



e-JURNAL PENYELIDIKAN DAN
INOVASI
ISLAMIC INNOVATION CENTER
FOR TECHNOLOGY, UIS
<https://ejpi.uis.edu.my/index.php/ejpi>
e-ISSN 2289-7909

VOL. 13 NO. 3 (September, 2026)
Page : 142-158
DOI: 10.53840/e-jpi.v13i3.439

Received: 24 July 2026

Accepted: 15 September 2026

Published: 30 September 2026

PEMBANGUNAN PLATFORM DIGITAL AGRIGENOMIK (AgDP): PANGKALAN DATA BERASAKAN PENGETAHUAN SEBAGAI SOKONGAN PENYELIDIKAN DAN PEMBAIKBAKAN DALAM PERTANIAN

DEVELOPMENT OF AGRIGENOMICS DIGITAL PLATFORM (AgDP): A KNOWLEDGE-BASED DATABASE TO SUPPORT AGRICULTURAL RESEARCH AND BREEDING

Rabiatul-Adawiah Zainal-Abidin¹, Mohd Asyraf Bakery² & Mohd Shahril Firdaus Ab-Razak¹ & Rahiniza Kamaruzaman³

¹Pusat Penyelidikan Bioteknologi & Nanoteknologi, Institut Penyelidikan dan Kemajuan Pertanian Malaysia Institute (MARDI), Persiaran MARDI-UPM, 43400 Serdang, Selangor, Malaysia

²Pusat Pengurusan ICT, MARDI, Persiaran MARDI-UPM, 43400 Serdang, Selangor, Malaysia

³Pusat Penyelidikan Padi & Beras, MARDI, Persiaran MARDI-UPM, 43400 Serdang, Selangor, Malaysia

Email: ¹rabiatul@mardi.gov.my, ²asyrafbakery@mardi.gov.my, ¹shahrilf@mardi.gov.my
³rahiniza@mardi.gov.my

ABSTRAK

Perkembangan pesat teknologi era pasca-genomik telah menghasilkan data genomik dan genetik pada skala besar, seterusnya mewujudkan keperluan mendesak terhadap sistem pengurusan data yang efisien, bersistematik dan mudah diakses. Di Institut Penyelidikan dan Kemajuan Pertanian Malaysia (MARDI), para penyelidik memerlukan capaian pantas bagi maklumat tersebut kerana digunakan untuk memacu penyelidikan pertanian khususnya dalam pembangunan penanda molekul, penyuntingan genom dan pembaikbakaan tanaman. Namun begitu, data dan maklumat tersebut sering bertaburan dalam pelbagai format dan terdapat di dalam pelbagai pangkalan data yang berasingan sehingga menjejaskan kecekapan pengurusan data serta menjejaskan sumber tenaga kerja yang optimum. Bagi menangani cabaran tersebut, tiga pangkalan data telah dibangunkan, iaitu MyRiceBase, PapayaNetBase dan CropGDB. Ketiga-tiga pangkalan data tersebut kemudiannya disepadukan dalam sebuah platform digital agrigenomik (AgDP). AgDP dibangunkan sebagai hab rujukan, direktori dan perkongsian maklumat untuk komuniti penyelidikan pertanian. Pembangunan AgDP adalah dengan menggunakan sistem



pengurusan kandungan (CMS) WordPress serta sistem pengurusan pangkalan data (DBMS) MySQL. AgDP menyediakan akses berpusat terhadap pelbagai pangkalan data khusus, iaitu MyRiceBase yang mengandungi data genomik dan genetik padi tempatan, PapayaNetBase yang menyediakan data genomik dan genetik betik dan CropGDB yang menyimpan data genomik serta genetik tanaman tempatan seperti durian dan pisang. Setiap pangkalan data teras ini menyimpan dan mengurus data genomik serta genetik mengikut tanaman dan spesies masing-masing. Inisiatif ini membolehkan pengguna AgDP meneroka, mengakses serta merujuk maklumat berkaitan secara efisien tanpa perlu mencari secara berasingan merentas pelbagai sistem. Hasilnya, pelbagai kategori pengguna yang merangkumi penyelidik, pelajar dan peladang dapat memanfaatkan sumber maklumat tersebut secara efektif untuk pelbagai aplikasi kajian seperti pembangunan cap jari DNA, penyuntingan genom dan pembaikbakaan tanaman.

Kata kunci: agrikultur; genomik; genetik; pangkalan data; pengurusan maklumat

The rapid advancement of post-genomic era technologies has generated large-scale genomic and genetic data. Therefore, efficient, systematic, and easily accessible data and information management systems are urgently needed. At the Malaysian Agricultural Research and Development Institute (MARDI), researchers need rapid access to this information to drive agricultural research, particularly in developing molecular markers, genome editing, and crop breeding. However, this data and information are often scattered across various formats and stored in multiple databases, thereby compromising data management efficiency and optimal workforce resources. To address this challenge, we developed three databases: MyRiceBase, PapayaNetBase, and CropGDB. These three databases have been integrated into an Agrigenomics Digital Platform (AgDP). AgDP serves as a reference hub, directory, and information-sharing platform for the agricultural research community. AgDP was built using the WordPress content management system (CMS) and the MySQL database management system (DBMS). AgDP provides centralised access to multiple specialised databases, namely MyRiceBase, which contains genomic and genetic data on local rice; PapayaNetBase, which provides genomic and genetic data on papaya; and CropGDB, which stores genomic and genetic data on local crops such as durian and banana. Each database stores and manages genomic and genetic data for specific crops. This initiative enables AgDP users to efficiently explore, access, and reference relevant information without searching across multiple systems. As a result, potential users, including researchers, students, and farmers, can effectively utilise these resources for research applications such as DNA fingerprinting development, genome editing, and crop breeding.

Keywords: agriculture; database; genomic; genetic; information management

PENDAHULUAN

Kemajuan dalam bidang bioteknologi telah menghasilkan data genomik dan genetik berskala besar yang mendorong kepada pembangunan platform digital seperti pangkalan data dan sistem pengurusan maklumat supaya data dan maklumat tersebut boleh disimpan, diuruskan dan dikongsi dengan lebih efisien dan sistematik. Selain itu, pembangunan platform digital tersebut berupaya menggantikan penyimpanan dan pengurusan data secara konvensional, iaitu dalam bentuk salinan keras, pemacu pena dan cakera padat. Justeru, pangkalan data dan sistem pengurusan maklumat genomik dan genetik telah menjadi keperluan utama di institut penyelidikan dan universiti. Sebagai contoh, institut penyelidikan di peringkat global seperti European Bioinformatics Institute (EBI) di United Kingdom dan National Genomics Data Center (NGDC) di China telah merintis pembangunan pangkalan data genomik dan genetik sama ada dalam bidang perubatan atau agrikultur.

Sebagai perintis dalam pengurusan data raya genomik dan genetik di China, NGDC telah membangunkan 18 sumber genomik tumbuhan yang dikategorikan sebagai repositori data spesies yang khusus (D. Tian et al., 2024). Antara pangkalan data NGDC seperti GWAS Atlas yang dibangunkan untuk menyimpan data varian merentas pelbagai spesies (Liu et al., 2023), Rice Expression Database (RED) untuk menyimpan profil pengekspresan gen padi (Xia et al., 2017) dan SnpReady for Rice

(SR4R) yang menyimpan data varian bagi kajian populasi dan genetik padi (Yan et al., 2020). Selain NGDC, EBI telah membangunkan pangkalan data Ensembl Genomes yang menyimpan data genom pelbagai organisma merangkumi pelbagai spesies daripada prokariot dan eukariot (Kersey et al., 2009), Expression Atlas yang menyimpan data pengekspressan gen (Moreno et al., 2022) dan European Variation Archive yang menyimpan data varian pelbagai organisma (Cezard et al., 2022).

