



From Nutritional Innovations to Systems Biology: an Integrated Look at New Paths in Livestock and Poultry Sciences

Jamal Seifdavati¹

1. Professor, Department of Animal Sciences, Faculty of Agricultural Science and Technology, University of Mohaghegh Ardabili, Ardabil, Iran. Email: jseifdavati@uma.ac.ir

Article Info

Article type:
Editorial Note

Article history:
Received 16 September 2026
Available online 16 September 2026

Keywords:
Bioprocessing,
Compensatory Growth,
Genomic Prediction,
PPI Network,
Probiotics,
Silage,
Vitellogenin.

ABSTRACT

Objective: The aim of the studies of this issue was to demonstrate that contemporary animal science is no longer limited to increasing production, but must simultaneously improve feed efficiency, animal health, product quality, resilience to stress, sustainable resource utilization, and predict animal response.

Method: In this series, six research studies have been conducted using appropriate experimental designs and using farm and laboratory animals. The treatments studied mainly included different levels of feed ingredients, protein sources, bioactive compounds, and modern feed processing methods, and their effects on production, hematological, digestive, carcass, and quality indices of livestock products were evaluated. Trait measurements were performed using standard laboratory methods and validated methods for analyzing feed and biological samples, and the data were analyzed with statistical models appropriate to the experimental design. Finally, comparison of means and examination of main and interaction effects of treatments formed the basis for scientific inference and interpretation of study results.

Results: The six papers in this series, although differing in species, biological scale, and methodology, provide a coherent picture of this transition. A study of garlic waste powder in suckling calves demonstrates the potential for using secondary sources and natural additives to link growth to metabolic and antioxidant status. A study of sesame meal suggests bioprocessing and probiotics as a strategy to increase the value of alternative protein sources and maintain yield and quality. A study of feed restriction and monensin in lambs highlights the importance of nutritional and management adaptation in shaping compensatory growth. A study of malt pulp silage shifts the focus from feedstock to fermentation process and nutrient dynamics. Two genomic and network studies also extend the research frontier toward prediction, genetic selection, and discovery of molecular relationships; as marker density and heritability affect the accuracy of genomic prediction, and PPI network analysis highlights vitellogenin as a potential link between antioxidant defense, stress response, immunity, and metabolic regulation.

Conclusions: Overall, this collection demonstrates that the future of animal science lies in the integration of nutrition, fermentation, microbiome, genetics, molecular networks, and data analytics. The shift from single-factor experiments to multi-layered, translatable designs can pave the way for precision nutrition, precision breeding, and resilient and sustainable livestock and poultry production.

Cite this article: Seifdavati, J. (2026). From nutritional innovations to systems biology: An integrated look at new paths in livestock and poultry sciences. *New Approaches in Animal Sciences*, 1 (3), 1-12. <https://doi.org/10.22098/naas.2026.20963.1034>



© The Author(s) retain the copyright.

Publisher: University of Mohaghegh Ardabili.

DOI: <https://doi.org/10.22098/naas.2026.20963.1034>

Introduction

Modern animal science is moving beyond the traditional objective of maximizing production toward a broader framework in which feed efficiency, animal health, product quality, resilience, resource efficiency, environmental sustainability, and biological predictability are considered simultaneously. The six papers brought together in this issue are diverse in species, biological scale, and analytical approach, yet they collectively illustrate this transition from conventional production-oriented research toward integrated and increasingly data-driven animal science. (Ncho, 2025).

The study examining feed restriction and monensin supplementation in Kaboodeh Shiraz lambs additives. In extensive and semi-extensive production systems, seasonal fluctuations in forage availability can substantially affect animal performance. Understanding compensatory growth and identifying appropriate nutritional interventions may therefore contribute to more efficient

and resilient production systems under variable feed conditions (Salem et al., 2022). The protein–protein interaction analysis in honey bees illustrates another important transition in animal science: the movement from conventional phenotypic measurements toward systemsbiology, molecular networks, genomics and computational biology. Identifying hub genes involved in antioxidant defense and the potential coordinating role of vitellogenin provides an example of how network-based approaches can contribute to understanding complex stress responses and identifying candidate molecular markers for future breeding programs.

Finally, the study evaluating fermented sesame meal and probiotics in broilers highlights the potential of biological processing of feed ingredients and non-antibiotic nutritional strategies. Fermentation may reduce antinutritional factors and improve the nutritional usability of plant based feed resources, while probiotic supplementation can contribute to modulation of the gastrointestinal microbial environment and animal performance (Ncho, 2025).

Taken together, these contributions reflect a broader transformation in animal science in which nutrition, health, microbiota, biotechnology, genetics and production management are increasingly viewed as interconnected components of a single biological and production system. Future progress will depend increasingly on multidisciplinary research integrating phenotypic and molecular data, omics technologies, computational modeling, economic evaluation and environmental assessment (Hajimohammadi et al., 2020).

The value of this collection therefore extends beyond the individual findings of each study. Collectively, the studies illustrate complementary pathways toward more productive, resilient and sustainable livestock and poultry systems. Efficient utilization of feed resources, responsible antimicrobial use, mitigation of environmental stress, maintenance of

gastrointestinal health, application of biotechnology and identification of molecular mechanisms of stress adaptation all ultimately contribute to a common goal: producing safe and high-quality animal products more efficiently, with lower resource requirements and environmental impacts while safeguarding animal health and welfare (Ncho, 2025).

It is hoped that the studies presented in this collection will stimulate further interdisciplinary research in animal science, veterinary medicine, nutrition, microbiology, genetics and biotechnology and contribute to the development of scientifically sound, economically feasible and practically applicable solutions for modern livestock and poultry production.

Method

In this series, six research studies have been conducted using appropriate experimental designs and using farm and laboratory animals. The treatments studied mainly included different levels of feed ingredients, protein sources, bioactive compounds, and modern feed processing methods, and their effects on production, hematological, digestive, carcass, and quality indices of livestock products were evaluated. Trait measurements were performed using standard laboratory methods and validated methods for analyzing feed and biological samples, and the data were analyzed with statistical models appropriate to the experimental design. Finally, comparison of means and examination of main and interaction effects of treatments formed the basis for scientific inference and interpretation of study results.

