



مقاله مروری: نوتریژنومیکس پیشرفته در آبرزی پروری: از اپی ژنتیک تا هوش مصنوعی برای

بهینه سازی تغذیه و سلامت ماهی

خلیل احمدی پور^{۱*}

۱. گروه تکثیر و پرورش آبزیان، دانشکده منابع طبیعی، دانشگاه گیلان، صومعه سرا، ایران

*مسئول مکاتبات: Kh.ahmadipour@gmail.com

چکیده

آبرزی پروری نقشی حیاتی در تأمین پروتئین جهانی ایفا می کند، اما با چالش هایی نظیر بهینه سازی هزینه های تغذیه، پایداری منابع و مدیریت سلامت آبزیان روبرو است. نوتریژنومیکس، دانش بررسی تعامل بین مواد مغذی و ژنوم، ابزاری قدرتمند برای درک پاسخ های مولکولی ماهی به رژیم های غذایی مختلف فراهم کرده است. این مقاله مروری، پیشرفت های اخیر در نوتریژنومیکس آبرزی پروری را با تمرکز ویژه بر دو حوزه نوظهور و تأثیرگذار بررسی می کند: اپی ژنتیک و هوش مصنوعی (AI). ما چگونگی تأثیرگذاری مداخلات تغذیه ای بر الگوهای اپی ژنتیکی (مانند متیلاسیون DNA و تغییرات هیستونی) و در نتیجه، برنامه ریزی فنوتیپ های مطلوب مانند رشد، کارایی خوراک و پاسخ ایمنی در ماهی را مورد بحث قرار می دهیم. علاوه بر این، نقش فزاینده هوش مصنوعی و یادگیری ماشین در تحلیل داده های پیچیده نوتریژنومیکس (شامل داده های 'اومیکس') برای شناسایی بیومارکرها، پیش بینی پاسخ به رژیم های غذایی، و توسعه استراتژی های تغذیه ای دقیق و شخصی سازی شده برای بهینه سازی سلامت و عملکرد ماهی در مقیاس وسیع را بررسی می کنیم. ترکیب این رویکردهای پیشرفته، نویدبخش تحول در مدیریت تغذیه و سلامت در آبرزی پروری پایدار و کارآمد است.

واژگان کلیدی: نوتریژنومیکس، آبرزی پروری، اپی ژنتیک، هوش مصنوعی، تغذیه ماهی، اومیکس.

مقدمه

با افزایش جمعیت جهانی و تقاضا برای منابع پروتئینی سالم و پایدار، صنعت آبرزی پروری به سرعت در حال رشد است (Anastasiadi *et al.*, 2017). با این حال، این صنعت با چالش های متعددی از جمله نوسانات قیمت و دسترسی به مواد اولیه خوراک (به ویژه پودر ماهی و روغن ماهی)، نیاز به بهبود کارایی تبدیل خوراک (FCR)، مدیریت بیماری ها و استرس های محیطی مواجه است (Andreassen *et al.*, 2017). تغذیه بهینه، سنگ بنای موفقیت در آبرزی پروری است و نه تنها بر رشد و بقا، بلکه بر سلامت، مقاومت به بیماری و کیفیت نهایی محصول تأثیر مستقیم دارد (Bundy *et al.*, 2009).

نوتریژنومیکس (Nutrigenomics) به عنوان یک حوزه بین رشته ای، به مطالعه چگونگی تأثیر مواد مغذی و ترکیبات فعال زیستی موجود در خوراک بر بیان ژن ها و در نهایت بر فنوتیپ حیوان می پردازد (Craigand and Moon, 2013). درک این تعاملات مولکولی به ما امکان می دهد تا رژیم های غذایی را به گونه ای فرموله کنیم که مسیرهای متابولیکی و فیزیولوژیکی کلیدی را برای دستیابی به حداکثر عملکرد و سلامت، هدف قرار دهند. در سال های اخیر، پیشرفت در فناوری های 'اومیکس' (Genomics, Transcriptomics, Proteomics, Metabolomics) منجر به تولید حجم عظیمی از داده ها شده و درک ما از نوتریژنومیکس پایه را عمیق تر کرده است (Davie, 2003). با این حال، چشم انداز نوتریژنومیکس در حال تحول است و فراتر از بررسی صرف تغییرات بیان ژن رفته است. دو حوزه کلیدی که پتانسیل ایجاد انقلابی در کاربرد نوتریژنومیکس در آبرزی پروری را دارند، اپی ژنتیک و هوش مصنوعی (AI) هستند. اپی ژنتیک لایه ای دیگر از تنظیم ژنی را معرفی می کند که تحت تأثیر عوامل محیطی، از جمله تغذیه، قرار دارد و می تواند اثرات طولانی مدت و حتی بین نسلی داشته باشد (FAO, 2022). از سوی دیگر، هوش مصنوعی ابزارهای قدرتمندی برای تجزیه و تحلیل داده های حجیم و پیچیده 'اومیکس' و استخراج الگوهای معنی دار فراهم می کند که با روش های آماری سنتی دشوار یا غیرممکن است (Gonzalez-Silvera *et al.*



