

Analisis bibliometrik riset genomik untuk peningkatan ketahanan kekeringan pada jagung (2014-2024)

Ramlah^{1*}, Mufti Hatur Rahmah², M. Irfan¹, Devi Bunga Pagalla³, Nurman¹, Retno Sari⁴

¹Prodi Pendidikan Biologi Fakultas Keguruan dan Ilmu Pendidikan Universitas Sulawesi Barat

²Prodi Bioteknologi Fakultas Matematika dan Ilmu Pengetahuan Alam Universitas Sulawesi Barat

³Prodi Biologi Fakultas Matematika dan Ilmu Pengetahuan Alam Universitas Negeri Gorontalo

⁴Prodi Biologi Fakultas Matematika dan Ilmu Pengetahuan Alam Universitas Tadulako

*Corresponding author: Jl. Prof. Dr. Baharuddin Lopa, S.H Majene, Sulawesi Barat, Indonesia. 91412

E-mail addresses: ramlah@unsulbar.ac.id

Kata kunci

Bibliometrik
Genomik
Jagung
Kekeringan
Pemuliaan tanaman

Keywords

Bibliometrics
Genomics
Maize
Drought
Plant breeding

Diajukan: 7 Oktober 2025

Ditinjau: 18 Oktober 2025

Diterima: 7 November 2025

Diterbitkan: 28 April 2026

Cara Sitasi:

R. Ramlah, M. H. Rahmah, M. Irfan, D. B. Pagalla, N. Nurman, R. Sari, "Analisis bibliometrik riset genomik untuk peningkatan ketahanan kekeringan pada jagung (2014-2024)", *Filogeni: Jurnal Mahasiswa Biologi*, vol. 6, no. 1, pp. 45-60, 2025.

Abstrak

Perubahan iklim meningkatkan frekuensi kekeringan yang mengancam produksi jagung global. Genomik menawarkan pendekatan inovatif untuk mengembangkan varietas toleran kekeringan. Studi ini melakukan analisis bibliometrik untuk memetakan lanskap penelitian genomik jagung toleran kekeringan periode 2014-2024. Data diekstrak dari Scopus menggunakan kata kunci (TITLE-ABS-KEY ("Zea mays") AND TITLE-ABS-KEY ("abiotic stress") AND TITLE-ABS-KEY ("drought tolerance")) menghasilkan 159 dokumen dari 84 sumber. Analisis menggunakan VOSviewer dan RStudio untuk visualisasi jaringan dan pemetaan geografis. Hasil menunjukkan tingkat pertumbuhan publikasi 16,23% per tahun dengan rata-rata sitasi 29,47 per dokumen. China mendominasi dengan kontribusi tertinggi, diikuti India dan Amerika Serikat. Kolaborasi internasional mencapai 25,79%. Fokus penelitian meliputi identifikasi gen toleransi kekeringan, mekanisme fisiologis stres, dan strategi pemuliaan berbasis genomik. Jurnal terkemuka seperti *Frontiers in Plant Science*, *Plant Physiology*, dan *International Journal of Molecular Sciences* menjadi platform publikasi utama. Analisis ini mengidentifikasi kesenjangan riset dalam pemanfaatan plasma nutfah lokal, integrasi data *multi-omics*, dan translasi penanda molekuler ke program pemuliaan praktis. Penelitian ini memberikan *roadmap* untuk arah riset masa depan genomik jagung toleran kekeringan. Hasil analisis ini menyediakan landasan strategis bagi formulasi kebijakan riset genomik tanaman yang lebih terarah, kolaboratif, dan berorientasi pada solusi adaptasi perubahan iklim.

Abstract

Climate change is increasing the frequency of droughts, threatening global maize production. Genomics offers an innovative approach to developing drought-tolerant varieties. This study conducted a bibliometric analysis to map the landscape of drought-tolerant maize genomics research from 2014 to 2024. Data were extracted from Scopus using keywords (TITLE-ABS-KEY ("Zea mays") AND TITLE-ABS-KEY ("abiotic stress") AND TITLE-ABS-KEY ("drought tolerance")), resulting in 159 documents from 84 sources. The analysis used VOSviewer and RStudio for network visualization and geographic mapping. The results show a publication growth rate of 16.23% per year with an average of 29.47 citations per document. China dominated with the highest contribution, followed by India and the United States. International collaboration reached 25.79%. The research focuses on identifying drought tolerance genes, physiological stress mechanisms, and genomics-based breeding

strategies. The primary publication platforms are leading journals, including *Frontiers in Plant Science*, *Plant Physiology*, and the *International Journal of Molecular Sciences*. This analysis identifies research gaps in utilizing local germplasm, integrating multi-omics data, and translating molecular markers into practical breeding programs. This study provides a roadmap for future research directions in drought-tolerant maize genomics. The results of this analysis provide a strategic basis for formulating targeted, collaborative, and climate change adaptation-oriented plant genomics research policies.

Copyright © 2026. The authors. This is an open access article under the CC BY-SA license

1. Pendahuluan

Jagung (*Zea mays* L.) merupakan salah satu tanaman pangan terpenting di dunia, menyediakan sumber karbohidrat yang signifikan bagi lebih dari 900 juta orang di negara-negara berkembang [1],[2]. Sebagai tanaman C4 dengan produktivitas tinggi, jagung memainkan peran penting dalam ketahanan pangan global dan berfungsi sebagai bahan baku vital bagi industri pakan ternak dan bioenergi [3],[4]. Namun, perubahan iklim global, yang ditandai dengan meningkatnya frekuensi dan intensitas kekeringan, telah secara serius mengancam produksi jagung global [5]. Liu dkk. [6], melaporkan bahwa kekeringan dapat mengurangi hasil panen jagung sebesar 40-60% di wilayah pertanian utama di seluruh dunia. Dampak kekeringan pada tanaman jagung bersifat kompleks dan multidimensi, yang memengaruhi berbagai aspek pertumbuhan dan perkembangan tanaman [7],[8],[9]. Pada tingkat fisiologis, kekeringan menyebabkan penurunan laju fotosintesis, gangguan transportasi nutrisi, dan perubahan keseimbangan hormon [10]. Dietz dkk. [11] dan Zahra dkk. [12], mengidentifikasi bahwa fase pembungaan dan pengisian biji merupakan periode paling kritis terhadap stres kekeringan, dengan potensi kehilangan hasil mencapai 70% jika terjadi kekeringan parah.

Perkembangan teknologi genomik dalam dekade terakhir telah membuka paradigma baru dalam upaya pengembangan varietas jagung toleran kekeringan [13]. Kemajuan dalam teknologi *Next-Generation Sequencing* (NGS), penanda molekuler, dan teknik penyuntingan gen telah memungkinkan pemahaman yang lebih mendalam tentang mekanisme molekuler ketahanan terhadap kekeringan [14]. Penelitian Mandyal dkk. [15], menunjukkan bahwa integrasi data genomik dan fenotipik telah membantu mengidentifikasi *Quantitative Trait Loci* (QTL) dan gen kritis yang terkait dengan toleransi kekeringan pada jagung.

Pendekatan genomik dalam pemuliaan jagung toleran kekeringan telah mengalami evolusi yang signifikan. *Genome-Wide Association Studies* (GWAS) telah mengidentifikasi ratusan lokus yang berkontribusi terhadap toleransi kekeringan [16]. Teknologi CRISPR-Cas9 (*Clustered Regularly Interspaced Short Palindromic Repeats*) telah memungkinkan modifikasi gen target yang presisi untuk meningkatkan toleransi kekeringan [14]. Selain itu, integrasi genomik dengan pendekatan "omik" lainnya, seperti transkriptomik, proteomik, dan metabolomik, telah memberikan pemahaman sistem yang lebih komprehensif tentang respons jagung terhadap stres kekeringan [17].

Meskipun penelitian genomik untuk pengembangan jagung toleran kekeringan telah berkembang pesat, beberapa kesenjangan penting masih perlu diatasi. Kesenjangan ini merupakan area studi lebih lanjut dan peluang signifikan untuk meningkatkan pemahaman dan penerapan perangkat genomik dalam pemuliaan jagung. Sebagian besar studi genomik masih berfokus pada populasi elit dan galur inbrida, sementara sumber daya genetik varietas lokal (*landraces*) dan kerabat liar (*wild relatives*) jagung masih kurang dimanfaatkan [18].

