

**کاربرد تکنالوژی های اُمیکی (جینومیک ، ترانسکریپتومیک و****متابولومیک) در بهبود جنتیکی و تولید ترکیبات دارویی نباتات طبی**

نامزد پوهنیاړ صبور خیرمحمدزاده^۱، پوهاند عبدالخلیل افغانی^۱، انجینر حسیب الله

مومند^۲، انجینر جانان عمری^۳

^۱ رشته آگرانومی، پوهنځی زراعت، پوهنتون فراه،^۱ رشته آگرانومی، پوهنځی زراعت،

پوهنتون کابل،^۲ ^۳ محصلین برنامه ماستری، رشته آگرانومی، پوهنځی زراعت، پوهنتون

کابل

ایمیل: saboorkmz4@gmail.com

چکیده

نباتات طبی از منابع مهم ترکیبات فعال بیولوژیکی مورد استفاده در صنایع دواسازی و صحتی به شمار می‌روند، مقدار و کیفیت ترکیبات مؤثره تحت تأثیر زمینه جنتیکی، بیان جین‌ها، فعالیت مسیرهای ساخت بیولوژیکی و شرایط محیطی قرار دارد. با وجود پیشرفت در مطالعه این نباتات، ارتباط میان تفاوت‌های جنتیکی، طریق بیان جین و تولید متابولیت‌های مؤثره در بسیاری از انواع هنوز به صورت کامل روشن نشده است. هدف این تحقیق بررسی کاربرد تکنالوژی‌های اُمیکی در مطالعه تنوع جنتیکی، شناسایی جین‌ها و مسیرهای ساخت بیولوژیکی ترکیبات دوا، تشخیص جینوتایپ‌های خوب و کاربرد این تکنالوژی‌ها در اصلاح نباتات طبی است. سوال تحقیق این است که تکنالوژی‌های جینومیک، ترانسکریپتومیک و متابولومیک چگونه می‌توانند در شناسایی جین‌های مرتبط با ترکیبات دارویی، انتخاب جینوتایپ‌های خوب و اصلاح نباتات طبی کاربرد داشته باشند؟ این تحقیق با رویکرد کیفی، به روش اسنادی-کتابخانه‌ای و با ماهیت مروری-تحلیلی انجام شده است و منابع علمی مرتبط با تکنالوژی‌های اُمیکی، مسیرهای ساخت بیولوژیکی ترکیبات مؤثره و اصلاح نباتات طبی بررسی و تحلیل شده‌اند. یافته‌های تحقیق نشان داد که جینومیک برای شناسایی تنوع جنتیکی، نشانگرهای مالیکولی و جین‌های نامزد، ترانسکریپتومیک برای بررسی الگوی بیان جین‌ها و متابولومیک برای شناسایی و مقایسه ترکیبات مؤثره کاربرد دارد. یکپارچه‌سازی این تکنالوژی‌ها می‌تواند انتخاب جینوتایپ‌های دارای کیفیت و مقدار مناسب ترکیبات دارویی، سازگاری بهتر با تنش‌های محیطی و سرعت بیشتر در برنامه‌های اصلاحی را امکان‌پذیر سازد. نتیجه‌گیری می‌شود که استفاده هماهنگ از تکنالوژی‌های اُمیکی در صورت تأیید نتایج با ارزیابی‌های کمیایی، زراعتی و مزرعه‌ای، می‌تواند مبنای علمی مناسب‌تری برای مطالعه و اصلاح نباتات طبی فراهم کند.

کلمات کلیدی: اصلاح نباتات طبی، ترانسکریپتومیک، تکنالوژی‌های اُمیکی، جینومیک،

متابولومیک.



Application of Omics Technologies (Genomics, Transcriptomics, and Metabolomics) in the Genetic Improvement and Production of Medicinal Compounds in Medicinal Plants

Saboor Khairmohammadzad, Ab. Khalil Alafghani, Hasibullah Mommand, Janan Omari

Abstract

Medicinal plants are important sources of bioactive compounds used in the pharmaceutical and healthcare industries. The quantity and quality of these compounds are influenced by genetic background, gene expression, biosynthetic pathways, and environmental conditions. Despite advances in medicinal plant research, the relationships among genetic variation, gene expression patterns, and bioactive metabolite production remain incompletely understood in many species. This study examines the use of omics technologies to investigate genetic diversity, identify genes and biosynthetic pathways involved in medicinal compound production, select superior genotypes, and support medicinal plant breeding. It addresses the following research question: How can genomic, transcriptomic, and metabolomic technologies be used to identify genes associated with medicinal compounds, select superior genotypes, and improve medicinal plants through breeding? A qualitative approach was employed using documentary and library research methods and a review-based analytical design. Relevant scientific literature on omics technologies, bioactive compound biosynthesis, and medicinal plant breeding was reviewed and analyzed. The findings indicate that genomics can characterize genetic diversity and identify molecular markers and candidate genes; transcriptomics can reveal gene expression patterns; and metabolomics can identify and compare bioactive compounds. Integrating these technologies can facilitate the selection of genotypes with desirable concentrations and profiles of medicinal compounds, greater tolerance to environmental stresses, and enhanced value in breeding programs. The coordinated application of omics technologies, together with validation through chemical analyses, agronomic assessments, and field evaluations, can provide a stronger scientific foundation for medicinal plant research and improvement.

Keywords: medicinal plant breeding, transcriptomics, omics technologies, genomics, metabolomics

مقدمه

الحمد لله رب العالمين و الصلاة و السلام على سيدنا محمد و على آله و صحبه اجمعين حمد و سپاس بی پایان خداوند متعال را سزااست که انسان را به دانش و اندیشه گرامی داشت و راه شناخت و آبادانی جهان را برای او گشود. درود و سلام بر حضرت محمد مصطفی (ص) پیام آور علم، هدایت و رحمت و برخاندان و یاران گرامی ایشان باد.

نباتات طبی منبع مهم ترکیبات فعال بیولوژیکی مورد استفاده در صنایع دواسازی و صحنی هستند. ارزش دارویی این نباتات تنها به میزان حاصل نبات وابسته نیست، بلکه نوع، مقدار و پایداری ترکیبات مؤثره نیز در تعیین کیفیت آن ها اهمیت دارد. تولید این ترکیبات تحت تأثیر تفاوت های جنتیکی، مرحله رشد، اندام نبات و شرایط محیطی قرار می گیرد؛ بر این اساس، شناخت عوامل تعیین کننده تولید ترکیبات دارویی برای انتخاب و اصلاح جینوتایپ های مناسب اهمیت دارد.

با وجود پیشرفت در مطالعه نباتات طبی، ارتباط بین تفاوت های جنتیکی، طروق بیان جین ها و تولید ترکیبات مؤثره در بسیاری از انواع نباتات طبی هنوز به صورت کامل روشن نشده است. تکنالوژی های آمیکی با بررسی هم زمان جینوم، ترانسکریپتوم و متابولوم امکان مطالعه این ارتباط را در سطوح مختلف فراهم می سازند. یکپارچه سازی این اطلاعات می تواند به شناسایی جین های مرتبط با مسیرهای ساخت بیولوژیکی ترکیبات دارویی و تشخیص جینوتایپ های دارای ظرفیت مناسب کمک کند (Ma et al., 2020).

بر پایه این مسئله، هدف این تحقیق بررسی کاربرد تکنالوژی های جینومیک، ترانسکریپتومیک و متابولومیک در مطالعه تنوع جنتیکی، شناسایی جین ها و مسیرهای ساخت بیولوژیکی ترکیبات دارویی، تشخیص جینوتایپ های مناسب و بهبود کیفیت و مقدار مواد مؤثره نباتات طبی است. همچنین، ظرفیت یکپارچه سازی این تکنالوژی ها در برنامه های نسلگیری نباتی و افزایش سرعت انتخاب جینوتایپ های خوب مورد بررسی قرار می گیرد. سؤال اصلی تحقیق این است که تکنالوژی های جینومیک، ترانسکریپتومیک و

متابولومیک چطور می توانند در شناسایی جین های مرتبط با ترکیبات دارویی، انتخاب جینوتایپ های مطلوب و اصلاح نباتات طبی کاربرد داشته باشند؟

روش تحقیق

این تحقیق با رویکرد کیفی و به روش اسنادی - کتابخانه ای و با ماهیت مروری - تحلیلی انجام شده است. برای جمع آوری مطالب، مقالات علمی مرتبط با جینومیک، ترانسکریپتومیک، متابولومیک، مسیرهای ساخت بیولوژیکی ترکیبات دارویی و اصلاح نباتات طبی از منابع علمی معتبر بررسی شده اند. منابع بر اساس ارتباط با موضوع تحقیق، اعتبار علمی و نقش آن ها در توضیح ارتباط میان تنوع جنتیکی، بیان جین ها و تولید متابولیت های ثانویه انتخاب و مطالب مرتبط به صورت مقایسه ای و موضوعی تحلیل شده اند.

