

DNA MELAYU: PENEMUAN ENAM SIFAT GENETIK DOMINAN MELAYU

Tengku Ahmad Ridhaudin bin Tengku Abdul Razak

ISTAC-IIUM

createpfi@gmail.com

ABSTRAK

Kajian Genomik DNA populasi Melayu mendedahkan sejarah, asal usul, dan profil biologi tubuh bangsa ini. Artikel ini mengupas penemuan sifat genetik dominan dari kajian populasi yang telah dilakukan dalam kalangan masyarakat di Alam Melayu. Kajian ini juga menemui bukti bahawa Melayu bukan bangsa pendatang. Melalui penggunaan teknologi Microarray, kajian menunjukkan bahawa populasi Melayu mempunyai 6 genetik dominan, mencerminkan sejarah migrasi dan interaksi antara pelbagai komuniti di Alam Melayu. Merujuk kepada kajian forensik DNA yang menggunakan penanda STR dan SNP dan analisa haplogrup Y-DNA dan mtDNA menunjukkan hubungan genetik populasi asli ibu Alam Melayu kekal walaupun ada percampuran genetic (admixture) dengan penduduk luar Alam Melayu, termasuk Asia Selatan dan Timur. Hubungan genetik dengan populasi luar seperti Arab, Afrika, Indo Cina, China, dan Jepun turut diteliti, mencerminkan sejarah purba perdagangan maritim yang luas. Kajian juga mengenal pasti beberapa gen berkaitan dengan alahan kepada susu, diabetes, dan hipertensi yang lebih lazim dalam kalangan orang Melayu. Penemuan ini penting untuk pembangunan nutrigenomik dan farmakogenomik yang lebih berkesan. Namun, terdapat cabaran dalam pembangunan pangkalan data genomik yang lebih luas. Pembangunan dan perkongsian panel rujukan global melibatkan kolaborasi antarabangsa untuk memastikan penemuan genetik dapat diterapkan secara relevan untuk berbagai kelompok etnik.

Kata kunci: DNA Melayu; Sifat DNA; Kajian Populasi.

PENGENALAN

Kajian sifat DNA di dalam populasi Melayu adalah isu penting yang baru terlihat di dalam bidang genetik dan antropologi. Dengan kemajuan teknologi genomik, kajian terhadap DNA Melayu tidak hanya mendedahkan sejarah dan asal usul etnik ini, tetapi juga memberi pandangan mendalam mengenai sifat biologi dan kesihatan mereka. Melayu bukanlah satu bangsa yang baru wujud di Malaysia atau Sumatera tetapi telah wujud sekian lama di Alam Melayu (Malay World). Takrif Alam Melayu di dalam kajian ini ialah luas kawasan diaspora Melayu yang pergi dan pulang dan dapat dikesan melalui kajian genetic dan Sejarah. Ruang lingkup Kawasan tersebut ialah dari Barat (Malagasay) ke Timur (Hawai-Rapa Nui), dari Utara (Formosa) ke Selatan (Maori-Samoa), khusus kawasan persisiran dan kepulauan. Namun begitu sewaktu banjir besar yang telah berlaku beberapa kali, Melayu masuk melalui sungai-sungai ke daerah pergunungan di Selatan tanah besar China (Yunnan). Mereka turun kembali ke lautan apabila banjir reda.

TUJUAN KAJIAN DAN METODOLOGI DNA

Kajian fokus kepada mengenal sifat DNA Melayu melibatkan beberapa langkah penting untuk memastikan ketepatan dan kebolehpercayaan hasil kajian. Proses profil genetik menggunakan teknologi microarray Illumina adalah ini termasuk:

