

Merungkai genetik dan genomik varieti padi berwarna dengan menggunakan teknologi omik dan pendekatan bioinformatik

(Unravelling the genetics and genomics of pigmented rice variety using omics technology and bioinformatics approach)

Rabiatul Adawiah Zainal Abidin, Norliza Abu Bakar, Sew Yun Shin, Shahril Ab Razak dan Sanimah Simoh

Pengenalan

Subspesies dan varieti padi mempunyai kandungan nutrien yang berbeza. Misalnya, varieti padi yang menghasilkan beras berwarna seperti beras hitam dan merah kaya dengan nutrien antioksidan dan folat berbanding dengan padi yang menghasilkan beras putih. Selain itu, padi subspesies *indica* mengandungi kandungan antioksidan yang lebih tinggi berbanding dengan padi subspesies *japonica*. Perbezaan kandungan nutrien antioksidan dan folat antara varieti dan subspesies ini dipengaruhi oleh kehadiran metabolit sekunder, variasi genetik dan faktor transkripsi. Sebagai contoh, penghasilan pigmen hitam pada beras hitam adalah disebabkan oleh kehadiran metabolit sekunder iaitu antosianin. Proses penghasilan antosianin turut dikawal oleh faktor transkripsi iaitu *Kala4*. Penghasilan pigmen merah pula adalah disebabkan oleh pengumpulan metabolit sekunder iaitu proantosianidin. Penghasilan proantosianidin dikawal oleh faktor transkripsi *Rc* dan gen biosintesis DFR.

Hasil kajian seperti di atas menunjukkan kemajuan teknologi platform omik (seperti platform penjujukan, pengenotipan, pemprofilan) dapat merungkai perbezaan kandungan nutrien serta variasi genetik yang terkandung dalam varieti dan subspesies padi. Sebelum kewujudan platform teknologi omik, data genetik dan genomik tanaman adalah terhad dan tidak mudah diperolehi oleh para penyelidik. Ini telah memberi kekangan kepada penyelidik untuk menggunakan data genetik dan genomik bagi suatu spesies atau varieti tanaman untuk diintegrasikan dan diaplikasikan dalam aktiviti pembaikbakaan ciri-ciri tanaman yang berkualiti serta pembangunan varieti baharu. Data genetik dan genomik membantu proses pemilihan varieti seawal usia progeni, mengenal pasti gen sasaran yang boleh dipindahkan daripada satu generasi ke generasi yang lain serta tidak bergantung sepenuhnya dengan ciri fenotip yang dipengaruhi oleh persekitaran.

Integrasi data genetik dan genomik dalam aktiviti pembaikbakaan padi dikenali sebagai *genomic assisted breeding* (GAB), *marker-assisted selection* (MAS) dan *marker-assisted breeding* (MAB). Proses integrasi data menghasilkan maklumat genetik dan genomik yang berskala besar. Oleh itu, pendekatan bioinformatik digunakan untuk menganalisis, mengintegrasikan, mentafsir

dan mengurus data yang kompleks, heterogen, keupayaan celusan serta dimensi tinggi dengan menggunakan kaedah pengkomputeran.

Buat masa ini, data genetik dan genomik bagi varieti padi pigmen Malaysia masih kurang dihasilkan serta tidak mudah diperoleh dalam pangkalan data awam. Terdapat kepentingan data genetik dan genomik bagi varieti padi pigmen Malaysia kepada saintis, iaitu untuk mengetahui variasi genetik dalam kalangan varieti padi pigmen untuk membangunkan penanda molekul berfungsi bagi ciri padi pigmen terpilih dan untuk mengenal pasti proses biologi yang terlibat dalam mekanisme penghasilan pigmen hitam dan merah dalam varieti padi pigmen. Dalam kajian ini, data genetik dan genomik seperti gen, protein, metabolit dan penanda molekul polimorfisme nukleotida tunggal (SNP) bagi varieti padi pigmen telah dihasilkan dengan menggunakan teknologi omik seperti platform penjujukan Illumina dan platform pemprofilan seperti SWATH-MS, GC-MS/MS dan LC-MS/MS. Pendekatan bioinformatik pula telah diaplikasikan untuk menganalisis dan menguruskan data genetik serta genomik bagi varieti padi Malaysia.

