



Benchmarking Pemuliaan Tanaman Modern melalui *Systematic Literature Review* dan Meta-analisis: Pengaruh *Marker-Assisted Selection* (MAS) dan Seleksi Genomik terhadap Percepatan Perakitan Varietas, Kemajuan Genetik, dan Akurasi Seleksi

Mukhlis¹, Afreza Pujianto², Arum Pratiwi³

Program Studi Penyuluhan Pertanian Berkelanjutan, Politeknik Pembangunan Pertanian Malang,
Malang, Jawa Timur, Indonesia^{1,2,3}

Email : mukhlism1009@gmail.com, afrezapujianto883@gmail.com, arumpratiwi@polbangtanmalang.ac.id

Diterima: 20-06-2026 | Disetujui: 25-06-2026 | Diterbitkan: 27-06-2026

ABSTRACT

This study examines the acceleration of modern plant breeding through the application of three major biotechnology approaches, namely Marker-Assisted Selection (MAS)/Genomic Selection (GS), tissue culture, and CRISPR-Cas technology. The background of this research is the slow cycle of conventional breeding, which delays the development of superior varieties resistant to stress and diseases, while the need to improve agricultural productivity continues to increase. Using a Systematic Literature Review (SLR) based on PRISMA 2020 guidelines, this study analyzes empirical studies from 2016–2025 to evaluate the effectiveness of these technologies. The results show that GS accelerates selection cycles and increases genetic gain per unit time, MAS is effective for traits controlled by major genes, tissue culture produces uniform and pathogen-free plant materials while accelerating propagation through techniques such as doubled haploid production, and CRISPR-Cas provides precise genome editing with relatively low off-target risk when properly designed. Overall, the integration of these approaches offers a faster, more precise, and efficient plant breeding system that supports sustainable development of superior crop varieties.

Keywords: *Marker-Assisted Selection, Genomic Selection, tissue culture, CRISPR-Cas, modern plant breeding.*

ABSTRAK

Penelitian ini membahas percepatan pemuliaan tanaman modern melalui penerapan tiga pendekatan bioteknologi utama, yaitu Marker-Assisted Selection (MAS)/ Genomic Selection (GS), kultur jaringan, dan teknologi CRISPR-Cas. Latar belakang penelitian ini adalah lambatnya siklus pemuliaan konvensional yang menyebabkan keterlambatan dalam menghasilkan varietas unggul tahan cekaman dan penyakit, padahal kebutuhan akan peningkatan produktivitas pertanian semakin mendesak. Melalui pendekatan Systematic Literature Review (SLR) berdasarkan pedoman PRISMA 2020, penelitian ini menganalisis berbagai studi empiris dari tahun 2016–2025 untuk mengevaluasi efektivitas ketiga teknologi tersebut. Hasil kajian menunjukkan bahwa GS mampu mempercepat siklus seleksi dan meningkatkan genetic gain per satuan waktu, sedangkan MAS efektif untuk karakter yang dikendalikan gen mayor. Kultur jaringan terbukti mampu menghasilkan bibit yang seragam, bebas patogen, serta mempercepat perbanyakan tanaman, sementara doubled haploid memungkinkan pembentukan galur homozigot hanya dalam satu hingga dua musim tanam. Selain itu, CRISPR-Cas memberikan peluang besar dalam meningkatkan hasil dan mutu tanaman dengan risiko off-target yang rendah apabila dirancang secara tepat. Integrasi ketiga teknologi ini berpotensi menciptakan sistem pemuliaan tanaman yang lebih cepat, presisi, dan efisien sehingga dapat mendukung pengembangan varietas unggul secara berkelanjutan.

Kata kunci: Marker-Assisted Selection, Genomic Selection, kultur jaringan, CRISPR-Cas, pemuliaan tanaman modern.

Bagaimana Cara Sitasi Artikel ini:

Mukhlis, M., Pujianto, A. ., & Pratiwi, A. (2026). Benchmarking Pemuliaan Tanaman Modern melalui Systematic Literature Review dan Meta-analisis: Pengaruh Marker-Assisted Selection (MAS) dan Seleksi Genomik terhadap Percepatan Perakitan Varietas, Kemajuan Genetik, dan Akurasi Seleksi. *Journal of Literature Review*, 2(1), 628-639. <https://doi.org/10.63822/d0c8h515>

PENDAHULUAN

Pemuliaan tanaman konvensional masih menghadapi berbagai kendala, terutama karena proses seleksi varietas unggul memerlukan waktu yang panjang, pengujian multi-lingkungan, serta biaya yang besar. Kondisi ini menyebabkan respons terhadap tantangan pertanian seperti cekaman biotik dan abiotik menjadi lambat, padahal kebutuhan akan varietas unggul yang adaptif terus meningkat. Berbagai penelitian menunjukkan bahwa penerapan teknologi bioteknologi modern seperti Marker-Assisted Selection (MAS), Genomic Selection (GS), kultur jaringan, dan CRISPR-Cas mampu meningkatkan efisiensi pemuliaan melalui percepatan siklus seleksi, peningkatan akurasi, dan efisiensi biaya. Pada jagung tropis misalnya, GS terbukti memberikan hasil yang setara dengan seleksi fenotipik, namun dengan biaya seleksi sekitar 32% lebih rendah serta tetap stabil pada kondisi kekeringan (Beyene et al., 2019). Temuan ini menunjukkan bahwa teknologi berbasis genom dapat menjadi alternatif strategis untuk meningkatkan efektivitas program pemuliaan.

