



The role of bioinformatics and omic data analysis in improving economic traits of aquatic animals

Nahavandi R.^{1*}, Pourmozaffar S², Abbaspour Anbi A.³

1-Animal Science Research Institute of Iran (ASRI), Agricultural Research, Education and Extension Organization (AREEO), Karaj, Iran

2-Persian Gulf Mollusks Research Station, Persian Gulf and Oman Sea Ecology Research Center, Iranian Fisheries Sciences Research Institute (IFSRI), Agricultural Research Education and Extension Organization (AREEO), Bandar-e-Lengeh, Iran

3- National Artemia Research Center, Iranian Fisheries Science Research Institute (IFSRI), Agricultural Research, Education and Extension Organization (AREEO), Urmia, Iran.

Abstract:

The rapid advancement of biological data generation technologies in the last two decades has paved the way for the widespread introduction of omics approaches (genomics, transcriptomics, proteomics, metabolomics, and metagenomics) into fisheries science. By generating large volumes of genomic and post-genomic data, these technologies enable the precise identification of molecular factors affecting important economic traits in aquatic animals, such as growth, feed conversion ratio, disease resistance, meat quality, survival, and adaptation to environmental stresses. However, the real value of these data becomes apparent when they are extracted, refined, and analyzed using appropriate bioinformatics tools and algorithms. Integrated and be interpreted. Bioinformatics and Integration Multi-mix with possibility Analysis Accurate and Improving Traits Economic factors such as growth rate, feed efficiency, disease resistance and fillet quality in key species including salmon, tilapia and shrimp have revolutionized aquaculture. High-throughput genomic resources, Profiling Transcription, Proteomics, Metabolomics, Genome-wide concordance study, Genomic selection and validation Crisper, genetic achievements two Up to Three Equal They are faster than traditional methods and allow for multigene architectures and interactions. Genes in the environment They pay. Intelligently combining omics data with bioinformatics analytical methods provides a powerful tool for improving the sustainability, productivity, and profitability of aquaculture systems Provided that long-term planning is followed by investment in infrastructure and training of specialized human resources. These strategies are promising. Creation Resistant strains reduce environmental impacts and increase profitability for global food security.

Review History:

Received: 11/11/2025

Revised: 6/01/2026

Accepted: 7/01/ 2026

Available Online: 10/1/2026:

Keywords:

Multi-omic integration

Genomics

Bioinformatics

Genomic selection

Economic traits

How To Cite This Article:

Nahavandi, R., & Pourmozaffar, S., & Abbasu (2025). The role of bioinformatics and omic data analysis in improving economic traits of aquatic animals. *Int. J. Biotech. Adv. Res.*, 1(2) 33-49:



*Corresponding author's email: Rezanahavandi91@gmail.com



Copyrights for this article are retained by the author(s) with publishing rights granted to Green Wave Pub. The content of this article is subject to the terms and conditions of the Creative Commons Attribution 4.0 International (CC BY 4.0) License. For more information, please visit <https://creativecommons.org/licenses/by/4.0/>



نقش بیوانفورماتیک و تحلیل داده‌های اومیک در بهبود صفات اقتصادی آبزیان

رضا نهاوندی^{۱*}، سجاد پورمظفر^۲، اسد عباسپور انبی^۳

- ۱- موسسه تحقیقات علوم دامی کشور، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، کرج، ایران
- ۲- ایستگاه تحقیقات نرم‌تنان خلیج فارس، پژوهشکده اکولوژی خلیج فارس و دریای عمان، موسسه تحقیقات علوم شیلاتی کشور، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، بندرلنگه، ایران
- ۳- مرکز تحقیقات آرتیمیای کشور، موسسه تحقیقات علوم شیلاتی کشور، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، ارومیه، ایران

چکیده:

تاریخچه داوری:

پیشرفت سریع فناوری‌های تولید داده‌های زیستی در دو دهه اخیر، زمینه را برای ورود گسترده رویکردهای اومیکس (ژنومیکس، ترانسکریپتومیکس، پروتئومیکس، متابولومیکس و متاژنومیکس) به علوم شیلات فراهم کرده است. این فناوری‌ها با تولید حجم زیادی از داده‌های ژنومی و پساژنومی، امکان شناسایی دقیق عوامل مولکولی مؤثر بر صفات اقتصادی مهم در آبزیان از قبیل رشد، ضریب تبدیل غذایی، مقاومت به بیماری‌ها، کیفیت گوشت، بقا و سازگاری با تنش‌های محیطی را فراهم می‌کنند. با این حال، ارزش واقعی این داده‌ها زمانی آشکار می‌شود که با استفاده از ابزارها و الگوریتم‌های بیوانفورماتیک مناسب، استخراج، پالایش، یکپارچه و تفسیر شوند. بیوانفورماتیک و یکپارچه سازی چند-امیکس با امکان تجزیه و تحلیل دقیق و بهبود صفات اقتصادی مانند نرخ رشد، راندمان تغذیه، مقاومت در برابر بیماری و کیفیت فیله در گونه‌های کلیدی از جمله ماهی سالمون، تیلپایا و میگو، آبی‌پروری را متحول کرده‌اند. منابع ژنومی با توان عملیاتی بالا، پروفایل برداری رونویسی، پروتئومیکس، متابولومیکس، مطالعه همخوانی سراسر ژنوم، انتخاب ژنومی و اعتبارسنجی کریسپر، دستاوردهای ژنتیکی را دو تا سه برابر نسبت به روش‌های سنتی تسریع می‌کنند و به معماری‌های چندژنی و تعاملات ژن در محیط می‌پردازند. ترکیب هوشمندانه داده‌های اومیک با روش‌های تحلیلی بیوانفورماتیک، ابزاری قدرتمند برای بهبود پایداری، بهره‌وری و سودآوری سیستم‌های آبی‌پروری فراهم می‌آورد، به شرط آن‌که همراه با برنامه‌ریزی بلندمدت، سرمایه‌گذاری در زیرساخت‌ها و تربیت نیروی انسانی متخصص دنبال شود. این استراتژی‌ها نویدبخش ایجاد سویه‌های مقاوم، کاهش اثرات زیست‌محیطی و افزایش سودآوری برای امنیت غذایی جهانی هستند.

کلمات کلیدی:

یکپارچه سازی چند اومیک
ژنومیکس
بیوانفورماتیک
انتخاب ژنومی
صفات اقتصادی



برای ارجاع به این مقاله از عبارت زیر استفاده کنید:
Nahavandi, R., & Pourmozaffar, S., & Abbasu (2025). The role of bioinformatics and omic data analysis in improving economic traits of aquatic animals. *Int. J. Biotech. Adv. Res.*, 1(2) 33-49 (In Persian)

مقدمه

را دوچندان کرده‌اند. در چنین شرایطی، بهبود صفات اقتصادی مهم مانند رشد سریع، کارایی استفاده از خوراک، مقاومت به بیماری‌ها، سازگاری با شوری و دمای متغیر و کیفیت مطلوب محصول نهایی، به عنوان اهداف کلیدی برنامه‌های اصلاح نژاد و مدیریت در آبی‌پروری مطرح است. در بسیاری از گونه‌های آبزیان پرورشی، طی سال‌های

آبی‌پروری در دهه‌های اخیر به یکی از مهم‌ترین بخش‌های تولید پروتئین حیوانی در جهان تبدیل شده است و سهم آن در تأمین غذای انسان به‌ویژه در کشورهای در حال توسعه، به طور مستمر رو به افزایش است. جمعیت رو به رشد جهان، محدودیت منابع آب شیرین، فشار بر ذخایر طبیعی ماهیان و نیز تغییرات اقلیمی، همگی ضرورت افزایش کارایی و پایداری سیستم‌های تولید آبزیان

* نویسنده عهده‌دار مکاتبات: Rezanahavandi91@gmail.com



با وجود رشد سریع مطالعات اومیک در گونه‌های مختلف آبی، هنوز فاصله قابل توجهی بین دانش تولیدشده در سطح مولکولی و کاربرد عملی آن در مزارع پرورشی وجود دارد. بخشی از این فاصله به دلیل کمبود زیرساخت‌های محاسباتی و نرم‌افزاری، بخشی ناشی از محدودیت‌های اقتصادی و بخشی دیگر مربوط به نبود ارتباط کافی بین محققان مولکولی، متخصصان بیوانفورماتیک و فعالان بخش تولید است. بنابراین، مرور و جمع‌بندی نظام‌مند مطالعات انجام‌شده و ترسیم چشم‌اندازی روشن از چگونگی بهره‌گیری از داده‌های اومیک و تحلیل‌های بیوانفورماتیک در بهبود صفات اقتصادی آبزیان می‌تواند به عنوان گامی مهم در جهت پیوند دادن پژوهش و کاربرد تلقی شود. این مقاله مروری با هدف تبیین نقش و ظرفیت‌های تحلیل داده‌های بیوانفورماتیک و اومیکس در بهبود صفات اقتصادی آبزیان پرورشی تدوین شده است (Rather et al., 2023).

۱- مبانی نظری اومیکس و بیوانفورماتیک در آبزیان

۱-۱- تعریف و جایگاه اومیکس

واژه اومیک (Omics) به مجموعه رویکردهایی اطلاق می‌شود که هدف مشترک آن‌ها بررسی جامع و سیستماتیک کلیه اجزا در یک سطح مشخص از سازمان زیستی است. برای مثال، ژنومیکس (Genomics) به مطالعه تمام ژن‌ها و توالی DNA، ترانسکریپتومیکس به بررسی کلیه رونوشت‌های RNA، پروتئومیکس به مطالعه مجموعه کامل پروتئین‌ها و متابولومیکس به تحلیل تمام متابولیت‌های کوچک مولکول در یک سلول یا بافت اطلاق می‌شود. ویژگی اصلی این رویکردها در مقایسه با مطالعات کلاسیک، نگاه سراسر ژنومی و تمرکز بر الگوهای کلان به جای تحلیل جداگانه اجزای منفرد است. در علوم شایلات، بهره‌گیری از روش‌های اومیک به‌ویژه در گونه‌های مهم تجاری مانند ماهیان سردآبی، گرم‌آبی، میگوها و دوکفه‌ای‌ها، طی سال‌های اخیر شتاب گرفته است. این فناوری‌ها امکان آن را فراهم می‌کنند که به جای تکیه صرف بر اطلاعات فنوتیپی، زیرساخت ژنتیکی و مولکولی صفات اقتصادی شناسایی شود. به عنوان نمونه، به کمک

گذشته تلاش‌هایی برای اصلاح نژاد به روش‌های کلاسیک مبتنی بر رکوردبرداری فنوتیپی و انتخاب توده‌ای صورت گرفته است. این روش‌ها اگرچه در مواردی موفقیت‌هایی به همراه داشته‌اند، اما در مواجهه با صفات پیچیده‌ای که تحت تأثیر تعداد زیادی ژن با اثرات کوچک و همچنین برهم‌کنش‌های محیطی هستند، محدودیت‌های جدی دارند. از سوی دیگر، چرخه‌های تولید طولانی در برخی گونه‌ها، دشواری ثبت دقیق فنوتیپ‌ها در شرایط مزرعه و همچنین هزینه‌های بالای آزمون‌های چالشی (مانند آلوده‌سازی تجربی برای ارزیابی مقاومت به بیماری)، سرعت پیشرفت ژنتیکی را محدود می‌کند. پیشرفت‌های فناوری در حوزه‌های توالی‌یابی DNA و RNA، تصویربرداری مولکولی، طیف‌سنجی جرمی و سایر روش‌های تحلیلی، منجر به ظهور نسل جدیدی از رویکردهای تحقیقاتی شده است که تحت عنوان فناوری‌های اومیکس شناخته می‌شوند. این رویکردها امکان بررسی جامع و هم‌زمان کل مجموعه ژن‌ها (ژنومیکس)، پروتئین‌ها (پروتئومیکس) و ترانسکریپتومیکس، متابولومیکس را در یک موجود زنده فراهم می‌کنند. در کنار آن، مطالعه ترکیب و عملکرد جوامع میکروبی مرتبط با آبزیان و محیط پرورش از طریق متاژنومیکس، چشم‌انداز جدیدی برای درک تعامل بین میزبان و میکروبیوم گشوده است (Lau et al., 2025).