Penjujukan genom dan transkriptom enam varieti padi dan pengenalpastian penanda molekul SNP

SNP adalah perbezaan atau perubahan satu bes pada jujukan antara dua atau lebih individu. Pelbagai aplikasi SNP telah digunakan dalam kajian genetik padi seperti untuk mengetahui evolusi antara subspecies padi, pembaikbakaan ciri tekanan abiotik dan biotik dan ciri rendah kandungan amilosa. SNP yang dikenal pasti dalam jujukan transkriptom menjadi sasaran kerana ia diramal mempengaruhi ciri agronomi yang diekspreskan dalam tanaman. Oleh itu, SNP merupakan salah satu penanda molekul yang popular untuk diaplikasikan dalam pembaikbakaan ciri tanaman.

Dalam kajian ciri kandungan nutrien antioksidan dan folat, SNP dikenal pasti daripada jujukan genom dan transkriptom enam varieti padi iaitu dua varieti padi hitam (Bali, Pulut Hitam 9), dua varieti padi merah (MRM 16, MRQ 100) dan dua varieti padi putih (MR 297, MRQ 76). Sampel DNA dan RNA bagi enam varieti padi tersebut diekstrak daripada daun dan biji benih padi matang, masing-masing dan dijujuk dengan menggunakan platform penjujukan generasi hadapan (PGH) Illumina HiSeq 4000. Platform PGH Illumina HiSeq 4000 menghasilkan jujukan genom dan transkriptom yang berkualiti tinggi seperti 30x liputan penjujukan dan 150 pasangan bes (pb) bagi panjang jujukan. Ini kerana panjang jujukan dan liputan penjujukan tersebut mempengaruhi hasil pengenalpastian SNP dan gen.

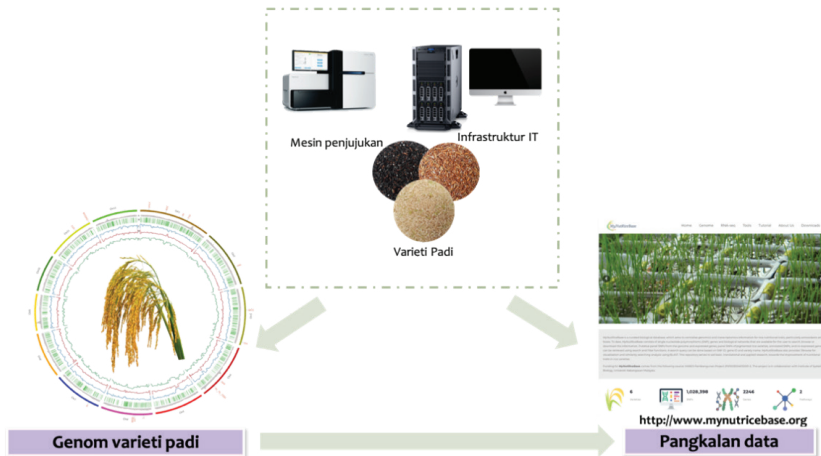
Analisis pemetaan genom dilakukan terlebih dahulu sebelum pengenalpastian SNP dan gen. Genom dan transkriptom enam varieti padi dipetakan ke atas genom rujukan varieti Nipponbare. Hasil pemetaan genom dan transkriptom menunjukkan

peratus pemetaan yang tertinggi ialah varieti MRM 16 (96.73%) berbanding dengan peratus pemetaan varieti padi yang lain. Perbezaan peratusan pemetaan antara genom dan transkriptom dipengaruhi oleh faktor pencapahan genetik antara subspesies *japonica* dan *indica*. Pencapahan genetik ialah suatu proses apabila dua atau lebih individu menjadi kepunyaan dalam spesies yang berbeza atau sama.

Selepas proses pemetaan genom dan transkriptom, SNP dan gen dikenal pasti daripada jujukan pemetaan genom dan transkriptom. SNP dicirikan mengikut kefungisian dan impak SNP iaitu intergenik dan genik. SNP genik amat penting kerana ia terletak dalam jujukan gen dan berpotensi terlibat dalam perubahan fungsi gen. Analisis perbandingan SNP enam varieti padi (Bali, PH9, MRM 16, MRQ 100, MR 297 dan MRQ 76) turut dibandingkan dengan SNP yang terdapat dalam pangkalan data EnsemblPlants Variation yang terdiri daripada 3,000 genom pebagai varieti dan aksesori padi di seluruh dunia. Terdapat 150 SNP yang dikenal pasti unik terhadap enam varieti padi Malaysia dan ini menunjukkan kepelbagaian alel antara enam varieti padi tersebut.

