

## **Pencirian nutrien terkandung dalam varieti padi tempatan melalui kajian teknologi transkriptomik, proteomik dan metabolomik**

(Characterisation of nutrients in local rice varieties using transcriptomic, proteomic and metabolomic studies)

Sew Yun Shin dan Muhamad Ridzuan Abd Rashid

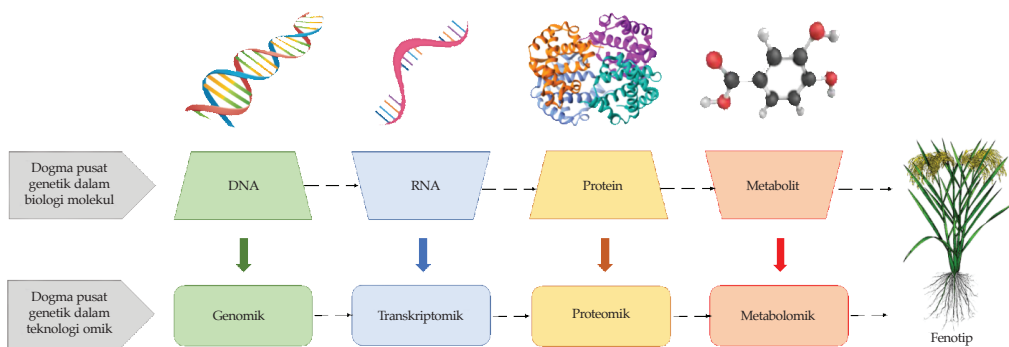
### **Pengenalan**

Tanaman padi dikenali sebagai salah satu komoditi yang paling penting di dunia di mana lebih daripada dua bilion orang bergantung kepada beras sebagai sumber kalori utama mereka. Sehubungan itu, sebarang faktor yang memberi kesan sama ada positif atau negatif terhadap pengeluaran tanaman padi telah mendapat banyak perhatian dan penelitian saintifik. Selain komposisi karbohidrat yang besar, bijirin beras juga kaya dengan protein, mineral, antioksidan, folat, vitamin, asid lemak dan fitosterol. Secara umumnya, padi dikategorikan kepada dua jenis iaitu padi berpigmen dan tidak berpigmen. Kehadiran pigmen semula jadi pada dedak padi yang menyebabkan padi kelihatan berwarna, misalnya pigmen antosianin menyumbang warna hitam atau ungu gelap pada padi hitam, pigmen karotenoid yang menjadikan padi berwarna merah atau coklat. Padi berpigmen semakin mendapat sambutan baik orang ramai berikutan dengan peningkatan kesedaran mengenai cara pemakanan yang lebih bernutrisi pada zaman moden ini.

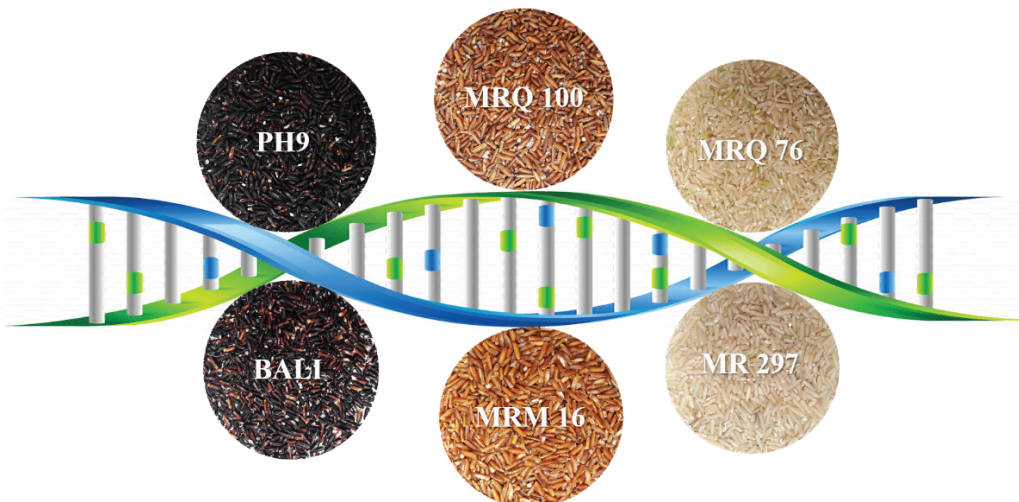
Kajian teknologi omik merupakan satu pendekatan terbaru dalam penyelidikan molekul yang berupaya menghasilkan data biologi yang berpenghasilan tinggi (*high-throughput*) daripada sesuatu sampel biologi atau organisma. Berdasarkan teori dogma pusat genetik (*central dogma*) dalam biologi molekul, aliran maklumat genetik berasal daripada DNA ditranskripsikan kepada RNA yang diterjemahkan untuk menghasilkan protein yang berfungsi sebagai enzim dalam tapak jalan biokimia akan merangsang penghasilan metabolit dan akhirnya fenotip spesifik akan terbentuk pada sesuatu organisma. *Gambar rajah 1* mendemonstrasikan hubungan antara dogma pusat genetik dalam biologi molekul dan teknologi omik. Melalui analisis data teknologi omik, mekanisme molekul sel untuk sesuatu fungsi dalam sampel biologi misalnya dalam pokok padi dapat dikenal pasti dan difahami dan seterusnya membantu dalam menyelesaikan isu dan masalah pertanian seperti kekurangan nutrisi dan kualiti, kerentanan kepada penyakit atau tekanan persekitaran akibat perubahan iklim.

