

**KERAGAMAN GENETIK CENDANA
PADA TEGAKAN PENGHASIL BENIH DAN TEGAKAN REHABILITASI
DI NUSA TENGGARA TIMUR BERDASARKAN PENANDA ISOZIM**

*Genetic diversity of sandalwood on seed production stand and rehabilitation stand
in East Nusa Tenggara based on isozyme marker*

Rini Purwiasuti, Sapto Indrioko, dan Eny Faridah
Fakultas Kehutanan, Universitas Gadjah Mada
Jl. Agro No.1, Bulaksumur, Sleman, Yogyakarta, Indonesia
email: rinipurwiasuti@gmail.com

Tanggal diterima: 27 Agustus 2015, Tanggal direvisi: 29 September 2015, Disetujui terbit: 30 Juni 2016

ABSTRACT

This study aimed to determine the genetic diversity of sandalwood on seed production stand and rehabilitation stand in East Nusa Tenggara using isozyme genetic marker. The study was conducted using samples collected from three stands, i.e. Seed Production Area (APB) representing seed production stand, KHDTK rehabilitation stand and CSR rehabilitation stand representing rehabilitation stands. Samples of sandalwood juvenile leaves are taken randomly from each location. Sample materials taken were juvenile leaves collected randomly from each stand. There were 57 samples taken from APB, while each 25 samples were collected from rehabilitation stands of KHDTK and CSR. Isozymes analyses were carried out in the laboratory using three kinds of enzyme systems i.e Esterase (EST), Diaphorase (DIA) and Shikimate Dehydrogenase (SHD). The results showed that for genetic diversity within stands, the mean of polymorphic loci was 88.89%, with a mean number of alleles per locus 2.1667 and a mean of effective alleles 1.2103. The expected heterozygosity within stands (H_S) was 0.1558, with the observed heterozygosity (H_O) of 0.1402, while the mean index of fixation (F_{IS}) was 0.1118. On genetic diversity among stands, D_{ST} and G_{ST} values were 0.0090 and 0.0545 respectively, while total expected heterozygosity of the three stands (H_T) was 0.1648. To anticipate sandalwood genetic diversity decline, it is essential to identify and record the remaining sandalwood populations, then conserve rare alleles either through in-situ or ex-situ conservation programs.

Keywords: sandalwood, Seed Production Area, rehabilitation stands, genetic diversity, isozyme

ABSTRAK

Penelitian ini bertujuan untuk mengetahui keragaman genetik cendana pada tegakan penghasil benih dan tegakan rehabilitasi di Nusa Tenggara Timur dengan menggunakan isozim sebagai penanda genetik. Penelitian dilakukan menggunakan sampel yang diambil dari 3 tegakan yaitu Areal Produksi Benih (APB) yang mewakili tegakan penghasil benih, tegakan rehabilitasi Kawasan Hutan Dengan Tujuan Khusus (KHDTK) dan tegakan rehabilitasi Corporate Social Responsibility (CSR) yang mewakili tegakan rehabilitasi. Sampel berupa daun juvenil cendana diambil secara random dari masing-masing lokasi. Dari tegakan APB diambil sebanyak 57 sampel sedangkan dari tegakan rehabilitasi KHDTK dan CSR masing-masing 25 sampel. Analisis isozim dilakukan di laboratorium menggunakan 3 macam sistem enzim yaitu Esterase (EST), Diaphorase (DIA) dan Shikimate Dehydrogenase (SHD). Parameter keragaman genetik dalam tegakan menunjukkan rerata lokus polimorfik sebesar 88,89%, dengan rerata jumlah alel per lokus 2,1667 dan rerata alel efektif 1,2103. Heterozigositas harapan (H_S) dalam tegakan diperoleh nilai 0,1558 dengan rerata heterozigositas teramati (H_O) sebesar 0,1402 dan rerata indeks fiksasi (F_{IS}) sebesar 0,1118. Pada pengamatan parameter keragaman genetik antar tegakan diperoleh nilai $D_{ST} = 0,0090$ dan $G_{ST} = 0,0545$, sedangkan heterozigositas harapan total ketiga tegakan cendana (H_T) sebesar 0,1648). Untuk mengantisipasi penurunan keragaman genetik cendana perlu dilakukan identifikasi dan inventarisasi keberadaan populasi cendana yang masih tersisa, untuk kemudian dilakukan upaya konservasi bagi alel-alel langka baik secara in-situ maupun ex-situ.