Pembangunan pangkalan data di China dan United Kingdom telah menyediakan infrastruktur penting yang banyak memberi manfaat kepada komuniti penyelidikan pertanian di peringkat global. Misalnya, pangkalan data genomik dan genetik boleh dijadikan sebagai alat penyelidikan dan pengajaran apabila berbentuk sumber terbuka. Antara manfaat yang diperoleh melalui pangkalan data genomik dan genetik seperti pembangunan reka bentuk ubat-ubatan untuk penyakit manusia, pengenalan penanda bio bagi penyakit berjangkit dan penyuntingan genom tanaman.

Peningkatan jumlah data genomik dan genetik di MARDI telah mendorong kepada pembangunan platform digital supaya data dan maklumat tersebut dapat diakses dan diintegrasikan dengan mudah, efisien serta sistematik. Kebolehcapaian data genomik dan genetik dapat dimaksimumkan apabila diintegrasikan dalam platform digital dan divisualisasi secara interaktif. Integrasi pelbagai jenis data pula adalah lebih komprehensif berbanding data tunggal (Sibilio et al., 2025). Selain itu, visualisasi data telah memudahkan penyelidik menterjemahkan data genomik dan genetik yang kompleks (Gehlenborg et al., 2010). Bagi memanfaatkan data genomik dan genetik tanaman yang telah banyak dihasilkan di MARDI, platform digital agrigenomik (AgDP) (<http://agdp.mardi.gov.my>) telah dibangunkan sebagai hab dan direktori yang menyepadukan pelbagai pangkalan data agrigenomik sedia ada di MARDI. Buat masa ini, tiga pangkalan data agrigenomik, iaitu MyRiceBase, PapayaNetBase dan CropGDB telah dihubungkan melalui AgDP. Pelbagai jenis data genomik dan genetik seperti gen, protein dan varian telah dikumpul, dianalisis dan dihubungkan melalui indeks rujukan seperti identiti gen, nama gen, identiti varian dan nama protein.

Kertas kerja ini membentangkan pengenalan mengenai AgDP serta peranannya sebagai hab dan direktori bagi pangkalan data genomik dan genetik bagi tanaman tempatan. Di samping itu, aplikasi AgDP dalam penyelidikan pertanian, analisis perbandingan antara AgDP dengan platform digital pertanian lain serta penerapan prinsip FAIR (*Findable, Accessible, Interoperable, Reusable*), iaitu boleh dicari, boleh diakses, boleh dikendalikan dan boleh diguna semula dalam aliran kerja pembangunan sistem turut dibincangkan. Akhir sekali, kertas kerja ini mengulas hala tuju AgDP dalam memperkasakan ekosistem bioteknologi pertanian di Malaysia.

SOROTAN KAJIAN

Platform Digital Agrikultur dan Agrigenomik

Pendigitalan dalam bidang pertanian telah menarik perhatian ramai pihak sejak kebelakangan ini kerana didorong oleh perkembangan internet kebendaan (*internet of things*), data raya (*big data*) dan kecerdasan buatan (*artificial intelligence*). Pendigitalan dalam bidang pertanian amat penting kerana inovasi yang dibangunkan dapat meningkatkan hasil dan produktiviti tanaman seterusnya berupaya menangani cabaran sekuriti makanan. Menurut Runck et al., (2021), agrikultur digital merujuk kepada teknologi yang mengumpul, menyimpan, menganalisis dan perkongsian maklumat secara digital merentasi rantai nilai pertanian. Ekosistem ini merangkumi pengumpulan data di ladang, penghantaran data di ladang dengan menggunakan alat digital seperti IoT atau pengkomputeran awan dan pangkalan data yang menghubungkan data kepada perisian analitik sebagai pembuat keputusan. Transformasi tersebut dipercayai berupaya memperkasakan petani dan peladang bagi menguruskan operasi mereka dengan lebih berkesan dan sistematik sekali gus memastikan pengurusan ladang yang kos efektif.

Beberapa institut di peringkat antarabangsa telah membangunkan platform digital agrikultur seperti D4AgPH (<http://d4agph.da.gov.ph/>) yang dibangunkan melalui kerjasama di antara *International Rice Research Institute* (IRRI) dan Department of Agriculture Rice Industry Development Program (DA-RID) dan Philippine Rice Research Institute (PhilRice). D4AgPH berfungsi sebagai pangkalan data yang menyenaraikan maklumat perkhidmatan pertanian digital supaya jurang dalam rantai nilai agromakanan dapat dikecilkan serta merangsang penggunaan platform digital dalam pertanian dengan lebih meluas. Selain itu, *Alliance of Bioversity International* dan CIAT turut menyediakan platform bersepadu bagi pemantauan di lapangan dan sebagai pembuat keputusan dalam pertanian

(<https://alliancebioiversityciat.org/tools-innovations>). Pangkalan data NextGenAgroadvisory (<https://nextgenagroadvisory.com/>) pula menyediakan khidmat nasihat khusus kepada petani mengenai taburan iklim, penggunaan baja dan pengawasan perosak di Ethiopia. Selain itu, aplikasi MrBean (https://beanteam.shinyapps.io/MrBean_BETA/) menyediakan alatan statistik untuk menganalisis data agronomi dan memilih genotip dengan menggabungkan maklumat genotip dan fenotip. Di Jepun, JIRCAS (<https://www.jircas.go.jp/en/database>) telah mewujudkan gerbang sumber genetik secara digital yang merangkumi pelbagai spesies seperti mangga, tebu, dan ubi bagi menggalakkan penggunaannya dalam program pembaikbakaan. Selain itu, konsortium AgBioData (<https://www.agbiodata.org/databases>) di Amerika Syarikat telah mengumpulkan 45 pangkalan data biologi untuk penyelidikan pertanian.

Antara manfaat platform digital agrikultur ialah dapat mengoptimumkan operasi di peringkat ladang dan mempercepat rantai nilai. Manfaat platform digital agrigenomik pula menyediakan rangka tindakan berpacuan data genomik dan genetik yang penting untuk pembaikbakaan tepat. Kedua-dua ekosistem digital ini berupaya mengekang amalan kerja secara silo dan tradisional di antara penyelidikan makmal dan aplikasi lapangan. Seterusnya, membolehkan pendekatan yang lebih holistik terhadap pembaikbakaan tanaman.

Pangkalan Data Genomik dan Genetik

Pangkalan data genomik dan genetik berfungsi sebagai penyimpanan data dan maklumat dalam bentuk digital yang boleh diakses secara dinamik serta dimuat turun untuk kegunaan dalam penyelidikan. Asas pangkalan data ialah sistem pengurusan pangkalan data (*DBMS*), yang menyediakan struktur untuk menyimpan, memperoleh dan mengurus set data. Pelbagai jenis *DBMS* yang boleh dipilih oleh pembangun pangkalan data seperti seperti MySQL, PostgreSQL, dan MariaDB. Ketiga-tiga *DBMS* tersebut digunakan secara meluas dalam pembangunan pangkalan data genomik dan genetik kerana keupayaannya untuk mengendalikan hubungan data yang kompleks melalui bahasa pertanyaan berstruktur (SQL). Melalui *DBMS*, data-data genomik dan yang heterogen disusun ke dalam jadual-jadual yang saling berhubung. Sebagai contoh, varian genomik dikaitkan dengan ciri-ciri fenotip serta fungsi gen. MySQL merupakan contoh *DBMS* yang menggunakan integriti dan indeks data berkelajuan tinggi supaya untuk pemerolehan dan visualisasi data masa nyata dapat diberikan dalam tempoh yang berpatutan.

