

## A군 연쇄구균의 T 항원형과 *emm* 유전자형 연관성

정현주<sup>1</sup>, 고은하<sup>2</sup>, 김선주<sup>2</sup>, 맹국영<sup>2</sup>, 강성하<sup>3</sup>

마산의료원 진단검사의학과<sup>1</sup>, 경상대학교 의과대학 진단검사의학교실 및 건강과학연구원<sup>2</sup>,  
제주대학교 의과대학 진단검사의학교실<sup>3</sup>

**배 경** : A군 연쇄구균(group A streptococci, GAS) 감염이나 보균자 역학조사를 위해 선별검사로 T 타이핑이 이용되고, 병독성 연구를 위해 M 타이핑이 이루어져 왔다. 그러나 M 항원형 검사가 일반 검사실에서는 시행하기 어렵고, 최근 PCR, 염기서열 분석이 보편화하면서 M 항원의 코딩 유전자인 *emm* 유전자형 검사가 가능해졌다. 본 연구에서는 T 항원형과 *emm* 유전자형의 연관성을 살펴보았다.

**방 법** : 2002년부터 2004년까지 진주 지역 초등학교에서 분리된 349균주와 인두염 소아 환자에서 분리된 122균주를 대상으로 하였다. 슬라이드 응집법으로 T항원형 검사를 시행하였고, PCR 및 염기서열 분석법으로 *emm* 유전자형을 조사하였다.

**결 과** : T1/*emm*1, T3/*emm*3, T6/*emm*6, T12/*emm*12와 *emm*22, T25/*emm*75 및 T5/27/44/*emm*44/61은 90% 이상의 높은 연관성을 관찰할 수 있었지만, T 2, 4, 7, 11, B3264 등은 다양한 *emm* 유전자형 종류를 보였다.

**결 론** : 일부 T 항원형은 특정 *emm* 유전자형과 밀접한 연관성이 있어서 *emm* 유전자형을 예측하는데 도움을 주었다.

### 서 론

Group A streptococci 감염 혹은 보균자 역학조사를 위해 세포벽의 T 항원이나 M 항원을 동정하는 방법이 많이 사용되어 왔다. T 항원형 검사는 항-T 혈청이 상품화되어 있고 방법이 비교적 간단하여 실험실에서 쉽게 적용할 수 있다. T 항원형 검사는 GAS의 역학조사를 위해 선별검사로 많이 이용되며 지역이나 국가간, 연도별 비교를 하는데 많이 이용된다. 그러나 T 항원은 병독력과는 무관하고, 교차반응 등의 단점이 있다[1]. M 항원은 GAS의 가장 중요한 독성 인자 중 하나이며, 질환과의 연관성이 많이 연구되어 있다[2-4]. M 타이핑은 이중확산법으로 시행하는데 T 타이핑과는 달리 교차반응이 없고, 애매하지 않은 검사 결과를 보인다. 그러나 가장 큰 단점으로는 항-M 항체는 상품화되어 있지 않아서 대개 토끼를 이용하여 자가 제조해야 하는데, 그 과정이 번거롭고 어려우며 동물 사육 시설이 필요하다. 얻어진 항-M 항체의 역가

는 시간이 지남에 따라 떨어질 수 있으며, M 항원의 종류는 약 80여 가지가 되므로 세계적으로도 손꼽을 정도의 검사실만이 M 타이핑을 한다[1,5]. M 항원을 조절하는 유전자를 *emm*이라 하는데, 이 유전자는 M 항원의 N 말단 부위에 따라 다양한 염기서열을 보이므로, M 항원형 검사를 대신하여 GAS 역학조사에 이용할 수 있다[6-8]. *emm* 유전자형을 조사하기 위해서는 먼저 염색체 DNA를 추출하여 PCR 증폭과정을 거치며, 약 200-300 bp 정도의 염기서열을 기존의 데이터베이스의 자료와 비교하여 동정하게 된다[5].

본 연구에서는 검사 방법이 비교적 간단한 T 항원형 검사와 비용과 시간이 많이 들지만 병독력과 밀접한 *emm* 유전자형 검사법 사이에 어떤 연관성이 있으며 상호 보완적으로 이용될 수 있는지 살펴보고자 하였다.