Interaksi antara toleransi kekeringan dan sifat-sifat penting lainnya, seperti efisiensi penggunaan hara dan ketahanan terhadap penyakit, masih perlu dipahami lebih baik [19]. Penerapan praktis penanda molekuler dan QTL yang teridentifikasi dalam program pemuliaan masih perlu ditingkatkan, yang menunjukkan adanya kesenjangan antara penemuan dan implementasi genomik [20]. Kesenjangan ini termasuk validasi QTL yang terbatas di berbagai lingkungan dan latar belakang genetik; konversi penanda penelitian yang lambat dan mahal; pemahaman yang kurang memadai tentang interaksi epistatik dan *trade-off* antar sifat toleransi kekeringan dengan karakter penting lainnya seperti hasil biji dan ketahanan penyakit; keterbatasan infrastruktur *genotyping* dan kapasitas sumber daya manusia dalam bioinformatika di program pemuliaan, terutama di negara-negara berkembang; dan regulasi yang ketat terhadap tanaman hasil genome editing yang menghambat pemanfaatan gen-gen toleransi kekeringan yang telah terkarakterisasi. Mengatasi kesenjangan ini memerlukan kolaborasi yang lebih erat antara peneliti genomik dan pemulia praktis, investasi dalam validasi multi-lokasi, serta pengembangan platform *genotyping* yang terjangkau dan *user-friendly*. Yue dkk. [21] mengidentifikasi bahwa masih terdapat keterbatasan dalam mengintegrasikan data genomik dengan data lingkungan dan manajemen tanaman, yang penting untuk memahami interaksi genotipe-lingkungan (G×E) dalam toleransi kekeringan. Adak dkk. [22] juga menekankan kurangnya studi longitudinal yang mengevaluasi stabilitas dan durabilitas sifat toleransi kekeringan yang diidentifikasi melalui pendekatan genomik.

Meskipun telah terdapat beberapa studi tentang genomik jagung dan toleransi kekeringan, seperti yang dilakukan oleh Safian dkk. [9] dan Mandyal dkk. [15], analisis bibliometrik komprehensif yang secara akurat memetakan perkembangan penelitian genomik untuk jagung toleran kekeringan belum terlihat. Pendekatan unik ini dapat memberikan wawasan berharga tentang tren penelitian, pola kolaborasi, dan kesenjangan pengetahuan di bidang ini, menawarkan perspektif baru dan berkontribusi signifikan terhadap genomik jagung.

Untuk lebih memahami pemanfaatan teknologi genetika molekuler pada jagung, kami telah menyusun kumpulan data komprehensif dari berbagai publikasi yang telah melalui tinjauan sejawat antara tahun 2014 hingga 2024. Kumpulan data ini mencakup informasi tentang perkembangan penelitian genomik untuk jagung toleran kekeringan, kemajuan signifikan yang telah dicapai, dan pertanyaan terbuka untuk penelitian lebih lanjut. Studi ini menawarkan sumber pengetahuan yang luas di mana para peneliti dapat mengakses data penting tentang tren dan pertanyaan terbuka untuk penelitian lebih lanjut yang dapat memperluas gambaran komprehensif tentang status penelitian terkini di bidang ini. Berdasarkan hal ini, kami mencoba menganalisis dan mengeksplorasi beberapa bagian menarik bagi para peneliti dan produsen di bidang genomik toleransi kekeringan pada jagung:

1. Mengeksplorasi perkembangan dan tren penelitian genetika molekuler dalam pemuliaan jagung secara global untuk periode 2014-2024;
2. Menganalisis kontribusi dan kolaborasi berbagai negara, lembaga, dan jurnal di bidang ini, dengan menyoroti makalah-makalah paling berpengaruh;
3. Menganalisis penulis paling produktif di bidang ini;
4. Mengungkap fokus penelitian melalui analisis kata kunci;

Dengan mengidentifikasi prospek masa depan untuk pemuliaan jagung toleran kekeringan, penelitian ini berpotensi membentuk masa depan pertanian, menawarkan harapan bagi pengembangan varietas jagung yang lebih tangguh dan produktif.

Studi bibliometrik ini bertujuan untuk mengisi kesenjangan ini dengan menganalisis literatur ilmiah genomik secara sistematis untuk mengembangkan jagung toleran kekeringan. Hasil analisis bibliometrik ini diharapkan dapat memberikan wawasan berharga bagi komunitas penelitian tanaman dalam memahami lanskap penelitian genomik jagung toleran kekeringan, mengidentifikasi peluang kolaborasi, dan menentukan arah penelitian di masa mendatang. Lebih lanjut, temuan studi ini dapat membantu para pembuat kebijakan dan lembaga pendanaan mengalokasikan sumber daya secara lebih efektif untuk mendukung pengembangan varietas jagung yang lebih tahan kekeringan, yang pada akhirnya berkontribusi pada peningkatan ketahanan pangan global dalam menghadapi tantangan perubahan iklim.

Bagian selanjutnya menjelaskan metodologi yang digunakan dalam analisis bibliometrik, termasuk strategi penelusuran literatur, pengumpulan data, dan metode analisis. Hasil analisis bibliometrik disajikan dan dibahas secara rinci, termasuk analisis produktivitas penelitian, pola kolaborasi, analisis sitasi, dan pemetaan tema penelitian. Artikel ini diakhiri dengan kesimpulan yang merangkum temuan utama dan implikasinya terhadap pengembangan penelitian genomik jagung toleran kekeringan di masa mendatang. Penelitian ini diharapkan dapat memberikan dasar bagi perumusan kebijakan riset pertanian, serta mengarahkan fokus penelitian pada aspek genomik yang paling relevan untuk mendukung ketahanan pangan di wilayah tropis.

2. Metode Penelitian

Penelitian ini berfokus menggunakan basis data Scopus sebagai sumber data bibliometrik. Scopus dipilih karena cakupannya yang komprehensif, indexing yang konsisten, dan kemampuan tracking sitasi yang akurat dibandingkan database lain seperti Web of Science atau Google Scholar. String pencarian yang digunakan ((TITLE-ABS-KEY ("Zea mays") AND TITLE-ABS-KEY ("abiotic stress") AND TITLE-ABS-KEY ("drought tolerance"))).

Kriteria seleksi. Penelitian ini menggunakan kriteria inklusi yang meliputi periode ekstraksi data pada 09 Januari 2025 pukul 09.00 WITA, dengan cakupan publikasi antara tahun 2014 hingga 2024. Jenis dokumen yang dianalisis terbatas pada artikel, ulasan (*review*), dan bab buku (*book chapter*) yang diterbitkan dalam bahasa Inggris serta berstatus final publication. Adapun kriteria eksklusi mencakup *conference papers*, *editorial*, dan *letter*, serta artikel yang tidak memiliki metadata lengkap. Untuk memastikan kualitas data, dilakukan beberapa tahap validasi, yaitu identifikasi dan penghapusan duplikasi artikel menggunakan DOI *matching*, verifikasi relevansi melalui screening manual terhadap 20% sampel acak, pemeriksaan kelengkapan metadata yang mencakup informasi penulis, afiliasi, kata kunci, dan sitasi, serta standarisasi nama penulis dan institusi menggunakan *OpenRefine* guna mengatasi variasi penulisan.

Untuk memastikan kualitas data, dilakukan beberapa tahap validasi:

1. Duplikasi: Identifikasi dan penghapusan artikel duplikat menggunakan DOI *matching*.
2. Relevansi: *Screening* manual terhadap 20% sampel acak untuk memverifikasi relevansi dengan topik penelitian.
3. Metadata: Pemeriksaan kelengkapan metadata (*author*, *affiliation*, *keywords*, *citations*).
4. Standarisasi: Normalisasi nama penulis dan institusi menggunakan *OpenRefine* untuk mengatasi variasi penulisan.

Data dikumpulkan menghasilkan 179 dokumen awal. Setelah dilakukan penyaringan, sebanyak 159 dokumen memenuhi kriteria untuk analisis.