SNP dan gen yang dikenal pasti daripada jujukan genom dan transkriptom enam varieti padi tersebut menjadi sumber kepada pembangunan panel SNP padi Malaysia seperti panel SNP bagi ciri padi berwarna dan panel SNP bagi ciri nutrien flavonoid serta folat. Walaupun telah banyak genom dan transkriptom varieti padi daripada pelbagai subspesies diujuk, namun ia tetap memberi perbezaan dan keunikan genetik antara mereka kerana dipengaruhi oleh faktor geografi dan persekitaran. Selain itu, kajian turut mendapati pencirian SNP genik daripada varieti ras tradisional seperti Bali memberi kepentingan dan manfaat kepada ahli pembaikan baka kerana varieti ras tradisional adalah sumber kepada kepelbagaian gen dan alel berbanding dengan varieti padi moden. Kajian ini juga mendapati gen *Rc* yang terlibat dengan proses domestikasi padi turut mempunyai SNP dalam enam varieti padi tempatan, tetapi mempunyai alel yang sama. Ini menunjukkan proses domestikasi telah berlaku dalam kalangan varieti padi moden Malaysia.

Pelbagai perisian bioinformatik telah digunakan untuk mengenal pasti SNP serta gen dalam enam varieti padi. Setiap perisian bioinformatik berbeza dari segi algoritma serta kesesuaian jenis spesies sama ada bersifat diploid dan tetraploid. Dalam kajian ini, analisis pengenalpastian SNP dan gen dalam enam genom dan transkriptom varieti padi turut dibantu oleh penggunaan infrastruktur teknologi maklumat seperti komputer pelayan yang berkeupayaan tinggi (*Rajah 1*). Ini kerana penghasilan data jujukan genom dan transkriptom adalah berskala besar dan memerlukan komputer pelayan dengan ciri berkeupayaan tinggi, ruang memori dan storan yang mencukupi supaya analisis data dapat berjalan dengan lancar. Selain itu, sistem rangkaian komputer juga sangat penting supaya proses muat naik-turun data dikendalikan dengan lancar.

