

Vaginal *Candida* and Microorganisms Related to Sexual Transmitted Diseases in Women with Symptoms of Vaginitis

Kye Hyun Kim¹, Mi-Kyung Lee²

¹Department of Obstetrics and Gynecology, Kangbuk Samsung Hospital, Sungkyunkwan University School of Medicine,

²Department Laboratory Medicine, Chung-Ang University College of Medicine, Seoul, Korea

Background: The female genital tract is equipped to deal with a variety of foreign substances including a wide array of microorganisms. It is important to consider *Candida*-bacterial interactions in balance between healthy colonization versus vaginitis. The objectives of this study were to evaluate the association between microorganism distribution and vaginitis, and to investigate the possibility of an interaction between vaginal *Candida* and other microorganisms in female genital tract.

Methods: A total of 516 vaginal secretions were collected between October 2008 and June 2010 from patients with suspected vaginitis. Identification of *Candida* species and detection of 6 fastidious microorganisms (*Trichomonas vaginalis*, *Neisseria gonorrhoeae*, *Chlamydia trachomatis*, *Mycoplasma hominis*, *Mycoplasma genitalium*, and *Ureaplasma urealyticum*) were performed using a VITEK 2 system

(bioMérieux, Inc., Hazelwood, MO, USA) and multiplex PCR (Seegene, Biotechnology, Inc., Seoul, Korea), respectively.

Results: *M. genitalium*, *U. urealyticum*, and *C. trachomatis* were more often detected in association with vaginal candidiasis. A statistically significant association between *Candida* and *M. genitalium* was observed ($P < 0.05$). *N. gonorrhoeae* was detected less often in women with vaginal candidiasis.

Conclusion: The results of this study suggest the possibility that vaginal *Candida* may associate with some microorganisms in patients with vaginitis. Further studies will be required to define the *Candida*-bacterial interactions and its mechanisms. (Korean J Clin Microbiol 2012;15:49-53)

Key Words: Bacteria, *Candida*, Microbial interactions, *Trichomonas vaginalis*, Vaginitis

서론

여성의 생식관은 정자, 태아, 병원체를 포함하는 다양한 이물질과 접촉하게 되며, 이들 병원체에는 바이러스, 세균, 진균, 기생충 등이 포함된다. 이러한 다양한 침입자들로부터 생식관을 보호하기 위하여 면역 체계와 숙주 상피세포, 생식관에 존재하는 세균들과의 복잡한 상호작용이 일어나게 되며, 특히 여성의 하부 생식관에는 면역 반응에 영향을 줄 수 있는 공생균(commensal bacteria)이 집락을 형성하고 있다[1,2]. 그러므로 이러한 점막 부위에 존재하는 세균들을 확인하는 것은 면역 체계가 어떻게 미생물무리에 의하여 영향을 받는지를 이해하는데 결정적인 단계일 수 있다. 생식관의 미생물무리는 임상적 진단 기준에 근거하여 크게 2종류로 분류하고 있는데, 즉 건강인에서 분리되는 미생물무리와 세균질증(bacterial vaginosis)과 연관되는 세균으로 나눌 수 있다. 건강인에서 분리되는 미생물

무리의 대부분이 *Lactobacillus* 종인 반면, 세균질증에서는 사람에 따라 매우 다양하지만 대부분의 경우 여러 종류의 혐기성 세균, *Gardnerella vaginalis*, *Mycoplasma hominis*와 같이 배양이 까다로운 세균 등이 집락을 형성하는 경우가 많은 것으로 알려져 있다[1,3-6]. 또한 세균 이외에도 *Candida* 종과 *Trichomonas vaginalis* 등도 여성의 생식관에 존재하며 감염성 질염을 일으킬 수 있다[6].