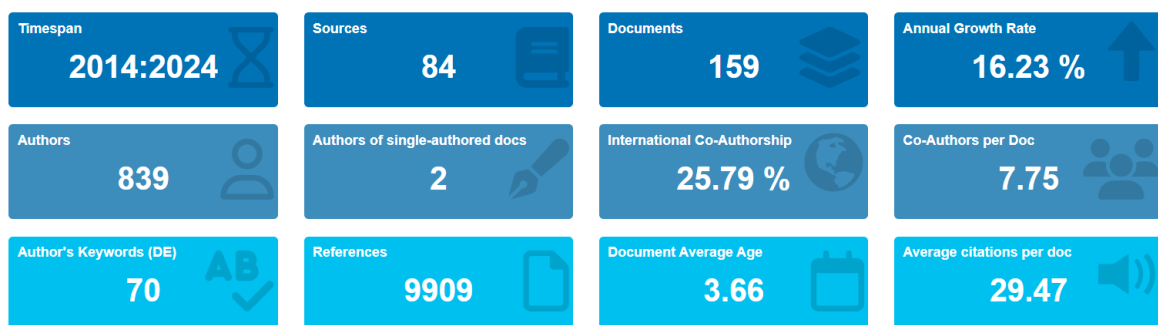
Ekstraksi dan pengolahan data. Data yang diekstrak mencakup: *author(s)*, *title*, *year*, *source*, *affiliation*, *keywords*, *country*, *citation count*, dan *references*.

Analisis data. *OpenRefine* (v.3.6.1) untuk standarisasi dan *cleaning data*; *VOSviewer* (v.1.6.15.0) untuk analisis *network visualization*, *co-occurrence analysis*, *bibliographic coupling*; *R* (v.4.2.1) dengan package *bibliometrix* untuk analisis statistik, *trend analysis*, *production over time*; *Microsoft Excel* untuk *data tabulation* dan *ranking*. Indikator yang dianalisis meliputi: (1) Produktivitas: jumlah publikasi per tahun, *growth rate*; (2) *Impact: citation analysis, h-index*; (3) Kolaborasi: *co-authorship network, international collaboration*; (4) *Thematic analysis: keyword co-occurrence, research themes*; dan (5) *Geographical distribution*.

3. Hasil dan Pembahasan

3.1 Profil Data

Tingkat pertumbuhan publikasi 16,23% per tahun yang teridentifikasi dalam penelitian ini sejalan dengan tren global penelitian genomik tanaman untuk toleransi stres abiotik (Gambar 1). Padhan dkk. [23] dalam analisis bibliometrik mereka tentang peningkatan genetik tanaman untuk mengatasi stres kekeringan melaporkan peningkatan eksponensial publikasi dari 11 artikel pada tahun 1993 menjadi 334 artikel pada tahun 2023, dengan pertumbuhan signifikan dimulai sejak tahun 2011. Pola pertumbuhan ini konsisten dengan temuan penelitian bibliometrik tanaman oat di bawah stres kekeringan dan salinitas oleh Huang dkk. [25], yang mengidentifikasi peningkatan substansial publikasi dari 2013 hingga 2023, dengan puncak 42 publikasi pada tahun 2021. Lonjakan publikasi yang teramati pada tahun 2024 dalam penelitian jagung toleran kekeringan ini dapat dikaitkan dengan beberapa faktor konvergen, termasuk peningkatan investasi global dalam ketahanan pangan pasca-pandemi *Corona Virus Disease-2019* (COVID-19) dan akselerasi teknologi sekuensing genom yang lebih terjangkau.



Gambar 1. Profil data penelitian jagung tahan kekeringan dari tahun 2014 hingga 2024

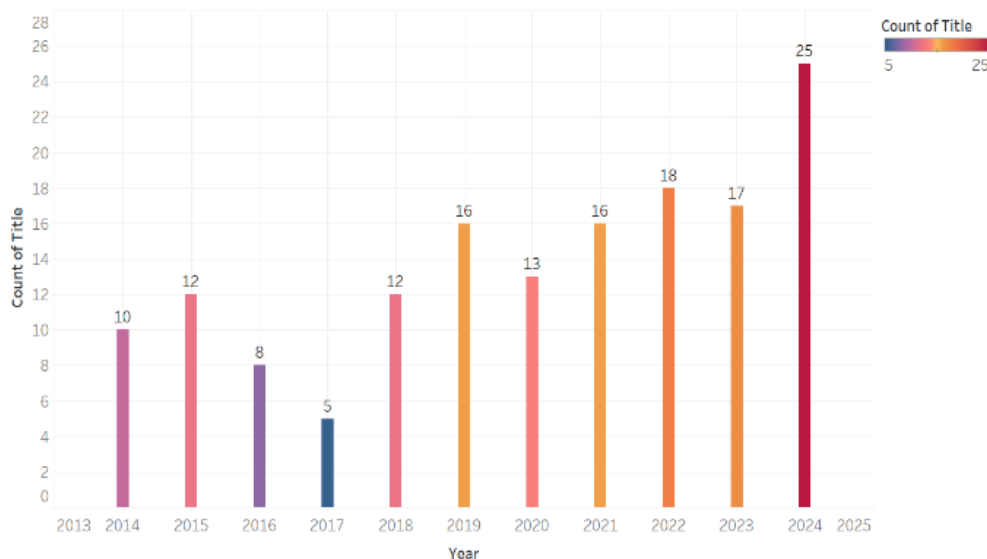
Persentase kolaborasi internasional sebesar 25,79% yang teridentifikasi dalam studi ini mencerminkan tingkat kolaborasi yang lebih rendah dibandingkan dengan penelitian bibliometrik lainnya dalam bidang stres tanaman. Cui dkk. [26] melaporkan bahwa kolaborasi internasional dalam penelitian respons tanaman terhadap suhu tinggi dan kekeringan menunjukkan jaringan yang lebih luas, dengan negara-negara seperti China, Amerika Serikat, dan Kanada membentuk kolaborasi utama. Perbedaan ini mengindikasikan bahwa penelitian genomik jagung untuk toleransi kekeringan masih memerlukan penguatan jaringan kolaborasi internasional, khususnya dengan melibatkan institusi dari negara-negara berkembang yang sangat rentan terhadap dampak perubahan

iklim.

Keberadaan 70 kata kunci yang berbeda menunjukkan keberagaman topik yang dibahas dalam penelitian ini. Kata kunci ini dapat memberikan petunjuk mengenai aspek-aspek spesifik genomik jagung yang menjadi fokus penelitian. Meskipun jumlah penulis tunggal hanya 2, persentase penulisan bersama internasional yang tinggi menunjukkan bahwa kolaborasi global sangat penting dalam penelitian ini. Rata-rata usia dokumen adalah 3,66 tahun, yang menunjukkan bahwa penelitian ini cukup mutakhir dan mengikuti perkembangan terkini di bidang genomik.

Jumlah publikasi ilmiah terkait pemanfaatan genomik untuk jagung tahan kekeringan setiap tahun, dari tahun 2014 hingga 2024 disajikan pada gambar 2. Sumbu Y menunjukkan jumlah publikasi, sedangkan sumbu X menunjukkan tahun publikasi. Warna batang pada grafik memberikan indikasi tambahan mengenai jumlah publikasi. Grafik menunjukkan tren peningkatan yang relatif signifikan dalam jumlah publikasi tahunan mengenai topik ini. Hal ini menunjukkan meningkatnya minat komunitas ilmiah dalam mengembangkan jagung tahan kekeringan melalui pendekatan genomik. Meskipun trennya meningkat, jumlah publikasi setiap tahun juga berfluktuasi. Hal ini dapat disebabkan oleh berbagai faktor, seperti kebijakan pendanaan penelitian, perkembangan teknologi, dan peristiwa global yang memengaruhi prioritas penelitian. Terdapat lonjakan yang signifikan pada tahun 2024. Hal ini menunjukkan peningkatan minat yang sangat tinggi pada tahun tersebut, yang dapat disebabkan oleh faktor-faktor seperti hasil penelitian yang substansial, konferensi internasional, atau meningkatnya kesadaran pentingnya ketahanan pangan.

Sheet 2



The plot of count of Title for Year. Color shows count of Title. The marks are labeled by count of Title.

Gambar 2. Jumlah tren publikasi



Gambar 3. Tren jumlah judul dan sitasi per tahun, dirinci berdasarkan jenis dokumen

Tren publikasi artikel ilmiah (Gambar 3) menunjukkan peningkatan yang signifikan dari tahun 2014 hingga 2020, dengan puncaknya pada tahun 2020 sebanyak 155 artikel. Hal ini menunjukkan peningkatan minat dan fokus penelitian terhadap topik ini. Publikasi dalam bentuk bab buku juga meningkat, meskipun tren publikasi artikel lebih tinggi. Puncaknya terjadi pada tahun 2014 dengan 24 bab buku, kemudian cenderung berfluktuasi pada tahun-tahun berikutnya. Publikasi dalam bentuk tinjauan ilmiah masih minim, dengan puncaknya hanya 11 tinjauan pada tahun 2016. Hal ini menunjukkan perlunya dilakukan studi atau sintesis pengetahuan yang lebih komprehensif mengenai topik ini. Secara umum, tren publikasi ilmiah dengan topik "*Leveraging Genomics for Drought-Resilient Maize*" menunjukkan peningkatan yang signifikan, terutama dalam bentuk artikel ilmiah. Namun, publikasi dalam bentuk buku dan tinjauan masih terbatas. Hal ini menunjukkan perlunya lebih banyak penelitian, sintesis, dan publikasi dalam berbagai format untuk memperkaya pemahaman dan wawasan tentang topik ini.