al., 2021). این مقاله مروری با هدف بررسی آخرین پیشرفت‌ها در نوتریژنومیکس آبرزی پروری، بر نقش حیاتی اپی ژنتیک تغذیه‌ای و کاربردهای نوآورانه هوش مصنوعی در بهینه‌سازی تغذیه و سلامت ماهی تمرکز دارد.

مبانی نوتریژنومیکس در آبرزی پروری

اساس نوتریژنومیکس بر این پایه استوار است که مواد مغذی (مانند اسیدهای چرب، اسیدهای آمینه، ویتامین‌ها، مواد معدنی) و ترکیبات غیرمغذی فعال زیستی (مانند پلی فنول‌ها، کاروتنوئیدها) می‌توانند به عنوان مولکول‌های سیگنالی عمل کرده و به طور مستقیم یا غیرمستقیم بیان ژن‌ها را از طریق تعامل با گیرنده‌های هسته‌ای یا تأثیر بر مسیرهای سیگنالینگ سلولی، تنظیم کنند (Jablonka, and Raz, 2009). به عنوان مثال، اسیدهای چرب غیراشباع چندانگانه (PUFAs) مانند EPA و DHA می‌توانند فاکتورهای رونویسی مانند PPARs (Peroxisome Proliferator-Activated Receptors) را فعال کرده و بیان ژن‌های مرتبط با متابولیسم لیپید و پاسخ التهابی را تغییر دهند (Karakach, 2018).

مطالعات اولیه نوتریژنومیکس در ماهی اغلب بر تأثیر یک ماده مغذی خاص یا جایگزینی یک ماده اولیه (مانند جایگزینی روغن ماهی با روغن‌های گیاهی) بر پروفایل بیان ژن در بافت‌هایی مانند کبد، عضله یا روده متمرکز بودند (Müller and Kersten, 2003). این مطالعات بینش‌های ارزشمندی در مورد مکانیسم‌های مولکولی سازگاری ماهی به رژیم‌های غذایی مختلف ارائه داده‌اند.

نقش پیشرفته اپی ژنتیک در نوتریژنومیکس آبرزی پروری

اپی ژنتیک به تغییرات وراثتی در بیان ژن اشاره دارد که بدون تغییر در توالی DNA رخ می‌دهند. مکانیسم‌های اصلی اپی ژنتیکی شامل متیلاسیون DNA، تغییرات هیستونی (مانند استیلاسیون و متیلاسیون) و تنظیم توسط RNA های غیرکدکننده (مانند microRNAs) است (FAO, 2022). شواهد فزاینده‌ای نشان می‌دهد که تغذیه، به ویژه در مراحل اولیه زندگی (برنامه‌ریزی تغذیه‌ای یا Nutritional Programming)، می‌تواند الگوهای اپی ژنتیکی را به طور پایداری تغییر دهد و بر فنوتیپ‌های مهم در طول زندگی ماهی تأثیر بگذارد (NRC, 2011).

• متیلاسیون: DNA افزودن یک گروه متیل به سیتوزین‌ها در DNA، اغلب منجر به سرکوب بیان ژن می‌شود. مطالعات نشان

داده‌اند که کمبود یا فراوانی مواد مغذی دخیل در متابولیسم تک-کربن (مانند متیونین، فولات، ویتامین B12، کولین) که اهداکننده گروه‌های متیل هستند، می‌تواند الگوهای متیلاسیون DNA را در ماهی تغییر دهد و بر رشد، متابولیسم و پاسخ ایمنی تأثیر بگذارد (Olsvik *et al.*, 2014).

