International Journal of Biotechnology and Advanced Research

Int. J. Biotech. Adv. Res., 1(1) (2025) 99-117

AI-Powered Plant Biotechnology: Revolutionizing Gene Editing, Stress Tolerance, and Predictive Breeding

Kordrostami M.[1] ;Ghasemi-Soloklui A. A[1], Moori S.[1] ; Rahimi M.[2*]

1- Nuclear Agriculture Research School, Nuclear Science and Technology Research Institute (NSTRI), Karaj, Iran.
2- Department of Biotechnology, Institute of Science and High Technology and Environmental Sciences, Graduate University of Advanced Technology, Kerman, Iran.

Abstract:

Artificial intelligence (AI) has rapidly emerged as a transformative force in plant biotechnology, reshaping a wide range of applications, from multi-omics data analysis to genome design, predictive breeding, and smart agriculture. The explosive growth of biological data has created an urgent need for models capable of uncovering hidden patterns, deciphering nonlinear relationships, and accurately predicting plant behavior under diverse environmental conditions. This review synthesizes recent advances in machine learning and deep learning for genomic, transcriptomic, proteomic, and metabolomic analysis. It highlights the expanding role of AI in enhancing the precision and efficiency of gene-editing systems, particularly CRISPR-based technologies. We further discuss breakthroughs in digital phenotyping, machine vision, and automated detection of biotic and abiotic stresses. Key developments in predictive breeding, multi-modal genotype–environment modeling, plant Digital Twins, and AI-driven systems biology including the modeling of gene regulatory and metabolic networks are examined in depth. Alongside these opportunities, challenges such as data quality issues, model interpretability, dataset bias, ethical considerations, and biosecurity concerns are critically evaluated. Finally, we outline future directions featuring computational genome design, robotic agriculture, autonomous breeding workflows, and fully integrated AI-powered plant management systems. Collectively, this review demonstrates how the convergence of AI and plant biotechnology is paving the way for the development of resilient, high-yielding, and climate-adaptive crops tailored to the demands of future agriculture.

Review History:
Received: 10/30/2025
Revised: 11/21/2025
Accepted: 11/24/ 2025
Available Online: 11/27/2025

Keywords:
Artificial Intelligence
Plant Biotechnology
CRISPR Gene Editing
Digital Phenotyping
Predictive Breeding.

How To Cite This Article:
Kordrostami, M., Ghasemi Soloklui, A.A., Moori, S., & Rahimi, M. (2025) AI-Powered Plant Biotechnology: Revolutionizing Gene Editing, Stress Tolerance, and Predictive Breeding. *Int. J. Biotech. Adv. Res.*, 1(1) 99-117

*Corresponding author's email: me.rahimi@kgut.ac.ir

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

[Downloaded from www.injbr.com on 2025-12-16]

نشریه بین‌المللی بیوتکنولوژی و پژوهش‌های پیشرفته

نشریه بین‌المللی بیوتکنولوژی و پژوهش‌های پیشرفته، دوره ۱، شماره ۱، سال ۱۴۰۴، صفحات ۹۹-۱۱۷

INJBR
INTERNATIONAL JOURNAL OF BIOTECHNOLOGY AND ADVANCED RESEARCH

کاربردهای پیشرفته‌ی هوش مصنوعی در زیست‌فناوری گیاهی: بازآفرینی ویرایش ژن، ارتقای تاب‌آوری تنش و توسعه‌ی سامانه‌های به‌نژادی پیش‌بینانه

مجتبی کردرستمی[1]، علی اکبر قاسمی سلوکلوئی[1]، سعید موری[1] و مهدی رحیمی[2]*

۱- پژوهشکده کشاورزی هسته‌ای، پژوهشگاه علوم و فنون هسته‌ای، کرج، ایران

۲- گروه بیوتکنولوژی، پژوهشگاه علوم و تکنولوژی پیشرفته و علوم محیطی، دانشگاه تحصیلات تکمیلی صنعتی و فناوری پیشرفته، کرمان، ایران

تاریخچه داوری:

دریافت: ۸ آبان ۱۴۰۴

بازنگری: ۳۰ آبان ۱۴۰۴

پذیرش:۳ آذر ۱۴۰۴

ارائه آنلاین: ۶ آذر ۱۴۰۴

کلمات کلیدی:

هوش مصنوعی

زیست‌فناوری گیاهی

ویرایش ژن کریسپر

تعیین فنوتیپ دیجیتال

به‌نژادی پیش‌بینانه.

چکیده:

هوش مصنوعی طی سال‌های اخیر به یکی از نیروهای تحول‌آفرین در زیست‌فناوری گیاهی تبدیل شده و دامنه‌ای گسترده از تحلیل داده‌های اُمیکس تا طراحی ژنوم، به‌نژادی پیش‌بینانه و کشاورزی هوشمند را در بر می‌گیرد. افزایش حجم و تنوع داده‌های زیستی، نیاز به مدل‌هایی را ایجاد کرده که قادر به شناسایی الگوهای پیچیده، تحلیل روابط غیرخطی و پیش‌بینی دقیق رفتار گیاه در شرایط مختلف باشند. در این مقاله‌ی مروری، نقش مدل‌های یادگیری ماشین و یادگیری عمیق در تحلیل ژنوم، ترنسکریپتوم، پروتئوم و متابولوم بررسی شده و کاربرد هوش مصنوعی در افزایش دقت و کارایی سیستم‌های ویرایش ژن، به‌ویژه کریسپر، تشریح می‌شود. همچنین پیشرفت‌های اخیر در تعیین فنوتیپ دیجیتال، بینایی ماشین و سامانه‌های خودکار تشخیص تنش‌های زیستی و غیرزیستی مرور شده است. به‌نژادی پیش‌بینانه و استفاده از مدل‌های چندحالته برای پیش‌بینی پاسخ ژنوتیپ×محیط، همتای دیجیتال گیاهی، مدل‌سازی شبکه‌های ژنی و متابولیکی، و ادغام هوش مصنوعی با زیست‌مهندسی از دیگر محورهای کلیدی این مقاله هستند. در کنار این فرصت‌ها، چالش‌هایی همچون کیفیت داده، تفسیرپذیری مدل‌ها، سوگیری داده‌ای، ملاحظات اخلاقی و مسائل امنیت زیستی نیز مورد بحث قرار گرفته است. در نهایت، نوآوری‌ها و مسیرهای آینده شامل طراحی ژنوم‌های جدید، کشاورزی رباتیک، هوشمندسازی فرآیندهای اصلاح نباتات و توسعه‌ی سامانه‌های یکپارچه‌ی پیش‌بینی و مدیریت گیاه مطرح می‌شود. این مروری جامع نشان می‌دهد که ادغام هوش مصنوعی با زیست‌فناوری گیاهی، مسیر تحول در طراحی گیاهان تاب‌آور، پرعملکرد و سازگار با شرایط اقلیمی آینده را هموار کرده است.

برای ارجاع به این مقاله از عبارت زیر استفاده کنید:

Kordrostami, M., Ghasemi Soloklui, A.A., Moori, S. & Rahimi, M. (2025) AI-Powered Plant Biotechnology: Revolutionizing Gene Editing, Stress Tolerance, and Predictive Breeding. *Int. J. Biotech. Adv. Res.*, 1(1) 99-117 (In Persian)

چشم انداز نوین هوش مصنوعی در زیست‌فناوری گیاهی

هوش مصنوعی[1] طی یک دهه‌ی اخیر به یکی از بنیادی‌ترین نیروهای محرک پیشرفت در علوم زیستی تبدیل شده است، به‌ویژه در حوزه زیست‌فناوری گیاهی که نیازمند سرعت، دقت و مدیریت داده‌های عظیم است (Bhardwaj et al. 2022). رشد نمایی حجم داده‌های اُمیکس، توسعه‌ی سریع ابزارهای ویرایش ژن، و پیچیدگی فزاینده‌ی تنش‌های زیستی و غیرزیستی در شرایط تغییر اقلیم، دانشمندان را به سمت ابزارهایی هدایت کرده است که قادرند الگوهای پنهان، روابط چندوجهی و پیش‌بینی‌های دقیق را فراهم کنند (Varadharajan et al. 2025). در این میان، هوش مصنوعی به‌عنوان یک جعبه‌ابزار قدرتمند از یادگیری ماشین تا یادگیری عمیق توانسته شکاف میان

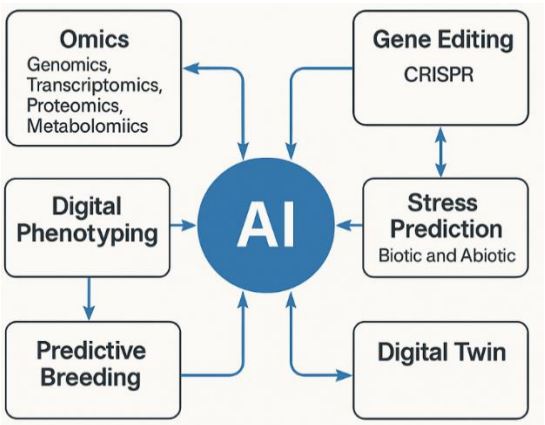
[1] Artificial Intelligence; AI

* نویسنده عهدار مکاتبات: me.rahimi@kgut.ac.ir

حقوق مولفین به نویسندگان و حقوق ناشر به انتشارات موج سبز داده شده است. این مقاله تحت لیسانس آفرینندگی مردمی(Dreative Commons License)در دسترس شما قرار گرفته است. برای جزئیات این لیسانس، از آدرس https://creativecommons.org/licenses/by/4.0/ دیدن فرمائید.

[Downloaded from www.injbr.com on 2025-12-16]

داده‌های انبوه و دانش کاربردی را پر کند و مسیر تازه‌ای را در درک و مهندسی عملکرد گیاهان بگشاید (Rane et al. 2024) (شکل ۱).



شکل ۱- نقشه‌ی مفهومی نقش هوش مصنوعی در زیست‌فناوری گیاهی که ارتباط میان اُمیکس، ویرایش ژن، تعیین فنوتیپ دیجیتال، پیش‌بینی تنش، به‌نژادی پیش‌بینانه و سامانه‌ی همتای دیجیتال[2] را نشان می‌دهد.

در گذشته، بسیاری از فرآیندهای زیست‌فناوری گیاهی از جمله انتخاب ژنتیکی، شناسایی ژن‌های مؤثر در تحمل تنش، تحلیل فنوتیپ‌ها، و طراحی مسیرهای متابولیک عمدتاً به‌صورت دستی، تجربی و مبتنی بر آزمون و خطا انجام می‌شد (Stewart Jr 2025). اما امروز، ظهور مدل‌های پیشرفته‌ی تحلیل داده و شبکه‌های عصبی عمیق سبب شده است که الگوهای بسیار پیچیده در سیستم‌های زیستی در مقیاسی شناسایی شوند که پیش‌تر ممکن نبود (Peng et al. 2018). این تغییر تنها به ارتقای سرعت تحلیل محدود نمی‌شود، بلکه موجب دگرگونی ماهیت پژوهش شده است: از تحلیل‌های پس‌نگر[3] به تحلیل‌های پیش‌بینانه[4] (Zaorsky et al. 2022). در حقیقت، هوش مصنوعی اکنون می‌تواند رفتار ژن‌ها، شبکه‌های مولکولی، مسیرهای متابولیکی، و واکنش گیاه به تنش‌ها را قبل از وقوع پیش‌بینی کند، و این همان نقطه‌ای است که علم به سطح «هوش زیستی» ارتقا می‌یابد (Murmu et al. 2024).