یافته های تحقیق

ابعاد جنتیکی تولید ترکیبات دارویی در نباتات طبی

تولید و تجمع متابولیت های ثانویه در نباتات طبی حاصل فعالیت هماهنگ شبکه ای از جین ها، انزایم ها، عوامل تنظیمی و شرایط محیطی است. تفاوت های جنتیکی میان جینوتایپ ها می تواند مقدار و ترکیب آلکالوئیدها، ترپنوئیدها، فلاونوئیدها و ترکیبات فنولیک را تغییر دهد، در حالی که شرایط محیطی نیز بر بیان این ظرفیت جنتیکی و تجمع نهایی متابولیت ها اثر می گذارد (Commisso et al., 2013).

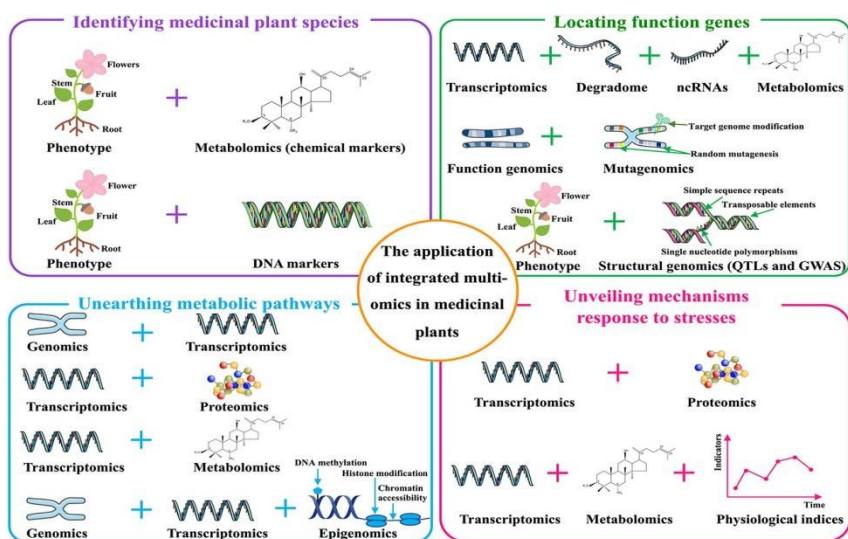
تنوع جنتیکی و نقش آن در اوصاف دارویی نباتات طبی

تنوع جنتیکی به تفاوت هایی گفته می شود که بین افراد یک نوع از نظر ماده وراثتی وجود دارد. تنوع جنتیکی سبب می شود جینوتایپ های هم نوع نباتی از نظر رشد، سازگاری با محیط و تولید ترکیبات مؤثره با یکدیگر تفاوت داشته باشند. این تفاوت ها می توانند در مقدار و ترکیب آلکالوئیدها، ترپنوئیدها، فلاونوئیدها و سایر متابولیت های ثانویه نیز مشاهده شوند. عوامل محیطی می توانند شدت بروز این تفاوت ها را تغییر دهند، اما بخشی از ظرفیت تولید ترکیبات دارویی به زمینه جنتیکی نبات وابسته است (Moghe & Smith, 2018).

در برنامه‌های اصلاحی نباتات طبی، ارزیابی جینوتایپ‌ها نباید تنها بر اساس عملکرد ظاهری انجام شود. مقدار و کیفیت ترکیبات مؤثره، سازگاری با شرایط محیطی و ثبات صفات دارویی نیز باید در انتخاب جینوتایپ مورد توجه قرار گیرد. استفاده از نشانگرهای مالیکولی و معلومات جینومی امکان شناسایی تفاوت‌های جنتیکی مرتبط با این صفات را فراهم می‌کند.

اساس جنتیکی تولید متابولیت‌های ثانویه

تولید متابولیت‌های ثانویه حاصل فعالیت هماهنگ جین‌های دخیل در مسیرهای ساخت بیولوژیکی است. تفاوت در جین‌ها و میزان فعالیت آن‌ها می‌تواند باعث تفاوت میان جینوتایپ‌ها از نظر نوع و مقدار ترکیبات مؤثره شود. شناسایی این تفاوت‌ها در سطح جینوم، زمینه را برای ارتباط دادن تنوع جنتیکی با بیان جین‌ها و پروفایل متابولیتی فراهم می‌سازد (Zhang et al., 2023).



(Yang et al., 2023)

شکل ۱. اساس جنتیکی تولید ترکیبات مؤثره

جینومیک و کاربرد آن در بهبود جنتیکی نباتات طی

جینومیک امکان بررسی تفاوت های جنتیکی مرتبط با صفات دارویی و زراعتی نباتات طی را فراهم می کند. با استفاده از توالی یابی DNA و روش های بیوانفورماتیکی می توان جین ها و نواحی جینومی مرتبط با مقدار و نوع ترکیبات مؤثره، مقاومت به تنش ها و سایر صفات مطلوب را شناسایی کرد. ترکیب معلومات جینومی با ترانسکریپتومیک و متابولومیک نیز ارتباط میان تفاوت های جنتیکی، بیان جین ها و تولید ترکیبات ثانویه را روشن تر می سازد (Ma et al., 2020).

در نباتات طی این روش مخصوصاً برای مطالعه ترکیبات ثانویه اهمیت دارد. ترکیباتی مانند آلکالوئیدها، ترپنوئیدها و فلاونوئیدها از مسیرهای چندمرحله ای تولید می شوند و فعالیت چندین جین و انزایم در تشکیل آن ها دخالت دارد. به همین دلیل، بررسی جینوم می تواند سرنخ هایی درباره منشأ تفاوت میان جینوتایپ ها در تولید مواد مؤثره فراهم کند. (Kroymann 2011) توضیح می دهد که تنوع طبیعی در میتابولیزم ثانویه نباتات با تغییرات جنتیکی ارتباط دارد و تکثیر جین ها می تواند زمینه ایجاد عملکردهای جدید و تنوع بیشتر در تولید ترکیبات ثانویه را فراهم سازد.

در این بین جینومیک فقط به پیدا کردن جین های مرتبط با مواد دارویی محدود نمی شود. این علم می تواند در شناخت توافق نبات با محیط نیز به کار رود. بطور مثال اگر یک جینوتایپ نبات طی در شرایط کم آبی همچنان مقدار قابل قبولی از ماده مؤثره تولید کند، بررسی جینوم آن می تواند به شناسایی تفاوت های جنتیکی مرتبط با این توانایی کمک کند. چنین معلوماتی برای انتخاب جینوتایپ های مناسب در مناطق خشک اهمیت دارد؛ چرا که هدف آن افزایش مقدار محصول و حفظ کیفیت دارویی در شرایط واقعی کشت است.

توالی یابی جینوم و شناسایی جین های مرتبط با صفات دارویی

توالی یابی جینوم امکان شناسایی ترتیب DNA و تعیین جایگاه جین های مرتبط با صفات مورد نظر را فراهم می کند. ایجاد جینوم مرجع برای یک نبات طی، چارچوبی برای

شناسایی جین‌ها، خانواده‌های جینی و تغییرات جنتیکی مرتبط با مسیرهای ساخت بیولوژیکی ترکیبات دارویی فراهم می‌سازد.

یکی از مثال‌های شناخته‌شده در این زمینه، درمنه یک‌ساله (*Artemisia annua*) است که منبع طبیعی ارتمیزینین به شمار می‌رود. توالی‌یابی جینوم این نبات معلومات با ارزشی درباره تنظیم جینوم و مسیرهای مربوط به تولید ارتمیزینین فراهم کرد. Shen و همکاران (2018) در مطالعه جینوم درمنه یک‌ساله نشان دادند که توسعه و گسترش برخی خانواده‌های جینی و تغییرات موجود در مسیرهای مربوط به ترپنوئیدها با توانایی این نبات در تولید ارتمیزینین ارتباط دارد. چنین یافته‌ای نشان می‌دهد که تعیین توالی جینوم تنها برای شناخت ساختار DNA انجام نمی‌شود؛ بلکه می‌تواند به فهم اساسی جنتیکی یک ترکیب دارویی نیز کمک کند.



https://www.netplant.ir/PlantDataBase/db_species_view.php?editi

d1=Artemisia%20annua

شکل ۱ درمنه یک‌ساله

این روش در سایر نباتات طبی نیز برای شناسایی جین‌های نامزد و بررسی مسیرهای ساخت بیولوژیکی ترکیبات مؤثره قابل استفاده است (Ma et al., 2020).