여성의 생식관처럼 많은 종류의 병원체가 동시에 존재할 수 있는 부위에서의 집락형성과 감염과의 기전을 연구하는 과정에서 세균과 진균과의 상호작용, 즉 질 내 정상 상재균과 칸디다성 질염 사이의 관련성에 관한 연구가 많이 시도되었지만, 아직까지 명확하게 알려져 있지 않다. 주로 *Lactobacillus* 종에 관한 연구가 가장 많으며, *Lactobacillus* 종은 비노생식 상피세포에 결합하여 병원성 진균의 부착을 차단하거나 대사산물에 의해 질 내의 낮은 pH를 유지함으로써 비침습성 형태의 *C. albicans* 성장에 적합한 환경을 제공함으로써 발병기전에 관여하는 것으로 생각되고 있다[7-9]. 또한 칸디다와 같은 효모가 감염이 아닌 집락형성 상태에서 임상적인 감염으로 발전하는 과정에 다른 상재균과의 상호작용이 관여할 것으로 보고된 바 있다

Received 4 October, 2011, Revised 29 November, 2011

Accepted 30 November, 2011

Correspondence: Mi-Kyung Lee, Department of Laboratory Medicine, Chung-Ang University College of Medicine, 102 Heukseok-ro, Dongjak-gu, Seoul 156-755, Korea. (Tel) 82-2-6299-2719, (Fax) 82-2-6298-8630, (E-mail) cpworld@cau.ac.kr

[10].

이에 여성의 생식관에 존재하는 진균과 다른 미생물 간의 상호작용 가능성을 연구하기 위하여, 질염 증상을 가진 여성의 질 내 칸디다와 성매개병(sexually transmitted disease, STD)과 관련되는 것으로 알려져 있는 *T. vaginalis*, *Chlamydia trachomatis*, *Neisseria gonorrhoeae*, *M. hominis*, *Mycoplasma genitalium* 및 *Ureaplasma urealyticum*을 검출하여 칸디다 배양 유무에 따른 균종 분포 간 관련성을 분석하였다.

대상 및 방법

2008년 10월부터 2010년 6월까지 질염 증상을 주소로 중앙대학교 용산병원 산부인과를 방문하여 질 분비물 배양이 의뢰된 총 516건의 검체를 대상으로 하였으며, 중앙대학교 용산병원 임상시험심사위원회의 승인을 받았다.

환자의 질 분비물은 Stuart Agar Gel Transport Swabs (COPAN Italia, Brescia, Italy)으로 채취하여 검사실로 수송 후, 일상적 미생물 배양과 분자 유전학적 검출을 시행하였다. 혈액 한천배지에서 효모양 진균이 자랐을 경우 Sabouraud dextrose agar (SDA)에 계대 배양하여 VITEK 2 ID-YST system (bioMérieux, Inc., Hazelwood, MO, USA)을 이용하여 제조사의 지침에 따라 칸디다 균종 동정을 시행하였다.

배양이 까다로운 *T. vaginalis*, *C. trachomatis*, *N. gonorrhoeae*, *M. hominis*, *M. genitalium* 및 *U. urealyticum* 검출을 위하여 QIAamp DNA Mini kit (QIAGEN Korea, Seoul, Korea)로 DNA를 추출하였고, Seeplex STD6 ACE Detection kit (Seegene, Biotechnology, Inc., Seoul, Korea)을 사용하여 GeneAmp PCR system 9700 (Applied biosystems, Inc., Foster City, CA, USA)에서 제조사의 지시에 따라 다중 PCR을 시행하였다. PCR 산물은 2% 아가로오스 겔에서 전기영동한 후 Image system (ChemiDoc XRS system, Bio-Rad Laboratories, Hercules, CA, USA)으로 분절의 유무와 크기를 확인하였다.

통계분석은 Statcalc (Epi Info version 3.5.1, Centers for Disease Control and Prevention, GA, USA)을 사용하여 chi-square 검증을 하였으며, $P < 0.05$ 를 통계적으로 유의한 것으로 판정하였다. 분석값이 5 이하인 경우는 Fisher's exact test의 P 값을 사용하였다.

결 과

총 516건의 질 분비물에서 배양된 칸디다 종은 86균주(16.7%)였으며, 이 중 *C. albicans*가 74균주(14.3%)로 칸디다 종의 대부분을 차지하였고(74/86균주, 86.0%), 그 다음으로 *C. glabrata*, *C. tropicalis* 순으로 분리되었다. 다중 PCR에 의한 *T. vaginalis*, *C. trachomatis*, *N. gonorrhoeae*, *M. hominis*, *M. genitalium* 및 *U. urealyticum*의 검출 결과는 *M. hominis*가 99검체(19.2%)로 가장 많이 검출되었고, *U. urealyticum* 87검체(16.9%), *C. trachomatis* 41검체(7.9%), *N. gonorrhoeae* 13검체(2.5%), *M. genitalium* 12검체(2.3%), 그리고 *T. vaginalis* 7검체(1.4%)의 순으로 검출되었다.

