

Strategi Pemuliaan *Saccharum officinarum* untuk Meningkatkan Kandungan Gula Demi Ketahanan Pangan: Analisis Bibliometrik

Sulthon Nurreza Setyawan¹, Muhammad Zahrudin Afnan², Syafri Musthofa¹,
Isnawati³

¹Departemen Biologi, Fakultas Matematika dan Ilmu Pengetahuan Alam, Universitas Negeri Surabaya, Surabaya

²Program Magister Pendidikan Biologi, Fakultas Matematika dan Ilmu Pengetahuan Alam, Universitas Negeri Surabaya, Surabaya

³Departemen Akuakultur, Fakultas Ketahanan Pangan, Universitas Negeri Surabaya, Surabaya
Email: isnawati@unesa.ac.id

Abstract

Sugarcane (*Saccharum officinarum* L.) plays a crucial role in global food and energy security, producing over 70% of the world's sugar and serving as a renewable feedstock for bioethanol. Increasing sucrose content through modern breeding strategies is key to meeting sugar and energy needs sustainably amidst increasing environmental pressures. This study integrates a Systematic Literature Review (SLR) and bibliometric analysis to examine research trends, methods, and results related to high-sugarcane breeding. Data from the Scopus database (2005–2025) analyzed using VOSviewer and Biblioshiny indicate that China, Brazil, and the United States are the main centers of global research productivity and collaboration. A review of ten key articles indicates that genetic approaches targeting SPS, SWEET, and ST genes support marker-based and genomic selection, while phenotypic methods such as Near-Infrared Spectroscopy (NIRS) and selection index analysis accelerate the identification of superior genotypes. Innovations in genomics and biotechnology, including transcriptome exploration, nutritional stress adaptation, and wild germplasm introgression, are expanding the potential for sugarcane quality improvement. The integration of these approaches forms a comprehensive framework to accelerate the development of high-yielding, sucrose-rich, and stress-tolerant cultivars. Overall, this study provides quantitative and qualitative insights into global research patterns and strategic opportunities to strengthen the contribution of sugarcane breeding to food security and sustainable energy.

Keywords:

Bibliometric analysis

Sucrose content

Plant breeding

Genomic selection

Sugarcane

Pendahuluan

Tebu (*Saccharum officinarum* L.) merupakan salah satu tanaman industri terpenting di dunia yang berfungsi sebagai sumber utama gula serta berkontribusi signifikan terhadap bioenergi, pakan ternak, dan berbagai produk sampingan (Ali et al., 2021; Carvalho et al., 2021). Sebagai tanaman C4 dengan efisiensi fotosintesis dan produktivitas biomassa yang tinggi, *S. officinarum* memegang peranan sentral dalam pertanian tropis dan subtropis, serta menyumbang lebih dari 70% produksi gula dunia (Y. R. Li et al., 2024; Y. R. Li & Yang, 2015; Solomon, 2016). Di negara-negara penghasil utama seperti India, Tiongkok, Brasil, dan Thailand, tebu menjadi sumber utama gula dengan kontribusi lebih dari 90% terhadap total produksi gula nasional (M. Zhang & Govindaraju, 2018). Selain itu, industri tebu juga mendukung jutaan petani dan tenaga kerja, berperan penting dalam pembangunan ekonomi pedesaan, serta penyediaan energi terbarukan melalui bioetanol dan bioelektrisitas (Nguyen et al., 2022).

Seiring dengan pertumbuhan populasi global yang diikuti oleh urbanisasi cepat, industrialisasi, dan perubahan pola konsumsi, permintaan terhadap gula dan produk berbasis biomassa meningkat tajam. Kenaikan kebutuhan ini menegaskan urgensi program pemuliaan strategis yang mampu menghasilkan kultivar tebu dengan kandungan sukrosa lebih tinggi, efisiensi pemanfaatan sumber daya yang lebih baik, serta ketahanan yang lebih kuat terhadap stres biotik maupun abiotik (Calderan-Rodrigues et al., 2021; Xu et al., 2023). Peningkatan hasil gula tidak hanya penting untuk memenuhi kebutuhan pemanis, tetapi juga berkontribusi terhadap ketahanan pangan global melalui stabilisasi rantai pasok gula, pengurangan ketergantungan impor, serta menjaga keterjangkauan energi dan bahan pangan (X. Li et al., 2024). Sebagai contoh, varietas YZ08-1609 di Tiongkok yang dikenal sebagai “*King of Sugar*” berhasil mencapai kadar sukrosa hingga 20,3% melalui strategi pemuliaan kompleks yang melibatkan hibridisasi multiparental dan seleksi berdasarkan performa agronomis serta fisiologis (Wu et al., 2024). Demikian pula, genotipe unggul seperti CP 14-4165 dan CP 13-2340 yang dikembangkan di Florida menunjukkan bahwa peningkatan konsentrasi sukrosa dapat dicapai tanpa mengorbankan hasil panen apabila seleksi genetik dilakukan bersamaan dengan peningkatan ketahanan terhadap stres (Coto Arbelo et al., 2023).