Pembangunan pangkalan data genomik dan genetik telah berkembang mengikut arus semasa yang bermula dengan kod pengaturcaraan seterusnya beralih kepada penggunaan *CMS* dengan rangka kerja web yang lebih mesra pengguna. WordPress dan Joomla merupakan antara jenis *CMS* yang kerap digunakan dalam pembangunan pangkalan data biologi kerana menyediakan pilihan antara muka yang mesra pengguna, ekosistem pelbagai *plugin* dan keupayaan mengurus kandungan yang cekap yang membolehkan biokurator mengemas kini maklumat tanpa pengetahuan pengaturcaraan yang mendalam (Savan et al., 2011). Bagi keperluan yang lebih kompleks, pembangun pangkalan data boleh menggunakan kod pengaturcaraan berprestasi tinggi seperti Laravel dan PHP.

Antara manfaat utama pangkalan data genomik dan genetik kepada penyelidik ialah keupayaannya untuk mempercepatkan penemuan dan pengenalpastian secara setempat berbanding pencarian pelbagai jenis maklumat dalam pelbagai pangkalan data. Melalui pangkalan data genomik dan genetik sejumlah besar data dan maklumat disediakan dalam format yang mudah dicapai dan difahami bagi membolehkan para saintis mengenal pasti gen dan penanda molekul tanpa memerlukan eksperimen yang berulang dan kos yang tinggi. Selain itu, pangkalan data genomik dan genetik memperkasakan penyelidik untuk menggunakan data mentah kepada proses guna semula bagi mengoptimumkan peralihan daripada penemuan makmal kepada aplikasi praktikal di lapangan serta memastikan pengetahuan saintifik kekal teratur dan boleh diakses secara global.

Pelbagai pangkalan data genomik dan genetik yang berkaitan dengan spesies buah-buahan telah dibangunkan seperti Genome Database for Rosaceae (<https://www.rosaceae.org/>), Vaccinium Genome Database (<https://www.vaccinium.org/>), dan MusaBase (<https://www.musabase.org/>) untuk penyelidikan pisang. Fokus terkini dalam pembangunan pangkalan data agrigenomik telah beralih ke arah pangkalan data yang menggabungkan data genotip dan fenotip seperti CropGS-Hub (Chen et al., 2024) dan Ruminant Genome Database (RGD) (Fu et al., 2022) bagi menghasilkan maklumat yang komprehensif, seterusnya memudahkan strategi pemilihan genomik dan pembaikbakaan tepat.

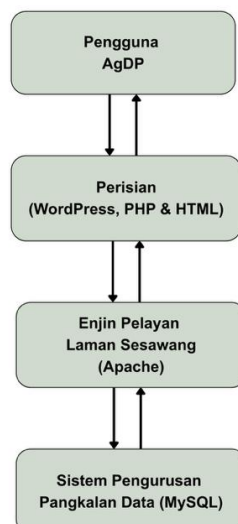
Penerapan Prinsip FAIR dalam Pangkalan Data Genomik dan Genetik

Penerapan prinsip FAIR (*Findable, Accessible, Interoperable, and Reusable*) (mudah dicari, boleh diakses, boleh dikendalikan dan boleh diguna semula) telah menjadi piawai bagi pembangunan pangkalan data genomik dan genetik (Sansone et al., 2019). Penerapan prinsip FAIR dalam pembangunan pangkalan data genomik dan genetik bertujuan memelihara kelestarian data terutamanya untuk jangka masa yang panjang. Sebagai contoh, setiap data yang tersimpan diperincikan dengan metadata serta kod identiti yang unik supaya boleh difahami dengan mudah serta saling boleh dikendalikan apabila dianalisis secara teknik pengkomputeran (Garcia et al., 2019). Pengurus data atau biokurator akan memastikan prinsip FAIR diaplikasikan dalam pembangunan pangkalan data. Ketelitian ini akan mengelakkan kehilangan maklumat eksperimen yang bernilai serta memudahkan integrasi data berskala besar daripada pelbagai spesies yang berbeza. Beberapa pangkalan data terkemuka telah mempelopori penerapan prinsip FAIR seterusnya menjadi model bagi komuniti tersebut.

Sebagai contoh, *UniProt Knowledgebase* (UniProtKB) menyediakan jujukan protein berkualiti tinggi yang telah anotasi dengan kod identiti serta rujukan silang yang luas sehingga data-data protein UniProtKB boleh diintegrasikan dengan sumber lain (Uniprot Consortium et al., 2025). Selain itu, *EnsemblGenome* menggunakan piawai API dan sistem koordinat sepunya untuk memastikan anotasi genomik mudah dicapai dan diguna semula (Zerbino et al., 2018). Dalam bidang genomik pertanian, konsortium *AgBioData* secara aktif mempromosikan prinsip FAIR merentasi pelbagai pangkalan data. Sebagai contoh, *Genome Database for Rosaceae* yang menggunakan deskriptor dan skema metadata bagi memastikan data-data tersebut kekal konsisten serta boleh dibandingkan merentasi kajian yang berbeza (Harper et al., 2018). Komitmen terhadap prinsip FAIR dapat mengurangkan halangan dalam perkongsian data dan mempercepatkan penterjemahan dapatan genomik dalam skala makmal kepada inovasi pertanian yang boleh diaplikasi di lapangan.

REKA BENTUK KAJIAN

Kerangka AgDP telah dibina dengan menggunakan sistem pengurusan pangkalan data (*DBMS*) MySQL versi 9.7 dan sistem pengurusan reka bentuk laman sesawang WordPress versi 7.0.2. WordPress berfungsi sebagai antara muka bagi memaparkan data secara dalam talian. Bahasa pengaturcaraan Hypertext Preprocessor (PHP5) dan Hypertext Markup Language (HTML5) bertindak sebagai aturcara yang menerima dan menghantar permohonan pencarian data daripada pengguna kepada MySQL dengan menggunakan enjin pelayan Apache versi 2.4.29. Rajah 1 menunjukkan carta alir penerimaan dan penghantaran data yang menghubungkan MySQL, Apache dan WordPress melalui proses berikut, iaitu iaitu 1) pengguna menghantar permintaan melalui antara muka laman sesawang, 2) permintaan diterima, diproses dan dihantar ke MySQL oleh PHP, HTML dan Apache, 3) MySQL menerima dan memproses permintaan dan menghantar kembali kepada pengguna.



Rajah 1: Carta Alir Penerimaan dan Penghantaran Data yang Melibatkan Dua Enjin Utama, iaitu Apache dan MySQL

DAPATAN KAJIAN

Dalam kajian ini, AgDP berperanan sebagai pusat sehati, hab dan direktori bagi pangkalan data genomik dan genetik tanaman yang telah dibangunkan di MARDI. AgDP boleh diakses melalui pautan berikut (<http://agdp.mardi.gov.my>). Reka bentuk laman utama AgDP dibangunkan secara strategik yang sejajar dengan prinsip estetika, iaitu memberi tumpuan kepada penyelarasan imej, tipografi, susun atur, warna dan kontras (Tengku Wook et al., 2025). Objektif utama dalam pembangunan reka bentuk laman sesawang adalah untuk mengekalkan reka bentuk dan warna yang seragam di seluruh antara muka, memastikan panel atas, bawah dan sisi kekal konsisten di semua halaman supaya pengguna melayari AgDP dengan lebih mudah dan konsisten. Spesifikasi reka bentuk muka hadapan AgDP mengutamakan penjenamaan profesional, iaitu menggunakan visual rentang dengan identiti tanaman (Rajah 2).

