。必須確認相同的名稱是否代表相同的對象，相同的數值是否代表相同的條件。也必須區分關聯性是否意味著作用機制。要將資料轉化為可用於研究的證據，必須經歷這種詮釋與連結的過程。

參考資料

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>

第3章：分工承擔OASIS工作的6個AI代理

即使只回答一個研究問題，也需要許多不同種類的工作。必須尋找文獻、閱讀實驗條件，並比對數值資料。還必須檢視找到的證據是否能充分回答問題。為了將這些性質互異的工作串聯起來，必須決定每個階段負責什麼工作，以及要傳遞什麼結果。

OASIS將這項工作分工給6個專業代理。代理是根據指定目標執行工作的AI組件。結合多個代理的架構稱為多代理系統。在OASIS中，規劃、混合檢索、證據擷取、資料查詢、審查與綜合這六個角色互相合作。

單純劃分角色並不會讓答案自然變得準確。從文獻中找到的基因必須與從資料中查詢到的基因一致。也必須確認檢索到的內容是否與研究問題相關。必須能夠持續追蹤每個代理處理了哪些資料，當結果出現問題時，才能找出其中的原因。

這項工作的基礎是植物逆境相關資料。OASIS處理阿拉伯芥、水稻、玉米、小麥、大豆、陸地棉等6種植物。陸地棉是棉花的一種。

資料涵蓋的逆境有鹽害、乾旱、高溫與低溫四種。在連結不同植物取得的結果時，必須同時考量物種與環境條件的差異。

文獻資料包含15萬篇以上的論文摘要與約1萬5千篇的全文。摘要是指將研究目的、方法與結果等簡要整理的文章。全文是指論文的整篇內容。為了將必要的知識彙集起來供檢索而建立的資料集合，稱為知識庫。即使文獻數量龐大，找出符合問題的根據這項工作仍然不可或缺。

OASIS在文字文獻之外，還連結了多體學與基因體資料。隨條件而改變的基因表現量資料、植物群體之間的遺傳差異，以及與特徵相關的基因體位置等都屬於這一類。如果文獻是在解釋某個基因的作用機制，資料則讓人檢視是否有與該解釋相符的測量結果。

第一個角色是規劃。規劃代理將研究人員提出的問題拆解為可執行的子任務。它會整理要回答問題必須知道什麼，以及應該先尋找哪些資料。如果必須先有某項工作的結果才能進行另一項工作，它也會考量相應的順序。

規劃連結了廣泛的研究目標與實際的查詢。如果只要求了解植物的鹽逆境反應，需要尋找的資料範圍會非常廣泛。依據是尋找相關基

因，還是比較已知功能，所需的證據也會有所不同。將任務細分之後，也更容易檢視檢索結果是否偏離了原本的問題。

第二個角色是混合檢索。混合是指結合不同方式的意思。它同時使用尋找文句意義相似資料的方法，以及尋找基因名稱或專有名詞相符資料的方法。依據語意尋找的檢索，即使表達方式不同，也有助於找到相關資料。依據名稱比對的檢索，則在區分特定基因或術語時不可或缺。

這兩種檢索方式檢視的對象不同。同一種生物學過程，每篇論文可能用不同的詞彙來說明。相反地，名稱相似的基因也可能具有彼此不同的功能。因此，必須同時確認表達方式的相似性與對象的精準名稱。檢索階段與其說是確定答案，不如說是收集供審查資料的過程。

第三個角色是證據擷取。檢索到的文章中也混雜著與問題沒有直接關聯的內容。證據擷取代理會從中篩選出與研究目標相關的作用機制根據。它會保留用於檢視哪個基因與哪種反應相連，以及該解釋建立在何種實驗條件之上的必要內容。

在生物學中，作用原理被稱為機制。單憑兩個對象被一同提及的事實，並不能解釋機制。例如，當某個基因的運作改變時引發了何種

後續反應，可能與研究問題相關。將文獻中的這些根據篩選出來，就能讓後續與實際資料連結的內容更加明確。

第四個角色是資料查詢。這個代理會從連結的多體學與基因體資料中，尋找並檢視問題所需的資訊。與閱讀文獻中寫下的解釋不同，它處理的是測量值與基因體位置等資料。它會確認隨條件變化的基因運作改變或特定位置的相關訊號，並將其與文獻證據連結起來。

基因體位置資訊有助於縮小研究候選範圍。QTL是與數值呈現特徵相關的基因體區間，eQTL則是與基因表現量差異相關的位置。兩種訊號出現在相同位置或重疊區間的現象稱為共定位。共定位可以作為檢視候選基因的依據，但單憑這一點並不能確定哪個基因才是原因。