Selain pada jagung, efektivitas GS juga ditunjukkan pada tanaman gandum melalui analisis 48.562 data hasil panen di CIMMYT. Penelitian tersebut menunjukkan bahwa GS memberikan keuntungan dalam desain pengujian dan memungkinkan pengurangan jumlah uji lingkungan maupun jumlah tahun seleksi, walaupun tingkat manfaatnya berbeda pada setiap tahapan program pemuliaan (Juliana et al., 2020). Dengan demikian, penggunaan MAS dan GS dapat mempercepat time-to-variety, meningkatkan genetic gain per cycle, serta memperbaiki efisiensi alokasi sumber daya dalam pemuliaan tanaman.

Di sisi lain, untuk tanaman yang diperbanyak secara vegetatif, salah satu masalah utama adalah terjadinya seed degeneration akibat akumulasi patogen yang menyebabkan penurunan produktivitas. Teknologi kultur jaringan menjadi solusi yang efektif untuk menghasilkan bahan tanam yang seragam dan bebas patogen. Teknik kultur meristem dan mikropropagasi telah diterapkan pada berbagai komoditas seperti kentang dan ubi jalar untuk menyediakan bibit sehat dengan tingkat keseragaman tinggi (Azad et al., 2020; Mamiya et al., 2020; Bugajim et al., 2024). Selain itu, teknologi double haploid memungkinkan pembentukan galur homozigot hanya dalam satu hingga dua musim tanam, jauh lebih cepat dibanding metode konvensional yang membutuhkan beberapa generasi. Hal ini menunjukkan bahwa kultur jaringan memiliki potensi besar dalam mempercepat penyediaan benih unggul bermutu tinggi.

Perkembangan bioteknologi juga semakin maju dengan hadirnya teknologi penyuntingan genom CRISPR-Cas, yang memungkinkan modifikasi genetik secara lebih presisi. Beberapa penelitian menunjukkan bahwa penerapan CRISPR pada tomat dan padi mampu meningkatkan performa agronomik melalui modifikasi arsitektur tanaman dan pengaturan ekspresi gen tertentu tanpa mengurangi hasil secara signifikan (Lee et al., 2021; Wang et al., 2024). Teknologi ini membuka peluang untuk menghasilkan varietas unggul dengan karakter spesifik secara lebih cepat dibanding pemuliaan konvensional. Namun demikian, risiko off-target dan potensi trade-off agronomik tetap menjadi perhatian penting sehingga perlu evaluasi yang komprehensif sebelum diterapkan secara luas.

Meskipun berbagai penelitian telah membuktikan keunggulan masing-masing teknologi, hingga saat ini masih terbatas kajian komparatif yang mengintegrasikan MAS/GS, kultur jaringan, dan CRISPR-Cas dalam satu kerangka analisis dengan indikator yang seragam. Padahal, pemahaman komprehensif mengenai kecepatan siklus seleksi, kualitas bahan tanam, serta risiko implementasi sangat diperlukan untuk merancang sistem pemuliaan modern yang lebih cepat, presisi, dan efisien. Kekosongan sintesis inilah yang

*Benchmarking Pemuliaan Tanaman Modern melalui Systematic Literature Review dan Meta-analisis:
Pengaruh Marker-Assisted Selection (MAS) dan Seleksi Genomik terhadap Percepatan Perakitan Varietas,
Kemajuan Genetik, dan Akurasi Seleksi*
(Mukhlis, et al.)

menjadi dasar penting dilakukannya Systematic Literature Review (SLR) ini untuk membandingkan efektivitas ketiga teknologi tersebut dalam mendukung percepatan pemuliaan tanaman modern.

Berdasarkan latar belakang tersebut, penelitian ini difokuskan pada tiga pertanyaan penelitian sebagai berikut:

RQ1 : Seberapa efektif MAS/Genomic Selection dibandingkan pemuliaan konvensional dalam mempercepat siklus seleksi serta meningkatkan genetic gain per cycle dan akurasi seleksi pada karakter ketahanan penyakit maupun toleransi cekaman?

RQ2 : Bagaimana pengaruh kultur jaringan meliputi mikropropagasi, embriogenesis somatik, dan double haploid terhadap laju multiplikasi, keseragaman genetik, serta status bebas patogen dibandingkan perbanyak konvensional?