Results

The first study evaluates different levels of garlic waste powder in suckling Holstein calves, focusing on growth performance, blood metabolites, and antioxidant activity. Its relevance extends beyond the evaluation of a single feed additive. Agricultural and food-processing by-products represent a potentially valuable resource for reducing feed costs and improving circularity, provided that their biological activity, safety, palatability, and dose-response relationships are adequately characterized. Natural phytogenic resources such as garlic may simultaneously influence growth-related metabolism and oxidative status, thereby connecting nutrition with animal health. This approach is consistent with current efforts to develop feed additives and alternative ingredients that improve efficiency while reducing dependence on conventional inputs.

The second paper investigates raw and fermented sesame meal in combination with probiotics in broiler chickens, considering performance, carcass characteristics, gastrointestinal microbial populations, and meat quality. This study addresses a central challenge of modern poultry nutrition: the need to diversify protein resources without compromising biological performance or product quality. Fermentation is particularly important because biological processing can modify nutrient availability and reduce selected antinutritional factors. The combination of fermented ingredients with probiotics also illustrates a shift from ingredient replacement toward functional feed design, in which the physicochemical properties of a feed

ingredient and its interaction with the intestinal microbiome are considered together. Such strategies are increasingly relevant to sustainable poultry production because alternative protein sources can contribute to resource efficiency when their limitations are biologically managed.

The third study examines the duration of qualitative feed restriction and the use of the ionophore monensin in male Kaboudeh Shiraz lambs, with emphasis on compensatory growth and finishing performance. The conceptual value of this work lies in recognizing that animal response to a feed additive cannot always be interpreted independently of nutritional history. Compensatory growth is a dynamic biological process influenced by the severity and duration of restriction, nutrient availability during refeeding, maturity, genotype, and management. Therefore, the efficacy of an additive may depend on the physiological context in which it is used. This perspective encourages a move from simple additive-versus-control comparisons toward context-dependent nutritional strategies.

The fourth paper focuses on nutrient composition and in vitro fermentation dynamics of malt spent-grain silage containing carbohydrate sources. Here, the feed is viewed not as a static material but as a biological substrate whose nutritional value is modified through fermentation. Understanding fermentation dynamics is essential for predicting preservation quality, nutrient availability, and the potential contribution of agro-industrial by-products to ruminant diets. The study therefore contributes to the circular-bioeconomy perspective in animal nutrition, in which food-industry residues are transformed into stable and nutritionally useful feed resources.

The fifth study evaluates how genotype determination scenarios, heritability, and marker density influence genomic prediction accuracy and selection response in sheep. This work represents a different but complementary level of precision. Nutritional interventions modify the phenotype during the lifetime of an animal, whereas genomic selection aims to modify the genetic potential of populations across generations. Genomic prediction is affected by the architecture of the trait, heritability, reference population, marker density, and statistical model. Evidence from sheep populations shows that increasing marker density can improve prediction accuracy, although the magnitude of improvement depends on trait heritability and model choice. This reinforces the importance of designing breeding programs according to the genetic architecture and information structure of the target population rather than assuming that a single genomic strategy is universally optimal.

The sixth paper uses protein–protein interaction network analysis to investigate pleiotropic relationships involving vitellogenin in the honey bee stress-response network. This study demonstrates how animal science is increasingly incorporating systems biology and computational approaches. Rather than measuring one phenotype at a time, network analysis can identify molecular hubs and connections among antioxidant defense, stress response, immunity, and metabolic regulation. The identification of vitellogenin as a potentially

important connector between biological modules illustrates how molecular networks can generate mechanistic hypotheses that may later be tested experimentally.

Taken together, these six contributions suggest that the future of animal science will depend increasingly on integration across biological scales. At the feed level, alternative ingredients, phytogenic additives, fermentation, and probiotics can improve resource efficiency. At the animal level, metabolic and antioxidant responses provide information about health and adaptation. At the population level, genomic prediction can accelerate genetic improvement. At the molecular level, network analysis can identify regulatory hubs and candidate mechanisms. These levels should not be considered independent. Nutrition can influence microbiota and molecular pathways; host genotype can influence nutritional response and microbiome composition; and environmental stress can modify both phenotypic and molecular responses. Thus, the six papers in this collection should be viewed not as isolated studies but as complementary components of a broader transition toward precision, resilient, and sustainable animal production.

The editorial message emerging from this collection is therefore clear: the next generation of animal science should connect interventions with mechanisms, phenotypes with biological networks, and individual experiments with system-level outcomes. Future studies should increasingly combine standardized phenotyping, longitudinal sampling, microbiome characterization, genomic information, metabolomics or proteomics, and robust statistical or machine-learning frameworks.

Conclusions

The six studies collectively demonstrate that innovation in animal science is occurring simultaneously at the feed, animal, population, and molecular levels. The most valuable future research will be that which connects these levels, evaluates trade-offs, and translates mechanistic knowledge into scalable interventions. Precision nutrition, circular feed resources, microbiome-informed strategies, genomic selection, and systems biology are not separate scientific directions; together, they constitute an emerging framework for more efficient, healthier, resilient, and sustainable animal production.



از نوآوری‌های تغذیه‌ای تا زیست‌شناسی سامانه‌ای: نگاهی یک‌پارچه به مسیرهای نوین در

علوم دام و طیور

جمال سیف دواتی^۱

۱. استاد گروه علوم دامی، دانشکده کشاورزی و منابع طبیعی، دانشگاه محقق اردبیلی، اردبیل، ایران. رایانامه: jseifdavati@uma.ac.ir

چکیده

اطلاعات مقاله

نوع مقاله:

سخن سردبیر

تاریخچه مقاله:

تاریخ دریافت: ۱۴۰۵/۰۶/۲۵

تاریخ انتشار: ۱۴۰۵/۰۶/۲۵

کلیدواژه‌ها:

پروبیوتیک،

پیش‌بینی ژنومی،

رشد جبرانی،

سیلاژ،

شبکه PPI،

فرآوری زیستی،

ویتلوژنین.