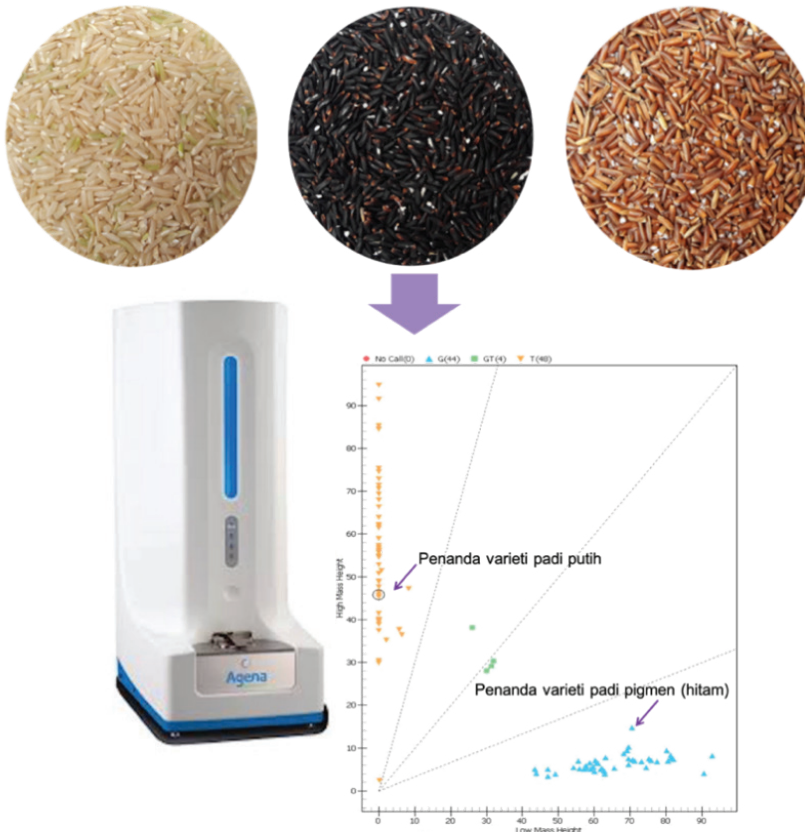


Rajah 1. Variasi genetik yang terdapat pada varieti padi dapat dirungkai dengan menggunakan mesin penjujukan (contoh: PGH Illumina HiSeq 4000) yang menghasilkan data genom dan transkriptom. Bioinformatik digunakan untuk menganalisis data jujukan genom dan transkriptom supaya maklumat genetik dan genomik (contoh: SNP, gen) diperolehi bagi mengetahui variasi genetik yang wujud. Infrastruktur teknologi maklumat merupakan elemen penting yang membantu kaedah bioinformatik berjalan dengan lancar. Pembangunan pangkalan data adalah penting supaya data dan maklumat biomolekul dapat diakses dan dieksploitasi oleh para saintis yang menjalankan penyelidikan padi

Pembangunan penanda molekul polimorfisme nukleotida tunggal (SNP) yang berkaitan dengan ciri padi pigmen

Antara hasil pengenalpastian SNP dalam genom dan transkriptom enam varieti padi ialah 44 SNP genik yang berpotensi sebagai penanda molekul bagi ciri padi pigmen. SNP genik tersebut telah melalui proses pengesahsahihan dengan menggunakan platform pennotipan Agena Mass ARRAY. Penanda molekul padi pigmen dibangunkan supaya dijadikan penanda yang dapat membezakan individu pigmen dan tidak berwarna. Sebanyak 40 varieti padi pigmen dan padi putih yang merupakan koleksi daripada GenBank MARDI, Seberang Prai telah digenotip dengan menggunakan 44 SNP genik yang berpotensi sebagai penanda molekul.

Hasil pennotipan 40 varieti padi tersebut telah menemui dua SNP (chr04_27950862 dan chr11_14673251) yang berpotensi sebagai penanda molekul padi pigmen yang juga berpotensi untuk diaplikasikan dalam pengenalpastian aksesori padi angin (Rajah 2). Ini kerana, ciri pigmen merah pada perikap padi merupakan salah satu ciri yang terdapat pada padi angin.



Rajah 2. DNA daripada daun varieti padi pigmen dan padi putih diekstrak dan digunakan untuk proses penentuan penanda molekul SNP bagi mengetahui SNP yang berpotensi sebagai penanda bagi ciri padi pigmen dan padi putih. Gambar diubah suai daripada Abu Bakar et al. 2020

Pengekspresan gen dalam varieti padi pigmen dan putih

Platform teknologi omik, iaitu penjujukan generasi hadapan (PGH) transkriptomik dan kaedah tindak balas berantai polimerase masa nyata (qPCR) telah digunakan untuk mengenal pasti gen dan faktor transkripsi yang diekspreskan menaik dan menurun dalam varieti padi pigmen dan putih. Hasil kajian pengekspresan gen berjaya mengenal pasti jujukan transkrip unik yang berkaitan dengan biosintesis asid amino dalam varieti padi pigmen merah, manakala jujukan transkrip unik yang dikenal pasti dalam jujukan varieti padi putih adalah berkaitan dengan biosintesis asid lemak tidak tepu. Selain itu, jujukan gen yang diekspreskan dalam varieti padi pigmen turut dicirikan sebagai gen yang terlibat dalam beberapa tapak jalan biosintesis metabolit sekunder seperti tapak jalan phenylpropanoid, terpenoid, flavonoid dan tiamin.

Pemprofilan metabolit sekunder dan mineral bagi merungkai kandungan nutrisi padi dalam varieti padi pigmen dan putih