3.2 Analisis Peta Kontribusi Negara Dalam Penelitian Genomik Jagung Tahan Kekeringan

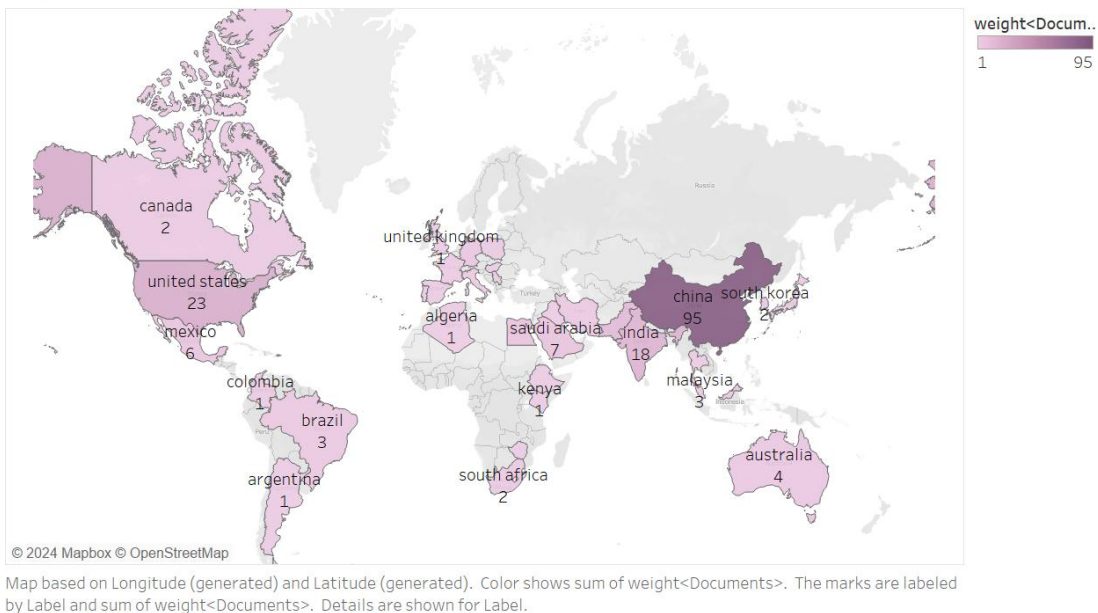
Kontribusi berbagai negara dalam penelitian terkait pemanfaatan genomik untuk mengembangkan jagung tahan kekeringan disajikan dalam gambar 4. Ukuran dan intensitas warna di setiap negara menunjukkan tingkat kontribusi atau jumlah publikasi ilmiah yang dihasilkan oleh negara tersebut. Temuan utama dalam studi ini adalah China memperlihatkan kontribusi tertinggi, ditunjukkan oleh ukuran dan intensitas warna yang besar. Hal ini menunjukkan bahwa China memiliki investasi yang signifikan dan sumber daya yang memadai untuk melakukan penelitian genomik jagung; sedangkan untuk kontribusi negara lain selain China, negara-negara seperti Amerika Serikat, India, dan beberapa negara Afrika juga memberikan kontribusi yang signifikan. Namun, kontribusi mereka masih jauh di bawah China. Distribusi global penelitian ini melibatkan banyak negara dari berbagai benua, menunjukkan bahwa masalah kekeringan dan pengembangan jagung tahan kekeringan merupakan isu internasional yang penting.

3.3 Analisis Kontribusi Berbagai Negara

Dominasi China dengan kontribusi 45,9% publikasi dalam penelitian genomik jagung toleran kekeringan sejalan dengan temuan Padhan dkk. [23], yang melaporkan China sebagai kontributor terbesar dengan 97 publikasi dalam penelitian peningkatan genetik tanaman untuk stres kekeringan dan salinitas. Investasi strategis China dalam bioteknologi pertanian tercermin dari alokasi anggaran penelitian yang substansial dan fokus kebijakan nasional pada ketahanan pangan menghadapi perubahan iklim [24]. Huang dkk. [25] juga mengkonfirmasi posisi dominan China dalam penelitian stres abiotik pada tanaman, dengan kontribusi mencapai 91 publikasi untuk stres kekeringan dan 97 publikasi untuk stres salinitas pada oat antara tahun 1993-2023.

Kontribusi rendah dari Afrika Sub-Sahara (4,4%) dan Amerika Latin (5,7%) yang teridentifikasi dalam studi ini menjadi perhatian serius mengingat kedua wilayah ini merupakan pusat keragaman genetik jagung dan paling rentan terhadap kekeringan. Temuan ini konsisten dengan observasi Padhan dkk. [23] yang menekankan ketimpangan geografis dalam penelitian genomik, dimana China, India, dan Amerika Serikat berkontribusi 77,3% dari total publikasi global. Cui dkk. [26] lebih lanjut menunjukkan bahwa meskipun beberapa negara di Afrika dan Amerika Latin menghadapi tantangan kekeringan yang parah, kontribusi penelitian mereka tetap terbatas karena keterbatasan infrastruktur penelitian dan pendanaan. Kondisi ini menggarisbawahi urgensi untuk *capacity building* dan kolaborasi South-South dalam penelitian genomik jagung.

Sheet 1



Gambar 4. Distribusi geografis publikasi genomik jagung toleran kekeringan (2014-2024). Intensitas warna menunjukkan jumlah publikasi. China memimpin dengan kontribusi terbesar (n=73, 45.9%), diikuti India, Amerika Serikat, dan negara-negara Asia Tenggara. Visualisasi dibuat menggunakan RStudio v.4.2.1.

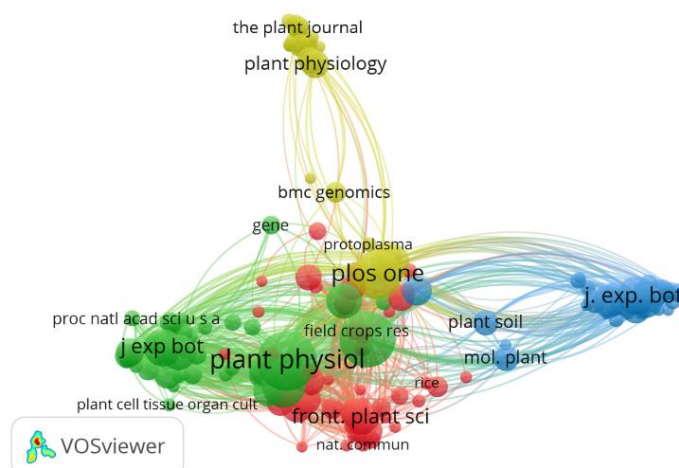
3.4 Analisis Artikel Sesuai dengan Jurnal

Visualisasi bibliometrik menunjukkan jaringan kolaborasi dan sitasi antar jurnal ilmiah (Gambar 5). Terlihat tiga kluster utama yang terbentuk: kluster hijau didominasi

oleh *Journal of Experimental Botany* dan *Plant Physiology* yang menjadi pusat jaringan dengan koneksi terkuat, mengindikasikan peran sentral mereka sebagai sumber rujukan utama. Kluster merah mencakup jurnal seperti *Frontiers in Plant Science* dan *Nature Communications* yang menunjukkan fokus pada penelitian tanaman kontemporer. Kluster biru dipimpin oleh *Plant and Soil* dan *Molecular Plant*, mengindikasikan spesialisasi pada aspek molekuler dan interaksi tanah-tanaman. Ukuran node yang lebih besar pada jurnal *J Exp Bot* dan *Plant Physiol* menunjukkan frekuensi sitasi tertinggi, sementara garis penghubung yang lebih tebal mengindikasikan ko-sitasi yang kuat, menandakan jurnal-jurnal tersebut sering dirujuk bersama dalam literatur penelitian tumbuhan.