여성 생식관에서 칸디다 종과 상기 6종류의 미생물 간 상호작용 가능성을 평가하기 위하여 칸디다 종 배양 유무에 따른 *T. vaginalis*, *C. trachomatis*, *N. gonorrhoeae*, *M. hominis*, *M. genitalium* 그리고 *U. urealyticum*의 검출 빈도를 분석하였다. 칸디다 종이 동시에 배양되지 않은 경우에 비하여 칸디다 종이 동시에 배양되었을 경우 검출 빈도가 높은 균종은 *M. genitalium*, *U. urealyticum*, *C. trachomatis*이었고, 이 중 *M. genitalium*만이 통계적으로 유의하게 많이 검출되었으며($P < 0.05$) 이때 동시에 배양된 칸디다 종은 모두 *C. albicans*였다. 이와는 반대로 *N. gonorrhoeae*는 칸디다 종이 배양되지 않는 경우보다 칸디다 종이 동시에 배양되는 경우에서 검출 빈도가 낮았다. *T. vaginalis*와 *M. hominis*는 칸디다 종의 동시 배양 유무에 따른 검출 빈도의 차이를 보이지 않았다(Table 1).

Table 1. Microorganisms related to sexual transmitted diseases in women who were or were not vaginal carriers of *Candida* species

Accompanying microorganism	<i>C. albicans</i>			<i>Candida</i> spp. (total)		
	Growth (n=74)	No growth (n=442)	<i>P</i> value	Growth (n=86)	No growth (n=430)	<i>P</i> value
TV	1 (1.4%)	6 (1.4%)	0.735	1 (1.2%)	6 (1.4%)	0.669
CT	7 (9.5%)	34 (7.7%)	0.602	9 (10.5%)	32 (7.4%)	0.343
NG	1 (1.4%)	2 (2.7%)	0.421	1 (1.2%)	12 (2.8%)	0.333
MH	15 (20.3%)	84 (19.0%)	0.798	17 (19.8%)	82 (19.1%)	0.880
MG	5 (6.8%)	7 (1.6%)	0.006	5 (5.8%)	7 (1.6%)	0.018
UU	16 (21.6%)	71 (16.1%)	0.237	16 (18.6%)	71 (16.5%)	0.636
Total	45 (60.8%)	214 (48.4%)		49 (57.0%)	210 (48.8%)	

Abbreviations: CT, *Chlamydia trachomatis*; MG, *Mycoplasma genitalium*; MH, *Mycoplasma hominis*; NG, *Neisseria gonorrhoeae*; TV, *Trichomonas vaginalis*; UU, *Ureaplasma urealyticum*.

고 찰

출생 직후 신생아의 질은 무균 상태이며, 출생 후 수일이 지난 후에 어머니로부터 이동해 온 lactobacilli에 의해 집락이 형성되게 된다. 대부분의 경우 일생을 통하여 정상 상재균으로서 lactobacilli가 우세하게 유지되며, 또한 주기적으로 호르몬 자극의 영향을 받아 균무리 분포가 변화하게 된다[3]. 지금까지 질 내 미생물무리의 구성에 관한 대부분의 자료들은 배양에 기초한 방법으로 시도된 정성적이고 반정량적인 기술적 연구들이었다[6,7,10]. 그러나 배양에 기초한 연구들은 배양이 까다로운 미생물을 분리하거나 검출하는 데 실패할 가능성이 있으며, 배양으로 분리된 일부 균종은 동정에 필요한 표현형적 방법이나 적절한 배지가 없어 동정을 할 수 없는 단점을 가지고 있었다. 최근 분자유전학적 기법들이 개발되고 도입되어, 생식관에 존재하는 비정상적인 집락화 뿐 아니라 정상 질균무리의 구성에 대한 새로운 정보를 제공하게 되어 배양에 근거한 방법들로부터 얻은 기존의 자료들에 추가적인 정보가 가능하게 되었다[11]. 배양과는 독립적으로 시도되는 분자유전학적 방법들은 배양에 기초한 방법들의 제한점을 극복하여 다양한 정보를 줄 수 있지만, DNA를 증폭하여 얻게 되는 대부분의 결과들이 가장 우세한 미생물을 검출하는 경향이 있으며 1% 미만으로 존재하는 미생물은 검출하지 못할 수도 있다[12]. 그러므로 균무리 구성에 관한 연구를 위하여 배양과 분자유전학적 방법들을 상호보완적으로 사용하는 것이 가장 바람직한 것으로 생각된다.