### 방 법

#### 1. 대상 균주

2002년부터 2004년 사이에 진주 지역 초등학교 보균자 조사 및 인두염을 주소로 소아과의를 방문한 환자의 인두배양 조사에서 GAS로 동정된 471균주(보균자 349균주, 인두염 환자 122균주)를 대상으로 하였다. 인두배양은 인후도말하여 얻은 면봉 검체를 면양혈액한천배지에

본 연구는 2005년 대한임상미생물학회 연구비 지원으로 이루어졌음.

접 수 일: 06/1/26 게재승인일: 06/3/02

교신저자: 김선주

(660-702)경남 진주시 칠암동 90번지

경상대학교병원 진단검사의학과

TEL : (055)750-8239 FAX : (055)762-2696

E-mail : sjkim8239@hanmail.net

접종한 후 37℃에서 하룻밤 배양하였다. 세균 동정은 면양혈액한천배지에서 완전용혈을 보이는 회백색의 집락으로 bacitracin disk (0.04U, BD, Sparks, MD, USA) 억제대 검사와 라텍스응집검사(Seroiden Strepto Kit, Eiken, Tokyo, Japan)를 이용하여 동정하였다.

## 2. T 항원형 동정

Todd-Hewitt 액체배지 (Difco, Detroit, MI, USA) 10 mL에 균 집락 2-3개를 접종하여 30℃에서 하룻밤 배양하였다. 1,500 rpm에서 10분간 원심분리한 후 상청액을 0.5 mL정도 남기고 나머지는 흡인하여 버렸다. 균액을 잘 섞은 후 0.5% phenol red 두 방울, 0.2N NaOH 네 방울과 5% trypsin 두 방울을 떨어뜨렸다. 37℃에서 2시간 동안 반응시켜 T 항원이 추출되도록 한 뒤, 항-T 혈청(Sevac, Prague, Czech Republic)으로 슬라이드 응집법을 이용하여 반응시켰다[9]. 항-T 혈청은 먼저 다가항체 다섯 종류(T, U, W, X, Y)와 응집시킨 뒤, 각 다가 항체에 해당되는 단가항체(1, 2, 3, 4, 5, 6, 8, 11, 12, 22, 25, 27, 28, 44, B3264 및 Imp.19)로 동정하였다. Nontypeable로 나온 경우에는 위 과정을 반복하였다.

## 3. *emm* 유전자형 동정

### 1) *emm* 유전자 증폭

AccuPrep Genomic DNA Extraction Kit (Bioneer, 청원, 충북)를 이용하여, 면양혈액한천배지에서 자란 집락으로부터 DNA를 분리하였다. AccuPower PCR PreMix Kit (Bioneer)와 시발체 1쌍을 사용하여 중합효소연쇄반응

(PCR)을 시행하였다. 시발체 1쌍의 염기서열은 5'-TAT TCG CTT AGA AAA TTA A-3'과 5'-GCA AGT TCT TCA GCT TGT TT-3'이었다. 각 시발체 1 μL (100 pmol), 염색체 DNA 용액 4 μL, 증류수 44 μL를 섞은 후 GeneAmp PCR Systems, Model 9600 (Perkin-Elmer, Wellesley, MA, USA)을 이용하여 94℃ 1분, 55℃ 2분, 72℃ 1분 30초 반응을 35회 반복하여 해당 유전자를 증폭한 후 전기영동하여 PCR 반응을 확인하였다.

### 2) *emm* 유전자형 결정

AccuPrep PCR Purification Kit (Bioneer)를 사용하여 사용설명서의 지시대로 증폭된 유전자산물을 정제하였다. 염기서열 분석은 (주)마크로젠(서울)에 의뢰하였다. 염기서열은 NCBI (National Center for Biotechnology Information)의 BLAST 프로그램(<http://ncbi.nlm.nih.gov>)에서 DNA 데이터베이스와 비교하여 상동성이 95% 이상인 경우 그 유전자형으로 결정하였다. 분석한 염기서열의 크기는 약 700-1,000 bp 이었다[10,11].

