

혈액배양에서 분리되는 호기성 그람양성세균의 BBL Crystal GP ID System을 이용한 동정 결과

어 영, 황규열, 장인호, 이현교, 정안숙, 박순덕, 손정석, 윤갑준

연세대학교 원주의과대학 임상병리학과교실

Identification Results of Aerobic Gram-positive Bacteria Isolated from Blood Cultures Using BBL Crystal GP ID System

Young Uh, Gyu Yel Hwang, In Ho Jang, Hyeun Gyeo Lee,
An Suk Jeoung, Soon Deok Park, Jeong Seog Son, and Kap Jun Yoon

Department of Clinical Pathology, Yonsei University Wonju College of Medicine, Wonju, Korea

Background : Although most of aerobic gram-positive bacilli have been considered to be contaminants, gram-positive bacilli should be identified to the species level if they are isolated from sterile body sites such as blood, and from adequately collected clinical specimens if they are the predominant organisms. However, identification of gram-positive bacilli are difficult due to the enormous diversity of these organisms and the small number of readily available commercial identification systems in clinical laboratories. Gram-positive bacilli and coccocorods isolated from blood cultures were tested with BBL Crystal Gram-Positive (GP) Identification (ID) system in order to evaluate the system's usefulness of identifying these bacteria.

Methods : Thirty-seven stock strains of aerobic gram-positive bacteria isolated from blood cultures between October 1998 and November 1999 at Wonju Christian Hospital were simultaneously tested by BBL Crystal GP ID system and API system. Three kinds of API system (API Coryne, API 50 CHB, and API 20 Strep) were tested according to gram stain results. Gram-positive bacilli or gram-positive coccocorods consecutively isolated from blood cultures from May to November in 2000 were identified by BBL Crystal GP ID system.

Results : Among the 37 stock strains of aerobic gram-positive bacteria, agreement rate of identification between Crystal GP ID system and API system were 88% to the genus level and 63% to the species level in *Bacillus* species, and 90% to the genus level in *Corynebacterium* species. The isolation rate of gram-positive bacteria from blood cultures from May to November in 2000 to the genus level were: *Bacillus*; 41.9%(18/43), *Corynebacterium*; 37.2%(16/43), and the other gram-positive coccocorods; 20.9%(9/43).

Conclusions : Crystal GP ID system is a useful identification system which, when combined with basic microbiological tests, should lead to satisfactory identification results for gram-positive bacteria isolated from blood cultures. (Korean J Clin Microbiol 2001;4:22-27)

Key Words: Gram-positive bacilli, Gram-positive coccocorod, Identification, Crystal GP ID System

접수번호 : CM 4-1-3

교신저자 : 어 영

(220-701) 강원도 원주시 일산동 162

원주기독병원 임상병리과

Tel : (033)741-1593 Fax : (033)731-0506

E-mail : u931018@wonju.yonsei.ac.kr

서론

호기성 그람양성 간균은 임상검체에서 흔히 분리되지만 토양, 수중 및 사람과 동물의 피부나 점막의 상재

균이므로 사람에서 분리될 경우 몇가지 균종을 제외한다면 대부분을 오염균으로 해석하여 왔다. 그러나, 상재균에 의한 오염 가능성이 적은 혈액 또는 뇌척수액에서 그람양성 간균이 반복적으로 분리될 때는 감염균의 가능성을 생각해야 하며, 호기성 그람양성 간균 중 *Bacillus anthracis*, *Bacillus cereus*, *Corynebacterium diphtheriae*, *Erysipelothrix rhusiopathiae*, *Listeria monocytogenes*, *Nocardia asteroides* 등은 심각한 감염병을 유발하는 병원성이 강한 균종이므로 세균 검사실에서는 이들 균종을 분리하고 동정할 수 있어야 한다[1]. 그러나, 호기성 그람양성 간균은 균속이 매우 다양하며 같은 균속에서도 균종별 생화학 성상이 유사하므로 감별 동정이 어렵다[1-4]. 또한 연쇄구균과 *Leuconostoc*은 한천평판의 집락을 염색 표본을 만들면 구간균으로 보일 수 있으며, 일부 catalase 음성 그람양성구균은 그람염색상이 다양하여 coryneform 형태를 보일 수 있기 때문에 그람양성 간균으로 오인될 가능성이 있고, 반대로 *Rhodococcus*와 같은 그람양성간균은 그람염색에서 그람양성구균으로 보일 수 있다[1,5].