Kata kunci: Cendana, Areal Produksi Benih, tegakan rehabilitasi, keragaman genetik, isozim

I. PENDAHULUAN

Cendana (*Santalum album* Linn.) merupakan species tumbuhan endemik Kepulauan Nusa Tenggara Timur yang memiliki keistimewaan terutama untuk manfaat produk minyak esensial yang dihasilkannya. Potensi ini menjadikan cendana sebagai aset yang mempunyai nilai ekonomi tinggi khususnya bagi Nusa Tenggara Timur (NTT). Menurut Srinivasan et al. (1992) dalam Kumar, Joshi, dan Ram (2012), sebaran alami cendana secara luas mulai dari 30° LU sampai 40° LS. Dari Indonesia di bagian timur hingga ke Kepulauan Juan Fernandez (Chili) di bagian barat dan dari Kepulauan Hawaii di bagian utara hingga ke Selandia Baru di bagian selatan (Applegate & McKinnell, 1993). Namun demikian, cendana yang berasal dari NTT dipercaya mempunyai kualitas minyak esensial (santalol) yang terbaik. Santalol adalah sejenis senyawa kimia yang dihasilkan dari proses penyulingan (distilasi) kayu teras cendana.

Potensi ekonomi cendana yang tinggi mengakibatkan tingginya eksploitasi oleh masyarakat, yang pada kenyataannya tidak dibarengi upaya perbanyakan dan penanaman secara memadai. Meskipun kegiatan rehabilitasi telah dilakukan, namun upaya ini terkendala karena permasalahan ketersediaan benih dan keberhasilan tanaman yang rendah. Kelangkaan benih berkualitas tak lepas dari keterbatasan populasi yang tersisa setelah eksploitasi di masa lalu. Kemerosotan populasi cendana juga dapat berdampak pada menurunnya keragaman genetik, sedangkan keragaman genetik memainkan peranan yang penting dalam kelestarian jenis maupun program *breeding* suatu species. Salah satu pendekatan yang dapat dilakukan untuk mengetahui status keragaman genetik pada suatu jenis adalah dengan menggunakan penanda isozim (Namkoong & Koshy, 2001; Nei, 1987; Zeidler, 2000).

Dengan mengetahui status keragaman genetik cendana di sebaran alamnya, maka langkah-langkah konservasi untuk

menyelamatkan keragaman sumber daya genetik cendana yang masih ada dapat diwujudkan. Salah satu komponen kegiatan dalam konservasi sumber daya genetik cendana antara lain dengan melakukan eksplorasi, identifikasi dan inventarisasi tegakan-tegakan yang masih ada yang dapat dimanfaatkan sebagai sumber benih bagi pembangunan populasi dasar untuk upaya pemuliaan jenis cendana.

II. BAHAN DAN METODE

A. Waktu dan lokasi

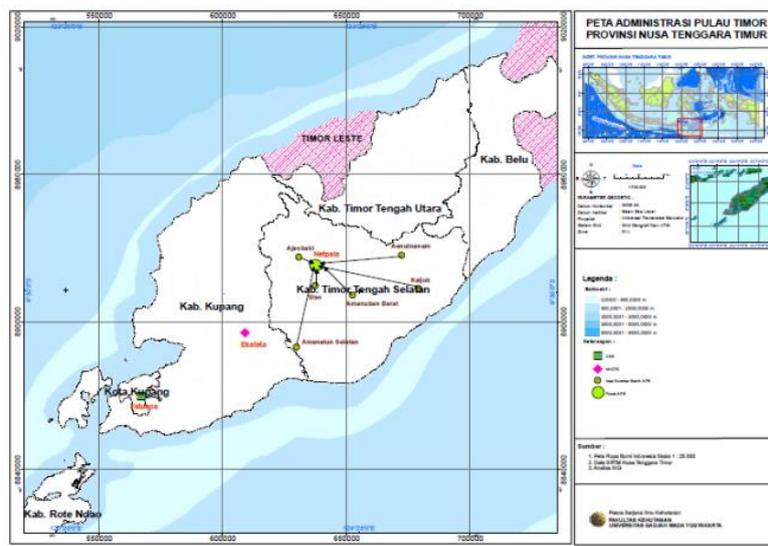
Penelitian dilakukan di Laboratorium Pemuliaan Pohon Fakultas Kehutanan Universitas Gadjah Mada Yogyakarta pada bulan Desember 2014 sampai dengan bulan Februari 2015.