## 결 과

진주지역 초등학교 및 인두염 소아 환자에서 분리된 GAS의 T 항원과 *emm* 유전자형의 연관성은 Table 1과 같다. T1/*emm*1 (26/28, 93%), T3/*emm*3 (18/19, 95%), T6/*emm*6 (33/36, 92%), T12/*emm*12 (75/114, 66%), T12/*emm*22 (33/114, 29%), T28/*emm*2 (18/36, 50%), T25/*emm*75 (44/45, 98%), T5/27/44/*emm*44/61 (66/73, 90%) 및 Imp.19/*emm*75 (11/15, 73%) 조합은 T 항원과 *emm* 유전자형 간에 밀접한 연관성이 있었다. 그러나 5군주 이상의

Table 1. Distribution of *emm* genotypes according to T antigen types of group A streptococci

T antigens	N	<i>emm</i> genotypes (No. of isolates)
1	28	1(26), 12(1), 50(1)
2	7	1(1), 6(2), 57(3), 86(1)
3	19	3(18), 44/61(1)
4	24	1(2), 4(4), 12(1), 49(4), 50(8), 71(5)
5	7	5(4), 44/61(3)
6	36	1(1), 6(33), 22(1), 49(1)
11	8	5(1), 11(3), 77(1), 78(3)
12	114	1(1), 2(1), 6(1), 12(75), 18(2), 22(33), 71(1)
25	45	1(1), 75(44)
28	36	1(3), 2(18), 18(2), 22(1), 28(4), 77(7), 78(1)
5/27/44	73	5(6), 44/61(66), 77(1)
B3264	8	11(2), 22(1), 49(1), 94(2), 110(2)
Imp.19	15	1(1), 6(1), 49(1), 57(1), 75(11)
Nontypeable	38	3(1), 5(2), 6(1), 9(5), 11(1), 12(5), 18(13), 22(5), 44/61(1), 49(2), 75(2)

빈도를 보이는 T2, T4, T5, T11, T28 및 B3264 항원형은 다양한 *emm* 유전자형으로 동정되었다. 한편 T8 (1균주), T22 (1균주), T44 (1균주), T2/28 (1균주), T3/B3264 (2균주), T5/12 (3균주) 및 T12/B3264 (4균주)는 5균주 이하의 낮은 빈도를 보여 Table 1에는 표시하지 않았다.

## 고 찰

본 연구를 통해 어떤 T 항원형은 어느 *emm* 유전자형과 밀접한 연관이 있고, 반대로 일부 T 항원형에서는 *emm* 유전자형을 예측하기 어렵다는 것을 알 수 있었다. *emm* 유전자형과 90% 이상의 높은 연관성을 보인 T 항원들은 T 1, 3, 6, 12, 25 및 5/27/44 등 이었다. 이들 T 항원형은 *emm* 유전자형 검사를 생략하더라도 *emm* 유전자형을 예측하는 것이 어렵지 않을 것이다. 예를 들어 어떤 균이 T1으로 동정된 경우 *emm* 유전자형을 검사해 보지 않아도 진주 지역에서 분리된 균주의 경우 *emm1*으로 동정될 가능성이 93%나 된다는 것을 의미한다. 반면 어떤 균이 T4로 동정이 되었다면, 본 연구에서 *emm* 1, 4, 12, 49, 50 및 71로 다양하게 나왔으므로, *emm*형 검사를 해보기 전에는 예측하기 어렵다. 이러한 T 항원들은 T 2, 4, 5, 11 및 B3264 등 이었다. 물론 더 넓은 지역과 더 많은 균주를 대상으로 이러한 연구를 하면, T 항원과 *emm* 유전자형의 연관성에 대한 자료의 신빙성이 더 커질 것이다. 포르투갈에서 erythromycin 내성 GAS 균주의 역학조사에서 T12/*emm12*와 T12/*emm22*의 비율은 17:83 (152 균주)이었는데 반해, 본 연구에서는 69:31 (108균주)로 큰 차이가 있었다. 또 T28 (29균주)은 모두 *emm28*로 동정되었고, T5/27/44 (2균주)는 본 연구에서 동정되지 않은 *emm*로 동정된 점들이 다른 결과이었다[18]. 독일에서 인두염 환자에서 분리한 GAS 균주의 역학조사에서, T4 (20균주)는 모두 *emm4*로 동정된 반면 본 연구에서는 다양한 *emm*형으로 동정되어 차이를 보였지만, T28은 본 연구와 마찬가지로 *emm* 2, 28, 77 등으로 다양하게 동정되었다[7]. 두 연구 모두 진주 지역에서 흔한 T12/*emm12*, T25/*emm75*, T5/27/44/*emm44/61*은 비교적 드물어 국가 간 GAS의 역학적 분포가 크게 다르다는 것을 알 수 있었다. M 항원을 대상으로 하는 백신 개발에 있어서 그 지역 혹은 국가에 어떤 M (*emm*)형이 흔한지 역학조사가 선행되어야 한다 [8,17]. Beall 등[19]은 1,531균주의 GAS에 대해 T 항원형과 *emm* 유전자형을 혼탁인자 유무에 따라 비교하였는데 T 항원 중 T3/13/B3264과 T11/12 조합이 흔히 동정된 점과 T 항원형과 *emm* 유전자형의 연관성도 본 연구 결과와는 큰 차이를 보였다. 또한 T5/27/44는 주로 *emm5* (24균주), PT180 (21균주)으로 동정되었고, *emm44/61*은 7균주에 불과하였다.