نشانگرهای مالیکولی و ارزیابی تنوع جنتیکی

نشانگرهای مالیکولی ابزار دیگری هستند که از معلومات DNA برای تشخیص تفاوت بین جینوتایپها استفاده می کنند. برخلاف صفات ظاهری که ممکن است تحت تأثیر محیط قرار گیرند، نشانگرهای DNA مستقیماً تفاوت موجود در ماده جنتیکی را نشان می دهند. از نشانگرهایی مانند SNP، SSR و InDel می توان برای بررسی ارتباط جنتیکی افراد، تعیین ساختار جمعیت، شناسایی جینوتایپهای متفاوت و مطالعه تنوع جنتیکی استفاده کرد.

در تولید نباتات طبی، ارزیابی تنوع جنتیکی اولین قدم برای پیدا کردن مواد اولیه مناسب نسلگیری و اصلاح است. اگر یک جمعیت از نظر جنتیکی متنوع باشد، احتمال پیدا کردن جینوتایپهایی با عملکرد، کیفیت دارویی یا مقاومت بهتر افزایش می یابد. نشانگرهای مالیکولی می توانند این تفاوتها را حتی زمانی که تفاوت ظاهری میان نباتات بسیار کم باشد، آشکار کنند. به همین دلیل، استفاده از نشانگرهای DNA در کنار صفات مورفولوژیک و فیتوکیماوی تصویر دقیق تری از تنوع موجود در یک نوع ارائه می کند. نشانگرهای مالیکولی همچنین می توانند در شناسایی و حفاظت جینوتایپهای محلی دارای سازگاری با خشکی، شوری و امراض مورد استفاده قرار گیرند (Chen et al., 2016).

مطالعات ارتباط جینوم گسترده (GWAS^{۳۵}) در نباتات طبی

مطالعات ارتباط جینوم گسترده (GWAS) رابطه میان تغییرات جنتیکی در سطح جینوم و صفات قابل اندازه گیری را در مجموعه ای از جینوتایپها بررسی می کند. در نباتات طبی، این روش می تواند برای شناسایی نشانگرهای مرتبط با مقدار و ترکیب متابولیت های ثانویه، مقاومت به خشکی و امراض و سایر صفات دارویی استفاده شود. دقت GWAS به اندازه و ساختار جمعیت، کیفیت فینوتایپ گیری و شرایط محیطی وابسته است؛ بناءً، تأیید نشانگرهای شناسایی شده با مطالعات ترانسکریپتومیک، متابولومیک یا آزمایش های وظیفه ای اهمیت دارد.

^{۳۵} Genome-Wide Association Studies

مزیت GWAS این است که برای شناسایی صفات پیچیده، که تحت تأثیر چندین ناحیه جینوم قرار دارند، کاربرد دارد. صفاتی مانند مقدار متابولیت‌های ثانویه، مقاومت به خشکی یا زمان گل‌دهی می‌توانند دارای چنین ماهیتی باشند. در نباتات طبی، GWAS می‌تواند به شناسایی نشانگرهایی کمک کند که با مقدار مواد مؤثره ارتباط دارند. سپس این نشانگرها می‌توانند در انتخاب جینوتایپ‌ها مورد استفاده قرار گیرند.

انتخاب جینومی و کاربرد آن در اصلاح نباتات طبی

انتخاب جینومی یکی از روش‌هایی است که می‌تواند فاصله میان اطلاعات DNA و تصمیم اصلاحی را کوتاه‌تر کند. در این روش، از تعداد زیادی نشانگر جنتیکی در سراسر جینوم استفاده می‌شود تا ارزش جنتیکی احتمالی هر جینوتایپ پیش‌بینی گردد. برخلاف انتخاب سنتی که معمولاً بعد از مشاهده صفات نبات انجام می‌شود، انتخاب جینومی می‌تواند در مراحل ابتدایی رشد نیز معلوماتی برای انتخاب نباتات مناسب فراهم کند.

برای نباتات طبی، این روش زمانی ارزش بیشتری پیدا می‌کند که صفت مورد نظر دیر ظاهر شود یا اندازه‌گیری آن هزینه‌بر باشد. اندازه‌گیری بعضی ترکیبات دارویی به تجهیزات لابراتواری و روش‌های کیمیاوی نیاز دارد و بررسی تعداد بسیار زیاد نباتات در هر نسل ممکن است دشوار باشد. اگر میان نشانگرهای جنتیکی و مقدار ماده مؤثره رابطه قابل اعتماد وجود داشته باشد، می‌توان بخشی از نباتات را بر اساس معلومات DNA انتخاب کرد و سپس آزمایش فیتوکیمیاوی را روی تعداد محدودتری انجام داد.

انتخاب جینومی در اصلاح نباتات زراعتی به‌طور وسیع بررسی شده است و می‌تواند سرعت اصلاح صفات پیچیده را افزایش دهد. Crossa و همکاران (2017) نشان داده‌اند که انتخاب جینومی در صورت وجود معلومات مناسب جینومی و فینوتایپی می‌تواند در پیش‌بینی ارزش اصلاحی و تسریع چرخه‌های اصلاحی مفید باشد. در نباتات طبی، استفاده از این روش هنوز در مقایسه با نباتات عمده زراعتی محدودتر است، اما با افزایش اطلاعات جینومی و تولید معلومات فیتوکیمیاوی، زمینه استفاده از آن بیشتر می‌شود.

ترانسکریپتومیک و بررسی بیان جین در نباتات طبی

۱. مفهوم ترانسکریپتومیک و اهمیت آن

ترانسکریپتومیک به مطالعه مجموعه RNA های بیان شده در یک نسج، اندام یا مرحله مشخص رشد گفته می شود و برای شناسایی الگوهای بیان جین ها کاربرد دارد. در نباتات طبی، مقایسه ترانسکریپتوم اندام ها، مراحل رشد یا شرایط محیطی متفاوت می تواند جین های مرتبط با تولید ترکیبات مؤثره و پاسخ به تنش های محیطی را مشخص سازد. این روش خصوصاً در انواعی که معلومات جینومی کامل در دسترس نیست، برای شناسایی جین های نامزد و مسیرهای ساخت بیولوژیکی مفید است (Guo et al., 2021).

با استفاده از تکنالوژی ترانسکریپتومیک در نباتات طبی بدون معلومات جینومی کافی با بررسی RNA های موجود، جین های فعال، جین های ناشناخته و مسیرهای سوخت و ساز مرتبط با مواد دارویی را می توان پیدا کرد. مرورهای تخصصی نشان داده اند که ترانسکریپتومیک در نباتات طبی برای شناسایی جین های عملکردی، پیدا کردن مسیرهای ساخت متابولیت های ثانویه، تولید نشانگرهای مالیکولی و کمک به اصلاح نباتات استفاده شده است (Guo et al., 2021).

اهمیت این روش زمانی بیشتر روشن می شود که بدانیم مقدار ترکیبات دارویی در اندام های مختلف یک نبات یکسان نیست. ممکن است ریشه مقدار زیادی از یک ترکیب را داشته باشد، در حالی که برگ همان نبات مقدار بسیار کمتری از آن را تولید کند. مقایسه ترانسکریپتوم این دو اندام می تواند نشان دهد که کدام جین ها در اندامی که ماده مؤثره بیشتری دارد، فعال تر هستند.

۲. RNA-seq و تحلیل الگوهای بیان جین

RNA-seq یکی از روش های مهم ترانسکریپتومیک برای شناسایی و مقایسه الگوی بیان جین ها است. این روش امکان تشخیص جین هایی را فراهم می کند که در اندام ها، مراحل رشد یا شرایط محیطی مختلف بیان متفاوت دارند. تحلیل جین های با بیان متفاوت می تواند سرنخ هایی درباره جین های دخیل در مسیرهای ساخت بیولوژیکی ترکیبات دارویی فراهم کند (Guo et al., 2021).

در *Panax ginseng*، مطالعات ترانسکریپتومیک با شناسایی جین‌های مرتبط با مسیرهای MVA و MEP به درک بهتر سازوکار ساخت جینسوسایدها کمک کرده‌اند. این یافته‌ها نشان می‌دهند که مقایسه الگوهای بیان جین می‌تواند برای ارتباط دادن فعالیت جین‌ها با تولید ترکیبات مؤثره استفاده شود (Xue et al., 2019).



.(Guo et al., 2021)

شکل ۲ جریان کاری ترانسکریپتومیک از RNA-seq تا شناسایی جین‌های با بیان

متفاوت و جین‌های نامزد

۳. شناسایی جین‌های دخیل در مسیرهای ساخت ترکیبات دارویی

یکی از کاربردهای مهم دیگر ترانسکریپتومیک، شناسایی جین‌های نامزد دخیل در مسیرهای ساخت بیولوژیکی ترکیبات دارویی است. مقایسه بیان جین‌ها میان اندام‌ها یا شرایطی که از نظر مقدار متابولیت با یکدیگر تفاوت دارند، می‌تواند جین‌های مرتبط با تولید آن ترکیبات را مشخص سازد. در *Salvia miltiorrhiza*، مطالعات ترانسکریپتومیک جین‌های مرتبط با ساخت تانن‌ها را شناسایی کرده و ارتباط میان برخی جین‌های نامزد و مسیر تولید این ترکیبات را نشان داده‌اند (Gao et al., 2014).