ویژگی مشترک تمامی این فناوری‌ها، تولید حجم بسیار بالایی از داده‌های پیچیده است که بدون به‌کارگیری ابزارها و روش‌های پیشرفته محاسباتی، قابل استفاده عملی نیستند. در اینجا است که بیوانفورماتیک نقش کلیدی خود را نشان می‌دهد. بیوانفورماتیک به‌طور خلاصه علم مدیریت، تحلیل و تفسیر داده‌های زیستی با کمک روش‌های آماری، الگوریتمی و محاسباتی است. بیوانفورماتیک در زمینه علوم شایلات و آبی‌پروری، به پژوهشگران کمک می‌کند تا از میان انبوه داده‌های خام، الگوهای معنادار مربوط به صفات اقتصادی را شناسایی کرده و آن‌ها را در قالب نشانگرهای مولکولی، مدل‌های پیش‌بینی‌کننده و مسیرهای هدف برای مداخله مدیریتی یا اصلاح ژنتیکی، مورد استفاده قرار دهند (Zhang et al., 2023).

۳-۱- ترانسکریپتومیکس و تحلیل بیان ژن

ترانسکریپتومیکس به بررسی مجموعه کامل RNAهای بیان‌شده در یک سلول، بافت یا ارگانیسم در یک شرایط خاص می‌پردازد. از آنجا که بسیاری از صفات اقتصادی در آبزیان، نتیجه تغییرات ظریف در سطح بیان ژن‌ها در پاسخ به محیط، تغذیه و عوامل استرس‌زا است، ترانسکریپتومیکس ابزار قدرتمندی برای درک سازوکارهای زیربنایی این صفات به شمار می‌آید. امروزه، RNA-Seq به عنوان روش غالب در مطالعات ترانسکریپتومیک استفاده می‌شود. در این روش، ابتدا RNA استخراج‌شده به cDNA تبدیل و سپس توالی‌یابی می‌شود. داده‌های حاصل با کمک روش‌های بیوانفورماتیک به ژنوم مرجع یا ترانسکریپتوم مرجع نگاشت می‌شوند و سطح بیان هر ژن در قالب شاخص‌هایی مانند FPKM یا TPM برآورد می‌گردد. مقایسه بین گروه‌های مختلف (مثلاً ماهیان مقاوم و حساس به یک بیماری) امکان شناسایی ژن‌های دیفرانسیل بیان‌شده را فراهم می‌کند. افزون بر این، با استفاده از تحلیل‌های شبکه‌ای می‌توان الگوهای هم‌بیانی بین ژن‌ها را استخراج و مازول‌های ژنی مرتبط با صفات خاص را شناسایی کرد. این اطلاعات برای تعیین ژن‌های کاندید و نشانگرهای مولکولی بسیار ارزشمند است. یک نکته مهم آن است که ترانسکریپتومیکس نه تنها در تعیین ژن‌های درگیر در پاسخ به عوامل تنش‌زا، بلکه در مطالعه فرآیندهایی مانند رشد عضله، تکامل گناد، متابولیسم چربی و پاسخ به جیره‌های غذایی متفاوت نیز به‌طور گسترده در آبزیان به کار می‌رود (Monzó et al., 2025).

۴-۱- پروتئومیکس و متابولومیکس

اگرچه اطلاعات ژنومی و ترانسکریپتومی دید خوبی از نقشه بالقوه و الگوی بیان ژن‌ها ارائه می‌دهد، اما محصول نهایی عملکرد ژن‌ها، غالباً در سطح پروتئین‌ها و متابولیت‌ها قابل مشاهده است. پروتئومیکس با تمرکز بر ساختار، مقدار و تغییرات پساترجمه‌ای پروتئین‌ها و متابولومیکس با مطالعه متابولیت‌های کوچک مولکول، حلقه ارتباط میان اطلاعات ژنتیکی و فنوتیپ واقعی را تکمیل می‌کنند. در مطالعات پروتئومیکس آبزیان، روش‌هایی مانند الکتروفورز

ترانسکریپتومیکس می‌توان الگوی بیان ژن‌های درگیر در پاسخ ایمنی به بیماری یا سازگاری با تنش شوری را مشخص کرد و از نتایج برای انتخاب خانواده‌ها یا لاین‌هایی با توان تطابق بالاتر بهره برد (Martínez-Espinosa, 2025).

۲-۱- ژنومیکس در آبزیان

ژنومیکس به عنوان نقطه شروع بسیاری از مطالعات اومیک، بر تعیین و تحلیل ساختار و عملکرد ژنوم تمرکز دارد. در گونه‌های آبزی، ژنوم اغلب پیچیدگی‌های خاصی نظیر چندپلوئیدی، اندازه بزرگ و وجود توالی‌های تکراری بالا دارد که کار مونتاژ و حاشیه‌نویسی را دشوار می‌کند. با این حال، توسعه فناوری‌های توالی‌یابی نسل جدید و نیز روش‌های بیوانفورماتیک پیشرفته، امکان دستیابی به پیش‌نویس‌های با کیفیت از ژنوم بسیاری از گونه‌های مهم را فراهم کرده است. در چارچوب ژنومیکس، چند محور اصلی قابل تمایز است:

تعیین توالی و مونتاژ ژنوم: در این مرحله، داده‌های حاصل از توالی‌یابی به کمک الگوریتم‌های مونتاژ، به توالی‌های طولانی‌تر (Contig) تبدیل می‌شوند و در نهایت ساختار نسبی کروموزوم‌ها بازسازی می‌گردد.

حاشیه‌نویسی (Annotation): شامل شناسایی ژن‌ها، نواحی تنظیمی، RNAهای غیرکدکننده و سایر عناصر عملکردی در ژنوم است. دقت این مرحله تا حد زیادی به کیفیت داده‌های توالی و در دسترس بودن اطلاعات مقایسه‌ای از گونه‌های نزدیک بستگی دارد.

شناسایی تنوع ژنتیکی: با مقایسه ژنوم‌های افراد مختلف از یک گونه، انواع مختلف پلی‌مورفیسم‌ها شامل SNP، حذف یا درج بازها (Indel) و واریانت‌های ساختاری شناسایی می‌شود. این تنوع‌ها پایه تشکیل نقشه‌های ژنتیکی و شناسایی نواحی ژنومی مرتبط با صفات اقتصادی است. توان ژنومیکس در ارزی‌پروری زمانی بیشتر نمود پیدا می‌کند که داده‌های ژنومی با اطلاعات فنوتیپی گسترده در برنامه‌های به‌نژادی تلفیق گردد. در این صورت می‌توان از روش‌هایی مانند انتخاب بر پایه ژنوم بهره گرفت که در بخش‌های بعدی به آن پرداخته خواهد شد (Wang et al., 2024).

در ترکیب میکروبیوم روده‌ای می‌تواند با صفاتی مانند رشد، کارایی خوراک و مقاومت به بیماری در ارتباط باشد؛ موضوعی که راه را برای دستکاری هدفمند میکروبیوم از طریق پروبیوتیک‌ها، پری‌بیوتیک‌ها و اصلاح شرایط پرورشی باز می‌کند (Yáñez et al., 2022).

۶-۱- بیوانفورماتیک؛ از داده خام تا دانش قابل استفاده

وجه مشترک تمام رویکردهای اومیک، تولید داده‌های حجیم و پیچیده است. بدون به‌کارگیری ابزارها، الگوریتم‌ها و زیرساخت‌های محاسباتی، این داده‌ها عملاً ارزش کاربردی نخواهند داشت. بیوانفورماتیک، به عنوان یک رشته میان‌رشته‌ای میان زیست‌شناسی، علوم کامپیوتر، آمار و ریاضیات، بستر لازم برای تبدیل داده‌های خام به اطلاعات ساختاریافته و در نهایت، دانش زیستی قابل استفاده در برنامه‌های اصلاح نژادی و مدیریت تولید را فراهم می‌کند.

مراحل اصلی کار با داده‌های اومیک شامل:

- کنترل کیفیت و پالایش داده‌ها (حذف خوانش‌های با کیفیت پایین، آلودگی‌ها و خطاها)

- مونتاژ و نگاشت داده‌ها به ژنوم یا مرجع مناسب

- کمی‌سازی و نرمال‌سازی سطوح بیان ژن، پروتئین یا متابولیت

- تحلیل آماری و شناسایی تفاوت‌های معنی‌دار بین گروه‌های آزمایشی

- تحلیل عملکردی شامل غنی‌سازی ژن، مسیرهای پایگاه داده برای آنالیز سیستماتیک عملکردهای ژن (KEGG Pathway Database) و شبکه‌های برهم‌کنش مدل‌سازی و پیش‌بینی صفات بر اساس الگوهای استخراج‌شده است.

در آبی‌پروری، چالش مهم این است که نتایج بیوانفورماتیک چگونه می‌تواند به ابزارهای عملی برای تصمیم‌گیری (مانند انتخاب مولدین، طراحی جیره، مدیریت بهداشت و تنظیم شرایط محیطی) تبدیل شود. ارتباط مستمر بین تیم‌های بیوانفورماتیک، زیست‌مولکولی و کارشناسان مزرعه نقش تعیین‌کننده‌ای در موفقیت این فرایند دارد (Nambiar and Banuru, 2025).