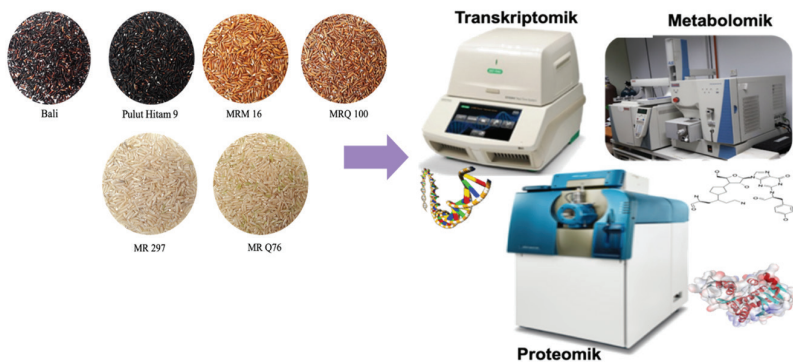
Pemprofilan metabolit sekunder dalam varieti padi turut dijalankan dengan menggunakan platform metabolomik iaitu gas *chromatography mass spectrometry* (GC-MS/MS) dan *liquid chromatography mass spectrometry* (LC-MS/MS) (Rajah 3). Bagi pemprofilan kandungan makro-mikro nutrisi, platform teknologi yang digunakan ialah *inductively coupled plasma mass spectrometry* (ICP-MS) dan *inductively coupled plasma optical emission spectrometry* (ICP-OES).

Analisis pemprofilan metabolit sekunder telah mengenal pasti cyanidin glucoside, ferulic acid diglucoside, rutin dan sinapoyl feruloylgentiobiose sebagai metabolit sekunder yang mempunyai kelimpahan tertinggi dalam varieti padi berwarna hitam dan merah. Pemprofilan metabolit sekunder turut mendapati varieti padi Malaysia juga kaya dengan sterol tumbuhan seperti stigmasterol, campesterol dan β -sitosterol. Metabolit sekunder yang unik iaitu peonidin glucoside, quercetin glucoside dan petunidin glucoside turut ditemui dalam varieti Bali. Hasil penemuan metabolit sekunder yang unik dalam varieti Bali berpotensi dijadikan sebagai penanda bio bagi ciri kandungan antioksidan yang tinggi.

Ujian kandungan fenolik dan tahap aktiviti antioksidan turut dijalankan terhadap dua varieti padi pigmen hitam (Bali, PH9), dua varieti padi pigmen merah (MRM 16, MRQ 100) dan dua varieti padi putih (MR 297, MR Q76). Hasil ujian kandungan fenolik menunjukkan kandungan sebatian fenolik adalah lebih tinggi dalam varieti padi berpigmen (2.2 – 14 kali ganda) berbanding dalam varieti padi putih. Pemprofilan kandungan makro-mikro nutrisi pula menunjukkan varieti padi Bali (pigmen hitam) adalah tinggi kandungan mikronutrien iaitu P, K, Na, Zn dan Mo. Varieti padi MR 297 (putih) pula tinggi kandungan nutrisi Fe dan Mn berbanding dengan lima varieti padi yang lain.

Platform teknologi proteomik untuk merungkai perubahan protein dalam varieti padi berpigmen dan putih

Penjujukan protein dijalankan untuk mengetahui perbezaan protein yang terkandung dalam varieti padi pigmen dan putih dengan menggunakan platform teknologi proteomik iaitu SWATH-MS (Rajah 3). Analisis protein bagi varieti padi pigmen dan putih mendapati protein yang paling tinggi diekspreskan terlibat dalam proses biosintesis nutrisi seperti biosintesis amilosa, biosintesis flavonoid, biosintesis terpena, biosintesis asid lemak, biosintesis sterol dan vitamin (seperti tiamina, riboflavin, folat). Pengenalpastian protein yang terlibat dengan biosintesis nutrisi tersebut turut dikenal pasti dalam jujukan transkrip enam varieti padi melalui kaedah penjujukan transkriptomik. Protein yang diekspreskan unik dalam varieti padi dapat dijadikan sebagai penanda bio yang berkaitan dengan ciri agronomi padi.



Rajah 3. Teknologi platform omik, iaitu transkriptomik, metabolomik dan proteomik yang digunakan untuk merungkai mekanisme serta interaksi yang terlibat dalam penghasilan ciri kandungan nutrien antioksidan