B. Prosedur Kerja

1. Pengambilan sampel

Pengambilan sampel dilakukan di tiga lokasi yang diasumsikan cukup mewakili keragaman genetik cendana di Provinsi NTT (Gambar 1) yaitu 1) Areal Produksi Benih (APB) cendana, ditanam tahun 1992/1993, seluas 4,09 ha di Desa Netpala Kec. Mollo Utara Kab. Timor Tengah Selatan yang merepresentasikan tegakan benih, dengan sumber benih berasal dari Ajaobaki, Siso, Aenutnam, Amanuban Barat, Amanatun Selatan dan Kaijob, seluruhnya berada dalam wilayah Kab. Timor Tengah Selatan (Sumardi, 2011); 2) Kawasan Hutan Dengan Tujuan Khusus (KHDTK) Hutan Diklat Sisimeni Sanam, ditanam tahun 2007, luas 200 ha di Desa Ekateta, Kec. Fatuleu, Kab. Kupang, benih yang digunakan berasal dari Sumba; dan 3) Kawasan rehabilitasi program BUMN peduli (Corporate Social Responsibility/CSR), ditanam tahun 2012, seluas 50 ha di Kel. Fatukoa, Kec. Maulafa, Kota Kupang dengan asal sumber benih dari Pulau Timor, yang merepresentasikan tegakan rehabilitasi. Sampel berupa daun juvenil cendana diambil secara random sebanyak 57 sampel dari tegakan APB, sedangkan dari tegakan rehabilitasi KHDTK dan tegakan

rehabilitasi CSR masing-masing diambil 25 sampel.



Gambar 1. Peta lokasi pengambilan sampel

2. Analisis isozim

Prosedur kerja analisis isozim dilakukan mengacu pada *Manual of Isozyme Analysis* (Seido, 1993). Elektroforesis dilakukan menggunakan 3 pasang plat kaca masing-masing berisi 20 lubang sampel. Pada masing-masing lubang sampel diisiikan $\pm 10 \mu\text{L}$ sampel, *Running Gel* dengan konsentrasi 7,5 % terletak di bagian bawah dan *Spacer Gel* dengan konsentrasi 3,75 % terletak di bagian atas. Elektroforesis berlangsung pada suhu 10°C dengan arus listrik sebesar 100 mA, proses elektroforesis dihentikan ketika kedudukan *Bromophenol Blue* $\pm 0,5 - 1$ cm di atas dasar running gel, kurang lebih memerlukan waktu 3 jam. Sistem enzim yang digunakan dalam analisis ini adalah *Esterase* (EST), *Diaphorase* (DIA), dan *Shikimate Dehydrogenase* (SHD).

C. Analisis data

Data genotipe sampel individu pada masing-masing tegakan yang diperoleh selanjutnya diolah menggunakan software POPGENE 1.31 (Yeh et al., 1999). Parameter yang digunakan untuk mengamati besarnya keragaman genetik meliputi analisis keragaman genetik dalam tegakan dengan parameter jumlah lokus polimorfik (PPL), rerata jumlah alel per lokus (A/L), jumlah alel efektif per lokus (V),

heterozigositas harapan dalam tegakan (H_s), heterozigositas teramati (H_o), indeks fiksasi (F_{IS}), dan analisis keragaman genetik antar tegakan dengan parameter keragaman genetik total (H_T), keragaman genetik antar tegakan (D_{ST}), proporsi keragaman genetik antar tegakan terhadap total keragaman genetik (G_{ST}) seperti diuraikan (Finkeldey & Hattemer, 2007).