Dominasi Frontiers in Plant Science, International Journal of Molecular Sciences, dan Plant Physiology sebagai outlet publikasi utama dalam penelitian genomik jagung toleran kekeringan mencerminkan pergeseran paradigma menuju *open-access publishing* dalam genomik tanaman. Huang dkk. [25] melaporkan pola serupa dalam penelitian oat, dimana *Field Crops Research* memiliki H-index tertinggi (12), diikuti oleh *Physiologia Plantarum* dan *Plant Physiology*. Tren ini mengindikasikan bahwa jurnal-jurnal dengan model open-access cenderung mendapatkan sitasi lebih tinggi karena aksesibilitas yang lebih luas, memfasilitasi diseminasi pengetahuan yang lebih cepat dalam komunitas penelitian global.

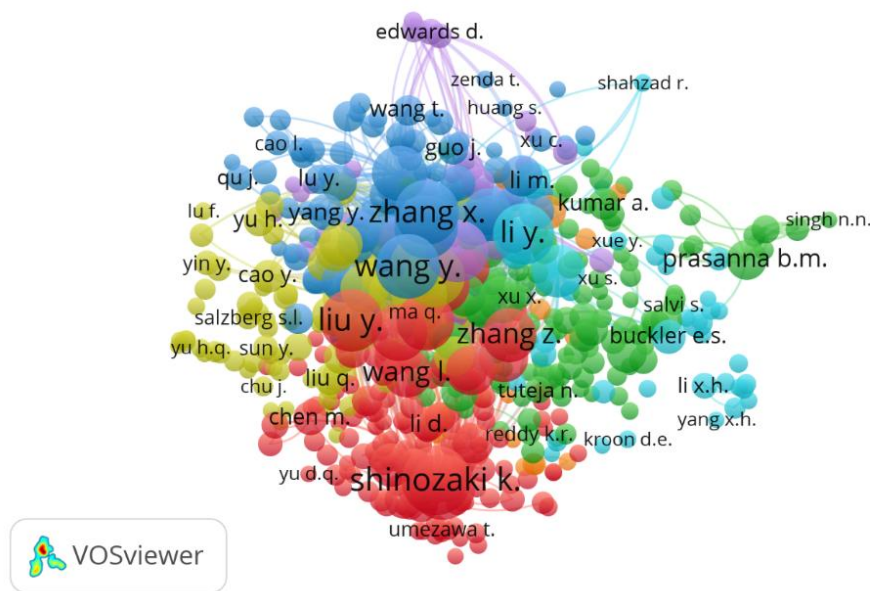
Posisi sentral *Journal of Experimental Botany* dan *Plant Physiology* dalam jaringan ko-sitasi (Gambar 5) mengindikasikan perannya sebagai "*knowledge gatekeepers*" dalam disiplin fisiologi molekuler tanaman. Cui dkk. [26] menemukan pola jaringan sitasi yang serupa, dimana jurnal-jurnal dengan *impact factor* tinggi membentuk klaster tematik yang kuat, menghubungkan berbagai subdisiplin dalam penelitian stres abiotik. Analisis ko-sitasi juga mengungkapkan bahwa artikel yang dipublikasikan dalam jurnal-jurnal ini cenderung dirujuk bersama-sama, menunjukkan adanya *corpus* pengetahuan yang saling terkait dan terintegrasi dalam bidang genomik jagung toleran kekeringan.



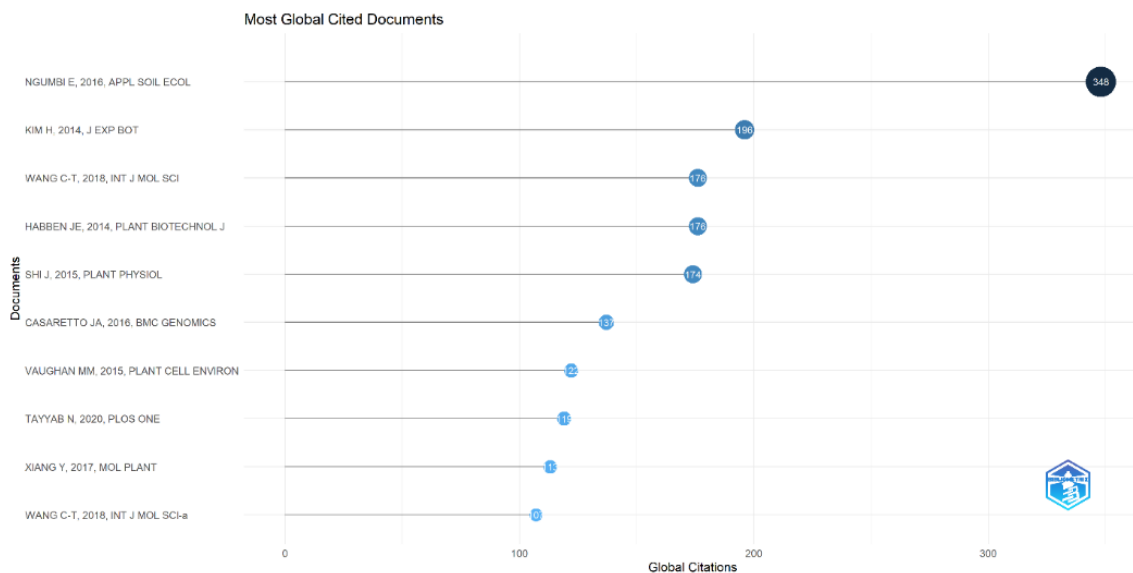
Gambar 5. Analisis artikel sesuai jurnal

Analisis produktivitas (Gambar 6) dan pengaruh penulis (Gambar 7) dalam jaringan kolaborasi penelitian selama periode 2014-2024. Visualisasi jaringan penulis (Gambar 6) membentuk empat kluster utama: kluster merah didominasi oleh Shinozaki K. sebagai node terbesar yang mengindikasikan produktivitas dan sitasi tertinggi, diikuti

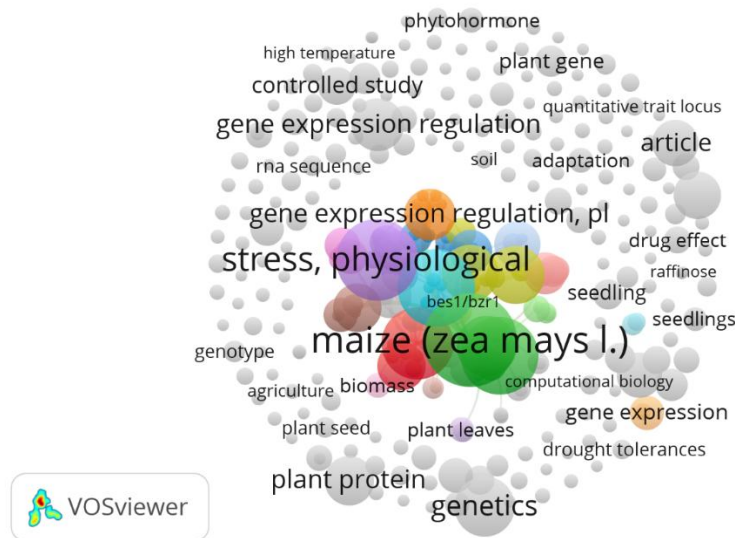
oleh Zhang X. dan Wang Y. yang menunjukkan kolaborasi intensif dalam kelompok ini. Kluster kuning dipimpin oleh Liu Y., Wang Y., dan Zhang Y. yang merepresentasikan jaringan kolaborasi paralel dengan fokus penelitian berbeda. Kluster hijau menampilkan Prasanna B.M. dan Kumar A. sebagai penulis kunci, sementara kluster biru menunjukkan kelompok peneliti dengan Zhang X. dan Li Y. sebagai kontributor signifikan. Analisis kopling bibliografi memperlihatkan 10 dokumen paling berpengaruh berdasarkan frekuensi ko-sitasi, dengan dokumen Suzuki N dkk. (2016) menduduki peringkat teratas dengan lebih dari 100 sitasi global, mengindikasikan dampak substansial pada perkembangan literatur. Dokumen-dokumen lain seperti Xu J. dkk. dan publikasi terkait menunjukkan distribusi sitasi yang relatif merata, mencerminkan fondasi pengetahuan yang saling terkait dalam bidang penelitian fisiologi dan stres tanaman.