بررسی شبکه های هم بیانی نیز می تواند ارتباط میان چندین جین دخیل در یک مسیر را آشکار سازد. بناءً افزایش بیان یک جین به تنهایی برای اثبات نقش آن در تولید یک ترکیب کافی نبوده و نتایج ترانسکریپتومیک باید با معلومات متابولومیک و مطالعات وظیفه ای تکمیل شوند (Zhou et al., 2017).

در مطالعه دیگری روی دو نوع مریم گلی سرخ، نمونه های ریشه نابالغ، ریشه بالغ و پوسته ریشه بررسی شد. نتایج نشان داد که مقدار تاننن در ریشه بالغ بیشتر است و در همین نمونه ها تغییرات بیان جین نیز مشاهده شد. این نوع مقایسه کمک می کند تا جین هایی که با افزایش تولید ماده دارویی همراه هستند، دقیق تر مشخص شوند (Chang et al., 2019).

در تحقیقات جدیدتر، استفاده از تحلیل هم بیانی نیز رواج یافته است. در این روش، جین هایی که الگوی تغییر بیان مشابه دارند، در یک گروپ قرار می گیرند. اگر یک جین شناخته شده در مسیر تولید یک ماده دارویی با چند جین ناشناخته الگوی بیان مشابه داشته باشد، آن جین های ناشناخته می توانند برای بررسی های بعدی انتخاب شوند. در مطالعه ای روی ریشه های مریم گلی سرخ، تحلیل ترانسکریپتوم به شناسایی جین های نامزد در مراحل پایین تر مسیر ساخت تاننن ها کمک کرد و تعدادی عامل تنظیم کننده نیز شناسایی شد (Zhou et al., 2017).

۴. نقش تنظیم بیان جین در تولید متابولیت های ثانویه

بیان جین های دخیل در تولید متابولیت های ثانویه تحت تأثیر عوامل تنظیمی و محیطی قرار دارد. عوامل رونویسی، هورمون ها، نور، حرارت و تنش هایی مانند خشکی و شوری می توانند الگوی بیان جین های مسیرهای ساخت بیولوژیکی را تغییر دهند. برای نمونه، مطالعه پاسخ ترانسکریپتومی *Salvia miltiorrhiza* به میتایل جاسمونات جین های متعددی را مرتبط با ساخت تاننن ها و ترکیبات فنولیک معرفی کرده است (Zhou et al., 2017). بررسی این تغییرات در کنار پروفایل متابولیت ها امکان تفسیر دقیق تر پاسخ نبات را فراهم می کند.

۵. کاربرد ترانسکریپتومیک در شناسایی جینوتایپ‌های برتر

مقایسه الگوی بیان جین در جینوتایپ‌های دارای مقدار متفاوت ترکیبات مؤثره می‌تواند جین‌های نامزد مرتبط با صفات دارویی را شناسایی کند. با این حال انتخاب جینوتایپ برتر نباید تنها بر اساس میزان بیان جین انجام شود؛ زیرا فعالیت آنزیم‌ها، دسترسی به پیش‌ماده‌ها، تعاملات پایین‌دستی و شرایط محیطی نیز بر مقدار نهایی متابولیت اثر دارند. بناءً استفاده هم‌زمان از ترانسکریپتومیک، متابولومیک و معلومات جنتیکی برای انتخاب دقیق‌تر جینوتایپ‌ها مناسب‌تر است (Xue et al., 2019).

متابولومیک و شناسایی ترکیبات دارویی نباتات طبی

۱. متابولومیک

متابولومیک به مطالعه وسیع متابولیت‌های موجود در یک نبات یا نمونه بیولوژیکی در شرایط مشخص گفته می‌شود و تصویری نزدیک‌تر به محصول نهایی فعالیت‌های بیوکیماوی فراهم می‌کند. در نباتات طبی، این تکنالوژی برای شناسایی و مقایسه ترکیبات مؤثره، تشخیص تفاوت‌های کیمیاوی میان جینوتایپ‌ها، بررسی اثر شرایط محیطی و ارزیابی کیفیت مواد نباتی کاربرد دارد. روش‌هایی مانند LC-MS، GC-MS و NMR از ابزارهای مهم در تولید پروفایل‌های متابولیتی هستند (Waris et al., 2022).

کاربرد متابولومیک در نباتات طبی به شناسایی ترکیبات، کشف ترکیبات فعال، تشخیص تفاوت میان نمونه‌ها، بررسی اصالت مواد نباتی، تشخیص تقلب و اختلاط انواع، بررسی تغییرات ناشی از محیط و تعیین شاخص‌های کیفی استفاده می‌شود. بر این اساس متابولومیک می‌تواند میان تنوع جنتیکی نبات و تفاوت در ترکیبات کیمیاوی پیوند ایجاد کند و معلومات حاصل از آن در کنار جینومیک و ترانسکریپتومیک، شناخت دقیق‌تری از ساخت بیولوژیکی ترکیبات دارویی فراهم سازد (van der Kooy et al., 2009).

۲. شناسایی و کمی‌سازی متابولیت‌های ثانویه

شناسایی متابولیت‌های ثانویه یکی از بخش‌های مهم تحقیقات متابولومیک در نباتات طبی است. در این زمینه، LC-MS برای بررسی ترکیبات غیر فرار و نسبتاً پیچیده، GC-MS برای ترکیبات فرار یا ترکیباتی که قابلیت تبدیل به مشتقات فرار را دارند، و NMR برای شناسایی

ساختاری و بررسی هم زمان طیف وسیعی از ترکیبات مورد استفاده قرار می گیرد LC-MS. به دلیل حساسیت بالا برای تشخیص متابولیت هایی که در مقدار بسیار کم وجود دارند، در مطالعه ترکیبات دارویی نباتات کاربرد گسترده دارد؛ در حالی که NMR قابلیت کمی سازی نسبتاً مستقیم و تکرارپذیر ترکیبات را بدون نیاز جدی به جداسازی قبلی فراهم می کند (Allwood & Goodacre, 2010).

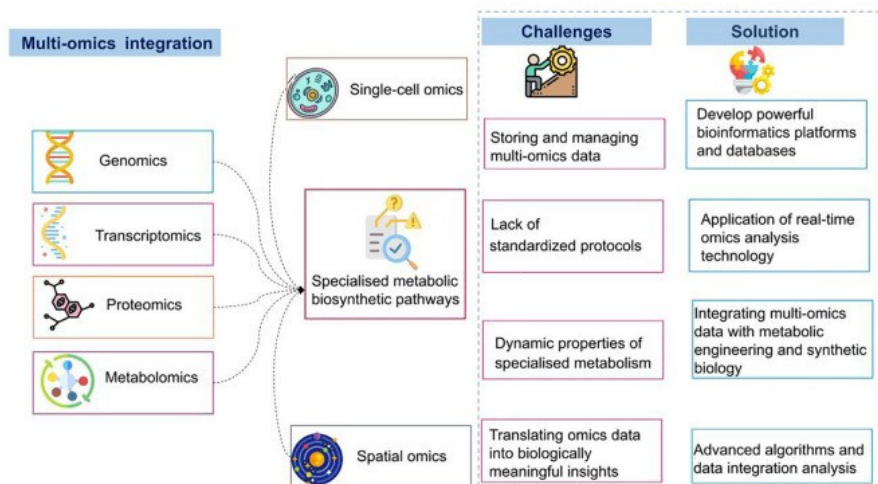
در کمی سازی، هدف تعیین مقدار دقیق یک یا چند ترکیب مشخص در نمونه نباتی است. برای این کار معمولاً از استانداردهای کیمیاوی معتبر و منحني های اعیار سازی استفاده می شود. چنین سنجشی برای ترکیباتی مانند ارتمیزینین در *Artemisia annua*، جینسنوزایدها در *Panax ginseng* و تانشینین ها در *Salvia miltiorrhiza* اهمیت دارد؛ زیرا تنها شناسایی حضور یک ترکیب نمی تواند کیفیت دارویی یک جینوتایپ را مشخص کند و مقدار آن نیز باید مورد بررسی قرار گیرد. در *Artemisia annua*، مطالعه کمی و متابولومیک دو کیموتایپ با تولید بلند و پایین ارتمیزینین تفاوت های وسیعی را در ترکیبات ترانپونیدی نشان داده است (Czechowski et al., 2018).

