

**KERAGAMAN FENOTIPE RAPD *Santalum album* L.  
DIPULAU TIMOR BAGIAN TIMUR**  
[RAPD phenotypic variation of *Santalum album* L. in Eastern Part of Timor]

Yuyu S. Poerba, Albert H Wawo dan KS Yulita  
Bidang Botani, Pusat Penelitian Biologi LIPI  
Jl Raya Bogor Km 46 Cibinong, Bogor 16911  
Email: yyspoerba@yahoo.com

**ABSTRACT**

*Santalum album* L. (sandalwood/cendana) is known as one of medicinal and aromatic tree species in Indonesia. The species is valued for its quality light wood timber and for its medicinal properties. The species has been overexploited and is considered as vulnerable plant species. The present study aimed to assess genetic diversity and to estimate genetic relationship among 58 accessions of plant germplasm collection using Random Amplified Polymorphic DNA (RAPD). Two RAPD primers generated 34 scorable bands with 97.06% of them were polymorphic. Clustering analysis was performed based on RAPD profiles using the UPGMA method. The range of genetic dissimilarity value among species was from 6% to 91%, while the range of genetic distance between populations was from 1.89% and 26.88%. These values showed that *S. album* from Eastern part of Timor was genetically diverse populations. Within the 12 populations, there were 9 banding patterns recorded from primer OPA 16 and 12 banding patterns from primer OPB 12, suggesting that OPB 12 was more sensitive than that of OPA 16 to show variation within the sample used.

**Kata kunci:** Cendana, *Santalum album* L., RAPD, keragaman genetik.

**PENDAHULUAN**

*Santalum album* L. yang dikenal dengan cendana, *sandalwood*, merupakan tumbuhan yang secara alami tumbuh di kawasan Asia, berasal dari Nusa Tenggara Timur. Di Indonesia tumbuhan ini tersebar mulai dari Bondowoso, Jawa Timur, ke arah Timor meliputi Timor, Sumba, Flores, dan pulau-pulau kecil di bagian timur P. Flores, Sulawesi hingga Kepulauan Maluku, dengan populasi tegakan terbanyak di Pulau Timor (Rahayu *et al.*, 2002). Tumbuhan ini termasuk suku Santalaceae yang dimanfaatkan terutama kayu dan minyaknya. Kayu terasnya digunakan sebagai bahan baku industri kerajinan tangan (kipas, patung, dan rosario) yang mempunyai aroma yang khas. Seluruh bagian tumbuhan ini mengandung minyak atsiri yang bervariasi, terutama akar, batang dan ranting. Komponen terbesar minyak cendana (85-90%) yaitu senyawa santalol, yang dimanfaatkan sebagai bahan obat-obatan, aroma terapi yang bernilai ekonomi tinggi. Tumbuhan ini telah dieksloitasi untuk berbagai kepentingan, terutama untuk kayu dan kandungan minyaknya sehingga terancam keberadaannya. Tumbuhan ini termasuk daftar tumbuhan langka *World Conservation Union* dengan kategori rawan atau *vulnerable* dengan kategori VUAlD (Mogea *et al.*,

2001), yang artinya berada pada batas beresiko tinggi untuk punah di alam. Kriteria penetapan status ini adalah jumlahnya diperkirakan tereduksi/berkurang lebih dari 20% dari jumlah sepuluh tahun yang lalu dan perlu dijadikan target utama untuk konservasi baik habitat maupun jenisnya. Tumbuhan ini juga dilindungi dengan SK Mentan. 54/Kpts/Um/2/1972, yang melarang penebangan pohon berdiameter dibawah 50 cm (Wiriadinata, 2001).

Walaupun cendana sudah dimanfaatkan dan dieksloitasi sejak lama, namun upaya rehabilitasi dan konservasi belum optimal (Soekotjo, 2001). Kajian dan penelitian yang banyak dilakukan untuk menjawab masalah keberadaan cendana, belum menyeluruh dan terintegrasi, terutama aspek-aspek dasar yang menunjang upaya konservasi maupun pemuliaannya. Salah satu aspek dasar dalam konservasi dan pemanfaatan sumber daya genetik cendana yaitu kajian keragaman genetik cendana yang belum banyak diungkap. Studi keragaman genetika cendana di wilayah Timor Barat telah dilakukan oleh Fox *et al.* (1994) dengan menggunakan marka isozyme. Mereka melaporkan bahwa keragaman genetika dalam populasi lebih tinggi dibandingkan keragaman genetika antar

populasi di kawasan Timor Barat. Sedangkan keragaman genetik antar populasi cenderung rendah (antara 0.000 sampai 0.074). Hal yang samajugajuga diungkapkan Rimbawanto *et al.* (2006).