دوبعدی و طیف‌سنجی جرمی برای شناسایی و کمی‌سازی پروتئین‌ها مورد استفاده قرار می‌گیرد (Zambon et al., 2025). سپس داده‌های به‌دست‌آمده با کمک پایگاه‌های داده و نرم‌افزارهای تخصصی، مورد شناسایی و طبقه‌بندی عملکردی قرار می‌گیرند. تحلیل‌های بیوانفورماتیک در این حوزه شامل تطبیق طیف‌ها با توالی‌های پروتئینی، شناسایی مسیرهای زیستی غالب و بررسی شبکه‌های برهم‌کنش پروتئین-پروتئین است. در متابولومیکس نیز، تکنیک‌هایی مانند کروماتوگرافی گازی و مایع همراه با طیف‌سنجی جرمی یا طیف‌سنجی رزونانس مغناطیسی هسته‌ای، برای شناسایی الگوی متابولیت‌ها به کار می‌رود. تحلیل چندمتغیره این داده‌ها می‌تواند تفاوت‌های متابولیک بین گروه‌های با عملکرد متفاوت (مثلاً رشد بالا در مقابل رشد پایین یا تغذیه با جیره‌های مختلف) را نشان دهد. بدین ترتیب می‌توان نشانگرهای متابولیتی مرتبط با کارایی تغذیه‌ای، کیفیت گوشت یا وضعیت سلامت را شناسایی کرد (Tzec-Interián et al., 2025).

۵-۱- متاژنومیکس و میکروبیوم مرتبط با آبزیان

در سال‌های اخیر، مشخص شده است که عملکرد و سلامت آبزیان تنها به ژنوم میزبان محدود نمی‌شود، بلکه جوامع میکروبی هم‌زیست در دستگاه گوارش، پوست، آب و رسوبات استخرها نیز نقش تعیین‌کننده‌ای در رشد، ایمنی و کارایی استفاده از خوراک دارند. متاژنومیکس رویکردی است که از طریق توالی‌یابی مستقیم DNA استخراج‌شده از نمونه‌های محیطی، بدون نیاز به کشت میکروارگانیسم‌ها، ترکیب و ظرفیت عملکردی این جوامع را آشکار می‌کند. در متاژنومیکس آبزیان، معمولاً از توالی‌یابی نواحی خاصی از ژن 16S rRNA برای باکتری‌ها یا ژن‌های نشانگر دیگر استفاده می‌شود (متابارکدینگ) یا در سطح گسترده‌تر، تحلیل جامع کل محتوای DNA ژنومی موجود در یک نمونه زیستی بدون نیاز به جداسازی، کشت میکروارگانیسم‌ها یا تقویت نواحی خاص ژنومی توالی‌یابی می‌شود (Shotgun Metagenomic Sequencing). داده‌های حاصل با کمک ابزارهای بیوانفورماتیک برای تعیین ترکیب گونه‌ای، تنوع میکروبی و پیش‌بینی عملکردهای متابولیک تحلیل می‌شود. نتایج این مطالعات نشان داده است که تغییر

۲- نقش بیوانفورماتیک در تحلیل داده‌های ژنومی

آبزیان

۲-۱- توالی‌یابی نسل جدید و پیامدهای آن برای ژنوم

آبزیان

ورود فناوری‌های توالی‌یابی نسل جدید باعث شد که دسترسی به داده‌های ژنومی حتی در گونه‌هایی که از نظر تحقیقاتی کمتر مورد توجه بودند، امکان‌پذیر گردد. در گذشته، تهیه توالی کامل ژنوم تنها برای تعداد محدودی از گونه‌ها توجیه‌پذیر بود، اما امروزه هزینه و زمان مورد نیاز برای توالی‌یابی به‌طور چشمگیری کاهش یافته است. این تحول در حوزه آبزیان نیز موجب شده که برای بسیاری از گونه‌های مهم پرورشی، پیش‌نویس ژنوم با کیفیت قابل قبول در دسترس باشد. از دیدگاه بیوانفورماتیک، داده‌های حاصل از توالی‌یابی خام نیستند که به‌طور مستقیم قابل تفسیر باشند. این داده‌ها به‌صورت خوانش‌های کوتاه یا بلند (Reads) تولید می‌شوند که باید از مسیر مجموعه‌ای از گام‌های تحلیلی عبور کنند تا به ساختار ژنوم و در نهایت، اطلاعات کاربردی برای صفات اقتصادی تبدیل شوند. بخش مهمی از این فرایند، طراحی صحیح جریان کار (Pipeline) بیوانفورماتیک و انتخاب ابزارهای مناسب برای مونتاژ، حاشیه‌نویسی و شناسایی متغیرها است (Anderson et al., 2025).

۲-۲- مونتاژ ژنوم و حاشیه‌نویسی عملکردی

مونتاژ ژنوم در گونه‌های آبری با چالش‌هایی نظیر اندازه بزرگ ژنوم، سطح بالای تکرارها و در مواردی چندپلوئیدی بودن مواجه است. برای غلبه بر این مشکلات، معمولاً از ترکیب داده‌های توالی‌یابی کوتاه‌خوان با داده‌های بلندخوان و نیز اطلاعات کمکی مانند نقشه‌های ژنتیکی استفاده می‌شود. الگوریتم‌های مونتاژ، خوانش‌های توالی‌یابی را بر اساس هم‌پوشانی و تشابه، کنار هم قرار می‌دهند تا توالی‌های DNA پیوسته و بدون فاصله (Contigs) و اسکفولدهایی (Scaffold) تشکیل شده از چند کانتینگ با طول بیشتر ایجاد شود. پس از آن، مرحله حاشیه‌نویسی قرار دارد که در آن تلاش می‌شود موقعیت ژن‌ها، نواحی کدکننده پروتئین، RNAهای غیرکدکننده، عناصر تنظیمی و سایر ویژگی‌های ژنومی مشخص گردد. در این

مرحله، ترکیبی از روش‌های مبتنی بر شواهد (استفاده از داده‌های ترانسکریپتومی و پروتئومی) و الگوریتم‌های پیش‌بینی ژن به کار گرفته می‌شود. کیفیت حاشیه‌نویسی تا حد زیادی تعیین می‌کند که در مراحل بعدی، چه میزان می‌توان ژن‌ها و مسیرهای درگیر در صفات اقتصادی را با دقت کافی شناسایی کرد. از منظر کاربردی، داشتن یک ژنوم مرجع حاشیه‌نویسی‌شده برای یک گونه، زیرساخت اصلی برای مجموعه‌ای از تحلیل‌های پیشرفته‌تر است؛ از جمله:

- شناسایی ژن‌های کاندید برای رشد سریع، مقاومت به بیماری یا سازگاری با شوری
- طراحی نشانگرهای مولکولی مانند SNP و میکروساتلیت‌ها
- ساخت نقشه‌های پیوستگی و نقشه‌های فیزیکی دقیق‌تر (Song et al., 2025)

۲-۳- شناسایی نشانگرهای مولکولی و تنوع ژنتیکی

یکی از مهم‌ترین خروجی‌های تحلیل داده‌های ژنومی، شناسایی نشانگرهای مولکولی قابل استفاده در برنامه‌های اصلاح نژادی است. در میان انواع مختلف نشانگرها، پلی‌مورفیسم‌های تک‌نوکلئوتیدی (SNP) به دلیل فراوانی بالا و امکان ژنوتایپ‌کردن انبوه، جایگاه ویژه‌ای در آبری‌پروری پیدا کرده‌اند. بیوانفورماتیک در این حوزه نقشی اساسی دارد، زیرا خوانش‌های توالی‌یابی افراد مختلف باید به ژنوم مرجع نگاشت شوند. سپس با مقایسه این نگاشت‌ها، جایگاه‌هایی که در آن‌ها اختلاف نوکلئوتیدی وجود دارد، شناسایی می‌گردد. فیلترهای کیفیت برای حذف خطاهای توالی‌یابی اعمال می‌شود تا تنها SNPs قابل اعتماد باقی بمانند. در کنار SNPها، میکروساتلیت‌ها و متغیرهای ساختاری (مانند حذف‌ها، درج‌ها و وارونگی‌ها) نیز قابل استخراج هستند، با این تفاوت که شناسایی آن‌ها معمولاً پیچیدگی بیشتری دارد. اطلاعات حاصل از این تنوع‌ها برای محاسبه پارامترهایی مانند تنوع ژنتیکی، ساختار جمعیت، میزان درون‌آمیزی و شناسایی روابط خویشاوندی مفید است و پایه طراحی برنامه‌های جمعیت‌محور اصلاح نژاد را تشکیل می‌دهد.

۲-۴- نقشه‌های پیوستگی و شناسایی نواحی کنترل‌کننده صفات (QTL)

پس از شناسایی مجموعه‌ای از نشانگرهای مولکولی، گام بعدی، ساخت نقشه‌های پیوستگی ژنتیکی است. در این نقشه‌ها، ترتیب نسبی و فاصله نوکلئوتیدی نشانگرها بر اساس فراوانی بازترکیب بین آن‌ها برآورد می‌شود. نقشه‌های پیوستگی، ابزار قدرتمندی برای شناسایی نواحی ژنومی مرتبط با صفات کمی (QTL = Quantitative Trait Loci) محسوب می‌شوند. در مطالعات QTL، عملکرد فنوتیپی افراد (مثل سرعت رشد یا میزان مقاومت به یک بیماری خاص) با اطلاعات ژنوتیپی آن‌ها در امتداد ژنوم ترکیب می‌گردد. با استفاده از روش‌های آماری و بیوانفورماتیک، نواحی‌ای از ژنوم که تغییرات آن‌ها با تغییرات صفات همبستگی معنی‌دار دارد، شناسایی می‌شوند. این نواحی می‌توانند شامل یک یا چند ژن مؤثر باشند که طی مراحل بعدی با مطالعات پیشرفته در ژنتیک و ژنومیک، روش محدود کردن یک ناحیه بزرگ به یک ناحیه کوچکتر و شناسایی ژن یا جهش دقیق مسئول یک صفت (Fine mapping) و ترانسکریپتومیک، محدود و مشخص می‌شوند. کاربرد اصلی این اطلاعات، توسعه نشانگرهای مرتبط با صفات اقتصادی و استفاده از آن‌ها در انتخاب کمک‌نشانگری است. به این ترتیب، به جای تکیه صرف بر رکوردهای فنوتیپی، می‌توان از اطلاعات ژنوتیپی به‌عنوان راهنمای انتخاب در سنین پایین‌تر یا حتی قبل از بروز کامل صفت استفاده کرد (Ibrahim et al., 2025).

