

Anthropic Case Study

How Scientists Are Using Claude to Accelerate Research and Discovery

科學家如何運用 Claude 加速研究與發現

Anthropic Blog. 2026-01-16.

整理：謝慕揚 MD, PhD, FESC 日期：2026-01-18

核心重點摘要

主要訊息：Claude 已從基礎的文獻回顧與程式撰寫工具，進化為能參與研究全流程的 AI 協作夥伴，包括實驗設計、數據分析與假說生成。

效率提升：

- Genome-wide association study (GWAS) 分析：數月 → 20 分鐘
- 穿戴式裝置數據分析（450 檔案）：3 週 → 35 分鐘
- CRISPR knockout 實驗解讀：數百小時人工作業 → 自動化完成

Contents

1	背景介紹	2
1.1	Claude for Life Sciences	2
1.2	AI for Science Program	2
2	案例一：Biomni (Stanford University)	2
2.1	系統概述	2
2.2	GWAS 分析案例	2
2.3	驗證案例	3
2.4	Expert Skill Encoding	3
3	案例二：Cheeseman Lab (MIT/Whitehead Institute)	3
3.1	研究背景	3
3.2	瓶頸：數據解讀	4
3.3	MozzareLLM 系統	4
3.4	模型比較	4
3.5	未來願景	4
4	案例三：Lundberg Lab (Stanford University)	5
4.1	不同的瓶頸	5
4.2	傳統基因選擇方法	5
4.3	AI 驅動的新方法	5
4.4	分子關係圖譜	5
4.5	驗證實驗設計	6

5	總結與展望	6
5.1	關鍵洞察	6
5.2	系統特性比較	6
6	參考文獻	7
7	縮寫對照表	7

1 背景介紹

1.1 Claude for Life Sciences

Anthropic 於 2025 年 10 月推出 **Claude for Life Sciences**，這是一套專為科學研究設計的連接器與技能套件。最新的 **Opus 4.5** 模型在以下領域展現顯著進步：

- Figure interpretation（圖表解讀）
- Computational biology（計算生物學）
- Protein understanding benchmarks（蛋白質理解基準測試）

1.2 AI for Science Program

Anthropic 透過 **AI for Science program** 提供免費 API credits 給全球從事高影響力科學研究的學者。這些研究團隊開發的系統已超越傳統的文獻回顧或程式輔助功能。

Claude 作為研究協作者的三大角色

1. 實驗規劃：協助判斷應執行哪些實驗，提高成本效益
2. 時間壓縮：將原本需要數月的專案壓縮至數小時內完成
3. 模式識別：在大規模數據集中發現人類可能遺漏的 patterns

2 案例一：Biomni（Stanford University）

2.1 系統概述

Biomni 是由 Stanford University 開發的通用型生物醫學 AI agent 平台，整合數百種工具、軟體套件與資料庫於單一系統中。

特性	說明
核心架構	Claude-powered agent 可在系統中自動導航
輸入方式	研究者以 plain English 提出需求
自動化功能	自動選擇適當資源、形成假說、設計實驗 protocol、執行分析
覆蓋範圍	超過 25 個生物學子領域

2.2 GWAS 分析案例

Genome-wide association study (GWAS) 是尋找與特定性狀或疾病相關之遺傳變異的研究方法。傳統 GWAS 分析流程繁瑣：

- Genomic data 格式混亂，需大量 data cleaning

- 需控制 confounding factors 並處理 missing data
- 識別 hits 後需進一步確認相關基因、細胞類型、生物途徑
- 每個步驟涉及不同工具與檔案格式

效率比較

傳統方法：單一 GWAS 分析需時數月
Biomni：僅需 20 分鐘完成

2.3 驗證案例

Biomni 團隊透過多項案例驗證系統準確性：

案例類型	任務內容	結果
Molecular cloning experiment	設計 cloning protocol	Blind evaluation 顯示品質與 5 年經驗 postdoc 相當
Wearable data analysis	分析 30 人、450 檔案 (glucose monitoring、體溫、活動量)	35 分鐘完成 (人工估計需 3 週)
Single-cell analysis	RNA 分析 336,000 個 human embryonic cells	確認已知 regulatory relationships 並發現新的 transcription factors

2.4 Expert Skill Encoding

當 Biomni 的預設方法不足以應對特定領域時，專家可將其方法論編碼為 **skill**：

- 與 **Undiagnosed Diseases Network** 合作診斷罕見疾病時
- 發現 Claude 的預設診斷方法與臨床醫師差異甚大
- 透過訪談專家、記錄診斷流程、教導 Claude
- 導入 tacit knowledge 後，agent 表現大幅改善

3 案例二：Cheeseman Lab (MIT/Whitehead Institute)

3.1 研究背景

Iain Cheeseman 實驗室運用 CRISPR 技術進行大規模 gene knockout 實驗：

- 在數千萬個人類細胞中 knockout 數千個不同基因
- 拍攝每個細胞觀察變化
- 功能相似的基因被 knockout 後會產生相似的表型
- 實驗室開發了名為 **Brieflow** 的 pipeline 自動分群基因

3.2 瓶頸：數據解讀

雖然基因分群可自動化，但解讀這些分群的生物學意義仍需人工：

- 需逐一查閱科學文獻確認基因功能
- 單一 screen 可產生數百個 clusters
- 大多數 clusters 因人力不足而從未被深入研究
- Dr. Cheeseman 雖能記住約 5,000 個基因功能，分析仍需數百小時

3.3 MozzareLLM 系統

PhD student **Matteo Di Bernardo** 與 Cheeseman 合作，將其專家方法編碼為 Claude-powered 系統 **MozzareLLM**：

功能	說明
生物程序識別	辨識基因 cluster 可能共享的 biological process
基因分類	標記哪些基因已被充分研究、哪些研究較少
優先排序	建議哪些基因值得進一步研究
信心程度評估	提供 confidence levels 協助決定是否投入更多資源

Cheeseman 的評價

“Every time I go through I’m like, I didn’t notice that one! And in each case, these are discoveries that we can understand and verify.”