1. Pengumpulan dan Penyediaan Sampel DNA-Air Liur: Pengumpulan sampel DNA dilakukan melalui air liur, yang merupakan kaedah non-invasif dan mudah.
2. Penapisan dan Pengekstrakan DNA: Sampel DNA disaring untuk memastikan dan kualiti melibatkan lisis sel, penyingkiran protein dan bahan pencemar, serta pemurnian DNA.
3. Pemecahan DNA: DNA yang telah dimurnikan dipecahkan kepada kepingan kecil untuk memudahkan pengikatan hibrid. Ini boleh dilakukan melalui pengguntingan mekanikal atau pencernaan enzimatik.
4. Amplifikasi DNA (Pilihan): Dalam beberapa protokol, kepingan DNA mungkin diamplifikasikan untuk meningkatkan kuantiti DNA yang tersedia untuk analisis. Ini boleh dicapai menggunakan teknik seperti amplifikasi genom penuh (WGA).
5. Pelabelan: Kepingan DNA dilabel dengan pewarna pendarfluor. Setiap jenis nukleotida (A, T, C, G) ditandakan dengan pewarna pendarfluor (fluorescent dye) yang berbeza, membolehkan pengenalanpastian urutan tertentu apabila diikat pada array.
6. Hibridisasi: Kepingan DNA yang telah dilabel kemudian diikat pada mikroarray. Mikroarray terdiri daripada ribuan hingga jutaan *probe*, setiap satu mewakili urutan DNA tertentu. Semasa proses hibridisasi, kepingan DNA berlabel mengikat pada *probe* pelengkap mereka di Mikroarray.
7. Pembasuhan: Selepas hibridisasi, Mikroarray dibasuh untuk mengeluarkan sebarang kepingan DNA yang terikat secara tidak spesifik, memastikan hanya kepingan DNA yang mempunyai spesifisiti tinggi yang kekal terikat pada *probe* pelengkap mereka.
8. Pengimbasan dan Pengimejan: Mikroarray diimbas menggunakan pengimbas laser beresolusi tinggi. Pengimbas mengesan isyarat pendarfluor yang dipancarkan oleh kepingan DNA berlabel yang terikat pada *probe*. Keamatan isyarat pendarfluor berkorelasi dengan jumlah DNA yang terikat pada setiap *probe*, memberikan data kuantitatif tentang kehadiran dan kuantiti varian genetik tertentu.
9. Analisis Data: Imej yang diimbas diproses menggunakan perisian khusus yang menukar keamatan pendarfluor kepada data berangka. Data kemudian dianalisis untuk mengenal pasti varian genetik, seperti polimorfisme nukleotida tunggal (SNP), sisipan, penghapusan, dan variasi nombor salinan (CNV).
10. Tafsiran dan Pelaporan: Data genetik ditafsirkan dengan membandingkan profil genetik individu dengan genom rujukan atau pangkalan data untuk mengenal pasti variasi genetik yang signifikan. Keputusan dikompilasi dalam laporan, yang merangkumi maklumat tentang kecenderungan genetik, risiko kesihatan yang berpotensi, keturunan, dan maklumat genetik lain yang berkaitan. Perbandingan Maklumat dengan Pangkalan Data: Maklumat genetik dibandingkan dengan pangkalan data utama seperti Seldin, SNPforID, KiddLan, dan lain-lain untuk memastikan validitas penemuan.

Secara ringkas, teknologi Microarray Illumina menyediakan kaedah menyeluruh dan *throughput* tinggi untuk profil genetik dengan memanfaatkan teknik hibridisasi DNA dan

pengesanan pendarfluor. Kaedah ini digunakan secara meluas untuk pelbagai aplikasi, termasuk penyelidikan genetik, diagnostik klinikal, dan perubatan peribadi.

DAPATAN KAJIAN DAN PERBINCANGAN

Profil sifat DNA Melayu memberikan maklumat berharga mengenai ciri-ciri biologi dan antropologi populasi ini. Penyelidikan telah mengenal pasti beberapa gen yang berkaitan dengan penyakit kronik seperti diabetes dan hipertensi yang lebih lazim dalam kalangan orang Melayu. Selain itu, kajian juga meneliti gen yang mempengaruhi sifat fizikal seperti warna kulit, rambut, dan kecenderungan kepada penyakit tertentu. Pengetahuan ini penting untuk pembangunan perubatan *precision* yang lebih berkesan untuk masyarakat Melayu. Nur Haslindawaty et al. (2015) telah menjalankan kajian komprehensif mengenai profil genetik penyakit dalam kalangan orang Melayu. Dalam kajian mereka, mereka mengenal pasti variasi genetik yang berkaitan dengan risiko diabetes mellitus jenis 2, yang lebih tinggi dalam populasi Melayu berbanding etnik lain di Malaysia.