یکی از مهم‌ترین دلایل تسلط هوش مصنوعی در زیست‌فناوری گیاهی، سازگاری آن با ماهیت چندبُعدی داده‌های زیستی است (Niazian and Niedbała 2020). داده‌های ژنومی، رونویسی، متابولیتی، تصاویر فنوتیپی، طیف‌سنجی، سنجش‌ازدور و داده‌های اقلیمی، ساختارهایی چندلایه و غیرخطی دارند (Liang et al. 2025). مدل‌های سنتی آماری توانایی محدودی در تحلیل چنین داده‌هایی دارند، اما شبکه‌های عصبی کانولوشنی (CNN)، مدل‌های ترنسفورمر، الگوریتم‌های XGBoost، Random Forest و مدل‌های مولد[5] قادرند روابط پنهان و غیربدیهی را آشکار کنند (Abdulkareem et al. 2024). این توانایی، افق‌های جدیدی برای شناسایی ژن‌های هدف، ویرایش دقیق ژنوم، کشف نشانگرهای تحمل تنش، و طراحی مسیرهای مهندسی متابولیک گشوده است (Mipeshwaree Devi et al. 2023).

همزمان، هوش مصنوعی نقش مهمی در تحول روش‌های اندازه‌گیری و مشاهده‌ی گیاه ایفا کرده است (Tripodi et al. 2022). ظهور فنومیکس[6] دیجیتال—که شامل تصویربرداری هیپراسپکترال، حرارتی، سه‌بعدی، و LiDARاست—موجب شده حجم بی‌سابقه‌ای از اطلاعات فنوتیپی تولید شود (Mansoor et al. 2024). تحلیل این داده‌ها تنها از عهده‌ی الگوریتم‌های هوشمند برمی‌آید که قادرند شکل، رشد، سلامت، محتوای کلروفیل، وضعیت آبی و پاسخ‌های گیاه به تنش را با دقت فوق‌العاده تعیین کنند (Islam et al. 2024). در نتیجه، هوش مصنوعی نه‌تنها فرآیند پایش گیاه را اتوماتیک کرده، بلکه امکان ایجاد سامانه‌های تصمیم‌یار[7] برای مدیریت هوشمند مزرعه و پروژه‌های به‌نژادی را فراهم کرده است (Su 2020).

در عرصه‌ی ویرایش ژن، هوش مصنوعی اکنون یکی از اجزای حیاتی طراحی RNA راهنما[8] در فناوری کریسپر محسوب می‌شود (Abbaszadeh and Shahlai 2025). پیش‌بینی برون‌هدف‌ها[9]، طراحی RNA راهنمای تک‌تکه[10]

[2] Digital twin
[3] Retrospective
[4] Predictive
[5] Generative AI
[6] Phenomics
[7] Decision Support Systems
[8] gRNA
[9] Off-targets
[10] sgRNA

[Downloaded from www.injbr.com on 2025-12-16]

با بالاترین کارایی، شبیه‌سازی جهش‌های احتمالی، و حتی پیشنهاد مسیرهای اصلاح ژنوم— این‌ها اکنون توسط مدل‌های یادگیری ماشین انجام می‌شود (Chuai et al. 2018). این یک تحول بنیادی است، زیرا ویرایش ژن از یک فرآیند مبتنی بر آزمون و خطا به فرآیندی هوشمند، پیش‌بینی‌پذیر و دقیق ارتقا یافته است (Dixit et al. 2024a). علاوه بر این، ترکیب هوش مصنوعی با مدل‌سازی شبکه‌های ژنی موجب شده پژوهشگران بتوانند اثر هر ویرایش را روی مسیرهای مولکولی، فنوتیپ نهایی و سازگاری محیطی بررسی کنند، بدون اینکه در یک محیط آزمایشگاهی[11] انجام دهند (Xu et al. 2022).

یکی از هیجان‌انگیزترین رویکردهای نوین، توسعه‌ی همتای دیجیتال[12] گیاهی است—یک مدل مجازی که قادر است رشد، متابولیسم، عملکرد و پاسخ به تنش‌ها را در شرایط مختلف شبیه‌سازی کند (Chen et al. 2023). چنین رویکردی، که اکنون با کمک هوش مصنوعی در حال گسترش است، به پژوهشگران امکان می‌دهد سناریوهای متعدد اقلیمی، مدیریتی و ژنتیکی را شبیه‌سازی کنند و بهترین مسیر اصلاحی یا مدیریتی را انتخاب نمایند. همتای دیجیتال گیاهی حتی می‌تواند عملکرد آینده‌ی یک ژنوتیپ را تحت تغییر اقلیم پیش‌بینی کند، موضوعی که در آینده‌ی کشاورزی هوشمند نقش کلیدی خواهد داشت (Peladarinos et al. 2023).

با وجود تمام این پیشرفت‌ها، چالش‌هایی نیز وجود دارد. کمبود داده‌های باکیفیت، ناهمگونی منابع داده، خطر بیاس[13] در مدل‌ها، پیچیدگی شبکه‌های زیستی و محدودیت در تفسیر مدل‌های عمیق از جمله موانعی هستند که باید به آنها توجه کرد (Ching et al. 2018). همچنین مسائل اخلاقی مرتبط با فرآیند تصمیم‌گیری خودکار، حفاظت داده‌ها و امنیت زیستی[14] اهمیت ویژه‌ای دارند (De Haro 2024). با این حال، روندهای جهانی نشان می‌دهد که نقش هوش مصنوعی در زیست‌فناوری گیاهی نه‌تنها رو به گسترش است، بلکه در سال‌های آینده به هسته‌ی اصلی طراحی گیاهان هوشمند، ژنوم‌های بهینه‌سازی‌شده و سامانه‌های کشاورزی نسل آینده تبدیل خواهد شد.

مدل‌های یادگیری ماشین و یادگیری عمیق در تحلیل داده‌های اُمیکس

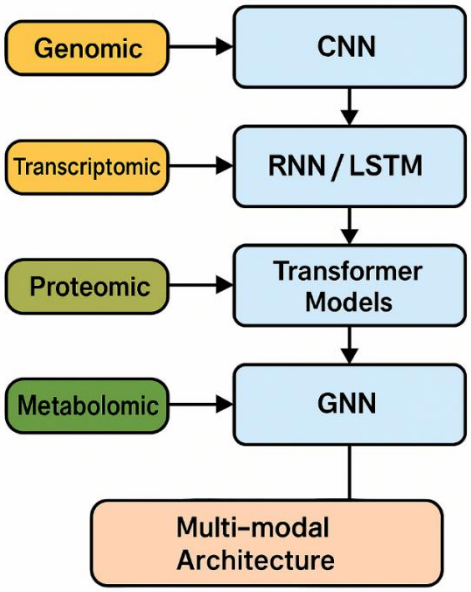
رشد شتابان فناوری‌های توالی‌یابی و ابزارهای سنجش مولکولی باعث شده است که علوم زیستی در دهه‌ی اخیر با انفجاری از داده‌های اُمیکس روبه‌رو شود (Dai and Shen 2022). داده‌های ژنومی، ترنسکریپتومی، پروتئومی، متابولومی و اپی‌ژنتیکی، اکنون به‌صورت مجموعه‌هایی عظیم، چندبُعدی و پیچیده ذخیره می‌شوند؛ مجموعه‌هایی که تحلیل آنها با روش‌های سنتی آماری تقریباً ناممکن شده است (Srivastava et al. 2024). در چنین شرایطی، هوش مصنوعی—به‌ویژه یادگیری ماشین[15] و یادگیری عمیق[16]— به ابزارهایی کلیدی برای استخراج معنا، کشف الگوهای پنهان و تولید مدل‌های پیش‌بینانه در علوم گیاهی تبدیل شده‌اند. این فناوری‌ها نه‌تنها توانایی تحلیل حجم عظیمی از داده‌های اُمیکس را دارند، بلکه قادرند تعاملات پیچیده‌ی مولکولی و مسیرهای موجود در سیستم‌های زیستی را با دقتی بی‌سابقه بازسازی کنند (Kalita et al. 2025).

در تحلیل ژنوم، یادگیری ماشین نقش مهمی در شناسایی ژن‌های کلیدی، پیش‌بینی عملکرد آنها و یافتن نشانگرهای ژنتیکی مرتبط با صفات هدف ایفا می‌کند (شکل ۲) (Mahood et al. 2020). الگوریتم‌هایی مانند Random Forest، Support Vector Machines (SVM)، XGBoost و مدل‌های ترنسفورمر به‌طور گسترده برای طبقه‌بندی ژن‌ها، شناسایی نواحی عملکردی ژنوم و پیش‌بینی اثر جهش‌ها استفاده شده‌اند (Shea et al. 2023). یکی از تحولات عمده، توانایی یادگیری ماشین در مدل‌سازی روابط غیرخطی و تعاملات اپیستاتیک است—روابطی که اغلب از دید روش‌های سنتی پنهان می‌مانند (Tang et al. 2020). این توانایی، شناسایی

[11] Wet lab
[12] Digital Twin
[13] Bias
[14] Biosecurity
[15] Machine Learning; ML
[16] Deep Learning; DL

[Downloaded from www.injbr.com on 2025-12-16]

ژن‌هایی را که به‌صورت تعاملی در تحمل تنش، رشد، یا تولید متابولیت‌های خاص عمل می‌کنند، امکان‌پذیر کرده است (Shaik and Ramakrishna 2014).



شکل ۲- معماری مدل‌های یادگیری ماشین و یادگیری عمیق مورد استفاده در تحلیل داده‌های اُمیکس، شامل شبکه‌های عصبی کانولوشنی (CNN)، شبکه‌های بازگشتی و LSTM، مدل‌های ترنسفورمر، شبکه‌های عصبی گراف (GNN)، و معماری‌های چند حالته برای پردازش داده‌های ژنومی، ترنسکریپتومی، پروتئومی و متابولومی.

در حوزه‌ی ترنسکریپتومیکس، تحلیل الگوهای بیان ژن به کمک هوش مصنوعی دگرگون شده است. پیش‌تر، تحلیل داده‌های RNA-seq عمدتاً بر آزمون‌های آماری تکیه داشت، اما امروز شبکه‌های عصبی عمیق قادرند الگوهای هم‌بیانی ژن‌ها، مسیرهای فعال در تنش، و شبکه‌های تنظیمی پیچیده را با دقت بالاتری تشخیص دهند (Yuan and Bar-Joseph 2019). مدل‌هایی مانند Autoencoderها، Long Short-Term Memory networks (LSTM) و Graph Neural Networks (GNN)امکان تحلیل ساختارهای زمان‌بندی‌شده، مسیرهای دینامیک و شبکه‌های ژنی پیچیده را فراهم می‌کنند (Otal et al. 2025). GNNها، به‌ویژه، در درک ساختارهای شبکه‌ای مانند هم‌بیانی ژن‌ها[17] بسیار مؤثر ظاهر شده‌اند، زیرا قادرند تعاملات ژنی را مانند گره‌ها و یال‌ها در یک گراف تحلیل کنند و در نتیجه تصویر دقیق‌تری از رفتار سیستم‌های زیستی ارائه دهند (Lazaros et al. 2024).

