

## Analisis Mikrobiom pada Kulit Wajah Sensitif dan Resisten dengan Menggunakan 16S rRNA = Microbiome Analysis Of Sensitive And Resistant Facial Skin Using 16S RRNA

M Wildan Abiyyi, author

Deskripsi Lengkap: <https://lib.ui.ac.id/detail?id=9999920528657&lokasi=lokal>

---

### Abstrak

Kulit sensitif merupakan salah satu tipe kulit yang dapat didiagnosis secara subjektif melalui Indikator tipe kulit Baumann (BSTS). Orang dengan tipe kulit sensitif memiliki potensi yang tinggi untuk dapat mengalami gangguan kulit yang mempengaruhi kualitas hidupnya. Meskipun Mikrobioma kulit telah terbukti memiliki korelasi terhadap beberapa penyakit dan kelainan kulit, namun hubungannya dengan tipe kulit sensitif belum banyak dilaporkan. Sehingga, pada penelitian ini bertujuan untuk Melakukan analisis metagenomik pada kulit wajah dan korelasinya dengan kondisi kulit sensitif dengan metode 16S rRNA. Sampel pulasan kulit wajah diambil dari 144 responden yang terdiri dari 54 orang dengan tipe kulit sensitif dan 90 orang dengan tipe kulit normal. Dari 144 sampel yang dikumpulkan kemudian dilakukan analisis metagenomik berdasarkan hasil sekuensing amplicon 16S rRNA. Didapatkan hasil bahwa analisis diversitas alfa menggunakan indeks Chao1 dan Shanon menunjukkan kelimpahan Mikrobioma lebih rendah secara signifikan ( $P$ -value = 0,04008) pada kelompok dengan tipe kulit sensitif. Analisis korelasi dengan Uji Spearman menunjukkan bahwa terdapat korelasi kelimpahan Mikrobioma kulit wajah dengan kondisi tipe kulit sensitif dimana kelimpahan Mikrobioma dengan genus *Corynebacterium* lebih rendah secara signifikan pada kelompok dengan tipe kulit sensitif ( $P$ -value = 0,04462) yang diiringi dengan kelimpahan genus *Staphylococcus* ( $P$ -value = 0,01235) dan *Streptococcus* ( $P$ -value = 0,02184) yang lebih tinggi secara signifikan pada kelompok ini. Pada tingkat spesies, bakteri *Propionibacterium humerusii* memiliki kelimpahan yang lebih tinggi secara signifikan pada kelompok dengan tipe kulit sensitif ( $P$ -value = 0,04967). Dengan demikian, kelimpahan Mikrobioma kulit memiliki korelasi dengan kondisi tipe kulit sensitif khususnya pada kasus yang ditemukan di Indonesia. Hal ini dapat dijadikan Pustaka dalam pengembangan produk perawatan kulit yang spesifik untuk kondisi kulit sensitif. Namun adanya analisis lebih lanjut yang dapat mengetahui kelimpahan dan keragaman Mikrobioma hingga ke tingkat spesies akan lebih membantu dalam perkembangan penelitian ini.

.....People with sensitive skin types have a high potential to have skin disorders that affect their quality of life. Although the skin microbiome has been shown to have a correlation with several skin diseases and disorders, but its relationship with sensitive skin type has not been widely reported. Thus, this study aims to perform metagenomics analysis on facial skin and its correlation with sensitive skin conditions. Samples of facial skin swab were taken from 144 respondents consisting of 54 people with sensitive skin types and 90 people with normal skin types. The 144 samples collected were then subjected to metagenomics analysis based on the sequencing results of the 16S rRNA amplicon technique. The results showed that alpha diversity analysis using the Chao1 and Simpson Index showed significantly lower microbiota abundance in the group with sensitive skin types ( $P$ -value = 0,04008).. Correlation analysis with the Spearman test showed that there was a correlation between the abundance of facial skin microbiota and conditions of sensitive skin types where the abundance of microbiota with the genus *Corynebacterium* was significantly lower in the group with sensitive skin types ( $P$ -value = 0,04462), accompanied by the abundance of the

genera *Staphylococcus* (P-value = 0,01235) and *Streptococcus* (P-value = 0,02184) which were significantly higher in this group. At the species level, *Propionibacterium humerusii* had a significantly higher abundance in the group with sensitive skin types (P-value = 0,04967). Thus, the abundance of skin microbiota has a correlation with the condition of sensitive skin types, especially in cases found in Indonesia. This can be used as a library in the development of specific skin care products for sensitive skin conditions. However, further analysis that can determine the abundance and diversity of microbiota down to the species level will be more helpful in the development of this research.