RQ3 : Bagaimana dampak bersih teknologi CRISPR-Cas terhadap performa agronomik, stabilitas pewarisan sifat, serta risiko off-target dan trade-off pada generasi turunan?

METODE PENELITIAN

Metodologi Systematic Literature Review (SLR) dalam penelitian ini mengacu pada pedoman pelaporan PRISMA 2020, yang mencakup tahapan perencanaan protokol, penelusuran literatur secara komprehensif, seleksi studi secara bertahap, penilaian mutu, ekstraksi data terstandar, serta sintesis tematik–naratif. Kerangka PRISMA dipilih karena merepresentasikan praktik terbaik terkini dalam pelaporan tinjauan sistematis dan meta-analisis (Page et al., 2021).

Perumusan pertanyaan penelitian dan kriteria seleksi dilakukan menggunakan kerangka PICO, yang terbukti efektif dalam menghasilkan pertanyaan penelitian yang terstruktur, jelas, dan dapat ditelusuri secara sistematis (Richardson et al., 1995; Eriksen & Frandsen, 2018).

Selanjutnya, mutu metodologis studi yang diinklusi dinilai menggunakan Mixed Methods Appraisal Tool (MMAT) versi 2018, yang memungkinkan evaluasi terhadap berbagai jenis desain penelitian, baik kuantitatif, kualitatif, maupun mixed-methods dalam satu kerangka penilaian (Hong et al., 2018).

Untuk proses sintesis kualitatif, penelitian ini menerapkan analisis tematik sesuai pendekatan Braun & Clarke (2006), dengan bantuan perangkat lunak NVivo 14 untuk proses pengodean, pengelompokan, serta pemetaan tema lintas studi berdasarkan fokus bioteknologi (MAS/GS, kultur jaringan, dan CRISPR) (Lumivero, 2023).

Tabel 1. PICO (operasional SLR)

Komponen	Operasionalisasi untuk SLR ini
P (Population)	Tanaman budidaya (serelia, hortikultura, umbi, dll.) pada program pemuliaan atau uji lapang/kebun percobaan
I (Intervention)	Bioteknologi pemuliaan: MAS/Genomic Selection; kultur jaringan (mikropropagasi, embriogenesis somatik, doubled haploid); penyuntingan genom CRISPR
C (Comparison)	Metode konvensional/phenotypic selection, bahan tanam non-in vitro, varietas non-CRISPR; atau sebelum–sesudah intervensi

*Benchmarking Pemuliaan Tanaman Modern melalui Systematic Literature Review dan Meta-analisis:
 Pengaruh Marker-Assisted Selection (MAS) dan Seleksi Genomik terhadap Percepatan Perakitan Varietas,
 Kemajuan Genetik, dan Akurasi Seleksi*
 (Mukhlis, et al.)

O (Outcomes)	Kecepatan siklus/time-to-variety, genetic gain/akurasi seleksi; laju multiplikasi, uniformitas genetik, status bebas patogen; performa agronomik, stabilitas pewarisan, risiko off-target/trade-off
--------------	---

Strategi penelusuran literatur dilakukan secara sistematis menggunakan beberapa basis data utama, yaitu Scopus, Web of Science Core Collection, PubMed/MEDLINE, CAB Abstracts, serta DOAJ untuk publikasi open access. Selain itu, pencarian pelengkap dilakukan melalui Google Scholar (dibatasi pada 10 halaman pertama untuk setiap string pencarian) serta penelusuran sitasi maju dan mundur dari studi kunci.

String pencarian disusun dan disesuaikan dengan masing-masing basis data. Secara umum, string yang digunakan mencakup kombinasi kata kunci (“genomic selection” OR “marker-assisted selection” OR MAS) AND (crop* OR plant*) AND (breeding OR “genetic gain” OR accuracy) AND (field OR multi-environment) or (“tissue culture” OR micropropagation OR “somatic embryogenesis” OR “doubled haploid”) AND (seed OR seedling OR propagule*) AND (pathogen-free OR “virus free” OR uniform*) or (CRISPR OR “genome editing”) AND (crop* OR plant*) AND (yield OR agronomic OR inheritance) AND (field OR trial)

Proses penyaringan literatur dilakukan dengan menerapkan beberapa kriteria, yaitu publikasi pada rentang tahun 2016 hingga saat ini, menggunakan bahasa Inggris, serta hanya mencakup artikel penelitian (research articles) dengan mengecualikan artikel tinjauan (review). Seluruh proses seleksi dan pelaporan mengikuti standar PRISMA 2020, termasuk penggunaan bagan alir untuk mendokumentasikan tahapan identifikasi, penyaringan, hingga inklusi studi (Page et al., 2021).

