

A306

16S rRNA Gene Restriction Patterns에 의한 *Listeria*종 및 균주의 구별

양 병 선*, 박 진 숙
한남대학교 이과대학 미생물학과

임상검체에서 분리한 *Listeria monocytogenes* CH6, CH15, CH126 균주와 혼합에서 분리한 *L. monocytogenes* NH1, 2, 3, 4, 5, 6, 7 균주 그리고 표준 균주 *L. monocytogenes*(ATCC15313), *L. ivanovii*(ATCC19119), *L. innocua*(ATCC33090), *L. grayi*(ATCC19120), 총 4종 14균주의 16S rRNA gene restriction pattern을 측정하였다. 염색체 DNA는 *EcoRI*, *HindIII*을 사용하여 절단후, PCR에 의해 증폭한 *Bacillus subtilis* 16S rDNA를 probe로 하여 southern blot hybridization을 실시하였다. *Listeria*의 동일 속 내에서는 *EcoRI* pattern의 경우 5.25 kb, 2.75 kb, 2.5 kb, *HindIII*의 경우 4.25 kb, 3.5 kb에서 각각 공통 band를 확인할 수 있었으며, *EcoRI*, *HindIII* pattern 모두에서 종 특이적 band 양상을 나타내었다. 또한 동일 종 내에서는 분리원에 따라 일정한 band 양상을 나타내어 균주의 속, 종 및 분리원에 따른 균주의 구별이 가능하여 *Listeria* 동정의 지표 및 역학 조사에 유용할 것으로 사료된다.

A307

16S rDNA의 Restriction Fragment Length Polymorphism분석에 의한 *Vibrio*속 세균의 분류

박 준 봉*, 박 진 숙
한남대학교 이과대학 미생물학과

16S rRNA의 600개 염기서열 분석에 의해 *Vibrio*속의 core균주로 정의된 병원성 세균인 *Vibrio alginolyticus*^T, *Vibrio parahaemolyticus*^T, *Vibrio vulnificus*^T 그리고 core균주와 근연관계가 먼 *Vibrio mimicus*^T의 16S rDNA를 PCR로 증폭하여, *Alu I*, *Dde I*, *Hae III*, *Hha I*, *Msp I*, *Rsa I* 등 6종의 제한효소를 처리하여 RFLP분석을 실시하였다. 그 결과, 모든 제한효소 pattern에서 *Vibrio*속의 공통 band가 나타나 속의 구분이 가능하였고, *Dde I*의 경우 모든 *Vibrio*종에서 동일한 RFLP pattern을 나타내었다. *Alu I*, *Cfo I*, *Msp I*, *Rsa I*에서는 core 균주와 non-core균주가 구분되어 16S rRNA sequencing 결과와 일치하였다. *Hae III*의 경우, *Vibrio*속의 각 세균을 구분 할 수 있는 종 특이적인 pattern을 나타냈다. *Vibrio*속 세균은 실험된 모든 제한효소 pattern에서 비교 균주로 사용한 *E. coli*, *B. subtilis*, *M. luteus*와 구분되는 양상을 보이고 있어 16S rDNA의 제한효소 pattern을 통한 유연관계 및 종 동정이 가능함을 시사하였다.