جدول ۱. روش های مهم تحلیل متابولیت ها

روش	کاربرد اصلی	نوع ترکیبات	مزیت
LC-MS	شناسایی و کمی سازی ترکیبات	ترکیبات غیر فرار و پیچیده	حساسیت بالا
GC-MS	شناسایی ترکیبات فرار	ترکیبات فرار و مشتق پذیر	تفکیک مناسب
NMR	شناسایی ساختار و پروفایل گیری	دامنه وسیع متابولیت ها	نیاز کمتر به جداسازی

۳. متابولومیک هدفمند و غیرهدفمند

در متابولومیک هدفمند، مجموعه مشخصی از متابولیت ها با روش های کمی دقیق اندازه گیری می شوند در حالی که متابولومیک غیرهدفمند دامنه وسیع تری از ترکیبات را بدون تعیین قبلی همه اهداف بررسی می کند. روش غیرهدفمند برای کشف تفاوت های متابولیتی میان جینوتایپ ها و شناسایی ترکیبات احتمالی جدید مناسب است، اما شناسایی قطعی متابولیت های ناشناخته به استانداردهای معتبر و بررسی های تکمیلی نیاز دارد (Allwood & Goodacre, 2010).



(Wang et al., 2024)

شکل ۳ یکپارچه سازی جینومیک، ترانسکریپتومیک و متابولومیک در شناسایی

مسیرهای ساخت بیولوژیکی ترکیبات مؤثره

۴. ارتباط پروفایل متابولیتی با کیفیت دارویی نباتات

پروفایل متابولیتی نباتات طبی می تواند بر اساس محل جمع آوری یا کشت، مرحله برداشت، اندام مورد استفاده و شرایط خشک کردن و ذخیره سازی تغییر کند. متابولومیک با ایجاد اثر انگشت کیمیاوی می تواند برای مقایسه نمونه ها، تشخیص تغییرات کیفی و شناسایی تفاوت میان مواد نباتی مورد استفاده قرار گیرد. در *Panax ginseng*، استفاده از UPLC-QTOF/MS و NMR برای مقایسه چند جینوتایپ، تفاوت های متابولیتی بین نمونه ها را آشکار ساخته است (Lee et al., 2019).

یکی از نمونه های روشن این کاربرد در *Panax ginseng* دیده می شود. بررسی هفت نوع جینسنگ با UPLC-QTOF/MS و NMR تفاوت هایی را در الگوی جینسنوزایدها و متابولیت های اولیه نشان داد و امکان تفکیک برخی انواع را بر اساس پروفایل متابولیتی فراهم کرد (Lee et al., 2019).

بر علاوه مقایسه پروفایل متابولیتی جینوتایپ ها می تواند تفاوت در مقدار و ترکیب مواد مؤثره را آشکار سازد و در شناسایی جینوتایپ های دارای ارزش دارویی مناسب

کمک کند. در *Panax ginseng* و *Artemisia annua*، تفاوت های متابولیتی میان جینوتایپ ها یا کیموتایپ ها برای بررسی ظرفیت تولید ترکیبات هدف مورد استفاده قرار گرفته است (Kim et al., 2017). با این حال، انتخاب نهایی جینوتایپ باید بر اساس ترکیب معلومات متابولیتی، جنتیکی، ترانسکریپتومی و صفات زراعتی انجام شود.

جدول ۲. مقایسه کاربرد تکنالوژی های جینومیک، ترانسکریپتومیک و متابولومیک

تکنالوژی	سطح مطالعه	معلومات اصلی	کاربرد در نباتات طی	مزیت	محدودیت
جینومیک	DNA و جینوم	SNP، جین ها، تغییرات جنتیکی	شناسایی	شناسایی	نیاز به جینوم
			جین ها و تنوع	اساس	مرجع و تحلیل
			جنتیکی	جنتیکی	بیوانفورماتیکی
ترانسکریپتومیک	RNA	بیان جین ها	شناسایی	بررسی	وابستگی شدید به
			جین های فعال	فعالیت	زمان، نسج و
			در مسیرهای ساخت ترکیبات	جین ها	شرایط محیطی
متابولومیک	متابولیت ها	پرو فایل کیمیای	شناسایی و کمی سازی ترکیبات مؤثره	نزدیک به محصول نهایی مسیر	شناسایی برخی متابولیت ها دشوار است
	چند سطح	DNA + RNA + متابولیت	باز سازی	دید یکپارچه	پیچیدگی تحلیل
			مسیرهای ساخت بیولوژیکی		

یکپارچه سازی جینومیک، ترانسکریپتومیک و متابولومیک

۱. روش چند اُمیک (Multi-omics) در مطالعه نباتات طی

یکپارچه سازی جینومیک، ترانسکریپتومیک و متابولومیک امکان بررسی ارتباط میان تغییرات جنتیکی، فعالیت جین ها و تولید متابولیت ها را فراهم می کند. در این روش تفاوت

جنتیکی میان جینوتایپ‌ها با الگوهای بیان جین و تغییرات پروفایل متابولیتی مقایسه می‌شود تا جین‌های نامزد و مراحل احتمالی مسیرهای ساخت بیولوژیکی ترکیبات مؤثره شناسایی شوند (Singh et al., 2022).

ارتباط احصائی بین بیان یک جین و مقدار یک متابولیت می‌تواند یک جین را به‌عنوان جین نامزد معرفی کند، اما چنین ارتباطی به‌تنهایی نقش مستقیم آن جین را ثابت نمی‌کند. برای تأیید، استفاده از مطالعات جنتیکی، تحلیل وظیفه‌ای جین و بررسی‌های بیوکیماوی ضروری است (Singh et al., 2022).

۲. شناسایی مسیرهای ساخت بیولوژیکی ترکیبات دارویی

روش‌های چندآمیکی می‌توانند برای بازسازی و تکمیل مسیرهای ساخت بیولوژیکی ترکیبات دارویی در نباتات طبی استفاده شوند. در این روش، جین‌های نامزد، الگوهای بیان آن‌ها و تغییرات متابولیت‌ها به‌صورت یک مجموعه مرتبط تحلیل می‌شوند. هم‌زمانی افزایش بیان جین‌های یک مسیر با افزایش پیش‌ماده‌ها یا محصولات آن مسیر می‌تواند شواهدی برای ارتباط آن‌ها فراهم کند و زمینه شناسایی مراحل ناشناخته یا ناقص مسیر را به وجود آورد (Wang et al., 2024).

این روش خاصاً برای مسیرهایی که از چندین جین، انزیم و مرحله تنظیمی تشکیل شده‌اند، مفید است؛ زیرا بررسی یک سطح مالیکولی به‌تنهایی ممکن است برای توضیح کامل تغییرات ترکیبات مؤثره کافی نباشد.

معلومات چندآمیکی می‌توانند برای پیش‌بینی صفات دارویی مانند مقدار متابولیت هدف، ترکیب کیماوی، کیفیت ماده خام دارویی و ظرفیت یک جینوتایپ برای تولید ترکیبات خاص استفاده شوند. در این روش، معلومات جنتیکی، الگوی بیان جین و پروفایل متابولیتی به‌صورت جداگانه تحلیل نمی‌شوند، بلکه به‌عنوان متغیرهای مرتبط در یک مدل واحد قرار می‌گیرند. چنین مدل‌هایی می‌توانند الگوهای را شناسایی کنند که با بررسی یک لایه آمیکی به‌تنهایی قابل مشاهده نیستند (Ma et al., 2020).

این روش برای اصلاح نباتات طبی اهمیت دارد؛ زیرا صفت مورد نظر در این نباتات اغلب یک صفت پیچیده است و از تعامل چندین جین و عوامل محیطی تأثیر می‌پذیرد.

با استفاده از معلومات چنداُمیکی، می‌توان جینوتایپ‌هایی را که دارای ترکیب خوب جنتیکی، بیان مناسب جین‌های مسیر و مقدار بالاتر متابولیت هدف هستند، زودتر شناسایی کرد. تحقیقات جدید همچنین نشان داده‌اند که ترکیب معلومات جینومیک، ترانسکریپتومیک و متابولومیک می‌تواند برای شناسایی نشانگرهای مالیکولی و پیش‌بینی ظرفیت تولید متابولیت‌های تخصصی مورد استفاده قرار گیرد (Wang et al., 2024).

