Universitätsklinikum Ulm
Institut für Medizinische Mikrobiologie und Hygiene
Ärztlicher Direktor: Prof. Dr. med. Steffen Stenger
und
MVZ Labor Dr. Gärtner & Kollegen, Ravensburg
Ärztlicher Leiter: Prof. Dr. med. Guido Funke

Untersuchungen zur Anwendbarkeit der ”Matrix-assisted Laser Desorption/Ionization Time-of-Flight Mass Spectrometry” - Technik für die Identifikation von klinisch relevanten, coryneformen Bakterien

Dissertation zur Erlangung des Doktorgrades der Medizin der Medizinischen Fakultät der Universität Ulm

vorgelegt von

Cornela Waibel
geboren in Ravensburg

2012

Amtierender Dekan:	Prof. Dr. med. Thomas Wirth
1. Berichterstatter:	Prof. Dr. med. Guido Funke
2. Berichterstatter:	PD. Dr. med. Georg von Boyen

Tag der Promotion: 13.07.2012

Meinen Eltern

Inhaltsverzeichnis

Abkürzungsverzeichnis III

1. Einleitung…… 1

2. Material und Methoden…… 5

2.1 Material……. 5
2.1.1 Informationen über die untersuchten Bakterienstämme……... 5
2.1.2 Chemikalien, Enzyme, Kits, Nährböden, Primer…… 16
2.1.3 Geräte, Materialien…….. 18
2.1.4 Software…… 19

2.2 Methoden…….. 20
2.2.1 Kulturbedingungen…….. 20
2.2.2 MALDI-TOF MS……... 20
2.2.3 API Coryne Testsystem…….. 24
2.2.4 Molekularbiologie……. 29
2.2.5 Hinweise zur Statistik…….. 35

3. Ergebnisse…….. 36

3.1 Untersuchung der Stammsammlung mit MALDI-TOF MS……... 36
3.1.1 Ergebnisübersicht…… 36

3.2 Vergleich der Speziesidentifikation mit MALDI-TOF MS nach Kultivierung der Bakterien auf unterschiedlichen Nährböden bzw. nach Vorbehandlung des Bakterienschmierpräparates mit 70%iger Ameisensäure…….. 48
3.2.1 Ergebnisübersicht…… 48
3.2.2 Statistische Auswertung……. 54

3.3 Vergleich der Speziesidentifikation mit MALDI-TOF MS und dem API Coryne Testsystem…….. 57
3.3.1 Ergebnistabelle..…….. 57
3.3.2 Übersicht der Ergebnisse der 16S rRNA Gen-Sequenzierung zur Speziesidentifikation……... 83
3.3.3 Häufigkeitsverteilung der coryneformen Bakterienspezies…….. 86
3.3.4 Ergebnisübersicht…… 87

4. Diskussion…….. 95

4.1 Schlussfolgerung…… 131

5. Zusammenfassung……... 135

6. Literaturverzeichnis…….. 137

Anhang…….. 146

Ergänzende Ergebnistabellen mit Originaldaten…….…….. 146
1. Untersuchung der Stammsammlung mit MALDI-TOF MS – Ergebnistabellen der untersuchten Spezies…… 146
2. Vergleich der Speziesidentifikation mit MALDI-TOF MS nach Kultivierung der Bakterien auf unterschiedlichen Nährböden bzw. nach Vorbehandlung des Bakterienschmierpräparates mit 70%iger Ameisensäure – Ergebnistabellen der untersuchten Spezies…….. 202
3. Vergleich der Speziesidentifikation mit MALDI-TOF MS und dem API Coryne Testsystem – ergänzende Ergebnistabelle…… 236

Danksagung…… 286
Lebenslauf…… 287

Abkürzungsverzeichnis

A	Adenin
A.	*Actinomyces*
	Arthrobacter
ATCC	American Type Culture Collection
B.	*Brevibacterium*
BAP	Blood Agar Plate
BD	Becton Dickinson & Company
BLAST	Basic Local Alignment Search Tool
bp	base pairs
BTS	Bruker Bacterial Test Standard
C	Cytosin
C.	*Corynebacterium*
°C	Grad Celsius
CAMP-Test	Test zum Nachweis des CAMP-Faktors, benannt nach den Entdeckern Christie, Atkins, Munch-Petersen
CAT	Katalase-Test
CDC	Centers for Disease Control and Prevention
CIP	Collection de l`Institut Pasteur
CNA	Colistin-Nalidixinsäure Agar
CO_2	Kohlenstoffdioxid
Col	Columbia Agar
D.	*Dermabacter*
ddATP	2´,3´-Didesoxyadenosin-5´-triphosphat
ddCTP	2´,3´-Didesoxycytidin-5´-triphosphat
ddGTP	2´,3´-Didesoxyguanosin-5´-triphosphat
ddNTP	2´,3´-Didesoxynucleosid-5´-triphosphat
ddTTP	2´,3´-Didesoxythymidin-5´-triphosphat
DNA	Desoxyribonukleinsäure
dNTP	2´-Desoxynucleosid-5´-triphosphat
DSM	Deutsche Sammlung von Mikroorganismen
ESC	β-Glucosidase-Test (Substrat Esculin)
et al.	et alii

g	Gramm
g	Erdbeschleunigung
G	Guanin
βGAL	β-Galactosidase-Test
GLU	Glucose-Fermentations-Test
αGLU	α-Glucosidase-Test
GLYG	Glycogen-Fermentations-Test
βGUR	β-Glucuronidase-Test
h	Stunde(n)
H_2O	Wasser
hz	Hertz
I	Stromstärke
Inc.	Incorporated (Aktiengesellschaft)
kV	Kilovolt
LAC	Lactose-Fermentations-Test
M.	*Microbacterium*
M	molar, Mol/l
m	Masse
mA	Milliampère
MALDI-TOF MS	matrix-assisted laser desorption/ionization time-of-flight mass spectrometry
MAL	Maltose-Fermentations-Test
MAN	Mannitol-Fermentations-Test
MgCl	Magnesiumchlorid
min	Minute(n)
ml	Milliliter
Mögl.	Möglichkeit
mV	Millivolt
MVZ	Medizinisches Versorgungszentrum
m/z-Quotient	Masse/Ladungs-Quotient
µl	Mikroliter
n	Anzahl
NaCl	Natriumchlorid
βNAG	N-Acetyl-β-Glucosaminidase-Test
neg.	negativ

NIT	Nitrat-Reduktion-Test
ns	Nanosekunde(n)
numm. Code	nummerischer Code
pmol	Picomol
PAL	alkalische Phosphatase-Test
PCR	Polymerasekettenreaktion
PEG	perkutane endoskopische Gastrostomie
pH	pondus Hydrogenii
PYRA	Pyrrolidonyl-Arylamidase-Test
PYZ	Pyrazinamidase-Test
RIB	Ribose-Fermentations-Test
RNA	Ribonukleinsäure
rpoB Gen	Gen, das für die Beta-Untereinheit der bakteriellen RNA-Polymerase kodiert
rRNA	ribosomale Ribonukleinsäure
SAC	Saccharose-Fermentations-Test
SB	Sodium borate (Natriumborat)
sec	Sekunde(n)
Seq.	Sequenz
sp.	Spezies
sp. nov.	species nova
spp.	Spezies (Plural)
subsp.	Subspezies
^{T}	Typenstamm
T	Thymin
Taq	*Thermus aquaticus*
Tris	Tris(hydroxymethyl)-aminomethan
U	Spannung
URE	Urease-Test
UV	ultraviolett
V	Volt
W	Watt
XYL	Xylose-Fermentations-Test
z	Ladungszahl

1. Einleitung

Die vorliegende Arbeit beschäftigt sich mit der Untersuchung coryneformer Bakterien mit der “matrix-assisted laser desorption/ionisation time-of-flight mass spectrometry (MALDI-TOF MS)“-Technik zur Speziesidentifikation in der medizinischen Mikrobiologie. Seit 1975 wurden massenspektrometrische Verfahren zur Identifizierung von Mikroorganismen untersucht (Anhalt J P u. Fenselau C 1975).

Bei der MALDI-TOF Massenspektrometrie wird das Untersuchungsmaterial im Verhältnis von ca. 1:1000 in ein Matrixmaterial eingebettet, kokristallisiert und anschließend mit einem Laserstrahl in einem Vakuum beschossen. Als Matrixmaterial dienen hierzu z. B. Zimtsäure-Derivate oder Benzoesäure-Derivate, die im Energiebereich des verwendeten Lasers Energie absorbieren. Es kommt zum Verdampfen und zur Ionisation der Matrix, welche den Analyten mitreist und ebenfalls ionisiert. Für den Analyten ist diese Matrix-unterstützte Laser-Absorption und Ionisation schonender, da die enthaltenen Proteine weniger fragmentiert werden.
Durch Anlage eines elektrischen Feldes werden die verdampften und ionisierten Proteine (d. h. protonierte Proteine bei Analyse im positiven Ionenmodus) beschleunigt. Die nach Durchlaufen des elektrischen Feldes resultierende Geschwindigkeit der Proteine ist abhängig von der Masse und der Ladung des Proteins, d. h. vom Masse/Ladungs-Quotient (m/z-Quotient). Anschließend durchlaufen die Proteine ein Flugrohr im Vakuum, in welchem die Proteine entsprechend ihrer jeweiligen Fluggeschwindigkeit aufgetrennt werden. Der Detektor am Ende des Flugrohrs misst die Intensität der eintreffenden Proteine in Abhängigkeit zur Flugzeit (time-of-flight, TOF) bzw. in Abhängigkeit zum entsprechenden m/z-Quotienten. Die Flugzeit verhält sich proportional zum m/z-Quotienten und es kann ein Massenspektrum (Intensität über m/z-Quotient) aufgezeichnet werden. Das erhaltene Massenspektrum wird anschließend mit den in einer Datenbank hinterlegten Massenspektren der gespeicherten Bakterienspezies verglichen und hierdurch die vorliegende Bakterienspezies bestimmt.

Seit 1996 wurde die Speziesdiagnostik von Mikroorganismen mittels MALDI-TOF MS beschrieben (Claydon et al. 1996; Holland et al. 1996; Krishnamurthy et al. 1996 a; Krishnamurthy u. Ross 1996 b). Es zeigte sich, dass die direkte Analyse ganzer Bakterienzellen mit MALDI-TOF MS möglich ist. Im Bereich 2000-20000 Da gelangen

vor allem ribosomale Proteine zur Auswertung, die unabhängig von den gewählten Kulturbedingungen exprimiert werden, sodass reproduzierbare Spektren erhalten werden. Anfangs wurde versucht, in den Massenspektren einzelne Markerpeaks für charakteristische "biomarker ions" zu finden, anhand derer eine Spezies- und Gattungszuordnung erfolgen kann. Parallel hierzu wurde zunehmend versucht mittels ganzer Fingerprintspektren eine Datenbank aufzubauen und die Bakterienidentifikation anhand des Spektrenvergleichs mit der Datenbank zu ermöglichen (Fenselau u. Demirev 2001). Hierzu war es nötig Algorithmen zu entwickeln, damit dieser Spektrenvergleich automatisch erfolgen konnte (Jarman et al. 2000). Für den Einsatz von MALDI-TOF MS zur Speziesidentifikation in der Routinediagnostik war vor allem die Entwicklung einer umfangreichen Datenbank mit Referenzspektren nötig.
Derzeit bieten die Firma Bruker Daltonik, Bremen, und die Firma AnagnosTec/Shimadzu, Zossen/Duisburg, MALDI-TOF MS Komplettsysteme in Form von Hard- und Software mit integrierter Spektrendatenbank zur Speziesdiagnostik von Mikroorganismen an.
Im Rahmen dieser Arbeit wurde mit dem MALDI Biotyper System der Firma Bruker Daltonik, Bremen, gearbeitet.

Für viele Bakteriengattungen und Bakterienspezies wurde kürzlich in Studien nachgewiesen, dass mit MALDI-TOF MS eine schnelle, kostengünstige und verlässliche Routinediagnostik im Bereich der medizinischen Mikrobiologie möglich ist (Alatoom et al. 2011, Barbuddhe et al. 2008, Bessède et al. 2011, Bizzini A et al. 2010, Cherkaoui A et al. 2010, Cherkaoui A et al. 2011, Couturier et al. 2011, Eigner et al. 2009, Lartigue et al. 2009, Mellmann et al. 2009 a; Neville S A et al. 2011; Saffert et al. 2011, Saleeb et al. 2011; Seng P et al. 2009; Szabados F et al. 2010; van Veen et al. 2010, Verroken A et al. 2010).

Ein großer Vorteil der MALDI-TOF MS Methode besteht darin, dass häufig schon 24h nach Probeneingang, teils nach nur einem Kultivierungsschritt des eingegangenen Untersuchungsmaterials, ein mikrobiologischer Teilbefund in Bezug auf die Speziesidentifikation vorliegt, da ein Bruchteil einer Bakterienkolonie für die Identifizierung mit MALDI-TOF MS ausreichend ist. Mit den bisherigen Identifikationssystemen basierend auf den verschiedenen Stoffwechselreaktionen der Bakterien (z.B. Vitek2-System oder API-System, bioMérieux, Marcy l`Etoile, Frankreich) ist mindestens ein weiterer, die Bakterienzellen vermehrender Kultivierungsschritt nötig, sodass eine Speziesidentifikation oft erst nach 2-3 Tagen vorliegt. In Bezug auf eine zielgerichtete Antibiotikatherapie ist die

frühzeitige Identifikation des Erregers schon vor dem Vorliegen der Resistenztestung bedeutsam. Somit hat MALDI-TOF MS in jüngster Zeit in viele mikrobiologische Labore Einzug gehalten und die bisherige Bakterienidentifizierung auf Grund von Stoffwechselreaktionen zumindest teilweise abgelöst.

Für die heterogene Gruppe der coryneformen Bakterien war bisher noch nicht der Nachweis in einer großen Studie erbracht worden, dass mittels MALDI-TOF MS eine verlässliche Identifizierung in der mikrobiologischen Routinediagnostik möglich ist.
Zu den coryneformen Bakterien zählen die aerob wachsenden, nicht sporenbildenden, nicht partiell-säurefesten, irregulär geformten, grampositiven Stäbchen (Funke et al.1997 d). Taxonomisch gehören die coryneformen Bakterien zur Klasse der *Actinobacteria*. Zu den coryneformen Bakterien zählen die eigentliche Gattung *Corynebacterium* mit derzeit ca. 45 medizinisch relevanten Spezies und weitere Gattungen wie *Arcanobacterium*, *Actinomyces, Arthrobacter*, *Brachybacterium*, *Brevibacterium*, *Cellulosimicrobium*, *Curtobacterium*, *Exiguobacterium*, *Dermabacter*, *Leifsonia*, *Microbacterium*, *Oerskovia*, *Pseudoclavibacter*, *Rothia* (von dieser Gattung nur die stäbchenförmigen Spezies) und *Turicella*.

Viele medizinisch relevante Spezies aus der Gruppe der coryneformen Bakterien wurden in den 1990er Jahren erstmalig beschrieben. Doch auch in jüngster Zeit werden weiterhin regelmäßig neue, medizinisch relevante Vertreter entdeckt wie z. B. *Brevibacterium ravenspurgense* sp. nov. und *Arthrobacter sanguinis* sp. nov. (Mages et al. 2008), *Corynebacterium freiburgense* sp. nov. (Funke et al. 2009) und *Actinomyces hominis* sp. nov. (Funke et al. 2010). Viele Vertreter der coryneformen Bakterien sind Bestandteil der Normalflora der Haut und Schleimhäute des Menschen. Coryneforme Bakterien können jedoch auch als Erreger von schweren Infektionen (je nach Erreger in verschiedenen Bereichen) und als Erreger opportunistischer Infektionen nachgewiesen werden. Teilweise existieren multiresistente Bakterienstämme bzw. multiresistente Spezies. Der bekannteste Infektionserreger der coryneformen Bakterien ist die Spezies *Corynebacterium diphtheriae*, welche durch ein phagenkodiertes Exotoxin die Rachen- und Wunddiphtherie verursachen kann.

Im ersten Teil der vorliegenden Arbeit wurde die Speziesdiagnostik mit MALDI-TOF MS an 965 Bakterienstämmen (11 Gattungen / 55 Bakterienspezies / 4 Subspezies) aus der Stammsammlung coryneformer Bakterien von Prof. Dr. med. G. Funke gestestet.

Im zweiten Teil der Arbeit wurden 218 Bakterienstämme (11 Gattungen / 55 Spezies / 4 Subspezies) mit der Fragestellung untersucht, ob die Wahl des Nährbodens (Columbia 5%-Blutagarplatten, CNA Blutagarplatten, Schokoladenagarplatten) oder die Vorbehandlung mit 70%iger Ameisensäure zum Aufbrechen der Bakterienzellwände einen Einfluss auf das MALDI-TOF MS Testergebnis haben.

Im dritten Teil der Arbeit erfolgte ein Vergleich der Speziesidentifikation mit MALDI-TOF MS und dem API Coryne-Testsystem (bioMérieux, Marcy l`Etoile, Frankreich) anhand von 509 coryneformen Bakterienstämmen, welche in der mikrobiologischen Routinediagnostik des MVZ Labor Dr. Gärtner & Kollegen, Ravensburg, während eines Zeitraums von ca. 3 Monaten konsekutiv gesammelt wurden. Bei diskrepanten Ergebnissen erfolgte die Speziesidentifikation durch 16S rRNA Gen-Sequenzierung als Goldstandard.

Ziel dieser Arbeit ist es zu untersuchen, ob mit MALDI-TOF MS - hier getestet am MALDI Biotyper System der Firma Bruker Daltonik, Bremen - eine valide Speziesidentifikation coryneformer Bakterien in der mikrobiologischen Routinediagnostik möglich ist.

2. Material und Methoden

2.1 Material

2.1.1 Informationen über die untersuchten Bakterienstämme

Die im ersten Teil dieser Arbeit untersuchten 965 Bakterienstämme kommen aus der Stammsammlung von Prof. Dr. med. G. Funke, Medizinische Mikrobiologie und Hygiene, MVZ Labor Dr. Gärtner & Kollegen, Ravensburg.
Die Bakterienstämme der Stammsammlung waren bei -20°C in steriler Magermilch aufbewahrt worden.

Für den Vergleich der Identifikationssysteme API Coryne und MALDI-TOF MS wurden im Zeitraum von Ende November 2009 bis Ende Februar 2010 509 Isolate coryneformer Bakterien in der mikrobiologischen Routinediagnostik des MVZ Labor Dr. Gärtner & Kollegen, Ravensburg, konsekutiv gesammelt.

2.1.1.1 Liste der getesteten Bakterienstämme (*n*=965) der Stammsammlung:

Genus *ACTINOBACULUM*

Actinobaculum schaalii (*n*=3)

G909 G1026 G1120

Actinobaculum urinale (*n*=1)

G1090

Genus *ACTINOMYCES*

Actinomyces europaeus (*n*=17)

509	747	1113	1284	2126	2127
2128	2233	2240	2241	2242	2243
2244	3005	3076	3486	G1043	

Actinomyces graevenitzii (*n*=2)

3508 G1065

Actinomyces neuii subsp. *anitratus* (*n*=27)

50	176	219	256	1157	1199
1218	1220	1268	1393	1531	1578
1610	1627	1684	1688	1702	1711
1725	1794	1831	1885	1907	2028
2050	2057	3390			

Actinomyces neuii subsp. *neuii* (*n*=22)

87	97	222	246	268	361
362	383	1184	1537	1612	1621
1689	1709	1804	1817	1988	2264
3094	3143	3378	3387		

Actinomyces radingae (*n*=3)

969 2234 3416

Actinomyces turicensis (*n*=13)

813	970	2271	2275	2305	2351
2363	2529	2581	3331	3485	3487
3505					

Genus *ARCANOBACTERIUM*

Arcanobacterium bernardiae (*n*=13)

G224	G246	G273	G410	G1052	G1141
2270	2403	3244	3330	3391	3459
3471					

Arcanobacterium haemolyticum (*n*=27)

892	1315	1497	1835	2365	2388
2392	2424	2535	3130	3158	G14
G75	G127	G209	G213	G227	G250
G261	G321	G322	G424	G425	G465
G484	G607	G612			

Arcanobacterium pyogenes (*n*=5)

518	937^{T}	938	939	940

Genus *ARTHROBACTER*

Arthrobacter cumminsii (*n*=25)

445	483	537	1361	1378	1391
1490	1515	2279	2358	2554	2558
2591	3147	3406	3419	3452	G124
G219	G300	G352	G664	G720	G740
G742					

Arthrobacter oxydans (*n*=9)

1369	1655	1656	1659	1660	1662
1663	G115	G120			

Genus *BREVIBACTERIUM*

Brevibacterium casei (*n*=38)

106	108	142	156	254	381^{T}
384	392	393	402	414	464
466	470	481	482	484	485
487	488	532	534	543	544
553	559	572	583	584	585
589	590	594	605	606	612
613	617				

Brevibacterium epidermidis (*n*=1)

603^{T}

Brevibacterium mcbrellneri (*n*=7)

670	1245	1246	1248	1249	1250
3092					

Genus *CORYNEBACTERIUM*

Corynebacterium accolens (*n*=1)

3482

Corynebacterium afermentans subsp. *afermentans* (*n*=7)

545^{T}	1305	1383	1768	1829	2118
2268					

Corynebacterium afermentans subsp. *lipophilum* (*n*=4)

886	997	1063	1996

Corynebacterium amycolatum (*n*=53)

36	63	69	72	103	183
213	265	274	278	307	323
345	455^{T}	458	546	548	1023
1444	1573	1602	1646	1647	1765
1767	1788	1792	1808	1819	1825
1826	1840	1856	1857	1858	1859
1860	1875	1886	1887	1928	1940
1941	1966	1971	1979	1983	2034
2035	2043	2816	3609	G659	

Corynebacterium argentoratense (*n*=11)

1187	1336	1619	2327	2328	2329
2330	2332	2348	2734	G251	

Corynebacterium auris (*n*=39)

328^{T}	355	399	430	442	460
461	526	527	554	555	857
1121	1128	1152	1202	1205	1208
1211	1734	1735	1737	1739	1741
1742	1744	1745	1747	1748	1749
1750	1751	1752	1753	1755	1756
1757	1759	1803			

Corynebacterium bovis (*n*=2)

3309	G450

Corynebacterium CDC group F-1 (*n*=10)

1420	1539	2306	2323	2583	3006
3140	3376	3546	G125		

Corynebacterium confusum (*n*=3)

2439^{T}	3259	3364

Corynebacterium coyleae (*n*=31)

214^{T}	1075	1103	1415	1542	1812
1874	1879	1938	1973	2082	2352
2532	3129	3139	3231	3276	3353
3415	3451	3495	3509	G68	G70
G101	G194	G269	G289	G290	G315
G320					

Corynebacterium diphtheriae (*n*=32)

6	20	88	477	694	947
1314	1320	1454	1682	1890	1935
1936	1982	1995	1997	1998	1999
2595	2596	2597	2598	2601	2634
2658	2661	2667	2670	2674	2689
2698	3522				

Corynebacterium durum (*n*=32)

G1054	G1062	G1132	2703	2705	2707
2708	2714	2723	2727	2729	2732
2736	2740	2741	2743	2782	2783
2784	2785	2786	2787	2788	2790
2791	2792	2793	2795	2796	2797
2800	2801				

Corynebacterium falsenii (*n*=10)

1915	3372	2537^{T}	2569	2570	2571
3440	G133	G779	G1024		

Corynebacterium freneyi (*n*=20)

2319	2484	2586	3008	3017	3034
3077	3078	3171	3172	3228	3229
3296	3297	3437	3526	3527	G22
G675	G676				

Corynebacterium glucuronolyticum (*n*=57)

255	751	838	842	944	987
1019	1026	1027	1201	1223	1226
1228	1254	1255	1257	1259	1260
1267	1279	1282	1285	1302	1344
1346	1396	1405	1416	1417	1436
1439	1443	1472	1473	1485	1486
1784	1793	1798	1801	1815	1816
1820	1821	1824	1827	1837	1841
1843	1844	1845	1847	1861	1862
2273	3557	3573			

Corynebacterium imitans (*n*=4)

2023	2430	2513	3409

Corynebacterium jeikeium (*n*=40)

230	242	271	302	303	408
1380	1434	1945	1946	1947	1948
1949	1950	1951	1952	1953	1954
1955	1956	1957	1958	1959	1960
1961	1962	1963	1964	2037	2059
2623	2625	2626	2627	2630	2632
2635	2646	3305	3484		

Corynebacterium kroppenstedtii (*n*=1)

3565

Corynebacterium lipophiloflavum (*n*=10)

1944^{T}	3010	G1145	G1146	G1147	G1148
G1149	G1150	G1151	G1152		

Corynebacterium macginleyi (*n*=32)

228	1427	2477	2493	2580	2629
2738	2824	3046	3059	3162	3304
3392	3403	3407	3420	3460	3466
3478	G42	G80	G83	G103	G105
G106	G112	G126	G136	G168	G208
G210	G233				

Corynebacterium matruchotii (*n*=1)

3036

Corynebacterium minutissimum (*n*=28)

138	224	295	326	415	693
790	843	928	993	994	995
1039	1041	1044	1047	1048	1051
1052	1068	1073	1981	1984	1985
2061^{T}	3232	3236	3284		

Corynebacterium mucifaciens (*n*=25)

300	341	394	418	2125	2278
3058	3214	3215	3374	3389	G90
G162	G198	G199	G200	G279	G385
G784	G924	G964	G977	G1009	G1021
G1025					

Corynebacterium propinquum (*n*=5)

1306	1683	1814	3325	3383

Corynebacterium pseudodiphtheriticum (*n*=39)

30	38	68	73	93	471
766	1061	1239	1406	1447	1577
1672	1989	1990	2084	2117	2120
2283	G516	G521	G522	G523	G524
G525	G526	G527	G528	G529	G530
G532	G535	G536	G537	G540	G544
G548	G549	G550			

Corynebacterium pseudotuberculosis (*n*=8)

960	962	G121	G152	G494	G534
G616	G870				

Corynebacterium riegelii (*n*=8)

2415^{T}	2582	3128	3240	3324	3441
3453	G942				

Corynebacterium simulans (*n*=1)

3576

Corynebacterium striatum (*n*=46)

238	287	511	831	839	942
1005	1091	1317	1421	1448	1451
1491	1527	1728	1806	1807	1854
1929	1967	1968	1969	1970	1975
2060	2602	2611	2612	2633	2637
2638	2639	2640	2641	2644	2645
2647	2648	2656	2668	2671	2672
2677	2678	2685	3607		

Corynebacterium sundsvallense (*n*=2)

3322 3323

Corynebacterium thomssenii (*n*=1)

3081

Corynebacterium tuberculostearicum (*n*=36)

235	261	473	476	788	934
1308	1481	1482	1498	1499	1534
1548	1574	2085	2089	2265	2285
2324	2360	2362	2389	2449	2572
2619	2680	2681	2737	2739	2822
2825	2851	3494	3528	3529	3531

Corynebacterium ulcerans (*n*=9)

957	958	959	2063	2064	G145
G223	G324	G325			

Corynebacterium urealyticum (*n*=21)

874	897	908	1028	1313	1379
1433	1791	2071	2072	2073	2074
2075	2076	2077	2078	2079	2080
2251	G65	G147			

Corynebacterium xerosis (*n*=1)

1504

Genus *DERMABACTER*

Dermabacter hominis (*n*=42)

244	273	291	301	403	424
427	452	513	517	519	529
574	575	576	577	593	596
597	599	626	627	628	629
630	631	632	634	635	783
824	935	986	1017	1038	1096
1104	1217	1901	1978	2036	2354

Genus *EXIGUOBACTERIUM*

Exiguobacterium acetylicum (*n*=1)

3219

Genus *MICROBACTERIUM*

Microbacterium oxydans (*n*=8)

2083	2345	2350	2704	2841	3227
G297	G407				

Microbacterium paraoxydans (*n*=7)

2470	3109	3131	3200	G1	G58
G428					

Genus *ROTHIA*

Rothia dentocariosa (*n*=19)

G24	G29	G123	G475	G990	G1018
G1037	G1068	847	948	2713	2719
2720	2722	2724	2726	2731	2733
2752					

Genus *TURICELLA*

Turicella otitidis (*n*=45)

18	71	234^{T}	262	272	410
411	425	429	431	433	436
437	441	446	447	448	449
450	451	462	465	467	469
479	512	520	524	525	528
531	556	1736	1738	1740	1743
1746	1754	1853	1891	1892	1976
1977	2016	2231			

2.1.2 Chemikalien, Enzyme, Kits, Lösungen, Nährböden, Primer

Acetonitril	Sigma-Aldrich Chemie, Steinheim
Agarose, SeaKem® LE Agarose	Biozym, Oldendorf
Ameisensäure	Sigma-Aldrich Chemie, Steinheim
Ampuwa®	Fresenius Kabi, Bad Homburg v.d.H.
API Coryne	bioMérieux, Marcy l´Etoile, Frankreich
Aqua dest. / Water	Sigma-Aldrich Chemie, Steinheim
100 Base-Pair Ladder	USB Corporation, Cleveland, USA
Big Dye® Terminator v 1.1 Cycle Sequencing Kit	Applied Biosystems, Weiterstadt
BigDye Terminator, v 1.1, v 3.1 5 x Sequencing Buffer	Applied Biosystems, Weiterstadt
Boric Acid, Ultrapure, MB Grade 1 x SB-Puffer, 10mM Borat-Puffer	USB Corporation, Cleveland, USA
Bruker Bacterial Test Standard (BTS)	Bruker Daltonik, Bremen
α-Cyano-4-Hydroxy-Zimtsäure (portioniert)	Bruker Daltonik, Bremen
Desoxyribonukleosidtriphosphate (je 0,1M) dATP, dTTP, dGTP, dCTP	MBI Fermentas, St. Leon-Rot
DyeEx™ 2.0 Spin Kit	Qiagen, Hilden
Ethanol	Sigma-Aldrich Chemie, Steinheim
Ethidiumbromid	Merck, Darmstadt
Ficoll	Sigma-Aldrich Chemie, Steinheim
Hi-Di™ Formamid	Applied Biosystems, Weiterstadt

ID-ASE	bioMérieux, Marcy l`Etoile, Frankreich
MSB Spin PCRapace Kit	Invitek, Berlin
NaCl NaCl 0,9% Lösung	Merck, Darmstadt
Nährböden:	
BD Columbia Agar with 5% Sheep Blood	BD Biosciences, Heidelberg
Col BAP CNA	heipha, Eppelheim
BD Chocolate BAP	BD Biosciences, Heidelberg
Paraffinöl	Merck, Darmstadt
POP-6™ Performance Optimized Polymer 6	Applied Biosystems Weiterstadt
Primer: TPU-1 RTU-3	MWG Biotech, Ebersberg
Reagenzien zur Auswertung des API Coryne Teststreifens: NIT 1 / NIT 2 (Essigsäure), PYZ (2-Methoxyethanol) Zym A (Tris) Zym B (Methanol)	bioMérieux, Marcy l`Etoile, Frankreich
Taq Polymerase (Q-Solution, 25mM $MgCl_2$, PCR Buffer 10 x)	Qiagen, Hilden
Trifluoressigsäure	Sigma-Aldrich, Steinheim
TRIS TRIS-Puffer, 10mM, pH9	Sigma-Aldrich, Steinheim
Xylencyanol-Farbstoff	Sigma-Aldrich, Steinheim
Zink (gekörnt)	Merck, Darmstadt

2.1.2.1 Primersequenzen:

Sense-Primer TPU-1: AGAGTTTGATCMTGGCTCAG
1→20 (8→27*)
Antisense-Primer RTU-3: GWATTACCGCGGCKGCTG
1→18 (535←518*)

K = G oder T
M = A oder C
W = A oder T

*entspricht der relativen Lage im *Escherichia coli* 16S rRNA Gen EMBL/GenBank Accession number J01859

2.1.3 Geräte, Materialien

Brutschrank	CO_2 Auto-Zero Heraeus ThermoScientific, Bonn
DNA-Sequenzer	ABI PRISM™ 310 Genetic Analyzer Applied Biosystems, Weiterstadt
Elektrophoresekammer	Electro-4 Gel Tank, Hybaid, Heidelberg
Elektrophorese-Netzgerät	Consort E844 Consort, Turnhout, Belgien
Impfschlingen	Sarstedt, Nümbrecht
MALDI-TOF Massenspektrometer	MALDI Biotyper, microflex™ LT Serien-Nr. 254472.00061 Bruker Daltonik, Bremen
Target Platte	MSP 96 target polished steel MicroScout Plate Bruker Daltonik, Bremen
Thermocycler	Eppendorf Mastercycler® gradient Eppendorf, Hamburg
Vakuumkonzentrator	Savant DNA SpeedVac® DNA 110 ThermoScientific, Bonn

Vortex	IKA® Labortechnik, Staufen
Wasserbad	Wasserbad Julabo TW12 Julabo, Seelbach
Zentrifugen	Eppendorf Centrifuge 5415C Eppendorf Centrifuge 5424 Eppendorf, Hamburg

2.1.4 Software

BLAST-Software (Basic Local Alignement Search Tool)	http://blast.ncbi.nlm.nih.gov/Blast.cgi
Reference Sequence Database	http:// www.ncbi.nih.gov/RefSeq/
Sequencing Analysis 5.1	Applied Biosystems, Weiterstadt
E.A.S.Y. WIN32	Herolab, Wiesloch
Lasergene® DNASTAR Version 5	DNASTAR, Inc. Madison, Wisconsin, USA
API (Rapid) Coryne database 2.0	bioMérieux, Marcy l`Etoile, France
MALDI Biotyper 2.0	Bruker Daltonik, Bremen

2.2 Methoden

2.2.1 Kulturbedingungen

Für die Untersuchung der Bakterienstämme der Stammsammlung wurden die bei -20°C in Magermilch eingefrorenen Bakterienstämme aufgetaut und mit einer sterilen Plastiköse (Sarstedt, Nümbrecht) auf Columbia 5% Schafblutagarplatten (BD, Heidelberg) ausgestrichen und 24-72 h lang bei 36°C unter 5%-CO_2-Atmosphäre inkubiert.
Für den Vergleich der verschiedenen Kulturmedien wurden die Bakterienstämme parallel auf Columbia 5% Schafblutagarplatten, auf CNA Blutagarplatten (heipha, Eppelheim) und auf Schokoladenagarplatten (BD, Heidelberg) ausgestrichen und dann 24-72 h lang bei 36°C unter 5%-CO_2-Atmosphäre inkubiert.
Nach der Untersuchung mit MALDI-TOF MS wurden die Bakterienstämme der Stammsammlung und die für diese Arbeit in der Routinediagnostik gesammelten Bakterienstämme tiefgefroren gelagert, indem Kolonien von der Blutagarplatte mit einer sterilen Plastiköse bzw. mit einem sterilen Wattestäbchen aufgenommen und in einem mit steriler Magermilch gefüllten Glasröhrchen suspendiert wurden. Diese Bakteriensuspension wurde ebenfalls bei -20°C tiefgefroren.

2.2.2 MALDI-TOF MS

2.2.2.1 Herstellung der Matrixlösung:

Die vorportionierte kristalline α-Cyano-4-Hydroxy-Zimtsäure (tiefgefroren bei -20°C) der Firma Bruker Daltonik, Bremen, wurde in 250 µl organischem Lösungsmittel (bestehend aus 50% Acetonitril, 47,5% destilliertem Wasser und 2,5% Trifluoressigsäure (alle Sigma-Aldrich, Steinheim)) unter Vortexen bei Raumtemperatur gelöst. Hierbei entstand eine gesättigte Cyano-Hydroxy-Zimtsäurelösung, welche als Matrixlösung bezeichnet wird.
Die Matrixlösung ist nach Herstellerangaben unter Lichtabschluss bei Raumtemperatur für 14 Tage stabil.

2.2.2.2 Lösen des Bruker Bacterial Test Standard:

Lyophilisierter Bruker Bacterial Test Standard (BTS) (Bruker Daltonik, Bremen) wurde mit 50 µl organischem Lösungsmittel (bestehend aus 50% Acetonitril, 47,5% destilliertem Wasser und 2,5% Trifluoressigsäure) unter mehrfachem, vorsichtigem Pipettieren gelöst

entsprechend den Angaben des Herstellers. Die Lösung wurde anschließend zu 10 µl in Eppendorfgefäße aliquotiert und bei -20°C tiefgefroren gelagert.
Der BTS wurde zur regelmäßigen Gerätekalibrierung und als Kontrolle bei jeder Messreihe verwendet. Bei dem BTS handelt es sich um einen Proteinextrakt eines *Escherichia coli*-Stammes, in welchen die Proteine Ribonuklease und Myoglobin kloniert worden waren. Hierdurch ergaben sich bei der massenspektrometrischen Messung 8 Hauptpeaks im Bereich von 4365 bis 10300 Da.

2.2.2.3 Direkter Probenauftrag auf die Targetplatte durch Schmierpräparation:

Mit Hilfe eines Zahnstochers wurde wenig Material einer Bakterienkolonie von einer Agarplatte abgenommen und direkt auf jeweils zwei Messfelder der Targetplatte (MSP 96 target polished steel, Bruker Daltonik, Bremen) als dünne Schicht aufgetragen. Anschließend wurde der Bakterienfilm mit jeweils 1 µl Matrixlösung überschichtet. Die Matrixlösung kokristallisierte mit dem Bakterienfilm unter Lufttrocknung bei Raumtemperatur. Für jede Messreihe wurde außerdem ein Targetfeld mit 1 µl BTS–Lösung belegt. Nach Trocknen bei Raumtemperatur wurde das mit BTS belegte Testfeld ebenfalls mit 1 µl Matrixlösung überschichtet.

2.2.2.4 Direkter Probenauftrag auf die Targetplatte mit anschließender Behandlung mit 70%iger Ameisensäure:

Wie zuvor beschrieben wurde wenig Material einer Bakterienkolonie als dünne Schicht auf zwei Messfelder der Targetplatte aufgetragen. Anschließend wurde der Bakterienfilm mit 1 µl einer 70%igen Ameisensäurelösung (Sigma-Aldrich, Steinheim) überschichtet. Nach Luftrocknung bei Raumtemperatur wurde anschließend 1 µl Matrixlösung aufgetragen. Mit Hilfe der Ameisensäure sollten die Bakterienzellwände aufgebrochen werden, damit dann die Proteine bei der Untersuchung mit MALDI-TOF MS leichter freigesetzt werden.

2.2.2.5 Probenauftrag nach Schleimextraktion mit destilliertem Wasser bei der schleimbildenden Spezies *Corynebacterium mucifaciens*:

Eine Öse voll Bakterienmaterial wurde von der Agarplatte abgetragen und in ein 1,5 ml Eppendorfgefäß überführt. Nach Zugabe von 300 µl destilliertem Wasser wurde die Bakteriensuspension unter kurzem Vortexen homogenisiert. Anschließend wurde bei 20000 *g* für 5 min in einer Tischzentrifuge (Eppendorf Centrifuge 5424, Eppendorf, Hamburg) zentrifugiert. Der Überstand, bestehend aus im Wasser gelöstem Schleim, wurde abpippetiert und verworfen. Vom Pellet wurde mit Hilfe eines Zahnstochers eine

dünne Schicht auf zwei Messfelder der Targetplatte aufgetragen und anschließend mit 1 µl Matrixlösung überschichtet.

2.2.2.6 Massenspektrometrie mit MALDI Biotyper 2.0 der Firma Bruker Daltonik, Bremen:

Nach dem Probenauftrag auf die Targetplatte und Überschichten mit Matrixlösung wurden die Proben massenspektrometrisch mittels des MALDI Biotypers (microflex^{TM} LT MALDI TOF MS benchtop, Seriennummer 254472.00061) der Firma Bruker Daltonik, Bremen vermessen.

Die Geräteeinstellung zur Bestimmung von Mikroorganismen erfolgte durch die Firma Bruker Daltonik (positive Polarität; Ion Source 1: 20 kV; Ion Source 2: 16,65 kV; Linsenspannung 7 kV; Laser Frequenz 20 Hz; Pulsed Ion Extraction 150 ns; Messbereich Masse/Ladung-Quotient (m/z) 2000-20000 Da; automatische Peakauswahl im Bereich 4000-10000 Da).

Es wurde das automatische Messprogramm der Firma Bruker Daltonik MALDI Biotyper-Automation-Control (MALDI Biotyper 2.0 Software Paket, Bruker Daltonik, Bremen) verwendet. Hierbei erfolgt die Auswahl der Messpunkte auf einem Targetmessfeld, die Anzahl der Laser-Schüsse, die Variation der Laserenergie, die Peakauswahl und die Spektrenbearbeitung automatisch. Weiter erfolgt ein automatischer Vergleich des erhaltenen Summenspektrums mit der im Software-Programm enthaltenen Spektren-datenbank, welche in Updates regelmäßig erweitert wird. Für diese Studie enthielt die Datenbank MALDI Biotyper 2.0 zum Zeitpunkt 15.10.2009 insgesamt 3287 Spektren-einträge aus dem Bereich der Bakterien und Pilze. Als Ergebnis des Spektrenvergleichs erhält der Anwender eine Hitliste der Datenbankeinträge gelistet nach absteigender Spektrenübereinstimmung. Zu jedem Datenbankeintrag berechnet die Software automatisch einen logarithmischen Score-Wert von 0 bis 3, wobei ein theoretischer Score-Wert von 3 eine 100%ige Spektrenübereinstimmung wiederspiegelt. Der Score-Wert ist somit ein Maß für die Übereinstimmung der Spektren. Bei Proben mit einem Score-Wert <1,7 bzw. bei Proben, bei welchen in der automatischen Messung kein Peak gefunden worden war, wurde die Messung mit dem Programm MALDI Biotyper-Automation-Control wiederholt. Bei der Wiederholungsmessung wurde die Laserenergie von Hand variiert und es erfolgte von Hand die Wahl der Messpunkte auf dem Targetmessfeld, sodass Spektren mit scharf abgrenzbaren Peaks erhalten wurden. Hierfür wurden an 6 verschiedenen Targetmesspunkten Teilsummenspektren nach jeweils 40 Laser-Schüssen pro Messpunkt ermittelt und zum eigentlichen Gesamtsummenspektrum (bestehend aus

dem ermittelten Summenspektrum nach insgesamt 240 Laser-Schüssen) aufaddiert. Die Wiederholungsmessungen ergaben insbesondere dann bessere Messwerte, wenn zu wenig Probenmaterial bei lipophilen Bakterienspezies (d. h. sehr klein wachsende Bakterien, deren Koloniewachstum nach Zugabe von Lipiden wie Tween 80 deutlich zunimmt) auf die Targetplatte aufgetragen worden war. Weiter waren bei im Verlauf zunehmender Geräteverschmutzung vermehrt Wiederholungsmessungen erforderlich.
Alle Messungen mit MALD-TOF MS wurden als Doppelbestimmungen mit Probenauftrag an zwei Targetmessplätzen durchgeführt. Für die Auswertung der Messergebnisse wurde die Messung mit dem höheren Score-Wert verwendet.
Bei jedem Messlauf des Programms MALDI Biotyper-Automation-Control wurde ein Targetmessplatz mit Bruker Bacterial Test Standard (BTS) belegt und als externer Standard vermessen. Dabei ergaben sich bei jeder Messung BTS Score-Werte von >2,000.

2.2.2.7 Gerätekalibrierung:

Die Gerätekalibrierung erfolgte wöchentlich im Rahmen der Routinediagnostik mit BTS entsprechend den Empfehlungen des Herstellers im Programm Flex Control-AutoXecute-Kalibrierung (MALDI Biotyper 2.0 Software Paket).

2.2.2.8 Targetreinigung:

Zur Reinigung wurden die Targetplatten für 5 min mit 70%igem Ethanol (Sigma-Aldrich, Steinheim) überschichtet. Anschließend wurden die Targetplatten unter fließendem, heißem Leitungswasser abgerieben und gespült. Danach wurden die Targetplatten erneut mit 70%igem Ethanol abgerieben und erneut unter fließendem, heißem Leitungswasser gespült. Die Targetplatten wurden mit einem Zellstofftuch abgetrocknet und anschließend mit 80%iger Trifluoressigsäure (Sigma-Aldrich, Steinheim) überschichtet und abgerieben. Zuletzt wurden die Targetplatten mit destilliertem Wasser abgespült und nochmals mit einem Zellstofftuch getrocknet.

2.2.3 API Coryne Testsystem

2.2.3.1 Speziesidentifikation mit dem API Coryne Testsystem:

Für den Vergleich der Identifikationssysteme API Coryne und MALDI-TOF MS wurden 509 Isolate coryneformer Bakterien in der Routinediagnostik des MVZ Labor Dr. Gärtner & Kollegen, Ravensburg, im Zeitraum von Ende November 2009 bis Ende Februar 2010 gesammelt. Nach Probeneingang wurden die Probenmaterialien im Rahmen der Routinediagnostik aufgearbeitet. Coryneforme Bakterien wurden anhand ihres Wachstums auf grampositiven Selektivmedien, der Morphologie der Bakterienkolonien, gegebenenfalls durch Gramfärbung und gegebenenfalls durch Testung der Katalase-Reaktion voridentifiziert. Anschließend wurde mit einer Reinkultur der coryneformen Bakterien ein API Coryne Teststreifen (bioMérieux, Marcy l`Etoile, Frankreich) beimpft.
Hierzu wurden entsprechend der Herstellervorschrift mit einem sterilen Wattetupfer die Bakterienkolonien aufgenommen und in einer Ampulle mit 3 ml API Suspensionsmedium (demineralisiertes Wasser) suspensiert. Idealerweise entstand hierbei eine Trübung von mindestens McFarland 6, was in der Routinediagnostik bei geringer Materialmenge nicht immer der Fall war. Der zu beimpfende API Coryne Teststreifen wurde in eine Inkubationswanne mit Deckel gelegt, deren Bodennäpfe mit ca. 5 ml demineralisiertem Wasser befüllt waren. Mit einer sterilen 5 ml Spritze mit aufgesteckter 1er Kanüle wurde die Bakteriensuspension aspiriert und es wurden die ersten 11 Testfelder entsprechend der Herstellervorschrift beimpft. Zusätzlich wurde mit einigen Tropfen der Bakteriensuspension eine Columbia 5% Schafblutagarplatte beimpft und mit einer Plastiköse ausgestrichen. Diese Blutagarplatte diente als Kontrolle für das Vorliegen einer Reinkultur (API-Kontrollplatte). Ca. 0,5-1 ml der Bakteriensuspension wurde in eine Ampulle mit 2 ml API GP Medium (enthält Phenolrot als pH-Indikator) überführt und durch mehrfache Aspiration homogenisiert. Mit dieser neuen Suspension wurden die restlichen 9 Testfelder für die Fermentationsreaktionen (einschließlich einer Negativkontrolle) beimpft. Das Testfeld der Urease-Reaktion und die Testfelder der Fermentationsreaktionen/Negativkontrolle wurden anschließend mit Paraffinöl (Sigma-Aldrich, Steinheim) überschichtet, um anaerobe Untersuchungsbedingungen zu erhalten. Die Inkubationswannen wurden mit dem Deckel verschlossen und für ca. 18-21 h bei 36°C inkubiert. Zeitgleich wurden die API-Kontrollplatten bei 36°C unter 5%-CO_2-Atmosphäre inkubiert. Nach der Inkubation wurden entsprechend der Herstellervorschrift verschiedene Reagenzien den einzelnen Testfeldern zugegeben und zwar je 1 Tropfen NIT 1 und NIT 2 (Essigsäure) in das Testfeld NIT, 1 Tropfen PYZ (2-Methoxyethanol) in das Testfeld PYZ und je 1 Tropfen

ZYM A (Tris) und ZYM B (Methanol) in die Testfelder PYRA, PAL, β-GUR, β-GAL, α-GLU und β-NAG. Die Katalase-Reaktion wurde entweder durch Zugabe von 1 Tropfen ID-ASE-Reagenz (3%ige Wasserstoffperoxidlösung, bioMérieux, Marcy l`Etoile, Frankreich) in das Reaktionsfeld "GEL" getestet oder es wurde wenig Material einer Bakterienkolonie auf einem Objektträger verrieben und darauf 1 Tropfen ID-ASE-Reagenz getropft. Eine unmittelbare, ausgeprägte Blasenbildung wurde als positive Katalase-Reaktion gewertet.

In Tabelle 1.1 ist eine Übersicht der 21 Reaktionen des API Coryne Testsystems aufgeführt. Anhand der Farbreaktionen der Testfelder wurde der 7-stellige nummerische Code der Stoffwechselreaktionen der Bakterien bestimmt. Hierfür sind die 21 Testreaktionen in 7 Dreiergruppen eingeteilt. Den Reaktionen einer Dreiergruppe wird bei positiver Testreaktion der Wert 1, 2 oder 4 zugeteilt. Für alle negativen Reaktionen steht der Zahlenwert 0. Für jede der 7 Dreiergruppen wird der Zahlenwert der positiven Testreaktionen aufaddiert, sodass man eine Folge von 7 Zahlen erhält. Diese Zahlenfolge entspricht dem nummerischen Code (in Tabelle 1.2 werden hierfür zwei Beispiele dargestellt). Mit Hilfe der Software API (Rapid) Coryne database 2.0 (bioMérieux, Marcy l`Etoile, Frankreich) erfolgte nach Eingabe des nummerischen Codes die Speziesidentifikation. Die Beimpfung des API Coryne Teststreifens und die erste Ablesung des nummerischen Codes erfolgten im Rahmen der Routinediagnostik des MVZ Labor Dr. Gärtner & Kollegen, Ravensburg. Die API Coryne Teststreifen und die API-Kontrollplatten wurden anschließend bei Raumtemperatur aufbewahrt und am selben Abend bzw. am Folgetag erneut im Rahmen dieser Studie abgelesen. Bei unklaren Fermentationsreaktionen wurden die Teststreifen erneut für ca. 24-48 h bei 36°C inkubiert und dann nochmals der nummerische Code bestimmt. In Zweifelfällen wurde die Untersuchung mit API Coryne Teststreifen wiederholt, wobei auf eine dichte Bakteriensuspension mit McFarland $\geq$ 6 geachtet wurde. Die Inkubationszeit der Wiederholungstests betrug 36-48 h.

Tabelle 1.1:

Übersicht der 21 Stoffwechselreaktionen im API Coryne Testsystem

Test	aktive Komponente im Testfeld	getestete Stoffwechselreaktion der Bakterien	Reagenzienzugabe nach Inkubation	negativ gewertete Farbreaktion	positiv gewertete Farbreaktion
NIT	Kaliumnitrat	Reduktion des Nitrats	NIT 1 und NIT 2 (Essigsäure)	farblos, kaum sichtbares rosa	deutlich sichtbares rosa, kräftiges pink
PYZ	Pyrazincarboxamid	Pyrazinamidase	PYZ (2-Methoxyethanol)	farblos, gelb	deutlich sichtbares orange, orange-braun
PYRA	Pyroglutaminsäure-β-naphtylamid	Pyrrolidonylarylamidase	ZYM A (Tris) ZYM B (Methanol)	farblos, beige	deutlich sichtbares orange
PAL	2-Naphtylphosphat	Alkalische Phosphatase	ZYM A (Tris) ZYM B (Methanol)	farblos, beige	deutlich sichtbares rosa, kräftiges pink, purpur
βGUR	Naphtol ASBI-Glucuronsäure	β-Glucuronidase	ZYM A (Tris) ZYM B (Methanol)	farblos, beige	blau
βGAL	2-Naphtyl-βD-galactopyranosid	β-Galactosidase	ZYM A (Tris) ZYM B (Methanol)	farblos, beige	deutlich sichtbares rosa, purpur
αGLU	2-Naphtyl-αD-glucopyranosid	α-Glucosidase	ZYM A (Tris) ZYM B (Methanol)	farblos, beige	deutlich sichtbares rosa, purpur
βNAG	1-Naphtyl-N-acetyl-βD-glucosaminid	N-Acetyl-β-Glucosaminidase	ZYM A (Tris) ZYM B (Methanol)	farblos, beige	deutliches orange, braun
ESC	Esculin, Eisencitrat	β-Glucosidase	keine	farblos, beige, grün-beige	grün-schwarz, schwarz
URE	Harnstoff	Urease	keine	gelb	rot, pink
GEL	Gelatine	Hydrolyse	keine	keine Diffusion des schwarzen Pigments	Diffusion des schwarzen Pigments
0	Kontrolle	Fermentation	keine	rot	deutlich sichtbares orange, gelb-orange, gelb
GLU	D-Glucose	Fermentation	keine		
RIB	D-Ribose	Fermentation	keine		
XYL	D-Xylose	Fermentation	keine		
MAN	D-Mannitol	Fermentation	keine		
MAL	D-Maltose	Fermentation	keine		
LAC	D-Lactose	Fermentation	keine		
SAC	D-Saccharose	Fermentation	keine		
GLYG	Glycogen	Fermentation	keine		
CAT		Katalase	H_2O_2-Lösung (3%)	keine Blasenbildung	prompte Blasenbildung

Tabelle 1.2

Zusammensetzung des nummerischen Codes im API Coryne Testsystem am Beispiel zweier typischer Profile bei Untersuchung coryneformer Bakterien

Symbole

\+ positive Testreaktion

\- negative Testreaktion

(1), (2), (4) Zahlenwert, der einer positiven Testreaktion zugeschrieben wird.

Letzte Tabellenzeile: aufaddierter Zahlenwert einer Test-Dreiergruppe.

Beispiel: *Corynebacterium striatum* (nummerischer Code 3100105)

NIT	**PYZ**	**PYRA**	**PAL**	**βGUR**	**βGAL**	**αGLU**	**βNAG**	**ESC**	**URE**	**GEL**	**O**	**GLU**	**RIB**	**XYL**	**MAN**	**MAL**	**LAC**	**SAC**	**GLYG**	**CAT**
(1)	(2)	(4)	(1)	(2)	(4)	(1)	(2)	(4)	(1)	(2)	(4)	(1)	(2)	(4)	(1)	(2)	(4)	(1)	(2)	(4)
+	+	-	+	-	-	-	-	-	-	-	-	+	-	-	-	-	-	+	-	+
3			1			0			0			1			0			5		

Beispiel: *Dermabacter hominis* (nummerischer Code 4570765)

NIT	**PYZ**	**PYRA**	**PAL**	**βGUR**	**βGAL**	**αGLU**	**βNAG**	**ESC**	**URE**	**GEL**	**O**	**GLU**	**RIB**	**XYL**	**MAN**	**MAL**	**LAC**	**SAC**	**GLYG**	**CAT**
(1)	(2)	(4)	(1)	(2)	(4)	(1)	(2)	(4)	(1)	(2)	(4)	(1)	(2)	(4)	(1)	(2)	(4)	(1)	(2)	(4)
-	-	+	+	-	+	+	+	+	-	-	-	+	+	+	-	+	+	+	-	+
4			5			7			0			7			6			5		

2.2.3.2 Verwendete Zusatzreaktionen zum API Coryne Testsystem:

2.2.3.2.1 Nitratreduktion nach Zinkzusatz:

Bei Verwendung des API Coryne Testsystems unterscheiden sich die Stoffwechselreaktionen der beiden Spezies *Corynebacterium striatum* und *Corynebacterium simulans* nur im Hinblick auf die Nitratreduktion. Bei Vorliegen der Spezies *Corynebacterium striatum* erfolgt eine Reduktion des Nitrats, welche sich in einer Pinkfärbung des Testfeldes NIT nach Zugabe der Reagenzlösungen NIT 1 und NIT 2 (Essigsäure) zeigt. Bei Vorliegen der Spezies *Corynebacterium simulans* ist die Nitratreduktion nach Reagenzienzugabe initial scheinbar negativ. Dies liegt an der starken Nitritreduktion bei der Spezies *Corynebacterium simulans*. Durch die Zugabe von Zinkkörnern zur initial scheinbar negativen Reaktion zeigte sich eine positive Nitritreduktion in einer Gasbildung mit gleichzeitiger Pinkfärbung des Testfeldes. Die Spezies *Corynebacterium simulans* ist nicht in der API Coryne Datenbank enthalten.

2.2.3.2.2 Differenzierung von Bakterien durch Nachweis des CAMP-Faktors (CAMP-Test):

Einige Spezies coryneformer Bakterien bilden den so genannten CAMP-Faktor, welcher synergistisch mit dem *Staphylococcus aureus*-β-Hämolysin wirkt und beim Aufeinandertreffen zu einer verstärkten Hämolyse der Erythrozyten in Blutagarplatten führt.

Zum Nachweis des CAMP-Faktors wurde ein Impfstrich von *Staphylococcus aureus* ATCC 13565 in die Mitte einer Columbia 5% Blutagarplatte aufgetragen. Dieser *Staphylococcus aureus*-Stamm diente als CAMP-Amme. Senkrecht zur CAMP-Amme wurde der zu testende Keim als Impfstrich aufgetragen, ohne den Impfstrich der CAMP-Amme zu berühren. Anschließend wurde die beimpfte Platte für ca. 24 h bei 36°C unter 5%-CO_2-Atmosphäre inkubiert.

Bei einer negativen CAMP-Reaktion zeigte sich keine Veränderung der β-Hämolyse im Bereich der CAMP-Amme.

Bei einer positiven CAMP-Reaktion zeigte sich eine keilförmige Verstärkung der β-Hämolyse im Bereich der CAMP-Amme.

Bei einer revers-positiven CAMP-Reaktion zeigte sich eine keilförmige Aufhebung der β-Hämolysin-Wirkung der CAMP-Amme.

2.2.4 Molekularbiologie

Beim Vergleich der Speziesidentifikation mittels MALDI-TOF MS und API Coryne Testsystem war in einigen Fällen eine eindeutige Speziesidentifikation nicht möglich. In 21 Fällen wurde die vorliegende Bakterienspezies mittels partieller 16S rRNA Gen-Sequenzierung ermittelt. Hierfür wurden folgende molekularbiologische Methoden angewandt:

2.2.4.1 Entnahme und Aufarbeitung des Bakteriennativmaterials aus angezüchteten Bakterienkolonien:

Die Bakterien wurden auf Columbia 5% Schafblutagarplatten ausgestrichen und für 36-48 h bei 36°C unter 5%-CO_2-Atmosphäre inkubiert. 1 bis 2 Kolonien – bei langsam wachsenden, lipophilen Bakterien entsprechend mehr – wurden mit einer Plastiköse aufgenommen und in einem Eppendorfgefäß in 1 ml 0,9%iger Kochsalzlösung suspendiert. Anschließend wurde diese Bakteriensuspension für 5 Minuten bei ca. 16000 *g* zentrifugiert (Eppendorfzentrifuge 5415 C, Eppendorf, Hamburg), der Überstand abpipettiert und verworfen. Das Pellet wurde anschließend zur Freisetzung der Desoxyribonukleinsäure (DNA) einer Zellwandlyse unterzogen. Hierfür wurde das Pellet in 50 µl TRIS-Puffer (Tris (hydroxymethyl)-aminomethan 10 mM, pH9, Sigma-Aldrich, Steinheim) resuspendiert und für 20 Minuten im Wasserbad (Julabo TW12, Seelbach) bei 100°C gekocht. Hierbei wurden die Bakterienzellwände zerstört und die DNA freigesetzt. Anschließend erfolgte eine erneute Zentrifugation der Proben für 5 Minuten bei ca. 16000 *g*. Der entstehende Überstand wird als DNA-Lösung bezeichnet.

2.2.4.2 Amplifikation des bakteriellen 16S rRNA Gens mittels Polymerasekettenreaktion (PCR):

Die Amplifikation erfolgte mit Hilfe zweier Oligonukleotide (Primer), die einen hoch-variablen Abschnitt im bakteriellen 16S rRNA Gen flankieren. Bei der PCR wiederholen sich Zyklen der DNA-Doppelstrangdenaturierung (Denaturierung bei 94°C), der spezifischen Hybridisierung beider Primer an beide Matrizen-DNA-Einzelstränge (Annealing bei 50°C) und die Verlängerung der Komplementärstränge entlang der Matrize (Extension bei 72°C). Bei jedem PCR-Zyklus (Denaturierung, Annealing, Extension) verdoppelt sich die Menge des durch die Primer flankierten DNA-Fragments, welches dann ebenfalls wieder als Matrize dient. Es kommt zu einer exponentiellen Amplifikation

des gewünschten DNA-Fragments.

Für die PCR wurden folgende Primer verwendet:

Sense-Primer:

TPU-1: 1→20 (8→27*): AGATTTGATCMTGGCTCAG

Antisense-Primer:

RTU-3: 1→18 (535←518*): GWATTACCGCGGCKGCTG

K = G oder T; M = A oder C; W = A oder T

*entspricht der relativen Lage im *Escherichia coli* 16S rRNA Gen EMBL/GenBank Accession number J01859

Um genügend DNA-Material zu gewinnen, wurden von jedem Keim 2 Ansätze folgender Zusammensetzung generiert:

PCR-Ansatz (50 µl Premix + 5 µl DNA–Lösung):

Ampuwa® (Fresenius Kabi, Bad Homburg)	32,9 µl
10 x *Thermus aquaticus* (*Taq*)-Puffer (Qiagen, Hilden)	5,5 µl
1mM dNTP (MBI Fermentas, St. Leon-Rot)	11 µl
Taq–Polymerase (5 U/µl) (Qiagen, Hilden)	0,2 µl
DNA-Lösung	5 µl
Primer TPU-1 (100 pmol/µl) (MWG Biotech, Ebersberg)	0,2 µl
Primer RTU-3 (100 pmol/µl) (MWG Biotech, Ebersberg)	0,2 µl

Die PCR Ansätze wurden mit 50 µl Mineralöl überschichtet, um Verdunstung während der einzelnen Temperaturzyklen zu vermeiden.

Der Ablauf des Programms (PCR 16S) im Thermocycler (Mastercycler® gradient, Eppendorf, Hamburg) stellte sich folgendermaßen dar:

Start:	Denaturierung bei 94°C, 2 min
35 Zyklen	Denaturierung bei 94°C, 45 sec Annealing bei 50°C, 30 sec Extension bei 72°C, 2 min
Ende	72°C, 10 min, anschließend Kühlung bei 4°C

2.2.4.3 Agarose-Gelelektrophorese der PCR-Produkte:

Zur Herstellung eines Agarosegels (2%) wurden 1,2 g Agarose (Biozym, Oldenburg) in 60 ml 1 x SB-Puffer (10 mM Natrium-Borat-Puffer, USB Corporation, Cleveland, USA) unter Kochen in der Mikrowelle gelöst. Nach Zugabe von 1 µl Ethidiumbromid-Lösung (10 mg/ml, Merck, Darmstadt) wurde die Agaroselösung in einen austarierten Gelschlitten mit Taschenkamm gegossen und bei Raumtemperatur gelagert, bis sich ein festes Gel bildete. Nach Aushärten des Agarosegels wurde der Taschenkamm gezogen und das Gel wurde zur Überprüfung einer erfolgreichen PCR-Amplifikation mittels Elektrophorese verwendet. Hierfür wurde die Elektrophoresekammer (Electro-4 Gel Tank, Hybaid, Heidelberg) mit 10 mM Natrium-Borat-Puffer befüllt, sodass Gel und Elektroden bedeckt waren. Dem Puffer wurden 2,5 µl Ethidiumbromid-Lösung zugesetzt. Das Agarosegel wurde folgendermaßen beschickt:

Äußerste Taschen 10 µl DNA-Marker (100 Base-Pair Ladder in Gelladepuffer und TE-Puffer, USB Corporation, Cleveland, USA) als Größenvergleich.

Für die Probentaschen wurde folgende Mischung vorbereitet:

10 µl PCR-Produkt wurden mit 3 µl Gelladepuffer (15% Ficol 400 und 0,25% Xylencyanol-Farbstoff, Sigma-Aldrich, Steinheim in Ampuwa®) gemischt. 10 µl dieser Probenmischung wurden in die Probentaschen pipettiert.

Es bestanden folgende Laufbedingungen (Netzgerät Consort E844, Consort, Turnhout, Belgien) für die anschließende Elektrophorese:

Spannung 350 V, Stromstärke 400 mA, Leistung 80 W, Laufzeit 20 min.

Nach der Elektrophorese wurde das Gel unter UV-Licht mittels Videodokumentation (E.A.S.Y. 442K, Herolab, Wiesloch) fotografiert. Das zugegebene Ethidiumbromid lagert sich in der DNA ein und hat die Eigenschaft gebunden an doppelsträngige DNA unter UV-Licht zu fluoreszieren, sodass nach der Elektrophorese die DNA als fluoreszierende Bande unter UV-Licht sichtbar gemacht werden kann. Das amplifizierte DNA-Fragment zeigte sich hierbei in einer Bande bei einer Laufhöhe von ca. 500 Basenpaaren.

2.2.4.4 Aufreinigung des in der PCR 1 amplifizierten DNA-Fragments mit dem MSB Spin PCRapace Kit™:

Nachdem in der Elektrophorese 1 das in der PCR 1 amplifizierte DNA-Fragment bei ca. 500 bp migrierte, wurde das Amplifikat mit Hilfe des MSB Spin PCRapace Kit™ (Invitek, Berlin) aufgereinigt.

Hierfür wurden 45 µl PCR-Produkt in ein Eppendorfgefäß pipettiert und mit 250 µl Binding Puffer vermischt. Diese Mischung wurde in einen Spin Filter (Säule) pipettiert, welcher sich in einem 2 ml-Sammelgefäß befand, und anschließend bei ca. 13300 *g* für 3 min zentrifugiert. Hierbei bindet die DNA an das Säulenmaterial des Spin Filters. Alle anderen Bestandteile befinden sich im Filtrat im Sammelgefäß, welches anschließend verworfen wird. Der Spin Filter mit der gebundenen DNA wurde darauf in ein frisches Eppendorfgefäß positioniert. Die am Säulenmaterial gebundene DNA wurde anschließend mit zunächst 30 µl Ampuwa®-Wasser, dann mit 20 µl Ampuwa®-Wasser durch zweimalige Zentrifugation bei ca. 9200 *g* für 1 min eluiert.
Das Vorhandensein der DNA im Eluat wurde in der Elektrophorese 2 überprüft.

2.2.4.5 Durchführung der Sequenzierungs-PCR mit dem BigDye™ Terminator v1.1 Cycle Sequencing Kit:

Das aufgereinigte Amplifikat wurde mittels einer Sequenzierungs-PCR mit dem BigDye™ Terminator v1.1 Cycle Sequencing Kit (Applied Biosystems, Weiterstadt) nach der Didesoxy-Kettenabbruchmethode (Sanger et al. 1977) sequenziert.
Der Reaktionsansatz enthielt als Matrize das aufgereinigte PCR-Produkt und pro Ansatz jeweils nur einen Primer (sense bzw. anti-sense Primer), sodass pro Ansatz nur ein DNA-Strang amplifiziert wurde. Somit wurde für jede DNA-Probe ein Ansatzpaar vorbereitet.
Im Reaktionsgemisch befanden sich reguläre Nukleotide dNTPs und zusätzlich 2´, 3´-Didesoxynukleotide (ddNTPs). Die vier ddNTPs (ddATP, ddCTP, ddGTP und ddTTP) sind mit vier verschiedenen Fluoreszenzfarbstoffen farbmarkiert. Durch Einbau der regulären dNTPs kommt es zur DNA-Strangsynthese, bei Einbau eines ddNTPs erfolgt Strangabbruch, da für die weitere Elongation die 3´OH-Gruppe fehlt. Der ddNTP-Einbau/ Strangabbruch erfolgt statistisch, sodass als Produkt der Sequenzierungs-PCR DNA-Fragmente entstehen, welche sich um eine Basenlänge voneinander unterscheiden.

PCR-Ansatz der Sequenzierungs-PCR:

BigDye™ Terminator v1.1 Cycle Sequencing Kit	2 µl
BigDye™ Terminator v1.1, v3.1 5 x Sequencing Buffer	3 µl
Ampuwa®	9 µl
Primer (TPU-1 bzw. RTU-3) 3,3 pmol/µl	1,5 µl
gereinigtes Amplifikat aus PCR 1 (DNA)	4,5 µl

Es wurde je ein PCR-Ansatz mit dem Sense-Primer TPU-1 bzw. mit dem Antisense-Primer RTU-3 hergestellt.
Die Sequenzierungs-PCR verlief nach folgendem Programm:

	Denaturierung	Annealing	Extension
Start	95°C, 1 min		
25 Zyklen	96°C, 10 sec	50°C, 10 sec	60°C, 2 min
Ende	4°C		

2.2.4.6 Aufreinigung der amplifizierten DNA aus der Sequenzierungs-PCR mit Hilfe des Qiagen DyeEx™ 2.0 Spin Kits:

Die Produkte der Sequenzierungs-PCR wurden mit Hilfe des DyeEx™ 2.0 Spin Kits (Qiagen, Hilden) aufgereinigt. Hierbei wurden die amplifzierten DNA-Fragmente insbesondere von überschüssigen fluoreszenzmarkierten ddNTPs mittels Gelfiltration getrennt.
Zur Vorbereitung der Gelsäulen wurde das Säulenmaterial durch kurzes Vortexen suspendiert. Anschließend wurde die Verschlusskappe gelockert und der untere Verschluss der Schleudersäule durch Abbrechen entfernt. Die Säulen wurden in 2 ml-Sammelgefäße überführt und anschließend bei 750 *g* für 3 min zentrifugiert. Durch Abzentrifugation des Mediums bildete sich eine Gelsäule. Der abzentrifugierte Puffer wurde verworfen.
Die gebrauchsfertigen Gelsäulen wurden in Eppendorfgefäße überführt und 20 µl des Produkts der Sequenzierungs-PCR wurden auf die Gelsäule aufgetragen. Anschließend wurde für 3 min bei 750 *g* zentrifugiert. Das Eluat wurde in Eppendorfgefäße mit abgeschnittenem Deckel überführt und anschließend in einer Vakuum-Trockner-Zentrifuge (Savant DNA SpeedVac® DNA 110, Thermo Scientific) durch 30minütiges Trocknen lyophilisiert.
Das gereinigte Lyophilisat der Sequenzierungs-PCR wurde in 15 µl HiDi™ Formamid (Applied Biosystems, Weiterstadt) gelöst und die Eppendorfgefäße mit einer Gummifritte verschlossen.

2.2.4.7 Kapillargelelektrophorese und Analyse im automatischen DNA-Sequenzer ABI PRISM™ 310 Genetic Analyzer:

Die automatische Auftrennung des gereinigten Produkts der Sequenzierungs-PCR erfolgte im ABI PRISM™ 310 Genetic Analyzer (Applied Biosystems, Weiterstadt) mittels Kapillargelelektrophorese mit folgenden Parametern:

Injektionszeit	50 sec
Spannung der Kapillargelelektrophorese	15 kV
Temperatur	50°C
Laufzeit der Kapillargelelektrophorese	42 min

Als Trennmedium in der Kapillare wurde POP-6™ (Applied Biosystems, Weiterstadt) verwendet.

Nach der Kapillargelelektrophorese wurden die Fluoreszenzmarker, welche am Ende eines DNA-Fragments definiert für eine Base kodieren, durch Absorption von Argon-Laser-energie zur Emission ihres jeweiligen charakteristischen Spektrums angeregt. Die Emissionsspektren wurden von einer Kamera registriert und nach Prozessierung durch die Software (Sequencing Analysis 5.1, Applied Biosystems, Weiterstadt) in Form eines Elektropherogramms wiedergegeben. Anhand der aneinandergereihten Gipfel kann die Basenabfolge abgelesen werden. Beide DNA-Stränge wurden mittels Lasergene® DNASTAR Software Version 5 (DNASTAR, Inc., Madison, Wisconsin, USA) aneinandergelegt und zu einer Konsensussequenz editiert.

2.2.4.8 Vergleich der ermittelten 16S rRNA Gen-Sequenz mit der Reference Sequence Database:

Als Ergebnis der Sequenzanalyse lag die Basensequenz der ersten 500 Basenpaare aus dem hochvariablen 5´-terminalen Bereich des 16S rRNA Gens aller 21 untersuchten Keime vor. Diese Sequenzen wurden mit der Reference Sequence Database (http://www.ncbi.nih.gov/RefSeq/) mit Hilfe der BLAST-Software (http://blast.ncbi.nlm.nih.gov/Blast.cgi) verglichen und dadurch die jeweils phylogenetisch am nächsten verwandten Bakterien ermittelt.

2.2.5 Hinweise zur Statistik

Als Lagemaß der Score-Werte-Verteilung der Stämme einer Bakterienspezies wurde der Score-Median bestimmt, als Streumaß wurde die Score-Spanne bestimmt.
Zum Vergleich des Anteils der richtigen Identifizierungen mit MALDI-TOF MS nach Kultivierung der Bakterien auf verschiedenen Nährböden, bzw. nach Behandlung des Schmierpräparates mit 70%iger Ameisensäure wurde der Chi-Quadrat-Test durchgeführt. Hierfür wurde eine Vierfelder-Tafel erstellt entsprechend folgendem Beispiel:

	Nährboden1	Nährboden 2	Zeilensumme:
korrekte Identifikation	a	b	a+b
falsche Identifikation bzw. Score-Wert < 1,7	c	d	c+d
Spaltensumme:	a+c	b+d	n=a+b+c+d

Nullhypothese:
Die Wahl des Nährbodens für die Kultivierung der Bakterienspezies und die Anzahl der richtigen Speziesidentifikationen mit MALDI-TOF MS sind stochastisch unabhängig voneinander.

Zur Überprüfung der Nullhypothese wurde die Prüfgröße Chi-Quadrat (X^2) folgendermaßen bestimmt:

$$X^2 = \frac{n \cdot (a \cdot d - c \cdot b)^2}{(a+c) \cdot (b+d) \cdot (a+b) \cdot (c+d)}$$

Die Prüfgröße X^2 ist näherungsweise Chi-Quadrat-verteilt. Der Wert 3,841 entspricht dem Quantil der Chi-Quadrat-Verteilung für einen Freiheitsgrad und das Signifikanzniveau $\alpha = 0,05$ und kann in Tabellen der Chi-Quadrat-Verteilung abgelesen werden.
Bei einem Signifikanzniveau von $\alpha = 0,05$ wird die Nullhypothese beibehalten, falls die Prüfgröße < 3,841 beträgt, d.h. der Test kann in diesem Fall nicht nachweisen, dass ein signifikanter Unterschied besteht. Falls die Prüfgröße $\geq$ 3,841 beträgt, wird die Nullhypothese verworfen, d.h. der Test kann einen signifikanten Unterschied nachweisen.

3. Ergebnisse

3.1 Untersuchung der Stammsammlung mit MALDI-TOF MS

Im Anhang dieser Arbeit werden die einzelnen Ergebnistabellen der Untersuchung von 11 Gattungen, 55 Bakterienspezies und 4 Subspezies bei einer Gesamtzahl von 965 Bakterienstämmen der Stammsammlung mittels MALDI-TOF MS dargestellt. Der Probenauftrag auf die Targetplatte erfolgte durch Schmierpräparation mit anschließender Überschichtung mit Zimtsäurematrix. In den Ergebnistabellen 12.1-12.58 (Seiten 146-201) werden jeweils die identifizierten Bakterienspezies mit den beiden besten Score-Werten angegeben.

3.1.1 Ergebnisübersicht

Tabelle 2.1 und 2.2:
Untersuchung der Stammsammlung mit MALDI-TOF MS:
Übersicht der durch MALDI-TOF MS identifizierten Spezies

Die Tabellen 2.1 und 2.2 zeigen eine Ergebnisübersicht der Untersuchung von insgesamt 965 Stämmen der Stammsammlung mit MALDI-TOF MS. Die Bakterienstämme entstammen 11 Gattungen, 55 Spezies und 4 Subspezies coryneformer Bakterien.
Für jede getestete Spezies werden die mit MALDI-TOF MS an erster Stelle identifizierten Bakterienspezies in Anzahl Stämme (*n*) und Prozentanteil gelistet.
Der gemessene Score-Wert wird als Score-Median und als Score-Spanne angegeben bzw. bei $n = 1$ wird der gemessene Score-Wert angegeben.
In der letzten Spalte wird die Zahl der Datenbankeinträge in der Datenbank MALDI Biotyper 2.0 (Stand 15.10.2009) der jeweils identifizierten Bakterienspezies gelistet.
Unter “diverse Spezies“ werden Speziesidentifikationen zusammengefasst mit einem nicht verlässlichen Score-Wert < 1,7 und fehlender Zugehörigkeit zur Gruppe der coryneformen Bakterien.
Für die untersuchten Bakterienspezies in Tabelle 2.1 (10 Gattungen, 53 Spezies,

4 Subspezies und insgesamt 957 Stämme) enthielt die Datenbank MALDI Biotyper 2.0 (Stand 15.10.2009) mindestens einen Datenbankeintrag.
Für die untersuchten Spezies in Tabelle 2.2 - *Brevibacterium mcbrellneri* (7 Stämme) und *Exiguobacterium acetylicum* (1 Stamm) - enthielt die Datenbank MALDI Biotyper 2.0 (Stand 15.10.2009) keinen Datenbankeintrag.

Tabelle 2.1:

Untersuchung der Stammsammlung mit MALDI-TOF MS: Übersicht der identifizierten Spezies

957 untersuchte Bakterienstämme (10 Gattungen, 53 Spezies, 4 Subspezies):

untersuchte Bakterienspezies mit mindestens einem Datenbankeintrag in der Datenbank MALDI Biotyper 2.0 (Stand 15.10.2009)

untersuchte Spezies (*n* = Gesamtzahl untersuchter Stämme)		**mit MALDI-TOF MS an 1. Stelle identifizierte Spezies (*n* = Anzahl identifizierter Stämme)**		**Prozent**	**Score- Median bzw. Score bei *n*=1**	**Score-Spanne**	**Datenbank-einträge**
Actinobaculum schaalii	***n*=3**	*Actinobaculum schaalii*	*n*=3	100%	1,764	1,680 – 1,794	1
Actinobaculum urinale	***n*=1**	*Actinobaculum urinale*	*n*=0	0%	-	-	1
		diverse Spezies	*n*=1	100%	1,370	-	-
Actinomyces europaeus	***n*=17**	*Actinomyces europaeus*	*n*=17	100%	1,845	1,544 – 2,057	3
Actinomyces graevenitzii	***n*=2**	*Actinomyces graevenitzii*	*n*=0	0%	-	-	1
		Actinomyces sp. G4892 IBS	*n*=2	100%	1,923	1,911 – 1,934	1
Actinomyces neuii* subsp. *anitratus	***n*=27**	*Actinomyces neuii* subsp. *anitratus*	*n*=27	100%	1,967	1,816 – 2,130	2
Actinomyces neuii* subsp. *neuii	***n*=22**	*Actinomyces neuii* subsp. *neuii*	*n*=22	100%	2,067	1,724 – 2,190	1
Actinomyces radingae	***n*=3**	*Actinomyces radingae*	*n*=3	100%	2,005	1,973 – 2,045	1
Actinomyces turicensis	***n*=13**	*Actinomyces turicensis*	*n*=13	100%	1,744	1,642 – 1,795	1
Arcanobacterium bernardiae	***n*=13**	*Arcanobacterium bernardiae*	*n*=13	100%	1,972	1,779 – 2,211	3
Arcanobacterium haemolyticum	***n*=27**	*Arcanobacterium haemolyticum*	*n*=27	100%	2,144	2,064 – 2,303	3
Arcanobacterium pyogenes	***n*=5**	*Arcanobacterium pyogenes*	*n*=5	100%	1,581	1,459 – 1,593	2
Arthrobacter cumminsii	***n*=25**	*Arthrobacter cumminsii*	*n*=20	80,0%	1,578	1,329 – 1,845	1
		Arthrobacter woluwensis	*n*=1	4,0%	1,345	-	1
		diverse Spezies	*n*=4	16,0%	-	1,306 – 1,421	-
Arthrobacter oxydans	***n*=9**	*Arthrobacter oxydans*	*n*=4	44,4%	2,093	1,921 – 2,328	2
		Arthrobacter scleromae	*n*=5	55,6%	2,392	2,173 – 2,443	1
Brevibacterium casei	***n*=38**	*Brevibacterium casei*	*n*=35	92,1%	2,356	1,976 – 2,599	1
		Brevibacterium celere	*n*=3	7,9%	2,162	1,958 – 2,196	1
Brevibacterium epidermidis	***n*=1**	*Brevibacterium epidermidis*	*n*=1	100%	2,234	-	1

Fortsetzung Tabelle 2.1: Untersuchung der Stammsammlung mit MALDI-TOF MS: Übersicht der identifizierten Spezies

untersuchte Spezies (*n* = Gesamtzahl untersuchter Stämme)		**mit MALDI-TOF MS an 1. Stelle identifizierte Spezies (*n* = Anzahl identifizierter Stämme)**		**Prozent**	**Score- Median bzw. Score bei *n*=1**	**Score-Spanne**	**Datenbank-einträge**
Corynebacterium accolens	***n*=1**	*Corynebacterium accolens*	*n*=1	100%	2,008	-	4
Corynebacterium afermentans* subsp. *afermentans	***n*=7**	*Corynebacterium afermentans* subsp. *afermentans*	*n*=7	100%	1,852	1,535 – 2,242	5
Corynebacterium afermentans* subsp. *lipophilum	***n*=4**	*Corynebacterium afermentans* subsp. *lipophilum*	*n*=1	25,0%	1,522	-	1
		Corynebacterium afermentans subsp. *afermentans*	*n*=1	25,0%	1,474	-	5
		diverse Spezies	*n*=2	50,0%	-	1,329 – 1,422	-
Corynebacterium amycolatum	***n*=53**	*Corynebacterium amycolatum*	*n*=53	100%	2,010	1,716 – 2,178	4
Corynebacterium argentoratense	***n*=11**	*Corynebacterium argentoratense*	*n*=11	100%	2,307	2,203 – 2,347	2
Corynebacterium auris	***n*=39**	*Corynebacterium auris*	*n*=30	76,9%	1,849	1,700 – 1,973	1
		Turicella otitidis	*n*=9	23,1%	1,716	1,482 – 1,759	2
Corynebacterium bovis	***n*=2**	*Corynebacterium bovis*	*n*=2	100%	1,941	1,878 – 2,004	1
***Corynebacterium* CDC group F-1**	***n*=10**	*Corynebacterium* CDC group F-1	*n*=7	70,0%	1,755	1,440 – 1,885	1
		Corynebacterium mastitidis	*n*=2	20,0%	1,709	1,582 – 1,835	3
		diverse Spezies	*n*=1	10,0%	1,408	-	-
Corynebacterium confusum	***n*=3**	*Corynebacterium confusum*	*n*=3	100%	1,899	1,764 – 2,079	1
Corynebacterium coyleae	***n*=31**	*Corynebacterium coyleae*	*n*=29	93,5%	1,898	1,619 – 2,096	1
		Corynebacterium afermentans subsp. *afermentans*	*n*=2	6,5%	1,923	1,702 – 2,143	5
Corynebacterium diphtheriae	***n*=32**	*Corynebacterium diphtheriae*	*n*=32	100%	2,337	2,109 – 2,459	4
Corynebacterium durum	***n*=32**	*Corynebacterium durum*	*n*=32	100%	2,035	1,673 – 2,266	2
Corynebacterium falsenii	***n*=10**	*Corynebacterium falsenii*	*n*=6	60,0%	2,216	2,091 – 2,314	1
		Corynebacterium lipophiloflavum	*n*=4	40,0%	1,771	1,678 – 1,842	1
Corynebacterium freneyi	***n*=20**	*Corynebacterium freneyi*	*n*=20	100%	1,919	1,682 – 2,126	1
Corynebacterium glucuronolyticum	***n*=57**	*Corynebacterium glucuronolyticum*	*n*=57	100%	2,313	1,963 – 2,432	4

Fortsetzung Tabelle 2.1: Untersuchung der Stammsammlung mit MALDI-TOF MS: Übersicht der identifizierten Spezies

untersuchte Spezies (*n* = Gesamtzahl untersuchter Stämme)		**mit MALDI-TOF MS an 1. Stelle identifizierte Spezies (*n* = Anzahl identifizierter Stämme)**		**Prozent**	**Score- Median bzw. Score bei *n*=1**	**Score-Spanne**	**Datenbank-einträge**
Corynebacterium imitans	***n*=4**	*Corynebacterium imitans*	*n*=4	100%	2,038	1,547 – 2,167	1
Corynebacterium jeikeium	***n*=40**	*Corynebacterium jeikeium*	*n*=39	97,5%	2,074	1,908 – 2,335	6
		Corynebacterium afermentans ssp. lipophilum	*n*=1	2,5%	1,456	-	1
Corynebacterium kroppenstedtii	***n*=1**	*Corynebacterium kroppenstedtii*	*n*=1	100%	1,909	-	2
Corynebacterium lipophiloflavum	***n*=10**	*Corynebacterium lipophiloflavum*	*n*=10	100%	1,803	1,482 – 2,083	1
Corynebacterium macginleyi	***n*=32**	*Corynebacterium macginleyi*	*n*=20	71,4%	2,128	1,865 – 2,285	2
		Corynebacterium accolens	*n*=11	34,4%	1,907	1,438 – 2,117	4
		diverse Spezies	*n*=1	3,6%	1,445	-	-
Corynebacterium matruchotii	***n*=1**	*Corynebacterium matruchotii*	*n*=1	100%	2,150	-	1
Corynebacterium minutissimum	***n*=28**	*Corynebacterium minutissimum*	*n*=21	75,0%	1,863	1,553 – 2,347	4
		Corynebacterium singulare	*n*=4	14,3%	2,139	2,086 – 2,270	1
		Corynebacterium aurimucosum	*n*=2	7,1%	1,715	1,601 – 1,829	2
		diverse Spezies	*n*=1	3,6%	1,444	-	-
Corynebacterium mucifaciens	***n*=25**	*Corynebacterium mucifaciens*	*n*=20	80,0%	1,834	1,411 – 2,171	2
		Corynebacterium ureicelerivorans	*n*=3	12,0%	1,549	1,423 – 1,767	1
		diverse Spezies	*n*=2	8,0%	-	1,545 – 1,45	-
Corynebacterium mucifaciens **(nach H_2O-Extraktion)**	***n*=25**	*Corynebacterium mucifaciens*	*n*=25	100%	1,848	1,542 – 2,204	2
Corynebacterium propinquum	***n*=5**	*Corynebacterium propinquum*	*n*=5	100%	2,434	2,376 – 2,524	3
Corynebacterium pseudodiphtheriticum	***n*=39**	*Corynebacterium pseudodiphtheriticum*	*n*=27	69,2%	2,410	2,313 – 2,437	4
		Corrynebacterium propinquum	*n*=12	30,8%	2,405	2,130 – 2,517	3
Corynebacterium pseudotuberculosis	***n*=8**	*Corynebacterium pseudotuberculosis*	*n*=2	25,0%	2,313	2,289 – 2,336	5
		Corynebacterium ulcerans	*n*=6	75,0%	2,216	2,167 – 2,283	4
Corynebacterium riegelii	***n*=8**	*Corynebacterium riegelii*	*n*=8	100%	2,050	1,616 – 2,433	1
Corynebacterium simulans	***n*=1**	*Corynebacterium simulans*	*n*=1	100%	2,233	-	1

Fortsetzung Tabelle 2.1: Untersuchung der Stammsammlung mit MALDI-TOF MS: Übersicht der identifizierten Spezies

untersuchte Spezies (*n* = Gesamtzahl untersuchter Stämme)		**mit MALDI-TOF MS an 1. Stelle identifizierte Spezies (*n* = Anzahl identifizierter Stämme)**		**Prozent**	**Score- Median bzw. Score bei *n*=1**	**Score-Spanne**	**Datenbank-einträge**
Corynebacterium striatum	***n*=46**	*Corynebacterium striatum*	*n*=39	84,8%	2,380	2,207 – 2,478	6
		Corynebacterium simulans	*n*=7	15,2%	2,238	2,039 – 2,336	1
Corynebacterium sundsvallense	***n*=2**	*Corynebacterium sundsvallense*	*n*=2	100%	2,029	1,854 – 2,204	1
Corynebacterium thomssenii	***n*=1**	*Corynebacterium thomssenii*	*n*=1	100%	2,060	-	1
Corynebacterium tuberculostearicum	***n*=36**	*Corynebacterium tuberculostearicum*	*n*=26	72,2%	1,797	1,452 – 2,016	2
		Corynebacterium accolens	*n*=3	8,3%	1,958	1,615 – 2,044	4
		Corynebacterium simulans	*n*=2	5,6%	2,104	2,093 – 2,114	1
		Corynebacterium macginleyi	*n*=1	2,8%	2,350	-	2
		Corynebacterium ureicelerivorans	*n*=1	2,8%	1,923	-	1
		Arthrobacter castelli	*n*=1	2,8%	1,581	-	1
		diverse Spezies	*n*=2	5,6%	-	1,379 – 1,421	-
Corynebacterium ulcerans	***n*=9**	*Corynebacterium ulcerans*	*n*=9	100%	2,281	2,227 – 2,340	4
Corynebacterium urealyticum	***n*=21**	*Corynebacterium urealyticum*	*n*=21	100%	2,070	1,701– 2,285	7
Corynebacterium xerosis	***n*=1**	*Corynebacterium xerosis*	*n*=1	100%	2,302	-	1
Dermabacter hominis	***n*=42**	*Dermabacter hominis*	*n*=41	97,6%	1,972	1,732 – 2,175	3
		diverse Spezies	*n*=1	2,4%	1,537	-	-
Microbacterium oxydans	***n*=8**	*Microbacterium oxydans*	*n*=3	37,5%	2,301	2,235 – 2,336	1
		Microbacterium maritypicum	*n*=4	50,0%	2,008	1,707 – 2,341	1
		Microbacterium liquefaciens	*n*=1	12,5%	2,084	-	3
Microbacterium paraoxydans	***n*=7**	*Microbacterium* sp. DSM 15461 DSM	*n*=7	100%	2,138	2,030 – 2,561	1
Rothia dentocariosa	***n*=19**	*Rothia dentocariosa*	*n*=17	89,5%	2,269	2,060 – 2,492	4
		diverse Spezies	*n*=2	5,6%	-	1,326 – 1,488	-
Turicella otitidis	***n*=45**	*Turicella otitidis*	*n*=45	100%	2,012	1,704 – 2,278	2

Tabelle 2.2:

Untersuchung der Stammsammlung mit MALDI-TOF MS: Übersicht der identifizierten Spezies

8 Bakterienstämme (2 Gattungen, 2 Spezies):

Bakterienspezies ohne Datenbankeintrag in der Datenbank MALDI Biotyper 2.0 (Stand 15.10.2009)

untersuchte Spezies (*n* = Gesamtzahl untersuchter Stämme)		**mit MALDI-TOF MS an 1. Stelle identifizierte Spezies (*n* = Anzahl identifizierter Stämme)**		**Prozent**	**Score- Median bzw. Score bei *n*=1**	**Score-Spanne**	**Datenbank-einträge**
Brevibacterium mcbrellneri	***n*=7**	*Arthrobacter ardleyensis*	*n*=4	42,9%	1,531	1,359 – 1,555	1
		diverse Spezies	*n*=3	57,1%	-	1,324 – 1,446	-
Exiguobacterium acetylicum	***n*=1**	*Arthrobacter creatinolyticus*	*n*=1	100%	1,351	-	1

Tabelle 3:
Untersuchung der Stammsammlung mit MALDI-TOF MS:
Übersicht richtige/falsche Identifikation, keine verlässliche Identifikation

Tabelle 3 zeigt eine Übersicht der Auswertung der Untersuchung von 957 Bakterienstämmen (10 Gattungen / 53 Spezies / 4 Subspezies) der Stammsammlung mit MALDI-TOF MS.
Für die Bakterienspezies *Brevibacterium mcbrellneri* (*n*=7) und *Exiguobacterium acetylicum* (*n*=1) enthielt die Datenbank MALDI Biotyper 2.0 (Stand 15.10.2009) keinen Datenbankeintrag, deshalb wurden die Ergebnisse der Untersuchung dieser Spezies in Tabelle 3 nicht berücksichtigt.
Alle Stämme einer Spezies, welche mit einem verlässlichen Score-Wert von $\geq$ 1,7 auf Speziesebene bzw. auf Gattungsebene richtig erkannt wurden, werden als Anzahl und als Prozentanteil angegeben. In Klammern werden die Anzahl und der Prozentanteil der richtig erkannten Stämme angegeben, ohne einen verlässlichen Score-Wert zu fordern, d. h. auch Score-Werte < 1,7 wurden berücksichtigt. Weiter werden die Stämme mit falscher Spezies- bzw. Gattungsidentifikation (Score-Wert $\geq$ 1,7) und die Stämme ohne verlässliche Identifikation (d. h. Score-Wert < 1,7, hierbei wurde nicht zwischen richtiger und falscher Identifikation unterschieden) aufgeführt.

Tabelle 3:

Untersuchung der Stammsammlung mit MALDI-TOF MS: Übersicht richtige/falsche Identifikation, keine verlässliche Identifikation

Symbole:

* Die Identifikation erfolgte auf Subspeziesebene.

untersuchte Spezies	**Anzahl**	**richtige Spezies Score ≥ 1,7 (jeglicher Score)**		**richtige Gattung Score ≥ 1,7 (jeglicher Score)**		**falsche Spezies Score ≥ 1,7**		**falsche Gattung Score ≥ 1,7**		**keine verlässliche Identifikation Score < 1,7**	
		Anzahl	**Prozent**	**Anzahl**	**Prozent**	**Anzahl**	**Prozent**	**Anzahl**	**Prozent**	**Anzahl**	**Prozent**
Actinobaculum schaalii	***n*=3**	2 (3)	66,7% (100%)	2 (3)	66,7% (100%)	-	-	-	-	1	33,3%
Actinobaculum urinale	***n*=1**	-	-	-	-	-	-	-	-	1	100%
Actinomyces europaeus	***n*=17**	13 (17)	76,5% (100%)	13 (17)	76,5% (100%)	-	-	-	-	4	23,5%
Actinomyces graevenitzii	***n*=2**	-	-	2	100%	-	-	-	-	-	-
Actinomyces neuii **subsp. *anitratus* ***	***n*=27**	27	100%	27	100%	-	-	-	-	-	-
Actinomyces neuii **subsp. *neuii* ***	***n*=22**	22	100%	22	100%	-	-	-	-	-	-
Actinomyces radingae	***n*=3**	3	100%	3	100%	-	-	-	-	-	-
Actinomyces turicensis	***n*=13**	10 (13)	76,9% (100%)	10 (13)	76,9% (100%)	-	-	-	-	3	23,1%
Arcanobacterium bernardiae	***n*=13**	13	100%	13	100%	-	-	-	-	-	-
Arcanobacterium haemolyticum	***n*=27**	27	100%	27	100%	-	-	-	-	-	-
Arcanobacterium pyogenes	***n*=5**	0 (5)	0% (100%)	0 (5)	0% (100%)	-	-	-	-	5	100%
Arthrobacter cumminsii	***n*=25**	8 (20)	32,0% (80,0%)	8 (21)	32,0% (84,0%)	-	-	-	-	17	68,0%
Arthrobacter oxydans	***n*=9**	4	44,4%	9	100%	5	55,6%	-	-	-	-

Fortsetzung Tabelle 3:

Untersuchung der Stammsammlung mit MALDI-TOF MS: Übersicht richtige/falsche Identifikation, keine verlässliche Identifikation

untersuchte Spezies	**Anzahl**	**richtige Spezies Score ≥ 1,7 (jeglicher Score)**		**richtige Gattung Score ≥ 1,7 (jeglicher Score)**		**falsche Spezies Score ≥ 1,7**		**falsche Gattung Score ≥ 1,7**		**keine verlässliche Identifikation Score < 1,7**	
		Anzahl	**Prozent**	**Anzahl**	**Prozent**	**Anzahl**	**Prozent**	**Anzahl**	**Prozent**	**Anzahl**	**Prozent**
Brevibacterium casei	***n*=38**	35	92,1%	38	100%	3	7,9%	-	-	-	-
Brevibacterium epidermidis	***n*=1**	1	100%	1	100%	-	-	-	-	-	-
Corynebacterium accolens	***n*=1**	1	100%	1	100%	-	-	-	-	-	-
Corynebacterium afermentans **subsp. *afermentans* ***	***n*=7**	6 (7)	85,7% (100%)	6 (7)	85,7% (100%)	-	-	-	-	1	14,3%
Corynebacterium afermentans **subsp. *lipophilum* ***	***n*=4**	0 (1)	0% (25,0%)	0 (2)	0% (50,0%)	-	-	-	-	4	100%
Corynebacterium amycolatum	***n*=53**	53	100%	53	100%	-	-	-	-	-	-
Corynebacterium argentoratense	***n*=11**	11	100%	11	100%	-	-	-	-	-	-
Corynebacterium auris	***n*=39**	30	76,9%	30	76,9%	7	17,9%	7	17,9%	2	5,1%
Corynebacterium bovis	***n*=2**	2	100%	2	100%	-	-	-	-	-	-
***Corynebacterium* CDC group F-1**	***n*=10**	4 (7)	40,0% (70,0%)	5 (9)	50,0% (90,0%)	1	10,0%	-	-	5	50,0%
Corynebacterium confusum	***n*=3**	3	100%	3	100%	-	-	-	-	-	-
Corynebacterium coyleae	***n*=31**	27 (29)	87,1% (93,5%)	29 (31)	93,5% (100%)	2	6,5%	-	-	2	6,5%
Corynebacterium diphtheriae	***n*=32**	32	100%	32	100%	-	-	-	-	-	-
Corynebacterium durum	***n*=32**	31 (32)	96,9% (100%)	31 (32)	96,9% (100%)	-	-	-	-	1	3,1%
Corynebacterium falsenii	***n*=10**	6	60,0%	9 (10)	90,0% (100%)	3	30,0%	-	-	1	10,0%
Corynebacterium freneyi	***n*=20**	18 (20)	90,0% (100%)	18 (20)	90,0% (100%)	-	-	-	-	2	10,0%

Fortsetzung Tabelle 3:

Untersuchung der Stammsammlung mit MALDI-TOF MS: Übersicht richtige/falsche Identifikation, keine verlässliche Identifikation

untersuchte Spezies	**Anzahl**	**richtige Spezies Score ≥ 1,7 (jeglicher Score)**		**richtige Gattung Score ≥ 1,7 (jeglicher Score)**		**falsche Spezies Score ≥ 1,7**		**falsche Gattung Score ≥ 1,7**		**keine verlässliche Identifikation Score < 1,7**	
		Anzahl	**Prozent**	**Anzahl**	**Prozent**	**Anzahl**	**Prozent**	**Anzahl**	**Prozent**	**Anzahl**	**Prozent**
Corynebacterium glucuronolyticum	***n*=57**	57	100%	57	100%	-	-	-	-	-	-
Corynebacterium imitans	***n*=4**	3 (4)	75,0% (100%)	3 (4)	75,0% (100%)	-	-	-	-	1	25,0%
Corynebacterium jeikeium	***n*=40**	39	97,5%	39 (40)	97,5% (100%)	-	-	-	-	1	2,5%
Corynebacterium kroppenstedtii	***n*=1**	1	100%	1	100%	-	-	-	-	-	-
Corynebacterium lipophiloflavum	***n*=10**	8 (10)	80,0% (100%)	8 (10)	80,0% (100%)	-	-	-	-	2	20,0%
Corynebacterium macginleyi	***n*=32**	20	62,5%	28 (31)	87,5% (96,9%)	8	25,0%	-	-	4	12,5%
Corynebacterium matruchotii	***n*=1**	1	100%	1	100%	-	-	-	-	-	-
Corynebacterium minutissimum	***n*=28**	16 (21)	57,1% (75,0%)	21 (27)	75,0% (96,4%)	5	17,9%	-	-	7	25,0%
Corynebacterium mucifaciens	***n*=25**	18 (20)	72,0% (80,0%)	19 (23)	76,0% (92,0%)	1	4,0%	-	-	6	24,0%
Corynebacterium propinquum	***n*=5**	5	100%	5	100%	-	-	-	-	-	-
Corynebacterium pseudodiphtheriticum	***n*=39**	27	69,2%	39	100%	12	30,8%	-	-	-	-
Corynebacterium pseudotuberculosis	***n*=8**	2	25,0%	8	100%	6	75,0%	-	-	-	-
Corynebacterium riegelii	***n*=8**	7 (8)	87,5% (100%)	7 (8)	87,5% (100%)	-	-	-	-	1	12,5%
Corynebacterium simulans	***n*=1**	1	100%	1	100%	-	-	-	-	-	-
Corynebacterium striatum	***n*=46**	39	84,8%	46	100%	7	15,2%	-	-	-	-

Fortsetzung Tabelle 3:

Untersuchung der Stammsammlung mit MALDI-TOF MS: Übersicht richtige/falsche Identifikation, keine verlässliche Identifikation

untersuchte Spezies	**Anzahl**	**richtige Spezies Score ≥ 1,7 (jeglicher Score)**		**richtige Gattung Score ≥ 1,7 (jeglicher Score)**		**falsche Spezies Score ≥ 1,7**		**falsche Gattung Score ≥ 1,7**		**keine verlässliche Identifikation Score < 1,7**	
		Anzahl	**Prozent**	**Anzahl**	**Prozent**	**Anzahl**	**Prozent**	**Anzahl**	**Prozent**	**Anzahl**	**Prozent**
Corynebacterium sundsvallense	***n*=2**	2	100%	2	100%	-	-	-	-	-	-
Corynebacterium thomssenii	***n*=1**	1	100%	1	100%	-	-	-	-	-	-
Corynebacterium tuberculostearicum	***n*=36**	20 (26)	55,6% (72,2%)	26 (33)	72,2% (91,7%)	6	16,7%	-	-	10	27,8%
Corynebacterium ulcerans	***n*=9**	9	100%	9	100%	-	-	-	-	-	-
Corynebacterium urealyticum	***n*=21**	21	100%	21	100%	-	-	-	-	-	-
Corynebacterium xerosis	***n*=1**	1	100%	1	100%	-	-	-	-	-	-
Dermabacter hominis	***n*=42**	41	97,6%	41	97,6%	-	-	-	-	1	2,4%
Microbacterium oxydans	***n*=8**	3	37,5%	8	100%	5	62,5%	-	-	-	-
Microbacterium paraoxydans	***n*=7**	7	100%	7	100%	-	-	-	-	-	-
Rothia dentocariosa	***n*=19**	17	89,5%	17	89,5%	-	-	-	-	2	10,5%
Turicella otitidis	***n*=45**	45	100%	45	100%	-	-	-	-	-	-
		gesamt		**gesamt**		**gesamt**		**gesamt**		**gesamt**	
insgesamt untersuchte Stämme:	***n*=957**	**800 (852)**	**83,6% (89,0%)**	**866 (930)**	**90,5% (97,2%)**	**71**	**7,4%**	**7**	**0,7%**	**84**	**8,8%**

3.2 Vergleich der Speziesidentifikation mit MALDI-TOF MS nach Kultivierung der Bakterien auf unterschiedlichen Nährböden bzw. nach Vorbehandlung des Bakterienschmierpräparates mit 70%iger Ameisensäure

Die Ergebnistabellen der untersuchten Spezies werden im Anhang dieser Arbeit (Tabellen 13.1-13.58, Seiten 202-235) aufgeführt. Es erfolgt ein Vergleich der Speziesidentifikation von 218 getesteten Bakterienstämmen (11 Gattungen / 55 Spezies / 4 Subspezies) mit MALDI-TOF MS nach Kultivierung auf unterschiedlichen Nährböden (Columbia 5% Schafblutagar, CNA Blutagar und Schokoladenagar) bzw. nach Vorbehandlung des Bakterienschmierpräparates mit 70%iger Ameisensäure. Der Probenauftrag auf die Targetplatte erfolgte durch Schmierpräparation mit anschließender Überschichtung mit Zimtsäurematrix.