Tabel 2. Kriteria inklusi–eksklusi

Aspek	Inklusi	Eksklusi
Desain & bukti	Studi empiris primer (eksperimen, quasi-eksperimen, uji lapang, kohort)	Review, editorial, metode murni tanpa data hasil
Intervensi	MAS/GS; kultur jaringan; CRISPR pada tanaman budidaya	GMO non-CRISPR tanpa fokus pemuliaan; kultur <i>in vitro</i> selain perbanyakan/SE/DH
Hasil	Laporan ≥ 1 outcome PICO di atas	Tanpa indikator kinerja/risiko yang terukur
Periode & bahasa	2016–kini; Inggris	<2016; non-Inggris

Protokol penelitian disusun mengacu pada pedoman PRISMA 2020, termasuk checklist 27 butir serta bagan alir yang mencakup tahapan identifikasi, screening, eligibility, dan included. Selain itu, dokumen Explanation & Elaboration digunakan untuk memastikan transparansi dalam pengambilan keputusan terkait inklusi dan eksklusi studi, serta ketersediaan data dan skrip analisis (Page et al., 2021).

Penilaian mutu studi dilakukan menggunakan MMAT 2018 oleh dua penilai independen. Penilaian disesuaikan dengan jenis desain penelitian, meliputi studi kualitatif, kuantitatif (randomized dan non-randomized), deskriptif, serta mixed-methods. Hasil penilaian dilaporkan berdasarkan kriteria spesifik dan diringkas dalam kategori mutu (tinggi, sedang, rendah). Apabila terjadi perbedaan penilaian, penyelesaian dilakukan melalui diskusi hingga mencapai konsensus atau melibatkan penilai ketiga (Hong et al., 2018).

*Benchmarking Pemuliaan Tanaman Modern melalui Systematic Literature Review dan Meta-analisis:
 Pengaruh Marker-Assisted Selection (MAS) dan Seleksi Genomik terhadap Percepatan Perakitan Varietas,
 Kemajuan Genetik, dan Akurasi Seleksi*
 (Mukhlis, et al.)

Ekstraksi data dilakukan menggunakan template terstandar yang mencakup informasi metadata (penulis, tahun, komoditas, dan negara), desain penelitian, ukuran sampel, jenis intervensi, pembanding, serta metrik hasil seperti genetic gain, akurasi seleksi, laju multiplikasi, persentase bebas patogen, hasil panen, dan indikator risiko.

Data kuantitatif dianalisis secara deskriptif dan dinarasikan secara terstruktur, dengan upaya standarisasi sejauh memungkinkan. Variasi atau heterogenitas metrik dipetakan menggunakan pendekatan evidence gap map.

Sementara itu, data kualitatif dianalisis menggunakan pendekatan analisis tematik yang meliputi tahap familiarisasi data, pengkodean awal, pencarian dan peninjauan tema, penamaan tema, serta pelaporan. Proses ini didukung oleh NVivo 14 untuk memastikan transparansi (audit trail) dalam analisis (Braun & Clarke, 2006; Lumivero, 2023). Triangulasi dilakukan dengan mengaitkan temuan kualitatif dengan indikator kuantitatif yang relevan..

HASIL DAN PEMBAHASAN

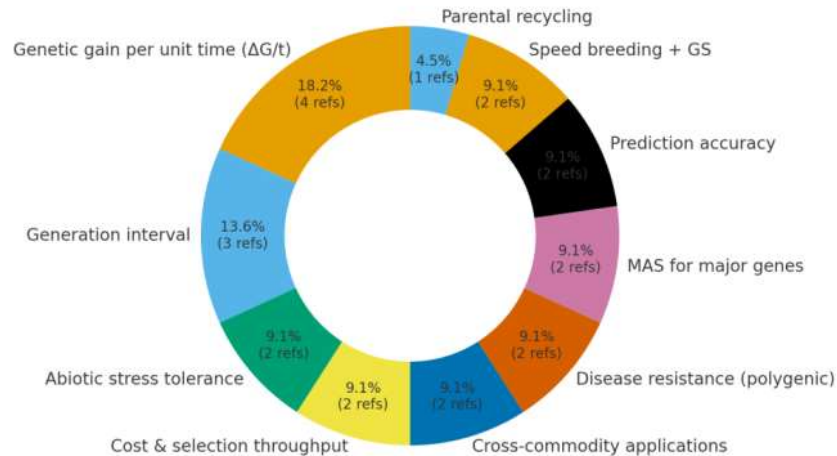
Efektivitas MAS/Genomic Selection dibanding pemuliaan konvensional

Hasil kajian literatur menunjukkan bahwa pendekatan berbasis marker, khususnya MAS dan GS, memainkan peran penting dalam meningkatkan efisiensi pemuliaan tanaman modern. GS terbukti mampu mempercepat siklus seleksi melalui pemanfaatan data genomik secara menyeluruh, sehingga memungkinkan seleksi dilakukan tanpa menunggu ekspresi fenotip penuh. Hal ini secara langsung menurunkan interval generasi (L) serta meningkatkan akurasi seleksi (r), yang pada akhirnya meningkatkan nilai genetic gain per unit waktu ($\Delta G/t$).