هدف: بررسی رویکردهای نوین تغذیه‌ای، مدیریتی، زیست‌فناورانه و مولکولی برای بهبود عملکرد تولیدی، سلامت و پایداری در سیستم‌های پرورش دام، طیور و زنبور عسل بوده همچنین بررسی چالش‌های مرتبط با علوم دامی معاصر که دیگر صرفاً به افزایش تولید محدود نکرده، بلکه همزمان باید کارایی مصرف خوراک، سلامت حیوان، کیفیت فرآورده، تاب‌آوری در برابر تنش، بهره‌برداری پایدار از منابع و پیش‌بینی پاسخ حیوان را بهبود دهد، بوده است.

روش پژوهش: در این مجموعه، شش مطالعه پژوهشی با بهره‌گیری از طرح‌های آزمایشی مناسب و استفاده از دام‌های مزرعه‌ای و آزمایشگاهی انجام شده‌اند. تیمارهای مورد بررسی عمدتاً شامل سطوح مختلف مواد خوراکی، منابع پروتئینی، ترکیبات زیست‌فعال و روش‌های نوین فرآوری خوراک بوده و اثر آن‌ها بر شاخص‌های تولیدی، خونی، گوارشی، لاشه و کیفیت محصولات دامی ارزیابی شد. در مطالعه زیست‌اطلاعاتی نیز شبکه تعامل پروتئین-پروتئین و ژن‌های مرتبط با پاسخ زنبور عسل به تنش با استفاده از پایگاه‌های اطلاعاتی و ابزارهای تحلیل شبکه بررسی شدند.

یافته‌ها: شش مقاله این مجموعه، اگرچه از نظر گونه، مقیاس زیستی و روش‌شناسی متفاوت‌اند، تصویری منسجم از همین گذار ارائه می‌کنند. مطالعه پودر ضایعات سیر در گوساله‌های شیرخوار، ظرفیت استفاده از منابع جانبی و افزودنی‌های طبیعی را برای پیوند دادن رشد با وضعیت متابولیکی و آنتی‌اکسیدانی نشان می‌دهد. پژوهش کنجاله کنجد، فرآوری زیستی و پروبیوتیک را به‌عنوان راهکاری برای افزایش ارزش منابع پروتئینی جایگزین و حفظ عملکرد و کیفیت محصول مطرح می‌کند. بررسی سیلاژ تفاله مالت، توجه را از «ماده خوراکی» به «فرآیند تخمیر و پویایی مواد مغذی» منتقل می‌کند. دو مطالعه ژنومی و شبکه‌ای نیز مرز پژوهش را به سمت پیش‌بینی، انتخاب ژنتیکی و کشف روابط مولکولی گسترش می‌دهند؛ به‌گونه‌ای که تراکم نشانگر و وراثت‌پذیری بر دقت پیش‌بینی ژنومی اثر می‌گذارند و تحلیل شبکه PPI، ویتلوژنین را به‌عنوان پیوندی بالقوه میان دفاع آنتی‌اکسیدانی، پاسخ به تنش، ایمنی و تنظیم متابولیک برجسته می‌کند.

نتیجه‌گیری: در مجموع، این مجموعه نشان می‌دهد که آینده علوم دام در ادغام تغذیه، تخمیر، میکروبیوم، ژنتیک، شبکه‌های مولکولی و تحلیل داده‌ها نهفته است. گذار از آزمایش‌های تک‌عاملی به طراحی‌های چندلایه و قابل ترجمه، می‌تواند زمینه را برای تغذیه دقیق، اصلاح نژاد دقیق و تولید دام و طیور تاب‌آور و پایدار فراهم سازد.

استناد: سیف دواتی، جمال (۱۴۰۵). از نوآوری‌های تغذیه‌ای تا زیست‌شناسی سامانه‌ای: نگاهی یک‌پارچه به مسیرهای نوین در علوم دام و طیور. *یافته‌های نوین*

<https://doi.org/10.22098/naas.2026.20963.1034> علوم دامی، ۱ (۳)، ۱-۱۲.



© نویسندگان.

ناشر: دانشگاه محقق اردبیلی.

۱. مقدمه

تولید دام و طیور، پژوهش‌های علوم دامی را بیش از گذشته به سمت یافتن راهکارهایی برای افزایش کارایی تولید، حفظ سلامت حیوان، کاهش هزینه‌های خوراک، مقابله با تنش‌های محیطی و کاهش وابستگی به نهاده‌ها و داروهای متعارف سوق داده است. افزایش تقاضا برای فرآورده‌های با منشأ دامی، محدودیت منابع خوراک، تغییرات اقلیمی، ظهور مقاومت ضد میکروبی و ضرورت تولید پایدار، از مهمترین چالش‌هایی هستند که آینده صنعت دامپروری را تحت تأثیر قرار می‌دهند. در چنین شرایطی، افزایش تولید به‌تنهایی کافی نیست؛ بلکه باید تولید با کارایی بیشتر، سلامت بهتر، مصرف بهینه منابع و کمترین پیامدهای زیست‌محیطی همراه باشد (Salem و همکاران، ۲۰۲۲). مجموعه مقالات حاضر، اگرچه از نظر گونه حیوانی، روش پژوهش و موضوع تخصصی با یکدیگر متفاوت‌اند، در یک مفهوم اساسی اشتراک دارند: تلاش برای ارتقای کارایی و سلامت حیوان از طریق شناخت بهتر تغذیه، میکروبیولوژی، فیزیولوژی، ژنتیک و زیست فناوری. این تنوع موضوعی، تصویری چندبعدی از مسیرهای نوین پژوهش در علوم دام و طیور ارائه می‌کند.