본 연구에서는 질염 증상을 보이는 여성 질분비물의 16.7%에서 칸디다가 배양되어 동정되었으며, 분리된 칸디다 종의 86%는 *C. albicans*였다. 이는 질염 증상을 가진 여성의 17-39%에서 칸디다가 분리되었고[5,6,13], 이 중 *C. albicans*가 가장 많다는 이전 보고[7,13,14]와 유사한 결과였다. 또한 다중 PCR로 확인해 본 6종류의 배양이 까다로운 질 내 미생물 중, 생식기 mycoplasmas 중에서 세균질증과 가장 밀접하게 관련되는 것으로 알려져 있는 *M. hominis*가 가장 많이 검출되었으며[3,4], 이는 이전 분리 빈도(12.3-23.7%)와 유사하였다[4,15,16]. 그러나 이전 연구들에서 세균질증과의 관련성은 명확하지 않으나 질 분비물에서의 분리 빈도가 41.3-55.3%로 *M. hominis*보다 높은 것으로 보고된 *U. urealyticum* [4,16]은 *M. hominis*보다 낮게 검출되었다. 그밖에 *T. vaginalis*, *C. trachomatis*, *N. gonorrhoeae*의 검출 빈도도 각각 1.4%, 7.9%, 2.5%로 이전 보고들과 차이를 보였다[6,16-18]. 본 연구에서 배양이 까다로운 질 내 미생물들의 검출 빈도가 기존 보고와 다른 것은 대상 환자군, 지역, 검체 채취 방법 및 검출 방법의 차이 등으로 생각된다.

여성의 생식관에 존재하는 진균과 다른 미생물 간의 상호작용 가능성을 연구하기 위하여 생식관에서 가장 많이 분리되는 진균인 칸디다 배양 유무에 따른 6종류의 질내 미생물 검출 빈

도를 분석한 결과, 칸디다가 존재할 때 *C. trachomatis*, *M. genitalium*, *U. urealyticum*은 더 많이 검출된 반면, *N. gonorrhoeae*는 더 적게 검출되었다. 칸디다 유무에 따라 통계적으로 유의한 차이의 검출 빈도를 보인 균종은 *M. genitalium*였으며, 이는 *C. albicans*가 존재할 때 더욱 의미가 있었다. 1999년 Hermann 등은 1,400병상의 3차 의료기관에서 1986년부터 1988년까지 3년 동안 약 67,700건의 각종 임상검체에서 분리된 효모양 진균과 세균을 분석하여, 진균 단독 또는 진균과 세균이 함께 분리된 그룹(F-group)과 세균만 분리되거나 무균인 그룹(N-group)으로 나누어 비교하였다[10]. 모든 유형의 검체에서 *Enterobacter*종이 F-group에서 일정하게 많이 분리되어 *Enterobacter*종이 칸디다와 관련된 혼합감염에 관련이 될 것으로 추측하였으며, 소변과 생식기 검체에서는 임상적으로 중요한 세균 중 *Enterobacter*종, *Escherichia coli*, *Pseudomonas aeruginosa*, *Streptococcus faecalis*가 F-group에서 의미있게 많이 분리되었다. *N. gonorrhoeae*는 본 연구의 결과와 유사하게 N-group에서 많이 분리되었으며, 통계적으로 유의한 차이를 보였다. 그러나 아직까지 칸디다 유무에 따른 균무리의 분포 차이가 미생물 간의 상승 또는 억제작용인지, 우연히 특정 환자들에서 발생하는 특수한 상황인지, 집락화와 감염 사이의 중요한 기전 중의 하나인지 등에 관하여 평가할 수는 없었다.

또한 호흡기 감염에서의 *P. aeruginosa*와 *C. albicans*의 상호작용 가능성을 이해하기 위한 연구에서, *P. aeruginosa*와 *C. albicans*를 함께 배양하였을 때 *P. aeruginosa*가 *C. albicans*의 군사에 조밀한 군막(dense biofilm)을 형성하여 결국 *C. albicans*를 사멸시키는 것으로 보고된 바 있다[19]. 이때 *P. aeruginosa*는 *C. albicans*가 효모양 모양으로 존재할 때에는 *C. albicans*에 부착하지도 못하고 사멸시키지도 못하는 것으로 확인되었다.