최근에 Becton Dickinson 회사에서는 호기성 그람양성 구균과 간균에 대한 동정 database를 모두 포함한 Crystal Gram Positive (GP) Identification (ID) system을 상용화하여 국내에서도 접할 수 있게 되었다. 이에 저자들은 호기성 혈액배양에서 분리된 그람양성 구간균과 간균을 대상으로 Crystal GP ID system의 임상적 유용성을 평가하였다.

재료 및 방법

1. 대상

1998년 10월부터 1999년 11월 사이에 원주기독병원의 호기성 혈액배양에서 분리되어 -70℃에 보관하였던 그람양성 구간균과 구간균 중에서 계대배양에서 증식이 가능하였던 37균주를 대상으로 BBL Crystal GP ID system (Becton Dickinson Microbiology Systems, Cockeysville, MD., USA)을 이용하여 동정하였고, 동시에 대상 균주의 그람 염색과 집락 형태에 따라 8균주는 API 50 CHB system (bioMérieux sa, Marcy-l'Etoile, France)으로, 9균주는 API Coryne (bioMérieux)로, 20균주는 API 20 Strep (bioMérieux)으로 각각 동정하였다. 또한 2000년 5월부터 11월까지 혈액에서 분리되는 그람양성 간균 또는 구간균을 대상으로 BBL Crystal ID GP system을 이용하여 동정하였다.

2. 동정 방법

BBL Crystal GP system은 BBL Crystal 전용 액체배지

에 균 집락을 풀은 후 CrystalSpec (BBL) 탁도계로 0.5 탁도로 맞춘 균액을 kit 용액조의 주입구에 부은 다음 용액조를 기울여 균액이 동정 시험용 구멍에 모두 채워지게 한 뒤 뚜껑을 닫고 약 1분이 지난 다음 kit를 거꾸로 하고 35℃에서 하룻밤(18-24시간) 배양하였다. 결과 판독은 BBL Crystal GP kit를 BBL Crystal panel viewer에 놓고 9가지의 형광 발색 시험을 음성과 양성 of 형광 대조와 비교하여 판독하고 20개의 생화학 시험은 동정 색상표(color chart)에 따라 판독하여 얻은 profile number를 동정 프로그램(BBL Crystal ID session; Crystal Electronic Codebook)의 ID란에 입력한 후 그람양성 구균, 그람양성 간균, 구분없음의 3가지 조건 설정에 따라서 각각의 biotype validity와 confidence를 기록하였다. BBL Crystal의 동정결과는 세 가지 설정에서 2개이상에서 동일한 균종이면 해당 균종명을 최종 동정명으로 결정하였고, 세 가지 설정에서 2개이상에서 서로 다른 균종 결과를 보일 때에는 염색 및 집락 특성이 *Bacillus* 가능성이 높으면 그람양성간균의 동정명을 최종 동정명으로 정하였다.