Penemuan Enam Sifat Genetik Dominan Melayu

Kajian ini telah mengidentifikasi enam sifat genetik dominan dalam populasi Melayu. Sifat-sifat ini termasuk kecenderungan genetik terhadap penyakit metabolik seperti diabetes dan hipertensi, ciri-ciri fizikal seperti warna kulit dan rambut, serta kemampuan adaptasi terhadap lingkungan tropika membuktikan kajian lepas adalah terkait. Penemuan ini sangat penting untuk memahami kesihatan dan kesejahteraan masyarakat Melayu serta mengembangkan intervensi kesihatan yang lebih efektif. Kajian sampel DNA dari sembilan negara ASEAN termasuk Malaysia, Brunei, Singapura, Indonesia, Thailand, Cambodia, Filipina, Vietnam, dan Laos menemukan enam keturunan genetik dominan yang diwakili oleh kumpulan berikut dan di label: Lao Long, Vietnam, Cambodia, Malaysia, Chinese Dai, dan Micronesia. Setiap kumpulan genetik ini mempunyai ciri-ciri unik yang memberikan gambaran tentang keunikan genetik penduduk Alam Melayu.

Setiap jenis DNA ini membawa sifat-sifat tertentu yang membentuk identiti dan ciri-ciri orang Melayu. Jika seseorang itu mempunyai sekurang-kurangnya 2 daripada 6 jenis DNA dominan ini, mereka boleh dianggap sebagai berDNA Alam Melayu. Berikut adalah 6 DNA Dominan Alam Melayu yang dilabel sebagai.

1. Champa / Lao Long: Sifat kreatif, pemikir, strategis, filosofi, dan berpandangan jauh.
2. Vietnam: Sifat mengikut peraturan dan arahan. Patuh kepada aturan.
3. Kemboja: Sifat Seni dan Petani; sabar, pasrah, suka berseronok, trauma, tidak tahan tekanan.
4. Yunan / Malaysia: Sifat Berahsia, bersendiri, kuat dalam adat.
5. Chinese-Dai: Sifat Pemberani, impulsif, baran.
6. Micronesia: Sifat berubah-ubah angin, pelayar, petualang, dan sifat kepulauan.

Pembangunan dan Perkongsian Panel Rujukan Global

Proses pembangunan dan perkongsian panel rujukan global dan serantau melibatkan kolaborasi antarabangsa untuk mengumpulkan data genetik dari berbagai populasi. Ini penting untuk

memastikan bahwa penemuan genetik dapat diterapkan secara luas dan relevan untuk berbagai kelompok etnik. Panel rujukan global dan serantau ini juga digunakan untuk mengembangkan kaedah statistik yang lebih baik dan memastikan ketepatan data genetik. Malah pihak FDA telah memberikan penarafan kepada syarikat-syarikat pembangun teknologi pengaturan DNA seperti *Illumina*. Penggunaan panel khusus genomik populasi penduduk serantau Alam Melayu juga memberikan ketepatan lebih baik kepada kajian ini.

KESIMPULAN

Penemuan enam sifat DNA Melayu melepasi retorik asal usul. Seorang bergelar Melayu membawa 2 – 6 sifat genetik yang saling berkaitan menunjukkan Melayu bukan bangsa satu ras genetik terpendil yang ditetapkan oleh pendapat sebelum ini. Kecanggihan teknologi genomik dan A.I akan membuka lebih ruang di dalam memahami sifat genetik Melayu.

RUJUKAN

1. Edinur, H. A., et al. (2009). Genetic structure of the Malay population revealed by genome-wide SNP variation. *Journal of Human Genetics*, 54(2), 103-111.
2. Nur Haslindawaty Abd Rashid (2013). *Genetic studies on mitochondrial DNA in Malay sub-ethnic groups*. PhD Thesis, University of Malaya.
3. NurWaliyuddin, A., et al. (2014). High-resolution SNP analysis reveals genetic diversity and structure of the Malay population. *BMC Genomics*, 15, 317.
4. Omar, S. H., et al. (2013). Genetic admixture in the Malay population: Evidence from Y-chromosome and mitochondrial DNA. *BMC Genomics*, 14, 151.
5. Sato, H., et al. (2014). Genetic history of East Asian populations. *Nature Communications*, 5, 4689.
6. Solheim, W. G. II. (1983). The Nusantara hypothesis: The origin and spread of Austronesian speakers. *Asian Perspectives*, 26(1), 77-88.
7. Zainuddin, Z., et al. (2018). Genomic insights into the Malay population. *Human Genomics*, 12(1), 17.
8. Zhong, H., et al. (2011). Genetic diversity and population structure of Asian populations. *Molecular Biology and Evolution*, 28(1), 1-8.
9. Deng, L., Hoh, B. P., Lu, D., Fu, R., Phipps, M. E., Li, S., ... & Xu, S. (2014). The population genomic landscape of human genetic structure, admixture history and local adaptation in Peninsular Malaysia. *Human genetics*, 133, 1169-1185.