

**KERAGAMAN GENETIK CENDANA (*Santalum album* Linn) DI KEBUN KONSERVASI
EX SITU WATUSIPAT, GUNUNGKIDUL, DENGAN PENANDA ISOZIM**

*Genetic Diversity of Sandalwood (*Santalum album* Linn) at Watusipat Ex situ Conservation,
Gunungkidul, Revealed by Isozyme Markers*

Liliek Haryjanto

Balai Besar Penelitian Bioteknologi dan Pemuliaan Tanaman Hutan

Jl. Palagan Tentara Pelajar Km. 15, Purwobinangun, Pakem, Sleman, Yogyakarta 55582

Telp. (0274) 895954, 896080, Fax. (0274) 896080

ABSTRACT

*Sandalwood (*Santalum album* Linn) is one of high economic value forest commodities. However, over exploitation without appropriate rehabilitation has serious degradation of the natural populations caused. Therefore, an ex situ conservation of this species has been established at Watusipat, Gunungkidul in 2000. It comprised of 6 populations collected from East Nusa Tenggara. The genetic diversity of these populations was investigated using isozyme genetic marker with 3 enzymes. Shikimate dehydrogenase (SHD), Esterase (EST), and Diaphorase (DIA). Thirteen alleles were identified on five polymorphic loci. A relatively high genetic diversity was reflected by parameters, such as the mean number of alleles per polymorphic locus ($A=2.1333$); the mean effective number of alleles per polymorphic locus ($v=1.6302$); the mean percentage of polymorphic loci ($PPL=83.333\%$); the mean observed heterozygosity ($H_o=0.3951$) and the mean expected heterozygosity ($H_e=0.3166$). Most of genetic diversity (95.62%) was distributed within population. Cluster analysis using UPGMA based on Nei's standard genetic distance reflected two main clusters: Palakahambi, Belu and Soebela constructed the first cluster; whereas Bama, Balela and Helangdohi formed the second cluster.*

Key Words : *Santalum album* Linn, isozyme, genetic diversity, genetic resources conservation

ABSTRAK

Cendana (*Santalum album* Linn) merupakan salah satu jenis tanaman hutan yang memiliki nilai ekonomi tinggi. Eksploitasi yang dilakukan tanpa diikuti upaya rehabilitasi yang seimbang telah menjadikan cendana dalam status menuju kepunahan. Upaya konservasi secara *ex situ* jenis ini telah dilakukan di Watusipat, Gunungkidul, sejak tahun 2000. Enam populasi dikoleksi dari Kepulauan Nusa Tenggara Timur. Keragaman genetik keenam populasi dideteksi dengan penanda genetik isozim dengan 3 sistem enzim yaitu *Shikimate dehydrogenase* (SHD), *Esterase* (EST), dan *Diaphorase* (DIA). Jumlah alel yang teridentifikasi sebanyak 13 alel yang tersebar pada lima lokus polimorfik.

Keragaman genetik masih cukup tinggi yang dicerminkan dari parameter keragaman genetik: rata-rata alel per lokus (A) sebesar 2,1333; rata-rata alel efektif per lokus (v) sebesar 1,6302; rata-rata persentase lokus polimorfik (PLP) sebesar 83,333%; rata-rata keragaman genetik yang teramati (H_O) sebesar 0,3951 dan rata-rata keragaman genetik yang diharapkan (H_E) sebesar 0,3166. Keragaman genetik terdistribusi dalam populasi sebesar 95,62%, sedangkan antar populasi sebesar 4,38%. Analisis kluster dengan UPGMA berdasarkan jarak genetik standar Nei dapat membagi menjadi 2 kluster yaitu kluster pertama meliputi populasi Palakahambi, Belu, Soebela; kluster kedua meliputi populasi Bama, Balela, Helangdohi.

Kata Kunci : *Santalum album* Linn, isozim, keragaman genetik, konservasi sumberdaya genetik

I. PENDAHULUAN

Cendana (*Santalum album* Linn) sejak lama dikenal sebagai komoditi yang mahal dan mewah. Selain sebagai bahan baku utama pembuatan parfum, minyak cendana dapat digunakan untuk bahan kosmetik, obat-obatan dan aroma terapi. Kayu terasnya banyak digunakan untuk kerajinan seperti patung, ukiran, kipas, tasbih dan rosario.

Cendana selama ini di Indonesia dikenal sebagai komoditi yang berasal dari Propinsi Nusa Tenggara Timur (NTT). Eksploitasi yang dilakukan tanpa diimbangi dengan upaya rehabilitasi yang memadai telah menjadikan cendana dalam status menuju kepunahan. Saat ini cendana di Indonesia berdasarkan kriteria IUCN (2001) termasuk kategori *Critically Endangered*.