Metode pemuliaan tradisional seperti seleksi klonal, hibridisasi interspesifik, dan *backcrossing* telah lama menjadi tulang punggung program perbaikan tebu. Hibridisasi antara *S. officinarum* dan *S. spontaneum* telah menghasilkan hibrida yang menggabungkan potensi sukrosa tinggi dengan ketahanan terhadap stres lingkungan seperti kekeringan dan salinitas, sebagaimana terlihat pada varietas YZ08-1609 di Tiongkok dan Co 205 di India (Ram et al., 2022; Wu et al., 2024). Namun, kompleksitas genom poliploid *S. officinarum* menjadi tantangan besar dalam upaya mencapai kemajuan genetik yang signifikan (Piperidis & D’Hont, 2020). Kemajuan terkini dalam genetika molekuler dan bioteknologi—termasuk seleksi berbantuan penanda (*marker-assisted selection*), pemetaan lokus sifat kuantitatif (QTL), studi asosiasi genom menyeluruh (GWAS), dan teknik penyuntingan genom seperti CRISPR-Cas9—menawarkan peluang besar untuk mempercepat pengembangan kultivar tebu dengan akumulasi sukrosa dan ketahanan stres yang lebih baik (Batool et al., 2025; Brant et al., 2025; Mall et al., 2025). Kajian terbaru sebagian besar berfokus pada optimalisasi akumulasi sukrosa melalui modifikasi genetik, peningkatan ketahanan stres, dan rekayasa metabolik. Namun, sebagian besar ulasan masih terfragmentasi, hanya menyoroti aspek agronomis atau molekuler tanpa mengaitkannya secara langsung dengan isu ketahanan pangan (Kaya, 2025; Khan et al., 2023). Kondisi ini menunjukkan perlunya perspektif integratif yang menghubungkan strategi pemuliaan, peningkatan kandungan gula, serta peranannya dalam ketahanan pangan global.

Meskipun literatur mengenai pemuliaan dan peningkatan kadar gula pada tebu semakin meluas, masih terdapat kebutuhan untuk mensintesis pengetahuan yang ada secara sistematis dan mengidentifikasi tren penelitian yang sedang berkembang. Analisis bibliometrik telah banyak diterapkan pada bidang pertanian dan tanaman energi, namun hanya sedikit penelitian yang menggabungkan *Systematic Literature Review* dengan pemetaan bibliometrik untuk mengevaluasi kajian tentang pemuliaan tebu dalam konteks ketahanan pangan. Artikel ini mengintegrasikan bukti sistematis tentang strategi pemuliaan dengan wawasan bibliometrik, sehingga menawarkan dua perspektif utama: (i) mengonsolidasikan pengetahuan terkini mengenai pendekatan genetik dan bioteknologi dalam peningkatan kadar sukrosa pada *S. officinarum*, dan (ii) memetakan lanskap penelitian global, jaringan kolaborasi, serta evolusi tematik yang menempatkan pemuliaan tebu dalam wacana ketahanan pangan.

Oleh karena itu, penelitian ini bertujuan untuk meninjau dan memetakan lanskap ilmiah secara sistematis terkait strategi pemuliaan *S. officinarum* yang diarahkan untuk meningkatkan kadar gula. Melalui pendekatan integratif yang menggabungkan *Systematic Literature Review* (SLR) dan analisis bibliometrik, penelitian ini mengonsolidasikan pengetahuan terkini tentang kemajuan genetik, molekuler, dan bioteknologi, serta mengidentifikasi celah penelitian dan prioritas masa depan. Temuan yang dihasilkan diharapkan dapat menjadi panduan bagi pembuat kebijakan, pemulia tanaman, dan peneliti dalam mengembangkan program pemuliaan yang tidak hanya meningkatkan produktivitas

sukrosa, tetapi juga memperkuat kontribusi tebu terhadap ketahanan pangan dan energi global, selaras dengan Tujuan Pembangunan Berkelanjutan Perserikatan Bangsa-Bangsa (SDGs 2 dan SDGs 7).