۳- کاربردهای ترانسکریپتومیکس و تحلیل بیوانفورماتیک در صفات اقتصادی

۳-۱- طراحی مطالعات RNA-Seq در گونه‌های آبی

مطالعات ترانسکریپتومیکس، زمانی بیشترین ارزش را دارند که طراحی آزمایش به‌درستی انجام شده باشد. در زمینه صفات اقتصادی آبزیان، معمولاً مقایسه بین دو یا چند گروه با تفاوت مشخص در فنوتیپ انجام می‌شود، مثلاً ماهیان با رشد سریع در برابر ماهیان با رشد آهسته، خانواده‌های مقاوم در برابر یک عامل بیماری‌زا در مقابل خانواده‌های حساس یا ماهیانی که تحت تغذیه با دو نوع

جیره (استاندارد و بهینه‌شده) قرار گرفته‌اند. انتخاب بافت هدف (مانند کبد، عضله، روده یا بافت‌های ایمنی)، زمان نمونه‌برداری و تعداد تکرارهای زیستی در موفقیت مطالعه نقش تعیین‌کننده دارد. پس از استخراج RNA باکیفیت و تهیه کتابخانه‌های توالی‌یابی، داده‌های خام به‌دست‌آمده باید تحت کنترل کیفیت و پالایش قرار گیرند و سپس به ژنوم یا ترانسکریپتوم مرجع نگاشت شوند (Lv et al., 2024).

۳-۲- شناسایی ژن‌های دیفرانسیل بیان‌شده و تحلیل مسیرهای زیستی

گام اصلی پس از نگاشت داده‌ها، برآورد سطح بیان ژن‌ها و مقایسه آن‌ها بین گروه‌های مختلف است. برای این منظور، از روش‌های آماری متفاوتی برای شناسایی ژن‌هایی استفاده می‌شود که تغییر بیان آن‌ها از نظر آماری معنی‌دار است. این ژن‌ها که سطح بیان آن‌ها بین دو یا چند شرایط مختلف به طور معنی‌دار تغییر کرده باشد، به‌عنوان ژن‌های دیفرانسیل بیان‌شده (Differentially Expressed Genes = DEGs) شناخته می‌شوند. سرخ‌های اولیه در مورد سازوکارهای مولکولی زیربنای تفاوت فنوتیپی را فراهم می‌کنند. با این حال، فهرست ساده‌ای از ژن‌ها به‌تنهایی چندان گویا نیست. به همین دلیل، در مرحله بعد از تحلیل‌های عملکردی استفاده می‌شود که شامل:

- تحلیل غنی‌سازی: اصطلاحات غنی‌سازی ژنی برای شناسایی فرآیندهای زیستی و عملکردهای مولکولی غالب
- تحلیل مسیرهای متابولیک: برای تعیین مسیرهایی که در آنها تجمعی از ژن‌های دیفرانسیل بیان‌شده حضور دارند
- تحلیل شبکه‌های هم‌بیانی: برای شناسایی خوشه‌های ژنی که به‌طور هماهنگ تغییر می‌کنند. این رویکردها کمک می‌کنند که به‌جای تمرکز بر تک‌ژن‌ها، تصویر جامع‌تری از پاسخ مولکولی آبی در مواجهه با شرایط مختلف اقتصادی-مدیریتی به دست آید (Liu and Naganuma, 2024).

۳-۳- نمونه‌هایی از کاربرد ترانسکریپتومیکس در صفات اقتصادی

کاربردهای ترانسکریپتومیکس در آبی‌پروری، دامنه گسترده‌ای را پوشش می‌دهد که برخی از مهم‌ترین حوزه‌های آن عبارت‌اند از:

• رشد و کارایی تغذیه‌ای

بررسی الگوی بیان ژن در عضله و کبد ماهیان با رشد متفاوت، می‌تواند ژن‌ها و مسیرهای درگیر در متابولیسم انرژی، سنتز پروتئین و ذخیره چربی را مشخص کند. بر این اساس، می‌توان ژن‌های کاندید برای رشد سریع‌تر را شناسایی و از آن‌ها به‌عنوان نشانگر در برنامه‌های اصلاح نژاد استفاده کرد. همچنین، نتایج چنین مطالعاتی می‌تواند در تنظیم جیره‌های غذایی متناسب با نیازهای متابولیک لاین‌های مختلف کمک‌کننده باشد (Zhang et al., 2025).

• مقاومت به بیماری‌ها

یکی از مهم‌ترین هزینه‌ها در آبی‌پروری به تلفات ناشی از بیماری‌ها مربوط است. با آلوده‌سازی کنترل‌شده ماهیان مقاوم و حساس و تحلیل ترانسکریپتوم بافت‌های ایمنی مانند طحال و کلیه، می‌توان ژن‌ها و مسیرهای دخیل در پاسخ ایمنی مؤثر را شناسایی کرد. این اطلاعات برای توسعه نشانگرهای مرتبط با مقاومت و نیز طراحی واکسن‌ها و استراتژی‌های بهداشت مزرعه مفید است (Macedo et al., 2024).

• سازگاری با تنش‌های محیطی

تغییرات دما، شوری، اکسیژن محلول و سایر پارامترهای محیطی، تأثیر مستقیمی بر عملکرد آبیان دارد. ترانسکریپتومیکس امکان بررسی پاسخ مولکولی ماهیان و سخت‌پوستان به این تنش‌ها را فراهم می‌کند. شناخت مسیرهای استرس، مثلاً مسیرهای مرتبط با پروتئین‌های شوک حرارتی و یا سیستم آنتی‌اکسیدانی و تنظیم اسمزی، می‌تواند در انتخاب لاین‌های مقاوم و همچنین تنظیم مدیریت محیطی مزرعه سودمند باشد (Houston et al., 2022).

• کیفیت گوشت و ترکیب بدن

در گونه‌های تجاری، کیفیت حسی و تغذیه‌ای گوشت نیز از صفات اقتصادی به شمار می‌رود. با بررسی الگوی بیان ژن در بافت عضله در شرایط متفاوت تغذیه‌ای و مدیریتی، می‌توان ژن‌ها و مسیرهایی را که در تعیین میزان چربی، بافت عضلانی و ترکیب

اسیدهای چرب نقش دارند، شناسایی کرد (Power et al., 2023).

۴- پروتئومیکس و متابولومیکس: پل میان ژنوم و فنوتیپ

۴-۱- جایگاه پروتئومیکس در مطالعات آبیان

پروتئومیکس به‌عنوان مطالعه جامع پروتئین‌ها، زمانی اهمیت پیدا می‌کند که بخواهیم تأثیر تغییرات ژنتیکی و بیان ژن را در سطح عملکرد واقعی سلول و بافت ببینیم. بسیاری از فرآیندهای حیاتی، مانند انقباض عضله، پاسخ ایمنی، انتقال مواد و سیگنال‌دهی سلولی، در نهایت توسط پروتئین‌ها اجرا می‌شوند. علاوه بر این، تغییرات پساترجمه‌ای پروتئین‌ها، مانند فسفریلاسیون و گلیکوزیلاسیون، می‌توانند نقش‌های تنظیمی مهمی داشته باشند که با صرفاً مطالعه RNA قابل مشاهده نیست. در مطالعات پروتئومیکس آبیان، معمولاً از ترکیب تفکیک پروتئین‌ها (مثلاً الکتروفورز دو بعدی) و شناسایی آن‌ها با طیف‌سنجی جرمی استفاده می‌شود. داده‌های حاصل، پس از پردازش بیوانفورماتیک، به توالی‌های پروتئینی متناظر نگاشت می‌شوند و در پایگاه‌های داده ساختاری و عملکردی طبقه‌بندی می‌گردند (Purcell et al., 2025).

۴-۲- کاربرد پروتئومیکس در بهبود صفات اقتصادی

• بررسی کیفیت گوشت و فرآورده‌های دریایی: تغییر در الگوی پروتئین‌های عضله می‌تواند با بافت، قابلیت نگهداری آب، طعم و ماندگاری محصول مرتبط باشد. شناسایی پروتئین‌های کلیدی مرتبط با کیفیت می‌تواند در اصلاح نژاد یا بهبود شرایط پس از برداشت مفید باشد (Jaiswal et al., 2023).

• مطالعه پاسخ به استرس و بیماری: پروتئومیکس بافت‌های ایمنی و سرم می‌تواند پروتئین‌های دفاعی، آنزیم‌های دخیل در التهاب و مولکول‌های سیگنال‌دهنده را شناسایی کند و درک عمیق‌تری از سازوکار مقاومت فراهم آورد. • تحلیل اثر جیره‌های غذایی مختلف: تغییر در پروتئین‌های متابولیک کبد و روده در پاسخ به جیره‌های متفاوت، می‌تواند برای طراحی خوراک‌هایی با کارایی بالاتر مورد استفاده قرار گیرد (Young et al., 2023).

در سال‌های اخیر، نگاه به میکروارگانیسم‌ها از عامل بیماری‌زا به شریک عملکردی و تنظیم‌گر اکوسیستم پرورش تغییر کرده است، تغییری که پیامدهای مهمی برای مدیریت مزارع دارد.

۱-۵-۱- میکروبیوم؛ جزء فراموش‌شده زیست‌سامانه آبریان

آبریان در محیطی کاملاً باز و در تماس دائمی با آب و رسوب‌های حاوی میلیون‌ها میکروارگانیسم زندگی می‌کنند. در چنین شرایطی، مرز مشخصی بین میزبان و محیط میکروبی پیرامون آن وجود ندارد. به عبارت دیگر، ماهی یا میگو را باید به همراه میکروبیوم روده، پوست، آبشش و میکروبیوم آب و بستر به‌عنوان یک فراارگانیسم در نظر گرفت. میکروبیوم‌های کلیدی در آبری پروری عبارت‌اند از:

- میکروبیوم روده‌ای: شامل باکتری‌ها، قارچ‌ها و در برخی موارد آرکی باکتری‌ها که در هضم، متابولیسم و تنظیم ایمنی دخالت دارند.

- میکروبیوم پوست و آبشش: اولین سد زیستی در برابر عوامل بیماری‌زای موجود در آب، با نقش محافظتی و تنظیمی.

- میکروبیوم آب و رسوب: تعیین‌کننده کیفیت آب، چرخه نیتروژن و فسفر و تعادل بین میکروارگانیسم‌های مفید و مضر. درک این نکته که میکروبیوم بخشی جدایی‌ناپذیر از سیستم تولید است، نقطه آغاز برای طراحی رویکردهای مدیریتی نوین در مزارع به شمار می‌آید (Rajeev et al., 2024).

۲-۵-۱- نقش میکروبیوم روده در رشد، ضریب تبدیل غذایی و سلامت

یکی از مهم‌ترین جنبه‌های اهمیت میکروبیوم، نقشی است که در تغذیه و رشد آبریان ایفا می‌کند. بسیاری از باکتری‌های هم‌زیست روده:

- آنزیم‌هایی مانند پروتئاز، لیپاز، آمیلاز و سلولاز تولید می‌کنند و به هضم بهتر اجزای جیره کمک می‌نمایند
- قادر به سنتز برخی ویتامین‌ها (مانند ویتامین‌های گروه B) و ترکیبات زیست‌فعال هستند

۳-۴- متابولومیکس و شاخص‌های متابولیک عملکرد

متابولومیکس با تمرکز بر متابولیت‌های کوچک مولکول، نمایی به نسبت نزدیک به فنوتیپ نهایی ارائه می‌دهد؛ زیرا متابولیت‌ها محصولات نهایی یا میانی مسیرهای زیستی هستند که با شرایط تغذیه‌ای، فیزیولوژیک و محیطی به سرعت تغییر می‌کنند. در مطالعات متابولومیکس آبریان، معمولاً از تکنیک‌هایی مانند کروماتوگرافی گازی-طیف‌سنجی جرمی، کروماتوگرافی مایع-طیف‌سنجی جرمی و طیف‌سنجی رزونانس مغناطیسی هسته (Nuclear magnetic resonance) استفاده می‌شود (Marhuenda- Egea and Sanchez Jerez, 2025).