그러므로 본 연구가 비록 일부 균종의 분포 차이만을 분석하였고 균종 간 분포 차이에 관한 근거나 관련 유전학적 연구를 시행하지 못한 제한점을 가지고 있지만, 칸디다와 다른 미생물 간의 상호작용 연구는 흥미로운 주제이며, 특히 *C. albicans*가 진균 감염에서 가장 문제가 되는 균종 중의 하나이기 때문에 진균과 세균의 상호작용에 관한 연구의 대부분은 *C. albicans*와 세균간의 상호작용에 관한 내용이 될 것으로 생각된다. 또한 이들 간의 상호작용에서 진균의 독력을 연구하는 것은 첫째, 많은 경우에서 *C. albicans*가 주로 자신에게 있던 상재균으로부터 감염이 된다는 사실, 둘째, 단일 균종에 의한 감염과 진균과 세균의 혼합감염은 명백히 다른 성상을 가진다는 것, 셋째, 칸디다와 세균 사이의 관계를 연구하고 이해하는 것은 칸디다의 생태를 이해하고 나아가 칸디다 감염을 조절하는 새로운 전략을 개발하는 데 도움이 될 수 있을 것이기 때문에 중요하다고 여겨지고 있다[20].

결론적으로 진균과 다른 미생물간의 상호작용 가능성을 연구하기 위하여 시도한 본 연구를 통하여 질염 증상을 가진 여

성의 질 내 칸디다와 일부 균종의 관련 가능성을 추측할 수 있었으며, 향후 칸디다와 미생물 간의 상호작용 확인과 기전을 밝히기 위한 추가적인 다양한 연구가 필요하다고 사료되었다.

감사의 글

이 논문은 2009년도 정부(교육과학기술부)의 재원으로 한국연구재단의 지원을 받아 수행된 기초연구사업임(2009-0077675).

참 고 문 헌

- Mirmonsef P, Gilbert D, Zariffard MR, Hamaker BR, Kaur A, Landay AL, et al. The effects of commensal bacteria on innate immune responses in the female genital tract. *Am J Reprod Immunol* 2011;65:190-5.
- Wira CR, Fahey JV, Sentman CL, Pioli PA, Shen L. Innate and adaptive immunity in female genital tract: cellular responses and interactions. *Immunol Rev* 2005;206:306-35.
- Forsum U, Holst E, Larsson PG, Vasquez A, Jakobsson T, Mattsby-Baltzer I. Bacterial vaginosis--a microbiological and immunological enigma. *APMIS* 2005;113:81-90.
- Keane FE, Thomas BJ, Gilroy CB, Renton A, Taylor-Robinson D. The association of *Chlamydia trachomatis* and *Mycoplasma genitalium* with non-gonococcal urethritis: observations on heterosexual men and their female partners. *Int J STD AIDS* 2000;11:435-9.
- Tibaldi C, Cappello N, Latino MA, Masuelli G, Marini S, Benedetto C. Vaginal and endocervical microorganisms in symptomatic and asymptomatic non-pregnant females: risk factors and rates of occurrence. *Clin Microbiol Infect* 2009;15:670-9.
- Karaca M, Bayram A, Kocoglu ME, Gocmen A, Eksi F. Comparison of clinical diagnosis and microbiological test results in vaginal infections. *Clin Exp Obstet Gynecol* 2005;32:172-4.
- Sobel JD and Chaim W. Vaginal microbiology of women with acute recurrent vulvovaginal candidiasis. *J Clin Microbiol* 1996;34:2497-9.
- Boris S, Suárez JE, Vázquez F, Barbés C. Adherence of human vaginal lactobacilli to vaginal epithelial cells and interaction with uropathogens. *Infect Immun* 1998;66:1985-9.
- Boris S and Barbés C. Role played by *Lactobacilli* in controlling the population of vaginal pathogens. *Microbes Infect* 2000;2:543-6.
- Hermann C, Hermann J, Munzel U, Rüchel R. Bacterial flora accompanying *Candida* yeasts in clinical specimens. *Mycoses* 1999;42:619-27.
- Lamont RF, Sobel JD, Akins RA, Hassan SS, Chaiworapongsa T, Kusanovic JP, et al. The vaginal microbiome: new information about genital tract flora using molecular based techniques. *BJOG* 2011;118:533-49.
- Donachie SP, Foster JS, Brown MV. Culture clash: challenging the dogma of microbial diversity. *ISME J* 2007;1:97-9.
- Anderson MR, Klink K, Cohn A. Evaluation of vaginal complaints. *JAMA* 2004;291:1368-79.
- Ventolini G and Baggish MS. Recurrent fungal vulvovaginitis and its association with vaginal bacterial colonization. *J Gynecol Sure* 2001;19:153-6.
- Mårdh PA, Elshibly S, Kallings I, Hellberg D. Vaginal flora changes associated with *Mycoplasma hominis*. *Am J Obstet Gynecol* 1997;176:173-8.
- Lee HH, Ju KS, Lee KH, Won NH. Detection of *Chlamydia trachomatis*, *Mycoplasma hominis* and *Ureaplasma urealyticum* in the cervical swab and paraffin tissue with female genital tract infection. *Korean J Obstet Gynecol* 1999;42:549-55.
- Ryu JS, Chung HL, Min DY, Cho YH, Ro YS, Kim SR. Diagnosis of trichomoniasis by polymerase chain reaction. *Yonsei Med J* 1999;40:56-60.
- Franceschi S, Smith JS, van den Brule A, Herrero R, Arslan A, Anh PT, et al. Cervical infection with *Chlamydia trachomatis* and *Neisseria gonorrhoeae* in women from ten areas in four continents. A cross-sectional study. *Sex Transm Dis* 2007;34:563-9.
- Hogen DA and Kolter R. *Pseudomonas-Candida* interactions: An ecological role for virulence factors. *Science* 2002;296:2229-32.
- Wargo MJ and Hogan DA. Fungal--bacterial interactions: a mixed bag of mingling microbes. *Curr Opin Microbiol* 2006;9:359-64.