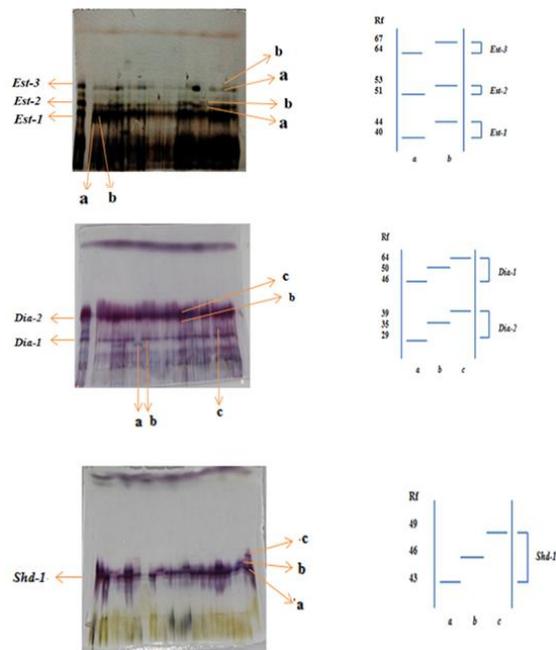
III. HASIL DAN PEMBAHASAN

A. Keragaman genetik di dalam tegakan cendana

Dari pengamatan pola berkas isozim yang tercetak pada gel *polyacrylamide* untuk masing-masing sistem enzim, diperoleh 3 lokus polimorfik untuk sistem enzim *Esterase*, 2 lokus polimorfik untuk sistem enzim *Diaphorase*, dan 1 lokus polimorfik untuk sistem enzim *Shikimate Dehydrogenase* (Gambar 2).

Pengamatan frekuensi alel (Tabel 1) mengidentifikasi keberadaan alel langka yang terdapat pada beberapa lokus. Frankham, Ballou, Briscoe, dan McInnes (2004), mendefinisikan alel langka sebagai alel yang mempunyai frekuensi kemunculan kurang dari 0,1. Alel dengan frekuensi sangat rendah yaitu alel 'a' pada lokus *Est-1* dan *Dia-1*, alel 'b' pada lokus *Est-3* dan *Dia-2*, dan alel 'c' pada lokus *Dia-1*

dan *Shd-1*. Perubahan frekuensi alel disebabkan oleh faktor-faktor seperti mutasi, seleksi, migrasi maupun *genetic drift*. Mutasi merupakan peristiwa dimana suatu alel bertransformasi menjadi alel baru. Seleksi bisa dijabarkan sebagai suatu proses eliminasi yaitu gen-gen tertentu yang tidak mempunyai ketahanan (*fitness*) pada akhirnya akan punah. Sedangkan migrasi dalam konteks ini bisa didefinisikan sebagai bentuk mobilitas dari genotipe-genotipe tertentu pada suatu populasi ke populasi lainnya yang disebut juga sebagai aliran gen. *Genetic drift* atau hanyutan genetik dapat mempengaruhi frekuensi alel melalui hilangnya alel-alel yang terjadi secara acak karena proses *inbreeding*. Dari hasil pengamatan juga teridentifikasi hilangnya beberapa alel pada lokus *Est-2*, *Dia-2* dan *Shd-1*.



Gambar 2. Zimmogram dan pola berkas pada gel *polyacrylamide* untuk masing-masing sistem enzim

Rerata jumlah alel per lokus sebesar 2,1667 angka tersebut lebih besar daripada rerata jumlah alel efektif yang hanya 1,2103. Nilai tersebut relevan dengan hilangnya alel pada beberapa lokus gen yang menyebabkan perubahan frekuensi alel sehingga mengakibatkan munculnya alel dengan frekuensi yang semakin berkurang.

Tabel 1. Frekuensi alel pada ketiga tegakan cendana

Lokus	Alel	Frekuensi Alel pada Tegakan		
		APB	KHDTK	CSR
<i>Est-1</i>	a	0,1140	0,0200	0,0400
	b	0,8860	0,9800	0,9600
<i>Est-2</i>	a	0,8947	1,0000	1,0000
	b	0,1053	0,0000	0,0000
<i>Est-3</i>	a	0,9474	0,9800	0,9583
	b	0,0526	0,0200	0,0417
<i>Dia-1</i>	a	0,6140	0,0217	0,0800
	b	0,9211	0,8043	0,7800
	c	0,0175	0,1739	0,1400
<i>Dia-2</i>	a	0,0000	0,0000	0,0000
	b	0,0439	0,0200	0,0400
	c	0,9561	0,9800	0,9600
<i>Shd-1</i>	a	0,7895	0,7955	0,8095
	b	0,1579	0,1591	0,1905
	c	0,0526	0,0455	0,0000