تحلیل بیوانفورماتیک داده‌های متابولومیکس شامل مراحل زیر است:

- پردازش سیگنال‌ها و پیک‌ها، هم‌ترازسازی و نرمال‌سازی داده‌ها
- شناسایی متابولیت‌ها بر اساس الگوهای طیفی و مقایسه با پایگاه‌های مرجع
- استفاده از روش‌های چندمتغیره مانند تحلیل مولفه‌های اصلی (Principal component analysis) جهت تمایز گروه‌ها
- نگاشت متابولیت‌های کلیدی بر روی مسیرهای زیستی و ارتباط آن‌ها با فرآیندهای متابولیک
- نتیجه این تحلیل‌ها می‌تواند شناسایی امضای متابولیک برای وضعیت‌های مختلف باشد، مانند امضای متابولیک رشد سریع، کارایی خوراک بالا یا استرس حرارتی. این امضاها به‌ویژه اگر با داده‌های ژنومی و ترانسکریپتومی ترکیب شوند، ظرفیت بالایی برای پیش‌بینی و مدیریت عملکرد دارند (Young et al., 2024).

۵-۵- متاژنومیکس و میکروبیوم در بهبود عملکرد و سلامت آبریان

۱-۵- اهمیت میکروبیوم در سیستم‌های آبری پروری:

این اهمیت را می‌توان از دو منظر بررسی کرد:

- نقش آن در سلامت و عملکرد آبریان
- نقش آن در پایداری و کارایی سیستم پرورش

• رقابت با عوامل بیماری‌زای فرصت‌طلب: حضور جمعیت متعادل از باکتری‌های غیر بیماری‌زا در آب، فضای اکولوژیک را برای استقرار سریع عوامل بیماری‌زا محدود می‌کند (Liu et al., 2024).

۴-۵-۱- مدیریت میکروبیوم

از کنترل بیماری تا افزایش پایداری تولید در گذشته، رویکرد غالب در مدیریت بهداشت مزارع، تمرکز بر حذف یا سرکوب عوامل بیماری‌زا با استفاده از ضد عفونی‌کننده‌ها و آنتی‌بیوتیک‌ها بود. با شناخت بهتر میکروبیوم، نگاه به سمت مدیریت فعال جوامع میکروبی تغییر کرده است؛ یعنی به جای پاک کردن همه چیز، تلاش می‌شود ترکیب و کارکرد میکروبیوم به سمت الگوهای مطلوب هدایت شود. ابزارهای اصلی در این زمینه عبارت‌اند از:

• پروبیوتیک‌ها: افزودن باکتری‌ها و مخمرهای مفید به جیره یا آب، با هدف تقویت میکروبیوم مفید روده و محیط پری‌بیوتیک‌ها و سین‌بیوتیک‌ها: تامین ماده اولیه برای رشد انتخابی باکتری‌های مفید یا ترکیب پروبیوتیک و پری‌بیوتیک

• اصلاح مدیریت خوراک و تراکم: تنظیم میزان و ترکیب خوراک، تراکم ذخیره‌سازی و تبادل آب که همگی بر ساختار میکروبیوم اثر می‌گذارند

• استفاده از کشت چندگانه و سیستم‌های چندتروفیکی یکپارچه (IMTA): تلفیق گونه‌های مختلف (مثلاً ماهی، جلبک و نرم‌تنان) می‌تواند با ایجاد چرخه‌های مواد مغذی، به تعادل بهتر میکروبیوم کمک کند.

این رویکرد، به جای مقابله مقطعی با بحران‌ها، بر پیشگیری و ساختن یک اکوسیستم پایدار و مقاوم استوار است و در بلندمدت، هزینه‌ها و ریسک تولید را کاهش می‌دهد (Amillano-Cisneros et al., 2025).

۵-۵-۱- میکروبیوم، آنتی‌بیوتیک‌ها و نگرانی‌های

ایمنی غذایی

استفاده بی‌رویه از آنتی‌بیوتیک‌ها در آبی‌پروری، علاوه بر ایجاد مقاومت دارویی در باکتری‌ها، می‌تواند تعادل میکروبیوم روده و محیط را بر هم بزند. از پیامدهای این اختلال می‌توان به:

• با تولید اسیدهای چرب زنجیره کوتاه، منبع انرژی اضافی برای سلول‌های روده فراهم می‌کنند و بر سلامت مخاط اثر مثبت دارند.

نتیجه این فرایندها، بهبود ضریب تبدیل غذایی و افزایش سرعت رشد است، بدون آن‌که لزوماً نیاز به افزایش قابل توجه در میزان خوراک باشد. این موضوع در شرایطی که هزینه خوراک بخش اصلی هزینه‌های تولید را تشکیل می‌دهد، اهمیت اقتصادی بالایی دارد. از سوی دیگر، میکروبیوم روده‌ای در تنظیم سیستم ایمنی نیز نقش کلیدی دارد. حضور جمعیت پایدار و متعادل از باکتری‌های مفید:

• باکتری‌های بیماری‌زا را از طریق رقابت بر سر فضا و مواد مغذی سرکوب می‌کند (رقابت اشغالی و تغذیه‌ای)

• با تولید مواد ضد میکروبی (پروتئین‌های ضدباکتری (Bacteriocins)، اسیدهای آلی و ...) فشار انتخابی بر جمعیت عوامل بیماری‌زا وارد می‌کند

• از طریق تحریک پاسخ‌های ایمنی موضعی و عمومی، آماده‌باش ایمنی میزبان را ارتقا می‌دهد (Hossieni et al., 2024).

۳-۵-۱- میکروبیوم آب و رسوب؛ تنظیم‌کننده کیفیت محیط پرورش

کیفیت آب یکی از مهم‌ترین عوامل تعیین‌کننده موفقیت در آبی‌پروری است. بخش قابل توجهی از فرآیندهای مرتبط با کیفیت آب، توسط جوامع میکروبی ساکن در ستون آب و رسوبات استخرها و حوضچه‌ها کنترل می‌شود. نقش‌های کلیدی میکروبیوم محیطی عبارت‌اند از:

• چرخه نیتروژن: باکتری‌های نیترات ساز و تبدیل‌کننده نیترات به گاز نیتروژن در تبدیل آمونیاک و نیتريت سمی به ترکیبات کم‌خطرتر نقش دارند. عدم تعادل در این جوامع می‌تواند منجر به تجمع آمونیاک و نیتريت و بروز تنش و تلفات شود.

• تجزیه مواد آلی: تجمع فضولات، خوراک مصرف‌نشده و بقایای آلی که در صورت عدم تجزیه مناسب، باعث افت کیفیت آب و ایجاد شرایط بی‌هوای در رسوبات می‌شود. میکروارگانیسم‌های تجزیه‌کننده، با تبدیل این مواد به ترکیبات ساده‌تر، به حفظ تعادل اکولوژیک کمک می‌کنند.

• کاهش جمعیت باکتری‌های مفید

• ایجاد فضا برای رشد باکتری‌های فرصت‌طلب مقاوم

• احتمال انتقال ژن‌های مقاومت به میکروارگانیسم‌های بیماریزا اشاره کرد

این وضعیت نه تنها سلامت گله، بلکه سلامت مصرف‌کنندگان و اکوسیستم‌های طبیعی پیرامون مزارع را نیز تهدید می‌کند. در مقابل، تقویت میکروبیوم مفید به عنوان یک راهکار جایگزین یا مکمل، می‌تواند نیاز به آنتی‌بیوتیک‌ها را کاهش داده و به تولید محصولات سالم‌تر و قابل قبول‌تر از دیدگاه بازارهای داخلی و بین‌المللی منجر شود (Caballero et al., 2024).

۶-۵-۱ چشم‌انداز آینده: میکروبیوم به عنوان ابزار

مدیریتی دقیق

پیشرفت روش‌های متاژنومیک و تحلیل بیوانفورماتیک، امکان پایش دقیق ساختار و عملکرد میکروبیوم را در زمان‌های مختلف فراهم کرده است. در آینده نزدیک، می‌توان انتظار داشت که:

• پروفایل میکروبیوم روده و آب به عنوان شاخصی برای وضعیت سلامت و پیش‌بینی خطر بروز بیماری مورد استفاده قرار گیرد

• استراتژی‌های تغذیه‌ای و مدیریتی بر اساس امضای میکروبی هر مزرعه تنظیم شوند

• حتی انتخاب ژنتیکی آبزیان با در نظر گرفتن برهم‌کنش میزبان-میکروبیوم انجام شود

در چنین چارچوبی، میکروبیوم از یک پارامتر پنهان به یک ابزار مدیریتی فعال و هدفمند تبدیل خواهد شد که نقش مهمی در افزایش بهره‌وری، کاهش مخاطرات و حرکت به سمت آبی‌پروری پایدار و دوستدار محیط زیست ایفا می‌کند (Vanden Bussche and Verdegem, 2023)

۲-۵- رویکردهای متاژنومیک و تحلیل

بیوانفورماتیک :

در متاژنومیکس آبزیان، معمولاً دو رویکرد اصلی دیده می‌شود:

• متابارکدینگ: توالی‌یابی نواحی شاخص مانند 16S rRNA برای شناسایی ترکیب باکتریایی در سطح جنس یا گونه؛

• توالی‌یابی شاتگان متاژنومیکس (Shotgun Metagenomic Sequencing): این روش کل DNA موجود در یک نمونه محیطی به صورت تصادفی خرد شده و توالی‌یابی می‌گردد و سپس داده‌های حاصل از این روش‌ها نیازمند گام‌هایی مانند پالایش، هم‌ترازسازی، طبقه‌بندی توالی‌ها و محاسبه شاخص‌های تنوع است. نرم‌افزارها و پایگاه‌های داده اختصاصی برای این حوزه توسعه یافته‌اند که امکان شناسایی گروه‌های میکروبی غالب، پیش‌بینی مسیرهای متابولیک و بررسی ارتباط بین ساختار میکروبیوم و عملکرد میزبان را فراهم می‌کنند (Usyk et al., 2023).