Penghasilan tanaman padi yang berkualiti dan bernutrisi telah menjadi salah satu fokus penyelidikan padi sepanjang Projek Pembangunan MARDI RMK-11 (2016 – 2020). Selaras dengan objektif skop penyelidikan tersebut, Pusat Penyelidikan

Bioteknologi dan Nanoteknologi MARDI telah mengambil inisiatif dalam melombong dan menjana maklumat berkaitan nutrisi tanaman padi yang akan membantu aktiviti pembiakbakaan tanaman padi dengan pendekatan bioteknologi berasaskan teknologi omik. Kajian omik tersebut merangkumi transkriptomik, proteomik dan metabolomik dalam empat varieti padi tempatan berpigmen (pulut hitam atau PH9, BALI, MRM 16 dan MRQ 100) dan tidak berpigmen (MRQ 76 dan MR 297) (*Gambar rajah 2*). PH9 dan BALI merupakan padi berpigmen hitam manakala MRM 16 dan MRQ 100 adalah varieti padi berpigmen merah. Objektif projek tersebut adalah untuk mencirikan gen, protein dan metabolit yang terlibat dalam tapak jalan biosintesis nutrien seperti antioksidan, folat, kanji, vitamin dan asid lemak pada bijirin padi berpigmen dan tidak berpigmen.



*Gambar rajah 1. Hubungan antara dogma pusat genetik dalam biologi molekul dan teknologi omik*

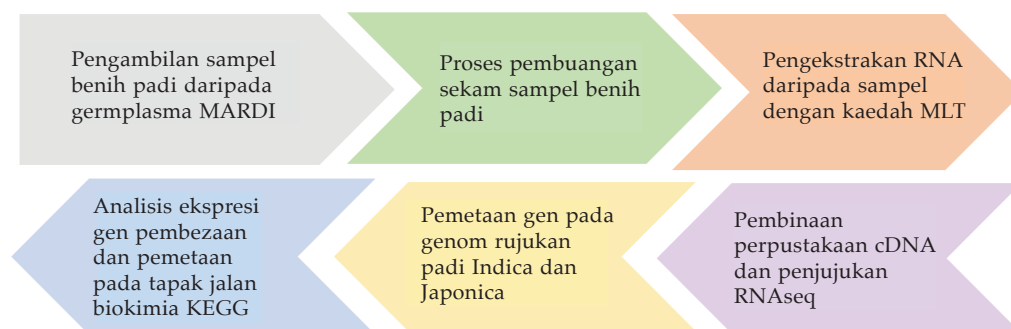


*Gambar rajah 2. Varieti padi terpilih yang berpigmen (PH9, BALI, MRQ 100 dan MRM 16) dan tidak berpigmen (MRQ 76 dan MR 297) untuk kajian transkriptomik, proteomik dan metabolomik*