每次審視結果時，我都會發現：「這個我沒注意到！」而且每一個案例都是我們能理解並驗證的發現。

3.4 模型比較

Di Bernardo 測試了多個 AI 模型，Claude 表現最佳：

- 在某案例中，Claude 正確識別出一條 **RNA modification pathway**
- 其他模型將此訊號誤判為 random noise

3.5 未來願景

團隊計畫將 Claude-annotated datasets 公開，讓其他領域專家能追蹤他們無暇研究的 clusters：

- Mitochondrial biologist 可深入研究 mitochondrial clusters
- 其他實驗室可採用 MozzareLLM 分析自己的 CRISPR 實驗
- 有望加速多年來功能未被釐清之基因的研究

4 案例三：Lundberg Lab (Stanford University)

4.1 不同的瓶頸

與 Cheeseman Lab 不同，Lundberg Lab 的瓶頸在研究流程更早期：

比較項目	Cheeseman Lab	Lundberg Lab
實驗類型	Optical pooled screening	Focused screens
規模	同時 knockout 數千基因	針對性選擇數百基因
主要瓶頸	數據解讀	決定研究哪些基因
成本考量	可大規模篩選	單一 screen 成本 >\$20,000

4.2 傳統基因選擇方法

傳統方法依賴人工判斷：

- 研究生與 postdocs 圍著 Google spreadsheet 討論
- 逐一加入候選基因並附上簡短理由或文獻連結
- 受限於文獻記載內容與研究者記憶
- 本質上是 educated guessing game

4.3 AI 驅動的新方法

Lundberg Lab 運用 Claude 翻轉傳統思維：

傳統問題：「根據已發表的研究，我們能做出什麼猜測？」
 新問題：「根據分子特性，應該研究什麼？」

4.4 分子關係圖譜

團隊建立了細胞內所有已知分子的關係圖譜：

- 涵蓋 proteins、RNA、DNA
- 記錄哪些蛋白質會結合
- 記錄哪些基因編碼哪些產物
- 記錄哪些分子結構相似

Claude 可在此圖譜中導航，根據 biological properties 和 relationships 識別候選基因。

4.5 驗證實驗設計

為驗證此方法，團隊選擇研究 **primary cilia**（初級纖毛）：

- 細胞上的天線狀突起，功能了解有限
- 與多種 developmental 和 neurological disorders 相關
- 選擇此主題因為研究較少，Claude 不太可能已「知道」答案

驗證流程：

1. 人類專家使用傳統 spreadsheet 方法預測基因
2. Claude 使用分子關係圖譜生成預測
3. 執行 whole genome screen 建立 ground truth
4. 比較兩種方法的準確率

若成功，此方法可望成為 focused perturbation screening 的標準第一步。

5 總結與展望

5.1 關鍵洞察

1. **能力持續進化**：每次模型更新都帶來顯著改進。兩年前 AI 僅能撰寫程式碼或摘要文獻，現在已能複製論文所描述的實際研究工作。
2. **消除瓶頸**：AI 正在消除需要深度知識且過去無法規模化的任務瓶頸。
3. **啟用新方法**：AI 使研究者能採用過去不可能實現的研究方法。

5.2 系統特性比較

特性	Biomni	MozzareLLM	Lundberg System
機構	Stanford	MIT/Whitehead	Stanford
定位	通用型	專用型	專用型
解決瓶頸	工具碎片化	CRISPR 數據解讀	基因選擇
核心功能	整合數百種工具與資料庫	自動化基因 cluster 解讀	AI 驅動假說生成

結語

這些系統都尚未完美，但它們展示了科學家如何在短短數年內將 AI 從基礎工具轉變為能加速甚至取代許多研究流程的協作夥伴，並指向新穎的科學洞見與發現。

6 參考文獻

1. Anthropic. How scientists are using Claude to accelerate research and discovery. [Anthropic Blog](#). 2026-01-16.
2. Anthropic. Claude for Life Sciences. [Anthropic Solutions](#).
3. Anthropic. AI for Science Program. [Anthropic Programs](#).

7 縮寫對照表

縮寫	全名
AI	Artificial Intelligence (人工智慧)
API	Application Programming Interface (應用程式介面)
CRISPR	Clustered Regularly Interspaced Short Palindromic Repeats
GWAS	Genome-Wide Association Study (全基因組關聯研究)
LLM	Large Language Model (大型語言模型)
RNA	Ribonucleic Acid (核糖核酸)
DNA	Deoxyribonucleic Acid (去氧核糖核酸)