Upaya konservasi *ex situ* cendana telah dilakukan oleh Balai Besar Penelitian Bioteknologi dan Pemuliaan Tanaman Hutan Yogyakarta dengan melakukan pembangunan kebun konservasi *ex situ* secara bertahap di Hutan Penelitian Watusipat, Gunungkidul, mulai awal tahun 2000 sampai tahun 2005. Adanya konser-

vasi secara *ex situ* ini di masa mendatang diharapkan dapat digunakan untuk mendukung kegiatan pemuliaan dan bioteknologi dalam rangka meningkatkan produktivitas hutan tanaman cendana.

Untuk dapat mendukung program pemuliaan suatu jenis diperlukan informasi mengenai keragaman genetik jenis tersebut. Keragaman genetik menempati posisi kunci dalam program pemuliaan tanaman, karena optimalisasi atau maksimalisasi perolehan genetik dari sifat-sifat tertentu akan dapat dicapai manakala ada cukup peluang untuk melakukan seleksi gen untuk sifat yang diinginkan (Na'iem, 2001).

Beberapa penelitian mengenai keragaman genetik cendana sudah dilakukan dengan populasi maupun penanda genetik yang berbeda. Rimbawanto dkk. (2006) melaporkan adanya keragaman genetik yang cukup tinggi ($H_E = 0,391$) pada 17 populasi di kebun konservasi *ex situ* Hutan Penelitian Watusipat, Gunungkidul, yang diteliti dengan menggunakan penanda RAPD (*Random Amplified Polymorphic DNA*). Hasil serupa diperoleh Irmawati (2007) yang melaporkan bahwa rerata keragaman genetik

cendana dari 4 populasi pada tanaman uji sumber benih di Wanagama I dengan menggunakan penanda isozim juga tinggi ($H_E = 0,369$).

Untuk melengkapi studi yang sudah ada, penelitian keragaman genetik populasi cendana terhadap 6 populasi dari Kepulauan Nusa Tenggara Timur masih perlu dilakukan. Dengan penelitian ini diharapkan akan diperoleh informasi yang lebih lengkap mengenai keragaman genetik cendana di Indonesia sehingga upaya pemuliaan maupun konservasi sumberdaya genetik jenis ini dapat lebih dioptimalkan.

Penelitian ini bertujuan untuk mengetahui besarnya keragaman genetik populasi-populasi

cendana di kebun konservasi *ex situ* Watusipat, Gunungkidul.

II. BAHAN DAN METODE

A. Bahan

Pengambilan sampel daun muda dilakukan di kebun konservasi *ex situ* cendana pada plot penelitian Balai Besar Penelitian Bioteknologi dan Pemuliaan Tanaman Hutan di Watusipat, Gunungkidul, Yogyakarta pada bulan Pebruari 2009. Tanaman ini berasal dari biji hasil eksplorasi pada populasi alam cendana di Kepulauan Nusa Tenggara Timur (Gambar 1)



Gambar 1. Populasi asal cendana di kebun konservasi *ex situ* Watusipat

Tabel 1. Populasi cendana yang digunakan dalam penelitian

No	Populasi	Letak geografis	Ketinggian tempat (m dpl)	Jml Pohon Induk Asal	Jumlah sampel
1.	Palakahembi (P. Sumba bagian timur)	9°42' LS – 9°43' LS 120°28' BT – 120°29' BT	0 - 100	8	25
2.	Belu (P. Timor)	9°11' LS – 9°12' LS 124°53' BT – 124°55' BT	400 – 500	4	25
3.	Bama (P. Flores bagian timur)	8°22' LS – 8°23' LS 122°57' BT – 122°58' BT	0 - 50	7	23
4.	Balela (P. Flores bagian timur)	8°17' LS – 8°18' LS 122°51' BT – 122°52' BT	100 - 200	3	25
5.	Helangdohi (P. Pantar)	8°12' LS – 8°14' LS 124°13' BT – 124°14' BT	100 - 200	10	25
6.	Soebela (P. Rote)	10°42' LS – 10°44' LS 123°7' BT – 123°8' BT	100-200	8	25

sedangkan detail nama populasi, letak geografis, ketinggian tempat, jumlah pohon induk, jumlah sampel disajikan pada Tabel 1. Sampel daun muda tanaman cendana dikumpulkan dari keenam populasi dan setiap populasi dipilih 25 tanaman secara random. Jumlah pohon induk asal hanya sedikit yaitu 3-10 pohon tiap populasi karena individu pohon cendana di populasi alamnya sudah sangat jarang didapatkan.