## **Pencirian nutrien padi tempatan melalui analisis penjujukan transkriptom**

Semenjak projek genom manusia sempurna dilaksanakan, para penyelidik mula mendedahkan landskap transkrip semua gen dalam genom untuk menyiasat lebih lanjut mekanisme fungsian berdasarkan variasi fenotip pada tahap transkripsi seluruh genom. Oleh itu, kajian biologi tentang data omik berkeupayaan tinggi dijalankan dari peringkat genomik ke tahap transkriptomik. Data transkrip termasuk maklumat biologi aktiviti transkripsi gen dalam sel tertentu, tisu dan juga dalam kumpulan sampel di bawah peringkat perkembangan, keadaan persekitaran atau rawatan eksperimen tertentu. Ciri utama data transkriptom merangkumi biomaklumat *temporal-spatial* yang dipengaruhi oleh pelbagai peringkat perkembangan, jenis tisu dan persekitaran dalaman atau luaran peristiwa tumbesaran. Terdapat pelbagai pendekatan yang telah digunakan dalam kajian transkriptom secara menyeluruh termasuk mikroatur cDNA, ekspresi gen berasaskan analisis bersiri (SAGE), penjujukan tandatangan selari secara besar-besaran (MPSS) dan pendekatan terkini yang dikenali sebagai penjujukan RNA berasaskan NGS (RNA-seq). Teknologi RNA-seq yang digabungkan dengan analisis ekspresi gen pembezaan (*differential gene expression analysis*) merupakan strategi penyelidikan yang biasa digunakan pada masa kini dalam kajian biologi pada tahap molekul dan genom.

Untuk kajian transkriptomik, enam varieti padi terpilih (PH9, BALI, MRQ 100, MRM 16, MRQ 76 dan MR 297), pertama sekali RNA dipencilkan dengan kaedah MLT daripada sampel padi yang telah dinyah sekam. Selepas perpustakaan dibina daripada cDNA yang disintesis daripada RNA, penjujukan RNA-seq telah dilakukan dengan mesin Illumina HiSeq 4000 untuk memperoleh data ekspresi semua transkrip dalam setiap sampel daripada setiap varieti padi. Data transkriptom padi seterusnya dipetakan ke genom rujukan *Indica* dan *Japonica*. Anotasi gen dilakukan dengan menggunakan pangkalan data gabungan padi *Indica* dan *Japonica*. Analisis ekspresi pembezaan dan pemetaan tapak jalan biokimia melalui KEGG dilakukan dengan menggunakan perisian bioinformatik. Carta aliran untuk pencirian nutrien padi dengan pendekatan penjujukan RNA-seq adalah seperti dalam *Carta alir 1*. Keputusan daripada analisis data RNA-seq menunjukkan gen yang terlibat dalam biosintesis zeatin, asid amino dan *phenylpropanoid* mempunyai ekspresi yang signifikan tinggi pada padi berpigmen hitam berbanding dengan padi berpigmen merah dan tidak berpigmen. Manakala pada padi berpigmen merah, ekspresi yang signifikan tinggi pada gen yang terlibat dalam biosintesis asid alfa-linolenik, steroid, asid amino (alanina, aspartat dan glutamat) dan asid lemak tidak tepu. Padi tidak berpigmen didapati mempunyai ekspresi gen yang signifikan tinggi pada tapak jalan biosintesis alkaloid (*terpenoid*, *stilbenoid*, *diarylheptanoid*, *isoquinoline* dan *phenylpropanoid*), vitamin B1 (tiamina) dan asid lemak tidak tepu (asid linoleik).