Metode Penelitian

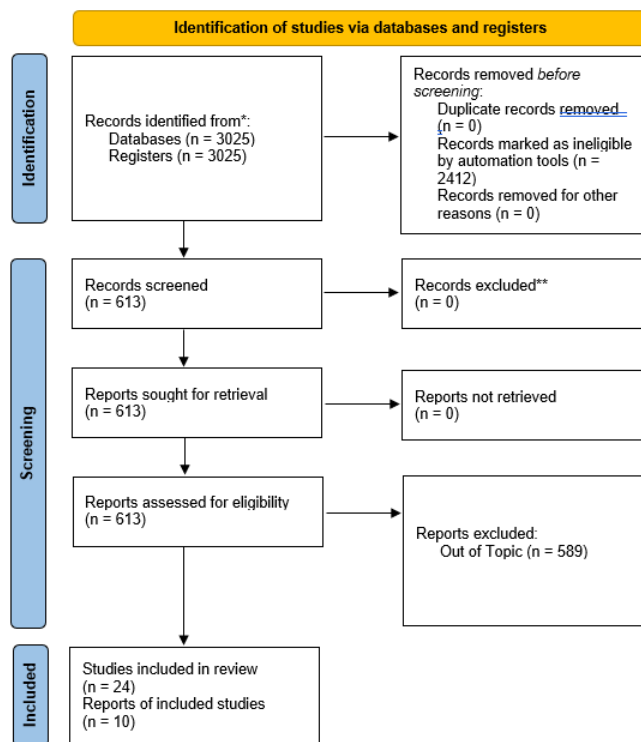
Pencarian Literatur

Pencarian literatur dilakukan menggunakan basis data Scopus, yang dipilih karena cakupannya yang luas terhadap jurnal-jurnal bereputasi lintas disiplin. Kata kunci yang digunakan dalam pencarian adalah “*Saccharum officinarum*”, dengan tujuan menjaring penelitian yang secara langsung berkaitan dengan tebu, khususnya pada aspek strategi pemuliaan, genetika, fisiologi, dan agronomi.

Pencarian dibatasi pada artikel yang diterbitkan antara tahun 2005 hingga 2025, agar mencakup baik penelitian dasar maupun temuan terkini dalam rentang waktu 20 tahun terakhir. Hanya artikel jurnal ilmiah bereputasi dan berbahasa Inggris yang disertakan, sedangkan prosiding konferensi, bab buku, serta publikasi non-Inggris dikecualikan. Dari hasil pencarian awal, diperoleh sebanyak 3.025 artikel sebelum proses penyaringan dilakukan.

Ekstraksi Data

Gambar 1 menunjukkan diagram alur PRISMA (Preferred Reporting Items for Systematic Reviews and Meta-Analyses) yang secara sistematis menggambarkan tahapan identifikasi, penyaringan, penilaian kelayakan, hingga inklusi studi akhir.



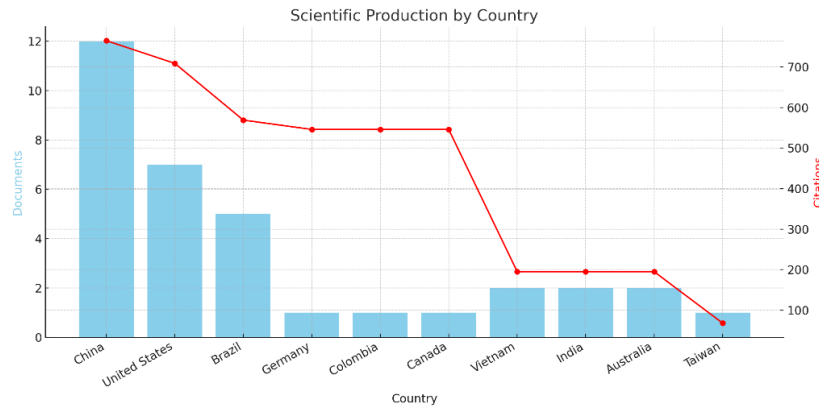
Gambar 1. Diagram Alur PRISMA (*Preferred Reporting Items for Systematic Reviews and Meta-Analyses*)

Pada tahap identifikasi, sebanyak 3.025 rekaman diperoleh dari basis data dan register. Sebelum proses penyaringan, 2.412 rekaman dihapus karena terdeteksi tidak memenuhi kriteria oleh alat otomatisasi, sehingga tersisa 613 rekaman. Pada tahap penyaringan, seluruh 613 rekaman tersebut diseleksi berdasarkan judul dan abstrak, dan tidak ada yang dieliminasi pada tahap ini. Semua rekaman berhasil diakses tanpa data yang hilang.

Selanjutnya, pada tahap kelayakan, sebanyak 613 artikel teks lengkap dievaluasi. Dari jumlah tersebut, 589 artikel dikeluarkan karena tidak relevan dengan topik penelitian, sehingga tersisa 24 studi yang memenuhi kriteria inklusi.

varietas. Selain peningkatan kadar sukrosa, kluster ini juga menekankan pemanfaatan biomassa tebu untuk bioenergi, yang relevan dengan agenda ketahanan pangan dan energi global. Secara keseluruhan, keterkaitan antar kluster menunjukkan bahwa penelitian tebu berkembang secara integratif, menggabungkan studi genetika dasar, molekuler, dan aplikasi pemuliaan untuk menghasilkan varietas unggul yang berkontribusi terhadap keberlanjutan pangan dan energi.