3.2.1 Ergebnisübersicht:

Tabelle 4:
Vergleich der Speziesidentifikation mit MALDI-TOF MS nach Kultivierung der Bakterien auf unterschiedlichen Nährböden bzw. nach Vorbehandlung des Bakterienschmierpräparates mit 70%iger Ameisensäure

Tabelle 4 zeigt eine Ergebnisübersicht des Vergleichs der Speziesidentifikation mit MALDI-TOF MS nach Kultivierung der Bakterien auf verschiedenen Nährmedien bzw. nach Vorbehandlung des Bakterienschmierpräparates mit 70%iger Ameisensäure.
Die Datenbank MALDI Biotyper 2.0 (Stand 15.10.2009) enthielt für die Spezies *Brevibacterium mcbrellneri* (*n*=2) und *Exiguobacterium acetylicum* (*n*=1) keinen Datenbankeintrag. Deshalb wurden diese Spezies in Tabelle 4 nicht berücksichtigt. Tabelle 4 enthält somit eine Übersicht der Untersuchung von 215 coryneformen Bakterienstämmen (10 Gattungen / 53 Spezies / 4 Subspezies).
In Tabelle 4 wird die Anzahl und der Prozentanteil der richtigen und verlässlichen Speziesidentifikationen mit einem Score-Wert $\geq$ 1,7 gelistet. In Klammern wird zusätzlich die Anzahl und der Prozentanteil der richtigen Speziesidentifikationen gelistet, ohne einen verlässlichen Score-Wert zu fordern, d. h. auch Score-Werte < 1,7 wurden berücksichtigt.

Weiter wird für jede Spezies der Score-Median (bzw. Score-Wert bei n=1) der richtigen Speziesidentifikationen angegeben.

Tabelle 4:

Vergleich der Speziesidentifikation mit MALDI-TOF MS nach Kultivierung der Bakterien auf unterschiedlichen Nährböden bzw. nach Vorbehandlung des Baktereienschmierpräparates mit 70%iger Ameisensäure

Symbole:

* Untersuchung der Subspezies

getestete Spezies		**Columbia 5% Blutagar**			**Columbia 5% Blutagar Ameisensäure 70%**			**CNA Blutagar**			**Schokoladenagar**		
		Anzahl *n*	**Prozent**	**Score-Median**	**Anzahl *n***	**Prozent**	**Score-Median**	**Anzahl *n***	**Prozent**	**Score-Median**	**Anzahl *n***	**Prozent**	**Score-Median**
Actinobaculum schaalii	***n*=1**	1	100%	1,811	1	100%	1,908	1	100%	1,845	1	100%	1,850
Actinobaculum urinale	***n*=1**	0 (1)	0% (100%)	1,304	0	0%	-	0	0%	-	0	0%	-
Actinomyces europaeus	***n*=4**	4	100%	1,890	4	100%	1,912	4	100%	1,948	3 (4)	75,0% (100%)	1,825
Actinomyces graevenitzii	***n*=1**	0	0%	-	0	0%	-	0	0%	-	0	0%	-
***Actinomyces neuii* subsp. *anitratus* ***	***n*=6**	6	100%	1,966	6	100%	2,017	6	100%	1,976	6	100%	1,934
***Actinomyces neuii* subsp. *neuii* ***	***n*=5**	5	100%	2,086	5	100%	2,166	5	100%	2,095	5	100%	2,133
Actinomyces radingae	***n*=1**	1	100%	2,081	1	100%	2,076	1	100%	2,078	1	100%	2,013
Actinomyces turicensis	***n*=3**	2 (3)	66,7% (100%)	1,776	3	100%	1,883	1 (3)	33,3% (100%)	1,679	2 (3)	66,7% (100%)	1,779
Arcanobacterium bernardiae	***n*=3**	3	100%	2,118	3	100%	2,072	3	100%	2,007	3	100%	2,117
Arcanobacterium haemolyticum	***n*=6**	6	100%	2,133	6	100%	2,155	6	100%	2,182	6	100%	2,117
Arcanobacterium pyogenes	***n*=1**	0	0%	-	0 (1)	0% (100%)	1,479	0	0%	-	0 (1)	0% (100%)	1,498
Arthrobacter cumminsii	***n*=5**	1 (4)	20,0% (80,0%)	1,678	0 (4)	0% (80,0%)	1,513	1 (4)	20,0% (80,0%)	1,631	1 (5)	20,0% (100%)	1,614

Fortsetzung Tabelle 4:

Vergleich der Speziesidentifikation mit MALDI-TOF MS nach Kultivierung der Bakterien auf unterschiedlichen Nährböden bzw. nach Vorbehandlung des Bakterienschmierpräparates mit 70%iger Ameisensäure

getestete Spezies		**Columbia 5% Blutagar**			**Columbia 5% Blutagar Ameisensäure 70%**			**CNA Blutagar**			**Schokoladenagar**		
		Anzahl *n*	**Prozent**	**Score-Median**	**Anzahl *n***	**Prozent**	**Score-Median**	**Anzahl *n***	**Prozent**	**Score-Median**	**Anzahl *n***	**Prozent**	**Score-Median**
Arthrobacter oxydans	***n*=2**	0	0%	-	1	50,0%	2,391	1	50,0%	2,378	0	0%	-
Brevibacterium casei	***n*=8**	7	87,5%	2,501	7	87,5%	2,527	7	87,5%	2,518	7	87,5%	2,490
Brevibacterium epidermidis	***n*=1**	1	100%	2,305	1	100%	2,195	1	100%	2,290	1	100%	2,364
Corynebacterium accolens	***n*=1**	1	100%	2,163	1	100%	2,239	1	100%	2,208	1	100%	2,130
***Corynebacterium afermentans* subsp. *afermentans* ***	***n*=2**	2	100%	2,021	2	100%	2,023	1 (2)	50,0% (100%)	1,970	2	100%	1,964
***Corynebacterium afermentans* subsp. *lipophilum* ***	***n*=1**	0	0%	-	0	0%	-	0	0%	-	0	0%	-
Corynebacterium amycolatum	***n*=10**	10	100%	2,085	10	100%	2,124	10	100%	2,093	10	100%	2,048
Corynebacterium argentoratense	***n*=3**	3	100%	2,301	3	100%	2,218	3	100%	2,337	3	100%	2,361
Corynebacterium auris	***n*=8**	5 (6)	62,5% (75,0%)	1,970	5	62,5%	1,846	5 (6)	62,5% (75%)	1,827	6 (7)	75,0% (87,5%)	1,864
Corynebacterium bovis	***n*=1**	1	100%	1,882	1	100%	2,045	1	100%	1,915	1	100%	2,076
***Corynebacterium* CDC group F-1**	***n*=2**	1 (2)	50,0% (100%)	1,598	2	100%	1,715	0 (2)	0% (100%)	1,647	1 (2)	50,0% (100%)	1,678
Corynebacterium confusum	***n*=1**	1	100%	2,128	1	100%	2,323	1	100%	2,143	1	100%	2,206
Corynebacterium coyleae	***n*=7**	7	100%	1,909	7	100%	1,921	6 (7)	85,7% (100%)	1,922	7	100%	1,919
Corynebacterium diphtheriae	***n*=7**	7	100%	2,378	7	100%	2,368	7	100%	2,365	7	100%	2,392
Corynebacterium durum	***n*=7**	6 (7)	85,7% (100%)	2,155	6 (7)	85,7% (100%)	2,082	7	100%	2,098	7	100%	2,165

Fortsetzung Tabelle 4:

Vergleich der Speziesidentifikation mit MALDI-TOF MS nach Kultivierung der Bakterien auf unterschiedlichen Nährböden bzw. nach Vorbehandlung des Bakterienschmierpräparates mit 70%iger Ameisensäure

getestete Spezies		**Columbia 5% Blutagar**			**Columbia 5% Blutagar Ameisensäure 70%**			**CNA Blutagar**			**Schokoladenagar**		
		Anzahl *n*	**Prozent**	**Score-Median**	**Anzahl *n***	**Prozent**	**Score-Median**	**Anzahl *n***	**Prozent**	**Score-Median**	**Anzahl *n***	**Prozent**	**Score-Median**
Corynebacterium falsenii	***n*=3**	3	100%	2,217	3	100%	2,191	3	100%	2,180	3	100%	2,163
Corynebacterium freneyi	***n*=4**	3 (4)	75,0% (100%)	1,883	4	100%	1,859	4	100%	1,801	3	75,0%	1,773
Corynebacterium glucuronolyticum	***n*=12**	12	100%	2,306	12	100%	2,352	12	100%	2,360	12	100%	2,278
Corynebacterium imitans	***n*=1**	1	100%	2,327	1	100%	2,373	1	100%	2,270	1	100%	2,302
Corynebacterium jeikeium	***n*=8**	8	100%	2,038	8	100%	1,999	8	100%	2,036	8	100%	2,053
Corynebacterium kroppenstedtii	***n*=1**	1	100%	2,128	1	100%	2,033	1	100%	1,977	1	100%	1,974
Corynebacterium lipophiloflavum	***n*=2**	2	100%	1,973	2	100%	2,065	2	100%	1,907	2	100%	1,817
Corynebacterium macginleyi	***n*=6**	5	83,3%	2,125	5	83,3%	2,222	5	83,3%	2,017	4 (5)	66,7% (83,3%)	1,914
Corynebacterium matruchotii	***n*=1**	1	100%	2,240	1	100%	2,199	1	100%	2,298	1	100%	2,240
Corynebacterium minutissimum	***n*=6**	4 (5)	66,7% (83,3%)	1,790	4	66,7	1,919	4 (5)	66,7% (83,3%)	1,855	3 (4)	50,0% (66,7%)	1,732
Corynebacterium mucifaciens	***n*=6**	6	100%	1,922	5 (6)	83,3% (100%)	2,001	5	83,3%	2,007	4 (5)	66,7% (83,3%)	1,784
Corynebacterium propinquum	***n*=1**	1	100%	2,463	1	100%	2,488	1	100%	2,505	1	100%	2,511
Corynebacterium pseudodiphtheriticum	***n*=8**	5	62,5%	2,433	5	62,5%	2,450	4	50,0%	2,311	5	62,5%	2,388
Corynebacterium pseudotuberculosis	***n*=3**	2	66,7%	2,349	2	66,7%	2,305	2	66,7%	2,354	2	66,7%	2,363
Corynebacterium riegelii	***n*=2**	2	100%	2,336	2	100%	2,281	2	100%	2,412	2	100%	2,298
Corynebacterium simulans	***n*=1**	1	100%	2,241	1	100%	2,250	1	100%	2,248	1	100%	2,195
Corynebacterium striatum	***n*=10**	7	70,0%	2,373	7	70,0%	2,385	7	70,0%	2,360	8	80,0%	2,375

Fortsetzung Tabelle 4:

Vergleich der Speziesidentifikation mit MALDI-TOF MS nach Kultivierung der Bakterien auf unterschiedlichen Nährböden bzw. nach Vorbehandlung des Bakterienschmierpräparates mit 70%iger Ameisensäure

getestete Spezies		**Columbia 5% Blutagar**			**Columbia 5% Blutagar Ameisensäure 70%**			**CNA Blutagar**			**Schokoladenagar**		
		Anzahl *n*	**Prozent**	**Score-Median**	**Anzahl *n***	**Prozent**	**Score-Median**	**Anzahl *n***	**Prozent**	**Score-Median**	**Anzahl *n***	**Prozent**	**Score-Median**
Corynebacterium sundsvallense	***n*=1**	1	100%	1,797	1	100%	1,785	1	100%	1,705	0 (1)	0% (100%)	1,396
Corynebacterium thomssenii	***n*=1**	0 (1)	0% (100%)	1,573	1	100%	1,993	0	0%	1,342	0 (1)	0% (100%)	1,322
Corynebacterium tuberculostearicum	***n*=7**	3 (6)	50,0% (85,7%)	1,730	6	85,7%	1,844	3 (5)	50,0% (71,4%)	1,671	3 (6)	50,0% (85,7%)	1,723
Corynebacterium ulcerans	***n*=2**	2	100%	2,306	2	100%	2,331	2	100%	2,311	2	100%	2,235
Corynebacterium urealyticum	***n*=5**	5	100%	2,061	5	100%	2,081	5	100%	2,046	5	100%	2,150
Corynebacterium xerosis	***n*=1**	1	100%	2,227	1	100%	2,212	1	100%	2,170	1	100%	2,136
Dermabacter hominis	***n*=8**	7 (8)	87,5% (100%)	1,992	8	100%	2,009	8	100%	1,952	8	100%	1,942
Microbacterium oxydans	***n*=2**	1	50,0%	2,386	1	50,0%	2,327	1	50,0%	2,380	1	50,0%	2,278
Microbacterium paraoxydans	***n*=2**	2	100%	2,379	2	100%	2,363	2	100%	2,370	2	100%	2,380
Rothia dentocariosa	***n*=4**	4	100%	2,316	4	100%	2,363	4	100%	2,404	4	100%	2,358
Turicella otitidis	***n*=9**	9	100%	2,031	9	100%	2,095	9	100%	2,090	9	100%	1,986
insgesamt getestete Stämme:	***n*=215**												
richtige Speziesidentifikationen:													
Score-Wert ≥ 1,7		**180**	**83,7%**		**187**	**87,0%**		**178**	**82,8%**		**178**	**82,8%**	
(jeglicher Score-Wert)		**(195)**	**(90,7%)**		**(194)**	**(90,2%)**		**(191)**	**(88,8%)**		**(195)**	**(90,7%)**	

3.2.2 Statistische Auswertung des Vergleichs der Speziesidentifikation mit MALDI-TOF MS nach Kultivierung der Bakterien auf unterschiedlichen Nährböden bzw. nach Vorbehandlung des Bakterienschmierpräparates mit 70%iger Ameisensäure:

Nullhypothese 1:

Die Anzahl der richtigen Identifikationen (Score-Wert $\geq$ 1,7) ist stochastisch unabhängig von einer Vorbehandlung des Bakterienschmierpräparates mit 70%iger Ameisensäure.

n (gesamt) = 215	Columbia 5% Blutagar	Columbia 5% Blutagar Ameisensäure 70%	Zeilensumme:
richtige Identifikation	a = 180	b = 187	a+b = 367
falsche Identifikation bzw. Score < 1,7	c = 35	d = 28	c+d = 63
Spaltensumme:	a+c = 215	b+d = 215	a+b+c+d = 430

$$X^2 = \frac{n \cdot (a \cdot d - c \cdot b)^2}{(a+c) \cdot (b+d) \cdot (a+b) \cdot (c+d)} = \frac{215 \cdot (180 \cdot 28 - 35 \cdot 187)^2}{(180+35) \cdot (187+28) \cdot (180+187) \cdot (35+28)}$$

$X^2 = 0{,}456 < 3{,}841$

Die Prüfgröße Chi-Quadrat (X^2) ist kleiner 3,841. Somit wird die Nullhypothese 1 bei einem Signifikanzniveau von $\alpha = 0{,}05$ beibehalten.

Die Vorbehandlung des Bakterienschmierpräparates mit 70%iger Ameisensäure hat keinen signifikanten Einfluss auf die Anzahl der richtigen Identifikationen mit MALDI-TOF MS.

Nullhypothese 2:

Die Anzahl der richtigen Identifikationen (Score $\geq$ 1,7) ist stochastisch unabhängig von der Kultivierung der Bakterien auf Columbia 5% Blutagar oder CNA Blutagar.

n (gesamt) = 215	Columbia 5% Blutagar	CNA Blutagar	Zeilensumme:
richtige Identifikation	a = 180	b = 178	a+b = 358
falsche Identifikation bzw. Score < 1,7	c = 35	d = 37	c+d = 72
Spaltensumme:	a+c = 215	b+d = 215	a+b+c+d = 430

$$X^2 = \frac{n \cdot (a \cdot d - c \cdot b)^2}{(a+c) \cdot (b+d) \cdot (a+b) \cdot (c+d)} = \frac{215 \cdot (180 \cdot 37 - 35 \cdot 178)^2}{(180+35) \cdot (178+37) \cdot (180+178) \cdot (35+37)}$$

$X^2 = 0{,}033 < 3{,}841$

Die Prüfgröße Chi-Quadrat (X^2) ist kleiner 3,841. Somit wird die Nullhypothese 2 bei einem Signifikanzniveau von $\alpha = 0{,}05$ beibehalten.

Die Wahl des Nährbodens CNA Blutagar anstelle von Columbia 5% Blutagar hat keinen signifikanten Einfluss auf die Anzahl der richtigen Identifikationen mit MALDI-TOF MS.

Nullhypothese 3:

Die Zahl der richtigen Identifikationen mit (Score-Wert $\geq$ 1,7) ist stochastisch unabhängig von der Kultivierung der Bakterien auf Columbia 5% Blutagar oder Schokoladenagar.

n (gesamt) = 215	Columbia 5% Blutagar	Schokoladenagar	Zeilensumme:
richtige Identifikation	a = 180	b = 178	a+b = 358
falsche Identifikation bzw. Score < 1,7	c = 35	d = 37	c+d = 72
Spaltensumme:	a+c = 215	b+d = 215	a+b+c+d = 430

$$X^2 = \frac{n \cdot (a \cdot d - c \cdot b)^2}{(a+c) \cdot (b+d) \cdot (a+b) \cdot (c+d)} = \frac{215 \cdot (180 \cdot 37 - 35 \cdot 178)^2}{(180+35) \cdot (178+37) \cdot (180+178) \cdot (35+37)}$$

$X^2 = 0{,}033 < 3{,}841$

Die Prüfgröße Chi-Quadrat (X^2) ist kleiner 3,841. Somit wird die Nullhypothese 3 bei einem Signifikanzniveau von $\alpha = 0{,}05$ beibehalten.

Die Wahl des Nährbodens Schokoladenagar anstelle von Columbia 5% Blutagar hat keinen signifikanten Einfluss auf die Anzahl der richtigen Identifikationen mit MALDI-TOF MS.

3.3 Vergleich der Speziesidentifikation mit MALDI-TOF MS und dem API Coryne Testsystem

3.3.1 Ergebnistabelle

Tabelle 5 zeigt das Ergebnis der Untersuchung von 509 Routineisolaten coryneformer Bakterien mit MALDI-TOF MS und dem API Coryne Testsystem. In Tabelle 5 werden die getesteten Routineisolate alphabetisch nach der vorliegenden Bakterienspezies geordnet.
Die Speziesidentifikation mit MALDI-TOF MS erfolgt durch Angabe der an erster Stelle genannten Spezies, d. h. der Spezies mit dem höchsten Score-Wert.
Das Ergebnis des API Coryne Testsystems wird in Form des nummerischen Codes bzw. der Speziesidentifikation mit Hilfe der API Coryne Datenbank angegeben.
Die API Coryne Datenbank listet dabei die am besten passende Spezies unter "1.Wahl" (gegebenenfalls auch mehrere Spezies in einer Rangfolge) sowie weitere Spezies unter "nächste Wahl". In dieser Studie wurden die unter "1.Wahl" genannten Spezies berücksichtigt.
Weiter wird die Speziesidentifikation durch die API Coryne Datenbank gewertet:

1. ausgezeichnete / sehr gute / gute Identifizierung
   ausgezeichnete / sehr gute / gute Identifizierung auf Genusebene
   geringe Selektivität / akzeptierbare Identifizierung
2. zweifelhaftes Profil / Identifizierung unzuverlässig
3. Profil unakzeptierbar

Die unter 1. genannten Bewertungen wurden in Tabelle 5 nicht näher aufgeführt.
Bei unter 2. genannten Bewertungen wurde der jeweilige nummerische Code mit einem Fragezeichen (?) gekennzeichnet bzw. bei der Bewertung "Profil unakzeptierbar" mit einer Raute (#) gekennzeichnet.
Unter Berücksichtigung der Bakterienmorphologie und gegebenenfalls Zusatztests wurde die identifizierte Bakterienspezies aus den in der API Coryne Datenbank unter "1.Wahl" gelisteten Spezies ausgewählt. Falls die identifizierte Spezies nicht als einzige, sondern in einer Rangfolge mit anderen Spezies genannt wurde, wird in Tabelle 5 ihre Stelle in der Rangliste in Klammern angegeben (z. B. bedeutet "*C. striatum / amycolatum* (1.)", dass die Spezies *C. striatum / amycolatum* an 1. Stelle in einer Rangfolge mit anderen Spezies gelistet wurden; "*C. striatum / amycolatum*" bedeutet, dass die Spezies *C. striatum / amycolatum* als einzige Spezies unter "1.Wahl" genannt wurden.).

Falls die vorliegende Spezies unter “1.Wahl“ nicht genannt wurde, wird in Tabelle 5 die an erster Stelle aufgeführte Spezies gelistet.
Die Identifikation der Spezies *Corynebacterium minutissimum* erfolgt im API Coryne Testsystem als Ergänzung zur Identifikation “*C. striatum / amycolatum*“ unter der Angabe “Möglichkeit von *C. minutissimum*“. Die Differenzierung dieser drei Spezies erfolgte dann anhand der Morphologie der Bakterienkolonien (*C. amycolatum*: matt-weiße Kolonien mit gekerbtem Rand; *C. minutissimum* / *C. striatum*: creme-weiß glänzende Kolonien mit glattem Rand) und anhand typischer Stoffwechselreaktionen (*C. minutissimum*: Nitrat-Reduktion negativ, Fermentation von Maltose positiv; *C. striatum*: Nitrat-Reduktion positiv, Fermentation von Maltose negativ).
Bei diskrepanter Speziesidentifikation (MALDI-TOF MS / API Coryne Testsystem) wurde die tatsächlich vorliegende Spezies durch Begutachtung der Morphologie der Kolonien durch einen erfahrenen Untersucher (Prof. Dr. med. G. Funke) und gegebenenfalls durch Zusatztests (CAMP-Test, Zink-Zugabe nach negativer Nitratreduktion) bestimmt.
In Zweifelsfällen wurde der API Coryne Test wiederholt. In 21 Fällen erfolgte die Speziesidentifikation durch partielle 16S rRNA Gen-Sequenzierung der ersten 500 Basenpaare der bakteriellen DNA, welche für diesen Abschnitt kodiert.
Die Reagenzienzugabe zur Auswertung des API Coryne Teststreifens erfolgte nach Inkubation für ca. 20 h bei 36°C. Anschließend erfolgte die erste Ablesung des nummerischen Codes (Tabellenspalte: Identifikation mit API Coryne nach ca. 20 h Inkubation). Eine zweite Ablesung der Fermentationsreaktionen und der Gelatine-Hydrolysereaktion erfolgte nach einer längeren Inkubationszeit für insgesamt ca. 48-72 h bei 36°C (Tabellenspalte: Identifikation mit API Coryne nach ca. 48-72 h Inkubation).
Im Falle von Testwiederholungen wurde das Ergebnis des ersten Tests unter “20 h Inkubation“ in Klammern angegeben. Das Ergebnis des Wiederholungstests wurde unter “48-72 h Inkubation“ mit dem Zusatz “Wdh.“ angegeben.
35 Routineisolate (14, 27, 28, 81, 83, 99, 102, 122, 133, 135, 137, 168, 170, 193, 202, 223, 268, 273, 278, 286, 298, 327, 357, 372, 395, 402, 409, 431, 463, 471, 496, 512, 515, 521 und 533) wurden in der Studie nicht berücksichtigt, entweder weil auf der API-Kontrollplatte keine Reinkultur vorlag oder weil die vorliegende Spezies nicht zu den coryneformen Bakterien gehörte.
In Tabelle 14 (Seiten 236-285) im Anhang dieser Arbeit werden ergänzend die in der API Coryne Datenbank unter “1.Wahl“ (gegebenenfalls auch unter “nächste Wahl“) aufgeführten Bakterienspezies gelistet. Zusätzlich werden hier die Bakterienmorphologie und das Ergebnis der Zusatztests angegeben.

Tabelle 5:

Symbole und Abkürzungen :

(?)	zweifelhaftes Profil / Identifizierung unzuverlässig (Angabe aus der API (Rapid) Coryne database 2.0)
#	Profil nicht akzeptierbar (Angabe aus der API (Rapid) Coryne database 2.0)
*	Bakterienspezies (bzw. Gattung bei *Brachybacterium* sp.) ist nicht in der API (Rapid) Coryne database 2.0 enthalten.
**	Die Gattung *Pseudoclavibacter* ist weder in der API (Rapid) Coryne database 2.0 noch in der Datenbank MALDI Biotyper 2.0 (Stand 15.10.2009) enthalten.
^	Die API (Rapid) Coryne database 2.0 enthält für die Gattungen *Arthrobacter* / *Brevibacterium* / *Microbacterium* nur Identifikationsprofile auf Gattungsebene.
^^	Die Gattung *Tsukamurella* wird in der API (Rapid) Coryne database 2.0 unter *Rhodococcus* sp. geführt.
^^^	Die Spezies *Corynebacterium tuberculostearicum* wird in der API (Rapid) Coryne database 2.0 unter *Corynebacterium* CDC group G geführt.
°	Die Gattung *Aureobacterium* wurde der Gattung *Microbacterium* zugeordnet.
Zink:	Zur Differenzierung zwischen *Corynebacterium simulans* und *Corynebacterium striatum* wurde bei initial negativer Nitratreduktion im API Coryne Testsystem Zink in das Testfeld zugegeben und der nummerische Code nach der Zinkzugabe notiert.
Wdh.	Der API Coryne Test wurde wiederholt. Es wird das Testergebnis der Testwiederholung angegeben.
( )	Der API Coryne Test wurde wiederholt. Es wird das Testergebnis der ersten Testung in Klammern angegeben.
(s.)	Der Bakterienstamm wurde zur definitiven Identifikation sequenziert mittels partieller 16S rRNA Gen-Sequenzierung.
rot	falsche Gattung bzw. Score-Wert <1,7 oder # Profil nicht akzeptierbar
gelb	falsche Spezies / richtige Gattung

Tabelle 5: Vergleich der Speziesbestimmung mit MALDI-TOF MS und dem API Coryne Testsystem

vorliegende Spezies (*n* = Anzahl) Probennummer / Ursprungsmaterial		Identifikation mit MALDI-TOF MS	Score Wert	Identifikation mit API Coryne (nach ca. 20 h Inkubation)	numm. Code (ca. 20 h)	Identifikation mit API Coryne (nach ca. 48-72 h Inkubation)	numm. Code (ca. 48-72 h)
***Actinomyces urogenitalis* * (*n*=1)**							
90 (s.)	Abstrich Erythem Leiste	*Actinomyces urogenitalis*	1,592	*Cellulomonas* sp. / *Microbacterium* sp.	5470565 (?)	*Cellulomonas* sp. / *Microbacterium* sp.	5470565 (?)
***Arcanobacterium haemolyticum* (*n*=1)**							
279	Pleuraabstrich	*Arcanobacterium haemolyticum*	2,123	(*Arthrobacter* sp.)	(2010004)	*Arcanobacterium haemolyticum*	2520361 Wdh.
***Arcanobacterium pyogenes* (*n*=1)**							
530	Wundabstrich	*Arcanobacterium pyogenes*	1,421	*Arcanobacterium pyogenes*	5712760	*Arcanobacterium pyogenes*	5712760
***Arthrobacter* sp.^ (*n*=7)**							
17 (s.)	keine Daten	*Arthrobacter protophormiae*	1,443	*C. afermentans / coyleae*	2100004	*C. auris / Turicella otitidis*	2100004
66	Wundabstrich	*Arthrobacter aurescens*	2,369	*Arthrobacter* sp.	6752004	*Arthrobacter* sp.	6752004
107	Wundabstrich oberes Sprunggelenk	*Arthrobacter aurescens*	2,237	*Arthrobacter* sp.	3770104	*Arthrobacter* sp.	3770104
190 (s.)	Abstrich Ulkus	*Serratia rubideae*	1,443	*Arthrobacter* sp. (1.)	6110004	*Arthrobacter* sp. (1.)	6110004
225	Wundabstrich	*Arthrobacter ilicis*	2,536	*Arthrobacter* sp.	2750004	*Arthrobacter* sp.	2750004
295 (s.)	Abstrich Ohr	*Proteus mirabilis*	1,203	*Rhodococcus* sp.	2110004	*Rhodococcus* sp.	2110004
458 (s.)	Cervixabstrich	*Listeria monocytogenes*	1,435	*Arthrobacter* sp. (5.)	2000004 #	*Arthrobacter* sp. (1.)	2002004
***Arthrobacter cumminsii* ^ (*n*=4)**							
117	Wundabstrich	*Arthrobacter cumminsii*	1,728	*Arthrobacter* sp. (2.)	6102004	*Arthrobacter* sp. (2.)	6102004
342	Abstrich Dekubitus Steiß	*Arthrobacter cumminsii*	1,522	*C. afermentans / coyleae*	6100004	*Arthrobacter* sp. (2.)	6102004
396	Abstrich Leiste	*Arthrobacter cumminsii*	1,464	*Arthrobacter* sp. (2.)	6102004	*Arthrobacter* sp. (2.)	6102004
446	Abstrich Ulkus Leiste	*Arthrobacter cumminsii*	1,616	*Arthrobacter* sp. (2.)	6102004	*Arthrobacter* sp. (2.)	6102004

Fortsetzung Tabelle 5:

vorliegende Spezies (*n* = Anzahl) Probennummer / Ursprungsmaterial		Identifikation mit MALDI-TOF MS	Score Wert	Identifikation mit API Coryne (nach ca. 20 h Inkubation)	numm. Code (ca. 20 h)	Identifikation mit API Coryne (nach ca. 48-72 h Inkubation)	numm. Code (ca. 48-72 h)
***Brachybacterium* sp.* (*n*=2)**							
384 (s.)	Wundabstrich Oberschenkel	*Lactobacillus reuteri*	1,481	*Oerskovia xanthineolytica*	6572326	*Oerskovia xanthineolytica*	6572326
482 (s.)	Wundabstrich Oberschenkel	*Lactobacillus gasseri*	1,455	*Oerskovia xanthineolytica*	2570326	*Oerskovia xanthineolytica*	2572326
***Brevibacterium* sp.^ (*n*=4)**							
156 (s.)	Punktat in Blutkulturflasche	*Lactobacillus malefermentans*	1,407	*Brevibacterium* sp. (1.)	6102004	*Brevibacterium* sp. (1.)	6102004
352	Wundabstrich Oberschenkel	*Brevibacterium celere*	2,197	*Brevibacterium* sp. (3.)	3112004	*Brevibacterium* sp. (3.)	3112004
369	Abstrich Leiste	*Bacillus subtilis* subsp. *subtilis*	1,337	*C. auris / Turicella otitidis*	2100004	*C. auris / Turicella otitidis*	2100004
539 (s.)	Wundabstrich	*Salmonella* sp.	1,349	*C. auris / Turicella otitidis*	2100004	*Corynebacterium jeikeium*	2100204
***Cellulosimicrobium cellulans* (*n*=1)**							
12	Abstrich Ohr	*Cellulosimicrobium cellulans*	2,246	*Oerskovia xanthineolytica* (neue Bezeichnung: *Cellulosimicrobium cellulans*)	3572727	*Oerskovia xanthineolytica* (neue Bezeichnung: *Cellulosimicrobium cellulans*)	3572727
***Corynebacterium* sp. (*n*=3)**							
292 (s.)	Ulkusabstrich	*Pseudomonas fluorescens*	1,348	*Brevibacterium* sp.	4110324	*Brevibacterium* sp.	4110324
379 (s.)	Wundabstrich Oberschenkel	*Candida albicans*	1,452	*C. auris / Turicella otitidis*	2100004	*C. argentoratense*	2100104
505 (s.)	Abstrich Nase	*Thauera terpenica*	1,376	*Rhodococcus* sp.	2111004	*C. striatum / amycolatum*	2111104
***Corynebacterium accolens* (*n*=4)**							
89	Rachenabstrich	*Corynebacterium accolens*	2,089	(*Corynebacterium propinquum*)	(3000004)	*Corynebacterium accolens*	3000304 Wdh.
95	Abstrich	*Corynebacterium accolens*	1,615	(*C. auris / Turicella otitidis*)	(2100004)	*Corynebacterium accolens*	3000304 Wdh.
242	Wundabstrich	*Corynebacterium accolens*	1,361	*Corynebacterium propinquum*	5000004	*C. accolens* (1.)	5002305 (?)
534	Wundabstrich Nase	*Corynebacterium accolens*	2,130	*Corynebacterium propinquum*	5000004	*Corynebacterium accolens*	5000204 (?)

Fortsetzung Tabelle 5:

vorliegende Spezies (*n* = Anzahl) Probennummer / Ursprungsmaterial		Identifikation mit MALDI-TOF MS	Score Wert	Identifikation mit API Coryne (nach ca. 20 h Inkubation)	numm. Code (ca. 20 h)	Identifikation mit API Coryne (nach ca. 48-72 h Inkubation)	numm. Code (ca. 48-72 h)
***Corynebacterium amycolatum* (*n*=181)**							
2	Wundabstrich	*Corynebacterium amycolatum*	2,029	*Corynebacterium propinquum*	3100005	*C. striatum / amycolatum*	3100105
3	Abstrich	*Corynebacterium amycolatum*	2,149	*C. auris / Turicella otitidis*	2100004	*C. striatum / amycolatum*	2100125
4	Abstrich Oberschenkel	*Corynebacterium amycolatum*	2,116	(*C. auris / Turicella otitidis*)	(2100004)	*C. striatum / amycolatum* (2.)	2100324 Wdh.
5	Abszessabstrich Katheter	*Corynebacterium amycolatum*	2,084	(*Corynebacterium propinquum*)	(1100004)	*C. striatum / amycolatum* (1.)	3100324 Wdh.
7	Wundabstrich Leiste	*Corynebacterium amycolatum*	2,062	*C. striatum / amycolatum* (1.)	2100124	*C. striatum / amycolatum* (2.)	2100324
8	Wundabstrich	*Corynebacterium amycolatum*	2,107	*C. striatum / amycolatum* (1.)	2100124	*C. striatum / amycolatum* (1.)	2100124
10	Abstrich Oberschenkel	*Corynebacterium amycolatum*	2,065	(*Corynebacterium urealyticum*)	(0101004)	*C. striatum / amycolatum* (2.)	3100305 Wdh.
13	Wundabstrich Bauch, Katheter	*Corynebacterium striatum*	2,367	*C. striatum / amycolatum*	3100105	*C. striatum / amycolatum*	3100105
18	Leistenabstrich	*Corynebacterium amycolatum*	2,023	*C. auris / Turicella otitidis*	2100004	*C. striatum / amycolatum* (2.)	2100325
20	Abstrich	*Corynebacterium amycolatum*	2,042	*C. striatum / amycolatum* (1.)	2100124	*C. striatum / amycolatum* (2.)	2100324
21	Abstrich Unterschenkel	*Corynebacterium amycolatum*	2,189	*C. striatum / amycolatum*	2100125	*C. striatum / amycolatum* (2.)	2100325
22	Wundabstrich	*Corynebacterium amycolatum*	2,023	*C. striatum / amycolatum* (1.)	2100124	*C. striatum / amycolatum* (2.)	2100324
23	Abstrich Atherom Axilla	*Corynebacterium amycolatum*	1,984	*C. striatum / amycolatum* (1.)	2100124	*C. striatum / amycolatum* (2.)	2100324
24	Hautabstrich Kopf	*Corynebacterium amycolatum*	2,039	*C. striatum / amycolatum* (1.)	2100124	*C. striatum / amycolatum* (2.)	2100324
29	Wundabstrich	*Corynebacterium amycolatum*	2,063	*C. striatum / amycolatum* (1.)	2100124	*C. striatum / amycolatum* (2.)	2100324
31	Abstrich Atherom Leiste	*Corynebacterium amycolatum*	2,096	*C. auris / Turicella otitidis*	2100004	*C. striatum / amycolatum* (2.)	2100324
32	Abstrich Leiste	*Corynebacterium amycolatum*	1,965	*C. striatum / amycolatum* (1.)	3100104	*C. striatum / amycolatum* (1.)	3100325
34	Wundabstrich	*Corynebacterium amycolatum*	2,101	*C. auris / Turicella otitidis*	2100004	*C. striatum / amycolatum* (2.)	2100324
36	Abstrich Gesäß	*Corynebacterium amycolatum*	1,980	*C. argentoratense*	2100104	*Corynebacterium jeikeium*	2100304
41	Wundabstrich	*Corynebacterium amycolatum*	2,170	*C. striatum / amycolatum*	3100105	*C. striatum / amycolatum* (2.)	3100305
44	Vaginalabstrich	*Corynebacterium amycolatum*	2,102	*C. striatum / amycolatum* (2.)	2100324	*C. striatum / amycolatum* (2.)	2100324
45	Wundabstrich Vorfuß	*Corynebacterium amycolatum*	2,116	*C. striatum / amycolatum* (1.)	3100005 (?)	*C. striatum / amycolatum* (2.)	3100305
51	Vaginalabstrich	*Corynebacterium amycolatum*	2,035	*Corynebacterium propinquum*	3100004	*C. striatum / amycolatum* (2.)	3100305
52	Wundabstrich Oberschenkel	*Corynebacterium amycolatum*	2,125	*C. striatum / amycolatum* (2.)	2100324	*C. striatum / amycolatum* (2.)	2100324
54	keine Daten	*Corynebacterium amycolatum*	2,029	*C. striatum / amycolatum*	2100105	*C. striatum / amycolatum* (2.)	2100325
56	Abstrich Leiste	*Corynebacterium amycolatum*	2,056	*C. striatum / amycolatum*	3100125	*C. striatum / amycolatum* (1.)	3100325

Fortsetzung Tab. 5

Nr.	Vorliegende Spezies / Ursprungsmaterial:	Identifikation mit MALDI-TOF MS	Score Wert	Identifikation mit API Coryne (nach ca. 20 h Inkubation)	numm. Code (ca. 20 h)	Identifikation mit API Coryne (nach ca. 48-72 h Inkubation)	numm. Code (ca. 48-72 h)
	***C. amycolatum*:**						
58	Abstrich Ohr	*Corynebacterium amycolatum*	1,922	*C. striatum / amycolatum* (1.)	2100124	*C. striatum / amycolatum* (2.)	2100324
59	Trachealsekret	*Corynebacterium amycolatum*	2,162	*C. auris / Turicella otitidis*	2100004	*Corynebacterium jeikeium*	2100304
63	Urin	*Corynebacterium amycolatum*	2,143	*C. pseudodiphtheriticum*	3101004	*C. striatum / amycolatum* (1.)	3101525 (?)
65	Wundabstrich	*Corynebacterium amycolatum*	1,978	*Corynebacterium propinquum*	3100004	*C. striatum / amycolatum* (1.)	3100304
69	keine Daten	*Corynebacterium amycolatum*	2,055	*Corynebacterium propinquum*	3100004	*C. striatum / amycolatum* (1.)	3100325
72	Abszessabstrich	*Corynebacterium amycolatum*	2,010	*Corynebacterium urealyticum*	2101004	*C. striatum / amycolatum* (1.)	2101324
74	Wundabstrich	*Corynebacterium amycolatum*	1,996	(*Corynebacterium propinquum*)	(1100004)	*C. striatum / amycolatum* (1.)	3140325 Wdh.
75	Abstrich Leiste	*Corynebacterium amycolatum*	1,998	*C. striatum / amycolatum*	3100105	*C. striatum / amycolatum* (1.)	3100325
78	Wundabstrich Oberschenkel	*Corynebacterium amycolatum*	2,068	*C. striatum / amycolatum* (2.)	2100324	*C. striatum / amycolatum* (2.)	2100324
80	Wundabstrich	*Corynebacterium amycolatum*	1,941	*C. auris / Turicella otitidis*	2100004	*C. striatum / amycolatum* (2.)	2100324
84	Wundabstrich	*Corynebacterium amycolatum*	2,092	*Corynebacterium propinquum*	3100004	*C. striatum / amycolatum* (1.)	3100325
93	Abstrich	*Corynebacterium amycolatum*	2,110	*Corynebacterium propinquum*	3100004	*C. striatum / amycolatum* (1.)	3100325
96	Abstrich Axilla	*Corynebacterium amycolatum*	1,858	*Corynebacterium propinquum*	3100004	*C. striatum / amycolatum* (2.)	3100205 (?)
105	Abstrich Leiste	*Corynebacterium amycolatum*	1,903	(*Corynebacterium propinquum*)	(3100004)	*C. striatum / amycolatum* (1.)	3100325 Wdh.
110	Abstrich Abszess Rima ani	*Corynebacterium amycolatum*	2.019	*C. auris / Turicella otitidis*	2100004	*C. argentoratense*	2100104
112	Wundabstrich Pilonidalsinus	*Corynebacterium amycolatum*	2,073	*C. striatum / amycolatum* (1.)	3100124	*C. striatum / amycolatum* (1.)	3100324
114	Wundabstrich	*Corynebacterium amycolatum*	1,966	*C. striatum / amycolatum* (1.)	3100325	*C. striatum / amycolatum* (1.)	3100325
116	Wundabstrich	*Corynebacterium amycolatum*	1,945	*C. striatum / amycolatum* (1.)	3100325	*C. striatum / amycolatum* (1.)	3100325
119	Abstrich Ulkus	*Corynebacterium amycolatum*	2,047	*C. auris / Turicella otitidis*	2100004	*C. striatum / amycolatum* (2.)	2100324
125	Wundabstrich	*Corynebacterium amycolatum*	2,112	*C. striatum / amycolatum*	3100125	*C. striatum / amycolatum* (1.)	3100325
127	Abstrich Leiste	*Corynebacterium amycolatum*	2,038	*C. striatum / amycolatum*	3100105	*C. striatum / amycolatum* (2.)	3100305
128	Abstrich Ulkus	*Corynebacterium amycolatum*	2,064	*C. striatum / amycolatum* (1.)	3100325	*C. striatum / amycolatum* (1.)	3100325
139	Abstrich Leiste	*Corynebacterium amycolatum*	3,056	*C. argentoratense*	2100104	*Corynebacterium jeikeium*	2100304
141	Trachealsekret	*Corynebacterium amycolatum*	1,971	*C. striatum / amycolatum* (1.)	3100325	*C. striatum / amycolatum* (1.)	3100325
142	Abstrich Bauchhöhle	*Corynebacterium amycolatum*	1,998	*C. striatum / amycolatum* (1.)	3140325	*C. striatum / amycolatum* (1.)	3140325
143	Abstrich rektal	*Corynebacterium amycolatum*	2,005	*C. striatum / amycolatum* (1.)	3100325	*C. striatum / amycolatum* (1.)	3100325

Fortsetzung Tab. 5

Nr.	Vorliegende Spezies / Ursprungsmaterial:	Identifikation mit MALDI-TOF MS	Score Wert	Identifikation mit API Coryne (nach ca. 20 h Inkubation)	numm. Code (ca. 20 h)	Identifikation mit API Coryne (nach ca. 48-72 h Inkubation)	numm. Code (ca. 48-72 h)
	***C. amycolatum*:**						
147	Wundabstrich Gesäß	*Corynebacterium amycolatum*	2,104	*C. striatum / amycolatum* (1.)	2100124	*C. striatum / amycolatum* (2.)	2100325
154	Abstrich skrotal	*Corynebacterium amycolatum*	2,129	*C. striatum / amycolatum* (2.)	2100324	*C. striatum / amycolatum* (2.)	2100324
155	Blutkultur	*Corynebacterium amycolatum*	1,959	*C. striatum / amycolatum* (1.)	3101325	*C. striatum / amycolatum* (1.)	3101325
158	Wundabstrich Bauch	*Corynebacterium amycolatum*	1,981	*C. striatum / amycolatum* (2.)	2100324	*C. striatum / amycolatum* (2.)	2100324
159	Abstrich Abszess Steiß	*Corynebacterium amycolatum*	2,145	*C. striatum / amycolatum* (2.)	2100325	*C. striatum / amycolatum* (2.)	2100325
162	Wundabstrich Vorfuß	*Corynebacterium amycolatum*	2,105	*C. striatum / amycolatum* (2.)	2100324	*C. striatum / amycolatum* (2.)	2100324
167 (s.)	Wundabstrich Unterschenkel	*Corynebacterium amycolatum*	1,378	(*Corynebacterium propinquum*)	(3100004)	*C. striatum / amycolatum* (1.)	3100325 Wdh.
171	keine Daten	*Corynebacterium amycolatum*	2,036	*C. striatum / amycolatum* (1.)	3101325	*C. striatum / amycolatum* (1.)	3101325
172	Pleurapunktat	*Corynebacterium amycolatum*	2,087	*C. striatum / amycolatum* (1.)	3101325	*C. striatum / amycolatum* (1.)	3101325
173	Abszessabstrich	*Corynebacterium amycolatum*	2,078	*C. striatum / amycolatum* (1.)	3100304	*C. striatum / amycolatum* (1.)	3100324
174	Abstrich Ulkus Bein	*Corynebacterium amycolatum*	2,020	(*Corynebacterium propinquum*)	(2000004)	*C. striatum / amycolatum* (1.)	3100325 Wdh.
178	Abstrich Drainage	*Corynebacterium amycolatum*	1,945	*C. auris / Turicella otitidis*	2100004	*C. striatum / amycolatum*	2100105
180	Abstrich Trommelfell	*Corynebacterium amycolatum*	1,835	*C. striatum / amycolatum* (2.)	3100205	*C. striatum / amycolatum* (2.)	3100205
181	Abdomenabstrich	*Corynebacterium amycolatum*	1,984	*C. argentoratense*	2100104	*C. striatum / amycolatum* (2.)	2100324
183	Abstrich Leiste	*Corynebacterium amycolatum*	2,011	*Corynebacterium propinquum*	3100004	*C. striatum / amycolatum* (1.)	3100325
184	Abstrich anal	*Corynebacterium amycolatum*	1,934	*C. striatum / amycolatum*	3100105	*C. striatum / amycolatum* (1.)	3100325
189	Trachealsekret	*Corynebacterium amycolatum*	1,897	*Corynebacterium propinquum*	3100004	*C. striatum / amycolatum* (1.)	3100325
191	Abstrich Leiste	*Corynebacterium amycolatum*	2,016	*Corynebacterium propinquum*	3100004	*C. striatum / amycolatum* (1.)	3100325
192	Wundabstrich Fuß	*Corynebacterium amycolatum*	2,109	*C. pseudodiphtheriticum*	3101004	*C. striatum / amycolatum* (1.)	3101325
194	Wundabstrich Tracheostoma	*Corynebacterium amycolatum*	2,002	*C. striatum / amycolatum*	3100105	*C. striatum / amycolatum* (1.)	3100325
200 (s.)	Abstrich Leiste	*Corynebacterium amycolatum*	1,867	(*C. auris / Turicella otitidis*)	(2100004)	*Corynebacterium jeikeium*	2100324 Wdh.
206	Abstrich Fuß	*Corynebacterium amycolatum*	1,955	*C. argentoratense*	2100104	*C. striatum / amycolatum* (2.)	2100324
207	Wundabstrich Vorfuß	*Corynebacterium amycolatum*	2,014	*C. striatum / amycolatum* (2.)	2110324 (?)	*C. striatum / amycolatum* (2.)	2110324(?)Wdh.
209	Wundabstrich	*Corynebacterium amycolatum*	1,960	*C. striatum / amycolatum*	3100125	*C. striatum / amycolatum* (1.)	3100325
211	Abstrich Ohr	*Corynebacterium amycolatum*	2,152	*C. striatum / amycolatum* (1.)	3100324	*C. striatum / amycolatum* (1.)	3100324
214	Wundabstrich	*Corynebacterium amycolatum*	2,077	(*Corynebacterium propinquum*)	(3100004)	*C. striatum / amycolatum* (1.)	3140325 Wdh.

Fortsetzung Tab. 5

Nr.	Vorliegende Spezies / Ursprungsmaterial:	Identifikation mit MALDI –TOF MS	Score Wert	Identifikation mit API Coryne (nach ca. 20 h Inkubation)	numm. Code (ca. 20 h)	Identifikation mit API Coryne (nach ca. 48-72 h Inkubation)	numm. Code (ca. 48-72 h)
	***C. amycolatum*:**						
215	Abstrich Ulkus Unterschenkel	*Corynebacterium amycolatum*	1,767	*C. striatum / amycolatum* (2.)	2140324	*C. striatum / amycolatum* (2.)	2140324
216	Abstrich Nabel	*Corynebacterium amycolatum*	2,209	*Corynebacterium propinquum*	3100004	*C. striatum / amycolatum* (1.)	3100304
217	Abstrich Leiste	*Corynebacterium amycolatum*	1,956	*C. striatum / amycolatum* (1.)	3100325	*C. striatum / amycolatum* (1.)	3100325
218	Wundabstrich Gesäß	*Corynebacterium amycolatum*	2,001	*C. argentoratense*	2100104	*C. striatum / amycolatum* (2.)	2100324
219	Abstrich Ulkus	*Corynebacterium amycolatum*	2,061	*Corynebacterium propinquum*	3100004	*C. striatum / amycolatum* (1.)	3100224 (?)
220	Abstrich Leiste	*Corynebacterium amycolatum*	2,011	*Corynebacterium propinquum*	3100004	*C. striatum / amycolatum* (2.)	3100305
221	Abstrich Trachealkanüle	*Corynebacterium amycolatum*	2,101	*C. striatum / amycolatum* (1.)	3100325	*C. striatum / amycolatum* (1.)	3100325
222	Abstrich Auge	*Corynebacterium amycolatum*	1,972	*C. striatum / amycolatum* (2.)	2100324	*C. striatum / amycolatum* (2.)	2100324
227 (s.)	Abstrich Ulkus	*Corynebacterium amycolatum*	1,934	*Corynebacterium propinquum*	3100004	*C. striatum / amycolatum* (1.)	3100304
228	Abstrich Uklus	*Corynebacterium amycolatum*	1,923	*C. striatum / amycolatum*	2100105	*C. striatum / amycolatum*	2100105
234	Wundabstrich	*Corynebacterium amycolatum*	2,075	*C. striatum / amycolatum* (2.)	2100324	*C. striatum / amycolatum* (2.)	2100324
238	Bauchdeckenabstrich	*Corynebacterium amycolatum*	2,027	*C. striatum / amycolatum*	2101124	*C. striatum / amycolatum* (1.)	2101324
247	Abdomenabstrich	*Corynebacterium amycolatum*	2,095	*C. striatum / amycolatum*	3100125	*C. striatum / amycolatum* (1.)	3100325
251	Vaginalabstrich	*Corynebacterium amycolatum*	2,042	*C. striatum / amycolatum* (1.)	2101325	*C. striatum / amycolatum* (1.)	2101325
253	Abstrich Leiste	*Corynebacterium amycolatum*	2,074	*C. striatum / amycolatum* (1.)	2100124	*C. striatum / amycolatum* (2.)	2100324
257	Wundabstrich	*Corynebacterium amycolatum*	1,958	*Corynebacterium propinquum*	3100004	*C. striatum / amycolatum* (2.)	3100305
260	Wundabstrich Unterschenkel	*Corynebacterium amycolatum*	1,972	*C. striatum / amycolatum* (2.)	2100324	*C. striatum / amycolatum* (2.)	2100324
261	Abstrich	*Corynebacterium amycolatum*	2,125	*C. striatum / amycolatum*	2101124	*C. striatum / amycolatum* (1.)	2101324
262	Abstrich	*Corynebacterium amycolatum*	2,051	*C. striatum / amycolatum*	2101124	*C. striatum / amycolatum* (1.)	2101324
264	Katheterspitze zentraler Venenkatheter	*Corynebacterium amycolatum*	1,976	*C. striatum / amycolatum*	2100125	*C. striatum / amycolatum*	2100125
266	Wundabstrich	*Corynebacterium amycolatum*	2,010	*C. striatum / amycolatum* (1.)	3100324	*C. striatum / amycolatum* (1.)	3100324
267	Abstrich Leiste	*Corynebacterium amycolatum*	2,102	*C. striatum / amycolatum*	3100325	*C. striatum / amycolatum* (1.)	3100325
270	Abstrich Atherom Sternum	*Corynebacterium amycolatum*	1,969	*C. striatum / amycolatum* (1.)	3100104	*C. striatum / amycolatum* (1.)	3100104
272	Wundabstrich Fuß	*Corynebacterium amycolatum*	1,929	*C. auris / Turicella otitidis*	2100004	*Corynebacterium jeikeium*	2100304
281	Wundabstrich	*Corynebacterium amycolatum*	2,221	*C. striatum / amycolatum*	3100125	*C. striatum / amycolatum* (1.)	3100325

Fortsetzung Tab. 5

Nr.	Vorliegende Spezies / Ursprungsmaterial:	Identifikation mit MALDI-TOF MS	Score Wert	Identifikation mit API Coryne (nach ca. 20 h Inkubation)	numm. Code (ca. 20 h)	Identifikation mit API Coryne (nach ca. 48-72 h Inkubation)	numm. Code (ca. 48-72 h)
	***C. amycolatum*:**						
284	Wundabstrich Bein	*Corynebacterium amycolatum*	1,649	(*C. auris / Turicella otitidis*)	(2100004)	*C. striatum / amycolatum* (1.)	3100325 Wdh.
285	Wundabstrich Bein	*Corynebacterium amycolatum*	2,129	(*C. auris / Turicella otitidis*)	(2100004)	*C. striatum / amycolatum* (1.)	3100325 Wdh.
291	Abstrich Uklus Unterschenkel	*Corynebacterium amycolatum*	2,084	*C. striatum / amycolatum* (1.)	3101125	*C. striatum / amycolatum* (1.)	3101325
297	Rachenabstrich	*Corynebacterium amycolatum*	2,070	*C. auris / Turicella otitidis*	2100004	*C. striatum / amycolatum* (2.)	2100324
300	Abdomenabstrich	*Corynebacterium amycolatum*	1,959	*C. striatum / amycolatum* (1.)	3100324	*C. striatum / amycolatum* (1.)	3100324
304	Ulkusabstrich	*Corynebacterium amycolatum*	2,060	*C. striatum / amycolatum* (1.)	2100124	*C. striatum / amycolatum* (1.)	2100124
307	Abstrich Hüft-Totalendoprothese	*Corynebacterium amycolatum*	1,932	*Corynebacterium propinquum*	3100004	*C. striatum / amycolatum* (1.)	3100225 (?)
308	Analabstrich	*Corynebacterium amycolatum*	1,979	*C. striatum / amycolatum*	3101324	*C. striatum / amycolatum*	3101324
309	Wundabstrich	*Corynebacterium amycolatum*	2,041	*C. auris / Turicella otitidis*	2100004	*C. striatum / amycolatum* (1.)	2100324
310	Wundabstrich	*Corynebacterium amycolatum*	2,066	*C. striatum / amycolatum* (2.)	2100324	*C. striatum / amycolatum* (1.)	2100324
318	Wundabstrich	*Corynebacterium amycolatum*	1,983	*C. striatum / amycolatum* (2.)	3100305	*C. striatum / amycolatum* (2.)	3100305
319	Wundabstrich	*Corynebacterium amycolatum*	2,037	*Corynebacterium jeikeium*	2100304	*C. striatum / amycolatum* (2.)	2100324
321	Wundabstrich	*Corynebacterium amycolatum*	2,234	*C. striatum / amycolatum* (1.)	3100325	*C. striatum / amycolatum* (1.)	3100325
323	Abstrich Leiste	*Corynebacterium amycolatum*	2,025	*C. auris / Turicella otitidis*	2100004	*C. striatum / amycolatum* (2.)	2100305
326	Wundabstrich	*Corynebacterium amycolatum*	2,016	*C. pseudodiphtheriticum*	3101004	*C. striatum / amycolatum* (1.)	3101365 (?)
329	Abstrich Leiste	*Corynebacterium amycolatum*	2,033	(*C. auris / Turicella otitidis*)	(2100004)	*C. striatum / amycolatum* (2.)	2100325 Wdh.
332	keine Daten	*Corynebacterium amycolatum*	2,169	*C. striatum / amycolatum* (2.)	2100324	*C. striatum / amycolatum* (2.)	2100324
335	Abstrich Sectio–Naht	*Corynebacterium amycolatum*	2,042	*C. auris / Turicella otitidis*	2100004	*C. striatum / amycolatum* (2.)	2100324
338	Abstrich	*Corynebacterium amycolatum*	1,947	*Corynebacterium propinquum*	3100004	*C. striatum / amycolatum* (1.)	3100325
339	Abstrich	*Corynebacterium amycolatum*	1,913	*Corynebacterium propinquum*	3100004	*C. striatum / amycolatum* (1.)	3100325
340	Abstrich Leiste	*Corynebacterium amycolatum*	2,149	*Corynebacterium propinquum*	3100004	*C. striatum / amycolatum* (1.)	3100324
343	Abstrich perineal	*Corynebacterium amycolatum*	1,905	*Corynebacterium propinquum*	3100004	*C. striatum / amycolatum* (1.)	3100325
345	Abstrich Mamma	*Corynebacterium amycolatum*	2,145	*C. auris / Turicella otitidis*	2100004	*C. striatum / amycolatum* (2.)	2100324
346	Abstrich Biopsie plantar	*Corynebacterium amycolatum*	2,145	*C. auris / Turicella otitidis*	2100004	*C. striatum / amycolatum* (2.)	2100324
356	Abstrich Uklus Unterschenkel	*Corynebacterium amycolatum*	2,060	*C. striatum / amycolatum* (1.)	3100324	*C. striatum / amycolatum* (1.)	3100324

Fortsetzung Tab. 5

Nr.	Vorliegende Spezies / Ursprungsmaterial:	Identifikation mit MALDI-TOF MS	Score Wert	Identifikation mit API Coryne (nach ca. 20 h Inkubation)	numm. Code (ca. 20 h)	Identifikation mit API Coryne (nach ca. 48-72 h Inkubation)	numm. Code (ca. 48-72 h)
	***C. amycolatum*:**						
361	Wundabstrich	*Corynebacterium amycolatum*	1,990	*C. striatum / amycolatum*	3101324	*C. striatum / amycolatum*	3101324
362	Wundabstrich	*Corynebacterium amycolatum*	2,010	*C. striatum / amycolatum* (1.)	3100365 (?)	*C. striatum / amycolatum* (1.)	3100365 (?)
363	Vaginalabstrich	*Corynebacterium amycolatum*	1,980	*C. striatum / amycolatum* (1.)	3100324	*C. striatum / amycolatum* (1.)	3100324
367	Wundabstrich	*Corynebacterium amycolatum*	2,055	*C. pseudodiphtheriticum*	3101004	*C. striatum / amycolatum*	3101324
368	Abstrich Leiste	*Corynebacterium amycolatum*	2,126	*C. urealyticum*	2101004	*C. striatum / amycolatum* (1.)	2101325
370	Wundabstrich	*Corynebacterium amycolatum*	2,093	*C. striatum / amycolatum* (1.)	3100304	*C. striatum / amycolatum* (1.)	3100325
371	Abstrich Leiste	*Corynebacterium amycolatum*	1,832	*C. striatum / amycolatum* (1.)	3100304	*C. striatum / amycolatum* (1.)	3100304
375	Abstrich Leiste	*Corynebacterium amycolatum*	1,985	*C. striatum / amycolatum* (1.)	3100104	*C. striatum / amycolatum* (2.)	3100305
383	Trachealsekret	*Corynebacterium amycolatum*	2,058	*Corynebacterium propinquum*	3100004	*C. striatum / amycolatum* (1.)	3100325
398	Wundabstrich	*Corynebacterium amycolatum*	2,112	*C. striatum / amycolatum* (1.)	2100124	*C. striatum / amycolatum* (2.)	2100324
399	Wundabstrich	*Corynebacterium amycolatum*	2,185	*C. striatum / amycolatum* (1.)	2100124	*C. striatum / amycolatum* (2.)	2100324
400	Wundabstrich Gangrän Fuß	*Corynebacterium amycolatum*	2,206	*C. striatum / amycolatum* (1.)	2100124	*C. striatum / amycolatum* (2.)	2100324
403	Ulkusabstrich Unterschenkel	*Corynebacterium amycolatum*	2,000	*Corynebacterium propinquum*	3100004	*C. striatum / amycolatum* (2.)	3100305
412	Wundabstrich Zeh	*Corynebacterium amycolatum*	2,051	*C. striatum / amycolatum* (2.)	2100324	*C. striatum / amycolatum* (2.)	2100324
413	Katheterspitze zentraler Venenkatheter	*Corynebacterium amycolatum*	2,102	*C. striatum / amycolatum* (1.)	3100324	*C. striatum / amycolatum* (1.)	3100324
419	Wundabstrich	*Corynebacterium amycolatum*	2,020	*C. auris / Turicella otitidis*	2100004	*C. striatum / amycolatum* (2.)	2100305
420	Abstrich rektal	*Corynebacterium amycolatum*	1,998	*C. striatum / amycolatum*	3100125	*C. striatum / amycolatum* (1.)	3100325
422	Wundabstrich	*Corynebacterium amycolatum*	2,112	*C. striatum / amycolatum* (1.)	2100124	*C. striatum / amycolatum* (2.)	2100324
424	Abstrich Knie	*Corynebacterium amycolatum*	2,249	*C. auris / Turicella otitidis*	2100004	*C. striatum / amycolatum* (2.)	2100324
426	Wundabstrich	*Corynebacterium amycolatum*	2,134	*C. auris / Turicella otitidis*	2100004	*C. striatum / amycolatum* (2.)	2100324
427	Wundabstrich	*Corynebacterium amycolatum*	2,163	*C. striatum / amycolatum* (2.)	2100324	*C. striatum / amycolatum* (2.)	2100324
430	Abdomenabstrich	*Corynebacterium amycolatum*	2,105	*C. striatum / amycolatum* (1.)	3100304	*C. striatum / amycolatum* (1.)	3100325
432	Abstrich Fußballen	*Corynebacterium amycolatum*	2,124	*C. striatum / amycolatum*	3100124	*C. striatum / amycolatum* (1.)	3100324
436	Abstrich Nabel	*Corynebacterium amycolatum*	2,102	*C. pseudodiphtheriticum*	3101004	*C. striatum / amycolatum*	3101124
445	Abstrich Ohr	*Corynebacterium amycolatum*	2,098	*C. striatum / amycolatum* (1.)	3100324	*C. striatum / amycolatum* (1.)	3100324

Fortsetzung Tab. 5

Nr.	Vorliegende Spezies / Ursprungsmaterial:	Identifikation mit MALDI-TOF MS	Score Wert	Identifikation mit API Coryne (nach ca. 20 h Inkubation)	numm. Code (ca. 20 h)	Identifikation mit API Coryne (nach ca. 48-72 h Inkubation)	numm. Code (ca. 48-72 h)
	***C. amycolatum*:**						
447	Wundabstrich Unterschenkel	*Corynebacterium amycolatum*	2,202	*C. striatum / amycolatum* (2.)	2100324	*C. striatum / amycolatum* (2.)	2100324
448	Abstrich Dekubitus Steiß	*Corynebacterium amycolatum*	2,083	*C. striatum / amycolatum* (1.)	3100324	*C. striatum / amycolatum* (1.)	3100324
449	Ulkusabstrich Fußsohle	*Corynebacterium amycolatum*	2,156	*Corynebacterium jeikeium*	2100304	*Corynebacterium jeikeium*	2100304
452	Wundabstrich Unterschenkel	*Corynebacterium amycolatum*	2,051	*Corynebacterium jeikeium*	2100304	*Corynebacterium jeikeium*	2100304
455	Wundabstrich Fuß plantar	*Corynebacterium amycolatum*	1,945	*C. striatum / amycolatum* (2.)	2100324	*C. striatum / amycolatum* (2.)	2100324
468	Wundabstrich	*Corynebacterium amycolatum*	1,967	*C. striatum / amycolatum* (1.)	3100325	*C. striatum / amycolatum* (1.)	3100325
469	keine Daten	*Corynebacterium amycolatum*	2,219	*C. striatum / amycolatum* (1.)	3100324	*C. striatum / amycolatum* (1.)	3100324
472	Trachealsekret	*Corynebacterium amycolatum*	1,955	*C. striatum / amycolatum* (1.)	3100325	*C. striatum / amycolatum* (1.)	3100325
473	Wundabstrich	*Corynebacterium amycolatum*	2,097	*C. striatum / amycolatum*	3100105	*C. striatum / amycolatum* (1.)	3100325
479	Abstrich Abszess perineal	*Corynebacterium amycolatum*	2,152	(*C. auris / Turicella otitidis*)	(2100004)	*C. striatum / amycolatum* (2.)	2100324 Wdh.
480	Abstrich	*Corynebacterium amycolatum*	2,180	*C. striatum / amycolatum* (1.)	2100124	*C. striatum / amycolatum* (2.)	2100324
481	Wundabstrich	*Corynebacterium amycolatum*	2,075	*C. striatum / amycolatum*	3110125	*C. striatum / amycolatum*	3110125
486	Trachealsekret	*Corynebacterium amycolatum*	2,081	*C. striatum / amycolatum* (2.)	3100205 (?)	*C. striatum / amycolatum* (1.)	3100225 (?)
487	Abstrich Ohr	*Corynebacterium amycolatum*	2,137	*C. striatum / amycolatum* (1.)	3100104	*C. striatum / amycolatum*	3100124
489	Abstrich Leiste	*Corynebacterium amycolatum*	2,083	*C. striatum / amycolatum* (1.)	3100105	*C. striatum / amycolatum* (2.)	3100305
491	Abstrich Unterschenkel	*Corynebacterium amycolatum*	2,106	*C. striatum / amycolatum* (1.)	3100104	*C. striatum / amycolatum* (1.)	3100104
492	Augenabstrich	*Corynebacterium amycolatum*	2,180	*Corynebacterium propinquum*	3100004	*C. striatum / amycolatum* (1.)	3100324
495	Abstrich Thorax	*Corynebacterium amycolatum*	1,756	*Corynebacterium propinquum*	3100004	*C. striatum / amycolatum* (2.)	3100305
501	Abstrich Mamma	*Corynebacterium amycolatum*	2,109	*C. striatum / amycolatum* (2.)	2100324	*C. striatum / amycolatum* (2.)	2100324
503	Abstrich Mamma	*Corynebacterium amycolatum*	2,138	*C. striatum / amycolatum*	3100105	*C. striatum / amycolatum*	3100125
508	Wundabstrich	*Corynebacterium amycolatum*	2,114	*C. striatum / amycolatum* (2.)	2100324	*C. striatum / amycolatum* (2.)	2100324
509	Abstrich Mamma	*Corynebacterium amycolatum*	2,109	*C. striatum / amycolatum* (2.)	2100326	*C. striatum / amycolatum* (2.)	2100326
524	Katheterspitze zentraler Venenkatheter	*Corynebacterium amycolatum*	2,080	*C. striatum / amycolatum* (1.)	3101125	*C. striatum / amycolatum*	3101325
525	Abstrich	*Corynebacterium amycolatum*	2,059	*Corynebacterium propinquum*	3100004	*C. striatum / amycolatum* (1.)	3100225 (?)
526	Abstrich Fistel Steiß	*Corynebacterium amycolatum*	2,127	*Corynebacterium urealyticum*	2101004	*C. striatum / amycolatum* (1.)	2101324

Fortsetzung Tab. 5

Nr.	Vorliegende Spezies / Ursprungsmaterial:	Identifikation mit MALDI-TOF MS	Score Wert	Identifikation mit API Coryne (nach ca. 20 h Inkubation)	numm. Code (ca. 20 h)	Identifikation mit API Coryne (nach ca. 48-72 h Inkubation)	numm. Code (ca. 48-72 h)
	***C. amycolatum*:**						
528	Wundabstrich	*Corynebacterium amycolatum*	2,207	*C. striatum / amycolatum* (1.)	3100224 (?)	*C. striatum / amycolatum* (1.)	3100224 (?)
531	Wundabstrich	*Corynebacterium amycolatum*	2,044	*C. striatum / amycolatum* (1.)	3100325	*C. striatum / amycolatum* (1.)	3100325
537	Wundabstrich Pilonidalsinus	*Corynebacterium amycolatum*	2,095	*C. auris / Turicella otitidis*	2100004	*C. striatum / amycolatum* (2.)	2100324
***Corynebacterium confusum* * (*n*=4)**							
231	Abstrich Atherom	*Corynebacterium confusum*	1,710	*Corynebacterium accolens*	3000204 (?)	*Corynebacterium accolens*	3000304
277	Wundabstrich	*Corynebacterium confusum*	1,784	*C. striatum / amycolatum*	3100304	*C. striatum / amycolatum*	3100304
386	Wundabstrich Großzehe	*Corynebacterium confusum*	1,875	*C. striatum / amycolatum*	3100304	*C. striatum / amycolatum*	3100304
388	Wundabstrich	*Corynebacterium confusum*	1,770	*Corynebacterium propinquum*	3100004	*Corynebacterium accolens*	3100004
***Corynebacterium coyleae* (*n*=3)**							
293	Abstrich Ohr	*Corynebacterium coyleae*	1,955	*C. afermentans / coyleae*	6100004	*Corynebacterium jeikeium*	6100326
360	Blutkultur	*C. afermentans* subsp. *afermentans*	1,458	*Corynebacterium* CDC group G	6100305	*Corynebacterium* CDC group G	6100305
494	Blutkultur	*C. afermentans* subsp. *afermentans*	1,551	*C. afermentans / coyleae*	6100004	*Corynebacterium jeikeium*	6100304
***Corynebacterium diphtheriae* (*n*=1)**							
60	Wundabstrich Unterschenkel	*C. diphtheriae mitis*	2,293	*C. diphtheriae mitis / belfantis*	1010324	*C. diphtheriae mitis / belfantis*	1010324
***Corynebacterium durum* * (*n*=3)**							
98	Rachenabstrich	*Corynebacterium durum*	2,162	*C. glucuronolyticum-seminale*	3400105 (?)	*C. glucuronolyticum-seminale*	3400105 (?)
100	Rachenabstrich	*Corynebacterium durum*	2,112	*Corynebacterium accolens*	3000105	*Corynebacterium accolens*	3000105
364	Blutkultur	*Corynebacterium durum*	2,107	*C. glucuronolyticum-seminale*	3400105 (?)	*Actinomyces neuii* subsp. *neuii*	3400335 (?)

Fortsetzung Tabelle 5

vorliegende Spezies (*n* = Anzahl) Probennummer	Ursprungsmaterial	Identifikation mit MALDI-TOF MS	Score Wert	Identifikation mit API Coryne (nach ca. 20 h Inkubation)	numm. Code (ca. 20 h)	Identifikation mit API Coryne (nach ca. 48-72 h Inkubation)	numm. Code (ca. 48-72 h)
***Corynebacterium freneyi* * (*n*=4)**							
62	Urin	*Corynebacterium freneyi*	1,736	*Rhodococcus* sp.	2110004	*C. striatum / amycolatum*	2110325 (?)
196	Wundabstrich rektal	*Corynebacterium freneyi*	1,944	*C. striatum / amycolatum*	3110125	*C. striatum / amycolatum*	3110325
425	Wundabstrich Vorfuß	*Corynebacterium freneyi*	1,974	*C. striatum / amycolatum*	3110325	*C. striatum / amycolatum*	3110325
485	Abstrich Unterschenkel	*Corynebacterium freneyi*	1,601	*C. striatum / amycolatum*	2110125	*C. striatum / amycolatum*	2110325 (?)
***Corynebacterium glucuronolyticum* (*n*=2)**							
9	Urin	*C. glucuronolyticum*	2,038	*C. glucuronolyticum-seminale*	2201005 (?)	*C. glucuronolyticum-seminale*	2201005 (?)
126	Abstrich Penis	*C. glucuronolyticum*	2,148	*C. glucuronolyticum-seminale*	7201705	*C. glucuronolyticum-seminale*	7201705
***Corynebacterium jeikeium* (*n*=5)**							
148	Wundabstrich	*C. tuberculostearicum*	1,675	(*Corynebacterium propinquum*)	(2000004)	*Corynebacterium jeikeium*	2100304 Wdh.
201	Trachealsekret	*Corynebacterium jeikeium*	1,965	*C. auris / Turicella otitidis*	2100004	*Corynebacterium jeikeium*	2100304
406	Wundabstrich Naht	*C. tuberculostearicum*	1,700	(*C. auris / Turicella otitidis*)	(2100004)	*Corynebacterium jeikeium*	2100304 Wdh.
417	Wundabstrich Vorfuß	*Corynebacterium jeikeium*	1,902	*Corynebacterium jeikeium*	2100304	*Corynebacterium jeikeium*	2100304
497	Wundabstrich	*Corynebacterium jeikeium*	1,971	(*C. auris / Turicella otitidis*)	(2100004)	*Corynebacterium jeikeium*	2100304 Wdh.
***Corynebacterium minutissimum* (*n*=30)**							
15	Blutkultur	*Flavobacterium hydatis*	1,641	Mögl. von *C. minutissimum*	6140125	Mögl. von *C. minutissimum*	6140325
16	Leistenabstrich	*Corynebacterium minutissimum*	1,615	Mögl. von *C. minutissimum*	6100125	Mögl. von *C. minutissimum*	6100125
19	Leistenabstrich	*Corynebacterium minutissimum*	1,580	(Mögl. von *C. minutissimum*)	(6100125)	Mögl. von *C. minutissimum*	6100325 Wdh.
26	Abszessabstrich perianal	*Corynebacterium striatum*	1,523	Mögl. von *C. minutissimum*	2100125	Mögl. von *C. minutissimum*	2100125
50	Wundabstrich sakral	*Corynebacterium minutissimum*	1,836	Mögl. von *C. minutissimum*	6100135	Mögl. von *C. minutissimum*	6100135
82	Urin	*Corynebacterium minutissimum*	1,934	Mögl. von *C. minutissimum*	2000325	Mögl. von *C. minutissimum*	2000325
111	Wundabstrich	*Corynebacterium minutissimum*	1,865	(*Cellulomonas* sp. / *Microbacterium* sp.)	(2110565 ?)	Mögl. von *C. minutissimum*	2100325 Wdh.

Fortsetzung Tab. 5

Nr.	Vorliegende Spezies / Ursprungsmaterial: *C. minutissimum*:	Identifikation mit MALDI-TOF MS	Score Wert	Identifikation mit API Coryne (nach ca. 20 h Inkubation)	numm. Code (ca. 20 h)	Identifikation mit API Coryne (nach ca. 48-72 h Inkubation)	numm. Code (ca. 48-72 h)
123	Abstrich Ulkus	*Corynebacterium minutissimum*	1,849	Mögl. von *C. minutissimum*	2100135	Mögl. von *C. minutissimum*	2100135
146	Wundabstrich	*Corynebacterium minutissimum*	2,044	Mögl. von *C. minutissimum*	2100125	Mögl. von *C. minutissimum*	2100125
161	Abstrich Ulkus	*Corynebacterium minutissimum*	1,703	Mögl. von *C. minutissimum*	2100124	Mögl. von *C. minutissimum*	2100124
182	Abstrich Leiste	*Corynebacterium minutissimum*	1,700	Mögl. von *C. minutissimum*	2100125	Mögl. von *C. minutissimum*	2100125
186	Abstrich Ulkus	*Corynebacterium minutissimum*	1,852	(Mögl. von *C. minutissimum*)	(2100365 ?)	Mögl. von *C. minutissimum*	2100325 Wdh.
250	Abstrich Ulkus	*Corynebacterium minutissimum*	2,042	Mögl. von *C. minutissimum*	2100135	Mögl. von *C. minutissimum*	2100135
274	keine Daten	*Corynebacterium minutissimum*	1,867	Mögl. von *C. minutissimum*	2000135	Mögl. von *C. minutissimum*	2000135
276	Abstrich Fuß	*Corynebacterium minutissimum*	1,978	Mögl. von *C. minutissimum*	2100135	Mögl. von *C. minutissimum*	2100135
289	Abstrich Leiste	*Corynebacterium minutissimum*	1,542	Mögl. von *C. minutissimum*	6100125	Mögl. von *C. minutissimum*	6100125
301	Wundabstrich gluteal	*Corynebacterium minutissimum*	1,600	Mögl. von *C. minutissimum*	2100125	Mögl. von *C. minutissimum*	2100125
302	Wundabstrich gluteal	*Corynebacterium minutissimum*	1,546	Mögl. von *C. minutissimum*	2100125	Mögl. von *C. minutissimum*	2100125
315	Wundabstrich Vorfuß	*Corynebacterium minutissimum*	1,986	Mögl. von *C. minutissimum*	6100325	Mögl. von *C. minutissimum*	6100325
322	Abstrich Leiste	*Corynebacterium minutissimum*	1,719	Mögl. von *C. minutissimum*	2100125	Mögl. von *C. minutissimum*	2100125
328	Abstrich Leiste	*Corynebacterium minutissimum*	2,055	Mögl. von *C. minutissimum*	6100125	Mögl. von *C. minutissimum*	6100335
344	Abstrich Fuß	*Corynebacterium minutissimum*	2,059	Mögl. von *C. minutissimum*	2100124	Mögl. von *C. minutissimum*	2100124
350	Wundabstrich	*Corynebacterium minutissimum*	1,670	Mögl. von *C. minutissimum*	2040125 (?)	Mögl. von *C. minutissimum*	2040125 (?)
353	Abstrich Ulkus	*Corynebacterium minutissimum*	2,085	Mögl. von *C. minutissimum*	4100124	Mögl. von *C. minutissimum*	4100124
416	Wundabstrich Sternum	*Corynebacterium minutissimum*	1,531	Mögl. von *C. minutissimum*	2100125	Mögl. von *C. minutissimum*	2100125
421	Wundabstrich	*Corynebacterium minutissimum*	1,642	Mögl. von *C. minutissimum*	2000125	Mögl. von *C. minutissimum*	2000125
443	Wundabstrich Unterschenkel	*Corynebacterium aurimucosum*	1,833	(Mögl. von *C. minutissimum*)	(2110327 ?)	Mögl. von *C. minutissimum*	2100325 Wdh.
453	Wundabstrich Unterschenkel	*Corynebacterium minutissimum*	1,878	Mögl. von *C. minutissimum*	6100125	Mögl. von *C. minutissimum*	6100125
484	Abstrich Leiste	*Corynebacterium minutissimum*	1,997	Mögl. von *C. minutissimum*	2140135	Mögl. von *C. minutissimum*	2140135
532	Abstrich Nase	*Corynebacterium minutissimum*	1,785	Mögl. von *C. minutissimum*	2100125	Mögl. von *C. minutissimum*	2100125

Fortsetzung Tabelle 5

vorliegende Spezies (*n* = Anzahl) Probennummer / Ursprungsmaterial		Identifikation mit MALDI-TOF MS	Score Wert	Identifikation mit API Coryne (nach ca. 20 h Inkubation)	numm. Code (ca. 20 h)	Identifikation mit API Coryne (nach ca. 48-72 h Inkubation)	numm. Code (ca. 48-72 h)
***Corynebacterium propinquum* (*n*=6)**							
134	Abstrich Vorfuß	*Corynebacterium propinquum*	2,409	*Corynebacterium propinquum*	7100004	*Corynebacterium propinquum*	7100004
187	keine Daten	*Corynebacterium propinquum*	2,486	*Corynebacterium propinquum*	1100004	*Corynebacterium propinquum*	1100004
188	Wundabstrich	*Corynebacterium propinquum*	2,445	*Corynebacterium propinquum*	1100004	*Corynebacterium propinquum*	1100004
199	Abstrich Nase	*Corynebacterium propinquum*	2,412	*Corynebacterium propinquum*	5000004	*Corynebacterium propinquum*	5000004
236	Abstrich Nase	*C. pseudodiphtheriticum*	2,336	*Corynebacterium propinquum*	3100004	*C. propinquum* (1.)	3100004
490	Abstrich Unterschenkel	*Corynebacterium propinquum*	2,366	*Corynebacterium propinquum*	7100004	*Corynebacterium propinquum*	7100004
***Corynebacterium pseudodiphtheriticum* (*n*=51)**							
6	Wundabstrich	*Corynebacterium propinquum*	2,412	*C. pseudodiphtheriticum*	3101004	*C. pseudodiphtheriticum*	3101004
33	Abstrich Auge	*C. pseudodiphtheriticum*	2,436	*C. pseudodiphtheriticum*	3101004	*C. pseudodiphtheriticum*	3101004
37	Wundabstrich	*C. pseudodiphtheriticum*	2,457	*C. pseudodiphtheriticum*	3001004	*C. pseudodiphtheriticum*	3001004
39	Wundabstrich Bursa	*C. pseudodiphtheriticum*	2,370	*C. pseudodiphtheriticum*	7101004	*C. pseudodiphtheriticum*	7101004
88	Rachenabstrich	*C. pseudodiphtheriticum*	2,453	*C. pseudodiphtheriticum*	3101004	*C. pseudodiphtheriticum*	3101004
101	Wundabstrich	*C. pseudodiphtheriticum*	2,441	*C. pseudodiphtheriticum*	3101004	*C. pseudodiphtheriticum*	3101004
104	Abstrich Nase	*Corynebacterium propinquum*	2,483	*C. pseudodiphtheriticum*	7001005	*C. pseudodiphtheriticum*	7001005
106	Abstrich Nase	*C. pseudodiphtheriticum*	2,222	*C. pseudodiphtheriticum*	7101004	*C. pseudodiphtheriticum*	7101004
109	Wundabstrich	*Corynebacterium propinquum*	2,406	*C. pseudodiphtheriticum*	3101004	*C. pseudodiphtheriticum*	3101004
130	Abstrich Ellenbogen	*C. pseudodiphtheriticum*	2,120	*C. pseudodiphtheriticum*	7101004	*C. pseudodiphtheriticum*	7101004
131	Trachealsekret	*Corynebacterium propinquum*	2,406	*C. pseudodiphtheriticum*	7101004	*C. pseudodiphtheriticum*	7101004
140	Trachealsekret	*C. pseudodiphtheriticum*	2,375	*C. pseudodiphtheriticum*	1101004	*C. pseudodiphtheriticum* (1.)	1101004
149	Abstrich Auge	*Corynebacterium propinquum*	2,399	*C. pseudodiphtheriticum*	7101004	*C. pseudodiphtheriticum*	7101004
150	Abstrich Nase	*Corynebacterium propinquum*	2,489	*C. pseudodiphtheriticum*	7101004	*C. pseudodiphtheriticum*	7101004
153	Abstrich Nase	*C. pseudodiphtheriticum*	2,454	*C. pseudodiphtheriticum*	7101004	*C. pseudodiphtheriticum*	7101004
157	Aszitespunktat	*Corynebacterium propinquum*	2,473	*C. pseudodiphtheriticum*	7101004	*C. pseudodiphtheriticum*	7101004
160	Abstrich Ulkus	*C. pseudodiphtheriticum*	2,449	*C. pseudodiphtheriticum*	3101004	*C. pseudodiphtheriticum*	3101004
163	Abstrich Innenknöchel	*Corynebacterium propinquum*	2,392	*C. pseudodiphtheriticum*	5001004	*C. pseudodiphtheriticum*	5001004

Fortsetzung Tab. 5

Nr.	Vorliegende Spezies / Ursprungsmaterial:	Identifikation mit MALDI-TOF MS	Score Wert	Identifikation mit API Coryne (nach ca. 20 h Inkubation)	numm. Code (ca. 20 h)	Identifikation mit API Coryne (nach ca. 48-72 h Inkubation)	numm. Code (ca. 48-72 h)
	***C. pseudodiphtheriticum*:**						
224	Trachealsekret	*C. pseudodiphtheriticum*	2,383	*C. pseudodiphtheriticum*	3101004	*C. pseudodiphtheriticum*	3101004
233	Abstrich Nase	*C. pseudodiphtheriticum*	2,421	*C. pseudodiphtheriticum*	3101004	*C. pseudodiphtheriticum*	3101004
237	Abstrich Nase	*C. pseudodiphtheriticum*	2,366	*C. pseudodiphtheriticum*	1101004	*C. pseudodiphtheriticum*	1101004
240	Abstrich Nase	*C. pseudodiphtheriticum*	2,421	*C. pseudodiphtheriticum*	1101004	*C. pseudodiphtheriticum*	1101004
241	Wundabstrich Unterschenkel	*C. pseudodiphtheriticum*	2,372	*C. pseudodiphtheriticum*	1101004	*C. pseudodiphtheriticum*	1101004
245	keine Daten	*C. pseudodiphtheriticum*	2,428	*C. pseudodiphtheriticum*	7101104	*C. pseudodiphtheriticum* (1.)	7101104
249	Abstrich Nase	*C. pseudodiphtheriticum*	2,035	*C. pseudodiphtheriticum*	7101004	*C. pseudodiphtheriticum*	7101004
256	Wundabstrich	*Corynebacterium propinquum*	2,439	*C. pseudodiphtheriticum*	3001004	*C. pseudodiphtheriticum*	3001004
280	Abstrich Ulkus	*C. pseudodiphtheriticum*	2,434	*C. pseudodiphtheriticum*	3101004	*C. pseudodiphtheriticum*	3101004
296	Ulkusabstrich Zehe	*C. pseudodiphtheriticum*	2,401	*C. pseudodiphtheriticum*	3001004	*C. pseudodiphtheriticum*	3001004
299	keine Daten	*C. pseudodiphtheriticum*	2,355	*C. pseudodiphtheriticum*	7101004	*C. pseudodiphtheriticum*	7101004
333	Wundabstrich	*Corynebacterium propinquum*	2,398	*C. pseudodiphtheriticum*	3001004	*C. pseudodiphtheriticum*	3001004
354	Wundabstrich Ellenbogen	*C. pseudodiphtheriticum*	2,031	*C. pseudodiphtheriticum*	7101004	*C. pseudodiphtheriticum*	7101004
355	Abstrich Ulkus Unterschenkel	*C. pseudodiphtheriticum*	2,368	*C. pseudodiphtheriticum*	7101004	*C. pseudodiphtheriticum*	7101004
376	Abstrich Nase	*Corynebacterium propinquum*	2,412	*C. pseudodiphtheriticum*	7101004	*C. pseudodiphtheriticum*	7101004
382	Bronchiallavage	*C. pseudodiphtheriticum*	2,408	*C. pseudodiphtheriticum*	3001004	*C. pseudodiphtheriticum*	3001004
385	Abstrich Axilla	*Corynebacterium propinquum*	2,394	*C. pseudodiphtheriticum*	7101004	*C. pseudodiphtheriticum*	7101004
390	Trachealsekret	*C. pseudodiphtheriticum*	2,414	*C. pseudodiphtheriticum*	3001004	*C. pseudodiphtheriticum*	3001004
391	Wundabstrich	*C. pseudodiphtheriticum*	2,426	*C. pseudodiphtheriticum*	3001004	*C. pseudodiphtheriticum*	3001004
435	Abstrich Ohr	*C. pseudodiphtheriticum*	2,357	*C. pseudodiphtheriticum*	1001004	*C. pseudodiphtheriticum*	1001004
437	Wundabstrich	*Corynebacterium propinquum*	2,281	*C. pseudodiphtheriticum*	1001104	*C. pseudodiphtheriticum*	1001104
444	Abstrich Nase	*C. pseudodiphtheriticum*	2,297	*C. pseudodiphtheriticum*	3001004	*C. pseudodiphtheriticum*	3001004
450	Wundabstrich Unterschenkel	*Corynebacterium propinquum*	2,508	*C. pseudodiphtheriticum*	7101004	*C. pseudodiphtheriticum*	7101004
454	Trachealabstrich	*C. pseudodiphtheriticum*	2,351	*C. pseudodiphtheriticum*	1101004	*C. pseudodiphtheriticum*	1101004
456	Trachealsekret	*Corynebacterium propinquum*	2,311	*C. pseudodiphtheriticum*	7001004	*C. pseudodiphtheriticum*	7001004
466	Wundabstrich Innenknöchel	*Corynebacterium propinquum*	2,425	*C. pseudodiphtheriticum*	7101004	*C. pseudodiphtheriticum*	7101004

Fortsetzung Tab. 5

Nr.	Vorliegende Spezies / Ursprungsmaterial:	Identifikation mit MALDI-TOF MS	Score Wert	Identifikation mit API Coryne (nach ca. 20 h Inkubation)	numm. Code (ca. 20 h)	Identifikation mit API Coryne (nach ca. 48-72 h Inkubation)	numm. Code (ca. 48-72 h)
	***C. pseudodiphtheriticum*:**						
470	Trachealsekret	*C. pseudodiphtheriticum*	2,439	*C. pseudodiphtheriticum*	3101004	*C. pseudodiphtheriticum*	3101004
498	Abstrich Nase	*C. pseudodiphtheriticum*	2,377	*C. pseudodiphtheriticum*	3101004	*C. pseudodiphtheriticum*	3101004
504	Abstrich Nase	*C. pseudodiphtheriticum*	2,368	*C. pseudodiphtheriticum*	5001004	*C. pseudodiphtheriticum*	5001004
517	Sputum	*Corynebacterium propinquum*	2,377	*C. pseudodiphtheriticum*	3001004	*C. pseudodiphtheriticum*	3001004
518	Abstrich Nase	*Corynebacterium propinquum*	2,455	*C. pseudodiphtheriticum*	3101004	*C. pseudodiphtheriticum*	3101004
519	Abstrich Auge	*C. pseudodiphtheriticum*	2,419	*C. pseudodiphtheriticum*	3101004	*C. pseudodiphtheriticum*	3101004
541	Wundabstrich	*Corynebacterium propinquum*	2,289	*C. pseudodiphtheriticum*	7101004	*C. pseudodiphtheriticum*	7101004
Corynebacterium simulans (n=11)*							
40	Wundabstrich	*Corynebacterium striatum*	2,384	(*C.* CDC group G)	(2100305)	*Corynebacterium* CDC group G	Zink: 3100305
55	Abstrich oberes Sprunggelenk	*Corynebacterium striatum*	2,351	(*C. striatum / amycolatum*)	(2100105)	*C. striatum / amycolatum*	Zink: 3100105
71	Abszessabstrich	*Corynebacterium striatum*	1,930	(*C.* CDC group G)	(2100305)	*Corynebacterium* CDC group G	Zink: 3100305
97	Wundabstrich	*Corynebacterium striatum*	2,424	(*C. striatum / amycolatum*)	(2100105)	*C. striatum / amycolatum*	Zink: 3100325
235	Abstrich Schulter	*Corynebacterium simulans*	2,100	(*C.* CDC group G)	(2100305)	*Corynebacterium* CDC group G	Zink: 3100305
349	Wundabstrich Rippenbogen	*Corynebacterium simulans*	1,937	(*C. striatum / amycolatum*)	(2100105)	*C. striatum / amycolatum*	Zink: 3100105
380	Abstrich Fistel Steiß	*Corynebacterium simulans*	2,050	(*C.* CDC group G)	(2100305)	*Corynebacterium* CDC group G	Zink: 3100305
392	Abstrich PEG-Einstich	*Corynebacterium striatum*	2,380	(*C. striatum / amycolatum*)	(2100105)	*C. striatum / amycolatum*	Zink: 3100105
433	Trachealabstrich	*Corynebacterium striatum*	2,435	(*C. striatum / amycolatum*)	(2000105 ?)	*C. striatum / amycolatum*	Zink: 3100105
510	Wundabstrich	*Corynebacterium striatum*	2,414	(*C.* CDC group G)	(2100305)	*Corynebacterium* CDC group G	Zink: 3100305
516	Abstrich Ulkus	*Corynebacterium striatum*	2,424	(*C. striatum / amycolatum*)	(2100105)	*C. striatum / amycolatum*	Zink: 3100105
***Corynebacterium striatum* (n=112)**							
1	Abstrich Unterschenkel	*Corynebacterium striatum*	2,332	*C. striatum / amycolatum*	3100105	*C. striatum / amycolatum*	3100105
11	Abstrich Oberschenkel	*Corynebacterium striatum*	2,441	*C. striatum / amycolatum*	3100105	*C. striatum / amycolatum*	3100105
35	Abstrich Leiste	*Corynebacterium striatum*	2,289	*C. striatum / amycolatum*	3100105	*C. striatum / amycolatum*	3100105

Fortsetzung Tab. 5

Nr.	Vorliegende Spezies / Ursprungsmaterial:	Identifikation mit MALDI-TOF MS	Score Wert	Identifikation mit API Coryne (nach ca. 20 h Inkubation)	numm. Code (ca. 20 h)	Identifikation mit API Coryne (nach ca. 48-72 h Inkubation)	numm. Code (ca. 48-72 h)
	***Corynebacterium striatum*:**						
43	Wundabstrich Vorfuß	*Corynebacterium striatum*	2,383	*C. striatum / amycolatum*	3100105	*C. striatum / amycolatum*	3100105
47	Abstrich Ulkus Fuß	*Corynebacterium striatum*	2,365	*C. striatum / amycolatum* (1.)	3100304	*C. striatum / amycolatum* (1.)	3100304
53	Abstrich Leiste	*Corynebacterium striatum*	2,497	*C. striatum / amycolatum*	3100105	*C. striatum / amycolatum*	3100105
57	Trachealsekret	*Corynebacterium striatum*	2,347	*C. striatum / amycolatum*	3100105	*C. striatum / amycolatum*	3100105
61	Wundabstrich	*Corynebacterium simulans*	2,261	*C. striatum / amycolatum*	3100105	*C. striatum / amycolatum*	3100105
70	Wundabstrich Unterschenkel	*Corynebacterium striatum*	2,387	*C. striatum / amycolatum* (1.)	3100304	*C. striatum / amycolatum* (1.)	3100304
73	Abstrich Ulkus oberes Sprunggelenk	*Corynebacterium striatum*	2,393	*C. striatum / amycolatum*	3100105	*C. striatum / amycolatum*	3100105
76	Wundabstrich Unterschenkel	*Corynebacterium striatum*	2,417	*C. striatum / amycolatum* (1.)	3100304	*C. striatum / amycolatum* (1.)	3100304
77	zentraler Venenkatheter Katheterspitze	*Corynebacterium striatum*	2,323	*C. striatum / amycolatum*	3100105	*C. striatum / amycolatum*	3100105
79	Wundabstrich Oberschenkel	*Burkholderia phymatum*	1,372	*C. striatum / amycolatum* (1.)	3140325	*C. striatum / amycolatum* (1.)	3140325
86	Wundabstrich Großzehe	*Corynebacterium striatum*	2,333	*C. striatum / amycolatum* (2.)	3100305	*C. striatum / amycolatum* (2.)	3100305
87	Wundabstrich	*Corynebacterium striatum*	2,369	*C. striatum / amycolatum* (1.)	3100304	*C. striatum / amycolatum* (1.)	3100304
91	Wundabstrich Zehe	*Corynebacterium striatum*	2,332	*Corynebacterium macginleyi*	1100305	*Corynebacterium macginleyi*	1100305
92	Trachealabstrich	*Corynebacterium striatum*	2,396	*C. striatum / amycolatum*	3100105	*C. striatum / amycolatum*	3100105
94	Wundabstrich	*Corynebacterium striatum*	2,373	*C. striatum / amycolatum*	3100105	*C. striatum / amycolatum*	3100105
108	Wundabstrich	*Corynebacterium striatum*	2,332	*C. striatum / amycolatum*	3100165 (?)	*C. striatum / amycolatum*	3100165 (?)
113	Wundabstrich Pilonidalsinus	*Corynebacterium striatum*	2,354	*C. argentoratense*	(2100104)	*C. striatum / amycolatum*	3100105 Wdh.
115	Abstrich PEG	*Corynebacterium striatum*	2,403	*C. striatum / amycolatum*	3100105	*C. striatum / amycolatum*	3100105
118	Trachealabstrich	*Corynebacterium striatum*	2,346	*C. striatum / amycolatum*	3100105	*C. striatum / amycolatum*	3100105
120	Trachealabstrich	*Corynebacterium striatum*	2,369	*C. striatum / amycolatum* (2.)	3000105	*C. striatum / amycolatum* (2.)	3000105
121	Wundabstrich Unterschenkel	*Corynebacterium striatum*	2,384	*C. striatum / amycolatum*	3100105	*C. striatum / amycolatum*	3100105
124	Abstrich PEG	*Corynebacterium striatum*	2,402	*C. striatum / amycolatum*	3100105	*C. striatum / amycolatum*	3100105
132	Trachealabstrich	*Corynebacterium striatum*	2,307	*C. striatum / amycolatum*	3100105	*C. striatum / amycolatum*	3100105
136	Trachealsekret	*Corynebacterium striatum*	2,287	*C. striatum / amycolatum*	3100105	*C. striatum / amycolatum*	3100105

Fortsetzung Tab. 5

Nr.	Vorliegende Spezies / Ursprungsmaterial:	Identifikation mit MALDI-TOF MS	Score Wert	Identifikation mit API Coryne (nach ca. 20 h Inkubation)	numm. Code (ca. 20 h)	Identifikation mit API Coryne (nach ca. 48-72 h Inkubation)	numm. Code (ca. 48-72 h)
	***Corynebacterium striatum*:**						
138	Wundabstrich	*Corynebacterium striatum*	2,361	*C. striatum / amycolatum*	3100105	*C. striatum / amycolatum*	3100105
151	Trachealsekret	*Corynebacterium striatum*	2,414	*C. striatum / amycolatum*	3100105	*C. striatum / amycolatum*	3100105
152	Wundabstrich	*Corynebacterium striatum*	2,435	*C. striatum / amycolatum* (2.)	3100305	*C. striatum / amycolatum* (2.)	3100305
165	Wundabstrich Unterschenkel	*Corynebacterium striatum*	2,411	*C. striatum / amycolatum*	3100105	*C. striatum / amycolatum*	3100105
169	Wundabstrich Unterschenkel	*Corynebacterium striatum*	2,458	*C. striatum / amycolatum*	3100105	*C. striatum / amycolatum*	3100105
176	Wundabstrich Fuß	*Corynebacterium striatum*	2,305	*C. striatum / amycolatum* (1.)	3100304	*C. striatum / amycolatum* (1.)	3100304
195	Katheterspitze	*Corynebacterium striatum*	2,315	*C. striatum / amycolatum*	3100105	*C. striatum / amycolatum*	3100105
205	Abstrich Ulkus	*Corynebacterium striatum*	2,367	*C. striatum / amycolatum*	3100105	*C. striatum / amycolatum*	3100105
208	Abstrich Nase	*Corynebacterium striatum*	2,406	*C. striatum / amycolatum*	3100105	*C. striatum / amycolatum*	3100105
210	Abstrich Ulkus	*Corynebacterium striatum*	2,394	(*C. striatum / amycolatum*)	(2100105)	*C. striatum / amycolatum* (2.)	3100305 Wdh.
213	Wundabstrich	*Corynebacterium striatum*	2,279	*C. striatum / amycolatum*	3100105	*C. striatum / amycolatum*	3100105
232	Abstrich Nase	*Corynebacterium striatum*	2,365	*C. striatum / amycolatum*	3100105	*C. striatum / amycolatum*	3100105
239	Wundabstrich	*Corynebacterium striatum*	2,250	*C. striatum / amycolatum*	3100105	*C. striatum / amycolatum*	3100105
244	Wundabstrich Ferse	*Corynebacterium striatum*	2,413	*C. striatum / amycolatum*	3100105	*C. striatum / amycolatum*	3100105
246	Probeexzision Fuß	*Corynebacterium striatum*	2,306	*C. striatum / amycolatum*	3100105	*C. striatum / amycolatum*	3100105
248	Wundabstrich	*Corynebacterium striatum*	2,324	*C. striatum / amycolatum*	3100105	*C. striatum / amycolatum*	3100105
252	Wundabstrich Dekubitus	*Corynebacterium striatum*	2,182	*C. striatum / amycolatum*	3100105	*C. striatum / amycolatum*	3100105
254	Wundabstrich	*Corynebacterium striatum*	2,318	*C. striatum / amycolatum*	3100105	*C. striatum / amycolatum*	3100105
255	Wundabstrich	*Corynebacterium striatum*	2,416	*C. striatum / amycolatum*	3100105	*C. striatum / amycolatum*	3100105
258	Abstrich	*Corynebacterium striatum*	2,398	*C. striatum / amycolatum*	3100105	*C. striatum / amycolatum*	3100105
265	Abstrich	*Corynebacterium striatum*	2,370	*C. striatum / amycolatum* (1.)	3100365 (?)	*C. striatum / amycolatum* (1.)	3100365 (?)
269	Wundabstrich	*Corynebacterium striatum*	2,365	*C. striatum / amycolatum*	3100105	*C. striatum / amycolatum*	3100105
271	Abstrich Fuß	*Corynebacterium striatum*	2,391	*C. striatum / amycolatum* (1.)	3100104	*C. striatum / amycolatum* (1.)	3100104
275	Wundabstrich Tibia	*Corynebacterium striatum*	2,341	*C. striatum / amycolatum* (1.)	3100104	*C. striatum / amycolatum* (1.)	3100104
282	Bronchiallavage	*Corynebacterium striatum*	2,415	*C. striatum / amycolatum*	3100105	*C. striatum / amycolatum*	3100105
288	Wundabstrich	*Corynebacterium striatum*	2,315	*C. striatum / amycolatum*	3100105	*C. striatum / amycolatum*	3100105

Fortsetzung Tab. 5

Nr.	Vorliegende Spezies / Ursprungsmaterial:	Identifikation mit MALDI-TOF MS	Score Wert	Identifikation mit API Coryne (nach ca. 20 h Inkubation)	numm. Code (ca. 20 h)	Identifikation mit API Coryne (nach ca. 48-72 h Inkubation)	numm. Code (ca. 48-72 h)
	***Corynebacterium striatum*:**						
294	Abstrich Ulkus Bein	*Corynebacterium striatum*	2,332	*C. striatum / amycolatum* (2.)	3100305	*C. striatum / amycolatum* (2.)	3100305
305	Abstrich Abszess	*Corynebacterium striatum*	2,340	*C. striatum / amycolatum* (2.)	3100305	*C. striatum / amycolatum* (2.)	3100305
311	Wundabstrich Außenknöchel	*Corynebacterium striatum*	2,323	*C. striatum / amycolatum* (2.)	3100305	*C. striatum / amycolatum* (2.)	3100305
312	Wundabstrich Außenknöchel	*Corynebacterium striatum*	2,344	*C. striatum / amycolatum* (2.)	3100305	*C. striatum / amycolatum* (2.)	3100305
314	Wundabstrich	*Corynebacterium striatum*	2,236	*C. striatum / amycolatum*	3100105	*C. striatum / amycolatum*	3100105
316	Wundabstrich Außenknöchel	*Corynebacterium striatum*	2,419	*C. striatum / amycolatum* (1.)	3100304	*C. striatum / amycolatum* (1.)	3100304
317	Abstrich Abszess Axilla	*Corynebacterium striatum*	2,247	*C. striatum / amycolatum*	3100105	*C. striatum / amycolatum*	3100105
320	Wundabstrich Vorfuß	*Corynebacterium striatum*	2,374	*C. striatum / amycolatum*	3100105	*C. striatum / amycolatum*	3100105
324	Abstrich Knie	*Corynebacterium striatum*	2,359	*C. striatum / amycolatum* (1.)	3100304	*C. striatum / amycolatum* (1.)	3100304
334	keine Daten	*Corynebacterium striatum*	2,271	*C. striatum / amycolatum*	3100105	*C. striatum / amycolatum*	3100105
336	Abstrich Ulkus Unterschenkel	*Corynebacterium striatum*	2,333	*C. striatum / amycolatum*	3100105	*C. striatum / amycolatum*	3100105
337	Abstrich Dekubitus Steiß	*Corynebacterium striatum*	2,285	*C. striatum / amycolatum*	3100105	*C. striatum / amycolatum*	3100105
341	Abstrich Dekubitus Steiß	*Corynebacterium striatum*	2,250	*C. striatum / amycolatum*	3100105	*C. striatum / amycolatum*	3100105
347	Abstrich Dekubitus Fuß	*Corynebacterium striatum*	2,305	*C. striatum / amycolatum*	3100105	*C. striatum / amycolatum*	3100105
351	Abstrich Abszess	*Corynebacterium striatum*	2,243	*C. striatum / amycolatum*	3000105	*C. striatum / amycolatum*	3000105
358	Trachealsekret	*Corynebacterium striatum*	2,385	*C. striatum / amycolatum*	3100105	*C. striatum / amycolatum*	3100105
359	Augenabstrich	*Corynebacterium striatum*	2,418	*C. striatum / amycolatum*	3100105	*C. striatum / amycolatum*	3100105
373	Wundabstrich	*Corynebacterium striatum*	2,388	*C. striatum / amycolatum*	3100105	*C. striatum / amycolatum*	3100105
377	Wundabstrich plantar	*Corynebacterium striatum*	2,372	*C. striatum / amycolatum* (1.)	3100304	*C. striatum / amycolatum* (1.)	3100304
378	Wundabstrich plantar	*Corynebacterium striatum*	2,395	*C. striatum / amycolatum* (1.)	3100304	*C. striatum / amycolatum* (1.)	3100304
389	Trachealsekret	*Corynebacterium striatum*	2,323	*C. striatum / amycolatum*	3100105	*C. striatum / amycolatum*	3100105
393	Abstrich Ulkus	*Corynebacterium striatum*	2,287	*C. striatum / amycolatum*	3100105	*C. striatum / amycolatum*	3100105
394	Wundabstrich Vorfuß	*Corynebacterium striatum*	2,295	*C. striatum / amycolatum*	3100105	*C. striatum / amycolatum*	3100105
397	keine Daten	*Corynebacterium striatum*	2,247	*C. striatum / amycolatum*	3100105	*C. striatum / amycolatum*	3100105
401	Trachealsekret	*Corynebacterium striatum*	2,267	*C. striatum / amycolatum*	3100104	*C. striatum / amycolatum*	3100104
404	Wundabstrich Vorfuß	*Corynebacterium striatum*	2,314	*C. striatum / amycolatum*	3100105	*C. striatum / amycolatum*	3100105

Fortsetzung Tab. 5

Nr.	Vorliegende Spezies / Ursprungsmaterial:	Identifikation mit MALDI-TOF MS	Score Wert	Identifikation mit API Coryne (nach ca. 20 h Inkubation)	numm. Code (ca. 20 h)	Identifikation mit API Coryne (nach ca. 48-72 h Inkubation)	numm. Code (ca. 48-72 h)
	***Corynebacterium striatum*:**						
405	Trachealsekret	*Corynebacterium striatum*	2,369	*C. striatum / amycolatum*	3100105	*C. striatum / amycolatum*	3100105
407	Wundabstrich Vorfuß	*Corynebacterium striatum*	2,323	*C. striatum / amycolatum* (2.)	3100305	*C. striatum / amycolatum* (2.)	3100305
408	Abstrich Einstichstelle supra-pubischer Blasenkatheter	*Corynebacterium striatum*	2,301	*C. striatum / amycolatum*	3100104	*C. striatum / amycolatum*	3100104
410	Wundabstrich PEG	*Corynebacterium striatum*	2,372	*C. striatum / amycolatum*	3100105	*C. striatum / amycolatum*	3100105
411	Wundabstrich Vorfuß	*Corynebacterium striatum*	2,371	*C. striatum / amycolatum*	3100105	*C. striatum / amycolatum*	3100105
414	Wundabstrich	*Corynebacterium striatum*	2,343	*C. striatum / amycolatum*	3100104	*C. striatum / amycolatum*	3100104
423	Abstrich Ulkus	*Corynebacterium striatum*	2,407	*C. striatum / amycolatum*	3100105	*C. striatum / amycolatum*	3100105
434	Wundabstrich	*Corynebacterium striatum*	2,324	*C. striatum / amycolatum*	3100105	*C. striatum / amycolatum*	3100105
439	Abstrich Leiste	*Corynebacterium striatum*	2,330	*C. striatum / amycolatum* (2.)	3100305	*C. striatum / amycolatum* (2.)	3100305
440	Abstrich Leiste	*Corynebacterium striatum*	2,396	*C. striatum / amycolatum* (1.)	3100304	*C. striatum / amycolatum* (1.)	3100304
451	Trachealsekret	*Corynebacterium striatum*	2,469	*C. striatum / amycolatum*	3100105	*C. striatum / amycolatum*	3100105
457	Wundabstrich	*Corynebacterium striatum*	2,347	*C. striatum / amycolatum* (1.)	3100304	*C. striatum / amycolatum* (1.)	3100304
459	Bronchialsekret	*Corynebacterium striatum*	2,473	*C. striatum / amycolatum*	3100105	*C. striatum / amycolatum*	3100105
464	Abstrich Ohr	*Corynebacterium striatum*	2,346	*C. striatum / amycolatum*	3100105	*C. striatum / amycolatum*	3100105
465	Abstrich Leiste	*Corynebacterium striatum*	2,336	*C. striatum / amycolatum* (2.)	3100305	*C. striatum / amycolatum* (2.)	3100305
467	Wundabstrich	*Corynebacterium striatum*	2,341	*C. striatum / amycolatum*	3100105	*C. striatum / amycolatum*	3100105
474	Trachealsekret	*Corynebacterium striatum*	2,420	*C. striatum / amycolatum* (2.)	3100305	*C. striatum / amycolatum* (2.)	3100305
477	Abstrich Fuß	*Corynebacterium striatum*	2,430	*C. striatum / amycolatum*	3100105	*C. striatum / amycolatum*	3100105
478	Abstrich Großzehe	*Corynebacterium striatum*	2,383	*C. striatum / amycolatum*	3100105	*C. striatum / amycolatum*	3100105
483	Abdomenabstrich	*Corynebacterium striatum*	2,409	*C. striatum / amycolatum* (1.)	3100304	*C. striatum / amycolatum* (1.)	3100304
488	Abstrich Ulkus Fuß	*Corynebacterium striatum*	2,430	*C. striatum / amycolatum* (1.)	3100304	*C. striatum / amycolatum* (1.)	3100304
499	Wundabstrich Stumpf	*Corynebacterium striatum*	2,298	*C. striatum / amycolatum*	3100105	*C. striatum / amycolatum*	3100105
500	Trachealsekret	*Corynebacterium striatum*	2,462	*C. striatum / amycolatum*	3100105	*C. striatum / amycolatum*	3100105
502	Wundabstrich Fuß	*Corynebacterium striatum*	2,405	*C. striatum / amycolatum*	3100105	*C. striatum / amycolatum*	3100105
511	Abstrich Ulkus	*Corynebacterium striatum*	2,384	*C. striatum / amycolatum*	3100105	*C. striatum / amycolatum*	3100105

Fortsetzung Tab. 5

Nr.	Vorliegende Spezies / Ursprungsmaterial:	Identifikation mit MALDI-TOF MS	Score Wert	Identifikation mit API Coryne (nach ca. 20 h Inkubation)	numm. Code (ca. 20 h)	Identifikation mit API Coryne (nach ca. 48-72 h Inkubation)	numm. Code (ca. 48-72 h)
	***Corynebacterium striatum*:**						
514	Sputum	*Corynebacterium striatum*	2,403	*C. striatum / amycolatum*	3100105	*C. striatum / amycolatum*	3100105
520	Abstrich Ulkus	*Corynebacterium striatum*	2,284	*C. striatum / amycolatum*	3100105	*C. striatum / amycolatum*	3100105
523	Wundabstrich Unterschenkel	*Corynebacterium striatum*	2,345	*C. striatum / amycolatum* (1.)	3100304	*C. striatum / amycolatum* (1.)	3100304
527	Bronchialsekret	*Corynebacterium striatum*	2,411	*C. striatum / amycolatum*	3100105	*C. striatum / amycolatum*	3100105
535	Wundabstrich	*Corynebacterium striatum*	2,269	*C. striatum / amycolatum*	3100105	*C. striatum / amycolatum*	3100105
538	Wundabstrich	*Corynebacterium striatum*	2,281	*C. striatum / amycolatum*	3100105	*C. striatum / amycolatum*	3100105
542	Abstrich perianaler Abszess	*Corynebacterium simulans*	2,203	*C. striatum / amycolatum* (2.)	3100305	*C. striatum / amycolatum* (2.)	3100305
544	Wundabstrich Nase	*Corynebacterium striatum*	2,340	*C. striatum / amycolatum*	3100105	*C. striatum / amycolatum*	3100105
***Corynebacterium tuberculostearicum* ^^^ (*n*=11)**							
175	tiefer Wundabstrich	*Corynebacterium accolens*	2,026	(*Corynebacterium propinquum*)	(3000004)	*C.* CDC group G (1.)	7100305 Wdh.
179	Abstrich Ulkus oberes Sprunggelenk	*Corynebacterium accolens*	2,165	(*Corynebacterium propinquum*)	(1000004)	*C.* CDC group G (1.)	3100305 Wdh.
198	Abstrich Hüfte	*C. tuberculostearicum*	1,661	(*Corynebacterium propinquum*)	(7100004)	*C.* CDC group G (3.)	3100304 Wdh.
229	Abstrich Ulkus	*Corynebacterium accolens*	1,624	(*Corynebacterium propinquum*)	(7000004)	*C.* CDC group G (3.)	3100304 Wdh.
259	Abstrich Nase	*Corynebacterium accolens*	1,719	(*Corynebacterium propinquum*)	(2000004 ?)	*C.* CDC group G (1.)	3100305 Wdh.
306	Wundabstrich	*Corynebacterium accolens*	2,032	(*Corynebacterium propinquum*)	(5100004)	*C.* CDC group G (1.)	3100305 Wdh.
331	Wundabstrich Fuß	*Corynebacterium accolens*	1,902	(*Corynebacterium propinquum*)	(3100004)	*C.* CDC group G (1.)	3100305 Wdh.
442	Abstrich Ulkus	*Corynebacterium accolens*	1,852	(*Corynebacterium propinquum*)	(1000004)	*C.* CDC group G (1.)	3100305 Wdh.
507	Wundabstrich	*C. tuberculostearicum*	1,752	(*Corynebacterium propinquum*)	(4100004 ?)	*C.* CDC group G (2.)	6100304 Wdh.
522	Trachealsekret	*Corynebacterium accolens*	1,904	(*Corynebacterium propinquum*)	(5000004)	*C.* CDC group G (1.)	7100304 Wdh.
540	Wundabstrich Nase	*Corynebacterium accolens*	1,683	(*Corynebacterium propinquum*)	(5100004)	*C.* CDC group G (3.)	3100304 Wdh.
***Corynebacterium ulcerans* (*n*=2)**							
64	Wundabstrich Unterschenkel	*Corynebacterium ulcerans*	2,132	(*C. pseudotuberculosis*)	(0111304)	*Corynebacterium ulcerans*	0111326 Wdh.
67	Wundabstrich Unterschenkel	*Corynebacterium ulcerans*	2,189	(*C. pseudotuberculosis*)	(0111304)	*Corynebacterium ulcerans*	0111326 Wdh.