جدول ۳. نمونه مطالعات چنداُمیکی در نباتات طی

نبات	ترکیب هدف	تکنالوژی مورد استفاده	جین/مسیر مورد بررسی	نتیجه اصلی
<i>Artemisia annua</i>	ارتمیزینین	جینومیک/ترانسکریپتومیک/متابولومیک	مسیر ارتمیزینین	شناسایی جین‌ها و تفاوت کیموتایپ‌ها
<i>Salvia miltiorrhiza</i>	تانشین	ترانسکریپتومیک + متابولومیک	MVA/MEP	شناسایی جین‌های نامزد
<i>Panax ginseng</i>	جینسنوساید	ترانسکریپتومیک/متابولومیک	مسیر تری‌ترپنوئید	تفاوت پروفایل متابولیتی
<i>Catharanthus roseus</i>	آلکالوئیدها	جینومیک/ترانسکریپتومیک	مسیر TIA	شناسایی جین‌ها و مسیرهای ساخت

۳. نقش هوش مصنوعی و یادگیری ماشین در تحلیل معلومات چنداُمیکی

حجم و پیچیدگی معلومات حاصل از تکنالوژی‌های اُمیکی استفاده از روش‌های محاسباتی پیشرفته را ضروری ساخته است. هوش مصنوعی و الگوریتم‌های یادگیری ماشین می‌توانند روابط میان تغییرات جنتیکی، الگوهای بیان جین و پروفایل‌های متابولیتی را تحلیل کرده و برای پیش‌بینی جین‌های نامزد، ترکیبات هدف و صفات مرتبط با کیفیت نباتات طی مورد استفاده قرار گیرند. مطالعات جدید نشان داده‌اند که ترکیب معلومات

چندأمیکی با یادگیری ماشین می‌تواند در پیش‌بینی جین‌های دخیل در ساخت متابولیت‌های تخصصی نباتی کاربرد داشته باشد (Bai et al., 2024).

با وجود این ظرفیت، خروجی مدل‌های یادگیری ماشین به کیفیت، حجم و هماهنگی معلومات ورودی وابسته است. تفاوت در جینوتایپ، شرایط رشد، زمان نمونه‌گیری و روش‌های تولید و تحلیل معلومات می‌تواند بر نتایج اثر بگذارد. بر این اساس پیش‌بینی‌های محاسباتی باید با شواهد ترانسکریپتومیک، متابولومیک، جنتیکی یا آزمایش‌های وظیفه‌ای تأیید شوند (Chen et al., 2026).

کاربرد رویکردهای آمیکی در اصلاح نباتات طبی

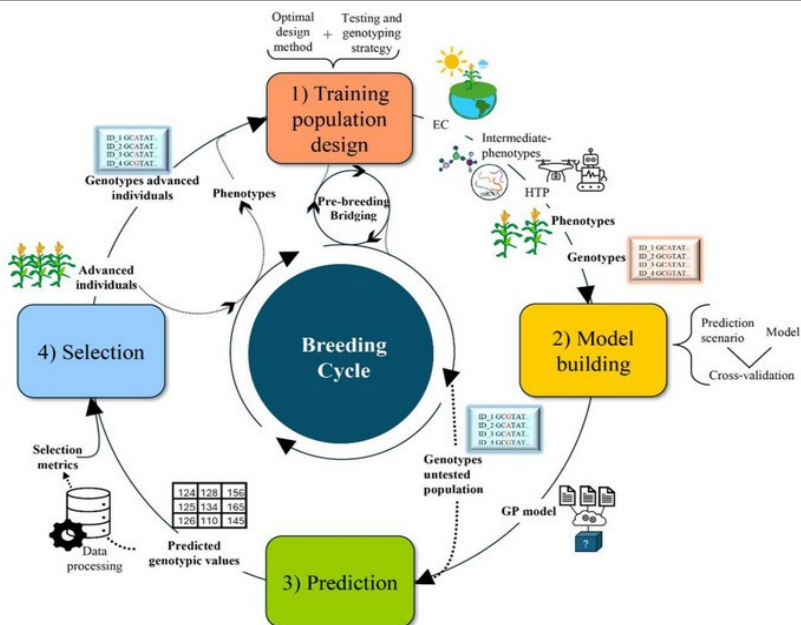
روش‌های آمیکی امکان می‌دهند انتخاب مواد اصلاحی در نباتات طبی بر اساس مجموعه‌ای از صفات جنتیکی، مالیکولی و کیمیاوی انجام شود. در این روش، جینوتایپ‌ها از نظر رشد و عملکرد و از نظر ظرفیت تولید ترکیبات مؤثره، ثبات این ترکیبات و سازگاری با شرایط محیطی مقایسه می‌شوند. ترکیب معلومات جینومی، ترانسکریپتومی و متابولومیک می‌تواند معیارهای دقیق‌تری برای تشخیص جینوتایپ‌های خوب در اختیار برنامه‌های اصلاحی قرار دهد (Ma et al., 2020).

در انتخاب جینوتایپ‌های مناسب، نشانگرهای جنتیکی می‌توانند تفاوت‌های خوبی را در سطح DNA مشخص کنند، در حالی که پروفایل متابولیتی امکان مقایسه مستقیم ظرفیت تولید ترکیبات مؤثره را فراهم می‌سازد. هنگامی که این معلومات با الگوی بیان جین‌ها ترکیب شود، امکان تشخیص جینوتایپ‌هایی که هم ظرفیت جنتیکی مناسب و هم فعالیت مسیرهای مرتبط با تولید ترکیبات دارویی دارند، افزایش می‌یابد.

در اصلاح نباتات طبی، هدف تنها افزایش مقدار یک ترکیب مؤثره نیست، بلکه حفظ ترکیب مناسب و پایدار متابولیت‌ها نیز اهمیت دارد. متابولومیک می‌تواند تفاوت‌های کیمیاوی میان جینوتایپ‌ها را مشخص کند و ترانسکریپتومیک و جینومیک می‌توانند برای ارتباط این تفاوت‌ها با فعالیت جین‌ها و زمینه جنتیکی مورد استفاده قرار گیرند. چنین ترکیبی امکان انتخاب جینوتایپ‌هایی را فراهم می‌سازد که از نظر مقدار و ترکیب مواد مؤثره برای تولید دارویی مناسب باشند.

تنش های محیطی مانند خشکی ، شوری و حرارت بالا می توانند هم رشد نبات و هم تولید متابولیت های ثانویه را تغییر دهند. بررسی هم زمان تغییرات جنتیکی ، بیان جین ها و پروفایل متابولیتی در شرایط تنش می تواند جینوتایپ هایی را مشخص سازد که علاوه بر سازگاری با محیط ، توان حفظ ترکیبات مؤثره خود را نیز دارند. چنین جینوتایپ هایی می توانند به عنوان والدین مناسب در برنامه های اصلاحی مناطق دارای محدودیت های محیطی مورد استفاده قرار گیرند.

انتخاب جینومی می تواند با استفاده از نشانگرهای وسیع جینومی ، ارزش اصلاحی جینوتایپ ها را پیش از مشاهده کامل برخی صفات پیش بینی کند. این روش برای صفاتی که اندازه گیری آن ها به زمان ، هزینه یا آزمایش های کیمیاوی زیاد نیاز دارد ، می تواند روند انتخاب را کوتاه تر سازد. ترکیب انتخاب جینومی با معلومات ترانسکریپتومی و متابولومیک نیز می تواند پیش بینی ظرفیت تولید ترکیبات مؤثره را بهبود بخشد؛ کاربرد عملی این روش ها در نباتات طبی هنوز به ارزیابی های بیشتر در جمعیت ها و شرایط مختلف نیاز دارد. کاربرد این روش ها زمانی ارزش اصلاحی بیشتری پیدا می کند که نتایج مالیکولی با صفات زراعتی ، کیفیت کیمیاوی و ارزیابی در شرایط واقعی مزرعه همراه شود (Parveen et al., 2023).



(Escamilla et al., 2025)

شکل ۴ کاربرد تکنالوژی های آمیکی در انتخاب جینوتایپ و اصلاح نباتات طبی
جدول ۴. مقایسه روش های جنتیکی مورد استفاده در اصلاح نباتات طبی

روش	هدف	نوع معلومات	کاربرد	خروجی
نشانگرهای مالیکولی	تشخیص تنوع	DNA	شناسایی جینوتایپ ها	Marker
GWAS	ارتباط جینوم با صفت	فینوتایپ + SNP	شناسایی نواحی مرتبط	SNP/QTL
انتخاب جینومی	پیش بینی ارزش جنتیکی	های گسترده SNP	انتخاب زود هنگام	GBEV
ترانسکریپتومیک	بررسی بیان جین	RNA	جین های نامزد	DEG
متابولومیک	بررسی ترکیبات	متابولیت	کیفیت دارویی	Metabolite profile

روش	هدف	نوع معلومات	کاربرد	خروجی
چند اُمیکی	ادغام لایه ها	DNA + RNA + metabolite	انتخاب دقیق تر	Candidate genotype

محدودیت های کاربرد تکنالوژی های اُمیکی در نباتات طبی

۱. پیچیدگی جینوم و کمبود منابع مرجع

یکی از محدودیت های کاربرد تکنالوژی های اُمیکی در بسیاری از نباتات طبی، پیچیدگی جینوم آنها است. اندازه بزرگ جینوم، چندبرابردگی کروموزومی، هتروزیگوسیتی و فراوانی توالی های تکراری می تواند توالی یابی، سرهم بندی و حاشیه نویسی جینوم را دشوار سازد. در انواعی که جینوم مرجع با کیفیت بالا در دسترس نیست، شناسایی دقیق جین ها، مقایسه جینوتایپ ها و تفسیر نتایج ترانسکریپتومیک نیز با محدودیت مواجه می شود. تفاوت کیفیت جینوم های مرجع بین انواع، استفاده مقایسه ای از معلومات جینومی را نیز دشوارتر می سازد (Cheng et al., 2025).