Tren dan Kontribusi Penelitian Global



Gambar 3. Tren dan Kontribusi Penelitian Global

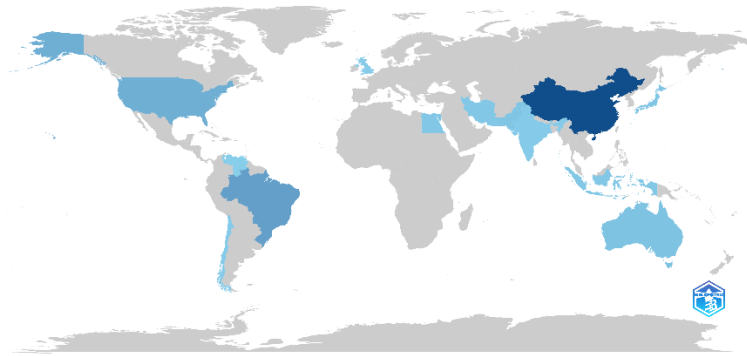
Analisis bibliometrik berdasarkan jumlah publikasi dan sitasi menunjukkan pola menarik dalam tren penelitian global. Berdasarkan Gambar 3, Tiongkok menempati posisi dominan dengan jumlah publikasi tertinggi (12 artikel) sekaligus capaian sitasi tertinggi (765 sitasi). Hal ini menunjukkan bahwa Tiongkok menjadi pusat riset utama dengan produktivitas tinggi dan pengaruh ilmiah yang kuat dalam bidang pemuliaan tebu. Amerika Serikat berada di peringkat kedua dengan 7 publikasi dan 709 sitasi. Meskipun jumlah publikasinya lebih sedikit, rata-rata sitasi per artikel yang tinggi mencerminkan kualitas riset yang unggul. Brasil juga memberikan kontribusi besar dengan 5 artikel dan 569 sitasi, sejalan dengan posisinya sebagai salah satu produsen tebu terbesar di dunia.

Menariknya, beberapa negara dengan jumlah publikasi yang sedikit seperti Jerman, Kolombia, dan Kanada (masing-masing hanya satu artikel) memperoleh jumlah sitasi yang cukup tinggi (546 sitasi). Hal ini menunjukkan bahwa meskipun kontribusi kuantitatifnya terbatas, dampak ilmiahnya tetap signifikan. Sebaliknya, negara-negara seperti Vietnam, India, dan Australia (masing-masing dua publikasi dengan 195 sitasi), serta Taiwan (satu publikasi dengan 68 sitasi), menunjukkan kontribusi yang lebih moderat baik dari segi produktivitas maupun pengaruh ilmiah.

Secara keseluruhan, pola ini menggambarkan adanya diferensiasi peran antarnegara. Negara dengan kapasitas riset kuat seperti Tiongkok, Amerika Serikat, dan Brasil menjadi penggerak utama dalam volume publikasi, sementara negara lain berkontribusi melalui penelitian yang berdampak tinggi secara selektif. Hal ini menegaskan pentingnya kolaborasi internasional agar kekuatan kuantitatif dan kualitatif dapat saling melengkapi dalam memperkuat lanskap riset global mengenai pemuliaan *Saccharum officinarum* dan peningkatan kadar gula.

Kontribusi Negara terhadap Penelitian Pemuliaan *Saccharum officinarum*

Country Scientific Production



Gambar 4. Kontribusi Negara dalam Penelitian

Peta kontribusi negara menunjukkan bahwa Tiongkok menjadi kontributor utama dalam penelitian strategi pemuliaan tebu untuk peningkatan kadar gula, baik dari sisi jumlah publikasi maupun dampak sitasi (Gambar 4). Hal ini wajar mengingat kapasitas riset Tiongkok yang maju dalam bidang genomika dan bioteknologi tanaman. Amerika Serikat menempati posisi kedua dengan fokus penelitian yang banyak memanfaatkan pendekatan molekuler seperti GWAS dan CRISPR-Cas9. Brasil, meskipun memiliki jumlah publikasi lebih sedikit dibandingkan Tiongkok, memberikan kontribusi penting dalam bidang agronomi dan pemuliaan berbasis lapangan. Sementara itu, negara seperti India, Australia, dan Vietnam berperan penting dalam studi regional yang menitikberatkan pada adaptasi lingkungan di iklim tropis.

Beberapa negara dengan jumlah publikasi terbatas seperti Jerman, Kanada, dan Kolombia menunjukkan jumlah sitasi yang tinggi, mencerminkan kualitas dan pengaruh penelitian yang besar. Secara keseluruhan, perbedaan kontribusi lintas negara ini menunjukkan bahwa negara produsen besar lebih menekankan pada penelitian agronomi dan pemuliaan praktis, sedangkan negara dengan kapasitas riset tinggi lebih berfokus pada inovasi molekuler dan genomik. Kombinasi kedua pendekatan ini sangat penting untuk mempercepat pengembangan varietas *Saccharum officinarum* unggul yang memiliki kadar sukrosa tinggi serta adaptif terhadap berbagai kondisi lingkungan.

Dasar Genetik Akumulasi Gula pada *Saccharum officinarum*

Peningkatan kadar gula pada tebu sangat dipengaruhi oleh regulasi genetik dari gen-gen kunci yang berperan dalam biosintesis dan transportasi sukrosa. Analisis transkriptom yang dilakukan oleh Thirugnanasambandam et al. (2017) mengidentifikasi lebih dari 30.000 gen yang diekspresikan secara berbeda dan berhubungan dengan akumulasi sukrosa pada *Saccharum officinarum*. Temuan ini menunjukkan bahwa akumulasi gula tidak dikendalikan hanya oleh satu atau dua gen utama, melainkan merupakan hasil dari interaksi kompleks ribuan gen yang bekerja secara bersamaan dalam jaringan batang.