۳-۵- کاربرد متاژنومیکس در صفات اقتصادی و سلامت

مطالعات مختلف نشان داده‌اند که تغییر در ترکیب میکروبیوم می‌تواند با صفاتی مانند رشد، کارایی استفاده از خوراک و مقاومت به بیماری‌ها مرتبط باشد. برای مثال، حضور بالاتر برخی باکتری‌های تولیدکننده اسیدهای چرب زنجیره کوتاه در روده، ممکن است با کارایی بهتر هضم و افزایش رشد همراه باشد. یا کاهش نسبی باکتری‌های بیماری‌زا در حضور پروبیوتیک‌ها می‌تواند مخاطرات بهداشتی را کاهش دهد. بیوانفورماتیک این امکان را می‌دهد که:

• الگوهای میکروبی مرتبط با عملکرد مطلوب شناسایی شوند

• تأثیر افزودنی‌های غذایی (پروبیوتیک، پری‌بیوتیک، سین‌بیوتیک) بر میکروبیوم ارزیابی شود

• استراتژی‌هایی برای تنظیم هدفمند میکروبیوم در جهت بهبود صفات اقتصادی طراحی گردد (Coskuner-Weber et al., 2025)

۶-۱- از داده‌های اومیک تا برنامه‌های به‌نژادی و مدیریت عملی

۱-۶- انتخاب به کمک نشانگر (Marker-Assisted Selection = MAS)

۳-۶- ادغام داده‌های چنداومیک در مدل‌سازی

صفات

با فراهم شدن داده‌های ژنومی، ترانسکریپتومی، پروتئومی و متابولومی، پرسش مهم این است که چگونه می‌توان این لایه‌های اطلاعاتی را به شکل منسجم در مدل‌های پیش‌بینی صفات اقتصادی به کار برد. در سال‌های اخیر، رویکردهایی برای ادغام چنداومیک پیشنهاد شده است که سعی می‌کنند با ترکیب شبکه‌های ژنی، مسیرهای زیستی و امضاهای متابولیک، مدل‌های دقیق‌تری برای فنوتیپ بسازند. بیوانفورماتیک در این سطح، شبیه به پلی است که داده‌های پراکنده را به یکدیگر متصل می‌کند. این کار معمولاً مستلزم:

- نرمال‌سازی و استانداردسازی داده‌های حاصل از پلتفرم‌های مختلف
- استفاده از روش‌های یادگیری ماشین و مدل‌های شبکه‌ای

• ارزیابی قابلیت تعمیم مدل‌ها به جمعیت‌ها و شرایط محیطی متفاوت است

هرچند این حوزه هنوز در مراحل توسعه است، اما چشم‌انداز آن در بهبود دقت انتخاب ژنتیکی و طراحی مدیریت شخصی‌سازی شده (مثلاً جیره متناسب با ژنوتیپ یا وضعیت متابولیک) بسیار بارز و امیدوارکننده است (Yu et al., 2025).

۴-۶- اتصال داده‌های اومیک به مدیریت عملی

مزرعه

چالش مهم برای بسیاری از برنامه‌های تحقیقاتی، انتقال نتایج از سطح آزمایشگاه به شرایط واقعی مزرعه است. برای آنکه داده‌های اومیک در تصمیم‌گیری‌های روزمره تولیدکنندگان نقش پیدا کنند، لازم است:

- نتایج به زبان ساده و در قالب ابزارهای قابل استفاده (کیت‌های تشخیصی، پنل‌های ژنوتایپ، راهنماهای تغذیه‌ای و مدیریتی) ترجمه شوند
- هزینه و پیچیدگی استفاده از آن‌ها برای مزرعه‌داران قابل پذیرش باشد
- ارتباط مستمری بین مراکز تحقیقاتی، شرکت‌های تکثیر و پرورش و تولیدکنندگان برقرار شود

یکی از نخستین رویکردهایی بود که از داده‌های مولکولی در برنامه‌های اصلاح نژادی بهره گرفت. در این روش که یک فرایند انتخاب غیرمستقیم است، نشانگرهای مولکولی که با QTL های مهم برای صفات اقتصادی پیوند دارند، در انتخاب مولدین و خانواده‌ها مورد استفاده قرار می‌گیرند. مزیتان این است که انتخاب را می‌توان در سنین پایین یا حتی در مراحل اولیه رشد انجام داد، بدون آنکه نیاز به ثبت طولانی‌مدت فنوتیپ باشد. برای موفقیت MAS باید:

- QTL های با اثر نسبتاً بزرگ برای صفات هدف شناسایی شوند
- نشانگرهایی با پیوند قوی و پایدار با این QTL ها طراحی شوند

• این نشانگرها در جمعیت‌های مختلف مورد اعتبارسنجی قرار گیرند (Wang and Wu, 2025).

۲-۶- انتخاب بر پایه ژنوم (GS)

انتخاب بر پایه ژنوم، گامی فراتر از MAS است و به جای تمرکز بر تعداد محدودی QTL، از اطلاعات گسترده SNP ها در سراسر ژنوم برای پیش‌بینی ارزش اصلاحی ژنومی افراد استفاده می‌کند. در این رویکرد، جمعیتی مرجع که هم رکوردهای فنوتیپی و هم داده‌های ژنوتیپی پر تراکم دارد، برای برآورد اثرات مارکرها و ساخت مدل پیش‌بینی استفاده می‌شود. سپس این مدل، برای جمعیت کاندید (که تنها ژنوتیپ آن‌ها معلوم است) به کار می‌رود تا ارزش اصلاحی ژنومی آن‌ها تخمین زده شود. کاربرد GS در آبرزی پروری به‌ویژه برای صفاتی که:

ثبت فنوتیپ آن‌ها پرهزینه است (مثل مقاومت به بیماری‌های خاص)؛ یا دیر بروز می‌کنند (مثل صفات مرتبط با بلوغ جنسی یا کیفیت گوشت)، می‌تواند سرعت پیشرفت ژنتیکی را افزایش و هزینه‌های برنامه اصلاح نژاد را کاهش دهد. تحلیل‌های بیوانفورماتیک این حوزه شامل مدیریت ماتریس‌های بزرگ ژنوتیپی، اجرای مدل‌های آماری پیچیده و ارزیابی دقت پیش‌بینی در سناریوهای مختلف است (Kang et al., 2025).

در این زمینه، توسعه سامانه‌های نرم‌افزاری و پلتفرم‌های مدیریتی که بتوانند داده‌های مولکولی، فنوتیپی و محیطی را یک‌جا ذخیره و تحلیل کنند، نقش مهمی در عملیاتی‌کردن دستاوردهای بیوانفورماتیک دارد (Veroli *et al.*, 2025).

۷-چالش‌ها و محدودیت‌ها در کاربرد بیوانفورماتیک و اومیکس در آبی‌پروری

۷-۱- چالش‌های فنی و زیرساختی

اجرای موفق پروژه‌های اومیک مستلزم دسترسی به زیرساخت‌های محاسباتی و ذخیره‌سازی داده است. حجم بالای داده‌های ژنومی و ترانسکریپتومی، نیاز به سرورها و خوشه‌های پردازشی با ظرفیت مناسب را اجتناب‌ناپذیر می‌کند. در بسیاری از کشورها و مراکز، محدودیت این زیرساخت‌ها باعث می‌شود که بخش عمده‌ای از تحلیل‌ها به صورت ناقص انجام شود یا وابستگی به مراکز خارجی افزایش یابد. علاوه بر این، پیچیدگی روش‌های تحلیلی و سرعت تغییر ابزارهای نرم‌افزاری، نیازمند به‌روزرسانی مداوم دانش و مهارت‌های اعضای تیم پژوهشی است. نبود استانداردهای یکپارچه برای نگهداری و به‌اشتراک‌گذاری داده‌ها نیز ممکن است مانع از تلفیق نتایج مطالعات مختلف شود (Bouras *et al.*, 2023).

۷-۲- چالش‌های اقتصادی و ساختاری

فناوری‌های اومیک به‌ویژه در مراحل اولیه، هزینه‌بر هستند. تهیه تجهیزات توالی‌یابی، مواد مصرفی باکیفیت و خدمات تحلیلی، سرمایه‌گذاری قابل توجهی می‌طلبد. در سیستم‌های آبی‌پروری کوچک و متوسط، توجه اقتصادی استفاده مستقیم از این فناوری‌ها ممکن است دشوار باشد، مگر آن‌که در قالب برنامه‌های ملی، مشارکت تعاونی‌ها یا همکاری با شرکت‌های خصوصی بزرگ‌تر انجام شود. از سوی دیگر، ساختار مالکیت و مدیریت در بسیاری از مزارع آبی‌پروری، پراکنده و متنوع است و این موضوع، پیاده‌سازی برنامه‌های اصلاح نژادی مبتنی بر ژنوم در مقیاس وسیع را دشوار می‌سازد. نبود نظام‌های ثبت و ضبط دقیق رکوردهای فنوتیپی و شجره‌ای نیز مانعی دیگر در مسیر بهره‌گیری کامل از داده‌های مولکولی به شمار می‌رود (Yáñez *et al.*, 2022).

۷-۳- کمبود نیروی انسانی متخصص میان‌رشته‌ای

بیوانفورماتیک در نقطه تلاقی رشته‌های مختلف قرار دارد و موفقیت پروژه‌ها، نیازمند همکاری نزدیک متخصصان ژنتیک، زیست‌مولکولی، کارشناسان شیلات، آمارگران و مهندسان کامپیوتر است. در بسیاری از موارد، یا تیم‌ها بیشتر از یک بعد قوی و از سایر ابعاد ضعیف‌اند یا ارتباط مؤثری بین گروه‌های علمی و بخش تولید برقرار نیست. این وضعیت می‌تواند باعث شود که داده‌های ارزشمند جمع‌آوری‌شده، به نتایج کاربردی منجر نشود. سرمایه‌گذاری در آموزش و تربیت نیروی انسانی میان‌رشته‌ای، چه در سطح دانشگاه و چه در قالب دوره‌های کوتاه‌مدت برای کارشناسان شاغل، از ضروریات توسعه این حوزه است (Ovchinnikova and Shi, 2023).

۷-۴- فاصله بین پژوهش و کاربرد در مزرعه

بخش قابل توجهی از مطالعات اومیک در محیط‌های آزمایشگاهی و در مقیاس محدود انجام می‌شود. انتقال یافته‌ها به شرایط متغیر و پیچیده مزرعه، نیازمند آزمون و خطا، تطبیق با واقعیت‌های اقتصادی و درک دقیق از نیازهای تولیدکنندگان است. گاهی، تمرکز بیش از حد بر انتشار مقالات علمی باعث می‌شود که ارتباط طولانی‌مدت با مزارع و ارزیابی اثر عملی نتایج نادیده گرفته شود. برای کاهش این فاصله، لازم است پروژه‌ها از ابتدا با مشارکت فعال ذی‌نفعان مختلف طراحی شوند و ارزیابی اقتصادی و عملیاتی‌کردن نتایج، به‌عنوان بخشی از اهداف پروژه در نظر گرفته شود.