یکی از مقالات این مجموعه به استفاده از پودر ضایعات سیر در جیره آغازین گوساله‌های شیرخوار اختصاص دارد. استفاده از محصولات جانبی کشاورزی و صنایع غذایی می‌تواند ضمن کاهش هزینه‌های خوراک، زمینه بهره‌برداری بهتر از منابع موجود را فراهم کند. اهمیت چنین رویکردی زمانی بیشتر می‌شود که افزودنی‌های طبیعی علاوه بر اثر بر عملکرد رشد، بتوانند بر وضعیت آنتی‌اکسیدانی و شاخص‌های سلامت حیوان نیز تأثیرگذار باشند. این موضوع در راستای حرکت جهانی به سوی استفاده کارآمدتر از منابع و کاهش اتلاف در زنجیره تولید غذا قرار می‌گیرد (Ncho و همکاران، ۲۰۲۵).

مطالعه مربوط به محدودیت خوراک و استفاده از مونسنین در بره‌های کبده شیراز نیز بر اهمیت تعامل میان مدیریت تغذیه و افزودنی‌های خوراکی تأکید دارد. در نظام‌های دامپروری روستایی و عشایری، نوسان دسترسی به علوفه یکی از عوامل مهم محدودکننده عملکرد است. بنابراین، شناخت ظرفیت رشد جبرانی و تعیین شیوه مناسب استفاده از افزودنی‌های خوراکی می‌تواند در افزایش بهره‌وری سیستم‌های کم‌نهاده اهمیت ویژه‌ای داشته باشد. چنین مطالعاتی به‌ویژه از آن جهت ارزشمند هستند که راهکارهای مدیریتی را با شرایط واقعی تولید دام در محیط‌های متغیر پیوند می‌دهند (Salem و همکاران، ۲۰۲۲).

از سوی دیگر، مطالعه شبکه تعامل پروتئین-پروتئین در زنبور عسل، نشان می‌دهد که پژوهش‌های علوم دامی دیگر محدود به اندازه‌گیری صفات فنوتیپی نیستند و به سوی زیست‌شناسی سامانه‌ای، ژنومیک، شبکه‌های مولکولی و شناسایی نشانگرهای زیستی حرکت کرده‌اند. شناسایی ژن‌های هاب مرتبط با دفاع آنتی‌اکسیدانی و نقش احتمالی ویتلوژنین در ارتباط میان مسیرهای دفاعی، متابولیکی و ایمنی، نمونه‌ای از ظرفیت روش‌های محاسباتی برای کشف سازوکارهای پیچیده پاسخ حیوان به تنش است. این رویکرد می‌تواند در آینده با مطالعات بیان ژن، ژنومیک و داده‌های فنوتیپی تلفیق شود و به شناسایی دقیق‌تر نشانگرهای مورد استفاده در برنامه‌های اصلاحی کمک کند (Ncho و همکاران، ۲۰۲۵). در نهایت، پژوهش مربوط به استفاده از کنجاله کنجد تخمیری و پروبیوتیک در جوجه‌های گوشتی، نمونه دیگری از حرکت به سوی فرآوری زیستی نهاده‌های خوراکی و کاهش عوامل ضدتغذیه‌ای است. تخمیر می‌تواند برخی محدودیت‌های تغذیه‌ای مواد اولیه گیاهی را کاهش دهد و در صورت ترکیب مناسب با پروبیوتیک‌ها، بر جمعیت میکروبی دستگاه گوارش، عملکرد رشد و حتی پایداری اکسیداتیو گوشت اثرگذار باشد. این رویکرد با روند رو به رشد استفاده از فرآورده‌های زیستی و افزودنی‌های غیرآنتی‌بیوتیکی برای بهبود سلامت روده و عملکرد حیوان هماهنگ است (Hajimohammadi و همکاران، ۲۰۲۰).

۲. مواد و روش‌ها

مجموعه حاضر شامل مطالعات تجربی، مرور سیستماتیک و بیوانفورماتیکی است که به جنبه‌های مکمل علوم دام و طیور می‌پردازند. در مطالعات تجربی، اثرات افزودنی‌های خوراکی طبیعی، مواد خوراکی جایگزین و فرآوری شده بیولوژیکی، محدودیت غذایی و مکمل مونسنین در گوساله‌ها، بره‌ها و جوجه‌های گوشتی ارزیابی شد. عملکرد تولیدی، مصرف خوراک، ضریب تبدیل غذایی، ویژگی‌های لاشه، شاخص‌های بیوشیمیایی و آنتی‌اکسیدانی خون، جمعیت میکروبی دستگاه گوارش و کیفیت گوشت با استفاده از طرح‌های آزمایشی مناسب و روش‌های آماری ارزیابی شدند. علاوه بر این، یک تحلیل شبکه برهمکنش پروتئین-پروتئین در زنبورهای عسل با کمک پایگاه‌های داده عمومی و پلتفرم‌های تحلیل شبکه برای شناسایی ژن‌های مرکزی و ماژول‌های عملکردی مرتبط با دفاع آنتی‌اکسیدانی، پاسخ به شوک حرارتی، ایمنی ذاتی و تنظیم متابولیک انجام شد.

۳. نتایج و بحث

۳.۱. تغذیه عملکردی و ارزش آفرینی از منابع جانبی

مقاله نخست، اثر سطوح مختلف پودر ضایعات سیر را در گوساله‌های نر شیرخوار هلشتاین بررسی می‌کند. اهمیت این موضوع را باید در دو سطح تفسیر کرد. در سطح نخست، استفاده از ضایعات کشاورزی و صنایع غذایی می‌تواند به کاهش اتلاف زیست‌توده و هزینه خوراک کمک کند. در سطح دوم، سیر صرفاً یک ماده حجیم یا منبع مغذی نیست، بلکه حاوی ترکیبات زیست‌فعال است که می‌توانند بر وضعیت اکسیداتیو و متابولیسم اثر بگذارند. بنابراین، مطالعه هم‌زمان عملکرد رشد، متابولیسم‌های خون و فعالیت آنتی‌اکسیدانی، چارچوب مناسب‌تری نسبت به ارزیابی صرف افزایش وزن فراهم می‌کند.