Perhatian khusus diberikan pada keluarga gen *Sucrose Phosphate Synthase* (SPS). Ma et al. (2020) menunjukkan bahwa perbedaan ekspresi gen SPSB antara *S. officinarum* dan *S. spontaneum* memainkan peran penting dalam menentukan perbedaan akumulasi sukrosa pada kedua spesies tersebut. Penelitian lanjutan oleh Liu et al. (2023) berhasil mengidentifikasi 39 haplotipe dari gen SPSB, di mana beberapa di antaranya berkorelasi positif dengan kadar sukrosa yang tinggi. Variasi haplotipe ini berpotensi digunakan sebagai penanda dalam *marker-assisted selection* (MAS) untuk mempercepat identifikasi genotipe unggul.

Selain gen biosintetik, mekanisme transportasi gula juga menjadi faktor penentu utama. Hu et al. (2018) mengungkapkan bahwa anggota keluarga gen *SWEET* menunjukkan diversifikasi fungsi, dengan *SWEET1b* dan *SWEET13* berperan besar dalam transportasi sukrosa dari jaringan sumber ke jaringan penyimpanan. Sementara itu, Zhang et al. (2020) mengidentifikasi lebih dari 100 gen transporter gula (*sugar transporter genes*) dengan pola ekspresi spesifik jaringan dan ritme harian. Perbedaan regulasi ini menjelaskan variasi efisiensi akumulasi sukrosa antar genotipe. Secara

keseluruhan, temuan-temuan ini menegaskan pentingnya pemahaman dasar genetik dalam merancang strategi pemuliaan berbasis molekuler untuk meningkatkan kadar gula pada tebu.

Fenotipe dan Strategi Pemuliaan untuk Hasil Gula Tinggi

Selain pendekatan molekuler, strategi pemuliaan berbasis fenotipe tetap memainkan peran penting dalam program perbaikan tebu. Wang et al. (2021) mengembangkan metode fenotipe berkecepatan tinggi menggunakan *Near-Infrared Spectroscopy* (NIRS) untuk mengkaraktisasi kualitas batang tebu. Dengan menguji 628 aksesi, model prediksi berbasis NIRS menunjukkan tingkat akurasi tinggi ($R^2 > 0,8$), sehingga dapat diterapkan untuk penyaringan genotipe dalam skala besar. Metode ini memberikan solusi praktis untuk mempercepat proses seleksi awal terhadap varietas unggul.

Di sisi lain, pendekatan indeks seleksi juga terbukti efektif dalam mengidentifikasi genotipe elit. Silva et al. (2017) menunjukkan bahwa parameter BRIX, POL, dan TRS memberikan kontribusi positif terbesar terhadap kualitas gula, sementara kandungan serat (FIB) memiliki pengaruh negatif. Dengan menerapkan indeks seleksi berbasis *path analysis*, diperoleh genotipe yang menunjukkan peningkatan simultan dalam kadar gula dan potensi bioenergi. Pendekatan ini sangat penting dalam menyeimbangkan kebutuhan industri gula dan biofuel dalam konteks ketahanan pangan dan energi global.

Wawasan Genomik untuk Pemuliaan Tebu

Kompleksitas genom tebu, khususnya *S. officinarum* yang bersifat poliploid, menjadi tantangan besar dalam pemuliaan. Hoang et al. (2017) menggunakan pendekatan PacBio Iso-Seq dan Illumina RNA-Seq untuk mengeksplorasi transkriptom kompleks pada tebu. Mereka berhasil mengidentifikasi lebih dari 107.000 isoform unik dan hampir 5.000 peristiwa *alternative splicing*. Data ini memberikan wawasan lebih mendalam tentang diversifikasi ekspresi gen dan menjadi dasar penting dalam peningkatan anotasi genom serta prediksi protein yang berperan dalam metabolisme gula.

Temuan ini menegaskan pentingnya integrasi antara data genomik dan strategi pemuliaan konvensional. Dengan memahami keragaman isoform dan jalur metabolik yang kompleks, pemulia dapat lebih tepat mengidentifikasi gen kandidat target, sehingga mempercepat proses seleksi genomik pada program pemuliaan tebu.

Pendekatan Molekuler dan Bioteknologi

Pendekatan molekuler juga mencakup adaptasi tanaman terhadap kondisi lingkungan yang dapat memengaruhi produktivitas gula. Wang et al. (2022) meneliti respons tiga spesies pendiri (*S. officinarum*, *S. robustum*, dan *S. spontaneum*) terhadap defisiensi magnesium. Hasil penelitian menunjukkan bahwa kekurangan Mg menurunkan kadar klorofil dan fotosintesis, tetapi meningkatkan akumulasi pati dan lignin. Menariknya, *S. officinarum* menunjukkan regulasi gen biosintesis xilan sebagai mekanisme adaptasi. Pengetahuan ini membuka peluang untuk mengembangkan varietas tebu yang lebih toleran terhadap stres hara tanpa menurunkan kualitas gula.