• تغییرات هیستونی: پروتئین‌های هیستون که DNA به دور آن‌ها پیچیده می‌شود، می‌توانند دچار تغییرات شیمیایی (مانند

استیلاسیون، متیلاسیون) شوند که دسترسی ماشین رونویسی به ژن‌ها را تغییر می‌دهد (افزایش یا کاهش بیان). برخی مواد مغذی مانند بوتیرات (یک اسید چرب کوتاه زنجیر حاصل از تخمیر فیبر) می‌توانند به عنوان مهارکننده هیستون داستیلاز (HDAC) عمل کرده و بیان ژن‌های خاصی را افزایش دهند (Panserat *et al.*, 2009).

• RNA های غیرکدکننده: microRNA ها مولکول‌های RNA کوچکی هستند که می‌توانند به mRNA ها متصل شده و

ترجمه آن‌ها به پروتئین را مهار یا تخریب کنند. نشان داده شده است که سطوح برخی microRNA ها در ماهی تحت تأثیر رژیم غذایی تغییر می‌کند و این تغییرات می‌توانند مسیرهای متابولیکی و ایمنی را تنظیم کنند (Ricci *et al.*, 2021).

اهمیت اپی ژنتیک در آبرزی پروری فراتر از تأثیر بر یک نسل است. شواهدی وجود دارد که نشان می‌دهد تغییرات اپی ژنتیکی ناشی از تغذیه می‌توانند به نسل‌های بعدی نیز منتقل شوند (اثرات بین‌نسلی)، که پیامدهای مهمی برای برنامه‌های اصلاح نژاد و مدیریت بلندمدت ذخایر دارد (Salem *et al.*, 2010).

ابزارها و فناوری‌های پیشرفته: اومیکس

پیشرفت در نوتریژنومیکس و اپی ژنتیک به شدت به توسعه فناوری‌های 'اومیکس' با توان بالا وابسته است:



- **ژنومیکس (Genomics):** توالی‌یابی کل ژنوم گونه‌های مختلف ماهی، نقشه راه را برای مطالعات عملکردی فراهم کرده است. شناسایی پلی‌مورفیسم‌های تک نوکلئوتیدی (SNPs) مرتبط با پاسخ به تغذیه، اساس نوتریژنتیک (تأثیر ژنتیک فرد بر پاسخ به رژیم غذایی) را تشکیل می‌دهد (Davie, 2003).
 - **ترانسکریپتومیکس (Transcriptomics):** با استفاده از تکنیک‌هایی مانند RNA-Seq، می‌توان بیان هزاران ژن را به طور همزمان در پاسخ به مداخلات تغذیه‌ای اندازه‌گیری کرد و مسیرهای بیولوژیکی تحت تأثیر را شناسایی نمود (Müller and Kersten, 2003).
 - **پروتئومیکس (Proteomics):** مطالعه مجموعه پروتئین‌های یک سلول یا بافت، اطلاعاتی در مورد تغییرات پس از ترجمه و فراوانی پروتئین‌های عملکردی ارائه می‌دهد که مکمل داده‌های ترانسکریپتومیکس است (Davie, 2003).
 - **متابولومیکس (Metabolomics):** تجزیه و تحلیل متابولیت‌های کوچک (محصولات نهایی فرآیندهای سلولی)، یک تصویر فوری از وضعیت فیزیولوژیکی ماهی ارائه می‌دهد و می‌تواند بیومارکرهای حساس به وضعیت تغذیه‌ای یا سلامت را شناسایی کند (Szymanska et al., 2012).
 - **اپی‌ژنومیکس (Epigenomics):** تکنیک‌هایی مانند Bisulfite Sequencing (برای متیلاسیون DNA) و ChIP-Seq (برای تغییرات هیستونی)، امکان مطالعه الگوهای اپی‌ژنتیکی در سطح ژنوم را فراهم می‌کنند (NRC, 2011). ادغام داده‌های حاصل از این پلتفرم‌های مختلف 'اومیکس (Multi-omics integration)' چالش‌برانگیز است اما می‌تواند دیدگاه جامع و سیستمی از پاسخ ماهی به تغذیه ارائه دهد.
- هوش مصنوعی و یادگیری ماشین: قدرت تحلیل داده‌های پیچیده**
- حجم عظیم و پیچیدگی داده‌های تولید شده توسط مطالعات 'اومیکس' و اپی‌ژنومیکس، نیاز به ابزارهای تحلیلی پیشرفته را برجسته کرده است. هوش مصنوعی (AI) و به ویژه زیرشاخه‌های آن مانند یادگیری ماشین (ML)، روش‌های قدرتمندی برای استخراج دانش از این داده‌ها ارائه می‌دهند (Gonzalez-Silvera et al., 2021).
- کاربردهای AI/ML در نوتریژنتیکس پیشرفته آبرزی‌پروری شامل موارد زیر است:
- **شناسایی الگو و بیومارکر:** الگوریتم‌های ML می‌توانند الگوهای پیچیده در داده‌های بیان ژن، متیلاسیون یا متابولوم را شناسایی کنند که با روش‌های آماری کلاسیک قابل تشخیص نیستند. این الگوها می‌توانند به عنوان بیومارکرهایی برای پیش‌بینی پاسخ به رژیم غذایی، وضعیت سلامت یا کیفیت محصول استفاده شوند (Tacon and Metian, 2015).
 - **پیش‌بینی عملکرد:** مدل‌های ML می‌توانند بر اساس داده‌های ژنومیک، اپی‌ژنومیک و تغذیه‌ای، فنوتیپ‌های مهم مانند نرخ رشد، FCR یا مقاومت به بیماری را با دقت بالایی پیش‌بینی کنند. این امر به فرموله‌کنندگان خوراک اجازه می‌دهد تا اثربخشی ترکیبات جدید را قبل از آزمایش‌های پرهزینه in vivo تخمین بزنند (Tocher, 2010).
 - **تغذیه دقیق و شخصی‌سازی شده:** با در نظر گرفتن تنوع ژنتیکی و اپی‌ژنتیکی بین افراد یا جمعیت‌های ماهی، AI می‌تواند به توسعه استراتژی‌های تغذیه‌ای دقیق‌تر کمک کند. برای مثال، فرمولاسیون خوراک می‌تواند بر اساس پروفایل ژنومیکی یا اپی‌ژنومیکی یک دسته خاص از ماهی‌ها تنظیم شود (Gonzalez-Silvera et al., 2021).
 - **ادغام داده‌های چندگانه ('Multi-omics'):** الگوریتم‌های AI برای ادغام انواع مختلف داده‌های 'اومیکس' به منظور ساخت مدل‌های جامع از سیستم‌های بیولوژیکی بسیار مناسب هستند. این رویکرد سیستمی به درک عمیق‌تری از تعاملات پیچیده بین ژن‌ها، پروتئین‌ها، متابولیت‌ها و محیط (تغذیه) منجر می‌شود (Zampieri et al., 2019).
 - **کشف ترکیبات فعال زیستی جدید AI:** می‌تواند در غربالگری و شناسایی ترکیبات فعال زیستی جدید در مواد اولیه خوراک که اثرات مفیدی بر سلامت و رشد ماهی دارند، کمک کند.