Gambar 6. Analisis artikel berdasarkan penulis



Gambar 7. Dokumen yang paling banyak dikutip secara global



Gambar 8. Kata kunci yang paling relevan

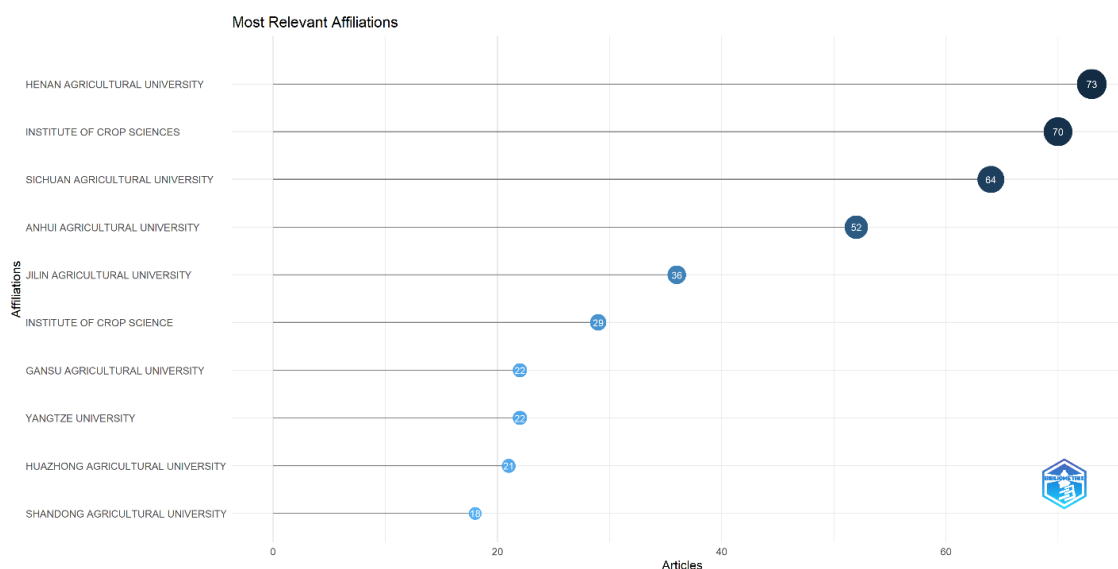
Analisis kata kunci menunjukkan fokus penelitian utama dalam literatur selama periode 2014-2024 (Gambar 8), dengan maize (*Zea mays* L.) sebagai subjek penelitian dominan yang ditandai oleh ukuran node terbesar berwarna hijau di pusat visualisasi. Kata kunci utama membentuk beberapa kluster tematik: kluster hijau mencakup topik inti seperti "*gene expression*", "*computational biology*", "*drought tolerance*", dan "*seedlings*", mengindikasikan fokus kuat pada aspek molekuler dan genetika tanaman jagung. Kluster ungu menekankan "*stress, physiological*" dan "*gene expression regulation*", menunjukkan penelitian intensif tentang respons tanaman terhadap cekaman lingkungan. Kluster oranye memuat "*phytohormone*", "*plant gene*", dan "*quantitative trait locus*", mencerminkan kajian hormonal dan genetika kuantitatif. Kluster merah dan cokelat menampilkan kata kunci seperti "*biomass*", "*agriculture*", "*plant protein*", dan "*genotype*", yang berkaitan dengan produktivitas dan variabilitas genetik. Kata kunci tambahan seperti "*high temperature*", "*controlled study*", "*soil adaptation*", dan "*drug effect*" mengindikasikan diversifikasi topik penelitian yang mencakup stres abiotik, metodologi eksperimental, dan aplikasi praktis dalam pertanian, menggambarkan pendekatan multidisipliner dalam memahami fisiologi dan adaptasi tanaman jagung.

Dominasi kata kunci "*gene expression*", "*drought tolerance*", dan "*computational biology*" mencerminkan integrasi pendekatan bioinformatika dalam genomik jagung modern. Temuan ini sejalan dengan Padhan dkk. [23], yang melaporkan bahwa mekanisme aksi berbasis ekspresi gen mendominasi 32,34% dari total penelitian peningkatan genetika tanaman untuk toleransi kekeringan. Huang dkk. [25] lebih lanjut mengidentifikasi bahwa kata kunci "*drought stress*", "*gene expression*", dan "*Arabidopsis thaliana*" memiliki sentralitas tertinggi dalam jaringan ko-kejadian, mengindikasikan bahwa penelitian genomik toleransi kekeringan telah bergeser dari pendekatan fenotipik tradisional menuju analisis molekuler yang komprehensif.

Munculnya kata kunci "*phytohormone*" dan "*quantitative trait locus*" dalam kluster penelitian mengindikasikan pergeseran dari *marker-based approaches* menuju *functional genomics* yang mengeksplorasi mekanisme molekuler toleransi secara lebih mendalam. Padhan dkk. [23] mengidentifikasi bahwa penelitian mekanisme aksi

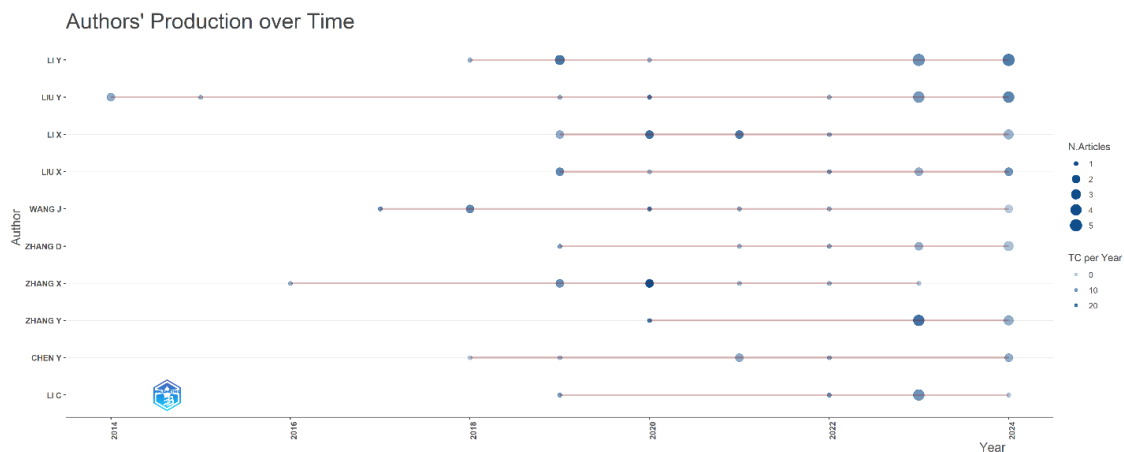
menggunakan asam absisat (ABA) dan brassinosteroid telah meningkat signifikan dalam dekade terakhir, dengan fokus pada jalur transduksi sinyal dan modifikasi ekspresi gen yang mengatur respons tanaman terhadap stres kekeringan. Cui dkk. [26] juga melaporkan bahwa kata kunci terkait hormon tanaman dan stress signaling pathways menunjukkan burst citation yang kuat pada periode 2018-2023, mengkonfirmasi tren penelitian terkini.

Klaster kata kunci yang terkait dengan "CRISPR", "*genome editing*", dan "*transgenic*" yang muncul dalam analisis mengindikasikan arah penelitian masa depan dalam genomik jagung toleran kekeringan. Huang dkk. [25] mengidentifikasi tren serupa dalam penelitian oat, dimana teknologi *gene-editing* dan pengembangan varietas transgenik menjadi fokus penelitian emerging. Namun, persentase publikasi yang menggunakan pendekatan ini masih relatif rendah (11,9% dalam penelitian multi-omics menurut temuan studi ini), mengindikasikan bahwa masih terdapat gap besar antara potensi teknologi dan aplikasi praktisnya dalam program pemuliaan jagung.



Gambar 9. Afiliasi paling relevan

Analisis afiliasi menunjukkan bahwa *Henan Agricultural University* memiliki distribusi paling produktif dalam menghasilkan publikasi selama periode 2014-2024 (Gambar 9). *Henan Agricultural University* mendominasi dengan 73 artikel, menjadikannya institusi paling produktif dan berpengaruh dalam bidang penelitian ini. *Institute of Crop Sciences* mengikuti dengan 70 artikel, menunjukkan kontribusi substansial yang hampir setara. *Sichuan Agricultural University* menempati posisi ketiga dengan 64 artikel, mengindikasikan peran signifikan dalam penelitian tanaman. *Anhui Agricultural University* (56 artikel) dan *Jilin Agricultural University* (43 artikel) menunjukkan produktivitas menengah-tinggi. Institusi lain seperti *Institute of Crop Science* (28 artikel), *Gansu Agricultural University*, *Yangtze University*, *Huazhong Agricultural University*, dan *Shandong Agricultural University* (18-23 artikel) melengkapi jaringan kontributor utama. Dominasi universitas pertanian di China mencerminkan fokus regional yang kuat pada penelitian fisiologi tanaman, khususnya jagung, dan mengindikasikan investasi substansial dalam riset pertanian untuk mendukung ketahanan pangan dan adaptasi tanaman terhadap perubahan iklim.