Pembangunan pangkalan data *MyNutRiceBase*

MyNutRiceBase (<http://www.mynutricebase.org>) dibangunkan sebagai pangkalan data untuk menyimpan dan menguruskan data serta maklumat genetik dan genomik yang berkaitan dengan enam varieti padi Malaysia. Data genetik dan genomik padi yang terdapat di dalam *MyNutRiceBase* telah dipilih dan dinilai daripada analisis jujukan genom dan transkriptom enam varieti padi Malaysia. Antara data genetik dan genomik yang disediakan dalam pangkalan data *MyNutRiceBase* ialah SNP berpotensi yang berkaitan dengan ciri padi berwarna, ciri nutrien folat serta ciri padi angin. Selain itu, pangkalan data *MyNutRiceBase* turut menyediakan senarai gen biosintesis yang terlibat dalam penghasilan kandungan nutrien antioksidan dan folat. Pembangunan *MyNutRiceBase* bertujuan sebagai alat perlombongan data bagi kajian GAB, MAS dan MAB. *MyNutRiceBase* akan sentiasa dikemas kini dengan data dan maklumat yang terkini.

Kesimpulan

Teknologi platform omik iaitu genomik, transkriptomik, proteomik dan metabolomik telah menghasilkan data genetik dan genomik iaitu SNP, gen, protein serta metabolit daripada enam varieti padi Malaysia. Penghasilan data genetik dan genomik bagi enam varieti padi dapat membantu memahami mekanisme dan proses biologi yang berlaku dalam penghasilan nutrien antioksidan dan folat dalam padi. Selain itu, data genetik dan genomik adalah dalam skala besar yang memerlukan platform pengurusan data supaya maklumat seperti variasi genetik yang berguna dapat diakses dan digunakan oleh komuniti penyelidikan padi seterusnya untuk diaplikasikan dalam aktiviti pembaikbakaan padi dengan ciri kandungan nutrien seperti antioksidan, folat dan mikronutrien.

Penghargaan

Kajian ini dijalankan di Pusat Penyelidikan Bioteknologi dan Nanoteknologi, MARDI dengan kerjasama Pusat Penyelidikan Padi dan Beras, MARDI yang menggunakan peruntukan projek pembangunan Rancangan Malaysia Ke-11 (RMK-11) (21003004010001-2020-E).

Bibliografi

- Abu Bakar, N., Ab Razak, M.S.F., Zainal-Abidin, R-A., Sew, Y.S. dan Simoh, S. (2020) Discovery and validation of SNPs related to key genes for antioxidant biosynthesis in selected Malaysian rice varieties. *Prosiding Asian Regional Conference on Systems Biology 2020 (ARCSB 2020)*, Februari 2020, Langkawi, Kedah, Malaysia
- Ashokkumar, K., Sivakumar, P. dan Saradhadevi, M. (2018). Identification and determination of naturally occurring folates in grains of rice (*Oryza sativa* L.) by UPLC-MS/MS analysis. *Natural Product Research* 32(14): 1733 – 1737
- Biswas, S.K., Kim, D.E.E., Keum, Y.S.S. dan Saini, R.K. (2018). Metabolite profiling and antioxidant activities of white, red, and black rice (*Oryza sativa* L.) grains. *Journal of Food Measurement and Characterization* 12: 2484 – 2492
- Butardo, V.M., Anacleto, R., Parween, S., Samson, I., de Guzman, K., Alhambra, C.M., Misra, G. dan Sreenivasulu, N. (2017). Systems genetics identifies a novel regulatory domain of amylose synthesis. *Plant Physiology* 173(1): 887 – 906
- Chen, W., Gao, Y., Xie, W., Gong, L., Lu, K., Wang, W., Li, Y., Liu, X., Zhang, H., Dong, H., Zhang, W., Zhang, L., Yu, S., Wang, G., Lian, X. dan Luo, J. (2014). Genome-wide association analyses provide genetic and biochemical insights into natural variation in rice metabolism. *Nature Genetics* 46(7): 714 – 721
- Choi, H.K. (2019). Translational genomics and multi-omics integrated approaches as a useful strategy for crop breeding. *Genes and Genomics* 41(2): 133 – 146
- Clevenger, J., Chavarro, C., Pearl, S.A., Ozias-Akins, P. dan Jackson, S.A. (2015). Single nucleotide polymorphism identification in polyploids: A review, example and recommendations. *Molecular Plant* 8(6): 831 – 846
- Edwards, D., Forster, J.W., Chagné, D. dan Batley, J. (2007). What are SNPs? Dalam. Oraguzie N.C., Rikkerink E.H.A., Gardiner S.E., De Silva H.N. (pynt.). *Association mapping in plants*, hlm. 41 – 52 New York: Springer New York
- Ferguson, J.W.H. (2002). On the use of genetic divergence for identifying species. *Biological Journal of the Linnean Society* 75(4): 509 – 516
- Furukawa, T., Maekawa, M., Oki, T., Suda, I., Iida, S., Shimada, H., Takamura, I. dan Kadowaki, K.I. (2007). The *Rc* and *Rd* genes are involved in proanthocyanidin synthesis in rice pericarp. *Plant Journal* 49(1): 91 – 102