در پروتئومیکس و متابولومیکس، چالش‌ها پیچیده‌تر است، زیرا اندازه‌گیری‌های این حوزه از نظر دقت، نویز، و حجم داده بسیار متغیرند (Smith et al. 2014). با این وجود، مدل‌های یادگیری عمیق توانسته‌اند الگوهای پنهان در داده‌های طیف‌سنجی جرمی، کروماتوگرافی، و تصاویر متابولیت‌ها را آشکار کنند (Liebal et al. 2020). CNNها در تشخیص پیک‌های طیف‌سنجی، جداسازی نویز و شناسایی پروتئین‌ها بسیار موفق بوده‌اند (Lin et al. 2019). علاوه بر این، مدل‌های مولد مانند: Variational Autoencoders (VAEs) و Generative Adversarial Networks (GANs) می‌توانند داده‌های ناقص را تکمیل کنند، الگوهای ناشناخته‌ی متابولیکی را بازسازی نمایند و حتی مسیرهای جدیدی برای مهندسی متابولیسم پیشنهاد دهند (Alwani 2024).

یکی از کاربردهای کلیدی هوش مصنوعی در داده‌های اُمیکس، ادغام چند اُمیکی[18] است—فرآیندی که در آن داده‌های ژنومی، ترنسکریپتومی، پروتئومی، متابولومی و اپی‌ژنتیکی به‌صورت همزمان تحلیل می‌شوند تا نمایی یکپارچه از عملکرد گیاه به‌دست آید (Cembrowska-Lech et al. 2023). این ادغام معمولاً با روش‌های سنتی بسیار دشوار است، زیرا هر لایه از داده ساختار، مقیاس و نویز متفاوتی دارد (Dong and Rekatsinas 2018). اما الگوریتم‌های هوش مصنوعی—به‌ویژه مدل‌های چندحالته[19] و شبکه‌های عصبی عمیق—امکان ترکیب این لایه‌ها را فراهم کرده‌اند (Ahmed et al. 2023). به‌عنوان مثال، مدل‌های ترنسفورمر چندورودی می‌توانند به‌طور همزمان توالی DNA، الگوهای بیان ژن، و پروفایل متابولیتی را تحلیل کنند و روابط میان آنها را کشف نمایند. این رویکرد در شناسایی مسیرهای سلولی فعال در تنش، کشف نشانگرهای پیچیده‌ی صفات کمی (QTLها) و

[17] Co-expression networks
[18] Multi-Omics Integration
[19] Multi-modal models

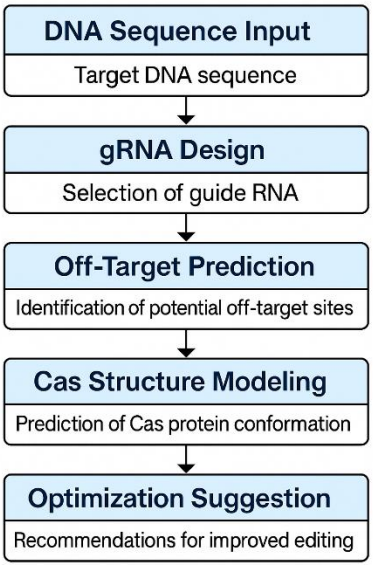
[Downloaded from www.injbr.com on 2025-12-16]

طراحی راهبردهای اصلاح نباتات بسیار کارآمد است (Choi and Lee 2023). از سوی دیگر، هوش مصنوعی نقش اساسی در تسریع کشف ژن‌های مرتبط با تنش‌های زیستی و غیرزیستی ایفا می‌کند. الگوهای پیچیده‌ای که نشان‌دهنده‌ی تحمل خشکی، شوری، گرما یا بیماری هستند، اغلب در تعاملات چند ژن و مسیرهای تنظیمی چندلایه نهفته‌اند (Zhang et al. 2024). مدل‌های DL قادرند این الگوها را استخراج کنند و ژن‌هایی را که بیشترین سهم را در پایداری گیاه دارند شناسایی نمایند (Wang et al. 2025b). از سوی دیگر،یادگیری ماشین در رتبه‌بندی اهمیت ژن‌ها[20] بسیار مؤثر است و به پژوهشگران نشان می‌دهد کدام ژن‌ها باید هدف ویرایش یا انتخاب قرار گیرند.

تحلیل‌های مبتنی بر هوش مصنوعی همچنین باعث تحول درمطالعات ارتباطی سراسر ژنوم[21] (GWAS) شده‌اند (Xie and Wang 2025). در GWAS سنتی، رابطه‌ی SNPها با صفات معمولاً به‌صورت خطی بررسی می‌شد، در حالی که هوش مصنوعی قادر است روابط غیرخطی و تعاملات چندگانه‌ی ژنتیکی را نیز در نظر بگیرد (Alamin et al. 2022). شبکه‌های عصبی عمیق در GWAS اکنون قادرند SNPهای تأثیرگذار را با دقت بیشتری شناسایی کنند، به‌ویژه برای صفات پیچیده و چندژنی (Bellot et al. 2018). یکی از نقاط قوت دیگر هوش مصنوعی در اُمیکس، توانایی پیش‌بینی عملکرد ژنوم و فنوتیپ بر اساس داده‌های مولکولی است. مدل‌های هوش مصنوعی می‌توانند پیش‌بینی کنند که کدام تغییرات ژنومی به بهبود رشد، عملکرد یا مقاومت منجر می‌شود. این ظرفیت برای زمینه‌هایی مانند طراحی ژنوتیپ‌های جدید، برنامه‌ریزی تجربیات، و حتی هدایت فناوری کریسپر حیاتی است (Yetgin 2025).

هوش مصنوعی در ویرایش ژن: افزایش دقت CRISPR و طراحی هدفمند ژن‌ها

فناوری CRISPR-Cas در یک دهه‌ی اخیر انقلابی بی‌سابقه در ویرایش ژنوم گیاهی ایجاد کرده است، اما با وجود توانایی بالای آن در ایجاد جهش‌های هدفمند، دو چالش اساسی همچنان پابرجاست: پیش‌بینی نواحی برون‌هدف و طراحی دقیق RNA راهنما برای دستیابی به کارایی ویرایش بالا (Vats et al. 2019). ظهور هوش مصنوعی—به ویژه الگوریتم‌های یادگیری ماشین و یادگیری عمیق—این چالش‌های بنیادی را دگرگون کرده و موجب ایجاد موج جدیدی از «ویرایش ژن هوشمند» شده است. امروزه، مدل‌های هوش مصنوعی نه‌تنها قادر به پیش‌بینی رفتار مولکولی سیستم کریسپر هستند، بلکه مسیرهای اصلاحی جدیدی را نیز پیشنهاد می‌کنند و طراحی RNA راهنما را به سطحی از دقت رسانده‌اند که پیشتر غیرممکن به‌نظر می‌رسید (Balajishanmugam 2025).



شکل ۳- فلوچارت هو شمند سامانه‌ی ویرایش ژن مبتنی بر هوش مصنوعی، شامل ورودی توالی DNA، طراحی RNA راهنما، پیش‌بینی جایگاه‌های برون‌هدف، مدل سازی ساختار پروتئین Cas و ارائه‌ی پیشنهادهای بهینه‌سازی برای افزایش دقت و کارایی ویرایش ژن.

یکی از نقاط قوت اصلی هوش مصنوعی در حوزه‌ی کریسپر، توانایی تحلیل توالی‌های DNA در مقیاس ژنوم کامل است (شکل ۳) (Kim et al. 2025). مدل‌هایی مانند CNN و شبکه‌های ترنسفورمر می‌توانند الگوهای توالی مرتبط با موفقیت برش Cas9 یا Cas12، نرخ جهش، و احتمال بروز برش‌های ناخواسته را یاد بگیرند. این مدل‌ها

[20] Feature importance

[21] Genome-Wide Association Studies (GWAS)

[Downloaded from www.injbr.com on 2025-12-16]

با استفاده از میلیون‌ها نمونه‌ی تجربی آموزش می‌بینند و قادرند با دقتی بسیار بالاتر از روش‌های مبتنی بر قوانین[22]، کارایی RNA راهنما را پیش‌بینی کنند (Fong and Wong 2023). ابزارهایی مانند DeepCRISPR، Elevation، CRISPR-Net و CRISPRon نمونه‌هایی از سیستم‌های مبتنی بر هوش مصنوعی هستند که توانسته‌اند دقت حذف یا درج ژن را به‌طور چشمگیری افزایش دهند (Dixit et al. 2024a).

در زمینه‌ی طراحی RNA راهنما، مدل‌های یادگیری ماشین با رتبه‌بندی ویژگی‌های مؤثر—مانند ساختار ثانویه‌ی RNA، محتوی GC، موقعیت PAM، و توالی‌های اطراف هدف—بسیار مؤثر عمل کرده‌اند. این مدل‌ها به پژوهشگران امکان می‌دهند تا از میان هزاران توالی بالقوه، مناسب‌ترین گزینه را با بیشترین احتمال موفقیت انتخاب کنند (Abbaszadeh and Shahlai 2025). این امر در سیستم‌های گیاهی که ساختار ژنومی پیچیده‌ای دارند—مانند گندم هگزاپلوئید یا گونه‌های پلی‌پلوئید دیگر—اهمیت دوچندان دارد. هوش مصنوعی همچنین می‌تواند اثرات احتمالی هر ویرایش را بر سطح مولکولی و فنوتیپی پیش‌بینی کند. مدل‌های یادگیری عمیق قادرند شبکه‌های ژنی و مسیرهای متابولیکی مرتبط با ژن هدف را تحلیل کنند و نشان دهند که حذف، اضافه یا تغییر یک توالی چه پیامدهایی برای سلول، بافت یا کل گیاه خواهد داشت. این قابلیت ارزشمند است، زیرا بسیاری از صفات پیچیده (مانند تحمل خشکی، مقاومت به حرارت یا تولید متابولیت‌های ثانویه) به شبکه‌ای از ژن‌ها وابسته‌اند و ویرایش یک ژن تنها زمانی موفق خواهد بود که اثر آن بر کل سیستم درک شود (Farooq et al. 2024). کاربرد دیگر هوش مصنوعی در ویرایش ژن، پیش‌بینی ساختار و رفتار مولکولی پروتئین Casاست. مدل‌هایی مانند AlphaFold و RoseTTAFold اکنون قادرند ساختارهای سه‌بعدی Cas9 یا Cas12 را با دقت بالا شبیه‌سازی کنند. این شبیه‌سازی‌ها به پژوهشگران اجازه می‌دهد موتیف‌هایی را که مسئول ویژگی‌مندی[23] یا کارایی آنزیم هستند شناسایی کنند و حتی نسخه‌های مهندسی‌شده‌ی Cas با دقت بیشتر یا سازگاری بهتر با گیاهان طراحی نمایند. این موضوع به‌ویژه برای بهبود عملکرد کریسپر در گونه‌هایی با ژنوم پیچیده یا مقاوم اهمیت دارد (Pan et al. 2025).