Penanda molekuler banyak digunakan dalam analisis keragaman genetik tanaman, salah satunya adalah *random amplified polymorphic DNA* (RAPD). RAPD digunakan untuk mengidentifikasi genotipe tanaman karena memiliki kelebihan dalam pelaksanaan dan analisa. RAPD memerlukan ekstraksi DNA, kondisi amplifikasi optimum, dan analisa data yang relatif cepat. Penanda RAPD diperoleh dengan amplifikasi segmen DNA secara random (acak) dari primer tunggal arbitrari. Primer yang digunakan biasanya berukuran 10 bp dan memiliki kandungan GC 50-80% dan tidak mengandung sekuen palindrom. Jumlah fragmen DNA yang diamplifikasi tergantung atas primer dan DNA genom yang digunakan. Walaupun demikian, metoda ini tidak sempurna. Kondisi reaksi PCR membatasi ukuran pita hingga 100-3000 bp. Oleh karena itu hanya fragmen komplemen DNA dalam kisaran ukuran inilah yang akan diamplifikasi oleh sekuen DNA primer. Secara umum keuntungan menggunakan penanda RAPD antara lain: (1) primer umum (universal) dapat digunakan untuk semua species; (2) tidak memerlukan pustaka probe (probe libraries), radioaktif, transfer 'southern', atau informasi sekuen primer; (3) hanya sekuen primer yang diperlukan untuk transfer informasi, dan (4) prosesnya dapat diautomatiskan. Penanda RAPD pewarisannya bersifat dominan sehingga fenotipe homozigot tiak bisa dibedakan dari fenotipe heterozigot dan kurang sensitif, akan tetapi kelemahan ini dapat diatasi dengan menggunakan lebih banyak primer. Marka RAPD digunakan karena selain relatif mudah dan 'cost effective', marka ini sudah banyak digunakan pada jenis-jenis pohon kayutropis lainnya (Pithere/*a/.*, 2003; Siregare/*a/.*, 1998; Rathe/*a/.*, 1998; Tellese/*a/.*, 2003) dan untuk tujuan identifikasi lainnya (Parjanto *et al.*, 2006, Poerba, 2003). Penelitian ini bertujuan untuk mengestimasi keragaman genetik dan pengelompokan populasi cendana yang berasal dari Timor Timur dengan menggunakan penanda RAPD.

## BAHAPANMETODE

### Bahan

Material DNA berupa potongan daun muda yang dikeringkan dengan silica gel, sesuai dengan pedoman pengambilan sampel untuk material DNA (Widjaya dan Poerba, 2004). Lima puluh delapan sampel cendana yang dikoleksi berasal dari 12 populasi di Pulau Timor bagian Timur (Tabel 1).

### Metode

#### *Ekstraksi dan isolasi DNA S. album*

Ekstraksi DNA dilakukan dengan menggunakan metode CTAB yang dimodifikasi (Delaporta *et al.*, 1983), yaitu dengan penambahan RNase dengan konsentrasi akhir 250 ig/mL.

#### *Optimasi kondisi PCR dan amplifikasi DNA*

Optimasi kondisi PCR dilakukan untuk mendapatkan kondisi PCR yang optimal. Beberapa variabel seperti konsentrasi primer (5, 10, 25 ftnol), konsentrasi DNA template, dan suhu annealing yang digunakan untuk PCR dipelajari dan dicoba untuk mendapatkan produk PCR yang optimal. Amplifikasi DNA dilakukan berdasarkan metode Williams *et al.* (1990) dengan menggunakan 2 'arbitrary' primer RAPD terpilih, yaitu OPA16 dan OPB 12 (Operon Technology Ltd), yang merupakan primer yang menghasilkan pita polimorfik dan sebelumnya diuji pada cendana. Reaksi PCR dilakukan pada volume total 15 ml yang berisi 0.2 nM dNTPs; IX bufer reaksi; 2mM MgCl<sub>2</sub>; 25 ng DNA sample; 1 pmole primer tunggal; dan 1 unit Taq DNA polymerase (Promega) dengan menggunakan Thermocycler (Takara) selama 45 siklus. Pemanasan pertama pada suhu 94°C selama 5 menit, kemudian diikuti oleh 45 siklus yang terdiri atas denaturasi 1 menit pada suhu 94°C, annealing 1 menit pada suhu 36°C, dan 2 menit ekstensi pada suhu 72°C. Setelah 45 siklus selesai, kemudian diikuti 4 menit proses ekstensi fragmen DNA pada suhu 72°C. Hasil amplifikasi PCR divisualisasi pada gel agarosa 2.0% dalam bufer TEA (Tris-EDTA) secara elektroforesis dengan menggunakan Mupid Mini Cell selama 50 menit pada 50 Volt. Kemudian direndam dalam larutan ethidium bromida dengan konsentrasi akhir 1ml/100 ml selama 10 menit. Hasil pemisahan fragmen DNA dideteksi dengan menggunakan UV transluminator, kemudian difoto dengan menggunakan kamera polaroid. Sebagai standar ukuran DNA digunakan 100 bp DNA ladder

(Promega) untuk menetapkan ukuran pita hasil amplifikasi DNA.