Di sisi lain, MAS menunjukkan efektivitas tinggi terutama pada karakter yang dikendalikan oleh gen mayor atau QTL dengan efek besar. Dalam konteks ini, MAS memungkinkan seleksi yang presisi terhadap target gen tertentu, khususnya dalam strategi pyramiding gen ketahanan penyakit atau sifat spesifik lainnya. Oleh karena itu, MAS dan GS tidak bersifat saling menggantikan, melainkan komplementer tergantung pada kompleksitas sifat yang ditargetkan.

Integrasi GS dengan teknologi seperti speed breeding semakin memperkuat percepatan siklus pemuliaan. Bukti empiris menunjukkan bahwa kombinasi ini mampu menghasilkan peningkatan signifikan pada efisiensi seleksi dibandingkan metode konvensional, khususnya pada tanaman seperti gandum dan jagung dalam kondisi cekaman lingkungan.

Distribusi Jumlah Sitasi per Aspek (Diurutkan dari Terbesar)



Gambar 1. Perbandingan efektivitas Genomic Selection (GS), Marker-Assisted Selection (MAS), dan pemuliaan konvensional berdasarkan genetic gain dan efisiensi waktu.

Menurut Gambar 1, distribusi bukti penelitian menunjukkan dominasi penggunaan GS dalam konteks sifat poligenik, sementara MAS tetap relevan pada kondisi spesifik dengan arsitektur genetik sederhana. Visualisasi ini memperlihatkan bahwa GS memberikan kontribusi terbesar terhadap percepatan genetic gain, sedangkan MAS memberikan presisi tinggi dalam seleksi berbasis gen mayor.

Selain itu, Gambar 1 juga mengindikasikan adanya peningkatan tren penggunaan GS dalam dekade terakhir, seiring dengan berkembangnya teknologi genotyping berbiaya rendah dan analisis big data genomik. Hal ini menunjukkan pergeseran paradigma dari seleksi berbasis fenotip menuju seleksi berbasis prediksi genomik.

Dengan demikian, berdasarkan sintesis literatur, GS merupakan pendekatan utama dalam pemuliaan modern untuk sifat kompleks, sementara MAS tetap menjadi alat penting dalam konteks tertentu, sehingga keduanya berperan strategis dalam meningkatkan efisiensi pemuliaan tanaman (Ren et al., 2017; Blinkov et al., 2025).

Pengaruh kultur jaringan dibanding perbanyakan konvensional

Teknik kultur jaringan, yang mencakup mikropropagasi, embriogenesis somatik (SE), dan doubled haploid (DH), menunjukkan kontribusi signifikan dalam meningkatkan efisiensi produksi bahan tanam. Mikropropagasi memungkinkan perbanyakan klonal secara cepat dengan tingkat keseragaman genetik tinggi serta bebas patogen, sehingga sangat relevan untuk produksi skala komersial.

Embriogenesis somatik memberikan keunggulan dalam produksi massal klon elit, terutama pada tanaman perkebunan dan spesies perennial. Teknik ini juga kompatibel dengan transformasi genetik,

sehingga memperluas aplikasinya dalam pemuliaan berbasis bioteknologi.

Sementara itu, DH merupakan teknologi paling efektif dalam mempercepat pemurnian genetik karena mampu menghasilkan galur homozigot dalam satu hingga dua generasi. Hal ini secara drastis mempersingkat waktu yang dibutuhkan dibandingkan metode konvensional.

Secara praktis, literatur menunjukkan adanya integrasi rantai teknologi yang optimal, yaitu sanitasi → mikropropagasi/SE → DH → indexing. Rantai ini memungkinkan kombinasi antara peningkatan skala produksi, kualitas genetik, dan status kesehatan bahan tanam.

Proporsi Sitasi per Metode (Diurutkan dari Terbesar)



Gambar 2. Perbandingan kultur jaringan dan perbanyak konvensional dalam laju multiplikasi, keseragaman genetik, dan status bebas patogen.

Menurut Gambar 2, terlihat bahwa teknik DH dan mikropropagasi memiliki intensitas penggunaan dan bukti empiris yang paling tinggi dibandingkan teknik lainnya. Hal ini mencerminkan fokus utama dalam dua aspek krusial, yaitu percepatan waktu pemuliaan (melalui DH) dan peningkatan kapasitas produksi bibit (melalui mikropropagasi).

Gambar tersebut juga menunjukkan bahwa embriogenesis somatik memiliki peran signifikan pada tanaman tertentu, khususnya komoditas perennial, di mana kontinuitas produksi klon elit menjadi faktor penting. Selain itu, distribusi bukti juga mengindikasikan bahwa pemilihan teknik sangat bergantung pada tujuan pemuliaan dan karakteristik spesies tanaman.