در سال‌های اخیر، نسل جدیدی از الگوریتم‌ها موسوم به مهندسی ژنوم هدایت‌شده با هوش مصنوعی[24] توسعه یافته‌اند که قابلیت طراحی کامل مسیرهای اصلاح ژنوم را دارند (Li et al. 2025). این مدل‌ها می‌توانند پیشنهاد دهند که کدام ژن‌ها باید ویرایش شوند، چه نوع تغییراتی مطلوب است، و حتی چه ترکیب‌هایی از ویرایش‌ها می‌تواند بهترین فنوتیپ را ایجاد کند. این رویکرد، که آینده‌ی اصلاح نباتات را متحول خواهد کرد، در واقع نقش «طراح ژنوم» را برای هوش مصنوعی قائل است—یعنی سیستم هوشمند می‌تواند نسخه‌ی بهینه‌ی ژنوم را برای یک هدف معین (مثلاً مقاومت به شوری یا افزایش زیست‌توده) پیشنهاد دهد (Malone et al. 2010). یکی از مهم‌ترین کاربردهای هوش مصنوعی در ویرایش ژن مربوط به شناسایی برون‌هدف‌ها است—یکی از چالش‌های جدی فناوری کریسپر. مدل‌های هوش مصنوعی می‌توانند با تحلیل ویژگی‌های توالی، ساختار کروماتین، دسترسی‌پذیری DNAو الگوهای اتصال Cas، نواحی مستعد برش‌های ناخواسته را با دقت بالا پیش‌بینی کنند. شبکه‌های عصبی عمیق مانند CRISPR-Net توانسته‌اند میزان برون‌هدف‌ها را تا بیش از ۵۰ درصد کاهش دهند. این پیشرفت، اهمیت ویژه‌ای برای ویرایش ژن در گیاهانی دارد که کوچک‌ترین تغییر ناخواسته می‌تواند مسیر رشد، متابولیسم یا مقاومت را تحت تأثیر قرار دهد (Wang et al. 2025a).

ترکیب هوش مصنوعی با کریسپر همچنین روند توسعه‌ی سیستم‌های جدید ویرایش ژن را سرعت بخشیده است. به‌عنوان مثال، برای طراحی RNAهای راهنما با دقت بالا در سیستم‌های ویرایش RNA (CRISPR-Cas13)، هوش مصنوعی نقش حیاتی دارد. مدل‌های یادگیری ماشین می‌توانند ساختارهای پیچیده‌ی RNA و تعاملات RNA–Cas13را تحلیل کنند و الگوهایی را شناسایی نمایند که با

[22] rule-based
[23] Specificity
[24] AI-guided genome engineering

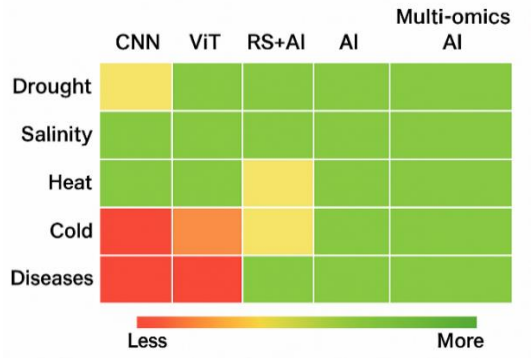
[Downloaded from www.injbr.com on 2025-12-16]

روش‌های تجربی قابل‌تشخیص نیستند. این کاربردها مسیرهای جدیدی برای کنترل بیان ژن در گیاهان باز کرده است که می‌تواند در مدیریت تنش‌های گذرا یا اصلاح صفات موقتی بسیار مؤثر باشد (Abbaszadeh and Shahlai 2025). علاوه بر این، هوش مصنوعی در توسعه‌ی سیستم‌های ویرایش پرایم[۲۵] و ویرایش بازی[۲۶] نیز نقش قابل‌توجهی دارد. این فناوری‌های نوظهور که دقت بالاتری نسبت به کریسپر برش‌زن مبتنی بر نوکلئاز دارند، به کمک هوش مصنوعی می‌توانند RNA راهنما، RNA راهنمای پرایم (pegRNA) یا محرک‌های مولکولی مناسب را برای هر موقعیت ژنومی بهینه‌سازی کنند. این سطح از دقت، ویرایش‌های نقطه‌ای و اصلاحات دقیق را برای کاربردهای گیاهی قابل‌اعتمادتر کرده است (Jiang et al. 2025).

سامانه‌های پیش‌بینی تحمل به تنش‌های زیستی و غیرزیستی در گیاهان

برهم‌کنش گیاه با تنش‌های محیطی—اعم از زیستی (بیماری‌ها، آفات، ویروس‌ها) و غیرزیستی (خشکی، شوری، گرما، سرما، کمبود عناصر)—یکی از پیچیده‌ترین ابعاد زیست‌شناسی گیاهی است (Dixit et al. 2024b). تنش‌های محیطی معمولاً چندعاملی، پویا و وابسته به زمان هستند و واکنش گیاه نیز حاصل یک سلسله تعاملات شبکه‌ای میان ژن‌ها، مسیرهای هورمونی، متابولیتی و فیزیولوژیک است. این پیچیدگی، تحلیل مقاومت گیاه و پیش‌بینی عملکرد آن را با روش‌های سنتی بسیار دشوار کرده است. اما ظهور هوش مصنوعی توانسته این محدودیت‌ها را برطرف کند و نسل جدیدی از سامانه‌های پیش‌بینی تحمل تنش را ایجاد نماید—سامانه‌هایی که قادرند داده‌های چندمنبعی را ادغام، الگوهای پنهان را کشف و واکنش نهایی گیاه را با دقت بالا پیش‌بینی کنند (شکل ۴) (Hallajian et al. 2024; Hoque et al. 2020).

ساختار پایه‌ی سامانه‌های پیش‌بینی تنش، بر داده‌های چندلایه استوار است. این سامانه‌ها معمولاً از ترکیب داده‌های ژنومی، ترنسکریپتومی، متابولومی، فنوتیپی، اقلیمی و سنجش‌ازدور استفاده می‌کنند (Dai et al. 2024).



شکل ۴- نقشه‌ی حرارتی کاربرد تکنیک‌های هوش مصنوعی در مدیریت انواع تنش‌های گیاهی، شامل خشکی، شوری، گرما، سرما و بیماری‌ها در مقابل مدل‌هایی مانند CNN، ترنسفورمرهای ViT، سامانه‌های هوش مصنوعی مبتنی بر سنجش‌از راه دور (RS+AI)، تحلیل چنداُمیکی هوشمند و پیش‌بینی‌های مبتنی بر همتای دیجیتال.

در گذشته، تحلیل این داده‌های حجیم و نامتجانس امکان‌پذیر نبود، اما با توسعه‌ی الگوریتم‌های یادگیری ماشین و یادگیری عمیق اکنون می‌توان این لایه‌ها را در قالب مدل‌های چندحالته[۲۷] یکپارچه کرد. مدل‌های ترنسفورمر چندورودی، CNNهای چندکاناله و GNNها قادرند الگوهای پیچیده‌ی عملکرد گیاه را در شرایط تنش استخراج کنند، بدون آنکه نیاز به تعریف قوانین دست‌ساز باشد. یادگیری ماشین نخستین موج تحول در پیش‌بینی تحمل تنش را ایجاد کرد. الگوریتم‌هایی مانند Random Forest، SVM و XGBoost توانایی بالایی در تحلیل داده‌های محیطی و فنوتیپی دارند و می‌توانند با رتبه‌بندی ویژگی‌ها، مهم‌ترین صفات یا ژن‌های دخیل در مقاومت را مشخص کنند (Sarkar et al. 2024). به‌عنوان مثال، مدل Random Forest می‌تواند نشان دهد که در شرایط خشکی کدام صفات (مانند محتوای پرولین، شاخص دمای برگ، یا نسبت ریشه به اندام هوایی) بیشترین نقش را در پایداری گیاه دارند. این الگوریتم‌ها همچنین قادرند ترکیبات پیچیده‌ی شرایط محیطی—نظیر افزایش همزمان دما، کاهش رطوبت و افزایش تابش—را در تحلیل دخالت

[25] Prime editing
[26] Base editing
[27] multi-modal

[Downloaded from www.injbr.com on 2025-12-16]

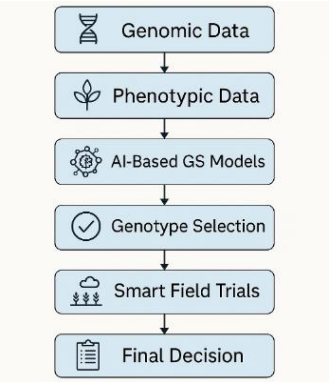
دهند و واکنش گیاه را در چنین شرایطی تخمین بزنند (Asaari et al. 2022). اما یادگیری عمیق، موج دوم و قدرتمندتر را به وجود آورد. CNNها در تحلیل تصاویر فنوتیپی گیاه—مانند عکس‌های RGB، تصاویر حرارتی و هیپراسپکترال—توانستند تغییرات ریز اما مهمی را تشخیص دهند که نشانه‌ی آغاز تنش هستند. این مدل‌ها قادرند بیماری‌ها را قبل از ظهور علائم ظاهری تشخیص دهند، یا تنش خشکی و شوری را در مراحل بسیار اولیه ظهور شناسایی کنند. این توانایی، اهمیت زیادی برای مدیریت هوشمند مزرعه دارد، زیرا امکان مداخله‌ی سریع و کاهش خسارت را فراهم می‌کند (Wen et al. 2023).

در حوزه‌ی تنش‌های زیستی، هوش مصنوعی به‌طور ویژه در تشخیص بیماری‌ها تحول ایجاد کرده است. CNNهای عمیق قادرند با دقت بیش از ۹۵ درصد بیماری‌ها را از روی تصاویر برگ، ساقه یا میوه تشخیص دهند—حتی بیماری‌هایی را که مشابه یکدیگرند یا شدت علائم متفاوت دارند. مدل‌هایی مانند ResNet، EfficientNet و Vision Transformers (ViT)اکنون در سامانه‌های تشخیص بیماری‌های زراعی استفاده می‌شوند و توانسته‌اند هزینه‌ی پایش بیماری و نیاز به بازدید دستی را به‌طور چشمگیری کاهش دهند (Henry et al. 2025). در حوزه‌ی تنش‌های غیرزیستی، مدل‌های مبتنی بر سنجش‌ازدور[۲۸] نقشی حیاتی دارند. ترکیب داده‌های ماهواره‌ای، پهپادی و زمینی با الگوریتم‌های ML/DLامکان پیش‌بینی دقیق وضعیت آبی، تعادل حرارتی و سطح کلروفیل گیاه را فراهم کرده است. این سامانه‌ها می‌توانند تنش خشکی و شوری را در مقیاس مزرعه یا منطقه، قبل از کاهش عملکرد، شناسایی کنند (Bagherian 2022). مدل‌هایی مانند LSTM و GRU که قادر به تحلیل داده‌های زمانی هستند، وضعیت آینده‌ی تنش را نیز پیش‌بینی می‌کنند—برای مثال می‌توانند بگویند اگر شرایط فعلی خاک و هوا ادامه یابد، میزان تنش گیاه طی یک هفته یا یک ماه آینده به چه سطحی خواهد رسید.

[28] Remote Sensing

کاربرد هوش مصنوعی در به‌نژادی پیش‌بینانه و شتاب‌دهی به اصلاح نباتات

اصلاح نباتات به‌عنوان یکی از پایه‌های اساسی امنیت غذایی و تولید پایدار، همواره بر شناسایی ژنوتیپ‌های برتر، تنوع ژنتیکی مطلوب و صفات پیچیده متکی بوده است. اما روش‌های کلاسیک اصلاح نباتات با وجود کارآمدی تاریخی، محدودیت‌هایی جدی دارند: نیاز به زمان طولانی، هزینه‌های بالا، و دشواری تحلیل صفات چندژنی و پیچیده، از جمله موانع اصلی هستند (Hafeez et al. 2023). ظهور هوش مصنوعی—به‌ویژه الگوریتم‌های یادگیری ماشین، یادگیری عمیق و مدل‌سازی چندحالته—این فرایند سنتی را متحول کرده و زمینه را برای ظهور به‌نژادی پیش‌بینانه فراهم کرده است؛ رویکردی که در آن تصمیم‌گیری اصلاحی نه بر اساس آزمون و خطا، بلکه بر مبنای پیش‌بینی‌های دقیق، مدل‌سازی ژنوتیپ-فنوتیپ و تحلیل دینامیک رشد گیاه انجام می‌شود (Xu et al. 2022).