- Huq, A., Akter, S., Nou, I.S., Kim, H. T., Jung, Y. J. dan Kang, K. K. (2016). Identification of functional SNPs in genes and their effects on plant phenotypes. *Journal of Plant Biotechnology* 43(1): 1 – 11
- Lepiniec, L., Debeaujon, I., Routaboul, J.M., Baudry, A., Pourcel, L., Nesi, N. dan Caboche, M. (2006). Genetics and biochemistry of seed flavonoids. *Annual Review of Plant Biology* 57(1): 405 – 430
- Oikawa, T., Maeda, H., Oguchi, T., Yamaguchi, T., Tanabe, N., Ebana, K., Yano, M., Ebitani, T., Izawa, T., Oguchi, T., Izawa, T., Yamaguchi, T., Yano, M., Maeda, H., Ebana, K. dan Oikawa, T. (2015). The birth of a black rice gene and its local spread by introgression. *The Plant Cell* 27(9): 2401 – 2414
- Parida, S.K., Mukerji, M., Singh, A.K., Singh, N.K. dan Mohapatra, T. (2012). SNPs in stress responsive rice genes: validation, genotyping, functional relevance and population structure. *BMC Genomics* 13(1): 426 – 440
- Rauscher, M.D., Lu, Y. dan Meyer, K. (2008). Variation in constraint versus positive selection as an explanation for evolutionary rate variation among anthocyanin genes. *Journal of Molecular Evolution* 67(2): 137 – 144
- Rao, Y., Li, Y. dan Qian, Q. (2014). Recent progress on molecular breeding of rice in China. *Plant Cell Reports* 33(4): 551 – 564
- Rasheed, A., Hao, Y., Xia, X., Khan, A., Xu, Y., Varshney, R.K. dan He, Z. (2017). Crop breeding chips and genotyping platforms: progress, challenges and perspectives. *Molecular Plant* 10(8): 1047 – 1064
- Sweeney, M.T., Thomson, M.J., Pfeil, B.E. dan McCouch, S. (2006). Caught red-handed: *Rc* encodes a basic helix-loop-helix protein conditioning red pericarp in rice. *The Plant cell* 18(2): 283 – 294
- Sew, Y.S., Ahmad, M. A., Abd Rashid, M.R., Abu Bakar, N., Machap, C., Ling, A.C.K., Zainal Abidin, R.A., Rozano, L. dan Simoh, S. (2016). Antioxidant Activities and Microelement Composition of Malaysian Local Pigmented and Non-pigmented Rice Varieties. *Transaction of Persatuan Genetik Malaysia* 3: 205 – 212
- Sew, Y.S., Machap, C., Ahmad, M.A., Abd Rashid, M.R., Abu Bakar, N, Zainal Abidin, R. A., Ling A.C.K., Kamaruzaman, R., Mohd Yusof, M.N. dan Simoh, S. (2017). Metabolite Profiling of Black Pigmented Rice Seeds using Combined Mass Spectrometry-based Techniques. Prosiding Asian Regional Conference on Systems Biology (ARCSB 2017), 20-22 November 2017, Putrajaya Marriot Hotel, Putrajaya, Malaysia
- Sew, Y.S., Wan, M.A. Shahril, A.R, Zainal-Abidin, R-A., Simoh, S dan Abu-Bakar, N. (2020). Comprehensive proteomics data on whole rice grain of selected pigmented and non-pigmented rice varieties using SWATH-MS approach. *Data in Brief* 31(105927): 1 – 5
- Varshney, R.K., Graner, A. dan Sorrells, M.E. (2005). Genomics-assisted breeding for crop improvement. *Trends in Plant Science* 10(12): 621 – 630