본 연구에서는 항-T항체로서 5종의 다가 항체와 16종의 단가 항체를 사용하였는데 T nontypeable의 비율이 8.1% (38/471)로 대부분 T 항원형 동정이 가능하였다. 그

러나 국가에 따라서는 T nontypeable 비율이 80% 이상 높은 경우도 있다[12]. 이는 검사자의 경험이나 숙련도에 의해서도 영향을 받는다. 2002년도에 T nontypeable로 분류된 GAS에 대해서는 T 8, 22, 25 및 Imp.19 단가 항체를 추가로 구입하여 재검을 시행하였다[10]. 우리나라에 드물다고 판단된 3가지 (T 9, 18 및 23) 단가 항체는 사용하지 않았다[9,10]. T nontypeable로 나온 균주에 대해서는 반복 실험을 하였지만 대부분 균액이 trypsin 처리 후 맑게 용해되어 T 항원 추출이 잘 되지 않았다. T nontypeable (38 균주)은 11가지의 다양한 *emm* 유전자형으로 동정되었는데, 이는 연구 대상 지역의 GAS 역학적 분포에 의해 영향을 받을 것이다. 본 연구에서는 진주 지역에서 비교적 흔하였던 *emm* 12 (5균주), 18 (13균주) 및 22 (5균주) 등 이었다. *emm9* (5균주)는 모두 T nontypeable이었는데, 본 연구에서 사용하지 않은 T 9, 18 등과 반응하는 것으로 알려져 있다[1].

두 가지 (예, T12/B3264) 혹은 세 가지(예, T5/27/44) 항원이 교차하여 반응이 일어난 경우가 있었고, 다가 항체 W에 해당하는 경우 응집반응이 약하거나, 반대로 다가 항체에 모두 응집반응을 보여 동정하기 어려운 경우도 있었다.

저자들은 1995년도 이전에 우리나라 초등학교에서 분리된 GAS균에 대해서 M 타이핑을 시행하여 보고한 바 있다[9]. 그러나 M 항원형 검사는 국내에서 불가능하므로 외국의 표준연구소에 의뢰해야 하는 단점이 있다. 약 20여 가지의 M 항원은 토끼에서 면역반응이 생기지 않는데, 이들은 혼탁인자(opacity factor)로 불리며, 그 생화학적 구조나 생리적인 기능은 M 항원과 유사하다[13]. 혼탁인자 동정은 이들 균에 감염된 환자의 혈청 내 항체를 이용하여 혼탁반응(serum opacity reaction)이 억제되는지 확인하여 동정하게 된다[14]. 혼탁인자 동정 시 혼탁반응이 애매하게 나오는 경우가 있어 판정이 어려우며, 특히 환자의 혈청을 다량 확보할 수 없는 단점이 있다.

이들 M 항원 혹은 혼탁인자 항원 조사는 세계에서 몇 군데에서만 가능하며, 최근 비교적 간편한 유전자형 검사에 의해 점차 대체되고 있다. M 항원을 조절하는 유전자를 *emm*이라고 하며, 혼탁인자를 조절하는 유전자를 *sof*라고 한다. 이들 유전자는 M 항원 혹은 혼탁인자에 따라 다양한 염기서열을 보이므로, *emm* 유전자형 혹은 *sof* 유전자형을 조사하여 역학조사에 이용할 수 있다[15]. *emm* 유전자형 검사는 T 항원 검사와 더불어 지역 내 GAS 균주의 분포 변화를 살펴본다든지[6-8], 침습성 균주와 인두염 분리 균주를 비교하는데[16,17] 유용하다. 때로는 GAS 균주의 역학적 분포 변화에 의해 항생제 내성 패턴이 바뀌기도 한다[18]. *emm* 유전자형 조사 과정에서 새로운 *emm* 유전자형을 발견할 수도 있으며[15,16], 처음에는 다른 유전자형으로 알려졌던 것이 나중에 동일한 것으로 판정된 경우(예, *emm44/61*)도 있다. 본 연구에서 드물게 *emm* 유전자가 증폭되지 않는 경우도 있어서, 새