در واقع، افزودنی طبیعی زمانی از نظر تغذیه‌ای ارزشمند است که اثر آن از مرز «افزایش مصرف خوراک» فراتر رود و بتواند کارایی استفاده از مواد مغذی، ظرفیت مقابله با تنش اکسیداتیو یا سلامت متابولیک را نیز بهبود دهد. این نگاه با روندهای جدید صنعت خوراک هم‌راستا است؛ روندهایی که بر افزودنی‌های زیست‌فعال، پیش‌بینی پاسخ و تغذیه دقیق تأکید دارند (Lourenço, 2026). از این منظر، مطالعه ضایعات سیر را می‌توان نمونه‌ای از حرکت به سمت خوراک‌های چندکارکردی دانست.

مقاله دوم همین مفهوم را در مقیاس متفاوتی دنبال می‌کند. جایگزینی یا استفاده از کنجاله کنجد خام و تخمیری، همراه با پروبیوتیک، نشان می‌دهد که ارزش یک ماده پروتئینی را نمی‌توان فقط بر اساس درصد پروتئین خام قضاوت کرد. مواد ضدتغذیه‌ای، قابلیت هضم، تعامل با میکروبیوتای روده و اثر نهایی بر کیفیت گوشت، همگی باید در ارزیابی یک منبع پروتئینی وارد شوند. تخمیر می‌تواند برخی محدودیت‌های تغذیه‌ای را تعدیل کند و در کنار پروبیوتیک، محیط روده را به سمت شرایط مطلوب‌تر هدایت نماید.

این دو مطالعه در کنار هم یک اصل مهم را روشن می‌کنند: آینده تغذیه دام و طیور احتمالاً کمتر بر «یک ماده غذایی ایده‌آل» و بیشتر بر «طراحی ترکیب‌های عملکردی» استوار خواهد بود. در این طراحی، منشأ ماده، روش فرآوری، دوز، وضعیت فیزیولوژیک حیوان و میکروبیوم باید هم‌زمان در نظر گرفته شوند. مرورهای جدید نیز بر نقش فناوری خوراک، افزودنی‌های میکروبی و

مدل‌های پیش‌بینی در توسعه نظام‌های تغذیه‌ای پایدار تأکید کرده‌اند (Lourenço, 2026).

۳.۲. تغذیه به‌عنوان ابزار سازگاری و تاب‌آوری

مقاله سوم، اثر مدت محدودیت کیفی خوراک و مونسنین بر رشد جبرانی و عملکرد پروار بره‌های نر کبوده شیراز را بررسی می‌کند. اهمیت این مطالعه در آن است که پاسخ حیوان را به صورت ایستا نمی‌بیند. یک دام ممکن است در یک دوره با محدودیت خوراک مواجه شود و سپس وارد دوره‌ای با دسترسی بهتر به مواد مغذی شود. پاسخ به این تغییر، تابعی از سن، ژنوتیپ، شدت محدودیت، طول دوره محدودیت و شرایط تغذیه‌ای دوره جبرانی است.

رشد جبرانی نمونه‌ای روشن از اهمیت تاریخچه تغذیه است. بنابراین، یک افزودنی مانند مونسنین ممکن است در شرایط تغذیه آزاد و در شرایط محدودیت خوراک، اثر یکسانی نداشته باشد. این موضوع برای سیستم‌های تولید کم نهاده اهمیت ویژه‌ای دارد؛ زیرا در بسیاری از نظام‌های دامپروری، دسترسی به خوراک در طول سال ثابت نیست. نتیجه مهم این دیدگاه آن است که ارزیابی افزودنی‌ها باید به سمت آزمایش‌های زمینه محور حرکت کند؛ یعنی افزودنی نه به‌عنوان یک عامل مستقل، بلکه به‌عنوان بخشی از یک برنامه مدیریتی ارزیابی شود.

در واقع، پایداری تولید تنها به کاهش مصرف منابع محدود نمی‌شود؛ بلکه به توانایی سیستم برای حفظ عملکرد در شرایط متغیر نیز مربوط است. ژنتیک، تغذیه و مدیریت باید به گونه‌ای ترکیب شوند که حیوان بتواند در برابر نوسانات محیطی و غذایی انعطاف‌پذیر باشد. این مفهوم با رویکردهای جدید تاب‌آوری در تولید نشخوارکنندگان هم‌راستا است که تغذیه دقیق، ژنتیک، میکروبیوم و مدیریت را اجزای یک سامانه واحد می‌دانند (Shang و همکاران، 2026).

۳.۳. تخمیر و اقتصاد چرخشی در تغذیه نشخوارکنندگان

مقاله چهارم، ترکیب مواد مغذی و پویایی تخمیر برون‌تنی سیلاژ تفال مالت دارای منابع کربوهیدراتی را بررسی می‌کند. این مطالعه نمایانگر تغییر نگاه از «خوراک به عنوان ماده» به «خوراک به عنوان یک سامانه زیستی پویا» است. تفال مالت محصول جانبی صنایع نوشیدنی و مالت‌سازی است و در صورت مدیریت مناسب می‌تواند به خوراک ارزشمند تبدیل شود. با این حال، ارزش تغذیه‌ای یک ماده جانبی تنها به ترکیب اولیه آن وابسته نیست؛

فرآیند سیلو کردن، نوع منبع کربوهیدرات، شرایط تخمیر و پایداری پس از تخمیر می‌تواند کیفیت نهایی را تغییر دهند.

تحلیل پویایی تخمیر به پژوهشگر اجازه می‌دهد تا فقط به یک عدد نهایی برای pH یا ترکیب شیمیایی اکتفا نکند و روند تغییرات را در طول زمان دنبال کند. چنین رویکردی برای پیش‌بینی قابلیت استفاده از ماده خوراکی در شکمبه اهمیت دارد، زیرا فرآیندهای تخمیر در شکمبه نیز پویا هستند. از این منظر، مطالعات برون‌تنی می‌توانند به‌عنوان ابزار غربالگری برای شناسایی ترکیب‌های مناسب مواد اولیه، کربوهیدرات‌ها و شرایط فرآوری مورد استفاده قرار گیرند.