API 20 Strep은 제조회사의 권장방법대로 시행하였다. API Coryne는 API Coryne kit set에 들어 있는 3 mL의 부유액에 균을 풀어 6이상의 MacFarland 탁도로 맞춘 후 효소 시험용 11개의 microtube에는 균액을 직접 접종하였고, 당분해 시험용 microtube에는 균액 0.5 mL를 2 mL의 GP medium에 첨가하여 잘 섞은 균액을 접종하였다. 균 접종량과 oil 첨가는 제조회사의 지시대로 하였고, 결과 판독은 35℃에서 24시간 배양 후 제조회사의 지시대로 반응 시약을 첨가한 다음 API 동정 프로그램을 이용하였다. API 50 CH kit는 10 mL의 증류수를 kit 바닥의 홈이 차도록 넣고, 집락을 1 mL의 멸균 식염수에 진하게 풀은 다음 이 균액을 5 mL의 식염수에 멸균 혈청분리관으로 MacFarland 탁도가 2가 될 때까지 점적하고 이때 들어간 점적 균액 방울 수의 2배를 API 50 CHB 배지에 넣은 후 API 50 CH kit의 50개의 microtube에 접종하였다. API 20 E (bioMérieux)에는 MacFarland 2 탁도로 맞춘 균액을 접종하여 35℃에서 하룻밤 배양한 후 판독하였고, API 50 CHB kit는 35℃에서 48시간 배양하면서 24시간과 48시간에 판독하였고 반응 결과가 뚜렷한 경우를 최종 동정 코드로 정하였다.

결 과

1999년에 분리된 37균주의 그람양성 간균 또는 구간균의 Crystal GP ID system과 API 동정법의 일치율은 *Bacillus*의 경우 균속 및 균종 수준에서 88% 및 63%였고, *Corynebacterium*은 균속 수준에서 90%가 일치하였으나 균종까지 일치하는 경우는 1균주 뿐이었다(Table 1).

Table 1. Comparison of identification results between API systems and Crystal GP system among 37 aerobic gram-positive bacilli and coccorods isolated from blood cultures

Crystal GP system	API systems																
	<i>Bacillus</i>						<i>Corynebacterium</i>				<i>Streptococcus</i>					Others	
	species						species				species						
	B	B	B	B	B	B	C	C	C	C	S	S	S	S	S	L	G
	C	L	M	S	T	S	D	A	A	O	T	M	O	S	V	C	H
E	I	G	U	T	P	S	F	U	P	C	T	R	A	I	R	A	
<i>Bacillus</i>																	
BCE	1																
BLI		1															
BSU			1	3	1												
<i>Corynebacterium</i>																	
CDS							1										
CGE						1		1	2								
CJK									2								
COB								1	1	1							
<i>Streptococcus</i>																	
SAN											1	1					
SIN												2					
STC											3						
SGG																1	
SGO														1			
SOR													1				
SPN												1					
SSA																1	
SSN												2	1				
STP																1	
Others																	
AUR												1					
AVI															1		
PPE												2					

Abbreviations: BCE, *Bacillus cereus*; BLI, *Bacillus licheniformis*; BMG, *Bacillus megaterium*; BSU, *Bacillus subtilis*; BTT, *Bacillus stearothermophilus*; BSP, *Bacillus sphaericus*; CDS, *Corynebacterium striatum*; CAF, *Corynebacterium afermentans*; CAU, *Corynebacterium auris*; COP, *Corynebacterium propinquum*; CGE, *Corynebacterium genitalium*; CJK, *Corynebacterium jeikeium*; COB, *Corynebacterium bovis*; STC, *Streptococcus constellatus*; SMT, *Streptococcus mitis*; SOR, *Streptococcus oralis*; SSA, *Streptococcus salivarius*; SVI, *viridans Streptococcus*; LCR, *Lactococcus lactis* subsp. *cremoris*; GHA, *Gemella haemolysans*; SAN, *Streptococcus anginosus*; SIN, *Streptococcus intermedius*; SGG, *Streptococcus sanguis* group; SGO, *Streptococcus gordonii*; SPN, *Streptococcus pneumoniae*; SSN, *Streptococcus sanguis*; STP, *Streptococcus parasanguis*; AUR, *Aerococcus urinae*; AVI, *Aerococcus viridans*; PPE, *Pediococcus pentosaceus*.