Pengamatan heterosisitas harapan (H_s) pada ketiga tegakan cendana menghasilkan nilai keragaman tertinggi pada tegakan APB dengan $H_s = 0,1800$ diikuti oleh tegakan rehabilitasi CSR dengan $H_s = 0,1546$ kemudian tegakan rehabilitasi KHDTK dengan $H_s = 0,1329$, sedangkan nilai rerata ketiganya adalah 0,1558 (Tabel 2). Nilai-nilai tersebut tidak begitu jauh berbeda, namun demikian dapat mengindikasikan bahwa keragaman genetik pada tegakan APB masih sedikit lebih tinggi dibandingkan tegakan rehabilitasi CSR dan KHDTK. Kemungkinan besar hal ini disebabkan oleh individu-individu pohon penyusun tegakan APB berasal dari 6 provenan (Ajaobaki, Siso, Aenutnam, Amanuban Barat, Amanatun Selatan dan Kaijob) yang semula dimaksudkan sebagai plot uji keturunan sehingga diketahui dengan jelas asal sumber benihnya, yaitu diberi identitas berdasarkan masing-masing pohon induk serta provenan yang diambil benihnya, sedangkan benih yang digunakan sebagai bahan tanaman pada tegakan rehabilitasi CSR dan KHDTK merupakan benih campuran (*bulk*) dengan identitas sumber benih yang tidak diketahui secara jelas tetuanya. Di samping itu, mengingat keterbatasan jumlah individu yang tersisa pasca eksploitasi, besar kemungkinan benih yang terkumpul berasal dari induk yang terbatas jumlahnya. Dengan demikian, benih yang digunakan sebagai bahan pembuatan

tanaman merupakan benih komposit yang tidak terjamin mutu benihnya sehingga dimungkinkan juga memiliki keragaman yang sempit. Frankham, Ballou, dan Briscoe (2004) menyebutkan bahwa populasi kecil biasanya memiliki tingkat keanekaragaman genetik yang lebih rendah daripada populasi yang besar.

Dijelaskan juga bahwa semakin kecil populasi, perubahan akan semakin nyata antara *gene pool* induk dan keturunan. Seiring waktu, keragaman genetik pun akan menurun, dengan kerugian yang lebih banyak dalam hal ketahanan (*fitness*) pada populasi kecil daripada populasi yang lebih besar.

Tabel 2. Rekapitulasi parameter keragaman genetik ketiga tegakan cendana

Tegakan	Parameter Keragaman Genetik					
	PPL (%)	A/L	v	H _S	H _O	F _{IS}
APB	100	2,3333	1,2328	0,1800	0,1784	0,0089
KHDTK	83,33	2,1667	1,1855	0,1329	0,1007	0,2423
CSR	83,33	2,0000	1,2126	0,1546	0,1415	0,0841
Rerata	88,89	2,1667	1,2103	0,1558	0,1402	0,1118

Heterozigositas teramati (H_O) pada ketiga tegakan mempunyai nilai yang lebih rendah daripada heterosigositas harapan (H_S), berkebalikan dari hasil yang diperoleh Haryjanto (2009); Irmawati (2007); Ratnaningrum (2010); Yuliah (2011), yang mendapatkan nilai H_O lebih tinggi daripada heterozigositas harapan. Hal ini mengindikasikan terjadinya penyimpangan terhadap *Hardy-Weinberg Equilibrium*. Nilai H_O yang lebih tinggi daripada H_S (Tabel 2) kemungkinan karena terjadi input gen baru ke dalam populasi sedangkan nilai H_O yang lebih rendah daripada H_S kemungkinan disebabkan oleh jumlah populasi yang semakin berkurang karena degradasi hutan dan lahan yang terjadi di NTT.

Nilai Indeks fiksasi (F_{IS}) dari masing-masing tegakan adalah: Tegakan APB F_{IS} = 0,0089, tegakan rehabilitasi KHDTK F_{IS} = 0,2423 dan tegakan rehabilitasi CSR F_{IS} = 0,0841 (Tabel 2.). Koefisien inbreeding yang bernilai positif pada masing-masing tegakan mengindikasikan terjadinya *inbreeding* atau kawin kerabat. Hal ini menguatkan dugaan bahwa berkurangnya populasi cendana akibat eksploitasi dan degradasi yang terjadi selama beberapa dekade terakhir telah berdampak pada keragaman genetik cendana.