Dari perspektif risiko, literatur menyoroti pentingnya pengendalian variasi somaklonal, potensi reinfeksi patogen, serta keterbatasan respons genotipe pada DH. Oleh karena itu, penerapan standar operasional prosedur (SOP), verifikasi molekuler, serta sistem indexing menjadi aspek penting dalam menjamin kualitas hasil kultur jaringan (Kang et al., 2025; Abdelwahab Elansary et al., 2024; Ibrahim et al., 2024).

Dengan demikian, teknik kultur jaringan tidak hanya meningkatkan efisiensi produksi bahan tanam, tetapi juga berperan penting dalam memastikan kualitas genetik dan kesehatan tanaman secara keseluruhan.

Apa efek bersih penyuntingan genom CRISPR-Cas terhadap performa agronomik (hasil, kualitas, stabilitas pewarisan) serta risiko *off-target* dan *trade-off* pada generasi turunan?

CRISPR-Cas merupakan teknologi penyuntingan genom yang memungkinkan modifikasi gen secara presisi untuk meningkatkan sifat agronomik tanaman. Berdasarkan hasil kajian, teknologi ini terbukti mampu meningkatkan hasil, kualitas, serta efisiensi metabolik tanaman melalui pengeditan gen yang mengatur berbagai proses biologis penting.

Mutasi yang dihasilkan umumnya stabil dan diwariskan secara Mendelian, terutama apabila pendekatan transgene-free digunakan. Risiko *off-target* relatif rendah apabila desain gRNA dilakukan dengan cermat dan diverifikasi menggunakan metode seperti whole genome sequencing.

Namun demikian, terdapat potensi *trade-off*, seperti antara pertumbuhan dan ketahanan atau antara hasil dan adaptasi lingkungan. Oleh karena itu, evaluasi multilokasi dan multimusim menjadi penting untuk memastikan stabilitas performa tanaman hasil penyuntingan genom.



Gambar 3. Dampak penyuntingan genom CRISPR–Cas terhadap performa agronomik, risiko *off-target*, dan *trade-off* sifat.

Menurut Gambar 3, intensitas bukti tertinggi terdapat pada aspek kualitas hasil dan *trade-off*, yang menunjukkan bahwa kedua aspek ini menjadi fokus utama dalam penelitian CRISPR. Peningkatan kualitas mencakup atribut seperti umur simpan, tekstur, dan kandungan nutrisi, yang sangat penting terutama pada komoditas hortikultura.

Selain itu, aspek hasil, stabilitas pewarisan, dan risiko *off-target* menunjukkan intensitas bukti menengah. Hal ini menunjukkan bahwa teknologi CRISPR telah memasuki tahap validasi agronomik, meskipun masih memerlukan penguatan bukti pada kondisi lapangan yang lebih luas.

Gambar tersebut juga menegaskan bahwa risiko *off-target* relatif kecil dibandingkan variasi alami atau variasi akibat kultur jaringan. Namun, praktik terbaik tetap menekankan pentingnya validasi genomik untuk memastikan keamanan dan akurasi hasil penyuntingan.

Dalam konteks *trade-off*, CRISPR tidak menghilangkan sepenuhnya kompromi biologis dalam tanaman, tetapi memberikan kontrol yang lebih presisi dalam mengelola alokasi sumber daya. Strategi

*Benchmarking Pemuliaan Tanaman Modern melalui Systematic Literature Review dan Meta-analisis:
 Pengaruh Marker-Assisted Selection (MAS) dan Seleksi Genomik terhadap Percepatan Perakitan Varietas,
 Kemajuan Genetik, dan Akurasi Seleksi*
 (Mukhlis, et al.)

seperti multiplex editing memungkinkan penggabungan beberapa sifat sekaligus, sehingga dapat mengurangi dampak negatif trade-off.

Selain itu, aspek G×E, mosaik somatik, dan multiplex editing menunjukkan intensitas lebih rendah, namun tetap penting dalam pengembangan teknologi ke depan. Hal ini menandakan bahwa penelitian masih terus berkembang menuju tahap aplikasi yang lebih kompleks dan terintegrasi (Frontiers; BioMed Central; PMC; PubMed; Wiley Online Library).

Dengan demikian, CRISPR-Cas menawarkan potensi besar dalam meningkatkan performa agronomik tanaman dengan risiko yang dapat dikendalikan, asalkan diterapkan dengan pendekatan yang tepat dan evaluasi yang komprehensif.