B. Elektroforesis

Pelaksanaan elektroforesis dilakukan menurut prosedur dari Seido (1993) sebagai berikut: sampel daun sebanyak 100 mg diekstraksi menggunakan 0,1 ml *extract buffer*, kemudian disentrifugasi selama 20 menit dengan kecepatan 15.000 rpm pada suhu 0°C, sehingga terbentuk dua bagian terpisah, yaitu larutan bening yang disebut *supernatant* yang digunakan dalam penelitian, sedangkan endapan (*pellet*) dibuang. Gel *polyacrilamide* yang terdiri atas *running gel* (kepekatan 7,5%) dan *spacer gel* (kepekatan 3,75%) disiapkan. *Supernatant* dimasukkan sebanyak 10-20 µl untuk tiap lubang sampel pada *spacer gel*. Empat sistem enzim yang digunakan yaitu *Peroxidase* (POD, E.C. No. 1.11.1.7.), *Shikimate dehydrogenase* (SHD, E.C. No. 1.1.1.25.), *Esterase* (EST, E.C. No. 3.1.1.), dan *Diaphorase* (DIA, E.C. No. 2.6.4.3.). Proses elektroforesis berjalan pada suhu 4°C selama 180-200 menit dengan arus listrik sebesar 100 mA. Gel diwarnai dengan menggunakan larutan *staining* kemudian difiksasi, dikeringkan dan disimpan dengan menambahkan identitas pada tiap-tiap gel berupa nama sampel, populasi, tanggal elektroforesis, sistem enzim yang digunakan dan nomor sampel. Penggunaan 4

sistem enzim ini dipilih karena beberapa peneliti telah menggunakan untuk studi variasi genetik cendana dan dapat mendeteksi lokus polimorfik yaitu sistem enzim POD, SHD dan EST (Suma dan Balasundaran, 2003), dan sistem enzim DIA (Irmawati, 2007).

C. Analisis Data

1. Variasi genetik dalam populasi

Pada setiap populasi dihitung frekuensi alel, persentase lokus polimorfik (PLP), rerata jumlah alel per lokus (A), jumlah alelel efektif per lokus (v ; *alelic diversity*), heterozigositas harapan (H_E ; *expected heterozygosity*), dan heterozigositas yang teramati (H_O ; *observed heterozygosity*).

2. Variasi genetik antar populasi

- F-statistik (Wright, 1951), yaitu F_{IS} , F_{IT} , F_{ST} . F_{IS} adalah rerata koefisien *inbreeding* individu dalam sub populasi. F_{IT} adalah rerata koefisien *inbreeding* individu relatif terhadap total populasi. F_{ST} adalah rerata koefisien *inbreeding* sub populasi relatif terhadap total populasi karena seleksi atau damparan genetik.
- G_{ST} (Nei, 1987), yaitu nilai relatif dari perbedaan genetik antar populasi terhadap populasi total.
- Jarak genetik standar menurut Nei (1972) untuk menggambarkan perbedaan frekuensi alel antar populasi.
- Analisis kluster/kelompok dengan *Un-weighted Pair Group Method with Arithmetic Mean* (UPGMA) berdasarkan jarak genetik standar menurut Nei (1972).

III. HASIL DAN PEMBAHASAN

A. Hasil Penelitian

1. Keragaman genetik dalam populasi

Dari keempat sistem enzim yang digunakan dalam penelitian ini yaitu *Peroxidase* (POD), *Esterase* (EST), *Diaphorase* (DIA), dan *Shikimate dehydrogenase* (SHD), hanya tiga sistem enzim yang dapat mendeteksi lokus polimorfik yaitu EST, DIA dan SHD, sedangkan sistem enzim POD tidak menunjukkan adanya pola pita.

Frekuensi alel dari setiap populasi disajikan pada Tabel 2. Pada sistem enzim EST dapat diamati dua lokus (*Est-1* dan *Est-2*) yang masing-masing dikontrol oleh dua alel. Lokus *Est-1* yang polimorfik dijumpai pada populasi Bama, Balela, Helangdohi dan Soebela, sedangkan populasi lainnya (Palakahembi dan Belu) lokus tersebut bersifat monomorfik. Lokus *Est-2* yang polimorfik dijumpai pada populasi Bama, Balela dan Soebela, sedangkan monomorfik dijumpai pada populasi Palakahembi, Belu dan Helangdohi. Sistem enzim DIA memperlihatkan dua lokus

(*Dia-1* dan *Dia-2*) yang dikontrol oleh tiga alel. Lokus *Dia-1* dan *Dia-2* bersifat polimorfik pada semua populasi yang diteliti. Sistem enzim SHD memunculkan satu lokus (*Shd-1*) yang dikontrol oleh tiga alel dan polimorfik pada semua populasi. Dengan demikian terdapat total 13 alel yang teridentifikasi dari seluruh individu pada kelima lokus yang polimorfik.

Hasil pengamatan terhadap keragaman genetik untuk setiap populasi dapat dilihat dalam Tabel 3. Jumlah alel aktual per lokus (A) berkisar 1,6 hingga 2,4 dengan rerata 2,1333. Jumlah alel efektif per lokus (v) semua lebih rendah daripada jumlah alel aktual dengan rata-rata 1,6302 dengan kisaran antara 1,5172 dan 1,7258. Hal ini mengindikasikan di dalam populasi-populasi tersebut ada sejumlah alel yang frekuensinya rendah dan sedikit mempengaruhi variasi genetik dalam populasi. Di samping itu alel efektif yang lebih rendah daripada alel aktual berarti pula kemungkinan terjadi pengurangan frekuensi alel tertentu. Nilai heterozigositas harapan (H_E) berkisar antara 0,2730 hingga 0,3635 dengan rata-rata 0,3166. Nilai heterozigositas teramati (H_O) lebih tinggi daripada nilai H_E pada semua