Merunut sejarahnya, tegakan APB semula ditujukan sebagai plot uji keturunan cendana

dengan sumber benih berasal dari 6 daerah di wilayah Kabupaten Timor Tengah Selatan yaitu Ajaobaki, Aenutnam, Siso, Kaijob, Amanuban Barat dan Amanatun Selatan. Namun selanjutnya plot uji keturunan cendana tersebut dikonversi menjadi Areal Produksi Benih. Karena asal sumber benih yang digunakan untuk membangun tegakan APB tersebut masih relatif berdekatan, diduga kekerabatan individu penyusun tegakan APB juga masih cukup dekat. Hal ini dapat menjelaskan terjadinya *inbreeding* pada tegakan APB. Demikian juga yang terjadi pada kedua tegakan rehabilitasi KHDTK dan CSR, asal benih yang digunakan sebagai bahan tanaman pada kedua tegakan tersebut merupakan benih *bulk* yang berasal dari pohon-pohon dengan jumlah terbatas yang masih tersisa setelah eksploitasi dari masing-masing asal sumber benihnya

B. Keragaman genetik antar tegakan cendana

Keragaman genetik antar tegakan (D_{ST}= 0,0090) jauh lebih rendah dibanding keragaman genetik dalam tegakan (H_S= 0,1558). Kontribusi D_{ST} yang hampir mendekati nol menunjukkan bahwa rata-rata keragaman genetik dalam tegakan (H_S) hampir sama dengan keragaman genetik total (H_T = 0,1648). Kekerabatan yang masih sangat dekat diperlihatkan dengan rendahnya nilai proporsi keragaman genetik

antar tegakan (G_{ST}) yang hanya sebesar 0,0545. Artinya hanya sekitar 5,45% keragaman genetik yang merupakan keragaman genetik antar tegakan, sedangkan 94,55% keragaman genetik berasal dari dalam tegakan, dengan demikian terdapat kecenderungan bahwa hampir tidak terjadi aliran gen (*gene flow*) yang secara signifikan mempengaruhi keragaman genetik pada masing-masing tegakan yang mengindikasikan perbedaan genetik antar tegakan rendah. Secara geografis wilayah NTT memang terbagi menjadi pulau-pulau sehingga mengakibatkan persebaran habitat yang tidak kontinu (diskret), fragmentasi habitat berakibat pada berkurangnya ukuran populasi dan meningkatnya isolasi.

C. Keragaman genetik cendana pada beberapa tegakan dan ras lahan

Selama beberapa dekade, cendana yang berasal dari NTT telah terdistribusi ke beberapa wilayah di Pulau Jawa antara lain Kabupaten Gunungkidul di Provinsi Daerah Istimewa Yogyakarta dan Gunung Bromo di Jawa Timur. Sejarah penanaman cendana di Gunungkidul salah satunya adalah pada tahun 1968 saat cendana pertama kali ditanam di Wanagama, dari 6.800 bibit yang ditanam tingkat keberhasilannya hanya 0,16%, kemudian penanaman pada tahun 1969 sejumlah 624 bibit dengan tingkat keberhasilan 44,6% (Suseno, 2000 dalam Haryjanto, 2009). Cendana kemudian berkembang menjadi jenis ras lahan di Kabupaten Gunungkidul dan sekitarnya.

Penelitian mengenai keragaman genetik cendana di Gunungkidul dan Gunung Bromo juga telah beberapa kali dilakukan. Irmawati (2007) melaporkan keragaman genetik cendana dari dua provenan (Bu'at dan Netpala) serta dua ras lahan (Gunung Bromo dan Karangmojo) sementara Haryjanto (2009) melaporkan keragaman genetik cendana dari Kepulauan NTT (Palakahembi, Belu, Bama, Balela, Helangdohi, Soebela) yang dikembangkan di Kebun Konservasi *Ex situ* di Watusipat Gunungkidul.

Dilaporkan juga oleh Yuliah (2011) mengenai variasi genetik permudaan cendana pada beberapa fisiognomi di Wanagama (Petak 5, Petak 16 dan Petak 17), serta oleh Ratnaningrum (2010) yang mengobservasi cendana ras lahan di Wanagama. Dapat dicermati dari beberapa parameter yang dianalisis bahwa cendana di beberapa populasi tersebut mempunyai kecenderungan keragaman genetik yang lebih tinggi daripada cendana pada habitat aslinya. Nilai heterozigositas harapan (H_E) pada beberapa populasi cendana di Gunungkidul mempunyai kisaran antara 0,2884 – 0,5110, Gunung Bromo 0,5080 sedangkan ketiga tegakan di NTT mempunyai kisaran heterozigositas harapan antara 0,1329 – 0,1800. Nilai indeks fiksasi (F_{IS}) pada setiap populasi juga menunjukkan kecenderungan heterozigositas yang berlebih (*excess of heterozigosity*) pada tegakan dan ras lahan di Gunungkidul dan Gunung Bromo dengan kisaran -0,0153 hingga -0,4221.