第五個角色是審查。審查代理會確認收集到的證據是否涵蓋了任務所需的範圍。它也會檢視是否完成了規劃的工作。這是一個在「找到了資料的事實」與「已充分回答問題的判斷」之間進行檢驗的角色。即使經過了這個步驟，科學結論的準確性也不會得到自動保證。

之所以需要審查，是因為任務的完成與證據的充分性是兩回事。即使找到了多篇文獻，也可能沒有涵蓋所需的植物或條件。即使有資

料查詢結果，也可能只涉及問題的一部分。透過檢視證據範圍與任務完成狀態，就能區分出確認了什麼以及還剩下什麼。

第六個角色是綜合。綜合代理將文獻中篩選出的根據與資料查詢結果連結起來，整理成研究人員可以閱讀的答案。根據研究問題，它可以提出假說或候選基因的優先順序。此時必須同時提出結果與根據，研究人員才能檢視其判斷過程。

在綜合結果中，必須區分觀察到的事實與從中獲得的推論。在特定位置找到相關訊號，是從資料中確認的內容。該位置的基因可能參與鹽逆境反應的解釋，則成為有待檢驗的假說。唯有將兩者區分開來，才能理解推薦該候選基因的原因以及需要額外確認的部分。

這六個角色與研究人員的問題連結在一起運作。在水稻研究中，研究團隊多次提出問題以引導分析方向。OASIS據此連結文獻與資料的根據，並決定候選基因的優先順序。因此，代理的分工並不意味著可以在沒有人類提問或選擇的情況下完成整個研究。

在這個架構中，重要的連結存在於文獻的解釋與資料的訊號之間。規劃決定必要的工作，檢索與證據擷取提供文獻根據。資料查詢檢視數值與位置資料，審查與綜合則整理任務的範圍與結果。唯有當

每個階段增添了哪些根據都能被檢視時，研究人員才能真正審查所提出的假說。

參考資料

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, 임수종, 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>

第4章：將失敗轉化為後續研究規則的SEEL

AI尋找並分析研究資料的過程，並不是一次回答就能結束的。在閱讀多種資料並依序使用工具的過程中，可能會發生錯誤。即使是同一個基因，如果各資料中的名稱或識別編號不同，連結就會受阻。基因是包含生物體建造與運作所需資訊的一段DNA。如果錯誤連結了賦予基因的編號，甚至可能抓取到其他基因的資料。

資料的數字標記方式互異，或者分析程式不相容，工作也會停擺。如果使用工具的順序顛倒，可能就無法獲得所需的結果。即使修正了一次這樣的問題，如果無法在下一個任務中運用該經驗，就會重複相同的試錯。協助研究的AI除了產出答案的能力之外，還需要重新運用從過往工作中學到內容的能力。

OASIS具備為此目的設計的自我演化經驗學習功能。英文名稱為Self-Evolving Experience Learning，簡稱SEEL。這裡的經驗是指AI在執行任務時留下的工作紀錄。自我演化則是指將從該紀錄中獲得的教訓，轉化為可用於後續工作的形式。

SEEL不僅僅著眼於從頭到尾毫無問題完成的結果。它也會檢視最初雖然失敗但修正錯誤後完成的過程。它會比對失敗時經歷了哪些步驟，以及做了哪些修改後才完成工作。這相當於連同僅儲存成功答案時可能會遺漏的修正過程一同檢視。

關鍵並不在於原封不動地堆積過往紀錄。SEEL會從該紀錄中擷取也能重新用於其他任務的工作規則。這被稱為程序性規則。如果透過結果獲得的知識相當於「知道了什麼」，程序性規則就相當於「該以何種順序與方法來做事」。

透過比對失敗的路徑與修正後的路徑，可以檢視必須改變工作的哪一部分。這樣獲得的經驗，會比單一任務的冗長紀錄更容易重新使用。然而，一次有幫助的方法並非適用於所有任務。若將錯誤的教訓留作規則，也存在著將相同錯誤擴散到多個任務中的風險。

因此，OASIS會將經過驗證的經驗放入技能庫中。技能庫是存放後續工作中可以再次提取使用的方法之處。從經驗中擷取規則，與確認該規則是否值得信任並可重新使用，是兩件不同的事。單憑失敗紀錄很多的事實，並不能認為系統已經變得更好。

SEEL處理的具體案例包括PlantStressQA的86件任務執行歷程。PlantStressQA是用於評估AI處理植物對鹽分或乾旱等艱困環境反應

問題表現如何的問題集。SEEL從這些任務的執行紀錄中，獲得了可用於後續工作的經驗。這裡的86件是指用於經驗學習的歷程任務數量。

這類經驗學習所針對的是研究過程的重複性。即使是新任務，連結資料或使用工具的某些步驟也可能與過去的任務相似。如果能重複使用經過驗證的規則，就減少了從頭開始解決已解決問題的必要。然而，檢視套用規則的條件是否符合的過程依然不可或缺。