로운 emm 유전자형인지 추가 조사가 필요하다. emm 유전자형은 혼탁반응과는 무관하게 모든 GAS가 가지고 있으므로, 혼탁반응 양성인 균주만을 대상으로 하는 sof 유전자형 보다는 역학조사에 유리하다[15]. 또 통상적인 PCR 조건에서도 쉽게 1,500 내지 2,000 bp 크기의 증폭 산물을 얻을 수 있어 실험 과정이 까다롭지 않다. 그러나 이 방법은 DNA 추출, PCR 증폭, PCR 산물 정제, 염기서열 분석 및 데이터베이스 자료 비교 등 비용과 시간이 많이 든다.

GAS의 자세한 역학적 연구를 위해서는 emm 유전자를 제한효소에 의해 절단하여 그 패턴을 관찰한다든지[19], pulsed-field gel 전기 영동을 이용하여 분석하는 방법이 있다[20]. 이들 방법은 동일한 emm 유전자형이더라도 더 세분하여 나눌 수 있는 장점이 있다. 하지만 일반적 역학 조사로는 T 항원형과 emm 유전자형 검사만으로도 충분하다고 생각한다.

결론적으로 많은 수의 균주는 아니지만 GAS 471균주를 대상으로 T 항원형과 emm 유전자형의 연관성을 조사하여, 두 가지가 90% 이상 밀접하게 연관되어 있는 조합 (T1/emm1, T3/emm3, T6/emm6, T12/emm12 & 22, T25/emm75, T5/27/44/emm44/61)을 확인할 수 있었으며, 이들 T 항원형으로 동정된 경우 특정 emm 유전자형을 예측하는데 도움을 줄 것으로 생각한다.

## 참 고 문 헌

- Johnson DR and Kaplan EL. A review of the correlation of T- and M-protein agglutination patterns and opacity factor production in the identification of group A streptococci. J Med Microbiol 1993;38:311-5.
- Caparon M and Scott J. Identification of a gene that regulates expression of M protein, the major virulence determinant of group A streptococci. Proc Natl Acad Sci USA 1987;84:8677-81.
- Johnson DR, Stevens DL, Kaplan EL. Epidemiologic analysis of group A streptococcal serotypes associated with severe systemic infections, rheumatic fever, or uncomplicated pharyngitis. J Infect Dis 1992;166:374-82.
- Colman G, Tanna A, Efstratiou A, Gaworzewska ET. The serotypes of *Streptococcus pyogenes* present in Britain during 1980-1990 and their association with disease. J Med Microbiol 1993;39:165-78.
- Beall B, Facklam R, Thompson T. Sequencing emm-specific PCR products for routine and accurate typing of group A streptococci. J Clin Microbiol 1996;34:953-8.
- Beall B, Facklam F, Hoenes T, Schwartz B. Survey of emm gene sequences and T-antigen types from systemic *Streptococcus pyogenes* infection isolates collected in San Francisco, California; Atlanta, Georgia; and Connecticut in 1994 and 1995. J Clin Microbiol 1997;35:1232-5.
- Brandt CM, Spellerberg B, Honscha M, Truong ND, Hoevener B, Luttkicken R. Typing of *Streptococcus pyogenes* strains isolated from throat infections in the region of Aachen, Germany. Infect 2001;29:163-5.
- Shulman ST, Tanz RR, Kabat W, Kabat K, Cederlund E, Patel D. et al. Group A streptococcal pharyngitis serotype surveillance in North America, 2000-2002. Clin Infect Dis 2004;39:325-32.
- Kim SJ, Kim EC, Cha SH, Kaplan EL. Comparison of M-serotypes of *Streptococcus pyogenes* isolated from healthy elementary school children in two rural areas. J Korean Med Sci 1996;11:133-6.
- Kim S and Lee NY. Antibiotic resistance and genotypic characteristics of group A streptococci associated with acute pharyngitis in Korea. Microb Drug Resist 2004;10:300-5.
- Kim S and Lee NY. Epidemiology and antibiotic resistance of group A streptococci isolated from healthy schoolchildren in Korea. J Antimicrob Chemother 2004;54:447-50.
- Kaplan EL, Johnson DR, Nanthapisud P, Sirilertpanrana S, Chumdermpadetsuk S. A comparison of group A streptococcal serotypes isolated from the upper respiratory tract in the USA and Thailand: implications. Bull World Health Org 1992;70:433-7.
- Widdowson JP, Maxted WR, Grant DL. The production of opacity in serum by group A streptococci and its relationship with the presence of M antigen. J Gen Microbiol 1970;61:343-53.
- Johnson DR and Kaplan EL. Microtechnique for serum opacity factor characterization of group A streptococci adaptable to the use of human sera. J Clin Microbiol 1988;26:2025-30.
- Teixeira LM, Barros RR, Castro AC, Peralta JM, Da Gloria S, Carvalho M, et al. Genetic and phenotypic features of *Streptococcus pyogenes* strains isolated in Brazil that harbor new emm sequences. J Clin Microbiol 2001;39:3290-5.
- Tewodros W and Kronvall G. M protein gene (emm type) analysis of group A beta-hemolytic streptococci from Ethiopia reveals unique patterns. J Clin Microbiol 2005;43:4369-76.
- Loubinoux J, Florent M, Merad B, Colobert G, Bouvet A. Epidemiological markers of group A streptococcal infections in France. Indian J Med Res 2004;119 Suppl:152-4.