شکل ۵- گردش‌کار اصلاح نباتات پیش‌بینانه مبتنی بر هوش مصنوعی، شامل ادغام داده‌های ژنومی و فنوتیپی، مدل‌های انتخاب ژنومی (GS) هوشمند، فرایند انتخاب ژنوتیپ‌های برتر، آزمون‌های میدانی مبتنی بر سنجش‌ازدور و تصمیم‌گیری نهایی برای پیش‌بینی و بهینه‌سازی عملکرد گیاه.

به‌نژادی پیش‌بینانه اساساً بر استفاده از داده‌های چندمنبعی استوار است (شکل ۵): ژنوم، ترنسکریپتوم، داده‌های متابولومی، تصاویر فنوتیپی، داده‌های اقلیمی، ویژگی‌های خاک و اطلاعات مدیریتی. هوش مصنوعی می‌تواند این لایه‌های پیچیده را در مدل‌های یکپارچه

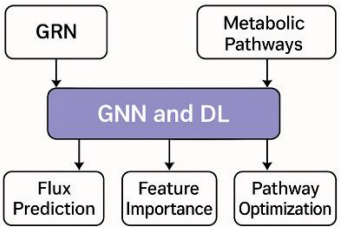
[Downloaded from www.injbr.com on 2025-12-16]

ترکیب کند و رابطه‌ی نهفته میان ژنوتیپ و فنوتیپ را بازیابی نماید—کاری که روش‌های آماری کلاسیک غالباً در آن ناتوان‌اند (Amin et al. 2025). مدل‌های Random Forest، XGBoost، CNNها، GNNها و ترنسفورمرهای چندکاناله اکنون به‌طور گسترده برای پیش‌بینی عملکرد ژنوتیپ‌ها در محیط‌های مختلف استفاده می‌شوند. این مدل‌ها قادرند تأثیر شرایط محیطی بر بروز صفات را تخمین بزنند و بهترین ژنوتیپ‌ها را برای محیط‌های خاص پیشنهاد کنند؛ موضوعی که در دوران تغییر اقلیم اهمیت حیاتی دارد (Choi and Lee 2023).

یکی از مهم‌ترین نقش‌های هوش مصنوعی در اصلاح نباتات، کاهش شدید زمان موردنیاز برای انتخاب ژنوتیپ‌های برتر است. در سیستم‌های سنتی، غربالگری صدها یا هزاران ژنوتیپ سال‌ها طول می‌کشد و نیازمند آزمایش‌های میدانی متعدد است. اما مدل‌های هوش مصنوعی با تحلیل داده‌های اولیه—اعم از ژنومی، فنوتیپی یا اقلیمی—می‌توانند ژنوتیپ‌های پرپتانسیل را با دقت بالا رتبه‌بندی کنند. برای مثال، مطالعات اخیر نشان داده‌اند که مدل‌های CNN آموزش‌دیده بر تصاویر رشد اولیه‌ی گیاه قادرند عملکرد فصل آینده را پیش‌بینی کنند. این پیش‌بینی سریع می‌تواند دوره‌ی اصلاح نباتات را تا ۵۰٪ یا حتی بیشتر کاهش دهد (Xu et al. 2022). نقش کلیدی دیگر هوش مصنوعی در انتخاب ژنومی[29] است. در انتخاب ژنومی، مدل‌ها اثر کلی ژنوم را بر یک صفت تخمین می‌زنند و بر اساس آن، ژنوتیپ‌های برتر انتخاب می‌شوند. الگوریتم‌های یادگیری ماشین—به‌ویژه مدل‌های بیزی[30]، روش‌های مبتنی بر کرنال[31]، و شبکه‌های عصبی—توانسته‌اند دقت انتخاب ژنومی را به‌طور قابل‌توجهی افزایش دهند (Heslot et al. 2012). در بسیاری از محصولات استراتژیک مانند گندم، ذرت، برنج و سویا، استفاده از انتخاب ژنومی مبتنی بر هوش مصنوعی موجب شده انتخاب ژنوتیپ‌های برتر در نسل‌های اولیه امکان‌پذیر شود و هزینه‌های برنامه‌های اصلاحی به‌طور چشمگیری کاهش یابد (Zhang et al. 2025). یکی دیگر از کاربردهای مهم هوش مصنوعی، پیش‌بینی G×E است—یعنی تعامل ژنوتیپ با محیط. مدل‌های یادگیری عمیق قادرند اثر تغییرات اقلیمی، دما، رطوبت و مدیریت زراعی را بر صفات گیاهی پیش‌بینی کنند. این توانایی برای طراحی ژنوتیپ‌های سازگار با آینده‌ی اقلیم—که یکی از بزرگ‌ترین چالش‌های بشر است—اهمیتی حیاتی دارد (Malosetti et al. 2016).

ادغام هوش مصنوعی با زیست‌مهندسی و زیست‌شناسی سامانه‌ها: مدل‌سازی شبکه‌های ژنی، متابولیکی و سلولی

زیست‌مهندسی و بیولوژی سامانه‌ها[32] بر این اصل استوارند که رفتار سلول، بافت یا کل گیاه نتیجه‌ی تعامل پیچیده‌ی هزاران مولکول، مسیر، تنظیم‌کننده و شبکه‌ی دینامیک است. این شبکه‌ها معمولاً غیرخطی، وابسته به زمان و متأثر از شرایط محیطی هستند. بنابراین، تحلیل و مهندسی آن‌ها با روش‌های سنتی اغلب محدود و غیرکامل است (Sheth and Thaker 2014). ظهور هوش مصنوعی—به‌ویژه مدل‌های یادگیری عمیق، شبکه‌های گراف، و سیستم‌های مولد—توانسته محدودیت‌های گذشته را برطرف کند و زیست‌مهندسی را وارد مرحله‌ی جدیدی کند که در آن طراحی مسیرهای ژنتیکی و متابولیکی بر اساس شبیه‌سازی‌های دقیق و پیش‌بینانه انجام می‌شود (Naskar et al. 2025).



شکل ۶- مدل‌سازی شبکه‌های ژنی و مسیرهای متابولیکی با استفاده از شبکه‌های عصبی گراف (GNN) و یادگیری عمیق، شامل بازسازی شبکه‌های تنظیم ژن (GRN)، مسیرهای متابولیکی، پیش‌بینی جریان‌های متابولیکی[33]، تحلیل اهمیت ویژگی‌ها و بهینه‌سازی مسیرهای زیستی.

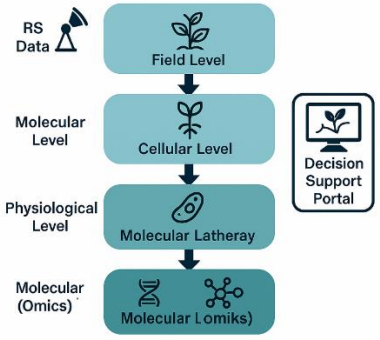
[29] Genomic Selection (GS)
[30] Bayesian models
[31] Kernel-based methods
[32] Systems Biology
[33] Flux Prediction

[Downloaded from www.injbr.com on 2025-12-16]

یکی از مهم‌ترین کاربردهای هوش مصنوعی در زیست-شناسی سامانه‌ها، مدل‌سازی شبکه‌های ژنی[۳۴] است (شکل ۶). شبکه‌های ژنی در گیاهان بسیار پیچیده هستند و شامل هزاران ژن، عامل رونویسی و تعاملات بازخوردی می‌شوند. مدل‌های کلاسیک مانند شبکه‌های بیزی[۳۵] یا سامانه‌های مبتنی بر معادلات دیفرانسیل معمولی[۳۶] قادرند بخش‌هایی از رفتار شبکه را توضیح دهند، اما در مواجهه با مقیاس ژنومی و تعاملات چندلایه دچار محدودیت می‌شوند (Dasgupta and De 2023). در مقابل، شبکه‌های عصبی گراف[۳۷] توانسته‌اند ساختار گراف‌گونه‌ی GRNها را با دقت بالا مدل‌سازی کنند. شبکه‌های عصبی گراف قادرند الگوهای اتصال، گره‌های کلیدی، مسیرهای تنظیمی و نقش ژن‌ها در انتقال سیگنال (علامت) را تشخیص دهند و حتی اثر حذف یا اضافه‌شدن یک ژن را پیش‌بینی کنند. این توانایی در طراحی ژنوتیپ‌های مقاوم به تنش یا گیاهان با مسیرهای متابولیکی بهینه اهمیت حیاتی دارد (Wu et al. 2020).

انقلاب همتای دیجیتال[۳۸] در گیاه: شبیه‌سازی رشد، متابولیسم و تحمل تنش

مفهوم همتای دیجیتال که نخستین‌بار در صنایع هوافضا و مهندسی سامانه‌های پیچیده مطرح شد، اکنون به‌سرعت در علوم زیستی و به‌ویژه علوم گیاهی در حال گسترش است (شکل ۷). همتای دیجیتال در اصل یک مدل محاسباتی پویا و هوشمند است که نسخه‌ی مجازی یک سامانه‌ی واقعی را بازسازی می‌کند و قادر است رفتار آن سامانه را در زمان واقعی[۳۹] یا در قالب شبیه‌سازی‌های پیچیده پیش‌بینی کند. کاربرد این فناوری در گیاهان، انقلابی نوظهور ایجاد کرده است: برای نخستین‌بار می‌توان رشد، فیزیولوژی، مسیرهای متابولیکی و پاسخ‌های تنشی یک گیاه را به‌طور کامل در یک محیط دیجیتال بازسازی کرد و اثر هر تغییر ژنتیکی، مدیریتی یا محیطی را پیش از وقوع سنجید (Iranshahi et al. 2025; Chen et al. 2023).



شکل ۷- معماری همتای دیجیتال گیاهی، شامل لایه‌ی مولکولی (اُمیکس)، لایه‌ی سلولی، لایه‌ی فیزیولوژیک، لایه‌ی مزرعه، داده‌های سنجش‌از راه دور (RS) و پرتال تصمیم‌گیری برای شبیه‌سازی و پیش‌بینی رفتار گیاه در شرایط مختلف.