在其他AI研究系統中，保留經驗並重複使用的嘗試也持續進行。EvoScientist提出了一種將研究構想與實驗執行的記憶分開管理的架構。在將研究中的紀錄連結到後續工作這一點上，可以與SEEL進行比較。然而，不能認為互異的系統使用了相同的記憶架構或相同的改進方法。

妥善執行工作的規則與生物學事實必須加以區別。即使毫無遺漏地找到資料並減少分析錯誤，也不代表新假說立刻就成為事實。SEEL所協助的工作，是將過去的修正經驗延續到下一個任務中。透過該過程得出的假說在真實植物中是否相符，必須透過個別的實驗進行確認。

參考資料

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>

第5章：在眾多AI科學家中 OASIS所承擔的工作

並非只要冠上AI科學家的名稱，就都在做相同的工作。有些系統在電腦內部進行實驗，有些系統則提出關於疾病治療的假說。也有將焦點放在尋找植物資料的系統。若要互相比較，必須先檢視它們是為了處理解決何種問題而打造的。

這裡的代理是指配合目標尋找資料或使用工具以推展工作的AI程式。同時使用多個代理的系統也會劃分角色。例如將尋找資料的角色與審查結果的角色分開設置。這樣的配置是為了連結研究的多個階段的方法，但實際承擔的工作範圍因系統而異。

Sakana AI的The AI Scientist主要處理AI與機器學習研究的自動化。機器學習是讓電腦從資料中學習規則的技術。該系統連結了產生研究構想、編寫並執行實驗程式碼，以及整理結果的過程。論文撰寫與自動審查也包含在研究對象中。其核心舞台是透過電腦執行的研究。

Google的Co-Scientist根據研究人員設定的目標提出並潤飾科學假說。多個代理會提出構想、進行審查並排列優先順序。透過候選項

目間的比較與修改過程，縮小進一步探討的假說範圍。將電腦實驗的全過程自動化，與提升待審查假說的品質，兩者的目的是不同的。

Co-Scientist的應用案例中，包括尋找急性骨髓性白血病治療候選藥物的研究。其方式是檢視將現有藥物用於其他治療的可能性或藥物組合。它也處理了關於肝臟堆積疤痕組織的肝纖維化以及抗生素抗藥性的研究。在這些案例中，必須將AI提出的假說與研究團隊透過實驗確認的結果分開解讀。

Biomni是執行生物醫學研究多種任務的通用代理。它連結多樣的工具、資料與程式執行環境來進行分析。縮小與疾病相關的候選基因範圍，或協助分子生物學研究的工作都屬於該範疇。這是一種透過連結廣泛工具來處理多種研究問題的途徑。

CellVoyager將焦點放在分析從個別細胞中獲得的生物學資料。其中單細胞轉錄體資料呈現了每個細胞中哪些基因的資訊被讀取了多少。即使是同一組織的細胞，其活動狀態也可能不同，因此需要按細胞進行分析。CellVoyager協助分析這些資料並測試假說的工作。

Robin也是必須與OASIS加以區分的生命科學研究系統。它連結文獻檢索與資料分析，並處理將實驗結果反映於後續研究的流程。其應

用案例包括尋找損害眼睛中心視力的乾性黃斑部病變治療候選藥物的研究。不能僅憑同樣涉足生命科學的共通點，就將該成果轉移為OASIS的成果。

針對植物的代理也有著互異的目的。BotAI以植物多樣性資料為基礎，協助尋找與探索資訊。PotatoAgent將焦點放在馬鈴薯研究上。它連結馬鈴薯的多種生物學資料與基因體資料，支援基因探索等工作。雖然對象同樣是植物，但處理的資料與研究問題卻有所不同。

OASIS將焦點放在植物對艱困環境產生反應的問題上。像鹽分、乾旱、高溫、低溫這類因非生物環境因素而承受的負擔，稱為非生物逆境。即使是相同的逆境，依照植物物種與基因的不同，反應也可能有所差異。OASIS旨在透過連結文獻與生物學資料來檢視這類差異。

OASIS涵蓋的範圍是阿拉伯芥、水稻、玉米、小麥、大豆、陸地棉這6種植物。文獻資料包含15萬篇以上的摘要與約1萬5千篇的論文全文。摘要是將論文核心簡要整理的文章，全文則是整篇論文。在此之上，它連結了廣泛測量基因活性與基因體差異等的多體學資料。