=국문초록=

질염 증상을 가진 여성에서 질 내 칸디다와 성병관련 미생물

¹성균관대학교 의과대학 강북삼성병원 산부인과학교실, ²중앙대학교 의과대학 진단검사의학교실

김계현¹, 이미경²

배경: 여성의 생식관은 여러 가지 미생물을 포함하는 다양한 이물질과 접촉하게 되며, 감염이 아닌 집락형성과 질염 사이의 균형에서 칸디다-세균의 상호작용을 고려하는 것이 중요하다. 본 연구의 목적은 질염과 미생물 분포 간 연관성을 평가하고 여성 생식관에 존재하는 칸디다와 다른 미생물 간의 상호작용 가능성을 연구하는 것이다.

방법: 2008년 10월부터 2010년 6월까지 외음질염이 의심되는 환자로부터 채취한 총 516건의 질 분비물을 대상으로 하였다. 칸디다 종동정과 배양이 까다로운 6균종의 미생물(*Trichomonas vaginalis*, *Neisseria gonorrhoeae*, *Chlamydia trachomatis*, *Mycoplasma hominis*, *Mycoplasma genitalium*, 그리고 *Ureaplasma urealyticum*) 검출은 각각 VITEK 2 system (bioMérieux, Inc., Hazelwood, MO, USA)과 다중 PCR (Seegene, Biotechnology, Inc., Seoul, Korea)을 사용하여 시행하였다.

결과: *M. genitalium*, *U. urealyticum*, 그리고 *C. trachomatis*가 질 칸디다증과 관련하여 더 많이 검출되었고, *M. genitalium*은 통계적으로 유의하게 많이 검출되었다($P < 0.05$). *N. gonorrhoeae*는 질 칸디다증이 있는 경우에 더 적게 검출되었다.

결론: 본 연구는 질염에서 질 내 칸디다가 일부 균종과 관련될 가능성을 시사한다. 그러므로 향후 칸디다와 미생물 간의 상호작용 확인과 기전을 밝히기 위한 추가적인 다양한 연구가 필요하다고 사료되었다. [대한임상미생물학회지 2012;15:49-53]

교신저자 : 이미경, 156-755, 서울시 동작구 흑석로 102
중앙대학교 의과대학 진단검사의학교실
Tel: 02-6299-2719, Fax: 02-6298-8630
E-mail: cpworld@cau.ac.kr