Tabel 2. Frekuensi alel 5 lokus polimorfik dari 6 populasi cendana

Lokus	Alel	Frekuensi alel di tiap populasi					
		Palaka-hembi	Belu	Bama	Balela	Helang-dohi	Soebela
<i>Est-1</i>	a	0,0000	0,0000	0,1818	0,0400	0,0200	0,0800
	b	1,0000	1,0000	0,8182	0,9600	0,9800	0,9200
<i>Est-2</i>	a	1,0000	1,0000	0,9773	0,9800	1,0000	0,9400
	b	0,0000	0,0000	0,0227	0,0200	0,0000	0,0600
<i>Dia-1</i>	a	0,0000	0,0000	0,0909	0,0200	0,0200	0,0400
	b	0,5200	0,5200	0,5682	0,5200	0,4400	0,7000
	c	0,4800	0,4800	0,3409	0,4600	0,5400	0,2600
<i>Dia-2</i>	a	0,4200	0,4400	0,1591	0,1600	0,1800	0,4000
	b	0,5800	0,5600	0,7273	0,8400	0,8200	0,6000
	c	0,0000	0,0000	0,1136	0,0000	0,0000	0,0000
<i>Shd-1</i>	a	0,5789	0,3333	0,5714	0,5800	0,5500	0,3958
	b	0,4211	0,4792	0,4286	0,3600	0,4250	0,4583
	c	0,0000	0,1875	0,0000	0,0600	0,0250	0,1458

Tabel 3. Keragaman genetik pada 5 lokus dari 6 populasi cendana

Populasi	A	v	PLP	H_O	H_E	F
Palakahembi	1,6000	1,5796	60	0,4072	0,2948	-0,3812
Belu	1,8000	1,7258	60	0,4597	0,3232	-0,4221
Bama	2,4000	1,6858	100	0,4225	0,3635	-0,1625
Balela	2,4000	1,5388	100	0,3520	0,2866	-0,2284
Helangdohi	2,2000	1,5172	80	0,3100	0,2730	-0,1355
Soebela	2,4000	1,7177	100	0,4193	0,3586	-0,1695
Rata-rata	2,1333	1,6302	83	0,3951	0,3166	-0,2499

Tabel 4. Ringkasan F-statistik pada 5 lokus dari 6 populasi cendana

Lokus	F_{IS}	F_{IT}	F_{ST}
<i>Est-1</i>	-0,1479	-0,0567	0,0794
<i>Est-2</i>	-0,0460	-0,0174	0,0273
<i>Dia-1</i>	-0,6144	-0,5637	0,0314
<i>Dia-2</i>	-0,5245	-0,4171	0,0704
<i>Shd-1</i>	0,2709	0,2923	0,0293
Rata-rata	-0,2465	-0,1919	0,0438

Tabel 5. Ringkasan nilai H_T , H_S , D_{ST} dan G_{ST} pada 5 lokus dari 6 populasi cendana

Lokus	H_T	H_S	D_{ST}	G_{ST}
<i>Est-1</i>	0,1015	0,0935	0,0080	0,0788
<i>Est-2</i>	0,0336	0,0327	0,0009	0,0268
<i>Dia-1</i>	0,5203	0,5040	0,0163	0,0313
<i>Dia-2</i>	0,4405	0,4095	0,0310	0,0704
<i>Shd-1</i>	0,5598	0,5433	0,0165	0,0295
Rata-rata	0,3311	0,3166	0,0145	0,0439

dengan rata-rata 0,3951 yang berarti pada semua populasi jumlah individu bergenotip heterozigot lebih banyak daripada jumlah individu yang bergenotip homozigot.

2. Diferensiasi dan kekerabatan genetik antar populasi

Hampir semua lokus menunjukkan koefisien silang dalam (baik F_{IS} maupun F_{IT}) bernilai negatif kecuali lokus *Shd-1* dengan rata-rata F_{IS} = -0,2465 dan F_{IT} = -0,1919 (Tabel 4). Hal ini mengindikasikan adanya deviasi terhadap hukum Ekuilibrium Hardy-Weinberg, dalam hal ini terdapat nilai heterozigositas yang berlebih. Dari total variasi genetik populasi yang ada, variasi genetik antar populasi tergolong sangat kecil