植物物種不同，基因的名稱、編號以及資料格式也可能有所不同。若要檢視在某種植物中已知的基因作用是否延續到其他植物中，就

必須協調這些差異。OASIS的專業性在於整合處理植物逆境這個研究問題所需的資料。這並不意味著其他系統完全無法處理這類資料。

OASIS分工承擔規劃、檢索、證據整理、資料查詢、審查與綜合等角色來進行工作。它也具備將執行歷程轉化為可重複使用規則的SEEL。這樣的配置符合連結文獻解釋與實際測量資料的目的。不能單憑工具數量眾多或角色繁多這一事實，就評斷研究結果的價值。

在比較AI科學家時，比起哪個系統擁有更廣泛的名稱，更重要的是能夠交付它做什麼。電腦實驗、醫學假說提出、細胞分析、作物資料探索需要互異的準備。OASIS所展現的可能性，在於連結植物逆境研究中分散的根據並縮小待審查的候選範圍。唯有明確界定該範圍，研究人員才能選擇符合自身問題的系統。

參考資料

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/kyjz/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/kyjz2019/202610/t20261028_8299763.html

第6章：PlantStressQA 84分 告訴我們的事與沒告訴我們的事

要了解AI協助研究的效果有多好，就必須用相同的標準來比較能力。為此所使用的測驗或評估標準稱為基準測試（benchmark）。只不過，根據參加的測驗種類不同，分數代表的意義也會有所不同。我們不能單憑數學題目解得好，就斷定它也能把植物研究資料分析得很好。

在植物逆境研究中，光靠理解文字意義的能力是不夠的。必須從論文中尋找所需的證據、解讀測量數據，並推敲不同的結果之間是如何相互關聯的。就算知道基因的名稱，也不代表就能立刻知道該基因是否參與了對鹽分的反應。因此有必要單獨評估尋找並連結相關依據的能力。

PlantStressQA就是為了評估這類研究問題而設計的題目集。它由專家準備的200個題目所組成。其目的在於檢視AI處理植物逆境相關知識與資料的能力有多好。評估範圍涵蓋了6種植物以及鹽分、乾旱、高溫、低溫這4種逆境。

要解答這些題目，必須同時解讀關於基因的說明與實際的測量結果。基因的功能是指它在生物體內參與了什麼工作。基因表現則是該基因的資訊被讀取並運用的過程。在某種環境下表現量發生變化的結果，雖然能成為推論功能的線索，但單憑這一點並不能確定它的角色。

我們也需要尋找基因體中哪些位置與植物特徵相關的資料。這時，染色體上的較寬區段可能會顯現為線索。由於該區段內可能包含多個基因，因此找出位置與挑選出造成影響的基因是兩回事。這就是為什麼必須同時參考文獻與其他測量結果的原因。

OASIS在PlantStressQA中滿分100分獲得了84.0分。這比作為比較基準的語言模型高出了33.9分到50.2分。這個數值是分數的差距。我們不能將它解讀為效能提升了33.9%到50.2%。

在各項任務的比較中，差距最大的領域是族群變異與遺傳定位分析。族群變異是處理多個個體族群在基因體中所呈現差異的任務。這個領域的分數差距為55.6分。遺傳定位分析則是尋找與特定特徵相關的基因體位置的任務，差距為52.3分。整體評估的分數差距與各任務的分數差距，必須區分開來解讀。

這個結果證明了OASIS在該項評估中比比比較對象更能妥善解題。它展現出設計來同時處理文獻與測量資料的系統，能在專業研究問題上發揮助益。然而，單靠一個總分，無法確知究竟是哪項功能造成了多少差異。若要區分檢索、資料查詢、審查與經驗學習各自的貢獻，就需要進行相對應的比較。

我們也不能把84.0分解讀為實際實驗的成功率是84%。這個分數是針對PlantStressQA題目的評估結果。這並不代表AI提出100個候選基因時，其中就有84個會在實驗中被證實正確。這也不是在保證它在所有種類的植物研究中都能發揮相同的效能。

解答評估題目與解決全新的研究問題之間存在著差異。在實際研究中，所需的資料可能會遺漏，或者各項結果之間可能互不一致。生物的反應也會隨著實驗條件而有所變化。單憑在一套既定題目集中獲得的分數，很難全盤判斷它在面對這種狀況時能處理得多好。

水稻的OsPP2a案例也顯示出測驗分數與實驗證據是不同類型的依據。研究團隊透過多次提問來引導OASIS進行分析。在OASIS排定優先順序的5個候選名單中，研究團隊挑選了OsPP2a進行實際實驗。該實驗提供了該基因參與水稻鹽反應的遺傳與分子層面證據。這並不是從PlantStressQA的分數中自然而然得出的結果。