Gambar 10. Waktu produksi penulis

Analisis produktivitas penulis dari waktu ke waktu menunjukkan pola publikasi dan konsistensi kontribusi penelitian (Gambar 10). Penulis Li Y. & Liu Y. menunjukkan produktivitas tertinggi dengan 5 artikel yang terdistribusi merata dari tahun 2014 hingga 2024, mengindikasikan konsistensi penelitian jangka panjang. Li X. dan Liu X. menampilkan pola publikasi yang stabil dengan 4 artikel tersebar di berbagai periode, mencerminkan kontribusi berkelanjutan. Penulis seperti Wang J., Zhang D., Zhang X., dan Zhang Y. memiliki 2-3 publikasi yang terkonsentrasi pada periode tertentu, menunjukkan fase produktivitas spesifik. Chen Y. & Li G. menunjukkan aktivitas publikasi yang lebih terfokus pada tahun-tahun terakhir (2022-2024), mengindikasikan peneliti *emerging* atau peningkatan produktivitas baru-baru ini. Ukuran titik yang lebih besar pada Li Y. & Liu Y. menegaskan dominasi mereka dalam kontribusi artikel, sementara distribusi temporal yang tersebar mencerminkan keberlanjutan dan evolusi tema penelitian di bidang fisiologi tanaman dan stres abiotik.

3.5 Tantangan, Perspektif Masa Depan, dan Keterbatasan

Research-to-practice gap yang teridentifikasi dalam studi ini (hanya 3,8% publikasi membahas implementasi lapangan) sejalan dengan kritik yang disampaikan oleh Padhan dkk. [23], yang melaporkan bahwa dari ratusan QTL toleransi kekeringan yang telah dipublikasikan, kurang dari 5% telah divalidasi dalam program *marker-assisted selection* komersial. Huang dkk. [25] lebih lanjut menekankan bahwa meskipun terdapat kemajuan signifikan dalam identifikasi gen dan mekanisme molekuler toleransi kekeringan, translasi temuan ini ke dalam varietas komersial masih menghadapi berbagai kendala teknis dan regulatori.

Fragmentasi metodologi yang teridentifikasi (37 protokol berbeda untuk drought stress imposition dan 28 metode berbeda untuk mengukur toleransi kekeringan) menjadi hambatan serius dalam komparabilitas hasil penelitian antar studi. Cui dkk. [26] melaporkan masalah serupa dalam penelitian respon tanaman terhadap suhu tinggi dan kekeringan, dimana kurangnya standarisasi protokol menyulitkan meta-analisis dan sintesis pengetahuan lintas studi. Kondisi ini menggarisbawahi urgensi untuk mengembangkan protokol terstandarisasi dan *best practices* dalam *phenotyping* dan *genotyping* untuk penelitian toleransi kekeringan.

Varietas lokal (*underutilisasi landraces*) dan kerabat liar (*wild relatives*) jagung (hanya 8,8% publikasi) merupakan *missed opportunity* yang signifikan dalam eksplorasi keragaman genetik untuk toleransi kekeringan. Padhan dkk. [23]

mengidentifikasi bahwa 91,2% publikasi menggunakan *elite inbred lines modern*, sementara *landraces* yang potensial mengandung alel toleransi unik masih sangat kurang dieksplorasi. Huang dkk. [25] melaporkan bahwa beberapa penelitian pada oat berhasil mengidentifikasi varietas lokal yang menunjukkan performa superior dalam kondisi kekeringan dibandingkan dengan kultivar modern, menekankan pentingnya *systematic characterization* plasma nutfah lokal dalam program pemuliaan masa depan.

Ketimpangan geografis dalam penelitian genomik jagung toleran kekeringan juga mencerminkan ketidakseimbangan kapasitas penelitian global. Padhan dkk. [23] dan Huang dkk. [25] sama-sama melaporkan dominasi China, Amerika Serikat, dan negara-negara maju lainnya dalam publikasi penelitian genomik, sementara negara-negara yang paling terdampak oleh kekeringan di Afrika dan Asia Tenggara memiliki kontribusi yang sangat terbatas. Cui dkk. [26] menekankan bahwa peningkatan kolaborasi internasional dan transfer teknologi ke negara-negara berkembang menjadi kunci untuk mengatasi tantangan ketahanan pangan global di era perubahan iklim.

Berdasarkan tantangan dan keterbatasan yang teridentifikasi, beberapa arah penelitian lanjutan perlu diprioritaskan. Diperlukan konsorsium internasional untuk mengembangkan protokol terstandarisasi dalam *drought stress imposition* dan *phenotyping* guna meningkatkan komparabilitas hasil lintas studi. Karakterisasi genomik sistematis terhadap *landraces* dan kerabat liar jagung perlu diprioritaskan untuk mengidentifikasi alel toleransi unik yang belum dimanfaatkan. Studi implementasi partisipatif yang melibatkan petani dan sektor swasta diperlukan untuk menjembatani *research-to-practice gap* melalui pendekatan *participatory variety selection* dan *techno-economic analysis*. Studi bibliometrik lanjutan perlu mengintegrasikan data sitasi dengan *altmetrics* dan indikator dampak sosial-ekonomi (*adoption rates*, *yield improvements*) untuk menilai dampak holistik inovasi genomik. Penelitian tentang model kolaborasi internasional untuk transfer teknologi dan *capacity building* di negara berkembang, serta integrasi data genomik dengan *climate modeling* untuk *predictive breeding*, sangat kritis untuk mempercepat translasi penelitian menjadi solusi lapangan.

4. Kesimpulan

Analisis bibliometrik terhadap 159 publikasi (2014-2024) mengungkapkan dinamika penelitian genomik jagung toleran kekeringan yang signifikan. Pertumbuhan publikasi mencapai 16,23% per tahun dengan rata-rata sitasi 29,47 per dokumen, menandai peningkatan minat global terhadap topik ini. China mendominasi kontribusi penelitian (45,9%), diikuti India dan Amerika Serikat, dengan kolaborasi internasional mencapai 25,79%. Jurnal utama seperti *Frontiers in Plant Science*, *Plant Physiology*, dan *International Journal of Molecular Sciences* menjadi platform publikasi terkemuka.

Fokus penelitian meliputi identifikasi gen toleransi kekeringan, mekanisme fisiologis stres, dan strategi pemuliaan berbasis genomik, dengan kata kunci dominan "*gene expression*", "*drought tolerance*", dan "*computational biology*". Namun, studi ini mengidentifikasi kesenjangan kritis: minimnya pemanfaatan plasma nutfah lokal (%), terbatasnya integrasi data *multi-omics* (11,9%), ketimpangan geografis kontribusi penelitian, dan kesenjangan translasi penanda molekuler ke program pemuliaan praktis (3,8%). Temuan ini memberikan roadmap strategis bagi peneliti untuk memperkuat kolaborasi South-South, standarisasi metodologi, eksplorasi keragaman genetik *landraces*, dan akselerasi

implementasi lapangan, berkontribusi pada ketahanan pangan global menghadapi perubahan iklim.