2000년 5월부터 11월까지 혈액에서 분리되는 그람양성 간균과 구균은 43명에서 분리되었고 균속별로는 *Bacillus* 균속이 18명으로서 *B. cereus* 5명, *B. circulans* 4명, *B. subtilis* 3명, *B. brevis* 3명, *B. megaterium* 2명, *B. licheniformis* 1명의 순으로 분리되었으며, *Corynebacterium* 균속은 16명으로 *C. aquaticum* 6명, *C. bovis* 3

명, *C. diphtheriae*가 2명에서 분리되었고 *C. jeikeium*, *C. pseudogenitalium*, *C. renale* group, *C. ulcerans*, *Corynebacterium spp.*가 각각 1명에서 분리되었으며, 이외의 그람양성 구균이 9명에서 분리되었다(Table 2).

Table 2. Isolation frequency of Gram-positive bacilli and gram-positive coccrods isolated from blood cultures (May to November in 2000)

Organism(s)	No. (%)
<i>Bacillus</i> species	
<i>Bacillus cereus</i>	5(11.6)
<i>Bacillus circulans</i>	4(9.3)
<i>Bacillus subtilis</i>	3(7.0)
<i>Bacillus brevis</i>	3(7.0)
<i>Bacillus megaterium</i>	2(4.7)
<i>Bacillus licheniformis</i>	1(2.3)
<i>Corynebacterium</i> species	
<i>Corynebacterium aquaticum</i>	6(14.0)
<i>Corynebacterium bovis</i>	3(7.0)
<i>Corynebacterium diphtheriae</i>	2(4.7)
<i>Corynebacterium jeikeium</i>	1(2.3)
<i>Corynebacterium pseudogenitalium</i>	1(2.3)
<i>Corynebacterium renale, group</i>	1(2.3)
<i>Corynebacterium ulcerans</i>	1(2.3)
<i>Corynebacterium</i> species, other	1(2.3)
Others	
<i>Globicatella sanguis</i>	1(2.3)
<i>Lactococcus lactis</i> subsp. <i>cremoris</i>	1(2.3)
<i>Micrococcus sedentarius</i>	2(4.7)
<i>Oerskovia</i> species	1(2.3)
<i>Stomatococcus mucilaginosus</i>	1(2.3)
<i>Streptococcus acidominimus</i>	1(2.3)
Gram-positive rod	2(4.7)
Total	43(100)

고 찰

호기성 그람양성 간균의 동정을 위해서는 전통적인 생화학 시험, 세균의 16S rRNA 일부 또는 전체 염기서열을 분석하는 분자유전학적 방법, 균체지질조성분석법 등이 이용된다[2-4]. 세균의 DNA 염기서열과 균체지질조성을 분석하는 방법은 특수 장비와 시약이 필요하므로 임상검사에서 통상적인 동정법으로 사용하기에는 부적합하므로 생화학 성상을 이용한 동정제품 또는 전통적인 방법을 이용하게 된다. Funke[5]는 그람 염색의 세포 형태와 집락 특성을 기초로 주황색소, catalase 시험, 산화 발효 시험, H₂S 시험, glucose 최종 산물과 산생성 유무, 혈액한천배지의 용혈성, 운동성 및 50℃ 성장 시험 등의 몇 가지를 조합하여 시험하면 호기성 그람양성 간균을 균속 수준까지 구분할 수 있다고 하였으나 이러한 예비 선별 동정법은 균속을 잘못 분류할 가능성이 있고 균종 수준까지 동정하려면 많은 수의 생화학 시험이 필요하다. 그람양성간균의

상품화된 동정법은 bioMérieux 회사의 API system처럼 그람 염색 소견에 따라서 *Bacillus* 유사 형태를 보이면 API 50 CHB를 시험하고, coryneform을 보이면 API Coryne를 시험하는 방법과 BBL Crystal GP system과 같이 하나의 kit로 그람양성 세균을 모두 동정할 수 있도록 고안된 제품이 있다. 본 연구에서 두 동정법의 호기성 그람양성 간균 및 구간균의 균속 수준의 동정 일치율은 높았으나 균종 수준에서는 *Bacillus*를 제외하곤 매우 낮았다. 이러한 차이는 두 방법간의 동정 database 및 동정 방식의 차이 때문으로서 예를 들면 BBL Crystal GP ID system에는 *C. afermentans*와 *C. auris*의 동정 database가 없다.