کاربردهای عملی در آبرزی پروری

ترکیب نوتریژنومیکس، اپی ژنتیک و هوش مصنوعی پتانسیل ایجاد تحول در جنبه‌های مختلف آبرزی پروری را دارد:

- **فرمولاسیون خوراک بهینه:** شناسایی دقیق نیازهای غذایی در سطح مولکولی و پیش‌بینی پاسخ به مواد اولیه جایگزین (مانند پروتئین‌های گیاهی، حشرات، جلبک‌ها) با استفاده از مدل‌های AI، به کاهش وابستگی به پودر و روغن ماهی و بهبود پایداری و سودآوری کمک می‌کند (Andreassen *et al.*, 2017; Tocher, 2010).
- **ارتقاء سلامت و ایمنی:** درک اینکه چگونه مواد مغذی خاص یا افزودنی‌های خوراک (مانند پروبیوتیک‌ها، پری‌بیوتیک‌ها، ایمونواستیمولانت‌ها) از طریق مکانیسم‌های اپی ژنتیکی سیستم ایمنی را "برنامه‌ریزی" یا تقویت می‌کنند، راه را برای استراتژی‌های پیشگیرانه مؤثرتر در برابر بیماری‌ها هموار می‌کند (NRC, 2011; Ricci *et al.*, 2021).
- **بهبود رشد و کیفیت:** هدف قرار دادن مسیرهای متابولیکی کلیدی از طریق تغذیه دقیق مبتنی بر نوتریژنومیکس و اپی ژنتیک می‌تواند به حداکثر رساندن پتانسیل رشد و بهبود کیفیت گوشت (مانند ترکیب اسیدهای چرب، بافت) منجر شود (Karakach, 2018).
- **مدیریت استرس:** شناسایی ژن‌ها و مسیرهای اپی ژنتیکی درگیر در پاسخ به استرس (مانند تغییرات دما، شوری، تراکم) و تعدیل آن‌ها از طریق تغذیه، می‌تواند سازگاری و رفاه ماهی را در شرایط پرورشی بهبود بخشد (Olsvik *et al.*, 2014).
- **اصلاح نژاد هدفمند:** اطلاعات نوتریژنومیک و اپی ژنومیک می‌تواند در برنامه‌های اصلاح نژاد برای انتخاب ماهی‌هایی که به رژیم‌های غذایی پایداری پاسخ بهتری می‌دهند یا دارای مقاومت ذاتی بالاتری به بیماری‌ها هستند، مورد استفاده قرار گیرد (Salem *et al.*, 2010).