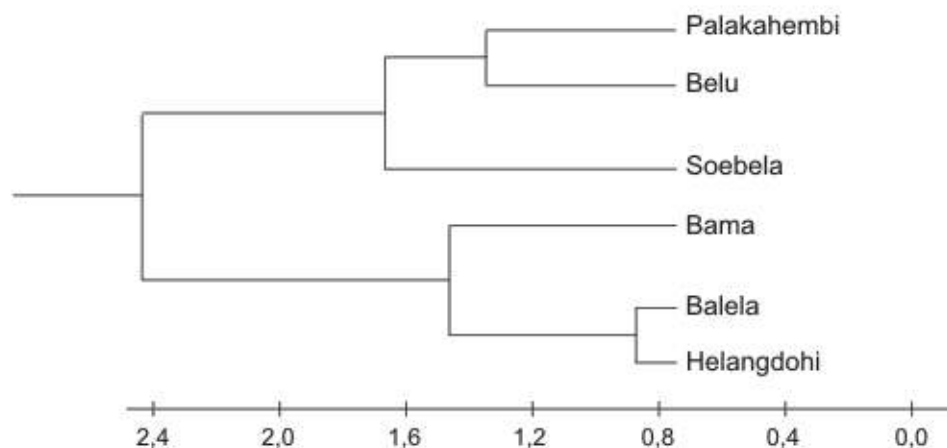
(F_{ST} = 0,0438) dibandingkan variasi genetik yang berasal dari dalam populasi. Hal ini didukung dengan hasil perhitungan nilai G_{ST} di antara keenam populasi yang rendah pula, yaitu berkisar antara 0,0268 (*Est-2*) hingga 0,0788 (*Est-1*) dengan nilai rata-rata G_{ST} = 0,0439 (Tabel 5).

Jarak genetik antar pasangan populasi disajikan pada Tabel 6. Dari keenam populasi yang dianalisis, jarak genetik terbesar terdapat di antara populasi Belu dan Bama (0,0481) sedangkan jarak genetik terkecil ditunjukkan di antara populasi Helangdohi dan Balela (0,0030).

Analisis kelompok dengan *Unweighted Pair Group Method with Arithmetic Mean Analysis* (UPGMA) menggunakan jarak genetik standar

Tabel 6. Jarak genetik (bawah diagonal) dan identitas genetik (atas diagonal) dari 6 populasi cendana berdasarkan jarak genetik standar menurut Nei (1972)

Populasi	Palakahembi	Belu	Bama	Balela	Helang-Dohi	Soebela
Palakahembi	-----	0,9858	0,9715	0,9792	0,9823	0,9774
Belu	0,0143	-----	0,9530	0,9640	0,9689	0,9834
Bama	0,0289	0,0481	-----	0,9874	0,9820	0,9702
Balela	0,0210	0,0367	0,0127	-----	0,9971	0,9651
Helangdohi	0,0179	0,0316	0,0182	0,0030	-----	0,9585
Soebela	0,0228	0,0167	0,0302	0,0355	0,0424	-----



Gambar 2. Hubungan kekerabatan 6 populasi cendana berdasarkan jarak genetik standar menurut Nei (1972) dengan metode UPGMA

menurut Nei (1972) menunjukkan bahwa hubungan kekerabatan keenam populasi dapat dikelompokkan menjadi 2 klaster utama, yaitu klaster pertama meliputi populasi Palakahembi (P. Sumba), Belu (P. Timor) dan Soebela (P. Rote) dan klaster kedua meliputi populasi Bama (P. Flores), Balela (P. Flores) dan Helangdohi (P. Pantar) seperti dapat dilihat dalam dendrogram (Gambar 2).

B. Pembahasan

1. Keragaman genetik dalam populasi

Rata-rata jumlah alel efektif per lokus lebih rendah dari rata-rata jumlah alel secara aktual per lokus (Tabel 3). Hal ini mengindikasikan di dalam populasi-populasi tersebut ada sejumlah alel yang frekuensinya rendah dan sedikit

mempengaruhi variasi genetik dalam populasi. Selain itu alel efektif yang lebih rendah daripada alel aktual menunjukkan kemungkinan berkurangnya frekuensi alel tertentu. Pengurangan frekuensi alel ini dapat disebabkan oleh seleksi ataupun peluang (*drift*).

Nilai rata-rata heterozigositas harapan keenam populasi cendana yang diperoleh ($H_E = 0,3166$) hampir sama dengan penelitian yang dilakukan oleh Rimbawanto, dkk. (2006) dengan penanda RAPD dan Irmawati (2007) dengan penanda isozim pada cendana, yaitu berturut-turut 0,391 dan 0,369. Nilai H_E tersebut termasuk tinggi jika dibandingkan dengan rata-rata nilai H_E dari spesies tropika seperti dilaporkan oleh Hamrick dan Godt (1989) yaitu sebesar 0,211.