#### Analisis data

Karena RAPD merupakan marka yang dominan, maka setiap pita RAPD dianggap sebagai satu lokus putatif bialel (single biallelic locus) (Williams *et al.*, 1990). Hanya lokus yang menunjukkan pita yang jelas yang digunakan untuk skoring: ada (1) dan kosong (0). Matriks binari fenotipe RAPD ini kemudian disusun untuk digunakan pada analisis kluster dengan menggunakan UPGMA program NTSYS-pc versi 1.80 (Rohlf, 1993). Nilai kesamaan genetika diambil dari *Simple Matching Coefficient* (Dunn dan Everitt, 1982; Rohlf, 1993), sedangkan nilai ketidaksamaan genetik merupakan pengurangan nilai dalam matrik kemiripan oleh nilai 1 (Dunn dan Everitt, 1982). Matrikjarak genetik antar populasi dihitung dengan menggunakan Nei's

unbiased genetic distances (Nei, 1978) dengan program POPGENE software (Yeh *et al.*, 1999). Dendrogram yang dihasilkan dari analisis dilihat menggunakan program TREE VIEW software (Page, 1996).

## HASIL

### Analisis Profil RAPD

Hasil amplifikasi total genom DNA dengan menggunakan dua primer acak (OPA16 dan OPB 12) pada 58 sampel cendana menghasilkan produk PCR yang dapat dibaca dan diskor, sehingga hasilnya dapat dianalisis (Gambar 1). Sekuens dari kedua primer ini dan jumlah marka RAPD yang dihasilkan tertera pada Tabel 2. Pola pita DNA hasil elektroforesis menunjukkan bahwa setiap jenis primer menghasilkan pola pitaDNA yang berbeda pada beberapa sampel.

Hasil pengamatan menunjukkan bahwa

**Tabel 1.** Koleksi plasma nutfah cendana dari 12 populasi di Timor Timur

No. Populasi	Populasi	No. Sampel	Keterangan
1	Surikulik	1	Pohon induk (P1)
	Surikulik	10	Anakan
	Surikulik	11	Anakan
	Surikulik	12	Anakan
	Surikulik	13	Anakan
	Surikulik	14	Anakan
Jumlah sampel			6
2	Lelowae	2	Pohon induk (P2)
	Lelowae	15	Anakan
	Lelowae	16	Anakan
	Lelowae	17	Anakan
	Lelowae	18	Anakan
	Lelowae	19	Anakan
Jumlah sampel			6
3	Biau	3	Pohon induk (P3)
	Biau	20	Anakan
	Biau	21	Anakan
	Biau	22	Anakan
	Biau	23	Anakan
Jumlah sampel			5
4	Haitimuk	4	Pohon induk (P4), tidak ada anakan
	Jumlah sampel		
5	Uabau	24	Anakan, pohon induk tidak diketahui
	Uabau	25	Anakan, pohon induk tidak diketahui
	Uabau	26	Anakan, pohon induk tidak diketahui
	Uabau	27	Anakan, pohon induk tidak diketahui
	Uabau	42	Anakan, pohon induk tidak diketahui
Jumlah sampel			5
6	Alas	5	Anakan, pohon induk sama dengan sample 33
	Alas	28	Anakan, pohon induk sama dengan sample 5
	Alas	29	Pohon induk (P6A)
	Alas	30	Pohon induk (P6B)
	Alas	31	Pohon induk (P6C)
	Alas	32	Pohon induk (P6D)
	Alas	33	Pohon induk (P6E)

lanjutan tabel 1. Koleksi plasma nutfah cendana dari 12 populasi di Timor Timur

No. Populasi	Populasi	No. Sampel	Keterangan
Jumlah sampel			7
7	Tialai	6	Pohon induk (P7)
	Tialai	34	Anakan
	Tialai	35	Anakan
	Tialai	36	Anakan
	Tialai	37	Anakan
	Tialai	38	Anakan
	Tialai	39	Anakan
	Tialai	40	Anakan
	Tialai	41	Anakan
Jumlah sampel			9
8	Oesena	43	Anakan, pohon induk tidak diketahui
	Oesena	44	Anakan, pohon induk tidak diketahui
	Oesena	45	Anakan, pohon induk tidak diketahui
	Oesena	46	Anakan, pohon induk tidak diketahui
Jumlah sampel			4
9	Tatan	47	Anakan, pohon induk tidak diketahui
	Tatan	48	Anakan, pohon induk tidak diketahui
	Tatan	49	Anakan, pohon induk tidak diketahui
	Tatan	50	Anakan, pohon induk tidak diketahui
	Tatan	51	Anakan, pohon induk tidak diketahui
Jumlah sampel			5
10	Atambua	7	Pohon induk (P10)
	Atambua	52	Anakan
Jumlah sampel			2
11	Lotas	8	Pohon induk (PI 1)
	Lotas	53	Anakan
Jumlah sampel			2
12	Barene	9	Pohon induk (PI2)
	Barene	54	Anakan
	Barene	55	Anakan
	Barene	56	Anakan
	Barene	57	Anakan
	Barene	58	Anakan
Jumlah sampel			6
Jumlah populasi			12
Jumlah sampel total			58

diperoleh 34 fragmen DNA yang berukuran dari 200bp hingga 2.0 kb, dengan 97.06% merupakan pita polimorfik. Primer OPA-16 dan OPB-12 masing-masing menghasilkan 14 dan 20 pita yang dapat dideteksi dan diskor. Jumlah maksimum pita polimorfik 20 terdapat pada primer OPB-12.