۷-۵- ملاحظات اخلاقی و سیاست‌گذاری

استفاده از داده‌های ژنومی و برنامه‌های اصلاح نژادی پیشرفته، پرسش‌هایی در زمینه اخلاق، مالکیت داده و سیاست‌گذاری ایجاد می‌کند. مسائلی مانند: حقوق مالکیت ژنتیکی لاین‌های اصلاح‌شده؛ دسترسی برابر به فناوری‌های نوین برای تولیدکنندگان کوچک و پیامدهای احتمالی انتشار ناخواسته ذخایر ژنتیکی به محیط طبیعی، همگی نیازمند تدوین چارچوب‌های روشن قانونی و اخلاقی هستند. سیاست‌گذاران باید با در نظر گرفتن منافع بلندمدت بخش شیلات، مقرراتی را تنظیم کنند که هم از

آزمایشگاه پیدا می‌کند و به بخشی از زیرساخت اطلاعاتی مزرعه تبدیل می‌شود. این روند، اگر به‌درستی مدیریت شود، می‌تواند ضمن افزایش بهره‌وری و کاهش هزینه‌ها، به استفاده پایدارتر از منابع و کاهش فشار بر محیط زیست کمک کند (Islam, 2023).

۸-۴- فرصت‌ها برای کشورهای در حال توسعه

در نگاه اول ممکن است به‌نظر برسد که فناوری‌های اومیک و بیوانفورماتیک، مختص کشورهایی با منابع مالی فراوان است، اما واقعیت این است که با کاهش هزینه‌ها و توسعه خدمات برون‌سپاری، امکان مشارکت کشورهای در حال توسعه نیز افزایش یافته است. نکته کلیدی، انتخاب هوشمندانه اولویت‌ها و تمرکز بر گونه‌ها و صفاتی است که بیشترین اهمیت اقتصادی و راهبردی را دارند. برای مثال، می‌توان در یک برنامه ملی:

ابتدا ژنوم و تنوع ژنتیکی چند گونه کلیدی را به‌خوبی مشخص کرد؛ سپس بر روی صفات محدودی مانند رشد و مقاومت به دو سه بیماری مهم تمرکز نمود و در ادامه، به‌تدریج دامنه صفات و گونه‌ها را گسترش داد. همکاری بین دانشگاه‌ها، مراکز تحقیقاتی، بخش خصوصی و سازمان‌های اجرایی در کنار حمایت سیاست‌گذاران، می‌تواند بستر لازم برای استفاده مؤثر از این فناوری‌ها را فراهم کند (Ashraf Rather et al., 2024).

نتیجه‌گیری

ترکیب فناوری‌های اومیکس با روش‌های تحلیلی بیوانفورماتیک، افق جدیدی در علوم شیلات و آبی‌پروری گشوده است. این رویکردها با فراهم کردن امکان مشاهده موجود زنده از سطوح مختلف مولکولی، از ژنوم تا متابولیت‌ها و جوامع میکروبی همراه، ابزارهایی قدرتمند برای درک عمیق‌تر سازوکارهای زیربنایی صفات اقتصادی فراهم می‌کنند. به کمک این ابزارها، می‌توان ژن‌ها، مسیرها و نشانگرهای مرتبط با رشد، کارایی خوراک، مقاومت به بیماری‌ها، سازگاری با تنش‌های محیطی و کیفیت محصول را شناسایی و در قالب برنامه‌های اصلاح نژادی و مدیریت تولید به کار گرفت. با این حال، بهره‌برداری کامل از ظرفیت‌های اومیکس و بیوانفورماتیک در آبی‌پروری،

نوآوری حمایت کند و هم از تنوع زیستی و حقوق بهره‌برداران خرد حفاظت نماید (Liu et al., 2022).

۸- چشم‌اندازها و مسیرهای آینده

۸-۱- ادغام چنداومیک و نگاه سامانه‌ای به آبی‌زبان

روند آینده پژوهش‌ها در حوزه اومیکس، به سمت ادغام لایه‌های مختلف اطلاعاتی و ساختن مدل‌های سامانه‌ای از عملکرد موجود زنده پیش می‌رود. در آبی‌پروری نیز انتظار می‌رود که ترکیب داده‌های ژنومی، ترانسکریپتومی، پروتئومی، متابولومی و متاژنومی، امکان درک جامع‌تری از روابط پیچیده بین ژنوتیپ، محیط و فنوتیپ فراهم آورد. چنین مدلی می‌تواند در طراحی راهبردهای اصلاح نژادی، تغذیه‌ای و مدیریتی هماهنگ و کارآمد به کار رود.

۸-۲- نقش هوش مصنوعی و یادگیری ماشین

با افزایش حجم و تنوع داده‌های زیستی، استفاده از روش‌های متعارف آماری در بسیاری از موارد کافی نیست. الگوریتم‌های یادگیری ماشین و هوش مصنوعی به‌ویژه در زمینه تحلیل داده‌های پر حجم و کشف الگوهای پنهان، جایگاه فزاینده‌ای پیدا کرده‌اند. در آبی‌پروری، این الگوریتم‌ها می‌توانند برای:

پیش‌بینی عملکرد رشد و سلامت بر اساس داده‌های ژنوتیپی و محیطی؛ شناسایی ترکیب‌های بهینه جیره برای ژنوتیپ‌های مختلف و تحلیل پیوسته داده‌های حسگرها و سامانه‌های پایش محیطی به کار گرفته شوند. تلفیق این رویکردها با داده‌های اومیک، راه را برای توسعه سیستم‌های تصمیم‌یار هوشمند در مدیریت مزارع باز می‌کند (Vo et al., 2021).

۸-۳- آبی‌پروری دقیق و هوشمند

جهت‌گیری عمومی در کشاورزی و دام‌پروری، حرکت به سمت تولید دقیق است، یعنی تنظیم تصمیمات مدیریتی با توجه به وضعیت واقعی و لحظه‌ای هر واحد تولیدی یا حتی هر فرد. در آبی‌پروری دقیق، داده‌های به‌دست‌آمده از حسگرهای محیطی، سامانه‌های تصویربرداری، ترازوهای اتوماتیک و غیره با داده‌های ژنتیکی و مولکولی ترکیب می‌شوند تا تصویر جامعی از وضعیت گله ارائه شود. در چنین چارچوبی، بیوانفورماتیک و تحلیل اومیک، نقشی فراتر از

Opportunities and challenges. arXiv preprint arXiv:2306.09920.

<https://doi.org/10.48550/arXiv.2306.09920>.

5. Caballero, P., Monaghan, S., Young, T., Macqueen, D. J., and Martin, S. A. M., 2024. Antimicrobial resistance in aquaculture: Risk mitigation within the One Health context. *Foods*, Vol.13(15), Article 2448. <https://doi.org/10.3390/foods13152448>.

6. Coskuner-Weber, O., Alpsoy, S., Yolcu, O., Teber, E., de Marco, A. and Shumka, S., 2025. Metagenomics studies in aquaculture systems: Big data analysis, bioinformatics, machine learning and quantum computing. *Computational Biology and Chemistry*, Vol.118, 108444. <https://doi.org/10.1016/j.compbiolche.2025.108444>.

7. Hosseini, S.S., Sudaagar, M., Zakariaee, H., Paknejad, H., Baruah, K., Norouzitalab, P., 2024. Evaluation of the synbiotic effects of *Saccharomyces cerevisiae* and mushroom extract on the growth performance, digestive enzyme activity, and immune status of zebrafish *danio rerio*. *BMC Microbiol.* Vol. 24(1):331. Doi: 10.1186/s12866-024-03459-2. PMID: 39245724; PMCID: PMC11382455.

8. Houston, R. D., Kriaridou, C., and Robledo, D., 2022. Animal board invited review: Widespread adoption of genetic technologies is key to sustainable expansion of global aquaculture. *Animal*, Vol.16(10), 100642. <https://doi.org/10.1016/j.animal.2022.100642>.

9. Ibrahim, S., Yue, C., Yang, C., Yiting, R., Xie, B., Yang, Q., Mkuye, R., Liang, H., and Deng, Y., 2025. A review of genomics application in aquaculture: Status, challenges, and priorities for future direction. *Annals of Animal Science*. <https://doi.org/10.2478/aoas-2025-0078>.

10. Islam, M.M., 2023. Real-time dataset of pond water for fish farming using IoT devices. *Data Brief*. Vol.51:109761. Doi: 10.1016/j.dib.2023.109761. PMID: 38075607; PMCID: PMC10700555.

11. Jaiswal, S., Rasal, K. D., Chandra, T., Prabha, R., Iquebal, M. A., Rai, A., and Kumar, D., 2023. Proteomics in fish health and aquaculture productivity management: Status and future perspectives. *Aquaculture*, 566, 739159. <https://doi.org/10.1016/j.aquaculture.2022.739159>.

مستلزم غلبه بر چالش‌هایی مانند محدودیت زیرساخت‌های محاسباتی، هزینه‌های اولیه، کمبود نیروی انسانی میان‌رشته‌ای و فاصله بین پژوهش و عمل است. سرمایه‌گذاری هدفمند در این حوزه همراه با برنامه‌ریزی‌های بلندمدت، توسعه همکاری‌های ملی و بین‌المللی و توجه به ملاحظات اخلاقی و سیاستی، می‌تواند نقش تعیین‌کننده‌ای در شکل‌دادن به آینده پایدار و رقابت‌پذیر بخش شیلات ایفا کند.

منابع:

1. Amillano-Cisneros, J.M., Fuentes-Valencia, M.A., Leyva-Morales, J.B., Savín-Amador, M., Márquez-Pacheco, H., Bastidas-Bastidas, P.J., Leyva-Camacho, L., De la Torre-Espinosa, Z, Y. and Badilla-Medina, C.N., 2025. Effects of Microorganisms in Fish Aquaculture from a Sustainable Approach: A Review. *Microorganisms*. Vol.13(3):485. Doi: 10.3390/microorganisms13030485. PMID: 40142378; PMCID: PMC11945242.

2. Andersen, L. K., Thompson, N. F., Abernathy, J. W., Ahmed, R. O., Ali, A., Al-Tobasei, R., Beck, B. H., Calla, B., Delomas, T. A., Dunham, R. A., Elisk, C. G., Fuller, S. A., García, J. C., Gavery, M. R., Hollenbeck, C. M., Johnson, K. M., Kunselman, E., Legacki, E. L., Liu, S., Liu, Z., Martin, B., Matt, J. L., May, S. A., Older, C. E., Overturf, K., Palti, Y., Peatman, E. J., Peterson, B. C., Phelps, M. P., Plough, L. V., Polinski, M. P., Proestou, D. A., Purcell, C. M., Quiniou, S. M. A., Raymo, G., Rexroad, C. E., Riley, K. L., Roberts, S. B., Roy, L. A., Salem, M., Simpson, K., Waldbieser, G. C., Wang, H., Waters, C. D., & Reading, B. J., 2025. Advancing genetic improvement in the omics era: status and priorities for United States aquaculture. *BMC Genomics*, Vol.26(1), 155. <https://doi.org/10.1186/s12864-025-11247-z>.