Fortsetzung Tabelle 5

vorliegende Spezies (*n* = Anzahl) Probennummer / Ursprungsmaterial		Identifikation mit MALDI-TOF MS	Score Wert	Identifikation mit API Coryne (nach ca. 20 h Inkubation)	numm. Code (ca. 20 h)	Identifikation mit API Coryne (nach ca. 48-72 h Inkubation)	numm. Code (ca. 48-72 h)
***Corynebacterium urealyticum* (*n*=1)**							
263	Wundabstrich Unterschenkel	*Corynebacterium urealyticum*	2,109	*Corynebacterium urealyticum*	2101004	*Corynebacterium urealyticum*	2101004
***Corynebacterium variabile* * (*n*=1)**							
374 (s)	Wundabstrich	*Corynebacterium variabile*	2,133	(*Aureobacterium* sp.° / *Corynebacterium aquaticum*)	(2050004)	*C. striatum / amycolatum*	2111104 (?)
***Dermabacter hominis* (*n*=44)**							
25	Abszessabstrich Auge	*Dermabacter hominis*	1,975	*Dermabacter hominis*	4570364 (?)	*Dermabacter hominis*	4570365
30	Wundabstrich Vorfuß	*Dermabacter hominis*	1,938	*Dermabacter hominis*	4570764 (?)	*Dermabacter hominis*	4570765
38	Abstrich Atherom Leiste	*Dermabacter hominis*	1,884	*Dermabacter hominis*	4570765	*Dermabacter hominis*	4570765
42	Wundabstrich	*Dermabacter hominis*	1,995	*Dermabacter hominis*	4570765	*Dermabacter hominis*	4570765
46	Abstrich Ulkus cruris	*Dermabacter hominis*	2,004	*Dermabacter hominis*	4570765	*Dermabacter hominis*	4570765
49	Wundabstrich	*Dermabacter hominis*	2,027	*Dermabacter hominis*	4570765	*Dermabacter hominis*	4570765
68	Wundabstrich	*Dermabacter hominis*	2,056	*Dermabacter hominis*	4570365	*Dermabacter hominis*	4570365
85	Abstrich	*Dermabacter hominis*	1,893	*Dermabacter hominis*	4570765	*Dermabacter hominis*	4570765
129	Abstrich Rücken	*Dermabacter hominis*	1,919	*Dermabacter hominis*	4570764 (?)	*Dermabacter hominis*	4570764 (?)
145	Wundabstrich	*Dermabacter hominis*	1,907	*Dermabacter hominis*	4570764 (?)	*Dermabacter hominis*	4570765
164	Urin	*Dermabacter hominis*	1,897	*Dermabacter hominis*	4570364 (?)	*Dermabacter hominis*	4570364 (?)
166	Wundabstrich	*Dermabacter hominis*	1,951	*Dermabacter hominis*	4570365	*Dermabacter hominis*	4570365
177	Wundabstrich	*Dermabacter hominis*	1,968	*Dermabacter hominis*	4570765	*Dermabacter hominis*	4570765
185	Abstrich Ulkus	*Dermabacter hominis*	1,856	*Dermabacter hominis*	4570765	*Dermabacter hominis*	4570765
203	Abstrich Fuß	*Dermabacter hominis*	1,973	*Dermabacter hominis*	4570364 (?)	*Dermabacter hominis*	4570365
204	Wundabstrich	*Dermabacter hominis*	1,834	*Dermabacter hominis* (1.)	6570365 (?)	*Dermabacter hominis* (1.)	6570365 (?)
212	Wundabstrich	*Dermabacter hominis*	1,921	*Dermabacter hominis* (1.)	6570365 (?)	*Dermabacter hominis* (1.)	6570365 (?)
243	Wundabstrich Vorfuß	*Dermabacter hominis*	1,902	*(Oerskovia xanthineolytica)*	(5540765 #)	*Dermabacter hominis*	4570765 Wdh.
283	Wundabstrich	*Dermabacter hominis*	2,031	*Dermabacter hominis*	4570365	*Dermabacter hominis*	4570365

Fortsetzung Tab. 5

Nr.	Vorliegende Spezies / Ursprungsmaterial:	Identifikation mit MALDI-TOF MS	Score Wert	Identifikation mit API Coryne (nach ca. 20 h Inkubation)	numm. Code (ca. 20 h)	Identifikation mit API Coryne (nach ca. 48-72 h Inkubation)	numm. Code (ca. 48-72 h)
	***Dermabacter hominis*:**						
287	Wundabstrich Bauch	*Dermabacter hominis*	1,967	*Dermabacter hominis*	4570325	*Dermabacter hominis*	4570325
290	Abstrich Leiste	*Dermabacter hominis*	1,906	*Dermabacter hominis*	4570365	*Dermabacter hominis*	4570365
303	Ulkusabstrich Unterschenkel	*Dermabacter hominis*	1,956	*Propionibacterium avidum*	4470324	*Propionibacterium avidum*	4470324
313	Wundabstrich	*Dermabacter hominis*	1,984	*Dermabacter hominis* (2.)	4530364 (?)	*Dermabacter hominis* (2.)	4530364 (?)
325	Wundabstrich	*Dermabacter hominis*	1,886	*Dermabacter hominis*	4570365	*Dermabacter hominis*	4570365
330	Abstrich Abszess	*Dermabacter hominis*	1,710	*Dermabacter hominis*	4570764 (?)	*Dermabacter hominis*	4570765
365	Abstrich Abszess	*Dermabacter hominis*	1,920	*Dermabacter hominis*	4170325 (?)	*Dermabacter hominis*	4170325 (?)
366	Wundabstrich	*Dermabacter hominis*	1,992	*Dermabacter hominis*	4570365	*Dermabacter hominis*	4570365
381	Wundabstrich Vorfuß	*Dermabacter hominis*	1,893	*Dermabacter hominis*	4570764 (?)	*Dermabacter hominis*	4570775 (?)
387	Wundabstrich	*Dermabacter hominis*	2,083	*Dermabacter hominis*	4570764 (?)	*Dermabacter hominis*	4570764 (?)
415	Wundabstrich	*Dermabacter hominis*	1,975	*Dermabacter hominis*	4770365 (?)	*Dermabacter hominis*	4770365 (?)
418	Wundabstrich	*Dermabacter hominis*	1,972	*Dermabacter hominis*	4770765 (?)	*Dermabacter hominis*	4770765 (?)
428	Wundabstrich	*Dermabacter hominis*	1,967	*Dermabacter hominis*	4570365	*Dermabacter hominis*	4570365
429	Abstrich	*Dermabacter hominis*	1,929	*Dermabacter hominis*	4570764 (?)	*Dermabacter hominis*	4570764 (?)
438	Abstrich Ulkus	*Dermabacter hominis*	1,884	*Dermabacter hominis*	4570765	*Dermabacter hominis*	4570765
441	Wundabstrich Vorfuß	*Dermabacter hominis*	2,018	*Dermabacter hominis*	4570365	*Dermabacter hominis*	4570365
460	Wundabstrich	*Dermabacter hominis*	1,995	*Dermabacter hominis*	4570364 (?)	*Dermabacter hominis*	4570365
461	Wundabstrich	*Dermabacter hominis*	1,836	*Dermabacter hominis*	4570364 (?)	*Dermabacter hominis*	4570365
462	Abstrich	*Dermabacter hominis*	1,836	*Dermabacter hominis*	4570365	*Dermabacter hominis*	4570365
475	Abstrich Abszess Rücken	*Dermabacter hominis*	1,799	*Dermabacter hominis*	4570364 (?)	*Dermabacter hominis*	4570365
476	Abstrich Ulkus	*Dermabacter hominis*	1,889	*Dermabacter hominis*	4570364 (?)	*Dermabacter hominis*	4570365
493	Blutkultur	*Dermabacter hominis*	1,814	*Dermabacter hominis*	4570365	*Dermabacter hominis*	4570365
506	Wundabstrich Großzehe	*Dermabacter hominis*	1,988	*Dermabacter hominis*	4570765	*Dermabacter hominis*	4570765
513	Wundabstrich	*Dermabacter hominis*	1,951	*Dermabacter hominis*	6570365 (?)	*Dermabacter hominis*	6570365 (?)
529	keine Daten	*Dermabacter hominis*	2,040	*Dermabacter hominis*	4570365	*Dermabacter hominis*	4570365

Fortsetzung Tabelle 5

vorliegende Spezies (*n* = Anzahl) Probennummer / Ursprungsmaterial		Identifikation mit MALDI-TOF MS	Score Wert	Identifikation mit API Coryne (nach ca. 20 h Inkubation)	numm. Code (ca. 20 h)	Identifikation mit API Coryne (nach ca. 48-72 h Inkubation)	numm. Code (ca. 48-72 h)
***Mircobacterium* sp.^ (*n*=4)**							
197 (s.)	Abstrich Ulkus	*Arthrobacter castelli*	2,345	*Aureobacterium* sp.° / *Corynebacterium aquaticum*	2550004	*Cellulomonas* sp. / *Microbacterium* sp.	2550735
226	Wundabstrich	*M. hydrocarbonoxydans*	1,951	*Aureobacterium* sp.° / *Corynebacterium aquaticum*	2070004	*Cellulomonas* sp. / *Microbacterium* sp.	2072535
230	Wundabstrich Daumen	*Microbacterium phyllosphaerae*	1,967	*Aureobacterium* sp.° / *Corynebacterium aquaticum*	2572004	*Cellulomonas* sp. / *Microbacterium* sp.	2572525
543 (s.)	Wundabstrich Hand	*Microbacterium maritypicum*	2,349	*Arthrobacter* sp.	6510004	*Brevibacterium* sp.	6510164
***Mircobacterium testaceum* ^ (n=1)**							
48 (s.)	Abstrich Hand	*Arthrobacter castelli*	1,883	*Aureobacterium* sp.° / *Corynebacterium aquaticum*	2450004	*Cellulomonas* sp. / *Microbacterium* sp.	2452535
***Pseudoclavibacter* sp.** (*n*=1)**							
536 (s.)	Wundabstrich	*Staphylococcus aureus* subsp. *aureus*	1,554	*C. afermentans / coyleae*	6100004	*Corynebacterium jeikeium*	6100304
***Rothia dentocariosa* (*n*=2)**							
103	Blutkultur	*Rothia dentocariosa*	2,187	*Rothia dentocariosa* (1.)	3050125	*Rothia dentocariosa* (1.)	3050125
144	Blutkultur	*Rothia dentocariosa*	2,418	*Rothia dentocariosa*	7050125	*Rothia dentocariosa*	7050125
***Tsukamurella* sp.* (*n*=1)**							
348 (s.)	Wundabstrich	*Arthrobacter castelli*	2,111	*Rhodococcus* sp.	2110004	*Rhodococcus* sp.	2110004

3.3.2 Übersicht der Ergebnisse der partiellen 16S rRNA Gen-Sequenzierung zur Speziesidentifikation

Tabelle 6 zeigt eine Übersicht der Ergebnisse der 16S rRNA Gen-Sequenzierung zur Speziesidentifikation von 21 Bakterienstämmen. Es wurde jeweils die partielle Sequenzierung der ersten 500 Basenpaare ausgewertet. In Tabelle 6 wird eine Auswahl der Bakterienspezies mit der höchsten Sequenzübereinstimmung nach Vergleich mit der Reference Sequence Database gelistet. Hierbei gilt die Regel, dass die 16S rRNA Gen-Sequenzen der Stämme innerhalb einer Spezies zu mindestens 97% übereinstimmen (Stackebrandt und Goebel 1994). Somit liegen bei einem Unterschied der 16S rRNA Gen-Sequenz zweier Spezies von > 3% zwei verschiedene Spezies vor, ohne dass dies durch eine weitere Untersuchung (z. B. DNA-DNA-Hybridisierung) bestätigt werden muss. 2006 wurde diese 3%-Regel modifiziert (Stackebrandt und Ebers 2006). Seither gilt, dass ein Unterschied der 16S rRNA Gen-Sequenz von > 1,3% das Vorliegen zweier unterschiedlicher Spezies definiert. Ab einer Übereinstimmung der 16S rRNA Gen-Sequenz von > 98,7% müssen weitere Experimente (z. B. DNA-DNA-Hybridisierungen) zur Abgrenzung zweier Spezies durchgeführt werden. Bei der DNA-DNA-Hybridisierung definiert eine Reassoziation von < 70% das Vorliegen von zwei verschiedenen Spezies.

Tabelle 6:

Nr.	Identifizierte Spezies	GenBank Accession number	Auswahl der Spezies mit höchster Sequenzübereinstimmung	% Sequenz-übereinstimmung
90	*Actinomyces urogenitalis*	AJ243894	*Actinomyces urogenitalis*	100%
		AJ243893	*Actinomyces urogenitalis*	100%
		X81061	*Actinomyces bovis*	96%
17	*Arthrobacter* sp.	FN 554542	*Micrococcaceae bacterium*	100%
		AB248530	*Arthrobacter* sp.	95%
		AB248527	*Arthrobacter alkaliphilus*	95%
		CP001341	*Arthrobacter chlorophenolicus*	94%
		GQ284335	*Arthrobacter nicotinovorans*	94%
190	*Arthrobacter* sp.	AJ535637	*Arthrobacter* sp.	99%
		EU394442	*Micrococcus* sp.	97%
		AJ717366	*Citrococcus* sp.	97%
		DQ347525	*Citricoccus* sp.	97%
		AY376164	*Citricoccus alkalitolerans*	97%
		AJ344143	*Citricoccus muralis*	97%
		FJ999947	*Micrococcus luteus*	95%
		AF194538	*Methylomicrobium* sp.	95%
		AM158920	*Micrococcus indicus*	94%
		X80739	*Arthrobacter nicotianae*	94%

Fortsetzung Tabelle 6:

Nr.	Identifizierte Spezies	GenBank Accession number	Auswahl der Spezies mit höchster Sequenzübereinstimmung	% Sequenz-übereinstimmung
295	*Arthrobacter* sp.	FN554542	*Micrococcaceae bacterium*	100%
		AB248530	*Arthrobacter* sp.	95%
		AB248527	*Arthrobacter alkaliphilus*	95%
		GQ284335	*Arthrobacter nicotinovorans*	94%
458	*Arthrobacter* sp.	AJ243421	*Arthrobacter albus*	99%
		EU086803	*Arthrobacter cumminsii*	99%
384	*Brachybacterium* sp.	GQ339911	*Brachybacterium* sp.	97%
		AJ415376	*Brachybacterium rhamnosum*	96%
		X91033	*Brachybacterium nesterenkovii*	96%
482	*Brachybacterium* sp.	GU797871	*Brachybacterium* sp.	98%
		GQ339911	*Brachybacterium* sp.	97%
		X91033	*Brachybacterium nesterenkovii*	96%
156	*Brevibacterium* sp.	AJ488509	*Brevibacterium lutescens*	99%
		AB210987	*Brevibacterium luteolum*	99%
		EU086822	*Brevibacterium otitidis*	98%
		AF133537	*Oerskovia* sp.	98%
		AY468374	*Brevibacterium casei*	94%
539	*Brevibacterium* sp.	AJ251463	*Brevibacterium paucivorans*	98%
		X93594	*Brevibacterium mcbrellneri*	96%
167	*Corynebacterium amycolatum*	AB490399	*Corynebacterium amycolatum*	100%
		X82050	*Corynebacterium asperum*	99%
		EF462413	*Corynebacterium freneyi*	99%
200	*Corynebacterium amycolatum*	Z33615	*Corynebacterium* CDC group F-2	99%
		X82057	*Corynebacterium amycolatum*	99%
		X82050	*Corynebacterium asperum*	98%
		EF462413	*Corynebacterium freneyi*	97%
227	*Corynebacterium amycolatum*	AY230773	*Corynebacterium* sp.	100%
		X82050	*Corynebacterium asperum*	100%
		Z33614	*Corynebacterium* CDC group I-2	99%
		AB490399	*Corynebacterium amycolatum*	99%
		EF462413	*Corynebacterium freneyi*	99%
374	*Corynebacterium variabile*	AJ783438	*Corynebacterium variabile*	100%
		AJ222816	*Corynebacterium variabilis*	100%
		AB004730	*Corynebacterium terpenotabidum*	94%
292	*Corynebacterium* sp.	AY581887	*Corynebacterium* sp.	96%
		AY226509	*Corynebacterium halophilum*	90%
379	*Corynebacterium* sp.	DQ448694	*Corynebacterium* sp.	100%
		AJ783438	*Corynebacterium variabile*	96%
505	*Corynebacterium* sp.	AF276640	*Corynebacterium* sp.	98%
		AY730711	*Corynebacterium variabile*	98%
		AJ783438	*Corynebacterium variabile*	98%
48	*Microbacterium testaceum*	AF474325	*Microbacterium testaceum*	100%
		X77445	*Microbacterium testaceum*	99%

Fortsetzung Tabelle 6:

Nr.	Identifizierte Spezies	GenBank Accession number	Auswahl der Spezies mit höchster Sequenzübereinstimmung	% Sequenz-übereinstimmung
197	*Microbacterium* sp.	GU084134	*Microbacterium* sp.	99%
		EU714362	*Microbacterium trichotecenolyticum*	99%
		EU714365	*Microbacterium testaceum*	99%
		EU977655	*Microbacterium hominis*	99%
543	*Microbacterium* sp.	GQ279110	*Microbacterium oxydans*	100%
		AJ853910	*Microbacterium maritypicum*	100%
		X77444	*Microbacterium liquefaciens*	100%
		Y15325	*Aureobacterium* sp.	99%
536	*Pseudoclavibacter* sp.	FJ375951	*Pseudoclavibacter* sp.	100%
		AJ251780	*Brevibacterium equis*	98%
		AB012592	*Zimmermannella bifida*	97%
348	*Tsukamurella* sp.	AB478948	*Tsukamurella pulmonis*	99%
		AY714240	*Tsukamurella spongiae*	99%
		AB478955	*Tsukamurella tyrosinosolvens*	99%
		AB478960	*Tsukamurella inchonensis*	99%

3.3.3 Häufigkeitsverteilung der coryneformen Bakterienspezies

Tabelle 7:

Übersicht der Häufigkeitsverteilung der bei der Untersuchung von 509 Routineisolaten identifizierten coryneformen Bakterienspezies

Spezies	**Anzahl (*n*)**	**Prozent**
Corynebacterium amycolatum	181	35,6%
Corynebacterium striatum	112	22,0%
Corynebacterium pseudodiphtheriticum	51	10,0%
Dermabacter hominis	44	8,6%
Corynebacterium minutissimum	30	5,9%
Corynebacterium simulans	11	2,2%
Corynebacterium tuberculostearicum	11	2,2%
Arthrobacter sp.	7	1,4%
Corynebacterium propinquum	6	1,2%
Corynebacterium jeikeium	5	1,0%
Arthrobacter cumminsii	4	0,8%
Brevibacterium sp.	4	0,8%
Corynebacterium accolens	4	0,8%
Corynebacterium confusum	4	0,8%
Corynebacterium freneyi	4	0,8%
Microbacterium sp.	4	0,8%
Corynebacterium sp.	3	0,6%
Corynebacterium coyleae	3	0,6%
Corynebacterium durum	3	0,6%
Brachybacterium sp.	2	0,4%
Corynebacterium glucuronolyticum	2	0,4%
Corynebacterium ulcerans	2	0,4%
Arcanobacterium haemolyticum	1	0,2%
Arcanobacterium pyogenes	1	0,2%
Actinomyces urogenitalis	1	0,2%
Cellulosimicrobium cellulans	1	0,2%
Corynebacterium diphtheriae	1	0,2%
Corynebacterium urealyticum	1	0,2%
Corynebacterium variabile	1	0,2%
Microbacterium testaceum	1	0,2%
Pseudoclavibacter sp.	1	0,2%
Tsukamurella sp.	1	0,2%

3.3.4 Ergebnisübersicht

Tabelle 8:
Vergleich der Speziesidentifikation mit MALDI-TOF MS und dem API Coryne Testsystem

Tabelle 8 zeigt eine Ergebnisübersicht der Speziesidentifikation von 509 Routineisolaten mit MALDI-TOF MS und dem API Coryne Testsystem in Anzahl und Prozent richtiger Identifikationen.
Die Speziesidentifikation mit MALDI-TOF MS wurde als richtig und verlässlich gewertet, wenn die an 1. Stelle genannte Spezies der vorliegenden Spezies entsprach und der Score-Wert $\geq$ 1,7 betrug. Ebenso wurde die korrekte Gattungsidentifikation als richtig und verlässlich gewertet, wenn der Score-Wert $\geq$ 1,7 betrug. In Klammern wurde die Anzahl bzw. der Prozentsatz richtiger Speziesidentifikationen / richtiger Gattungsidentifikation mit MALDI-TOF MS angegeben, ohne einen verlässlichen Score-Wert zu fordern, d. h. auch Score-Werte < 1,7 wurden berücksichtigt.
Die Speziesidentifikation im API Coryne Testsystem wurde als richtig gewertet, wenn die vorliegende Spezies anhand des abgelesenen nummerischen Codes unter "1.Wahl" gelistet wurde und durch Begutachtung der Bakterienmorphologie und gegebenenfalls durch Zusatztests eindeutig bestimmt werden konnte.
Die Reagenzienzugabe zur Auswertung des API Coryne Teststreifens erfolgte nach Inkubation für ca. 20 h bei 36 °C. Die erste Bestimmung des nummerischen Codes erfolgte anschließend (= Auswertung nach ca. 20 h Inkubation), die zweite Bestimmung des nummerischen Codes erfolgte nach weiterer Bebrütung (= Auswertung nach ca. 48-72 h Inkubation). Weiter wurden in Tabelle 8 im Falle von API Coryne Wiederholungstests unter "Auswertung nach 20 h Inkubation" das Ergebnis der ersten Testung berücksichtigt und unter "Auswertung nach 48-72 h Inkubation" das Ergebnis der Testwiederholung berücksichtigt.

Tabelle 8:

Symbole:

* Bakterienspezies (bzw. Gattung bei *Brachybacterium* sp.) ist nicht in der API (Rapid) Coryne database 2.0 enthalten.

** Die Gattung *Pseudoclavibacter* ist weder in der API (Rapid) Coryne database 2.0 noch in der Datenbank MALDI Biotyper 2.0 (Stand 15.10.2009) enthalten.

^ Die API (Rapid) Coryne database 2.0 enthält für die Gattungen *Arthrobacter* / *Brevibacterium* / *Microbacterium* nur Identifikationsprofile auf Gattungsebene.

^^ Die Gattung *Tsukamurella* wird in der API (Rapid) Coryne database 2.0 unter *Rhodococcus* sp. geführt.

Anmerkungen zur Berechnung der Prozentangaben in Tabelle 8:

- richtige Speziesidentifikation mit MALDI-TOF MS:
  richtige Spezies (Score-Wert $\geq$ 1,7): 419 / (509-22) = 86,0%
  (richtige Spezies (jegliche Score-Werte): 438 / (509-22) = 89,9%)

Für die Berechnung wurden folgende 22 Stämme nicht berücksichtigt, da keine Identifizierung bis auf Speziesebene erfolgte bzw. da die Datenbank MALDI Biotyper 2.0 (Stand 15.10.2009) keinen Datenbankeintrag enthielt:
Arthrobacter sp. (*n*=7), *Brachybacterium* sp. (*n*=2), *Brevibacterium* sp. (*n*=4), *Corynebacterium* sp. (*n*=3), *Microbacterium* sp. (*n*=4), *Pseudoclavibacter* sp. (*n*=1), *Tsukamurella* sp. (*n*=1).

- richtige Gattungsidentifikation mit MALDI-TOF MS:
  richtige Gattung (Score-Wert $\geq$ 1,7): 466 / (509-1) = 91,7%
  (richtige Gattung (jegliche Score-Werte): 492 / (509-1) = 96,9%)

Für die Berechnung wurde der Stamm *Pseudoclavibacter* sp. (*n*=1) nicht berücksichtigt, da die Datenbank MALDI Biotyper 2.0 (Stand 15.10.2009) keinen Datenbankeintrag enthielt.

Anmerkungen zur Berechnung der Prozentangaben in Tabelle 8 (Fortsetzung):

- richtige Speziesidentifikation mit dem API Coryne Testsystem:
  richtige Spezies (Auswertung nach 20 h Inkubation): 356 / (509-51) = 77,7%
  richtige Spezies (Auswertung nach 48-72 h Inkubation): 445 / (509-51) = 97,2%

Für die Berechnung wurden folgende 51 Stämme nicht berücksichtigt, da keine Identifizierung bis auf Speziesebene erfolgte bzw. da die API Coryne Datenbank keinen Datenbankeintrag enthielt:
Actinomyces urogenitalis (*n*=1), *Arthrobacter* sp. (*n*=7), *Arthrobacter cumminsii* (*n*=4), *Brachybacterium* sp. (*n*=2), *Brevibacterium* sp. (*n*=4), *Corynebacterium* sp. (*n*=3), *Corynebacterium confusum* (*n*=4), *Corynebacterium durum* (*n*=3), *Corynebacterium freneyi* (*n*=4), *Corynebacterium simulans* (*n*=11), *Corynebacterium variabile* (*n*=1), *Microbacterium* sp. (*n*=4), *Microbacterium testaceum* (*n*=1), *Pseudoclavibacter* sp. (*n*=1), *Tsukamurella* sp. (*n*=1).

- richtige Gattungsidentifikation mit dem API Coryne Testsystem:
  richtige Gattung (Auswertung nach 20 h Inkubation): 490 / (509-2) = 96,6%
  richtige Gattung (Auswertung nach 48-72 h Inkubation): 497 / (509-2) = 98,0%

Für die Berechnung wurden die Stämme *Brachybacterium* sp. (*n*=1) und *Pseudoclavibacter* sp. (*n*=1) nicht berücksichtigt, da diese Gattungen nicht in der API Coryne Datenbank enthalten waren.

Tabelle 8: Vergleich der Speziesidentifikation mit MALDI-TOF MS und dem API Coryne Testsystem

vorliegende Bakterienspezies *n* **= getestete Anzahl Stämme pro Spezies**		**Identifikation mit MALDI-TOF MS**				**Identifikation mit API Coryne (Auswertung nach ca. 20 h Inkubation)**				**Identifikation mit API Coryne (Auswertung nach ca. 48-72 h Inkubation) (ggf. Ergebnis des Wiederholungstests)**			
		richtige Spezies		**richtige Gattung**		**richtige Spezies**		**richtige Gattung**		**richtige Spezies**		**richtige Gattung**	
		Anzahl	**Prozent**	**Anzahl**	**Prozent**	**Anzahl**	**Prozent**	**Anzahl**	**Prozent**	**Anzahl**	**Prozent**	**Anzahl**	**Prozent**
*Actinomyces urogenitalis**	*n*=1	0 (1)	0% (100%)	0 (1)	0% (100%)	-	-	0	0%	-	-	0	0%
Arcanobacterium haemolyticum	*n*=1	1	100%	1	100%	0	0%	0	0%	1	100%	1	100%
Arcanobacterium pyogenes	*n*=1	0 (1)	0% (100%)	0 (1)	0% (100%)	1	100%	1	100%	1	100%	1	100%
Arthrobacter sp.^	*n*=7	-	-	3 (4)	42,9% (57,1%)	-	-	4	57,1%	-	-	5	71,4%
Arthrobacter cumminsii ^	*n*=4	1 (4)	25,0% (100%)	1 (4)	25,0% (100%)	-	-	3	75,0%	-	-	4	100%
Brachybacterium sp.*	*n*=2	-	-	0	0%	-	-	-	-	-	-	-	-
Brevibacterium sp.^	*n*=4	-	-	1	25,0%	-	-	2	50,0%	-	-	2	50,0%
Cellulosimicrobium cellulans	*n*=1	1	100%	1	100%	1	100%	1	100%	1	100%	1	100%
Corynebacterium sp.	*n*=3	-	-	0	0%	-	-	1	33,3%	-	-	2	66,7%
Corynebacterium accolens	*n*=4	2 (4)	50,0% (100%)	2 (4)	50,0% (100%)	0	0%	4	100%	4	100%	4	100%
Corynebacterium amycolatum	*n*=181	178 (180)	98,3% (99,4%)	179 (181)	98,9% (100%)	107	59,1%	181	100%	173	95,6%	181	100%
*Corynebacterium confusum**	*n*=4	4	100%	4	100%	-	-	4	100%	-	-	4	100%
Corynebacterium coyleae	*n*=3	1	33,3%	1 (3)	33,3% (100%)	2	66,7%	3	100%	0	0%	3	100%
Corynebacterium diphtheriae	*n*=1	1	100%	1	100%	1	100%	1	100%	1	100%	1	100%
*Corynebacterium durum**	*n*=3	3	100%	3	100%	-	-	3	100%	-	-	2	66,7%

Fortsetzung Tabelle 8:

vorliegende Bakterienspezies *n* **= getestete Anzahl Stämme pro Spezies**		**Identifikation mit MALDI-TOF MS**				**Identifikation mit API Coryne (Auswertung nach ca. 20 h Inkubation)**				**Identifikation mit API Coryne (Auswertung nach ca. 48-72 h Inkubation) (ggf. Ergebnis des Wiederholungstests)**			
		richtige Spezies		**richtige Gattung**		**richtige Spezies**		**richtige Gattung**		**richtige Spezies**		**richtige Gattung**	
		Anzahl	**Prozent**	**Anzahl**	**Prozent**	**Anzahl**	**Prozent**	**Anzahl**	**Prozent**	**Anzahl**	**Prozent**	**Anzahl**	**Prozent**
*Corynebacterium freneyi**	*n*=4	3 (4)	75,0% (100%)	3 (4)	75,0% (100%)	-	-	3	75,0%	-	-	4	100%
Corynebacterium glucuronolyticum	*n*=2	2	100%	2	100%	2	100%	2	100%	2	100%	2	100%
Corynebacterium jeikeium	*n*=5	3	60,0%	4 (5)	80,0% (100%)	1	20,0%	5	100%	5	100%	5	100%
Corynebacterium minutissimum	*n*=30	19 (27)	63,3% (90,0%)	20 (29)	66,7% (96,7%)	29	96,7%	29	96,7%	30	100%	30	100%
Corynebacterium propinquum	*n*=6	5	83,3%	6	100%	6	100%	6	100%	6	100%	6	100%
C. pseudodiphtheriticum	*n*=51	32	62,7%	51	100%	51	100%	51	100%	51	100%	51	100%
*Corynebacterium simulans**	*n*=11	3	27,3%	11	100%	-	-	11	100%	-	-	11	100%
Corynebacterium striatum	*n*=112	109	97,3%	111	99,1%	110	98,2%	112	100%	111	99,1%	112	100%
Corynebacterium tuberculostearicum	*n*=11	1 (2)	9,1% (18,2%)	8 (11)	72,8% (100%)	0	0%	11	100%	11	100%	11	100%
Corynebacterium ulcerans	*n*=2	2	100%	2	100%	0	0%	2	100%	2	100%	2	100%
Corynebacterium urealyticum	*n*=1	1	100%	1	100%	1	100%	1	100%	1	100%	1	100%
*Corynebacterium variabile**	*n*=1	1	100%	1	100%	-	-	0	0%	-	-	1	100%
Dermabacter hominis	*n*=44	44	100%	44	100%	42	95,5%	42	95,5%	43	97,7%	43	97,7%
Microbacterium sp.^	*n*=4	-	-	3	75,0%	-	-	3	75,0%	-	-	3	75,0%
Microbacterium testaceum ^	*n*=1	0	0%	0	0%	-	-	1	100%	-	-	1	100%
Pseudoclavibacter sp.**	*n*=1	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
Rothia dentocariosa	*n*=2	2	100%	2	100%	2	100%	2	100%	2	100%	2	100%
Tsukamurella sp.^^	*n*=1	-	-	0	0%	-	-	1	100%	-	-	1	100%
richtige Identifikationen der insgesamt 509 getesteten Stämme		**419 (438)**	**86,0% (89,9%)**	**466 (492)**	**91,7% (96,9%)**	**356**	**77,7%**	**489**	**96,4%**	**445**	**97,2%**	**497**	**98,0%**

Tabelle 9: Untersuchung der Routineisolate mit MALDI-TOF MS

Tabelle 9 zeigt das Ergebnis der Untersuchung der 509 Routineisolate mit MALDI-TOF MS. Es werden alle richtigen und verlässlichen Spezies- bzw. Gattungsidentifikationen (Score-Wert $\geq$ 1,7) aufgeführt, in Klammern erfolgt die Angabe aller richtigen Spezies- bzw. Gattungsidentifikationen ohne einen verlässlichen Score-Wert zu fordern, d. h. auch Score-Werte < 1,7 wurden berücksichtigt.
Weiter erfolgt die Angabe aller falschen Spezies- bzw. Gattungsidentifikationen (Score-Wert $\geq$ 1,7) und die Angabe aller nicht verlässlichen Identifikationen (Score-Wert < 1,7), wobei nicht zwischen falschen und richtigen Identifikationen unterschieden wird.

Anmerkungen zur Berechnung der Prozentangaben in Tabelle 9:

- richtige Speziesidentifikation mit MALDI-TOF MS:
  richtige Spezies (Score-Wert $\geq$ 1,7): 419 / (509-22) = 86,0%
  (richtige Spezies (jegliche Score-Werte): 438 / (509-22) = 89,9%)
- falsche Speziesidentifikation mit MALDI-TOF MS: 40 / (509-22) = 8,2%

Für die Berechnung wurden folgende 22 Stämme nicht berücksichtigt, da keine Identifizierung bis auf Speziesebene erfolgte bzw. da die Datenbank MALDI Biotyper 2.0 (Stand 15.10.2009) keinen Datenbankeintrag enthielt: *Arthrobacter* sp. (*n*=7), *Brachybacterium* sp. (*n*=2), *Brevibacterium* sp. (*n*=4), *Corynebacterium* sp. (*n*=3), *Microbacterium* sp. (*n*=4), *Pseudoclavibacter* sp. (*n*=1), *Tsukamurella* sp. (*n*=1).

- richtige Gattungsidentifikation mit MALDI-TOF MS:
  richtige Gattung (Score-Wert $\geq$ 1,7): 466 / (509-1) = 91,7%
  (richtige Gattung (jegliche Score-Werte): 491 / (509-1) = 96,6%)
- falsche Gattungsidentifikation mit MALDI-TOF MS: 3 / (509-1) = 0,6%

Für die Berechnung wurde der Stamm *Pseudoclavibacter* sp. (*n*=1) nicht berücksichtigt, da die Datenbank MALDI Biotyper 2.0 (Stand 15.10.2009) keinen Datenbankeintrag enthielt.

- keine verlässliche Identifizierung mit MALDI-TOF MS (Score-Wert < 1,7):
  40 / 509 = 7,9%

Symbole (Tabelle 9):

* Die Gattung *Pseudoclavibacter* ist nicht in der MALDI Biotyper 2.0 Datenbank (Stand 15.10.2009) enthalten.

Tabelle 9: Untersuchung der Routineisolate mit MALDI-TOF MS

untersuchte Spezies	**Anzahl**	**richtige Spezies Score ≥ 1,7 (jeglicher Score)**		**richtige Gattung Score ≥ 1,7 (jeglicher Score)**		**falsche Spezies Score ≥ 1,7**		**falsche Gattung Score ≥ 1,7**		**keine verlässliche Identifikation Score < 1,7**	
		Anzahl	**Prozent**	**Anzahl**	**Prozent**	**Anzahl**	**Prozent**	**Anzahl**	**Prozent**	**Anzahl**	**Prozent**
Actinomyces urogenitalis	***n*=1**	- (1)	- (100%)	- (1)	- (100%)	-	-	-	-	1	100%
Arcanobacterium haemolyticum	***n*=1**	1	100%	1	100%	-	-	-	-	-	-
Arcanobacterium pyogenes	***n*=1**	- (1)	- (100%)	- (1)	- (100%)	-	-	-	-	1	100%
***Arthrobacter* sp.**	***n*=7**	-	-	3 (4)	42,9% (57,1%)	-	-	-	-	4	57,1%
Arthrobacter cumminsii	***n*=4**	1 (4)	25,0% (100%)	1 (4)	25,0% (100%)	-	-	-	-	3	75,0%
***Brachybacterium* sp.**	***n*=2**	-	-	-	-	-	-	-	-	2	100%
***Brevibacterium* sp.**	***n*=4**	-	-	1	75,0%	-	-	-	-	3	75,0%
Cellulosimicrobium cellulans	***n*=1**	1	100%	1	100%	-	-	-	-	-	-
***Corynebacterium* sp.**	***n*=3**	-	-	-	-	-	-	-	-	3	100%
Corynebacterium accolens	***n*=4**	2 (4)	50,0% (100%)	2 (4)	50,0% (100%)	-	-	-	-	2	50,0%
Corynebacterium amycolatum	***n*=181**	178 (180)	98,3% (99,4%)	179 (181)	98,9% (100%)	1	0,6%	-	-	2	1,1%
Corynebacterium confusum	***n*=4**	4	100%	4	100%	-	-	-	-	-	-
Corynebacterium coyleae	***n*=3**	1	33,3%	1 (3)	33,3% (100%)	-	-	-	-	2	66,7%
Corynebacterium diphtheriae	***n*=1**	1	100%	1	100%	-	-	-	-	-	-
Corynebacterium durum	***n*=3**	3	100%	3	100%	-	-	-	-	-	-
Corynebacterium freneyi	***n*=4**	3 (4)	75,0% (100%)	3 (4)	75,0% (100%)	-	-	-	-	1	25,0%

Fortsetzung Tabelle 9: Untersuchung der Routineisolate mit MALDI-TOF MS

untersuchte Spezies	**Anzahl**	**richtige Spezies Score ≥ 1,7 (jeglicher Score)**		**richtige Gattung Score ≥ 1,7 (jeglicher Score)**		**falsche Spezies Score ≥ 1,7**		**falsche Gattung Score ≥ 1,7**		**keine verlässliche Identifikation Score < 1,7**	
		Anzahl	**Prozent**	**Anzahl**	**Prozent**	**Anzahl**	**Prozent**	**Anzahl**	**Prozent**	**Anzahl**	**Prozent**
Corynebacterium glucuronolyticum	***n*=2**	2	100%	2	100%	-	-	-	-	-	-
Corynebacterium jeikeium	***n*=5**	3	60,0%	4 (5)	80,0% (100%)	1	20,0%	-	-	1	20,0%
Corynebacterium minutissimum	***n*=30**	19 (27)	63,3% (90,0%)	20 (29)	66,7% (96,7%)	1	3,3%	-	-	10	33,3%
Corynebacterium propinquum	***n*=6**	5	83,3%	6	100%	1	16,7%	-	-	-	-
C. pseudodiphtheriticum	***n*=51**	32	62,7%	51	100%	19	37,3%	-	-	-	-
Corynebacterium simulans	***n*=11**	3	27,3%	11	100%	8	72,7%	-	-	-	-
Corynebacterium striatum	***n*=112**	109	97,3%	111	99,1%	2	1,8%	-	-	1	0,9%
Corynebacterium tuberculostearicum	***n*=11**	1 (2)	9,1% (18,2%)	8 (11)	72,7% (100%)	7	63,6%	-	-	3	27,3%
Corynebacterium ulcerans	***n*=2**	2	100%	2	100%	-	-	-	-	-	-
Corynebacterium urealyticum	***n*=1**	1	100%	1	100%	-	-	-	-	-	-
Corynebacterium variabile	***n*=1**	1	100%	1	100%	-	-	-	-	-	-
Dermabacter hominis	***n*=44**	44	100%	44	100%	-	-	-	-	-	-
***Microbacterium* sp.**	***n*=4**	-	-	3	75,0%	-	-	1	25,0%	-	-
Microbacterium testaceum	***n*=1**	-	-	-	-	-	-	1	100%	-	-
Pseudoclavibacter* sp.	***n*=1**	-	-	-	-	-	-	-	-	1	100%
Rothia dentocariosa	***n*=2**	2	100%	2	100%	-	-	-	-	-	-
***Tsukamurella* sp.**	***n*=1**	-	-	-	-	-	-	1	100%	-	-
		gesamt		**gesamt**		**gesamt**		**gesamt**		**gesamt**	
insgesamt untersuchte Stämme	***n*=509**	**419 (438)**	**86,0% (89,9%)**	**466 (492)**	**91,7% (96,9%)**	**40**	**8,2%**	**3**	**0,6%**	**40**	**7,9%**

4. Diskussion

In der vorliegenden Arbeit wurde die Speziesidentifikation coryneformer Bakterien mit dem MALDI-TOF MS (matrix-assisted laser desorption/ionization time-of-flight mass spectrometry) System untersucht.
Damit MALDI-TOF MS in der mikrobiologischen Routinediagnostik zur Spezies-identifikation eingesetzt werden kann, muss diese Methode ihre Verlässlichkeit beweisen. In jüngster Zeit wurden viele Studien publiziert, in denen die verlässliche Spezies-diagnostik mit MALDI-TOF MS aufgezeigt wurde.
2009 publizierten Seng et al. die erste Studie zur Speziesidentifikation von Bakterien im Rahmen der mikrobiologischen Routinediagnostik. Hierbei wurden 1660 Isolate (> 100 Spezies gramnegativer und grampositiver Bakterien) mit MALDI-TOF MS (MALDI Biotyper 2.0, Bruker Daltonik, Bremen) getestet. In Anlehnung an die Hersteller-empfehlungen der Firma Bruker Daltonik wurde der erhaltene Score-Wert in dieser Studie folgendermaßen gewertet:
Score-Wert $\geq$ 1,9: Speziesidentifikation; Score-Wert 1,7-1,9: Gattungsidentifikation; Score-Wert < 1,7: keine Identifikation.
Als Ergebnis dieser Studie zeigte sich eine korrekte Speziesidentifikation bei 84,1% der Isolate, eine korrekte Gattungsidentifikation bei weiteren 11,3% der Isolate, keine Identifikation bei 2,8% der Isolate und eine falsche Identifikation bei 1,7% der Isolate.

Die derzeitigen Empfehlungen der Herstellerfirma Bruker Daltonik, Bremen, bezüglich der Score-Wertung sind folgendermaßen:
Score-Wert 2,300-3,000: sehr wahrscheinliche Speziesidentifikation
Score-Wert 2,000-2,299: sichere Gattungsidentifikation,
wahrscheinliche Speziesidentifikation
Score-Wert 1,700-1,999: wahrscheinliche Gattungsidentifikation
Score-Wert 0,000-1,699: keine verlässliche Identifizierung

Für die Auswertung der vorliegenden Arbeit wurde die Score-Wertung abweichend von den Empfehlungen der Firma Bruker Daltonik vereinfacht. Die Untergliederung in Speziesidentifikation und Gattungsidentifikation anhand des gemessenen Score-Wertes wurde aufgehoben. Wie in der nachfolgenden Tabelle 10.1 dargestellt wird, ergibt die Messung mit MALDI-TOF MS für manche Spezies Score-Werte < 2,0, wobei trotzdem zu

100% eine richtige Speziesidentifikation der getesteten Stämme erfolgt ist. Ebenso zeigt die nachfolgende Tabelle 10.3, dass bei eng verwandten Spezies eine falsche Speziesidentifikation mit Score-Werten ≥ 2,0 oder auch ≥ 2,3 bei der verwendeten Datenbasis (Stand 15.10.2009) erfolgen kann.
Folgende Definitionen wurden zur Auswertung der vorliegenden Arbeit verwendet:
verlässliche Speziesidentifikation: Score-Wert ≥ 1,7
keine verlässliche Identifikation: Score-Wert < 1,7
richtige Identifikation: die untersuchte Spezies/Gattung wird in der Hitliste des Spektrenvergleichs an erster Stelle gelistet, unabhängig vom bestimmten Score-Wert.
richtige und verlässliche Identifikation: die untersuchte Spezies/Gattung wird in der Hitliste des Spektrenvergleichs an erster Stelle gelistet mit einem Score-Wert ≥ 1,7.
falsche Identifikation: eine andere als die untersuchte Spezies/Gattung wird in der Hitliste des Spektrenvergleichs an erster Stelle gelistet mit einem Score-Wert ≥ 1,7.

Im ersten Teil der vorliegenden Arbeit wurde das MALDI Biotyper 2.0-System an der Stammsammlung coryneformer Bakterien von Prof. Dr. med. G. Funke getestet. Hierfür wurden insgesamt 965 Bakterienstämme (11 Gattungen, 55 Spezies, 4 Subspezies) auf Columbia 5% Blutagarplatten je nach Bakterienwachstum für ca. 24-96 h bei 37°C unter 5%-CO_2-Atmosphäre kultiviert und anschließend mit MALDI-TOF MS untersucht. Für die Untersuchung mit MALDI-TOF MS erfolgte eine einfache Probenpräparation in Form von Schmierpräparation, d. h. wenig Material einer Bakterienkolonie wurde mit Hilfe eines Zahnstochers auf ein Targetmessfeld als dünne Schicht aufgetragen und anschließend mit Matrix überschichtet. Die massenspektrometrische Messung, die Spektrenbearbeitung, die Peakauswahl und der Spektrenvergleich mit der Datenbank erfolgten automatisch durch die Software MALDI Biotyper 2.0. Für die beiden getesteten Spezies *Brevibacterium mcbrellneri* (*n* = 7 Stämme) und *Exiguobacterium acetylicum* (*n* = 1 Stamm) enthielt die MALDI Biotyper 2.0 Datenbank (Stand 15.10.2009) keinen Datenbankeintrag. In der folgenden Gesamtbewertung wurden diese Spezies nicht berücksichtigt. Für 53 Spezies und für die 4 Subspezies enthielt die Datenbank MALDI Biotyper 2.0 (Stand 15.10.2009) mindestens einen Datenbankeintrag, d. h. für 957 getestete Stämme.
Es zeigte sich folgendes Ergebnis:

- richtige und verlässliche Speziesidentifikation: 800 Stämme (83,6%)
- richtige und verlässliche Gattungsidentifikation: 866 Stämme (90,5%)
- falsche Speziesidentifikation: 71 Stämme (7,4%)
- falsche Gattungsidentifikation: 7 Stämme (0,7%)

- keine verlässliche Identifikation: 84 Stämme (8,8%)

Wenn alle richtigen Spezies- und Gattungidentifikationen berücksichtigt werden, ohne einen Score-Wert $\geq$ 1,7 zu fordern, zeigte sich folgendes Ergebnis:
richtige Speziesidentifikation bei 852 Stämmen (89,0%),
richtige Gattungsidentifikation bei 930 Stämmen (97,2%),

Weiter können die untersuchten Spezies entsprechend den nachfolgenden Tabellen 10.1 bis 10.3 folgendermaßen einteilt werden:

1.) Spezies, die mit MALDI-TOF MS mit einem Score-Median $\geq$ 1,7 richtig und verlässlich identifiziert werden.
2.) Spezies, die mit MALDI-TOF MS nicht verlässlich identifiziert werden (Score-Wert < 1,7 bzw. Score-Median der richtigen Identifikationen < 1,7).
3.) Spezies, die mit MALDI-TOF MS teilweise falsch identifiziert werden.

In Tabelle 10.1 kann abgelesen werden, welche Spezies bei der Untersuchung der Stammsammlung mit MALDI Biotyper 2.0 (Stand 15.10.2009) verlässlich identifiziert wurden. In Tabelle 10.2 werden diejenigen Spezies aufgeführt, welche nicht identifiziert wurden. Somit sollte bei diesen Spezies die Datenbank verbessert werden. Weiter zeigt Tabelle 10.3 auf, bei welchen Spezies falsche Speziesidentifikationen erfolgten und somit bei klinischer Relevanz mit Hilfe von Zusatztests eine genauere Speziesdifferenzierung erfolgen sollte.
Die Spezies *Corynebacterium propinquum* und *Corynebacterium simulans* wurden in Tabelle 10.1 in Klammern gelistet, da bei der Untersuchung der Routineisolate (Teil 3 dieser Arbeit) auch bei diesen Spezies einzelne Stämme durch MALDI TOF MS falsch identifiziert wurden und somit diese Spezies eigentlich Tabelle 10.3 zugeordnet werden müssten.

Tabelle 10.1:

Spezies, welche durch MALDI-TOF MS richtig und verlässlich identifiziert wurden (Score-Median ≥ 1,7)

Symbole:

- (*Corynebacterium propinquum*)^

Bei der Untersuchung der Stammsammlung war keine falsche Speziesidentifikation erfolgt.
Bei der Untersuchung der Routineisolate (Teil 3 dieser Arbeit) war jedoch einer von 6 Stämmen falsch als *Corynebacterium pseudodiphtheriticum* identifiziert worden.

- (*Corynebacterium simulans*)^

Bei der Untersuchung der Stammsammlung war ein Stamm richtig identifiziert worden.
Bei der Untersuchung der Routineisolate (Teil 3 dieser Arbeit) wurden jedoch 8 von 11 Stämmen falsch als *Corynebacterium striatum* identifiziert.

untersuchte Spezies	**Score-Median**
Actinobaculum schaalii	Score-Median: 1,764
Actinomyces europaeus	Score-Median: 1,845
Actinomyces neuii subsp. *anitratus*	Score-Median: 1,967
Actinomyces neuii subsp. *neuii*	Score-Median: 2,067
Actinomyces radingae	Score-Median: 2,005
Actinomyces turicensis	Score-Median: 1,744
Arcanobacterium bernardiae	Score-Median: 1,972
Arcanobacterium haemolyticum	Score-Median: 2,144
Brevibacterium epidermidis	Score-Wert (*n*=1): 2,234
Corynebacterium accolens	Score-Wert (*n*=1): 2,008
Corynebacterium afermentans subsp. *afermentans*	Score-Median: 1,852
Corynebacterium amycolatum	Score-Median: 2,010
Corynebacterium argentoratense	Score-Median: 2,307
Corynebacterium bovis	Score-Median: 1,941
Corynebacterium confusum	Score-Median: 1,899
Corynebacterium diphtheriae	Score-Median: 2,337
Corynebacterium durum	Score-Median: 2,035
Corynebacterium freneyi	Score-Median: 1,919
Corynebacterium glucuronolyticum	Score-Median: 2,313
Corynebacterium imitans	Score-Median: 2,038
Corynebacterium jeikeium	Score-Median: 2,074
Corynebacterium kroppenstedtii	Score-Median: 1,901
Corynebacterium lipophiloflavum	Score-Median: 1,803
Corynebacterium matruchotii	Score-Wert (*n*=1): 2,150
Corynebacterium mucifaciens (nach H_2O-Extraktion des Schleims)	Score-Median: 1,848
(*Corynebacterium propinquum*)^	Score-Median: 2,434

Fortsetzung Tabelle 10.1

untersuchte Spezies	**Score-Median**
Corynebacterium riegelii	Score-Median: 2,050
(*Corynebacterium simulans*)^	Score-Wert (*n*=1): 2,233
Corynebacterium sundsvallense	Score-Median: 2,029
Corynebacterium thomssenii	Score-Wert (*n*=1): 2,060
Corynebacterium ulcerans	Score-Median: 2,281
Corynebacterium urealyticum	Score-Median: 2,070
Corynebacterium xerosis	Score-Wert (*n*=1): 2,302
Dermabacter hominis	Score-Median: 1,972
Microbacterium paraoxydans	Score-Median: 2,138
Rothia dentocariosa	Score-Median: 2,269
Turicella otitidis	Score-Median: 2,012

Tabelle 10.2:

Spezies, welche durch MALDI-TOF MS nicht verlässlich identifiziert wurden (Score-Wert < 1,7 bzw. Score-Median der richtigen Identifikationen < 1,7)

Symbole:

für diese Spezies enthielt die Datenbank MALDI Biotyper 2.0 (Stand 15.10.2009) keinen Datenbankeintrag

untersuchte Spezies	**Score-Median bzw. Score-Wert der richtigen Speziesidentifikation**
Actinobaculum urinale	keine richtige Speziesidentifikation erfolgt
Actinomyces graevenitzii	keine richtige Speziesidentifikation erfolgt
Arcanobacterium pyogenes	Score Median: 1,581
Arthrobacter cumminsii	Score-Median: 1,578
Corynebacterium afermentans subsp. *lipophilum*	Score-Wert: 1,522
Brevibacterium mcbrellneri #	-
Exiguobacterium acetylicum #	-

Tabelle 10.3:

Spezies, welche durch MALDI-TOF MS teilweise falsch identifiziert wurden (Score-Median der falschen Speziesidentifikation $\geq$ 1,7)

Symbole:

* Angabe des Score-Werts, da *n*=1

In Tabelle 10.3 wird der Score-Median der richtigen und der falschen Speziesidentifikationen angegeben.

untersuchte Spezies	% richtige Id.	Score-Median richtige Id.	**falsche Speziesidentifikation**	% falsche Id.	Score-Median falsche Id.
Arthrobacter oxydans	44,4%	2,093	*Arthrobacter scleromae*	55,6%	2,293
Brevibacterium casei	92,1%	2,356	*Brevibacterium celere*	7,9%	2,162
Corynebacterium auris	76,9%	1,849	*Turicella otitidis*	17,9%	1,716
C. CDC group F-1	40,0%	1,755	*Corynebacterium mastitidis*	10,0%	1,709
Corynebacterium coyleae	87,1%	1,898	*C.afermentans subsp. afermentans*	6,5%	1,923
Corynebacterium falsenii	60,0%	2,216	*C. lipophiloflavum*	30,0%	1,771
C. macginleyi	62,5%	2,128	*Corynebacterium accolens*	25,0%	1,907
C. minutissimum	57,1%	1,863	*Corynebacterium singulare*	14,3%	2,139
			C. aurimucosum	3,6%	1,715
C. mucifaciens	72,0%	1,834	*C. ureicelerivorans*	4,0%	1,767*
C. pseudodiphtheriticum	69,2%	2,410	*C. propinqum*	30,8%	2,405
C. pseudotuberculosis	25,0%	2,313	*Corynebacterium ulcerans*	75,0%	2,216
Corynebacterium striatum	84,8%	2,380	*Corynebacterium simulans*	15,2%	2,238
C. tuberculostearicum	55,6%	1,797	*Corynebacterium accolens*	5,6%	1,958
			Corynebacterium simulans	5,6%	2,104
			C. macginleyi	2,8%	2,350*
			C. ureicelerivorans	2,8%	1,923*
Microbacterium oxydans	37,5%	2,301	*Microbacterium maritypicum*	50,0%	2,008
			Microbacterium liquefaciens	12,5%	2,084

Im zweiten Teil der vorliegenden Arbeit wurde an 218 Bakterienstämmen (11 Gattungen / 55 Spezies / 4 Subspezies) getestet, ob die Wahl des Nährbodens zur Kultivierung der Bakterien oder ob eine Vorbehandlung des Bakterienschmierpräparates mit 70%iger Ameisensäure einen Einfluss auf das MALDI-TOF MS Testergebnis haben.
Es ergab sich folgendes Ergebnis:

- richtige und verlässliche Speziesidentifikation nach Kultivierung der Bakterien auf Columbia 5% Blutagar: 83,7%
- richtige und verlässliche Speziesidentifikation nach Kultivierung der Bakterien auf CNA Blutagar: 82,8%
- richtige und verlässliche Speziesidentifikation nach Kultivierung der Bakterien auf Schokoladenagar: 82,8%
- richtige und verlässliche Speziesidentifikation nach Vorbehandlung des Bakterienschmierpräparates mit 70%iger Ameisensäure und nach Kultivierung der Bakterien auf Columbia 5% Blutagar: 87,0%

Somit konnte gezeigt werden, dass weder die Nährbodenart noch die Vorbehandlung mit 70%iger Ameisensäure einen signifikanten Einfluss (α=0,05) auf das MALDI-TOF MS Testergebnis hatten. Für die Routinediagnostik coryneformer Bakterien ist dies wichtig, da bei Probeneingang unterschiedliche Nährböden beimpft werden und gegebenenfalls die Bakterien subkultiviert werden und dann die Bakteriendiagnostik von verschiedenen Nährböden erfolgt. Bedingung für eine gute Identifizierung mit MALDI-TOF MS war ein ausreichendes Bakterienwachstum, welches auf Schokoladenagar teilweise langsamer erfolgte als auf Columbia 5% Blutagar oder auf CNA Blutagar.
In der Literatur zeigen sich widersprüchliche Ergebnisse bezüglich des Einflusses unterschiedlicher Kulturbedingungen auf das MALDI-TOF MS Testergebnis.
Es bestand lange Unklarheit, ob der Einfluss der Kulturbedingungen/Nährmedien auf die gewonnenen Spektren zu vernachlässigen ist und so für die Routinemessung auch andere Kulturbedingungen verwendet werden können, als für die Gewinnung der Datenbankeinträge angewandt wurden. So fanden Valentine et al. 2005, dass sich die Spektren von Bakterien, die unter verschiedenen Bedingungen kultiviert worden waren, zwar unterscheiden, dabei jedoch unabhängig von den Kulturbedingungen konstant erscheinende Peaks bestehen, sodass eine Identifikation mit MALDI-TOF MS trotz unterschiedlicher Kulturbedingungen möglich ist. Bizzini et al. fanden 2010 bei der Untersuchung gramnegativer Bakterien mit MALDI-TOF MS nach Schmierpräparation einen Unterschied der Speziesidentifikation nach Kultivierung der Bakterien auf MacConkey-Agar (56% richtige Identifikationen) und reichen Nährmedien wie Schafblut-

oder Schokoladenagar (87% richtige Identifikationen). Nach Anwendung eines Proteinextraktionsprotokolls bestanden dann jedoch keine Unterschiede mehr. Ebenso fanden Lotz et al. 2010 einen Unterschied bei der Identifikation von Mykobakterien mit MALDI-TOF MS nach Kultivierung auf Löwenstein-Jensen-Agar (97% richtige Speziesidentifikationen) und Flüssigmedium (77% richtige Speziesidentifikationen). Die Autoren sahen als Ursache für die schlechtere Identifikation nach Kultivierung der Bakterien in Flüssigmedium die geringere Bakterienzahl im Flüssigmedium und die mögliche Spektreninterferenz der Inhaltsstoffe des Nährmediums. Demgegenüber zeigte die Studie von Mellmann et al. 2008 bei der Untersuchung von Nonfermentern keinen Einfluss auf die Bakterienidentifizierung mit MALDI-TOF MS nach Kultivierung der Bakterien auf Columbia Blutagar, Schokoladenagar, Müller-Hinton-Agar oder Tryptic-Soja-Agar. Ebenso fanden Verroken et al. 2010 ähnliche Score-Werte nach Kultivierung von *Nocardia*-Spezies auf Sabouraud-Agar, Löwenstein-Jensen-Agar und Tryptic-Soja-Agar und He et al. 2010 fanden keinen Unterschied bei der Untersuchung von Stuhlkulturen und Identifizierung der Bakterien von Selektivmedien bzw. von Subkultur-Medien.
Somit ist das Ergebnis der vorliegenden Arbeit bezüglich der Vergleichbarkeit der MALDI-TOF MS-Identifikationen von verschiedenen Agarmedien kongruent mit den neueren Literaturdaten für andere Gruppen von Bakterien.

Bezüglich des Probenauftrags / Probenvorbehandlung wurden in der Literatur sowohl die einfache Bakterienschmierpräparation als auch verschiedene Proteinextraktionsverfahren für die Speziesidentifikation mit MALDI-TOF MS untersucht. Insbesondere bei der Untersuchung grampositiver Bakterien, deren Zellwand im Vergleich zu gramnegativen Bakterien eine größere Mureinschicht enthält, zeigten sich bei Anwendung der direkten Schmierpräparation im erhaltenen Massenspektrum weniger auswertbare Peaks als bei der Untersuchung gramnegativer Bakterien (Smole et al. 2002). Deshalb schien insbesondere bei der Untersuchung grampositiver Bakterien eine Probenvorbehandlung das MALDI-TOF MS-Testergebnis zu verbessern.
In der Arbeit von Alatoom et al. 2011 erfolgte ein Vergleich der Speziesidentifikation von 305 Isolaten grampositiver Kokken mit MALDI-TOF MS nach direkter Schmierpräparation bzw. nach Anwendung einer Proteinextraktion (Ethanol-Ameisensäure-Extraktion, Protokoll der Firma Bruker Daltonik). Hierbei kam es zu einer Verbesserung der Speziesidentifikation (Score-Wert $\geq$ 2,0) von 20% nach direkter Schmierpräparation auf 69% nach Proteinextraktion. Demgegenüber fanden Bessède et al. 2010 bei der Untersuchung von 1013 Routineisolaten grampositiver und gramnegativer Bakterien mit

MALDI-TOF MS nur bei ca. 15% der Isolate eine Verbesserung des Score-Wertes von initial < 2,0 nach Schmierpräparation auf > 2,0 nach Proteinextraktion (Ethanol-Ameisensäure-Extraktion, Protokoll der Firma Bruker Daltonik). Bezogen auf die 366 Isolate grampositiver Kokken war dies in dieser Studie bei ca. 19% der Fall. Allerdings war der Score-Wert bei allen Isolaten, die durch eine Proteinextraktion einen Score-Wert > 2,0 erzielten nach Schmierpräparation nur wenig schlechter (Score-Werte zwischen 1,7-2,0). Somit zeigte diese Studie nur einen geringen Nutzen der Proteinextraktion zur Verbesserung der Speziesidentifikation mit MALDI-TOF MS.
Das von der Firma Bruker Daltonik, Bremen, empfohlene Proteinextraktionsverfahren besteht aus mehreren Zentrifugations- und Resuspendierungsschritten und ist im Vergleich zur direkten Schmierpräparation zeitaufwendig. Deshalb wurde für die vorliegende Arbeit eine einfachere Methode in Form der direkten Vorbehandlung des Bakterienschmier-präparates mit 70%iger Ameisensäure auf der Targetplatte untersucht. Nach Angabe der Firma Bruker Daltonik sollte auch diese Methode eine Verbesserung der Identifikation mit MALDI-TOF MS insbesondere bei der Untersuchung grampositiver Bakterien bewirken, da durch die Behandlung mit Ameisensäure die Bakterienzellwände aufbrechen und so die ribosomalen Proteine leichter freigesetzt werden können. Bei der Untersuchung der coryneformen Bakterien im Rahmen dieser Arbeit konnten wir mit dieser Methode jedoch keine signifikante Verbesserung der Speziesidentifikation feststellen.

Im dritten Teil dieser Arbeit wurde die Speziesidentifikation mit MALDI-TOF MS anhand von 509 Routineisolaten coryneformer Bakterien aus dem laufenden Probeneingang des MVZ Labor Dr. Gärtner & Kollegen, Ravensburg, getestet. Hierfür erfolgte im Rahmen der Routinediagnostik die Aufarbeitung des Probenmaterials, die Gewinnung von Reinkulturen und die Speziesidentifikation mit dem API Coryne Testsystem. Parallel erfolgte die Speziesidentifikation mit MALDI-TOF MS. Bei diskrepanter Spezies-identifikation wurde die tatsächlich vorliegende Spezies durch Begutachtung der Bakterienmorphologie und durch Zusatztests bestimmt und in Zweifelsfällen erfolgte für 21 Bakterienstämme eine partielle 16S rRNA Gen-Sequenzierung.
Es ergab sich folgendes Ergebnis entspechend Tabelle 8 und Tabelle 9:

- richtige und verlässliche Speziesidentifikation mit MALDI-TOF MS:
  419 Stämme (86,0%)
- richtige und verlässliche Gattungsidentifikation mit MALDI-TOF MS:
  466 Stämme (91,7%)
- falsche Speziesidentifikation mit MALDI-TOF MS: 40 Stämme (8,2%)

- falsche Gattungsidentifikation mit MALDI-TOF MS: 3 Stämme (0,6%)
- keine verlässliche Identifikation mit MALDI-TOF MS (Score-Wert < 1,7): 40 Stämme (7,9%)
- richtige Speziesidentifikation mit API Coryne nach ca. 20 h Inkubationszeit: 356 Stämme (77,7%)
- richtige Gattungsidentifikation mit API Coryne nach ca. 20 h Inkubationszeit: 490 Stämme (96,6%)
- richtige Speziesidentifikation mit API Coryne nach ca. 48-72 h Inkubationszeit: 445 Stämme (97,2%)
- richtige Gattungsidentifikation mit API Coryne nach ca. 48-72 h Inkubationszeit: 497 Stämme (98,0%)

Bezüglich der Häufigkeitsverteilung der einzelnen coryneformen Bakterienspezies zeigte sich entsprechend Tabelle 7, dass folgende fünf Spezies zusammen über 80% der Isolate coryneformer Bakterien in der klinischen Routinediagnostik darstellen: *Corynebacterium amycolatum* 35,6%, *Corynebacterium striatum* 22,0%, *Corynebacterium pseudodiphtheriticum* 10,0%, *Dermabacter hominis* 8,6% und *Corynebacterium minutissimum* 5,9%. Mit MALDI-TOF MS konnten von diesen jedoch nur die Spezies *Corynebacterium amycolatum* und *Dermabacter hominis* verlässlich ohne weitere Zusatztests identifiziert werden.

Im Folgenden werden die Ergebnisse aus Teil 1-3 dieser Arbeit anhand der einzelnen Gattungen und Spezies näher erläutert:

Genus *Actinobaculum*:

Ein Stamm der Spezies *Actinobaculum urinale* der Stammsammlung wurde mit MALDI-TOF MS getestet. Es erfolgte keine verlässliche Identifikation. Zum Zeitpunkt der Untersuchung enthielt die Datenbank MALDI Biotyper 2.0 einen Datenbankeintrag der Spezies *Actinobaculum urinale*. Es sollten somit weitere Datenbankeinträge dieser Spezies erfolgen, z. B. ein Datenbankeintrag des in dieser Studie getesteten Stammes.
Die Spezies *Actinobaculum schaalii* wurde dagegen überwiegend richtig und verlässlich mit MALDI-TOF MS identifiziert.

Genus *Actinomyces*:

Bei der Untersuchung der Stammsammlung wurden die Spezies *Actinomyces europaeus*, *Actinomyces neuii* subsp. *anitratus*, *Actinomyces neuii* subsp. *neuii*, *Actinomyces radingae* und *Actinomyces turicensis* richtig und verlässlich identifiziert.

Der Datenbankeintrag "*Actinomyces neuii* 50_90 IBS" steht für den Typenstamm der Subspezies *Actinomyces neuii* subsp. *anitratus* (Funke et al. 1994). Trotz einer Ähnlichkeit der kompletten 16S rRNA Gen-Sequenz von 99,7% kann mit MALDI-TOF MS zwischen den Subspezies *Actinomyces neuii* subsp. *anitratus* und *Actinomyces neuii* subsp. *neuii* differenziert werden.

Weiter wurden zwei Stämme der Spezies *Actinomyces graevenitzii* der Stammsammlung mit MALDI-TOF MS getestet. Zum Zeitpunkt der Untersuchung enthielt die Datenbank MALDI Biotyper 2.0 einen Datenbankeintrag "*Actinomyces graevenitzii* DSM 15540_DSM". Für beide getesteten Stämme wurde an erster Stelle der Trefferliste des Spektrenvergleichs der Datenbankeintrag "*Actinomyces* sp. G4892 IBS" identifiziert, jeweils mit einem hohen Score-Wert (Score 1,934 bzw. 1,911). Der hohe Score-Wert lässt vermuten, dass der Datenbankeintrag "*Actinomyces* sp. G4892 IBS" tatsächlich einen *Actinomyces graevenitzii*-Stamm darstellt. Der Datenbankeintrag "*Actinomyces graevenitzii* DSM 15540_DSM" wurde nicht an zweiter Stelle der Trefferliste aufgeführt. Innerhalb der Spezies *Actinomyces graevenitzii* existiert möglicherweise eine Diversität, sodass mehrere Datenbankeinträge für die Identifikation dieser Spezies nötig sind.

Bei der Untersuchung der Routineisolate wurde ein Stamm *Actinomyces urogenitalis* durch partielle 16S rRNA Gen-Sequenzierung identifiziert. Durch MALDI-TOF MS wurde der Stamm zwar richtig, jedoch mit einem niedrigen Score-Wert < 1,7 identifiziert. Zum Zeitpunkt der Untersuchung enthielt die MALDI Biotyper Datenbank 2.0 einen Datenbankeintrag *Actinomyces urogenitalis*. Die Datenbankeinträge für diese Spezies sollten somit erweitert werden.

Genus *Arcanobacterium*:

Bei der Untersuchung von fünf Stämmen der Spezies *Arcanobacterium pyogenes* der Stammsammlung mit MALDI-TOF MS wurden zwar alle fünf Stämme richtig identifiziert, jedoch mit einem nicht verlässlichen Score-Wert < 1,7. Unter den Routineisolaten wurde ebenfalls ein Stamm mit einem niedrigen Score-Wert < 1,7 richtig identifiziert. Zum Zeitpunkt der Untersuchung enthielt die Datenbank MALDI-Biotyper 2.0 zwei Datenbankeinträge der Spezies *Arcanobacterium pyogenes*. Für eine verlässliche Speziesidentifikation sollten somit weitere Datenbankeinträge erfolgen.

Demgegenüber erfolgte eine richtige und verlässliche Identifizierung der Spezies *Arcanobacterium bernardiae* und *Arcanobacterium haemolyticum* mit MALDI-TOF MS.

Genus *Arthrobacter*:

Die Spezies *Arthrobacter cumminsii* und *Arthrobacter oxydans* sind die am häufigsten aus klinischem Untersuchungsmaterial isolieren *Arthrobacter* Spezies (Mages et al. 2008). Sowohl bei der Untersuchung von 25 Stämmen der Spezies *Arthrobacter cumminsii* der Stammsammlung als auch bei weiteren vier Stämmen *Arthrobacter cumminsii* unter den Routineisolaten zeigte sich, dass die Spezies *Arthrobacter cumminsii* zwar meist an erster Stelle der Trefferliste im Spektrenvergleich genannt wurde, jedoch meist mit einem nicht verlässlichen Score-Wert < 1,7. Zum Zeitpunkt dieser Studie enthielt die Datenbank MALDI Biotyper 2.0 (Stand 15.10.2009) einen Datenbankeintrag der Spezies *Arthrobacter cumminsii*. Um für die Identifizierung dieser Spezies verlässliche Score-Werte zu erzielen, sollte die Datenbank durch zusätzliche Datenbankeinträge erweitert werden.
Bei der Untersuchung von neun Stämmen *Arthrobacter oxydans* der Stammsammlung wurden fünf Stämme falsch als *Arthrobacter scleromae* identifiziert. Dabei lagen hohe Score-Werte für die falschen Identifikationen vor (Score-Median 2,293). Von den fünf Stämmen, die an erster Stelle der Trefferliste des Spektrenvergleichs falsch als *Arthrobacter scleromae* identifiziert worden waren, wurde nur bei einem Stamm *Arthrobacter oxydans* an zweiter Stelle der Trefferliste gelistet. Für die anderen vier Stämme wurde *Arthrobacter polychromogenes* an zweiter Stelle angegeben, ebenfalls mit hohen Score-Werten zwischen 1,805–2,394. In Teil 2 dieser Arbeit (Nährbodenvergleich / Vorbehandlung mit 70%iger Ameisensäure) wurden zwei Stämme *Arthrobacter oxydans* erneut mit MALDI-TOF MS getestet. Hierbei zeigt sich, dass Stamm G115, welcher in Teil 1 dieser Arbeit als *Arthrobacter scleromae* (Score 2,443) identifiziert worden war, jetzt als *Arthrobacter polychromogenes* (Score 2,455) identifiziert wurde. Weiter wurde Stamm G120 in Teil 1 dieser Arbeit als *Arthrobacter oxydans* (Score 2,238), im "Nährbodenvergleich" dann einmal als *Arthrobacter scleromae* (Score 2,407), zweimal als *Arthrobacter oxydans* (Score 2,378-2,391) und einmal als *Arthrobacter polychromogenes* (Score 2,334) identifiziert. Im Rahmen der Doppelbestimmung war die nicht einheitliche Speziesidentifikation durch MALDI-TOF MS auch unabhängig vom verwendeten Nährboden auffällig. Wenn man die Trefferliste des automatischen Spektrenvergleichs näher betrachtet, findet man, dass bei der Untersuchung von *Arthrobacter oxydans* folgende *Arthrobacter* Spezies mit einem Score-Wert > 1,7 gelistet werden: *Arthrobacter*

oxydans, *Arthrobacter scleromae*, *Arthrobacter polychromogenes*, *Arthrobacter chlorophenolicus* und *Arthrobacter sulfonivorans.*
Die Spezies *Arthrobacter scleromae* und *Arthrobacter polychromogenes* sind die phylogenetisch nächsten Verwandten von *Arthrobacter oxydans*. Beim Vergleich der Typenstämme von *Arthrobacter scleromae* mit *Arthrobacter oxydans* und *Arthrobacter polychromogenes* zeigt sich eine hohe Übereinstimmung der 16S rRNA Gen-Sequenz von 99,4% bzw. 99,3% (Huang et al. 2005). MALDI-TOF MS kann diese drei eng verwandten Spezies somit nicht unterscheiden.
Arthrobacter oxydans kann jedoch mit dem API Coryne Testsystem von *Arthrobacter scleromae* differenziert werden (siehe Tabelle 11). *Arthrobacter polychromogenes* kommt nicht beim Menschen vor und kann anhand seiner blau/grün-gefärbten Kolonien identifiziert werden (Huang et al. 2005, Schippers-Lammertse et al. 1963).
Bei der Untersuchung der Routineisolate wurden vier *Arthrobacter*-Stämme durch partielle 16S rRNA Gen-Sequenzierung identifiziert. Alle vier Stämme konnten keiner bisher beschriebenen Spezies zugeordnet werden, sodass nur eine Gattungsidentifikation erfolgte. Weiter zeigte sich bei den 16S rRNA Gen-Sequenzierungen die enge Verwandtschaft der Gattungen *Arthrobacter* und *Micrococcus* (Koch et al. 1994). Beim Vergleich der partiellen 16S rRNA Gen-Sequenzierung der Routineisolate Nr. 17 und Nr. 295 ergab sich eine nahezu übereinstimmende Trefferliste beim Sequenzvergleich mit der Reference Sequence Database. Möglicherweise liegt bei beiden Routineisolaten dieselbe, bisher noch nicht beschriebene *Arthrobacter* Spezies vor.

Genus *Brachybacterium*:

Bei der Untersuchung der Routineisolate wurden zwei Stämme der Gattung *Brachybacterium* durch partielle 16S rRNA Gen-Sequenzierung identifiziert.
Beide Stämme konnten keiner bisher beschriebenen Spezies zugeordnet werden.
Sowohl die MALDI Biotyper Datenbank 2.0 (Stand 15.10.2009) als auch die API Coryne Datenbank enthielten keinen Eintrag der Gattung *Brachybacterium*. Bisher wurden in der Literatur vier Stämme *Brachybacterium* sp. erwähnt, welche aus klinischem Untersuchungsmaterial isoliert worden waren (Mages et al. 2008). In der hier vorliegenden Arbeit wurden beide *Brachybacterium* Stämme aus Wundabstrichen isoliert.

Genus *Brevibacterium*:

Bei der Untersuchung von 38 Stämmen der Spezies *Brevibacterium casei* der Stamm-sammlung wurden drei Stämme falsch als *Brevibacterium celere* identifiziert, jeweils mit

einem hohen Score-Wert ≥ 1,7 (Score-Median der falschen Identifizierungen: 2,162). Alle drei falsch identifizierten Stämme wurden in der Trefferliste des Spektrenvergleichs an 2. Stelle als *Brevibacterium casei* identifiziert. *Brevibacterium celere* ist phylogenetisch die nächstverwandte Spezies zu *Brevibacterium casei*. Die 16S rRNA Gen-Sequenzierung dieser Spezies zeigte eine Übereinstimmung von 97% (Ivanova et al. 2004). Mit MALDI-TOF MS können diese eng verwandten Spezies nicht sicher unterschieden werden. Differenzieren kann man die beiden Spezies zum einen anhand der Koloniefarbe: *Brevibacterium casei* zeigt grau-weiße Kolonien, *Brevibacterium celere* dagegen weiß-gelbe Kolonien. Ein weiteres Unterscheidungsmerkmal ist das Wachstum von *Brevibacterium celere* bei 12°C und eine positive Oxidase-Reaktion (Ivanova et al. 2004); beide Reaktionen sind bei *Brevibacterium casei* negativ. *Brevibacterium celere* wurde aus dem sich zersetzenden Thallus einer Braunalge isoliert und ist bisher nicht beim Menschen nachgewiesen worden.

Bei der Untersuchung der Routineisolate wurden vier Stämme der Gattung *Brevibacterium* identifiziert, zwei davon durch partielle 16S rRNA Gen-Sequenzierung. Von diesen wurde mit MALDI-TOF MS nur ein Stamm als *Brevibacterium* identifiziert, in diesem Fall als *Brevibacterium celere* (Score 2,197). Wahrscheinlich liegt hier jedoch ebenfalls eine Verwechslung durch MALDI-TOF MS mit *Brevibacterium casei* vor.

Bei der Untersuchung der Stammsammlung wurde ein Stamm *Brevibacterium epidermidis* richtig und verlässlich mit MALDI-TOF MS identifiziert.

Weiter wurden sieben Stämme der Spezies *Brevibacterium mcbrellneri* mit MALDI-TOF MS untersucht. Bei fehlendem Datenbankeitrag in der Datenbank MALDI Biotyper 2.0 (Stand 15.10.2009) konnten diese Stämme nicht identifiziert werden. Erwartungsgemäß ergab die Messung mit MALDI-TOF MS Score-Werte < 1,7. Für vier der sieben Stämme ergab der automatische Spektrenvergleich an erster Stelle die Spezies *Arthrobacter ardleyensis* und damit ein coryneformes Bakterium an. Dies zeigt, dass mit MALDI-TOF MS nur eine Identifizierung erfolgen kann, wenn ein Datenbankeintrag der untersuchten Spezies vorliegt, andernfalls kann mit MALDI-TOF MS auch kein Hinweis auf eine mögliche Gattungszugehörigkeit erhalten werden.

Genus *Cellulosimicrobium*:

Bei der Untersuchung der Routineisolate wurde ein Stamm der Spezies *Cellulosimicrobium cellulans* mit MALDI-TOF MS richtig und verlässlich identifiziert.

Genus *Corynebacterium*:

Folgende Spezies der Gattung *Corynebacterium* wurden durch MALDI-TOF MS richtig und verlässlich identifiziert:
Corynebacterium amycolatum, *Corynebacterium argentoratense*, *Corynebacterium bovis*, *Corynebacterium confusum*, *Corynebacterium diphtheriae*, *Corynebacterium durum*, *Corynebacterium freneyi*, *Corynebacterium glucuronolyticum*, *Corynebacterium imitans*, *Corynebacterium jeikeium*, *Corynebacterium kroppenstedtii* (nur ein Stamm wurde getestet), *Corynebacterium matruchotii* (nur ein Stamm wurde getestet), *Corynebacterium mucifaciens* (nach H_2O-Extraktion des Schleims), *Corynebacterium riegelii*, *Corynebacterium sundsvallense*, *Corynebacterium thomssenii* (nur ein Stamm wurde getestet), *Corynebacterium urealyticum*, *Corynebacterium variabile* (nur ein Stamm wurde getestet) und *Corynebacterium xerosis* (nur ein Stamm wurde getestet).

Im Folgenden werden die Bakterienspezies näher betrachtet, die durch MALDI-TOF MS nicht differenziert oder nicht verlässlich identifiziert werden können:

Corynebacterium afermentans subsp. *lipophilum*

Bei der Untersuchung der Stammsammlung mit MALDI-TOF MS wurde nur einer der vier untersuchten Stämme der Spezies *Corynebacterium afermentans* subsp. *lipophilum* richtig erkannt, dieser jedoch nur mit einem nicht verlässlichen Score-Wert < 1,7. Die Anzahl der Datenbankeinträge dieser Spezies sollte somit ergänzt werden. Eine verlässliche Identifizierung dieser Spezies ist wichtig, da diese Spezies insbesondere bei immungeschwächten Patienten eine Sepsis verursachen kann (Sewell et al. 1995).
Im zweiten Teil dieser Arbeit (Nährbodenvergleich / Vorbehandlung mit 70%iger Ameisensäure) wurde Stamm 886 einmalig falsch als *Corynebacterium afermentans* subsp. *afermentans* (Score-Wert > 1,7) identifiziert. Mit MALDI-TOF MS kann somit nicht sicher zwischen diesen engverwandten Subspezies unterschieden werden. Es besteht eine Ähnlichkeit von 99,8% der 16S rRNA Gen-Sequenz dieser beiden Subspezies (Khamis et al. 2004).

Corynebacterium auris / *Turicella otitidis*:

8 von 39 getesteten Stämmen *Corynebacterium auris* der Stammsammlung wurden falsch als *Turicella otitidis* mit einem verlässlichen Score-Wert ≥ 1,7 identifiziert. In der Trefferliste des Spektrenvergleichs wurde bei sieben der acht falsch identifizierten Stämme an 2. Stelle *Corynebacterium auris* mit einem Score-Wert 1,452-1,657 angegeben. Für die

Spezies *Corynebacterium auris* enthielt die Datenbank MALDI Biotyper 2.0 (Stand 15.10.2009) einen Datenbankeintrag, für die Spezies *Turicella otitidis* enthielt die Datenbank zwei Einträge: "*Turicella otitidis* 121_x_B9341_72_IBS" und "*Turicella otitidis* DSM 8821_DSM".

Auffällig ist, dass bei der Untersuchung der Spezies *Turicella otitidis* alle 45 Stämme richtig und valide mit dem Datenbankeintrag "*Turicella otitidis* DSM 8821_DSM" an erster Stelle der Trefferliste des Spektrenvergleichs identifiziert wurden. Der zweite Datenbankeintrag "*Turicella otitidis* 121_x_B9341_72_IBS" wurde auch bei keinem der 45 Stämme an 2. Stelle gelistet. Dagegen erfolgten die acht Fehlidentifikationen der Spezies *Corynebacterium auris* mit dem Datenbankeintrag "*Turicella otitidis* 121_x_B9341_ 72_ IBS". Dies lässt vermuten, dass hier ein Fehler der Datenbank vorliegt und möglicherweise der Datenbankeintrag "*Turicella otitidis* 121_x_B9341_72_IBS" tatsächlich für einen *Corynebacterium auris*-Stamm steht.

Mit der derzeitigen Datenbank ist mit MALDI Biotyper 2.0 keine sichere Differenzierung zwischen den Spezies *Corynebacterium auris* und *Turicella otitidis* möglich. Beide Spezies gehören zu den nicht-fermentierenden, coryneformen Bakterien und können auch im API Coryne Testsystem nicht differenziert werden. Ein weiteres gemeinsames Merkmal beider Spezies ist ein stark positiver CAMP-Test. Eine Differenzierung der Spezies kann jedoch im Grampräparat erfolgen, da bei *Turicella otitidis* im Gegensatz zu *Corynebacterium auris* sehr lange, grampositive Stäbchen vorliegen. Ebenso kann eine Differenzierung mittels 16S rRNA Gen-Sequenzierung erfolgen, da die Sequenz-übereinstimmung der beiden Spezies nur ca. 93% beträgt. Eine Verwechslung der beiden Spezies durch MALDI-TOF MS aufgrund von zu großer phylogenetischer Ähnlichkeit der Spezies ist deshalb unwahrscheinlich. Beide Spezies gehören zur Normalflora des Menschen und werden aus Abstrichen des äußeren Gehörgangs isoliert.

Corynebacterium CDC group F-1 / *Corynebacterium mastitidis*:

Von zehn getesteten Stämmen der Stammsammlung wurden sieben Stämme richtig erkannt als *Corynebacterium* CDC group F-1, allerdings nur vier Stämme mit einem verlässlichen Score-Wert $\geq$ 1,7. Somit sind zusätzliche Datenbankeinträge dieser Spezies für eine verlässliche Identifizierung erforderlich.

Ein Stamm wurde mit einem verlässlichen Score-Wert $\geq$ 1,7 falsch als *Corynebacterium mastitidis* identifiziert. In der Trefferliste des Spektrenvergleichs stand an 2. und 3. Stelle ebenfalls ein Datenbankeintrag der Spezies *Corynebacterium mastitidis*. Ein weiterer Stamm wurde mit einem niedrigen Score-Wert < 1,7 als *Corynebacterium mastitidis*

identifiziert. MALDI-TOF MS kann somit zwischen den Spezies *Corynebacterium* group F-1 und *Corynebacterium mastitidis* nicht sicher differenzieren.
Corynebacterium mastitidis gehört wie *Corynebacterium* CDC group F-1 zu den lipophilen Corynebakterien. *Corynebacterium mastitidis* lässt sich jedoch anhand der Stoffwechselreaktionen von *Corynebacterium* CDC group F-1 mit dem API Coryne Testsystem unterscheiden: *Corynebacterium mastitis* zeigt eine negative Nitrat-Reduktion und ist nicht-fermentierend (Fernandez-Garayzabal et al. 1997), dagegen zeigt *Corynebacterium* group F-1 eine positive Nitrat-Reduktion und fermentiert Glucose, Maltose und Saccharose. Um einen Fehler in der Stammsammlung auszuschließen, wurde der falsch identifizierte Stamm 3545 mit API Coryne getestet und es bestätigte sich ein nummerischer Code (2101325) entsprechend dem Profil der Spezies *Corynebacterium* group F-1. *Corynebacterium mastitidis* wurde aus der Milch von Schafen mit Mastitis isoliert und fand sich bisher nicht in menschlichem Untersuchungsmaterial.

Corynebacterium coyleae / *Corynebacterium afermentans* subsp. *afermentans*:
27 von 31 getesteten Stämmen der Spezies *Corynebacterium coyleae* der Stammsammlung wurden richtig mit einem Score-Wert $\geq$ 1,7 identifiziert (entspricht 87,1%). Für *Corynebacterium coyleae* enthielt die MALDI Biotyper 2.0 Datenbank (Stand 15.10.2009) einen Datenbankeintrag. Zwei der getesteten Stämme wurden falsch identifiziert als *Corynebacterium afermentans* subsp. *afermentans* mit einem Score-Wert $\geq$ 1,7. Bei beiden Stämmen wurde in der Trefferliste des Spektrenvergleichs an zweiter Stelle erneut *Corynebacterium afermentans* subsp. *afermentans* gelistet. Bei der Untersuchung von sieben Stämmen *Corynebacterium afermentans* subsp. *afermentans* wurden dagegen alle sieben Stämme richtig identifiziert.
Eine Fehlidentifizierung auf Grund eines falschen Datenbankeintrags in der MALDI Biotyper 2.0 Datenbank ist unwahrscheinlich, da sowohl zur richtigen Identifizierung der Spezies *Corynebacterium afermentans* subsp. *afermentans* als auch zur falschen Identifizierung der Spezies *Corynebacterium coyleae* der Datenbankeintrag "*Corynebacterium afermentans* subsp. *afermentans* 72_D4 coll ISB" in der Trefferliste des Spektrenvergleichs an erster Stelle gelistet wurde.
Ein Vergleich der 16S rRNA Gen-Sequenz von *Corynebacterium coyleae* und *Corynebacterium afermentans* subsp. *afermentans* zeigt eine Ähnlichkeit von 98,2% (Funke et al. 1997). MALDI-TOF MS kann zwischen diesen phylogenetisch eng verwandten Spezies somit nicht sicher unterscheiden.

Mit dem API Coryne Testsystem ist eine Unterscheidung der Spezies *Corynebacterium coyleae* und *Corynebacterium afermentans* subsp. *afermentans* möglich: *Corynebacterium coyleae* ist langsam fermentierend für Glucose und Ribose, d. h. eine längere Bebrütung über 48 h ist für ein positives Testergebnis nötig (Funke et al. 1997). Dagegen ist *Corynebacterium afermentans* subsp. *afermentans* nicht fermentierend. Um einen Fehler der Stammsammlung auszuschließen, wurde der Stamm G70 mit API Coryne getestet und es ergab sich ein nummerischer Code (6100304) entsprechend dem Profil der Spezies *Corynebacterium coyleae*. In der API Coryne Datenbank ist dieses Unterscheidungsmerkmal jedoch nicht enthalten. Die API Coryne Datenbank identifiziert den nummerischen Code 6100304 nicht als *Corynebacterium coyleae*, dagegen wird bei fehlender Fermentationsreaktion der Code 6100004 als *Corynebacterium afermentans* / *coyleae* identifiziert.
Bei den drei *Corynebacterium coyleae*-Routineisolaten wurde durch MALDI-TOF MS nur ein Stamm als *Corynebacterium coyleae* identifiziert, die beiden anderen Stämme wurden falsch als *Corynebacterium afermentans* subsp. *afermentans* identifiziert.
Corynebacterium coyleae und *Corynebacterium afermentans* subsp. *afermentans* wurden aus Blutkulturen von Patienten mit Sepsis nachgewiesen.

Corynebacterium falsenii / *Corynebacterium lipophiloflavum*:
Sechs von zehn untersuchten Stämmen der Spezies *Corynebacterium falsenii* der Stammsammlung wurden mit MALDI-TOF MS richtig mit einem Score-Wert $\geq$ 1,7 identifiziert. Vier Stämme wurden falsch identifiziert als *Corynebacterium lipophiloflavum*.
Bei der Untersuchung von zehn Stämmen der Spezies *Corynebacterium lipophiloflavum* wurden alle Stämme richtig identifiziert. Für beide Spezies enthielt die Datenbank MALDI Biotyper 2.0 (Stand 15.10.2009) jeweils einen Datenbankeintrag, somit ist ein Fehler der Datenbank auszuschließen. Bezüglich der 16S rRNA Gen-Sequenz sind diese beiden Spezies nicht nah verwandt, somit ist eine Verwechslung der beiden Spezies aufgrund von phylogenetischer Ähnlichkeit unwahrscheinlich. Um einen Fehler der Stammsammlung auszuschließen wurden Stamm G779 und Stamm 3440 mit API Coryne getestet, es ergab sich dabei der nummerische Code (2101104) vereinbar mit dem Stoffwechselprofil der Spezies *Corynebacterium falsenii* bei positiver Fermentation von Glucose.
Corynebacterium lipophiloflavum ist dagegen nicht-fermentierend und zeigt tief gelbe, lipophile Kolonien.

Corynebacterium macginleyi / *Corynebacterium accolens*:

Von 32 getesteten Stämmen der Spezies *Corynebacterium macginleyi* der Stammsammlung wurden 20 Stämme richtig identifiziert mit einem Score-Wert ≥ 1,7. Elf Stämme wurden falsch identifiziert als *Corynebacterium accolens*. Auch an zweiter Stelle der Trefferliste des Spektrenvergleichs der falsch identifizierten Stämme wurde bei zehn Stämmen ein Datenbankeintrag *Corynebacterium accolens* gelistet.

Die Datenbank MALDI Biotyper 2.0 (Stand 15.10.2009) enthielt zwei Datenbankeinträge *Corynebacterium macginleyi* und vier Datenbankeinträge *Corynebacterium accolens*.

Bei allen falsch identifizierten Stämmen wurde in der Hitliste des Spektrenvergleichs der Datenbankeintrag "*Corynebacterium accolens* x_x_28779_H_IBS" an erster Stelle gelistet.