**Analisis kluster antar individu dan antar populasi**

Nilai ketidaksamaan genetik untuk ke-58 sampel berkisar dari 0.06 - 0.91, dengan yang tertinggi (0.91)

terdapat antara sampel 24 dan 48 dan terendah 0.06 antara sampel 2 dan 4, antara sampel 3 dan 4, sampel 23 dan 25, serta antara sampel 47 dan 51.

Analisis kluster kesamaan genetik pada 58 sampel *S. album* menunjukkan pemisahan sampel kedalam beberapa kluster yang sebagian mengelompok berdasarkan populasinya dan sebagian lainnya mengelompok secara acak (Gambar 2).

Dendrogram menunjukkan satu kluster utama

(A; koefisien kesamaan 0.55) yang terdiri atas kluster-kluster yang sebagian besar mengelompok mayoritas berdasarkan populasinya (E, H, J dan L), dan mengelompok secara acak (F, G dan M). Pohon induk dari populasi 1, 2, 3, 4, 5 dan 6 (lihat Tabel 3) mengelompok menjadi satu (F; koefisien kesamaan 0.77) bersama dengan beberapa individu dari populasi 5, 10, 11 dan 12 (G; koefisien kesamaan 0.75). Kelompok ini juga berdekatan dengan kelompok yang berisi sebagian besar individu dari populasi 2 (E; koefisien kesamaan 0.65). Kelompok besar lainnya (C; koefisien kesamaan 0.60) berisikan kelompok campuran kecuali pada kluster L (koefisien kesamaan 0.72) yang hanya berisi individu dari populasi 7. Sebagian besar individu dari populasi 9 (H, koefisien kesamaan 0.73) bersama dengan 6 dan 12 (J, koefisien kesamaan 0.74) juga membentuk satu kluster. Pengelompokan ini menunjukkan kesamaan genetika dalam setiap kluster (I, koefisien kesamaan 0.65). Diluar kluster-kluster yang telah disebutkan diatas, individu lainnya terpecah secara acak.

Selanjutnya untuk mengetahui bagaimana sebaran fenotip RAPD antar populasi, dibuat

dendrogram pengelompokan berdasarkan jarak genetik (Gambar 3) dan nilai ketidaksamaan genetik pada 58 sampel cendana. Populasi 4 (Haitimuk) tidak mengelompok dengan populasi lain, hal ini karena hanya 1 individu yang digunakan dalam analisis ini sehingga jarak genetik individu ini dengan populasi lainnya cenderung lebih besar dibanding jarak genetik diantara populasi lain. Jarak genetik diantara populasi lain sebagian besar dibawah 10% namun jarak genetik populasi Haitimuk dengan populasi lain lebih dari 20%. Sebelas populasi lainnya mengelompok menjadi 2 kelompok utama, yaitu A yang terdiri atas populasi 1, 11, 33, 5 dan 2 dan B yang terdiri atas 2 kelompok C (populasi 1,7 dan 10) dan D (populasi 8,9 dan 12).