Selain itu, pemanfaatan plasma nutfah liar juga terbukti menjanjikan. Wang et al. (2025) memverifikasi adanya introgresi genetik dari *Narenga porphyrocoma* ke dalam *S. officinarum* menggunakan analisis ARMS-PCR dan GISH. Hasilnya, hibrida antar marga tersebut menunjukkan peningkatan vigor vegetatif (peningkatan jumlah anakan dan panjang daun), meskipun kadar sukrosa lebih rendah dibandingkan induknya. Hal ini menunjukkan bahwa sifat agronomis dari spesies liar dapat dimanfaatkan, namun diperlukan proses *backcrossing* untuk mengembalikan kadar gula tinggi khas *S. officinarum*. Strategi semacam ini memperluas keragaman genetik dan meningkatkan ketahanan stres pada tebu budidaya.

Perspektif Integratif terhadap Ketahanan Pangan

Temuan dari sepuluh artikel yang dikaji memberikan gambaran komprehensif mengenai strategi pemuliaan tebu yang diarahkan untuk meningkatkan kadar gula. Dari sisi genetik, pemahaman mendalam terhadap gen SPS, SWEET, dan ST membuka peluang baru untuk seleksi berbantuan

penanda (*marker-assisted selection*), di mana peningkatan ekspresi gen SPS telah terbukti mampu meningkatkan kadar sukrosa dan hasil biomassa pada tebu transgenik (Anur et al., 2020; Meena et al., 2022). Pendekatan fenotipik seperti *Near-Infrared Spectroscopy* (NIRS) dan metode indeks seleksi telah mempercepat identifikasi genotipe unggul dalam skala besar, sehingga meningkatkan efisiensi proses seleksi (Wu et al., 2024; Zhao et al., 2022).

Sementara itu, kemajuan dalam bidang genomik dan bioteknologi—termasuk seleksi genomik, eksplorasi transkriptom kompleks, adaptasi terhadap stres nutrisi, serta introgresi plasma nutfah liar—telah memperluas cakrawala penelitian pemuliaan tebu (Cursi et al., 2021; Mahadevaiah et al., 2021; Meena et al., 2022; Yadav et al., 2020). Integrasi berbagai pendekatan tersebut sangat penting untuk menghadapi tantangan ketahanan pangan global, mengingat tebu tidak hanya berfungsi sebagai sumber utama gula dunia, tetapi juga sebagai bahan baku penting untuk bioenergi. Pengembangan varietas tebu dengan produktivitas tinggi, kaya sukrosa, dan tahan stres akan semakin memperkuat kontribusi tanaman ini terhadap ketahanan pangan dan energi berkelanjutan.

Kesimpulan

Strategi pemuliaan *Saccharum officinarum* untuk meningkatkan kadar gula berkembang pesat melalui integrasi pendekatan molekuler, fenotipik, dan bioteknologi. Gen-gen utama seperti SPS, SWEET, dan *sugar transporter* terbukti berperan penting dalam akumulasi sukrosa, sementara metode fenotipe berkecepatan tinggi dan indeks seleksi mempercepat proses identifikasi genotipe unggul. Analisis bibliometrik menunjukkan dominasi kontribusi penelitian dari Tiongkok, Amerika Serikat, dan Brasil, meskipun kontribusi selektif dari negara lain juga memberikan dampak signifikan. Ke depan, penelitian perlu difokuskan pada integrasi data genomik dengan pemuliaan konvensional, pemanfaatan plasma nutfah liar, serta penguatan kolaborasi internasional untuk menghasilkan varietas tebu adaptif dengan kadar sukrosa tinggi, sehingga memperkuat peran tebu dalam ketahanan pangan dan energi global.

References

- Ali, S. E., Yuan, Q., Wang, S., & Farag, M. A. (2021). More than sweet: A phytochemical and pharmacological review of sugarcane (*Saccharum officinarum* L.). *Food Bioscience*, 44(PB): 101431. <https://doi.org/10.1016/j.fbio.2021.101431>.
- Anur, R., Mufithah, N., Sawitri, W., Sakakibara, H., & Sugiharto, B. (2020). Overexpression of Sucrose Phosphate Synthase Enhanced Sucrose Content and Biomass Production in Transgenic Sugarcane. *Plants*, 9. <https://doi.org/10.3390/plants9020200>.
- Batool, T., Ali, R. W., Nawaz, M., Khan, S., Mehmood, K., Hassan, A., Javed, M., & Jamil, W. (2025). Biotechnological techniques for sugarcane crop improvement, applications and challenges. *Journal of Crop Science and Biotechnology*, 28(2):167–176. <https://doi.org/10.1007/s12892-025-00276-5>.
- Brant, E., Zuniga-Soto, E., & Altpeter, F. (2025). RNAi and genome editing of sugarcane: Progress and prospects. *Plant Journal*, 121(5):1–23. <https://doi.org/10.1111/tpj.70048>.
- Calderan-Rodrigues, M. J., de Barros Dantas, L. L., Cheavegatti Gianotto, A., & Caldana, C. (2021). Applying Molecular Phenotyping Tools to Explore Sugarcane Carbon Potential. *Frontiers in Plant Science*, 12(February): 1–23. <https://doi.org/10.3389/fpls.2021.637166>
- Carvalho, M. J., Oliveira, A. L., Pedrosa, S. S., Pintado, M., & Madureira, A. R. (2021). Potential of sugarcane extracts as cosmetic and skincare ingredients. *Industrial Crops and Products*, 169(November 2020). <https://doi.org/10.1016/j.indcrop.2021.113625>
- Coto Arbelo, O., Momotaz, A., Sandhu, H. S., Sood, S., Davidson, W., Baltazar, M., & Zhao, D. (2023). Selection of New Sugarcane Genotypes for Sandy Soils in Florida with Enhanced Sucrose Content. *Agriculture (Switzerland)*, 13(5): 1–21. <https://doi.org/10.3390/agriculture13051079>
- Cursi, D., Hoffmann, H., Barbosa, G., Bressiani, J., Gazaffi, R., Chapola, R., F., A., Balsalobre, T., Diniz, C., Santos, J., & Carneiro, M. (2021). History and Current Status of Sugarcane Breeding,