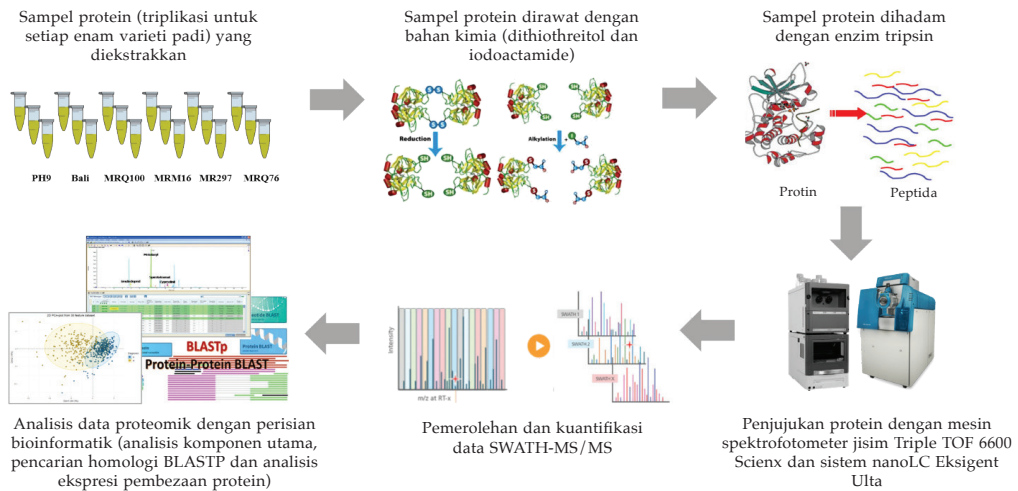


Carta alir 1. Pencirian nutrien sampel padi dengan pendekatan penjujukan RNA-seq

### Pengenalpastian protein berfungsi padi melalui kaedah proteomik spektrometri jisim

Proteomik adalah satu kajian tentang protein dan interaksinya dalam sel sesuatu organisma. Berbanding dengan DNA dan RNA, protein dapat mencerminkan secara lebih tepat keadaan dinamik sel, tisu atau organisma. Oleh itu, data protein telah banyak dilombong untuk tujuan pemantauan, diagnosis dan terapi penyakit pada manusia atau tumbuhan. Kaedah analisis proteomik merangkumi 1D- dan 2D- SDS PAGE elektroforesis gel, BN-PAGE dan teknologi proteomik berkeupayaan tinggi seperti spektrometri jisim (*mass spectrometry*) contohnya LC-MS-MS dan MALDI-TOF/TOF. Pada masa kini, kaedah spektrometri jisim semakin memainkan peranan penting dalam penyelidikan proteomik di mana teknologi proteomik keupayaan tinggi ini digabungkan dengan bioinformatik termaju digunakan untuk pemprofilan protein terkandung dalam sesuatu organisma yang seterusnya membantu dalam pengenalpastian perbezaan proteom akibat perubahan keadaan persekitaran atau jangkitan penyakit melalui pengesanan tandatangan molekul protein di sesuatu tapak jalan lata isyarat.

Disebabkan pencirian nutrien padi berasaskan teknologi proteomik masih berkurangan, analisis proteomik perbandingan antara padi berpigmen dan tidak berpigmen telah dijalankan dengan menggunakan kaedah spektrometri jisim berpandukan analisis SWATH-MS/MS. Protein telah diperolehi daripada enam varieti padi terpilih tersebut dengan kaedah pengekstrakan fenol sebelum protein dirawat dengan *dithiothreitol* dan *iodoacetamide*. Selepas itu, sampel protein dihadam dengan enzim tripsin dan dijujukan dengan spektrometer jisim Triple TOF 6600 ScienX. Akhirnya, data SWATH-MS/MS dikuantifikasikan dan dianalisis dengan perisian bioinformatik BLASTP, Ontologi Gen, analisis komponen utama dan analisis pembezaan ekspresi protein. Ringkasan aktiviti yang terlibat dalam pendekatan teknologi proteomik dalam pencirian nutrien sampel padi adalah seperti dalam *Gambar rajah 3*. Antara protein bercirikan nutrien yang mempunyai ekspresi signifikan dan paling tinggi pada padi berpigmen hitam (PH9 dan BALI) merupakan protein simpanan



Gambar rajah 3. Ringkasan aktiviti penyelidikan dengan penggunaan teknologi proteomik untuk pencarian nutrien sampel padi

benih seperti cupin, germin dan protein biosintesis pigmen seperti sintase kalkon dan leukoantosianin. Manakala padi berpigmen merah (MRM 16 dan MRQ 100) didapati kaya dengan protein yang terlibat dalam biosintesis protein simpanan benih seperti *prolamin* dan *glutelin*, protein fungsian biosintesis kanji seperti enzim sintase kanji terlarut dan *ADP-glucose pyrophosphorylase* dan enzim biosintesis karotenoid seperti *geranygeranyl diphosphate synthase*. Di samping itu, padi tidak berpigmen didapati mempunyai kandungan protein yang signifikan tinggi enzim biosintesis vitamin B1, B2, B6 dan B7 selain enzim biosintesis asid amino misalnya metionin dan arginin, serta enzim biosintesis asid lemak tidak tepu. Protein-protein bercirikan nutrien padi tersebut mempunyai aktiviti antioksidan yang tinggi, membekalkan perlindungan kepada tumbuhan padi terhadap penyakit dan tekanan persekitaran, malah juga sebagai sumber protein bersifat antioksidan untuk pemakanan manusia yang sihat. Kesemua padi berpigmen hitam, merah dan tidak berpigmen masing-masing mempunyai kandungan nutrien yang unik dan tersendiri, berpotensi menjadi makanan fungsian dalam diet seharian manusia.