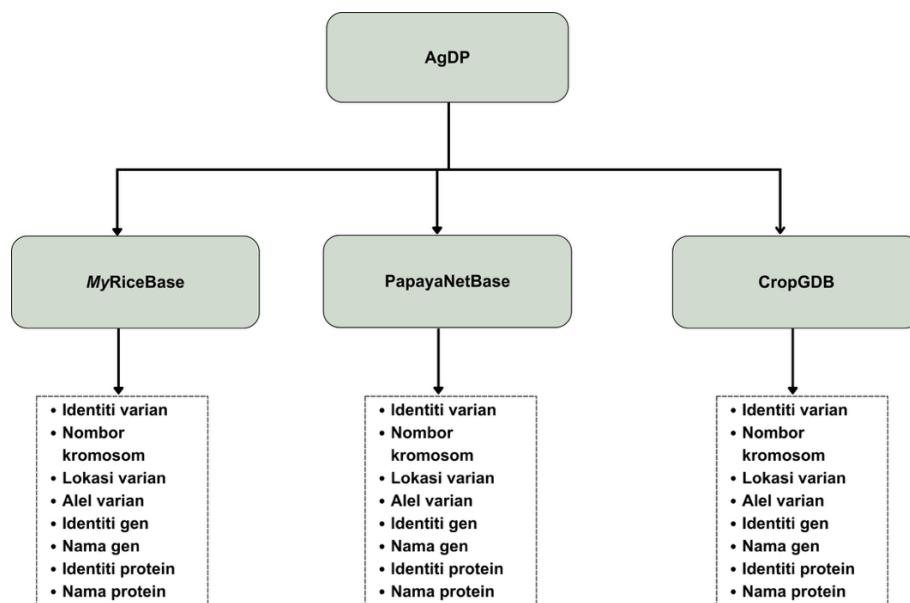


Rajah 2: Laman Utama Platform Digital Agrigenomik (AgDP)

Sebagai penjenamaan profesional, reka bentuk laman utama AgDP menggunakan tiga warna iaitu hijau, putih dan coklat muda (Rajah 2). Selain itu, AgDP menggunakan warna putih sebagai warna latar yang dominan bagi meningkatkan kebolehbacaan. Skema warna minimalis pula dapat memastikan antara muka kemas dan tersusun serta tidak terlalu membebankan mata pengguna semasa melayari AgDP. Pemilihan warna hijau mencerminkan fokus kandungan platform ini adalah dalam bidang

agrikultur. Penggunaan warna perang muda menyediakan warna kontra yang membantu penyusunan visual maklumat.

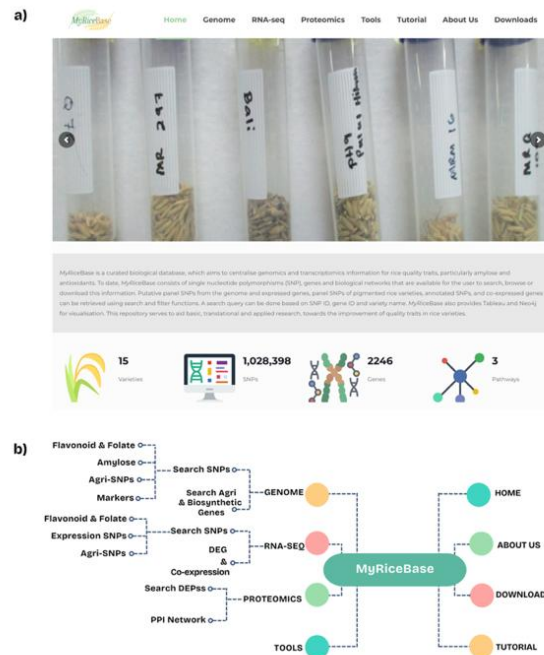
Buat masa ini, AgDP menyediakan pautan kepada tiga jenis pangkalan data tanaman, iaitu *MyRiceBase* (padi), *PapayaNetBase* (betik) dan *CropGDB* (Rajah 3). Bagi menyokong konsep sains terbuka dan data terbuka, *MyRiceBase* dan *PapayaNetBase* telah didaftarkan dalam *re3data.org*, iaitu platform pendaftaran repositori data-data saintifik secara digital supaya dapat memberi manfaat kepada komuniti penyelidikan di peringkat global. Komitmen tersebut menunjukkan bahawa AgDP mematuhi piawaian global untuk kebolehcapaian dan kelestarian AgDP dalam perkongsian data-data saintifik terutamanya data-data berkaitan dengan penyelidikan bioteknologi pertanian. Selain itu, kandungan AgDP turut dilengkapi dengan maklumat kemas kini laman dari semasa ke semasa supaya memastikan pengguna mengetahui tentang sumber baharu yang diindeks apabila mereka melayari AgDP. Maklumat kemas kini tersebut boleh didapati melalui fungsi “Latest Updates & News” (Rajah 2).



Rajah 3: Pautan antara platform utama AgDP dengan pangkalan data teras

Pembangunan *MyRiceBase*

Pangkalan data *MyRiceBase* (<http://myricebase.mardi.gov.my>) merupakan pangkalan data genomik dan genetik padi yang bercirikan sumber terbuka (Rajah 4). *MyRiceBase* diintegrasikan dengan data genomik dan genetik daripada 17 varieti padi yang telah dibangunkan oleh MARDI. Latar belakang genetik bagi 17 varieti padi tersebut turut disediakan kepada pengguna supaya pengguna dapat mengetahui salasilah varieti padi tempatan. Maklumat genomik dan genetik yang terkandung dalam *MyRiceBase* ialah gen, protein, varian dan tapak jalan biologi telah dikenal pasti melalui kajian genom dan transkriptomik padi (Zainal-Abidin et al., 2019; Zainal-Abidin et al., 2023; Sew et al., 2023). Ciri-ciri padi yang terdapat dalam *MyRiceBase* ialah kualiti (pigment, kandungan amilosa dan indeks glisemik).



Rajah 4: Laman Utama dan Peta Laman MyRiceBase

Bagi memastikan kebolehpercayaan data dan maklumat genomik serta genetik ini turut diintegrasikan dengan maklumat daripada pelbagai pangkalan data awam, iaitu GWAS Atlas (<https://ngdc.cncb.ac.cn/gwas/>), RAP-DB (<https://rapdb.dna.affrc.go.jp/>), QTL-Taro (<http://qtaro.abr.affrc.go.jp/>), dan FunRiceGenes (<https://funricegenes.github.io/>). Jadual 1 menunjukkan contoh aplikasi MyRiceBase yang boleh dimanfaatkan oleh penyelidik dan pelajar dalam aliran kerja dan penyelidikan seperti pembangunan penanda molekul dan pembaikbakaan padi.