Hal yang menarik juga didapati dari pengamatan bahwa perbandingan frekuensi alel pada beberapa tegakan dan ras lahan. Teramati bahwa alel 'a' pada lokus *Dia-2* dari ketiga tegakan cendana yang diobservasi pada penelitian ini (tegakan APB, tegakan rehabilitasi KHDTK dan tegakan rehabilitasi CSR) tidak teridentifikasi dan tercatat sebagai *missing allele*. Namun demikian alel tersebut masih terdapat dengan frekuensi yang cukup pada semua tegakan dan ras lahan di Pulau Jawa yang diacu dalam penelitian ini. Sebaliknya pada ketiga tegakan di NTT didapati alel 'c' pada lokus *Dia-2* dengan frekuensi yang sangat tinggi sementara alel tersebut tidak terdapat pada beberapa tegakan dan ras lahan yang berada di Pulau Jawa.

Keragaman genetik pada beberapa populasi cendana di Jawa yang cenderung lebih tinggi kemungkinan disebabkan oleh asal materi genetik yang diambil dari beberapa provenan pada habitat aslinya di NTT saat eksploitasi cendana belum mencapai titik kulminasinya, sehingga diduga keragaman genetik cendana

pada waktu itu masih cukup besar dan diduga basis genetiknya saat itu masih cukup luas.

D. Implikasi dari menurunnya keragaman genetik cendana

Melalui penelitian ini dapat teridentifikasi keberadaan alel-alel langka juga alel-alel yang telah hilang dari ketiga tegakan yang diobservasi. Frekuensi alel yang semakin berkurang bisa diidentifikasi dengan penurunan keragaman genetiknya. Apabila kondisi ini tidak dengan segera diantisipasi, besar kemungkinan kepunahan cendana akan benar-benar menjadi ancaman. Hal ini dikarenakan alel yang jarang dijumpai dalam suatu populasi kecil (alel dengan frekuensi sangat rendah/alel langka) akan mempunyai peluang yang besar untuk hilang pada generasi selanjutnya. Dengan pertimbangan tersebut, penting dilakukan tindakan untuk menyelamatkan alel-alel yang telah teridentifikasi langka atau jarang ditemukan. Menyikapi ancaman kepunahan pada jenis cendana yang saat ini berstatus rentan (*vulnerable*) menurut (IUCN, 1998) diperlukan pengetahuan menyeluruh mengenai spesies ini. Banyak penelitian telah dilakukan yang dapat dimanfaatkan sebagai acuan dalam upaya pelestarian cendana. Beberapa penelitian terdahulu telah melaporkan bahwa ada beberapa populasi cendana yang keragaman genetiknya masih cukup tinggi dibandingkan dengan keragaman genetik cendana pada sebaran alamnya. Secara keseluruhan dapat terlihat bahwa beberapa alel yang telah hilang pada tegakan di sebaran alamnya ternyata masih terdapat pada beberapa tegakan dan ras lahan yang terdapat di Pulau Jawa, demikian juga sebaliknya. Dengan adanya informasi tersebut seharusnya dapat diambil langkah-langkah prioritas dalam upaya pelestarian cendana dan konservasi sumber daya genetiknya.

Kemungkinan perlu dilakukan penelitian lanjutan mengenai keragaman genetik cendana pada populasi-populasi yang masih tersisa, walaupun hasil yang didapat pada penelitian ini cukup menjadi gambaran keragaman genetik

cendana yang ada pada sebagian sebaran alamnya sekarang ini. Prioritas tindakan yang harus dilakukan dalam merespon status cendana saat ini sebaiknya adalah dengan melakukan eksplorasi, identifikasi dan inventarisasi secara menyeluruh populasi cendana yang masih ada saat ini dilanjutkan upaya konservasi sumber daya genetiknya baik itu secara *in situ* maupun *ex situ*. Mengacu pada informasi yang diperoleh dalam penelitian ini, upaya membawa kembali cendana ke habitatnya semula (reintroduksi) juga merupakan tindakan yang perlu dilakukan dalam rangka meningkatkan keragaman genetik cendana. Selanjutnya diikuti dengan membangun tegakan sumber benih baru sebagai upaya untuk menyediakan benih cendana yang berkualitas sebagai bahan tanaman bagi populasi perbanyakannya maupun populasi produksi.