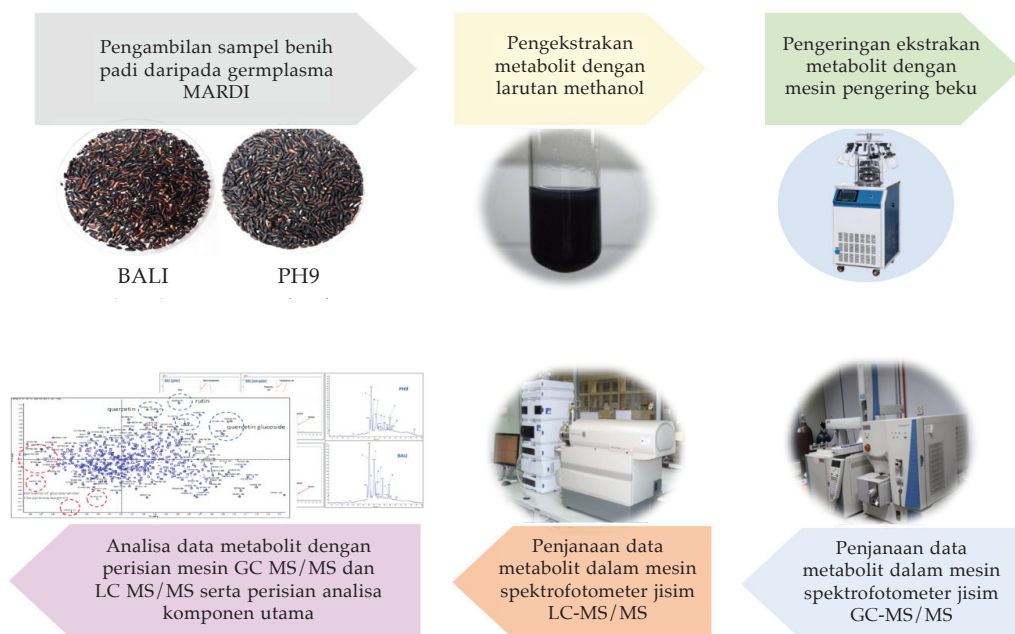
### Penemuan metabolit berkaitan nutrien padi dengan kaedah analisis kromatografi GC-MS-MS dan LC-MS-MS

Metabolomik merujuk kepada pendekatan holistik yang memantau segala metabolit yang terbentuk dalam sesuatu organisma secara menyeluruh bawah pengaruh genetik dan keadaan persekitaran yang tertentu. Dalam bidang biologi tumbuhan, metabolomik mempunyai peranan penting sebagai alat dalam penyelidikan asas untuk menjelaskan fungsi gen yang belum dikenal pasti lagi. Oleh itu, metabolomik mempunyai potensi untuk mentakrifkan

proses selular kerana ia menyediakan ukuran fenotip muktamad organisma seperti yang ditakrifkan oleh sekumpulan molekul kecil yang tahap pengumpulannya diubah sebagai tindak balas kepada genetik dan perubahan alam sekitar dalam ekspresi gen. Pemprofilan metabolit daripada sesuatu organisma umumnya dilakukan dengan dua jenis platform iaitu melalui spektrometer jisim kromatografi gas (GC-MS/MS) dan spektrometer jisim kromatografi cecair (LC-MS/MS).

Penemuan metabolit daripada sampel padi varieti terpilih telah dilakukan dengan kedua-dua platform spektrometer jisim kromatografi gas dan cecair. Untuk kajian metabolit padi melalui platform GC-MS/MS, metabolit telah diekstrak daripada enam jenis sampel padi terpilih yang berbeza untuk perbandingan dengan kaedah metanol/kloroform dua fasa. Kedua-dua pecahan polar dan bukan kutub BALI dan PH9 mempunyai profil kimia yang sama, tetapi berbeza dalam kelimpahannya. Kedua-dua BALI dan PH9 mengandungi bukan sahaja metabolit primer seperti gula, asid amino dan asid organik, tetapi juga beberapa metabolit spesifik seperti N-asetil D glukosamin, 9,19-cyclolanostan-3-ol, asid lemak tak tepu (asid linoleik) dan fitosterol (*stigmasterol*, *β-sitosterol*). Didapati BALI mengandungi *pregnenolone* manakala asid pantotenik dan *campesterol* (*Ergost-5-en-3-ol*) dapat dikesan terutamanya dalam PH9.