#### PEMBAHASAN

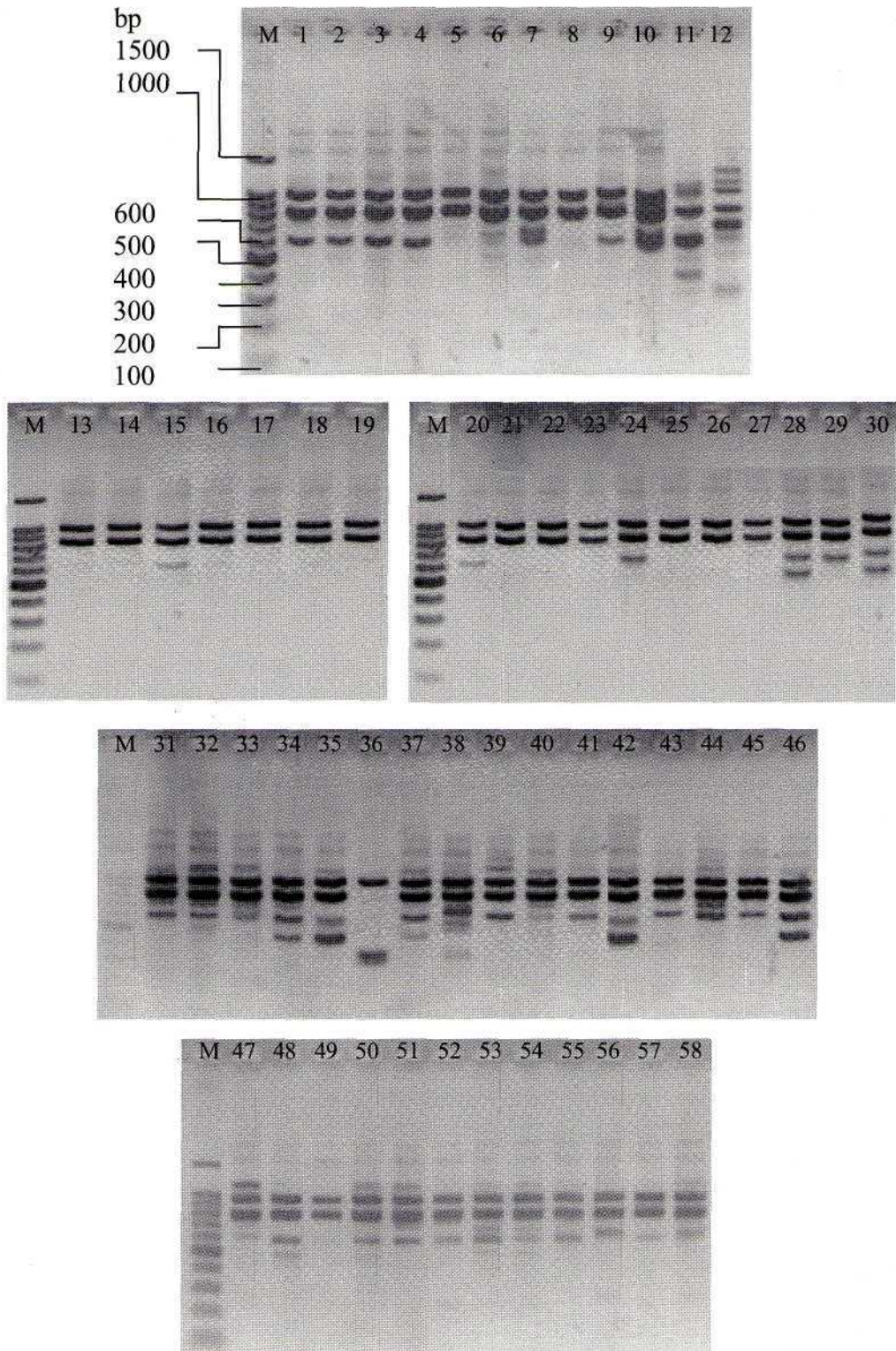
Jumlah pita yang dihasilkan setelah amplifikasi DNA dengan PCR sangat tergantung bagaimana primer mengenal urutan DNA komplementernya pada cetakan DNA (*DNA template*) yang digunakan (Tingey *et al*, 1994). Hasil pengamatan menunjukkan bahwa hanya satu fragmen yang monomorfik, 97.06% fragmen DNA

**Tabel 2.** Primer yang digunakan dan jumlah pita DNA hasil amplifikasi pada 58 sampel *Santalum album* L.

Kode Primer	Urutan basa	Jumlah pita	Jumlah pita polimorfik
OPA-16	AGCCAGCGAA	14	13 (92.85%)
OPB-12	CCTTGACGCA	20	20 (100%)

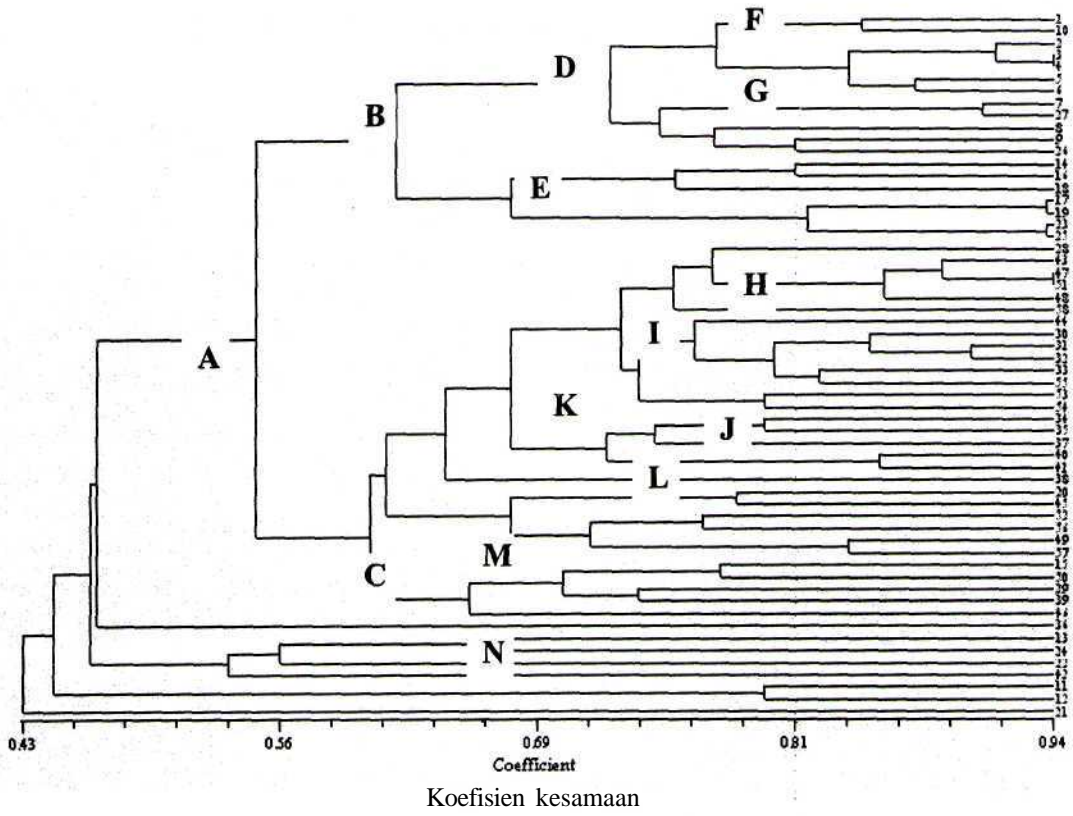
**Tabel 2.** Jarak genetic (Nei, 1978) dan perkiraan jarak antar populasi (dalam km)