Nilai rata-rata H_O yang lebih tinggi daripada nilai rata-rata H_E kemungkinan disebabkan cendana termasuk jenis yang cenderung untuk melakukan reproduksi melalui persilangan luar (*outcross*). Rugkhla dan McComb (1993), melaporkan penyerbukan silang cendana menghasilkan buah sebesar 20,1%, penyerbukan antar bunga dalam pohon yang sama sebesar 1,8% dan penyerbukan dalam bunga yang sama tidak menghasilkan buah (0%). Veerendra dan Padmanabha (1996) juga menyebutkan cendana termasuk jenis *predominant outbreeding* dan memiliki mekanisme *self incompatibility*. Ratnaningrum dan Prehaten (2005) menyebutkan bunga cendana termasuk kategori *protandri dikogami* yaitu organ reproduksi jantan masak lebih dulu. Kematangan polen dicapai sebelum terjadi anthesis (bunga mekar), sedangkan reseptivitas (siap dibuahi) putik dicapai 12-24 jam setelah terjadi anthesis. Saat anthesis polen pada bunga yang sama telah mengalami kekeringan karena periode kematangannya telah lewat, sehingga warnanya berubah menjadi coklat dan kehilangan daya kecambah. Dengan demikian tanaman yang diambil sebagai sampel diperkirakan dulu berasal dari benih hasil *outbreeding* yang memiliki variasi genetik tinggi. Nilai rata-rata H_O yang lebih tinggi daripada nilai rata-rata H_E pada *S. album* Linn juga dilaporkan oleh Suma dan Balasundaran (2003) yaitu 0,13 dan 0,07; Irmawati (2007) yaitu 0,437 dan 0,369. Muir, dkk. (2006) melaporkan bahwa *S. spicatum* juga memiliki nilai rata-rata H_O yang lebih tinggi daripada nilai rata-rata H_E yaitu masing-masing 0,40 dan 0,34.

2. Diferensiasi dan kekerabatan genetik antar populasi

Nilai rata-rata koefisien silang dalam (F_{IS}) rata-rata sebesar -0,2465. Nilai rata-rata F_{IS} negatif pada *S. album* Linn juga dilaporkan oleh Suma dan Balasundaran (2003) yaitu -0,766; dan Irmawati (2007) yaitu -0,116. Koefisien silang dalam yang negatif menunjukkan individu-individu tidak terjadi *inbreeding* dalam populasi tersebut.

Nilai F_{ST} 0,0438 hampir setara dengan G_{ST} 0,0439. Hal ini menunjukkan total variasi genetik yang ada berasal dari variasi genetik antar populasi sebesar 4,38% sedangkan 95,62% berasal dari variasi genetik dalam populasi. Nilai ini hampir sama dengan penelitian pada *S. album* Linn yang dilakukan oleh Rimbawanto, dkk. (2006) yaitu 0,038 dan Irmawati (2007) yaitu 0,051.

Jarak genetik standar antar populasi berdasarkan Nei (1972) dapat dikategorikan rendah. Kemungkinan ini disebabkan oleh sejarah hidup cendana jutaan tahun yang lalu berupa populasi yang kontinyu. Menurut Voris (2000), pada masa Pleistocene (2 juta tahun yang lalu), kawasan Asia Tenggara terjadi glasial dan deglasial yang mengakibatkan fluktuasi permukaan air laut. Kepulauan Nusa Tenggara Timur yang saat ini terpisah kemungkinan merupakan satu daratan sehingga terjadi penyebaran materi genetik. Kemungkinan lain adalah populasi cendana di Kepulauan Nusa Tenggara Timur berasal dari satu leluhur. Menurut Harbaugh dan Baldwin (2007), genus *Santalum* berasal dari Australia dan *S. album* berasal dari Australia bagian utara yang menyebar ke P. Timor 3 juta tahun yang lalu (Jones, 2008).

Berdasarkan analisis klaster, hubungan kekerabatan genetik antar keenam populasi cendana dapat dikelompokkan menjadi 2 klaster, yaitu klaster pertama meliputi populasi Palakahembi (P. Sumba), Belu (P. Timor) dan Soebela (P. Rote) dan klaster kedua meliputi populasi Bama (P. Flores), Balela (P. Flores) dan Helangdohi (P. Pantar). Pengelompokan yang terbentuk kemungkinan dipengaruhi oleh sejarah pembentukan pulau yang berbeda. P. Sumba, P. Timor dan P. Rote termasuk Busur Luar Kepulauan Sunda Kecil yang merupakan bagian dari lempeng Australia (Veevers, 1991), sedangkan P. Flores, P. Pantar termasuk Busur Dalam Kepulauan Sunda Kecil yang terbentuk pada masa Pliocene sekitar 15 juta tahun yang lalu sebagai hasil tumbukan lempeng Australia dan Asia (Audley-Charles, 1987).

3. Implikasi pada program pemuliaan cendana

Apabila hasil penelitian keragaman genetik cendana yang dilakukan oleh Rimbawanto dkk. (2006) dan Irmawati (2007) digabungkan dengan hasil penelitian ini maka informasi keragaman genetik cendana di Indonesia menjadi lebih lengkap sehingga memudahkan dalam merencanakan strategi pemuliaan yang efisien. Kebun konservasi *ex situ* di Watusipat, Gunungkidul ini dapat digunakan sebagai bagian dari populasi dasar di dalam menyusun strategi pemuliaan pohon dan menjadi tempat menyimpan genotip-genotip tertentu yang mungkin hilang akibat seleksi yang dilakukan pada program pemuliaan.