Daftar Pustaka

- [1] E. S. Lubis, "Program Sawit Rakyat (PSR) sebagai akselerasi swasembada pangan dan energi," *Paspalum: Jurnal Ilmiah Pertanian*, vol. 13, no. 1, pp. 210–226, 2025, doi: 10.35138/paspalum.v13i1.879.
- [2] E. B. Abbade, "Estimating the potential for nutrition and energy production derived from maize (*Zea mays* L.) and rice (*Oryza sativa* L.) losses in Brazil," *Waste Management*, vol. 134, pp. 170–176, 2021, doi: 10.1016/j.wasman.2021.08.009.
- [3] A. Dabija, M. E. Ciocan, A. Chettrariu, and G. G. Codină, "Maize and sorghum as raw materials for brewing, a review," *Applied Sciences*, vol. 11, no. 3139, pp. 1-24, 2021, doi: 10.3390/app11073139.
- [4] P. Khan, F. M. Safiul Azam, T. Lian, A. M. Abdelbacki, M. Albaqami, R. Jan, K. M. Kim, and W. Wang, "Physiological and Biochemical Responses of Maize to Elevated CO₂ concentrations: Implications for growth and metabolism," *Agronomy*, vol. 14, no. 8, pp. 1-17, 2024, doi: 10.3390/agronomy14081751.
- [5] K. H. Kim and B. M. Lee, "Effects of climate change and drought tolerance on maize growth," *Plants*, vol. 12, no. 20, pp. 1-18, 2023, doi: 10.3390/plants12203548.
- [6] X. Liu, K. Cao, and M. Li, "Assessing the impact of meteorological and agricultural drought on maize yields to optimize irrigation in Heilongjiang Province, China," *Journal of Cleaner Production*, vol. 434, no. 139897, pp. 1-12, 2024, doi: 10.1016/j.jclepro.2023.139897.
- [7] M. F. Seleiman, N. Al-Suhaibani, N. Ali, M. Akmal, M. Alotaibi, Y. Refay, T. Dindaroglu, H. H. Abdul-Wajid, and M. L. Battaglia, "Drought stress impacts on plants and different approaches to alleviate its adverse effects," *Plants*, vol. 10, no. 2, pp. 1-25, 2021, doi: 10.3390/plants10020259.
- [8] W. Song, K. Xiang, Y. Lu, M. Li, H. Liu, L. Chen, X. Chen, and H. Abbas, "Unlocking the secrets of corn: Physiological responses and rapid forecasting in varied drought stress environments," *Remote Sensing*, vol. 16, no. 22, pp. 1-21, 2024, doi: 10.3390/rs16224302.
- [9] N. Safian, M. R. Naderi, M. Torabi, A. Soleymani, and H. R. Salemi, "Maize (*Zea mays* L.) and sorghum (*Sorghum bicolor* (L.) Moench) yield and nutritional quality affected by drought stress," *Biocatalysis and Agricultural Biotechnology*, vol. 45, no. 102486, pp. 1-8, 2022, doi: 10.1016/j.bcab.2022.102486.
- [10] M. Qiao, C. Hong, Y. Jiao, S. Hou, and H. Gao, "Impacts of drought on photosynthesis in major food crops and the related mechanisms of plant responses to drought," *Plants*, vol. 13, no. 13, pp. 1-19, 2024, doi: 10.3390/plants13131808.
- [11] K. J. Dietz, C. Zörb, and C. M. Geilfus, "Drought and crop yield," *Plant Biology*, vol. 23, no. 6, pp. 881–893, 2021, doi: 10.1111/plb.13304.
- [12] N. Zahra, A. Wahid, M. B. Hafeez, A. Ullah, K. H. Siddique, and M. Farooq, "Grain development in wheat under combined heat and drought stress: Plant responses and management," *Environmental and Experimental Botany*, vol. 188, no. 104517, pp. 1-12, 2021, doi: 10.1016/j.envexpbot.2021.104517.
- [13] J. D. Franco-Navarro, Y. G. Padilla, S. Álvarez, Á. Calatayud, J. M. Colmenero-Flores, M. J. Gómez-Bellot, J. A. Hernández, I. Martínez-Alcalá, C. Penella, J. G. Pérez-Pérez, and M. J. Sánchez-Blanco, "Advancements in water-saving strategies and crop adaptation to drought: A comprehensive review," *Physiologia Plantarum*, vol. 177, no. 4, pp. 1-49, 2025, doi: 10.1111/ppl.70332.
- [14] R. Kumar, S. P. Das, B. U. Choudhury, A. Kumar, N. R. Prakash, R. Verma, M. Chakraborti, A. G. Devi, B. Bhattacharjee, R. Das, and B. Das, "Advances in genomic tools for plant breeding: harnessing DNA molecular markers, genomic selection, and genome editing," *Biological Research*, vol. 57, no. 80, pp. 1-23, 2024, doi: 10.1186/s40659-024-00562-6.
- [15] S. S. Mandyal, A. Mishra, Y. D. Naik, and A. Singh, "Identification and validation of candidate genes for combined drought and heat stress tolerance in maize (*Zea mays* L.)," *Cereal Research Communications*, vol. 53, no. 3, pp. 1–19, 2025, doi: 10.1007/s42976-025-00719-3.
- [16] J. H. Sahito, H. Zhang, Z. G. N. Gishkori, C. Ma, Z. Wang, D. Ding, X. Zhang, and J. Tang, "Advancements and prospects of genome-wide association studies (GWAS) in maize," *International Journal of Molecular Sciences*, vol. 25, no. 3, pp. 1-27, 2024, doi: 10.3390/ijms25031918.
- [17] M. H. Saleem, S. Noreen, I. Ishaq, A. Saleem, K. A. Khan, S. Ercisli, M. Anas, A. Khalid, T. Ahmed, A. Hassan, and S. Fahad, "Omics technologies: Unraveling abiotic stress tolerance mechanisms for sustainable crop improvement," *Journal of Plant Growth Regulation*, vol. 44, no. 7, pp. 4165–4187, 2025, doi: 10.1007/s00344-025-11674-y.
- [18] S. Sahoo, S. Varalakshmi, P. Singh, N. K. Singh, J. P. Jaiswal, and U. Pant, "Wild relatives enhance genetic resources for maize (*Zea mays* ssp. *mays*) improvement through diversity analysis," *Discov.*

- Plants*, vol. 3, no. 11, pp. 1–22, 2025, doi: 10.1007/s44372-026-00472-9.
- [19] H. Singh, N. Kumar, and A. Kumar, *Enhancing resource use efficiency in crops through plant functional traits*, in *Plant Functional Traits for Improving Productivity*. Singapore: Springer Nature Singapore, 2024.
 - [20] Q. Chen, Q. Ying, K. Lei, J. Zhang, and H. Liu, “The integration of genetic markers in maize breeding programs,” *Bioscience Methods*, vol. 15, no. 5, pp. 226–236, 2024, doi: 10.5376/bm.2024.15.0023.
 - [21] H. Yue, T. Olivoto, J. Bu, J. Wei, P. Liu, W. Wu, M. Nardino, and X. Jiang, “Assessing the role of genotype by environment interaction as determinants of maize grain yield and lodging resistance,” *BMC Plant Biology*, vol. 25, no. 1, pp. 120, 2025, doi: 10.1186/s12870-025-06158-w.
 - [22] A. Adak, A. J. DeSalvio, S. L. Anderson, and S. C. Murray, “Genomic insights into temporal growth patterns in maize using phenotyping technologies,” *Euphytica*, vol. 221, no. 10, pp. 1–20, 2025, doi: 10.1007/s10681-025-03613-5.
 - [23] P. F. da Silva, N. Cassa, A. S. de Melo, J. Dantas Neto, L. A. M. Meneghetti, A. S. C. Custódio, N. P. R. de Oliveira, T. J. A. da Silva, E. M. Bonfim-Silva, S. P. Andrade, T. F. Duarte, S. da Silva Berilli, M. N. Souza, A. d. F. M. de Oliveira, M. M. Moulin, and A. P. C. G. Berilli, “Advances in crop genetic improvement to overcome drought stress: Bibliometric and meta-analysis,” *Agriculture*, vol. 13, no. 10, pp. 1-20, 2023, doi: 10.3390/agriculture13101860.
 - [24] W. Xiaoxi, R. Du, H. Cai, B. Lin, J. P. Dietrich, M. Stevanović, H. Lotze-Campen, and A. Popp, “Assessing the impacts of technological change on food security and climate change mitigation in China’s agriculture and land-use sectors,” *Environmental Impact Assessment Review*, vol. 107, no. 107550, pp.1-9, 2024.
 - [25] H. Huang, X. Wang, J. Li, Y. Gao, Y. Yang, R. Wang, Z. Zhou, P. Wang, and Y. Zhang, “Trends and directions in oats research under drought and salt stresses: A bibliometric analysis (1993–2023),” *Plants*, vol. 13, no. 14, pp. 1-31, 2024, doi: 10.3390/plants13141902.
 - [26] Y. Cui, S. Ouyang, Y. Zhao, L. Tie, C. Shao, and H. Duan, “Plant responses to high temperature and drought: A bibliometrics analysis,” *Front. Plant Sci.*, vol. 13, no. 1052660, pp.1-17, 2022, doi: 10.3389/fpls.2022.1052660.