همتای دیجیتال گیاهی ترکیبی از داده‌های اُمیکس، فنوتیپی، فیزیولوژیک، اقلیمی، و داده‌های سنجش‌ازدور است. الگوریتم‌های یادگیری ماشین و یادگیری عمیق با ادغام این داده‌ها یک مدل پویا ایجاد می‌کنند که نه‌تنها وضعیت فعلی گیاه را بازتاب می‌دهد، بلکه رفتار آینده‌ی آن را نیز پیش‌بینی می‌کند. در این مدل، هر لایه‌ی زیستی—از ژنوم و شبکه‌های ژنی گرفته تا مسیرهای متابولیکی، تبادلات فیزیولوژیک و پاسخ‌های محیطی—با روابط محاسباتی دقیق به‌هم متصل شده است. بنابراین همتای دیجیتال نه یک مدل ایستا، بلکه نسخه‌ی زنده‌ی محاسباتی از گیاه محسوب می‌شود (Cembrowska-Lech et al. 2023). یکی از مهم‌ترین کاربردهای همتای دیجیتال، شبیه‌سازی رشد و توسعه‌ی گیاه است. مدل‌های عمیق—به‌ویژه LSTMها و مدل‌های پیش‌بینی مبتنی بر معماری ترنسفورمر[۴۰] — قادرند روندهای رشد را از مرحله‌ی بذر تا بلوغ پیش‌بینی کنند. برای مثال، همتای دیجیتال می‌تواند بر اساس تصاویر اولیه گیاه، وضعیت رطوبت خاک و شرایط اقلیمی، الگوی رشد آینده، سرعت توسعه برگ، مقدار زیست‌توده و حتی عملکرد نهایی را تخمین بزند. این شبیه‌سازی‌ها برای برنامه‌ریزی زراعی، اصلاح نباتات و مدیریت هوشمند مزارع ارزش حیاتی دارند (Bi et al. 2023). از سوی دیگر، همتای دیجیتال نقشی بنیادی در

[34] Gene Regulatory Networks; GRNs
[35] Bayesian Networks
[36] ODE-based systems
[37] Graph Neural Networks (GNNs)
[38] Digital Twin
[39] Real-time
[40] Transformer-based predictors

[Downloaded from www.injbr.com on 2025-12-16]

بازسازی مسیرهای متابولیکی گیاه دارد. مدل‌های مبتنی بر شبکه‌های متابولیک[41] وقتی با یادگیری عمیق ترکیب شوند، قادرند جریان‌های متابولیکی را در سطح سلول پیش‌بینی کنند. در این سیستم‌ها، رفتار هزاران آنزیم، واکنش، حدواسط[42] و مسیرهای انشعابی به‌صورت موازی و پویا مدل‌سازی می‌شود. همتای دیجیتال می‌تواند نشان دهد که یک جهش ژنتیکی در یک آنزیم، چگونه جریان متابولیکی را تغییر می‌دهد و این تغییر چگونه بر رشد، تحمل تنش یا تولید متابولیت‌های ارزشمند اثر می‌گذارد. این توانایی برای طراحی گیاهان دارویی، گیاهان صنعتی یا محصولات با ارزش تغذیه‌ای بالا ضروری است (Li et al. 2022).

یکی از پیشرفته‌ترین ظرفیت‌های همتای دیجیتال، مدل‌سازی پاسخ گیاه به تنش‌های زیستی و غیرزیستی است. در شرایط خشکی، شوری یا گرما، تعاملات مولکولی و فیزیولوژیکی گیاه بسیار پیچیده و چندلایه هستند. همتای دیجیتال می‌تواند هزاران سیگنال داخلی—از هورمون‌ها تا فاکتورهای رونویسی و تنظیم‌کننده‌های مسیر آبی—را تحلیل کند و به‌طور دقیق پیش‌بینی کند که گیاه در مواجهه با تنش چه رفتاری نشان خواهد داد. این مدل‌ها حتی قادرند سناریوهای فرضی را اجرا کنند—برای مثال اینکه اگر محتوای پرولین، فعالیت آنزیم‌های آنتی‌اکسیدان یا بیان ژن‌های مرتبط با انتقال یون‌ها تغییر کند، گیاه چگونه مقاومت خود را تغییر خواهد داد (Xu et al. 2025). ترکیب همتای دیجیتال با داده‌های سنجش‌از راه دور (RS) نیز یک تحول مهم محسوب می‌شود. تصاویر پهپادی، ماهواره‌ای یا زمینی پیوسته به مدل وارد می‌شوند و همتای دیجیتال وضعیت گیاه را در زمان واقعی به‌روزرسانی می‌کند. اگر گیاه در مزرعه دچار تنش حرارتی شود، این تغییر در بازتاب طیفی یا دمای سطحی برگ در تصاویر نمایان می‌شود، و همتای دیجیتال بلافاصله تغییرات متابولیکی و فیزیولوژیکی احتمالی را شبیه‌سازی می‌کند. این ویژگی پایش زنده را برای مزارع بزرگ امکان‌پذیر کرده است—چیزی که پیش‌تر حتی تصور آن دشوار بود (Wu et al. 2023). در سال‌های اخیر، همتای دیجیتال در اصلاح نباتات کاربردهای شگفت‌انگیزی یافته است. مدل می‌تواند اثر هر ترکیب ژنی[43] جهش، یا ویرایش کریسپر را روی فنوتیپ و عملکرد پیش‌بینی کند، بدون اینکه نیازی به انجام آزمایش‌های پرهزینه و زمان‌بر باشد. این توانایی باعث شده نسل جدیدی از اصلاح نباتات تحت عنوان اصلاح نباتات در محیط محاسباتی[44] مطرح شود که در آن بهترین ژنوتیپ‌ها پیش از کشت واقعی و تنها با شبیه‌سازی انتخاب می‌شوند. این رویکرد به‌ویژه برای صفات پیچیده مانند تحمل خشکی یا بهبود کیفیت تغذیه‌ای بسیار مؤثر است (Peladarinos et al. 2023).

کاربرد دیگر، استفاده از همتای دیجیتال برای بهینه‌سازی مدیریت مزرعه است. مدل می‌تواند سناریوهای مختلف آبیاری، تغذیه، فاصله‌ی کشت، یا تراکم بوته را شبیه‌سازی کند و بهترین ترکیب مدیریتی را برای حداکثر عملکرد پیشنهاد دهد. این زارعت دقیق[45] نوین، نقش بزرگی در بهره‌وری آب، نهاده‌ها و انرژی خواهد داشت. در سطح علمی، همتای دیجیتال یک تغییر پارادایم مهم ایجاد کرده است: از تحلیل‌های تک‌بعدی به تحلیل‌های چندلایه، از پیش‌بینی‌های ساده به پیش‌بینی‌های شبکه‌ای، و از اصلاح نباتات تجربی به اصلاح نباتات کاملاً محاسباتی. این فناوری در حال حاضر هنوز در مراحل اولیه‌ی توسعه در علوم گیاهی است، اما روندهای جهانی نشان می‌دهند که در دهه‌ی آینده به یکی از ارکان اصلی زیست‌فناوری گیاهی، اصلاح نباتات، کشاورزی هوشمند و طراحی ژنوم تبدیل خواهد شد (Alves et al. 2023).

مسیرهای آینده: به‌سوی زیست‌فناوری گیاهی خودکار و نسل جدید کشاورزی هوشمند

ترکیب هوش مصنوعی با زیست‌فناوری گیاهی طی دهه‌ی اخیر مسیرهای جدیدی را در پژوهش، اصلاح نباتات، کشاورزی و زیست‌مهندسی گشوده است؛ مسیری که اکنون با سرعتی چشمگیر در حال حرکت به‌سوی نسل آینده‌ی

[41] Metabolic flux models
[42] Intermediate
[43] Allelic combinations
[44] In silico breeding
[45] Precision agriculture

[Downloaded from www.injbr.com on 2025-12-16]

سامانه‌های هوشمند و خودکار است (Niazian and Niedbała 2020). آینده‌ی زیست‌فناوری گیاهی، آینده‌ای است که در آن مدل‌های پیش‌بینانه، ربات‌های مزرعه، سیستم‌های خودآموز، و طراحی ژنوم مبتنی بر محاسبات نقش محوری خواهند داشت. این فرآیند تنها یک ارتقای تکنولوژیک نیست، بلکه تحولی پارادایمی است که ماهیت پژوهش و تولید گیاه را دگرگون خواهد کرد. یکی از مهم‌ترین مسیرهای آینده، توسعه‌ی زیست‌فناوری کاملاً خودکار[۴۶] است. در این چشم‌انداز، داده‌ها از سنسورهای مزرعه، پهپادها، ایستگاه‌های اقلیمی، و ابزارهای تعیین فنوتیپ دیجیتال به‌طور خودکار وارد یک سیستم مرکزی می‌شوند. این سیستم با استفاده از یادگیری عمیق، اطلاعات را تحلیل کرده و الگوهای رشد، تنش یا نیازهای تغذیه‌ای گیاه را تشخیص می‌دهد. سپس تصمیم‌گیری‌ها—از آبیاری و تغذیه گرفته تا انتخاب ژنوتیپ و حتی طراحی جهش‌های ژنی—به‌صورت خودکار انجام می‌شود. این یک گذار از پایش دستی به مدیریت خودکار و هوشمند است (Sahoo et al. 2026).

یکی دیگر از مسیرهای مهم آینده، طراحی ژنوم‌های نوترکیب با کمک هوش مصنوعی است. مدل‌های مولد، شبکه‌های گراف و الگوریتم‌های بهینه‌سازی زیستی اکنون قادرند ژنوم‌هایی پیشنهاد دهند که در طبیعت وجود ندارند، اما از نظر محاسباتی پایدار، کارآمد و سازگار با شرایط محیطی آینده هستند. این مرحله‌ی جدید در زیست-فناوری—که به آن طراحی محاسباتی ژنوم[۴۷] گفته می‌شود—در آینده نقشی حیاتی در تولید گیاهانی خواهد داشت که توانایی تحمل خشکی، شوری، گرما یا کمبود عناصر غذایی را به‌طور همزمان دارند. ترکیب این رویکرد با کریسپر نسل آینده، مسیر اصلاح نباتات را از تغییر ژن‌های موجود به طراحی ژنوم‌های جدید تغییر خواهد داد (Dixit et al. 2024a). افزایش توانایی‌های همتای دیجیتال گیاهی نیز نقش مهمی در آینده خواهد داشت. همتای دیجیتال نه‌تنها شبیه‌سازی رشد و پاسخ به تنش را انجام می‌دهد، بلکه در نسخه‌های آینده‌محورتر خود قادر خواهد بود اثرات تغییرات اقلیمی، تغییرات مدیریت مزرعه، یا جهش‌های ژنی را در مقیاس‌های زمانی بلندمدت مدل‌سازی کند. همتای دیجیتال مجهز به یادگیری پیوسته[۴۸] قادر خواهند بود با داده‌های جدید خود را به‌روزرسانی کنند و یک مدل همواره دقیق‌تر از زیست‌سامانه‌ی گیاهی ارائه دهند (Liu et al. 2023).

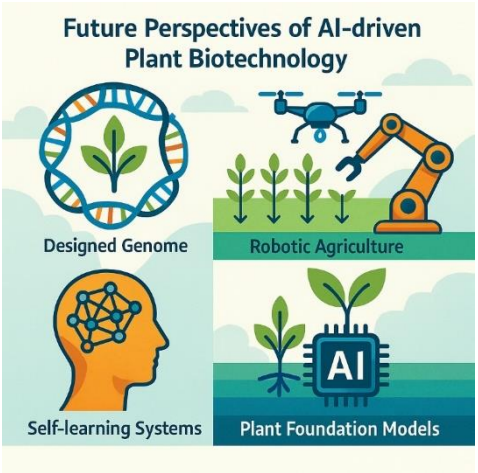
نتیجه‌گیری و چشم‌انداز آینده

ادغام هوش مصنوعی با زیست‌فناوری گیاهی در سال‌های اخیر یک تحول بنیادین ایجاد کرده و مسیر پژوهش و توسعه در علوم گیاهی را به سمت سامانه‌های دقیق‌تر، سریع‌تر و پیش‌بینانه‌تر سوق داده است. تحلیل چنداُمیک مبتنی بر یادگیری عمیق، افزایش دقت ویرایش ژنوم با مدل‌های پیش‌بینی برون‌هدف، تعیین فنوتیپ دیجیتال در مقیاس مزرعه، شناسایی زودهنگام تنش‌های زیستی و غیرزیستی، و توسعه‌ی به‌نژادی پیش‌بینانه از مهم‌ترین نتایج این ادغام فناورانه هستند. بررسی‌های انجام‌شده در این مقاله نشان می‌دهد که هوش مصنوعی قادر است الگوهای پیچیده‌ی زیستی را که پیش‌تر با روش‌های سنتی قابل شناسایی نبودند استخراج کرده و بینش‌هایی فراهم کند که به توسعه‌ی گیاهان پربازده، تاب‌آور و سازگار با تغییرات اقلیمی کمک می‌کند. علاوه بر این، هوش مصنوعی نقش مهمی در افزایش کارایی، کاهش هزینه‌ها و تسریع فرآیندهای پژوهشی و اصلاحی دارد و می‌تواند شکاف میان داده‌های بزرگ زیستی و تصمیم‌گیری‌های کاربردی را پر کند. با وجود این فرصت‌ها، چالش‌هایی مانند کیفیت داده، ناهمگونی منابع، تفسیرپذیری مدل‌ها، امنیت زیستی و مسائل اخلاقی همچنان پابرجا هستند و نیازمند توسعه‌ی چارچوب‌های استاندارد، الگوریتم‌های شفاف‌تر و رویکردهای مسئولانه‌تر برای به‌کارگیری این فناوری هستند. جمع‌بندی کلی این است که هوش مصنوعی نه‌تنها یک ابزار کمکی، بلکه یک رکن اساسی در تحول نسل آینده‌ی زیست‌فناوری گیاهی خواهد بود.