Keragaman genetik yang masih tinggi pada populasi cendana di Watusipat diharapkan dapat mendukung upaya pemuliaan jenis ini. Hal ini dikarenakan tidak semua jenis pohon memiliki

korelasi antara keragaman pada penanda genetik dengan fenotip untuk kebanyakan sifat-sifat yang penting secara ekonomi (Moran, 1992). *Acacia mangium* adalah contoh adanya korelasi keragaman genetik dan fenotip. Populasi yang terisolasi seperti Seram dan Sidei memiliki variasi genetik yang sangat kecil (Butcher dkk., 1996) dan kedua populasi tersebut berdasarkan hasil uji sumber benih memiliki pertumbuhan yang paling lambat (Harwood dan William, 1992 dalam Hardiyanto, 2000). Jones (2008) melaporkan bahwa keragaman genetik cendana dari India, Timor dan Northern Territory di Kununurra (Australia Barat) dengan penanda nRFLP (*Nuclear Restriction Fragment Length Polymorphism*) memiliki heterozigositas sangat rendah (H_O dan $H_E = 0,047$) yang berkorelasi dengan rendahnya variasi kandungan minyaknya. Dengan demikian untuk cendana yang ada di Watusipat masih dapat ditingkatkan kandungan minyaknya melalui program pemuliaan.

Keragaman genetik populasi yang terdistribusi lebih banyak di dalam populasi daripada antar populasi menunjukkan bahwa seleksi individu yang akan dilibatkan dalam program pemuliaan sebaiknya lebih banyak diambil dari dalam populasi. Karakter penting yang dimulia-kan akan memberikan hasil optimal apabila dikendalikan oleh faktor genetik dan memiliki nilai ekonomi (Zobel dan Talbert, 1984). Kandungan kayu teras, minyak dan santalol adalah karakter penting yang dikendalikan oleh faktor genetik (Brand dkk., 2006), sehingga karakter ini yang sebaiknya digunakan sebagai kriteria dalam melakukan seleksi.

Di dalam perencanaan strategi pemuliaan jangka panjang diperlukan infusi materi genetik

(White, 1987), terutama untuk meningkatkan variasi genetik. Adanya perbedaan genetik yang besar antara populasi cendana dari Timor dan populasi dari India seperti yang dilaporkan Brand (1994) memberikan peluang untuk melakukan infusi dengan menggunakan populasi tersebut. Selain itu materi infusi juga dapat dibuat melalui persilangan cendana dengan jenis yang lain (White, 1987) misalnya persilangan *S. album* dengan *S. yasi* di Fiji (Doran dkk., 2005).

IV. KESIMPULAN

Dari penelitian yang dilakukan ini dapat disimpulkan bahwa keragaman genetik dalam populasi cendana di kebun konservasi *ex situ* Watusipat masih tinggi, yang ditunjukkan oleh nilai keragaman genetik total populasi (H_T) sebesar 0,3311. Nilai ini terdistribusi menjadi keragaman genetik dalam populasi sebesar 0,3166 (95,62%) dan sisanya antar populasi sebesar 0,0145 (4,38 %). Tingkat kekerabatan populasi cendana berdasarkan analisis kluster terbagi menjadi 2 kluster, yaitu kluster pertama meliputi populasi Palakahembi, Belu, Soebela dan kluster kedua meliputi populasi Bama, Balela, Helangdohi. Masih tingginya keragaman genetik cendana ini memungkinkan menjadi populasi dasar dalam strategi pemuliaan pohon dan menjadi tempat menyimpan genotip tertentu yang mungkin hilang akibat seleksi. Keragaman genetik populasi yang terdistribusi lebih banyak di dalam populasi daripada antar populasi menunjukkan bahwa seleksi individu yang akan dilibatkan dalam program pemuliaan sebaiknya lebih banyak diambil dari dalam populasi.

UCAPAN TERIMA KASIH

Penulis mengucapkan terima kasih kepada Prof. Dr. Moh. Na'iem dan Dr. Sapto Indrioko yang banyak membimbing selama pelaksanaan penelitian ini dan Sdr. Untung, staf Laboratorium Pemuliaan Pohon Fak. Kehutanan UGM yang membantu pekerjaan di laboratorium.

DAFTAR PUSTAKA

- Audley-Charles, M.G., 1987. Dispersal of Gondwanaland: relevance to evolution of the Angiosperms. In: Whitmore, T.C. (ed.) (1987) Biogeographical Evolution of the Malay Archipelago. Oxford Monographs on Biogeography 4, Clarendon Press, Oxford, pp. 5-25.
- Brand, J.E. 1994. Genotypic variation in *Santalum album*. Sandalwood Research Newsletter No 2.
- Brand, J., Kimber, P., Streatfield, J. 2006. Preliminary analysis of Indian sandalwood (*Santalum album* L.) oil from a 14-year-old plantation at Kununurra, Western Australia. Sandalwood Research Newsletter No 21.
- Butcher, P.A., Moran, G.F. dan Perkins, H.D. 1996. Genetic resources and domestication of *Acacia mangium*. In: Dieters, M.J., Matheson, A.C., Nikles, D.G., Harwood, C.E., Wakler, S.M. (eds). Tree Improvement for Sustainable Tropical Forestry. Proc. QFRI-IURFO Conf. Caloundra, Queensland, Australia.
- Doran, J., Thomson, L., Brophy, J., Goldsack, B., Bulai, P., Faka'osi, T., dan Mokoia. 2005. Variation in heartwood oil composition of