Di samping itu, pemprofilan metabolit dengan pendekatan LC-MS/MS telah dijalankan kepada dua sampel padi berpigmen hitam (PH9 dan BALI) untuk perbandingan. Ini disebabkan kedua-dua varieti padi tersebut dijangka mempunyai kandungan metabolit yang bersifat antioksidan yang lebih tinggi berbanding dengan varieti yang lain. Carta aliran aktiviti kajian metabolit sampel padi adalah seperti dalam *Gambar rajah 4*. Secara amnya, sampel bijirin padi dikering beku daripada setiap varieti tersebut (PH9 dan BALI) dan diikuti dengan pengekstrakan metabolit dengan menggunakan lapan pelarut yang berbeza: (1) air deionisasi (2) penampunan pengekstrakan air (WEB) (3) metanol mutlak (100% metanol) (4) etanol mutlak (5) 20% metanol dalam WEB (6) 20% etanol (7) heksana dan (8) heksana dicampurkan dengan tetrahidrofuran (THF). Analisis kromatogram menunjukkan bahawa metanol mutlak merupakan pelarut pengekstrakan metabolit terbaik untuk dua varieti padi tersebut, diikuti oleh 20% metanol dalam WEB, dengan data berkualiti tinggi seperti puncak spesifikasi jisim yang bersih, tajam dan tinggi diperoleh. Kedua-dua ekstrak metanol BALI dan PH9 memberikan corak spektrum jisim yang agak serupa dengan pengesanan metabolit umum bagi kedua-dua varieti tersebut seperti antosianin (*sianidin*, *peonidin*, *petunidin*), flavonoid (*rutin*, *quercetin*, *glucopyronosyl ribopyranosylapigenin*) dan asid hidroksil-sinamat (asid ferulik). Sebatian ini dikelaskan sebagai sebatian berwarna dan merupakan bahan utama yang menyumbang kepada pigmentasi gelap pada bijirin padi varieti tersebut. Secara perbandingan, metabolit yang lebih banyak kandungannya pada



Gambar rajah 4. Ringkasan aktiviti pemprofilan metabolit berkaitan dengan nutrien daripada sampel varieti padi terpilih

bijiran BALI merangkumi peonidin glukosida, rutin dan *glucopyronosyl ribopyranosylapigenin*, manakala PH9 mengandungi lebih banyak *cyandinin glucoside*, *ferullic acid diglucoside*, *quercetin glucoside* dan *petunidin glucoside*.

### Kesimpulan

Pendekatan teknologi omik (transkriptomik, proteomik dan metabolomik) yang berkeupayaan tinggi telah menjanakan maklumat baharu yang sangat membantu dalam pemahaman secara lebih mendalam mengenai sifat kualiti dan nutrisi dalam varieti padi berpigmen dan tidak berpigmen. Dengan integrasi data teknologi omik, ia memberi satu gambaran yang lebih menyeluruh dan tepat mengenai sifat kualiti dan nutrisi padi. Ini seterusnya bakal membantu penanam padi untuk menghasilkan varieti padi baharu yang lebih berkualiti dan tinggi nutrisi, seterusnya dapat meningkatkan nilai pemakanan di kalangan pengguna beras tempatan.

### Penghargaan

Kajian ini dapat dilaksanakan dengan sumbangan dan sokongan kewangan dari Institut Penyelidikan dan Kemajuan Pertanian Malaysia (MARDI) bawah Projek Rancangan Malaysia Ke-11 (Kod Projek: 21003004010001).