Ein fehlerhafter Datenbankeintrag in der MALDI Biotyper 2.0 Datenbank kann ausgeschlossen werden, da auch bei der Untersuchung der Spezies *Corynebacterium accolens* der untersuchte Stamm an erster Stelle ebenfalls mit dem Datenbankeintrag "*Corynebacterium accolens* x_x_28779_H_IBS" identifiziert wurde.

Bei Vergleich der 16S rRNA Gen-Sequenz der Spezies *Corynebacterium accolens* und *Corynebacterium macginleyi* zeigt sich eine Ähnlichkeit von 98,7% (Riegel et al. 1995). MALDI-TOF MS kann somit diese beiden phylogenetisch eng verwandten Spezies nicht sicher differenzieren. Da eine 16S rRNA Gen-Sequenz-Homologie von 98,7% nach derzeitiger Erkenntnis die Grenze zur sicheren Abgrenzung zweier Spezies darstellt (Stackebrandt und Ebers 2006), ist auch mit der Technik der 16S rRNA Gen-Sequenzierung alleine keine sichere Differenzierung der beiden Spezies möglich. Die beiden Spezies können jedoch mit dem API Coryne Testsystem differenziert werden: *Corynebacterium macginleyi* zeigt eine positive alkalische Phosphatase-Reaktion, *Corynebacterium accolens* zeigt dagegen eine negative alkalische Phosphatase-Reaktion. Um einen Fehler der Stammsammlung auszuschließen, wurde der mit MALDI-TOF MS falsch identifizierte Stamm G103 mit API Coryne untersucht, und es bestätigte sich eine positive alkalische Phosphatase-Reaktion entsprechend dem Profil von *Corynebacterium macginleyi* (nummerischer Code Stamm G103: 1100315).

Corynebacterium minutissimum / *Corynebacterium singulare* / *Corynebacterium aurimucosum*:

16 von 28 getesteten Stämmen der Spezies *Corynebacterium minutissimum* der Stammsammlung wurden richtig als *Corynebacterium minutissimum* mit MALDI-TOF MS identifiziert mit einem Score-Wert ≥ 1,7 (fünf weitere Stämme wurden mit einem nicht verlässlichen Score-Wert < 1,7 als *Corynebacterium minutissimum* identifiziert).

Drei Stämme wurden falsch identifiziert als *Corynebacterium singulare* mit einem Score-Wert ≥ 1,7. Weiter wurden zwei Stämme falsch identifiziert als *Corynebacterium aurimucosum*.

Die drei Spezies *Corynebacterium minutissimum*, *Corynebacterium singulare* und *Corynebacterium aurimucosum* sind phylogenetisch sehr eng verwandt. Ein Vergleich der 16S rRNA Gen-Sequenz ergibt eine Ähnlichkeit von 99,1-99,6% zwischen *Corynebacterium minutissimum* und *Corynebacterium singulare* (Riegel et al. 1997) und eine Ähnlichkeit von 98,8% zwischen *Corynebacterium minutissimum* und *Corynebacterium aurimucosum* (Yassin et al. 2002). Eine Differenzierung dieser Spezies durch 16S rRNA Gen-Sequenzierung ist somit nicht möglich.

Eine Unterscheidung von *Corynebacterium minutissimum* und *Corynebacterium singulare* ist jedoch mit dem API Coryne Testsystem anhand der unterschiedlichen Urease-Reaktion möglich: *Corynebacterium singulare* zeigt eine positive Urease-Reaktion, dagegen zeigt *Corynebacterium minutissimum* eine negative Urease-Reaktion.

Das biochemische Profil von *Corynebacterium minutissimum* und *Corynebacterium aurimucosum* ist dagegen ähnlich, eine Unterscheidung mit dem API Coryne Testsystem ist nicht möglich. Manche Stämme der Spezies *Corynebacterium aurimucosum* entwickeln ein schwärzliches Pigment, woran man die beiden Spezies dann unterscheiden kann (Daneshvar et al. 2004). Weiter ist eine Unterscheidung aufgrund des Hippurat-Hydrolyse-Tests möglich: *Corynebacterium aurimucosum* zeigt eine positive Hippurat-Hydrolyse, *Corynebacterium minutissimum* zeigt dagegen eine negative Hippurat-Hydrolyse.

Corynebacterium mucifaciens / *Corynebacterium ureicelerivorans*:

Von 25 Stämmen der Spezies *Corynebacterium mucifaciens* der Stammsammlung wurden 18 Stämme richtig mit einem Score-Wert ≥ 1,7 mit MALDI-TOF MS identifiziert. Ein Stamm wurde falsch als *Corynebacterium ureicelerivorans* (Score-Wert ≥ 1,7) identifiziert. Die Spezies *Corynebacterium ureicelerivorans* ist eng mit der Spezies *Corynebacterium mucifaciens* verwandt. Es besteht eine Ähnlichkeit der 16S rRNA Gen-Sequenz von 98,6% (Yassin 2007), somit können die beiden Spezies nur schwer durch 16S rRNA Gen-Sequenzierung differenziert werden. Differenziert werden können die beiden Spezies zum einen anhand der Kolonieform: *Corynebacterium mucifaciens* bildet Kolonien, die von einer dicken Schleimschicht umgeben sind, dagegen bildet *Corynebacterium ureicelerivorans* lipophile Kolonien. Weiter ist die Urease-Reaktion bei der Spezies *Corynebacterium ureicelerivorans* innerhalb von wenigen Minuten stark

positiv, die Urease-Reaktion ist dagegen negativ bei der Spezies *Corynebacterium mucifaciens*.
Weiter wurde untersucht, ob eine Schleimextraktion mit Aqua dest. einen Einfluss auf das MALDI-TOF MS Testergebnis hat. Hierbei zeigte sich, dass nach der Schleimextraktion alle 25 Stämme als *Corynebacterium mucifaciens* identifiziert wurden. Der Anteil der richtigen und verlässlichen Identifizierungen mit einem Score-Wert $\geq$ 1,7 hatte sich durch die Schleimextraktion jedoch kaum verbessert (72% ohne Schleimextraktion, versus 76% nach Schleimextraktion).

Corynebacterium pseudodiphtheriticum / *Corynebacterium propinquum*:
Von 39 getesteten Stämmen der Spezies *Corynebacterium pseudodiphtheriticum* der Stammsammlung wurden 27 Stämme (entspricht 69,2%) richtig als *Corynebacterium pseudodiphtheriticum* identifiziert (Score-Wert > 2,0). 12 Stämme (entspricht 30,8%) wurden falsch mit hohen Score-Werten als *Corynebacterium propinquum* identifiziert (Score-Median: 2,405). Auch an zweiter Stelle der Trefferliste des Spektrenvergleichs der falsch identifizierten Stämme wurde die Spezies *Corynebacterium propinquum* gelistet.
Bei der Untersuchung von fünf Stämmen *Corynebacterium propinquum* der Stammsammlung wurden alle Stämme richtig und valide identifiziert. Sowohl für die zwölf falsch als *Corynebacterium propinquuum* identifizierten Stämme als auch für die fünf untersuchten Stämme der Spezies *Corynebacterium propinquum* stand an erster Stelle der Trefferliste des Spektrenvergleichs der Datenbankeintrag "*Corynebacterium propinquum* 80_D4 coll_ISB", somit kann ein Fehler der Datenbank MALDI Biotyper 2.0 ausgeschlossen werden.
Bei der Untersuchung der Routineisolate zeigte sich ein ähnliches Bild: 19 von 35 Stämmen *Corynebacterium pseudodiphtheriticum* (entspricht 54%) wurden mit MALDI-TOF MS falsch als *Corynebacterium propinquum* identifiziert. Weiter wurde einer von sechs *Corynebacterium propinquum*-Stämmen falsch als *Corynebacterium pseudodiphtheriticum* identifiziert.
Durch MALDI-TOF MS können somit die eng verwandten Spezies *Corynebacterium pseudodiphtheriticum* und *Corynebacterium propinquum* nicht differenziert werden. Beim Vergleich der 16S rRNA Gen-Sequenz dieser beiden Spezies zeigt sich eine Ähnlichkeit von 99,4% (Yassin et al. 2002), somit ist eine eindeutige Spezies-differenzierung durch 16S rRNA Gen-Sequenzierung nicht möglich.
Anhand der unterschiedlichen Urease-Aktivität ist jedoch eine biochemische Differenzierung mit dem API Coryne Testsystem möglich: *Corynebacterium*

pseudodiphtheriticum ist Urease-positiv, dagegen ist *Corynebacterium propinquum* Urease-negativ.
Beide Spezies sind Teil der Flora des Oropharynx des Menschen, können jedoch auch Infektionen des oberen und unteren Respiraktionstrakts verursachen.

Corynebacterium pseudotuberculosis / *Corynebacterium ulcerans*:
Zwei von acht getesteten *Corynebacterium pseudotuberculosis*-Stämmen der Stammsammlung wurden mit MALDI-TOF MS richtig mit einem hohen Score-Wert > 2,0 als *Corynebacterium pseudotuberculosis* identifiziert. Sechs der acht Stämme wurden falsch als *Corynebacterium ulcerans* identifiziert. In der Hitliste des Spektrenvergleichs wurde auch an zweiter Stelle bei allen falsch identifizierten Stämmen die Spezies *Corynebacterium ulcerans* mit einem hohen Score-Wert > 2,0 gelistet.
Dagegen wurden alle neun getesteten Stämme der Spezies *Corynebacterium ulcerans* richtig identifiziert. Bei der Untersuchung der Routineisolate wurden ebenfalls zwei Stämme *Corynebacterium ulcerans* richtig identifiziert.
Die Datenbank MALDI Biotyper 2.0 (Stand 15.10.2009) enthielt fünf Datenbankeinträge *Corynebacterium pseudotuberculosis* und vier Datenbankeinträge *Corynebacterium ulcerans*. Ein Fehler der Datenbank MALDI Biotyper 2.0 als Grund für die falschen Identifikationen kann ausgeschlossen werden, da sowohl die *Corynebacterium ulcerans*-Stämme als auch die falsch identifizierten *Corynebacterium pseudotuberculosis*-Stämme an erster Stelle der Hitliste mit denselben Datenbankeinträgen identifiziert wurden.
Die Spezies *Corynebacterium pseudotuberculosis* und *Corynebacterium ulcerans* sind phylogenetisch sehr eng verwandt. Bei einem Vergleich der 16S rRNA Gen-Sequenz zeigt sich eine Ähnlichkeit von 99,7% (Pascual et al. 1995). MALDI-TOF MS kann zwischen diesen eng verwandten Spezies nicht unterscheiden. Eine Differenzierung der beiden Spezies ist jedoch mit dem API Coryne Testsystem möglich: *Corynebacterium ulcerans* fermentiert Glykogen im Gegensatz zu *Corynebacterium pseudotuberculosis*. Um einen Fehler der Stammsammlung auszuschließen wurde der falsch identifizierte *Corynebacterium pseudotuberculosis*-Stamm G494 mit API Coryne getestet und es zeigte sich ein nummerischer Code (0111324) entsprechend dem Profil der Spezies *Corynebacterium pseudotuberculosis*.

Corynebacterium striatum / *Corynebacterium simulans*:

39 von 46 getesteten Stämmen der Spezies *Corynebacterium striatum* der Stammsammlung wurden richtig mit einem Score > 2,0 als *Corynebacterium striatum* identifiziert. Sieben Stämme wurden falsch als *Corynebacterium simulans* identifiziert. Ein Fehler der Datenbank MALDI Biotyper 2.0 kann ausgeschlossen werden, da sowohl zur Identifizierung des *Corynebacterium simulans*-Stamms 3576 als auch zur falschen Identifizierung der sieben *Corynebacterium striatum*-Stämme derselbe Datenbankeintrag "*Corynebacterium simulans* DSM 44415_DSM" an erster Stelle der Trefferliste des Spektrenvergleichs genannt wurde.

Bei der Untersuchung der Routineisolate zeigte sich ein vergleichbares Ergebnis:

Von 112 Stämmen der Spezies *Corynebacterium striatum* wurden zwei Stämme falsch als *Corynebacterium simulans* identifiziert. Weiter wurden von elf Stämmen der Spezies *Corynebacterium simulans* acht Stämme falsch als *Corynebacterium striatum* identifiziert. MALDI-TOF MS kann somit nicht zwischen diesen engverwandten Spezies unterscheiden. Bei einem Vergleich der 16S rRNA Gen-Sequenz der beiden Spezies zeigt sich eine Ähnlichkeit von 98,0% (Wattiau et al. 2000).

Im API Coryne Testsystem kann *Corynebacterium simulans* durch eine initial negative Nitrat-Reduktion von *Corynebacterium striatum* unterschieden werden. Bedingt durch die starke Nitrit-Reduktase-Aktivität bei *Corynebacterium simulans* zeigt sich erst nach Zink-Zugabe eine positive Nitrit-Reduktion als Gasbildung und Pinkfärbung des Testfeldes.

Corynebacterium tuberculostearicum / *Corynebacterium accolens* / *Corynebacterium macginleyi* / *Corynebacterium simulans* / *Corynebacterium ureicelerivorans*

20 von 36 getesteten Stämmen der Spezies *Corynebacterium tuberculostearicum* der Stammsammlung wurden richtig als *Corynebacterium tuberculostearicum* identifiziert mit einem Score-Wert $\geq$ 1,7. Sechs weitere Stämme wurden mit einem niedrigen Score-Wert < 1,7 richtig identifiziert. Dies zeigt, dass die Datenbank durch weitere Datenbankeinträge der Spezies *Corynebacterium tuberculostearicum* ergänzt werden sollte.

Drei der untersuchten Stämme der Stammsammlung wurden falsch identifiziert als *Corynebacterium accolens*, ein weiterer Stamm wurde falsch identifiziert als *Corynebacterium macginleyi*. Ein Datenbankfehler kann ausgeschlossen werden, da dieselben Datenbankeinträge sowohl zur Identifizierung von *Corynebacterium accolens*- als auch von *Corynebacterium macginleyi*-Stämmen an erster Stelle gelistet wurden.

Bei der Untersuchung der Routineisolate wurden von elf Stämmen *Corynebacterium tuberculostearicum* sieben Stämme mit einem Score-Wert ≥ 1,7 falsch als *Corynebacterium accolens* identifiziert.
Beim Vergleich der 16S rRNA Gen-Sequenz der Spezies *Corynebacterium tuberculostearicum*, *Corynebacterium accolens* und *Corynebacterium macginleyi* zeigt sich eine Ähnlichkeit von 98,3% zwischen *Corynebacterium tuberculostearicum* und *Corynebacterium accolens* und eine Ähnlichkeit von 97,1% zwischen *Corynebacterium tuberculostearicum* und *Corynebacterium macginleyi* (Riegel et al. 1995). Somit kann MALDI-TOF MS zwischen diesen nah verwandten Spezies nicht unterscheiden.
Mit dem API Coryne Testsystem ist eine Unterscheidung dieser drei lipophilen Corynebakterien möglich anhand der alkalischen Phosphatase-Reaktion und der Pyrazinamidase-Reaktion (siehe Tabelle 11). Um einen Fehler der Stammsammlung auszuschließen, wurden die falsch identifizierten Stämme mit API Coryne getestet. Es ergaben sich nummerische Codes entsprechend dem Profil der Spezies *Corynebacterium tuberculostearicum* (nummerischer Code Stamm 3494 (falsch identifiziert als *Corynebacterium macginleyi*): 3100305; nummerischer Code Stamm 1481 (falsch identifiziert als *Corynebacterium accolens*): 7100305).
Zwei Stämme *Corynebacterium tuberculostearicum* der Stammsammlung wurden mit einem Score-Wert > 2,0 falsch als *Corynebacterium simulans* identifiziert (Score-Spanne: 2,093-2,145). Ein Datenbankfehler kann ausgeschlossen werden, da der *Corynebacterium simulans*-Stamm 3576 mit demselben Datenbankeintrag an erster Stelle richtig identifiziert wurde. Eine Unterscheidung mit 16S rRNA Gen-Sequenzierung ist möglich, da nur eine Ähnlichkeit von 95,5% zwischen *Corynebacterium tuberculostearicum* und *Corynebacterium simulans* vorliegt (Wattiau et al. 2000). Weiter ist eine Unterscheidung makroskopisch möglich: *Corynebacterium tuberculostearicum* gehört zu den lipophilen Corynebakterien, dagegen gehört *Corynebacterium simulans* nicht zu den lipophilen Corynebakterien. Die Fehlidentifizierung durch MALDI-TOF MS ist jedoch nicht plausibel zu erklären. Beide als *Corynebacterium simulans* identifizierte Stämme zeigten lipophile Kolonien. Eine Möglichkeit wäre das Vorliegen einer lipophilen Subspezies von *Corynebacterium striatum* und Fehlidentifikation als *Corynebacterium simulans* (API Coryne nummerischer Code Stamm 2389: 3100105).
Ein Stamm wurde mit MALDI-TOF MS falsch als *Corynebacterium ureicelerivorans* mit einem Score-Wert 1,923 identifiziert. Im API Coryne Test war die Urease-Reaktion negativ, somit liegt kein *Corynebacterium ureicelerivorans*-Stamm vor.

Corynebacterium sp.

Bei der Untersuchung der Routineisolate wurden drei Stämme der Gattung *Corynebacterium* durch partielle 16S rRNA Gen-Sequenzierung identifiziert. Die drei Stämme konnten keiner bisher beschriebenen Spezies zugeordnet werden, sodass wahrscheinlich Vertreter von neuen Bakterienspezies vorliegen. Diese drei Stämme konnten durch MALDI-TOF MS nicht als coryneforme Bakterien identifiziert werden. Mit dem API Coryne Testsystem erfolgte dagegen bei zwei der drei Stämme eine richtige Gattungsidentifikation.

Genus *Dermabacter*:

Die Spezies *Dermabacter hominis* wird durch MALDI-TOF MS richtig und verlässlich identifiziert. Bei der Untersuchung der Routineisolate war die Spezies *Dermabacter hominis* mit 8,6% der Isolate die am vierthäufigsten isolierte coryneforme Bakterienspezies. *Dermabacter hominis* ist derzeit die einzige Spezies der Gattung *Dermabacter*.

Genus *Exiguobacterium*:

Ein Stamm der Spezies *Exiguobacterium acetylicum* wurde mit MALDI-TOF MS untersucht. Zum Zeitpunkt der Untersuchung befand sich kein Datenbankeintrag dieser Spezies in der Datenbank MALDI Biotyper 2.0 (Stand 15.10.2009). Somit konnte der Stamm nicht identifiziert werden. An erster Stelle der Trefferliste im Spektrenvergleich wurde eine coryneforme Bakterienspezies gelistet (*Arthrobacter creatinolyticus*, Score-Wert < 1,7).

Genus *Microbacterium*:

Microbacterium oxydans / *Microbacterium liquefaciens* / *Microbacterium maritypicum*

Von acht Stämmen der Spezies *Microbacterium oxydans* der Stammsammlung wurden drei Stämme richtig mit einem Score-Wert > 2,0 durch MALDI-TOF MS identifiziert.
Vier Stämme wurden falsch identifiziert als *Microbacterium maritypicum*, ein weiterer Stamm wurde falsch identifiziert als *Microbacterium liquefaciens*.
Beim Vergleich der 16S rRNA Gen-Sequenz zeigt sich eine Ähnlichkeit von 99,66% zwischen *Microbacterium oxydans* und *Microbacterium liquefaciens* und eine Ähnlichkeit von 96,8% zwischen *Microbacterium oxydans* und *Microbacterium maritypicum* (Gneiding et al. 2008). MALDI-TOF MS kann somit zwischen diesen eng verwandten Spezies nicht unterscheiden. *Microbacterium liquefaciens* und *Microbacterium maritypicum* wurden bisher nicht beim Menschen isoliert.

Dagegen sind *Microbacterium oxydans* und *Microbacterium paraoxydans* die beim Menschen am häufigsten isolierten *Microbacterium*-Spezies (Gneiding et al. 2008).
Bei der Untersuchung von sieben Stämmen *Microbacterium paraoxydans* der Stammsammlung wurden alle sieben Stämme richtig mit einem hohen Score-Wert > 2,0 mit dem Datenbankeintrag „*Microbacterium* sp. DSM 15461 DSM“ identifiziert. Dieser Datenbankeintrag steht tatsächlich für einen *Microbacterium paraoxydans*-Stamm (Buczolitis et al. 2008).
Bei der Untersuchung der Routineisolate wurden fünf Stämme der Gattung *Microbacterium* identifiziert. Ein Stamm konnte durch partielle 16S rRNA Gen-Sequenzierung auf Speziesebene als *Microbacterium testaceum* identifiziert werden. Durch MALDI-TOF MS wurde der Stamm jedoch falsch als *Arthrobacter castelli* mit einem Score-Wert > 2,0 identifiziert, obwohl die Datenbank MALDI Biotyper 2.0 (Stand 15.10.2009) drei Datenbankeinträge der Spezies *Microbacterium testaceum* zum Untersuchungszeitpunkt enthielt. Zwei weitere Stämme konnten mittels partieller 16S rRNA Gen-Sequenzierung nur auf Gattungsebene identifiziert werden. Von diesen wurde erneut ein Stamm mit einem hohen Score-Wert als *Arthrobacter castelli* durch MALDI-TOF MS falsch identifiziert. Ein weiterer Stamm wurde als *Microbacterium maritypicum* mit einem hohen Score-Wert identifiziert. Am ehesten liegt hier eine falsche Identifikation von *Microbacterium oxydans* vor. Zwei weitere Stämme wurden durch MALDI-TOF MS als *Microbacterium phyllosphaerae* und als *Microbacterium hydrocarbonoxydans* identifiziert. Die Isolierung dieser Spezies aus menschlichem Untersuchungsmaterial wurde bereits von Gneiding et al. 2008 beschrieben.

Genus *Pseudoclavibacter* (spätere Bezeichnung *Zimmermannella*):

Unter den Routineisolaten wurde ein Stamm der Gattung *Pseudoclavibacter* / *Zimmermannella* durch partielle 16S rRNA Gen-Sequenzierung identifiziert. Der Stamm konnte keiner bisher beschriebenen Spezies zugeordnet werden. Sowohl in der Datenbank MALDI Biotyper 2.0 (Stand 15.10.2009) als auch in der API Coryne Datenbank ist die Gattung *Pseudoclavibacter* / *Zimmermannella* nicht enthalten. Der Stamm wurde aus einem Wundabstrich isoliert und ergab im API Coryne Testsystem den nummerischen Code 6100304. Dies ist der fünfte beschriebene *Pseudoclavibacter* / *Zimmermannella*-Stamm, der aus menschlichem Untersuchungsmaterial isoliert wurde (Lin et al. 2004, Citron et al. 2007, Mages et al. 2008). Bisher wurden aus menschlichem Untersuchungsmaterial die Spezies *Zimmermannella alba* und *Zimmermannella bifida* isoliert.

Genus *Rothia*:

17 der insgesamt 19 getesteten Stämme der Spezies *Rothia dentocariosa* der Stammsammlung wurden mit einem Score-Wert ≥ 1,7 richtig durch MALDI-TOF MS identifiziert. Zwei Stämme wurden nicht identifiziert. *Rothia dentocariosa* gehört zur Normalflora des Pharynx. Eine verlässliche Diagnostik von *Rothia dentocariosa* ist wichtig, da diese Spezies u. a. als Sepsis- und Endocarditiserreger nachgewiesen werden kann. Die Datenbank MALDI Biotyper 2.0 sollte durch weitere Datenbankeinträge der Spezies *Rothia dentocariosa* erweitert werden, z. B. durch die beiden in dieser Studie nicht erkannten Stämme.
Bei der Untersuchung der Routineisolate wurden mit MALDI-TOF MS zwei Stämme *Rothia dentocariosa* aus positiven Blutkulturen richtig identifiziert.

Genus *Tsukamurella*:

Unter den Routineisolaten wurde ein Stamm der Gattung *Tsukamurella* durch partielle 16S rRNA Gen-Sequenzierung auf Gattungsebene identifiziert. Durch MALDI-TOF MS wurde der Stamm falsch als *Arthrobacter castelli* mit einem hohen Score-Wert > 2,0 identifiziert. Ein Fehler der Datenbank ist unwahrscheinlich, da sowohl der *Tsukamurella*-Stamm als auch zwei *Microbacterium*-Stämme mit demselben Datenbankeintrag als *Arthrobacter castelli* identifiziert wurden.

Genus *Turicella*:

Alle 45 Stämme der Stammsammlung der Spezies *Turicella otitidis* wurden richtig mit einem Score-Wert ≥ 1,7 durch MALDI-TOF MS identifiziert.

Nachfolgend werden in Tabelle 11 alle in dieser Arbeit gefundenen falschen Speziesidentifikationen durch MALDI-TOF MS aufgeführt. Falsche Speziesidentifikationen mit MALDI-TOF MS traten zum größten Teil zwischen Spezies auf, die eine große Homologie der 16S rRNA Gen-Sequenzen aufweisen. Die Unterschiede im rRNA-Gen scheinen in engem Zusammenhang mit den Unterschieden der ribosomalen Proteine auf Speziesebene zu stehen, welche im Bereich zwischen 2000 bis 20000 Da durch MALDI-TOF MS bei der Untersuchung von Bakterien hauptsächlich detektiert werden. Als Ursache wird die Koevolution der ribosomalen Proteine und der ribosomalen RNA vermutet (Dubois et al. 2010).

Tabelle 11:

Auflistung der falschen Speziesidentifikationen durch MALDI-TOF MS

untersuchte Spezies	**falsche Identifikation einzelner Stämme**	**Kommentar / Differenzierungsmöglichkeit der falsch identifizierten Spezies**
Actinomyces graevenitzii	*Actinomyces sp.* G4892 IBS	Fehlidentifikation wahrscheinlich aufgrund eines ungenauen Datenbankeintrags in der MALDI Biotyper 2.0 Datenbank: Der Datenbankeintrag "*Actinomyces* sp. G4892 IBS" steht wahrscheinlich für einen Stamm der Spezies *Actinomyces graevenitzii.*
Actinomyces neuii subsp. *anitratus*	*Actinomyces neuii* 50_90 IBS	Fehlidentifikation aufgrund eines ungenauen Datenbankeintrags in der MALDI Biotyper 2.0 Datenbank: Der Datenbankeintrag "*Actinomyces neuii* 50_90 IBS" steht für den Typenstamm der Subspezies *Actinomyces neuii* subsp. *anitratus* (Funke et al. 1994).
Arthrobacter oxydans	*Arthrobacter scleromae* *Arthrobacter polychromogenes*	Fehlidentifikation aufgrund der phylogenetischen Ähnlichkeit der Spezies: 99,4% Ähnlichkeit der 16S rRNA Gen-Sequenz - *Arthrobacter oxydans* / *Arthrobacter scleromae*; 99,3% Ähnlichkeit der 16S rRNA Gen-Sequenz - *Arthrobacter oxydans* / *Arthrobacter polychromogenes*. Speziesdifferenzierung über API Coryne - nummerischer Code: *Arthrobacter oxydans* 3750004 (Wauters et al. 2000); *Arthrobacter scleromae* 1042014 (Huang et al. 2005); *Arthrobacter oxydans*: Kolonien creme-grau; *Arthrobacter polychromogenes*: Kolonien blau/grün (Huang et al. 2005), *Arthrobacter polychromogenes* wurde bisher nicht beim Menschen beschrieben.
Brevibacterium casei	*Brevibacterium celere*	Fehlidentifikation aufgrund der phylogenetischen Ähnlichkeit der Spezies: 97% Ähnlichkeit der 16S rRNA Gen-Sequenz - *Brevibacterium casei* / *Brevibacterium celere.* Speziesdifferenzierung: *Brevibacterium casei*: grau-weiße Kolonien, kein Wachstum bei 12°C, negative Oxidase-Reaktion; *Brevibacterium celere*: weiß-gelbe Kolonien, Wachstum bei 12°C, positive Oxidase Reaktion (Ivanova et al. 2004).
Corynebacterium afermentans subsp. *lipophilum*	*Corynebacterium afermentans* subsp. *afermentans*	Fehlidentifikation aufgrund der phylogenetischen Ähnlichkeit der Spezies: 99,8% Ähnlichkeit der 16S rRNA Gen-Sequenz - *C. afermentans* subsp. *afermentans* / *C. afermentans* subsp. *lipophilum* Speziesdifferenzierung aufgrund der Morphologie der Kolonien: *Corynebacterium afermentans* subsp. *lipophilum*: farblose, lipophile Kolonien *Corynebacterium afermentans* subsp. *afermentans*: weiß-glänzende, große Kolonien

Fortsetzung Tabelle 11:

untersuchte Spezies	**falsche Speziesidentifikation einzelner Stämme**	**Kommentar / Differenzierungsmöglichkeit der falsch identifizierten Spezies**
Corynebacterium auris	*Turicella otiditis*	Fehlidentifikation wahrscheinlich aufgrund eines falschen Datenbankeintrags in der MALDI Biotyper 2.0 Datenbank: Der Datenbankeintrag "*Turicella otitidis* 121_x_B9341_72_IBS" steht wahrscheinlich für einen *Corynebacterium auris*-Stamm. Speziesdifferenzierung: *Corynebacterium auris*: im Grampräparat kurze grampositive Stäbchen; *Turicella otitidis*: im Grampräparat lange grampositive Stäbchen.
Corynebacterium amycolatum	*Corynebacterium striatum*	Fehlidentifikation: Grund unklar. Im 3. Teil dieser Arbeit "Vergleich der Speziesidentifikation mit MALDI-TOF MS und dem API Coryne Testsystem" wurde Stamm 13 mit einem hohen Score-Wert ≥1,7 an den ersten 6 Stellen der Trefferliste im Spektrenvergleich falsch als *Corynebacterium striatum* identifiziert. Speziesdifferenzierung: Eine Differenzierung von *Corynebacterium amycolatum* und *Corynebacterium striatum* ist im API Coryne Testsystem nicht möglich. Die Differenzierung dieser beiden Spezies erfolgt anhand der Morphologie der Bakterienkolonien: *Corynebacterium amycolatum*: matt-weiße Kolonien mit gekerbtem Rand; *Corynebacterium striatum*: creme-weiß glänzende Kolonien mit glattem Rand. Stamm 13 zeigte matt-weiße Kolonien und wurde deshalb als *Corynebacterium amycolatum* identifiziert.
Corynebacterium CDC group F-1	*Corynebacterium mastitidis*	Fehlidentifikation: Grund unklar. Speziesdifferenzierung (z.B. mit API Coryne): *Corynebacterium* CDC group F-1: Nitrat-Reduktion positiv; Fermentation von Glucose, Maltose und Saccharose; *Corynebacterium mastitidis*: Nitrat-Reduktion negativ; nicht fermentierend (Fernandez-Garayzabal et al. 1997); *Corynebacterium mastitidis* wurde bisher nicht aus menschlichem Untersuchungsmaterial isoliert.
Corynebacterium coyleae	*Corynebacterium afermentans* subsp. *afermentans*	Fehlidentifikation aufgrund der phylogenetischen Ähnlichkeit der Spezies: 98,2% Ähnlichkeit der 16S rRNA Gen-Sequenz - *Corynebacterium coyleae* / *Corynebacterium afermentans* subsp. *afermentans* (Funke et al. 1997). Speziesdifferenzierung (z.B. mit API Coryne): *Corynebacterium coyleae*: nach längerer Bebrütung über 48 h positive Fermentation von Glucose und Ribose; *Corynebacterium afermentans* subsp. *afermentans*: keine Fermentation.

Fortsetzung Tabelle 11:

untersuchte Spezies	**falsche Speziesidentifikation einzelner Stämme**	**Kommentar / Differenzierungsmöglichkeit der falsch identifizierten Spezies**
Corynebacterium falsenii	*Corynebacterium lipophiloflavum*	Fehlidentifikation: Grund unklar. Speziesdifferenzierung (z.B. mit API Coryne): *Corynebacterium falsenii*: Fermentation von Glucose; große gelbliche Kolonien (Sjödén et al. 1998); *Corynebacterium lipophiloflavum*: keine Fermentation; sehr kleine, lipophile, gelbe Kolonien (Funke et al. 1997a); Bei den falsch identifizierten Stämmen lagen kleine tief-gelbe Kolonien vor mit positiver Glucose-Fermentation.
Corynebacterium jeikeium	*Corynebacterium tuberculostearicum*	Fehlidentifikation: Grund unklar. Speziesdifferenzierung (z.B. mit API Coryne): *Corynebacterium jeikeium*: keine Fermentation von Saccharose; *Corynebacterium tuberculostearicum*: Fermentation von Saccharose.
Corynebacterium macginleyi	*Corynebacterium accolens*	Fehlidentifikation aufgrund der phylogenetischen Ähnlichkeit der Spezies: 98,7% Ähnlichkeit der 16S rRNA Gen-Sequenz - *Corynebacterium macginleyi* / *Corynebacterium accolens* (Riegel et al. 1995). Speziesdifferenzierung (z.B. mit API Coryne): *Corynebacterium macginleyi*: alkalische Phosphatase-Reaktion positiv; *Corynebacterium accolens*: alkalische Phosphatase-Reaktion negativ;
Corynebacterium minutissimum	*Corynebacterium singulare* *Corynebacterium aurimucosum* *Corynebacterium flavescens*	Fehlidentifikation *Corynebacterium singulare*, *Corynebacterium aurimucosum*: aufgrund der phylogenetischen Ähnlichkeit der Spezies: 99,1-99,6% Ähnlichkeit der 16S rRNA Gen-Sequenz - *Corynebacterium minutissimum* / *Corynebacterium singulare* (Riegel et al. 1997); 98,8% Ähnlichkeit der 16S rRNA Gen-Sequenz - *Corynebacterium minutissimum* / *Corynebacterium aurimucosum* (Yassin et al. 2002). Fehlidentifikation *Corynebacterium flavescens*: Grund unklar Speziesdifferenzierung (z.B. mit API Coryne und anhand der Morphologie der Kolonien): *Corynebacterium minutissimum*: Urease-Reaktion negativ; *Corynebacterium singulare*: Urease-Reaktion positiv; Kolonien creme-glänzend *Corynebacterium aurimucosum*: Urease-Reaktion negativ; manche Stämme entwickeln ein schwärzliches Pigment; Eine einfache Unterscheidung von *Corynebacterium minutissimum* und *Corynebacterium aurimucosum* ist häufig nicht möglich. Derzeit ist eine Unterscheidung nur aufgrund des Hippurat-Hydrolyse-Tests möglich: *Corynebacterium aurimucosum*: positive Hippurat-Hydrolyse; *Corynebacterium minutissimum*: negative Hippurat-Hydrolyse. *Corynebacterium flavescens* wurde bisher noch nicht beim Menschen beschrieben, Kolonien leicht gelb.

Fortsetzung Tabelle 11:

untersuchte Spezies	**falsche Speziesidentifikation einzelner Stämme**	**Kommentar / Differenzierungsmöglichkeit der falsch identifizierten Spezies**
Corynebacterium mucifaciens	*Corynebacterium ureicelerivorans*	Fehlidentifikation aufgrund der phylogenetischen Ähnlichkeit der Spezies: 98,6% Ähnlichkeit der 16S rRNA Gen-Sequenz - *Corynebacterium mucifaciens* / *Corynebacterium ureicelerivorans* (Yassin 2007). Speziesdifferenzierung (z. B. mit API Coryne): *Corynebacterium mucifaciens*: Urease-Test negativ; große schleimbildende Kolonien; *Corynebacterium ureicelerivorans*: Urease-Test positiv; lipophiles Bakterium, kleine Kolonien.
Corynebacterium propinquum	*Corynebacterium pseudodiphtheriticum*	Fehlidentifikation aufgrund der phylogenetischen Ähnlichkeit der Spezies: 99,4% Ähnlichkeit der 16S rRNA Gen-Sequenz - *Corynebacterium propinquum* / *Corynebacterium pseudodiphtheriticum* (Yassin et al. 2002). Speziesdifferenzierung (z. B. mit API Coryne): *Corynebacterium propinquum*: Urease-Test negativ; *Corynebacterium pseudodiphtheriticum*: Urease-Test positiv.
Corynebacterium pseudodiphtheriticum	*Corynebacterium propinquum*	siehe Kommentar *Corynebacterium propinquum*.
Corynebacterium pseudotuberculosis	*Corynebacterium ulcerans*	Fehlidentifikation aufgrund der phylogenetischen Ähnlichkeit der Spezies: 99,7% Ähnlichkeit der 16S rRNA Gen-Sequenz - *Corynebacterium pseudotuberculosis* / *Corynebacterium ulcerans* (Pascual et al. 1995). Speziesdifferenzierung (z. B. mit API Coryne): *Corynebacterium pseudotuberculosis*: keine Fermentation von Glykogen; *Corynebacterium ulcerans*: Fermentation von Glykogen positiv.
Corynebacterium simulans	*Corynebacterium striatum*	Fehlidentifikation aufgrund der phylogenetischen Ähnlichkeit der Spezies: 98% Ähnlichkeit der 16S rRNA Gen-Sequenz - *Corynebacterium simulans* / *Corynebacterium striatum* (Wattiau et al. 2000). Speziesdifferenzierung (z. B. mit API Coryne): *Corynebacterium striatum*: Nitrat-Reduktion positiv; *Corynebacterium simulans*: Nitrat-Reduktion initial negativ, positive Nitrit-Reduktion nach Zinkzugabe.
Corynebacterium striatum	*Corynebacterium simulans*	siehe Kommentar *Corynebacterium simulans*.

Fortsetzung Tabelle 11:

untersuchte Spezies	**falsche Speziesidentifikation einzelner Stämme**	**Kommentar / Differenzierungsmöglichkeit der falsch identifizierten Spezies**
Corynebacterium tuberculostearicum	*Corynebacterium accolens* *Corynebacterium macginleyi* *Corynebacterium simulans* *Corynebacterium ureicelerivorans*	Fehlidentifikation *Corynebacterium tuberculostearicum* / *Corynebacterium accolens* / *Corynebacterium macginleyi*: aufgrund der phylogenetischen Ähnlichkeit der Spezies: 98,3% Ähnlichkeit der 16S rRNA Gen-Sequenz - *Corynebacterium tuberculostearicum* / *Corynebacterium accolens;* 97,1% Ähnlichkeit der 16S rRNA Gen-Sequenz - *Corynebacterium tuberculostearicum* / *Corynebacterium macginleyi* (Riegel et al. 1995). Fehlidentifikation *Corynebacterium simulans* / *Corynebacterium ureicelerivorans*: Grund unklar. Speziesdifferenzierung (z. B. mit API Coryne): *Corynebacterium tuberculostearicum*: alkalische Phosphatase-Reaktion positiv, Pyrazinamidase-Reaktion positiv, Urease-Test negativ, Kolonien lipophil; *Corynebacterium accolens*: Pyrazinamidase-Reaktion variabel, alkalische Phosphatase-Reaktion negativ, Urease-Test negativ, Kolonien lipophil; *Corynebacterium macginleyi*: alkalische Phosphatase-Reaktion positiv, Pyrazinamidase-Reaktion negativ, Urease-Test negativ, Kolonien lipophil; *C. ureicelerivorans*: alkalische Phosphatase-Reaktion positiv, Pyrazinamidase-Reaktion positiv, Urease-Test positiv, Kolonien lipophil (Yassin 2007); *Corynebacterium simulans*: creme-weiß-glänzende Kolonien, nicht lipophil.
Microbacterium oxydans	*Microbacterium maritypicum* *Microbacterium liquefaciens*	Fehlidentifikation aufgrund der phylogenetischen Ähnlichkeit der Spezies: 99,7% Ähnlichkeit der 16S rRNA Gen-Sequenz - *Microbacterium oxydans* / *Microbacterium liquefaciens*; 96,8% Ähnlichkeit der 16S rRNA Gen-Sequenz - *Microbacterium oxydans* / *Microbacterium maritypicum* (Gneiding et al. 2008). Speziesdifferenzierung: (Behrendt et al. 2001) *Microbacterium oxydans*: Beweglichkeit positiv, Schwefelwasserstoff-Produktion positiv, Glucose-Fermentation positiv. *Microbacterium oxydans* ist neben *Microbacterium paraoxydans* die beim Menschen am häufigsten isolierte *Microbacterium* Spezies. *Microbacterium maritypicum*: Beweglichkeit positiv, Schwefelwasserstoff-Produktion negativ, Glucose-Fermentation positiv. *Microbacterium maritypicum* wurde bisher nicht beim Menschen beschrieben. *Microbacterium liquefaciens*: Beweglichkeit negativ, Schwefelwasserstoff-Produktion positiv, Glucose-Fermentation negativ. *Microbacterium liquefaciens* wurde bisher nicht beim Menschen beschrieben.

Fortsetzung Tabelle 11:

untersuchte Spezies	**falsche Speziesidentifikation einzelner Stämme**	**Kommentar / Differenzierungsmöglichkeit der falsch identifizierten Spezies**
Microbacterium paraoxydans	*Microbacterium* sp. DSM 15461	Fehlidentifikation aufgrund eines ungenauen Datenbankeintrags in der MALDI Biotyper 2.0 Datenbank: Der Datenbankeintrag „*Microbacterium* sp. DSM 15461 DSM“ steht für einen *Microbacterium paraoxydans*-Stamm (Buczolitis et al. 2008).
Microbacterium sp.	*Arthrobacter castelli*	Fehlidentifikation: Grund unklar. Speziesdifferenzierung (z. B. mit API Coryne): *Microbacterium* sp.: gelbe Kolonien, fermentierend für diverse Zucker; *Arthrobacter castelli* : kleine, gelbliche Kolonien; Keim bisher nicht beim Menschen beschrieben; nicht fermentierend; API Coryne nummerischer Code: 2711004; (Heyrman et al. 2005).
Tsukamurella sp.	*Arthrobacter castelli*	Fehlidentifikation: Grund unklar. Speziesdifferenzierung (anhand der Morphologie der Kolonien): *Tsukamurella* sp.: trockene, spreitende Kolonien; *Arthrobacter castelli*: kleine, gelbliche Kolonien; Keim bisher nicht beim Menschen beschrieben; API Coryne nummerischer Code: 2711004; (Heyrman et al. 2005).

Im Review von Bizzini und Greub 2010 beschreiben die Autoren bei Anwendung von MALDI-TOF MS in der mikobiologischen Routinediagnostik von Bakterien eine korrekte Speziesdiagnostik von 84,1-93,6% (Score > 2,0). Da in den bisher veröffentlichten Studien die aus unserer Sicht unplausiblen Empfehlungen der Firma Bruker Daltonik bezüglich der Score-Wertung zur Spezies-/Gattungsidentifikation angewandt wurden, sind die angegebenen Prozentzahlen mit der vorliegenden Studie nicht direkt vergleichbar.

2010 veröffentlichten Konrad et al. die erste Studie zur Speziesidentifikation coryneformer Bakterien mit MALDI-TOF MS. In dieser Studie wurden 116 coryneforme Bakterienstämme (18 Spezies) mit MALDI-TOF MS (MALDI Biotyper 2.0, Bruker Daltonik) im Vergleich zu API Coryne untersucht. Die Bakterienstämme waren während der letzten 10 Jahre aus klinischem Untersuchungsmaterial isoliert worden und mit partieller *rpoB* Gen-Sequenzierung identifiziert worden. Es zeigte sich in dieser Studie eine korrekte Speziesidentifikation mit MALDI-TOF MS von 99,1% (Score-Wert > 2,0) bzw. von 100% (Score-Wert $\geq$ 1,7). Es erfolgte keine falsche Speziesidentifikation.
Das Ergebnis der Studie von Konrad et al. 2010 spiegelt nicht das Ergebnis der vorliegenden Arbeit in Bezug auf die beobachteten ca. 8% falschen Speziesidentifikationen durch MALDI-TOF MS bei der Untersuchung coryneformer Bakterien wieder. Erklärt werden kann dies mit der zu kleinen Anzahl untersuchter Bakterienstämme in der Studie von Konrad et al. 2010. In dieser Studie entfielen 78 der 116 getesteten Stämme auf die Spezies *Corynebacterium diphtheriae* und weitere acht Stämme auf die Spezies *Corynebacterium ulcerans*. Diese Spezies wurden auch in der vorliegenden Arbeit zu 100% mit einem Score-Wert > 2,0 richtig identifiziert. Die restlichen 30 Stämme verteilten sich auf 16 weitere Spezies, sodass keine repräsentative Anzahl an Stämmen pro Spezies untersucht wurde. Hiervon wurden fünf *Corynebacterium pseudodiphtheriticum*-Stämme sowohl mit MALDI-TOF MS als auch mit API Coryne richtig identifiziert. In der vorliegenden Arbeit zeigten sich dagegen bei der Untersuchung von 39 (Stammsammlung) bzw. 51 (Routine) *Corynebacterium pseudodiphtheriticum*-Stämmen 30,8 bzw. 54,0% falsche Speziesidentifikationen als *Corynebacterium propinquum*. Weiter wurden in der Arbeit von Konrad et al. 2010 vier *Corynebacterium pseudotuberculosis*-Stämme korrekt mit MALDI-TOF MS und API Coryne identifiziert. In der vorliegenden Studie wurden dagegen 75% von acht getesteten *Corynebacterium pseudotuberculosis*-Stämmen durch MALDI-TOF MS falsch als *Corynebacterium ulcerans* identifiziert.
Eine weitere mögliche Ursache für die fehlenden falschen Speziesidentifikationen könnte auch die Anwendung des Proteinextraktionsprotokolls (Ethanol-Amseisensäure-Extraktion,

Bruker Daltonik) in der Studie von Konrad et al. 2010 sein. Demgegenüber erfolgte eine direkte Bakterienschmierpräparation in der vorliegenden Studie. Da die Datenbankeinträge der Datenbank MALDI Biotyper 2.0 nach Anwendung der Proteinextraktion erfolgten, könnte theoretisch bei Anwendung der direkten Bakterienschmierpräparation eine schlechtere Übereinstimmung des erhaltenen Spektrums mit dem Datenbankspektrum resultieren und so möglicherweise nahverwandte Bakterien eher verwechselt werden. In den bisher publizierten Studien, in denen sowohl die direkte Schmierpräparation als auch die Proteinextraktion angewandt wurden, wurden bisher nur Verbesserungen des Score-Wertes, jedoch kein Einfluß der vorgeschalteten Proteinextraktion auf falsche Speziesidentifikationen durch MALDI-TOF MS beschrieben. Somit erscheint uns die Anwendung der direkten Schmierpräparation als Ursache der in der vorliegenden Arbeit beschriebenen falschen Speziesidentifikationen bei der Untersuchung nahverwandter coryneformer Bakterien mit MALDI-TOF MS als unwahrscheinlich.

Auch bei der Untersuchung anderer Bakteriengruppen wurden falsche Speziesidentifikationen in der Literatur beschrieben. Regelmäßig wurde in aktuellen Studien z. B. die klinisch relevante, falsche Speziesidentifikation durch MALDI-TOF MS von Vertretern der *Streptococcus mitis/oralis*-Gruppe (Kommensale des Menschen) als *Streptococcus pneumoniae* (pathogenes Bakterium) vorgefunden. Die 16S rRNA Gen-Sequenz dieser Spezies ist zu > 99% identisch (Alatoom et al. 2011, Bizzini und Greub 2010), sodass MALDI-TOF MS zwischen diesen engverwandten Spezies nicht differenzieren kann. Saleeb et al. 2011 berichten, dass die Differenzierung einiger eng verwandter Mykobakterien-Spezies durch MALDI-TOF MS nicht möglich ist.
Verschiedene Studien bestätigten unsere Beobachtung (hier gezeigt am Beispiel der Spezies *Arthrobacter oxydans*), dass durch MALDI-TOF MS die Stämme einiger Spezies bei Wiederholungsmessungen mit einem Score-Wert > 2,0 nicht einheitlich identifiziert werden (Bizzini et al. 2010, van Veen et al. 2010).
Insgesamt zeigt die neuere Literatur, dass mit MALDI-TOF MS zwischen einigen nahverwandten Spezies nicht immer unterschieden werden kann.
Einige Autoren forderten eine mindestens 10%ige Differenz zwischen den Score-Werten der ersten beiden identifizierten Spezies der Trefferliste für eine verlässliche Speziesidentifikation mit MALDI-TOF MS (Saffert et al. 2011). In der vorliegenden Studie zeigte sich jedoch bei der Identifizierung verschiedener engverwandter Spezies, dass sowohl große als auch geringe Score-Wert-Unterschiede zwischen der falsch identifizierten Spezies und der tatsächlich vorliegenden Spezies möglich sind. Bei der Untersuchung der

Spezies *Corynebacterium pseudodiphtheriticum* der Stammsammlung wurde z. B. Stamm 93 mit dem Score-Wert 2,363 falsch als *Corynebacterium propinquum* identifiziert. Erst an 4. Stelle der Hitliste des Spektrenvergleichs wurde die vorliegende Spezies *Corynebacterium pseudodiphtheriticum* mit dem Score-Wert 1,421 gelistet (Score-Wert-Differenz > 10%). Dagegen wurde der *Corynebacterium pseudodiphtheriticum*-Stamm 471 mit dem Score-Wert 2,137 falsch als *Corynebacterium propinquum* identifiziert und an 3. Stelle der Hitliste wurde die vorliegende Spezies *Corynebacterium pseudodiphtheriticum* mit dem Score-Wert 1,972 gelistet (Score-Wert-Differenz < 10%, die Score-Werte entstammen der in Tabelle 12.42 nicht gelisteten Doppelbestimmung). Somit erscheint die "10%-Regel" für eine verlässliche Speziesidentifikation nahverwandter Spezies mit MALDI-TOF MS für coryneforme Bakterien als nicht hinreichend.
Seng et al. 2009 zeigten in ihrer Studie eine Korrelation zwischen der Anzahl der Datenbankeinträge einer Spezies und der Höhe des erreichten Score-Wertes bei der Untersuchung mit MALDI-TOF MS. Für eine valide Speziesidentifikation durch MALDI-TOF MS fordern viele Autoren einen Ausbau der MALDI Biotyper Datenbank mit mindestens 5-10 Datenbankeinträgen pro Spezies, um die Diversität innerhalb einer Spezies abzubilden (Alatoom et al. 2011, Lartigue et al. 2009).
Weiter wurde in den publizierten Studien regelmäßig von falschen Speziesidentifikationen auf Grund von ungenauen oder falschen Datenbankeinträgen berichtet (Seng et al. 2009, Bizzini et al. 2010, van Veen et al. 2011).

4.1 Schlussfolgerung

Die Speziesidentifikation von Bakterien mit MALDI-TOF MS bietet viele Vorteile: MALDI-TOF MS ist ein sehr schnelles Verfahren. Pro Messwert werden ca. 1 min für den Probenauftrag auf die Targetplatte und ca. 2 min für die eigentliche Messung benötigt. Hierfür ist sehr wenig Probenmaterial erforderlich. Ein Bruchteil einer Bakterienkolonie ist ausreichend bzw. bei sehr kleinen, lipophilen, coryneformen Bakterien sind ca. 2-10 Kolonien erforderlich. Der mikrobiologische Teilbefund in Bezug auf die vorliegende Bakterienspezies ist ca. 1-2 Tage früher verfügbar als bei der Bakterienidentifizierung mit herkömmlichen biochemischen Methoden. Die bisherigen Identifikationssysteme wie z. B. API Coryne, welche die Bakterien anhand ihrer Stoffwechselprofile identifizieren, benötigen nach der Gewinnung einer Reinkultur einen weiteren Bebrütungsschritt zur Auswertung der Stoffwechselreaktionen, welcher bei MALDI-TOF MS entfällt. Bei Kenntnis des Infektionserregers kann die antibiotische Therapie dann frühzeitig angepasst werden, was bei schweren Infektionsverläufen lebensrettend sein kann. Die laufenden Materialverbrauchskosten für die Arbeit mit MALDI-TOF MS sind minimal. Die Arbeit mit dem MALDI-TOF MS-Gerät kann schnell erlernt werden.
Im Gegensatz dazu sind bei der Arbeit mit dem API Coryne Testsystem mehrere untersucherabhängige Arbeitsschritte nötig. Hierbei ist insbesondere für die initiale Bakterienklassifizierung ein entscheidender Vordifferenzierungsschritt notwendig. Die coryneformen Bakterien müssen von einem erfahrenen Untersucher anhand des Grampräparats und insbesondere anhand der makroskopischen Morphologie der Kolonien als coryneforme Bakterien identifiziert werden, bevor die eigentliche Speziesidentifikation mit dem API Coryne Testsystem erfolgen kann. Hierbei können Fehler unterlaufen, werden z. B. coryneforme Bakterien nicht als solche erkannt, werden sie anderen Testsystemen zugeführt und fehlidentifiziert. Oder aber nicht-coryneforme Bakterien werden fälschlich mit dem API Coryne Testsystem untersucht und dann anhand des erhaltenen nummerischen Codes fälschlich als coryneforme Bakterienspezies identifiziert.
Ein weiterer Nachteil des API Coryne Testsystems ist, dass die Testbedingungen insbesondere bezüglich der eingesetzten Menge des Untersuchungsmaterials strikt eingehalten werden müssen, um eine gute Speziesidentifikation zu erhalten. Unter Routinebedingungen ist meist nicht genügend Koloniematerial vorhanden, um eine ausreichende Trübung entsprechend McFarland 6 der Impfsuspension zu erreichen. Dies ist insbesondere bei langsam wachsenden, lipophilen coryneformen Bakterien ein Problem.

Dies zeigt sich auch in der vorliegenden Studie, bei der erst nach einer längeren Bebrütungszeit die Speziesidentifikation im API Coryne Testsystem von initial 77,7% auf 97,2% korrekte Resultate verbessert werden konnte. Eine längere Bebrütungszeit kann zum Teil die unzureichende Menge des Inokulums beim Beimpfen der Teststreifen ausgleichen. Bei zu geringem Materialeinsatz ist auch die Ablesung der Teststreifen untersucher-abhängig. Für diese Studie unter Routinebedingungen wurden die Herstellerempfehlungen zur Ablesung der Farbreaktionen des API Coryne Teststreifens variiert, z. B. wurden entsprechend Tabelle 1.1 die Fermentationsreaktionen schon bei einem Farbumschlag von rot nach orange als positiv gewertet und nicht erst bei einem Farbumschlag von rot nach gelb entsprechend den Herstellerempfehlungen der Firma bioMérieux. Auch die Auswertung der Rangliste, welche nach Eingabe des nummerischen Codes durch die Datenbank API (Rapid) Coryne database 2.0 ermittelt wird, hängt von den Vorkenntnissen des Untersuchers ab. Die tatsächlich vorliegende Bakterienspezies steht häufig nicht an erster Stelle der Rangliste, sondern muss anhand der Bakterienmorphologie (z. B. Kolonien matt oder glänzend zur Differenzierung von *Corynebacterium amycolatum* und *Corynebacterium striatum*) oder gegebenenfalls mithilfe weiterer Zusatztest bestimmt werden. Weiter muss die API-Kontrollplatte auf das Vorliegen einer Reinkultur beurteilt werden.

In allen drei Teilen dieser Arbeit zeigte sich eine vergleichbare Speziesidentifikation mit MALDI-TOF MS mit einem Anteil von 82,4-86,1% richtiger Speziesidentifikationen (Score-Wert $\geq$ 1,7), 90,5-91,7% richtiger Gattungsidentifikationen (Score-Wert $\geq$ 1,7), 7,4-8,2% falscher Speziesidentifikationen, 0,6-0,7% falscher Gattungsidentifikationen und 7,9-8,8% nicht verlässlicher Identifikationen (Score-Wert < 1,7).
Eine Ursache der Fehlidentifikationen durch MALDI-TOF MS sind teilweise ungenaue oder auch falsche Datenbankeinträge in der Datenbank MALDI Biotyper 2.0 wie in der vorliegenden Arbeit bei der Identifizierung von Stämmen der Spezies *Actinomyces neuii* subsp. *anitratus* ("*Actinomyces neuii* 50_90 IBS" – ungenauer Datenbankeintrag), *Microbacterium paraoxydans* ("*Microbacterium* sp. DSM 15461" – ungenauer Datenbankeitrag) oder *Corynebacterium auris* ("*Turicella otitidis* 121_x_B9341_72_IBS" – wahrscheinlich falscher Datenbankeintrag) gezeigt wurde.
Weiter zeigt die vorliegende Studie deutlich die Grenzen der Speziesidentifikation mit MALDI-TOF MS bei nahverwandten Bakterienspezies. Häufig kann mit MALDI-TOF MS zwischen eng verwandten Spezies nicht differenziert werden (z.B. *Corynebacterium*

propinquum / *Corynebacterium pseudodiphtheriticum*, *Corynebacterium striatum* / *Corynebacterium simulans*, *Corynebacterium macginleyi* / *Corynebacterium accolens*, *Corynebacterium ulcerans* / *Corynebacterium pseudotuberculosis*). Dies ist die Hauptursache falscher Speziesidentifikationen. Mit API Coryne kann dann oft anhand der unterschiedlichen Stoffwechselreaktionen eine bessere Speziesdifferenzierung erfolgen. Einige Spezies coryneformer Bakterien konnten anhand der derzeitigen Datenbankeinträge in der Datenbank MALDI Biotyper 2.0 nicht verlässlich (z. B. *Arcanobacterium pyogenes*, *Arcanobacterium urinale*, *Arthrobacter cumminsii*, *Corynebacterium afermentans* subsp. *lipophilum*) bzw. bei fehlenden Datenbankeinträgen (*Brevibacterium mcbrellneri*, *Exiguobactrium acetylicum*) nicht identifiziert werden. Insbesondere für diese Spezies muss die Datenbank erweitert werden. Sinnvoll ist die Aufnahme von weiteren Datenbankeinträgen von Stämmen einer Spezies, die durch MALDI-TOF MS bisher nur mit einem niedrigen Score-Wert identifiziert wurden. Wahrscheinlich kann durch die Aufnahme weiterer Datenbankeinträge pro Spezies die Speziesidentifikation mit MALDI-TOF MS verbessert werden. Nach der Aufnahme von neuen Datenbankeinträgen sollte dann jedoch auch die Identifizierung der nahverwandten Spezies mit MALDI-TOF MS überprüft werden.

Weiter zeigt diese Arbeit, dass die Spezies *Corynebacterium amycolatum*, die mit 35,6% der Routineisolate die am häufigsten isolierte Spezies der coryneformen Bakterien darstellt, durch MALDI-TOF MS richtig und verlässlich identifiziert wird.

Dagegen werden u. a. die am zweithäufigsten isolierte Spezies *Corynebacterium striatum* und die am dritthäufigsten isolierte Spezies *Corynebacterium pseudodiphtheriticum* mit eng verwandten Spezies verwechselt. So müsste bei alleiniger Identifizierung mit MALDI-TOF MS die Speziesdiagnose dieser Spezies lauten: *Corynebacterium striatum*/*simulans* bzw. *Corynebacterium pseudodiphtheriticum*/*propinquum*. Eine weitere Differenzierung müsste dann durch Zusatztests wie der Nitrat-Reduktion zur Differenzierung von *Corynebacterium striatum* und *Corynebacterium simulans* oder der Urease-Reaktion zur Differenzierung von *Corynebacterium pseudodiphtheriticum* und *Corynebacterium propinquum* erfolgen.

Weiter ist für die Routinediagnostik wichtig, dass die potentiell toxinbildenden Spezies der Gattung *Corynebacterium* - *Corynebacterium diphtheriae*, *Corynebacterium pseudotuberculosis* und *Corynebacterium ulcerans* - durch MALDI-TOF MS schnell und korrekt identifiziert werden, damit dann auf das Vorhandensein des an die Gesundheits-behörde meldepflichtigen Exotoxins getestet werden kann. In dieser Arbeit wurden alle Stämme der Spezies *Corynebacterium diphtheriae* richtig und verlässlich erkannt.

Dagegen konnte MALDI-TOF MS die eng verwandten Spezies *Corynebacterium pseudotuberculosis* und *Corynebacterium ulcerans* nicht differenzieren.
Für alle coryneformen Bakterienstämme, die weder mit MALDI-TOF MS noch im API Coryne Testsystem auf Speziesebene sicher identifiziert werden können, sollte eine 16S rRNA Gen-Sequenzierung erfolgen.

5. Zusammenfassung

In der vorliegenden Arbeit wurde untersucht, ob mit dem matrix-assisted laser desorption/ionization time-of-flight mass spectrometry (MALDI-TOF MS) System der Firma Bruker Daltonik, Bremen, unter Anwendung einer direkten Bakterienschmier-präparation eine verlässliche Speziesidentifikation coryneformer Bakterien in der mikrobiologischen Routinediagnostik möglich ist. Hierfür wurden im ersten Teil dieser Arbeit 965 Bakterienstämme (11 Gattungen / 53 Bakterienspezies / 4 Subspezies) der Stammsammlung coryneformer Bakterien von Prof. Dr. med. G. Funke, MVZ Labor Dr. Gärtner & Kollegen, Ravensburg, mit MALDI-TOF MS getestet. Hierbei zeigten sich 83,6% richtige Speziesidentifikationen (Score-Wert $\geq$ 1,7), 90,5% richtige Gattungs-identifikationen (Score-Wert $\geq$ 1,7), 7,4% falsche Speziesidentifikationen, 0,7% falsche Gattungsidentifikationen und 8,8% nicht verlässliche Identifikationen (Score-Wert < 1,7). Im zweiten Teil der Arbeit wurde gezeigt, dass weder die Wahl des Nährbodens (Columbia 5% Blutagar, CNA (Colistin-Nalidixinsäure)-Blutagar und Schokoladenagar) noch die Vorbehandlung des Bakterienschmierpräparates mit 70%iger Ameisensäure einen signifikanten Einfluss (α=0,05) auf das MALDI-TOF MS Testergebnis haben.
Im dritten Teil der Arbeit wurde die Speziesidentifikation mit MALDI-TOF MS anhand von 509 konsekutiven Routineisolaten coryneformer Bakterien aus dem laufenden Probeneingang des MVZ Labor Dr. Gärtner & Kollegen, Ravensburg, getestet. Es erfolgte ein Vergleich mit dem bisher in der Routinediagnostik zur Speziesidentifikation coryneformer Bakterien verwendeten API Coryne Testsystem. In Zweifelsfällen erfolgte die Speziesidentifikation durch partielle 16S rRNA Gen-Sequenzierung. Es ergaben sich hierbei mit MALDI-TOF MS 86,0% richtige Speziesidentifikationen (Score-Wert $\geq$ 1,7), 91,7% richtige Gattungsidentifikationen (Score-Wert $\geq$ 1,7), 8,2% falsche Spezies-identifikationen, 0,6% falsche Gattungsidentifikationen und 7,9% nicht verlässliche Identifikationen (Score-Wert < 1,7). Bei der Untersuchung der Routineisolate mit dem API Coryne Testsystem ergab eine Verlängerung der Inkubationszeit von ca. 20 h (77% richtige Speziesidentifikationen / 96,6% richtige Gattungsidentifikationen) auf ca. 48-72 h (97,2% richtige Speziesidentifikationen / 98% richtige Gattungsidentifikationen) eine deutliche Verbesserung des Testergebnisses. Dies erklärt sich damit, dass unter Routinebedingungen für die Untersuchung der teils langsam wachsenden coryneformen Bakterien oft nicht die geforderte Menge an Analysematerial zur Beimpfung des API Coryne Teststreifens zur Verfügung steht. Somit war die Speziesidentifikation mit dem

API Coryne Testsystem erst nach einer längeren Bebrütungszeit von 48-72 h der Identifizierung mit MALDI-TOF MS überlegen.
Bei der Untersuchung der Routineisolate zeigte sich, dass die folgenden fünf Spezies - *Corynebacterium amycolatum* (35,6%), *Corynebacterium striatum* (22,0%), *Corynebacterium pseudodiphtheriticum* (10,0%), *Dermabacter hominis* (8,6%) und *Corynebacterium minutissimum* (5,9%) - insgesamt über 80% der Routineisolate coryneformer Bakterien darstellen, wobei jedoch hiervon nur die Spezies *Corynebacterium amycolatum* und *Dermabacter hominis* durch MALDI-TOF MS ohne weitere Zusatztests auf Speziesebene sicher identifiziert werden konnten. Sowohl die Untersuchung der Stammsammlung als auch die Untersuchung der Routineisolate mit MALDI-TOF MS zeigte auf, dass zwischen einigen nahverwandten Bakterienspezies mit MALDI-TOF MS keine sichere Differenzierung erfolgen kann. Dies ist die Hauptursache der falschen Speziesidentifikationen durch MALDI-TOF MS. So kam es zur Verwechslung zwischen den nahverwandten toxinbildenden Spezies *Corynebacterium ulcerans* und *Corynebacterium pseudotuberculosis*. Weitere Beispiele sind die Verwechslung von *Corynebacterium pseudodiphtheriticum* mit *Corynebacterium propinquum* oder *Corynebacterium striatum* mit *Corynebacterium simulans*. Häufig kann durch partielle 16S rRNA Gen-Sequenzierung zwischen diesen eng verwandten Spezies ebenfalls nicht differenziert werden. Eine genauere Speziesidentifikation muss dann bei klinischer Relevanz mit Hilfe von Zusatztests wie dem API Coryne Testsystem erfolgen.
Eine weitere Ursache der falschen Speziesidentifikationen durch MALDI-TOF MS sind ungenaue oder auch falsche Datenbankeinträge in der Datenbank MALDI Biotyper 2.0, wie in der vorliegenden Studie an Beispielen gezeigt wurde.
Insgesamt zeigt diese Arbeit, dass eine richtige Speziesidentifikation von ca. 85% (Score-Wert $\geq$ 1,7) und eine richtige Gattungsidentifikation von ca. 90% (Score-Wert $\geq$ 1,7) eine verlässliche Routinediagnostik coryneformer Bakterien mit MALDI-TOF MS erlauben. Vorteile von MALDI-TOF MS gegenüber dem API Coryne Testsystem sind die geringe Menge des erforderlichen Analysematerials, das schnelle Vorliegen des Testergebnisses häufig schon 24 h nach Probeneingang, die geringen Verbrauchskosten und die weitgehende Untersucherunabhängigkeit der Methode.
Weiter wurden im Rahmen dieser Arbeit acht Isolate bisher noch nicht beschriebener Spezies der Gattungen *Arthrobacter* (3x), *Brachybacterium* (2x), *Corynebacterium* (2x) und *Pseudoclavibacter* (1x) durch partielle 16S rRNA Gen-Sequenzierung identifiziert. Dies zeigt den hohen Stellenwert der 16S rRNA Gen-Sequenzierungsmethode zur Speziesdiagnostik auf.

6. Literaturverzeichnis

1. Alatoom A A, Cunningham S A, Ihde S M, Mandrekar J, Patel R: Comparison of direct colony method versus extraction method for identification of gram-positive cocci by use of Bruker Biotyper matrix-assisted laser desorption ionization-time of flight mass spectrometry. J Clin Microbiol 49: 2868-2873 (2011)

2. Anhalt J P, Fenselau C: Identification of bacteria using mass spectrometry. Anal Chem 47: 219-225 (1975)

3. Barbuddhe S B, Maier T, Schwarz G, Kostrzewa M, Hof H, Domann E, Chakraborty T, Hain T: Rapid identification and typing of *Listeria* species by matrix-assisted laser desorption/ionization time-of-flight mass spectrometry. Appl Environ Microbiol 74: 5402-5407 (2008)

4. Behrendt U, Ulrich A, Schuhmann P: Description of *Microbacterium foliorum* sp. nov. and *Microbacterium phyllosphaerae* sp. nov., isolated from the phyllosphaerae of grasses and the surface litter after mulching the sward, and reclassification of *Aureobacterium resistens* (Funke et al. 1998) as *Microbacterium resistens* comb. nov.. Int J Syst Evol Microbiol 51: 1267-1276 (2001)

5. Bessède E, Angla-Gre M, Delagarde Y, Sep Hieng S, Ménard A, Mégraud F: Matrix- assisted laser-desorption/ionization Biotyper: experience in the routine of a university hospital. Clin Microbiol Infect 17: 533-538 (2011)

6. Bizzini A, Durussel C, Bille J, Greub G, Prod'hom G: Performance of matrix-assisted laser desorption ionization-time of flight mass spectrometry for identification of bacterial strains routinely isolated in a clinical microbiology laboratory. J Clin Microbiol 48: 1549-1554 (2010)

7. Bizzini A und Greub G: Matrix-assisted laser desorption ionization time-of-flight mass spectrometry, a revolution in clinical microbial identification. Clin Microbiol Infect 16: 1614-1619 (2010)

8. Buczolits S, Schumann P, Valens M, Rosselló-Mora R, Busse H-J: Identification of a bacterial strain isolated from the liver of a laboratory mouse as *Microbacterium paraoxydans* and emended description of the species *Microbacterium paraoxydans* Laffineur et al. 2003. Indian J Microbiol 48: 243-251 (2008)

9. Cherkaoui A, Hibbs J, Emonet S, Tangomo M, Girard M, Francois P, Schrenzel J: Comparison of two matrix-assisted laser desorption ionization-time of flight mass spectrometry methods with conventional phenotypic identification for routine identification of bacteria to the species level. J Clin Microbiol 48: 1169-1175 (2010)

10. Cherkaoui A, Emonet S, Fernandez J, Schorderet D, Schrenzel J: Evaluation of matrix-assisted laser desorption ionization-time of flight mass spectrometry for rapid identification of beta-hemolytic streptococci. J Clin Microbiol 49: 3004-3005 (2011)

11. Citron D M, Goldstein E J, Merriam C V, Lipsky B A, Abramson M A: Bacteriology of moderate-to-severe diabetic foot infections and in vitro activity of antimicrobial agents. J Clin Micobiol 45: 2819-2828 (2007)

12. Claydon M A, Davey S N, Edwards-Jones V, Gordon D B: The rapid identification of intact microorganisms using mass spectrometry. Nat Biotechnol 14: 1584-1586 (1996)

13. Couturier M R, Mehinovic E, Croft A C, Fisher M A: Identification of HACEK clinical isolates by matrix-assisted laser desorption ionization-time of flight mass spectrometry. J Clin Microbiol 49: 1104-1106 (2011)

14. Daneshvar M I, Hollis D G, Weyant R S, Jordan J G, MacGregor J P, Morey R E, Whitney A M, Brenner D J, Steigerwalt A G, Helsel L O, Raney P M, Patel J B, Levett P N, Brown J M: Identification of some charcoal-black-pigmented CDC fermentative coryneform group 4 isolates as *Rothia dentocariosa* and some as *Corynebacterium aurimucosum*: proposal of *Rothia dentocariosa* emend. Georg and Brown 1967, *Corynebacterium aurimucosum* emend. Yassin et al. 2002, and *Corynebacterium nigricans* Shukla et al. 2003 pro synon. *Corynebacterium aurimucosum*. J Clin Microbiol 42: 4189-4198 (2004)

15. Eigner U, Holfelder M, Oberdorfer K, Betz-Wild U, Bertsch D, Fahr A: Performance of a matrix-assisted laser desorption ionization-time-of-flight mass spectrometry system for the identification of bacterial isolates in the clinical routine laboratory. Clin Lab 55: 289-296 (2009)

16. Fenselau C, Demirev P A: Charakterization of intact microorganisms by MALDI mass spectrometry. Mass Spectrom Rev 20: 151-171 (2001)

17. Fernandez-Garayzabal J F, Collins M D, Hutson R A, Fernandez E, Monasterio R, Marco J, Dominguez L: *Corynebacterium mastitidis* sp. nov., isolated from milk of sheep with subclinical mastitis. Int J Syst Bacteriol 47: 1082-1085 (1997)

18. Funke G, Stubbs S, von Graevenitz A, Collins M D: Assignment of human-derived CDC group 1 coryneform bacteria and CDC group 1-like coryneform bacteria to the genus *Actinomyces* as *Actinomyces neuii* subsp. *neuii* sp. nov., subsp. nov., and *Actinomyces neuii* subsp. *anitratus* subsp. nov. Int J Syst Bacteriol 44: 167-171 (1994)

19. Funke G, Hutson R A, Hilleringmann M, Heizmann W R, Collins M D: *Corynebacterium lipophiloflavum* sp. nov., isolated from a patient with bacterial vaginosis. FEMS Microbiol Lett 150: 219-224 (1997a)

20. Funke G, Pascual Ramos C, Collins M D: *Corynebacterium coyleae* sp. nov., isolated from human clinical specimens. Int J Syst Bacteriol 47: 92-96 (1997b)

21. Funke G, Renaud F N R, Freney J, Riegel P: Multicenter evaluation of the updated and extended API (RAPID) Coryne Database 2.0. J Clin Microbiol 35: 3122-3126 (1997c)

22. Funke G, von Graevenitz A, Clarridge III J E, Bernard K A: Clinical microbiology of coryneform bacteria. Clin Microbiol Rev 10: 125-159 (1997d)

23. Funke G: *Actinomyces* spp. und verwandte fakultativ anaerobe grampositive Stäbchen. In Neumeister B, Geiss H K, Braun R W, Kimmig P (Hrsg) Mikrobiologische Diagnostik, 2. Auflage, Georg Thieme Verlag Stuttgart. New

York, S. 533-539 (2009)

24. Funke G: Koryneforme Stäbchen. In Neumeister B, Geiss H K, Braun R W, Kimmig P (Hrsg) Mikrobiologische Diagnostik, 2. Auflage, Georg Thieme Verlag Stuttgart. New York, S. 352-362 (2009)

25. Funke G, Frodl R, Bernard K A, Englert R: *Corynebacterium freiburgense* sp. nov., isolated from a wound obtained from a dog bite. Int J Syst Evol Microbiol 59: 2054-2057 (2009)

26. Funke G, Englert R, Frodl R, Bernard K A, Stenger S: *Actinomyces hominis* sp. nov., isolated from a wound swab. Int J Syst Evol Microbiol 60: 1678-1681 (2010)

27. Funke G, Bernard A K: Coryneform gram-positive rods. In Versalovic J, Carroll K C, Funke G, Jorgensen J H, Landry M L, Warnock D W (Hrsg) Manual of clinical microbiology, 10. Ausgabe, ASM Press, American Society for Microbiology, Washington D.C., S. 401-430 (2011)

28. Gneiding K, Frodl R, Funke G: Identities of *Microbacterium* spp. encountered in human clinical specimens. J Clin Microbiol 46: 3646-3652 (2008)

29. He Y, Li H, Lu X, Stratton C W, Tang Y-W: Mass spectrometry Biotyper system identifies enteric bacterial pathogens directly from colonies grown on selective stool culture media. J Clin Microbiol 48: 3888-3892 (2010)

30. Heyrman J, Verbeeren J, Schumann P, Swings J, De Vos P: Six novel *Arthrobacter* species isolated from deteriorated mural paintings. Int J Syst Evol Microbiol 55: 1457-1464 (2005)

31. Holland R D, Wilkes J G, Rafii F, Sutherland J B, Persons C C, Voorhees K J, Lay J O: Rapid identification of intact whole bacteria based on spectral patterns using matrix-assisted laser desorption / ionisation with time-of-flight mass spectrometry. Rap Commun Mass Spectrom 10: 1227-1232 (1996)

32. Huang Y, Zhao N, He L, Wang L, Liu Z, You M, Guan F: *Arthrobacter scleromae*

sp. nov. isolated from human clinical specimens. J Clin Microbiol 43: 1451-1455 (2005)

33. Ivanova E P, Christen R, Alexeeva Y V, Zhukova N V, Gorshkova N M, Lysenko A M, Mikhailov V V, Nicolau D: *Brevibacterium celere* sp. nov., isolated from degraded thallus of a brown alga. Int J Syst Evol Microbiol 54: 2107-2111 (2004)

34. Jarman K H, Cebula S T, Saenz A J, Petersen C E, Valentine N B, Kingsley M T, Wahl K L: An algorithm for automated bacterial identification using matrix-assisted laser desorption/ionization mass-spectrometry. Anal Chem 72: 1217-1223 (2000)

35. Koch C, Rainey F, Stackebrandt E: 16S rDNA studies on members of *Arthrobacter* and *Micrococcus*: An aid for their future taxonomic restructuring. FEMS Microbiol Lett 123: 167-171 (1994)

36. Konrad R, Berger A, Huber I, Boschert V, Hörmannsdorfer S, Busch U, Hogardt M, Schubert S, Sing A: Matrix-assisted laser desorption/ionization time-of-flight (MALDI-TOF) mass spectrometry as a tool for rapid diagnosis of potentially toxigenic *Corynebacterium* species in the laboratory management of diphtheria-associates bacteria. Euro Surveill 15 (Issue 43): pii=19699 (2010)

37. Krishnamurthy T, Ross P L, Rajamani U: Detection of pathogenic and non-pathogenic bacteria by matrix-assisted laser desorption/ionization time-of-flight mass spectrometry. Rap Commun Mass Spectrom 10: 883-888 (1996 a)

38. Krishnamurthy T, Ross P L: Rapid identification of bacteria by direct matrix-assisted laser desorption/ionisation mass spectrometry analysis of whole cells. Rap Commun Mass Spectrom 10: 1992-1996 (1996b)

39. Lartigue M-F, Héry-Arnaud G, Haguenoer E, Domelier A-S, Schmit P-O, van der Mee-Marquet N, Lanotte P, Mereghetti L, Kostrzewa M, Quentin R: Identification of *Streptococcus agalactiae* isolates from varios phylogenetic lineages by matrix-assisted laser desorption ionization-time of flight mass spectrometry. J Clin Microbiol 47: 2284-2287 (2009)

40. Lin Y-Ch, Uemori K, de Briel D A, Arunpairojana V, Yokota A: *Zimmermannella helvola* gen. nov., sp. nov., *Zimmermannella alba* sp. nov., *Zimmermannella bifida* sp. nov., *Zimmermannella faecalis* sp. nov. and *Leucobacter albus* sp. nov., novel members of the family *Microbacteriaceae*. Int J Syst Evol Microbiol 54: 1669-1676 (2004)

41. Lozt A, Ferroni A, Beretti J-L, Dauphin B, Carbonnelle E, Guet-Revillet H, Veziris N, Heym B, Jarlier V, Gaillard J-L, Pierre-Audigier C, Frapy E, Berche P, Nassif X, Bille E: Rapid identification of mycobacterial whole cells in solid and liquid culture media by matrix-assisted laser desorption/ionization-time of flight mass spectrometry. J Clin Microbiol 48: 4481-4486 (2010)

42. Mages I S, Frodl R, Bernard K A, Funke G: Identities of *Arthrobacter* spp. and *Arthrobacter*-like bacteria encountered in human clinical specimens. J Clin Micobiol 46: 2980-2986 (2008)

43. Mellmann A, Bimet F, Borovskaya A D, Drake R R, Eigner U, Fahr A M, He Y, Ilina E N, Kostrzewa M, Maier T, Mancinelli L, Moussaoui W, Prévost G, Putignani L, Seachord C L, Tang Y W, Harmsen D: High interlaboratory reproducibility of matrix-assisted laser desorption ionization-time of flight mass spectrometry-based species identification of nonfermenting bacteria. J Clin Microbiol 47: 3732-3734 (2009 a)

44. Mellmann A, Schweppe C H, Müthing J: Speziesidentifikation von Mikro-organismen mittels MALDI-TOF Massenspektrometrie in der Medizinischen Mikrobiologie. Der Mikrobiologe 19: 117-123 (2009 b)

45. Neville S A, LeCordier A, Ziochos H, Chater M J, Gosbell I B, Maley M W, van Hal S J: Utility of matrix-assisted laser desorption ionization-time of flight mass spectrometry following introduction for routine laboratory bacterial identification. J Clin Microbiol 49: 2980-2984 (2011)

46. Pascual C, Lawson P A, Farrow J A E, Gimenez M N, Collins M D: Phylogenetic analysis of the genus *Corynebacterium* based on 16S rRNA gene sequences. Int J Syst Bacteriol 45: 724-728 (1995)

47. Riegel P, Ruimy R, de Briel D, Prévost G, Jehl F, Christen R, Monteil H: Genomic diversity and phylogenetic relationships among lipid-requiring diphtheroids from humans and characterization of *Corynebacterium macginleyi* sp. nov. Int J Syst Bacteriol 45: 128-133 (1995)

48. Riegel P, Ruimy R, Renaud F N R, Freney J, Prevost G, Jehl F, Christen R, Monteil H: *Corynebacterium singulare* sp. nov., a new species for urease-positive strains related to *Corynebacterium minutissimum*. Int J Syst Bacteriol 47: 1092-1096 (1997)

49. Saffert R T, Cunningham S A, Ihde S M, Monson Jobe K E, Mandrekar J, Patel R: Comparison of Bruker Biotyper matrix-assisted laser desorption ionization-time of flight mass spectrometry to BD Phoenix automated microbiology system for identification of gram-negative bacilli. J Clin Microbiol 49: 887-892 (2011)

50. Saleeb P G, Drake S K, Murray P R, Zelazny A M: Identification of mycobacteria in solid-culture media by matrix-assisted laser desorption ionization-time of flight mass spectrometry. J Clin Microbiol 49: 1790-1794 (2011)

51. Sanger F, Nicklen S, Coulson A R: DNA sequencing with chain-terminating inhibitors. Proc Natl Acad Sci USA 74: 5463-5467 (1977)

52. Schippers-Lammertse A F, Muijsers A O, Klatser-Oedekerk K B: *Arthrobacter polychromogenes* nov. spec., its pigments, and a bacteriophage of this species. Antonie van Leeuwenhoek 29: 1-15 (1963)

53. Schubert S und Weig M: MALDI-TOF-MS-basierte Verfahren zur Differenzierung von Bakterien und Pilzen. In Neumeister B, Geiss H K, Braun R W, Kimmig P (Hrsg) Mikrobiologische Diagnostik, 2. Auflage, Georg Thieme Verlag Stuttgart. New York, S. 166-170 (2009)

54. Seng P, Drancourt M, Gouriet F, La Scola B, Fournier P-E, Rolain J M, Raoult D: Ongoing revolution in bacteriology: routine identification of bacteria by matrix-assisted laser desorption ionization time-of-flight mass spectrometry. Clin Infect Dis 49: 543-551 (2009)

55. Sewell D L, Coyle M B, Funke G: Prosthetic valce endocarditis caused by *Corynebacterium afermentans* subsp. *lipophilum* (CDC Coryneform group AFN-1). J Clin Microbiol 33: 759-761 (1995)

56. Sjödén B, Funke G, Izquierdo A, Akervall E, Collins M D: Description of some coryneform bacteria isolated from human clinical specimens as *Corynebacterium falsenii* sp. nov. Int J Syst Bacteriol 48: 69-74 (1998)

57. Smole S C, King L A, Leopold P E, Arbeit R D: Sample preparation of gram-positive bacteria for identification by matrix assisted laser desorption/ionization time-of-flight. J Microbiol Methods 48: 107-115 (2002)

58. Stackebrandt E, Goebel B M: A place of DNA-DNA reassociation and 16S rRNA sequence analysis in the present species definition in bacteriology. Int J Syst Bacteriol 44: 846-849 (1994)

59. Stackebrandt E, Ebers J: Taxonomic parameters revisited: tarnished gold standards. Microbiol Today 33: 152-155 (2006)

60. Szabados F, Woloszyn J, Richter C, Kaase M, Gatermann S: Identification of molecularly defined *Staphylococcus aureus* strains using matrix-assisted laser desorption / ionization time of flight mass spectrometry and Biotyper 2.0 database. J Med Microbiol 59: 787-790 (2010)

61. Valentine N, Wunschel S, Wunschel D, Petersen C, Wahl K: Effect of culture conditions on microorganism identification by matrix-assisted laser desorption ionization mass spectrometry. Appl Environ Microbiol 71: 58-64 (2005)

62. Van Veen S Q, Claas E C J, Kuijper E J: High-throughput identification of bacteria and yeast by matrix-assisted laser desorption ionization-time of flight mass spectrometry in conventional medical microbiology laboratories. J Clin Microbiol 48: 900-907 (2010)

63. Verroken A, Janssens M, Berhin C, Bogaerts P, Huang T-D, Wauters G, Glupczynski Y: Evaluation of matrix-assisted laser desorption ionization-time of

flight mass spectrometry for identification of *Nocardia* species. J Clin Microbiol 48: 4015-4021 (2010)

64. Wattiau P, Janssens M, Wauters G: *Corynebacterium simulans* sp. nov., a non-lipophilic, fermentative *Corynebacterium*. Int J Syst Evol Microbiol 50: 347-353 (2000)

65. Wauters G, Charlier J, Janssens M, Delmée M: Identification of *Arthrobacter oxydans*, *Arthrobacter luteolus* sp. nov., and *Arthrobacter albus* sp. nov., isolated from human clinical specimens. J Clin Microbiol 38: 2412-2415 (2000)

66. Yassin A F, Steiner U, Ludwig W: *Corynebacterium aurimucosum* sp. nov. and emended description of *Corynebacterium minutissimum* Collins and Jones (1983). Int J Syst Evol Microbiol 52: 1001-1005 (2002)

67. Yassin A F: *Corynebacterium ureicelerivorans* sp. nov., a lipophilic bacterium isolated from blood culture. Int J Syst Evol Microbiol 57: 1200-1203 (2007)

Anhang

Ergänzende Ergebnistabellen mit Originaldaten

In Ergänzung zu den Ergebnisübersichtstabellen im Ergebnisteil dieser Arbeit werden im Anhang die Ergebnistabellen mit den Originaldaten aufgeführt.

1. Untersuchung der Stammsammlung mit MALDI-TOF MS – Ergebnistabellen der untersuchten Spezies:

Tabellen 12.1 bis 12.58:

In den Tabellen 12.1 bis 12.58 wird die Untersuchung von 11 Gattungen, 55 Bakterienspezies und 4 Subspezies bei einer Gesamtzahl von Untersuchungen von 965 Bakterienstämmen der Stammsammlung mittels MALDI-TOF MS dargestellt. Der Probenauftrag auf die Targetplatte erfolgte durch Schmierpräparation mit anschließender Überschichtung mit Zimtsäurematrix. In den Tabellen wurden jeweils die identifizierten Bakterienspezies mit den beiden besten Score-Werten angegeben.

Tabelle 12.1: *Actinobaculum schaalii*

Untersuchung von 3 Stämmen der Spezies *Actinobaculum schaalii* mit MALDI-TOF MS.
Die Bakterienstämme wurden kultiviert auf Columbia 5% Blutagarplatten für ca. 24 h bei 36°C unter 5%-CO_2-Atmosphäre.
Die Datenbank MALDI Biotyper 2.0 (Stand 15.10.09) enthielt 1 Datenbankeintrag *Actinobaculum schaalii*:
Actinobaculum schaalii DSM 15541_DSM

Stamm-nummer	Bakterienspezies mit dem besten Score-Wert	Score-Wert	Bakterienspezies mit dem zweitbesten Score-Wert	Score-Wert
G909	*Actinobaculum schaalii* DSM 15541_DSM	**1,794**	*Actinobaculum massiliense* DSM 19118_DSM	**1,541**
G1026	*Actinobaculum schaalii* DSM 15541_DSM	**1,764**	*Actinobaculum massiliense* DSM 19118_DSM	**1,312**
G1120	*Actinobaculum schaalii* DSM 15541_DSM	**1,680**	*Actinobaculum massiliense* DSM 19118_DSM	**1,414**

Tabelle 12.2: *Actinobaculum urinale*

Untersuchung von 1 Stamm der Spezies *Actinobaculum urinale* mit MALDI-TOF MS.

Der Bakterienstamm wurde kultiviert auf Columbia 5% Blutagarplatten für ca. 60 h bei 36°C unter 5%-CO_2-Atmosphäre.

Die Datenbank MALDI Biotyper 2.0 (Stand 15.10.09) enthielt 1 Datenbankeintrag *Actinobaculum urinale*:

Actinobaculum urinale DSM 15805_DSM

Stamm-nummer	Bakterienspezies mit dem besten Score-Wert	Score-Wert	Bakterienspezies mit dem zweitbesten Score-Wert	Score-Wert
G1090	*Agromyces rhizospherae* HKI 302 DSM 14597 HKJ	**1,370**	*Streptomyces phaeochromogenes* B265_UFL	**1,353**

Tabelle 12.3: *Actinomyces europaeus*

Untersuchung von 17 Stämmen der Spezies *Actinomyces europaeus* mit MALDI-TOF MS.

Die Bakterienstämme wurden kultiviert auf Columbia 5% Blutagarplatten für ca. 48-72 h bei 36°C unter 5%-CO_2-Atmosphäre.

Die Datenbank MALDI Biotyper 2.0 (Stand 15.10.09) enthielt 3 Datenbankeinträge *Actinomyces europaeus*:

Actinomyces europaeus DSM 11076_DSM

Actinomyces europaeus DSM 11077_DSM

Actinomyces europaeus DSM 11078_DSM

Stamm-nummer	Bakterienspezies mit dem besten Score-Wert	Score-Wert	Bakterienspezies mit dem zweitbesten Score-Wert	Score-Wert
509	*Actinomyces europaeus* DSM 11077_DSM	**1,757**	*Actinomyces europaeus* DSM 11076_DSM	**1,238**
747	*Actinomyces europaeus* DSM 11077_DSM	**1,618**	*Actinomyces europaeus* DSM 11078_DSM	**1,600**
1113	*Actinomyces europaeus* DSM 11077_DSM	**2,057**	*Actinomyces europaeus* DSM 11078_DSM	**1,668**
1284	*Actinomyces europaeus* DSM 11078_DSM	**1,905**	*Actinomyces europaeus* DSM 11077_DSM	**1,490**
2126	*Actinomyces europaeus* DSM 11077_DSM	**1,845**	*Actinomyces europaeus* DSM 11078_DSM	**1,462**
2127	*Actinomyces europaeus* DSM 11078_DSM	**1,884**	*Actinomyces europaeus* DSM 11077_DSM	**1,731**
2128	*Actinomyces europaeus* DSM 11078_DSM	**1,955**	*Actinomyces europaeus* DSM 11077_DSM	**1,708**
2233	*Actinomyces europaeus* DSM 11077_DSM	**1,544**	*Lactobacillus apodemi* 108913 CIP	**1,395**
2240	*Actinomyces europaeus* DSM 11077_DSM	**1,565**	*Lactobacillus apodemi* 108913 CIP	**1,420**
2241	*Actinomyces europaeus* DSM 11078_DSM	**2,005**	*Actinomyces europaeus* DSM 11077_DSM	**1,511**
2242	*Actinomyces europaeus* DSM 11077_DSM	**1,935**	*Actinomyces europaeus* DSM 11078_DSM	**1,557**
2243	*Actinomyces europaeus* DSM 11077_DSM	**1,921**	*Actinomyces europaeus* DSM 11078_DSM	**1,546**
2244	*Actinomyces europaeus* DSM 11078_DSM	**1,550**	*Actinomyces europaeus* DSM 11077_DSM	**1,399**
3005	*Actinomyces europaeus* DSM 11078_DSM	**1,716**	*Arthrobacter crystallopoietes* DSM 20117T_DSM	**1,485**
3076	*Actinomyces europaeus* DSM 11077_DSM	**1,803**	*Actinomyces europaeus* DSM 11078_DSM	**1,439**
3486	*Actinomyces europaeus* DSM 11077_DSM	**1,870**	*Lactobacillus apodemi* 108913 CIP	**1,394**
G1043	*Actinomyces europaeus* DSM 11078_DSM	**1,845**	*Actinomyces europaeus* DSM 11077_DSM	**1,654**

Tabelle 12.4: *Actinomyces graevenitzii*

Untersuchung von 2 Stämmen der Spezies *Actinomyces graevenitzii* mit MALDI-TOF MS.
Die Bakterienstämme wurden kultiviert auf Columbia 5% Blutagarplatten für ca. 72 h bei 36°C unter 5%-CO_2-Atmosphäre.
Die Datenbank MALDI Biotyper 2.0 (Stand 15.10.09) enthielt 1 Datenbankeintrag *Actinomyces graevenitzii*:
Actinomyces graevenitzii DSM 15540_DSM

Stamm-nummer	Bakterienspezies mit dem besten Score-Wert	Score-Wert	Bakterienspezies mit dem zweitbesten Score-Wert	Score-Wert
G1065	*Actinomyces* sp. G4892 IBS	**1,934**	*Arthrobacter tecti* DSM 16407T_DSM	**1,273**
3508	*Actinomyces* sp. G4892 IBS	**1,911**	*Candida parapsilosis* ATCC 22019 VML	**1,359**

Tabelle 12.5: *Actinomyces neuii* subsp. *anitratus*

Untersuchung von 27 Stämmen der Spezies *Actinomyces neuii* subsp. *anitratus* mit MALDI-TOF MS.
Die Bakterienstämme wurden kultiviert auf Columbia 5% Blutagarplatten für ca. 72 h bei 36°C unter 5%-CO_2-Atmosphäre.
Die Datenbank MALDI Biotyper 2.0 (Stand 15.10.09) enthielt 4 Datenbankeinträge *Actinomyces neuii*:
Actinomyces neuii 50_90 IBS (= *Actinomyces neuii* subsp. *anitratus*)
Actinomyces neuii B17945_03 IBS
Actinomyces neuii subsp. *anitratus* DSM 8577_DSM
Actinomyces neuii subsp. *neuii* DSM 8576_DSM

Stamm-nummer	Bakterienspezies mit dem besten Score-Wert	Score-Wert	Bakterienspezies mit dem zweitbesten Score-Wert	Score-Wert
50	*Actinomyces neuii* 50_90 IBS	**1,909**	*Actinomyces neuii* subsp. *anitratus* DSM 8577_DSM	**1,803**
176	*Actinomyces neuii* 50_90 IBS	**1,961**	*Actinomyces neuii* subsp. *anitratus* DSM 8577_DSM	**1,800**
219	*Actinomyces neuii* 50_90 IBS	**1,892**	*Actinomyces neuii* subsp. *anitratus* DSM 8577_DSM	**1,679**
256	*Actinomyces neuii* 50_90 IBS	**1,967**	*Actinomyces neuii* subsp. *anitratus* DSM 8577_DSM	**1,819**
1157	*Actinomyces neuii* 50_90 IBS	**1,971**	*Agrobacterium rhizogenes* B170 UFL	**1,430**
1199	*Actinomyces neuii* 50_90 IBS	**1,981**	*Actinomyces neuii* subsp. *anitratus* DSM 8577_DSM	**1,716**
1218	*Actinomyces neuii* 50_90 IBS	**1,974**	*Actinomyces neuii* subsp. *anitratus* DSM 8577_DSM	**1,753**
1220	*Actinomyces neuii* 50_90 IBS	**1,816**	*Actinomyces neuii* subsp. *anitratus* DSM 8577_DSM	**1,586**
1268	*Actinomyces neuii* 50_90 IBS	**1,941**	*Actinomyces neuii* subsp. *anitratus* DSM 8577_DSM	**1,691**
1393	*Actinomyces neuii* 50_90 IBS	**1,992**	*Actinomyces neuii* subsp. *anitratus* DSM 8577_DSM	**1,964**
1531	*Actinomyces neuii* 50_90 IBS	**1,941**	*Actinomyces neuii* subsp. *anitratus* DSM 8577_DSM	**1,691**
1578	*Actinomyces neuii* 50_90 IBS	**1,878**	*Actinomyces neuii* subsp. *anitratus* DSM 8577_DSM	**1,759**
1610	*Actinomyces neuii* 50_90 IBS	**1,971**	*Actinomyces neuii* subsp. *anitratus* DSM 8577_DSM	**1,842**
1627	*Actinomyces neuii* 50_90 IBS	**2,025**	*Actinomyces neuii* subsp. *anitratus* DSM 8577_DSM	**1,908**

Fortsetzung Tabelle 12.5: *Actinomyces neuii* subsp. *anitratus*

Stamm-nummer	Bakterienspezies mit dem besten Score-Wert	Score-Wert	Bakterienspezies mit dem zweitbesten Score-Wert	Score-Wert
1684	*Actinomyces neuii* 50_90 IBS	**1,994**	*Actinomyces neuii* subsp. *anitratus* DSM 8577_DSM	**1,963**
1688	*Actinomyces neuii* subsp. *anitratus* DSM 8577_DSM	**1,964**	*Actinomyces neuii* 50_90 IBS	**1,895**
1702	*Actinomyces neuii* 50_90 IBS	**1,945**	*Actinomyces neuii* subsp. *anitratus* DSM 8577_DSM	**1,763**
1711	*Actinomyces neuii* 50_90 IBS	**1,937**	*Actinomyces neuii* subsp. *anitratus* DSM 8577_DSM	**1,757**
1725	*Actinomyces neuii* 50_90 IBS	**1,917**	*Actinomyces neuii* subsp. *anitratus* DSM 8577_DSM	**1,858**
1794	*Actinomyces neuii* 50_90 IBS	**2,112**	*Actinomyces neuii* subsp. *anitratus* DSM 8577_DSM	**1,918**
1831	*Actinomyces neuii* 50_90 IBS	**2,090**	*Actinomyces neuii* subsp. *anitratus* DSM 8577_DSM	**1,912**
1885	*Actinomyces neuii* 50_90 IBS	**2,123**	*Actinomyces neuii* subsp. *anitratus* DSM 8577_DSM	**1,792**
1907	*Actinomyces neuii* 50_90 IBS	**2,084**	*Actinomyces neuii* subsp. *anitratus* DSM 8577_DSM	**1,882**
2028	*Actinomyces neuii* 50_90 IBS	**2,040**	*Actinomyces neuii* subsp. *anitratus* DSM 8577_DSM	**1,972**
2050	*Actinomyces neuii* 50_90 IBS	**1,924**	*Actinomyces neuii* subsp. *anitratus* DSM 8577_DSM	**1,774**
2057	*Actinomyces neuii* 50_90 IBS	**2,130**	*Actinomyces neuii* subsp. *anitratus* DSM 8577_DSM	**1,917**
3390	*Actinomyces neuii* subsp. *anitratus* DSM 8577_DSM	**1,891**	*Actinomyces neuii* 50_90 IBS	**1,747**

Tabelle 12.6: *Actinomyces neuii* subsp. *neuii*

Untersuchung von 22 Stämmen der Spezies *Actinomyces neuii* mit MALDI-TOF MS.

Die Bakterienstämme wurden kultiviert auf Columbia 5% Blutagarplatten für ca. 72 h bei 36°C unter 5%-CO_2-Atmosphäre.

Die Datenbank MALDI Biotyper 2.0 (Stand 15.10.09) enthielt 4 Datenbankeinträge *Actinomyces neuii*:

Actinomyces neuii 50_90 IBS (= *Actinomyces neuii* subsp. *anitratus*)

Actinomyces neuii B17945_03 IBS

Actinomyces neuii subsp. *anitratus* DSM 8577_DSM

Actinomyces neuii subsp. *neuii* DSM 8576_DSM

Stamm-nummer	Bakterienspezies mit dem besten Score-Wert	Score-Wert	Bakterienspezies mit dem zweitbesten Score-Wert	Score-Wert
87	*Actinomyces neuii* subsp. *neuii* DSM 8576_DSM	**2,047**	*Actinomyces neuii* B17945_03 IBS	**1,500**
97	*Actinomyces neuii* subsp. *neuii* DSM 8576_DSM	**1,964**	*Actinomyces neuii* B17945_03 IBS	**1,641**
222	*Actinomyces neuii* subsp. *neuii* DSM 8576_DSM	**2,069**	*Actinomyces neuii* B17945_03 IBS	**1,660**

Fortsetzung Tabelle 12.6: *Actinomyces neuii* subsp. *neuii*

Stamm-nummer	Bakterienspezies mit dem besten Score-Wert	Score-Wert	Bakterienspezies mit dem zweitbesten Score-Wert	Score-Wert
246	*Actinomyces neuii* subsp. *neuii* DSM 8576_DSM	**1,762**	*Actinomyces neuii* 50_90 IBS	**1,709**
268	*Actinomyces neuii* subsp. *neuii* DSM 8576_DSM	**1,958**	*Actinomyces neuii* B17945_03 IBS	**1,742**
361	*Actinomyces neuii* subsp. *neuii* DSM 8576_DSM	**2,095**	*Actinomyces neuii* B17945_03 IBS	**1,726**
362	*Actinomyces neuii* subsp. *neuii* DSM 8576_DSM	**1,980**	*Actinomyces neuii* B17945_03 IBS	**1,785**
383	*Actinomyces neuii* subsp. *neuii* DSM 8576_DSM	**2,023**	*Actinomyces neuii* B17945_03 IBS	**1,497**
1184	*Actinomyces neuii* subsp. *neuii* DSM 8576_DSM	**2,021**	*Actinomyces neuii* B17945_03 IBS	**1,702**
1537	*Actinomyces neuii* subsp. *neuii* DSM 8576_DSM	**2,018**	*Actinomyces neuii* B17945_03 IBS	**1,658**
1612	*Actinomyces neuii* subsp. *neuii* DSM 8576_DSM	**2,058**	*Actinomyces neuii* B17945_03 IBS	**1,807**
1621	*Actinomyces neuii* subsp. *neuii* DSM 8576_DSM	**2,106**	*Actinomyces neuii* B17945_03 IBS	**1,726**
1689	*Actinomyces neuii* subsp. *neuii* DSM 8576_DSM	**2,174**	*Actinomyces neuii* B17945_03 IBS	**1,831**
1709	*Actinomyces neuii* subsp. *neuii* DSM 8576_DSM	**2,074**	*Actinomyces neuii* B17945_03 IBS	**1,583**
1804	*Actinomyces neuii* subsp. *neuii* DSM 8576_DSM	**2,138**	*Actinomyces neuii* B17945_03 IBS	**1,656**
1817	*Actinomyces neuii* subsp. *neuii* DSM 8576_DSM	**2,174**	*Actinomyces neuii* B17945_03 IBS	**1,729**
1988	*Actinomyces neuii* subsp. *neuii* DSM 8576_DSM	**2,190**	*Actinomyces neuii* B17945_03 IBS	**1,588**
2264	*Actinomyces neuii* subsp. *neuii* DSM 8576_DSM	**2,108**	*Actinomyces neuii* B17945_03 IBS	**1,865**
3094	*Actinomyces neuii* subsp. *neuii* DSM 8576_DSM	**2,097**	*Actinomyces neuii* B17945_03 IBS	**1,617**
3143	*Actinomyces neuii* subsp. *neuii* DSM 8576_DSM	**1,724**	*Aromatoleum terpenicum* pCyN1_MPB	**1,390**
3378	*Actinomyces neuii* subsp. *neuii* DSM 8576_DSM	**2,065**	*Actinomyces neuii* B17945_03 IBS	**1,542**
3387	*Actinomyces neuii* subsp. *neuii* DSM 8576_DSM	**2,075**	*Actinomyces neuii* B17945_03 IBS	**1,701**

Tabelle 12.7: *Actinomyces radingae*

Untersuchung von 3 Stämmen der Spezies *Actinomyces radingae* mit MALDI-TOF MS.
Die Bakterienstämme wurden kultiviert auf Columbia 5% Blutagarplatten für ca. 48 h bei 36°C unter 5%-CO_2-Atmosphäre.
Die Datenbank MALDI Biotyper 2.0 (Stand 15.10.09) enthielt 1 Datenbankeintrag *Actinomyces* radingae:
Actinomyces radingae DSM 9169_DSM

Stamm-nummer	Bakterienspezies mit dem besten Score-Wert	Score-Wert	Bakterienspezies mit dem zweitbesten Score-Wert	Score-Wert
969	*Actinomyces radingae* DSM 9169_DSM	**2,045**	*Listeria grayi* DSM 20601_DSM	**1,218**
2234	*Actinomyces radingae* DSM 9169_DSM	**2,005**	*Lactobacillus malefermentans* DSM 20570_DSM	**1,321**
3416	*Actinomyces radingae* DSM 9169_DSM	**1,973**	*Actinobaculum suis* DSM 20639_DSM	**1,130**

Tabelle 12.8: *Actinomyces turicensis*

Untersuchung von 13 Stämmen der Spezies *Actinomyces turicensis* mit MALDI-TOF MS.
Die Bakterienstämme wurden kultiviert auf Columbia 5% Blutagarplatten für ca. 24-48 h bei 36°C unter 5%-CO_2-Atmosphäre.
Die Datenbank MALDI Biotyper 2.0 (Stand 15.10.09) enthielt 1 Datenbankeintrag *Actinomyces turicensis*:
Actinomyces turicensis DSM 9168_DSM

Stamm-nummer	Bakterienspezies mit dem besten Score-Wert	Score-Wert	Bakterienspezies mit dem zweitbesten Score-Wert	Score-Wert
813	*Actinomyces turicensis* DSM 9168_DSM	**1,666**	*Lactobacillus paracasei* subsp. *paracasei* DSM 20020_DSM	**1,380**
970	*Actinomyces turicensis* DSM 9168_DSM	**1,776**	*Pannonibacter phragmitetus* LMG 5430 HAM	**1,350**
2271	*Actinomyces turicensis* DSM 9168_DSM	**1,778**	*Lactobacillus delbrueckii* subsp. *delbrueckii* DSM 20074T_DSM	**1,487**
2275	*Actinomyces turicensis* DSM 9168_DSM	**1,795**	*Lactobacillus paraplantarum* DSM 10667T_DSM	**1,333**
2305	*Actinomyces turicensis* DSM 9168_DSM	**1,697**	*Arthrobacter woluwensis* DSM 10495T_DSM	**1,330**
2351	*Actinomyces turicensis* DSM 9168_DSM	**1,642**	*Shewanella algae* DSM 9167 HAM	**1,447**
2363	*Actinomyces turicensis* DSM 9168_DSM	**1,775**	*Lactobacillus paraplantarum* DSM 10667T_DSM	**1,423**
2529	*Actinomyces turicensis* DSM 9168_DSM	**1,755**	*Lactobacillus vini* DSM 20605T_DSM	**1,470**
2581	*Actinomyces turicensis* DSM 9168_DSM	**1,721**	*Lactobacillus delbrueckii* subsp. *delbrueckii* DSM 20074T_DSM	**1,529**
3331	*Actinomyces turicensis* DSM 9168_DSM	**1,744**	*Lactobacillus vini* DSM 20605T_DSM	**1,342**
3485	*Actinomyces turicensis* DSM 9168_DSM	**1,732**	*Lactobacillus paracasei* subsp. *paracasei* DSM 20020_DSM	**1,603**
3487	*Actinomyces turicensis* DSM 9168_DSM	**1,735**	*Actinomyces hyovaginalis* DSM 10695_DSM	**1,261**
3505	*Actinomyces turicensis* DSM 9168_DSM	**1,769**	*Campylobacter jejuni* ATCC 29428 THL	**1,521**

Tabelle 12.9: *Arcanobacterium bernardiae*

Untersuchung von 13 Stämmen der Spezies *Arcanobacterium bernardiae* mit MALDI-TOF MS.