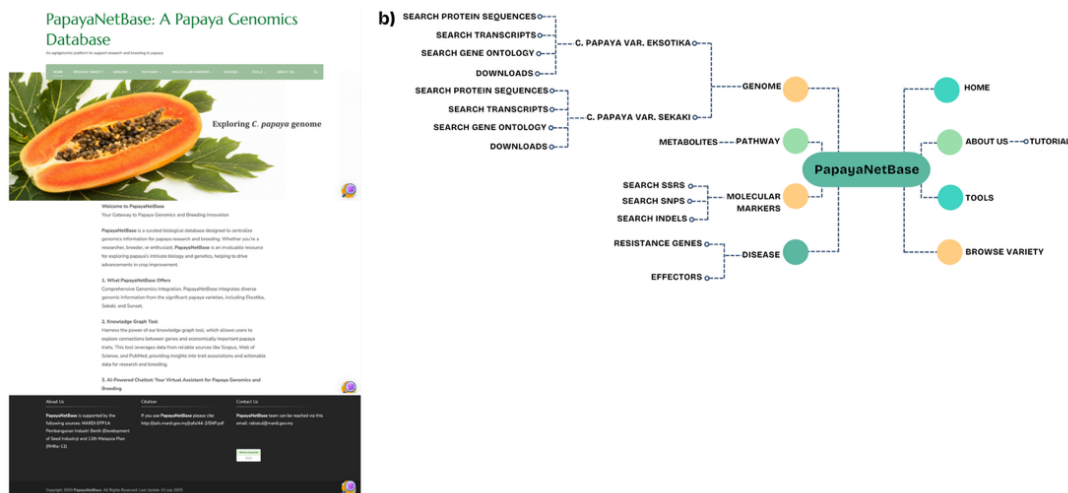
Jadual 1: Contoh Penggunaan MyRiceBase

Penyelidik/Pelajar	Penyelesaian MyRiceBase	Ahli Pembaikbaka	Penyelesaian MyRiceBase
Untuk mencari penanda DNA yang berkait rapat dengan ciri pigment.	Gunakan fungsi 'Search Putative SNPs'. Kenal pasti SNP tertentu dalam gen yang berkaitan dengan warna pigmentasi.	Pemilihan varieti padi	Petani dibekalkan dengan varieti baharu yang dan ingin menguji persamaan dengan varieti tempatan kegemaran berhasil tinggi (seperti MR297).
Untuk mengenal pasti penanda DNA yang sesuai digunakan bagi penggenotipan varieti padi dengan ciri-ciri amilosa.	Gunakan fungsi 'Search Markers'. Dapatkan senarai SNP yang berkaitan dengan gen amilosa.	Pembaikbaka boleh menggunakan penanda SNP untuk menyaring ribuan pokok padi dengan pantas dan tepat bagi ciri yang dikehendaki seperti kandungan amilosa yang tinggi	Gunakan fungsi 'Search Markers'. Dapatkan senarai SNP tersahih yang berkaitan dengan gen pigmentasi.
Muat turun data untuk analisis varieti padi	Gunakan jadual SNP atau gen yang boleh dimuat turun secara pukal dan dianalisis secara perbandingan genomik		

Penyelidik/Pelajar	Penyelesaian <i>MyRiceBase</i>	Ahli Pembaikbaka	Penyelesaian <i>MyRiceBase</i>
	bagi menghasilkan laporan ringkas.		

Pembangunan PapayaNetBase

PapayaNetBase (<http://cpedb.mardi.gov.my>) merupakan pangkalan data genomik dan genetik betik yang dibangunkan sebagai hab berpusat bagi komuniti penyelidikan betik global (Zainal-Abidin et al., 2022) (Rajah 3). Sebagai sebuah pangkalan data, PapayaNetBase mengandungi maklumat genom bagi varieti betik tempatan, iaitu Eksotika dan Sekaki. Selain itu, maklumat gen, protein, metabolit, tapak jalan dan penanda molekul turut terdapat dalam PapayaNetBase. Maklumat genetik betik pula merangkumi penanda molekul seperti SNP, SSR, dan InDel. PapayaNetBase menyediakan tujuh fungsi kepada pengguna seperti “Genome”, “Pathway”, “Molecular Markers”, “Disease”, “Tools” dan “Browse Variety”. Fungsi “Browse Variety” merupakan aplikasi pembaikbakaan yang menyediakan maklumat kultivar dan varieti betik (Rajah 5). Antara objektif pembangunan PapayaNetBase adalah untuk menggalakkan sains terbuka dan data terbuka supaya komuniti penyelidikan betik dari seluruh dunia boleh berkongsi data genomik dan genetik beti, seterusnya mempercepatkan penemuan. Secara tidak langsung menunjukkan bahawa repositori digital memainkan peranan sebagai alatan kerjasama penting bagi komuniti betik yang meluas yang merangkumi penyelidik, peladang dan pihak berkepentingan industri.



Rajah 5: Laman Utama dan Peta Laman PapayaNetBase

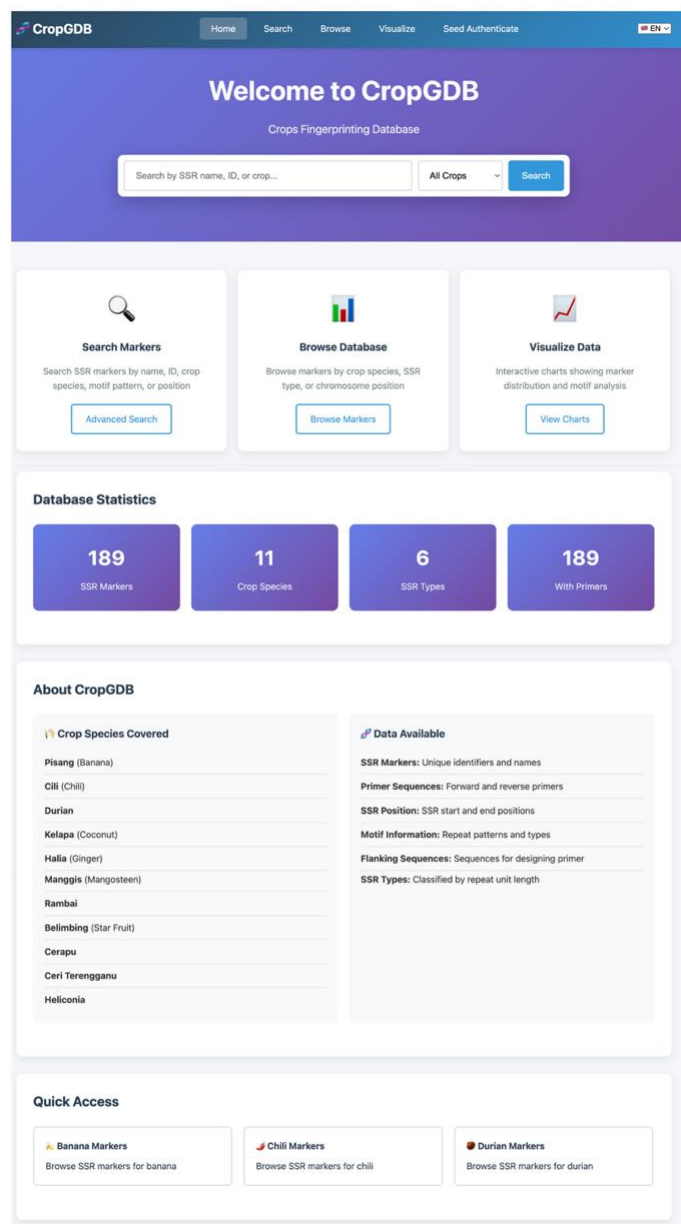
Menerusi PapayaNetBase, penyelidik dan pelajar boleh mengenal pasti gen yang berkaitan dengan terhadap ciri pemasakan, ketahanan terhadap kemarau dan kualiti buah. Seterusnya, membolehkan PapayaNetBase berfungsi sebagai sistem pembuat keputusan berpandukan data genomik dan genetik. Antara ciri unik PapayaNetBase ialah bot sembang AI, iaitu pembantu maya pintar yang direka untuk meningkatkan interaksi pengguna. Bot sembang tersebut menyediakan maklum balas secara automatik dan segera dalam Bahasa Inggeris dan Bahasa Melayu. Antara topik yang boleh diajukan kepada bot sembang AI PapayaNetBase adalah mengenai penanaman dan pengurusan betik, kawalan penyakit dan perosak serta tren ekonomi semasa dan status pasaran. Peladang khususnya memperoleh manfaat daripada ciri ini melalui akses segera yang mengurangkan kos perundingan dan meminimumkan keperluan lawatan ahli agronomi ke tapak secara kerap. Jadual 2 menunjukkan contoh penggunaan PapayaNetBase yang boleh diaplikasikan oleh penyelidik, pelajar dan peladang.

