

INTISARI

Cendana (*Santalum album* L.) sebagai spesies bernilai ekonomi tinggi mengalami penurunan populasi drastis (>93%) di Indonesia akibat eksploitasi berlebihan dan fragmentasi habitat. Status rentan (*vulnerable*) menurut IUCN dan hilangnya peran Indonesia dalam perdagangan internasional sejak 2006 mendorong perlunya pendekatan konservasi berbasis ilmiah, yaitu strategi konservasi yang didasarkan pada data dan analisis genetik populasi untuk memastikan kelestariannya. Studi ini mengkaji status genetika dan reproduksi cendana melalui pendekatan genetika populasi terintegrasi yang mencakup aspek metodologi molekuler, keragaman genetik, sistem perkawinan, dan fertilitas populasi.

Penelitian dilakukan pada tujuh populasi cendana di Indonesia, meliputi enam populasi di Nusa Tenggara Timur (Ende/ED, Sumba/SB, Timor Tengah Utara/TU, Timor Tengah Selatan/TS, Fatukoa/FT, Areal Produksi Benih/APB) dan satu populasi introduksi di Gunungkidul (GK). Sebanyak 202 individu sampel yang dianalisis dengan delapan penanda mikrosatelit yang berhasil divalidasi melalui teknik amplifikasi lintas-spesies dari *Osyris lanceolata*. Penanda menunjukkan kualitas tinggi dan meyakinkan untuk analisis genetik populasi dengan nilai *Polymorphic Information Content* (PIC) 0,182-0,374.

Hasil penelitian mengungkapkan keragaman genetik sedang (moderat) pada populasi cendana di Indonesia ($H_o=0,303$), nilai ini jauh lebih tinggi dibanding populasi India ($H_o=0,180$) dan Australia ($H_o=0,047$). Populasi Pulau Flores yang diwakili populasi Ende menunjukkan keragaman tertinggi ($N_a=5,0$; $H_o=0,517$), sementara Gunungkidul terendah ($N_a=2,6$; $H_o=0,188$). Struktur genetik membentuk empat klaster geografis dengan 88% variasi genetik berasal dari dalam populasi berdasarkan analisis AMOVA. Struktur genetik dibentuk oleh kolonisasi historis dan introduksi antropogenik, berdasarkan analisis ABC.

Analisis sistem perkawinan di APB mengungkapkan sistem reproduksi yang didominasi perkawinan silang dengan tingkat *outcrossing* multilokus (t_m) 0,981 dan *outcrossing* lokus tunggal (t_s) 0,957. Pola persebaran serbuk sari tanpa arah tertentu dengan jarak efektif rata-rata 43,38 m, dengan rincian bahwa 82,88% penyerbukan terjadi dalam radius <70 meter. Namun, terdeteksi ketidakseimbangan kontribusi reproduksi yang signifikan, yakni 25% tetua jantan menghasilkan lebih dari 50% anakan.

Tantangan utama teridentifikasi pada keragaman fertilitas di APB, ditandai oleh hanya 22,01% pohon yang fertil dengan delapan pohon (14,04% dari total) mendominasi 50,88% produksi bunga dan 60,89% produksi buah. Koefisien *sibling* (Ψ) sebesar 2,98 mengindikasikan ketidakseimbangan kontribusi genetika yang tinggi. Ukuran populasi efektif (N_{eps}) yang terbatas sebesar 19,15 (33,6% total pohon) berpotensi memicu *genetic drift*, dengan keragaman genetik berdasarkan fertilitas saat ini sebesar 0,97.

Temuan ini merekomendasikan strategi pengelolaan terpadu meliputi konservasi *in-situ* populasi kaya genetik dan *ex-situ* sebagai jaring pengaman, pengayaan genetik populasi terdegradasi, optimalisasi tata letak APB, penerapan teknik silvikultur, serta pembuatan *border* untuk menjamin kelestarian dan adaptabilitas cendana Indonesia.

Kata kunci: Cendana, genetika populasi, mikrosatelit, keragaman genetik, sistem perkawinan, fertilitas, populasi efektif, strategi pengelolaan.

ABSTRACT

Santalum album L. (sandalwood), an economically valuable species, has experienced a drastic population decline (>93%) in Indonesia due to overexploitation and habitat fragmentation. Its vulnerable status on the IUCN Red List and the loss of Indonesia's role in international trade since 2006 highlight the need for implement a science-based conservation approach. This research examines at the genetic and reproductive status of sandalwood by using a combined approach that includes molecular methods, genetic diversity, mating system, and fertility.

The study was conducted across seven sandalwood populations in Indonesia, comprising six populations in East Nusa Tenggara (Ende/ED, Sumba/SB, North Central Timor/TU, South Central Timor/TS, Fatukoa/FT, and a Seed Production Area/APB) and an introduced population in Gunungkidul (GK). A total of 202 individual samples were analyzed using eight microsatellite markers that were successfully cross-amplified from the related species, *Osyris lanceolata*. The markers demonstrated sufficient quality for population genetic analysis, with Polymorphic Information Content (PIC) values ranging from 0.182 to 0.374.

Results revealed moderate genetic diversity in the natural populations of East Nusa Tenggara (mean observed heterozygosity, $H_o=0.303$), significantly higher than populations in India ($H_o=0.180$) and Australia ($H_o=0.047$). The Ende population displayed the highest diversity ($N_a=5.0$; $H_o=0.517$), while Gunungkidul recorded the lowest ($N_a=2.6$; $H_o=0.188$). Genetic structure analysis identified four main geographic clusters, with AMOVA indicating that 88% of genetic variation originated from within populations. Genetic structure was shaped by historical colonization and anthropogenic introductions, based on ABC analysis.

Analysis of the mating system in the Seed Production Area (SPA) revealed a predominantly outcrossing system (multilocus *outcrossing rate*, $t_m=0.981$; single locus *outcrossing rate*, $t_s=0.957$). The pollen dispersal pattern was random, with an average effective distance of 43.38 meters, and 82.88% of fertilizations occurred within a radius of <70 meters. However, a significant imbalance in reproductive contribution was detected, with 25% of male parents siring over 50% of the offspring.

A major challenge was identified: extreme variation in fertility within the SPA, where only 22.01% of trees were fertile, and just eight trees (14.04% of the total) dominated 50.88% of flower production and 60.89% of fruit production. The sibling coefficient ($\Psi=2.98$) indicated a high imbalance in genetic contribution. The limited effective population size ($N_{eps}=19.15$, 33.6% of the total trees) potentially triggers *genetic drift*, despite the current high genetic diversity (0.97).

These results suggest a comprehensive management approach encompassing: (1) *in-situ* conservation of genetically diverse populations; (2) *ex-situ* conservation as a genetic safety net; genetic enhancement of degraded populations, optimization of the spatial configuration of SPAs, implementation of silvicultural practices, and the creation of buffer zones to guarantee the long-term sustainability and adaptability of Indonesian sandalwood.

Keywords: Sandalwood, population genetics, microsatellites, genetic diversity, mating system, fertility, effective population size, management strategies