Die Bakterienstämme wurden kultiviert auf Columbia 5% Blutagarplatten für ca. 30-72 h bei 36°C unter 5%-CO_2-Atmosphäre.

Die Datenbank MALDI Biotyper 2.0 (Stand 15.10.09) enthielt 3 Datenbankeinträge *Arcanobacterium bernardiae*:

Arcanobacterium bernardiae DSM 9151_DSM

Arcanobacterium bernardiae DSM 9152_DSM

Arcanobacterium bernardiae DSM 9153_DSM

Stamm-nummer	Bakterienspezies mit dem besten Score-Wert	Score-Wert	Bakterienspezies mit dem zweitbesten Score-Wert	Score-Wert
G224	*Arcanobacterium bernardiae* DSM 9153_DSM	**2,153**	*Arcanobacterium bernardiae* DSM 9151_DSM	**2,074**
G246	*Arcanobacterium bernardiae* DSM 9151_DSM	**2,211**	*Arcanobacterium bernardiae* DSM 9153_DSM	**2,144**
G273	*Arcanobacterium bernardiae* DSM 9151_DSM	**2,072**	*Arcanobacterium bernardiae* DSM 9153_DSM	**1,869**
G410	*Arcanobacterium bernardiae* DSM 9153_DSM	**2,034**	*Arcanobacterium bernardiae* DSM 9151_DSM	**1,848**
G1052	*Arcanobacterium bernardiae* DSM 9151_DSM	**1,936**	*Arcanobacterium bernardiae* DSM 9153_DSM	**1,663**
G1141	*Arcanobacterium bernardiae* DSM 9153_DSM	**1,997**	*Arcanobacterium bernardiae* DSM 9152_DSM	**1,347**
2270	*Arcanobacterium bernardiae* DSM 9151_DSM	**1,972**	*Arcanobacterium bernardiae* DSM 9153_DSM	**1,846**
2403	*Arcanobacterium bernardiae* DSM 9151_DSM	**1,954**	*Arcanobacterium bernardiae* DSM 9153_DSM	**1,888**
3244	*Arcanobacterium bernardiae* DSM 9151_DSM	**2,165**	*Arcanobacterium bernardiae* DSM 9153_DSM	**1,871**
3330	*Arcanobacterium bernardiae* DSM 9151_DSM	**1,959**	*Arcanobacterium bernardiae* DSM 9152_DSM	**1,924**
3391	*Arcanobacterium bernardiae* DSM 9151_DSM	**1,872**	*Arcanobacterium bernardiae* DSM 9153_DSM	**1,542**
3459	*Arcanobacterium bernardiae* DSM 9151_DSM	**1,913**	*Arcanobacterium bernardiae* DSM 9153_DSM	**1,591**
3471	*Arcanobacterium bernardiae* DSM 9153_DSM	**1,779**	*Arcanobacterium bernardiae* DSM 9151_DSM	**1,765**

Tabelle 12.10: *Arcanobacterium haemolyticum*

Untersuchung von 27 Stämmen der Spezies *Arcanobacterium haemolyticum* mit MALDI-TOF MS.

Die Bakterienstämme wurden kultiviert auf Columbia 5% Blutagarplatten für ca. 36 h bei 36°C unter 5%-CO_2-Atmosphäre.

Die Datenbank MALDI Biotyper 2.0 (Stand 15.10.09) enthielt 3 Datenbankeinträge *Arcanobacterium haemolyticum*:

Arcanobacterium haemolyticum 117_x_8116_68_IBS

Arcanobacterium haemolyticum 119_x_G10739_70_IBS

Arcanobacterium haemolyticum DSM 20595_DSM

Stamm-nummer	Bakterienspezies mit dem besten Score-Wert	Score-Wert	Bakterienspezies mit dem zweitbesten Score-Wert	Score-Wert
G14	*Arcanobacterium haemolyticum* 119_x_G10739_70_IBS	**2,141**	*Arcanobacterium haemolyticum* 117_x_8116_68_IBS	**2,123**
G75	*Arcanobacterium haemolyticum* 119_x_G10739_70_IBS	**2,212**	*Arcanobacterium haemolyticum* 117_x_8116_68_IBS	**2,100**
G127	*Arcanobacterium haemolyticum* 119_x_G10739_70_IBS	**2,122**	*Arcanobacterium haemolyticum* 117_x_8116_68_IBS	**2,029**
G209	*Arcanobacterium haemolyticum* 119_x_G10739_70_IBS	**2,119**	*Arcanobacterium haemolyticum* 117_x_8116_68_IBS	**2,108**
G213	*Arcanobacterium haemolyticum* 119_x_G10739_70_IBS	**2,250**	*Arcanobacterium haemolyticum* 117_x_8116_68_IBS	**2,155**
G227	*Arcanobacterium haemolyticum* 117_x_8116_68_IBS	**2,175**	*Arcanobacterium haemolyticum* 119_x_G10739_70_IBS	**2,103**
G250	*Arcanobacterium haemolyticum* 119_x_G10739_70_IBS	**2,144**	*Arcanobacterium haemolyticum* 117_x_8116_68_IBS	**2,019**
G261	*Arcanobacterium haemolyticum* 119_x_G10739_70_IBS	**2,189**	*Arcanobacterium haemolyticum* 117_x_8116_68_IBS	**2,132**
G321	*Arcanobacterium haemolyticum* 117_x_8116_68_IBS	**2,084**	*Arcanobacterium haemolyticum* 119_x_G10739_70_IBS	**2,055**
G322	*Arcanobacterium haemolyticum* 117_x_8116_68_IBS	**2,140**	*Arcanobacterium haemolyticum* 119_x_G10739_70_IBS	**1,969**
G424	*Arcanobacterium haemolyticum* 119_x_G10739_70_IBS	**2,064**	*Arcanobacterium haemolyticum* 117_x_8116_68_IBS	**2,061**
G425	*Arcanobacterium haemolyticum* 117_x_8116_68_IBS	**2,136**	*Arcanobacterium haemolyticum* 119_x_G10739_70_IBS	**2,123**
G465	*Arcanobacterium haemolyticum* 119_x_G10739_70_IBS	**2,169**	*Arcanobacterium haemolyticum* 117_x_8116_68_IBS	**2,097**
G484	*Arcanobacterium haemolyticum* 119_x_G10739_70_IBS	**2,133**	*Arcanobacterium haemolyticum* 117_x_8116_68_IBS	**2,093**
G607	*Arcanobacterium haemolyticum* 119_x_G10739_70_IBS	**2,154**	*Arcanobacterium haemolyticum* 117_x_8116_68_IBS	**2,094**
G612	*Arcanobacterium haemolyticum* 119_x_G10739_70_IBS	**2,101**	*Arcanobacterium haemolyticum* 117_x_8116_68_IBS	**2,044**
892	*Arcanobacterium haemolyticum* 117_x_8116_68_IBS	**2,303**	*Arcanobacterium haemolyticum* 119_x_G10739_70_IBS	**2,191**
1315	*Arcanobacterium haemolyticum* 117_x_8116_68_IBS	**2,130**	*Arcanobacterium haemolyticum* 119_x_G10739_70_IBS	**1,990**
1497	*Arcanobacterium haemolyticum* 119_x_G10739_70_IBS	**2,130**	*Arcanobacterium haemolyticum* 117_x_8116_68_IBS	**2,116**
1835	*Arcanobacterium haemolyticum* 117_x_8116_68_IBS	**2,086**	*Arcanobacterium haemolyticum* 119_x_G10739_70_IBS	**1,933**

Fortsetzung Tabelle 12.10: *Arcanobacterium haemolyticum*

Stamm-nummer	Bakterienspezies mit dem besten Score-Wert	Score-Wert	Bakterienspezies mit dem zweitbesten Score-Wert	Score-Wert
2365	*Arcanobacterium haemolyticum* 117_x_8116_68_IBS	**2,227**	*Arcanobacterium haemolyticum* 119_x_G10739_70_IBS	**2,099**
2388	*Arcanobacterium haemolyticum* 119_x_G10739_70_IBS	**2,226**	*Arcanobacterium haemolyticum* 117_x_8116_68_IBS	**2,129**
2392	*Arcanobacterium haemolyticum* 119_x_G10739_70_IBS	**2,202**	*Arcanobacterium haemolyticum* 117_x_8116_68_IBS	**2,139**
2424	*Arcanobacterium haemolyticum* 117_x_8116_68_IBS	**2,201**	*Arcanobacterium haemolyticum* 119_x_G10739_70_IBS	**2,029**
2535	*Arcanobacterium haemolyticum* 117_x_8116_68_IBS	**2,135**	*Arcanobacterium haemolyticum* 119_x_G10739_70_IBS	**2,129**
3130	*Arcanobacterium haemolyticum* 117_x_8116_68_IBS	**2,189**	*Arcanobacterium haemolyticum* 119_x_G10739_70_IBS	**2,157**
3158	*Arcanobacterium haemolyticum* 117_x_8116_68_IBS	**2,153**	*Arcanobacterium haemolyticum* 119_x_G10739_70_IBS	**2,093**

Tabelle 12.11: *Arcanobacterium pyogenes*

Untersuchung von 5 Stämmen der Spezies *Arcanobacterium pyogenes* mit MALDI-TOF MS.

Die Bakterienstämme wurden kultiviert auf Columbia 5% Blutagarplatten für ca. 72 h bei 36°C unter 5%-CO_2-Atmosphäre.

Die Datenbank MALDI Biotyper 2.0 (Stand 15.10.09) enthielt 2 Datenbankeinträge *Arcanobacterium pyogenes*:

Arcanobacterium pyogenes DSM 20594_DSM

Arcanobacterium pyogenes DSM 20630_DSM

Stamm-nummer	Bakterienspezies mit dem besten Score-Wert	Score-Wert	Bakterienspezies mit dem zweitbesten Score-Wert	Score-Wert
518	*Arcanobacterium pyogenes* DSM 20594_DSM	**1,478**	*Lactobacillus mali* DSM 20444_DSM	**1,462**
937^{T}	*Arcanobacterium pyogenes* DSM 20594_DSM	**1,582**	*Arcanobacterium pyogenes* DSM 20630_DSM	**1,480**
938	*Arcanobacterium pyogenes* DSM 20594_DSM	**1,459**	*Sphingomonas faeni* DSM 14747 HAM	**1,257**
939	*Arcanobacterium pyogenes* DSM 20594_DSM	**1,581**	*Staphylococcus epidermidis* ATCC 12228 THL	**1,347**
940	*Arcanobacterium pyogenes* DSM 20594_DSM	**1,593**	*Clostridium novyi* A 1025_NCTC 538_BOG	**1,404**

Tabelle 12.12: *Arthrobacter cumminsii*

Untersuchung von 25 Stämmen der Spezies *Arthrobacter cumminsii* mit MALDI-TOF MS.

Die Bakterienstämme wurden kultiviert auf Columbia 5% Blutagarplatten für ca. 36-48 h bei 36°C unter 5%-CO_2-Atmosphäre.

Die Datenbank MALDI Biotyper 2.0 (Stand 15.10.09) enthielt 1 Datenbankeintrag *Arthrobacter cumminsii*: *Arthrobacter cumminsii* C2 MVO

Stamm-nummer	Bakterienspezies mit dem besten Score-Wert	Score-Wert	Bakterienspezies mit dem zweitbesten Score-Wert	Score-Wert
G124	*Arthrobacter cumminsii* C2 MVO	**1,698**	*Plesiomonas shigelloides* CCM 1996 CCM	**1,219**
G219	*Arthrobacter cumminsii* C2 MVO	**1,780**	*Sphingobium chlorophenolicum* DSM 7098 HAM	**1,273**
G300	*Arthrobacter cumminsii* C2 MVO	**1,677**	*Acetobacter pasteurianus* B219_UFL	**1,292**
G352	*Arthrobacter cumminsii* C2 MVO	**1,755**	*Colletotrichum gloeosporioides* CBS 100471_CBS	**1,336**
G664	*Arthrobacter cumminsii* C2 MVO	**1,329**	*Kocuria rosea* IMET 11363 DSM 20447 HKJ	**1,300**
G720	*Arthrobacter cumminsii* C2 MVO	**1,606**	*Ochrobactrum gallinifaecis* DSM 15295 HAM	**1,215**
G740	*Arthrobacter cumminsii* C2 MVO	**1,401**	*Clostridium difficile* MB_7869_05 THL	**1,372**
G742	*Arthrobacter cumminsii* C2 MVO	**1,824**	*Pseudomonas pictorum* LMG 981 HAM	**1,283**
445	*Arthrobacter cumminsii* C2 MVO	**1,845**	*Streptomyces viridosporus* B193 UFL	**1,245**
483	*Arthrobacter cumminsii* C2 MVO	**1,542**	*Arthrobacter roseus* DSM 14508T_DSM	**1,256**
537	*Arthrobacter cumminsii* C2 MVO	**1,575**	*Streptomyces viridosporus* B193 UFL	**1,403**
1361	*Arthrobacter cumminsii* C2 MVO	**1,526**	*Colletotrichum gloeosporioides* CBS 100471_CBS	**1,317**
1378	*Arthrobacter cumminsii* C2 MVO	**1,578**	*Staphylococcus arlettae* DSM 20673	**1,265**
1391	*Arthrobacter cumminsii* C2 MVO	**1,555**	*Staphylococcus arlettae* DSM 20673	**1,382**
1490	*Staphylococcus arlettae* DSM 20672	**1,410**	*Arthrobacter cumminsii* C2 MVO	**1,298**
1515	*Lactobacillus paracasei* subsp. *paracasei* DSM 20006_DSM	**1,306**	*Arthrobacter uratoxydans* DSM 20648_DSM	**1,288**
2279	*Arthrobacter cumminsii* C2 MVO	**1,820**	*Neisseria meningitidis* Serogruppe_Y_BRL	**1,214**
2358	*Arthrobacter cumminsii* C2 MVO	**1,642**	*Streptomyces viridosporus* B193 UFL	**1,253**
2554	*Acidovorax temperans* DSM 7270 HAM	**1,395**	*Staphylococcus cohnii* subsp. *urealyticum* DSM 6719	**1,327**
2558	*Arthrobacter cumminsii* C2 MVO	**1,705**	*Plesiomonas shigelloides* CCM 1996 CCM	**1,354**
2591	*Arthrobacter cumminsii* C2 MVO	**1,821**	*Lactobacillus pentosus* DSM 20314_DSM	**1,221**
3147	*Arthrobacter cumminsii* C2 MVO	**1,787**	*Listeria monocytogenes* MB_1601_05 THL	**1,329**
3406	*Arthrobacter cumminsii* C2 MVO	**1,574**	*Arthrobacter ardleyensis* DSM 17432T_DSM	**1,327**
3419	*Arthrobacter woluwensis* DSM 10495T_DSM	**1,345**	*Listeria monocytogenes* DSM 20600_DSM	**1,241**
3452	*Listeria monocytogenes* Mb19348_1 CHB	**1,421**	*Pseudomonas extremorientalis* DSM 15824T HAM	**1,315**

Tabelle 12.13: *Arthrobacter oxydans*

Untersuchung von 9 Stämmen der Spezies *Arthrobacter oxydans* mit MALDI-TOF MS.

Die Bakterienstämme wurden kultiviert auf Columbia 5% Blutagarplatten für ca. 36-48 h bei 36°C unter 5%-CO_2-Atmosphäre.

Die Datenbank MALDI Biotyper 2.0 (Stand 15.10.09) enthielt 2 Datenbankeinträge *Arthrobacter oxydans*:

Arthrobacter oxydans DSM 20119T_DSM

Arthrobacter oxydans IMET 10684 DSM 20119 HKJ

Stamm-nummer	Bakterienspezies mit dem besten Score-Wert	Score-Wert	Bakterienspezies mit dem zweitbesten Score-Wert	Score-Wert
G115	*Arthrobacter scleromae* DSM 17756T_DSM	**2,443**	*Arthrobacter polychromogenes* DSM 20136T_DSM	**2,394**
G120	*Arthrobacter oxydans* DSM 20119T_DSM	**2,328**	*Arthrobacter scleromae* DSM 17756T_DSM	**2,238**
1369	*Arthrobacter scleromae* DSM 17756T_DSM	**2,392**	*Arthrobacter polychromogenes* DSM 20136T_DSM	**2,358**
1655	*Arthrobacter oxydans* DSM 20119T_DSM	**1,921**	*Arthrobacter polychromogenes* DSM 20136T_DSM	**1,805**
1656	*Arthrobacter scleromae* DSM 17756T_DSM	**2,173**	*Arthrobacter polychromogenes* DSM 20136T_DSM	**2,132**
1659	*Arthrobacter oxydans* DSM 20119T_DSM	**2,127**	*Arthrobacter oxydans* IMET 10684 DSM 20119 HKJ	**2,022**
1660	*Arthrobacter oxydans* IMET 10684 DSM 20119 HKJ	**2,059**	*Arthrobacter oxydans* DSM 20119T_DSM	**1,977**
1662	*Arthrobacter scleromae* DSM 17756T_DSM	**2,405**	*Arthrobacter polychromogenes* DSM 20136T_DSM	**2,283**
1663	*Arthrobacter scleromae* DSM 17756T_DSM	**2,320**	*Arthrobacter oxydans* DSM 20119T_DSM	**2,292**

Tabelle 12.14: *Brevibacterium casei*

Untersuchung von 38 Stämmen der Spezies *Brevibacterium casei* mit MALDI-TOF MS.

Die Bakterienstämme wurden kultiviert auf Columbia 5% Blutagarplatten für ca. 48-60 h bei 36°C unter 5%-CO_2-Atmosphäre.

Die Datenbank MALDI Biotyper 2.0 (Stand 15.10.09) enthielt 1 Datenbankeintrag *Brevibacterium casei*:

Brevibacterium casei IMET 10997 DSM 20657 HKJ

Stamm-nummer	Bakterienspezies mit dem besten Score-Wert	Score-Wert	Bakterienspezies mit dem zweitbesten Score-Wert	Score-Wert
106	*Brevibacterium casei* IMET 10997 DSM 20657 HKJ	**2,064**	*Lactobacillus coryniformis* subsp. *torquens* DSM 20005_DSM	**1,313**
108	*Brevibacterium celere* DSM 15453T DSM	**1,958**	*Brevibacterium casei* IMET 10997 DSM 20657 HKJ	**1,619**
142	*Brevibacterium casei* IMET 10997 DSM 20657 HKJ	**2,507**	*Arthrobacter ardleyensis* DSM 17432T_DSM	**1,487**
156	*Brevibacterium casei* IMET 10997 DSM 20657 HKJ	**2,385**	*Arthrobacter bergerei* DSM 16367T_DSM	**1,336**
254	*Brevibacterium casei* IMET 10997 DSM 20657 HKJ	**2,456**	*Arthrobacter ardleyensis* DSM 17432T_DSM	**1,392**
381^T	*Brevibacterium casei* IMET 10997 DSM 20657 HKJ	**2,314**	*Burkholderia phenazinium* DSM 10684 HAM	**1,380**

Fortsetzung Tabelle 12.14: *Brevibacterium casei*

Stamm-nummer	Bakterienspezies mit dem besten Score-Wert	Score-Wert	Bakterienspezies mit dem zweitbesten Score-Wert	Score-Wert
384	*Brevibacterium casei* IMET 10997 DSM 20657 HKJ	**2,356**	*Arthrobacter bergerei* DSM 16367T_DSM	**1,353**
392	*Brevibacterium casei* IMET 10997 DSM 20657 HKJ	**2,034**	*Lactobacillus plantarum* DSM 2648_DSM	**1,395**
393	*Brevibacterium casei* IMET 10997 DSM 20657 HKJ	**2,117**	*Burkholderia phenazinium* DSM 10684 HAM	**1,269**
402	*Brevibacterium casei* IMET 10997 DSM 20657 HKJ	**2,260**	*Chryseobacterium joostei* LMG 18212 HAM	**1,298**
414	*Brevibacterium celere* DSM 15453T DSM	**2,196**	*Brevibacterium casei* IMET 10997 DSM 20657 HKJ	**1,691**
464	*Brevibacterium casei* IMET 10997 DSM 20657 HKJ	**2,185**	*Brevibacterium celere* DSM 15453T DSM	**1,380**
466	*Brevibacterium casei* IMET 10997 DSM 20657 HKJ	**1,976**	*Burkholderia multivorans* LMG 14293 HAM	**1,455**
470	*Brevibacterium celere* DSM 15453T DSM	**2,162**	*Brevibacterium casei* IMET 10997 DSM 20657 HKJ	**1,770**
481	*Brevibacterium casei* IMET 10997 DSM 20657 HKJ	**2,453**	*Arthrobacter bergerei* DSM 16367T_DSM	**1,346**
482	*Brevibacterium casei* IMET 10997 DSM 20657 HKJ	**2,468**	*Arthrobacter ardleyensis* DSM 17432T_DSM	**1,367**
484	*Brevibacterium casei* IMET 10997 DSM 20657 HKJ	**2,274**	*Brevundimonas nasdae* DSM 14572 HAM	**1,407**
485	*Brevibacterium casei* IMET 10997 DSM 20657 HKJ	**2,437**	*Arthrobacter bergerei* DSM 16367T_DSM	**1,369**
487	*Brevibacterium casei* IMET 10997 DSM 20657 HKJ	**2,120**	*Arthrobacter bergerei* DSM 16367T_DSM	**1,432**
488	*Brevibacterium casei* IMET 10997 DSM 20657 HKJ	**2,171**	*Arthrobacter ardleyensis* DSM 17432T_DSM	**1,349**
532	*Brevibacterium casei* IMET 10997 DSM 20657 HKJ	**2,040**	*Burkholderia vietnamiensis* LMG 10929 HAM	**1,525**
534	*Brevibacterium casei* IMET 10997 DSM 20657 HKJ	**2,492**	*Pandoraea apista* LMG 16407 HAM	**1,239**
543	*Brevibacterium casei* IMET 10997 DSM 20657 HKJ	**2,321**	*Arthrobacter ardleyensis* DSM 17432T_DSM	**1,357**
544	*Brevibacterium casei* IMET 10997 DSM 20657 HKJ	**2,467**	*Lactobacillus oris* DSM 4865_DSM	**1,345**
553	*Brevibacterium casei* IMET 10997 DSM 20657 HKJ	**2,156**	*Burkholderia phymatum* LMG 21445 HAM	**1,355**
559	*Brevibacterium casei* IMET 10997 DSM 20657 HKJ	**2,041**	*Clostridium spiroforme* 1047_NCTC 11211_BOG	**1,287**
572	*Brevibacterium casei* IMET 10997 DSM 20657 HKJ	**2,480**	*Lactobacillus coryniformis* subsp. *torquens* DSM 20004T_DSM	**1,395**
583	*Brevibacterium casei* IMET 10997 DSM 20657 HKJ	**2,075**	*Brevibacterium celere* DSM 15453T DSM	**1,388**
584	*Brevibacterium casei* IMET 10997 DSM 20657 HKJ	**2,481**	*Arthrobacter ardleyensis* DSM 17432T_DSM	**1,417**

Fortsetzung Tabelle 12.14: *Brevibacterium casei*

Stamm-nummer	Bakterienspezies mit dem besten Score-Wert	Score-Wert	Bakterienspezies mit dem zweitbesten Score-Wert	Score-Wert
585	*Brevibacterium casei* IMET 10997 DSM 20657 HKJ	**2,563**	*Lactobacillus parabuchneri* DSM 5706_DSM	**1,343**
589	*Brevibacterium casei* IMET 10997 DSM 20657 HKJ	**2,408**	*Lactobacillus satsumensis* DSM 16230T_DSM	**1,617**
590	*Brevibacterium casei* IMET 10997 DSM 20657 HKJ	**2,277**	*Arthrobacter ardleyensis* DSM 17432T_DSM	**1,345**
594	*Brevibacterium casei* IMET 10997 DSM 20657 HKJ	**2,357**	*Lactobacillus satsumensis* DSM 16230T_DSM	**1,302**
605	*Brevibacterium casei* IMET 10997 DSM 20657 HKJ	**2,596**	*Arthrobacter ardleyensis* DSM 17432T_DSM	**1,438**
606	*Brevibacterium casei* IMET 10997 DSM 20657 HKJ	**2,449**	*Arthrobacter ardleyensis* DSM 17432T_DSM	**1,442**
612	*Brevibacterium casei* IMET 10997 DSM 20657 HKJ	**2,077**	*Arthrobacter ardleyensis* DSM 17432T_DSM	**1,274**
613	*Brevibacterium casei* IMET 10997 DSM 20657 HKJ	**2,387**	*Lactobacillus parabuchneri* DSM 5706_DSM	**1,295**
617	*Brevibacterium casei* IMET 10997 DSM 20657 HKJ	**2,599**	*Lactobacillus satsumensis* DSM 16230T_DSM	**1,404**

Tabelle 12.15: *Brevibacterium epidermidis*

Untersuchung von einem Stamm der Spezies *Brevibacterium epidermidis* mit MALDI-TOF MS.

Der Bakterienstamm wurde kultiviert auf Columbia 5% Blutagarplatten für ca. 30 h bei 36°C unter 5%-CO_2-Atmosphäre.

Die Datenbank MALDI Biotyper 2.0 (Stand 15.10.09) enthielt 1 Datenbankeintrag *Brevibacterium epidermidis*:

Brevibacterium epidermidis IMET 10998 DSM 20660 HKJ

Stamm-nummer	Bakterienspezies mit dem besten Score-Wert	Score-Wert	Bakterienspezies mit dem zweitbesten Score-Wert	Score-Wert
603^T	*Brevibacterium epidermidis* IMET 10998 DSM 20660 HKJ	**2,234**	*Cellulomonas flavigena* IMET 10357 DSM 20109 HKJ	**2,094**

Tabelle 12.16: *Brevibacterium mcbrellneri*

Untersuchung von 7 Stämmen der Spezies *Brevibacterium mcbrellneri* mit MALDI-TOF MS.

Die Bakterienstämme wurden kultiviert auf Columbia 5% Blutagarplatten für ca. 30 h bei 36°C unter 5%-CO_2-Atmosphäre.

Die Datenbank MALDI Biotyper 2.0 (Stand 15.10.09) enthielt keinen Datenbankeintrag *Brevibacterium mcbrellneri*.

Stamm-nummer	Bakterienspezies mit dem besten Score-Wert	Score-Wert	Bakterienspezies mit dem zweitbesten Score-Wert	Score-Wert
670	*Listeria welshimeri* DSM 20650_DSM	**1,324**	*Lactobacillus reuteri* DSM 20053_DSM	**1,306**
1245	*Arthrobacter ardleyensis* DSM 17432T_DSM	**1,538**	*Lactobacillus oris* DSM 4865_DSM	**1,292**
1246	*Arthrobacter ardleyensis* DSM 17432T_DSM	**1,523**	*Arthrobacter bergerei* DSM 16367T_DSM	**1,401**
1248	*Arthrobacter ardleyensis* DSM 17432T_DSM	**1,359**	*Bifidobacterium adolescentis* DSM 20087 DSM	**1,341**
1249	*Lactobacillus brevis* DSM 1268_DSM	**1,399**	*Arthrobacter ardleyensis* DSM 17432T_DSM	**1,381**
1250	*Arthrobacter ardleyensis* DSM 17432T_DSM	**1,555**	*Arthrobacter bergerei* DSM 16367T_DSM	**1,366**
3092	*Lactobacillus kefiri* DSM 20588_DSM	**1,446**	*Arthrobacter ardleyensis* DSM 17432T_DSM	**1,375**

Tabelle 12.17: *Corynebacterium accolens*

Untersuchung von einem Stamm der Spezies *Corynebacterium accolens* mit MALDI-TOF MS.

Der Bakterienstamm wurde kultiviert auf Columbia 5% Blutagarplatten für ca. 24 h bei 36°C unter 5%-CO_2-Atmosphäre.

Die Datenbank MALDI Biotyper 2.0 (Stand 15.10.09) enthielt 4 Datenbankeinträge *Corynebacterium accolens*:

Corynebacterium accolens 87_D5 coll_ISB

Corynebacterium accolens 88_D5 coll ISB

Corynebacterium accolens DSM 44278_DSM

Corynebacterium accolens x_x_28779_H_IBS

Stamm-nummer	Bakterienspezies mit dem besten Score-Wert	Score-Wert	Bakterienspezies mit dem zweitbesten Score-Wert	Score-Wert
3482	*Corynebacterium accolens* x_x_28779_H_IBS	**2,008**	*Corynebacterium accolens* DSM 44278_DSM	**1,683**

Tabelle 12.18: *Corynebacterium afermentans* subsp. *afermentans*

Untersuchung von 7 Stämmen der Spezies *Corynebacterium afermentans* subsp. *afermentans* mit MALDI-TOF MS.
Die Bakterienstämme wurden kultiviert auf Columbia 5% Blutagarplatten für ca. 24-48 h bei 36°C unter 5%-CO_2-Atmosphäre.
Die Datenbank MALDI Biotyper 2.0 (Stand 15.10.09) enthielt 5 Datenbankeinträge *Corynebacterium afermentans* subsp. *afermentans*:
Corynebacterium afermentans subsp. *afermentans* 72_D4 coll ISB
Corynebacterium afermentans subsp. *afermentans* 73_D4 coll ISB
Corynebacterium afermentans subsp. *afermentans* 74_D4 coll ISB
Corynebacterium afermentans subsp. *afermentans* 78_D4 coll ISB
Corynebacterium afermentans subsp. *afermentans* DSM 44280_DSM

Stamm-nummer	Bakterienspezies mit dem besten Score-Wert	Score-Wert	Bakterienspezies mit dem zweitbesten Score-Wert	Score-Wert
545[1]	*Corynebacterium afermentans* subsp. *afermentans* 72_D4 coll ISB	**2,242**	*Corynebacterium afermentans* subsp. *afermentans* DSM 44280_DSM	**2,005**
1305	*Corynebacterium afermentans* subsp. *afermentans* 72_D4 coll ISB	**1,734**	*Corynebacterium afermentans* subsp. *afermentans* 78_D4 coll ISB	**1,462**
1383	*Corynebacterium afermentans* subsp. *afermentans* 78_D4 coll ISB	**2,096**	*Corynebacterium afermentans* subsp. *afermentans* 73_D4 coll ISB	**1,904**
1768	*Corynebacterium afermentans* subsp. *afermentans* 72_D4 coll ISB	**1,852**	*Corynebacterium afermentans* subsp. *afermentans* 73_D4 coll ISB	**1,660**
1829	*Corynebacterium afermentans* subsp. *afermentans* 72_D4 coll ISB	**1,535**	*Corynebacterium afermentans* subsp. *afermentans* 74_D4 coll ISB	**1,358**
2118	*Corynebacterium afermentans* subsp. *afermentans* 78_D4 coll ISB	**2,154**	*Corynebacterium afermentans* subsp. *afermentans* 72_D4 coll ISB	**2,062**
2268	*Corynebacterium afermentans* subsp. *afermentans* 72_D4 coll ISB	**1,772**	*Corynebacterium afermentans* subsp. *afermentans* DSM 44280_DSM	**1,347**

Tabelle 12.19: *Corynebacterium afermentans* subsp. *lipophilum*

Untersuchung von 4 Stämmen der Spezies *Corynebacterium afermentans* subsp. *lipophilum* mit MALDI-TOF MS.
Die Bakterienstämme wurden kultiviert auf Columbia 5% Blutagarplatten für ca. 24-72 h bei 36°C unter 5%-CO_2-Atmosphäre.
Die Datenbank MALDI Biotyper 2.0 (Stand 15.10.09) enthielt 1 Datenbankeintrag *Corynebacterium afermentans* subsp. *lipophilum*:
Corynebacterium afermentans subsp. *lipophilum* DSM 44282_DSM

Stamm-nummer	Bakterienspezies mit dem besten Score-Wert	Score-Wert	Bakterienspezies mit dem zweitbesten Score-Wert	Score-Wert
886	*Corynebacterium afermentans* subsp. *afermentans* 73_D4 coll ISB	**1,474**	*Aeromonas veronii* CECT 4257T_DSM	**1,306**
997	*Corynebacterium afermentans* subsp. *lipophilum* DSM 44282_DSM	**1,522**	*Pseudomonas oryzihabitans* DSM 6835T HAM	**1,276**
1063	*Clostridium perfringens* B 1971_ATCC 3626_BOG	**1,329**	*Corynebacterium afermentans* subsp. *afermentans* DSM 44280_DSM	**1,295**
1996	*Clostridium bifermentans* 2273_Schweden 35297_BOG	**1,422**	*Enterococcus faecium* VRE (PX) 16086218_MLD	**1,414**

Tabelle 12.20: *Corynebacterium amycolatum*

Untersuchung von 53 Stämmen der Spezies *Corynebacterium amycolatum* mit MALDI-TOF MS.

Die Bakterienstämme wurden kultiviert auf Columbia 5% Blutagarplatten für ca. 30-60 h bei 36°C unter 5%-CO_2-Atmosphäre.

Die Datenbank MALDI Biotyper 2.0 (Stand 15.10.09) enthielt 4 Datenbankeinträge *Corynebacterium amycolatum*:

Corynebacterium amycolatum 100_28_B77962_42_IBS

Corynebacterium amycolatum 128_x_A5608_63_IBS

Corynebacterium amycolatum (PX) 25086111_MLD

Corynebacterium amycolatum DSM 6922_DSM

Stamm-nummer	**Bakterienspezies mit dem besten Score-Wert**	**Score-Wert**	**Bakterienspezies mit dem zweitbesten Score-Wert**	**Score-Wert**
36	*Corynebacterium amycolatum* (PX) 25086111_MLD	**1,926**	*Corynebacterium amycolatum* 100_28_B77962_42_IBS	**1,897**
63	*Corynebacterium amycolatum* (PX) 25086111_MLD	**2,052**	*Corynebacterium amycolatum* 100_28_B77962_42_IBS	**1,875**
69	*Corynebacterium amycolatum* (PX) 25086111_MLD	**1,949**	*Corynebacterium amycolatum* DSM 6922_DSM	**1,792**
72	*Corynebacterium amycolatum* (PX) 25086111_MLD	**2,004**	*Corynebacterium amycolatum* 100_28_B77962_42_IBS	**1,687**
103	*Corynebacterium amycolatum* (PX) 25086111_MLD	**1,877**	*Corynebacterium amycolatum* 128_x_A5608_63_IBS	**1,467**
183	*Corynebacterium amycolatum* 100_28_B77962_42_IBS	**1,912**	*Corynebacterium amycolatum* (PX) 25086111_MLD	**1,863**
213	*Corynebacterium amycolatum* (PX) 25086111_MLD	**2,076**	*Corynebacterium amycolatum* 100_28_B77962_42_IBS	**1,788**
265	*Corynebacterium amycolatum* (PX) 25086111_MLD	**1,956**	*Corynebacterium amycolatum* 100_28_B77962_42_IBS	**1,924**
274	*Corynebacterium amycolatum* (PX) 25086111_MLD	**2,109**	*Corynebacterium amycolatum* 100_28_B77962_42_IBS	**2,033**
278	*Corynebacterium amycolatum* (PX) 25086111_MLD	**2,016**	*Corynebacterium amycolatum* 100_28_B77962_42_IBS	**2,002**
307	*Corynebacterium amycolatum* (PX) 25086111_MLD	**2,026**	*Corynebacterium amycolatum* 100_28_B77962_42_IBS	**1,971**
323	*Corynebacterium amycolatum* (PX) 25086111_MLD	**1,972**	*Corynebacterium amycolatum* 128_x_A5608_63_IBS	**1,803**
345	*Corynebacterium amycolatum* DSM 6922_DSM	**2,098**	*Corynebacterium amycolatum* (PX) 25086111_MLD	**2,011**
455[I]	*Corynebacterium amycolatum* (PX) 25086111_MLD	**2,009**	*Corynebacterium amycolatum* 128_x_A5608_63_IBS	**1,848**
458	*Corynebacterium amycolatum* (PX) 25086111_MLD	**1,953**	*Corynebacterium amycolatum* 100_28_B77962_42_IBS	**1,729**
546	*Corynebacterium amycolatum* (PX) 25086111_MLD	**1,925**	*Corynebacterium amycolatum* 128_x_A5608_63_IBS	**1,894**
548	*Corynebacterium amycolatum* (PX) 25086111_MLD	**1,973**	*Corynebacterium amycolatum* 100_28_B77962_42_IBS	**1,752**
1023	*Corynebacterium amycolatum* 100_28_B77962_42_IBS	**2,096**	*Corynebacterium amycolatum* (PX) 25086111_MLD	**2,002**
1444	*Corynebacterium amycolatum* 128_x_A5608_63_IBS	**1,716**	*Corynebacterium amycolatum* (PX) 25086111_MLD	**1,662**

Fortsetzung Tabelle 12.20: *Corynebacterium amycolatum*

Stamm-nummer	Bakterienspezies mit dem besten Score-Wert	Score-Wert	Bakterienspezies mit dem zweitbesten Score-Wert	Score-Wert
1573	*Corynebacterium amycolatum* (PX) 25086111_MLD	**2,116**	*Corynebacterium amycolatum* 100_28_B77962_42_IBS	**1,866**
1602	*Corynebacterium amycolatum* (PX) 25086111_MLD	**1,774**	*Corynebacterium amycolatum* 128_x_A5608_63_IBS	**1,651**
1646	*Corynebacterium amycolatum* (PX) 25086111_MLD	**1,876**	*Corynebacterium amycolatum* 100_28_B77962_42_IBS	**1,816**
1647	*Corynebacterium amycolatum* (PX) 25086111_MLD	**1,951**	*Corynebacterium amycolatum* 100_28_B77962_42_IBS	**1,951**
1765	*Corynebacterium amycolatum* (PX) 25086111_MLD	**2,072**	*Corynebacterium amycolatum* 100_28_B77962_42_IBS	**2,026**
1767	*Corynebacterium amycolatum* (PX) 25086111_MLD	**2,117**	*Corynebacterium amycolatum* 100_28_B77962_42_IBS	**2,049**
1788	*Corynebacterium amycolatum* 100_28_B77962_42_IBS	**2,050**	*Corynebacterium amycolatum* (PX) 25086111_MLD	**1,985**
1792	*Corynebacterium amycolatum* (PX) 25086111_MLD	**2,128**	*Corynebacterium amycolatum* 100_28_B77962_42_IBS	**1,931**
1808	*Corynebacterium amycolatum* (PX) 25086111_MLD	**2,010**	*Corynebacterium amycolatum* 100_28_B77962_42_IBS	**1,967**
1819	*Corynebacterium amycolatum* 100_28_B77962_42_IBS	**2,178**	*Corynebacterium amycolatum* (PX) 25086111_MLD	**2,052**
1825	*Corynebacterium amycolatum* 100_28_B77962_42_IBS	**1,983**	*Corynebacterium amycolatum* (PX) 25086111_MLD	**1,971**
1826	*Corynebacterium amycolatum* DSM 6922_DSM	**2,062**	*Corynebacterium amycolatum* 128_x_A5608_63_IBS	**1,986**
1840	*Corynebacterium amycolatum* (PX) 25086111_MLD	**1,952**	*Corynebacterium amycolatum* 100_28_B77962_42_IBS	**1,912**
1856	*Corynebacterium amycolatum* (PX) 25086111_MLD	**2,015**	*Corynebacterium amycolatum* 100_28_B77962_42_IBS	**1,895**
1857	*Corynebacterium amycolatum* (PX) 25086111_MLD	**2,031**	*Corynebacterium amycolatum* 100_28_B77962_42_IBS	**1,917**
1858	*Corynebacterium amycolatum* (PX) 25086111_MLD	**1,968**	*Corynebacterium amycolatum* 100_28_B77962_42_IBS	**1,910**
1859	*Corynebacterium amycolatum* (PX) 25086111_MLD	**2,036**	*Corynebacterium amycolatum* 100_28_B77962_42_IBS	**1,963**
1860	*Corynebacterium amycolatum* (PX) 25086111_MLD	**2,010**	*Corynebacterium amycolatum* 100_28_B77962_42_IBS	**1,941**
1875	*Corynebacterium amycolatum* (PX) 25086111_MLD	**2,089**	*Corynebacterium amycolatum* 100_28_B77962_42_IBS	**1,977**
1886	*Corynebacterium amycolatum* (PX) 25086111_MLD	**1,949**	*Corynebacterium amycolatum* 100_28_B77962_42_IBS	**1,833**
1887	*Corynebacterium amycolatum* (PX) 25086111_MLD	**2,086**	*Corynebacterium amycolatum* 100_28_B77962_42_IBS	**1,974**
1928	*Corynebacterium amycolatum* (PX) 25086111_MLD	**1,901**	*Corynebacterium amycolatum* 100_28_B77962_42_IBS	**1,745**
1940	*Corynebacterium amycolatum* 100_28_B77962_42_IBS	**2,055**	*Corynebacterium amycolatum* (PX) 25086111_MLD	**2,000**

Fortsetzung Tabelle 12.20: *Corynebacterium amycolatum*

Stamm-nummer	Bakterienspezies mit dem besten Score-Wert	Score-Wert	Bakterienspezies mit dem zweitbesten Score-Wert	Score-Wert
1941	*Corynebacterium amycolatum* 100_28_B77962_42_IBS	**1,936**	*Corynebacterium amycolatum* (PX) 25086111_MLD	**1,918**
1966	*Corynebacterium amycolatum* (PX) 25086111_MLD	**2,076**	*Corynebacterium amycolatum* 100_28_B77962_42_IBS	**2,067**
1971	*Corynebacterium amycolatum* (PX) 25086111_MLD	**2,084**	*Corynebacterium amycolatum* 100_28_B77962_42_IBS	**1,988**
1979	*Corynebacterium amycolatum* (PX) 25086111_MLD	**2,084**	*Corynebacterium amycolatum* 100_28_B77962_42_IBS	**2,042**
1983	*Corynebacterium amycolatum* (PX) 25086111_MLD	**1,978**	*Corynebacterium amycolatum* 100_28_B77962_42_IBS	**1,891**
2034	*Corynebacterium amycolatum* (PX) 25086111_MLD	**2,121**	*Corynebacterium amycolatum* 100_28_B77962_42_IBS	**1,903**
2035	*Corynebacterium amycolatum* 100_28_B77962_42_IBS	**1,952**	*Corynebacterium amycolatum* (PX) 25086111_MLD	**1,942**
2043	*Corynebacterium amycolatum* (PX) 25086111_MLD	**2,148**	*Corynebacterium amycolatum* 100_28_B77962_42_IBS	**1,798**
2816	*Corynebacterium amycolatum* 100_28_B77962_42_IBS	**2,066**	*Corynebacterium amycolatum* (PX) 25086111_MLD	**1,957**
3609	*Corynebacterium amycolatum* (PX) 25086111_MLD	**1,937**	*Corynebacterium amycolatum* 100_28_B77962_42_IBS	**1,870**
G659	*Corynebacterium amycolatum* (PX) 25086111_MLD	**1,945**	*Corynebacterium amycolatum* DSM 6922_DSM	**1,941**

Tabelle 12.21: *Corynebacterium argentoratense*

Untersuchung von 11 Stämmen der Spezies *Corynebacterium argentoratense* mit MALDI-TOF MS.

Die Bakterienstämme wurden kultiviert auf Columbia 5% Blutagarplatten für ca. 36-48 h bei 36°C unter 5%-CO_2-Atmosphäre.

Die Datenbank MALDI Biotyper 2.0 (Stand 15.10.09) enthielt 2 Datenbankeinträge *Corynebacterium argentoratense*:

Corynebacterium argentoratense 111_19_B2155_53_IBS

Corynebacterium argentoratense DSM 44202_DSM

Stamm-nummer	**Bakterienspezies mit dem besten Score-Wert**	**Score-Wert**	**Bakterienspezies mit dem zweitbesten Score-Wert**	**Score-Wert**
1187	*Corynebacterium argentoratense* 111_19_B2155_53_IBS	**2,224**	*Corynebacterium argentoratense* DSM 44202_DSM	**2,208**
1336	*Corynebacterium argentoratense* DSM 44202_DSM	**2,320**	*Corynebacterium argentoratense* 111_19_B2155_53_IBS	**2,217**
1619	*Corynebacterium argentoratense* DSM 44202_DSM	**2,298**	*Corynebacterium argentoratense* 111_19_B2155_53_IBS	**2,015**
2327	*Corynebacterium argentoratense* DSM 44202_DSM	**2,307**	*Corynebacterium argentoratense* 111_19_B2155_53_IBS	**2,194**
2328	*Corynebacterium argentoratense* DSM 44202_DSM	**2,316**	*Corynebacterium argentoratense* 111_19_B2155_53_IBS	**1,965**
2329	*Corynebacterium argentoratense* DSM 44202_DSM	**2,328**	*Corynebacterium argentoratense* 111_19_B2155_53_IBS	**2,206**
2330	*Corynebacterium argentoratense* DSM 44202_DSM	**2,258**	*Corynebacterium argentoratense* 111_19_B2155_53_IBS	**2,190**
2332	*Corynebacterium argentoratense* DSM 44202_DSM	**2,347**	*Corynebacterium argentoratense* 111_19_B2155_53_IBS	**2,169**
2348	*Corynebacterium argentoratense* DSM 44202_DSM	**2,203**	*Corynebacterium argentoratense* 111_19_B2155_53_IBS	**2,169**
2734	*Corynebacterium argentoratense* 111_19_B2155_53_IBS	**2,241**	*Corynebacterium argentoratense* DSM 44202_DSM	**2,223**
G251	*Corynebacterium argentoratense* DSM 44202_DSM	**2,313**	*Corynebacterium argentoratense* 111_19_B2155_53_IBS	**2,167**

Tabelle 12.22: *Corynebacterium auris*

Untersuchung von 39 Stämmen der Spezies *Corynebacterium auris* mit MALDI-TOF MS.

Die Bakterienstämme wurden kultiviert auf Columbia 5% Blutagarplatten für ca. 36-72 h bei 36°C unter 5%-CO_2-Atmosphäre.

Die Datenbank MALDI Biotyper 2.0 (Stand 15.10.09) enthielt 1 Datenbankeintrag *Corynebacterium auris*: *Corynebacterium auris* DSM 44122_DSM

Stamm-nummer	Bakterienspezies mit dem besten Score-Wert	Score-Wert	Bakterienspezies mit dem zweitbesten Score-Wert	Score-Wert
328[T]	*Corynebacterium auris* DSM 44122_DSM	**1,849**	*Arthrobacter pigmenti* DSM 16403T_DSM	**1,347**
355	*Turicella otitidis* 121_x_B9341_72_IBS	**1,759**	*Corynebacterium auris* DSM 44122_DSM	**1,561**
399	*Corynebacterium auris* DSM 44122_DSM	**1,943**	*Arthrobacter ramosus* IMET 10685 DSM 20546 HKJ	**1,291**
430	*Corynebacterium auris* DSM 44122_DSM	**1,735**	*Turicella otitidis* 121_x_B9341_72_IBS	**1,556**
442	*Turicella otitidis* 121_x_B9341_72_IBS	**1,482**	*Clostridium tetanomorphum* 1050_NCTC 2909_BOG	**1,335**
460	*Corynebacterium auris* DSM 44122_DSM	**1,896**	*Arthrobacter pigmenti* DSM 16403T_DSM	**1,177**
461	*Corynebacterium auris* DSM 44122_DSM	**1,973**	*Turicella otitidis* 121_x_B9341_72_IBS	**1,338**
526	*Corynebacterium auris* DSM 44122_DSM	**1,932**	*Pseudomonas marginalis* DSM 13124T HAM	**1,261**
527	*Corynebacterium auris* DSM 44122_DSM	**1,915**	*Lactobacillus paracasei* subsp. *paracasei* DSM 20207_DSM	**1,293**
554	*Corynebacterium auris* DSM 44122_DSM	**1,858**	*Flavobacterium saccharophilum* DSM 1811 HAM	**1,409**
555	*Corynebacterium auris* DSM 44122_DSM	**1,858**	*Lactobacillus mucosae* DSM 13345T_DSM	**1,331**
857	*Corynebacterium auris* DSM 44122_DSM	**1,825**	*Listeria monocytogenes* MB_1601_05 THL	**1,312**
1121	*Turicella otitidis* 121_x_B9341_72_IBS	**1,700**	*Corynebacterium auris* DSM 44122_DSM	**1,452**
1128	*Corynebacterium auris* DSM 44122_DSM	**1,894**	*Flavobacterium hibernum* DSM 12611 HAM	**1,376**
1152	*Corynebacterium auris* DSM 44122_DSM	**1,944**	*Listeria monocytogenes* MB_1601_05 THL	**1,324**
1202	*Corynebacterium auris* DSM 44122_DSM	**1,823**	*Stenotrophomonas maltophilia* DSM 50170 HAM	**1,275**
1205	*Turicella otitidis* 121_x_B9341_72_IBS	**1,716**	*Corynebacterium auris* DSM 44122_DSM	**1,629**
1208	*Corynebacterium auris* DSM 44122_DSM	**1,718**	*Turicella otitidis* 121_x_B9341_72_IBS	**1,656**
1211	*Corynebacterium auris* DSM 44122_DSM	**1,727**	*Turicella otitidis* 121_x_B9341_72_IBS	**1,616**
1734	*Corynebacterium auris* DSM 44122_DSM	**1,763**	*Pseudomonas mandelii* CIP 105273 HAM	**1,303**
1735	*Corynebacterium auris* DSM 44122_DSM	**1,938**	*Turicella otitidis* 121_x_B9341_72_IBS	**1,349**
1737	*Corynebacterium auris* DSM 44122_DSM	**1,712**	*Turicella otitidis* 121_x_B9341_72_IBS	**1,588**
1739	*Corynebacterium auris* DSM 44122_DSM	**1,700**	*Turicella otitidis* 121_x_B9341_72_IBS	**1,302**
1741	*Turicella otitidis* 121_x_B9341_72_IBS	**1,566**	*Corynebacterium auris* DSM 44122_DSM	**1,478**
1742	*Corynebacterium auris* DSM 44122_DSM	**1,884**	*Lactobacillus pentosus* DSM 20314_DSM	**1,310**
1744	*Corynebacterium auris* DSM 44122_DSM	**1,868**	*Staphylococcus simulans* DSM 20323	**1,390**
1745	*Turicella otitidis* 121_x_B9341_72_IBS	**1,722**	*Corynebacterium auris* DSM 44122_DSM	**1,657**
1747	*Corynebacterium auris* DSM 44122_DSM	**1,872**	*Turicella otitidis* 121_x_B9341_72_IBS	**1,397**
1748	*Corynebacterium auris* DSM 44122_DSM	**1,848**	*Clostridium novyi* A 1025_NCTC 538_BOG	**1,564**
1749	*Turicella otitidis* 121_x_B9341_72_IBS	**1,709**	*Corynebacterium auris* DSM 44122_DSM	**1,625**
1750	*Corynebacterium auris* DSM 44122_DSM	**1,769**	*Turicella otitidis* 121_x_B9341_72_IBS	**1,448**
1751	*Corynebacterium auris* DSM 44122_DSM	**1,746**	*Turicella otitidis* 121_x_B9341_72_IBS	**1,595**
1752	*Corynebacterium auris* DSM 44122_DSM	**1,802**	*Pseudomonas orientalis* CIP 105540 HAM	**1,306**
1753	*Corynebacterium auris* DSM 44122_DSM	**1,816**	*Turicella otitidis* 121_x_B9341_72_IBS	**1,579**
1755	*Turicella otitidis* 121_x_B9341_72_IBS	**1,732**	*Pseudomonas brassicacearum* DSM 13227T HAM	**1,308**

Fortsetzung Tabelle 12.22: *Corynebacterium auris*

Stamm-nummer	Bakterienspezies mit dem besten Score-Wert	Score-Wert	Bakterienspezies mit dem zweitbesten Score-Wert	Score-Wert
1756	*Corynebacterium auris* DSM 44122_DSM	**1,760**	*Turicella otitidis* 121_x_B9341_72_IBS	**1,459**
1757	*Turicella otitidis* 121_x_B9341_72_IBS	**1,795**	*Corynebacterium auris* DSM 44122_DSM	**1,649**
1759	*Corynebacterium auris* DSM 44122_DSM	**1,820**	*Turicella otitidis* 121_x_B9341_72_IBS	**1,511**
1803	*Corynebacterium auris* DSM 44122_DSM	**1,853**	*Turicella otitidis* 121_x_B9341_72_IBS	**1,610**

Tabelle 12.23: *Corynebacterium bovis*

Untersuchung von 2 Stämmen der Spezies *Corynebacterium bovis* mit MALDI-TOF MS.
Die Bakterienstämme wurden kultiviert auf Columbia 5% Blutagarplatten für ca. 36 h bei 36°C unter 5%-CO_2-Atmosphäre.
Die Datenbank MALDI Biotyper 2.0 (Stand 15.10.09) enthielt 1 Datenbankeintrag *Corynebacterium bovis*:
Corynebacterium bovis DSM 20582_DSM

Stamm-nummer	Bakterienspezies mit dem besten Score-Wert	Score-Wert	Bakterienspezies mit dem zweitbesten Score-Wert	Score-Wert
G450	*Corynebacterium bovis* DSM 20582_DSM	**2,004**	*Corynebacterium pseudotuberculosis* DSM 20689_DSM	**1,280**
3309	*Corynebacterium bovis* DSM 20582_DSM	**1,878**	*Streptomyces phaeochromogenes* B265_UFL	**1,271**

Tabelle 12.24: *Corynebacterium* CDC group F-1

Untersuchung von 10 Stämmen der Spezies *Corynebacterium* CDC group F-1 mit MALDI-TOF MS.
Die Bakterienstämme wurden kultiviert auf Columbia 5% Blutagarplatten für ca. 30-60 h bei 36°C unter 5%-CO_2-Atmosphäre.
Die Datenbank MALDI Biotyper 2.0 (Stand 15.10.09) enthielt 1 Datenbankeintrag *Corynebacterium* CDC group F-1:
Corynebacterium CDC group F-1 115_D5coll_5311_66_IBS

Stamm-nummer	Bakterienspezies mit dem besten Score-Wert	Score-Wert	Bakterienspezies mit dem zweitbesten Score-Wert	Score-Wert
1420	*Corynebacterium* CDC group F-1 115_D5coll_5311_66_IBS	**1,755**	*Serratia liquefaciens* DSM 30067_DSM	**1,334**
1539	*Corynebacterium* CDC group F-1 115_D5coll_5311_66_IBS	**1,440**	*Gemella morbillorum* DSM 20572_DSM	**1,296**
2306	*Corynebacterium* CDC group F-1 115_D5coll_5311_66_IBS	**1,618**	*Clostridium butyricum* 1011_DSM 552_BOG	**1,415**
2323	*Malikia spinosa* DSM 15801 HAM	**1,408**	*Actinomyces dentalis* DSM 19115T DSM	**1,327**
2583	*Corynebacterium* CDC group F-1 115_D5coll_5311_66_IBS	**1,854**	*Sphingobacterium faecium* DSM 11690 HAM	**1,365**
3006	*Corynebacterium* CDC group F-1 115_D5coll_5311_66_IBS	**1,885**	*Clostridium hastiforme* 1078_ATCC 33268_BOG	**1,428**
3140	*Corynebacterium* CDC group F-1 115_D5coll_5311_66_IBS	**1,681**	*Arthrobacter castelli* DSM 16402T_DSM	**1,393**
3376	*Corynebacterium mastitidis* DSM 44356_DSM	**1,582**	*Corynebacterium mastitidis* DSM 44354_DSM	**1,217**

Fortsetzung Tabelle 12.24: *Corynebacterium* CDC group F-1

Stamm-nummer	Bakterienspezies mit dem besten Score-Wert	Score-Wert	Bakterienspezies mit dem zweitbesten Score-Wert	Score-Wert
3546	*Corynebacterium mastitidis* DSM 44356_DSM	**1,835**	*Corynebacterium mastitidis* DSM 44355_DSM	**1,630**
G125	*Corynebacterium* CDC group F-1 115_D5coll_5311_66_IBS	**1,769**	*Arthrobacter ramosus* IMET 10685 DSM 20546 HKJ	**1,361**

Tabelle 12.25: *Corynebacterium confusum*

Untersuchung von 3 Stämmen der Spezies *Corynebacterium confusum* mit MALDI-TOF MS.

Die Bakterienstämme wurden kultiviert auf Columbia 5% Blutagarplatten für ca. 48 h bei 36°C unter 5%-CO_2-Atmosphäre.

Die Datenbank MALDI Biotyper 2.0 (Stand 15.10.09) enthielt 1 Datenbankeintrag *Corynebacterium confusum*: *Corynebacterium confusum* DSM 44384_DSM

Stamm-nummer	Bakterienspezies mit dem besten Score-Wert	Score-Wert	Bakterienspezies mit dem zweitbesten Score-Wert	Score-Wert
2439[T]	*Corynebacterium confusum* DSM 44384_DSM	**2,079**	*Arthrobacter nasiphocae* DSM 13988T_DSM	**1,408**
3259	*Corynebacterium confusum* DSM 44384_DSM	**1,764**	*Neisseria meningitidis* Serogruppe_A_BRL	**1,337**
3364	*Corynebacterium confusum* DSM 44384_DSM	**1,899**	*Corynebacterium striatum* 23086514_MLD	**1,455**

Tabelle 12.26: *Corynebacterium coyleae*

Untersuchung von 31 Stämmen der Spezies *Corynebacterium coyleae* mit MALDI-TOF MS.

Die Bakterienstämme wurden kultiviert auf Columbia 5% Blutagarplatten für ca. 36-48 h bei 36°C unter 5%-CO_2-Atmosphäre.

Die Datenbank MALDI Biotyper 2.0 (Stand 15.10.09) enthielt 1 Datenbankeintrag *Corynebacterium coyleae*: *Corynebacterium coyleae* DSM 44184_DSM

Stamm-nummer	Bakterienspezies mit dem besten Score-Wert	Score-Wert	Bakterienspezies mit dem zweitbesten Score-Wert	Score-Wert
214^T	*Corynebacterium coyleae* DSM 44184_DSM	**2,146**	*Methylobacterium organophilum* MB67_UFL	**1,293**
1075	*Corynebacterium coyleae* DSM 44184_DSM	**1,831**	*Clostridium chauvoei* 1076_ATCC 10092_BOG	**1,213**
1103	*Corynebacterium coyleae* DSM 44184_DSM	**1,858**	*Neisseria meningitidis* MB_8295_05 THL	**1,280**
1415	*Corynebacterium coyleae* DSM 44184_DSM	**2,065**	*Pseudomonas putida* Mu15117_1 CHB	**1,343**
1542	*Corynebacterium coyleae* DSM 44184_DSM	**1,959**	*Neisseria flavescens* DSM 17633_DSM	**1,468**
1812	*Corynebacterium coyleae* DSM 44184_DSM	**1,898**	*Streptomyces avidinii* B190_UFL	**1,340**
1874	*Corynebacterium coyleae* DSM 44184_DSM	**1,964**	*Clostridium difficile* MB_294_05 THL	**1,318**
1879	*Corynebacterium coyleae* DSM 44184_DSM	**2,096**	*Listeria grayi* DSM 20601_DSM	**1,275**
1938	*Corynebacterium coyleae* DSM 44184_DSM	**1,997**	*Neisseria flavescens* DSM 17633_DSM	**1,451**
1973	*Corynebacterium coyleae* DSM 44184_DSM	**1,667**	*Clostridium chauvoei* 1076_ATCC 10092_BOG	**1,296**
2082	*Corynebacterium coyleae* DSM 44184_DSM	**1,751**	*Clostridium beijerinckii* 1072_ATCC 25752_BOG	**1,276**
2352	*Corynebacterium coyleae* DSM 44184_DSM	**1,929**	*Neisseria flavescens* DSM 17633_DSM	**1,393**
2532	*Corynebacterium coyleae* DSM 44184_DSM	**1,842**	*Corynebacterium amycolatum* (PX) 25086111_MLD	**1,261**
3129	*Corynebacterium coyleae* DSM 44184_DSM	**1,952**	*Neisseria flavescens* DSM 17633_DSM	**1,429**
3139	*Corynebacterium coyleae* DSM 44184_DSM	**1,735**	*Neisseria meningitidis* MB_8295_05 THL	**1,320**
3231	*Corynebacterium coyleae* DSM 44184_DSM	**2,063**	*Neisseria flavescens* DSM 17633_DSM	**1,433**
3276	*Corynebacterium coyleae* DSM 44184_DSM	**2,025**	*Neisseria flavescens* DSM 17633_DSM	**1,488**
3353	*Corynebacterium coyleae* DSM 44184_DSM	**1,883**	*Clostridium beijerinckii* 1072_ATCC 25752_BOG	**1,433**
3415	*Corynebacterium coyleae* DSM 44184_DSM	**1,846**	*Staphylococcus vitulinus* DSM 9931 DSM	**1,291**
3451	*Corynebacterium coyleae* DSM 44184_DSM	**1,913**	*Neisseria flavescens* DSM 17633_DSM	**1,461**
3495	*Corynebacterium coyleae* DSM 44184_DSM	**2,020**	*Neisseria flavescens* DSM 17633_DSM	**1,434**
3509	*Corynebacterium coyleae* DSM 44184_DSM	**1,986**	*Neisseria flavescens* DSM 17633_DSM	**1,494**
G68	Corynebacterium coyleae DSM 44184_DSM	**1,751**	*Pseudomonas marginalis* DSM 13124T HAM	**1,282**
G70	*Corynebacterium afermentans* subsp. *afermentans* 72_D4 coll ISB	**2,143**	*Corynebacterium afermentans* subsp. *afermentans* 78_D4 coll ISB	**2,005**
G101	*Corynebacterium coyleae* DSM 44184_DSM	**1,891**	*Pseudomonas putida* B342T DSM 291 UFL	**1,127**
G194	*Corynebacterium afermentans* subsp. *afermentans* 72_D4 coll ISB	**1,702**	*Corynebacterium afermentans* subsp. *afermentans* DSM 44280_DSM	**1,472**
G269	*Corynebacterium coyleae* DSM 44184_DSM	**1,779**	*Neisseria flavescens* DSM 17633_DSM	**1,477**
G289	*Corynebacterium coyleae* DSM 44184_DSM	**1,733**	*Neisseria flavescens* DSM 17633_DSM	**1,545**
G290	*Corynebacterium coyleae* DSM 44184_DSM	**1,619**	*Listeria grayi* DSM 20601_DSM	**1,435**
G315	*Corynebacterium coyleae* DSM 44184_DSM	**1,778**	*Streptococcus equi* subsp. *ruminatorum* DSM 17037_DSM	**1,181**
G320	*Corynebacterium coyleae* DSM 44184_DSM	**1,925**	*Clostridium chauvoei* 1023_NCTC 8070_BOG	**1,372**

Tabelle 12.27: *Corynebacterium diphtheriae*

Untersuchung von 32 Stämmen der Spezies *Corynebacterium diphtheriae* mit MALDI-TOF MS.

Die Bakterienstämme wurden kultiviert auf Columbia 5% Blutagarplatten für ca. 24 h bei 36°C unter 5%-CO_2-Atmosphäre.

Die Datenbank MALDI Biotyper 2.0 (Stand 15.10.09) enthielt 4 Datenbankeinträge *Corynebacterium diphtheriae*:

Corynebacterium diphtheriae belfanti 44_R9_ISB

Corynebacterium diphtheriae DSM 44123_DSM

Corynebacterium diphtheriae gravis 50_R5_ISB

Corynebacterium diphtheriae mitis R1 36_29 ISB

Stamm-nummer	Bakterienspezies mit dem besten Score-Wert	Score-Wert	Bakterienspezies mit dem zweitbesten Score-Wert	Score-Wert
6	*Corynebacterium diphtheriae belfanti* 44_R9_ISB	**2,210**	*Corynebacterium diphtheriae mitis* R1 36_29 ISB	**2,178**
20	*Corynebacterium diphtheriae mitis* R1 36_29 ISB	**2,321**	*Corynebacterium diphtheriae* DSM 44123_DSM	**2,306**
88	*Corynebacterium diphtheriae mitis* R1 36_29 ISB	**2,323**	*Corynebacterium diphtheriae* DSM 44123_DSM	**2,277**
477	*Corynebacterium diphtheriae mitis* R1 36_29 ISB	**2,347**	*Corynebacterium diphtheriae* DSM 44123_DSM	**2,195**
694	*Corynebacterium diphtheriae belfanti* 44_R9_ISB	**2,177**	*Corynebacterium diphtheriae mitis* R1 36_29 ISB	**2,176**
947	*Corynebacterium diphtheriae belfanti* 44_R9_ISB	**2,177**	*Corynebacterium diphtheriae* DSM 44123_DSM	**2,136**
1314	*Corynebacterium diphtheriae mitis* R1 36_29 ISB	**2,413**	*Corynebacterium diphtheriae* DSM 44123_DSM	**2,279**
1320	*Corynebacterium diphtheriae belfanti* 44_R9_ISB	**2,385**	*Corynebacterium diphtheriae mitis* R1 36_29 ISB	**2,223**
1454	*Corynebacterium diphtheriae mitis* R1 36_29 ISB	**2,335**	*Corynebacterium diphtheriae* DSM 44123_DSM	**2,230**
1682	*Corynebacterium diphtheriae mitis* R1 36_29 ISB	**2,352**	*Corynebacterium diphtheriae* DSM 44123_DSM	**2,233**
1890	*Corynebacterium diphtheriae mitis* R1 36_29 ISB	**2,258**	*Corynebacterium diphtheriae* DSM 44123_DSM	**2,166**
1935	*Corynebacterium diphtheriae mitis* R1 36_29 ISB	**2,459**	*Corynebacterium diphtheriae* DSM 44123_DSM	**2,355**
1936	*Corynebacterium diphtheriae mitis* R1 36_29 ISB	**2,287**	*Corynebacterium diphtheriae* DSM 44123_DSM	**2,272**
1982	*Corynebacterium diphtheriae mitis* R1 36_29 ISB	**2,420**	*Corynebacterium diphtheriae* DSM 44123_DSM	**2,334**
1995	*Corynebacterium diphtheriae mitis* R1 36_29 ISB	**2,453**	*Corynebacterium diphtheriae* DSM 44123_DSM	**2,318**
1997	*Corynebacterium diphtheriae mitis* R1 36_29 ISB	**2,410**	*Corynebacterium diphtheriae* DSM 44123_DSM	**2,287**
1998	*Corynebacterium diphtheriae mitis* R1 36_29 ISB	**2,426**	*Corynebacterium diphtheriae* DSM 44123_DSM	**2,375**
1999	*Corynebacterium diphtheriae belfanti* 44_R9_ISB	**2,109**	*Corynebacterium diphtheriae* DSM 44123_DSM	**2.022**
2595	*Corynebacterium diphtheriae mitis* R1 36_29 ISB	**2,368**	*Corynebacterium diphtheriae* DSM 44123_DSM	**2,253**
2596	*Corynebacterium diphtheriae mitis* R1 36_29 ISB	**2,306**	*Corynebacterium diphtheriae* DSM 44123_DSM	**2,231**

Fortsetzung Tabelle 12.27: *Corynebacterium diphtheriae*

Stamm-nummer	Bakterienspezies mit dem besten Score-Wert	Score-Wert	Bakterienspezies mit dem zweitbesten Score-Wert	Score-Wert
2597	*Corynebacterium diphtheriae mitis* R1 36_29 ISB	**2,288**	*Corynebacterium diphtheriae* DSM 44123_DSM	**2,169**
2598	*Corynebacterium diphtheriae mitis* R1 36_29 ISB	**2,338**	*Corynebacterium diphtheriae* DSM 44123_DSM	**2,186**
2601	*Corynebacterium diphtheriae mitis* R1 36_29 ISB	**2,263**	*Corynebacterium diphtheriae* DSM 44123_DSM	**2,176**
2634	*Corynebacterium diphtheriae mitis* R1 36_29 ISB	**2,386**	*Corynebacterium diphtheriae* DSM 44123_DSM	**2,275**
2658	*Corynebacterium diphtheriae mitis* R1 36_29 ISB	**2,388**	*Corynebacterium diphtheriae* DSM 44123_DSM	**2,268**
2661	*Corynebacterium diphtheriae mitis* R1 36_29 ISB	**2,366**	*Corynebacterium diphtheriae* DSM 44123_DSM	**2,243**
2667	*Corynebacterium diphtheriae mitis* R1 36_29 ISB	**2,352**	*Corynebacterium diphtheriae* DSM 44123_DSM	**2,096**
2670	*Corynebacterium diphtheriae mitis* R1 36_29 ISB	**2,294**	*Corynebacterium diphtheriae* DSM 44123_DSM	**2,195**
2674	*Corynebacterium diphtheriae mitis* R1 36_29 ISB	**2,333**	*Corynebacterium diphtheriae* DSM 44123_DSM	**2,211**
2689	*Corynebacterium diphtheriae mitis* R1 36_29 ISB	**2,408**	*Corynebacterium diphtheriae* DSM 44123_DSM	**2,256**
2698	*Corynebacterium diphtheriae mitis* R1 36_29 ISB	**2,285**	*Corynebacterium diphtheriae* DSM 44123_DSM	**2,131**
3522	*Corynebacterium diphtheriae mitis* R1 36_29 ISB	**2,319**	*Corynebacterium diphtheriae* DSM 44123_DSM	**2,207**

Tabelle 12.28: *Corynebacterium durum*

Untersuchung von 32 Stämmen der Spezies *Corynebacterium durum* mit MALDI-TOF MS.

Die Bakterienstämme wurden kultiviert auf Columbia 5% Blutagarplatten für ca. 48-72 h bei 36°C unter 5%-CO_2-Atmosphäre.

Die Datenbank MALDI Biotyper 2.0 (Stand 15.10.09) enthielt 2 Datenbankeinträge *Corynebacterium durum*:

Corynebacterium durum C16 MVO

Corynebacterium durum DSM 44351_DSM

Stamm-nummer	Bakterienspezies mit dem besten Score-Wert	Score-Wert	Bakterienspezies mit dem zweitbesten Score-Wert	Score-Wert
2703	*Corynebacterium durum* C16 MVO	**2,133**	*Corynebacterium durum* DSM 44351_DSM	**1,594**
2705	*Corynebacterium durum* C16 MVO	**1,673**	*Corynebacterium durum* DSM 44351_DSM	**1,423**
2707	*Corynebacterium durum* C16 MVO	**1,981**	*Corynebacterium durum* DSM 44351_DSM	**1,547**
2708	*Corynebacterium durum* C16 MVO	**1,903**	*Corynebacterium durum* DSM 44351_DSM	**1,341**
2714	*Corynebacterium durum* C16 MVO	**2,207**	*Corynebacterium durum* DSM 44351_DSM	**1,812**
2723	*Corynebacterium durum* C16 MVO	**2,040**	*Corynebacterium durum* DSM 44351_DSM	**1,595**
2727	*Corynebacterium durum* C16 MVO	**2,189**	*Corynebacterium durum* DSM 44351_DSM	**1,915**
2729	*Corynebacterium durum* C16 MVO	**1,922**	*Corynebacterium durum* DSM 44351_DSM	**1,458**
2732	*Corynebacterium durum* C16 MVO	**1,961**	*Corynebacterium durum* DSM 44351_DSM	**1,488**
2736	*Corynebacterium durum* C16 MVO	**1,999**	*Corynebacterium durum* DSM 44351_DSM	**1,773**
2740	*Corynebacterium durum* C16 MVO	**2,117**	*Corynebacterium durum* DSM 44351_DSM	**1,843**
2741	*Corynebacterium durum* C16 MVO	**1,928**	*Corynebacterium durum* DSM 44351_DSM	**1,605**
2743	*Corynebacterium durum* C16 MVO	**2,094**	*Corynebacterium durum* DSM 44351_DSM	**1,715**
2782	*Corynebacterium durum* C16 MVO	**1,975**	*Corynebacterium durum* DSM 44351_DSM	**1,769**
2783	*Corynebacterium durum* C16 MVO	**1,984**	*Corynebacterium durum* DSM 44351_DSM	**1,543**
2784	*Corynebacterium durum* C16 MVO	**2,030**	*Corynebacterium durum* DSM 44351_DSM	**1,393**
2785	*Corynebacterium durum* C16 MVO	**2.095**	*Corynebacterium durum* DSM 44351_DSM	**1,480**
2786	*Corynebacterium durum* C16 MVO	**1,853**	*Corynebacterium durum* DSM 44351_DSM	**1,473**
2787	*Corynebacterium durum* C16 MVO	**2,026**	*Corynebacterium durum* DSM 44351_DSM	**1,677**
2788	*Corynebacterium durum* C16 MVO	**2,081**	*Corynebacterium durum* DSM 44351_DSM	**1,776**
2790	*Corynebacterium durum* C16 MVO	**2,067**	*Corynebacterium durum* DSM 44351_DSM	**1,699**
2791	*Corynebacterium durum* C16 MVO	**2,248**	*Corynebacterium durum* DSM 44351_DSM	**1,900**
2792	*Corynebacterium durum* C16 MVO	**2,113**	*Corynebacterium durum* DSM 44351_DSM	**1,662**
2793	*Corynebacterium durum* C16 MVO	**2,098**	*Corynebacterium durum* DSM 44351_DSM	**1,516**
2795	*Corynebacterium durum* C16 MVO	**1,873**	*Corynebacterium durum* DSM 44351_DSM	**1,539**
2796	*Corynebacterium durum* C16 MVO	**1,911**	*Corynebacterium durum* DSM 44351_DSM	**1,545**
2797	*Corynebacterium durum* C16 MVO	**1,901**	*Corynebacterium durum* DSM 44351_DSM	**1,424**
2800	*Corynebacterium durum* C16 MVO	**2,017**	*Corynebacterium durum* DSM 44351_DSM	**1,487**
2801	*Corynebacterium durum* C16 MVO	**2,097**	*Corynebacterium durum* DSM 44351_DSM	**1,764**
G1054	*Corynebacterium durum* C16 MVO	**2,110**	*Corynebacterium durum* DSM 44351_DSM	**1,885**
G1062	*Corynebacterium durum* C16 MVO	**2,122**	*Corynebacterium durum* DSM 44351_DSM	**1,590**
G1132	*Corynebacterium durum* C16 MVO	**2,266**	*Corynebacterium durum* DSM 44351_DSM	**1,970**

Tabelle 12.29: *Corynebacterium falsenii*

Untersuchung von 10 Stämmen der Spezies *Corynebacterium falsenii* mit MALDI-TOF MS.

Die Bakterienstämme wurden kultiviert auf Columbia 5% Blutagarplatten für ca. 48-72 h bei 36°C unter 5%-CO_2-Atmosphäre.

Die Datenbank MALDI Biotyper 2.0 (Stand 15.10.09) enthielt 1 Datenbankeintrag *Corynebacterium falsenii*: *Corynebacterium falsenii* DSM 44353_DSM

Stamm-nummer	Bakterienspezies mit dem besten Score-Wert	Score-Wert	Bakterienspezies mit dem zweitbesten Score-Wert	Score-Wert
G133	*Corynebacterium falsenii* DSM 44353_DSM	**2,242**	*Staphylococcus carnosus* subsp. *utilis* DSM 11676	**1,289**
G779	*Corynebacterium lipophiloflavum* DSM 44291_DSM	**1,842**	*Pseudomonas alcaligenes* DSM 50342T HAM	**1,388**
G1024	*Corynebacterium lipophiloflavum* DSM 44291_DSM	**1,742**	*Arthrobacter aurescens* HKI 11247 HKJ	**1,320**
1915	*Corynebacterium falsenii* DSM 44353_DSM	**2,091**	*Arthrobacter atrocyaneus* DSM 20127T_DSM	**1,307**
2537[T]	*Corynebacterium falsenii* DSM 44353_DSM	**2,263**	*Halomonas halmophila* B510_UFL	**1,325**
2569	*Corynebacterium falsenii* DSM 44353_DSM	**2,182**	*Arthrobacter castelli* DSM 16402T_DSM	**1,424**
2570	*Corynebacterium falsenii* DSM 44353_DSM	**2,189**	*Staphylococcus vitulinus* DSM 15615 DSM	**1,255**
2571	*Corynebacterium falsenii* DSM 44353_DSM	**2,314**	*Clostridium difficile* DSM 12057 DSM	**1,464**
3372	*Corynebacterium lipophiloflavum* DSM 44291_DSM	**1,678**	*Pseudomonas anguilliseptica* DSM 12111T HAM	**1,316**
3440	*Corynebacterium lipophiloflavum* DSM 44291_DSM	**1,799**	*Rhodococcus ruber* DSM 44540_DSM	**1,186**

Tabelle 12.30: *Corynebacterium freneyi*

Untersuchung von 20 Stämmen der Spezies *Corynebacterium freneyi* mit MALDI-TOF MS.

Die Bakterienstämme wurden kultiviert auf Columbia 5% Blutagarplatten für ca. 36-48 h bei 36°C unter 5%-CO_2-Atmosphäre.

Die Datenbank MALDI Biotyper 2.0 (Stand 15.10.09) enthielt 1 Datenbankeintrag *Corynebacterium freneyi*: *Corynebacterium freneyi* DSM 44506_DSM

Stamm-nummer	Bakterienspezies mit dem besten Score-Wert	Score-Wert	Bakterienspezies mit dem zweitbesten Score-Wert	Score-Wert
G22	*Corynebacterium freneyi* DSM 44506_DSM	**1,682**	*Corynebacterium xerosis* DSM 20743_DSM	**1,653**
G675	*Corynebacterium freneyi* DSM 44506_DSM	**1,765**	*Corynebacterium xerosis* DSM 20743_DSM	**1,546**
G676	*Corynebacterium freneyi* DSM 44506_DSM	**2,099**	*Corynebacterium xerosis* DSM 20743_DSM	**1,577**
2319	*Corynebacterium freneyi* DSM 44506_DSM	**1,862**	*Corynebacterium xerosis* DSM 20743_DSM	**1,559**
2484	*Corynebacterium freneyi* DSM 44506_DSM	**1,895**	*Corynebacterium xerosis* DSM 20743_DSM	**1,493**
2586	*Corynebacterium freneyi* DSM 44506_DSM	**2,126**	*Corynebacterium xerosis* DSM 20743_DSM	**1,582**
3008	*Corynebacterium freneyi* DSM 44506_DSM	**1,990**	*Corynebacterium xerosis* DSM 20743_DSM	**1,682**
3017	*Corynebacterium freneyi* DSM 44506_DSM	**1,886**	*Streptomyces phaeochromogenes* B265_UFL	**1,502**
3034	*Corynebacterium freneyi* DSM 44506_DSM	**1,916**	*Corynebacterium xerosis* DSM 20743_DSM	**1,603**
3077	*Corynebacterium freneyi* DSM 44506_DSM	**1,808**	*Corynebacterium xerosis* DSM 20743_DSM	**1,677**
3078	*Corynebacterium freneyi* DSM 44506_DSM	**2,042**	*Corynebacterium xerosis* DSM 20743_DSM	**1,451**
3171	*Corynebacterium freneyi* DSM 44506_DSM	**2,017**	*Corynebacterium amycolatum* (PX) 25086111_MLD	**1,464**

Fortsetzung Tabelle 12.30: *Corynebacterium freneyi*

Stamm-nummer	Bakterienspezies mit dem besten Score-Wert	Score-Wert	Bakterienspezies mit dem zweitbesten Score-Wert	Score-Wert
3172	*Corynebacterium freneyi* DSM 44506_DSM	**2,055**	*Corynebacterium amycolatum* (PX) 25086111_MLD	**1,578**
3228	*Corynebacterium freneyi* DSM 44506_DSM	**1,904**	*Corynebacterium xerosis* DSM 20743_DSM	**1,536**
3229	*Corynebacterium freneyi* DSM 44506_DSM	**1,910**	*Corynebacterium xerosis* DSM 20743_DSM	**1,625**
3296	*Corynebacterium freneyi* DSM 44506_DSM	**1,921**	*Corynebacterium xerosis* DSM 20743_DSM	**1,533**
3297	*Corynebacterium freneyi* DSM 44506_DSM	**1,959**	*Corynebacterium xerosis* DSM 20743_DSM	**1,578**
3437	*Corynebacterium freneyi* DSM 44506_DSM	**1,634**	*Corynebacterium xerosis* DSM 20743_DSM	**1,403**
3526	*Corynebacterium freneyi* DSM 44506_DSM	**1,949**	*Corynebacterium xerosis* DSM 20743_DSM	**1,561**
3527	*Corynebacterium freneyi* DSM 44506_DSM	**1,994**	*Corynebacterium xerosis* DSM 20743_DSM	**1,574**

Tabelle 12.31: *Corynebacterium glucuronolyticum*

Untersuchung von 57 Stämmen der Spezies *Corynebacterium glucuronolyticum* mit MALDI-TOF MS.
Die Bakterienstämme wurden kultiviert auf Columbia 5% Blutagarplatten für ca. 36 h bei 36°C unter 5%-CO_2-Atmosphäre.
Die Datenbank MALDI Biotyper 2.0 (Stand 15.10.09) enthielt 4 Datenbankeinträge *Corynebacterium glucuronolyticum*:
Corynebacterium glucuronolyticum 1_B12915 ISB
Corynebacterium glucuronolyticum 4_B2825 ISB
Corynebacterium glucuronolyticum DSM 44120_DSM
Corynebacterium glucuronolyticum DSM 44288 DSM

Stamm-nummer	Bakterienspezies mit dem besten Score-Wert	Score-Wert	Bakterienspezies mit dem zweitbesten Score-Wert	Score-Wert
255	*Corynebacterium glucuronolyticum* 1_B12915 ISB	**2,316**	*Corynebacterium glucuronolyticum* DSM 44288 DSM	**2,195**
751	*Corynebacterium glucuronolyticum* 1_B12915 ISB	**2,215**	*Corynebacterium glucuronolyticum* DSM 44288 DSM	**2,171**
838	*Corynebacterium glucuronolyticum* 1_B12915 ISB	**2,261**	*Corynebacterium glucuronolyticum* DSM 44288 DSM	**2,164**
842	*Corynebacterium glucuronolyticum* DSM 44288 DSM	**2,309**	*Corynebacterium glucuronolyticum* 1_B12915 ISB	**2,244**
944	*Corynebacterium glucuronolyticum* 1_B12915 ISB	**2,289**	*Corynebacterium glucuronolyticum* DSM 44288 DSM	**2,210**
987	*Corynebacterium glucuronolyticum* 1_B12915 ISB	**2,354**	*Corynebacterium glucuronolyticum* DSM 44288 DSM	**2,314**
1019	*Corynebacterium glucuronolyticum* 1_B12915 ISB	**2,217**	*Corynebacterium glucuronolyticum* DSM 44288 DSM	**2,139**
1026	*Corynebacterium glucuronolyticum* 1_B12915 ISB	**2,353**	*Corynebacterium glucuronolyticum* DSM 44288 DSM	**2,212**
1027	*Corynebacterium glucuronolyticum* 1_B12915 ISB	**2,214**	*Corynebacterium glucuronolyticum* DSM 44288 DSM	**2,126**
1201	*Corynebacterium glucuronolyticum* 1_B12915 ISB	**2,260**	*Corynebacterium glucuronolyticum* DSM 44288 DSM	**2,153**
1223	*Corynebacterium glucuronolyticum* 1_B12915 ISB	**2,223**	*Corynebacterium glucuronolyticum* DSM 44288 DSM	**2,129**

Fortsetzung Tabelle 12.31: *Corynebacterium glucuronolyticum*

Stamm-nummer	Bakterienspezies mit dem besten Score-Wert	Score-Wert	Bakterienspezies mit dem zweitbesten Score-Wert	Score-Wert
1226	*Corynebacterium glucuronolyticum* 1_B12915 ISB	**2,331**	*Corynebacterium glucuronolyticum* DSM 44288 DSM	**2,263**
1228	*Corynebacterium glucuronolyticum* 1_B12915 ISB	**2,272**	*Corynebacterium glucuronolyticum* DSM 44288 DSM	**2,266**
1254	*Corynebacterium glucuronolyticum* 1_B12915 ISB	**2,312**	*Corynebacterium glucuronolyticum* DSM 44120_DSM	**2,243**
1255	*Corynebacterium glucuronolyticum* 1_B12915 ISB	**2,313**	*Corynebacterium glucuronolyticum* DSM 44288 DSM	**2,195**
1257	*Corynebacterium glucuronolyticum* 1_B12915 ISB	**2,313**	*Corynebacterium glucuronolyticum* DSM 44288 DSM	**2,195**
1259	*Corynebacterium glucuronolyticum* 1_B12915 ISB	**2,334**	*Corynebacterium glucuronolyticum* DSM 44288 DSM	**2,217**
1260	*Corynebacterium glucuronolyticum* 1_B12915 ISB	**2,369**	*Corynebacterium glucuronolyticum* DSM 44288 DSM	**2,247**
1267	*Corynebacterium glucuronolyticum* 1_B12915 ISB	**2,219**	*Corynebacterium glucuronolyticum* 4_B2825 ISB	**2,122**
1279	*Corynebacterium glucuronolyticum* 1_B12915 ISB	**2,197**	*Corynebacterium glucuronolyticum* DSM 44288 DSM	**2,075**
1282	*Corynebacterium glucuronolyticum* 1_B12915 ISB	**2,207**	*Corynebacterium glucuronolyticum* DSM 44288 DSM	**2,102**
1285	*Corynebacterium glucuronolyticum* 1_B12915 ISB	**2,366**	*Corynebacterium glucuronolyticum* DSM 44288 DSM	**2,144**
1302	*Corynebacterium glucuronolyticum* 1_B12915 ISB	**2,231**	*Corynebacterium glucuronolyticum* DSM 44288 DSM	**2,171**
1344	*Corynebacterium glucuronolyticum* 1_B12915 ISB	**2,432**	*Corynebacterium glucuronolyticum* DSM 44288 DSM	**2,361**
1346	*Corynebacterium glucuronolyticum* 1_B12915 ISB	**2,371**	*Corynebacterium glucuronolyticum* DSM 44288 DSM	**2,279**
1396	*Corynebacterium glucuronolyticum* 1_B12915 ISB	**2,368**	*Corynebacterium glucuronolyticum* DSM 44288 DSM	**2,234**
1405	*Corynebacterium glucuronolyticum* 1_B12915 ISB	**2,129**	*Corynebacterium glucuronolyticum* DSM 44288 DSM	**1,962**
1416	*Corynebacterium glucuronolyticum* 1_B12915 ISB	**2,314**	*Corynebacterium glucuronolyticum* DSM 44288 DSM	**2,280**
1417	*Corynebacterium glucuronolyticum* 1_B12915 ISB	**2,349**	*Corynebacterium glucuronolyticum* DSM 44288 DSM	**2,206**
1436	*Corynebacterium glucuronolyticum* 1_B12915 ISB	**2,318**	*Corynebacterium glucuronolyticum* DSM 44288 DSM	**2,261**
1439	*Corynebacterium glucuronolyticum* 4_B2825 ISB	**1,963**	*Corynebacterium glucuronolyticum* 1_B12915 ISB	**1,930**
1443	*Corynebacterium glucuronolyticum* 1_B12915 ISB	**2,255**	*Corynebacterium glucuronolyticum* DSM 44288 DSM	**2,177**
1472	*Corynebacterium glucuronolyticum* 1_B12915 ISB	**2,344**	*Corynebacterium glucuronolyticum* DSM 44288 DSM	**2,242**
1473	*Corynebacterium glucuronolyticum* 1_B12915 ISB	**2,384**	*Corynebacterium glucuronolyticum* DSM 44288 DSM	**2,203**

Fortsetzung Tabelle 12.31: *Corynebacterium glucuronolyticum*

Stamm-nummer	Bakterienspezies mit dem besten Score-Wert	Score-Wert	Bakterienspezies mit dem zweitbesten Score-Wert	Score-Wert
1485	*Corynebacterium glucuronolyticum* 1_B12915 ISB	**2,279**	*Corynebacterium glucuronolyticum* DSM 44288 DSM	**2,219**
1486	*Corynebacterium glucuronolyticum* 1_B12915 ISB	**2,315**	*Corynebacterium glucuronolyticum* DSM 44288 DSM	**2,133**
1784	*Corynebacterium glucuronolyticum* 1_B12915 ISB	**2,364**	*Corynebacterium glucuronolyticum* DSM 44288 DSM	**2,251**
1793	*Corynebacterium glucuronolyticum* 1_B12915 ISB	**2,377**	*Corynebacterium glucuronolyticum* DSM 44288 DSM	**2,257**
1798	*Corynebacterium glucuronolyticum* 1_B12915 ISB	**2,278**	*Corynebacterium glucuronolyticum* 4_B2825 ISB	**2,099**
1801	*Corynebacterium glucuronolyticum* 1_B12915 ISB	**2,322**	*Corynebacterium glucuronolyticum* DSM 44288 DSM	**2,306**
1815	*Corynebacterium glucuronolyticum* 1_B12915 ISB	**2,335**	*Corynebacterium glucuronolyticum* 4_B2825 ISB	**2,159**
1816	*Corynebacterium glucuronolyticum* 1_B12915 ISB	**2,404**	*Corynebacterium glucuronolyticum* DSM 44288 DSM	**2,327**
1820	*Corynebacterium glucuronolyticum* DSM 44288 DSM	**2,229**	*Corynebacterium glucuronolyticum* 1_B12915 ISB	**2,198**
1821	*Corynebacterium glucuronolyticum* 1_B12915 ISB	**2,408**	*Corynebacterium glucuronolyticum* DSM 44288 DSM	**2,318**
1824	*Corynebacterium glucuronolyticum* 1_B12915 ISB	**2,348**	*Corynebacterium glucuronolyticum* DSM 44288 DSM	**2,213**
1827	*Corynebacterium glucuronolyticum* 4_B2825 ISB	**2,133**	*Corynebacterium glucuronolyticum* DSM 44288 DSM	**2,066**
1837	*Corynebacterium glucuronolyticum* 1_B12915 ISB	**2,296**	*Corynebacterium glucuronolyticum* DSM 44288 DSM	**2,212**
1841	*Corynebacterium glucuronolyticum* 1_B12915 ISB	**2,284**	*Corynebacterium glucuronolyticum* DSM 44288 DSM	**2,180**
1843	*Corynebacterium glucuronolyticum* 1_B12915 ISB	**2,340**	*Corynebacterium glucuronolyticum* DSM 44288 DSM	**2,166**
1844	*Corynebacterium glucuronolyticum* 1_B12915 ISB	**2,328**	*Corynebacterium glucuronolyticum* DSM 44288 DSM	**2,285**
1845	*Corynebacterium glucuronolyticum* 1_B12915 ISB	**2,292**	*Corynebacterium glucuronolyticum* DSM 44288 DSM	**2,254**
1847	*Corynebacterium glucuronolyticum* 1_B12915 ISB	**2,344**	*Corynebacterium glucuronolyticum* DSM 44288 DSM	**2,293**
1861	*Corynebacterium glucuronolyticum* 1_B12915 ISB	**2,303**	*Corynebacterium glucuronolyticum* DSM 44120_DSM	**2,185**
1862	*Corynebacterium glucuronolyticum* 1_B12915 ISB	**2,288**	*Corynebacterium glucuronolyticum* DSM 44288 DSM	**2,285**
2273	*Corynebacterium glucuronolyticum* 1_B12915 ISB	**2,289**	*Corynebacterium glucuronolyticum* DSM 44288 DSM	**2,188**
3550	*Corynebacterium glucuronolyticum* 1_B12915 ISB	**2,348**	*Corynebacterium glucuronolyticum* DSM 44288 DSM	**2,275**
3573	*Corynebacterium glucuronolyticum* 1_B12915 ISB	**2,399**	*Corynebacterium glucuronolyticum* DSM 44288 DSM	**2,345**

Tabelle 12.32: *Corynebacterium imitans*

Untersuchung von 4 Stämmen der Spezies *Corynebacterium imitans* mit MALDI-TOF MS.
Die Bakterienstämme wurden kultiviert auf Columbia 5% Blutagarplatten für ca. 48 h bei 36°C unter 5%-CO_2-Atmosphäre.
Die Datenbank MALDI Biotyper 2.0 (Stand 15.10.09) enthielt 1 Datenbankeintrag *Corynebacterium imitans*:
Corynebacterium imitans DSM 44264_DSM

Stamm-nummer	Bakterienspezies mit dem besten Score-Wert	Score-Wert	Bakterienspezies mit dem zweitbesten Score-Wert	Score-Wert
2023	*Corynebacterium imitans* DSM 44264_DSM	**2,167**	*Bacillus novalis* DSM 15603_DSM	**1,283**
2430	*Corynebacterium imitans* DSM 44264_DSM	**1,547**	*Clostridium novyi* 1082_ATCC 17861_BOG	**1,213**
2513	*Corynebacterium imitans* DSM 44264_DSM	**2,004**	*Streptococcus equi* subsp. *zooepidemicus* ATCC 43079 THL1,349	**1,349**
3409	*Corynebacterium imitans* DSM 44264_DSM	**2,071**	*Corynebacterium striatum* 23086514_MLD	**1,385**

Tabelle 12.33: C*orynebacterium jeikeium*

Untersuchung von 40 Stämmen der Spezies *Corynebacterium jeikeium* mit MALDI-TOF MS.
Die Bakterienstämme wurden kultiviert auf Columbia 5% Blutagarplatten für ca. 60 h bei 36°C unter 5%-CO_2-Atmosphäre.
Die Datenbank MALDI Biotyper 2.0 (Stand 15.10.09) enthielt 6 Datenbankeinträge *Corynebacterium jeikeium*:
Corynebacterium jeikeium 27_B30049 ISB, *Corynebacterium jeikeium* 30_CIP 103337 ISB
Corynebacterium jeikeium 32_T98977 ISB, *Corynebacterium jeikeium* B73970_ISB
Corynebacterium jeikeium DSM 7171_DSM, *Corynebacterium jeikeium* VA_3882_07 13 UKE

Stamm-nummer	Bakterienspezies mit dem besten Score-Wert	Score-Wert	Bakterienspezies mit dem zweitbesten Score-Wert	Score-Wert
230	*Corynebacterium jeikeium* 27_B30049 ISB	**2,123**	*Corynebacterium jeikeium* 30_CIP 103337 ISB	**2,109**
242	*Corynebacterium jeikeium* 30_CIP 103337 ISB	**1,992**	*Corynebacterium jeikeium* VA_3882_07 13 UKE	**1,975**
271	*Corynebacterium jeikeium* 27_B30049 ISB	**1,932**	*Corynebacterium jeikeium* 30_CIP 103337 ISB	**1,903**
302	*Corynebacterium jeikeium* 27_B30049 ISB	**1,981**	*Corynebacterium jeikeium* VA_3882_07 13 UKE	**1,941**
303	*Corynebacterium jeikeium* VA_3882_07 13 UKE	**2,013**	*Corynebacterium jeikeium* 32_T98977 ISB	**1,855**
408	*Corynebacterium jeikeium* VA_3882_07 13 UKE	**2,108**	*Corynebacterium jeikeium* 30_CIP 103337 ISB	**2,023**
1380	*Corynebacterium jeikeium* B73970_ISB	**2,074**	*Corynebacterium jeikeium* 27_B30049 ISB	**1,959**
1434	*Corynebacterium jeikeium* VA_3882_07 13 UKE	**2,237**	*Corynebacterium jeikeium* 30_CIP 103337 ISB	**2,016**
1945	*Corynebacterium jeikeium* B73970_ISB	**1,978**	*Corynebacterium jeikeium* VA_3882_07 13 UKE	**1,821**
1946	*Corynebacterium jeikeium* B73970_ISB	**2,089**	*Corynebacterium jeikeium* 27_B30049 ISB	**1,883**
1947	*Corynebacterium jeikeium* 27_B30049 ISB	**2,024**	*Corynebacterium jeikeium* B73970_ISB	**1,983**
1948	*Corynebacterium jeikeium* 30_CIP 103337 ISB	**1,923**	*Corynebacterium jeikeium* VA_3882_07 13 UKE	**1,809**
1949	*Corynebacterium jeikeium* VA_3882_07 13 UKE	**2,033**	*Corynebacterium jeikeium* 30_CIP 103337 ISB	**2,027**
1950	*Corynebacterium jeikeium* VA_3882_07 13 UKE	**2,055**	*Corynebacterium jeikeium* 27_B30049 ISB	**2,004**

Fortsetzung Tabelle 12.33: *Corynebacterium jeikeium*

Stamm-nummer	Bakterienspezies mit dem besten Score-Wert	Score-Wert	Bakterienspezies mit dem zweitbesten Score-Wert	Score-Wert
1951	*Corynebacterium jeikeium* 27_B30049 ISB	**2,060**	*Corynebacterium jeikeium* B73970_ISB	**2,044**
1952	*Corynebacterium jeikeium* 32_T98977 ISB	**2,238**	*Corynebacterium jeikeium* VA_3882_07 13 UKE	**1,839**
1953	*Corynebacterium jeikeium* 32_T98977 ISB	**2,311**	*Corynebacterium jeikeium* VA_3882_07 13 UKE	**1,834**
1954	*Corynebacterium jeikeium* B73970_ISB	**2,095**	*Corynebacterium jeikeium* 27_B30049 ISB	**1,956**
1955	*Corynebacterium jeikeium* B73970_ISB	**2,086**	*Corynebacterium jeikeium* 27_B30049 ISB	**2,070**
1956	*Corynebacterium jeikeium* VA_3882_07 13 UKE	**1,999**	*Corynebacterium jeikeium* 27_B30049 ISB	**1,998**
1957	*Corynebacterium jeikeium* 27_B30049 ISB	**2,038**	*Corynebacterium jeikeium* VA_3882_07 13 UKE	**2,020**
1958	*Corynebacterium jeikeium* 32_T98977 ISB	**2,194**	*Corynebacterium jeikeium* VA_3882_07 13 UKE	**1,720**
1959	*Corynebacterium jeikeium* B73970_ISB	**2,111**	*Corynebacterium jeikeium* VA_3882_07 13 UKE	**2,100**
1960	*Corynebacterium jeikeium* B73970_ISB	**2,049**	*Corynebacterium jeikeium* 27_B30049 ISB	**1,962**
1961	*Corynebacterium jeikeium* B73970_ISB	**2,038**	*Corynebacterium jeikeium* 27_B30049 ISB	**1,831**
1962	*Corynebacterium jeikeium* B73970_ISB	**2,028**	*Corynebacterium jeikeium* 27_B30049 ISB	**2,003**
1963	*Corynebacterium jeikeium* 30_CIP 103337 ISB	**1,982**	*Corynebacterium jeikeium* VA_3882_07 13 UKE	**1,980**
1964	*Corynebacterium jeikeium* 27_B30049 ISB	**1,908**	*Corynebacterium jeikeium* B73970_ISB	**1,877**
2037	*Corynebacterium jeikeium* 32_T98977 ISB	**2,263**	*Corynebacterium jeikeium* VA_3882_07 13 UKE	**1,693**
2059	*Corynebacterium jeikeium* VA_3882_07 13 UKE	**2,160**	*Corynebacterium jeikeium* 30_CIP 103337 ISB	**2,051**
2623	*Corynebacterium jeikeium* VA_3882_07 13 UKE	**2,041**	*Corynebacterium jeikeium* B73970_ISB	**1,922**
2625	*Corynebacterium jeikeium* VA_3882_07 13 UKE	**2,117**	*Corynebacterium jeikeium* 27_B30049 ISB	**2,073**
2626	*Corynebacterium jeikeium* VA_3882_07 13 UKE	**1,970**	*Corynebacterium jeikeium* 27_B30049 ISB	**1,891**
2627	*Corynebacterium jeikeium* B73970_ISB	**2,164**	*Corynebacterium jeikeium* VA_3882_07 13 UKE	**1,851**
2630	*Corynebacterium jeikeium* 32_T98977 ISB	**2,280**	*Corynebacterium jeikeium* 27_B30049 ISB	**1,749**
2632	*Corynebacterium jeikeium* VA_3882_07 13 UKE	**2,189**	*Corynebacterium jeikeium* B73970_ISB	**2,015**
2635	*Corynebacterium jeikeium* 32_T98977 ISB	**2,335**	*Corynebacterium jeikeium* 30_CIP 103337 ISB	**1,792**
2646	*Corynebacterium jeikeium* 27_B30049 ISB	**2,114**	*Corynebacterium jeikeium* B73970_ISB	**1,919**
3305	*Corynebacterium afermentans* subsp. *lipophilum* DSM 44282_DSM	**1,456**	*Clostridium beijerinckii* 1072_ATCC 25752_BOG	**1,382**
3484	*Corynebacterium jeikeium* B73970_ISB	**2,161**	*Corynebacterium jeikeium* VA_3882_07 13 UKE	**2,036**

Tabelle 12.34: *Corynebacterium kroppenstedtii*

Untersuchung von einem Stamm der Spezies *Corynebacterium kroppenstedtii* mit MALDI-TOF MS.
Der Bakterienstamm wurde kultiviert auf Columbia 5% Blutagarplatten für ca. 60 h bei 36°C unter 5%-CO_2-Atmosphäre.
Die Datenbank MALDI Biotyper 2.0 (Stand 15.10.09) enthielt 2 Datenbankeinträge *Corynebacterium kroppenstedtii*:
Corynebacterium kroppenstedtii DSM 44385_DSM
Corynebacterium kroppenstedtii VA_1719_00 18 UKE

Stamm-nummer	Bakterienspezies mit dem besten Score-Wert	Score-Wert	Bakterienspezies mit dem zweitbesten Score-Wert	Score-Wert
3565	*Corynebacterium kroppenstedtii* VA_1719_00 18 UKE	**1,909**	*Corynebacterium kroppenstedtii* DSM 44385_DSM	**1,772**

Tabelle 12.35: *Corynebacterium lipophiloflavum*

Untersuchung von 10 Stämmen der Spezies *Corynebacterium lipophiloflavum* mit MALDI-TOF MS.
Die Bakterienstämme wurden kultiviert auf Columbia 5% Blutagarplatten für ca. 72 h bei 36°C unter 5%-CO_2-Atmosphäre.
Die Datenbank MALDI Biotyper 2.0 (Stand 15.10.09) enthielt 1 Datenbankeintrag *Corynebacterium lipophiloflavum*:
Corynebacterium lipophiloflavum DSM 44291_DSM

Stamm-nummer	Bakterienspezies mit dem besten Score-Wert	Score-Wert	Bakterienspezies mit dem zweitbesten Score-Wert	Score-Wert
1944[T]	*Corynebacterium lipophiloflavum* DSM 44291_DSM	**2,083**	*Streptococcus equi* subsp. *zooepidemicus* ATCC 43079 THL	**1,394**
3010	*Corynebacterium lipophiloflavum* DSM 44291_DSM	**1,751**	*Agromyces mediolanus* HKI 108 DSM 20152 HKJ	**1,277**
G1145	*Corynebacterium lipophiloflavum* DSM 44291_DSM	**1,844**	*Pseudomonas pertucinogena* LMG 1874 HAM	**1,471**
G1146	*Corynebacterium lipophiloflavum* DSM 44291_DSM	**1,746**	*Corynebacterium freneyi* DSM 44506_DSM	**1,294**
G1147	*Corynebacterium lipophiloflavum* DSM 44291_DSM	**1,482**	*Clostridium tetanomorphum* 1050_NCTC 2909_BOG	**1,272**
G1148	*Corynebacterium lipophiloflavum* DSM 44291_DSM	**1,949**	*Arthrobacter stackebrandtii* DSM 16005T_DSM	**1,293**
G1149	*Corynebacterium lipophiloflavum* DSM 44291_DSM	**1,991**	*Arthrobacter stackebrandtii* DSM 16005T_DSM	**1,262**
G1150	*Corynebacterium lipophiloflavum* DSM 44291_DSM	**1,584**	*Pseudomonas pertucinogena* LMG 1874 HAM	**1,281**
G1151	*Corynebacterium lipophiloflavum* DSM 44291_DSM	**1,782**	*Arthrobacter stackebrandtii* DSM 16005T_DSM	**1,414**
G1152	*Corynebacterium lipophiloflavum* DSM 44291_DSM	**1,824**	*Arthrobacter stackebrandtii* DSM 16005T_DSM	**1,333**

Tabelle 12.36: *Corynebacterium macginleyi*

Untersuchung von 32 Stämmen der Spezies *Corynebacterium macginleyi* mit MALDI-TOF MS.