Populasi	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12
1		3	50	60	50	2	30	80	70	12	80	70
2	0.052		50	60	50	4	20	80	70	12	80	70
3	0.047	0.025		20	40	40	20	90	80	40	30	30
4	0.221	0.229	0.238		40	60	40	100	90	70	30	20
5	0.056	0.019	0.025	0.251		50	40	70	60	50	50	40
6	0.117	0.073	0.086	0.176	0.086		40	60	50	50	80	75
7	0.089	0.049	0.061	0.262	0.058	0.032		70	60	40	40	40
8	0.115	0.101	0.096	0.233	0.093	0.056	0.056		10	60	80	80
9	0.129	0.094	0.100	0.231	0.093	0.033	0.048	0.024		60	70	70
10	0.093	0.050	0.069	0.269	0.057	0.071	0.053	0.080	0.073		80	80
11	0.097	0.053	0.042	0.194	0.049	0.067	0.078	0.070	0.057	0.087		100
12	0.123	0.084	0.071	0.266	0.075	0.053	0.049	0.045	0.041	0.075	0.056	

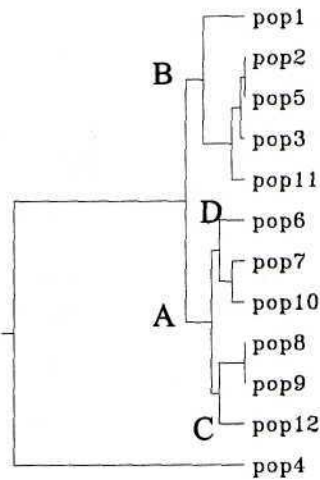


**Gambar 1.** Pola pita-pita RAPD pada 58 sampel cendana dengan primer OPA-16

Keterangan: Nomor sampel seperti pada Tabel 3



Gambar 2. Dendrogram 58 sampel *Santalum album* L.



Gambar 3. Phylogram pengelompokan 12 populasi cendana.

merupakan fragmen yang polimorfik.

Hal ini menunjukkan marka RAPD yang digunakan memiliki tingkat polimorfisme yang tinggi. Hal ini sesuai dengan hasil seleksi primer sebelumnya (Poerba, 2005), dimana kedua primer ini merupakan primer yang menghasilkan pola pita yang polimorfik untuk cendana.

Data RAPD digunakan untuk membuat 'pair-wise comparison' antar sampel berdasarkan produk amplifikasi DNA. Nilai ketidaksamaan genetik untuk ke-58 sampel berkisar dari 0.06 - 0.91, dengan yang tertinggi (0.91) terdapat antara sampel 24 dan 48 dan terendah 0.06 antara sampel 2 dan 4, antara sampel 3 dan 4, sampel 23 dan 25, serta antara sampel 47 dan 51. Nilai ini hampir sama dengan nilai ketidaksamaan genetik pada populasi cendana di India, yaitu 0.15-0.91 (Shashidhara *et al*, 2003). Analisis kluster kesamaan genetik pada 58 sampel *S. album* menunjukkan pemisahan sampel kedalam beberapa kluster yang sebagian mengelompok berdasarkan populasinya dan sebagian lainnya mengelompok secara acak (Gambar 2). Dengan demikian, cendana yang berasal dari Timor Timur ini juga mempunyai keragaman genetik yang cukup luas. Hal yang sama juga dilaporkan Fox *et al*. (1994) dengan menggunakan isozyme. Hal yang menyebabkan tingginya angka ketidaksamaan genetik dapat disebabkan karena beberapa hal. Pendugaan pertama adalah lokus polimorfik yang digunakan dalam analisis ini sudah dipilih yang memiliki polimorfisme yang tinggi.