## Bibliografi

- Chen, M.-X., Zhang, Y., Fernie, A.R., Liu, Y.-G. dan Zhu, F.-Y. (2020). SWATH-MS-Based Proteomics: Strategies and applications in plants. *Trends in Biotechnology*
- Crick, F. (1970). Central dogma of molecular biology. *Nature* 227(5258): 561 – 563
- DeRisi, J., Penland, L., Bittner, M., Meltzer, P., Ray, M., Chen, Y., Su, Y. dan Trent, J. (1996). Use of a cDNA microarray to analyse gene expression. *Nat. genet.* 14: 457 – 460
- Goufo, P. dan Trindade, H. (2014). Rice antioxidants: phenolic acids, flavonoids, anthocyanins, proanthocyanidins, tocopherols, tocotrienols,  $\gamma$ -oryzanol, and phytic acid. *Food Science and Nutrition* 2(2): 75 – 104
- Gunaratne, A., Wu, K., Li, D., Bentota, A., Corke, H. dan Cai, Y.-Z. (2013). Antioxidant activity and nutritional quality of traditional red-grained rice varieties containing proanthocyanidins. *Food Chemistry* 138(2 – 3): 1153 – 1161
- Kaneda, I., Kubo, F. dan Sakurai, H. (2006). Antioxidative compounds in the extracts of black rice brans. *Journal of Health Science* 52(5): 495 – 511
- Li, B., Ruotti, V., Stewart, R.M., Thomson, J.A. dan Dewey, C.N. (2010). RNA-Seq gene expression estimation with read mapping uncertainty. *Bioinformatics* 26(4): 493 – 500
- Oikawa, T., Maeda, H., Oguchi, T., Yamaguchi, T., Tanabe, N., Eban, K., Yano, M., Ebitani, T. dan Izawa, T. (2015). The birth of a black rice gene and its local spread by introgression. *The Plant Cell* 27(9): 2401 – 2414
- Priya, T.R., Nelson, A.R.L.E., Ravichandran, K. dan Antony, U. (2019). Nutritional and functional properties of coloured rice varieties of South India: a review. *Journal of Ethnic Foods* 6(1): 1 – 11
- Quattrocchio, F., Baudry, A., Lepiniec, L. dan Grotewold, E. (2006). The regulation of flavonoid biosynthesis. *The Science of Flavonoids: Springer*: 97 – 122
- Rapaport, F., Khanin, R., Liang, Y., Pirun, M., Krek, A., Zumbo, P., Mason, C.E., Socci, N.D. dan Betel, D. (2013). Comprehensive evaluation of differential gene expression analysis methods for RNA-seq data. *Genome Biology* 14(9): 1 – 13
- Reinartz, J., Bruyns, E., Lin, J.-Z., Burcham, T., Brenner, S., Bowen, B., Kramer, M. dan Woychik, R. (2002). Massively parallel signature sequencing (MPSS) as a tool for in-depth quantitative gene expression profiling in all organisms. *Briefings in Functional Genomics* 1(1): 95 – 104
- 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. (2016a). Antioxidant activities and microelement composition of Malaysian local pigmented and non-pigmented rice varieties. *Trans. Persatuan Genet. Malays* 3: 205 – 212
- Sew, Y.S., Ahmad, M.A., Abd Rashid, M.R., Abu Bakar, N., Machap, C., Abidin, R.A.Z., Ling, A.C.K., Kamaruzaman, R. dan Mohd, M.N. (2016b). Antioxidant activities, macro-and micro-



- element composition of selected Malaysian local rice varieties. *Transactions of the Genetics Society of Malaysia* 3: 205 – 212
- Sew, Y.S., Aizat, W.M., Ab Razak, M.S.F., 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
- Thompson, L.U. (1994). Antioxidants and hormone-mediated health benefits of whole grains. *Critical Reviews in Food Science & Nutrition* 34(5 – 6): 473 – 497
- Xia, L., Zou, D., Sang, J., Xu, X., Yin, H., Li, M., Wu, S., Hu, S., Hao, L. dan Zhang, Z. (2017). Rice Expression Database (RED): An integrated RNA-Seq-derived gene expression database for rice. *Journal of Genetics and Genomics* 44(5): 235 – 241
- Yamamoto, M., Wakatsuki, T., Hada, A. dan Ryo, A. (2001). Use of serial analysis of gene expression (SAGE) technology. *Journal of Immunological Methods* 250(1 – 2): 45 – 66
- Yang, Y., Dai, L., Xia, H., Zhu, K., Liu, H. dan Chen, K. (2013). Protein profile of rice (*Oryza sativa*) seeds. *Genetics and Molecular Biology* 36(1): 087 – 092
- Zainal-Abidin, R.-A., Zainal, Z., Mohamed-Hussein, Z.-A., Abu-Bakar, N., Ab Razak, M.S.F., Simoh, S. dan Sew, Y.S. (2020a). RNA-seq data from whole rice grains of pigmented and non-pigmented Malaysian rice varieties. *Data in brief* 30: 105432