Die Bakterienstämme wurden kultiviert auf Columbia 5% Blutagarplatten für ca. 60-96 h bei 36°C unter 5%-CO_2-Atmosphäre.

Die Datenbank MALDI Biotyper 2.0 (Stand 15.10.09) enthielt 2 Datenbankeinträge *Corynebacterium macginleyi*:

Corynebacterium macginleyi 120_D5coll_104099_71_IBS

Corynebacterium macginleyi DSM 44284_DSM

Stamm-nummer	Bakterienspezies mit dem besten Score-Wert	Score-Wert	Bakterienspezies mit dem zweitbesten Score-Wert	Score-Wert
G42	*Corynebacterium macginleyi* DSM 44284_DSM	**2,173**	*Corynebacterium macginleyi* 120_D5coll_104099_71_IBS	**2,064**
G80	*Corynebacterium macginleyi* DSM 44284_DSM	**1,916**	*Corynebacterium macginleyi* 120_D5coll_104099_71_IBS	**1,871**
G83	*Corynebacterium macginleyi* DSM 44284_DSM	**2,128**	*Corynebacterium macginleyi* 120_D5coll_104099_71_IBS	**2,009**
G103	*Corynebacterium accolens* x_x_28779_H_IBS	**2,099**	*Corynebacterium accolens* DSM 44278_DSM	**1,811**
G105	*Corynebacterium macginleyi* DSM 44284_DSM	**2,125**	*Corynebacterium macginleyi* 120_D5coll_104099_71_IBS	**2,022**
G106	*Corynebacterium macginleyi* DSM 44284_DSM	**2,188**	*Corynebacterium macginleyi* 120_D5coll_104099_71_IBS	**2,115**
G112	*Corynebacterium macginleyi* DSM 44284_DSM	**2,178**	*Corynebacterium macginleyi* 120_D5coll_104099_71_IBS	**2,077**
G126	*Corynebacterium macginleyi* DSM 44284_DSM	**2,153**	*Corynebacterium macginleyi* 120_D5coll_104099_71_IBS	**1,880**
G136	*Corynebacterium accolens* x_x_28779_H_IBS	**1,907**	*Corynebacterium accolens* DSM 44278_DSM	**1,607**
G168	*Corynebacterium macginleyi* DSM 44284_DSM	**2,285**	*Corynebacterium macginleyi* 120_D5coll_104099_71_IBS	**2,005**
G208	*Corynebacterium macginleyi* DSM 44284_DSM	**2,223**	*Corynebacterium macginleyi* 120_D5coll_104099_71_IBS	**2,136**
G210	*Corynebacterium accolens* x_x_28779_H_IBS	**1,952**	*Corynebacterium accolens* DSM 44278_DSM	**1,646**
G233	*Corynebacterium accolens* x_x_28779_H_IBS	**2,095**	*Corynebacterium accolens* DSM 44278_DSM	**1,866**
228	*Corynebacterium macginleyi* DSM 44284_DSM	**2,187**	*Corynebacterium macginleyi* 120_D5coll_104099_71_IBS	**2,141**
1427	*Corynebacterium macginleyi* DSM 44284_DSM	**2,025**	*Corynebacterium macginleyi* 120_D5coll_104099_71_IBS	**1,954**
2477	*Corynebacterium accolens* x_x_28779_H_IBS	**1,879**	*Corynebacterium accolens* DSM 44278_DSM	**1,722**
2493	*Corynebacterium accolens* x_x_28779_H_IBS	**1,904**	*Corynebacterium accolens* DSM 44278_DSM	**1,680**
2580	*Corynebacterium accolens* x_x_28779_H_IBS	**2,117**	*Corynebacterium accolens* DSM 44278_DSM	**1,862**
2629	*Corynebacterium accolens* x_x_28779_H_IBS	**2,002**	*Corynebacterium accolens* DSM 44278_DSM	**1,713**
2738	*Corynebacterium accolens* DSM 44278_DSM	**1,438**	*Neisseria meningitidis* 24086406_MLD	**1,429**
2824	*Corynebacterium accolens* x_x_28779_H_IBS	**1,579**	*Corynebacterium accolens* DSM 44278_DSM	**1,473**

Fortsetzung Tabelle 12.36: *Corynebacterium macginleyi*

Stamm-nummer	Bakterienspezies mit dem besten Score-Wert	Score-Wert	Bakterienspezies mit dem zweitbesten Score-Wert	Score-Wert
3046	*Corynebacterium macginleyi* DSM 44284_DSM	**2,162**	*Corynebacterium macginleyi* 120_D5coll_104099_71_IBS	**1,940**
3059	*Streptococcus didelphis* DSM 15616T DSM	**1,445**	*Paenibacillus chondroitinus* DSM 5051_DSM	**1,057**
3162	*Corynebacterium macginleyi* DSM 44284_DSM	**2,180**	*Corynebacterium macginleyi* 120_D5coll_104099_71_IBS	**2,160**
3304	*Corynebacterium macginleyi* DSM 44284_DSM	**2,117**	*Corynebacterium macginleyi* 120_D5coll_104099_71_IBS	**2,041**
3392	*Corynebacterium macginleyi* 120_D5coll_104099_71_IBS	**1,865**	*Corynebacterium macginleyi* DSM 44284_DSM	**1,843**
3403	*Corynebacterium macginleyi* DSM 44284_DSM	**2,068**	*Corynebacterium macginleyi* 120_D5coll_104099_71_IBS	**1,864**
3407	*Corynebacterium accolens* x_x_28779_H_IBS	**1,657**	*Corynebacterium accolens* DSM 44278_DSM	**1,601**
3420	*Corynebacterium macginleyi* DSM 44284_DSM	**2,128**	*Corynebacterium macginleyi* 120_D5coll_104099_71_IBS	**1,876**
3460	*Corynebacterium macginleyi* DSM 44284_DSM	**2,074**	*Corynebacterium macginleyi* 120_D5coll_104099_71_IBS	**1,852**
3466	*Corynebacterium macginleyi* DSM 44284_DSM	**1,892**	*Corynebacterium macginleyi* 120_D5coll_104099_71_IBS	**1,626**
3478	*Corynebacterium macginleyi* DSM 44284_DSM	**1,992**	*Corynebacterium macginleyi* 120_D5coll_104099_71_IBS	**1,792**

Tabelle 12.37: *Corynebacterium matruchotii*

Untersuchung von einem Stamm der Spezies *Corynebacterium matruchotii* mit MALDI-TOF MS.

Der Bakterienstamm wurde kultiviert auf Columbia 5% Blutagarplatten für ca. 48 h bei 36°C unter 5%-CO_2-Atmosphäre.

Die Datenbank MALDI Biotyper 2.0 (Stand 15.10.09) enthielt 1 Datenbankeintrag *Corynebacterium matruchotii*:

Corynebacterium matruchotii DSM 20635_DSM

Stamm-nummer	Bakterienspezies mit dem besten Score-Wert	Score-Wert	Bakterienspezies mit dem zweitbesten Score-Wert	Score-Wert
3036	*Corynebacterium matruchotii* DSM 20635_DSM	**2,150**	*Bacteroides uniformis* ATCC 8492 THL	**1,146**

Tabelle 12.38: *Corynebacterium minutissimum*

Untersuchung von 28 Stämmen der Spezies *Corynebacterium minutissimum* mit MALDI-TOF MS.

Die Bakterienstämme wurden kultiviert auf Columbia 5% Blutagarplatten für ca. 24-48 h bei 36°C unter 5%-CO_2-Atmosphäre.

Die Datenbank MALDI Biotyper 2.0 (Stand 15.10.09) enthielt 4 Datenbankeinträge *Corynebacterium minutissimum*:

Corynebacterium minutissimum 104_25_CCUG36888_46_IBS

Corynebacterium minutissimum 99_25_CCUG27045_41_IBS

Corynebacterium minutissimum x_x_10288_E_IBS

Corynebacterium minutissimum DSM 20651_DSM

Stamm-nummer	Bakterienspezies mit dem besten Score-Wert	Score-Wert	Bakterienspezies mit dem zweitbesten Score-Wert	Score-Wert
138	*Corynebacterium minutissimum* DSM 20651_DSM	**2,026**	*Corynebacterium minutissimum* x_x_10288_E_IBS	**1,747**
224	*Corynebacterium minutissimum* 99_25_CCUG27045_41_IBS	**1,863**	*Corynebacterium aurimucosum* DSM 44827_DSM	**1,677**
295	*Pseudomonas orientalis* CIP 105540 HAM	**1,444**	*Brevundimonas nasdae* DSM 14572 HAM	**1,398**
326	*Corynebacterium minutissimum* 99_25_CCUG27045_41_IBS	**1,775**	*Corynebacterium flavescens* IMET 11080 DSM 20296 HKJ	**1,566**
415	*Corynebacterium minutissimum* DSM 20651_DSM	**1,758**	*Corynebacterium minutissimum* x_x_10288_E_IBS	**1,446**
693	*Corynebacterium singulare* DSM 44357_DSM	**2,270**	*Corynebacterium minutissimum* 104_25_CCUG36888_46_IBS	**1,839**
790	*Corynebacterium minutissimum* DSM 20651_DSM	**1,653**	*Corynebacterium minutissimum* 99_25_CCUG27045_41_IBS	**1,599**
843	*Corynebacterium minutissimum* DSM 20651_DSM	**1,593**	*Escherichia coli* ESBL EA RSS 1528T_CHB	**1,411**
928	*Corynebacterium minutissimum* DSM 20651_DSM	**2,136**	*Corynebacterium minutissimum* x_x_10288_E_IBS	**1,791**
993	*Corynebacterium aurimucosum* DSM 44827_DSM	**1,829**	*Corynebacterium minutissimum* 99_25_CCUG27045_41_IBS	**1,590**
994	*Corynebacterium singulare* DSM 44357_DSM	**2,138**	*Corynebacterium minutissimum* 104_25_CCUG36888_46_IBS	**1,916**
995	*Corynebacterium minutissimum* 99_25_CCUG27045_41_IBS	**1,761**	*Corynebacterium aurimucosum* DSM 44827_DSM	**1,488**
1039	*Corynebacterium minutissimum* DSM 20651_DSM	**1,571**	*Pseudomonas migulae* CIP 105470 HAM	**1,486**
1041	*Corynebacterium minutissimum* 99_25_CCUG27045_41_IBS	**1,778**	*Corynebacterium aurimucosum* DSM 44827_DSM	**1,752**
1044	*Corynebacterium aurimucosum* DSM 44827_DSM	**1,601**	*Corynebacterium minutissimum* 99_25_CCUG27045_41_IBS	**1,494**
1047	*Corynebacterium singulare* DSM 44357_DSM	**2,086**	*Corynebacterium minutissimum* 104_25_CCUG36888_46_IBS	**1,802**
1048	*Corynebacterium minutissimum* DSM 20651_DSM	**1,998**	*Corynebacterium minutissimum* x_x_10288_E_IBS	**1,830**
1051	*Corynebacterium minutissimum* 99_25_CCUG27045_41_IBS	**2,039**	*Corynebacterium aurimucosum* DSM 44827_DSM	**1,605**
1052	*Corynebacterium minutissimum* DSM 20651_DSM	**1,662**	*Corynebacterium aurimucosum* DSM 44827_DSM	**1,541**
1068	*Corynebacterium minutissimum* 99_25_CCUG27045_41_IBS	**1,553**	*Pseudomonas umsongensis* LMG 21317 HAM	**1,375**

Fortsetzung Tabelle 12.38: *Corynebacterium minutissimum*

Stamm-nummer	Bakterienspezies mit dem besten Score-Wert	Score-Wert	Bakterienspezies mit dem zweitbesten Score-Wert	Score-Wert
1073	*Corynebacterium minutissimum* DSM 20651_DSM	**1,750**	*Corynebacterium minutissimum* 99_25_CCUG27045_41_IBS	**1,471**
1981	*Corynebacterium minutissimum* DSM 20651_DSM	**2,048**	*Corynebacterium minutissimum* x_x_10288_E_IBS	**1,796**
1984	*Corynebacterium minutissimum* 99_25_CCUG27045_41_IBS	**1,893**	*Corynebacterium aurimucosum* DSM 44827_DSM	**1,690**
1985	*Corynebacterium minutissimum* DSM 20651_DSM	**2,215**	*Corynebacterium minutissimum* x_x_10288_E_IBS	**1,908**
2061[T]	*Corynebacterium minutissimum* DSM 20651_DSM	**2,347**	*Corynebacterium minutissimum* x_x_10288_E_IBS	**1,817**
3232	*Corynebacterium singulare* DSM 44357_DSM	**2,140**	*Corynebacterium minutissimum* 104_25_CCUG36888_46_IBS	**1,850**
3236	*Corynebacterium minutissimum* 99_25_CCUG27045_41_IBS	**1,977**	*Corynebacterium minutissimum* DSM 20651_DSM	**1,682**
3284	*Corynebacterium minutissimum* DSM 20651_DSM	**2,210**	*Corynebacterium minutissimum* x_x_10288_E_IBS	**1,894**

Tabelle 12.39: *Corynebacterium mucifaciens*

Untersuchung von 25 Stämmen der Spezies *Corynebacterium mucifaciens* mit MALDI-TOF MS.

Die Bakterienstämme wurden kultiviert auf Columbia 5% Blutagarplatten für ca. 24 h bei 36°C unter 5%-CO_2-Atmosphäre.

Die Datenbank MALDI Biotyper 2.0 (Stand 15.10.09) enthielt 2 Datenbankeinträge *Corynebacterium mucifaciens*:

Corynebacterium mucifaciens C19 MVO

Corynebacterium mucifaciens DSM 44265_DSM

Stamm-nummer	Bakterienspezies mit dem besten Score-Wert	Score-Wert	Bakterienspezies mit dem zweitbesten Score-Wert	Score-Wert
300	*Corynebacterium mucifaciens* C19 MVO	**1,997**	*Corynebacterium mucifaciens* DSM 44265_DSM	**1,320**
341	*Corynebacterium mucifaciens* C19 MVO	**1,768**	*Pseudomonas hydrocarboxydans* B333_UFL	**1,434**
394	*Corynebacterium mucifaciens* C19 MVO	**1,908**	*Corynebacterium afermentans* subsp. *afermentans* DSM 44280_DSM	**1,480**
418	*Corynebacterium mucifaciens* C19 MVO	**1,849**	*Corynebacterium mucifaciens* DSM 44265_DSM	**1,593**
2125	*Corynebacterium mucifaciens* C19 MVO	**2,012**	*Corynebacterium mucifaciens* DSM 44265_DSM	**1,691**
2278	*Corynebacterium mucifaciens* DSM 44265_DSM	**1,936**	*Corynebacterium mucifaciens* C19 MVO	**1,609**
3058	*Corynebacterium mucifaciens* C19 MVO	**1,738**	*Corynebacterium mucifaciens* DSM 44265_DSM	**1,504**
3214	*Corynebacterium mucifaciens* DSM 44265_DSM	**1,806**	*Corynebacterium mucifaciens* C19 MVO	**1,630**
3215	*Corynebacterium ureicelerivorans* DSM 45051_DSM	**1,549**	*Corynebacterium mucifaciens* C19 MVO	**1,476**

Fortsetzung Tabelle 12.39: *Corynebacterium mucifaciens*

Stamm-nummer	Bakterienspezies mit dem besten Score-Wert	Score-Wert	Bakterienspezies mit dem zweitbesten Score-Wert	Score-Wert
3374	*Corynebacterium mucifaciens* C19 MVO	**1,801**	*Corynebacterium mucifaciens* DSM 44265_DSM	**1,591**
3389	*Corynebacterium mucifaciens* DSM 44265_DSM	**1,863**	*Corynebacterium mucifaciens* C19 MVO	**1,749**
G90	*Corynebacterium mucifaciens* DSM 44265_DSM	**1,411**	*Lactobacillus paraplantarum* DSM 10667T_DSM	**1,363**
G162	*Lactobacillus vitulinus* DSM 20405_DSM	**1,450**	*Streptomyces phaeochromogenes* B265_UFL	**1,423**
G198	*Corynebacterium ureicelerivorans* DSM 45051_DSM	**1,423**	*Flavobacterium pectinovorum* DSM 6368 HAM	**1,370**
G199	*Corynebacterium mucifaciens* C19 MVO	**1,964**	*Corynebacterium ureicelerivorans* DSM 45051_DSM	**1,632**
G200	*Corynebacterium mucifaciens* C19 MVO	**2,056**	*Corynebacterium mucifaciens* DSM 44265_DSM	**1,713**
G279	*Corynebacterium mucifaciens* C19 MVO	**1,747**	*Corynebacterium ureicelerivorans* DSM 45051_DSM	**1,614**
G385	*Corynebacterium mucifaciens* C19 MVO	**1,676**	*Corynebacterium mucifaciens* DSM 44265_DSM	**1,615**
G784	*Corynebacterium ureicelerivorans* DSM 45051_DSM	**1,767**	*Corynebacterium mucifaciens* C19 MVO	**1,752**
G924	*Corynebacterium mucifaciens* DSM 44265_DSM	**1,722**	*Clostridium tetani* type 1_1049_NCTC 279_BOG	**1,451**
G964	*Corynebacterium mucifaciens* C19 MVO	**1,818**	*Corynebacterium mucifaciens* DSM 44265_DSM	**1,286**
G977	*Corynebacterium mucifaciens* C19 MVO	**2,151**	*Corynebacterium mucifaciens* DSM 44265_DSM	**1,588**
G1009	*Clostridium tetani* type 1_1049_NCTC 279_BOG	**1,545**	*Corynebacterium mucifaciens* DSM 44265_DSM	**1,429**
G1021	*Corynebacterium mucifaciens* C19 MVO	**2,171**	*Corynebacterium amycolatum* (PX) 25086111_MLD	**1,504**
G1025	*Corynebacterium mucifaciens* C19 MVO	**1,771**	*Corynebacterium ureicelerivorans* DSM 45051_DSM	**1,508**

Tabelle 12.40: *Corynebacterium mucifaciens* (nach H_2O-Extraktion des Schleims)

Untersuchung von 25 Stämmen der Spezies *Corynebacterium mucifaciens* nach H_2O-Extraktion mit MALDI-TOF MS.
Die Bakterienstämme wurden kultiviert auf Columbia 5% Blutagarplatten für ca. 24 h bei 36°C unter 5%-CO_2-Atmosphäre.
Die Datenbank MALDI Biotyper 2.0 (Stand 15.10.09) enthielt 2 Datenbankeinträge *Corynebacterium mucifaciens*:
Corynebacterium mucifaciens C19 MVO
Corynebacterium mucifaciens DSM 44265_DSM

Stamm-nummer	Bakterienspezies mit dem besten Score-Wert	Score-Wert	Bakterienspezies mit dem zweitbesten Score-Wert	Score-Wert
300	*Corynebacterium mucifaciens* C19 MVO	**2,036**	*Corynebacterium mucifaciens* DSM 44265_DSM	**1,398**
341	*Corynebacterium mucifaciens* DSM 44265_DSM	**1,624**	*Corynebacterium mucifaciens* C19 MVO	**1,501**
394	*Corynebacterium mucifaciens* C19 MVO	**2,204**	*Corynebacterium afermentans* subsp. *afermentans* DSM 44280_DSM	**1,434**
418	*Corynebacterium mucifaciens* C19 MVO	**1,892**	*Corynebacterium mucifaciens* DSM 44265_DSM	**1,791**
2125	*Corynebacterium mucifaciens* C19 MVO	**2,128**	*Corynebacterium mucifaciens* DSM 44265_DSM	**1,613**
2278	*Corynebacterium mucifaciens* DSM 44265_DSM	**2,222**	*Corynebacterium ureicelerivorans* DSM 45051_DSM	**1,276**
3058	*Corynebacterium mucifaciens* DSM 44265_DSM	**1,830**	*Corynebacterium mucifaciens* C19 MVO	**1,710**
3214	*Corynebacterium mucifaciens* DSM 44265_DSM44265_DSM	**1,796**	*Corynebacterium ureicelerivorans* DSM 45051_DSM	**1,682**
3215	*Corynebacterium mucifaciens* C19 MVO	**1,758**	*Corynebacterium ureicelerivorans* DSM 45051_DSM	**1,556**
3374	*Corynebacterium mucifaciens* C19 MVO	**2,006**	*Corynebacterium mucifaciens* DSM 44265_DSM	**1,582**
3389	*Corynebacterium mucifaciens* DSM 44265_DSM	**2,006**	*Corynebacterium mucifaciens* C19 MVO	**1,867**
G90	*Corynebacterium mucifaciens* DSM 44265_DSM	**1,848**	*Corynebacterium mucifaciens* C19 MVO	**1,562**
G162	*Corynebacterium mucifaciens* C19 MVO	**2,007**	*Corynebacterium mucifaciens* DSM 44265_DSM	**1,748**
G198	*Corynebacterium mucifaciens* DSM 44265_DSM	**1,940**	*Corynebacterium mucifaciens* C19 MVO	**1,904**
G199	*Corynebacterium mucifaciens* DSM 44265_DSM	**1,646**	*Corynebacterium mucifaciens* C19 MVO	**1,565**
G200	*Corynebacterium mucifaciens* C19 MVO	**1,914**	*Corynebacterium mucifaciens* DSM 44265_DSM	**1,453**
G279	*Corynebacterium mucifaciens* DSM 44265_DSM	**1,667**	*Corynebacterium mucifaciens* C19 MVO	**1,550**
G385	*Corynebacterium mucifaciens* C19 MVO	**1,676**	*Corynebacterium ureicelerivorans* DSM 45051_DSM	**1,563**
G784	*Corynebacterium mucifaciens* DSM 44265_DSM	**1,590**	*Corynebacterium mucifaciens* C19 MVO	**1,514**
G924	*Corynebacterium mucifaciens* DSM 44265_DSM	**1,723**	*Pseudomonas mendocina* DSM 50017T HAM	**1,319**
G964	*Corynebacterium mucifaciens* C19 MVO	**1,751**	*Pseudomonas hydrocarboxydans* B333_UFL	**1,505**

Fortsetzung Tabelle 12.40: *Corynebacterium mucifaciens* (nach H_2O-Extraktion)

Stamm-nummer	Bakterienspezies mit dem besten Score-Wert	Score-Wert	Bakterienspezies mit dem zweitbesten Score-Wert	Score-Wert
G977	*Corynebacterium mucifaciens* C19 MVO	**1,983**	*Corynebacterium mucifaciens* DSM 44265_DSM	**1,699**
G1009	*Corynebacterium mucifaciens* C19 MVO	**1,790**	*Corynebacterium ureicelerivorans* DSM 45051_DSM	**1,555**
G1021	*Corynebacterium mucifaciens* C19 MVO	**2,051**	*Corynebacterium mucifaciens* DSM 44265_DSM	**1,453**
G1025	*Corynebacterium mucifaciens* DSM 44265_DSM	**1,542**	*Corynebacterium mucifaciens* C19 MVO	**1,490**

Tabelle 12.41: *Corynebacterium propinquum*

Untersuchung von 5 Stämmen der Spezies *Corynebacterium propinquum* mit MALDI-TOF MS.
Die Bakterienstämme wurden kultiviert auf Columbia 5% Blutagarplatten für ca. 36-48 h bei 36°C unter 5%-CO_2-Atmosphäre.
Die Datenbank MALDI Biotyper 2.0 (Stand 15.10.09) enthielt 3 Datenbankeinträge *Corynebacterium propinquum*:
Corynebacterium propinquum 80_D4 coll_ISB
Corynebacterium propinquum 83_D4 coll_ISB
Corynebacterium propinquum DSM 44285_DSM

Stamm-nummer	Bakterienspezies mit dem besten Score-Wert	Score-Wert	Bakterienspezies mit dem zweitbesten Score-Wert	Score-Wert
1306	*Corynebacterium propinquum* 80_D4 coll_ISB	**2,524**	*Corynebacterium propinquum* DSM 44285_DSM	**2,183**
1683	*Corynebacterium propinquum* 80_D4 coll_ISB	**2,434**	*Corynebacterium propinquum* 83_D4 coll_ISB	**2,231**
1814	*Corynebacterium propinquum* 80_D4 coll_ISB	**2,376**	*Corynebacterium propinquum* 83_D4 coll_ISB	**2,123**
3325	*Corynebacterium propinquum* 80_D4 coll_ISB	**2,431**	*Corynebacterium propinquum* 83_D4 coll_ISB	**2,042**
3383	*Corynebacterium propinquum* 80_D4 coll_ISB	**2,463**	*Corynebacterium propinquum* 83_D4 coll_ISB	**2,050**

Tabelle 12.42: *Corynebacterium pseudodiphtheriticum*

Untersuchung von 39 Stämmen der Spezies *Corynebacterium pseudodiphtheriticum* mit MALDI-TOF MS.

Die Bakterienstämme wurden kultiviert auf Columbia 5% Blutagarplatten für ca. 24-36 h bei 36°C unter 5%-CO_2-Atmosphäre.

Die Datenbank MALDI Biotyper 2.0 (Stand 15.10.09) enthielt 4 Datenbankeinträge *Corynebacterium pseudodiphtheriticum*:

Corynebacterium pseudodiphtheriticum ATCC 10701 THL

Corynebacterium pseudodiphtheriticum DSM 44287_DSM

Corynebacterium pseudodiphtheriticum DSM 46628_DSM

Corynebacterium pseudodiphtheriticum MB_7369_05 THL

Stamm-nummer	Bakterienspezies mit dem besten Score-Wert	Score-Wert	Bakterienspezies mit dem zweitbesten Score-Wert	Score-Wert
G516	*Corynebacterium propinquum* 80_D4 coll_ISB	**2,422**	*Corynebacterium propinquum* 83_D4 coll_ISB	**2,062**
G521	*Corynebacterium propinquum* 80_D4 coll_ISB	**2,388**	*Corynebacterium propinquum* 83_D4 coll_ISB	**2,183**
G522	*Corynebacterium pseudodiphtheriticum* ATCC 10701 THL	**2,378**	*Corynebacterium pseudodiphtheriticum* MB_7369_05 THL	**2,263**
G523	*Corynebacterium pseudodiphtheriticum* ATCC 10701 THL	**2,421**	*Corynebacterium pseudodiphtheriticum* MB_7369_05 THL	**2,317**
G524	*Corynebacterium propinquum* 80_D4 coll_ISB	**2,477**	*Corynebacterium propinquum* 83_D4 coll_ISB	**2,136**
G525	*Corynebacterium pseudodiphtheriticum* ATCC 10701 THL	**2,368**	*Corynebacterium pseudodiphtheriticum* MB_7369_05 THL	**2,285**
G526	*Corynebacterium pseudodiphtheriticum* ATCC 10701 THL	**2,421**	*Corynebacterium pseudodiphtheriticum* MB_7369_05 THL	**2,347**
G527	*Corynebacterium pseudodiphtheriticum* ATCC 10701 THL	**2,394**	*Corynebacterium pseudodiphtheriticum* MB_7369_05 THL	**2,271**
G528	*Corynebacterium pseudodiphtheriticum* ATCC 10701 THL	**2,369**	*Corynebacterium pseudodiphtheriticum* MB_7369_05 THL	**2,311**
G529	*Corynebacterium pseudodiphtheriticum* ATCC 10701 THL	**2,444**	*Corynebacterium pseudodiphtheriticum* MB_7369_05 THL	**2,312**
G530	*Corynebacterium pseudodiphtheriticum* ATCC 10701 THL	**2,439**	*Corynebacterium pseudodiphtheriticum* MB_7369_05 THL	**2,327**
G532	*Corynebacterium pseudodiphtheriticum* ATCC 10701 THL	**2,467**	*Corynebacterium pseudodiphtheriticum* MB_7369_05 THL	**2,388**
G535	*Corynebacterium propinquum* 80_D4 coll_ISB	**2,517**	*Corynebacterium propinquum* 83_D4 coll_ISB	**2,083**
G536	*Corynebacterium pseudodiphtheriticum* ATCC 10701 THL	**2,445**	*Corynebacterium pseudodiphtheriticum* MB_7369_05 THL	**2,353**
G537	*Corynebacterium pseudodiphtheriticum* ATCC 10701 THL	**2,450**	*Corynebacterium pseudodiphtheriticum* MB_7369_05 THL	**2,377**
G540	*Corynebacterium pseudodiphtheriticum* ATCC 10701 THL	**2,335**	*Corynebacterium pseudodiphtheriticum* MB_7369_05 THL	**2,260**
G544	*Corynebacterium pseudodiphtheriticum* ATCC 10701 THL	**2,388**	*Corynebacterium pseudodiphtheriticum* MB_7369_05 THL	**2,344**
G548	*Corynebacterium pseudodiphtheriticum* ATCC 10701 THL	**2,429**	*Corynebacterium pseudodiphtheriticum* MB_7369_05 THL	**2,309**
G549	*Corynebacterium pseudodiphtheriticum* ATCC 10701 THL	**2,394**	*Corynebacterium pseudodiphtheriticum* MB_7369_05 THL	**2,304**

Fortsetzung Tabelle 12.42: *Corynebacterium pseudodiphtheriticum*

Stamm-nummer	Bakterienspezies mit dem besten Score-Wert	Score-Wert	Bakterienspezies mit dem zweitbesten Score-Wert	Score-Wert
G550	*Corynebacterium pseudodiphtheriticum* ATCC 10701 THL	**2,473**	*Corynebacterium pseudodiphtheriticum* MB_7369_05 THL	**2,369**
30	*Corynebacterium pseudodiphtheriticum* ATCC 10701 THL	**2,409**	*Corynebacterium pseudodiphtheriticum* MB_7369_05 THL	**2,364**
38	*Corynebacterium pseudodiphtheriticum* ATCC 10701 THL	**2,427**	*Corynebacterium pseudodiphtheriticum* MB_7369_05 THL	**2,304**
68	*Corynebacterium propinquum* 80_D4 coll_ISB	**2,357**	*Corynebacterium propinquum* 83_D4 coll_ISB	**2,134**
73	*Corynebacterium pseudodiphtheriticum* ATCC 10701 THL	**2,433**	*Corynebacterium pseudodiphtheriticum* MB_7369_05 THL	**2,348**
93	*Corynebacterium propinquum* 80_D4 coll_ISB	**2,363**	*Corynebacterium propinquum* 83_D4 coll_ISB	**2,066**
471	*Corynebacterium propinquum* 80_D4 coll_ISB	**2,289**	*Corynebacterium propinquum* 83_D4 coll_ISB	**2,042**
766	*Corynebacterium propinquum* 80_D4 coll_ISB	**2,387**	*Corynebacterium propinquum* 83_D4 coll_ISB	**2,175**
1061	*Corynebacterium pseudodiphtheriticum* ATCC 10701 THL	**2,313**	*Corynebacterium pseudodiphtheriticum* MB_7369_05 THL	**2,285**
1239	*Corynebacterium pseudodiphtheriticum* ATCC 10701 THL	**2,377**	*Corynebacterium pseudodiphtheriticum* MB_7369_05 THL	**2,317**
1406	*Corynebacterium propinquum* 83_D4 coll_ISB	**2,130**	*Corynebacterium propinquum* 80_D4 coll_ISB	**2,056**
1447	*Corynebacterium pseudodiphtheriticum* ATCC 10701 THL	**2,422**	*Corynebacterium pseudodiphtheriticum* MB_7369_05 THL	**2,340**
1577	*Corynebacterium pseudodiphtheriticum* ATCC 10701 THL	**2,419**	*Corynebacterium pseudodiphtheriticum* MB_7369_05 THL	**2,328**
1672	*Corynebacterium propinquum* 80_D4 coll_ISB	**2,451**	*Corynebacterium propinquum* 83_D4 coll_ISB	**2,039**
1989	*Corynebacterium pseudodiphtheriticum* ATCC 10701 THL	**2,363**	*Corynebacterium pseudodiphtheriticum* MB_7369_05 THL	**2,294**
1990	*Corynebacterium pseudodiphtheriticum* ATCC 10701 THL	**2,392**	*Corynebacterium pseudodiphtheriticum* MB_7369_05 THL	**2,302**
2084	*Corynebacterium pseudodiphtheriticum* ATCC 10701 THL	**2,358**	*Corynebacterium pseudodiphtheriticum* MB_7369_05 THL	**2,256**
2117	*Corynebacterium propinquum* 80_D4 coll_ISB	**2,462**	*Corynebacterium propinquum* 83_D4 coll_ISB	**2,134**
2120	*Corynebacterium propinquum* 80_D4 coll_ISB	**2,434**	*Corynebacterium propinquum* 83_D4 coll_ISB	**2,214**
2283	*Corynebacterium pseudodiphtheriticum* ATCC 10701 THL	**2,410**	*Corynebacterium pseudodiphtheriticum* MB_7369_05 THL	**2,375**

Tabelle 12.43: *Corynebacterium pseudotuberculosis*

Untersuchung von 8 Stämmen der Spezies *Corynebacterium pseudotuberculosis* mit MALDI-TOF MS.
Die Bakterienstämme wurden kultiviert auf Columbia 5% Blutagarplatten für ca. 24-48 h bei 36°C unter 5%-CO_2-Atmosphäre.
Die Datenbank MALDI Biotyper 2.0 (Stand 15.10.09) enthielt 5 Datenbankeinträge *Corynebacterium pseudotuberculosis*:
Corynebacterium pseudotuberculosis 59_D6 coll ISB
Corynebacterium pseudotuberculosis 62_D6 coll ISB
Corynebacterium pseudotuberculosis 64_D6 coll ISB
Corynebacterium pseudotuberculosis DSM 20689_DSM
Corynebacterium pseudotuberculosis x_x_102968_C_IBS

Stamm-nummer	Bakterienspezies mit dem besten Score-Wert	Score-Wert	Bakterienspezies mit dem zweitbesten Score-Wert	Score-Wert
960	*Corynebacterium pseudotuberculosis* 59_D6 coll ISB	**2,336**	*Corynebacterium pseudotuberculosis* 64_D6 coll ISB	**2,332**
962	*Corynebacterium pseudotuberculosis* 59_D6 coll ISB	**2,289**	*Corynebacterium pseudotuberculosis* 64_D6 coll ISB	**2,170**
G121	*Corynebacterium ulcerans* DSM 46325_DSM	**2,201**	*Corynebacterium ulcerans* 67_D6 coll_ISB	**1,961**
G152	*Corynebacterium ulcerans* DSM 46325_DSM	**2,245**	*Corynebacterium ulcerans* 67_D6 coll_ISB	**2,239**
G494	*Corynebacterium ulcerans* DSM 46325_DSM	**2,283**	*Corynebacterium ulcerans* 67_D6 coll_ISB	**2,170**
G534	*Corynebacterium ulcerans* DSM 46325_DSM	**2,167**	*Corynebacterium ulcerans* 71_D6 coll ISB	**2,113**
G616	*Corynebacterium ulcerans* DSM 46325_DSM	**2,221**	*Corynebacterium ulcerans* 67_D6 coll_ISB	**2,182**
G870	*Corynebacterium ulcerans* 67_D6 coll_ISB	**2,211**	*Corynebacterium ulcerans* DSM 46325_DSM	**2,184**

Tabelle 12.44: *Corynebacterium riegelii*

Untersuchung von 8 Stämmen der Spezies *Corynebacterium riegelii* mit MALDI-TOF MS.
Die Bakterienstämme wurden kultiviert auf Columbia 5% Blutagarplatten für ca. 72 h bei 36°C unter 5%-CO_2-Atmosphäre.
Die Datenbank MALDI Biotyper 2.0 (Stand 15.10.09) enthielt 1 Datenbankeintrag *Corynebacterium riegelii*:
Corynebacterium riegelii DSM 44326_DSM

Stamm-nummer	Bakterienspezies mit dem besten Score-Wert	Score-Wert	Bakterienspezies mit dem zweitbesten Score-Wert	Score-Wert
2415	*Corynebacterium riegelii* DSM 44326_DSM	**2,433**	*Arthrobacter atrocyaneus* DSM 20127T_DSM	**1,293**
2582	*Corynebacterium riegelii* DSM 44326_DSM	**2,238**	*Escherichia coli* ATCC 25922 THL	**1,313**
3128	*Corynebacterium riegelii* DSM 44326_DSM	**2,071**	*Staphylococcus lentus* DSM 20352	**1,263**
3240	*Corynebacterium riegelii* DSM 44326_DSM	**2,028**	*Halomonas halmophila* B510_UFL	**1,461**
3324	*Corynebacterium riegelii* DSM 44326_DSM	**1,988**	*Corynebacterium striatum* (PX) 21086308_MLD	**1,423**
3441	*Corynebacterium riegelii* DSM 44326_DSM	**1,616**	*Thauera chlorobenzoica* 3CB_1_MPB	**1,418**
3453	*Corynebacterium riegelii* DSM 44326_DSM	**2,320**	*Corynebacterium glutamicum* DSM 20137_DSM	**1,456**
G942	*Corynebacterium riegelii* DSM 44326_DSM	**1,832**	*Arthrobacter koreensis* DSM 16760T_DSM	**1,378**

Tabelle 12.45: *Corynebacterium simulans*

Untersuchung von einem Stamm der Spezies *Corynebacterium simulans* mit MALDI-TOF MS.

Der Bakterienstamm wurde kultiviert auf Columbia 5% Blutagarplatten für ca. 24 h bei 36°C unter 5%-CO_2-Atmosphäre.

Die Datenbank MALDI Biotyper 2.0 (Stand 15.10.09) enthielt 1 Datenbankeintrag *Corynebacterium simulans*:

Corynebacterium simulans DSM 44415_DSM

Stamm-nummer	Bakterienspezies mit dem besten Score-Wert	Score-Wert	Bakterienspezies mit dem zweitbesten Score-Wert	Score-Wert
3576	*Corynebacterium simulans* DSM 44415_DSM	**2,233**	*Corynebacterium striatum* 23086514_MLD	**1,862**

Tabelle 12.46: *Corynebacterium striatum*

Untersuchung von 46 Stämmen der Spezies *Corynebacterium striatum* mit MALDI-TOF MS.

Die Bakterienstämme wurden kultiviert auf Columbia 5% Blutagarplatten für ca. 24 h bei 36°C unter 5%-CO_2-Atmosphäre.

Die Datenbank MALDI Biotyper 2.0 (Stand 15.10.09) enthielt 6 Datenbankeinträge *Corynebacterium striatum*:

Corynebacterium striatum (PX) 21086308_MLD

Corynebacterium striatum 10_G1799_ISB

Corynebacterium striatum 12_B25690 ISB

Corynebacterium striatum 23086514_MLD

Corynebacterium striatum DSM 20668_DSM

Corynebacterium striatum MB_8820_05 THL

Stamm-nummer	Bakterienspezies mit dem besten Score-Wert	Score-Wert	Bakterienspezies mit dem zweitbesten Score-Wert	Score-Wert
238	*Corynebacterium striatum* 23086514_MLD	**2,317**	*Corynebacterium striatum* MB_8820_05 THL	**2,280**
287	*Corynebacterium simulans* DSM 44415_DSM	**2,120**	*Corynebacterium striatum* 23086514_MLD	**1,808**
511	*Corynebacterium simulans* DSM 44415_DSM	**2,267**	*Corynebacterium striatum* 23086514_MLD	**2,126**
831	*Corynebacterium striatum* 23086514_MLD	**2,314**	*Corynebacterium striatum* MB_8820_05 THL	**2,246**
839	*Corynebacterium striatum* 23086514_MLD	**2,337**	*Corynebacterium striatum* MB_8820_05 THL	**2,262**
942	*Corynebacterium striatum* MB_8820_05 THL	**2,456**	*Corynebacterium striatum* DSM 20668_DSM	**2,226**
1005	*Corynebacterium simulans* DSM 44415_DSM	**2,156**	*Corynebacterium striatum* 23086514_MLD	**2,017**
1091	*Corynebacterium striatum* 23086514_MLD	**2,292**	*Corynebacterium striatum* MB_8820_05 THL	**2,202**
1317	*Corynebacterium striatum* MB_8820_05 THL	**2,207**	*Corynebacterium striatum* 23086514_MLD	**2,180**
1421	*Corynebacterium striatum* 23086514_MLD	**2,350**	*Corynebacterium striatum* MB_8820_05 THL	**2,162**
1448	*Corynebacterium simulans* DSM 44415_DSM	**2,238**	*Corynebacterium striatum* 23086514_MLD	**2,140**
1451	*Corynebacterium striatum* 23086514_MLD	**2,281**	*Corynebacterium striatum* MB_8820_05 THL	**2,098**
1491	*Corynebacterium striatum* MB_8820_05 THL	**2,478**	*Corynebacterium striatum* 23086514_MLD	**2,295**
1527	*Corynebacterium striatum* 23086514_MLD	**2,385**	*Corynebacterium striatum* MB_8820_05 THL	**2,274**
1728	*Corynebacterium striatum* 23086514_MLD	**2,357**	*Corynebacterium striatum* 12_B25690 ISB	**2,095**
1806	*Corynebacterium striatum* 23086514_MLD	**2,380**	*Corynebacterium striatum* MB_8820_05 THL	**2,142**
1807	*Corynebacterium striatum* MB_8820_05 THL	**2,422**	*Corynebacterium striatum* DSM 20668_DSM	**2,234**

Fortsetzung Tabelle 12.46: *Corynebacterium striatum*

Stamm-nummer	Bakterienspezies mit dem besten Score-Wert	Score-Wert	Bakterienspezies mit dem zweitbesten Score-Wert	Score-Wert
1929	*Corynebacterium striatum* MB_8820_05 THL	**2,394**	*Corynebacterium striatum* DSM 20668_DSM	**2,226**
1854	*Corynebacterium simulans* DSM 44415_DSM	**2,336**	*Corynebacterium striatum* 23086514_MLD	**1,978**
1967	*Corynebacterium striatum* 23086514_MLD	**2,359**	*Corynebacterium striatum* MB_8820_05 THL	**2,266**
1968	*Corynebacterium striatum* 23086514_MLD	**2,354**	*Corynebacterium striatum* MB_8820_05 THL	**2,258**
1969	*Corynebacterium striatum* 23086514_MLD	**2,345**	*Corynebacterium striatum* MB_8820_05 THL	**2,272**
1970	*Corynebacterium striatum* MB_8820_05 THL	**2,449**	*Corynebacterium striatum* 23086514_MLD	**2,296**
1975	*Corynebacterium striatum* 23086514_MLD	**2,330**	*Corynebacterium striatum* MB_8820_05 THL	**2,295**
2060	*Corynebacterium striatum* MB_8820_05 THL	**2,370**	*Corynebacterium striatum* 23086514_MLD	**2,321**
2602	*Corynebacterium striatum* MB_8820_05 THL	**2,448**	*Corynebacterium striatum* DSM 20668_DSM	**2,262**
2611	*Corynebacterium simulans* DSM 44415_DSM	**2,245**	*Corynebacterium striatum* 23086514_MLD	**2,011**
2612	*Corynebacterium simulans* DSM 44415_DSM	**2,039**	*Corynebacterium striatum* 23086514_MLD	**1,753**
2633	*Corynebacterium striatum* MB_8820_05 THL	**2,444**	*Corynebacterium striatum* 23086514_MLD	**2,237**
2637	*Corynebacterium striatum* MB_8820_05 THL	**2,264**	*Corynebacterium striatum* 23086514_MLD	**2,237**
2638	*Corynebacterium striatum* 23086514_MLD	**2,297**	*Corynebacterium striatum* MB_8820_05 THL	**2,247**
2639	*Corynebacterium striatum* MB_8820_05 THL	**2,308**	*Corynebacterium striatum* 23086514_MLD	**2,144**
2640	*Corynebacterium striatum* 23086514_MLD	**2,350**	*Corynebacterium striatum* MB_8820_05 THL	**2,247**
2641	*Corynebacterium striatum* MB_8820_05 THL	**2,308**	*Corynebacterium striatum* 23086514_MLD	**2,303**
2644	*Corynebacterium striatum* MB_8820_05 THL	**2,452**	*Corynebacterium striatum* 23086514_MLD	**2,244**
2645	*Corynebacterium striatum* MB_8820_05 THL	**2,413**	*Corynebacterium striatum* 23086514_MLD	**2,259**
2647	*Corynebacterium striatum* 23086514_MLD	**2,460**	*Corynebacterium striatum* MB_8820_05 THL	**2,321**
2648	*Corynebacterium striatum* MB_8820_05 THL	**2,435**	*Corynebacterium striatum* DSM 20668_DSM	**2,343**
2656	*Corynebacterium striatum* MB_8820_05 THL	**2,347**	*Corynebacterium striatum* 23086514_MLD	**2,262**
2668	*Corynebacterium striatum* 23086514_MLD	**2,381**	*Corynebacterium striatum* DSM 20668_DSM	**2,233**
2671	*Corynebacterium striatum* MB_8820_05 THL	**2,417**	*Corynebacterium striatum* 23086514_MLD	**2,282**
2672	*Corynebacterium striatum* MB_8820_05 THL	**2,419**	*Corynebacterium striatum* DSM 20668_DSM	**2,324**
2677	*Corynebacterium striatum* MB_8820_05 THL	**2,437**	*Corynebacterium striatum* 23086514_MLD	**2,183**
2678	*Corynebacterium striatum* MB_8820_05 THL	**2,426**	*Corynebacterium striatum* 23086514_MLD	**2,273**

Fortsetzung Tabelle 12.46: *Corynebacterium striatum*

Stamm-nummer	Bakterienspezies mit dem besten Score-Wert	Score-Wert	Bakterienspezies mit dem zweitbesten Score-Wert	Score-Wert
2685	*Corynebacterium striatum* MB_8820_05 THL	**2,429**	*Corynebacterium striatum* 23086514_MLD	**2,259**
3607	*Corynebacterium striatum* MB_8820_05 THL	**2,390**	*Corynebacterium striatum* 23086514_MLD	**2,318**

Tabelle 12.47: *Corynebacterium sundsvallense*

Untersuchung von 2 Stämmen der Spezies *Corynebacterium sundsvallense* mit MALDI-TOF MS.
Die Bakterienstämme wurden kultiviert auf Columbia 5% Blutagarplatten für ca. 48 h bei 36°C unter 5%-CO_2-Atmosphäre.
Die Datenbank MALDI Biotyper 2.0 (Stand 15.10.09) enthielt 1 Datenbankeintrag *Corynebacterium sundsvallense*:
Corynebacterium sundsvallense DSM 44613_DSM

Stamm-nummer	Bakterienspezies mit dem besten Score-Wert	Score-Wert	Bakterienspezies mit dem zweitbesten Score-Wert	Score-Wert
3322	*Corynebacterium sundsvallense* DSM 44613_DSM	**1,854**	*Corynebacterium imitans* DSM 44264_DSM	**1,434**
3323	*Corynebacterium sundsvallense* DSM 44613_DSM	**2,204**	*Streptococcus equi* subsp. *zooepidemicus* ATCC 43079 THL	**1,356**

Tabelle 12.48: *Corynebacterium thomssenii*

Untersuchung von 1 Stamm der Spezies *Corynebacterium thomssenii* mit MALDI-TOF MS.
Der Bakterienstamm wurde kultiviert auf Columbia 5% Blutagarplatten für ca. 72 h bei 36°C unter 5%-CO_2-Atmosphäre.
Die Datenbank MALDI Biotyper 2.0 (Stand 15.10.09) enthielt 1 Datenbankeintrag *Corynebacterium thomssenii*:
Corynebacterium thomssenii DSM 44276_DSM

Stamm-nummer	Bakterienspezies mit dem besten Score-Wert	Score-Wert	Bakterienspezies mit dem zweitbesten Score-Wert	Score-Wert
3081	*Corynebacterium thomssenii* DSM 44276_DSM	**2,060**	*Streptomyces avidinii* B190_UFL	**1,329**

Tabelle 12.49: *Corynebacterium tuberculostearicum*

Untersuchung von 36 Stämmen der Spezies *Corynebacterium tuberculostearicum* mit MALDI-TOF MS.

Die Bakterienstämme wurden kultiviert auf Columbia 5% Blutagarplatten für ca. 48-60 h bei 36°C unter 5%-CO_2-Atmosphäre.

Die Datenbank MALDI Biotyper 2.0 (Stand 15.10.09) enthielt 2 Datenbankeinträge *Corynebacterium tuberculostearicum*:

Corynebacterium tuberculostearicum DSM 44922_DSM

Corynebacterium tuberculostearicum Isolat Bre07 HED

Stamm-nummer	Bakterienspezies mit dem besten Score-Wert	Score-Wert	Bakterienspezies mit dem zweitbesten Score-Wert	Score-Wert
235	*Corynebacterium tuberculostearicum* Isolat Bre07 HED	**1,900**	*Corynebacterium tuberculostearicum* DSM 44922_DSM	**1,706**
261	*Corynebacterium tuberculostearicum* Isolat Bre07 HED	**1,822**	*Corynebacterium tuberculostearicum* DSM 44922_DSM	**1,701**
473	*Corynebacterium tuberculostearicum* Isolat Bre07 HED	**1,757**	*Escherichia coli ESBL* EA RSS 1528T_CHB	**1,354**
476	*Corynebacterium tuberculostearicum* DSM 44922_DSM	**1,685**	*Staphylococcus simulans* DSM 20323	**1,337**
788	*Corynebacterium accolens* x_x_28779_H_IBS	**1,615**	*Corynebacterium accolens* DSM 44278_DSM	**1,524**
934	*Corynebacterium tuberculostearicum* DSM 44922_DSM	**1,764**	*Staphylococcus schleiferi* subsp. *schleiferi* DSM 4809	**1,319**
1308	*Corynebacterium tuberculostearicum* Isolat Bre07 HED	**1,696**	*Corynebacterium tuberculostearicum* DSM 44922_DSM	**1,690**
1481	*Corynebacterium accolens* x_x_28779_H_IBS	**1,958**	*Corynebacterium accolens* DSM 44278_DSM	**1,877**
1482	*Corynebacterium simulans* DSM 44415_DSM	**2,114**	*Corynebacterium striatum* 23086514_MLD	**1,897**
1498	*Corynebacterium tuberculostearicum* DSM 44922_DSM	**1,474**	*Corynebacterium tuberculostearicum* Isolat Bre07 HED	**1,416**
1499	*Corynebacterium tuberculostearicum* DSM 44922_DSM	**1,847**	*Corynebacterium tuberculostearicum* Isolat Bre07 HED	**1,360**
1534	*Corynebacterium tuberculostearicum* DSM 44922_DSM	**1,452**	*Malikia spinosa* DSM 15801 HAM	**1,366**
1548	*Corynebacterium tuberculostearicum* DSM 44922_DSM	**1,885**	*Corynebacterium tuberculostearicum* Isolat Bre07 HED	**1,816**
1574	*Corynebacterium tuberculostearicum* DSM 44922_DSM	**1,639**	*Corynebacterium tuberculostearicum* Isolat Bre07 HED	**1,620**
2085	*Corynebacterium tuberculostearicum* DSM 44922_DSM	**1,731**	*Neisseria meningitidis* C1 2 PGM	**1,422**
2089	*Clostridium novyi* A 1025_NCTC 538_BOG	**1,421**	*Pseudomonas syringae* DSM 6693 HAM	**1,395**
2265	*Corynebacterium tuberculostearicum* Isolat Bre07 HED	**1,862**	*Corynebacterium tuberculostearicum* DSM 44922_DSM	**1,598**
2285	*Corynebacterium tuberculostearicum* DSM 44922_DSM	**1,866**	*Corynebacterium aurimucosum* DSM 44827_DSM	**1,513**
2324	*Corynebacterium tuberculostearicum* Isolat Bre07 HED	**1,809**	*Corynebacterium tuberculostearicum* DSM 44922_DSM	**1,667**
2360	*Corynebacterium tuberculostearicum* DSM 44922_DSM	**1,990**	*Corynebacterium tuberculostearicum* Isolat Bre07 HED	**1,752**
2362	*Paenibacillus* sp. 09 CTC	**1,379**	*Clostridium novyi* 1082_ATCC 17861_BOG	**1,338**

Fortsetzung Tabelle 12.49: *Corynebacterium tuberculostearicum*

Stamm-nummer	Bakterienspezies mit dem besten Score-Wert	Score-Wert	Bakterienspezies mit dem zweitbesten Score-Wert	Score-Wert
2389	*Corynebacterium simulans* DSM 44415_DSM	**2,093**	*Corynebacterium striatum* 23086514_MLD	**1,971**
2449	*Corynebacterium accolens* x_x_28779_H_IBS	**2,044**	*Corynebacterium accolens* DSM 44278_DSM	**1,754**
2572	*Corynebacterium tuberculostearicum* DSM 44922_DSM	**1,700**	*Corynebacterium tuberculostearicum* Isolat Bre07 HED	**1,507**
2619	*Corynebacterium tuberculostearicum* Isolat Bre07 HED	**1,750**	*Corynebacterium tuberculostearicum* DSM 44922_DSM	**1,621**
2680	*Corynebacterium tuberculostearicum* DSM 44922_DSM	**1,695**	*Corynebacterium tuberculostearicum* Isolat Bre07 HED	**1,626**
2681	*Corynebacterium tuberculostearicum* DSM 44922_DSM	**1,785**	*Corynebacterium tuberculostearicum* Isolat Bre07 HED	**1,768**
2737	*Corynebacterium tuberculostearicum* DSM 44922_DSM	**2,016**	*Corynebacterium tuberculostearicum* Isolat Bre07 HED	**1,651**
2739	*Arthrobacter castelli* DSM 16402T_DSM	**1,581**	*Corynebacterium striatum* 23086514_MLD	**1,448**
2822	*Corynebacterium tuberculostearicum* DSM 44922_DSM	**1,820**	*Corynebacterium tuberculostearicum* Isolat Bre07 HED	**1,529**
2825	*Corynebacterium ureicelerivorans* DSM 45051_DSM	**1,923**	*Lactobacillus amylophilus* DSM 20534T DSM	**1,152**
2851	*Corynebacterium tuberculostearicum* DSM 44922_DSM	**1,716**	*Corynebacterium tuberculostearicum* Isolat Bre07 HED	**1,712**
3494	*Corynebacterium macginleyi* DSM 44284_DSM	**2,350**	*Corynebacterium macginleyi* 120_D5coll_104099_71_IBS	**2,174**
3528	*Corynebacterium tuberculostearicum* Isolat Bre07 HED	**1,877**	*Corynebacterium tuberculostearicum* DSM 44922_DSM	**1,683**
3529	*Corynebacterium tuberculostearicum* DSM 44922_DSM	**1,973**	*Corynebacterium tuberculostearicum* Isolat Bre07 HED	**1,708**
3531	*Corynebacterium tuberculostearicum* Isolat Bre07 HED	**1,917**	*Corynebacterium tuberculostearicum* DSM 44922_DSM	**1,759**

Tabelle 12.50: *Corynebacterium ulcerans*

Untersuchung von 9 Stämmen der Spezies *Corynebacterium ulcerans* mit MALDI-TOF MS.
Die Bakterienstämme wurden kultiviert auf Columbia 5% Blutagarplatten für ca. 30-72 h bei 36°C unter 5%-CO_2-Atmosphäre.
Die Datenbank MALDI Biotyper 2.0 (Stand 15.10.09) enthielt 4 Datenbankeinträge *Corynebacterium ulcerans*:
Corynebacterium ulcerans 66_D6 coll ISB
Corynebacterium ulcerans 67_D6 coll_ISB
Corynebacterium ulcerans 71_D6 coll ISB
Corynebacterium ulcerans DSM 46325_DSM

Stamm-nummer	Bakterienspezies mit dem besten Score-Wert	Score-Wert	Bakterienspezies mit dem zweitbesten Score-Wert	Score-Wert
957	*Corynebacterium ulcerans* DSM 46325_DSM	**2,300**	*Corynebacterium ulcerans* 71_D6 coll ISB	**2,260**
958	*Corynebacterium ulcerans* DSM 46325_DSM	**2,327**	*Corynebacterium ulcerans* 71_D6 coll ISB	**2,138**
959	*Corynebacterium ulcerans* DSM 46325_DSM	**2,313**	*Corynebacterium ulcerans* 71_D6 coll ISB	**2,162**
2063	*Corynebacterium ulcerans* DSM 46325_DSM	**2,229**	*Corynebacterium ulcerans* 71_D6 coll ISB	**2,158**
2064	*Corynebacterium ulcerans* DSM 46325_DSM	**2,227**	*Corynebacterium ulcerans* 71_D6 coll ISB	**2,162**
G145	*Corynebacterium ulcerans* DSM 46325_DSM	**2,340**	*Corynebacterium ulcerans* 67_D6 coll_ISB	**2,308**
G223	*Corynebacterium ulcerans* DSM 46325_DSM	**2,266**	*Corynebacterium ulcerans* 67_D6 coll_ISB	**2,193**
G324	*Corynebacterium ulcerans* DSM 46325_DSM	**2,236**	*Corynebacterium ulcerans* 67_D6 coll_ISB	**2,206**
G325	*Corynebacterium ulcerans* DSM 46325_DSM	**2,281**	*Corynebacterium ulcerans* 67_D6 coll_ISB	**2,269**

Tabelle 12.51: *Corynebacterium urealyticum*

Untersuchung von 21 Stämmen der Spezies *Corynebacterium urealyticum* mit MALDI-TOF MS.
Die Bakterienstämme wurden kultiviert auf Columbia 5% Blutagarplatten für ca. 60-96 h bei 36°C unter 5%-CO_2-Atmosphäre.
Die Datenbank MALDI Biotyper 2.0 (Stand 15.10.09) enthielt 7 Datenbankeinträge *Corynebacterium urealyticum*:
Corynebacterium urealyticum 20_CU47_ISB
Corynebacterium urealyticum 24_A8761 ISB
Corynebacterium urealyticum 25_A25651 ISB
Corynebacterium urealyticum DSM 7109_DSM
Corynebacterium urealyticum DSM 7110_DSM
Corynebacterium urealyticum DSM 7111_DSM
Corynebacterium urealyticum x_x_43042_J_IBS

Stamm-nummer	Bakterienspezies mit dem besten Score-Wert	Score-Wert	Bakterienspezies mit dem zweitbesten Score-Wert	Score-Wert
874	*Corynebacterium urealyticum* 24_A8761 ISB	**1,973**	*Corynebacterium urealyticum* DSM 7111_DSM	**1,746**
897	*Corynebacterium urealyticum* DSM 7111_DSM	**2,061**	*Corynebacterium urealyticum* 24_A8761 ISB	**2,008**
908	*Corynebacterium urealyticum* 20_CU47_ISB	**2,110**	*Corynebacterium urealyticum* 24_A8761 ISB	**2,102**
1028	*Corynebacterium urealyticum* DSM 7110_DSM	**1,701**	*Corynebacterium urealyticum* DSM 7109_DSM	**1,670**
1313	*Corynebacterium urealyticum* 24_A8761 ISB	**2,179**	*Corynebacterium urealyticum* x_x_43042_J_IBS	**2,072**
1379	*Corynebacterium urealyticum* 24_A8761 ISB	**2,066**	*Corynebacterium urealyticum* x_x_43042_J_IBS	**1,841**

Fortsetzung Tabelle 12.51: *Corynebacterium urealyticum*

Stamm-nummer	Bakterienspezies mit dem besten Score-Wert	Score-Wert	Bakterienspezies mit dem zweitbesten Score-Wert	Score-Wert
1433	*Corynebacterium urealyticum* 24_A8761 ISB	**2,099**	*Corynebacterium urealyticum* 20_CU47_ISB	**1,864**
1791	*Corynebacterium urealyticum* 24_A8761 ISB	**2,198**	*Corynebacterium urealyticum* x_x_43042_J_IBS	**2,040**
2071	*Corynebacterium urealyticum* 24_A8761 ISB	**2,114**	*Corynebacterium urealyticum* DSM 7111_DSM	**2,086**
2072	*Corynebacterium urealyticum* 24_A8761 ISB	**1,798**	*Corynebacterium urealyticum* DSM 7111_DSM	**1,754**
2073	*Corynebacterium urealyticum* 24_A8761 ISB	**2,091**	*Corynebacterium urealyticum* DSM 7111_DSM	**1,885**
2074	*Corynebacterium urealyticum* 24_A8761 ISB	**2,000**	*Corynebacterium urealyticum* DSM 7111_DSM	**1,725**
2075	*Corynebacterium urealyticum* DSM 7111_DSM	**1,939**	*Corynebacterium urealyticum* 24_A8761 ISB	**1,807**
2076	*Corynebacterium urealyticum* 24_A8761 ISB	**2,141**	*Corynebacterium urealyticum* DSM 7111_DSM	**1,970**
2077	*Corynebacterium urealyticum* DSM 7111_DSM	**1,830**	*Corynebacterium urealyticum* 20_CU47_ISB	**1,769**
2078	*Corynebacterium urealyticum* 24_A8761 ISB	**2,070**	*Corynebacterium urealyticum* x_x_43042_J_IBS	**2,009**
2079	*Corynebacterium urealyticum* 24_A8761 ISB	**2,030**	*Corynebacterium urealyticum* x_x_43042_J_IBS	**1,756**
2080	*Corynebacterium urealyticum* DSM 7111_DSM	**1,796**	*Corynebacterium urealyticum* 24_A8761 ISB	**1,708**
2251	*Corynebacterium urealyticum* 24_A8761 ISB	**2,094**	*Corynebacterium urealyticum* DSM 7111_DSM	**1,981**
G65	*Corynebacterium urealyticum* 24_A8761 ISB	**2,195**	*Corynebacterium urealyticum* DSM 7109_DSM	**2,073**
G147	*Corynebacterium urealyticum* 24_A8761 ISB	**2,285**	*Corynebacterium urealyticum* x_x_43042_J_IBS	**2,092**

Tabelle 12.52: *Corynebacterium xerosis*

Untersuchung von einem Stamm der Spezies *Corynebacterium xerosis* mit MALDI-TOF MS.

Der Bakterienstamm wurde kultiviert auf Columbia 5% Blutagarplatten für ca. 48 h bei 36°C unter 5%-CO_2-Atmosphäre.

Die Datenbank MALDI Biotyper 2.0 (Stand 15.10.09) enthielt 1 Datenbankeintrag *Corynebacterium xerosis*:

Corynebacterium xerosis DSM 20743_DSM

Stamm-nummer	Bakterienspezies mit dem besten Score-Wert	Score-Wert	Bakterienspezies mit dem zweitbesten Score-Wert	Score-Wert
1504	*Corynebacterium xerosis* DSM 20743_DSM	**2,302**	*Corynebacterium freneyi* DSM 44506_DSM	**1,371**

Tabelle 12.53: *Dermabacter hominis*

Untersuchung von 42 Stämmen der Spezies *Dermabacter hominis* mit MALDI-TOF MS.

Die Bakterienstämme wurden kultiviert auf Columbia 5% Blutagarplatten für ca. 36-48 h bei 36°C unter 5%-CO_2-Atmosphäre.

Die Datenbank MALDI Biotyper 2.0 (Stand 15.10.09) enthielt 3 Datenbankeinträge *Dermabacter hominis*:

Dermabacter hominis 122_x_T29453_64_IBS

Dermabacter hominis 126_x_B25504_60_IBS

Dermabacter hominis DSM 7083_DSM

Stamm-nummer	Bakterienspezies mit dem besten Score-Wert	Score-Wert	Bakterienspezies mit dem zweitbesten Score-Wert	Score-Wert
244	*Dermabacter hominis* DSM 7083_DSM	**1,732**	*Lactobacillus gastricus* DSM 16045T_DSM	**1,628**
273	*Dermabacter hominis* 126_x_B25504_60_IBS	**2,001**	*Dermabacter hominis* 122_x_T29453_64_IBS	**1,974**
291	*Dermabacter hominis* 126_x_B25504_60_IBS	**1,972**	*Dermabacter hominis* 122_x_T29453_64_IBS	**1,743**
301	*Dermabacter hominis* 122_x_T29453_64_IBS	**2,000**	*Dermabacter hominis* 126_x_B25504_60_IBS	**1,994**
403	*Dermabacter hominis* DSM 7083_DSM	**1,840**	*Dermabacter hominis* 122_x_T29453_64_IBS	**1,832**
424	*Dermabacter hominis* 126_x_B25504_60_IBS	**1,940**	*Dermabacter hominis* 122_x_T29453_64_IBS	**1,910**
427	*Dermabacter hominis* 122_x_T29453_64_IBS	**1,927**	*Dermabacter hominis* 126_x_B25504_60_IBS	**1,868**
452	*Dermabacter hominis* 126_x_B25504_60_IBS	**1,909**	*Dermabacter hominis* 122_x_T29453_64_IBS	**1,890**
513	*Dermabacter hominis* 126_x_B25504_60_IBS	**2,024**	*Dermabacter hominis* 122_x_T29453_64_IBS	**2,010**
517	*Dermabacter hominis* 122_x_T29453_64_IBS	**2,055**	*Dermabacter hominis* 126_x_B25504_60_IBS	**1,991**
519	*Dermabacter hominis* DSM 7083_DSM	**1,980**	*Dermabacter hominis* 122_x_T29453_64_IBS	**1,891**
529	*Dermabacter hominis* DSM 7083_DSM	**2,123**	*Dermabacter hominis* 126_x_B25504_60_IBS	**1,921**
574	*Dermabacter hominis* 122_x_T29453_64_IBS	**2,047**	*Dermabacter hominis* 126_x_B25504_60_IBS	**1,961**
575	*Dermabacter hominis* 126_x_B25504_60_IBS	**2,004**	*Dermabacter hominis* 122_x_T29453_64_IBS	**1,945**
576	*Dermabacter hominis* DSM 7083_DSM	**2,001**	*Dermabacter hominis* 122_x_T29453_64_IBS	**1,974**
577	*Dermabacter hominis* DSM 7083_DSM	**1,864**	*Dermabacter hominis* 126_x_B25504_60_IBS	**1,530**
593	*Dermabacter hominis* 126_x_B25504_60_IBS	**1,769**	*Dermabacter hominis* 122_x_T29453_64_IBS	**1,601**
935	*Dermabacter hominis* 122_x_T29453_64_IBS	**1,938**	*Dermabacter hominis* DSM 7083_DSM	**1,827**
596	*Dermabacter hominis* DSM 7083_DSM	**2,066**	*Dermabacter hominis* 122_x_T29453_64_IBS	**1,796**
597	*Dermabacter hominis* 126_x_B25504_60_IBS	**1,973**	*Dermabacter hominis* 122_x_T29453_64_IBS	**1,924**

Fortsetzung Tabelle 12.53: *Dermabacter hominis*

Stamm-nummer	Bakterienspezies mit dem besten Score-Wert	Score-Wert	Bakterienspezies mit dem zweitbesten Score-Wert	Score-Wert
599	*Dermabacter hominis* DSM 7083_DSM	**2,009**	*Dermabacter hominis* 126_x_B25504_60_IBS	**1,949**
626	*Dermabacter hominis* 122_x_T29453_64_IBS	**1,800**	*Dermabacter hominis* 126_x_B25504_60_IBS	**1,734**
627	*Dermabacter hominis* DSM 7083_DSM	**1,929**	*Dermabacter hominis* 126_x_B25504_60_IBS	**1,837**
628	*Dermabacter hominis* 122_x_T29453_64_IBS	**2,175**	*Dermabacter hominis* 126_x_B25504_60_IBS	**2,047**
629	*Dermabacter hominis* 122_x_T29453_64_IBS	**1,950**	*Dermabacter hominis* 126_x_B25504_60_IBS	**1,887**
630	*Dermabacter hominis* DSM 7083_DSM	**1,779**	*Dermabacter hominis* 126_x_B25504_60_IBS	**1,567**
631	*Dermabacter hominis* 126_x_B25504_60_IBS	**2,093**	*Dermabacter hominis* 122_x_T29453_64_IBS	**1,970**
632	*Dermabacter hominis* DSM 7083_DSM	**2,022**	*Dermabacter hominis* 122_x_T29453_64_IBS	**1,862**
634	*Lodderomyces elongisporus* CBS 2605 CBS	**1,537**	*Aeromonas sobria* CECT 4245T_DSM	**1,350**
635	*Dermabacter hominis* 126_x_B25504_60_IBS	**1,917**	*Dermabacter hominis* 122_x_T29453_64_IBS	**1,878**
783	*Dermabacter hominis* 126_x_B25504_60_IBS	**2,050**	*Dermabacter hominis* 122_x_T29453_64_IBS	**1,996**
824	*Dermabacter hominis* 122_x_T29453_64_IBS	**1,985**	*Dermabacter hominis* DSM 7083_DSM	**1,933**
986	*Dermabacter hominis* 126_x_B25504_60_IBS	**1,950**	*Dermabacter hominis* 122_x_T29453_64_IBS	**1,919**
1017	*Dermabacter hominis* 126_x_B25504_60_IBS	**1,841**	*Dermabacter hominis* DSM 7083_DSM	**1,732**
1038	*Dermabacter hominis* 122_x_T29453_64_IBS	**1,963**	*Dermabacter hominis* 126_x_B25504_60_IBS	**1,945**
1096	*Dermabacter hominis* 122_x_T29453_64_IBS	**1,763**	*Dermabacter hominis* DSM 7083_DSM	**1,737**
1104	*Dermabacter hominis* DSM 7083_DSM	**1,902**	*Dermabacter hominis* 122_x_T29453_64_IBS	**1,767**
1217	*Dermabacter hominis* DSM 7083_DSM	**1,923**	*Dermabacter hominis* 122_x_T29453_64_IBS	**1,795**
1901	*Dermabacter hominis* DSM 7083_DSM	**2,146**	*Dermabacter hominis* 122_x_T29453_64_IBS	**1,920**
2036	*Dermabacter hominis* DSM 7083_DSM	**1,977**	*Dermabacter hominis* 122_x_T29453_64_IBS	**1,749**
1978	*Dermabacter hominis* DSM 7083_DSM	**1,833**	*Dermabacter hominis* 122_x_T29453_64_IBS	**1,599**
2354	*Dermabacter hominis* 126_x_B25504_60_IBS	**2,034**	*Dermabacter hominis* 122_x_T29453_64_IBS	**2,034**

Tabelle 12.54: *Exiguobacterium acetylicum*

Untersuchung von 1 Stamm der Spezies *Exiguobacterium acetylicum* mit MALDI-TOF MS.
Der Bakterienstamm wurde kultiviert auf Columbia 5% Blutagarplatten für ca. 30 h bei 36°C unter 5%-CO_2-Atmosphäre.
Die Datenbank MALDI Biotyper 2.0 (Stand 15.10.09) enthielt keinen Datenbankeintrag *Exiguobacterium acetylicum.*

Stamm-nummer	Bakterienspezies mit dem besten Score-Wert	Score-Wert	Bakterienspezies mit dem zweitbesten Score-Wert	Score-Wert
3219	*Arthrobacter creatinolyticus* DSM 15881T_DSM	**1,351**	*Chryseobacterium joostei* LMG 18212 HAM	**1,309**

Tabelle 12.55: *Microbacterium oxydans*

Untersuchung von 8 Stämmen der Spezies *Microbacterium oxydans* mit MALDI-TOF MS.
Die Bakterienstämme wurden kultiviert auf Columbia 5% Blutagarplatten für ca. 48 h bei 36°C unter 5%-CO_2-Atmosphäre.
Die Datenbank MALDI Biotyper 2.0 (Stand 15.10.09) enthielt 1Datenbankeintrag *Microbacterium oxydans*:
Microbacterium oxydans DSM 20578T DSM

Stamm-nummer	Bakterienspezies mit dem besten Score-Wert	Score-Wert	Bakterienspezies mit dem zweitbesten Score-Wert	Score-Wert
G297	*Microbacterium oxydans* DSM 20578T DSM	**2,301**	*Microbacterium maritypicum* DSM 12512T DSM	**2,180**
G407	*Microbacterium maritypicum* DSM 12512T DSM	**2,280**	*Microbacterium oxydans* DSM 20578T DSM	**1,947**
2083	*Microbacterium oxydans* DSM 20578T DSM	**2,235**	*Microbacterium maritypicum* DSM 12512T DSM	**2,025**
2345	*Microbacterium maritypicum* DSM 12512T DSM	**1,707**	*Microbacterium oxydans* DSM 20578T DSM	**1,540**
2350	*Microbacterium maritypicum* DSM 12512T DSM	**1,735**	*Microbacterium oxydans* DSM 20578T DSM	**1,562**
2704	*Microbacterium maritypicum* DSM 12512T DSM	**2,341**	*Microbacterium liquefaciens* HKI 11374 DSM 20638 HKJ	**2,047**
2841	*Microbacterium liquefaciens* HKI 11374 DSM 20638 HKJ	**2,084**	*Microbacterium maritypicum* DSM 12512T DSM	**2,005**
3227	*Microbacterium oxydans* DSM 20578T DSM	**2,336**	*Microbacterium maritypicum* DSM 12512T DSM	**2,243**

Tabelle 12.56: *Microbacterium paraoxydans*

Untersuchung von 7 Stämmen der Spezies *Microbacterium paraoxydans* mit MALDI-TOF MS.
Die Bakterienstämme wurden kultiviert auf Columbia 5% Blutagarplatten für ca. 48 h bei 36°C unter 5%-CO_2-Atmosphäre.
Die Datenbank MALDI Biotyper 2.0 (Stand 15.10.09) enthielt 1 Datenbankeintrag *Microbacterium paraoxydans*:
Microbacterium sp. DSM 15461 DSM (= *Microbacterium paraoxydans*)

Stamm-nummer	Bakterienspezies mit dem besten Score-Wert	Score-Wert	Bakterienspezies mit dem zweitbesten Score-Wert	Score-Wert
G1	*Microbacterium* sp. DSM 15461 DSM	**2,561**	*Microbacterium maritypicum* DSM 12512T DSM	**1,638**
G58	*Microbacterium* sp. DSM 15461 DSM	**2,155**	*Microbacterium maritypicum* DSM 12512T DSM	**1,413**
G428	*Microbacterium* sp. DSM 15461 DSM	**2,399**	*Microbacterium maritypicum* DSM 12512T DSM	**1,501**
2470	*Microbacterium* sp. DSM 15461 DSM	**2,490**	*Microbacterium maritypicum* DSM 12512T DSM	**1,431**
3109	*Microbacterium* sp. DSM 15461 DSM	**2,138**	*Microbacterium maritypicum* DSM 12512T DSM	**1,576**
3131	*Microbacterium* sp. DSM 15461 DSM	**2,030**	*Microbacterium maritypicum* DSM 12512T DSM	**1,493**
3200	*Microbacterium* sp. DSM 15461 DSM	**2,075**	*Microbacterium hydrocarbonoxydans* DSM 16089T DSM	**1,462**

Tabelle 12.57: *Rothia dentocariosa*

Untersuchung von 19 Stämmen der Spezies *Rothia dentocariosa* mit MALDI-TOF MS.
Die Bakterienstämme wurden kultiviert auf Columbia 5% Blutagarplatten für ca. 48 h bei 36°C unter 5%-CO_2-Atmosphäre.
Die Datenbank MALDI Biotyper 2.0 (Stand 15.10.09) enthielt 4 Datenbankeinträge *Rothia dentocariosa*:
Rothia dentocariosa B16575_bh8 IBS,
Rothia dentocariosa DSM 43762_DSM
Rothia dentocariosa G18709 IBS
Rothia dentocariosa G6496_ch28 IBS

Stamm-nummer	Bakterienspezies mit dem besten Score-Wert	Score-Wert	Bakterienspezies mit dem zweitbesten Score-Wert	Score-Wert
G24	*Rothia dentocariosa* G6496_ch28 IBS	**2,376**	*Rothia dentocariosa* B16575_bh8 IBS	**2,265**
G29	*Rothia dentocariosa* G6496_ch28 IBS	**2,492**	*Rothia dentocariosa* B16575_bh8 IBS	**2,303**
G123	*Rothia dentocariosa* G6496_ch28 IBS	**2,279**	*Rothia dentocariosa* B16575_bh8 IBS	**2,185**
G475	*Rothia dentocariosa* G6496_ch28 IBS	**2,297**	*Rothia dentocariosa* B16575_bh8 IBS	**2,260**
G990	*Rothia dentocariosa* G6496_ch28 IBS	**2,246**	*Rothia dentocariosa* B16575_bh8 IBS	**2,176**
G1018	*Staphylococcus chromogenes* DSM 20454	**1,488**	*Pseudomonas abietaniphila* CIP 106708 HAM	**1,411**
G1037	*Rothia dentocariosa* G6496_ch28 IBS	**2,269**	*Rothia dentocariosa* B16575_bh8 IBS	**2,193**
G1068	*Rothia dentocariosa* G6496_ch28 IBS	**2,395**	*Rothia dentocariosa* B16575_bh8 IBS	**1,926**
847	*Streptomyces violaceoruber* B263_UFL	**1,326**	*Staphylococcus aureus* subsp. *aureus* DSM 3463	**1,323**
948	*Rothia dentocariosa* G6496_ch28 IBS	**2,069**	*Rothia dentocariosa* B16575_bh8 IBS	**2,057**
2713	*Rothia dentocariosa* G6496_ch28 IBS	**2,203**	*Rothia dentocariosa* B16575_bh8 IBS	**2,178**
2719	*Rothia dentocariosa* G6496_ch28 IBS	**2,316**	*Rothia dentocariosa* G18709 IBS	**1,193**

Fortsetzung Tabelle 12.57: *Rothia dentocariosa*

Stamm-nummer	Bakterienspezies mit dem besten Score-Wert	Score-Wert	Bakterienspezies mit dem zweitbesten Score-Wert	Score-Wert
2720	*Rothia dentocariosa* G6496_ch28 IBS	**2,294**	*Rothia dentocariosa* G18709 IBS	**2,275**
2722	*Rothia dentocariosa* G6496_ch28 IBS	**2,233**	*Rothia dentocariosa* B16575_bh8 IBS	**2,142**
2724	*Rothia dentocariosa* G6496_ch28 IBS	**2,198**	*Rothia dentocariosa* B16575_bh8 IBS	**2,152**
2726	*Rothia dentocariosa* G18709 IBS	**2,060**	*Rothia dentocariosa* G6496_ch28 IBS	**2,045**
2731	*Rothia dentocariosa* G18709 IBS	**2,112**	*Rothia dentocariosa* B16575_bh8 IBS	**2,069**
2733	*Rothia dentocariosa* G6496_ch28 IBS	**2,320**	*Rothia dentocariosa* B16575_bh8 IBS	**2,209**
2752	*Rothia dentocariosa* G6496_ch28 IBS	**2,151**	*Rothia dentocariosa* B16575_bh8 IBS	**2,125**

Tabelle 12.58: *Turicella otitidis*

Untersuchung von 45 Stämmen der Spezies *Turicella otitidis* mit MALDI-TOF MS.

Die Bakterienstämme wurden kultiviert auf Columbia 5% Blutagarplatten für ca. 36-72 h bei 36°C unter 5%-CO_2-Atmosphäre.

Die Datenbank MALDI Biotyper 2.0 (Stand 15.10.09) enthielt 2 Datenbankeinträge *Turicella otitidis*:

Turicella otitidis 121_x_B9341_72_IBS

Turicella otitidis DSM 8821_DSM

Stamm-nummer	Bakterienspezies mit dem besten Score-Wert	Score-Wert	Bakterienspezies mit dem zweitbesten Score-Wert	Score-Wert
18	*Turicella otitidis* DSM 8821_DSM	**1,975**	*Micrococcus luteus* IMET 11249 DSM 20030 HKJ	**1,341**
71	*Turicella otitidis* DSM 8821_DSM	**1,955**	*Lactobacillus antri* DSM 16042_DSM	**1,432**
234^T	*Turicella otitidis* DSM 8821_DSM	**2,163**	*Lactobacillus antri* DSM 16041T_DSM	**1,329**
262	*Turicella otitidis* DSM 8821_DSM	**2,008**	*Lactobacillus antri* DSM 16042_DSM	**1,327**
272	*Turicella otitidis* DSM 8821_DSM	**1,972**	*Lactobacillus diolivorans* DSM 14421T_DSM	**1,349**
410	*Turicella otitidis* DSM 8821_DSM	**1,991**	*Pseudomonas oleovorans* DSM 1045T HAM	**1,320**
411	*Turicella otitidis* DSM 8821_DSM	**2,020**	*Candida intermedia* DSM 70753_DSM	**1,321**
425	*Turicella otitidis* DSM 8821_DSM	**2,096**	*Lactobacillus durianis* DSM 15802T_DSM	**1,355**
429	*Turicella otitidis* DSM 8821_DSM	**1,938**	*Pichia guilliermondii* CBS 566 CBS	**1,411**
431	*Turicella otitidis* DSM 8821_DSM	**2,014**	*Clostridium tetani* 1089_ATCC 10779_BOG	**1,454**
433	*Turicella otitidis* DSM 8821_DSM	**2,213**	*Staphylococcus condimenti* DSM 11675	**1,171**
436	*Turicella otitidis* DSM 8821_DSM	**2,204**	*Micrococcus luteus* IMET 11249 DSM 20030 HKJ	**1,422**
437	*Turicella otitidis* DSM 8821_DSM	**1,936**	*Lactobacillus antri* DSM 16042_DSM	**1,372**
441	*Turicella otitidis* DSM 8821_DSM	**1,879**	*Lactobacillus durianis* DSM 15802T_DSM	**1,423**
446	*Turicella otitidis* DSM 8821_DSM	**2,101**	*Lactobacillus antri* DSM 16042_DSM	**1,410**
447	*Turicella otitidis* DSM 8821_DSM	**2,212**	*Arthrobacter koreensis* DSM 16760T_DSM	**1,207**
448	*Turicella otitidis* DSM 8821_DSM	**2,151**	*Actinomyces europaeus* DSM 11077_DSM	**1,396**
449	*Turicella otitidis* DSM 8821_DSM	**2,118**	*Lactobacillus antri* DSM 16042_DSM	**1,294**
450	*Turicella otitidis* DSM 8821_DSM	**2,012**	*Pichia guilliermondii* CBS 566 CBS	**1,232**
451	*Turicella otitidis* DSM 8821_DSM	**2,278**	*Lactobacillus mali* DSM 20444_DSM	**1,269**
462	*Turicella otitidis* DSM 8821_DSM	**1,704**	*Streptomyces hirsutus* B267_UFL	**1,365**
465	*Turicella otitidis* DSM 8821_DSM	**1,971**	*Lactobacillus antri* DSM 16042_DSM	**1,418**
467	*Turicella otitidis* DSM 8821_DSM	**1,755**	*Lactobacillus antri* DSM 16042_DSM	**1,267**
469	*Turicella otitidis* DSM 8821_DSM	**2,158**	*Lactobacillus antri* DSM 16042_DSM	**1,284**

Fortsetzung Tabelle 12.58: *Turicella otitidis*

Stamm-nummer	Bakterienspezies mit dem besten Score-Wert	Score-Wert	Bakterienspezies mit dem zweitbesten Score-Wert	Score-Wert
479	*Turicella otitidis* DSM 8821_DSM	**2,106**	*Lactobacillus antri* DSM 16042_DSM	**1,307**
512	*Turicella otitidis* DSM 8821_DSM	**1,712**	*Rhodococcus erythropolis* IMET 11248 DSM 20665 HKJ	**1,393**
520	*Turicella otitidis* DSM 8821_DSM	**1,967**	*Actinomyces europaeus* DSM 11077_DSM	**1,237**
524	*Turicella otitidis* DSM 8821_DSM	**2,117**	*Lactobacillus antri* DSM 16042_DSM	**1,327**
525	*Turicella otitidis* DSM 8821_DSM	**2,052**	*Lactobacillus antri* DSM 16042_DSM	**1,368**
528	*Turicella otitidis* DSM 8821_DSM	**2,051**	*Lactobacillus antri* DSM 16042_DSM	**1,386**
531	*Turicella otitidis* DSM 8821_DSM	**1,991**	*Lactobacillus antri* DSM 16042_DSM	**1,211**
556	*Turicella otitidis* DSM 8821_DSM	**1,956**	*Pichia guilliermondii* CBS 566 CBS	**1,442**
1736	*Turicella otitidis* DSM 8821_DSM	**2,003**	*Lactobacillus antri* DSM 16042_DSM	**1,334**
1738	*Turicella otitidis* DSM 8821_DSM	**1,923**	*Lactobacillus antri* DSM 16042_DSM	**1,380**
1740	*Turicella otitidis* DSM 8821_DSM	**2,096**	*Clostridium tetani* 1089_ATCC 10779_BOG	**1,547**
1743	*Turicella otitidis* DSM 8821_DSM	**2,207**	*Clostridium haemolyticum* 1069_ATCC 9650_BOG	**1,343**
1746	*Turicella otitidis* DSM 8821_DSM	**2,102**	*Staphylococcus muscae* DSM 7068	**1,367**
1754	*Turicella otitidis* DSM 8821_DSM	**1,890**	*Lactobacillus ruminis* DSM 20511_DSM	**1,348**
1853	*Turicella otitidis* DSM 8821_DSM	**2,062**	*Pseudomonas agarici* DSM 11810T HAM	**1,438**
1891	*Turicella otitidis* DSM 8821_DSM	**2,120**	*Clostridium tetani* 1089_ATCC 10779_BOG	**1,366**
1892	*Turicella otitidis* DSM 8821_DSM	**2,047**	*Arthrobacter kerguelensis* DSM 15797T_DSM	**1,395**
1976	*Turicella otitidis* DSM 8821_DSM	**1,951**	*Lactobacillus antri* DSM 16042_DSM	**1,296**
1977	*Turicella otitidis* DSM 8821_DSM	**1,909**	*Staphylococcus capitis* subsp. *capitis* DSM 6180	**1,396**
2016	*Turicella otitidis* DSM 8821_DSM	**1,982**	*Clostridium tetani* 1089_ATCC 10779_BOG	**1,463**
2231	*Turicella otitidis* DSM 8821_DSM	**1,994**	*Clostridium tetani* 1089_ATCC 10779_BOG	**1,331**

2. Vergleich der Speziesidentifikation mit MALDI-TOF MS nach Kultivierung der Bakterien auf verschiedenen Nährböden bzw. nach Vorbehandlung des Bakterienschmierpräparates mit 70%iger Ameisensäure – Ergebnistabellen der untersuchten Spezies:

Tabellen 13.1 bis 13.58:

Die Tabellen 13.1 bis 13.58 zeigen einen Vergleich der Speziesidentifikation von 218 getesteten Bakterienstämmen (11 Gattungen / 55 Spezies / 4 Subspezies) mit MALDI-TOF MS nach Kultivierung auf unterschiedlichen Nährböden (Columbia 5% Schafblutagar, CNA Blutagar und Schokoladenagar).

Der Probenauftrag auf die Targetplatte erfolgte durch Schmierpräparation mit anschließender Überschichtung mit Zimtsäurematrix.

Als weitere Variante wurde die Auswirkung der Vorbehandlung des Bakterien-schmierpräparates mit 70%iger Ameisensäure untersucht. Hierfür wurden die Bakterienstämme auf Columbia 5% Schafblutagar-Platten kultiviert.

Bei Untersuchung von mehreren Stämmen einer Spezies wurde der Score-Median und die Score-Spanne der richtig identifizierten Spezies angegeben.

Tabellen 13.1 – 13.58:

Vergleich der Speziesidentifikation mit MALDI-TOF MS nach Kultivierung der Bakterien auf unterschiedlichen Nährböden bzw. nach Vorbehandlung des Bakterienschmierpräparates mit 70%iger Ameisensäure

Tabelle 13.1: *Actinobaculum schaalii*

Nährbodenvergleich / Vorbehandlung des Schmierpräparates mit 70%iger Ameisensäure:

Untersuchung von 1 Stamm *Actinobaculum schaalii* mit MALDI-TOF MS nach Inkubation für ca. 48 h bei 36°C unter 5%-CO_2–Atmosphäre.

Stamm-nummer	**Columbia 5% Blutagar**	**Score Wert**	**Columbia 5% Blutagar Ameisensäure 70%**	**Score Wert**	**CNA Blutagar**	**Score Wert**	**Schokoladenagar**	**Score Wert**
G909	*Actinobaculum schaalii* DSM 15541_DSM	**1,811**	*Actinobaculum schaalii* DSM 15541_DSM	**1,908**	*Actinobaculum schaalii* DSM 15541_DSM	**1,845**	*Actinobaculum schaalii* DSM 15541_DSM	**1,850**

Tabelle 13.2: *Actinobaculum urinale*

Nährbodenvergleich / Vorbehandlung des Schmierpräparates mit 70%iger Ameisensäure:

Untersuchung von 1 Stamm *Actinobaculum urinale* mit MALDI-TOF MS nach Inkubation für ca. 96 h bei 36°C unter 5%-CO_2–Atmosphäre.

Stamm-nummer	**Columbia 5% Blutagar**	**Score Wert**	**Columbia 5% Blutagar Ameisensäure 70%**	**Score Wert**	**CNA Blutagar**	**Score Wert**	**Schokoladenagar**	**Score Wert**
G1090	*Actinobaculum urinale* DSM 15805_DSM	**1,304**	*Actinomyces dentalis* DSM 19115T DSM	**1,239**	*Actinomyces dentalis* DSM 19115T DSM	**1,352**	*Lactobacillus malefermentans* DSM 20570_DSM	**1,356**

Tabelle 13.3: *Actinomyces europaeus*

Nährbodenvergleich / Vorbehandlung des Schmierpräparates mit 70%iger Ameisensäure:

Untersuchung von 4 Stämmen *Actinomyces europaeus* mit MALDI-TOF MS nach Inkubation für ca. 48 h bei 36°C unter 5%-CO_2–Atmosphäre.

Stamm-nummer	**Columbia 5% Blutagar**	**Score Wert**	**Columbia 5% Blutagar Ameisensäure 70%**	**Score Wert**	**CNA Blutagar**	**Score Wert**	**Schokoladenagar**	**Score Wert**
509	*Actinomyces europaeus* DSM 11077_DSM	**1,823**	*Actinomyces europaeus* DSM 11077_DSM	**1,901**	*Actinomyces europaeus* DSM 11077_DSM	**1,950**	*Actinomyces europaeus* DSM 11077_DSM	**1,816**
747	*Actinomyces europaeus* DSM 11077_DSM	**1,740**	*Actinomyces europaeus* DSM 11077_DSM	**1,923**	*Actinomyces europaeus* DSM 11077_DSM	**1,793**	*Actinomyces europaeus* DSM 11077_DSM	**1,588**
1113	*Actinomyces europaeus* DSM 11077_DSM	**1,972**	*Actinomyces europaeus* DSM 11077_DSM	**1,999**	*Actinomyces europaeus* DSM 11077_DSM	**1,992**	*Actinomyces europaeus* DSM 11077_DSM	**1,912**
1284	*Actinomyces europaeus* DSM 11078_DSM	**1,956**	*Actinomyces europaeus* DSM 11078_DSM	**1,741**	*Actinomyces europaeus* DSM 11078_DSM	**1,946**	*Actinomyces europaeus* DSM 11078_DSM	**1,834**
Score-Median		**1,890**		**1,912**		**1,948**		**1,825**
Score-Spanne		**1,740 – 1,972**		**1,741 – 1,999**		**1,793 – 1,992**		**1,588 – 1,912**

Tabelle 13.4: *Actinomyces graevenitzii*

Nährbodenvergleich / Vorbehandlung des Schmierpräparates mit 70%iger Ameisensäure:

Untersuchung von 1 Stamm *Actinomyces graevenitzii* mit MALDI-TOF MS nach Inkubation für ca. 48 h bei 36°C unter 5%-CO_2–Atmosphäre.

Stamm-nummer	**Columbia 5% Blutagar**	**Score Wert**	**Columbia 5% Blutagar Ameisensäure 70%**	**Score Wert**	**CNA Blutagar**	**Score Wert**	**Schokoladenagar**	**Score Wert**
G 1065	*Actinomyces* sp. G4892 IBS	**1,889**	*Actinomyces* sp. G4892 IBS	**1,886**	*Actinomyces* sp. G4892 IBS	**1,813**	*Actinomyces* sp. G4892 IBS	**1,798**

Tabelle 13.5: *Actinomyces neuii* subsp. *anitratus*

Nährbodenvergleich / Vorbehandlung des Schmierpräparates mit 70%iger Ameisensäure:

Untersuchung von 6 Stämmen *Actinomyces neuii* subsp. *anitratus* mit MALDI-TOF MS nach Inkubation für ca. 24 h bei 36°C unter 5%-CO_2–Atmosphäre.

Stamm-nummer	Columbia 5% Blutagar	Score Wert	Columbia 5% Blutagar Ameisensäure 70%	Score Wert	CNA Blutagar	Score Wert	Schokoladenagar	Score Wert
1794	*Actinomyces neuii* 50_90 IBS	**1,985**	*Actinomyces neuii* subsp. *anitratus* DSM 8577_DSM	**1,978**	*Actinomyces neuii* 50_90 IBS	**1,974**	*Actinomyces neuii* 50_90 IBS	**1,958**
1831	*Actinomyces neuii* 50_90 IBS	**2,027**	*Actinomyces neuii* 50_90 IBS	**1,990**	*Actinomyces neuii* 50_90 IBS	**1,980**	*Actinomyces neuii* 50_90 IBS	**1,912**
1885	*Actinomyces neuii* 50_90 IBS	**1,977**	*Actinomyces neuii* 50_90 IBS	**2,095**	*Actinomyces neuii* 50_90 IBS	**1,998**	*Actinomyces neuii* 50_90 IBS	**1,868**
1907	*Actinomyces neuii* subsp. *anitratus* DSM 8577_DSM	**1,955**	*Actinomyces neuii* 50_90 IBS	**2,043**	*Actinomyces neuii* 50_90 IBS	**1,977**	*Actinomyces neuii* 50_90 IBS	**2,032**
2028	*Actinomyces neuii* 50_90 IBS	**1,901**	*Actinomyces neuii* subsp. *anitratus* DSM 8577_DSM	**2,161**	*Actinomyces neuii* 50_90 IBS	**1,954**	*Actinomyces neuii* subsp. *anitratus* DSM 8577_DSM	**1,956**
2050	*Actinomyces neuii* 50_90 IBS	**1,923**	*Actinomyces neuii* 50_90 IBS	**1,895**	*Actinomyces neuii* 50_90 IBS	**1,947**	*Actinomyces neuii* 50_90 IBS	**1,851**
Score-Median		**1,966**		**2,017**		**1,976**		**1,934**
Score-Spanne		**1,901 – 2,027**		**1,895 – 2,161**		**1,947 – 1,998**		**1,851 – 2,032**

Tabelle 13.6: *Actinomyces neuii* subsp. *neuii*

Nährbodenvergleich / Vorbehandlung des Schmierpräparates mit 70%iger Ameisensäure:

Untersuchung von 5 Stämmen *Actinomyces neuii* subsp. *neuii* mit MALDI-TOF MS nach Inkubation für ca. 24 h bei 36°C unter 5%-CO_2–Atmosphäre.

Stamm-nummer	Columbia 5% Blutagar	Score Wert	Columbia 5% Blutagar Ameisensäure 70%	Score Wert	CNA Blutagar	Score Wert	Schokoladenagar	Score Wert
361	*Actinomyces neuii* subsp. *neuii* DSM 8576_DSM	**2,121**	*Actinomyces neuii* subsp. *neuii* DSM 8576_DSM	**2,241**	*Actinomyces neuii* subsp. *neuii* DSM 8576_DSM	**2,092**	*Actinomyces neuii* subsp. *neuii* DSM 8576_DSM	**2,162**
362	*Actinomyces neuii* subsp. *neuii* DSM 8576_DSM	**2,086**	*Actinomyces neuii* subsp. *neuii* DSM 8576_DSM	**2,062**	*Actinomyces neuii* subsp. *neuii* DSM 8576_DSM	**2,041**	*Actinomyces neuii* subsp. *neuii* DSM 8576_DSM	**2,057**
383	*Actinomyces neuii* subsp. *neuii* DSM 8576_DSM	**2,170**	*Actinomyces neuii* subsp. *neuii* DSM 8576_DSM	**2,255**	*Actinomyces neuii* subsp. *neuii* DSM 8576_DSM	**2,114**	*Actinomyces neuii* subsp. *neuii* DSM 8576_DSM	**2,133**
1804	*Actinomyces neuii* subsp. *neuii* DSM 8576_DSM	**2,077**	*Actinomyces neuii* subsp. *neuii* DSM 8576_DSM	**2,097**	*Actinomyces neuii* subsp. *neuii* DSM 8576_DSM	**2,181**	*Actinomyces neuii* subsp. *neuii* DSM 8576_DSM	**2,161**
1817	*Actinomyces neuii* subsp. *neuii* DSM 8576_DSM	**2,083**	*Actinomyces neuii* subsp. *neuii* DSM 8576_DSM	**2,166**	*Actinomyces neuii* subsp. *neuii* DSM 8576_DSM	**2,095**	*Actinomyces neuii* subsp. *neuii* DSM 8576_DSM	**2,125**
Score-Median		**2,086**		**2,166**		**2,095**		**2,133**
Score-Spanne		**2,077 – 2,170**		**2,062 – 2,255**		**2,041 – 2,181**		**2,057 – 2,162**

Tabelle 13.7: *Actinomyces radingae*

Nährbodenvergleich / Vorbehandlung des Schmierpräparates mit 70%iger Ameisensäure:

Untersuchung von 1 Stamm *Actinomyces radingae* mit MALDI-TOF MS nach Inkubation für ca. 48 h bei 36°C unter 5%-CO_2–Atmosphäre.

Stamm-nummer	Columbia 5% Blutagar	Score Wert	Columbia 5% Blutagar Ameisensäure 70%	Score Wert	CNA Blutagar	Score Wert	Schokoladenagar	Score Wert
969	*Actinomyces radingae* DSM 9169_DSM	**2,081**	*Actinomyces radingae* DSM 9169_DSM	**2,076**	*Actinomyces radingae* DSM 9169_DSM	**2,078**	*Actinomyces radingae* DSM 9169_DSM	**2,013**

Tabelle 13.8: *Actinomyces turicensis*

Nährbodenvergleich / Vorbehandlung des Schmierpräparates mit 70%iger Ameisensäure:

Untersuchung von 3 Stämmen *Actinomyces turicensis* mit MALDI-TOF MS nach Inkubation für ca. 48 h bei 36°C unter 5%-CO_2-Atmosphäre.