Jadual 2: Contoh Penggunaan PapayaNetBase oleh Penyelidik dan Peladang

Penyelidik/Pelajar	Penyelesaian PapayaNetBase	Peladang	Penyelesaian PapayaNetBase
Mengenal pasti gen dan protein yang terlibat dalam mekanisme pemasakan buah	Calon gen atau protein yang terlibat dalam mekanisme pemasakan buah	Peladang mencari maklumat mengenai varieti betik yang ditanam di Malaysia	Chatbot AI akan menjana senarai varieti betik yang sesuai untuk penanaman di Malaysia
Mengenal pasti penanda molekul SNP/SSR dalam gen yang berkaitan dengan ciri-ciri ketahanan penyakit atau kualiti buah	Senarai SNP dan gen yang berkaitan dengan ciri-ciri ketahanan penyakit atau kualiti buah disenaraikan dalam format jadual	Mencari varieti betik yang sesuai untuk pelbagai jenis tanah	Chatbot AI akan mencadangkan varieti betik yang sesuai mengikut jenis tanah
Mengenal pasti jujukan gen atau transkrip betik untuk analisis perbandingan genomik	Data jujukan gen dan transkrip betik dimuat turun secara pukal	Amalan terbaik penanaman betik	Chatbot AI akan mengesyorkan amalan terbaik untuk penanaman betik

Pembangunan CropGDb

CropGDb (<http://cropgdb.mardi.gov.my>) ialah pangkalan data penanda DNA bagi 11 spesies tanaman seperti pisang, cili, durian, kelapa, manggis dan belimbing (Rajah 6). Setiap penanda DNA tersebut mengandungi metadata seperti nama penanda, kedudukan genomik, motif ulangan, dan kelas SSR. Antara aplikasi CropGDB adalah dalam pembangunan penanda molekul dan program pembiakbakaan molekul. Sebagai contoh, CropGDB menyediakan penanda DNA bagi pisang yang boleh digunakan dalam pembangunan cap jari DNA. Antara kegunaan cap jari DNA ialah sebagai perlindungan harta intelek varieti. Selain itu, penanda DNA tersebut boleh digunakan dalam ujian ketulenan benih. Antara ciri dan fungsi yang tersedia dalam CropGDb terkandung dalam Jadual 3.



Rajah 6. Laman Utama CropGDB

Jadual 3: Ciri yang Tersedia dalam CropGDB

Ciri	Penerangan
“Search Markers”	Pengguna boleh mencari penanda DNA menggunakan kriteria seperti nama SSR, ID, spesies tanaman, corak motif atau kedudukan.
“Browse Database”	Pengguna boleh meneroka penanda DNA mengikut spesies tanaman, jenis SSR atau kedudukan kromosom. Hasil pencarian akan memaparkan jadual yang menunjukkan tanaman, jenis, nama SSR, kedudukan SSR, motif SSR dan kelas SSR.
“Visualise Data”	Carta interaktif pelbagai jenis data seperti berikut: • Taburan penanda SSR mengikut spesies tanaman • Taburan mengikut jenis SSR: Carta donat yang menggambarkan perkadaran jenis SSR yang berbeza • Pengelasan motif: Carta pai menunjukkan taburan penanda merentas pengelasan motif berbeza (iaitu di-, tetra-, penta-nukleotida)

PERBINCANGAN

Perbandingan AgDP dengan AgBioDatabase Finder

Sehingga kini, Malaysia masih kekurangan platform digital atau hab yang khusus untuk sumber data agrigenomik. Oleh itu, pembangunan AgDP merupakan inisiatif perintis bagi menyediakan hab digital data agrigenomik tempatan yang pertama. Platform ini direka bentuk untuk menyepadukan sumber genomik, sekali gus memudahkan urusan penyelidikan, pembiakan, dan peladang di seluruh negara. Buat masa ini, sumber data AgDP merangkumi tiga pangkalan data (*MyRiceBase*, *PapayaNetBase*, dan *CropGDB*) yang dikhususkan untuk tanaman tropika, dengan penawaran data yang memfokuskan kepada genomik, transkriptomik, proteomik, dan metabolomik. Meskipun masih di peringkat awal, AgDP sentiasa melalui proses penambahbaikan agar mampu menyokong komuniti penyelidikan tanaman tropika pada skala yang setanding dengan piawaian antarabangsa. Inisiatif AgDP ini dijangka memacu pemodenan landskap pertanian Malaysia yang berteraskan data, di samping merapatkan jurang infrastruktur penyelidikan bioteknologi pertanian negara.

Di peringkat antarabangsa, Konsortium AgBioData telah membangunkan *AgBioDatabase Finder* sebagai hab berpusat bagi pengurusan data genomik, genetik, dan pembiakan (Cabugos et al., 2025). Sehingga kini, platform tersebut menghimpunkan 45 pangkalan data biologi pertanian yang mematuhi prinsip FAIR. Sebagai sebuah hab data sehati yang komprehensif, *AgBioDatabase Finder* membolehkan penyelidik mengenal pasti pangkalan data yang paling bertepatan dengan keperluan kajian mereka. Selain bertindak sebagai direktori, platform ini turut memastikan data genomik dan genetik berkaitan pertanian mudah diakses dan boleh diguna semula oleh pangkalan pengguna yang lebih luas.

Walaupun AgDP dan *AgBioDatabase Finder* berkongsi matlamat yang sama, iaitu mempertingkatkan penggunaan data genomik dan genetik dalam penyelidikan pertanian, kedua-duanya beroperasi dalam ekosistem data yang berbeza. Sebagai contoh, AgBioData berfungsi sebagai rangkaian kerjasama global yang memfokuskan kepada penetapan piawaian sejagat dan amalan terbaik untuk biokurasi melalui pematuhan prinsip FAIR. Sebaliknya, AgDP lebih tertumpu sebagai repositori serantau dan direktori yang menjadi hab sumber data genomik serta genetik, khusus untuk keperluan tanaman tropika.

Penerapan Prinsip FAIR dalam AgDP

Prinsip FAIR telah diterapkan dalam pembangunan AgDP bagi memastikan platform ini kekal mampan dalam jangka masa panjang, sekali gus membolehkan penemuan pengetahuan baharu. Bagi teras Kebolegunaan Semula (*Reusable*), AgDP menyediakan data dan maklumat genomik serta genetik yang terstruktur dan divisualisasikan secara sistematik. Langkah ini memudahkan pengguna memuat turun serta memahami maklumat tersebut dengan lancar. Teras mudah dicari (*Findable*) pula dicapai

melalui pencirian metadata bagi setiap jenis data genomik dan genetik (seperti gen, protein, dan varian). Setiap data diindeks dengan metadata yang konsisten agar mudah dicari dan ditemui oleh pengguna.