基準測試是選擇與改進研究工具時可以參考的依據。它讓我們能檢視該工具在哪些領域相對較強、在哪些任務中的差距較大。只不過，我們必須謹守分數所能回答的問題範圍。PlantStressQA的84.0分是對處理既定植物逆境問題能力的評估，而不是用來替新假說判定真偽的數字。

參考資料

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>

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>

第7章：連結多種植物的線索選出OsPP2a

當土壤中累積了大量鹽分時，水稻的生長就會遭遇困難。承受這種環境的能力稱為耐鹽性。若想找到有助於提高耐鹽性的基因，就必須在眾多候選中縮小範圍，找出真正有可能參與其中的基因。列出長長的基因名稱清單，與挑選要進行實驗的對象，是截然不同的兩件事。

每種研究資料所提供的內容也各有不同。有些論文解釋了基因在植物體內承擔的工作。有些資料展示了受到鹽分刺激時基因活性如何變化。還有資料指出了與耐鹽性相關的基因體位置。我們需要有一個過程，去檢視這些線索是否都指向同一個候選對象。

OASIS的水稻研究並不是由AI獨自設定問題並獨立完成到最後的案例。研究團隊透過多次提問來引導分析。OASIS則根據問題將文獻與生物學資料連結起來，並縮小候選範圍。研究團隊的提問與判斷，始終貫穿在整個分析過程之中。

分析的起點包含了阿拉伯芥的284個調控基因。阿拉伯芥是研究植物生命現象時廣泛使用的小型植物。調控基因參與了調節其他基因活

性或生物體內反應的工作。研究團隊與OASIS從阿拉伯芥所獲得的知識中，仔細尋找能作為水稻研究線索的內容。

在初期的文獻探勘中，OASIS整理的反應包括了離子平衡與鈉、鉀的運輸，以及ABA訊息傳遞與滲透調節。滲透調節是調控細胞內外水分移動相關平衡的過程。此外也檢視了活性氧（ROS）的平衡、MAPK訊息傳遞與鈣離子（Ca²⁺）訊號。活性氧是反應性很高的氧相關物質，MAPK訊息傳遞是蛋白質依序傳遞訊號的過程。鈣離子也用於在細胞內傳遞訊號。整理出這些反應只是尋找候選基因的基礎，並不是確認了OsPP2a調控著所有這些反應。

在連結不同植物的基因時，會檢視同源性。同源性是指基因源自共同祖先而具有相似關係。其中隨著物種分化而在各物種中傳承下來的基因關係稱為直系同源。這種關係成為將某種植物的研究結果應用於檢視另一種植物的起點。只不過，不能因為基因相似就斷定它在所有條件下都會發揮相同的作用。

用於檢視候選基因的線索之一是阿拉伯芥的TAP46。TAP46與植物荷爾蒙離層酸（即ABA）的訊息傳遞有關。荷爾蒙是生物體內調節反應的訊息物質。將這類文獻中的運作機制與基因之間的相似關係連結起來，就能獲得依據來決定要在水稻中檢視哪些基因。

在此基礎上，研究進一步連結了從水稻本身獲得的基因體資料。基因體是指一個生物所擁有的全部遺傳資訊。GWAS是透過比較多個個體的基因體差異與特徵來尋找相關位置的分析方法。QTL是指與耐鹽性這種具有程度差異的特徵相關的染色體區段。這類資料能讓我們檢視候選基因是否位於與水稻耐鹽性相關的位置上。

匯集並分析多項QTL研究結果所得到的區段稱為meta-QTL。這是一種在某一項研究的位置資訊上加入其他研究線索來共同檢視的方法。然而，單憑該區段內含有某個基因的事實，並不能確定它就是致因基因。因為在廣泛的區段內可能同時存在多個候選基因。

eQTL是指與基因表現量差異相關的基因體位置。基因表現量是顯示基因資訊被讀取並運用了多少的數值。候選基因的位置與eQTL訊號的位置重疊，稱為共定位。位置重疊的結果雖然也是檢視候選基因的依據，但其本身並不能完整解釋運作機制。

OsPP2a正是綜合考量這些多重線索後排定優先順序的候選基因之一。其識別編號為LOC_Os12g04290。這個基因作為與阿拉伯芥TAP46相對應的水稻基因接受了檢視。它位於與水稻耐鹽性相關的meta-QTL區段內，而且還有線索顯示其位置與一個eQTL訊號重疊。