대부분의 임상검사는 호기성 조건에서 증식되고 아포가 없으며 그람 염색에서 불규칙적인 형태의 그람양성 간균 또는 구간균이 분리되면 임상 의사의 특별한 요구가 없는 한, "coryneform bacteria", "gram-positive rods", "diphtheroids" 또는 "*Corynebacterium* spp.,"로 보고하는 경우가 많다. 이처럼 coryneform 세균을 서술적으로 보고하는 이유는 상품화된 동정제품이 부정확하거나 제한된 균속만을 동정하기 때문에 추가 시험을 시행해야 하는 번거로움이 있고, 확진 동정을 위해서는 염기서열 분석이나 세포의 구성성분을 분석해야 하며, 대부분의 그람양성세균을 비병원성으로 인식하여 왔기 때문이다[2]. 그러나 최근 들어 면역기능저하환자에서의 침습적인 술식의 증가로 병원성이 약한 그람양성간균이 병원균으로 작용할 가능성이 높아지게 되었다. Coryneform bacteria의 대표적인 균속인 *Corynebacterium*은 1986년까지 17균종만이 있었으나 이후로 새로운 균종이 추가되어 현재는 46균종이 속해 있으며, 이 중 31 균종이 임상적 의의가 있다[4]. 그러므로 *Corynebacterium*이 무균체액에서 연속하여 분리되거나, 적절히 채취한 검체에서 우세균일 경우와 요배양에서 집락수가 >10⁵/mL이거나 우세균종이면서 집락수가 >10⁵일 때는 동정을 해야한다[4].

본 연구의 2000년 5월부터 11월까지 혈액배양에서 분리된 *Corynebacterium*은 *C. aquaticum*, *C. bovis*, *C. diphtheriae*, *C. jeikeium*, *C. pseudogenitalium*, *C. renale* group, *C. ulcerans*, *Corynebacterium* spp.로서 *C. bovis*와 *C. renale* group을 제외하곤 모두 임상적 관련성이 있는 균종이었다. *C. aquaticum*는 뇌막염, 균혈증, 요로감염증 등의 원인균으로서 임상검체에서 흔히 분리되는 *Corynebacterium*으로 알려져 있으나, Funke 등[6]은 *C. aquaticum*으로 동정된 11균주 중 7균주가 *Aureobacterium*임을 보고하였다. *C. aquaticum*는 *Aureobacterium*과 생화학 성상이 매우 유사하므로 두 균을 정확히 감별하려면 세포구성성분의 interpeptide bridge를 분석하여 *C. aquaticum*의 D-aminobutyric acid와 *Aureobacterium*의 glycine-D-ornithine을 확인하거나 16S rRNA의 염기서열을 분석해야 한다[6]. *C. aquaticum*는

세포벽의 peptidoglycan 구성 성분이 *Corynebacterium* 과는 다르므로 향후 새로운 균속으로 분류되어야 할 균종이다[2]. *Aureobacterium*도 패혈증을 일으킬 수 있다[7].