Sementara itu, Kebolehcapaian (*Accessible*) dijamin menerusi antaramuka yang dihoskan pada pelayan Apache bagi menyediakan persekitaran akses terbuka yang selamat untuk komuniti saintifik pertanian. AgDP memastikan data genomik bernilai tinggi kekal boleh dicapai oleh pihak berkepentingan walaupun selepas kitaran hayat projek asal tamat, sekali gus memudahkan capaian data secara pantas untuk tujuan pengesahan eksperimen dan keputusan pembiakbakaan. Bagi teras Kebolehsalingoperasian (*Interoperable*), pelbagai jenis data genomik dan genetik diintegrasikan, seperti menghubungkan ciri fenotip dengan penanda molekul serta fungsi gen. Bagi menyokong teras ini, MySQL digunakan untuk menyambungkan pelbagai jenis data menerusi kunci utama (*primary key*).

Untuk memastikan standard AgDP seiring dengan ekosistem penyelidikan global, platform ini mengintegrasikan data proprietari dengan pangkalan data antarabangsa seperti GWAS Atlas, RAP-DB, dan FunRiceGenes. Komitmen AgDP terhadap Sains Terbuka membolehkan saintis di seluruh dunia berkongsi dan menggunakan semula data genomik, sekali gus mempercepatkan penemuan gen yang terlibat dalam ciri-ciri pematangan buah atau ketahanan terhadap kemarau. Pendekatan ini memastikan pelaburan dalam genomik tanaman di Malaysia terus memberikan nilai berterusan, sejajar dengan piawaian Revolusi Industri 4.0 (IR4.0) demi menjamin produktiviti pertanian pada masa hadapan.

Penilaian Kebolegunaan dan Maklum Balas Pengguna Awal

Buat masa ini, penilaian kebolegunaan dan maklum balas pengguna berstruktur masih belum dijalankan. Walau bagaimanapun, data trafik platform AgDP menunjukkan sejumlah 174 pengunjung unik dengan purata dua orang pengunjung sehari sejak pelancaran AgDP pada awal tahun 2026. Data trafik pengunjung memberikan gambaran awal mengenai penerimaan dan penglibatan pengguna terhadap platform ini. Penilaian kebolegunaan dan maklum balas kumpulan pengguna sasaran seperti penyelidik dan pihak berkepentingan akan dijalankan pada fasa seterusnya melalui bengkel dan seminar penggunaan AgDP.

Hala Tuju AgDP

Meskipun versi semasa AgDP memfokuskan tanaman utama seperti padi dan betik, fasa pembangunan akan datang akan merangkumi pelbagai jenis tanaman tropika dan ternakan yang lebih luas bagi mewujudkan sebuah repositori kebangsaan yang komprehensif. Sebagai contoh, pembangunan pangkalan data genomik kopi serta pangkalan data genom bagi ternakan (seperti lembu Brakmas dan Kedah-Kelantan) kini sedang dibangunkan. Bagi memastikan keselarasan dengan piawaian data antarabangsa, pelaksanaan antaramuka pengaturcaraan aplikasi pembaikan (*Breeding API*) merupakan antara pencapaian penting yang disasarkan. Penambahan ini memerlukan integrasi data fenotip ke dalam pangkalan data sedia ada. Oleh itu, kerjasama erat dengan ahli pembaikan amat diperlukan bagi mengumpul lebih banyak data fenotip yang berkualiti.

Di samping itu, bot sembang AI akan dinaik taraf secara signifikan menerusi latihan model bahasa yang menggunakan korpus khusus merangkumi manual teknikal MARDI serta penyelidikan agronomi yang dinilai oleh rakan setara. Langkah ini bakal mentransformasikan pembantu maya tersebut menjadi penasihat berteraskan maklumat genomik dan genetik yang tepat, sekali gus mampu memberikan cadangan khusus secara masa nyata bagi pengurusan perosak dan penanaman. Apabila jurang antara dapatan genomik di makmal dirapatkan dengan aplikasi praktikal di ladang, AgDP berupaya memperkukuh peranannya sebagai tonggak utama dalam peralihan Malaysia ke arah pertanian pintar. Pihak kami komited untuk memastikan pangkalan data ini kekal diyakini, boleh diguna semula, mudah diakses, serta mampan dalam jangka panjang.

KESIMPULAN

Secara tuntasnya, AgDP berfungsi sebagai platform digital sehati bagi sumber data agrigenomik yang merangkumi pelbagai aplikasi pengurusan dan penyelidikan tanaman. Sumber pangkalan data dalam AgDP bertindak sebagai sistem sokongan keputusan yang sistematik dan cekap untuk diaplikasikan dalam penyelidikan tanaman. Inisiatif AgDP merupakan inovasi yang amat bernilai bagi penyelidik terutamanya yang terlibat dalam pembaikan berpacuan data genomik dan genetik. Sebagai

perancangan masa hadapan, rangka kerja ini akan diperluaskan kepada sektor ternakan dan pelbagai spesies tanaman lain, seterusnya memperkukuh peranan platform digital ini dalam menjamin produktiviti pertanian negara.

PENGHARGAAN

Penulis dengan penuh penghargaan merakamkan setinggi-tinggi terima kasih kepada MARDI kerana membiayai projek ini di bawah Rancangan Malaysia Ke-12 (RMK-12). Kami juga merakamkan penghargaan kepada Pusat Data MARDI atas sokongan penting dan bantuan teknikal dalam menghoskan infrastruktur AgDP.