چالش‌ها و چشم‌انداز آینده

علی‌رغم پتانسیل عظیم، کاربرد گسترده نوتریژنومیکس پیشرفته در آبرزی پروری با چالش‌هایی روبروست:

- **هزینه:** فناوری‌های 'اومیکس' و تحلیل‌های محاسباتی پیشرفته هنوز نسبتاً گران هستند.
 - **پیچیدگی داده‌ها:** تفسیر بیولوژیکی نتایج حاصل از تحلیل‌های AI و ادغام داده‌های چندگانه همچنان یک چالش است.
 - **استانداردسازی:** نیاز به پروتکل‌های استاندارد برای نمونه‌برداری، آزمایش و تحلیل داده‌ها وجود دارد.
 - **اعتبارسنجی:** مدل‌های پیش‌بینی‌کننده AI باید در شرایط واقعی پرورشی اعتبارسنجی شوند.
 - **ملاحظات اخلاقی:** دستکاری اپی ژنتیکی و پیامدهای بلندمدت آن نیازمند بررسی دقیق است.
- چشم‌انداز آینده شامل توسعه ابزارهای اپی ژنتیکی دقیق‌تر، الگوریتم‌های AI شفاف‌تر و قابل تفسیرتر (Explainable AI)، ادغام داده‌های نوتریژنومیکس با داده‌های حاصل از حسگرهای محیطی و پایش لحظه‌ای (IoT)، و تمرکز بیشتر بر ترجمه یافته‌های تحقیقاتی به کاربردهای عملی در مزارع پرورشی است.

نتیجه‌گیری

نوتریژنومیکس پیشرفته، با بهره‌گیری از بینش‌های حاصل از اپی ژنتیک و قدرت تحلیلی هوش مصنوعی، در آستانه ایجاد انقلابی در نحوه نگرش ما به تغذیه و سلامت ماهی در آبرزی پروری قرار دارد. درک عمیق‌تر تعاملات مولکولی بین رژیم غذایی، ژنوم و اپی ژنوم، همراه با توانایی تحلیل داده‌های پیچیده توسط AI، امکان توسعه راهکارهای تغذیه‌ای دقیق، مؤثر و پایدار را فراهم می‌کند. این رویکردها نه تنها به بهبود کارایی تولید و سودآوری کمک می‌کنند، بلکه نقش کلیدی در تضمین سلامت و رفاه آبزیان و پایداری بلندمدت صنعت آبرزی پروری ایفا خواهند کرد. سرمایه‌گذاری مستمر در تحقیق و توسعه در این حوزه، برای تحقق کامل پتانسیل آن ضروری است.