*C. diphtheriae*에 의한 디프테리아는 예방접종으로 거의 사라진 반면, 독소 비생성 *C. diphtheriae*에 의한 감염은 증가하고 있는 추세이다[2]. 독소 비생성 *C. diphtheriae*는 열악한 위생환경 거주자와 약물 남용자의 인두, 피부 등에서 분리되며 패혈증과 심내막염을 주로 일으키고 드물게 화농성 관절염, 골수염, 뇌농양의 원인으로 보고되고 있다[2]. 독소 비생성 *C. diphtheriae*에 의한 감염이 증가하고 있는 이유로는 검사실에서 호흡기 이외의 검체에서도 *C. diphtheriae*를 분리하는 경우가 증가하였고, 정확하고 간편한 독소 검출 시험이 가능해졌으며, 독소 생성 균주에 대한 선택적인 예방접종으로 인하여 독소 비생성 균주의 상대적인 증가 때문인 것으로 추측하고 있다[2]. *C. jeikeium*은 이전에 CDC group JK로 불리던 균종으로 *Corynebacterium* 중에서 가장 다양한 인체 감염을 일으키며 병원내 전파가 가능하고 다약제 내성을 보이는 특성을 갖고 있다[2]. *C. jeikeium*은 성장에 지질이 필요한 지질 친화성(lipophilic, lipid-requiring) *Corynebacterium*의 대표적인 균종이다[4]. *C. jeikeium*은 유전적으로 매우 다양한 균주의 집합체로서 DNA의 동질성에 따라 A, B, C, D의 4군으로 분류하며 A군은 *C. jeikeium*의 표준형이고, B군은 *C. genitalium* biotype II와 동일하다[2]. *C. pseudogenitalium*은 *C. jeikeium*과 생화학 성상이 매우 유사하기 때문에 API Coryne system 또는 전통적인 동정법에서 *C. jeikeium*로 동정되는 경우가 많으나[8], 16S rRNA의 염기 배열은 *C. afermentans*와의 일치율이 높다[9]. *C. ulcerans*는 *C. diphtheriae*와 계통발생학적으로 매우 가깝고 DNA 상동성이 높을 뿐만 아니라 디프테리아 독소를 생성하며, 세포벽의 지방산 구성 성분이 비슷하고 neuraminidase를 생성하지만 pyrazinamidase를 생성하지 못하는 공통적인 특성을 가지고 있으므로 *C. pseudotuberculosis*와 함께 *C. diphtheriae* group으로 분류된다[10]. *C. ulcerans*는 1995년에 새로운 균종으로 규명되었기에 임상적 의의에 대해서는 알려진 바가 적으나 독소 생성 균주는 디프테리아의 원인균이며, 독소 비생성 균주는 괴사성 육아종과 폐 결절을 일으킨다[2].

본 연구의 2000년 5월부터 11월까지 혈액배양에서 분리된 *Bacillus*는 *B. cereus*, *B. circulans*, *B. subtilis*, *B. brevis*, *B. megaterium*, *B. licheniformis*였다. *Bacillus* 균속에는 30개이상의 균종이 속해 있으며 rRNA 염기서열의 유사성이 높은 균종들을 묶어 *B. subtilis* group, *B. cereus* group, *B. sphaericus* group으로 분류하고 있다[3]. BBL GP ID system은 10여종의 *Bacillus* 균종에 대한 동정 database만이 포함되어 있기 때문에 *B. cereus*로 동

정될 경우에는 *B. cereus* group을 의미한다. 그러므로 BBL GP ID system에서 *B. cereus*로 동정될 때는 혈액배양에서의 용혈성, 운동성, penicillin 감수성 및 협막 생성능을 시험한 후 *B. anthrax*의 가능성이 높으면 임상적 소견을 토대로 독소 시험으로 확진해야 한다[3]. *B. cereus*는 식중독을 주로 유발하지만 종양, 면역기능저하, 약물중독과 같은 선행 질환이 있는 환자에게 패혈증, 심내막염, 뇌막염, 폐렴, 골수염 및 각종 농양 등을 일으킬 수 있으며, 드물게 외상 또는 수술 후 창상 감염을 일으킨다[3]. *B. cereus* group 이외의 *Bacillus* 균종들은 대부분이 오염균으로 해석되지만 드물게 환자의 선행질환에 따라 수막염, 심내막염, 창상 감염 등을 일으킬 수 있다[3].

결론적으로 BBL Crystal GP ID system은 동정 결과에 따라 전통적인 생화학 시험 등을 추가한다면 혈액을 포함한 각종 임상검체에서 분리되는 대부분의 호기성 그람양성세균을 간편하게 동정할 수 있는 방법으로 생각되었다.

요 약

배 경 : 호기성 그람양성간균은 대부분 오염균으로 해석하지만 혈액과 같은 무균체액에서 분리되거나 적절히 채취된 검체에서 우세균종으로 분리될 때는 동정을 해야 한다. 그러나 그람양성간균은 균속이 매우 다양하며 임상검사실에서 손쉽게 사용할 수 있는 상품화된 동정 제품이 적기 때문에 동정에 어려움이 많다. 이에 저자 등은 호기성 혈액배양에서 분리된 그람양성 구간균과 간균을 대상으로 최근에 상용화된 BBL Crystal Gram-Positive (GP) Identification (ID) system의 유용성을 평가하였다.