- young sandalwood trees in the South Pacific (*Santalum yasi*, *S. album* and F1 hybrids in Fiji, and *S. yasi* in Tonga and Niue. Sandalwood Research Newsletter No 20.
- Hamrick, J.L., dan Godt, M.J.W. 1989. Allozyme diversity in plant species. In: Brown, A.H.D., Clegg, M.T., Kahler, A.L., Weis, B.S. (Eds). Plant Population Genetic, Breeding and Genetic Resources, Sinauer. Sunderland. Mass, USA.
- Harbaugh, D.T., dan Baldwin, B.G. 2007. Phylogeny and biogeography of the sandalwood (*Santalum*, Santalaceae): repeated dispersals throughout the Pacific. *American Journal of Botany* **94**(6): 1028-1040.
- Hardiyanto, E.B. 2000. Genetik dan strategi pemuliaan *Acacia mangium*. Dalam Prosiding Seminar Nasional Silvikultur 1999. Peluang dan Tantangan Menuju Produktivitas dan Kelestarian Sumberdaya Hutan Jangka Panjang. Fak. Kehutanan UGM.
- Irmawati, M. A. S. 2007. Keragaman genetik cendana (*Santalum album* Linn) dari 2 provenans dan 2 ras lahan di Wanagama I dengan analisis isozim. Skripsi. Tidak dipublikasikan. Fak. Kehutanan UGM, Yogyakarta.
- IUCN. 2001. The IUCN red list of threatened species. http://www.redlist.org/info/categories_criteria2001.html diakses tanggal 12 Juni 2004.
- Jones, C.G. 2008. The best of *Santalum album*: Essential oil composition, biosynthesis and genetic diversity in the Australian tropical sandalwood collection. Thesis. Faculty of Natural and Agricultural Sciences. The University of Western Australia.
- Moran, G.F. 1992. Pattern of genetic diversity in Australian tree species. *New Forest* **6**: 49-66.
- Muir, K., Byrne, M., Barbour, E., Cox, M.C., Fox, J.E.D. 2006. High level of outcrossing in a family trial of Western Australian Sandalwood (*Santalum spicatum*). *Silvae Genetica* **56**, 5 (2007).
- Na'iem, M. 2001. Konservasi sumberdaya genetik untuk pemuliaan pohon. Dalam: Seminar Sehari Peletakan dasar-dasar dan strategi pemuliaan pohon hutan di Indonesia dalam rangka 70 tahun Prof.Dr.Hj. Oemi Hani'in Suseno. Fakultas Kehutanan UGM. Yogyakarta.
- Nei, M. 1972. Genetic distance between populations. *American Naturalis* **106**: 283-292.
- Nei, M. 1987. Molecular evolutionary genetics. Columbia University Press, New York.
- Ratnaningrum, Y.W.N dan Prehaten, D. 2005. Pollination mechanism and breeding system of *Santalum album* (Santalaceae), the endemic species of Eastern Parts of Indonesia that became landrace of Gunungkidul, Central Java. In: Proceeding Forestry International Seminar. Universitas Putra Malaysia. Bintulu. Malaysia.
- Rimbawanto, A., Widyatmoko, AYPBC dan Sulistyowati, P. 2006. Distribusi keragaman genetik populasi *Santalum album* L berdasarkan penanda RAPD. Jurnal Penelitian Hutan Tanaman Vol 3 No 3.

- Rugkhla, A dan McComb, J. 1993. Self and cross pollination in *Santalum spicatum* and *S. album*. Sandalwood Research Newsletter 1: 2-3.
- Seido, K. 1993. Manual of isozyme analysis. FTIP - No.2. Japan International Cooperation Agency and Direktorat General of Reforestation and Land Rehabilitation, Ministry of Forestry in Indonesia.
- Suma, T.B., dan Balasundaran, M. 2003. Isozyme variation in five provenances of *Santalum album* in India. *Australian Journal of Botany* **51**: 243-249.
- Veevers, J.J., 1991. Phanerozoic Australia in the changing configuration of ProtoPangea through Gondwanaland and Pangea to the present dispersed continents. *Australian Systematic Botany* **4**: pp. 1-11.
- Voris, H.K. 2000. Maps of pleistocene sea levels in Southeast Asia: shorelines, river systems and time durations. *Journal of Biogeography* **27**, 1153-1167.
- White, T.L. 1987. A conceptual framework for tree improvement programs. *New Forest* **4**: 325-342.
- Wright, S. 1951. The genetic structure of population. *Annals of Eugenics* **15**: 323-54.
- Zobel, B.J. dan Talbert, J.T. 1984. Applied forest tree improvement. John Wiley & Son, Inc, New York.