۲. هزینه و نیازهای مسلکی

توالی یابی جینوم، RNA-seq و متابولومیک به تجهیزات تخصصی، مواد مصرفی، افراد متخصص و ظرفیت محاسباتی نیاز دارند. تولید، ذخیره سازی، پاک سازی و تحلیل حجم زیاد معلومات اُمیکی نیز به زیربنا مناسب نیازمند است. در متابولومیک، شناسایی قطعی برخی ترکیبات به مواد استاندارد و روش های تأییدی نیاز دارد که می تواند هزینه تحقیق را افزایش دهد. این محدودیت ها در لابراتوارهایی که امکانات توالی یابی، طیف سنجی و محاسباتی محدودی دارند، بیشتر محسوس است (Argueso et al., 2019).

۳. پیچیدگی مسیرهای ساخت بیولوژیکی متابولیت های ثانویه

تولید ترکیبات مؤثره در نباتات طبی معمولاً حاصل فعالیت یک جین منفرد نیست، بلکه چندین جین، انزایم، عوامل تنظیمی و شرایط محیطی در این پروسه دخالت دارند. تغییر در بیان یک جین یا مقدار یک متابولیت نیز به تنهایی برای توضیح کامل یک مسیر ساخت بیولوژیکی کافی نیست. یکپارچه سازی جینومیک، ترانسکریپتومیک و متابولومیک می تواند ارتباط میان اجزای این مسیرها را روشن تر سازد، اما شناسایی جین های نامزد و

روابط پیش‌بینی شده همچنان به تأییدهای وظیفه‌ای و بیوکیمیای نیاز دارد (Singh et al., 2022).

۴. انتقال یافته‌های لابراتواری به شرایط مزرعه

نتایج حاصل از شرایط کنترل‌شده لابراتوار یا گلخانه همیشه در محیط مزرعه با همان الگو تکرار نمی‌شوند. حرارت، رطوبت، نور، نوع خاک، دسترسی به آب، آفات و مدیریت زراعتی می‌توانند بیان جین‌ها و تجمع متابولیت‌های ثانویه را تغییر دهند. جینوتایپ‌ها و جین‌های نامزد شناسایی شده باید در محیط‌ها و فصل‌های مختلف ارزیابی شوند تا ثبات صفات دارویی و ارزش اصلاحی آن‌ها مشخص گردد. پیوند دادن یافته‌های آمیکی با صفات زراعتی و ارزیابی کیمیای در شرایط واقعی مزرعه برای انتقال نتایج تحقیق به برنامه‌های تولید و اصلاح نباتات طبی ضروری است.

۵. چشم‌انداز آینده کاربرد تکنالوژی‌های آمیکی در تولید نباتات طبی

آینده استفاده از تکنالوژی‌های آمیکی در نباتات طبی به توسعه جینوم‌های مرجع با کیفیت، ایجاد مراکز معلومات معیاری و افزایش دسترسی به روش‌های سریع و کم‌هزینه توالی‌یابی و پروفایل‌گیری متابولیتی وابسته است. گسترش این منابع می‌تواند شناسایی جین‌های مرتبط با ترکیبات مؤثره و مقایسه جینوتایپ‌ها را دقیق‌تر سازد. ترکیب معلومات چندآمیکی با روش‌های بیوانفورماتیکی و یادگیری ماشین نیز زمینه پیش‌بینی ظرفیت جینوتایپ‌ها را فراهم می‌کند؛ نتایج حاصل باید از طریق آزمایش‌های وظیفه‌ای، ارزیابی کیمیای و آزمایش‌های چندمحیطی تأیید شوند.

در برنامه‌های آینده اصلاح نباتات طبی، انتظار می‌رود انتخاب جینوتایپ‌ها بیشتر بر اساس ترکیب صفات جنتیکی، مقدار و کیفیت متابولیت‌های مؤثره و توافق با شرایط محیطی انجام شود. توسعه روش‌های ویرایش جین، بهبود فینوتایپ‌گیری و یکپارچه‌سازی معلومات مزرعه با معلومات آمیکی نیز می‌تواند فاصله میان شناسایی جین‌های نامزد و استفاده عملی از آن‌ها در اصلاح نباتات طبی را کاهش دهد.

نتیجه‌گیری

تکنالوژی‌های اُمیکی در سال‌های اخیر مطالعه و بهبود نباتات طبی را به سوی بررسی هم‌زمان سطوح مختلف بیولوژیکی سوق داده‌اند. تولید ترکیبات دارویی به تعامل میان ساختار جنتیکی، بیان جین‌ها، مسیرهای متابولیکی و شرایط محیطی وابسته است؛ یکپارچه‌سازی معلومات جینومی، ترانسکریپتومی و متابولومی می‌تواند ارتباط میان تفاوت‌های جنتیکی، فعالیت جین‌ها و تولید متابولیت‌ها را روشن‌تر سازد. این روش در شناسایی جین‌های نامزد، مسیرهای بیوسنتزی و جینوتایپ‌های دارای خصوصیات دارویی خوب کاربرد دارد.

ترکیب تکنالوژی‌های اُمیکی با بیوانفورماتیک و هوش مصنوعی امکان تحلیل حجم بزرگ معلومات و شناسایی روابط پیچیده میان جین‌ها، متابولیت‌ها و صفات نباتی را فراهم کرده است. چنین تحلیل‌هایی می‌تواند در انتخاب مواد اصلاحی و پیش‌بینی اوصاف جینوتایپ‌ها مورد استفاده قرار گیرد. یافته‌های حاصل از تحلیل‌های اُمیکی نیازمند اعتبارسنجی لابراتواری و مزرعه‌ای هستند؛ زیرا تفاوت شرایط محیطی می‌تواند بیان جین‌ها و مقدار ترکیبات دارویی را تغییر دهد.

با وجود پیشرفت‌های موجود، پیچیدگی جینوم برخی نباتات طبی، کمبود جینوم‌های مرجع، هزینه تحلیل‌های اُمیکی و نبود مراکز معلوماتی معیاری از محدودیت‌های این حوزه به شمار می‌روند. بناءً، استفاده مؤثر از تکنالوژی‌های اُمیکی به توسعه منابع جنتیکی، روش‌های تحلیلی دقیق و ارزیابی نتایج در شرایط واقعی کشت نیاز دارد.

منابع

- Allwood, J. W., & Goodacre, R. (2010). An introduction to liquid chromatography–mass spectrometry instrumentation applied in plant metabolomic analysis. *Phytochemical Analysis*, 21(1), 33–47. <https://doi.org/10.1002/pca.1187>
- Argueso, C. T., Assmann, S. M., Birnbaum, K. D., Chen, S., Dinneny, J. R., Doherty, C. J., Eveland, A. L., Friesner, J., Greenlee, V. R., Law, J. A., Marshall-Colón, A., Mason, G. A., O'Lexy, R., Peck, S. C., Schmitz, R. J., Song, L., Stern, D., Varagona, M. J., Walley, J. W., ... Williams, C. M. (2019). Directions for research and training in plant omics: Big questions and big data. *Plant Direct*, 3(4), e00133. <https://doi.org/10.1002/pld3.133>
- Bai, W., Li, C., Li, W., Wang, H., Han, X., Wang, P., & Wang, L. (2024). Machine learning assists prediction of genes responsible for plant specialized metabolite biosynthesis by integrating multi-omics data. *BMC Genomics*, 25, 418. <https://doi.org/10.1186/s12864-024-10258-6>
- Chang, Y., Wang, M., Li, J., Zhang, X., Zhang, Y., & Lu, S. (2019). Transcriptomic analysis reveals potential genes involved in tanshinone biosynthesis in *Salvia miltiorrhiza*. *Scientific Reports*, 9, 14929. <https://doi.org/10.1038/s41598-019-51535-9>
- Chen, J., Cai, J., Duong, H. T. Q., Bunsupa, S., Han, R., & Tong, X. (2026). AI-driven integration and optimization of medicinal plant multi-omics metabolic networks. *Frontiers in Plant Science*, 17, 1756809. <https://doi.org/10.3389/fpls.2026.1756809>
- Chen, S.-L., Yu, H., Luo, H.-M., Wu, Q., Li, C.-F., & Steinmetz, A. (2016). Conservation and sustainable use of medicinal plants: Problems, progress, and prospects. *Chinese Medicine*, 11, 37. <https://doi.org/10.1186/s13020-016-0108-7>
- Cheng, L.-T., Wang, Z.-L., Zhu, Q.-H., Ye, M., et al. (2025). A long road ahead to reliable and complete medicinal plant genomes. *Nature Communications*, 16, 2150. <https://doi.org/10.1038/s41467-025-57448-8>
- Commisso, M., Strazzer, P., Toffali, K., Stocchero, M., & Guzzo, F. (2013). Untargeted metabolomics: An emerging approach to determine the composition of herbal products. *Computational and Structural Biotechnology Journal*, 4(5), e201301007. <https://doi.org/10.5936/csbj.201301007>