این موضوع مستقیماً با مفهوم اقتصاد چرخشی ارتباط دارد. در اقتصاد چرخشی، هدف صرفاً مصرف یک محصول جانبی نیست؛ بلکه تبدیل یک جریان کم‌ارزش به نهادهای با ارزش افزوده، همراه با کاهش ضایعات و هزینه‌های زیست محیطی است. مرورهای اخیر نیز تأکید می‌کنند که استفاده از پسماندهای غذایی و خوراکی، همراه با تغذیه دقیق و ارزیابی چرخه عمر، می‌تواند به کاهش فشار زیست محیطی نظام‌های نشخوارکننده کمک کند (Kebreab و همکاران، ۲۰۲۶).

۴.۳. گذار از فنوتیپ به ژنوم

مقاله پنجم درباره ارزیابی تأثیر سناریوهای تعیین ژنوتیپ، وراثت‌پذیری و تراکم نشانگر بر دقت پیش‌بینی ژنومی و پاسخ به انتخاب در گوسفند، سطح دیگری از همان مسئله را مطرح می‌کند. اگر مطالعات تغذیه‌ای تلاش می‌کنند پاسخ حیوان را در طول عمر بهبود دهند، اصلاح نژاد ژنومی می‌کوشد ظرفیت ژنتیکی جمعیت را در نسل‌های متوالی ارتقا دهد.

دقت پیش‌بینی ژنومی به عوامل متعددی از جمله وراثت‌پذیری صفت، اندازه جمعیت مرجع، تراکم نشانگرها، معماری ژنتیکی صفت و مدل آماری وابسته است. شواهد تجربی در گوسفند نشان داده‌اند که افزایش تراکم نشانگر می‌تواند دقت پیش‌بینی را افزایش دهد، اما مقدار این افزایش به وراثت‌پذیری و روش پیش‌بینی وابسته است (Zhu و همکاران، ۲۰۲۱). همچنین، مطالعات شبیه‌سازی و نظری نشان داده‌اند که دقت پیش‌بینی ژنومی تحت تأثیر عواملی مانند وراثت‌پذیری صفت، اندازه جمعیت مرجع، تعداد و تراکم نشانگرها و ساختار پیوستگی ژنتیکی قرار دارد؛ با این حال، افزایش تعداد نشانگرها لزوماً به افزایش متناسب دقت منجر نمی‌شود و میزان سود حاصل از افزایش تراکم

نشانگرها به معماری ژنتیکی صفت و میزان عدم تعادل پیوستگی در جمعیت وابسته است (Daetwyler و همکاران، ۲۰۱۰). بنابراین، پیام کاربردی این مقاله آن است که «ژنوتیپ بیشتر» الزاماً به معنای «پیش‌بینی بهتر» نیست. انتخاب تراکم مناسب باید با هزینه ژنوتیپ‌گیری، اندازه جمعیت مرجع، هدف اصلاحی و ساختار ژنتیکی جمعیت هماهنگ باشد. چنین رویکردی به‌ویژه برای نژادهای بومی اهمیت دارد، زیرا منابع مالی و تعداد حیوانات ژنوتیپ شده معمولاً محدودتر از جمعیت‌های تجاری بزرگ است. اهمیت این بحث زمانی بیشتر می‌شود که پیش‌بینی ژنومی با اطلاعات محیطی و تغذیه‌ای ترکیب شود. در آینده می‌توان انتظار داشت که مدل‌های اصلاح نژاد نه فقط ارزش ژنتیکی، بلکه تعامل ژنوتیپ × محیط، ژنوتیپ × تغذیه و حتی اطلاعات میکروبیوم را نیز در نظر بگیرند. مطالعات جدید درباره معماری ژنتیکی تعامل میزبان و میکروبیوم نشان می‌دهند که اطلاعات میکروبی می‌تواند در برخی صفات پیچیده به بهبود پیش‌بینی کمک کند (Marie-Etancelin و همکاران، ۲۰۲۶).

۵.۳. از ژن‌ها به شبکه‌های زیستی

مقاله ششم درباره روابط پلیوتروپیک ویتلوژنین در شبکه پاسخ به تنش زنبور عسل با استفاده از تحلیل برهمکنش پروتئین-پروتئین، گامی فراتر از پیش‌بینی یک صفت منفرد است. در زیست‌شناسی سامانه‌ای، یک ژن یا پروتئین به‌عنوان جزئی منفرد دیده نمی‌شود؛ بلکه در شبکه‌ای از تعاملات قرار دارد. این رویکرد می‌تواند توضیح دهد که چگونه یک مولکول ممکن است همزمان با دفاع آنتی‌اکسیدانی، ایمنی، استرس و تنظیم متابولیک ارتباط داشته باشد.

یافته‌های موجود در مجموعه نیز ویتلوژنین را به‌عنوان یک رابط احتمالی میان چند ماژول زیستی برجسته کرده‌اند. چنین نتیجه‌ای الزاماً به معنای اثبات رابطه علی نیست، اما برای تولید فرضیه‌های قابل آزمون بسیار ارزشمند است. به بیان دیگر، تحلیل شبکه می‌تواند نشان دهد «کجا را باید بیشتر بررسی کرد»، در حالی که آزمایش‌های فیزیولوژیک و مولکولی باید در مراحل بعدی جهت و شدت رابطه را تعیین کنند.

اهمیت این رویکرد برای علوم دام و طیور در حال افزایش است. با رشد داده‌های ژنومی، ترانسکریپتومی، پروتئومی و متابولومی، حجم داده‌ها از ظرفیت تفسیر روش‌های تک‌متغیره فراتر رفته است. بنابراین، تحلیل شبکه و روش‌های یادگیری

ماشین می‌تواند نقش واسط میان داده‌های پرحجم و تفسیر زیستی را ایفا کنند. مرورهای جدید در حوزه ژنومیک تغذیه نیز بر ادغام چندلایه داده‌ها و حرکت از تک‌آمیک به سامانه‌های چندآمیک تأکید دارند (Ben Souf و همکاران، ۲۰۲۶).