Stamm-nummer	Columbia 5% Blutagar	Score Wert	Columbia 5% Blutagar Ameisensäure 70%	Score Wert	CNA Blutagar	Score Wert	Schokoladenagar	Score Wert
813	*Actinomyces turicensis* DSM 9168_DSM	**1,666**	*Actinomyces turicensis* DSM 9168_DSM	**1,752**	*Actinomyces turicensis* DSM 9168_DSM	**1,679**	*Actinomyces turicensis* DSM 9168_DSM	**1,604**
970	*Actinomyces turicensis* DSM 9168_DSM	**1,776**	*Actinomyces turicensis* DSM 9168_DSM	**1,883**	*Actinomyces turicensis* DSM 9168_DSM	**1,754**	*Actinomyces turicensis* DSM 9168_DSM	**1,789**
2271	*Actinomyces turicensis* DSM 9168_DSM	**1,778**	*Actinomyces turicensis* DSM 9168_DSM	**1,924**	*Actinomyces turicensis* DSM 9168_DSM	**1,622**	*Actinomyces turicensis* DSM 9168_DSM	**1,779**
Score-Median		**1,776**		**1,883**		**1,679**		**1,779**
Score-Spanne		**1,666 – 1,778**		**1,752 – 1,924**		**1,622 – 1,754**		**1,604 – 1,789**

Tabelle 13.9: *Arcanobacterium bernardiae*

Nährbodenvergleich / Vorbehandlung des Schmierpräparates mit 70%iger Ameisensäure:

Untersuchung von 3 Stämmen *Arcanobacterium bernardiae* mit MALDI-TOF MS nach Inkubation für ca. 24 h bei 36°C unter 5%-CO_2-Atmosphäre.

Stamm-nummer	Columbia 5% Blutagar	Score Wert	Columbia 5% Blutagar Ameisensäure 70%	Score Wert	CNA Blutagar	Score Wert	Schokoladenagar	Score Wert
G224	*Arcanobacterium bernardiae* DSM 9153_DSM	**2,026**	*Arcanobacterium bernardiae* DSM 9153_DSM	**1,971**	*Arcanobacterium bernardiae* DSM 9153_DSM	**2,007**	*Arcanobacterium bernardiae* DSM 9151_DSM	**2,117**
G246	*Arcanobacterium bernardiae* DSM 9151_DSM	**2,141**	*Arcanobacterium bernardiae* DSM 9151_DSM	**2,154**	*Arcanobacterium bernardiae* DSM 9151_DSM	**2,176**	*Arcanobacterium bernardiae* DSM 9151_DSM	**2,166**
G273	*Arcanobacterium bernardiae* DSM 9151_DSM	**2,118**	*Arcanobacterium bernardiae* DSM 9151_DSM	**2,072**	*Arcanobacterium bernardiae* DSM 9151_DSM	**1,926**	*Arcanobacterium bernardiae* DSM 9151_DSM	**2,079**
Score-Median		**2,118**		**2,072**		**2,007**		**2,117**
Score-Spanne		**2,026 – 2,141**		**1,971 – 2,154**		**1,926 – 2,176**		**2,076 – 2,166**

Tabelle 13.10: *Arcanobacterium haemolyticum*

Nährbodenvergleich / Vorbehandlung des Schmierpräparates mit 70%iger Ameisensäure:

Untersuchung von 6 Stämmen *Arcanobacterium haemolyticum* mit MALDI-TOF MS nach Inkubation für ca. 24 h bei 36°C unter 5%-CO_2-Atmosphäre.

Stamm-nummer	Columbia 5% Blutagar	Score Wert	Columbia 5% Blutagar Ameisensäure 70%	Score Wert	CNA Blutagar	Score Wert	Schokoladenagar	Score Wert
G14	*Arcanobacterium haemolyticum* 119_x_G10739_70_IBS	**2,111**	*Arcanobacterium haemolyticum* 119_x_G10739_70_IBS	**2,225**	*Arcanobacterium haemolyticum* 119_x_G10739_70_IBS	**2,176**	*Arcanobacterium haemolyticum* 119_x_G10739_70_IBS	**2,153**
G75	*Arcanobacterium haemolyticum* 119_x_G10739_70_IBS	**2,154**	*Arcanobacterium haemolyticum* 119_x_G10739_70_IBS	**2,249**	*Arcanobacterium haemolyticum* 119_x_G10739_70_IBS	**2,238**	*Arcanobacterium haemolyticum* 117_x_8116_68_IBS	**2,092**
G127	*Arcanobacterium haemolyticum* 117_x_8116_68_IBS	**2,085**	*Arcanobacterium haemolyticum* 119_x_G10739_70_IBS	**2,106**	*Arcanobacterium haemolyticum* 117_x_8116_68_IBS	**2,188**	*Arcanobacterium haemolyticum* 117_x_8116_68_IBS	**2,070**
G209	*Arcanobacterium haemolyticum* 119_x_G10739_70_IBS	**2,090**	*Arcanobacterium haemolyticum* 119_x_G10739_70_IBS	**2,143**	*Arcanobacterium haemolyticum* 119_x_G10739_70_IBS	**2,099**	*Arcanobacterium haemolyticum* 119_x_G10739_70_IBS	**2,112**
G213	*Arcanobacterium haemolyticum* 119_x_G10739_70_IBS	**2,192**	*Arcanobacterium haemolyticum* 119_x_G10739_70_IBS	**2,106**	*Arcanobacterium haemolyticum* 119_x_G10739_70_IBS	**2,121**	*Arcanobacterium haemolyticum* 119_x_G10739_70_IBS	**2,163**
G227	*Arcanobacterium haemolyticum* 119_x_G10739_70_IBS	**2,157**	*Arcanobacterium haemolyticum* 117_x_8116_68_IBS	**2,166**	*Arcanobacterium haemolyticum* 117_x_8116_68_IBS	**2,311**	*Arcanobacterium haemolyticum* 117_x_8116_68_IBS	**2,121**
Score-Median		**2,133**		**2,155**		**2,182**		**2,117**
Score-Spanne		**2,085 – 2,192**		**2,106 – 2,249**		**2,099 – 2,311**		**2,07 – 2,163**

Tabelle 13.11: *Arcanobacterium pyogenes*

Nährbodenvergleich / Vorbehandlung des Schmierpräparates mit 70%iger Ameisensäure:

Untersuchung von 1 Stamm *Arcanobacterium pyogenes* mit MALDI-TOF MS nach Inkubation für ca. 24 h bei 36°C unter 5%-CO_2-Atmosphäre.

Stamm-nummer	Columbia 5% Blutagar	Score Wert	Columbia 5% Blutagar Ameisensäure 70%	Score Wert	CNA Blutagar	Score Wert	Schokoladenagar	Score Wert
518	*Staphylococcus epidermidis* ATCC 12228 THL	**1,417**	*Arcanobacterium pyogenes* DSM 20594_DSM	**1,479**	*Clostridium novyi* A 1025_NCTC 538_BOG	**1,557**	*Arcanobacterium pyogenes* DSM 20594_DSM	**1,498**

Tabelle 13.12: *Arthrobacter cumminsii*

Nährbodenvergleich / Vorbehandlung des Schmierpräparates mit 70%iger Ameisensäure:

Untersuchung von 5 Stämmen *Arthrobacter cumminsii* mit MALDI-TOF MS nach Inkubation für ca. 24 h bei 36°C unter 5%-CO_2-Atmosphäre.

Stamm-nummer	Columbia 5% Blutagar	Score Wert	Columbia 5% Blutagar Ameisensäure 70%	Score Wert	CNA Blutagar	Score Wert	Schokoladenagar	Score Wert
G124	*Arthrobacter cumminsii* C2 MVO	**1,678**	*Arthrobacter cumminsii* C2 MVO	**1,663**	*Arthrobacter cumminsii* C2 MVO	**1,762**	*Arthrobacter cumminsii* C2 MVO	**1,587**
G219	*Arthrobacter cumminsii* C2 MVO	**1,511**	*Arthrobacter cumminsii* C2 MVO	**1,483**	*Arthrobacter cumminsii* C2 MVO	**1,666**	*Arthrobacter cumminsii* C2 MVO	**1,748**
G300	*Arthrobacter cumminsii* C2 MVO	**1,677**	*Arthrobacter cumminsii* C2 MVO	**1,538**	*Arthrobacter cumminsii* C2 MVO	**1,297**	*Arthrobacter cumminsii* C2 MVO	**1,614**
G352	*Arthrobacter cumminsii* C2 MVO	**1,753**	*Arthrobacter cumminsii* C2 MVO	**1,487**	*Arthrobacter cumminsii* C2 MVO	**1,596**	*Arthrobacter cumminsii* C2 MVO	**1,630**
G664	*Rhodococcus rhodochrous* B257 UFL	**1,358**	*Pseudomonas pictorum* LMG 981 HAM	**1,363**	*Paenibacillus brasilensis* DSM 14914_DSM	**1,431**	*Arthrobacter cumminsii* C2 MVO	**1,281**
Score-Median		**1,678**		**1,513**		**1,631**		**1,614**
Score-Spanne		**1,511 – 1,753**		**1,483 – 1,663**		**1,297 – 1,762**		**1,281 – 1,746**

Tabelle 13.13: *Arthrobacter oxydans*

Nährbodenvergleich / Vorbehandlung des Schmierpräparates mit 70%iger Ameisensäure:

Untersuchung von 2 Stämmen *Arthrobacter oxydans* mit MALDI-TOF MS nach Inkubation für ca. 24 h bei 36°C unter 5%-CO_2-Atmosphäre.

In der letzten Tabellenzeile wird der Score-Wert der richtig identifizierten Spezies angegeben.

Stamm-nummer	Columbia 5% Blutagar	Score Wert	Columbia 5% Blutagar Ameisensäure 70%	Score Wert	CNA Blutagar	Score Wert	Schokoladenagar	Score Wert
G115	*Arthrobacter polychromogenes* DSM 20136T_DSM	**2,455**	*Arthrobacter polychromogenes* DSM 20136T_DSM	**2,410**	*Arthrobacter polychromogenes* DSM 20136T_DSM	**2,503**	*Arthrobacter polychromogenes* DSM 20136T_DSM	**2,432**
G120	*Arthrobacter scleromae* DSM 17756T_DSM	**2,407**	*Arthrobacter oxydans* DSM 20119T_DSM	**2,391**	*Arthrobacter oxydans* DSM 20119T_DSM	**2,378**	*Arthrobacter polychromogenes* DSM 20136T_DSM	**2,334**
Score-Wert		**-**		**2,391**		**2,378**		**-**

Tabelle 13.14: *Brevibacterium casei*

Nährbodenvergleich / Vorbehandlung des Schmierpräparates mit 70%iger Ameisensäure:

Untersuchung von 8 Stämmen *Brevibacterium casei* mit MALDI-TOF MS nach Inkubation für ca. 24 h bei 36°C unter 5%-CO_2-Atmosphäre.

Stamm-nummer	Columbia 5% Blutagar	Score Wert	Columbia 5% Blutagar Ameisensäure 70%	Score Wert	CNA Blutagar	Score Wert	Schokoladenagar	Score Wert
106	*Brevibacterium casei* IMET 10997 DSM 20657 HKJ	**2,457**	*Brevibacterium casei* IMET 10997 DSM 20657 HKJ	**2,527**	*Brevibacterium casei* IMET 10997 DSM 20657 HKJ	**2,501**	*Brevibacterium casei* IMET 10997 DSM 20657 HKJ	**2,393**
108	*Brevibacterium celere* DSM 15453T DSM	**2,237**	*Brevibacterium celere* DSM 15453T DSM	**2,215**	*Brevibacterium celere* DSM 15453T DSM	**2,129**	*Brevibacterium celere* DSM 15453T DSM	**2,204**
142	*Brevibacterium casei* IMET 10997 DSM 20657 HKJ	**2,538**	*Brevibacterium casei* IMET 10997 DSM 20657 HKJ	**2,496**	*Brevibacterium casei* IMET 10997 DSM 20657 HKJ	**2,518**	*Brevibacterium casei* IMET 10997 DSM 20657 HKJ	**2,506**
156	*Brevibacterium casei* IMET 10997 DSM 20657 HKJ	**2,487**	*Brevibacterium casei* IMET 10997 DSM 20657 HKJ	**2,458**	*Brevibacterium casei* IMET 10997 DSM 20657 HKJ	**2,458**	*Brevibacterium casei* IMET 10997 DSM 20657 HKJ	**2,519**
254	*Brevibacterium casei* IMET 10997 DSM 20657 HKJ	**2,469**	*Brevibacterium casei* IMET 10997 DSM 20657 HKJ	**2,541**	*Brevibacterium casei* IMET 10997 DSM 20657 HKJ	**2,521**	*Brevibacterium casei* IMET 10997 DSM 20657 HKJ	**2,482**
381[1]	*Brevibacterium casei* IMET 10997 DSM 20657 HKJ	**2,525**	*Brevibacterium casei* IMET 10997 DSM 20657 HKJ	**2,612**	*Brevibacterium casei* IMET 10997 DSM 20657 HKJ	**2,587**	*Brevibacterium casei* IMET 10997 DSM 20657 HKJ	**2,588**
384	*Brevibacterium casei* IMET 10997 DSM 20657 HKJ	**2,548**	*Brevibacterium casei* IMET 10997 DSM 20657 HKJ	**2,557**	*Brevibacterium casei* IMET 10997 DSM 20657 HKJ	**2,558**	*Brevibacterium casei* IMET 10997 DSM 20657 HKJ	**2,484**
392	*Brevibacterium casei* IMET 10997 DSM 20657 HKJ	**2,501**	*Brevibacterium casei* IMET 10997 DSM 20657 HKJ	**2,455**	*Brevibacterium casei* IMET 10997 DSM 20657 HKJ	**2,499**	*Brevibacterium casei* IMET 10997 DSM 20657 HKJ	**2,490**
Score-Median		**2,501**		**2,527**		**2,518**		**2,490**
Score-Spanne		**2,457 – 2,548**		**2,455 – 2,612**		**2,458 – 2,587**		**2,393 – 2,588**

Tabelle 13.15: *Brevibacterium epidermidis*

Nährbodenvergleich / Vorbehandlung des Schmierpräparates mit 70%iger Ameisensäure:

Untersuchung von 1 Stamm *Brevibacterium epidermidis* mit MALDI-TOF MS nach Inkubation für ca. 24 h bei 36°C unter 5%-CO_2-Atmosphäre.

Stamm-nummer	Columbia 5% Blutagar	Score Wert	Columbia 5% Blutagar Ameisensäure 70%	Score Wert	CNA Blutagar	Score Wert	Schokoladenagar	Score Wert
603	*Brevibacterium epidermidis* IMET 10998 DSM 20660 HKJ	**2,305**	*Brevibacterium epidermidis* IMET 10998 DSM 20660 HKJ	**2,195**	*Brevibacterium epidermidis* IMET 10998 DSM 20660 HKJ	**2,290**	*Brevibacterium epidermidis* IMET 10998 DSM 20660 HKJ	**2,364**

Tabelle 13.16: *Brevibacterium mcbrellneri*

Nährbodenvergleich / Vorbehandlung des Schmierpräparates mit 70%iger Ameisensäure:

Untersuchung von 2 Stämmen *Brevibacterium mcbrellneri* mit MALDI-TOF MS nach Inkubation für ca. 48 h bei 36°C unter 5%-CO_2-Atmosphäre.

Stamm-nummer	Columbia 5% Blutagar	Score Wert	Columbia 5% Blutagar Ameisensäure 70%	Score Wert	CNA Blutagar	Score Wert	Schokoladenagar	Score Wert
670	*Actinomyces* sp. G4892 IBS	**1,863**	*Pseudomonas putida* B409 DSM 50026 UFL	**1,482**	*Lactobacillus perolens* DSM 12744T_DSM	**1,356**	*Lactobacillus acidophilus* DSM 20242_DSM	**1,394**
1245	*Arthrobacter ardleyensis* DSM 17432T_DSM	**1,538**	*Salinivibrio costicola* DSM 11403 HAM	**1,380**	*Arthrobacter ardleyensis* DSM 17432T_DSM	**1,454**	*Arthrobacter pyridinolis* B384_UFL	**1,300**

Tabelle 13.17: *Corynebacterium accolens*

Nährbodenvergleich / Vorbehandlung des Schmierpräparates mit 70%iger Ameisensäure:

Untersuchung von 1 Stamm *Corynebacterium accolens* mit MALDI-TOF MS nach Inkubation für ca. 24 h bei 36°C unter 5%-CO_2-Atmosphäre.

Stamm-nummer	Columbia 5% Blutagar	Score Wert	Columbia 5% Blutagar Ameisensäure 70%	Score Wert	CNA Blutagar	Score Wert	Schokoladenagar	Score Wert
3482	*Corynebacterium accolens* x_x_28779_H_IBS	**2,163**	*Corynebacterium accolens* x_x_28779_H_IBS	**2,239**	*Corynebacterium accolens* x_x_28779_H_IBS	**2,208**	*Corynebacterium accolens* x_x_28779_H_IBS	**2,130**

Tabelle 13.18: *Corynebacterium afermentans* subsp. *afermentans*

Nährbodenvergleich / Vorbehandlung des Schmierpräparates mit 70%iger Ameisensäure:

Untersuchung von 2 Stämmen *Corynebacterium afermentans* subsp. *afermentans* mit MALDI-TOF MS nach Inkubation für ca. 24 h bei 36°C unter 5%-CO_2-Atmosphäre.

Stamm-nummer	Columbia 5% Blutagar	Score Wert	Columbia 5% Blutagar Ameisensäure 70%	Score Wert	CNA Blutagar	Score Wert	Schokoladenagar	Score Wert
545	*Corynebacterium afermentans* subsp. *afermentans* 72_D4 coll ISB	**2,252**	*Corynebacterium afermentans* subsp. *afermentans* 72_D4 coll ISB	**2,311**	*Corynebacterium afermentans* subsp. *afermentans* 72_D4 coll ISB	**2,266**	*Corynebacterium afermentans* subsp. *afermentans* 72_D4 coll ISB	**2,199**
1305	*Corynebacterium afermentans* subsp. *afermentans* 72_D4 coll ISB	**1,790**	*Corynebacterium afermentans* subsp. *afermentans* 78_D4 coll ISB	**1,734**	*Corynebacterium afermentans* subsp. *afermentans* 72_D4 coll ISB	**1,673**	*Corynebacterium afermentans* subsp. *afermentans* 72_D4 coll ISB	**1,728**
Score-Median		**2,021**		**2,023**		**1,970**		**1,964**
Score-Spanne		**1,790 – 2,252**		**1,734 – 2,311**		**1,673 – 2,266**		**1,728 – 2,199**

Tabelle 13.19: *Corynebacterium afermentans* subsp. *lipophilum*

Nährbodenvergleich / Vorbehandlung des Schmierpräparates mit 70%iger Ameisensäure:

Untersuchung von 1 Stamm *Corynebacterium afermentans* subsp. *lipophilum* mit MALDI-TOF MS nach Inkubation für ca. 36 h bei 36°C unter 5%-CO_2-Atmosphäre.

Stamm-nummer	Columbia 5% Blutagar	Score Wert	Columbia 5% Blutagar Ameisensäure 70%	Score Wert	CNA Blutagar	Score Wert	Schokoladenagar	Score Wert
886	*Corynebacterium afermentans* subsp. *afermentans* 73_D4 coll ISB	**1,474**	*Corynebacterium afermentans* subsp. *afermentans* 78_D4 coll ISB	**1,803**	*Corynebacterium afermentans* subsp. *afermentans* DSM 44280T DSM	**1,421**	*Pseudomonas congelans* DSM 14939T HAM	**1,317**

Tabelle 13.20: *Corynebacterium amycolatum*

Nährbodenvergleich / Vorbehandlung des Schmierpräparates mit 70%iger Ameisensäure:

Untersuchung von 10 Stämmen *Corynebacterium amycolatum* mit MALDI-TOF MS nach Inkubation für ca. 36 h bei 36°C unter 5%-CO_2-Atmosphäre.

Stamm-nummer	**Columbia 5% Blutagar**	**Score Wert**	**Columbia 5% Blutagar Ameisensäure 70%**	**Score Wert**	**CNA Blutagar**	**Score Wert**	**Schokoladenagar**	**Score Wert**
36	*Corynebacterium amycolatum* 100_28_B77962_42_IBS	**2,087**	*Corynebacterium amycolatum* 100_28_B77962_42_IBS	**2,235**	*Corynebacterium amycolatum* 100_28_B77962_42_IBS	**2,055**	*Corynebacterium amycolatum* 100_28_B77962_42_IBS	**2,034**
63	*Corynebacterium amycolatum* (PX) 25086111_MLD	**2,022**	*Corynebacterium amycolatum* (PX) 25086111_MLD	**2,107**	*Corynebacterium amycolatum* (PX) 25086111_MLD	**2,062**	*Corynebacterium amycolatum* (PX) 25086111_MLD	**2,062**
69	*Corynebacterium amycolatum* (PX) 25086111_MLD	**1,981**	*Corynebacterium amycolatum* 100_28_B77962_42_IBS	**2,044**	*Corynebacterium amycolatum* 100_28_B77962_42_IBS	**2,064**	*Corynebacterium amycolatum* (PX) 25086111_MLD	**1,973**
72	*Corynebacterium amycolatum* (PX) 25086111_MLD	**2,096**	*Corynebacterium amycolatum* (PX) 25086111_MLD	**2,086**	*Corynebacterium amycolatum* (PX) 25086111_MLD	**2,256**	*Corynebacterium amycolatum* (PX) 25086111_MLD	**2,116**
103	*Corynebacterium amycolatum* (PX) 25086111_MLD	**1,963**	*Corynebacterium amycolatum* 100_28_B77962_42_IBS	**2,062**	*Corynebacterium amycolatum* (PX) 25086111_MLD	**2,038**	*Corynebacterium amycolatum* (PX) 25086111_MLD	**1,948**
183	*Corynebacterium amycolatum* 100_28_B77962_42_IBS	**2,112**	*Corynebacterium amycolatum* 100_28_B77962_42_IBS	**2,254**	*Corynebacterium amycolatum* 100_28_B77962_42_IBS	**2,108**	*Corynebacterium amycolatum* 100_28_B77962_42_IBS	**1,956**
213	*Corynebacterium amycolatum* (PX) 25086111_MLD	**2,112**	*Corynebacterium amycolatum* (PX) 25086111_MLD	**2,245**	*Corynebacterium amycolatum* (PX) 25086111_MLD	**2,078**	*Corynebacterium amycolatum* (PX) 25086111_MLD	**2,115**
265	*Corynebacterium amycolatum* (PX) 25086111_MLD	**2,112**	*Corynebacterium amycolatum* (PX) 25086111_MLD	**2,140**	*Corynebacterium amycolatum* (PX) 25086111_MLD	**2,121**	*Corynebacterium amycolatum* (PX) 25086111_MLD	**2,091**
274	*Corynebacterium amycolatum* (PX) 25086111_MLD	**2,083**	*Corynebacterium amycolatum* (PX) 25086111_MLD	**2,169**	*Corynebacterium amycolatum* (PX) 25086111_MLD	**2,150**	*Corynebacterium amycolatum* (PX) 25086111_MLD	**2,112**
278	*Corynebacterium amycolatum* 100_28_B77962_42_IBS	**2,053**	*Corynebacterium amycolatum* (PX) 25086111_MLD	**2,084**	*Corynebacterium amycolatum* 100_28_B77962_42_IBS	**2,187**	*Corynebacterium amycolatum* (PX) 25086111_MLD	**1,972**
Score-Median		**2,085**		**2,124**		**2,093**		**2,048**
Score-Spanne		**1,963 – 2,112**		**2,044 – 2,254**		**2,038 – 2,256**		**1,948 – 2,116**

Tabelle 13.21: *Corynebacterium argentoratense*

Nährbodenvergleich / Vorbehandlung des Schmierpräparates mit 70%iger Ameisensäure:

Untersuchung von 3 Stämmen *Corynebacterium argentoratense* mit MALDI-TOF MS nach Inkubation für ca. 24 h bei 36°C unter 5%-CO_2-Atmosphäre.

Stamm-nummer	**Columbia 5% Blutagar**	**Score Wert**	**Columbia 5% Blutagar Ameisensäure 70%**	**Score Wert**	**CNA Blutagar**	**Score Wert**	**Schokoladenagar**	**Score Wert**
1187	*Corynebacterium argentoratense* DSM 44202_DSM	**2,224**	*Corynebacterium argentoratense* DSM 44202_DSM	**2,215**	*Corynebacterium argentoratense* DSM 44202_DSM	**2,233**	*Corynebacterium argentoratense* 111_19_B2155_53_IBS	**2,178**
1336	*Corynebacterium argentoratense* DSM 44202_DSM	**2,301**	*Corynebacterium argentoratense* DSM 44202_DSM	**2,218**	*Corynebacterium argentoratense* DSM 44202_DSM	**2,337**	*Corynebacterium argentoratense* DSM 44202_DSM	**2,361**
1619	*Corynebacterium argentoratense* DSM 44202_DSM	**2,400**	*Corynebacterium argentoratense* DSM 44202_DSM	**2,284**	*Corynebacterium argentoratense* DSM 44202_DSM	**2,366**	*Corynebacterium argentoratense* DSM 44202_DSM	**2,368**
Score-Median		**2,301**		**2,218**		**2.337**		**2,361**
Score-Spanne		**2,224 – 2,400**		**2,215 – 2,284**		**2,233 – 2,366**		**2,178 – 2,368**

Tabelle 13.22: *Corynebacterium auris*

Nährbodenvergleich / Vorbehandlung des Schmierpräparates mit 70%iger Ameisensäure:

Untersuchung von 8 Stämmen *Corynebacterium auris* mit MALDI-TOF MS nach Inkubation für ca. 24 h bei 36°C unter 5%-CO_2-Atmosphäre.

Stamm-nummer	Columbia 5% Blutagar	Score Wert	Columbia 5% Blutagar Ameisensäure 70%	Score Wert	CNA Blutagar	Score Wert	Schokoladenagar	Score Wert
328	*Corynebacterium auris* DSM 44122_DSM	**1,953**	*Corynebacterium auris* DSM 44122_DSM	**1,846**	*Corynebacterium auris* DSM 44122_DSM	**1,806**	*Corynebacterium auris* DSM 44122_DSM	**1,864**
355	*Corynebacterium auris* DSM 44122_DSM	**1,629**	*Turicella otitidis* 121_x_B9341_72_IBS	**1,699**	*Turicella otitidis* 121_x_B9341_72_IBS	**1,650**	*Corynebacterium auris* DSM 44122_DSM	**1,535**
399	*Corynebacterium auris* DSM 44122_DSM	**1,987**	*Corynebacterium auris* DSM 44122_DSM	**1,894**	*Corynebacterium auris* DSM 44122_DSM	**1,896**	*Corynebacterium auris* DSM 44122_DSM	**1,854**
430	*Turicella otitidis* 121_x_B9341_72_IBS	**1,646**	*Turicella otitidis* 121_x_B9341_72_IBS	**1,663**	*Corynebacterium auris* DSM 44122_DSM	**1,468**	*Corynebacterium auris* DSM 44122_DSM	**1,808**
442	*Turicella otitidis* 121_x_B9341_72_IBS	**1,482**	*Turicella otitidis* 121_x_B9341_72_IBS	**1,511**	*Clostridium tetanomorphum* 1050_NCTC 2909_BOG	**1,417**	*Pseudomonas caricapapayae* LMG 2152T HAM	**1,389**
460	*Corynebacterium auris* DSM 44122_DSM	**2,023**	*Corynebacterium auris* DSM 44122_DSM	**1,794**	*Corynebacterium auris* DSM 44122_DSM	**1,938**	*Corynebacterium auris* DSM 44122_DSM	**1,977**
461	*Corynebacterium auris* DSM 44122_DSM	**2,048**	*Corynebacterium auris* DSM 44122_DSM	**1,875**	*Corynebacterium auris* DSM 44122_DSM	**1,798**	*Corynebacterium auris* DSM 44122_DSM	**2,007**
526	*Corynebacterium auris* DSM 44122_DSM	**1,928**	*Corynebacterium auris* DSM 44122_DSM	**1,738**	*Corynebacterium auris* DSM 44122_DSM	**1,847**	*Corynebacterium auris* DSM 44122_DSM	**1,993**
Score-Median		**1,970**		**1,846**		**1,827**		**1,864**
Score-Spanne		**1,629 – 2,048**		**1,663 – 1,894**		**1,468 – 1,938**		**1,535 – 2,007**

Tabelle 13.23: *Corynebacterium bovis*

Nährbodenvergleich / Vorbehandlung des Schmierpräparates mit 70%iger Ameisensäure:

Untersuchung von 1 Stamm *Corynebacterium bovis* mit MALDI-TOF MS nach Inkubation für ca. 48 h bei 36°C unter 5%-CO_2-Atmosphäre.

Stamm-nummer	Columbia 5% Blutagar	Score Wert	Columbia 5% Blutagar Ameisensäure 70%	Score Wert	CNA Blutagar	Score Wert	Schokoladenagar	Score Wert
G450	*C. bovis* DSM 20582_DSM	**1,882**	*C. bovis* DSM 20582_DSM	**2,045**	*C. bovis* DSM 20582_DSM	**1,915**	*C. bovis* DSM 20582_DSM	**2,076**

Tabelle 13.24: *Corynebacterium* CDC group F-1

Nährbodenvergleich / Vorbehandlung des Schmierpräparates mit 70%iger Ameisensäure:

Untersuchung von 2 Stämmen *Corynebacterium* CDC group F-1 mit MALDI-TOF MS nach Inkubation für ca. 48 h bei 36°C unter 5%-CO_2-Atmosphäre.

Stamm-nummer	Columbia 5% Blutagar	Score Wert	Columbia 5% Blutagar Ameisensäure 70%	Score Wert	CNA Blutagar	Score Wert	Schokoladenagar	Score Wert
1420	*Corynebacterium* CDC group F-1 115_D5coll_5311_66_IBS	**1,755**	*Corynebacterium* CDC group F-1 115_D5coll_5311_66_IBS	**1,702**	*Corynebacterium* CDC group F-1 115_D5coll_5311_66_IBS	**1,684**	*Corynebacterium* CDC group F-1 115_D5coll_5311_66_IBS	**1,807**
1539	*Corynebacterium* CDC group F-1 115_D5coll_5311_66_IBS	**1,440**	*Corynebacterium* CDC group F-1 115_D5coll_5311_66_IBS	**1,727**	*Corynebacterium* CDC group F-1 115_D5coll_5311_66_IBS	**1,610**	*Corynebacterium* CDC group F-1 115_D5coll_5311_66_IBS	**1,549**
Score-Median		**1,598**		**1,715**		**1,647**		**1,678**
Score-Spanne		**1,440 – 1,755**		**1,702 – 1,727**		**1,610 – 1,684**		**1,549 – 1,807**

Tabelle 13.25: *Corynebacterium confusum*

Nährbodenvergleich / Vorbehandlung des Schmierpräparates mit 70%iger Ameisensäure:

Untersuchung von 1 Stamm *Corynebacterium confusum* mit MALDI-TOF MS nach Inkubation für ca. 48 h bei 36°C unter 5%-CO_2-Atmosphäre.

Stamm-nummer	Columbia 5% Blutagar	Score Wert	Columbia 5% Blutagar Ameisensäure 70%	Score Wert	CNA Blutagar	Score Wert	Schokoladenagar	Score Wert
2439[T]	*Corynebacterium confusum* DSM 44384_DSM	**2,128**	*Corynebacterium confusum* DSM 44384_DSM	**2,323**	*Corynebacterium confusum* DSM 44384_DSM	**2,143**	*Corynebacterium confusum* DSM 44384_DSM	**2,206**

Tabelle 13.26: *Corynebacterium coyleae*

Nährbodenvergleich / Vorbehandlung des Schmierpräparates mit 70%iger Ameisensäure:

Untersuchung von 7 Stämmen *Corynebacterium coyleae* mit MALDI-TOF MS nach Inkubation für ca. 48 h bei 36°C unter 5%-CO_2-Atmosphäre.

Stamm-nummer	**Columbia 5% Blutagar**	**Score Wert**	**Columbia 5% Blutagar Ameisensäure 70%**	**Score Wert**	**CNA Blutagar**	**Score Wert**	**Schokoladenagar**	**Score Wert**
214	*Corynebacterium coyleae* DSM 44184_DSM	**2,146**	*Corynebacterium coyleae* DSM 44184_DSM	**2,079**	*Corynebacterium coyleae* DSM 44184_DSM	**2,140**	*Corynebacterium coyleae* DSM 44184_DSM	**2,122**
1075	*Corynebacterium coyleae* DSM 44184_DSM	**1,831**	*Corynebacterium coyleae* DSM 44184_DSM	**1,797**	*Corynebacterium coyleae* DSM 44184_DSM	**1,638**	*Corynebacterium coyleae* DSM 44184_DSM	**1,743**
1103	*Corynebacterium coyleae* DSM 44184_DSM	**1,909**	*Corynebacterium coyleae* DSM 44184_DSM	**1,921**	*Corynebacterium coyleae* DSM 44184_DSM	**1,922**	*Corynebacterium coyleae* DSM 44184_DSM	**1,919**
1415	*Corynebacterium coyleae* DSM 44184_DSM	**2,117**	*Corynebacterium coyleae* DSM 44184_DSM	**2,054**	*Corynebacterium coyleae* DSM 44184_DSM	**2,034**	*Corynebacterium coyleae* DSM 44184_DSM	**2,000**
1542	*Corynebacterium coyleae* DSM 44184_DSM	**1,910**	*Corynebacterium coyleae* DSM 44184_DSM	**1,938**	*Corynebacterium coyleae* DSM 44184_DSM	**1,845**	*Corynebacterium coyleae* DSM 44184_DSM	**1,776**
1812	*Corynebacterium coyleae* DSM 44184_DSM	**1,839**	*Corynebacterium coyleae* DSM 44184_DSM	**1,790**	*Corynebacterium coyleae* DSM 44184_DSM	**1,901**	*Corynebacterium coyleae* DSM 44184_DSM	**1,954**
1874	*Corynebacterium coyleae* DSM 44184_DSM	**1,894**	*Corynebacterium coyleae* DSM 44184_DSM	**1,867**	*Corynebacterium coyleae* DSM 44184_DSM	**1,931**	*Corynebacterium coyleae* DSM 44184_DSM	**1,760**
Score-Median		**1,909**		**1,921**		**1,922**		**1,919**
Score-Spanne		**1,831 – 2,146**		**1,790 – 2,079**		**1,638 – 2,140**		**1,743 – 2,122**

Tabelle 13.27: *Corynebacterium diphtheriae*

Nährbodenvergleich / Vorbehandlung des Schmierpräparates mit 70%iger Ameisensäure:

Untersuchung von 7 Stämmen *Corynebacterium diphtheriae* mit MALDI-TOF MS nach Inkubation für ca. 24 h bei 36°C unter 5%-CO_2-Atmosphäre.

Stamm-nummer	**Columbia 5% Blutagar**	**Score Wert**	**Columbia 5% Blutagar Ameisensäure 70%**	**Score Wert**	**CNA Blutagar**	**Score Wert**	**Schokoladenagar**	**Score Wert**
6	*Corynebacterium diphtheriae belfanti* 44_R9_ISB	**2,229**	*Corynebacterium diphtheriae belfanti* 44_R9_ISB	**2,217**	*Corynebacterium diphtheriae mitis* R1 36_29 ISB	**2,206**	*Corynebacterium diphtheriae belfanti* 44_R9_ISB	**2,219**
20	*Corynebacterium diphtheriae mitis* R1 36_29 ISB	**2,378**	*Corynebacterium diphtheriae mitis* R1 36_29 ISB	**2,368**	*Corynebacterium diphtheriae mitis* R1 36_29 ISB	**2,365**	*Corynebacterium diphtheriae* DSM 44123_DSM	**2,392**
88	*Corynebacterium diphtheriae mitis* R1 36_29 ISB	**2,406**	*Corynebacterium diphtheriae mitis* R1 36_29 ISB	**2,395**	*Corynebacterium diphtheriae mitis* R1 36_29 ISB	**2,394**	*Corynebacterium diphtheriae mitis* R1 36_29 ISB	**2,427**
477	*Corynebacterium diphtheriae mitis* R1 36_29 ISB	**2,411**	*Corynebacterium diphtheriae mitis* R1 36_29 ISB	**2,396**	*Corynebacterium diphtheriae mitis* R1 36_29 ISB	**2,452**	*Corynebacterium diphtheriae mitis* R1 36_29 ISB	**2,429**
694	*Corynebacterium diphtheriae belfanti* 44_R9_ISB	**2,199**	*Corynebacterium diphtheriae belfanti* 44_R9_ISB	**2,277**	*Corynebacterium diphtheriae belfanti* 44_R9_ISB	**2,189**	*Corynebacterium diphtheriae belfanti* 44_R9_ISB	**2,162**
947	*Corynebacterium diphtheriae belfanti* 44_R9_ISB	**2,250**	*Corynebacterium diphtheriae belfanti* 44_R9_ISB	**2,242**	*Corynebacterium diphtheriae belfanti* 44_R9_ISB	**2,228**	*Corynebacterium diphtheriae belfanti* 44_R9_ISB	**2,241**
1314	*Corynebacterium diphtheriae mitis* R1 36_29 ISB	**2,468**	*Corynebacterium diphtheriae mitis* R1 36_29 ISB	**2,411**	*Corynebacterium diphtheriae mitis* R1 36_29 ISB	**2,464**	*Corynebacterium diphtheriae mitis* R1 36_29 ISB	**2,404**
Score-Median		**2,378**		**2,368**		**2,365**		**2,392**
Score-Spanne		**2,199 – 2,468**		**2,217 – 2,411**		**2,189 – 2,464**		**2,162 – 2,429**

Tabelle 13.28: *Corynebacterium durum*

Nährbodenvergleich / Vorbehandlung des Schmierpräparates mit 70%iger Ameisensäure:

Untersuchung von 7 Stämmen *Corynebacterium durum* mit MALDI-TOF MS nach Inkubation für ca. 48 h bei 36°C unter 5%-CO_2-Atmosphäre.

Stamm-nummer	**Columbia 5% Blutagar**	**Score Wert**	**Columbia 5% Blutagar Ameisensäure 70%**	**Score Wert**	**CNA Blutagar**	**Score Wert**	**Schokoladenagar**	**Score Wert**
2703	*Corynebacterium durum* C16 MVO	**2,155**	*Corynebacterium durum* C16 MVO	**2,274**	*Corynebacterium durum* C16 MVO	**2,083**	*Corynebacterium durum* C16 MVO	**2,089**
2705	*Corynebacterium durum* C16 MVO	**1,599**	*Corynebacterium durum* C16 MVO	**1,955**	*Corynebacterium durum* C16 MVO	**2,052**	*Corynebacterium durum* C16 MVO	**2,059**
2707	*Corynebacterium durum* C16 MVO	**1,984**	*Corynebacterium durum* C16 MVO	**1,638**	*Corynebacterium durum* C16 MVO	**1,981**	*Corynebacterium durum* C16 MVO	**2,165**
2708	*Corynebacterium durum* C16 MVO	**2,175**	*Corynebacterium durum* C16 MVO	**2,069**	*Corynebacterium durum* C16 MVO	**2,149**	*Corynebacterium durum* C16 MVO	**2,035**
2714	*Corynebacterium durum* C16 MVO	**2,296**	*Corynebacterium durum* C16 MVO	**2,179**	*Corynebacterium durum* C16 MVO	**2,138**	*Corynebacterium durum* C16 MVO	**2,221**
2723	*Corynebacterium durum* C16 MVO	**2,092**	*Corynebacterium durum* C16 MVO	**2,082**	*Corynebacterium durum* C16 MVO	**2,098**	*Corynebacterium durum* C16 MVO	**2,179**
2727	*Corynebacterium durum* C16 MVO	**2,266**	*Corynebacterium durum* C16 MVO	**2,265**	*Corynebacterium durum* C16 MVO	**2,220**	*Corynebacterium durum* C16 MVO	**2,319**
Score-Median		**2,155**		**2,082**		**2,098**		**2,165**
Score-Spanne		**1,599 – 2,296**		**1,638 – 2,274**		**1,981 – 2,220**		**2,035 – 2,319**

Tabelle 13.29: *Corynebacterium falsenii*

Nährbodenvergleich / Vorbehandlung des Schmierpräparates mit 70%iger Ameisensäure:

Untersuchung von 3 Stämmen *Corynebacterium falsenii* mit MALDI-TOF MS nach Inkubation für ca. 24 h bei 36°C unter 5%-CO_2-Atmosphäre.

Stamm-nummer	Columbia 5% Blutagar	Score Wert	Columbia 5% Blutagar Ameisensäure 70%	Score Wert	CNA Blutagar	Score Wert	Schokoladenagar	Score Wert
1915	*Corynebacterium falsenii* DSM 44353_DSM	**2,106**	*Corynebacterium falsenii* DSM 44353_DSM	**2,060**	*Corynebacterium falsenii* DSM 44353_DSM	**2,180**	*Corynebacterium falsenii* DSM 44353_DSM	**2,163**
2537	*Corynebacterium falsenii* DSM 44353_DSM	**2,281**	*Corynebacterium falsenii* DSM 44353_DSM	**2,268**	*Corynebacterium falsenii* DSM 44353_DSM	**2,297**	*Corynebacterium falsenii* DSM 44353_DSM	**2,184**
2569	*Corynebacterium falsenii* DSM 44353_DSM	**2,217**	*Corynebacterium falsenii* DSM 44353_DSM	**2,191**	*Corynebacterium falsenii* DSM 44353_DSM	**2,125**	*Corynebacterium falsenii* DSM 44353_DSM	**2,008**
Score-Median		**2,217**		**2,191**		**2,180**		**2,163**
Score-Spanne		**2,106 – 2,281**		**2,060 – 2,268**		**2,125 – 2,297**		**2,008 – 2,184**

Tabelle 13.30: *Corynebacterium freneyi*

Nährbodenvergleich / Vorbehandlung des Schmierpräparates mit 70%iger Ameisensäure:

Untersuchung von 4 Stämmen *Corynebacterium freneyi* mit MALDI-TOF MS nach Inkubation für ca. 24 h bei 36°C unter 5%-CO_2-Atmosphäre.

Stamm-nummer	Columbia 5% Blutagar	Score Wert	Columbia 5% Blutagar Ameisensäure 70%	Score Wert	CNA Blutagar	Score Wert	Schokoladenagar	Score Wert
G22	*Corynebacterium freneyi* DSM 44506_DSM	**1,682**	*Corynebacterium freneyi* DSM 44506_DSM	**1,889**	*Corynebacterium freneyi* DSM 44506_DSM	**1,701**	*Corynebacterium xerosis* DSM 20743_DSM	**1,474**
G675	*Corynebacterium freneyi* DSM 44506_DSM	**1,792**	*Corynebacterium freneyi* DSM 44506_DSM	**1,779**	*Corynebacterium freneyi* DSM 44506_DSM	**1,730**	*Corynebacterium freneyi* DSM 44506_DSM	**1,727**
G676	*Corynebacterium freneyi* DSM 44506_DSM	**2,077**	*Corynebacterium freneyi* DSM 44506_DSM	**2,044**	*Corynebacterium freneyi* DSM 44506_DSM	**2,059**	*Corynebacterium freneyi* DSM 44506_DSM	**1,773**
2319	*Corynebacterium freneyi* DSM 44506_DSM	**1,974**	*Corynebacterium freneyi* DSM 44506_DSM	**1,829**	*Corynebacterium freneyi* DSM 44506_DSM	**1,871**	*Corynebacterium freneyi* DSM 44506_DSM	**1,871**
Score-Median		**1,883**		**1,859**		**1,801**		**1,773**
Score-Spanne		**1,682 – 2,077**		**1,779 – 2,044**		**1,701 – 2,059**		**1,727 – 1,871**

Tabelle 13.31: *Corynebacterium glucuronolyticum*

Nährbodenvergleich / Vorbehandlung des Schmierpräparates mit 70%iger Ameisensäure:

Untersuchung von 12 Stämmen *Corynebacterium glucuronolyticum* mit MALDI-TOF MS nach Inkubation für ca. 24 h bei 36°C unter 5%-CO_2-Atmosphäre.

Stamm-nummer	Columbia 5% Blutagar	Score Wert	Columbia 5% Blutagar Ameisensäure 70%	Score Wert	CNA Blutagar	Score Wert	Schokoladenagar	Score Wert
255	*C. glucuronolyticum* 1_B12915ISB	**2,237**	*C. glucuronolyticum* 1_B12915ISB	**2,309**	*C. glucuronolyticum* 1_B12915ISB	**2,368**	*C. glucuronolyticum* 1_B12915ISB	**2,365**
751	*C. glucuronolyticum* 1_B12915ISB	**2,178**	*C. glucuronolyticum* 1_B12915ISB	**2,196**	*C. glucuronolyticum* 1_B12915ISB	**2,356**	*C. glucuronolyticum* 1_B12915ISB	**2,364**
838	*C. glucuronolyticum* DSM 44288 DSM	**2,187**	*C. glucuronolyticum* 1_B12915ISB	**2,316**	*C. glucuronolyticum* 1_B12915ISB	**2,289**	*C. glucuronolyticum* 1_B12915ISB	**2,268**
842	*C. glucuronolyticum* DSM 44288 DSM	**2,242**	*C. glucuronolyticum* DSM 44288 DSM	**2,294**	*C. glucuronolyticum* DSM 44288 DSM	**2,373**	*C. glucuronolyticum* 1_B12915ISB	**2,272**
944	*C. glucuronolyticum* 1_B12915ISB	**2,333**	*C. glucuronolyticum* 1_B12915ISB	**2,301**	*C. glucuronolyticum* 1_B12915ISB	**2,379**	*C. glucuronolyticum* 1_B12915ISB	**2,205**
987	*C. glucuronolyticum* 1_B12915ISB	**2,386**	*C. glucuronolyticum* 1_B12915ISB	**2,381**	*C. glucuronolyticum* 1_B12915ISB	**2,377**	*C. glucuronolyticum* 1_B12915ISB	**2,372**
1019	*C. glucuronolyticum* 1_B12915ISB	**2,311**	*C. glucuronolyticum* 1_B12915ISB	**2,413**	*C. glucuronolyticum* 1_B12915ISB	**2,384**	*C. glucuronolyticum* 1_B12915ISB	**2,376**
1026	*C. glucuronolyticum* 1_B12915ISB	**2,310**	*C. glucuronolyticum* 1_B12915ISB	**2,344**	*C. glucuronolyticum* 1_B12915ISB	**2,356**	*C. glucuronolyticum* 1_B12915ISB	**2,398**
1027	*C. glucuronolyticum* 1_B12915ISB	**2,273**	*C. glucuronolyticum* 1_B12915ISB	**2,372**	*C. glucuronolyticum* 1_B12915ISB	**2,285**	*C. glucuronolyticum* 1_B12915ISB	**2,231**
1201	*C. glucuronolyticum* 1_B12915ISB	**2,302**	*C. glucuronolyticum* 1_B12915ISB	**2,359**	*C. glucuronolyticum* 1_B12915ISB	**2,252**	*C. glucuronolyticum* 1_B12915ISB	**2,083**
1223	*C. glucuronolyticum* 1_B12915ISB	**2,386**	*C. glucuronolyticum* 1_B12915ISB	**2,367**	*C. glucuronolyticum* 1_B12915ISB	**2,275**	*C. glucuronolyticum* 1_B12915ISB	**2,261**
1226	*C. glucuronolyticum* 1_B12915ISB	**2,415**	*C. glucuronolyticum* 1_B12915ISB	**2,382**	*C. glucuronolyticum* 1_B12915ISB	**2,364**	*C. glucuronolyticum* 1_B12915ISB	**2,283**
Score-Median		**2,306**		**2,352**		**2,360**		**2,278**
Score-Spanne		**2,178 – 2,415**		**2,196 – 2,413**		**2,252 – 2,384**		**2,083 – 2,398**

Tabelle 13.32: *Corynebacterium imitans*

Nährbodenvergleich / Vorbehandlung des Schmierpräparates mit 70%iger Ameisensäure:

Untersuchung von 1 Stamm *Corynebacterium imitans* mit MALDI-TOF MS nach Inkubation für ca. 24 h bei 36°C unter 5%-CO_2-Atmosphäre.

Stamm-nummer	Columbia 5% Blutagar	Score Wert	Columbia 5% Blutagar Ameisensäure 70%	Score Wert	CNA Blutagar	Score Wert	Schokoladenagar	Score Wert
2023	*C. imitans* DSM 44264_DSM	**2,327**	*C. imitans* DSM 44264_DSM	**2,373**	*C. imitans* DSM 44264_DSM	**2,270**	*C. imitans* DSM 44264_DSM	**2,302**

Tabelle 13.33: *Corynebacterium jeikeium*

Nährbodenvergleich / Vorbehandlung des Schmierpräparates mit 70%iger Ameisensäure:

Untersuchung von 8 Stämmen *Corynebacterium jeikeium* mit MALDI-TOF MS nach Inkubation für ca. 48 h bei 36°C unter 5%-CO_2-Atmosphäre.

Stamm-nummer	Columbia 5% Blutagar	Score Wert	Columbia 5% Blutagar Ameisensäure 70%	Score Wert	CNA Blutagar	Score Wert	Schokoladenagar	Score Wert
230	*C. jeikeium* VA_3882_07 13 UKE	**2,039**	*C. jeikeium* 30_CIP 103337 ISB	**1,990**	*C. jeikeium* B73970_ISB	**1,983**	*C. jeikeium* VA_3882_07 13 UKE	**2,021**
242	*C. jeikeium* 30_CIP 103337 ISB	**2,116**	*C. jeikeium* VA_3882_07 13 UKE	**2,143**	*C. jeikeium* VA_3882_07 13 UKE	**2,100**	*C. jeikeium* VA_3882_07 13 UKE	**2,130**
271	*C. jeikeium* 30_CIP 103337 ISB	**1,933**	*C. jeikeium* 27_B30049 ISB	**1,947**	*C. jeikeium* VA_3882_07 13 UKE	**2,043**	*C. jeikeium* 27_B30049 ISB	**2,011**
302	*C. jeikeium* VA_3882_07 13 UKE	**1,913**	*C. jeikeium* 27_B30049 ISB	**2,041**	*C. jeikeium* B73970_ISB	**1,916**	*C. jeikeium* VA_3882_07 13 UKE	**2,074**
303	*C. jeikeium* VA_3882_07 13 UKE	**1,956**	*C. jeikeium* VA_3882_07 13 UKE	**1,883**	*C. jeikeium* VA_3882_07 13 UKE	**2,074**	*C. jeikeium* VA_3882_07 13 UKE	**2,116**
408	*C. jeikeium* 30_CIP 103337 ISB	**2,037**	*C. jeikeium* 30_CIP 103337 ISB	**2,008**	*C. jeikeium* B73970_ISB	**1,996**	*C. jeikeium* 30_CIP 103337 ISB	**2,052**
1380	*C. jeikeium* B73970_ISB	**2,192**	*C. jeikeium* B73970_ISB	**1,923**	*C. jeikeium* 27_B30049 ISB	**2,029**	*C. jeikeium* B73970_ISB	**1,863**
1434	*C. jeikeium* VA_3882_07 13 UKE	**2,172**	*C. jeikeium* VA_3882_07 13 UKE	**2,140**	*C. jeikeium* VA_3882_07 13 UKE	**2,139**	*C. jeikeium* VA_3882_07 13 UKE	**2,053**
Score-Median		**2,038**		**1,999**		**2,036**		**2,053**
Score-Spanne		**1,913 – 2,192**		**1,883 – 2,143**		**1,916 – 2,139**		**1,863 – 2,130**

Tabelle 13.34: *Corynebacterium kroppenstedtii*

Nährbodenvergleich / Vorbehandlung des Schmierpräparates mit 70%iger Ameisensäure:

Untersuchung von 1 Stamm *Corynebacterium kroppenstedtii* mit MALDI-TOF MS nach Inkubation für ca. 48 h bei 36°C unter 5%-CO_2-Atmosphäre.

Stamm-nummer	Columbia 5% Blutagar	Score Wert	Columbia 5% Blutagar Ameisensäure 70%	Score Wert	CNA Blutagar	Score Wert	Schokoladenagar	Score Wert
3565	*Corynebacterium kroppenstedtii* VA_1719_00 18 UKE	**2,128**	*Corynebacterium kroppenstedtii* VA_1719_00 18 UKE	**2,033**	*Corynebacterium kroppenstedtii* VA_1719_00 18 UKE	**1,977**	*Corynebacterium kroppenstedtii* VA_1719_00 18 UKE	**1,974**

Tabelle 13.35: *Corynebacterium lipophiloflavum*

Nährbodenvergleich / Vorbehandlung des Schmierpräparates mit 70%iger Ameisensäure:

Untersuchung von 2 Stämmen *Corynebacterium lipophiloflavum* mit MALDI-TOF MS nach Inkubation für ca. 48 h bei 36°C unter 5%-CO_2-Atmosphäre.

Stamm-nummer	Columbia 5% Blutagar	Score Wert	Columbia 5% Blutagar Ameisensäure 70%	Score Wert	CNA Blutagar	Score Wert	Schokoladenagar	Score Wert
1944	*Corynebacterium lipophiloflavum* DSM 44291_DSM	**2,140**	*Corynebacterium lipophiloflavum* DSM 44291_DSM	**2,252**	*Corynebacterium lipophiloflavum* DSM 44291_DSM	**2,076**	*Corynebacterium lipophiloflavum* DSM 44291_DSM	**1,824**
3010	*Corynebacterium lipophiloflavum* DSM 44291_DSM	**1,805**	*Corynebacterium lipophiloflavum* DSM 44291_DSM	**1,877**	*Corynebacterium lipophiloflavum* DSM 44291_DSM	**1,737**	*Corynebacterium lipophiloflavum* DSM 44291_DSM	**1,810**
Score-Median		**1,973**		**2,065**		**1,907**		**1,817**
Score-Spanne		**1,805 – 2,140**		**1,877 – 2,252**		**1,737 – 2,076**		**1,810 – 1,824**

Tabelle 13.36: *Corynebacterium macginleyi*

Nährbodenvergleich / Vorbehandlung des Schmierpräparates mit 70%iger Ameisensäure:

Untersuchung von 6 Stämmen *Corynebacterium macginleyi* mit MALDI-TOF MS nach Inkubation für ca. 48 h bei 36°C unter 5%-CO_2-Atmosphäre.

Stamm-nummer	Columbia 5% Blutagar	Score Wert	Columbia 5% Blutagar Ameisensäure 70%	Score Wert	CNA Blutagar	Score Wert	Schokoladenagar	Score Wert
G42	*C. macginleyi* DSM 44284_DSM	**2,263**	*C. macginleyi* DSM 44284_DSM	**2,297**	*C. macginleyi* DSM 44284_DSM	**2,156**	*C. macginleyi* DSM 44284_DSM	**2,018**
G80	*C. macginleyi* DSM 44284_DSM	**1,916**	*C. macginleyi* 120_D5coll_104099_71_IBS	**1,908**	*C. macginleyi* 120_D5coll_104099_71_IBS	**2,020**	*C. macginleyi* DSM 44284_DSM	**1,661**
G83	*C. macginleyi* DSM 44284_DSM	**2,065**	*C. macginleyi* DSM 44284_DSM	**2,222**	*C. macginleyi* DSM 44284_DSM	**2,138**	*C. macginleyi* DSM 44284_DSM	**1,807**
G103	*C. accolens* x_x_28779_H_IBS	**2,035**	*C. accolens* x_x_28779_H_IBS	**2,168**	*C. accolens* x_x_28779_H_IBS	**2,231**	*C. accolens* x_x_28779_H_IBS	**2,026**
G105	*C. macginleyi* DSM 44284_DSM	**2,125**	*C. macginleyi* DSM 44284_DSM	**2,192**	*C. macginleyi* DSM 44284_DSM	**1,979**	*C. macginleyi* DSM 44284_DSM	**1,914**
G106	*C. macginleyi* DSM 44284_DSM	**2,188**	*C. macginleyi* DSM 44284_DSM	**2,226**	*C. macginleyi* DSM 44284_DSM	**2,017**	*C. macginleyi* DSM 44284_DSM	**1,947**
Score-Median		**2,125**		**2,222**		**2,017**		**1,914**
Score-Spanne		**1,916 – 2,263**		**1,908 – 2,297**		**1,979 – 2,156**		**1,661 – 2,018**

Tabelle 13.37: *Corynebacterium matruchotii*

Nährbodenvergleich / Vorbehandlung des Schmierpräparates mit 70%iger Ameisensäure:

Untersuchung von 1 Stamm *Corynebacterium matruchotii* mit MALDI-TOF MS nach Inkubation für ca. 48 h bei 36°C unter 5%-CO_2-Atmosphäre.

Stamm-nummer	Columbia 5% Blutagar	Score Wert	Columbia 5% Blutagar Ameisensäure 70%	Score Wert	CNA Blutagar	Score Wert	Schokoladenagar	Score Wert
3036	*Corynebacterium matruchotii* DSM 20635_DSM	**2,240**	*Corynebacterium matruchotii* DSM 20635_DSM	**2,199**	*Corynebacterium matruchotii* DSM 20635_DSM	**2,298**	*Corynebacterium matruchotii* DSM 20635_DSM	**2,240**

Tabelle 13.38: *Corynebacterium minutissimum*

Nährbodenvergleich / Vorbehandlung des Schmierpräparates mit 70%iger Ameisensäure:

Untersuchung von 6 Stämmen *Corynebacterium minutissimum* mit MALDI-TOF MS nach Inkubation für ca. 36 h bei 36°C unter 5%-CO_2-Atmosphäre.

Stamm-nummer	Columbia 5% Blutagar	Score Wert	Columbia 5% Blutagar Ameisensäure 70%	Score Wert	CNA Blutagar	Score Wert	Schokoladenagar	Score Wert
138	*Corynebacterium minutissimum* DSM 20651_DSM	**2,092**	*Corynebacterium minutissimum* DSM 20651_DSM	**2,204**	*Corynebacterium minutissimum* DSM 20651_DSM	**2,137**	*Corynebacterium minutissimum* DSM 20651_DSM	**2,078**
224	*Corynebacterium minutissimum* 99_25_CCUG27045_41_IBS	**1,790**	*Corynebacterium minutissimum* 99_25_CCUG27045_41_IBS	**1,950**	*Corynebacterium minutissimum* 99_25_CCUG27045_41_IBS	**1,943**	*Corynebacterium minutissimum* 99_25_CCUG27045_41_IBS	**1,758**
295	*Corynebacterium minutissimum* DSM 20651_DSM	**1,629**	*Corynebacterium minutissimum* 99_25_CCUG27045_41_IBS	**1,777**	*Corynebacterium minutissimum* DSM 20651_DSM	**1,491**	*Corynebacterium minutissimum* DSM 20651_DSM	**1,491**
326	*Corynebacterium minutissimum* 99_25_CCUG27045_41_IBS	**1,751**	*Corynebacterium flavescens* IMET 11080 DSM 20296 HKJ	**1,720**	*Corynebacterium minutissimum* 99_25_CCUG27045_41_IBS	**1,746**	*Corynebacterium aurimucosum* DSM 44827_DSM	**1,551**
415	*Corynebacterium minutissimum* DSM 20651_DSM	**1,811**	*Corynebacterium minutissimum* DSM 20651_DSM	**1,887**	*Corynebacterium minutissimum* DSM 20651_DSM	**1,855**	*Corynebacterium minutissimum* DSM 20651_DSM	**1,706**
693	*Corynebacterium singulare* DSM 44357_DSM	**2,190**	*Corynebacterium singulare* DSM 44357_DSM	**2,194**	*Corynebacterium singulare* DSM 44357_DSM	**2,244**	*Corynebacterium singulare* DSM 44357_DSM	**2,249**
Score-Median		**1,790**		**1,919**		**1,855**		**1,732**
Score-Spanne		**1,629 – 2,092**		**1,777 – 2,204**		**1,491 – 2,137**		**1,491 – 2,078**

Tabelle 13.39: *Corynebacterium mucifaciens*

Nährbodenvergleich / Vorbehandlung des Schmierpräparates mit 70%iger Ameisensäure:

Untersuchung von 6 Stämmen *Corynebacterium mucifaciens* mit MALDI-TOF MS nach Inkubation für ca. 24 h bei 36°C unter 5%-CO_2-Atmosphäre.

Stamm-nummer	Columbia 5% Blutagar	Score Wert	Columbia 5% Blutagar Ameisensäure 70%	Score Wert	CNA Blutagar	Score Wert	Schokoladenagar	Score Wert
300	*C. mucifaciens* C19 MVO	**1,997**	*C. mucifaciens* C19 MVO	**2,002**	*C. mucifaciens* C19 MVO	**2,108**	*C. mucifaciens* C19 MVO	**1,966**
341	*C. mucifaciens* C19 MVO	**1,768**	*C. mucifaciens* C19 MVO	**1,580**	*C. mucifaciens* C19 MVO	**1,858**	*C. mucifaciens* C19 MVO	**1,534**
394	*C. mucifaciens* C19 MVO	**1,908**	*C. mucifaciens* C19 MVO	**2,041**	*C. mucifaciens* C19 MVO	**2,010**	*C. mucifaciens* C19 MVO	**2,187**
418	*C. mucifaciens* C19 MVO	**1,849**	*C. mucifaciens* C19 MVO	**1,946**	*C. ureicelerivorans* DSM 45051_DSM	**1,920**	*C. ureicelerivorans* DSM 45051_DSM	**1,812**
2125	*C. mucifaciens* C19 MVO	**2,012**	*C. mucifaciens* C19 MVO	**2,000**	*C. mucifaciens* C19 MVO	**2,007**	*C. mucifaciens* C19 MVO	**1,784**
2278	*C. mucifaciens* DSM 44265_DSM	**1,936**	*C. mucifaciens* DSM 44265_DSM	**2,052**	*C. mucifaciens* DSM 44265_DSM	**1,953**	*C. mucifaciens* DSM 44265_DSM	**1,744**
Score-Median		**1,922**		**2,001**		**2,007**		**1,784**
Score-Spanne		**1,768 – 2,012**		**1,580 – 2,052**		**1,858 – 2,108**		**1,534 – 2,187**

Tabelle 13.40: *Corynebacterium mucifaciens* (nach H_2O Extraktion)

Nährbodenvergleich / Vorbehandlung des Schmierpräparates mit 70%iger Ameisensäure:

Untersuchung von 6 Stämmen *Corynebacterium mucifaciens* (nach H_2O Extraktion) mit MALDI-TOF MS nach Inkubation für ca. 48 h bei 36°C unter 5%-CO_2-Atmosphäre.

Stamm-nummer	Columbia 5% Blutagar	Score Wert	Columbia 5% Blutagar Ameisensäure 70%	Score Wert	CNA Blutagar	Score Wert	Schokoladenagar	Score Wert
300	*C. mucifaciens* C19 MVO	**2,036**	*C. mucifaciens* C19 MVO	**2,149**	*C. mucifaciens* C19 MVO	**2,043**	*C. mucifaciens* C19 MVO	**1,781**
341	*C. mucifaciens* DSM 44265_DSM	**1,624**	*C. mucifaciens* DSM 44265_DSM	**1,741**	*C. mucifaciens* DSM 44265_DSM	**1,890**	*Pseudomonas hydrocarboxydans* B333_UFL	**1,764**
394	*C. mucifaciens* C19 MVO	**2,204**	*C. mucifaciens* C19 MVO	**2,180**	*C. mucifaciens* C19 MVO	**2,104**	*C. mucifaciens* C19 MVO	**2,070**
418	*C. mucifaciens* C19 MVO	**1,892**	*C. mucifaciens* C19 MVO	**2,082**	*C. mucifaciens* C19 MVO	**1,673**	*C. mucifaciens* C19 MVO	**1,881**
2125	*C. mucifaciens* C19 MVO	**2,128**	*C. mucifaciens* C19 MVO	**2,128**	*C. mucifaciens* C19 MVO	**1,571**	*C. mucifaciens* C19 MVO	**2,169**
2278	*C. mucifaciens* DSM 44265_DSM	**2,222**	*C. mucifaciens* DSM 44265_DSM	**2,233**	*C. mucifaciens* DSM 44265_DSM	**1,917**	*C. mucifaciens* DSM 44265_DSM	**1,914**
Score-Median		**2,082**		**2,139**		**1,904**		**1,914**
Score-Spanne		**1,624 – 2,222**		**1,741 – 2,233**		**1,571 – 2,104**		**1,781 – 2,169**

Tabelle 13.41: *Corynebacterium propinquum*

Nährbodenvergleich / Vorbehandlung des Schmierpräparates mit 70%iger Ameisensäure:

Untersuchung von 1 Stamm *Corynebacterium propinquum* mit MALDI-TOF MS nach Inkubation für ca. 24 h bei 36°C unter 5%-CO_2-Atmosphäre.

Stamm-nummer	Columbia 5% Blutagar	Score Wert	Columbia 5% Blutagar Ameisensäure 70%	Score Wert	CNA Blutagar	Score Wert	Schokoladenagar	Score Wert
1306	*C. propinquum* 80_D4 coll_ISB	**2,463**	*C. propinquum* 80_D4 coll_ISB	**2,488**	*C. propinquum* 80_D4 coll_ISB	**2,505**	*C. propinquum* 80_D4 coll_ISB	**2,511**

Tabelle 13.42: *Corynebacterium pseudodiphtheriticum*

Nährbodenvergleich / Vorbehandlung des Schmierpräparates mit 70%iger Ameisensäure:

Untersuchung von 8 Stämmen *Corynebacterium pseudodiphtheriticum* mit MALDI-TOF MS nach Inkubation für ca. 24 h (G524 Schokoladenagar 48 h) bei 36°C unter 5%-CO_2-Atmosphäre.

Stamm-nummer	Columbia 5% Blutagar	Score Wert	Columbia 5% Blutagar Ameisensäure 70%	Score Wert	CNA Blutagar	Score Wert	Schokoladenagar	Score Wert
G516	*C. propinquum* 80_D4 coll_ISB	**2,368**	*C. propinquum* 80_D4 coll_ISB	**2,248**	*C. propinquum* 80_D4 coll_ISB	**2,352**	*C. propinquum* 80_D4 coll_ISB	**2,403**
G521	*C. propinquum* 80_D4 coll_ISB	**2,443**	*C. propinquum* 80_D4 coll_ISB	**2,282**	*C. propinquum* 80_D4 coll_ISB	**2,398**	*C. propinquum* 80_D4 coll_ISB	**2,425**
G522	*C. pseudodiphtheriticum* ATCC 10701 THL	**2,421**	*C. pseudodiphtheriticum* ATCC 10701 THL	**2,460**	*C. pseudodiphtheriticum* ATCC 10701 THL	**2,433**	*C. pseudodiphtheriticum* ATCC 10701 THL	**2,445**
G523	*C. pseudodiphtheriticum* ATCC 10701 THL	**2,472**	*C. pseudodiphtheriticum* ATCC 10701 THL	**2,457**	*C. pseudodiphtheriticum* ATCC 10701 THL	**1,894**	*C. pseudodiphtheriticum* ATCC 10701 THL	**2,341**
G524	*C. propinquum* 80_D4 coll_ISB	**2,493**	*C. propinquum* 80_D4 coll_ISB	**2,446**	*C. propinquum* 80_D4 coll_ISB	**2,526**	*C. propinquum* 80_D4 coll_ISB	**2,508**
G525	*C. pseudodiphtheriticum* ATCC 10701 THL	**2,342**	*C. pseudodiphtheriticum* ATCC 10701 THL	**2,401**	*Actinomyces dentalis* DSM 19115T DSM	**1,545**	*C. pseudodiphtheriticum* ATCC 10701 THL	**2,388**
G526	*C. pseudodiphtheriticum* ATCC 10701 THL	**2,474**	*C. pseudodiphtheriticum* ATCC 10701 THL	**2,450**	*C. pseudodiphtheriticum* ATCC 10701 THL	**2,214**	*C. pseudodiphtheriticum* ATCC 10701 THL	**2,354**
G527	*C. pseudodiphtheriticum* ATCC 10701 THL	**2,433**	*C. pseudodiphtheriticum* ATCC 10701 THL	**2,380**	*C. pseudodiphtheriticum* ATCC 10701 THL	**2,408**	*C. pseudodiphtheriticum* ATCC 10701 THL	**2,393**
Score-Median		**2,433**		**2,450**		**2,311**		**2,388**
Score-Spanne		**2,342 – 2,474**		**2,380 – 2,460**		**1,894 – 2,433**		**2,341 – 2,445**

Tabelle 13.43: *Corynebacterium pseudotuberculosis*

Nährbodenvergleich / Vorbehandlung des Schmierpräparates mit 70%iger Ameisensäure:

Untersuchung von 3 Stämmen *Corynebacterium pseudotuberculosis* mit MALDI-TOF MS nach Inkubation für ca. 24 h bei 36°C unter 5%-CO_2-Atmosphäre.

Stamm-nummer	**Columbia 5% Blutagar**	**Score Wert**	**Columbia 5% Blutagar Ameisensäure 70%**	**Score Wert**	**CNA Blutagar**	**Score Wert**	**Schokoladenagar**	**Score Wert**
960	*Corynebacterium pseudotuberculosis* 64_D6 coll ISB	**2,346**	*Corynebacterium pseudotuberculosis* 59_D6 coll ISB	**2,317**	*Corynebacterium pseudotuberculosis* 59_D6 coll ISB	**2,350**	*Corynebacterium pseudotuberculosis* 59_D6 coll ISB	**2,398**
962	*Corynebacterium pseudotuberculosis* 59_D6 coll ISB	**2,352**	*Corynebacterium pseudotuberculosis* DSM 20689_DSM	**2,293**	*Corynebacterium pseudotuberculosis* 59_D6 coll ISB	**2,357**	*Corynebacterium pseudotuberculosis* 59_D6 coll ISB	**2,328**
G121	*Corynebacterium ulcerans* DSM 46325_DSM	**2,250**	*Corynebacterium ulcerans* DSM 46325_DSM	**2,293**	*Corynebacterium ulcerans* DSM 46325_DSM	**2,218**	*Corynebacterium ulcerans* 67_D6 coll_ISB	**2,267**
Score-Median		**2,349**		**2,305**		**2,354**		**2,363**
Score-Spanne		**2,346 – 2,352**		**2,293 – 2,317**		**2,350 – 2,357**		**2,328 – 2,398**

Tabelle 13.44: *Corynebacterium riegelii*

Nährbodenvergleich / Vorbehandlung des Schmierpräparates mit 70%iger Ameisensäure:

Untersuchung von 2 Stämmen *Corynebacterium riegelii* mit MALDI-TOF MS nach Inkubation für ca. 24 h bei 36°C unter 5%-CO_2-Atmosphäre.

Stamm-nummer	**Columbia 5% Blutagar**	**Score Wert**	**Columbia 5% Blutagar Ameisensäure 70%**	**Score Wert**	**CNA Blutagar**	**Score Wert**	**Schokoladenagar**	**Score Wert**
2415[T]	*Corynebacterium riegelii* DSM 44326_DSM	**2,473**	*Corynebacterium riegelii* DSM 44326_DSM	**2,462**	*Corynebacterium riegelii* DSM 44326_DSM	**2,575**	*Corynebacterium riegelii* DSM 44326_DSM	**2,485**
2582	*Corynebacterium riegelii* DSM 44326_DSM	**2,199**	*Corynebacterium riegelii* DSM 44326_DSM	**2,100**	*Corynebacterium riegelii* DSM 44326_DSM	**2,249**	*Corynebacterium riegelii* DSM 44326_DSM	**2,111**
Score-Median		**2,336**		**2,281**		**2,412**		**2,298**
Score-Spanne		**2,199 – 2,473**		**2,100 – 2,462**		**2,249 – 2,575**		**2,111 – 2,485**

Tabelle 13.45: *Corynebacterium simulans*

Nährbodenvergleich / Vorbehandlung des Schmierpräparates mit 70%iger Ameisensäure:

Untersuchung von 1 Stamm *Corynebacterium simulans* mit MALDI-TOF MS nach Inkubation für ca. 24 h bei 36°C unter 5%-CO_2-Atmosphäre.

Stamm-nummer	Columbia 5% Blutagar	Score Wert	Columbia 5% Blutagar Ameisensäure 70%	Score Wert	CNA Blutagar	Score Wert	Schokoladenagar	Score Wert
3576	*Corynebacterium simulans* DSM 44415_DSM	**2,241**	*Corynebacterium simulans* DSM 44415_DSM	**2,250**	*Corynebacterium simulans* DSM 44415_DSM	**2,248**	*Corynebacterium simulans* DSM 44415_DSM	**2,195**

Tabelle 13.46: *Corynebacterium striatum*

Nährbodenvergleich / Vorbehandlung des Schmierpräparates mit 70%iger Ameisensäure:

Untersuchung von 10 Stämmen *Corynebacterium striatum* mit MALDI-TOF MS nach Inkubation für ca. 24 h bei 36°C unter 5%-CO_2-Atmosphäre.

Stamm-nummer	Columbia 5% Blutagar	Score Wert	Columbia 5% Blutagar Ameisensäure 70%	Score Wert	CNA Blutagar	Score Wert	Schokoladenagar	Score Wert
238	*C. striatum* MB_8820_05 THL	**2,302**	*C. striatum* 23086514_MLD	**2,369**	*C. striatum* 23086514_MLD	**2,358**	*C. striatum* 23086514_MLD	**2,311**
287	*C. simulans* DSM44415_DSM	**2,143**	*C. simulans* DSM44415_DSM	**2,175**	*C. simulans* DSM44415_DSM	**2,119**	*C. simulans* DSM44415_DSM	**2,095**
511	*C. simulans* DSM44415_DSM	**2,324**	*C. simulans* DSM44415_DSM	**2,327**	*C. simulans* DSM44415_DSM	**2,315**	*C. simulans* DSM44415_DSM	**2,296**
831	*C. striatum* 23086514_MLD	**2,373**	*C. striatum* 23086514_MLD	**2,404**	*C. striatum* 23086514_MLD	**2,409**	*C. striatum* 23086514_MLD	**2,404**
839	*C. striatum* 23086514_MLD	**2,383**	*C. striatum* 23086514_MLD	**2,351**	*C. striatum* 23086514_MLD	**2,331**	*C. striatum* 23086514_MLD	**2,378**
942	*C. striatum* MB_8820_05 THL	**2,392**	*C. striatum* MB_8820_05 THL	**2,466**	*C. striatum* MB_8820_05 THL	**2,470**	*C. striatum* MB_8820_05 THL	**2,380**
1005	*C. simulans* DSM44415_DSM	**2,173**	*C. simulans* DSM44415_DSM	**2,166**	*C. simulans* DSM44415_DSM	**2,224**	*C. striatum* 23086514_MLD	**2,159**
1091	*C. striatum* 23086514_MLD	**2,329**	*C. striatum* 23086514_MLD	**2,385**	*C. striatum* 23086514_MLD	**2,336**	*C. striatum* 23086514_MLD	**2,328**
1317	*C. striatum* 23086514_MLD	**2,356**	*C. striatum* 23086514_MLD	**2,329**	*C. striatum* 23086514_MLD	**2,370**	*C. striatum* 23086514_MLD	**2,383**
1421	*C. striatum* 23086514_MLD	**2,417**	*C. striatum* 23086514_MLD	**2,390**	*C. striatum* 23086514_MLD	**2,360**	*C. striatum* 23086514_MLD	**2,371**
Score-Median		**2,373**		**2,385**		**2,360**		**2,375**
Score-Spanne		**2,302 – 2,417**		**2,329 – 2,466**		**2,331 – 2,470**		**2,159 – 2,404**

Tabelle 13.47: *Corynebacterium sundsvallense*

Nährbodenvergleich / Vorbehandlung des Schmierpräparates mit 70%iger Ameisensäure:

Untersuchung von 1 Stamm *Corynebacterium sundsvallense* mit MALDI-TOF MS nach Inkubation für ca. 48 h bei 36°C unter 5%-CO_2-Atmosphäre.

Stamm-nummer	Columbia 5% Blutagar	Score Wert	Columbia 5% Blutagar Ameisensäure 70%	Score Wert	CNA Blutagar	Score Wert	Schokoladenagar	Score Wert
3322	*Corynebacterium sundsvallense* DSM 44613_DSM	**1,797**	*Corynebacterium sundsvallense* DSM 44613_DSM	**1,785**	*Corynebacterium sundsvallense* DSM 44613_DSM	**1,705**	*Corynebacterium sundsvallense* DSM 44613_DSM	**1,396**

Tabelle 13.48: *Corynebacterium thomssenii*

Nährbodenvergleich / Vorbehandlung des Schmierpräparates mit 70%iger Ameisensäure:

Untersuchung von 1 Stamm *Corynebacterium thomssenii* mit MALDI-TOF MS nach Inkubation für ca. 48 h bei 36°C unter 5%-CO_2-Atmosphäre.

Stamm-nummer	Columbia 5% Blutagar	Score Wert	Columbia 5% Blutagar Ameisensäure 70%	Score Wert	CNA Blutagar	Score Wert	Schokoladenagar	Score Wert
3081	*Corynebacterium thomssenii* DSM 44276_DSM	**1,573**	*Corynebacterium thomssenii* DSM 44276_DSM	**1,993**	*Streptomyces avidinii* B190_UFL	**1,342**	*Pseudomonas cichorii* DSM 50259T HAM	**1,322**

Tabelle 13.49: *Corynebacterium tuberculostearicum*

Nährbodenvergleich / Vorbehandlung des Schmierpräparates mit 70%iger Ameisensäure:

Untersuchung von 7 Stämmen *Corynebacterium tuberculostearicum* mit MALDI-TOF MS nach Inkubation für ca. 48 h bei 36°C unter 5%-CO_2-Atmosphäre.

Stamm-nummer	Columbia 5% Blutagar	Score Wert	Columbia 5% Blutagar Ameisensäure 70%	Score Wert	CNA Blutagar	Score Wert	Schokoladenagar	Score Wert
235	*Corynebacterium tuberculostearicum* Isolat Bre07 HED	**1,900**	*Corynebacterium tuberculostearicum* Isolat Bre07 HED	**1,853**	*Corynebacterium tuberculostearicum* Isolat Bre07 HED	**1,833**	*Corynebacterium tuberculostearicum* DSM 44922_DSM	**1,768**
261	*Corynebacterium tuberculostearicum* Isolat Bre07 HED	**1,822**	*Corynebacterium tuberculostearicum* DSM 44922_DSM	**1,827**	*Corynebacterium tuberculostearicum* DSM 44922_DSM	**1,723**	*Corynebacterium tuberculostearicum* Isolat Bre07 HED	**1,678**
473	*Corynebacterium tuberculostearicum* Isolat Bre07 HED	**1,591**	*Corynebacterium tuberculostearicum* Isolat Bre07 HED	**1,995**	*Aeromonas sobria* CECT 4245T_DSM	**1,546**	*Corynebacterium tuberculostearicum* Isolat Bre07 HED	**1,814**
476	*Corynebacterium tuberculostearicum* DSM 44922_DSM	**1,685**	*Corynebacterium tuberculostearicum* DSM 44922_DSM	**1,890**	*Corynebacterium tuberculostearicum* DSM 44922_DSM	**1,731**	*Corynebacterium tuberculostearicum* DSM 44922_DSM	**1,817**
788	*Corynebacterium accolens* x_x_28779_H_IBS	**1,615**	*Corynebacterium accolens* x_x_28779_H_IBS	**1,618**	*Corynebacterium accolens* x_x_28779_H_IBS	**1,914**	*Corynebacterium accolens* x_x_28779_H_IBS	**1,632**
934	*Corynebacterium tuberculostearicum* DSM 44922_DSM	**1,764**	*Corynebacterium tuberculostearicum* DSM 44922_DSM	**1,835**	*Corynebacterium tuberculostearicum* DSM 44922_DSM	**1,580**	*Corynebacterium tuberculostearicum* DSM 44922_DSM	**1,514**
1308	*Corynebacterium tuberculostearicum* Isolat Bre07 HED	**1,696**	*Corynebacterium tuberculostearicum* Isolat Bre07 HED	**1,737**	*Corynebacterium tuberculostearicum* DSM 44922_DSM	**1,618**	*Corynebacterium pseudodiphtheriticum* MB_7369_05 THL	**1,469**
Score-Median		**1,730**		**1,844**		**1,671**		**1,723**
Score-Spanne		**1,591 – 1,900**		**1,827 – 1,995**		**1,580 – 1,833**		**1,514 – 1,817**

Tabelle 13.50: *Corynebacterium ulcerans*

Nährbodenvergleich / Vorbehandlung des Schmierpräparates mit 70%iger Ameisensäure:

Untersuchung von 2 Stämmen *Corynebacterium ulcerans* mit MALDI-TOF MS nach Inkubation für ca. 24 h bei 36°C unter 5%-CO_2-Atmosphäre.

Stamm-nummer	Columbia 5% Blutagar	Score Wert	Columbia 5% Blutagar Ameisensäure 70%	Score Wert	CNA Blutagar	Score Wert	Schokoladenagar	Score Wert
957	*Corynebacterium ulcerans* DSM 46325_DSM	**2,242**	*Corynebacterium ulcerans* DSM 46325_DSM	**2,270**	*Corynebacterium ulcerans* DSM 46325_DSM	**2,236**	*Corynebacterium ulcerans* DSM 46325_DSM	**2,175**
958	*Corynebacterium ulcerans* DSM 46325_DSM	**2,370**	*Corynebacterium ulcerans* DSM 46325_DSM	**2,392**	*Corynebacterium ulcerans* DSM 46325_DSM	**2,386**	*Corynebacterium ulcerans* DSM 46325_DSM	**2,294**
Score-Median		**2,306**		**2,331**		**2,311**		**2,235**
Score-Spanne		**2,242 – 2,370**		**2,270 – 2,392**		**2,236 – 2,386**		**2,175 – 2,294**

Tabelle 13.51: *Corynebacterium urealyticum*

Nährbodenvergleich / Vorbehandlung des Schmierpräparates mit 70%iger Ameisensäure:

Untersuchung von 5 Stämmen *Corynebacterium urealyticum* mit MALDI-TOF MS nach Inkubation für ca. 48 h bei 36°C unter 5%-CO_2-Atmosphäre.

Stamm-nummer	Columbia 5% Blutagar	Score Wert	Columbia 5% Blutagar Ameisensäure 70%	Score Wert	CNA Blutagar	Score Wert	Schokoladenagar	Score Wert
874	*Corynebacterium urealyticum* 24_A8761 ISB	**2,009**	*Corynebacterium urealyticum* 24_A8761 ISB	**1,992**	*Corynebacterium urealyticum* DSM 7111_DSM	**2,056**	*Corynebacterium urealyticum* 24_A8761 ISB	**2,150**
897	*Corynebacterium urealyticum* DSM 7111_DSM	**2,061**	*Corynebacterium urealyticum* 20_CU47_ISB	**2,130**	*Corynebacterium urealyticum* 24_A8761 ISB	**2,046**	*Corynebacterium urealyticum* 24_A8761 ISB	**2,109**
908	*Corynebacterium urealyticum* 20_CU47_ISB	**2,110**	*Corynebacterium urealyticum* 24_A8761 ISB	**2,081**	*Corynebacterium urealyticum* DSM 7111_DSM	**1,888**	*Corynebacterium urealyticum* DSM 7111_DSM	**2,204**
1028	*Corynebacterium urealyticum* DSM 7110_DSM	**1,701**	*Corynebacterium urealyticum* DSM 7110_DSM	**1,821**	*Corynebacterium urealyticum* DSM 7110_DSM	**1,746**	*Corynebacterium urealyticum* DSM 7109_DSM	**1,951**
1313	*Corynebacterium urealyticum* 24_A8761 ISB	**2,088**	*Corynebacterium urealyticum* 24_A8761 ISB	**2,145**	*Corynebacterium urealyticum* 24_A8761 ISB	**2,088**	*Corynebacterium urealyticum* 24_A8761 ISB	**2,206**
Score-Median		**2,061**		**2,081**		**2,046**		**2,150**
Score-Spanne		**1,701 – 2,110**		**1,821 – 2,145**		**1,746 – 2,088**		**1,951 – 2,206**

Tabelle 13.52: *Corynebacterium xerosis*

Nährbodenvergleich / Vorbehandlung des Schmierpräparates mit 70%iger Ameisensäure:

Untersuchung von 1 Stamm *Corynebacterium xerosis* mit MALDI-TOF MS nach Inkubation für ca. 24 h bei 36°C unter 5%-CO_2-Atmosphäre.

Stamm-nummer	Columbia 5% Blutagar	Score Wert	Columbia 5% Blutagar Ameisensäure 70%	Score Wert	CNA Blutagar	Score Wert	Schokoladenagar	Score Wert
1504	*Corynebacterium xerosis* DSM 20743_DSM	**2,227**	*Corynebacterium xerosis* DSM 20743_DSM	**2,212**	*Corynebacterium xerosis* DSM 20743_DSM	**2,170**	*Corynebacterium xerosis* DSM 20743_DSM	**2,136**

Tabelle 13.53: *Dermabacter hominis*

Nährbodenvergleich / Vorbehandlung des Schmierpräparates mit 70%iger Ameisensäure:

Untersuchung von 8 Stämmen *Dermabacter hominis* mit MALDI-TOF MS nach Inkubation für ca. 24 h bei 36°C unter 5%-CO_2-Atmosphäre.

Stamm-nummer	Columbia 5% Blutagar	Score Wert	Columbia 5% Blutagar Extraktion: Ameisensäure 70%	Score Wert	CNA Blutagar	Score Wert	Schokoladenagar	Score Wert
244	*D. hominis*122_x_T29453_64_IBS	**1,650**	*D. hominis* DSM 7083_DSM	**1,744**	*D. hominis* DSM 7083_DSM	**1,726**	*D. hominis*126_x_B25504_60_IBS	**1,819**
273	*D. hominis*122_x_T29453_64_IBS	**1,917**	*D. hominis*122_x_T29453_64_IBS	**1,999**	*D. hominis*122_x_T29453_64_IBS	**2,055**	*D. hominis*122_x_T29453_64_IBS	**2,001**
291	*D. hominis*126_x_B25504_60_IBS	**1,944**	*D. hominis*126_x_B25504_60_IBS	**1,871**	*D. hominis*122_x_T29453_64_IBS	**1,913**	*D. hominis*122_x_T29453_64_IBS	**1,911**
301	*D. hominis*126_x_B25504_60_IBS	**2,101**	*D. hominis*122_x_T29453_64_IBS	**2,138**	*D. hominis*122_x_T29453_64_IBS	**2,079**	*D. hominis*122_x_T29453_64_IBS	**2,054**
403	*D. hominis*122_x_T29453_64_IBS	**2,106**	*D. hominis*122_x_T29453_64_IBS	**1,981**	*D. hominis*122_x_T29453_64_IBS	**1,932**	*D. hominis*122_x_T29453_64_IBS	**1,939**
424	*D. hominis*122_x_T29453_64_IBS	**2,003**	*D. hominis*122_x_T29453_64_IBS	**2,167**	*D. hominis*122_x_T29453_64_IBS	**2,005**	*D. hominis*122_x_T29453_64_IBS	**1,988**
427	*D. hominis*122_x_T29453_64_IBS	**1,981**	*D. hominis*122_x_T29453_64_IBS	**2,045**	*D. hominis*122_x_T29453_64_IBS	**1,972**	*D. hominis*122_x_T29453_64_IBS	**1,892**
452	*D. hominis*122_x_T29453_64_IBS	**2,054**	*D. hominis*122_x_T29453_64_IBS	**2,019**	*D. hominis*122_x_T29453_64_IBS	**1,885**	*D. hominis*122_x_T29453_64_IBS	**1,945**
Score-Median		**1,992**		**2,009**		**1,952**		**1,942**
Score-Spanne		**1,650 – 2,106**		**1,744 – 2,167**		**1,726 – 2,079**		**1,819 – 2,054**

Tabelle 13.54: *Exiguobacterium acetylicum*

Nährbodenvergleich / Vorbehandlung des Schmierpräparates mit 70%iger Ameisensäure:

Untersuchung von 1 Stamm *Exiguobacterium acetylicum* mit MALDI-TOF MS nach Inkubation für ca. 24 h bei 36°C unter 5%-CO_2-Atmosphäre.

Stamm-nummer	Columbia 5% Blutagar	Score Wert	Columbia 5% Blutagar Ameisensäure 70%	Score Wert	CNA Blutagar	Score Wert	Schokoladenagar	Score Wert
3219	*Aeromonas schubertii* CECT 4240T_DSM	**1,437**	*Clostridium perfringens* B 1971_ATCC 3626_BOG	**1,349**	*Staphylococcus equorum* DSM 20675	**1,326**	*Lactobacillus coryniformis* subsp. *coryniformis* DSM 20001T_DSM	**1,431**

Tabelle 13.55: *Microbacterium oxydans*

Nährbodenvergleich / Vorbehandlung des Schmierpräparates mit 70%iger Ameisensäure:

Untersuchung von 2 Stämmen *Microbacterium oxydans* mit MALDI-TOF MS nach Inkubation für ca. 24 h bei 36°C unter 5%-CO_2-Atmosphäre.

Stamm-nummer	Columbia 5% Blutagar	Score Wert	Columbia 5% Blutagar Ameisensäure 70%	Score Wert	CNA Blutagar	Score Wert	Schokoladenagar	Score Wert
G297	*Microbacterium oxydans* DSM 20578T DSM	**2,386**	*Microbacterium oxydans* DSM 20578T DSM	**2,327**	*Microbacterium oxydans* DSM 20578T DSM	**2,380**	*Microbacterium oxydans* DSM 20578T DSM	**2,278**
G407	*Microbacterium maritypicum* DSM 12512T DSM	**2,288**	*Microbacterium maritypicum* DSM 12512T DSM	**2,268**	*Microbacterium maritypicum* DSM 12512T DSM	**2,178**	*Microbacterium maritypicum* DSM 12512T DSM	**2,282**
Score-Wert		**2,386**		**2,327**		**2,380**		**2,278**

Tabelle 13.56: *Microbacterium paraoxydans*

Nährbodenvergleich / Vorbehandlung des Schmierpräparates mit 70%iger Ameisensäure:

Untersuchung von 2 Stämmen *Microbacterium paraoxydans* mit MALDI-TOF MS nach Inkubation für ca. 24 h bei 36°C unter 5%-CO_2-Atmosphäre.

Stamm-nummer	Columbia 5% Blutagar	Score Wert	Columbia 5% Blutagar Ameisensäure 70%	Score Wert	CNA Blutagar	Score Wert	Schokoladenagar	Score Wert
G1	*Microbacterium* sp. DSM 15461 DSM	**2,556**	*Microbacterium* sp. DSM 15461 DSM	**2,592**	*Microbacterium* sp. DSM 15461 DSM	**2,531**	*Microbacterium* sp. DSM 15461 DSM	**2,514**
G58	*Microbacterium* sp. DSM 15461 DSM	**2,202**	*Microbacterium* sp. DSM 15461 DSM	**2,133**	*Microbacterium* sp. DSM 15461 DSM	**2,209**	*Microbacterium* sp. DSM 15461 DSM	**2,246**
Score-Median		**2,379**		**2,363**		**2,370**		**2,380**
Score-Spanne		**2,202 – 2,556**		**2,133 – 2,592**		**2,209 – 2,531**		**2,246 – 2,514**

Tabelle 13.57: *Rothia dentocariosa*

Nährbodenvergleich / Vorbehandlung des Schmierpräparates mit 70%iger Ameisensäure:

Untersuchung von 4 Stämmen *Rothia dentocariosa* mit MALDI-TOF MS nach Inkubation für ca. 48 h bei 36°C unter 5%-CO_2-Atmosphäre.

Stamm-nummer	Columbia 5% Blutagar	Score Wert	Columbia 5% Blutagar Ameisensäure 70%	Score Wert	CNA Blutagar	Score Wert	Schokoladenagar	Score Wert
G24	*Rothia dentocariosa* G6496_ch28 IBS	**2,466**	*Rothia dentocariosa* G6496_ch28 IBS	**2,353**	*Rothia dentocariosa* G6496_ch28 IBS	**2,452**	*Rothia dentocariosa* G6496_ch28 IBS	**2,301**
G29	*Rothia dentocariosa* G6496_ch28 IBS	**2,369**	*Rothia dentocariosa* G6496_ch28 IBS	**2,412**	*Rothia dentocariosa* G6496_ch28 IBS	**2,455**	*Rothia dentocariosa* G6496_ch28 IBS	**2,375**
G123	*Rothia dentocariosa* G6496_ch28 IBS	**2,257**	*Rothia dentocariosa* G6496_ch28 IBS	**2,373**	*Rothia dentocariosa* G6496_ch28 IBS	**2,354**	*Rothia dentocariosa* G6496_ch28 IBS	**2,340**
G475	*Rothia dentocariosa* G6496_ch28 IBS	**2,263**	*Rothia dentocariosa* G6496_ch28 IBS	**2,279**	*Rothia dentocariosa* G6496_ch28 IBS	**2,356**	*Rothia dentocariosa* G6496_ch28 IBS	**2,412**
Score-Median		**2,316**		**2,363**		**2,404**		**2,358**
Score-Spanne		**2,257 – 2,466**		**2,279 – 2,412**		**2,354 – 2,455**		**2,301 – 2,412**

Tabelle 13.58: *Turicella otitidis*

Nährbodenvergleich / Vorbehandlung des Schmierpräparates mit 70%iger Ameisensäure:

Untersuchung von 9 Stämmen *Turicella otitidis* mit MALDI-TOF MS nach Inkubation für ca. 48 h bei 36°C unter 5%-CO_2-Atmosphäre.

Stamm-nummer	Columbia 5% Blutagar	Score Wert	Columbia 5% Blutagar Ameisensäure 70%	Score Wert	CNA Blutagar	Score Wert	Schokoladenagar	Score Wert
18	*Turicella otitidis* DSM 8821_DSM	**1,974**	*Turicella otitidis* DSM 8821_DSM	**2,095**	*Turicella otitidis* DSM 8821_DSM	**1,960**	*Turicella otitidis* DSM 8821_DSM	**1,936**
71	*Turicella otitidis* DSM 8821_DSM	**2,026**	*Turicella otitidis* DSM 8821_DSM	**1,799**	*Turicella otitidis* DSM 8821_DSM	**2,046**	*Turicella otitidis* DSM 8821_DSM	**2,051**
234	*Turicella otitidis* DSM 8821_DSM	**2,256**	*Turicella otitidis* DSM 8821_DSM	**2,413**	*Turicella otitidis* DSM 8821_DSM	**2,357**	*Turicella otitidis* DSM 8821_DSM	**2,071**
262	*Turicella otitidis* DSM 8821_DSM	**2,064**	*Turicella otitidis* DSM 8821_DSM	**2,153**	*Turicella otitidis* DSM 8821_DSM	**2,260**	*Turicella otitidis* DSM 8821_DSM	**1,986**
272	*Turicella otitidis* DSM 8821_DSM	**2,049**	*Turicella otitidis* DSM 8821_DSM	**2,127**	*Turicella otitidis* DSM 8821_DSM	**2,172**	*Turicella otitidis* DSM 8821_DSM	**2,025**
410	*Turicella otitidis* DSM 8821_DSM	**2,070**	*Turicella otitidis* DSM 8821_DSM	**2,089**	*Turicella otitidis* DSM 8821_DSM	**2,090**	*Turicella otitidis* DSM 8821_DSM	**2,098**
411	*Turicella otitidis* DSM 8821_DSM	**2,031**	*Turicella otitidis* DSM 8821_DSM	**2,164**	*Turicella otitidis* DSM 8821_DSM	**2,129**	*Turicella otitidis* DSM 8821_DSM	**1,922**
425	*Turicella otitidis* DSM 8821_DSM	**1,928**	*Turicella otitidis* DSM 8821_DSM	**1,956**	*Turicella otitidis* DSM 8821_DSM	**1,861**	*Turicella otitidis* DSM 8821_DSM	**1,944**
429	*Turicella otitidis* DSM 8821_DSM	**1,982**	*Turicella otitidis* DSM 8821_DSM	**2,030**	*Turicella otitidis* DSM 8821_DSM	**1,972**	*Turicella otitidis* DSM 8821_DSM	**1,955**
Score-Median		**2,031**		**2,095**		**2,090**		**1,986**
Score-Spanne		**1,928 – 2,256**		**1,799 – 2,413**		**1,861 – 2,357**		**1,922 – 2,098**

3. Vergleich der Speziesidentifikation mit MALDI-TOF MS und dem API Coryne Testsystem – ergänzende Ergebnistabelle:

Tabelle 14

Tabelle 14 zeigt in Ergänzung zu Tabelle 5 im Ergebnisteil dieser Arbeit die Rohdaten der Untersuchung von 509 Routineisolaten coryneformer Bakterien mit MALDI-TOF MS und dem API Coryne Testsystem.

Die Speziesidentifikation mit MALDI-TOF MS erfolgt durch Angabe der an erster Stelle genannten Spezies, d. h. der Spezies mit dem höchsten Score-Wert.

Das Ergebnis des API Coryne Testsystems wird in Form des nummerischen Codes bzw. der Speziesidentifikation mit Hilfe der API Coryne Datenbank angegeben.

Die API Coryne Datenbank listet dabei die am besten passende Spezies unter "1.Wahl" (gegebenenfalls auch mehrere Spezies in einer Rangfolge) sowie weitere Spezies als "nächste Wahl". In dieser Studie wurden die unter "1.Wahl" genannten Spezies berücksichtigt.

Weiter wird die Speziesidentifikation durch die API Coryne Datenbank gewertet:

1. ausgezeichnete / sehr gute / gute Identifizierung
   ausgezeichnete / sehr gute / gute Identifizierung auf Genusebene
   geringe Selektivität / akzeptierbare Identifizierung
2. zweifelhaftes Profil / Identifizierung unzuverlässig
3. Profil unakzeptierbar

Die unter 1. genannten Bewertungen wurden in Tabelle 14 nicht näher aufgeführt.

Bei unter 2. genannten Bewertungen wurde der jeweilige nummerische Code mit einem Fragezeichen (?) gekennzeichnet bzw. bei der Bewertung "Profil unakzeptierbar" mit einer Raute (#) gekennzeichnet.

Unter Berücksichtigung der Bakterienmorphologie und gegebenenfalls Zusatztests wurde die identifizierte Bakterienspezies aus den in der API Coryne Datenbank unter "1.Wahl" gelisteten Spezies ausgewählt.

Die Identifikation der Spezies *Corynebacterium minutissimum* erfolgt im API Coryne Testsystem als Ergänzung zur Identifikation "*C. striatum / amycolatum*" unter der Angabe "Möglichkeit von *C. minutissimum*". Die Differenzierung dieser drei Spezies erfolgte dann anhand der Morphologie der Bakterienkolonien (*C. amycolatum*: matt-weiße Kolonien mit gekerbtem Rand; *C. minutissimum* / *C. striatum*: creme-weiß glänzende Kolonien mit

glattem Rand) und anhand typischer Stoffwechselreaktionen (*C. minutissimum*: Nitrat-Reduktion negativ, Fermentation von Maltose positiv; *C. striatum*: Nitrat-Reduktion positiv, Fermentation von Maltose negativ).
Bei diskrepanter Speziesidentifikation (MALDI-TOF MS / API Coryne Testsystem) wurde die tatsächlich vorliegende Spezies durch Begutachtung der Morphologie der Kolonien durch einen erfahrenen Untersucher (Prof. Dr. med. G. Funke) und gegebenenfalls durch Zusatztests (CAMP-Test, Zink-Zugabe nach negativer Nitratreduktion) bestimmt.
In Zweifelsfällen wurde der API Coryne Test wiederholt. In 21 Fällen erfolgte die Speziesidentifikation durch partielle 16S rRNA Gen-Sequenzierung der ersten 500 Basenpaare der bakteriellen DNA, welche für diesen Abschnitt kodiert.

Die Reagenzienzugabe zur Auswertung des API Coryne Teststreifens erfolgte nach Inkubation für ca. 20 h bei 36°C, die Auswertung der Fermentationsreaktionen erfolgte nach Inkubation für ca. 48-72 h bei 36°C.

35 Routineisolate (14, 27, 28, 81, 83, 99, 102, 122, 133, 135, 137, 168, 170, 193, 202, 223, 268, 273, 278, 286, 298, 327, 357, 372, 395, 402, 409, 431, 463, 471, 496, 512, 515, 521 und 533) wurden in der Studie nicht berücksichtigt, entweder weil auf der API-Kontrollplatte keine Reinkultur vorlag oder weil die vorliegende Spezies nicht zu den coryneformen Bakterien gehörte.

In Tabelle 14 werden ergänzend zu Tabelle 5 im Ergebnisteil dieser Arbeit alle in der API Coryne Datenbank unter “1.Wahl“ (gegebenenfalls auch unter “nächster Wahl“) aufgeführten Bakterienspezies gelistet. Zusätzlich werden die Bakterienmorphologie und das Ergebnis der Zusatztests angegeben.

Tabelle 14:

Symbole und Abkürzungen:

(?)	zweifelhaftes Profil / Identifizierung unzuverlässig (Angabe aus der API Coryne Datenbank)
*	Bakterienspezies (bzw. Gattung bei *Brachybacterium* sp.) ist nicht in der API (Rapid) Coryne database 2.0 enthalten.
**	Die Gattung *Pseudoclavibacter* ist weder in der API (Rapid) Coryne database 2.0 noch in der Datenbank MALDI Biotyper 2.0 (Stand 15.10.2009) enthalten.
^	Die API (Rapid) Coryne database 2.0 enthält für die Gattungen *Arthrobacter* / *Brevibacterium* / *Microbacterium* nur Identifikationsprofile auf Gattungsebene.
^^	Die Gattung *Tsukamurella* wird in der API (Rapid) Coryne database 2.0 unter *Rhodococcus* spp. geführt.
Zink	Zur Differenzierung zwischen *Corynebacterium simulans* und *Corynebacterium striatum* wurde, bei initial negativer Nitrat-Reduktion im API Coryne Testsystem, Zink in das Testfeld zugegeben und erneut der nummerische Code abgelesen. Der nummerische Code nach der Zinkzugabe wird in Klammern angegeben mit dem Zusatz “Zink“.
Wdh.	Der API Coryne Test wurde wiederholt. Es wird das Ergebnis der Testwiederholung angegeben. Die gesamte Auswertung des Teststreifens erfolgte nach ca. 36-48 h Inkubation bei 36°C.