Selain itu, telah terjadi rekombinasi random dalam sampel akibat terjadinya outcrossing - yang memang sangat umum terjadi pada jenis-jenis tumbuhan berbunga menyerbuk silang - sehingga menyebabkan tingginya keragaman antar individu. Hal yang sama juga terdapat pada tumbuhan tropis yang memperlihatkan keragaman genetik yang tinggi, dan kebanyakan terjadi dalam populasi (Islam *et al*, 2005; Pithere/*a/.*, 2003; Tellese/*a/.*, 2003), khususnya dalam cendana (Shashidhara *et al*, 2003; Rimbawanto *et al.*, 2006).

Fenomena yang menarik dari hasil analisis kluster ini adalah mengelompoknya pohon induk 1,2, 3,4,5 dan 6 dan terpencarnya turunan mereka. Hal ini mengindikasikan bahwa pohon induk tersebut memiliki

kesamaan properti genetika dan berevolusi dari sumber genetika yang sama. Namun, turunan mereka mengalami rekombinasi, sehingga properti genetiknya menjadi berbeda dengan induknya. Keragaman genetika yang terjadi dalam populasi ini mengindikasikan bahwa terjadinya penyerbukan silang pada tanaman cendana, hal yang sama seperti terjadi pada kelapa (Hayati *et al*, 2001).

Hasil penelitian mengenai pendugaan keragaman genetika ini dapat diterapkan untuk tujuan konservasi dan pembudidayaan cendana. Untuk tujuan konservasi *ex situ* ada dua tahap yang dilakukan yaitu pemilihan *provenance* (sumber/asal) dan pemilihan individu.

Pemilihan *provenance* dilakukan dengan mengacu nilai ketidaksamaan genetik dan juga keragaman haplotip setiap populasi. Dalam area konservasi *ex situ*, *provenance* yang akan dipilih untuk ditanam dalam suatu lokasi sebaiknya merupakan kombinasi *provenance* yang memiliki kisaran nilai ketidaksamaan genetik yang cukup luas, sehingga keturunan yang dihasilkan nantinya merupakan hasil random mating yang diharapkan memiliki variasi genetika yang lebih luas dari induknya. Setelah itu, baru ditentukan individu mana yang akan dipilih untuk ditanam dari hasil seleksi *provenance*. Pemilihan individu dapat dilakukan dengan mengacu hasil analisis kluster kesamaan genetik dan mempertimbangkan keragaman pola pita DNA populasi dimana individu tersebut berasal.

Dari hasil penelitian ini menunjukkan bahwa perlu dilakukan penelitian lanjutan untuk memperoleh gambaran yang lebih menyeluruh mengenai kondisi keragaman genetika cendana di berbagai populasi yang ada di Timor Timur dengan menggunakan lebih banyak primer RAPD dan/atau dengan menggunakan marka molekuler selain RAPD untuk mendeteksi keragaman genetika.

## KESIMPULAN

Keragaman genetik 58 koleksi *Santalum album* dapat dideteksi dengan menggunakan marka RAPD. Dari 2 primer RAPD (OPA-16 dan OPB-12) diperoleh 38 pita DNA, 34 (97.06%) diantaranya semuanya merupakan pita polimorfik. Dendrogram hasil analisis



kluster menunjukkan terdapat beberapa kluster yang mengelompok berdasarkan populasinya dan secara acak. Turunan dari 6 pohon induk (1-6) memiliki profil RAPD yang berbeda dengan induk mereka. Ketidaksamaan genetika tertinggi tercatat antara populasi Tatan dengan Tialai (0.63), sedangkan ketidaksamaan genetika terendah (0.30) tercatat antara populasi Tatan dan Alas. Upaya konservasi, pembudidayaan dan pemuliaan cendana hendaknya didasarkan atas kondisi properti genetika setiap populasi dan individu dalam setiap populasi.

#### UCAPAN TERIMA KASIH

Penelitian ini terselenggara atas bantuan dana dari Pengembangan Bank DNA Hidupan Liar dan APBD Kupang. Terimakasih yang tulus kami ucapkan kepada Sdr. Agustina, Engkom Komarudin dan Budiarto yang telah membantu penelitian ini baik di laboratorium maupun di lapangan.