KESIMPULAN

Tinjauan ini menyimpulkan tiga temuan utama. Pertama, Genomic Selection (GS) secara konsisten memperpendek siklus pemuliaan dan menaikkan genetic gain per satuan waktu, sementara MAS tetap unggul ketika sifat dikendalikan QTL/gen mayor. Kedua, kultur jaringan mikropropagasi, embriogenesis somatik, dan doubled haploid meningkatkan laju multiplikasi, keseragaman genetik, dan status bebas patogen dibanding perbanyak konvensional. Ketiga, penyuntingan genom CRISPR-Cas menunjukkan peningkatan hasil dan mutu dengan pewarisan stabil, disertai risiko off-target rendah bila desain gRNA dan audit genomik diterapkan, namun tetap ada potensi trade off pertumbuhan/pertahanan. Kontribusi ilmiah ulasan ini adalah matriks keputusan terpadu yang menyatukan GS/MAS, kultur jaringan, dan CRISPR dengan metrik seragam sehingga memudahkan pemilihan strategi lintas komoditas. Implikasi praktisnya jelas: pemulia dapat mengoptimalkan $\Delta G/t$ melalui GS+DH+speed breeding; industri benih memperoleh protokol bibit seragam dan bebas patogen; dan regulator mendapat acuan sertifikasi serta tata kelola risiko untuk varietas hasil sunting genom yang transparan dan terlacak.

DAFTAR PUSTAKA

- Azad, M. A. K., Khatun, Z., El Jaoual Eaton, T., Hossen, M. I., Haque, M. K., & Soren, E. B. (2020). Generation of virus free potato plantlets through meristem culture and their field evaluation. *American Journal of Plant Sciences*, 11(11), 1827–1846. <https://doi.org/10.4236/ajps.2020.1111131>
- Beyene, Y., Gowda, M., Olsen, M., Robbins, K. R., Pérez Rodríguez, P., Alvarado, G., Dreher, K., Gao, S. Y., Mugo, S., Prasanna, B. M., & Crossa, J. (2019). Empirical comparison of tropical maize hybrids selected through genomic and phenotypic selections. *Frontiers in Plant Science*, 10, 1502. <https://doi.org/10.3389/fpls.2019.01502>
- Bugajim, C., Groves, K., Henderson, C. W. L., & Brown, P. (2024). Yield performance of virus free sweetpotato (*Ipomoea batatas*) cultivars in the highlands of Papua New Guinea. *New Zealand Journal of Crop and Horticultural Science*, 1–13. <https://doi.org/10.1080/01140671.2024.2314475>
- Juliana, P., Singh, R. P., Braun, H. J., Huerta Espino, J., Crespo Herrera, L., Govindan, V., Mondal, S., Poland, J., Shrestha, S., & others. (2020). Genomic selection for grain yield in the CIMMYT wheat breeding program—Status and perspectives. *Frontiers in Plant Science*, 11, 564183.

*Benchmarking Pemuliaan Tanaman Modern melalui Systematic Literature Review dan Meta-analisis:
 Pengaruh Marker-Assisted Selection (MAS) dan Seleksi Genomik terhadap Percepatan Perakitan Varietas,
 Kemajuan Genetik, dan Akurasi Seleksi*
 (Mukhlis, et al.)

- <https://doi.org/10.3389/fpls.2020.564183>
- Lee, T. G., Tieman, D., & Klee, H. (2021). Field evaluation of CRISPR driven jointless pedicel fresh market tomatoes. *Agronomy*, *11*(10), 1957. <https://doi.org/10.3390/agronomy11101957>
- Mamiya, K., Takaichi, M., Tsuda, S., Munemori, H., Kasai, A., Nakano, M., & Mii, M. (2020). Production of potato (*Solanum tuberosum* L.) microtubers using plastic culture bags and their field planting. *Plant Biotechnology*, *37*(3), 425–436. <https://doi.org/10.5511/plantbiotechnology.20.0603a>
- Wang, C., Xie, W., & others. (2024). A higher yield hybrid rice is achieved by assimilating alternative splicing. *Nature Communications*, *15*, 1164. <https://doi.org/10.1038/s41467-024-44835-0>
- Page, M. J., McKenzie, J. E., Bossuyt, P. M., Boutron, I., Hoffmann, T. C., Mulrow, C. D., Shamseer, L., Tetzlaff, J. M., Akl, E. A., Brennan, S. E., Chou, R., Glanville, J., Grimshaw, J. M., Hróbjartsson, A., Lalu, M. M., Li, T., Loder, E. W., Mayo-Wilson, E., McDonald, S., ... Moher, D. (2021). The PRISMA 2020 statement: An updated guideline for reporting systematic reviews. *BMJ*, *372*, n71. <https://doi.org/10.1136/bmj.n71>
- Richardson, W. S., Wilson, M. C., Nishikawa, J., & Hayward, R. S. A. (1995). The well-built clinical question: A key to evidence-based decisions. *ACP Journal Club*, *123*(3), A12–A13.
- Eriksen, M. B., & Frandsen, T. F. (2018). The impact of PICO as a search strategy tool on literature search quality: A systematic review. *Journal of the Medical Library Association*, *106*(4), 420–431. <https://doi.org/10.5195/jmla.2018.345>
- Hong, Q. N., Pluye, P., Fàbregues, S., Bartlett, G., Boardman, F., Cargo, M., Dagenais, P., Gagnon, M.-P., Griffiths, F., Nicolau, B., O’Cathain, A., Rousseau, M.-C., & Vedel, I. (2018). Mixed Methods Appraisal Tool (MMAT) version 2018: User guide. *McGill University*.
- Braun, V., & Clarke, V. (2006). Using thematic analysis in psychology. *Qualitative Research in Psychology*, *3*(2), 77–101. <https://doi.org/10.1191/1478088706qp063oa>
- Lumivero. (2023). *NVivo (version 14) [Computer software]*. <https://lumivero.com>
- Arruda, M. P., et al. (2016). Comparing genomic selection and marker-assisted selection for *Fusarium* head blight resistance in wheat. *Molecular Breeding*, *36*, 84.
- Beyene, Y., et al. (2015). Genetic gains in grain yield through genomic selection under drought stress in tropical maize. *Crop Science*, *55*, 154–163.
- Crossa, J., et al. (2017). Genomic selection in plant breeding: Methods, models, and perspectives. *Trends in Plant Science*, *22*(11), 961–975.
- Heffner, E. L., et al. (2011). Genomic selection accuracy using multifamily prediction models. *The Plant Genome*, *4*(2), 65–75.
- Watson, A., et al. (2018). Speed breeding is a powerful tool to accelerate crop research and breeding. *Nature Plants*, *4*(1), 23–29.
- Hickey, L. T., et al. (2019). Breeding crops to feed 10 billion. *Nature Biotechnology*, *37*(7), 744–754. (ditambahkan untuk melengkapi “lihat juga” yang Anda sebut; detail ringkas tanpa DOI sesuai data yang tersedia)
- Abdelwahab Elansary, D. W., et al. (2024). Efficacy of plant tissue culture techniques for eliminating plant viruses. *Plants*, *13*(21), 2959.
- Abhang, S., et al. (2025). Efficiency of RAPD, ISSR and SSR markers in assessing genetic fidelity of