- Germplasm Development and Molecular Genetics in Brazil. *Sugar Tech.* 24: 112–133. <https://doi.org/10.1007/s12355-021-00951-1>
- Hoang, N. V., Furtado, A., Mason, P. J., Marquardt, A., Kasirajan, L., Thirugnanasambandam, P. P., Botha, F. C., & Henry, R. J. (2017). *A survey of the complex transcriptome from the highly polyploid sugarcane genome using full-length isoform sequencing and de novo assembly from short read sequencing.* 1–22. <https://doi.org/10.1186/s12864-017-3757-8>
- Hu, W., Hua, X., Zhang, Q., Wang, J., Shen, Q., Zhang, X., Wang, K., Yu, Q., Lin, Y., Ming, R., & Zhang, J. (2018). *New insights into the evolution and functional divergence of the SWEET family in Saccharum based on comparative genomics.* 1–20.
- Kaya, C. (2025). Plant Metabolic Engineering for Enhanced Nutrition and Food Security During Climate Uncertainty. *Food and Energy Security*, 14(1). <https://doi.org/10.1002/fes3.70060>
- Khan, Q., Qin, Y., Guo, D. J., Yang, L. T., Song, X. P., Xing, Y. X., & Li, Y. R. (2023). A Review of the Diverse Genes and Molecules Involved in Sucrose Metabolism and Innovative Approaches to Improve Sucrose Content in Sugarcane. *Agronomy*. 13(12). <https://doi.org/10.3390/agronomy13122957>
- Li, X., Chen, X., Fang, J., Feng, X., Zhang, X., Lin, H., Chen, W., Zhang, N., He, H., Huang, Z., Xue, X., Li, Y., Fan, L., Lai, R., Huo, Z., Cui, M., Deng, G., Zaid, C., Su, Y., ... Qi, Y. (2024). Whole-genome sequencing of a worldwide collection of sugarcane cultivars (*Saccharum* spp.) reveals the genetic basis of cultivar improvement. *Plant Journal*. 119(5): 2151–2167. <https://doi.org/10.1111/tpj.16861>
- Li, Y. R., & Yang, L. T. (2015). Sugarcane Agriculture and Sugar Industry in China. *Sugar Tech.* 17(1): 1–8. <https://doi.org/10.1007/s12355-014-0342-1>
- Li, Y. R., Zhang, B. Q., Song, X. P., Liang, Q., Verma, K. K., & Li, D. M. (2024). Development of Sugar Industry in China: R&D Priorities for Sustainable Sugarcane Production. *Sugar Tech.* 26(4): 972–981. <https://doi.org/10.1007/s12355-024-01427-8>
- Liu, H., Lin, X., Li, X., Luo, Z., Lu, X., You, Q., Yang, X., Xu, C., Liu, X., Liu, J., Wu, C., & Wang, J. (2023). Haplotype variations of sucrose phosphate synthase B gene among sugarcane accessions with different sucrose content. *BMC Genomics*, 1–12. <https://doi.org/10.1186/s12864-023-09139-1>
- Ma, P., Zhang, X., Chen, L., Zhao, Q., Zhang, Q., Hua, X., Wang, Z., Tang, H., Yu, Q., Zhang, M., Ming, R., & Zhang, J. (2020). *Comparative analysis of sucrose phosphate synthase (SPS) gene family between Saccharum officinarum and Saccharum spontaneum.* 1–15.
- Mahadevaiah, C., Appunu, C., Aitken, K., Suresha, G., Vignesh, P., Swamy, H., Valarmathi, R., Hemaprabha, G., Alagarasan, G., & Ram, B. (2021). Genomic Selection in Sugarcane: Current Status and Future Prospects. *Frontiers in Plant Science*, 12. <https://doi.org/10.3389/fpls.2021.708233>
- Mall, A. K., Manimekalai, R., Misra, V., Pandey, H., Srivastava, S., & Sharma, A. (2025). CRISPR/Cas-Mediated Genome Editing for Sugarcane Improvement. *Sugar Tech.* 27(1): 1–13. <https://doi.org/10.1007/s12355-023-01352-2>
- Meena, M., Appunu, C., Kumar, A., Manimekalai, R., Vasantha, S., Krishnappa, G., Kumar, R., Pandey, S., & Hemaprabha, G. (2022). Recent Advances in Sugarcane Genomics, Physiology, and Phenomics for Superior Agronomic Traits. *Frontiers in Genetics*, 13. <https://doi.org/10.3389/fgene.2022.854936>
- Nguyen, T. T., Hoang, Q. T., Nguyen, T. T., Pham, T. A., Cao, A. D., Pham, H. D., Le, V. H., Vu, T. T., Pham, N. H., Nguyen, T. C., To, K. A., Nguyen, V. H., Phi, Q. T., Tran, V. H., Dang, T. T., Lai, Q. D., Lionnet, R., & Chu-Ky, S. (2022). Research and Development Prospects for Sugarcane Industry in Vietnam. *Sugar Tech.* 24(5): 1330–1341. <https://doi.org/10.1007/s12355-022-01113-7>
- Piperidis, N., & D'Hont, A. (2020). Sugarcane genome architecture decrypted with chromosome-specific oligo probes. *Plant Journal*. 103(6): 2039–2051. <https://doi.org/10.1111/tpj.14881>
- Ram, B., Hemaprabha, G., Singh, B. D., & Appunu, C. (2022). History and Current Status of Sugarcane Breeding, Germplasm Development and Molecular Biology in India. *Sugar Tech.* 24(1): 4–29. <https://doi.org/10.1007/s12355-021-01015-0>