RUJUKAN

- Cabugos, L., Buble, K., Daenzer, J., Jung, S., Main, D., Marrano, A., Molik, D., Raciti, D., Wright, A., Yook, K., Reiser, L., & Library, R. E. K. (2025). AgBioDatabase Finder: An online tool to help researchers find and submit agricultural genomic, genetic, and breeding data. *MicroPublication Biology*, 1–5.
- Cezard, T., Cunningham, F., Hunt, S. E., Koylass, B., Kumar, N., Saunders, G., Shen, A., Silva, A. F., Tsukanov, K., Venkataraman, S., Flicek, P., Parkinson, H., & Keane, T. M. (2022). The European Variation Archive: A FAIR resource of genomic variation for all species. *Nucleic Acids Research*, 50, 1216–1220. <https://doi.org/10.1093/nar/gkab960>
- Chen, J., Tan, C., Zhu, M., Zhang, C., Wang, Z., Ni, X., Liu, Y., Wei, T., Wei, X. F., Fang, X., Xu, Y., Huang, X., Qiu, J., & Liu, H. (2024). CropGS-Hub: A comprehensive database of genotype and phenotype resources for genomic prediction in major crops. *Nucleic Acids Research*, 52, 1519–1529. <https://doi.org/10.1093/nar/gkad1062>
- Fu, W., Wang, R., Nanaei, H. A., Wang, J., Hu, D., & Jiang, Y. (2022). RGD v2.0: a major update of the ruminant functional and evolutionary genomics database. *Nucleic acids research*, 50(D1), D1091–D1099. <https://doi.org/10.1093/nar/gkab887>
- Garcia, L., Bolleman, J., Gehant, S., Redaschi, N., Martin, M., Bateman, A., Magrane, M., Orchard, S., Raj, S., Ahmad, S., Alpi, E., Bowler, E., Britto, R., Bursteinas, B., Bye-A-Jee, H., Dogan, T., Garmiri, P., Georgiou, G., Gonzales, L., ... Zhang, J. (2019). FAIR adoption, assessment and challenges at UniProt. *Scientific Data*, 6(175), 1–4. <https://doi.org/10.1038/s41597-019-0180-9>
- Gehlenborg, N., O'Donoghue, S. I., Baliga, N. S., Goesmann, A., Hibbs, M. A., Kitano, H., Kohlbacher, O., Neuweber, H., Schneider, R., Tenenbaum, D., & Gavin, A. C. (2010). Visualization of omics data for systems biology. *Nature Methods*, 7(3), 56–68. <https://doi.org/10.1038/nmeth.1436>
- Harper, L., Campbell, J., Cannon, E. K. S., Jung, S., Poelchau, M., Walls, R., Andorf, C., Arnaud, E., Berardini, T. Z., Birkett, C., Cannon, S., Carson, J., Condon, B., Cooper, L., Dunn, N., Elsik, C. G., Farmer, A., Ficklin, S. P., Grant, D., ... Main, D. (2018). AgBioData consortium recommendations for sustainable genomics and genetics databases for agriculture. *Database*, 2018, 1–32. <https://doi.org/10.1093/database/bay088>
- Kersey, P. J., Lawson, D., Birney, E., Derwent, P. S., Haimel, M., Herrero, J., Keenan, S., Kerhornou, A., Koscielny, G., Kähäri, A., Kinsella, R. J., Kulesha, E., Maheswari, U., Megy, K., Nuhn, M., Proctor, G., Staines, D., Valentin, F., Vilella, A. J., & Yates, A. (2009). Ensembl Genomes: Extending Ensembl across the taxonomic space. *Nucleic Acids Research*, 38, 563–569. <https://doi.org/10.1093/nar/gkp871>
- Liu, X., Tian, D., Li, C., Tang, B., Wang, Z., Zhang, R., Pan, Y., Wang, Y., Zou, D., Zhang, Z., & Song, S. (2023). GWAS Atlas: An updated knowledgebase integrating more curated associations in plants and animals. *Nucleic Acids Research*, 51, 969–976. <https://doi.org/10.1093/nar/gkac924>
- Moreno, P., Fexova, S., George, N., Manning, J. R., Miao, Z., Mohammed, S., Muñoz-Pomer, A., Fullgrabe, A., Bi, Y., Bush, N., Iqbal, H., Kumbham, U., Solovyev, A., Zhao, L., Prakash, A., García-Seisdedos, D., Kundu, D. J., Wang, S., Walzer, M., ... Papatheodorou, I. (2022). Expression Atlas update: Gene and protein expression in multiple species. *Nucleic Acids Research*, 50, 129–140. <https://doi.org/10.1093/nar/gkab1030>
- Runck, B. C., Joglekar, A., Silverstein, K. A. T., Chan-Kang, C., Pardey, P. G., & Wilgenbusch, J. C. (2021). Digital agriculture platforms: Driving data-enabled agricultural innovation in a world fraught

with privacy and security concerns. *Agronomy Journal*, 114, 2635–2643. <https://doi.org/10.1002/agj2.20873>

Sansone, S.-A., McQuilton, P., Rocca-Serra, P., Gonzalez-Beltran, A., Izzo, M., Lister, A. L., Thurston, M., & FAIRsharing Community. (2019). FAIRsharing as a community approach to standards, repositories and policies. *Nature Biotechnology*, 37(4), 358–367. <https://doi.org/10.1038/s41587-019-0080-8>

Savan K, P., V. R., R., & Satyen, P. (2011). Joomla, Drupal and WordPress: A statistical comparison of open source CMS. *3rd International Conference on Trendz in Information Sciences & Computing (TISC2011), Chennai, India*, 182–187. <https://doi.org/10.1109/TISC.2011.6169111>

Sew, Y. S., Aizat, W. M., Zainal-Abidin, R.-A., Ab Razak, M. S. F., Simoh, S., & Abu-Bakar, N. (2023). Proteomic variability and nutrient-related proteins across pigmented and non-pigmented rice grains. *Crops*, 3, 63–77. <https://doi.org/10.3390/crops3010007>

Sibilio, P., De Smaele, E., Paci, P., & Conte, F. (2025). Integrating multi-omics data: Methods and applications in human complex diseases. *Biotechnology Reports*, 48, 1–9. <https://doi.org/10.1016/j.btre.2025.e00938>

Tengku Wook, T. S. M., Mohd Noor, H. A., & Mohd Judi, H. (2025). Conceptual model of visual design publishing website interface Malaysian Agricultural Research and Development Institute (MARDI) for farmers. *Asia-Pacific Journal of Information Technology and Multimedia*, 14, 240–257. <https://doi.org/10.17576/apjtm-2025-1401-14>

Tian, D., Xu, T., Kang, H., Luo, H., Wang, Y., Chen, M., Li, R., Ma, L., Wang, Z., Hao, L., Tang, B., Zou, D., Xiao, J., Zhao, W., Bao, Y., Zhang, Z., & Song, S. (2024). Plant genomic resources at National Genomics Data Center: Assisting in data-driven breeding applications. *aBIOTECH*, 5(1), 94–106. <https://doi.org/10.1007/s42994-023-00134-4>

UniProt Consortium (2025). UniProt: the Universal Protein Knowledgebase in 2025. *Nucleic acids research*, 53(D1), D609–D617. <https://doi.org/10.1093/nar/gkae1010>

Xia, L., Zou, D., Sang, J., Xu, X., Yin, H., Li, M., Wu, S., Hu, S., Hao, L., & Zhang, Z. (2017). Rice Expression Database (RED): An integrated RNA-Seq-derived gene expression database for rice. *Journal of Genetics and Genomics*, 44, 235–241. <https://doi.org/10.1016/j.jgg.2017.05.003>

Yan, J., Zou, D., Li, C., Zhang, Z., Song, S., & Wang, X. (2020). SR4R: An integrative SNP resource for genomic breeding and population research in rice. *Genomics, Proteomics and Bioinformatics*, 18(2), 173–185. <https://doi.org/10.1016/j.gpb.2020.03.002>

Zainal-Abidin, R.-A., Abu-Bakar, N., Sew, Y. S., Simoh, S., & Mohamed-Hussein, Z. A. (2019). Discovery of functional SNPs via genome-wide exploration of Malaysian pigmented rice varieties. *International Journal of Genomics*, 2019, 1–2. <https://doi.org/10.1155/2019/4168045>

Zainal-Abidin, R.-A., Afifah-Aleng, N., Sew, Y. S., Abu Bakar, N., & Simoh, S. (2023). Mining of stress-related genes in pigmented and non-pigmented rice using gene co-expression network and clustering approaches. *Malaysian Journal of Fundamental and Applied Sciences*, 19, 6–18.

Zainal-Abidin, R.-A., Nor Syahira, M. S., Azrin, A., Norliza, A. B., Johari, S., & Sanimah, S. (2022). CpEDb: Repository of genetics and genomics information in *Carica papaya* and *Erwinia mallotivora* for application in the functional genomics and molecular markers development. *Buletin Teknologi MARDI*, 32, 81–88.

Zerbino, D. R., Achuthan, P., Akanni, W., Amode, M. R., Barrell, D., Bhai, J., Billis, K., Cummins, C., Gall, A., Girón, C. G., Gil, L., Gordon, L., Haggerty, L., Haskell, E., Hourlier, T., Izuogu, O. G., Janacek, S. H., Juettemann, T., To, J. K., ... Flicek, P. (2018). Ensembl 2018. *Nucleic Acids Research*, 46, 754–761. <https://doi.org/10.1093/nar/gkx1098>