每項線索回答了不同的問題。文獻提供了相關生物學反應的資訊，同源性展現了植物物種之間的連結。水稻的基因體資料則增添了在水稻體內探討該候選基因的理由。研究並非單憑某一個線索，而是推敲這些依據如何相互關聯，進而縮小了候選範圍。

歷經這個過程，OASIS為5個候選基因排定了優先順序。這並不代表這5個基因調控耐鹽性的功能都已被證實。這只是挑選出值得透過實驗來探討的候選對象的階段。研究團隊從中選擇了OsPP2a作為驗證對象。OsPP2a參與水稻耐鹽性調控這一點先前未曾被直接報導過，這也是值得檢視該候選基因的理由。

這類分析超越了單純尋找並轉述已知內容的工作。它將其他植物中已知的運作機制與從水稻獲得的資料連結起來，建立了可供全新檢驗的假說。只不過，這並不意味著檢索增強生成（RAG）只能做摘要。RAG是一種搜尋外部資料來產生答案的方式，也能用來輔助基於該資料的推理。這個案例的核心不在於特定技術的名稱，而在於如何將支持候選基因的依據連結起來。

在選出OsPP2a之後，還需要以實際的水稻為對象進行確認的階段。研究團隊的後續實驗提供了該基因參與水稻鹽逆境反應的證據。我們必須將候選基因挑選階段所建立的假說，與透過實驗獲得的證據

區分開來。從284個阿拉伯芥基因出發的探索，最終被聚焦為可以直接向水稻提問的研究問題。

參考資料

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>

第8章：以實際水稻驗證AI提出的假說

就算電腦挑選出某個基因作為研究的候選對象，也不代表該基因的角色已經水落石出。基因是包含生物生長與生存所需資訊的一段DNA。分析資料可以推測基因的角色。若想知道這種推測在實際生物體中是否正確，就必須透過實驗來驗證。

在OASIS的水稻研究中，這兩個過程也是明確劃分的。OASIS連結了論文與生物學資料，篩選出可能與耐鹽能力相關的基因。人類研究團隊則引導分析方向並挑選實驗對象。實際種植水稻並測量對鹽分反應的主體，同樣也是人類研究團隊。

研究團隊並不是問了一次問題後就只是等待結果。他們在多次提問中引導著分析。OASIS以研究中常用的植物阿拉伯芥的284個調控基因作為起點。隨後連結了水稻的相似基因、論文中提出的運作機制，以及水稻的遺傳資料。歷經這個過程，排定了5個待研究候選基因的優先順序。

研究團隊從中挑選了OsPP2a作為實驗對象。在資料中用來識別該基因的名稱為LOC_Os12g04290。挑選候選基因是決定實驗起點的判

斷。在審視了OASIS所提出的依據之後，團隊決定在實際的水稻中確認其角色。

直接處理活體植物、細胞或試劑的實驗稱為濕式實驗（wet lab）。與在電腦內部比對資料的分析不同，這是觀察生物在給定條件下如何反應的過程。在研究OsPP2a時，也需要確認資料中的關聯是否會在實際水稻的變化中展現出來。

研究團隊調查了兩個OsPP2a基因功能喪失的水稻品系。這兩個品系是彼此獨立的Ospp2a突變品系。突變品系是指遺傳資訊發生變化的植物群體。研究團隊將這些水稻與作為比較基準的野生型水稻放在一起進行了觀察。

在實驗中，對幼水稻施加了150 mM NaCl的條件。NaCl是食鹽主要成分的氯化鈉，mM是表示溶液濃度的單位。在這種條件下水稻因鹽分所承受的負擔稱為鹽逆境。研究團隊比較了野生型水稻與突變水稻在面對相同鹽處理時如何反應。

兩個Ospp2a突變品系表現出比野生型水稻對鹽分更敏感的現象。這並不是耐鹽能力變好，而是受到了鹽分更大的影響。在結束鹽處理並移至正常條件後，差異依然顯現。突變水稻在恢復過程中的存活率較低。

單憑外在表現出的反應與存活率，很難知道水稻內部究竟發生了什麼變化。研究團隊也測量了植物體內所含離子的數量。離子是帶電的微小粒子。這裡檢視的是鈉離子 Na^+ 與鉀離子 K^+ 。

在鹽逆境條件下，突變水稻體內累積了更多的鈉離子。鈉與鉀之間的平衡也改變了。相較於鉀的鈉比例，即 Na^+/K^+ 比值上升了。這個結果顯示，突變水稻的鹽敏感性是伴隨著植物體內的離子變化一同出現的。

研究團隊也調查了基因表現的程度。基因表現是遺傳資訊被讀取並用於運作的過程。測量該過程所產生的RNA數量，就能檢視表現程度。研究團隊使用的RT-qPCR是一種比對特定基因產生的RNA數量的方法。