۶.۳. نقطه اتصال شش مطالعه: از خوراک تا هولوژنوم

اگر شش مقاله حاضر را در یک چارچوب مفهومی قرار دهیم، چهار سطح اصلی قابل تشخیص است: خوراک، حیوان، جمعیت و شبکه مولکولی. مقاله سیر در سطح خوراک و حیوان قرار دارد؛ مقاله کنج‌اله کنجد، خوراک را با میکروبیوم و کیفیت محصول پیوند می‌دهد؛ مقاله محدودیت خوراک، تعامل تغذیه و مدیریت را برجسته می‌کند؛ مقاله سیلاژ تفاله مالت، فرآوری و تخمیر را وارد چارچوب می‌سازد؛ مقاله پیش‌بینی ژنومی، سطح جمعیت را پوشش می‌دهد؛ و مقاله ویتلوژنین، سطح شبکه مولکولی را هدف قرار می‌دهد.

این سطوح در واقع جدا از یکدیگر نیستند. ژنوتیپ می‌تواند بر پاسخ حیوان به خوراک اثر بگذارد؛ خوراک می‌تواند میکروبیوم را تغییر دهد؛ میکروبیوم می‌تواند متابولیسم میزبان را تحت تأثیر قرار دهد؛ و تنش محیطی می‌تواند هم‌زمان بیان ژن، وضعیت آنتی‌اکسیدانی و عملکرد را تغییر دهد. به همین دلیل، مفهوم هولوژنوم و ادغام داده‌های میزبان و میکروبیوم در اصلاح و مدیریت دام، در حال گسترش است (Venegas و همکاران، ۲۰۲۶).

از این منظر، آینده پژوهش در علوم دامی احتمالاً به سمت آزمایش‌هایی خواهد رفت که در آن‌ها چند لایه اطلاعات به صورت هم‌زمان جمع‌آوری می‌شود: ترکیب خوراک، مصرف ماده خشک، رشد، متابولیت‌های خون، میکروبیوم، ژنوتیپ و در مطالعات پیشرفته‌تر متابولوم یا پروتئوم. چنین طراحی‌هایی هزینه بیشتری دارند، اما در عوض می‌توانند از سطح «چه چیزی اثر کرد؟» به سطح «چرا اثر کرد و در چه شرایطی اثر خواهد کرد؟» حرکت کنند.

۷.۳. لزوم استانداردسازی و ترجمه نتایج به مزرعه

یکی از چالش‌های مشترک پژوهش‌های نوین، فاصله میان یافته آزمایشگاهی و کاربرد تجاری است. یک افزودنی ممکن است در شرایط کنترل‌شده مؤثر باشد، اما پاسخ آن در مزرعه به دلیل تفاوت جیره پایه، کیفیت خوراک، اقلیم، بیماری، ژنتیک و

مدیریت متفاوت باشد. همین مسئله در مطالعات تخمیر، پروبیوتیک، افزودنی‌های گیاهی و پیش‌بینی ژنومی نیز وجود دارد. بنابراین، پژوهش‌های آینده باید علاوه بر معنی‌داری آماری، اندازه اثر، تکرارپذیری، هزینه، ایمنی و قابلیت انتقال را نیز گزارش کنند. در مطالعات ژنومی، اعتبارسنجی مستقل و اندازه جمعیت مرجع اهمیت دارد. در مطالعات تغذیه‌ای، تعیین دوز بهینه و پاسخ طولانی‌مدت ضروری است. در مطالعات شبکه‌ای، اعتبارسنجی تجربی گره‌های مرکزی باید بخشی از مسیر تحقیق باشد.

همچنین، توسعه مدل‌های پیش‌بینی می‌تواند این مطالعات را از سطح توصیفی به سطح تصمیم‌یار ارتقا دهد. در تغذیه دقیق، مدل می‌تواند بر اساس ترکیب خوراک و ویژگی‌های حیوان، پاسخ احتمالی را پیش‌بینی کند. در اصلاح نژاد، مدل می‌تواند بر اساس ژنوتیپ و داده‌های فنوتیپی، ارزش اصلاحی را برآورد کند. در سلامت، داده‌های متابولیکی و شبکه‌ای می‌توانند به شناسایی حیوانات در معرض خطر کمک کنند. این همگرایی فناوری و زیست‌شناسی یکی از ویژگی‌های اصلی نسل جدید علوم دامی است.

۸.۳. افق آینده: علوم دامی یکپارچه، دقیق و پایدار

مجموعه حاضر نشان می‌دهد که علوم دامی در حال حرکت به سوی یک علم یک‌پارچه است. در این علم، تغذیه، ژنتیک، میکروبیوم، فیزیولوژی و زیست‌فناوری در مرزهای جداگانه باقی نمی‌مانند. هدف نهایی نیز صرفاً افزایش تولید نیست، بلکه ایجاد حیوان و سیستم تولیدی است که با مصرف کمتر منابع، سلامت بهتر و پایداری بیشتر، عملکرد قابل پیش‌بینی داشته باشد.

برای رسیدن به این هدف، چند اولویت پیشنهاد می‌شود. نخست، استفاده بیشتر از منابع جانبی و خوراک‌های فرآوری‌شده همراه با ارزیابی دقیق ارزش تغذیه‌ای و زیست‌محیطی آن‌ها. دوم، توسعه افزودنی‌های هدفمند که بر اساس سازوکار عمل و شرایط حیوان انتخاب شوند، نه صرفاً بر اساس اثر مشاهده شده در یک آزمایش. سوم، ادغام اطلاعات ژنومی با فنوتیپ‌های دقیق و داده‌های میکروبیوم. چهارم، توسعه مطالعات چندآمیک برای شناسایی مسیرهای مولکولی و نشانگرهای زیستی. پنجم، استفاده از مدل‌های آماری و هوش مصنوعی برای تبدیل داده‌های پیچیده به تصمیم‌های قابل استفاده در مزرعه.

