

Identifikasi molekuler dan analisis mikrobiota kulit terkultur = Molecular identification and analysis of cultured skin microbiome

Aulia Elfa Rosdina, author

Deskripsi Lengkap: <https://lib.ui.ac.id/detail?id=20493101&lokasi=lokal>

Abstrak

Kulit adalah bagian terluar dari tubuh yang langsung terpapar ke lingkungan kulit memiliki keanekaragaman bakteri komensal dan patogen yang berkontribusi pada kesehatan manusia. Menentukan dan mengidentifikasi mikroba di kulit menarik untuk penerapannya sumber potensial zat aktif untuk pengembangan kosmetik farmasi atau Aspek kesehatan kulit karena beberapa mikrobiom kulit diindikasikan sebagai probiotik. Akibatnya, penelitian ini dilakukan untuk menentukan populasi microbiome kulit menggunakan pendekatan metode konvensional diikuti oleh PCR-sanger sequencing. Bakteri kulit Sampel diperoleh dari empat relawan pria dan wanita dengan kulit sehat kondisi dalam rentang usia 17-25 tahun di Depok, Jawa Barat, Indonesia. Penyeka kulit itu dikultur pada agar darah. Koloni bakteri dengan kelimpahan relatif tinggi dan unik diidentifikasi dengan morfologi, mikroskopis, dan sequencing 16S rRNA menggunakan sanger pengurutan. Mikrobiota kulit diidentifikasi milik Firmicutes (75%) seperti Staphylococcus (40%) dan Bacillus (35%) kemudian Actinobacteria seperti Coynebacterium (5%), Micrococcus (15%), dan Kocuria (5%). Dari spesies yang terdeteksi, ada spesies sebagai probiotik termasuk Staphylococcus hominis, Staphylococcus warneri, Bacillus subtilis, Bacillus megaterium, Bacillus thuringiensis, dan Micrococcus luteus. Namun, dari spesies yang terdeteksi adalah bakteri patogen dan patogen serta patogen oportunistik menunjukkan bahwa kulit dapat sebagai reservoir dari bakteri patogen dan patogen oportunistik tersebut berasal dari lingkungan. Pendekatan metode konvensional diikuti oleh penguasaan 16S rRNA dengan sanger sequencing dapat menjadi metode yang efektif dan efisien untuk mendapatkan kulit identitas mikrobiota.

<hr>

The skin is the outermost part of the body which is directly exposed to the environment the skin has a diversity of commensal bacteria and pathogens that contribute to human health. Determining and identifying microbes in the skin is interesting for its application as a potential source of active substances for the development of pharmaceutical cosmetics or skin health aspects because some skin microbiomes are indicated as probiotics. As a result, this study was conducted to determine the skin microbiome population using a conventional method approach followed by PCR-sanger sequencing. Skin bacteria Samples were obtained from four male and female volunteers with healthy skin conditions in the age range of 17-25 years in Depok, West Java, Indonesia. Skin swabs were cultured on blood agar. Colonies of bacteria with relatively high abundance and were uniquely identified by morphology, microscopic, and 16S rRNA sequencing using sanger sorting. Skin microbiota was identified as belonging to Firmicutes (75%) Staphylococcus (40%) and Bacillus (35%) then Actinobacteria such as Coynebacterium (5%), Micrococcus (15%), and Kocuria (5%). Of the species detected, there were species as probiotics including Staphylococcus hominis, Staphylococcus warneri, Bacillus subtilis, Bacillus megaterium, Bacillus thuringiensis, and Micrococcus luteus. However, the species detected were pathogenic and pathogenic as well as opportunistic pathogens which showed that the skin could be a reservoir of pathogenic bacteria and

pathogenic pathogens originating from the environment. The conventional method approach followed by mastery of 16S rRNA with sanger sequencing can be an effective and efficient method for obtaining skin microbiota identity.