在這項分析中，檢視了與鈉運輸相關的OsSOS1與OsHKT1;5基因。在Ospp2a突變水稻中，這兩個基因的表現水準出現了變化。這項結果顯示，除了存活率與離子含量測量之外，在基因表現上也存在著差異。只不過，單憑這個結果並不能說已經闡明了這兩個基因發生變化的所有原因或細胞內的完整運作過程。

實驗中獲得的證據展現了不同的層面。鹽處理後的存活率展示了水稻受到的影響。離子測量告知了鈉與鉀的狀態。基因表現分析則讓

我們檢視分子層面的變化。綜合看待這些結果，就構成了OsPP2a參與水稻鹽逆境反應的依據。

此時，謹守實驗結果所陳述的範圍至關重要。研究團隊在既定的鹽處理條件下比較了兩個獨立的突變品系。該結果是支持OsPP2a角色的遺傳與分子層面證據。這並不代表在所有栽培環境中都會出現相同的結果，也不代表只要改變這個基因就能培育出耐鹽水稻。

在這項研究中，AI的分析對於縮小要測試的對象做出了貢獻。人類研究團隊則審視該提議以決定實驗對象、設置比較條件，並測量了結果。若要將資料中產生的假說與從實際水稻中獲得的證據連結起來，這些過程全都不可或缺。

在解讀實驗結果時，也必須延續相同的劃分。我們不應為了迎合AI提出的解釋來解讀觀察結果，而是必須探究觀察到的結果在多大程度上支持該解釋。OsPP2a研究的意義，並不在於將AI的提議原封不動地當作標準答案，而是在於向實際植物提出了可檢驗的假說，並透過多種測量確認了其答案。

參考資料

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>

第9章：要問什麼以及該下什麼結論由人來決定

當AI提出值得研究的候選對象時，人類應該做些什麼呢？並不是只剩下接收結果去做實驗這件事。我們必須決定想找出什麼、仔細探究該相信哪些根據，並判斷結論可以推展到哪裡。隨著AI更深入參與研究，這類選擇的份量也變得更重。

快速分析資料的能力與精確解釋自然現象的能力，並不代表同一件事。就算電腦在多筆資料之間找到了關聯，該關聯在實際生物體內發揮什麼作用，仍然需要另外確認。整理得很好的說明或信心滿滿寫下的語句，都不能取代實驗證據。

假說是為了說明所觀察到的現象而建立的想法。假說雖然有確認的價值，但也依然存在錯誤的可能。並非AI提出越多假說，就能揭明同樣多的事實。後續必須伴隨著挑選要測試哪些假說的判斷，以及解釋測試結果的過程。

在這裡研究可能會遇到瓶頸。因為提議迅速增加，但可用於實驗的時間、費用與設備卻是有限的。需要確認的候選對象堆積如山，導

致研究難以前進的狀態，稱為驗證的瓶頸。這時需要的並不僅是把候選名單拉得更長，而是比較根據，決定優先測試的對象。

好的研究問題能指引探索的方向。必須決定想查明什麼、以哪種生物為對象，以及在何種條件下進行確認。如果目標模糊，就算收集了再多資料，也很難分辨哪些是重要的根據。研究人員在把工作交給AI之前就必須建立這樣的基準，且在分析過程中也要不斷修整問題。

在OASIS的水稻研究中，人類研究團隊多次提出問題來引導分析。OASIS透過連結資料，為5個候選基因排定了優先順序。其中選擇將OsPP2a作為實際實驗對象的是研究團隊。這個案例展現了分析過程中的提議與推展研究的決定是如何相互銜接的。

挑選候選對象時，光看推薦排序是不夠的。必須檢視有哪些資料支持該候選對象，資料之間是否存在不一致的部分。如果連結了從不同植物獲得的根據，就必須探討在一種植物中為人所知的作用是否在另一種植物中也相同。我們需要區分資料所指出的可能性與已經確認的事實。

研究人員也必須確認AI的答案來自何處。AI可能會把不存在的內容當成事實提出，或是誤讀資料的含意。在把彼此分散的資料連結起

來的過程中，也可能遺漏重要條件。比起因為答案讀起來流暢就輕信，更應該一起審視根據資料以及該資料所說明的範圍。

在那之後，必須設計符合假說的測試。根據把什麼當作比較基準、給予何種條件，以及測量什麼項目，能夠回答的問題也會有所不同。在OsPP2a的研究中，比較了突變體水稻與野生型水稻，並調查了存活率、離子含量與基因表現。研究人員必須解釋這些測量結果為最初的問題提供了何種答案。