3. Ashraf Rather, M., Ahmad, I., Shah, A., Ahmad Hajam, Y., Amin, A., Khursheed, S., Ahmad I, Rasool S., 2024. Exploring opportunities of Artificial Intelligence in aquaculture to meet increasing food demand. *Food Chemistry X*. Vol.22:101309. Doi: 10.1016/j.fochx.2024.101309. PMID: 38550881; PMCID: PMC10972841.

4. Bouras, S., Djenouri, Y. and Belhadi, A., 2023. Feeding control and water quality monitoring in aquaculture systems:

19. Marhuenda-Egea, F. C. and Sanchez-Jerez, P., 2025. Metabolomic Insights into Wild and Farmed Gilthead Seabream (*Sparus aurata*): Lipid Composition, Freshness Indicators, and Environmental Adaptations. *Molecules*. Vol. 30(4):770. Doi: 10.3390/molecules30040770. PMID: 40005081; PMCID: PMC11857973.
20. Monzó, C., Liu, T. and Conesa, A., 2025. Transcriptomics in the era of long-read sequencing. *Nat Rev Genet*. 2025 Oct;26(10):681-701. Doi: 10.1038/s41576-025-00828-z. PMID: 40155769.
21. Nambiar, S. P., and Banuru, S. C., 2025. A comprehensive review of bioinformatics tools and applications revolutionizing aquatic animal health management. *Journal of Fish Health*, Vol. 5(2). DOI: <https://doi.org/10.29303/jfh.v5i2.6281>.
22. Ovchinnikova, T.V. and Shi, Q., 2023. Editorial: Aquatic genomics and transcriptomics for evolutionary biology. *Frontiers in Genetics*. Vol. 14:1183637. Doi: 10.3389/fgene.2023.1183637. PMID: 37214421; PMCID: PMC10196625.
23. Power, D. M., Taoukis, P., Houhoula, D., Tsironi, T., and Flemetakis, E., 2023. Integrating omics technologies for improved quality and safety of seafood products. *Aquaculture and Fisheries*, Vol. 8(4), 457–462. <https://doi.org/10.1016/j.aaf.2022.11.005>.
24. Purcell, C. M., Wringe, B. F., Boudry, P., Briec, M. S. O., Coulson, M. W., Kess, T., Solberg, M. F., Vehviläinen, H., and Calboli, F. C. F., 2025. States of development and application of genetic and genomic tools in aquaculture and conservation programs: A guide for strengthening dialogue among practitioners of aquaculture and genetics. *Aquatic Living Resources*, Vol. 38, 11. <https://doi.org/10.1051/alr/2025006>.
25. Rajeev, M., Jung, I., Kang, I. and Cho, J., 2024. Genome-centric metagenomics provides insights into the core microbial community and functional profiles of biofloc aquaculture. *mSystems*. Vol 9. No. 10. <https://doi.org/10.1128/msystems.00782-24>.
26. Rather, M.A., Agarwal, D., Bhat, T.A., Khan, I.A., Zafar, I., Kumar, S., Amin, A., Sundaray, J.K. and Qadri, T., 2023. Bioinformatics approaches and big data analytics opportunities in improving fisheries and aquaculture, *International Journal of Biological Macromolecules*, Volume 233,
12. Kang, Z., Kong, J., Li, Q., Sui, J., Dai, P., Luo, K., Meng, X., Chen, B., Cao, J., Tan, J., Fu, Q., Xing, Q., Luan, S., 2025. Genomic selection strategies to overcome genotype by environment interactions in biosecurity-based aquaculture breeding programs. *Genetics Selection Evolution*. Vol. 57(1):2. Doi: 10.1186/s12711-025-00949-3. PMID: 39844028; PMCID: PMC11752716.
13. Lau, C.C., Mohd Nor, S.A., Mok, W.J., Yeong, Y.S. and Muhd Danish-Daniel, M., 2025. Advancing aquaculture in Malaysia: molecular tools and omics technologies for sustainability and innovation. *CRITICAL INSIGHTS IN AQUACULTURE*, VOL. 1, NO. 1, 2471649. <https://doi.org/10.1080/29932181.2025.2471649> INSIGHT.
14. Liu, Z., Zhou, T. and Gao, D., 2022. Genetic and epigenetic regulation of growth, reproduction, disease resistance and stress responses in aquaculture. *Frontiers in Genetics*. Vol. 13:994471. Doi: 10.3389/fgene.2022.994471. PMID: 36406125; PMCID: PMC9666392.
15. Liu, Q. and Naganuma, T., 2024. Metabolomics in sturgeon research: A mini-review. *Fish Physiology and Biochemistry*, Vol. 50, 1895–1910. <https://doi.org/10.1007/s10695-024-01377-8>.
16. Liu, Z., Wang, P., Li, J., Luo, X., Zhang, Y., Huang, X., Zhang, X., Li, W. and Qin, Q., 2024. Comparative metagenomic analysis of microbial community compositions and functions in cage aquaculture and its nearby non-aquaculture environments. *Frontiers in Microbiology*. Vol. 15:1398005. Doi: 10.3389/fmicb.2024.1398005.
17. Lv, H., Qu, X., Chu, Z., Li, W., Yin, X., Feng, D., Park, J., Hur, J., and Gao, Y., 2024. Integration of transcriptomics and metabolomics reveals the effects of sea currents on overwintering of large yellow croaker (*Larimichthys crocea*) in cage culture. *Aquaculture*, Vol. 578, 740054. <https://doi.org/10.1016/j.aquaculture.2023.740054>.
18. Macedo, D. B., dos Anjos, T. M. C., De Los Santos, E. F. F., Rodrigues, M. D. N., Alegria, O. V. C., and Ramos, R. T. J., 2024. New perspectives on metagenomic analysis for pathogen monitoring in sustainable freshwater aquaculture production: A systematic review. *Frontiers in Freshwater Science*, 2, 1459233. <https://doi.org/10.3389/wsc.2024.1459233>.

Breeding, Vol.15(2): Pages:82-90. Doi: 10.5376/amb.2025.15.0009.

35. Yáñez, J. M., Benzie, J., Houston, R. D., Ponce, R., Reverter, A., Robbins, P. and Salem, M., 2022. Genomics applied to livestock and aquaculture breeding. *Evolutionary Applications*, Vol.15(3), 476–490. <https://doi.org/10.1111/eva.13378>.

36. Young, T., Laroche, O., Walker, S.P., Miller, M.R., Casanovas, P., Steiner, K., Esmaeili, N., Zhao, R., Bowman, J.P. and Wilson, R., 2023. Prediction of Feed Efficiency and Performance-Based Traits in Fish via Integration of Multiple Omics and Clinical Covariates. *Biology*, Vol.12, 1135. <https://doi.org/10.3390/biology12081135>.

37. Young, T., Monaghan, S., Caballero, P., Macqueen, D. J. and Martin, S. A. M., 2024. Tracking biomarkers for the health and welfare of aquaculture fish. *Fishes*, Vol. 9(7), 289. <https://doi.org/10.3390/fishes9070289>.

38. Yu, X., Faggion, S. and Liu, Y. 2025. Role of multi-omics in aquaculture genetics and breeding: current status and future perspective. *Science China Life Sciences*. Vol.68, Pages:2591–2604. <https://doi.org/10.1007/s11427-024-2828-8>.

39. Zambon, M., Mantica, F., Dias, M., Frazer, J. and Irimia, M., 2025. Evolution of comparative transcriptomics: Biological scales, phylogenetic spans, and modeling frameworks. *Current Opinion in Genetics and Development*, Vol.94, Article 102387. <https://doi.org/10.1016/j.gde.2025.102387>.

40. Zhang, B., Chi, H., Yue, G.H. and Ren, X., 2023. Editorial: Mining, development, and utilization of genetic resources related to economic traits of aquatic animals based on omics technology. *Frontiers in Marine Science*. Vol.10:1223317. Doi: 10.3389/fmars.2023.1223317.

41. Zhang, J., Li, M., Meng, D., Xu, S., Teame, T., Yao, Y., Yang, Y., Zhang, Z., Ran, C., Jijakli, M. H., Ding, Q., and Zhou, Z., 2025. Review on omics approaches in aquatic animal nutrition: current status, limitations, and perspectives. *The Journal of Nutrition*, Vol.155(10), Pages: 3191–3210. <https://doi.org/10.1016/j.tjnut.2025.08.019>.

123549, <https://doi.org/10.1016/j.ijbiomac.2023.123549>.

27. Song, H., Dong, T., Yan, X., Wang, W., Zhang, Q., and Hu, H., 2025. Advancing aquaculture breeding through genomic selection: models, tools, and challenges. *Water Biology and Security*, 100494. <https://doi.org/10.1016/j.watbs.2025.100494>.

28. Tzec-Interián, J. A., González-Padilla, D. and Góngora-Castillo, E. B., 2025. Bioinformatics perspectives on transcriptomics: A comprehensive review of bulk and single-cell RNA sequencing analyses. *Quantitative Biology*, Vol.13(2), Article qub2.78. <https://doi.org/10.1002/qub2.78>.

29. Usyk, M., Peters, B.A., Karthikeyan, S., McDonald, D., Sollecito, C.C., Vazquez-Baeza, Y., Shaffer, J.P., Gellman, M.D., Talavera, G.A., Daviglus, M.L., Thyagarajan, B., Knight, R., Qi, Q., Kaplan, R. and Burk, R.D., 2023. Comprehensive evaluation of shotgun metagenomics, amplicon sequencing, and harmonization of these platforms for epidemiological studies. *Cell Rep Methods*. Vol.3(1):100391. Doi: 10.1016/j.crmeth.2022.100391. PMID: 36814836; PMCID: PMC9939430.

30. Vanden Bussche, J. and Verdegem, M., 2023. Microbiomes in the context of developing sustainable intensified aquaculture. *mBio (ASM Journals)*, Vol.14(3), Article e0085523. <https://doi.org/10.1128/mbio.00855-23pmc.ncbi.nlm.nih>.

31. Veroli, M., Martinoli, M., Martini, A., Napolitano, R., Pulcini, D., Tonachella, N. and Capoccioni, F., 2025. A Novel and Automated Approach to Detect Sea- and Land-Based Aquaculture Facilities. *AgriEngineering*, Vol. 7, 11. <https://doi.org/10.3390/agriengineering7010011>.

32. Vo, T. T. E., Ko, H., Huh, J.-H. and Kim, Y., 2021. Overview of smart aquaculture system: Focusing on applications of machine learning and computer vision. *Electronics*, Vol.10(22), 2882. <https://doi.org/10.3390/electronics10222882>.

33. Wang, Y., Ni, P., Sturrock, M., Zeng, Q., Wang, B., Bao, Z. and Jingjie Hu, J., 2024. Deep learning for genomic selection of aquatic animals. *Marine Life Science & Technology*. vol. 6:631–650 <https://doi.org/10.1007/s42995-024-00252-y>.

34. Wang, Q., and Wu, J.N., 2025. Marker-assisted selection for fast-growth and high-yield tilapia breeds, *Animal Molecular*