- Silva, L. A., Teodoro, P. E., Peixoto, L. A., Assis, C., & Gasparini, K. (n.d.). *Selecting sugarcane genotypes by the selection index reveals high gain for technological quality traits*. 16(2): 1–12.
- Solomon, S. (2016). Sugarcane Production and Development of Sugar Industry in India. *Sugar Tech*. 18(6): 588–602. <https://doi.org/10.1007/s12355-016-0494-2>
- Thirugnanasambandam, P. P., Hoang, N. V, Furtado, A., Botha, F. C., & Henry, R. J. (2017). *Association of variation in the sugarcane transcriptome with sugar content*. 1–22. <https://doi.org/10.1186/s12864-017-4302-5>
- Wang, G., Zhang, W., Qin, Y., Wu, Q., Liang, Q., Wu, J., & Sun, S. (2025). *Verification of the Introgression of Narenga porphyrocoma Germplasm into Saccharum officinarum Using Molecular Markers and GISH Analysis*.
- Wang, M., Li, X., Shen, Y., Adnan, M., Mao, L., Lu, P., Hu, Q., Jiang, F., Khan, M. T., Deng, Z., Chen, B., Huang, J., & Zhang, M. (2021). A systematic high - throughput phenotyping assay for sugarcane stalk quality characterization by near - infrared spectroscopy. *Plant Methods*, 1–14. <https://doi.org/10.1186/s13007-021-00777-8>
- Wang, Y., Li, Y., Hua, X., Zhang, Z., Fan, T., Yao, W., Zhang, M., & Zhang, J. (2022). *Transcriptome Dynamics Underlying Magnesium Deficiency Stress in Three Founding Saccharum Species*.
- Wu, Q., Li, A., Zhao, P., Xia, H., Zhang, Y., & Que, Y. (2024). Theory to practice: a success in breeding sugarcane variety YZ08–1609 known as the King of Sugar. *Frontiers in Plant Science*. 15(May): 1–7. <https://doi.org/10.3389/fpls.2024.1413108>
- Xu, Z., Kong, R., An, D., Zhang, X., Li, Q., Nie, H., Liu, Y., & Su, J. (2023). Evaluation of a Sugarcane (Saccharum spp.) Hybrid F1 Population Phenotypic Diversity and Construction of a Rapid Sucrose Yield Estimation Model for Breeding. *Plants*. 12(3). <https://doi.org/10.3390/plants12030647>
- Yadav, S., Jackson, P., Wei, X., Ross, E., Aitken, K., Deomano, E., Atkin, F., Hayes, B., & Voss-Fels, K. (2020). Accelerating Genetic Gain in Sugarcane Breeding Using Genomic Selection. *Agronomy*. 10(585). <https://doi.org/10.3390/agronomy10040585>
- Zhang, M., & Govindaraju, M. (2018). Sugarcane Production in China. *Sugarcane - Technology and Research*. <https://doi.org/10.5772/intechopen.73113>
- Zhang, Q., Hua, X., Liu, H., Yuan, Y., Shi, Y., Wang, Z., Zhang, M., & Ming, R. (2021). *Evolutionary expansion and functional divergence of sugar transporters in Saccharum (S . spontaneum and S . officinarum)*. 884–906. <https://doi.org/10.1111/tpj.15076>
- Zhao, Y., Liu, J., Huang, H., Zan, F., Zhao, P., Zhao, J., Deng, J., & Wu, C. (2022). Genetic Improvement of Sugarcane (Saccharum spp.) Contributed to High Sucrose Content in China Based on an Analysis of Newly Developed Varieties. *Agriculture*. 12(11). <https://doi.org/10.3390/agriculture12111789>