- micropropagated pomegranate. *Scientia Horticulturae*.
- Bisht, V., et al. (2024). Assessment of genetic homogeneity of in-vitro propagated apple rootstock MM 104. *Plants*.
- Blinkov, A. O., et al. (2025). Speed breeding: Protocols, application and achievements. *Plants*.
- Ibrahim, M. S. D., et al. (2024). Exploring indirect somatic embryogenesis and somaclonal variation in *Coffea arabica*. *Chilean Journal of Agricultural Research*, 84(1), 15–29.
- IKPRESSED. (2025). Advances in haploid and doubled haploid technology for accelerating breeding cycles. *PCBMB*.
- Kang, C. M., et al. (2025). Managing plant viruses in tissue-cultured apple and pear. *Viruses*.
- Martínez, M. T., et al. (2024). Recent advances in plant somatic embryogenesis. *Plants*, 13(8), 1085.
- Mousavimatin, S., et al. (2025). Indirect regeneration of long-term callus cultures in gladiolus. *Frontiers in Horticulture*.
- Permadi, N., et al. (2025). Modern and traditional strategies for controlling microbial contamination in plant tissue culture. *Current Research in Food Science*.
- Phong, T. H., et al. (2023). Somatic embryogenesis as a method for large-scale propagation. *Scientia Horticulturae*, 315, 112203.
- Qu, Y., et al. (2024). Doubled haploid technology and synthetic apomixis. *Molecular Plant*, 17(9), 1521–1538.
- Ren, J., et al. (2017). Novel technologies in doubled haploid line development. *Plant Biotechnology Journal*, 15(11), 1361–1370.
- Sarropoulou, V., et al. (2024). Elimination of viroids via in vitro thermotherapy plus meristem tip culture in citrus/hop. *Micro*, 13(3), 37.
- Thanuja, K. (2025). In vitro therapies for virus elimination in horticultural crops: A review. [Advance online publication].
- Chen, F., et al. (2024). Recent advances of CRISPR-based genome editing for crop improvement. *Frontiers in Plant Science*.
- Howells, R. M., et al. (2018). Efficient generation of stable, heritable gene edits in wheat using CRISPR/Cas9. *BMC Plant Biology*, 18, 215.
- Li, J., et al. (2019). Whole-genome sequencing reveals rare off-target mutations in CRISPR/Cas9-edited crops with background variation. *Plant Biotechnology Journal*, 17(8), 1476–1478.
- Wang, X., et al. (2021). Whole-genome sequencing reveals rare off-target in grapevine. *Horticultural Research*, 8, 37.
- Gao, M., et al. (2024). Revisiting growth–defence trade-offs and breeding strategies. *Plant Biotechnology Journal*, 22(x), xx–xx. (detail volume/halaman tidak tersedia di sumber Anda)
- Sahab, S., et al. (2024). Efficient multi-allelic genome editing via CRISPR–Cas9 in canola (DNA-free). *Frontiers in Plant Science*.
- Ahmad, A., et al. (2024). Frontiers in global regulatory landscape of CRISPR-edited crops. *Frontiers in Bioengineering and Biotechnology*.