### Ringkasan

Padi (*Oryza sativa* L.) merupakan salah satu komoditi penting yang menjadi makanan ruji dan sumber kalori kepada lebih daripada dua bilion orang. Bijirin padi kaya dengan pelbagai jenis nutrien selain daripada komposisi karbohidrat yang tinggi. Padi berpigmen khususnya mengandungi antioksidan yang signifikan tinggi daripada padi tidak berpigmen. Dengan peningkatan kesedaran orang ramai mengenai nilai pemakanan beras pada masa kini, maklumat molekul dan genetik varieti padi tempatan perlu diterokai dengan pendekatan teknologi omik yang dapat meningkatkan nilai nutrisi varieti padi tempatan melalui aktiviti pembaikbakaan. Artikel ini melaporkan kajian pencirian nutrien pada enam varieti padi tempatan terpilih dengan pendekatan teknologi omik yang merangkumi transkriptomik, proteomik dan metabolomik. Varieti padi terpilih tersebut ialah padi berpigmen hitam (PH9 dan BALI), padi berpigmen merah (MRM 16 dan MRQ 100) dan padi tidak berpigmen (MRQ 76 dan MR 297). Keputusan keseluruhan kajian transkriptomik, proteomik dan metabolomik menunjukkan bahawa ekspresi gen dan protein serta kandungan metabolit berkaitan dengan nutrien bijirin padi (misalnya antioksidan, vitamin, kanji, protein, antioksidan, folat, vitamin, asid lemak dan fitosterol) adalah berbeza dan unik kepada setiap varieti padi tersebut. Namun, didapati juga kandungan pigmen pada varieti padi merupakan faktor penting yang menentukan jenis dan tahap pengekspresan gen, protein atau metabolit tertentu yang menyumbang kepada kandungan nutrien bijirin padi. Maka, adalah dijangkakan bahawa ilmu molekul baharu mengenai sifat kualiti dan nutrisi padi yang dijana daripada kajian omik ini bakal membantu kerja pembaikbakaan padi pada masa hadapan.

### **Summary**

Rice (*Oryza sativa* L.) is one of the most important commodities in the world where it is a daily diet and source of calories for more than two billion people. Rice grains are rich in a wide variety of nutrients apart from their high carbohydrate composition. Pigmented rice in particular contains significantly higher antioxidant content than non-pigmented rice. Due to the increasing public awareness on the nutritional value of rice nowadays, the molecular and genetic information of local rice varieties need to be explored with the approach of omics technologies, which can help to increase the nutritional value of local rice varieties through breeding activities. This article reports studies related to the characterization of nutrients from a total of six selected local rice varieties using omics technologies approach i.e. transcriptomics, proteomics and metabolomics. The selected rice varieties were black pigmented rice (PH9 and BALI), red pigmented rice (MRM 16 and MRQ 100) and non-pigmented rice (MRQ 76 and MR 297). The overall results of those omics studies indicated that the expression of genes or proteins, as well as the presence of metabolites related to rice grain nutrients (e.g. antioxidants, vitamins, starch, proteins, antioxidants, folates, vitamins, fatty acids and phytosterols) were different and unique to each variety. However, it was also found that rice pigment is an important factor that determines the types and levels of expression of genes and proteins as well as the abundance of metabolites that contribute to a particular nutrient in rice grains. Therefore, it is expected that molecular knowledge on the quality and nutritional properties of rice generated from these omics studies will help the rice improvement works in the future.

### **Pengarang**

Sew Yun Shin (Dr.)

Pusat Penyelidikan Bioteknologi dan Nanoteknologi, Ibu Pejabat MARDI  
Persiaran MARDI-UPM, 43400 Serdang, Selangor  
E-mel: sewyshin@mardi.gov.my

Muhamad Ridzuan Abd Rashid

Pusat Penyelidikan Bioteknologi dan Nanoteknologi, Ibu Pejabat MARDI  
Persiaran MARDI-UPM, 43400 Serdang, Selangor