방 법 : 1998년 10월부터 1999년 11월 사이에 원주 기독교병원의 혈액배양에서 분리되어 보관하였던 호기성 그람양성세균 37균주를 대상으로 Crystal GP ID system으로 동정하였고 동시에 그람 염색 결과에 따라 3종류의 API 동정 제품인 API Coryne, API 50 CHB 및 API 20 Strep으로 각각 동정하였다. 또한 2000년 5월부터 11월까지 혈액에서 연속하여 분리되는 그람양성 간균 또는 구간균을 대상으로 Crystal GP ID system을 이용하여 동정하였다.

결 과 : 1999년에 분리된 37균주의 그람양성 간균 또는 구간균의 Crystal GP ID system과 API 동정법의 일치율은 *Bacillus*의 경우 균속 및 균종 수준에서 88% 및 63%였고, *Corynebacterium*은 균속 수준에서 90%가 일치하였다. 2000년 5월부터 11월까지 혈액에서 분리된 그람양성 간균과 구간균의 분리율은 *Bacillus*가 41.9%(18/43)였으며, *Corynebacterium* 37.2%(16/43)였고, 이외의 그람양성 구간균이 20.9%(9/43)이었다.

결 론 : Crystal GP ID system은 기본적인 세균학적

검사와 병합해서 시험한다면 혈액에서 분리되는 대부분의 호기성 그람양성세균을 동정할 수 있는 유용한 동정법이였다.

참 고 문 헌

1. 정운섭, 이경원, 이삼열. 최신진단미생물학. 서울:서홍출판사, 1998:133-46.
2. Funke G, von Graevenitz A, Clarridge JE III, Bernard KA. *Clinical microbiology of coryneform bacteria*. *Clin Microbiol Rev* 1997;10:125-59.
3. Logan NA and Turnbull PCB. *Bacillus and recently derived genera*. In: Murray PR, ed. *Manual of clinical microbiology*. 7th ed., Washington, D.C.: American Society for Microbiology, 1999:357-69.
4. Funke G and Bernard KA. *Coryneform gram-positive rods*. In: Murray PR, ed. *Manual of clinical microbiology*. 7th ed., Washington, D.C.: American Society for Microbiology, 1999:442-58.
5. Funke G. *Algorithm for identification of aerobic gram-positive rods*. In: Murray PR, ed. *Manual of clinical microbiology*. 7th ed., Washington, D.C.: American Society for Microbiology, 1999:316-8.
6. Funke G, von Graevenitz A, Weiss N. *Primary identification of Aureobacterium spp. isolated from clinical specimens as "Corynebacterium aquaticum"*. *J Clin Microbiol* 1994;32:2686-91.
7. Nolte FS, Arnold KE, Sweat H, Winton EF, Funke G. *Vancomycin-resistant Aureobacterium species cellulitis and bacteremia in a patient with acute myelogenous leukemia*. *J Clin Microbiol* 1996;34:1992-4.
8. Riegel P, de Briel D, Prevost G, Jehl F, Monteil H. *Genomic diversity among Corynebacterium jeikeium strains and comparison with biochemical characteristics and antimicrobial susceptibilities*. *J Clin Microbiol* 1994;32:1860-5.
9. Pascual C, Lawson PA, Farrow JA, Gimenez MN, Collins MD. *Phylogenetic analysis of the genus Corynebacterium based on 16S rRNA gene sequences*. *Int J Syst Bacteriol* 1995;45:724-8.
10. Ruimy R, Riegel P, Boiron P, Monteil H, Christen R. *Phylogeny of the genus Corynebacterium deduced from analyses of small-subunit ribosomal DNA sequences*. *Int J Syst Bacteriol* 1995;45:740-6.