[46] Automated Plant Biotechnology
[47] Computational Genome Design
[48] Continual learning

[Downloaded from www.injbr.com on 2025-12-16]

چشم‌انداز آینده‌ی زیست‌فناوری گیاهی هوشمند، آینده‌ای چندلایه، هم‌پیوند و مبتنی بر مدل‌های محاسباتی پیشرفته است. در دهه‌ی پیش‌رو، انتظار می‌رود مدل‌های بنیادین گیاهی[۴۹] مشابه مدل‌های زبانی قدرتمند، به‌عنوان سکوی محاسباتی واحد برای تحلیل، پیش‌بینی و طراحی زیست‌سامانه‌های گیاهی توسعه یابند. طراحی ژنوم‌های جدید به کمک مدل‌های مولد، حرکت به سمت زیست‌طراحی محاسباتی[۵۰] را تسریع خواهد کرد و امکان تولید گیاهانی با خصوصیات بهینه‌شده برای اقلیم آینده فراهم می‌شود (شکل ۸).



شکل ۸- چشم‌انداز آینده‌ی زیست‌فناوری گیاهی هوشمند، شامل طراحی ژنوم‌های نوین، کشاورزی رباتیک، سامانه‌های خودآموز مبتنی بر هوش مصنوعی و مدل‌های پایه‌ای ویژه‌ی علوم گیاهی.

در کنار آن، همتای دیجیتال گیاهی به یکی از ابزارهای اصلی در پیش‌بینی رشد، عملکرد، پاسخ به تنش و ارزیابی سناریوهای مدیریتی تبدیل خواهد شد و پژوهشگران را قادر می‌سازد آزمایش‌های مجازی با دقت بسیار بالا انجام دهند. در سطح مزرعه، کشاورزی رباتیک و سامانه‌های خودآموز نقش تعیین‌کننده‌ای خواهند داشت. ربات‌های زمینی و پهپادهای مجهز به سنسورهای چندطیفی و مدل‌های بینایی ماشین، مدیریت مزرعه را از سطح قطعه به سطح تک‌گیاه ارتقا خواهند داد. از سوی دیگر، یکپارچه‌سازی داده‌های اُمیکس، سنجش‌ازدور، هواشناسی و تعیین فنوتیپ در سامانه‌های ابری هوشمند موجب ایجاد شبکه‌های دیجیتال بزرگ خواهد شد که تمام اجزای زیستی و محیطی را در یک اکوسیستم واحد گرد آورده و مسیر اصلاح نباتات و زیست‌مهندسی را انقلاب‌آفرین خواهد کرد. به موازات توسعه‌ی این فناوری‌ها، ضرورت طراحی چارچوب‌های اخلاقی، نظارتی و امنیت زیستی بیش از پیش اهمیت پیدا می‌کند. ایجاد استانداردهای جهانی برای کیفیت داده‌ها، تفسیرپذیری مدل‌ها، شفافیت الگوریتمی و حفاظت از داده‌های زیستی برای تضمین پذیرش عمومی و ایجاد نوآوری پایدار ضروری است. در مجموع، آینده‌ی زیست-فناوری گیاهی هوشمند آینده‌ای است که در آن پژوهش، اصلاح، پیش‌بینی و مدیریت گیاه در یک چرخه‌ی دیجیتال–زیستی کاملاً هوشمند انجام می‌شود؛ چرخه‌ای که می‌تواند امنیت غذایی جهانی، بهره‌وری کشاورزی و پایداری زیست محیطی را در سطحی بی‌سابقه متحول کند.

منابع

1. Abbaszadeh A, Shahlai A (2025) Artificial Intelligence for CRISPR Guide RNA Design: Explainable Models and Off-Target Safety. arXiv preprint arXiv:250820130
2. Abdulkareem A, Jimada-Ojuolape B, Balogun MO, Adesina LM (2024) Comparative Analysis of XGBoost and Random Forest Algorithms for Transformer Failure Prediction. Annals of the Faculty of Engineering Hunedoara 22 (4):137-146
3. Ahmed SF, Alam MSB, Hassan M, Rozbu MR, Ishtiak T, Rafa N, Mofijur M, Shawkat Ali A, Gandomi AH (2023) Deep learning modelling techniques: current progress, applications, advantages, and challenges. Artificial Intelligence Review 56 (11):13521-13617
4. Alamin M, Sultana MH, Lou X, Jin W, Xu H (2022) Dissecting complex traits using omics data: A review on the linear mixed models and their application in GWAS. Plants 11 (23):3277
5. Alves RG, Maia RF, Lima F (2023) Development of a Digital Twin for smart farming: Irrigation management

[49] Foundation plant models

[50] Computational Bio-Design

[Downloaded from www.injbr.com on 2025-12-16]

16. Ching T, Himmelstein DS, Beaulieu-Jones BK, Kalinin AA, Do BT, Way GP, Ferrero E, Agapow P-M, Zietz M, Hoffman MM (2018) Opportunities and obstacles for deep learning in biology and medicine. Journal of the royal society interface 15 (141):20170387
17. Choi SR, Lee M (2023) Transformer architecture and attention mechanisms in genome data analysis: a comprehensive review. Biology 12 (7):1033
18. Chuai G, Ma H, Yan J, Chen M, Hong N, Xue D, Zhou C, Zhu C, Chen K, Duan B (2018) DeepCRISPR: optimized CRISPR guide RNA design by deep learning. Genome biology 19 (1):80
19. Dai Q, Chen Z, Li Z, Song S, Xue X, Lv S, Wang Y, Guo Y .(2024) A Monitoring, Evaluation, and Prediction System for Slight Water Stress in Citrus Seedlings Based on an Improved Multilayer Perceptron Model. Agronomy 14 (4):808
20. Dai X, Shen L (2022) Advances and trends in omics technology development. Frontiers in Medicine 9:911861
21. Dasgupta A, De RK (2023) Artificial intelligence in systems biology. In: Handbook of statistics, vol 49. Elsevier, pp 153-201
22. De Haro LP (2024) Biosecurity risk assessment for the use of artificial intelligence in synthetic biology. Applied Biosafety 29 (2):96-107
23. Dixit S, Kumar A, Srinivasan K, Vincent PDR, Ramu Krishnan N (2024a) Advancing genome editing with artificial intelligence: opportunities, challenges, and future directions. Frontiers in bioengineering and biotechnology 11:1335901.
24. Dixit S, Sivalingam PN, Baskaran RM, Senthil-Kumar M, Ghosh PK (2024b) Plant responses to concurrent abiotic and biotic stress: unravelling physiological and morphological mechanisms. Plant Physiology Reports 29 (1):6-17
25. Dong XL, Rekatsinas T Data integration and machine learning: A natural synergy. In: Proceedings of the 2018 international conference on system for water saving. Journal of Cleaner Production 388:135920
6. Alwani NM (2024) Synthetic data generation for the optimization of strains in metabolic engineering using generative adversarial networks. Delft University of Technology ,
7. Amin A, Zaman W, Park S (2025) Harnessing Multi-Omics and Predictive Modeling for Climate-Resilient Crop Breeding: From Genomes to Fields. Genes 16 (7):809
8. Asaari MSM, Mertens S, Verbraeken L, Dhondt S, Inzé D, Bikram K, Scheunders P (2022) Non-destructive analysis of plant physiological traits using hyperspectral imaging: A case study on drought stress. Computers and Electronics in Agriculture 195:106806
9. Bagherian K (2022) Rapid peanut phenotyping and water quality monitoring using remote sensing and machine learning techniques. Auburn University ,
10. Balajishanmugam V (2025) 7 Smart Gene Editing. Advanced AI and Data Science Applications:91
11. Bellot P, de Los Campos G, Pérez-Enciso M (2018) Can deep learning improve genomic prediction of complex human traits? Genetics 210 (3):809-819
12. Bhardwaj A, Kishore S, Pandey DK (2022) Artificial intelligence in biological sciences. Life 12(9),14-30.
13. Bi L, Wally O, Hu G, Tenuta AU, Kandel YR, Mueller DS (2023) A transformer-based approach for early prediction of soybean yield using time-series images. Frontiers in Plant Science 14:1173036
14. Cembrowska-Lech D, Krzemińska A, Miller T, Nowakowska A ,Adamski C, Radaczyńska M, Mikiciuk G, Mikiciuk M (2023) An integrated multi-omics and artificial intelligence framework for advance plant phenotyping in horticulture. Biology 12 (10):1298
15. Chen K, Zhao B, Zhou H, Zhou L, Niu K, Jin X, Li R, Yuan Y, Zheng Y (2023) Digital twins in plant factory: A five-dimensional modeling method for plant factory transplanter digital twins. Agriculture 13 (7):1336

[Downloaded from www.injbr.com on 2025-12-16]