#### DAFTAR PUSTAKA

- Delaporta, SL, Wood J and Hicks JB. 1983.** A plant DNA minipreparation. Version II. *Plant Molecular Biology Reporter* 4, 19-21.
- Dunn G and Everitt BS. 1982.** *An Introduction to Mathematical Taxonomy*. Cambridge University Press, Cambridge.
- Fox JED, Brand JE, Barret DR and Effendi M. 1994.** Genetic variation in *Santalum album* in Timor. *Proceedings of a Regional Workshop for Pacific Island Countries*, 93-110. Gjerum L, JED Fox and Y Ehrhart (Editors) CIRAD, ACIAR & FAO
- Hayati PKD, Hartana, A, Suharsono dan Aswidinnoor H. 2001.** Keanekaragaman genetik kelapa 'Genjah Jombang' berdasarkan Random Amplified Polymorphic DNA. *Hayati* 7, 35-40.
- Islam MA, Kloppstech K and Esch E. 2005.** Population genetic diversity of *Curcuma zedoaria* (Christm.) Roscoe - a conservation prioritized medicinal plant in Bangladesh. *Conservation Genetics* 6, 1027-1033.
- Mogea, JP, Gandawidjaja D, Wiriadinata H, Nasution RE dan Irawati. 2001.** *Tumbuhan Langka Indonesia*. Pusat Penelitian dan Pengemnagan Biologi
- Nei M. 1978.** Estimation of average heterozygosity and genetic distance from a small numbers of individuals. *Genetics* 89, 583-590.
- Page RDM. 1996.** TREEVIEW: An application to display phylogenetic trees on personal computers. *Computer Applications in the Biosciences* 12, 357-358
- Parjanto SM, Artama WT dan Purwantoro A. 2006.** Identifikasi penanda RAPD untuk penentuan jenis kelamin salak (*Salacca zalacca* Gart. Voss). *Berkala Ilmiah Biologi* 5, 57-63.
- Pither R, Shore JS and Kellman M. 2003.** Genetic diversity of the tropical tree *Terminalia amazonia* (Combretaceae) in naturally fragmented populations. *Heredity* 91, 3017-313.
- Poerba YS. 2003.** Penampilan karakter agronomi dan analisis Random Amplified Polymorphic DNA (RAPD) genotipe mutan *Sonchus arvensis* L. *Buku Kumpulan Abstrak Seminar Nasional X Persada*, Jakarta 4 Juli 2003, 124. Persada Cabang Bogor dan Badan Pengurus Pusat Persada.
- Poerba, YS. 2005.** Studi keragaman genetic *Santalum album* (L.) berdasarkan marka Random Amplified Polymorphic DNA. *Laporan Teknik Pusat Penelitian Biologi LIPI2005*, 695-701.
- Rahayu S, Wawo AH, van Noordirjk M dan Hairiah K. 2002.** *Cendana: Deregulasi dan Strategi Pengembangannya*, 60. World Agroforestry Center, ICRAF, Bogor.
- Rath P, Rajaseger G, Goh CG and Kumar P. 1998.** Phylogenetic analysis of Dipterocarps using Random Amplified Polymorphic DNA markers. *Annals of Botany* 82, 61-65.
- Rimbawanto A, Widyamoko AYPBC, dan Sulistyowati P. 2006.** Distribusi keragaman genetika populasi *Santalum album* berdasarkan penanda RAPD. *Jurnal Penelitian Hutan Tanaman* 3, 175-181.
- Rohlf FJ. 1993. *NTSYS-pc Numerical Taxonomy and Multivariate Analysis*. Version 1.80. Applied Biostatistics Inc.
- Shashidhara G, Hem a MV, Koshy B and Farooqi AA. 2003.** Assessment of genetic diversity and identification of core collection in sandalwood germplasm using RAPDs. *Journal of Horticultural Science & Biotechnology* 78, 528-536.
- Siregar UJ, Sudarmonowati E and Hartati NS. 1998.** Development of RAPD protocol for *Shorea laevis*. *Annales Bogorienses* 5, 85-92.
- Soekotjo. 2001.** Konservasi *ex-situ* cendana (*Santalum album* L.): Aplikasi dan tantangannya. *Berita Biologi Edisi Khusus Masalah Cendana NTT* 5, 515-519.
- Telles MPC, Coelho ASG, Chaves LJ, Diniz-Filho JAF and D'Ayala Valva F. 2003.** Genetic diversity and population structure of *Eugenia dysenterica* DC. (cagaiteira - Myrtaceae) in Central Brazil: spatial analysis and implications for conservation and management. *Conservation Genetics* 4, 685-695.
- Tingey SV, Rafalski JA and Hanafey MK. 1994.** Genetic analysis with RAPD markers. Dalam: *Plant Molecular Biology*. C. Coruzzi and P. Puidormenech (Eds.), 491-498.
- Widjaja EA dan Poerba YS. 2004.** Pengumpulan data plasma nutfah dan genetika. Dalam: *Pedoman Pengumpulan Data Keanekaragaman Flora*. Rugayah, Widjaya EA dan Praptiwi (Editor), 113-140. Pusat Penelitian Biologi -LIPI.

**Williams JG, Kubelik AR, Livak KJ, Rafalsky JA and Tingev SV. 1990.** DNA polymorphism amplified by arbitrary primers are useful as genetic markers. *Nucleic Acid Research* 18,6531-6535.

**Wiriadinata, H. 2001.** Tumbuhan. Dalam: Jenis-jenis Hayati yang Dilindungi Perundang-undangan Indonesia. Noerdjito, M. and I. Maryanto (Eds). 221. Balitbang Zoologi (Museum

Zoologicum Bogoriense) Puslitbang Biologi-LIPI & The Nature Conservancy.

**Yeh FC, Yang RC and Boyle T. 1999.** Popgene Version 1.31. Microsoft Windows-based freeware for population genetic analysis. Available at: <http://www.ualberta.ca/~fyeh/download.htm>.