- Varshney, R.K., Kudapa, H., Pazhamala, L., Chitikineni, A., Thudi, M., Bohra, A., Gaur, P.M., Janila, P., Fikre, A., Kimurto, P. dan Ellis, N. (2015). Translational genomics in agriculture: some examples in grain legumes. *Critical Reviews in Plant Sciences* 34: 169 – 194
- Zainal-Abidin, R.A., Abu-Bakar, N., Sew, Y.S. dan Sanimah, S. (2018). Single Nucleotide Polymorphism (SNP) Related Databases For The Advancement Of Rice Breeding. *Malaysian Journal Of Biochemistry & Molecular Biology* 3: 37 – 44
- Zainal-Abidin, R.A., Zainal, Z., Mohamed-Hussein, Z.A., Abu Bakar, N., Ab Razak, M., Simoh, S., dan Sew, Y.S. (2020). RNA-seq data from whole rice grains of pigmented and non-pigmented Malaysian rice varieties. *Data in Brief* 30(105432): 1 – 5
- Wei, X., Zhu, X., Yu, J., Wang, L., Zhang, Y., Li, D., Zhou, R. dan Zhang, X. (2016). Identification of sesame genomic variations from genome comparison of landrace and variety. *Frontiers in Plant Science* 7(8): 1 – 12
- Xu, X., Liu, X., Ge, S., Jensen, J.D., Hu, F., Li, X., Dong, Y., Gutenkunst, R.N., Fang, L., Huang, L., Li, J., He, W., Zhang, G., Zheng, X., Zhang, F., Li, Y., Yu, C., Kristiansen, K., Zhang, X., Wang, J., Wright, M., Mccouch, S., Nielsen, R., Wang, J. dan Wang, W. (2012). Resequencing 50 accessions of cultivated and wild rice yields markers for identifying agronomically important genes. *Nature Biotechnology* 30(1): 105 – 111

Ringkasan

Perkembangan teknologi platform omik (seperti genomik, proteomik, metabolomik, transkriptomik dan metabolomik) telah menghasilkan data genetik dan genomik yang membantu saintis untuk merungkai dan memahami mekanisme serta proses biologi yang berlaku dalam pengekspresan ciri-ciri tanaman padi. Pendekatan bioinformatik turut memainkan peranan penting untuk menganalisis dan menguruskan data genetik dan genomik yang dihasilkan melalui platform teknologi omik. Dalam artikel ini, sorotan aplikasi teknologi omik dan pendekatan bioinformatik dihuraikan kerana ia telah digunakan untuk merungkai maklumat genetik dan genomik dalam kalangan varieti padi berwarna MARDI. Sebuah pangkalan data, iaitu *MyNutRiceBase* (<http://www.mynutricebase.org>) turut dibangunkan sebagai pangkalan data digital setempat yang boleh dijadikan sebagai rujukan kepada komuniti penyelidikan padi untuk diaplikasikan dalam program pembaikbakaan padi.

Summary

Recent advances in omics platform technology (i.e. genomic, transcriptomic, proteomic and metabolomic) has produced genetics and genomics data, which facilitate scientists to unravel and comprehend the mechanisms and biological processes that involve in the expression of rice traits. The bioinformatics approach also plays an essential role in analysing and managing genetic and genomic data produced through omics platform. This article highlights the application of omics platform technology and bioinformatics approaches, which have been used to unravel the genetic and genomic information of MARDI pigmented rice varieties. *MyNutRiceBase* (<http://www.mynutricebase.org>) was developed as a one-stop digital database that can be used as a valuable resource for the application in rice breeding programme.

Pengarang

Rabiatul Adawiah Zainal Abidin (Dr.)
Pusat Penyelidikan Bioteknologi dan Nanoteknologi
Ibu Pejabat MARDI, Persiaran MARDI-UPM
43400 Serdang, Selangor
E-mel: rabiatul@mardi.gov.my

Norliza Abu Bakar (Dr.), Sew Yun Shin (Dr.) dan Shahril Ab Razak
Pusat Penyelidikan Bioteknologi dan Nanoteknologi
Ibu Pejabat MARDI, Persiaran MARDI-UPM
43400 Serdang, Selangor

Sanimah Simoh (Dr.)
Pusat Perancangan Strategik dan Pengurusan Inovasi
Ibu Pejabat MARDI, Persiaran MARDI-UPM
43400 Serdang, Selangor