- Crossa, J., Pérez-Rodríguez, P., Cuevas, J., Montesinos-López, O. A., Jarquín, D., de los Campos, G., Burgueño, J., González-Camacho, J. M., Pérez-Elizalde, S., Beyene, Y., Dreisigacker, S., Singh, R. P., Zhang, X., Gowda, M., Roorkiwal, M., Rutkoski, J., & Varshney, R. K. (2017). Genomic selection in plant breeding: Methods, models, and perspectives. *Trends in Plant Science*, 22(11), 961–975. <https://doi.org/10.1016/j.tplants.2017.08.011>
- Czechowski, T., Larson, T. R., Catania, T. M., Harvey, D., Wei, C., Essome, M., Brown, G. D., & Graham, I. A. (2018). Detailed phytochemical analysis of high- and low-artemisinin-producing chemotypes of *Artemisia annua*. *Frontiers in Plant Science*, 9, 641. <https://doi.org/10.3389/fpls.2018.00641>
- Escamilla, D. M., Li, D., Negus, K. L., Kappelmann, K. L., Kusmec, A., Vanous, A. E., Schnable, P. S., Li, X., & Yu, J. (2025). Genomic selection: Essence, applications, and prospects. *The Plant Genome*, 18(2), e70053. <https://doi.org/10.1002/tpg2.70053>
- Gao, W., Sun, H.-X., Xiao, H., Cui, G., Hillwig, M. L., Jackson, A., Wang, X., Shen, Y., Zhao, N., Zhang, L., Wang, X.-J., Peters, R. J., & Huang, L. (2014). Combining metabolomics and transcriptomics to characterize tanshinone biosynthesis in *Salvia miltiorrhiza*. *BMC Genomics*, 15, 73. <https://doi.org/10.1186/1471-2164-15-73>
- Gao, W., Sun, H.-X., Xiao, H., Cui, G., Hillwig, M. L., Jackson, A., Wang, X., Shen, Y., Zhao, N., Zhang, L., Wang, X.-J., Peters, R. J., & Huang, L. (2014). Combining metabolomics and transcriptomics to characterize tanshinone biosynthesis in *Salvia miltiorrhiza*. *BMC Genomics*, 15, 73. <https://doi.org/10.1186/1471-2164-15-73>
- Guo, J., Huang, Z., Sun, J., Cui, X., & Liu, Y. (2021). Research progress and future development trends in medicinal plant transcriptomics. *Frontiers in Plant Science*, 12, 691838. <https://doi.org/10.3389/fpls.2021.691838>
- Kim, Y. J., Lee, O. R., Lee, D. Y., Oh, S., & Ahn, Y. J. (2017). Integrated transcriptomic and metabolomic analysis of five *Panax ginseng* cultivars reveals the dynamics of ginsenoside biosynthesis. *Journal of Ginseng Research*, 41(2), 195–208.
- Kroymann, J. (2011). Natural diversity and adaptation in plant secondary metabolism. *Current Opinion in Plant Biology*, 14(3), 246–251. <https://doi.org/10.1016/j.pbi.2011.03.021>
- Lee, D. Y., Yoon, D., Choi, B.-R., Kim, Y.-C., Baek, N.-I., Kim, S., & Lee, D. Y. (2019). Comparative analysis of *Panax ginseng* berries from seven



- cultivars using UPLC-QTOF/MS and NMR-based metabolic profiling. *Biomolecules*, 9(9), 424. <https://doi.org/10.3390/biom9090424>
- Ma, C., Xiao, C., & Liu, X. (2020). Bioinformatics-assisted, integrated omics studies on medicinal plants. *Briefings in Bioinformatics*, 21(6), 1857–1874. <https://doi.org/10.1093/bib/bbz132>
- Moghe, G. D., & Smith, S. D. (2018). The push and pull of plant specialized metabolism underlies a long-standing, colorful mystery. *New Phytologist*, 217(2), 471–473. <https://doi.org/10.1111/nph.14914>
- Parveen, R., Kumar, M., Swapnil, Singh, D., Shahani, M., Imam, Z., & Sahoo, J. P. (2023). Understanding the genomic selection for crop improvement: Current progress and future prospects. *Molecular Genetics and Genomics*, 298(4), 813–821. <https://doi.org/10.1007/s00438-023-02026-0>
- Shen, Q., Zhang, L., Liao, Z., Wang, S., Yan, T., Shi, P., Liu, M., Fu, X., Pan, Q., Wang, Y., Lv, Z., Lu, X., Zhang, F., Jiang, W., Ma, Y., Chen, M., Hao, X., Li, L., Tang, Y., Lv, G., Zhou, Y., Sun, X., Brodelius, P. E., Rose, J. K. C., & Tang, K. (2018). The genome of *Artemisia annua* provides insight into the evolution of Asteraceae family and artemisinin biosynthesis. *Molecular Plant*, 11(6), 776–788. <https://doi.org/10.1016/j.molp.2018.03.015>
- Singh, K. S., van der Hooft, J. J. J., van Wees, S. C. M., & Medema, M. H. (2022). Integrative omics approaches for biosynthetic pathway discovery in plants. *Natural Product Reports*, 39, 1876–1896. <https://doi.org/10.1039/D2NP00032F>
- van der Kooy, F., Maltese, F., Choi, Y. H., Kim, H. K., & Verpoorte, R. (2009). Quality control of herbal material and phytopharmaceuticals with MS and NMR based metabolic fingerprinting. *Phytochemical Analysis*, 20(5), 337–346. <https://doi.org/10.1002/pca.1125>
- Wang, M., Zhang, S., Li, R., & Zhao, Q. (2024). Unraveling the specialized metabolic pathways in medicinal plant genomes: A review. *Frontiers in Plant Science*, 15, 1459533. <https://doi.org/10.3389/fpls.2024.1459533>
- Wang, M., Zhang, S., Li, R., & Zhao, Q. (2024). Unraveling the specialized metabolic pathways in medicinal plant genomes: A review. *Frontiers in Plant Science*, 15, 1459533. <https://doi.org/10.3389/fpls.2024.1459533>
- Waris, M., Koçak, E., Gonulalan, E. M., Demirezer, L. Ö., Kır, S., & Nemutlu, E. (2022). Metabolomics analysis insight into medicinal plant science. *Trends in Analytical Chemistry*, 157, 116795. <https://doi.org/10.1016/j.trac.2022.116795>



- Xue, L., He, Z., Bi, X., Xu, W., Wei, T., Wu, S., & Hu, S. (2019). Transcriptomic profiling reveals MEP pathway contributing to ginsenoside biosynthesis in *Panax ginseng*. *BMC Genomics*, 20, 383. <https://doi.org/10.1186/s12864-019-5718-x>
- Yang, L., Yang, Y., Huang, L., Cui, X., & Liu, Y. (2023). From single- to multi-omics: Future research trends in medicinal plants. *Briefings in Bioinformatics*, 24(1), bbac485. <https://doi.org/10.1093/bib/bbac485>
- Zhang, W., Zeng, Y., Jiao, M., Ye, C., Li, Y., Liu, C., & Wang, J. (2023). Integration of high-throughput omics technologies in medicinal plant research: The new era of natural drug discovery. *Frontiers in Plant Science*, 14, 1073848. <https://doi.org/10.3389/fpls.2023.1073848>
- Zhou, W., Huang, Q., Wu, X., Zhou, Z., Ding, M., Shi, M., Huang, F., Li, S., Wang, Y., & Kai, G. (2017). Comprehensive transcriptome profiling of *Salvia miltiorrhiza* for discovery of genes associated with the biosynthesis of tanshinones and phenolic acids. *Scientific Reports*, 7, 10554. <https://doi.org/10.1038/s41598-017-10215-2>