34. Islam S, Reza MN, Samsuzzaman SA, Cho YJ, Noh DH, Chung S-O, Hong SJ (2024) Machine vision and artificial intelligence for plant growth stress detection and monitoring: A review. Precis Agric 6 (1):34
35. Jiang B, An Z, Niu L, Qin D (2025) Precise genome editing process and its applications in plants driven by AI. Functional & Integrative Genomics 25 (1):109
36. Kalita I, Bhattacharjee S, Saharia M (2025) Advancements in Medicinal Plant Research: Harnessing Artificial Intelligence, Machine Learning, Deep Learning, and Bioinformatics. In: Biotechnology, Multiple Omics, and Precision Breeding in Medicinal Plants. CRC Press, pp 135-145
37. Kim M-g, Go M-j, Kang S-H, Jeong S-h, Lim K (2025) Revolutionizing CRISPR technology with artificial intelligence. Experimental & Molecular Medicine:1-13
38. Lazaros K, Koumadorakis DE, Vlamos P, Vrahatis AG (2024) Graph neural network approaches for single-cell data: a recent overview. Neural Computing and Applications 36 (17):9963-9987
39. Li W, Zhu D, Wang Q (2022) A single view leaf reconstruction method based on the fusion of ResNet and differentiable render in plant growth digital twin system. Computers and Electronics in Agriculture 193:106712
40. Li Z, Khan WU, Bai G, Dong C, Wang J, Zhang Y, Wang C, Zhang H, Wang W, Luo M (2025) From Code to Life: The AI□Driven Revolution in Genome Editing. Advanced Science:e17029
41. Liang X, Yu S, Ju Y, Wang Y, Yin D (2025) Multi-scale remote-sensing phenomics integrated with multi-omics: Advances in crop drought–heat stress tolerance mechanisms and perspectives for climate-smart agriculture. Plants 14 (18):2829
42. Liebal UW, Phan AN, Sudhakar M, Raman K, Blank LM (2020) Machine learning applications for mass spectrometry-based metabolomics. Metabolites 10 (6):243
43. Lin Y-M, Chen C-T, Chang J-M (2019) MS2CNN: predicting MS/MS management of data, 2018. pp 1645-1650
26. Farooq MA, Gao S, Hassan MA, Huang Z, Rasheed A, Hearne S, Prasanna B, Li X, Li H (2024) Artificial intelligence in plant breeding. Trends in Genetics 40 (10):891-908
27. Fong JH, Wong AS (2023) Advancing CRISPR/Cas gene editing with machine learning. Current Opinion in Biomedical Engineering 28:100477
28. Hafeez A, Ali B, Javed MA, Saleem A, Fatima M, Fathi A, Afridi MS, Aydin V, Oral MA, Soudy FA (2023) Plant breeding for harmony between sustainable agriculture, the environment, and global food security: an era of genomics□assisted breeding. Planta 258 (5):97
29. Hallajian MT, Ebadi AA, Kordrostami M (2024) Advancing rice breeding for drought tolerance: a comprehensive study of traditional and mutant lines through agronomic performance and drought tolerance indices. BMC Plant Biology 24 (1):1087
30. Henry A, Daniel E, Seetha S, Durga S Bridging CNNs and Transformers: A Comparative Study of EfficientNet, ResNet, and ViT for Plant Disease Detection. In: 2025 6th International Conference on Data Intelligence and Cognitive Informatics (ICDICI), 2025. IEEE, pp 718-724
31. Heslot N, Yang HP, Sorrells ME, Jannink JL (2012) Genomic selection in plant breeding: a comparison of models. Crop science 52 (1):146-160
32. Hoque TS, Sohag AAM, Kordrostami M, Hossain MA, Islam MS, Burritt DJ, Hossain MA (2020) The effect of exposure to a combination of stressors on rice productivity and grain yields . In: Roychoudhury A (ed) Rice research for quality improvement: genomics and genetic engineering: volume 1: breeding techniques and abiotic stress tolerance. Springer, Singapore, pp 675-727. doi:10.1007/978-981-15-4120-9_28
33. Iranshahi K, Brun J, Arnold T ,Sergi T, Müller UC (2025) Digital twins: Recent advances and future directions in engineering fields. Intelligent Systems with Applications 26:200516

[Downloaded from www.injbr.com on 2025-12-16]

regulatory networks from gene expression using graph neural networks. In: Digital Healthcare, Digital Transformation and Citizen Empowerment in Asia-Pacific and Europe for a Healthier Society. Elsevier, pp 249-270
54. Pan L, Wang A, Sang R, Lu X, Chen W, Ma Y, Deng F (2025) AlphaFold 3 sheds insights into chemical enhancer-induced structural changes in Cas12a RNPs .Health Nanotechnology 1 (1):1
55. Peladarinos N, Piromalis D, Cheimaras V, Tserepas E, Munteanu RA, Papageorgas P (2023) Enhancing smart agriculture by implementing digital twins: A comprehensive review. Sensors 23 (16):7128
56. Peng L, Peng M, Liao B, Huang G, Li W, Xie D (2018) The advances and challenges of deep learning application in biological big data processing. Current Bioinformatics 13 (4):352-359
57. Rane NL, Paramesha M, Choudhary SP, Rane J (2024) Machine learning and deep learning for big data analytics :A review of methods and applications. Partners Universal International Innovation Journal 2 (3):172-197
58. Sahoo JP, Mahapatra S, Tripathy S, Das S, Mahapatra SR, Dweh TJ (2026) Applications of artificial intelligence in plant genomics, genome editing, and biotechnology. In: AI Technologies for Crop Breeding. Elsevier, pp 129-145
59. Sarkar S, Dey A, Pradhan R, Sarkar UM, Chatterjee C, Mondal A, Mitra P (2024) Crop yield prediction using multimodal meta-transformer and temporal graph neural networks. IEEE transactions on agrifood electronics
60. Shaik R, Ramakrishna W (2014) Machine learning approaches distinguish multiple stress conditions using stress-responsive genes and identify candidate genes for broad resistance in rice. Plant physiology 164 (1):481-495
61. Shea A, Bartz J, Zhang L, Dong X (2023) Predicting mutational function using machine learning. Mutation Research-Reviews in Mutation Research 791:108457
spectrum based on protein sequence using deep convolutional neural networks. BMC genomics 20 (Suppl 9):906
44. Liu J, Wang L, Wang Y, Xu S, Liu Y (2023) Research on the interface of sustainable plant factory based on digital twin. Sustainability 15 (6):5010
45. Mahood EH, Kruse LH, Moghe GD (2020) Machine learning: a powerful tool for gene function prediction in plants. Applications in Plant Sciences 8 (7):e11376
46. Malone TW, Laubacher R, Dellarocas C (2010) The collective intelligence genome. MIT Sloan management review
47. Malosetti M, Bustos□Korts D, Boer MP, van Eeuwijk FA (2016) Predicting responses in multiple environments: issues in relation to genotype× environment interactions. Crop science 56 (5):2210-2222
48. Mansoor S, Karunathilake E, Tuan TT, Chung YS (2024) Genomics, Phenomics, and Machine Learning in Shaping the Future of Plant Research: Advancements and Challenges. Hortic Plant J
49. Mipeshwaree Devi A, Khedashwori Devi K, Premi Devi P, Lakshmipriyari Devi M, Das S (2023) Metabolic engineering of plant secondary metabolites: prospects and its technological challenges. Frontiers in Plant Science 14:1171154.
50. Murmu S, Sinha D, Chaurasia H, Sharma S, Das R, Jha GK, Archak S (2024) A review of artificial intelligence-assisted omics techniques in plant defense: current trends and future directions. Frontiers in Plant Science 15:1292054
51. Naskar S, Sharma S, Kuotsu K, Halder S, Pal G, Saha S, Mondal S, Biswas UK, Jana M, Bhattacharjee S (2025) The biomedical applications of artificial intelligence: an overview of decades of research. Journal of Drug Targeting 33 (5):717-748
52. Niazian M, Niedbała G (2020) Machine learning for plant breeding and biotechnology. Agriculture 10 (10):436
53. Otal HT, Subasi A, Kurt F, Canbaz MA, Uzun Y (2025) Analysis of gene

[Downloaded from www.injbr.com on 2025-12-16]

with DNA and epigenomic profiles. Briefings in Bioinformatics 26 (1):bbae651
72. Wang Z, Yuan H, Yan J, Liu J (2025b) Identification, characterization, and design of plant genome sequences using deep learning. The Plant Journal 121 (1):e17190
73. Wen T, Li J-H, Wang Q, Gao Y-Y, Hao G-F, Song B-A (2023) Thermal imaging: The digital eye facilitates high-throughput phenotyping traits of plant growth and stress responses. Science of The Total Environment 899:165626
74. Wu X, Lu G, Wu Z (2023) Remote sensing technology in the construction of digital twin basins: Applications and prospects. Water 15 (11):2040
75. Wu Z, Pan S, Chen F, Long G, Zhang C, Yu PS (2020) A comprehensive survey on graph neural networks. IEEE transactions on neural networks and learning systems 32 (1):4-24
76. Xie L, Wang Y (2025) The big data processing in agricultural genome-wide association studies: Challenges, technological advances, and future application prospects. Advances in Resources Research 5 (4):1956-1976
77. Xu X, Gao F, Xiong D, Fan Z, Xiong S, Dong P, Qiao H, Ma X (2025) Digital twin-based winter wheat growth simulation and optimization. Field Crops Research 329:109953
78. Xu Y, Zhang X, Li H, Zheng H, Zhang J, Olsen MS, Varshney RK, Prasanna BM, Qian Q (2022) Smart breeding driven by big data, artificial intelligence, and integrated genomic-enviromic prediction. Molecular Plant 15 (11):1664-1695
79. Yetgin A (2025) Revolutionizing multi□omics analysis with artificial intelligence and data processing. Quantitative Biology 13 (3):e70002
80. Yuan Y, Bar-Joseph Z (2019) Deep learning for inferring gene relationships from single-cell expression data. Proceedings of the National Academy of Sciences 116 (52):27151-27158
81. Zaorsky NG, Wang X, Lehrer EJ, Tchelebi LT, Yeich A, Prasad VK, Chinchilli VM, Wang M (2022) Retrospective comparative
62. Sheth BP, Thaker VS (2014) Plant systems biology: insights, advances and challenges. Planta 240 (1):33-5٤
63. Smith R, Mathis AD, Ventura D, Prince JT (2014) Proteomics, lipidomics, metabolomics: a mass spectrometry tutorial from a computer scientist's point of view. BMC bioinformatics 15 (Suppl 7):S9
64. Srivastava U, Kanchan S, Kesheri M, Gupta MK, Singh S (2024) Types of omics data: genomics, metagenomics, epigenomics, transcriptomics, proteomics, metabolomics, and phenomics. In: Integrative Omics. Elsevier, pp 13-34
65. Stewart Jr CN (2025) Plant biotechnology and genetics: principles, techniques, and applications .John Wiley & Sons ,
66. Su W-H (2020) Crop plant signaling for real-time plant identification in smart farm: A systematic review and new concept in artificial intelligence for automated weed control. Artificial Intelligence in Agriculture 4:262-271
67. Tang Y ,Kurths J, Lin W, Ott E, Kocarev L (2020) Introduction to focus issue: When machine learning meets complex systems: Networks, chaos, and nonlinear dynamics. Chaos: An Interdisciplinary Journal of Nonlinear Science 30 (6).
68. Tripodi P, Nicastro N, Pane C (2022) Digital applications and artificial intelligence in agriculture toward next-generation plant phenotyping. Crop & Pasture Science 74 (6):597-614
69. Varadharajan V, Rajendran R, Muthuramalingam P, Runthala A, Madhesh V, Swaminathan G, Murugan P, Srinivasan H ,Park Y, Shin H (2025) Multi-Omics Approaches Against Abiotic and Biotic Stress—A Review. Plants 14 (6):865
70. Vats S, Kumawat S, Kumar V, Patil GB, Joshi T, Sonah H, Sharma TR, Deshmukh R (2019) Genome editing in plants: exploration of technological advancements and challenges. Cells 8 (11):1386
71. Wang Y, Kong S, Zhou C, Wang Y, Zhang Y, Fang Y, Li G (2025a) A review of deep learning models for the prediction of chromatin interactions

[Downloaded from www.injbr.com on 2025-12-16]

effectiveness research: Will changing the analytical methods change the results? International journal of cancer 150 (12):1933-1940

82. Zhang X, Ibrahim Z, Khaskheli MB, Raza H, Zhou F, Shamsi IH (2024) Integrative approaches to abiotic stress management in crops: combining bioinformatics educational tools and artificial intelligence applications. Sustainability 16 (17):7651
83. Zhang Y, Huang G, Zhao Y, Lu X, Wang Y, Wang C, Guo X, Zhao C (2025) Revolutionizing crop breeding: Next-generation artificial intelligence and big data-driven intelligent design. Engineering 44:245-255.

[Downloaded from www.injbr.com on 2025-12-16]