即使出現了預期的結果，也必須推敲結論的適用範圍。在特定實驗條件下獲得的證據，不能直接套用到所有情況。OsPP2a實驗提供了該基因參與水稻鹽逆境反應的根據。如果直接把這個事實擴大為在所有環境下都能培育出抗鹽水稻的結論，就超出了證據所支持的範圍。

就算AI具備根據經驗修正作業流程的功能，這項原則也不會改變。OASIS的自我演化經驗學習SEEL，是一種將執行歷程與修正錯誤的經驗轉換為可重複使用程序規則的方式。將驗證過的經驗收集累積起來，與確認新假說在生物學上是否正確，是兩件不同的事。過去有所助益的流程，並不能保證這次結論的正確性。

處理研究結果的責任也依然存在。如果只挑選對自己有利的資料，或是隱瞞與預期不符的結果，對研究的信任就會瓦解。如果是可能對人類與環境造成影響的研究，也必須評估其風險。AI參與了分析這件事，不能成為研究人員免除這類判斷與說明責任的藉口。

要判斷AI的提議是否具有研究價值，比起快速的答案，更需要深刻的問題。確認了這個假說能讓我們知道什麼？以目前擁有的根據能否進行測試？即使結果不如預期，是否有值得學習之處？研究人員藉由這些問題來決定把有限的資源投入何處。

人類的角色不需要僅停留在尋找與整理資料的工作上。若能在AI的協助下減少這些工作，就有餘裕更加細緻地處理問題、實驗與解釋。然而，這樣的轉變並不是自然而然發生的。只有當研究人員理解分析的根據並批判性地審視結果時，這種轉變才有可能實現。

在研究的尾聲應該留下的，是已確認的內容與未知內容之間的界線。只要清楚劃出該界線，其他研究人員也能檢驗結果並提出新的問題。無論AI提出多麼有說服力的答案，判斷該在多大範圍內採納該答案並加以說明的責任，依然留在負責研究的人身上。

參考資料

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>

尾聲：在更多答案面前提出更好的問題

農業所面臨的問題並不會在實驗室內結束。乾旱、高溫與土壤鹽分都會給作物的生長帶來負擔。查明作物在這種環境下如何承受，與穩定生產糧食的努力息息相關。探究單一微小基因作用的研究，也是這個巨大問題的一部分。

為了解開這個答案，生命科學累積了大量資料。解讀生物的遺傳資訊、調查哪些基因運作到何種程度，並記錄隨條件產生的變化。資料增加時，能找到的關聯也會變多。然而，並非單憑資料豐富，重要的關聯就會自然浮現。

協助科學研究的AI，正在這當中承擔起新的任務。它同時審視彼此分散的資料，並提出值得人類進行測試的解釋。OASIS的意義也不僅止於收集資料，更在於提出了能進一步引導至實驗的候選對象。其中的一個候選對象經過研究團隊的挑選以及使用實際水稻進行的實驗，獲得了參與鹽反應的證據。

這項證據的價值並不在於解答了所有問題，而是在於具體展現了還可以進一步探討什麼。在特定條件下確認的結果，會成為下一次判

斷的根據。與此同時，尚未確認的條件與解釋依然存在。唯有區分已知與未知，研究才能向前邁進。

隨著AI提出越多建議，選擇就變得更加重要。可用於實驗的時間與費用是有限的。比起提議的數量，探究該將資源投入哪個問題的能力更能決定研究的方向。在該判斷中，必須同時考量根據的穩固程度、可測試的可能性，以及問題所蘊含的價值。

在研究因應氣候變遷的作物時，也必須區分可能性與實際成果。理解基因作用的結果，並不會直接轉化為新品種或農業現場的解決方案。比起宣稱AI填補了所有的落差，明確闡明它協助了哪一個階段的探索，更能展現研究的價值。

提升速度的努力與仔細審視根據的態度可以並存。當AI連結資料時，人類可以探討該連結是否合情合理。當實驗給出與預期不同的答案時，我們能夠修正最初的解釋。重要的不是死守最初給出的答案，而是依據獲得的證據改變想法。

對研究的信任並非源自宏大的承諾，而是來自可驗證的根據。必須公開查閱了哪些資料、在何種條件下進行測試，以及結果說明到了什麼程度。如此一來，其他人才能審視該結果並延續研究。在AI參與的科學中，這項標準同樣必不可少。

與AI攜手的科學潛力，至今仍非既定的結局。根據提出何種問題以及要求何種證據，其用途也會隨之改變。將獲得更多答案的力量轉化為提出更好的問題，並誠實表明答案能觸及與無法觸及的邊界，正是持續探索之道。

參考資料

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 Kim Kyungjin. All rights reserved.

KIMKJ.COM