IV. KESIMPULAN

Keragaman genetik cendana ketiga tegakan yang diobservasi memiliki nilai heterozigositas total yang relatif rendah ($H_T = 0,1648$). Indeks fiksasi bernilai positif ($F_{IS} = 0,1118$) mengindikasikan terjadinya *inbreeding* di dalam masing-masing tegakan. Alel yang hilang dari beberapa lokus serta alel langka juga teridentifikasi dalam ketiga tegakan yang diobservasi. Mayoritas keragaman genetik (94,55%) terdapat di dalam tegakan sisanya (5,45%) terdapat di antar ketiga tegakan.

Keragaman genetik cendana pada ketiga tegakan yang diobservasi lebih rendah dibandingkan dengan beberapa tegakan dan ras lahan cendana di Pulau Jawa.

UCAPAN TERIMA KASIH

Ucapan terima kasih penulis sampaikan kepada Dinas Kehutanan Provinsi Nusa Tenggara Timur, Balai Penelitian Kehutanan Kupang, Balai Pengelolaan Daerah Aliran Sungai Benain Noelmina, Balai Pendidikan dan Pelatihan Kehutanan Kupang, dan Teknisi Laboratorium Pemuliaan Pohon Universitas Gadjah Mada atas bantuannya selama penelitian.

DAFTAR PUSTAKA

- Applegate, G. B., & McKinnell, F. H. (1993). The Management and Conservation Status of *Santalum* Species Occurring in Australia. In F. H. McKinnell (Ed.), *Proceedings of a Symposium at the XVII Pacific Science Congress* (pp. 5–13). Honolulu, Hawaii: ACIAR Proceedings.
- Finkeldey, R., & Hattemer, H. H. (2007). *Tropical Forest Genetics*. Springer.
- Frankham, R., Ballou, J. D., & Briscoe, D. A. (2004). Introduction to Conservation Genetics. *Forest Ecology and Management*, 190(2–3), 385–386.
<https://doi.org/10.1016/j.foreco.2003.12.001>
- Frankham, R., Ballou, J. D., Briscoe, D. A., & McInnes, K. H. (2004). A Primer of Conservation Genetics, (January).
<https://doi.org/10.1017/CBO9780511817359>
- Haryjanto, L. (2009). *Keragaman genetik cendana (Santalum album Linn.) dari Kepulauan Nusa Tenggara Timur di Kebun Konservasi Ex Situ Watusipat Gunungkidul dan ras lahan Wanagama*. Universitas Gadjah Mada, Yogyakarta.
- Irmawati, M. A. . (2007). *Keragaman genetik cendana (Santalum album Linn.) dari 2 provenan dan 2 ras lahan di Wanagama I dengan analisis isozim* (Skripsi tidak dipublikasikan). Yogyakarta.
- IUCN. (1998). *IUCN Red List of Threatened Species*.
- Kumar, A. N. A., Joshi, G., & Ram, H. Y. M. (2012). Sandalwood: history, uses, present status and the future. *Current Science*, 103(12), 1408–1416.
- Namkoong, G., & Koshy, M. P. (2001). Application of Genetic Markers to Forest tree species 2 . Application of genetic markers to wild species. *Draft Report to IPGRI of the project "Developing Decision-Making Strategies on Priorities for Conservation and Use of Forest Genetic Resources."*
- Nei, M. (1987). *Molecular Evolutionary Genetics*. New York: Columbia University Press.
- Ratnaningrum, Y. W. . (2010). *Sistem Perkawinan pada beberapa provenan dan ras lahan cendana (Santalum album Linn., Santalaceae) pada pertanaman uji provenan di Wanagama, Yogyakarta*. Universitas Gadjah Mada Yogyakarta.
- Seido, K. (1993). *Manual of Isozyme Analysis*.
- Sumardi. (2011). *Pembangunan sumber benih jenis andalan Nusa Tenggara Timur (Laporan Hasil Kegiatan Sumber Dana DIPA 2011)*. Yogyakarta.
- Yeh, F., Rong-cai, Y., Boyle, T., Freeware, M. W., Arunkumar, K. P., Sahu, A. K., ... Shatters, R. G. (1999). Quick User Guide : POPGENE Version 1.31 Microsoft Window-based Freeware for Population Genetic Analysis. *BMC Microbiology*, 12(1), 39.
<https://doi.org/10.1186/1471-2180-12-39>
- Yuliah. (2011). *Variasi genetik permudaan cendana (Santalum album Linn.) pada beberapa fisiognomi di Wanagama I menggunakan penanda isozim*. Universitas Gadjah Mada, Yogyakarta.
- Zeidler, M. (2000). Electrophoretic analysis of plant isozymes, (January 2000).