در نهایت، ارزش این شش مقاله در آن است که هر یک بخشی از آینده را نشان می‌دهد. ضایعات سیر، کنج‌اله تخمیری،

- Journal of Animal Science*, 19(1), 457–467. <https://doi.org/10.1080/1828051X.2020.1755378>
- Kebreab, E., Pressman, E. M., Meo-Filho, P., & Lucas, K. R. G. (2026). Review: Sustainable ruminant production: circular systems, nutrition, and methane mitigation. *Animal: an international journal of animal bioscience*, 101772. Advance online publication. <https://doi.org/10.1016/j.animal.2026.101772>
- Lourenço M. (2026). Review: Trends in feed technology and feed additives for a sustainable and resilient livestock production. *Animal*, 101909. <https://doi.org/10.1016/j.animal.2026.101909>
- Marie-Etancelin, C., Déru, V., Carillier-Jacquin, C., Brulin, L., Estellé, J., Sanchez, M. P., Calenge, F., & Larzul, C. (2026). Review: The genetic architecture of host-microbiota interactions in livestock: A comprehensive review and critical appraisal. *Animal*, 20(5), 101816. <https://doi.org/10.1016/j.animal.2026.101816>
- Ncho, C. M. (2025). Heat stress and the chicken gastrointestinal microbiota: A systematic review. *Journal of Animal Science and Biotechnology*, 16, 85. <https://doi.org/10.1186/s40104-025-01225-6>
- Salem, H. M., Alqhtani, A. H., Swelum, A. A., Babalghith, A. O., Melebar, S. J., Soliman, S. M., Khafaga, A. F., Selim, S., El-Saadony, M. T., El-Tarabily, K. A., & Abd El-Hack, M. E. (2022). Heat stress in poultry with particular reference to the role of probiotics in its amelioration: An updated review. *Journal of Thermal Biology*, 108, 103302. <https://doi.org/10.1016/j.jtherbio.2022.103302>
- Shang, Y., Ju, T., Kaur, U., Mulim, H. A., Singh, S., Boerman, J., & Oliveira, H. R. d. (2026). Revisiting Environmental Sustainability in Ruminants: A Comprehensive Review. *Agriculture*, 16(2), 149. <https://doi.org/10.3390/agriculture16020149>
- Venegas, L., Ramayo-Caldas, Y., Bohannon, B. J. M., Derome, N., & Yáñez, J. M. (2026). From genomes to hologenomes: Integrating host and microbiome data for complex trait prediction in livestock and aquaculture. *Journal of Animal Science*, 19(1), 457–467. <https://doi.org/10.1080/1828051X.2020.1755378>
- محدودیت غذایی و سیلاژ تفال مالت، آینده استفاده هوشمندانه از منابع را نمایان می‌کنند؛ پیش‌بینی ژنومی، آینده اصلاح دقیق را نشان می‌دهد؛ و شبکه‌PPI، آینده زیست‌شناسی سامانه‌ای را ترسیم می‌کند. پیوند این مسیرها می‌تواند علوم دام و طیور را از مجموعه‌ای از مطالعات تخصصی به یک چارچوب تصمیم‌محور برای تولید پایدار، تاب‌آور و دقیق تبدیل کند.
- #### ۴. نتیجه‌گیری
- شش مقاله این مجموعه، علیرغم تفاوت آشکار در گونه حیوانی و روش پژوهش، یک پیام مشترک دارند: پاسخ حیوان حاصل تعامل پیچیده میان خوراک، محیط، ژنوم، میکروبیوم و شبکه‌های مولکولی است. بنابراین، نسل آینده پژوهش‌های علوم دامی باید از نگاه تک‌عاملی فاصله گرفته و به سوی طراحی‌های چندسطحی، داده‌محور و قابل ترجمه حرکت کند. موفقیت در این مسیر نه فقط به تولید داده بیشتر، بلکه به استانداردسازی، اعتبارسنجی مستقل، تفسیر مکانیسمی و توجه همزمان به اقتصاد و محیط زیست وابسته خواهد بود. از این منظر، مجموعه حاضر نمونه‌ای از گذار علوم دامی از «آزمون اثر» به «درک سازوکار و پیش‌بینی پاسخ» است؛ گذاری که می‌تواند پایه علمی لازم برای تغذیه دقیق، اصلاح نژاد دقیق، سلامت پیشگیرانه و تولید پایدار دام و طیور را فراهم سازد.
- #### References
- Ben Souf, I., Saidani, M., Mhamdi, L., Darej, C., Ben Larbi, M., & M'Hamdi, N. (2026). Nutrigenomics in precision livestock and poultry farming: Enhancing productivity, welfare, and sustainability through gene-tailored diets. *Veterinary and Animal Science*, 33, 100680. <https://doi.org/10.1016/j.vas.2026.100680>
- Daetwyler, H. D., Pong-Wong, R., Villanueva, B., & Woolliams, J. A. (2010). The impact of genetic architecture on genome-wide evaluation methods. *Genetics*, 185(3), 1021–1031. <https://doi.org/10.1534/genetics.110.116855>
- Hajimohammadi, A., Mottaghitalab, M., & Hashemi, M. (2020). Effects of microbial fermented sesame meal and enzyme supplementation on the intestinal morphology, microbiota, pH, tibia bone and blood parameters of broiler chicks. *Italian*

- Frontiers in Animal Science*, 6. <https://doi.org/10.3389/fanim.2025.1678538>
- Zhu, S., Guo, T., Yuan, C., Liu, J., Li, J., Han, M., Zhao, H., Wu, Y., Sun, W., Wang, X., Wang, T., Liu, J., Tiambo, C. K., Yue, Y., & Yang, B. (2021). Evaluation of Bayesian alphabet and GBLUP based on different marker density for genomic prediction in Alpine Merino sheep. *G3: Genes, Genomes, Genetics*, 11(11), jkab206. <https://doi.org/10.1093/g3journal/jkab206>