18. Silva-Costa C, Ramirez M, Melo-Cristino J, Portuguese Surveillance Group for the Study of Respiratory Pathogens. Rapid inversion of the prevalences of macrolide-resistance phenotypes paralleled by a diversification of T and *emm* types among *Streptococcus pyogenes* in Portugal. *Antimicrob Agents Chemother* 2005;49:2109-11.
19. Beall B, Facklam RR, Elliott JA, Franklin AR, Hoenes T, Jackson D, et al. Streptococcal *emm* types associated with T-agglutination types and the use of conserved *emm* gene restriction fragment patterns for subtyping group A streptococci. *J Med Microbiol* 1998;47:893-8.
20. Mihaila-Amrouche L, Bouvet A, Loubinoux J. Clonal spread of *emm* type 28 isolates of *Streptococcus pyogenes* that are multiresistant to antibiotics. *J Clin Microbiol* 2004;42:3844-6.

## Association of T Antigens with *emm* Genotypes of Group A Streptococci

Hyun-Ju Jung<sup>1</sup>, Eun-Ha Koh<sup>2</sup>, Sunjoo Kim<sup>2</sup>, Kook-Young Maeng<sup>2</sup>, and Sung-Ha Kang<sup>3</sup>

*Department of Laboratory Medicine<sup>1</sup>, Masan Medical Center, Masan; Department of Laboratory Medicine, and Institute of Health Sciences<sup>2</sup>, Gyeongsang National University School of Medicine, Jinju; and Department of Laboratory Medicine<sup>3</sup>, Cheju National University School of Medicine, Cheju, Korea*

---

**Background:** T typing has been used as a screening test for epidemiologic studies of group A streptococci (GAS) infections or carriers, and M typing has been performed for virulence studies. However, M typing is difficult to perform in routine laboratories. Recently, genotyping of the *emm* gene, which encodes the M protein, has become available. We investigated which T antigen is closely associated with a certain *emm* genotype.

**Methods:** GAS were collected from the children in Jinju who were asymptomatic carriers (N=349) or had acute pharyngitis (N=122) during the 3 year-period from 2002 through 2004. T typing was performed by a slide agglutination, and *emm* genotyping by PCR and DNA sequencing.

**Results:** More than 90% of T1, T3, T6, T12, T25, and T5/27/44 antigens were associated with *emm*1, *emm*3, *emm*6, *emm*12 and 22, *emm*75, and *emm*44/61 genotypes, respectively; however, other T antigens, such as T2, T4, T7, T11, and B3264, were not associated with any particular *emm* genotypes.

**Conclusion:** Several T antigens are so closely associated with particular *emm* genotypes that one could predict *emm* genotypes based on the result of T typing.

*(Korean J Clin Microbiol 2006;9(1):18-23)*

**Keywords:** Group A streptococci, *Streptococcus pyogenes*, T antigen, *emm* genotype, Epidemiology, Pharyngitis

---

**Address reprint requests to :** Sunjoo Kim, M.D., Department of Laboratory Medicine, Gyeongsang National University Hospital, Chilam-dong 90, Jinju 660-702, Korea.  
TEL. +82-55-750-8239 FAX. +82-55-762-2696 E-mail: sjkim8239@hanmail.net