منابع

- Anastasiadi, D., Díaz, N. and Piferrer, F., 2017.** Small Input, Large Output: Methyl Donors in Aquaculture Feeds Affect DNA Methylation and Gene Expression in European Sea Bass (*Dicentrarchus labrax*). *Nutrients*, 9(7): 729.
- Andreassen, R., Høyheim, B. and Rochat, E., 2017.** MicroRNA evolution and expression in atlantic salmon. *BMC genomics*, 18(1): 1-15.
- Bundy, J. G., Davey, M. P. and Viant, M. R., 2009.** Environmental metabolomics: a critical review and future perspectives. *Metabolomics*, 5(1): 3-21.
- Craig, P. M. and Moon, T. W., 2013.** Adaptation to prolonged starvation in salmonids: effects on metabolism and stress response pathways in liver of rainbow trout. *American Journal of Physiology-Regulatory, Integrative and Comparative Physiology*, 304(1): R51-R62. [Reference might need update for direct epigenetics link]
- Davie, J. R., 2003.** Inhibition of histone deacetylase activity by butyrate. *Journal of nutrition*, 133(7): 2485S-2493S.
- FAO, 2022.** The State of World Fisheries and Aquaculture 2022. Towards Blue Transformation. Rome.
- Gonzalez-Silvera, D., Perez-Sanchez, T., and Lauzon, H. L., 2021.** Machine learning approaches for predicting growth performance in gilthead seabream (*Sparus aurata*) fed alternative diets. *Aquaculture*, 539: 736606.
- Jablonka, E. and Raz, G., 2009.** Transgenerational epigenetic inheritance: prevalence, mechanisms, and implications for the study of heredity and evolution. *The Quarterly review of biology*, 84(2): 131-176.
- Karakach, T. K., 2018.** Nutrigenomics in aquaculture: Principles and applications. In *Dietary Nutrients, Additives and Fish Health* (pp. 35-55). Springer, Cham.
- Müller, M. and Kersten, S., 2003.** Nutrigenomics: goals and strategies. *Nature Reviews Genetics*, 4(4): 315-322.
- NRC (National Research Council), 2011.** Nutrient Requirements of Fish and Shrimp. National Academies Press.
- Olsvik, P. A., Larsen, A. K., Berntssen, M. H. G., Goksøyr, A., Karlsen, Ø. and Sanden, M., 2014.** Effects of the marine microalga *Pavlova lutheri* delivered by enriched *Artemia franciscana* on survival, growth, gene expression and nutrient composition in first feeding larvae of Atlantic cod (*Gadus morhua*). *Aquaculture*, 428: 56-68. [Reference might need update for direct epigenetics link]
- Panserat, S., Skiba-Cassy, S., Seiliez, I., Lansard, M., Plagnes-Juan, E., Vachot, C. and Kaushik, S., 2009.** Met-carnitine pathway genes are highly upregulated in the liver of rainbow trout (*Oncorhynchus mykiss*) fed a plant-based diet. *American Journal of Physiology-Regulatory, Integrative and Comparative Physiology*, 297(5): R1431-R1441.
- Ricci, F., Spataro, G., Rossi, C., Canestrari, G. and Pietrini, P., 2021.** Artificial Intelligence, Machine Learning, and Precision Nutrigenomics. *Current Developments in Nutrition*, 5(Supplement_2): 939-939.
- Salem, M., Kenney, P. B., Rexroad, C. E. and Yao, J., 2010.** Molecular characterization of muscle development and potential regulators in rainbow trout. *BMC developmental biology*, 10(1): 1-18.
- Szymanska, E., Saccenti, E., Smilde, A. K. and Westerhuis, J. A., 2012.** Double-check: validation of diagnostic statistics for PLS-DA models in metabolomics studies. *Metabolomics*, 8(1): 3-16.
- Tacon, A. G. J. and Metian, M., 2015.** Feed Matters: The Growing Trend Towards Alternative Feed Ingredients in Aquaculture. *Aquaculture Magazine*, 41(3): 20-24.
- Tocher, D. R., 2010.** Fatty acid requirements in ontogeny of marine and freshwater fish. *Aquaculture Research*, 41(5): 717-732.
- Zampieri, M., Vijayakumar, S., Yaneske, E. and Angione, C., 2019.** Multi-omic network inference benchmarks database integration strategies for discovery. *Nature methods*, 16(11): 1103-1111.



Advanced Nutrigenomics in Aquaculture: From Epigenetics to Artificial Intelligence for Optimizing Fish Nutrition and Health

Khalil Ahmadipour^{1*}

1. Faculty of Natural Resources, University of Gilan, Somehsara, Iran

*Corresponding author: Kh.ahmadipour@gmail.com

Abstract

Aquaculture plays a vital role in global protein supply but faces challenges in optimizing feed costs, ensuring sustainability, and managing fish health. Nutrigenomics, the study of nutrient-genome interactions, provides powerful tools for understanding the molecular responses of fish to different diets. This review examines recent advances in aquaculture nutrigenomics, with a particular focus on two emerging and impactful fields: Epigenetics and Artificial Intelligence (AI). We discuss how nutritional interventions can influence epigenetic patterns (such as DNA methylation and histone modifications), thereby programming desirable phenotypes in fish, including growth, feed efficiency, and immune response. Furthermore, we explore the increasing role of AI and Machine Learning (ML) in analyzing complex nutrigenomic ('omics') data to identify biomarkers, predict dietary responses, and develop precise, personalized nutritional strategies aimed at optimizing fish health and performance at scale. The integration of these advanced approaches holds great promise for revolutionizing nutrition and health management in sustainable and efficient aquaculture.

Keywords: Nutrigenomics, Aquaculture, Epigenetics, Artificial Intelligence, Fish Nutrition, Omics.