Tabelle 14: Vergleich der Speziesidentifikation mit MALDI-TOF MS und dem API Coryne Testsystem

Nr.	Ursprungs-material	Speziesidentifikation mit MALDI-TOF MS	Score Wert	Speziesidentifikation mit API Coryne	Nummerischer Code	Morphologie, ggf. CAMP-Test	vorliegende Spezies
1	Abstrich Unterschenkel	*C. striatum* 23086514_MLD	2,332	*C. striatum / amycolatum*	3100105	weiß, glänzend	*Corynebacterium striatum*
2	Wundabstrich	*C. amycolatum*(PX)25086111_MLD	2,029	*C. striatum / amycolatum*	3100105	matt,weiß	*Corynebacterium amycolatum*
3	Abstrich	*C.amycolatum* (PX)25086111_MLD	2,149	*C. striatum / amycolatum*	2100125	matt,weiß	*Corynebacterium amycolatum*
4	Abstrich Oberschenkel	*Corynebacterium amycolatum* (PX) 25086111_MLD	2,116	*Corynebacterium jeikeium* *C. striatum / amycolatum* *C.* CDC group G	2100324 Wdh.	matt,weiß	*Corynebacterium amycolatum*
5	Abszessabstrich, Katheter	*Corynebacterium amycolatum* (PX) 25086111_MLD	2,084	*C. striatum / amycolatum* *C.* CDC group G *Corynebacterium jeikeium*	3100324 Wdh.	matt, weiß	*Corynebacterium amycolatum*
6	Wundabstrich	*C. propinquum* 80_D4 coll_ISB	2,412	*C. pseudodiphtheriticum*	3101004	weiß, glänzend	*C. pseudodiphtheriticum*
7	Wundabstrich Leiste	*Corynebacterium amycolatum* (PX) 25086111_MLD	2,062	*Corynebacterium jeikeium* *C. striatum / amycolatum* *C.* CDC group G	2100324	matt-glänzend	*Corynebacterium amycolatum*
8	Wundabstrich	*C. amycolatum*(PX)25086111_MLD	2,107	*C. striatum / amycolatum* *Corynebacterium jeikeium*	2100124	matt, weiß	*Corynebacterium amycolatum*
9	Urin	*Corynebacterium glucuronolyticum* 1_B12915 ISB	2,038	*Corynebacterium glucuronolyticum-seminale*	2201005 (?)	creme, glänzend; CAMP-Test positiv	*Corynebacterium glucuronolyticum*
10	Abstrich Oberschenkel	*Corynebacterium amycolatum* 100_28_B77962_42 IBS	2,065	*C.* CDC group G *C. striatum / amycolatum*	3100305	initial matt, lipophil gekerbter Rand; in Subkultur zusätzlich weiße, matte Kolonien	*Corynebacterium amycolatum*
11	Abstrich Oberschenkel	*C. striatum* MB_8820_05 THL	2,441	*C. striatum / amycolatum*	3100105	creme, glänzend	*Corynebacterium striatum*
12	Abstrich Ohr	*Cellulosimicrobium cellulans* B480 DSM 20424 UFL	2,246	*Oerskovia xanthineolytica*	3572727	grau-weiß, glänzend	*Cellulosimicrobium cellulans*

Fortsetzung Tabelle 14: Vergleich der Speziesidentifikation mit MALDI-TOF MS und dem API Coryne Testsystem

Nr.	Ursprungs-material	Speziesidentifikation mit MALDI-TOF MS	Score Wert	Speziesidentifikation mit API Coryne	Nummerischer Code	Morphologie, ggf. CAMP-Test	vorliegende Spezies
13	Wundabstrich Bauch / Katheter	*Corynebacterium striatum* PX_21086308 MLD	2,367	*C. striatum / amycolatum*	3100105	weiß, matt	*Corynebacterium amycolatum*
15	Blutkultur	*Flavobacterium hydatis* DSM 2063 HAM	1,641	*C.* CDC group G *C. striatum / amycolatum* Mögl. von C.*minutissimum*	6140325 Wdh.	weiß,glänzend	*Corynebacterium minutissimum*
16	Leistenabstrich	*Corynebacterium minutissimum* DSM 20651T DSM	1,615	*C. striatum/ amycolatum* Mögl. von *C .minutissimum*	6100125	weiß, glänzend	*Corynebacterium minutissimum*
17	keine Daten	*Arthrobacter protophormiae* DSM 20168T_DSM	1,443	*C. auris / Turicella otitidis* *C. afermentans / coyleae* *Corynebacterium propinquum*	2100004	weiß, glänzend, kleine Kolonien	*Arthrobacter* sp.^ (partielle 16S rRNA Gen-Sequenzierung)
18	Leistenabstrich	*Corynebacterium amycolatum* (PX) 25086111_MLD	2,023	*C.* CDC group G *C. striatum / amycolatum*	2100325	initial matt, lipophil gekerbter Rand; in Subkultur zusätzlich weiße, matte Kolonien	*Corynebacterium amycolatum*
19	Leistenabstrich	*Corynebacterium minutissimum* 99_25_CCUG27045_41_IBS	1,596	*C.* CDC group G *C. striatum / amycolatum* Mögl. von *C .minutissimum*	6100325 Wdh.	weiß, glänzend	*Corynebacterium minutissimum*
20	Abstrich	*Corynebacterium amycolatum* 100_28_B77962_42 IBS	2,042	*Corynebacterium jeikeium* *C. striatum / amycolatum* *C.* CDC group G	2100324	weiß, matt, gekerbter Rand	*Corynebacterium amycolatum*
21	Abstrich Unterschenkel	*Corynebacterium amycolatum* (PX) 25086111_MLD	2,189	*C.* CDC group G *C. striatum / amycolatum*	2100325	matt, weiß	*Corynebacterium amycolatum*
22	Wundabstrich	*Corynebacterium amycolatum* (PX) 25086111_MLD	2,023	*Corynebacterium jeikeium* *C. striatum / amycolatum* *C.* CDC group G	2100324	matt, weiß	*Corynebacterium amycolatum*

Fortsetzung Tabelle 14: Vergleich der Speziesidentifikation mit MALDI-TOF MS und dem API Coryne Testsystem

Nr.	Ursprungs-material	Speziesidentifikation mit MALDI-TOF MS	Score Wert	Speziesidentifikation mit API Coryne	Nummerischer Code	Morphologie, ggf. CAMP-Test	vorliegende Spezies
23	Abstrich Atherom Axilla	*Corynebacterium amycolatum* (PX) 25086111_MLD	1,984	*Corynebacterium jeikeium* *C. striatum / amycolatum* *C.* CDC group G	2100324	matt, weiß	*Corynebacterium amycolatum*
24	Hautabstrich Kopf	*Corynebacterium amycolatum* (PX) 25086111_MLD	2,039	*Corynebacterium jeikeium* *C. striatum / amycolatum* *C.* CDC group G	2100324	matt, weiß	*Corynebacterium amycolatum*
25	Abszessabstrich Auge	*Dermabacter hominis* 126_x_B25504_60 IBS	1,975	*Dermabacter hominis*	4570365	grau-weiß, glänzend	*Dermabacter hominis*
26	Abszessabstrich perianal	*Corynebacterium striatum* 23086514 MLD	1,523	*C. striatum / amycolatum* Mögl. von *C. minutissimum*	2100125	creme, glänzend; CAMP-Test neg.	*Corynebacterium minutissimum*
29	Wundabstrich	*Corynebacterium amycolatum* (PX) 25086111_MLD	2,063	*Corynebacterium jeikeium* *C. striatum / amycolatum* *C.* CDC group G	2100324	matt, weiß	*Corynebacterium amycolatum*
30	Wundabstrich Vorfuß	*Dermabacter hominis* 122_x_T29453_64 IBS	1,938	*Dermabacter hominis*	4570765	weiß, glänzend	*Dermabacter hominis*
31	Abstrich Atherom Leiste	*Corynebacterium amycolatum* (PX) 25086111_MLD	2,096	*Corynebacterium jeikeium* *C. striatum / amycolatum* *C.* CDC group G	2100324	matt, weiß	*Corynebacterium amycolatum*
32	Abstrich Leiste	*Corynebacterium amycolatum* 100_28_B77962_42 IBS	1,965	*C. striatum / amycolatum* *C.* CDC group G	3100325	matt, weiß	*Corynebacterium amycolatum*
33	Abstrich Auge	*C. pseudodiphtheriticum* ATCC 10701 THL	2,436	*Corynebacterium pseudodiphtheriticum*	3101004	weiß, glänzend	*Corynebacterium pseudodiphtheriticum*
34	Wundabstrich	*Corynebacterium amycolatum* (PX) 25086111_MLD	2,101	*Corynebacterium jeikeium* *C. striatum / amycolatum* *C.* CDC group G	2100324	matt, weiß	*Corynebacterium amycolatum*
35	Abstrich Leiste	C. *striatum* MB_8820_05 THL	2,289	*C. striatum / amycolatum*	3100105	creme, glänzend	*Corynebacterium striatum*

Fortsetzung Tabelle 14: Vergleich der Speziesidentifikation mit MALDI-TOF MS und dem API Coryne Testsystem

Nr.	Ursprungs-material	Speziesidentifikation mit MALDI-TOF MS	Score Wert	Speziesidentifikation mit API Coryne	Nummerischer Code	Morphologie, ggf. CAMP-Test	vorliegende Spezies
36	Abstrich Gesäß	*Corynebacterium amycolatum* (PX) 25086111_MLD	1,980	*Corynebacterium jeikeium*	2100304	weiß, matt-glänzend, gekerbter Rand	*Corynebacterium amycolatum*
37	Wundabstrich	*C. pseudodiphtheriticum* ATCC 10701 THL	2,457	*Corynebacterium pseudodiphtheriticum*	3001004	weiß, glänzend	*Corynebacterium pseudodiphtheriticum*
38	Abstrich Atherom Leiste	*Dermabacter hominis* 122_x_T29453_64 IBS	1,884	*Dermabacter hominis*	4570765	grau, glänzend	*Dermabacter hominis*
39	Wundabstrich Bursa	*C. pseudodiphtheriticum* ATCC 10701 THL	2,370	*Corynebacterium pseudodiphtheriticum*	7101004	creme-weiß, leicht glänzend	*Corynebacterium pseudodiphtheriticum*
40	Wundabstrich	*Corynebacterium striatum* 23086514 MLD	2,384	*C.* CDC group G *C. striatum / amycolatum* *Corynebacterium jeikeium*	2100305 (Zink: 3100305)	weiß, glänzend	*Corynebacterium simulans**
41	Wundabstrich	*Corynebacterium amycolatum* (PX) 25086111_MLD	2,170	*C.* CDC group G *C. striatum / amycolatum*	3100305	matt, weiß	*Corynebacterium amycolatum*
42	Wundabstrich	*Dermabacter hominis* 126_x_B25504_60_IBS	1,995	*Dermabacter hominis*	4570765	grau-weiß, glänzend	*Dermabacter hominis*
43	Wundabstrich Vorfuß	*C. striatum* 23086514 MLD	2,383	*C. striatum / amycolatum*	3100105	creme, glänzend	*Corynebacterium striatum*
44	Vaginalabstrich	*Corynebacterium amycolatum* (PX) 25086111_MLD	2,102	*Corynebacterium jeikeium* *C. striatum / amycolatum* *C.* CDC group G	2100324	matt, weiß	*Corynebacterium amycolatum*
45	Wundabstrich Vorfuß	*Corynebacterium amycolatum* (PX) 25086111_MLD	2,116	*C.* CDC group G *C. striatum / amycolatum*	3100305	matt	*Corynebacterium amycolatum*
46	Abstrich Ulcus cruris	*Dermabacter hominis* 122_x_T29453_64_IBS	2,004	*Dermabacter hominis*	4570765	weiß, glänzend	*Dermabacter hominis*

Fortsetzung Tabelle 14: Vergleich der Speziesidentifikation mit MALDI-TOF MS und dem API Coryne Testsystem

Nr.	Ursprungs-material	Speziesidentifikation mit MALDI-TOF MS	Score Wert	Speziesidentifikation mit API Coryne	Nummerischer Code	Morphologie, ggf. CAMP-Test	vorliegende Spezies
47	Abstrich Ulcus Fuß	*Corynebacterium striatum* 23086514 MLD	2,365	*C. striatum / amycolatum* *Corynebacterium jeikeium* *C.* CDC group G	3100304	creme, glänzend	*Corynebacterium striatum*
48	Abstrich Hand	*Arthrobacter castelli* DSM 16402T_DSM	1,883	*Cellulomonas* sp. / *Microbacterium* sp.	2452535	weiß- glänzend, kleine Kolonien	*Microbacterium testaceum*^ (partielle 16S rRNA Gen-Sequenzierung)
49	Wundabstrich	*Dermabacter hominis* 122_x_T29453_64_IBS	2,027	*Dermabacter hominis*	4570765	grau-weiß, glänzend	*Dermabacter hominis*
50	Wundabstrich sakral	*Corynebacterium minutissimum* 99_25_CCUG27045_41_IBS	1,836	*C. striatum / amycolatum* Mögl. von *C .minutissimum*	6100135	creme-weiß, glänzend	*Corynebacterium minutissimum*
51	Vaginalabstrich	*Corynebacterium amycolatum* (PX) 25086111_MLD	2,035	*C.* CDC group G *C. striatum* / *amycolatum*	3100305	initial matt, lipophil gekerbter Rand; in Subkultur zusätzlich weiße, matte Kolonien.	*Corynebacterium amycolatum*
52	Wundabstrich Oberschenkel	*Corynebacterium amycolatum* (PX) 25086111_MLD	2,125	*Corynebacterium jeikeium* *C. striatum / amycolatum* *C.* CDC group G	2100324	milchig, matt	*Corynebacterium amycolatum*
53	Abstrich Leiste	*C. striatum* MB_8820_05 THL	2,497	*C. striatum / amycolatum*	3100105	creme, glänzend	*Corynebacterium striatum*
54	keine Daten	*Corynebacterium amycolatum* (PX) 25086111_MLD	2,029	*C.* CDC group G *C. striatum / amycolatum*	2100325	matt	*Corynebacterium amycolatum*
55	Abstrich oberes Sprunggelenk	*Corynebacterium striatum* 23086514 MLD	2,351	*C. striatum / amycolatum*	2100105 (Zink: 3100105)	creme, glänzend	*Corynebacterium simulans**
56	Abstrich Leiste	*C. amycolatum* (PX)25086111_MLD	2,056	*C. striatum / amycolatum* *C.* CDC group G	3100325	matt	*Corynebacterium amycolatum*
57	Trachealsekret	*C. striatum* 23086514 MLD	2,347	*C. striatum / amycolatum*	3100105	creme, glänzend	*Corynebacterium striatum*

Fortsetzung Tabelle 14: Vergleich der Speziesidentifikation mit MALDI-TOF MS und dem API Coryne Testsystem

Nr.	Ursprungs-material	Speziesidentifikation mit MALDI-TOF MS	Score Wert	Speziesidentifikation mit API Coryne	Nummerischer Code	Morphologie, ggf. CAMP-Test	vorliegende Spezies
58	Abstrich Ohr	*Corynebacterium amycolatum* (PX) 25086111_MLD	1,922	*Corynebacterium jeikeium* *C. striatum / amycolatum* *C.* CDC group G	2100324	matt	*Corynebacterium amycolatum*
59	Trachealsekret	*Corynebacterium amycolatum* (PX) 25086111_MLD	2,162	*Corynebacterium jeikeium*	2100304	initial matt,lipophil, gekerbter Rand; Subkultur zusätzl. weiß-matte Kolonien	*Corynebacterium amycolatum*
60	Wundabstrich Unterschenkel	*Corynebacterium diphtheriae mitis* R1 36_29 ISB	2,293	*C. diphtheriae mitis / belfantis* *C. diphtheriae gravis*	1010324	weiß, glänzend	*Corynebacterium diphtheriae*
61	Wundabstrich	*C. simulans* DSM 44415_DSM	2,261	*C. striatum / amycolatum*	3100105	glänzend, CAMP-Test positiv	*Corynebacterium striatum*
62	Urin	*Corynebacterium freneyi* DSM 44506_DSM	1,736	*C. striatum / amycolatum* *C.* CDC group G *A. neuii* subsp. *anitratus* *Brevibacterium* sp.	2110325	gelblich, trocken, spreitend	*Corynebacterium freneyi* *
63	Urin	*C. amycolatum* (PX)25086111_MLD	2,143	*C. striatum/ amycolatum* *C.* CDC group F-1 *C. glucuronolyticum-seminale*	3101525 (?)	matt	*Corynebacterium amycolatum*
64	Wundabstrich Unterschenkel	*Corynebacterium ulcerans* DSM 46325_DSM	2,132	*Corynebacterium ulcerans*	0111326 Wdh.	creme, glänzend; CAMP-Test revers positiv	*Corynebacterium ulcerans*
65	Wundabstrich	*C. amycolatum* (PX)25086111_MLD	1,978	*C. striatum / amycolatum* *Corynebacterium jeikeium* *C.* CDC group G	3100304	matt	*Corynebacterium amycolatum*

Fortsetzung Tabelle 14: Vergleich der Speziesidentifikation mit MALDI-TOF MS und dem API Coryne Testsystem

Nr.	Ursprungs-material	Speziesidentifikation mit MALDI-TOF MS	Score Wert	Speziesidentifikation mit API Coryne	Nummerischer Code	Morphologie, ggf. CAMP-Test	vorliegende Spezies
66	Wundabstrich	*Arthrobacter aurescens* DSM 20116T_DSM	2,369	*Arthrobacter* sp.	6752004	creme, kleine Kolonien	*Arthrobacter* sp.^
67	Wundabstrich Unterschenkel	*Corynebacterium ulcerans* DSM 46325_DSM	2,189	*Corynebacterium ulcerans*	0111326 Wdh.	weiß, glänzend, CAMP-Test revers positiv	*Corynebacterium ulcerans*
68	Wundabstrich	*Dermabacter hominis* 126_x_B25504_60_IBS	2,056	*Dermabacter hominis*	4570365	weiß	*Dermabacter hominis*
69	keine Daten	*C. amycolatum* (PX)25086111_MLD	2,055	*C. striatum / amycolatum* *C.* CDC group G	3100325	matt	*Corynebacterium amycolatum*
70	Wundabstrich Unterschenkel	*Corynebacterium striatum* 23086514_MLD	2,387	*C. striatum / amycolatum* *Corynebacterium jeikeium* *C.* CDC group G	3100304	creme, glänzend	*Corynebacterium striatum*
71	Abszessabstrich	*Corynebacterium striatum* 23086514_MLD	1,930	*C.* CDC group G *C. striatum/ amycolatum* *Corynebacterium jeikeium*	2100305 (Zink: 3100305)	creme, glänzend; CAMP-Test positiv	*Corynebacterium simulans**
72	Abszessabstrich	*C. amycolatum* (PX)25086111_MLD	2,010	*C. striatum / amycolatum* *C. pseudotuberculosis* *Corynebacterium jeikeium*	2101324	matt; CAMP-Test neg.	*Corynebacterium amycolatum*
73	Abstrich Ulcus oberes Sprunggelenk	*C. striatum* MB_8820_05 THL	2,393	*C. striatum / amycolatum*	3100105	creme, glänzend	*Corynebacterium striatum*
74	Wundabstrich	*Corynebacterium amycolatum* (PX) 25086111_MLD	1,996	*C. striatum / amycolatum* *C.* CDC group G	3140325 Wdh.	weiß, matt	*Corynebacterium amycolatum*
75	Abstrich Leiste	*C. amycolatum* (PX)25086111_MLD	1,998	*C. striatum / amycolatum* *C.* CDC group G	3100325	matt	*Corynebacterium amycolatum*

Fortsetzung Tabelle 14: Vergleich der Speziesidentifikation mit MALDI-TOF MS und dem API Coryne Testsystem

Nr.	Ursprungs-material	Speziesidentifikation mit MALDI-TOF MS	Score Wert	Speziesidentifikation mit API Coryne	Nummerischer Code	Morphologie, ggf. CAMP-Test	vorliegende Spezies
76	Wundabstrich Unterschenkel	*Corynebacterium striatum* 23086514_MLD	2,417	*C. striatum / amycolatum* *Corynebacterium jeikeium* *C.* CDC group G	3100304	creme, glänzend	*Corynebacterium striatum*
77	Spitze zentraler Venenkatheter	*C. striatum* MB_8820_05 THL	2,323	*C. striatum / amycolatum*	3100105	creme, glänzend	*Corynebacterium striatum*
78	Wundabstrich Oberschenkel	*Corynebacterium amycolatum* (PX) 25086111_MLD	2,068	*Corynebacterium jeikeium* *C. striatum / amycolatum* *C.* CDC group G	2100324	matt	*Corynebacterium amycolatum*
79	Wundabstrich Oberschenkel	*Burkholderia phymatum* LMG 21445 HAM	1,372	*C. striatum / amycolatum* *C.* CDC group G	3140325	creme, glänzend; CAMP-Test neg.	*Corynebacterium striatum*
80	Wundabstrich	*Corynebacterium amycolatum* (PX) 25086111_MLD	2,002	*Corynebacterium jeikeium* *C. striatum / amycolatum* *C.* CDC group G	2100324	matt	*Corynebacterium amycolatum*
82	Urin	*Corynebacterium minutissimum* 99_25_CCUG27045_41_IBS	1,934	*C.* CDC group G *C. striatum / amycolatum* *C.* CDC group F-1 Mögl. von *C. minutissimum*	2000325	creme, glänzend, CAMP-Test neg.	*Corynebacterium minutissimum*
84	Wundabstrich	*C. amycolatum* (PX)25086111_MLD	2,092	*C. striatum / amycolatum* *C.* CDC group G	3100325	matt	*Corynebacterium amycolatum*
85	Abstrich	*D. hominis* DSM 7083_DSM	1,893	*Dermabacter hominis*	4570765	grau, glänzend	*Dermabacter hominis*
86	Wundabstrich Großzehe	*C. striatum* 23086514_MLD	2,333	*C.* CDC group G *C. striatum / amycolatum*	3100305	creme, glänzend	*Corynebacterium striatum*
87	Wundabstrich	*C. striatum* 23086514_MLD	2,369	*C. striatum / amycolatum* *Corynebacterium jeikeium* *C.* CDC group G	3100304	creme, glänzend	*Corynebacterium striatum*

Fortsetzung Tabelle 14: Vergleich der Speziesidentifikation mit MALDI-TOF MS und dem API Coryne Testsystem

Nr.	Ursprungs-material	Speziesidentifikation mit MALDI-TOF MS	Score Wert	Speziesidentifikation mit API Coryne	Nummerischer Code	Morphologie, ggf. CAMP-Test	vorliegende Spezies
88	Rachenabstrich	*C. pseudodiphtheriticum* ATCC 10701 THL	2,453	*Corynebacterium pseudodiphtheriticum*	3101004	creme, glänzend	*Corynebacterium pseudodiphtheriticum*
89	Rachenabstrich	*C. accolens* x_x_28779_H_IBS	2,089	*Corynebacterium accolens*	3000304 Wdh.	lipophil	*Corynebacterium accolens*
90	Abstrich Erythem Leiste	*Actinomyces urogenitalis* DSM 15434_DSM	1,592	*Cellulomonas* sp. / *Microbacterium* sp.	5470565 (?)	weiß, glänzend, kleine Kolonien	*Actinomyces urogenitalis** (partielle 16S rRNA Gen-Sequenzierung)
91	Wundabstrich Zehe	*Corynebacterium striatum* 23086514_MLD	2,332	*Corynebacterium macginleyi* nächste Wahl: *C. striatum / amycolatum*	1100305	creme, glänzend; CAMP-Test positiv	*Corynebacterium striatum*
92	Trachealabstrich	*C. striatum* MB_8820_05 THL	2,396	*C. striatum / amycolatum*	3100105	creme, glänzend	*Corynebacterium striatum*
93	Abstrich	*C. amycolatum* (PX)25086111_MLD	2,110	*C. striatum / amycolatum* *C.* CDC group G	3100325	matt	*Corynebacterium amycolatum*
94	Wundabstrich	*C. striatum* MB_8820_05 THL	2,373	*C. striatum / amycolatum*	3100105	creme, glänzend	*Corynebacterium striatum*
95	Abstrich	*C. accolens* x_x_28779_H_IBS	1,615	*Corynebacterium accolens*	3000304 Wdh.	lipophil	*Corynebacterium accolens*
96	Abstrich Axilla	*Corynebacterium amycolatum* (PX) 25086111_MLD	1,858	*C.* CDC group G *C. striatum / amycolatum* *Brevibacterium* sp.	3100205	matt	*Corynebacterium amycolatum*
97	Wundabstrich	*C. striatum* MB_8820_05 THL	2,424	*C.* CDC group G *C. striatum / amycolatum*	2100325 (Zink: 3100325)	creme, glänzend	*Corynebacterium simulans**
98	Rachenabstrich	*Corynebacterium durum* C16 MVO	2,162	*C. glucuronolyticum-seminale* *Actinomyces neuii* subsp. *neuii*	3400105 (?)	creme, geflecht-artig, fest auf Agar haftend/ creme, glänzend	*Corynebacterium durum**

Fortsetzung Tabelle 14: Vergleich der Speziesidentifikation mit MALDI-TOF MS und dem API Coryne Testsystem

Nr.	Ursprungs-material	Speziesidentifikation mit MALDI-TOF MS	Score Wert	Speziesidentifikation mit API Coryne	Nummerischer Code	Morphologie, ggf. CAMP-Test	vorliegende Spezies
100	Rachenabstrich	*Corynebacterium durum* C16 MVO	2,112	*Corynebacterium accolens*	3000105	creme, geflecht-artig, fest auf Agar haftend / creme, glänzend	*Corynebacterium durum* *
101	Wundabstrich	*C. pseudodiphtheriticum* ATCC 10701 THL	2,441	*Corynebacterium pseudodiphtheriticum*	3101004	glänzend	*Corynebacterium pseudodiphtheriticum*
103	Blutkultur	*Rothia dentocariosa*G6496_ch28IBS	2,187	*Rothia dentocariosa* *Cellulomonas* sp. / *Microbacterium* sp.	3050125	creme, glänzend	*Rothia dentocariosa*
104	Nasenabstrich	*Corynebacterium propinquum* 80_D4 coll_ISB	2,483	*Corynebacterium pseudodiphtheriticum*	7001005	glänzend mit Hof, weißer Belag	*Corynebacterium pseudodiphtheriticum*
105	Abstrich Leiste	*Corynebacterium amycolatum* (PX) 25086111_MLD	1,903	*C. striatum / amycolatum* *C.* CDC group G	3100325 Wdh.	matt	*Corynebacterium amycolatum*
106	Abstrich Nase	*C. pseudodiphtheriticum* ATCC 10701 THL	2,222	*Corynebacterium pseudodiphtheriticum*	7101004	creme, glänzend	*Corynebacterium pseudodiphtheriticum*
107	Wundabstrich oberes Sprunggelenk	*A. aurescens* DSM 20116T_DSM	2,237	*Arthrobacter* sp.	3770104	weiß, glänzend	*Arthrobacter* sp.^
108	Wundabstrich	*C. striatum* 23086514_MLD	2,332	*C. striatum / amycolatum*	3100165 (?)	creme, glänzend	*Corynebacterium striatum*
109	Wundabstrich	*C. propinquum* 80_D4 coll_ISB	2,406	*C. pseudodiphtheriticum*	3101004	creme, glänzend	*C. pseudodiphtheriticum*
110	Abstrich Abszess Rima ani	*Corynebacterium amycolatum* (PX) 25086111_MLD	2,019	*C. argentoratense* *Corynebacterium jeikeium* nächste Wahl: *C. striatum / amycolatum*	2100104	weiß, matt, gekerbter Rand	*Corynebacterium amycolatum*
111	Wundabstrich	*Corynebacterium minutissimum* DSM 20651_DSM	1,865	*C.* CDC group G *C. striatum / amycolatum* Mögl. von *C. minutissimum*	2100325	creme, glänzend; CAMP-Test neg.	*Corynebacterium minutissimum*

Fortsetzung Tabelle 14: Vergleich der Speziesidentifikation mit MALDI-TOF MS und dem API Coryne Testsystem

Nr.	Ursprungs-material	Speziesidentifikation mit MALDI-TOF MS	Score Wert	Speziesidentifikation mit API Coryne	Nummerischer Code	Morphologie, ggf. CAMP-Test	vorliegende Spezies
112	Wundabstrich Pilonidalsinus	*Corynebacterium amycolatum* 100_28_B77962_42_IBS	2,073	*C. striatum / amycolatum* *C.* CDC group G *Corynebacterium jeikeium*	3100324	matt	*Corynebacterium amycolatum*
113	Wundabstrich Pilonidalsinus	*Corynebacterium striatum* 23086514_MLD	2,354	*C. striatum / amycolatum*	3100105 Wdh.	creme, glänzend	*Corynebacterium striatum*
114	Wundabstrich	*C. amycolatum* DSM6922_DSM	1,966	*C. striatum / amycolatum* *C.* CDC group G	3100325	weiß, matt	*Corynebacterium amycolatum*
115	Abstrich perkutane endoskopische Gastrostomie (PEG)	*C. striatum* MB_8820_05 THL	2,403	*C. striatum / amycolatum*	3100105	creme, glänzend	*Corynebacterium striatum*
116	Wundabstrich	*C. amycolatum* (PX)25086111_MLD	1,945	*C. striatum / amycolatum* *C.* CDC group G	3100325	weiß, matt	*Corynebacterium amycolatum*
117	Wundabstrich	*Arthrobacter cumminsii* C2 MVO	1,728	*Brevibacterium* sp. *Arthrobacter* sp.	6102004	grau-weiß, glänzend	*Arthrobacter cumminsii* ^
118	Trachealabstrich	*C. striatum* 23086514_MLD	2,346	*C. striatum / amycolatum*	3100105	creme, glänzend	*Corynebacterium striatum*
119	Abstrich Ulkus	*Corynebacterium amycolatum* (PX) 25086111_MLD	2,047	*Corynebacterium jeikeium* *C. striatum / amycolatum* *C.* CDC group G	2100324	matt	*Corynebacterium amycolatum*
120	Trachealabstrich	*C. striatum* 23086514_MLD	2,369	*Corynebacterium accolens* *C. striatum / amycolatum*	3000105	creme, glänzend	*Corynebacterium striatum*
121	Wundabstrich Unterschenkel	*C. striatum* 23086514_MLD	2,384	*C. striatum / amycolatum*	3100105	creme, glänzend	*Corynebacterium striatum*
123	Abstrich Ulkus	*Corynebacterium minutissimum* 99_25_CCUG27045_41_IBS	1,849	*C. striatum / amycolatum* Mögl. von *C. minutissimum*	2100135	weiß, glänzend; CAMP-Test neg.	*Corynebacterium minutissimum*
124	Abstrich PEG	*Corynebacterium striatum* (PX) 21086308_MLD	2,402	*C. striatum / amycolatum*	3100105	creme-weiß, glänzend	*Corynebacterium striatum*

Fortsetzung Tabelle 14: Vergleich der Speziesidentifikation mit MALDI-TOF MS und dem API Coryne Testsystem

Nr.	Ursprungs-material	Speziesidentifikation mit MALDI-TOF MS	Score Wert	Speziesidentifikation mit API Coryne	Nummerischer Code	Morphologie, ggf. CAMP-Test	vorliegende Spezies
125	Wundabstrich	*C. amycolatum* (PX)25086111_MLD	2,112	*C. striatum / amycolatum* *C.* CDC group G	3100325	matt	*Corynebacterium amycolatum*
126	Abstrich Penis	*Corynebacterium glucuronolyticum* 1_B12915 ISB	2,148	*Corynebacterium glucuronolyticum-seminale*	7201705	glänzend, kleine Kolonien; CAMP-Test positiv	*Corynebacterium glucuronolyticum*
127	Abstrich Leiste	*Corynebacterium amycolatum* (PX) 25086111_MLD	2,038	*C.* CDC group G *C. striatum / amycolatum*	3100305	matt	*Corynebacterium amycolatum*
128	Abstrich Ulkus	*Corynebacterium amycolatum* 100_28_B77962_42_IBS	2,064	*C. striatum / amycolatum* *C.* CDC group G	3100325	matt	*Corynebacterium amycolatum*
129	Abstrich Rücken	*Dermabacter hominis* 122_x_T29453_64_IBS	1,919	*Dermabacter hominis*	4570764 (?)	glänzend, kleine Kolonien	*Dermabacter hominis*
130	Abstrich Ellenbogen	*C. pseudodiphtheriticum* ATCC 10701 THL	2,120	*Corynebacterium pseudodiphtheriticum*	7101004	leicht matt, kleine Kolonien	*Corynebacterium pseudodiphtheriticum*
131	Trachealsekret	*Corynebacterium propinquum* 80_D4 coll_ISB	2,406	*Corynebacterium pseudodiphtheriticum*	7101004	matt	*Corynebacterium pseudodiphtheriticum*
132	Trachealabstrich	*C. striatum* 23086514_MLD	2,307	*C. striatum / amycolatum*	3100105	creme, glänzend	*Corynebacterium striatum*
134	Abstrich Vorfuß	*Corynebacterium propinquum* 80_D4 coll_ISB	2,409	*Corynebacterium propinquum*	7100004	weiß, matt-glänzend	*Corynebacterium propinquum*
136	Trachealsekret	*C. striatum* 23086514_MLD	2,287	*C. striatum / amycolatum*	3100105	creme, glänzend	*Corynebacterium striatum*
138	Wundabstrich	*C. striatum* 23086514_MLD	2,361	*C. striatum / amycolatum*	3100105	creme, glänzend	*Corynebacterium striatum*
139	Abstrich Leiste	*Corynebacterium amycolatum* 100_28_B77962_42_IBS	2,056	*Corynebacterium jeikeium*	2100304	matt	*Corynebacterium amycolatum*
140	Trachealsekret	*C. pseudodiphtheriticum* ATCC 10701 THL	2,375	*C. pseudodiphtheriticum* *Rhodococcus* sp.	1101004	milchig, matt-glänzend	*Corynebacterium pseudodiphtheriticum*
141	Trachealsekret	*Corynebacterium amycolatum* 100_28_B77962_42_IBS	1,971	*C. striatum / amycolatum* *C.* CDC group G	3100325	matt	*Corynebacterium amycolatum*

Fortsetzung Tabelle 14: Vergleich der Speziesidentifikation mit MALDI-TOF MS und dem API Coryne Testsystem

Nr.	Ursprungs-material	Speziesidentifikation mit MALDI-TOF MS	Score Wert	Speziesidentifikation mit API Coryne	Nummerischer Code	Morphologie, ggf. CAMP-Test	vorliegende Spezies
142	Abstrich Bauchhöhle	*C. amycolatum* (PX)25086111_MLD	1,998	*C. striatum / amycolatum* *C.* CDC group G	3140325	matt	*Corynebacterium amycolatum*
143	Abstrich rectal	*Corynebacterium amycolatum* 100_28_B77962_42_IBS	2,005	*C. striatum / amycolatum* *C.* CDC group G	3100325	matt	*Corynebacterium amycolatum*
144	Blutkultur	*Rothia dentocariosa* G6496_ch28 IBS	2,418	*Rothia dentocariosa*	7050125	weiß, glänzend, auf Agar haftend	*Rothia dentocariosa*
145	Wundabstrich	*Dermabacter hominis* 126_x_B25504_60_IBS	1,907	*Dermabacter hominis*	4570765	glänzend	*Dermabacter hominis*
146	Wundabstrich Gesäß	*Corynebacterium minutissimum* 99_25_CCUG27045_41_IBS	2,044	*C. striatum / amycolatum* Mögl. von *C. minutissimum*	2100125	glänzend	*Corynebacterium minutissimum*
147	Wundabstrich Gesäß	*Corynebacterium amycolatum* 100_28_B77962_42_IBS	2,104	*C.* CDC group G *C. striatum / amycolatum*	2100325	matt	*Corynebacterium amycolatum*
148	Wundabstrich	*C. tuberculostearicum* Isolat Bre07 HED	1,675	*Corynebacterium jeikeium* nächste Wahl: *C.* CDC group G	2100304 Wdh.	lipophil, sehr kleine Kolonien	*Corynebacterium jeikeium*
149	Abstrich Auge	*Corynebacterium propinquum* 80_D4 coll_ISB	2,399	*Corynebacterium pseudodiphtheriticum*	7101004	creme, matt-glänzend	*Corynebacterium pseudodiphtheriticum*
150	Abstrich Nase	*Corynebacterium propinquum* 80_D4 coll_ISB	2,489	*Corynebacterium pseudodiphtheriticum*	7101004	creme, matt-glänzend	*Corynebacterium pseudodiphtheriticum*
151	Trachealsekret	*C. striatum* MB_8820_05 THL	2,414	*C. striatum / amycolatum*	3100105	creme, glänzend	*Corynebacterium striatum*
152	Wundabstrich	*C. striatum* 23086514_MLD	2,435	*C.* CDC group G *C. striatum / amycolatum*	3100305	creme, glänzend	*Corynebacterium striatum*
153	Abstrich Nase	*C. pseudodiphtheriticum* ATCC 10701 THL	2,454	*Corynebacterium pseudodiphtheriticum*	7101004	creme, glänzend	*Corynebacterium pseudodiphtheriticum*

Fortsetzung Tabelle 14: Vergleich der Speziesidentifikation mit MALDI-TOF MS und dem API Coryne Testsystem

Nr.	Ursprungs-material	Speziesidentifikation mit MALDI-TOF MS	Score Wert	Speziesidentifikation mit API Coryne	Nummerischer Code	Morphologie, ggf. CAMP-Test	vorliegende Spezies
154	Abstrich skrotal	*Corynebacterium amycolatum* (PX) 25086111_MLD	2,129	*Corynebacterium jeikeium* *C. striatum / amycolatum* *C.* CDC group G	2100324	matt	*Corynebacterium amycolatum*
155	Blutkultur	*Corynebacterium amycolatum* 100_28_B77962_42_IBS	1,959	*C. striatum / amycolatum* *C.* CDC group G	3101325	matt-glänzend, gekerbter Rand	*Corynebacterium amycolatum*
156	Punktat in Blutkulturflasche	*Lactobacillus malefermentans* DSM 20570_DSM	1,407	*Brevibacterium* sp.	6102004	gelb, glänzend	*Brevibacterium luteum* ^ (partielle 16S rRNA Gen-Sequenzierung)
157	Aszitespunktat	*Corynebacterium propinquum* 80_D4 coll_ISB	2,473	*Corynebacterium pseudodiphtheriticum*	7101004	milchig, matt-glänzend	*Corynebacterium pseudodiphtheriticum*
158	Wundabstrich Bauch	*Corynebacterium amycolatum* (PX) 25086111_MLD	1,981	*Corynebacterium jeikeium* *C. striatum / amycolatum* *C.* CDC group G	2100324	matt	*Corynebacterium amycolatum*
159	Abstrich Abszess Steiß	*Corynebacterium amycolatum* (PX) 25086111_MLD	2,145	*C.* CDC group G *C. striatum / amycolatum*	2100325	matt	*Corynebacterium amycolatum*
160	Abstrich Ulkus	*C. pseudodiphtheriticum* ATCC 10701 THL	2,449	*Corynebacterium pseudodiphtheriticum*	3101004	matt-glänzend	*Corynebacterium pseudodiphtheriticum*
161	Abstrich Ulkus	*Corynebacterium minutissimum* DSM 20651_DSM	1,703	*C. striatum / amycolatum* *Corynebacterium jeikeium* Mögl. von *C. minutissimum*	2100124	creme, glänzend; CAMP-Test neg.	*Corynebacterium minutissimum*
162	Wundabstrich Vorfuß	*Corynebacterium amycolatum* (PX) 25086111_MLD	2,105	*Corynebacterium jeikeium* *C. striatum / amycolatum* *C.* CDC group G	2100324	matt	*Corynebacterium amycolatum*
163	Abstrich Innenknöchel	*Corynebacterium propinquum* 80_D4 coll_ISB	2,392	*Corynebacterium pseudodiphtheriticum*	5001004	matt-glänzend, milchig	*Corynebacterium pseudodiphtheriticum*

Fortsetzung Tabelle 14: Vergleich der Speziesidentifikation mit MALDI-TOF MS und dem API Coryne Testsystem

Nr.	Ursprungs-material	Speziesidentifikation mit MALDI-TOF MS	Score Wert	Speziesidentifikation mit API Coryne	Nummerischer Code	Morphologie, ggf. CAMP-Test	vorliegende Spezies
164	Urin	*Dermabacter hominis* 126_x_B25504_60_IBS	1,897	*Dermabacter hominis*	4570364 (?)	grau, glänzend	*Dermabacter hominis*
165	Wundabstrich Unterschenkel	*Corynebacterium striatum* MB_8820_05 THL	2,411	*C. striatum / amycolatum*	3100105	creme, glänzend	*Corynebacterium striatum*
166	Wundabstrich	*Dermabacter hominis* DSM 7083_DSM	1,951	*Dermabacter hominis*	4570365	grau, glänzend	*Dermabacter hominis*
167	Wundabstrich Unterschenkel	*Corynebacterium amycolatum* (PX) 25086111_MLD	1,378	*C. striatum / amycolatum* *C.* CDC group G	3100325 Wdh.	initial matt, lipophil gekerbter Rand; in Subkultur zusätzlich weiße, matte Kolonien	*Corynebacterium amycolatum* (partielle 16S rRNA Gen-Sequenzierung)
169	Wundabstrich Unterschenkel	*Corynebacterium striatum* MB_8820_05 THL	2,458	*C. striatum / amycolatum*	3100105	creme, glänzend	*Corynebacterium striatum*
171	keine Daten	*C. amycolatum* (PX)25086111_MLD	2,036	*C. striatum / amycolatum* *C.* CDC group F-1	3101325	weiß, matt	*Corynebacterium amycolatum*
172	Pleurapunktat	*Corynebacterium amycolatum* 100_28_B77962_42_IBS	2,087	*C. striatum / amycolatum* *C.* CDC group F-1	3101325	creme, matt-glänzend	*Corynebacterium amycolatum*
173	Abszessabstrich	*Corynebacterium amycolatum* (PX) 25086111_MLD	2,078	*C. striatum / amycolatum* *C.* CDC group G *Corynebacterium jeikeium*	3100324	milchig, matt-glänzend	*Corynebacterium amycolatum*
174	Abstrich Ulkus Bein	*Corynebacterium amycolatum* 100_28_B77962_42_IBS	2,020	*C. striatum / amycolatum* *C.* CDC group G	3100325 Wdh	initial matt, lipophil gekerbter Rand; in Subkultur zusätzlich weiße, matte Kolonien	*Corynebacterium amycolatum*

Fortsetzung Tabelle 14: Vergleich der Speziesidentifikation mit MALDI-TOF MS und dem API Coryne Testsystem

Nr.	Ursprungs-material	Speziesidentifikation mit MALDI-TOF MS	Score Wert	Speziesidentifikation mit API Coryne	Nummerischer Code	Morphologie, ggf. CAMP-Test	vorliegende Spezies
175	tiefer Wundabstrich	*Corynebacterium accolens* x_x_28779_H_IBS	2,026	*C.* CDC group G *C. striatum / amycolatum*	7100305 Wdh.	lipophil, transparent	*Corynebacterium tuberculostearicum*
176	Wundabstrich Fuß	*C. striatum* 23086514_MLD	2,305	*C. striatum / amycolatum* *Corynebacterium jeikeium* *C.* CDC group G	3100304	creme, glänzend	*Corynebacterium striatum*
177	Wundabstrich	*Dermabacter hominis* 122_x_T29453_64_IBS	1,968	*Dermabacter hominis*	4570765	grau, glänzend	*Dermabacter hominis*
178	Abstrich Drainage	*C. amycolatum* (PX)25086111_MLD	1,945	*C. striatum / amycolatum*	2100105	matt-glänzend	*Corynebacterium amycolatum*
179	Abstrich Ulkus OSG	*Corynebacterium accolens* x_x_28779_H_IBS	2,165	*C.* CDC group G *C. striatum / amycolatum*	3100305 Wdh.	lipophil	*Corynebacterium tuberculostearicum*
180	Abstrich Trommelfell	*Corynebacterium amycolatum* 100_28_B77962_42_IBS	1,835	*C.* CDC group G *C. striatum / amycolatum* *Brevibacterium* sp.	3100205	matt, milchig	*Corynebacterium amycolatum*
181	Abdomenabstrich	*Corynebacterium amycolatum* (PX) 25086111_MLD	1,984	*Corynebacterium jeikeium* *C. striatum / amycolatum* *C.* CDC group G	2100324	creme, glänzend, Rand gekerbt	*Corynebacterium amycolatum*
182	Abstrich Leiste	*Corynebacterium minutissimum* DSM 20651_DSM	1,700	*C. striatum / amycolatum* Mögl. von *C. minutissimum*	2100125	creme, glänzend	*Corynebacterium minutissimum*
183	Abstrich Leiste	*C. amycolatum* (PX)25086111_MLD	2,011	*C. striatum / amycolatum* *C.* CDC group G	3100325	matt, milchig	*Corynebacterium amycolatum*
184	Abstrich anal	*C. amycolatum* (PX)25086111_MLD	1,934	*C. striatum / amycolatum* *C.* CDC group G	3100325	matt	*Corynebacterium amycolatum*
185	Abstrich Ulkus	*Dermabacter hominis* 126_x_B25504_60_IBS	1,856	*Dermabacter hominis*	4570765	grau-weiß, glänzend	*Dermabacter hominis*

Fortsetzung Tabelle 14: Vergleich der Speziesidentifikation mit MALDI-TOF MS und dem API Coryne Testsystem

Nr.	Ursprungs-material	Speziesidentifikation mit MALDI-TOF MS	Score Wert	Speziesidentifikation mit API Coryne	Nummerischer Code	Morphologie, ggf. CAMP-Test	vorliegende Spezies
186	Abstrich Ulkus	*Corynebacterium minutissimum* 99_25_CCUG27045_41_IBS	1,852	*C.* CDC group G *C. striatum / amycolatum* Mögl. von *C. minutissimum*	2100325	creme, glänzend	*Corynebacterium minutissimum*
187	Keine Daten	*Corynebacterium propinquum* 80_D4 coll_ISB	2,486	*Corynebacterium propinquum*	1100004	matt, wenig glänzend	*Corynebacterium propinquum*
188	Wundabstrich	*C.propinquum* 80_D4 coll_ISB	2,445	*Corynebacterium propinquum*	1100004	milchig, glänzend	*Corynebacterium propinquum*
189	Trachealsekret	*C. amycolatum* (PX)25086111_MLD	1,897	*C. striatum / amycolatum* *C.* CDC group G	3100325	matt	*Corynebacterium amycolatum*
190	Abstrich Ulkus	*Serratia rubidaea* CCM 3413 CCM	1,443	*Arthrobacter* sp. *Rhodococcus* sp. *Brevibacterium* sp.	6110004	gelb, glänzend	*Arthrobacter* sp.^ (partielle 16S rRNA Gen-Sequenzierung)
191	Abstrich Leiste	*C. amycolatum* (PX)25086111_MLD	2,016	*C. striatum / amycolatum* *C.* CDC group G	3100325	matt	*Corynebacterium amycolatum*
192	Wundabstrich Fuß	*C. amycolatum* (PX) 25086111_MLD	2,109	*C. striatum / amycolatum* *C.* CDC group F-1	3101325	milchig, wenig glänzend	*Corynebacterium amycolatum*
194	Wundabstrich Tracheostoma	*Corynebacterium amycolatum* 100_28_B77962_42_IBS	2,002	*C. striatum / amycolatum* *C.* CDC group G	3100325	matt	*Corynebacterium amycolatum*
195	Katheterspitze	*C. striatum* 23086514_MLD	2,315	*C. striatum / amycolatum*	3100105	creme, glänzend	*Corynebacterium striatum*
196	Wundabstrich rektal	*C. freneyi* DSM 44506_DSM	1,944	*C. striatum / amycolatum*	3110325	matt, trocken	*Corynebacterium freneyi* *
197	Abstrich Ulkus	*Arthrobacter castelli* DSM 16402T_DSM	2,345	*Cellulomonas* sp. / *Microbacterium* sp.	2550735	gelb, glänzend	*Microbacterium* sp.^ (partielle 16S rRNA Gen-Sequenzierung)
198	Abstrich Hüfte	*C. tuberculostearicum* DSM 44922_DSM	1,661	*C. striatum / amycolatum* *Corynebacterium jeikeium* *C.* CDC group G	3100304 Wdh.	lipophil	*Corynebacterium tuberculostearicum*

Fortsetzung Tabelle 14: Vergleich der Speziesidentifikation mit MALDI-TOF MS und dem API Coryne Testsystem

Nr.	Ursprungs-material	Speziesidentifikation mit MALDI-TOF MS	Score Wert	Speziesidentifikation mit API Coryne	Nummerischer Code	Morphologie, ggf. CAMP-Test	vorliegende Spezies
199	Abstrich Nase	*Corynebacterium propinquum* 80_D4 coll_ISB	2,412	*Corynebacterium propinquum*	5000004	milchig, wenig glänzend	*Corynebacterium propinquum*
200	Abstrich Leiste	*Corynebacterium amycolatum* (PX) 25086111_MLD	1,867	*Corynebacterium jeikeium* *C. striatum / amycolatum* *C.* CDC group G	2100324 Wdh.	matt, lipophil, gekerbter Rand	*Corynebacterium amycolatum* (partielle 16S rRNA Gen-Sequenzierung)
201	Trachealsekret	*C. jeikeium* 30_CIP 103337 ISB	1,965	*Corynebacterium jeikeium*	2100304	milchig, glänzend	*Corynebacterium jeikeium*
203	Abstrich Fuß	*Dermabacter hominis* 122_x_T29453_64_IBS	1,973	*Dermabacter hominis*	4570365	grau, glänzend	*Dermabacter hominis*
204	Wundabstrich	*Dermabacter hominis* 126_x_B25504_60_IBS	1,834	*Dermabacter hominis*	6570365 (?)	grau, glänzend	*Dermabacter hominis*
205	Abstrich Ulkus	*C. striatum* MB_8820_05 THL	2,367	*C. striatum / amycolatum*	3100105	creme, glänzend	*Corynebacterium striatum*
206	Abstrich Fuß	*C. amycolatum* (PX)25086111_MLD	1,955	*Corynebacterium jeikeium* *C. striatum / amycolatum* *C.* CDC group G	2100324	matt, milchig	*Corynebacterium amycolatum*
207	Wundabstrich Vorfuß	*Corynebacterium amycolatum* 100_28_B77962_42_IBS	2,014	*Actinomyces neuii* subsp. *anitratus* *C. striatum / amycolatum* *Corynebacterium jeikeium* *Brevibacterium* sp.	2110324 Wdh.	weiß, leicht milchig, wenig glänzend	*Corynebacterium amycolatum*
208	Abstrich Nase	*C. striatum* MB_8820_05 THL	2,406	*C. striatum / amycolatum*	3100105	creme, glänzend	*Corynebacterium striatum*
209	Wundabstrich	*C. amycolatum* (PX)25086111_MLD	1,960	*C. striatum / amycolatum* *C.* CDC group G	3100325	weiß, matt	*Corynebacterium amycolatum*
210	Abstrich Ulkus	*Corynebacterium striatum* 23086514_MLD	2,394	*C.* CDC group G *C. striatum / amycolatum*	3100305 Wdh.	creme, glänzend	*Corynebacterium striatum*

Fortsetzung Tabelle 14: Vergleich der Speziesidentifikation mit MALDI-TOF MS und dem API Coryne Testsystem

Nr.	Ursprungs-material	Speziesidentifikation mit MALDI-TOF MS	Score Wert	Speziesidentifikation mit API Coryne	Nummerischer Code	Morphologie, ggf. CAMP-Test	vorliegende Spezies
211	Abstrich Ohr	*C. amycolatum* (PX)25086111_MLD	2,152	*C. striatum / amycolatum* *Corynebacterium jeikeium* *C.* CDC group G	3100324	weiß, matt	*Corynebacterium amycolatum*
212	Wundabstrich	*Dermabacter hominis* 126_x_B25504_60_IBS	1,921	*Dermabacter hominis* *Cellulomonas* sp. / *Microbacterium* sp.	6570365 (?)	grau-weiß, glänzend	*Dermabacter hominis*
213	Wundabstrich	*C. striatum* 23086514_MLD	2,279	*C. striatum / amycolatum*	3100105	creme, glänzend	*Corynebacterium striatum*
214	Wundabstrich	*C. amycolatum* (PX)25086111_MLD	2,077	*C. striatum / amycolatum* *C.* CDC group G	3140325	matt, milchig	*Corynebacterium amycolatum*
215	Abstrich Ulkus Unterschenkel	*Corynebacterium amycolatum* (PX) 25086111_MLD	1,767	*Corynebacterium jeikeium* *C. striatum / amycolatum* *C.* CDC group G	2140324	matt, milchig-weiß	*Corynebacterium amycolatum*
216	Abstrich Nabel	*Corynebacterium amycolatum* (PX) 25086111_MLD	2,209	*C. striatum / amycolatum* *Corynebacterium jeikeium* *C.* CDC group G	3100304	matt, weiße Kolonien und matt lipophile Kolonien, gekerbter Rand	*Corynebacterium amycolatum*
217	Abstrich Leiste	*C. amycolatum* (PX)25086111_MLD	1,956	*C. striatum / amycolatum* *C.* CDC group G	3100325	matt, milchig	*Corynebacterium amycolatum*
218	Wundabstrich Gesäß	*Corynebacterium amycolatum* 100_28_B77962_42_IBS	2,001	*Corynebacterium jeikeium* *C. striatum / amycolatum* *C.* CDC group G	2100324	matt, milchig	*Corynebacterium amycolatum*
219	Abstrich Ulkus	*Corynebacterium amycolatum* (PX) 25086111_MLD	2,061	*C. striatum / amycolatum* *Corynebacterium jeikeium* *Brevibacterium* sp. *C.* CDC group G	3100224	matt, milchig	*Corynebacterium amycolatum*

Fortsetzung Tabelle 14: Vergleich der Speziesidentifikation mit MALDI-TOF MS und dem API Coryne Testsystem

Nr.	Ursprungs-material	Speziesidentifikation mit MALDI-TOF MS	Score Wert	Speziesidentifikation mit API Coryne	Nummerischer Code	Morphologie, ggf. CAMP-Test	vorliegende Spezies
220	Abstrich Leiste	*Corynebacterium amycolatum* (PX) 25086111_MLD	2,011	*C.* CDC group G *C. striatum / amycolatum*	3100305	matt, weiß	*Corynebacterium amycolatum*
221	Abstrich Trachealkanüle	*C. amycolatum* (PX)25086111_MLD	2,101	*C. striatum / amycolatum* *C.* CDC group G	3100325	matt, weiß	*Corynebacterium amycolatum*
222	Abstrich Auge	*Corynebacterium amycolatum* (PX) 25086111_MLD	1,972	*Corynebacterium jeikeium* *C. striatum / amycolatum* *C.* CDC group G	2100324	matt, weiß	*Corynebacterium amycolatum*
224	Trachealsekret	*Coryn. pseudodiphtheriticum* ATCC 10701 THL	2,383	*Corynebacterium pseudidiphtheriticum*	3101004	milchig, wenig glänzend	*Corynebacterium pseudidiphtheriticum*
225	Wundabstrich	*Arthrobacter ilicis* DSM 20138T_DSM	2,536	*Arthrobacter* sp.	2750004	lehmfarben, glänzend	*Arthrobacter* sp.^
226	Wundabstrich	*M. hydrocarbonoxydans* DSM 16089T DSM	1,951	*Cellulomonas* sp. / *Microbacterium* sp.	2072535	lehmfarben, glänzend	*Microbacterium* sp.^
227	Abstrich Ulkus	*Corynebacterium amycolatum* (PX) 25086111_MLD	1,934	*Corynebacterium jeikeium* *C. striatum / amycolatum* *C.* CDC group G	3100304	matt, lipophil	*Corynebacterium amycolatum* (partielle 16S rRNA Gen-Sequenzierung)
228	Abstrich Ulkus	*Corynebacterium amycolatum* 100_28_B77962_42_IBS	1,923	*C. striatum / amycolatum*	2100105	matt	*Corynebacterium amycolatum*
229	Abstrich Ulkus	*Corynebacterium accolens* x_x_28779_H_IBS	1,624	*C. striatum / amycolatum* *Corynebacterium jeikeium* *C.* CDC group G	3100304 Wdh.	lipophil	*Corynebacterium tuberculostearicum*
230	Wundabstrich Daumen	*Microbacterium phyllosphaerae* DSM 13468T DSM	1,967	*Cellulomonas* sp. / *Microbacterium* sp.	2572525	leicht schleimig	*Microbacterium* sp.^
231	Abstrich Atherom	*Corynebacterium confusum* DSM 44384_DSM	1,710	*Corynebacterium accolens*	3000304	weiß, glänzend; CAMP-Test neg.	*Corynebacterium confusum**
232	Abstrich Nase	*C. striatum* 23086514_MLD	2,365	*C. striatum / amycolatum*	3100105	creme, glänzend	*Corynebacterium striatum*

Fortsetzung Tabelle 14: Vergleich der Speziesidentifikation mit MALDI-TOF MS und dem API Coryne Testsystem

Nr.	Ursprungs-material	Speziesidentifikation mit MALDI-TOF MS	Score Wert	Speziesidentifikation mit API Coryne	Nummerischer Code	Morphologie, ggf. CAMP-Test	vorliegende Spezies
233	Abstrich Nase	*C. pseudodiphtheriticum* ATCC 10701 THL	2,421	*Corynebacterium pseudodiphtheriticum*	3101004	creme, glänzend	*Corynebacterium pseudodiphtheriticum*
234	Wundabstrich	*Corynebacterium amycolatum* (PX) 25086111_MLD	2,075	*Corynebacterium jeikeium* *C. striatum / amycolatum* *C.* CDC group G	2100324	matt, milchig-weiß	*Corynebacterium amycolatum*
235	Abstrich Schulter	*Corynebacterium simulans* DSM 44415_DSM	2,100	*C.* CDC group G *C. striatum / amycolatum*	2100305 (Zink: 3100305)	glänzend, kleine Kolonien; CAMP-Test positiv	*Corynebacterium simulans**
236	Abstrich Nase	*C. pseudodiphtheriticum* ATCC 10701 THL	2,336	*Corynebacterium propinquum*	3100004	milchig, glänzend	*Corynebacterium propinquum*
237	Abstrich Nase	*C. pseudodiphtheriticum* ATCC 10701 THL	2,366	*Corynebacterium pseudodiphtheriticum*	1101004	milchig, glänzend, kleine Kolonien	*Corynebacterium pseudodiphtheriticum*
238	Bauchdeckenabstrich	*C. amycolatum* (PX)25086111_MLD	2,027	*C. striatum / amycolatum* *C. pseudotuberculosis* *C.* CDC group G	2101324	milchig, matt; CAMP-Test negativ	*Corynebacterium amycolatum*
239	Wundabstrich	*C. striatum* 23086514_MLD	2,250	*C. striatum / amycolatum*	3100105	creme, glänzend	*Corynebacterium striatum*
240	Abstrich Nase	*C. pseudodiphtheriticum* ATCC 10701 THL	2,421	*Corynebacterium pseudodiphtheriticum*	1101004	milchig, glänzend	*Corynebacterium pseudodiphtheriticum*
241	Wundabstrich Unterschenkel	*C. pseudodiphtheriticum* ATCC 10701 THL	2,372	*Corynebacterium pseudodiphtheriticum*	1101004	milchig, matt-glänzend	*Corynebacterium pseudodiphtheriticum*
242	Wundabstrich	*C. accolens* DSM 44278_DSM	1,361	*Corynebacterium accolens* *Corynebacterium macginleyi* *Brevibacterium* sp.	5002305 (?)	lipophil	*Corynebacterium accolens*
243	Wundabstrich Vorfuß	*Dermabacter hominis* DSM 7083_DSM	1,902	*Dermabacter hominis*	4570765	grau-weiß, glänzend	*Dermabacter hominis*
244	Wundabstrich Ferse	*C. striatum* MB_8820_05 THL	2,413	*C. striatum / amycolatum*	3100105	creme, glänzend	*Corynebacterium striatum*

Fortsetzung Tabelle 14: Vergleich der Speziesidentifikation mit MALDI-TOF MS und dem API Coryne Testsystem

Nr.	Ursprungs-material	Speziesidentifikation mit MALDI-TOF MS	Score Wert	Speziesidentifikation mit API Coryne	Nummerischer Code	Morphologie, ggf. CAMP-Test	vorliegende Spezies
245	keine Daten	*C. pseudodiphtheriticum* ATCC 10701 THL	2,428	*C. pseudodiphtheriticum* *C. striatum / amycolatum* *Corynebacterium bovis*	7101104	matt, milchig-weiß	*Corynebacterium pseudodiphtheriticum*
246	Probeexzision Fuß	*C. striatum* 23086514_MLD	2,306	*C. striatum / amycolatum*	3100105	creme, glänzend	*Corynebacterium striatum*
247	Abdomenabstrich	*C. amycolatum* (PX)25086111_MLD	2,095	*C. striatum / amycolatum* *C.* CDC group G	3100325	matt, milchig	*Corynebacterium amycolatum*
248	Wundabstrich	*C. striatum* 23086514_MLD	2,324	*C. striatum / amycolatum*	3100105	creme, glänzend	*Corynebacterium striatum*
249	Abstrich Nase	*C. pseudodiphtheriticum* ATCC 10701 THL	2,035	*Corynebacterium pseudodiphtheriticum*	7101004	milchig, matt-glänzend	*Corynebacterium pseudodiphtheriticum*
250	Abstrich Ulkus	*Corynebacterium minutissimum* 99_25_CCUG27045_41_IBS	2,042	*C. striatum / amycolatum* Mögl. von *C. minutissimum*	2100135	creme, glänzend; CAMP-Test neg.	*Corynebacterium minutissimum*
251	Vaginalabstrich	*Corynebacterium amycolatum* 100_28_B77962_42_IBS	2,042	*C. striatum / amycolatum*	2101325	matt, milchig	*Corynebacterium amycolatum*
252	Wundabstrich Dekubitus	*C. striatum* 23086514_MLD	2,182	*C. striatum / amycolatum*	3100105	creme, glänzend	*Corynebacterium striatum*
253	Abstrich Leiste	*Corynebacterium amycolatum* (PX) 25086111_MLD	2,074	*Corynebacterium jeikeium* *C. striatum / amycolatum* *C.* CDC group G	2100324	matt, milchig	*Corynebacterium amycolatum*
254	Wundabstrich	*C. striatum* (PX)21086308_MLD	2,318	*C. striatum / amycolatum*	3100105	creme, glänzend	*Corynebacterium striatum*
255	Wundabstrich	*C. striatum* 23086514_MLD	2,416	*C. striatum / amycolatum*	3100105	creme, glänzend	*Corynebacterium striatum*
256	Wundabstrich	*Corynebacterium propinquum* 80_D4 coll_ISB	2,439	*Corynebacterium pseudodiphtheriticum*	3001004	creme, matt-glänzend	*Corynebacterium pseudodiphtheriticum*
257	Wundabstrich	*Corynebacterium amycolatum* 100_28_B77962_42_IBS	1,958	*C.* CDC group G *Corynebacterium amycolatum*	3100305	matt, weiße Kolonien und matt-lipophile Kolonien, gekerbter Rand	*Corynebacterium amycolatum*

Fortsetzung Tabelle 14: Vergleich der Speziesidentifikation mit MALDI-TOF MS und dem API Coryne Testsystem

Nr.	Ursprungs-material	Speziesidentifikation mit MALDI-TOF MS	Score Wert	Speziesidentifikation mit API Coryne	Nummerischer Code	Morphologie, ggf. CAMP-Test	vorliegende Spezies
258	Abstrich	*C. striatum* 23086514_MLD	2,398	*C. striatum / amycolatum*	3100105	creme, glänzend	*Corynebacterium striatum*
259	Abstrich Nase	*Corynebacterium accolens* x_x_28779_H_IBS	1,719	*C.* CDC group G *C. striatum / amycolatum*	3100305 Wdh.	lipophil	*Corynebacterium tuberculostearicum*
260	Wundabstrich Unterschenkel	*Corynebacterium amycolatum* 100_28_B77962_42_IBS	1,972	*Corynebacterium jeikeium* *C. striatum / amycolatum* *C.* CDC group G	2100324	milchig, matt-glänzend	*Corynebacterium amycolatum*
261	Abstrich	*C. amycolatum* (PX)25086111_MLD	2,125	*C. striatum / amycolatum* *C. pseudotuberculosis* *Corynebacterium jeikeium*	2101324	milchig, matt-glänzend; CAMP-Test neg.	*Corynebacterium amycolatum*
262	Abstrich	*C. amycolatum* (PX)25086111_MLD	2,051	*C. striatum / amycolatum* *C. pseudotuberculosis* *Corynebacterium jeikeium*	2101324	matt, milchig CAMP-Test neg.	*Corynebacterium amycolatum*
263	Wundabstrich Unterschenkel	*Corynebacterium urealyticum* 24_A8761 ISB	2,109	*Corynebacterium urealyticum*	2101004	lipophil	*Corynebacterium urealyticum*
264	Katheterspitze zentraler Venenkatheter (ZVK)	*Corynebacterium amycolatum* (PX) 25086111_MLD	1,976	*C. striatum / amycolatum*	2100125	matt-trocken, milchig	*Corynebacterium amycolatum*
265	Abstrich	*C. striatum* 23086514_MLD	2,370	*C. striatum / amycolatum* *C.* CDC group G	3100365 (?)	creme, glänzend	*Corynebacterium striatum*
266	Wundabstrich	*C. amycolatum* (PX)25086111_MLD	2,010	*C. striatum / amycolatum* *C.* CDC group G *Corynebacterium jeikeium*	3100324	milchig, matt	*Corynebacterium amycolatum*
267	Abstrich Leiste	*C. amycolatum* (PX)25086111_MLD	2,102	*C. striatum/ amycolatum* *C.* CDC group G	3100325	matt, milchig	*Corynebacterium amycolatum*
268	Wundabstrich	*Burkholderia pyrrocinia* LMG 14191 HAM	1,421	*Cellulomonas* sp. / *Microbacterium* sp.	6450735	gelb, glänzend; CAMP-Test neg.	*Microbacterium* sp.^ (partielle 16S rRNA Gen-Sequenzierung)

Fortsetzung Tabelle 14: Vergleich der Speziesidentifikation mit MALDI-TOF MS und dem API Coryne Testsystem

Nr.	Ursprungs-material	Speziesidentifikation mit MALDI-TOF MS	Score Wert	Speziesidentifikation mit API Coryne	Nummerischer Code	Morphologie, ggf. CAMP-Test	vorliegende Spezies
269	Wundabstrich	*C. striatum* MB_8820_05 THL	2,365	*C. striatum / amycolatum*	3100105	creme, glänzend	*Corynebacterium striatum*
270	Abstrich Atherom Sternum	*Corynebacterium amycolatum* 100_28_B77962_42_IBS	1,969	*C. striatum / amycolatum* *Corynebacterium jeikeium*	3100104	matt, milchig	*Corynebacterium amycolatum*
271	Abstrich Fuß	*C. striatum* 23086514_MLD	2,391	*C. striatum / amycolatum* *Corynebacterium jeikeium*	3100104	creme, glänzend	*Corynebacterium striatum*
272	Wundabstrich Fuß	*Corynebacterium amycolatum* 100_28_B77962_42_IBS	1,929	*Corynebacterium jeikeium*	2100304	matt, milchig	*Corynebacterium amycolatum*
274	keine Daten	*Corynebacterium minutissimum* 99_25_CCUG27045_41_IBS	1,867	*C. striatum / amycolatum* Mögl. von *C. minutissimum*	2000135	creme, glänzend; CAMP-Test neg.	*Corynebacterium minutissimum*
275	Wundabstrich Tibia	*C. striatum* 23086514_MLD	2,341	*C. striatum / amycolatum* *Corynebacterium jeikeium*	3100104	creme, glänzend	*Corynebacterium striatum*
276	Abstrich Fuß	*Corynebacterium minutissimum* 99_25_CCUG27045_41_IBS	1,978	*C. striatum/ amycolatum* Mögl. von *C.minutissimum*	2100135	creme, glänzend; CAMP-Test neg.	*Corynebacterium minutissimum*
277	Wundabstrich	*C. confusum* DSM 44384_DSM	1,784	*C. striatum / amycolatum* *Corynebacterium jeikeium* *C.* CDC group G	3100304	creme, glänzend	*Corynebacterium confusum**
279	Pleuraabstrich	*Arcanobacterium haemolyticum* 117_x_8116_68_IBS	2,123	*Arcanobacterium haemolyticum*	2520361 Wdh.	lipophil-weiß, Beta-Hämolyse; CAMP-Test revers positiv	*Arcanobacterium haemolyticum*
280	Abstrich Ulkus	*C. pseudodiphtheriticum* ATCC 10701 THL	2,434	*Corynebacterium pseudodiphtheriticum*	3101004	milchig, matt-glänzend	*Corynebacterium pseudodiphtheriticum*
281	Wundabstrich	*C. amycolatum* (PX)25086111_MLD	2,221	*C. striatum / amycolatum* *C.* CDC group G	3100325	matt, milchig	*Corynebacterium amycolatum*
282	Bronchiallavage	*C. striatum* MB_8820_05 THL	2,415	*C. striatum / amycolatum*	3100105	creme, glänzend	*Corynebacterium striatum*

Fortsetzung Tabelle 14: Vergleich der Speziesidentifikation mit MALDI-TOF MS und dem API Coryne Testsystem

Nr.	Ursprungs-material	Speziesidentifikation mit MALDI-TOF MS	Score Wert	Speziesidentifikation mit API Coryne	Nummerischer Code	Morphologie, ggf. CAMP-Test	vorliegende Spezies
283	Wundabstrich	*Dermabacter hominis* 122_x_T29453_64_IBS	2,031	*Dermabacter hominis*	4570365	grau-weiß, glänzend	*Dermabacter hominis*
284	Wundabstrich Bein	*Corynebacterium amycolatum* 100_28_B77962_42_IBS	1,649	*Corynebacterium amycolatum* *C.* CDC group G	3100325 Wdh.	initial matt, lipophil gekerbter Rand; in Subkultur zusätzlich weiße, matte Kolonien	*Corynebacterium amycolatum*
285	Wundabstrich Bein	*Corynebacterium amycolatum* 100_28_B77962_42_IBS	2,129	*Corynebacterium amycolatum* *C.* CDC group G	3100325 Wdh.	initial matt, lipophil gekerbter Rand; in Subkultur zusätzlich weiße, matte Kolonien.	*Corynebacterium amycolatum*
287	Wundabstrich Bauch	*Dermabacter hominis* 122_x_T29453_64_IBS	1,967	*Dermabacter hominis*	4570325	grau-weiß, glänzend	*Dermabacter hominis*
288	Wundabstrich	*C. striatum* MB_8820_05 THL	2,315	*C. striatum / amycolatum*	3100105	creme, glänzend	*Corynebacterium striatum*
289	Abstrich Leiste	*Corynebacterium minutissimum* 99_25_CCUG27045_41_IBS	1,542	*C. striatum / amycolatum* Mögl. von *C. minutissimum*	6100125	creme, glänzend; CAMP-Test neg.	*Corynebacterium minutissimum*
290	Abstrich Leiste	*Dermabacter hominis* 122_x_T29453_64_IBS	1,906	*Dermabacter hominis*	4570365	grau-weiß, glänzend	*Dermabacter hominis*
291	Abstrich Ulkus Unterschenkel	*Corynebacterium amycolatum* (PX) 25086111_MLD	2,084	*C. striatum / amycolatum* *C.* CDC group F-1	3101325	milchig, matt	*Corynebacterium amycolatum*
292	Ulkusabstrich	*Pseudomonas fluorescens* DSM 50090T HAM	1,348	*Brevibacterium* sp.	4110324	creme-weiß, glänzend; CAMP-Test positiv	*Corynebacterium* sp. (partielle 16S rRNA Gen-Sequenzierung)
293	Abstrich Ohr	*Corynebacterium coyleae* DSM 44184_DSM	1,955	*Corynebacterium jeikeium* *C. striatum / amycolatum*	6100326	weiß, glänzend; CAMP-Test positiv	*Corynebacterium coyleae*

Fortsetzung Tabelle 14: Vergleich der Speziesidentifikation mit MALDI-TOF MS und dem API Coryne Testsystem

Nr.	Ursprungs-material	Speziesidentifikation mit MALDI-TOF MS	Score Wert	Speziesidentifikation mit API Coryne	Nummerischer Code	Morphologie, ggf. CAMP-Test	vorliegende Spezies
294	Abstrich Ulkus Bein	*C. striatum* 23086514_MLD	2,332	*C.* CDC group G *C. striatum / amycolatum*	3100305	creme-weiß, glänzend; CAMP-Test positiv	*Corynebacterium striatum*
295	Abstrich Ohr	*Proteus mirabilis* 9482_2 CHB	1,203	*Rhodococcus* sp. nächste Wahl: *Arthrobacter* sp.	2110004	weiß, glänzend, kleine Kolonien	*Arthrobacter* sp. (partielle 16S rRNA Gen-Sequenzierung)
296	Ulkusabstrich Zehe	*C. pseudodiphtheriticum* ATCC 10701 THL	2,401	*Corynebacterium pseudodiphtheriticum*	3001004	milchig, griselig, matt-glänzend	*Corynebacterium pseudodiphtheriticum*
297	Rachenabstrich	*Corynebacterium amycolatum* (PX) 25086111_MLD	2,070	*Corynebacterium jeikeium* *C. striatum / amycolatum* *C.* CDC group G	2100324	matt, milchig	*Corynebacterium amycolatum*
299	keine Daten	*Corynebacterium propinquum* 80_D4 coll_ISB	2,355	*Corynebacterium pseudodiphtheriticum*	7101004	milchig, griselig, matt-glänzend	*Corynebacterium pseudodiphtheriticum*
300	Abdomenabstrich	*C. amycolatum* (PX)25086111_MLD	1,959	*C. striatum / amycolatum* *C.* CDC group G *Corynebacterium jeikeium*	3100324	matt, weiß	*Corynebacterium amycolatum*
301	Wundabstrich gluteal	*Corynebacterium minutissimum* 99_25_CCUG27045_41_IBS	1,600	*C. striatum / amycolatum* Mögl. von *C. minutissimum*	2100125	creme, glänzend; CAMP-Test neg.	*Corynebacterium minutissimum*
302	Wundabstrich gluteal	*Corynebacterium minutissimum* 99_25_CCUG27045_41_IBS	1,546	*C. striatum / amycolatum* Mögl. von *C. minutissimum*	2100125	creme, glänzend; CAMP-Test neg.	*Corynebacterium minutissimum*
303	Ulkusabstrich Unterschenkel	*Dermabacter hominis* DSM 7083_DSM	1,956	*Propionibacterium avidum* nächste Wahl: *Dermabacter hominis*	4470324	grau-weiß, glänzend	*Dermabacter hominis*
304	Ulkusabstrich	*Corynebacterium amycolatum* 100_28_B77962_42_IBS	2,060	*C. striatum / amycolatum* *Corynebacterium jeikeium*	2100124	matt, milchig-weiß	*Corynebacterium amycolatum*

Fortsetzung Tabelle 14: Vergleich der Speziesidentifikation mit MALDI-TOF MS und dem API Coryne Testsystem

Nr.	Ursprungs-material	Speziesidentifikation mit MALDI-TOF MS	Score Wert	Speziesidentifikation mit API Coryne	Nummerischer Code	Morphologie, ggf. CAMP-Test	vorliegende Spezies
305	Abstrich Abszess	*Corynebacterium striatum* 23086514_MLD	2,340	*C.* CDC group G *C. striatum / amycolatum*	3100305	creme, glänzend	*Corynebacterium striatum*
306	Wundabstrich	*Corynebacterium accolens* x_x_28779_H_IBS	2,032	*C.* CDC group G *C. striatum / amycolatum*	3100305 Wdh.	lipophil	*Corynebacterium tuberculostearicum*
307	Abstrich Hüft-Totalendoprothese (TEP)	*Corynebacterium amycolatum* 100_28_B77962_42_IBS	1,932	*C. striatum / amycolatum* *C.* CDC group G	3100225 (?)	matt, milchig	*Corynebacterium amycolatum*
308	Analabstrich	*C. amycolatum* DSM 6922_DSM	1,979	*C. striatum / amycolatum*	3101324	matt, weiß	*Corynebacterium amycolatum*
309	Wundabstrich	*Corynebacterium amycolatum* (PX) 25086111_MLD	2,041	*Corynebacterium jeikeium* *C. striatum / amycolatum* *C.* CDC group G	2100324	matt, weiß	*Corynebacterium amycolatum*
310	Wundabstrich	*Corynebacterium amycolatum* (PX) 25086111_MLD	2,066	*Corynebacterium jeikeium* *C. striatum / amycolatum* *C.* CDC group G	2100324	matt, weiß	*Corynebacterium amycolatum*
311	Wundabstrich Außenknöchel	*Corynebacterium striatum* 23086514_MLD	2,323	*C.* CDC group G *C. striatum / amycolatum*	3100305	creme, glänzend	*Corynebacterium striatum*
312	Wundabstrich Außenknöchel	*Corynebacterium striatum* 23086514_MLD	2,344	*C.* CDC group G *C. striatum / amycolatum*	3100305	creme, glänzend	*Corynebacterium striatum*
313	Wundabstrich	*Dermabacter hominis* 122_x_T29453_64_IBS	1,984	*Arcanobacterium haemolyticum* *Dermabacter hominis*	4530364 (?)	grau, glänzend, typischer Geruch	*Dermabacter hominis*
314	Wundabstrich	*C. striatum* 23086514_MLD	2,236	*C. striatum / amycolatum*	3100105	creme, glänzend	*Corynebacterium striatum*
315	Wundabstrich Vorfuß	*Corynebacterium minutissimum* 99_25_CCUG27045_41_IBS	1,986	*C.* CDC group G *C. striatum / amycolatum* Mögl. von *C. minutissimum*	6100325	creme, glänzend; CAMP-Test (peri) positiv	*Corynebacterium minutissimum*

Fortsetzung Tabelle 14: Vergleich der Speziesidentifikation mit MALDI-TOF MS und dem API Coryne Testsystem

Nr.	Ursprungs-material	Speziesidentifikation mit MALDI-TOF MS	Score Wert	Speziesidentifikation mit API Coryne	Nummerischer Code	Morphologie, ggf. CAMP-Test	vorliegende Spezies
316	Wundabstrich Außenknöchel	*Corynebacterium striatum* 23086514_MLD	2,419	*C. striatum / amycolatum* *Corynebacterium jeikeium* *C.* CDC group G	3100304	creme, glänzend	*Corynebacterium striatum*
317	Abstrich Abszess Axilla	*C. striatum* 23086514_MLD	2,247	*C. striatum/ amycolatum*	3100105	creme, glänzend	*Corynebacterium striatum*
318	Wundabstrich	*Corynebacterium amycolatum* (PX) 25086111_MLD	1,983	*C.* CDC group G *C. striatum / amycolatum*	3100305	matt, weiß	*Corynebacterium amycolatum*
319	Wundabstrich	*Corynebacterium amycolatum* (PX) 25086111_MLD	2,037	*Corynebacterium jeikeium* *C. striatum / amycolatum* *C.* CDC group G	2100324	matt, milchig	*Corynebacterium amycolatum*
320	Wundabstrich Vorfuß	*C. striatum* 23086514_MLD	2,374	*C. striatum / amycolatum*	3100105	creme, glänzend	*Corynebacterium striatum*
321	Wundabstrich	*Corynebacterium amycolatum* (PX) 25086111_MLD	2,234	*C. striatum / amycolatum* *C.* CDC group G	3100325	matt, trocken, weiß	*Corynebacterium amycolatum*
322	Abstrich Leiste	*Corynebacterium minutissimum* DSM 20651_DSM	1,719	*C. striatum/ amycolatum* Mögl. von *C. minutissimum*	2100125	creme, glänzend	*Corynebacterium minutissimum*
323	Abstrich Leiste	*Corynebacterium amycolatum* (PX) 25086111_MLD	2,025	*C.* CDC group G *C. striatum / amycolatum* *Corynebacterium jeikeium*	2100305	matt, milchig	*Corynebacterium amycolatum*
324	Abstrich Knie	*C. striatum* 23086514_MLD	2,359	*C. striatum / amycolatum* *Corynebacterium jeikeium* *C.* CDC group G	3100304	creme, glänzend	*Corynebacterium striatum*
325	Wundabstrich	*Dermabacter hominis* 126_x_B25504_60_IBS	1,886	*Dermabacter hominis*	4570365	weiß, glänzend, typischer Geruch	*Dermabacter hominis*
326	Wundabstrich	*C. amycolatum* (PX)25086111_MLD	2,016	*C. striatum/ amycolatum* *C.* CDC group F-1	3101365 (?)	milchig, glänzend	*Corynebacterium amycolatum*

Fortsetzung Tabelle 14: Vergleich der Speziesidentifikation mit MALDI-TOF MS und dem API Coryne Testsystem

Nr.	Ursprungs-material	Speziesidentifikation mit MALDI-TOF MS	Score Wert	Speziesidentifikation mit API Coryne	Nummerischer Code	Morphologie, ggf. CAMP-Test	vorliegende Spezies
328	Abstrich Leiste	*Corynebacterium minutissimum* 99_25_CCUG27045_41_IBS	2,055	*C.* CDC group G *C. striatum / amycolatum* Mögl. von *C. minutissimum*	6100335	creme, glänzend; CAMP-Test negativ	*Corynebacterium minutissimum*
329	Abstrich Leiste	*Corynebacterium amycolatum* (PX) 25086111_MLD	2,033	*C.* CDC group G *C. striatum / amycolatum*	2100325 Wdh.	matt	*Corynebacterium amycolatum*
330	Abstrich Abszess	*D. hominis* DSM 7083_DSM	1,710	*Dermabacter hominis*	4570765	weiß, glänzend	*Dermabacter hominis*
331	Wundabstrich Fuß	*C. accolens* x_x_28779_H_IBS	1,902	*C.* CDC group G *C. striatum / amycolatum*	3100305 Wdh.	lipophil	*Corynebacterium tuberculostearicum*
332	keine Daten	*Corynebacterium amycolatum* (PX) 25086111_MLD	2,169	*Corynebacterium jeikeium* *C. striatum / amycolatum* *C.* CDC group G	2100324	matt, milchig-weiß	*Corynebacterium amycolatum*
333	Wundabstrich	*Corynebacterium propinquum* 80_D4 coll_ISB	2,398	*Corynebacterium pseudodiphtheriticum*	3001004	milchig, matt-glänzend	*Corynebacterium pseudodiphtheriticum*
334	keine Daten	*C. striatum* MB_8820_05 THL	2,271	*C. striatum / amycolatum*	3100105	creme, glänzend	*Corynebacterium striatum*
335	Abstrich Sectio-Naht	*Corynebacterium amycolatum* (PX) 25086111_MLD	2,042	*Corynebacterium jeikeium* *C. striatum / amycolatum* *C.* CDC group G	2100324	matt-glänzend, milchig, gekerbter Rand	*Corynebacterium amycolatum*
336	Abstrich Ulkus Unterschenkel	*Corynebacterium striatum* 23086514_MLD	2,333	*C. striatum / amycolatum* *C.* CDC group G	3100105	creme, glänzend	*Corynebacterium striatum*
337	Abstrich Dekubitus Steiß	*C. striatum* MB_8820_05 THL	2,285	*C. striatum / amycolatum*	3100105	creme, glänzend	*Corynebacterium striatum*
338	Abstrich	*C. amycolatum* (PX)25086111_MLD	1,947	*C. striatum / amycolatum* *C.* CDC group G	3100325	matt, milchig	*Corynebacterium amycolatum*
339	Abstrich	*C. amycolatum* (PX)25086111_MLD	1,913	*C. striatum / amycolatum* *C.* CDC group G	3100325	matt, milchig	*Corynebacterium amycolatum*

Fortsetzung Tabelle 14: Vergleich der Speziesidentifikation mit MALDI-TOF MS und dem API Coryne Testsystem

Nr.	Ursprungs-material	Speziesidentifikation mit MALDI-TOF MS	Score Wert	Speziesidentifikation mit API Coryne	Nummerischer Code	Morphologie, ggf. CAMP-Test	vorliegende Spezies
340	Abstrich Leiste	*C. amycolatum* (PX)25086111_MLD	2,149	*C. striatum* / *amycolatum* *C.* CDC group G *Corynebacterium jeikeium*	3100324	matt, milchig	*Corynebacterium amycolatum*
341	Abstrich Dekubitus Steiß	*C. striatum* MB_8820_05 THL	2,250	*C. striatum* / *amycolatum*	3100105	creme, glänzend	*Corynebacterium striatum*
342	Abstrich Dekubitus Steiß	*Arthrobacter cumminsii* C2 MVO	1,522	*Brevibacterium* sp. *Arthrobacter* sp.	6102004	creme-weiß, glänzend	*Arthrobacter cumminsii* ^
343	Abstrich perineal	*C. amycolatum* (PX)25086111_MLD	1,905	*C. striatum* / *amycolatum* *C.* CDC group G	3100325	matt, milchig	*Corynebacterium amycolatum*
344	Abstrich Fuß	*Corynebacterium minutissimum* 99_25_CCUG27045_41_IBS	2,059	*C. striatum* / *amycolatum* *Corynebacterium jeikeium* Mögl. von *C. minutissimum*	2100124	creme, glänzend	*Corynebacterium minutissimum*
345	Abstrich Mamma	*Corynebacterium amycolatum* (PX) 25086111_MLD	2,145	*Corynebacterium jeikeium* *C. striatum* / *amycolatum* *C.* CDC group G	2100324	milchig, matt	*Corynebacterium amycolatum*
346	Abstrich Biopsie plantar	*Corynebacterium amycolatum* (PX) 25086111_MLD	2,145	*Corynebacterium jeikeium* *C. striatum* / *amycolatum* *C.* CDC group G	2100324	matt, milchig	*Corynebacterium amycolatum*
347	Abstrich Dekubitus Fuß	*C. striatum* 23086514_MLD	2,305	*C. striatum* / *amycolatum*	3100105	creme, glänzend	*Corynebacterium striatum*
348	Wundabstrich	*Arthrobacter castelli* DSM 16402T_DSM	2,111	*Rhodococcus* sp.	2110004	trocken, spreitend, weiß-gelblich	*Tsukamurella* sp.^^ (partielle 16S rRNA Gen-Sequenzierung)
349	Wundabstrich Rippenbogen	*Corynebacterium simulans* DSM 44415_DSM	1,937	*C. striatum* / *amycolatum*	2100105 (Zink: 3100105)	creme, glänzend; CAMP-Test positiv	*Corynebacterium simulans**
350	Wundabstrich	*Corynebacterium minutissimum* 99_25_CCUG27045_41_IBS	1,670	*C. striatum* / *amycolatum* *C. glucuronolyticum-seminale* Mögl. von *C. minutissimum*	2040125 (?)	creme, glänzend; CAMP-Test negativ	*Corynebacterium minutissimum*

Fortsetzung Tabelle 14: Vergleich der Speziesidentifikation mit MALDI-TOF MS und dem API Coryne Testsystem

Nr.	Ursprungs-material	Speziesidentifikation mit MALDI-TOF MS	Score Wert	Speziesidentifikation mit API Coryne	Nummerischer Code	Morphologie, ggf. CAMP-Test	vorliegende Spezies
351	Abstrich Abszess	*C. striatum* 23086514_MLD	2,243	*Corynebacterium accolens* *C. striatum / amycolatum*	3000105	creme, glänzend	*Corynebacterium striatum*
352	Wundabstrich Oberschenkel	*Brevibacterium celere* DSM 15453T DSM	2,197	*Rhodococcus* sp. *Arthrobacter* sp. *Brevibacterium* sp. *Aureobacterium* sp. / *Corynebacterium aquaticum*	3112004	lehmfarben, glänzend	*Brevibacterium* sp.^
353	Abstrich Ulkus	*Corynebacterium minutissimum* DSM 20651_DSM	2,085	*Brevibacterium* sp. *C. striatum / amycolatum* *Corynebacterium jeikeium* Mögl. von *C. minutissimum*	4100124	creme, glänzend; CAMP-Test positiv	*Corynebacterium minutissimum*
354	Wundabstrich Ellenbogen	*C. pseudodiphtheriticum* ATCC 10701 THL	2,031	*Corynebacterium pseudodiphtheriticum*	7101004	milchig, glänzend	*Corynebacterium pseudodiphtheriticum*
355	Abstrich Ohr, Otitis msdia	*C. pseudodiphtheriticum* ATCC 10701 THL	2,368	*Corynebacterium pseudodiphtheriticum*	7101004	milchig, glänzend	*Corynebacterium pseudodiphtheriticum*
356	Abstrich Ulkus Unterschenkel	*Corynebacterium amycolatum* (PX) 25086111_MLD	2,060	*C. striatum / amycolatum* *C.* CDC group G *Corynebacterium jeikeium*	3100324	matt, milchig	*Corynebacterium amycolatum*
358	Trachealsekret	*C. striatum* MB_8820_05 THL	2,385	*Corynebacterium striatum*	3100105	creme, glänzend	*Corynebacterium striatum*
359	Augenabstrich	*C. striatum* MB_8820_05 THL	2,418	*Corynebacterium striatum*	3100105	creme, glänzend	*Corynebacterium striatum*
360	Blutkultur	*Corynebacterium afermentans* subsp. *afermentans* 72_D4 coll ISB	1,458	*C.* CDC group G	6100305	creme, glänzend; CAMP-Test positiv	*Corynebacterium coyleae*
361	Wundabstrich	*Corynebacterium amycolatum* (PX) 25086111_MLD	1,990	*C. striatum / amycolatum*	3101324	matt-glänzend, milchig	*Corynebacterium amycolatum*
362	Wundabstrich	*Corynebacterium amycolatum* (PX) 25086111_MLD	2,010	*C. striatum / amycolatum*	3100365 (?)	matt-glänzend, milchig	*Corynebacterium amycolatum*

Fortsetzung Tabelle 14: Vergleich der Speziesidentifikation mit MALDI-TOF MS und dem API Coryne Testsystem

Nr.	Ursprungs-material	Speziesidentifikation mit MALDI-TOF MS	Score Wert	Speziesidentifikation mit API Coryne	Nummerischer Code	Morphologie, ggf. CAMP-Test	vorliegende Spezies
363	Vaginalabstrich	*Corynebacterium amycolatum* (PX) 25086111_MLD	1,980	*C. striatum / amycolatum* *C.* CDC group G *Corynebacterium jeikeium*	3100324	weiß, matt-glänzend	*Corynebacterium amycolatum*
364	Blutkultur	*Corynebacterium durum* C16 MVO	2,107	*Actinomyces neuii* subsp. *neuii*	3400335 (?)	Kolonien in Agar eingegraben, creme, glänzend, mit Kokarden-/ Geflechtaufbau	*Corynebacterium durum**
365	Abstrich Abszess	*Dermabacter hominis* DSM 7083_DSM	1,920	*Dermabacter hominis*	4170325 (?)	grau-weiß, glänzend	*Dermabacter hominis*
366	Wundabstrich	*Dermabacter hominis* DSM 7083_DSM	1,992	*Dermabacter hominis*	4570365	grau-weiß, glänzend	*Dermabacter hominis*
367	Wundabstrich	*C. amycolatum* (PX)25086111_MLD	2,055	*C. striatum / amycolatum*	3101324	matt, milchig	*Corynebacterium amycolatum*
368	Abstrich Leiste	*C. amycolatum* (PX)25086111_MLD	2,126	*C. striatum / amycolatum* *C.* CDC group F-1	2101325	matt, milchig	*Corynebacterium amycolatum*
369	Abstrich Leiste	*Bacillus subtilis ssp subtilis* DSM 5660_DSM	1,337	*C. auris / Turicella otitidis* *C. afermentans / coyleae* *Corynebacterium propinquum*	2100004	creme-milchig glänzend; CAMP-Test neg.	*Brevibacterium* sp.^
370	Wundabstrich	*C. amycolatum* (PX)25086111_MLD	2,093	*C. striatum / amycolatum*	3100325	matt	*Corynebacterium amycolatum*
371	Abstrich Leiste	*C. amycolatum* (PX)25086111_MLD	1,832	*C. striatum / amycolatum*	3100304	matt, milchig	*Corynebacterium amycolatum*
373	Wundabstrich	*C. striatum* 23086514_MLD	2,388	*C. striatum / amycolatum*	3100105	creme, glänzend	*Corynebacterium striatum*
374	Wundabstrich	*Corynebacterium variabile* DSM 44702_DSM	2,133	*C. striatum / amycolatum* *C.* CDC group G	2111104 (?)	milchig, glänzend, kleine Kolonien	*Corynebacterium variabile** (partielle 16S rRNA Gen-Sequenzierung)
375	Abstrich Leiste	*Corynebacterium amycolatum* (PX) 25086111_MLD	1,985	*C.* CDC group G *C. striatum / amycolatum*	3100305	matt	*Corynebacterium amycolatum*

Fortsetzung Tabelle 14: Vergleich der Speziesidentifikation mit MALDI-TOF MS und dem API Coryne Testsystem

Nr.	Ursprungs-material	Speziesidentifikation mit MALDI-TOF MS	Score Wert	Speziesidentifikation mit API Coryne	Nummerischer Code	Morphologie, ggf. CAMP-Test	vorliegende Spezies
376	Nasenabstrich	*Corynebacterium propinquum* 80_D4 coll_ISB	2,412	*Corynebacterium pseudodiphtheriticum*	7101004	milchig, glänzend	*Corynebacterium pseudodiphtheriticum*
377	Wundabstrich plantar	*C. striatum* 23086514_MLD	2,372	*C. striatum / amycolatum Corynebacterium jeikeium C.* CDC group G	3100304	creme, glänzend	*Corynebacterium striatum*
378	Wundabstrich plantar	*C. striatum* 23086514_MLD	2,395	*C. striatum / amycolatum Corynebacterium jeikeium C.* CDC group G	3100304	creme, glänzend	*Corynebacterium striatum*
379	Wundabstrich Unterschenkel	*Candida albicans* ATCC 10231 THL	1,452	*C. argentoratense Corynebacterium jeikeium*	2100104	creme, glänzend; CAMP-Test neg.	*Corynebacterium* sp. (partielle 16S rRNA Gen-Sequenzierung)
380	Abstrich Fistel Steiß	*Corynebacterium simulans* DSM 44415_DSM	2,050	*C.* CDC group G *C. striatum / amycolatum Corynebacterium jeikeium*	2100305 (Zink:3100305)	creme, glänzend; CAMP-Test positiv	*Corynebacterium simulans**
381	Wundabstrich Vorfuß	*Dermabacter hominis* 126_x_B25504_60_IBS	1,893	*Dermabacter hominis*	4570775 (?)	grau-weiß, glänzend	*Dermabacter hominis*
382	Bronchiallavage	*C. pseudodiphtheriticum* ATCC 10701 THL	2,408	*Corynebacterium pseudodiphtheriticum*	3001004	weiß, matt-glänzend	*Corynebacterium pseudodiphtheriticum*
383	Trachealsekret	*C. amycolatum* (PX)25086111_MLD	2,058	*C. striatum / amycolatum C.* CDC group G	3100325	matt	*Corynebacterium amycolatum*
384	Wundabstrich Oberschenkel	*Lactobacillus reuteri* DSM 20016T_DSM	1,481	*Oerskovia xanthineolytica*	6572326	grau, glänzend; CAMP-Test neg.	*Brachybacterium* sp.* (partielle 16S rRNA Gen-Sequenzierung)
385	Abstrich Axilla	*C. propinquum* 80_D4 coll_ISB	2,394	*C. pseudodiphtheriticum*	7101004	matt-glänzend	*Corynebacterium pseudodiphtheriticum*

Fortsetzung Tabelle 14: Vergleich der Speziesidentifikation mit MALDI-TOF MS und dem API Coryne Testsystem

Nr.	Ursprungs-material	Speziesidentifikation mit MALDI-TOF MS	Score Wert	Speziesidentifikation mit API Coryne	Nummerischer Code	Morphologie, ggf. CAMP-Test	vorliegende Spezies
386	Wundabstrich Großzehe	*Corynebacterium confusum* DSM 44384_DSM	1,875	*C. striatum / amycolatum* *Corynebacterium jeikeium* *C.* CDC group G	3100304	creme, glänzend; CAMP-Test neg.	*Corynebacterium confusum**
387	Wundabstrich	*Dermabacter hominis* 126_x_B25504_60_IBS	2,083	*Dermabacter hominis*	4570764 (?)	weiß, glänzend, typischer Geruch	*Dermabacter hominis*
388	Wundabstrich	*Corynebacterium confusum* DSM 44384_DSM	1,770	*Corynebacterium propinquum* *Rhodococcus* sp. *C. pseudodiphtheriticum*	3100004	weiß, glänzend, kleine Kolonien; CAMP-Test positiv	*Corynebacterium confusum**
389	Trachealsekret	*C. striatum* MB_8820_05 THL	2,323	*C. striatum / amycolatum*	3100105	creme, glänzend	*Corynebacterium striatum*
390	Trachealsekret	*C. pseudodiphtheriticum* ATCC 10701 THL	2,414	*Corynebacterium pseudodiphtheriticum*	3001004	weiß, matt-glänzend	*Corynebacterium pseudodiphtheriticum*
391	Wundabstrich	*C. pseudodiphtheriticum* ATCC 10701 THL	2,426	*Corynebacterium pseudodiphtheriticum*	3001004	matt-weiß, glänzend	*Corynebacterium pseudodiphtheriticum*
392	Abstrich PEG-Einstich	*C. striatum* MB_8820_05 THL	2,380	*C. striatum / amycolatum*	2100105 (Zink: 3100105)	creme, glänzend; CAMP-Test positiv	*Corynebacterium simulans**
393	Abstrich Ulkus	*C. striatum* MB_8820_05 THL	2,287	*C. striatum / amycolatum*	3100105	creme, glänzend	*Corynebacterium striatum*
394	Wundabstrich Vorfuß	*C. striatum* 23086514_MLD	2,295	*C. striatum / amycolatum*	3100105	creme, glänzend	*Corynebacterium striatum*
396	Abstrich Leiste	*Arthrobacter cumminsii* C2 MVO	1,464	*Brevibacterium* sp. *Arthrobacter* sp.	6102004	grau, glänzend	*Arthrobacter cumminsii* ^
397	keine Daten	*C. striatum* MB_8820_05 THL	2,247	*C. striatum/ amycolatum*	3100105	creme, glänzend	*Corynebacterium striatum*
398	Wundabstrich	*Corynebacterium amycolatum* (PX) 25086111_MLD	2,112	*Corynebacterium jeikeium* *C. striatum / amycolatum* *C.* CDC group G	2100324	matt, milchig	*Corynebacterium amycolatum*
399	Wundabstrich	*Corynebacterium amycolatum* (PX) 25086111_MLD	2,185	*Corynebacterium jeikeium* *C. striatum / amycolatum* *C.* CDC group G	2100324	matt, milchig	*Corynebacterium amycolatum*

Fortsetzung Tabelle 14: Vergleich der Speziesidentifikation mit MALDI-TOF MS und dem API Coryne Testsystem

Nr.	Ursprungs-material	Speziesidentifikation mit MALDI-TOF MS	Score Wert	Speziesidentifikation mit API Coryne	Nummerischer Code	Morphologie, ggf. CAMP-Test	vorliegende Spezies
400	Wundabstrich Gangrän Fuß	*Corynebacterium amycolatum* (PX) 25086111_MLD	2,206	*Corynebacterium jeikeium* *C. striatum / amycolatum* *C.* CDC group G	2100324	matt, milchig	*Corynebacterium amycolatum*
401	Trachealsekret	*Coryn. striatum* MB_8820_05 THL	2,267	*C. striatum / amycolatum* *Corynebacterium jeikeium*	3100104	creme, glänzend	*Corynebacterium striatum*
403	Ulkusabstrich Unterschenkel	*Corynebacterium amycolatum* (PX) 25086111_MLD	2,000	*C.* CDC group G *C. striatum / amycolatum*	3100305	matt	*Corynebacterium amycolatum*
404	Wundabstrich Vorfuß	*C. striatum* MB_8820_05 THL	2,314	*C. striatum / amycolatum*	3100105	creme, glänzend	*Corynebacterium striatum*
405	Trachealsekret	*C. striatum* MB_8820_05 THL	2,369	*C. striatum / amycolatum*	3100105	creme, glänzend	*Corynebacterium striatum*
406	Wundabstrich Naht	*C. tuberculostearicum* DSM 44922_DSM	1,700	*Corynebakterium jeikeium*	2100304 Wdh.	lipophil	*Corynebacterium jeikeium*
407	Wundabstrich Vorfuß	*Corynebacterium striatum* 23086514_MLD	2,323	*C.* CDC group G *C. striatum / amycolatum*	3100305	creme, glänzend	*Corynebacterium striatum*
408	Abstrich suprapubischer Blasenkatheter	*C. striatum* 23086514_MLD	2,301	*C. striatum / amycolatum* *Corynebacterium jeikeium*	3100104	creme, glänzend	*Corynebacterium striatum*
410	Wundabstrich PEG	*C. striatum* MB_8820_05 THL	2,372	*C. striatum / amycolatum*	3100105	grau-weiß, glänzend	*Corynebacterium striatum*
411	Wundabstrich Vorfuß	*C. striatum* 23086514_MLD	2,371	*C. striatum / amycolatum*	3100105	creme, glänzend	*Corynebacterium striatum*
412	Wundabstrich Zeh	*Corynebacterium amycolatum* (PX) 25086111_MLD	2,051	*Corynebacterium jeikeium* *C. striatum / amycolatum* *C.* CDC group G	2100324	weiß, matt-glänzend	*Corynebacterium amycolatum*
413	Katheterspitze zentraler Venenkatheter (ZVK)	*Corynebacterium amycolatum* (PX) 25086111_MLD	2,102	*C. striatum / amycolatum* *C.* CDC group G *Corynebacterium jeikeium*	3100324	weiß, matt-glänzend	*Corynebacterium amycolatum*
414	Wundabstrich	*C. striatum* 23086514_MLD	2,343	*C. striatum / amycolatum* *Corynebacterium jeikeium*	3100104	creme, glänzend	*Corynebacterium striatum*

Fortsetzung Tabelle 14: Vergleich der Speziesidentifikation mit MALDI-TOF MS und dem API Coryne Testsystem

Nr.	Ursprungs-material	Speziesidentifikation mit MALDI-TOF MS	Score Wert	Speziesidentifikation mit API Coryne	Nummerischer Code	Morphologie, ggf. CAMP-Test	vorliegende Spezies
415	Wundabstrich	*Dermabacter hominis* 126_x_B25504_60_IBS	1,975	*Dermabacter hominis*	4770365 (?)	grau-weiß, glänzend	*Dermabacter hominis*
416	Wundabstrich Sternum	*Corynebacterium minutissimum* DSM 20651_DSM	1,531	*C. striatum / amycolatum* Mögl. von *C. minutissimum*	2100125	creme, glänzend; CAMP-Test neg.	*Corynebacterium minutissimum*
417	Wundabstrich Vorfuß	*Corynebacterium jeikeium* 32_T98977 ISB	1,902	*Corynebacterium jeikeium*	2100304	weiß, glänzend, kleine Kolonien	*Corynebacterium jeikeium*
418	Wundabstrich	*Dermabacter hominis* 122_x_T29453_64_IBS	1,972	*Dermabacter hominis*	4770765 (?)	grau-weiß, glänzend	*Dermabacter hominis*
419	Wundabstrich	*Corynebacterium amycolatum* (PX) 25086111_MLD	2,020	*C.* CDC group G *C. striatum / amycolatum Corynebacterium jeikeium*	2100305	matt-weiß, milchig	*Corynebacterium amycolatum*
420	Abstrich rektal	*C. amycolatum* (PX)25086111_MLD	1,998	*C. striatum / amycolatum C.* CDC group G	3100325	milchig, matt	*Corynebacterium amycolatum*
421	Wundabstrich	*Corynebacterium minutissimum* DSM 20651_DSM	1,642	*C.* CDC group F-1 *C. striatum / amycolatum* Mögl. von *C. minutissimum*	2000125	creme, glänzend; CAMP-Test neg.	*Corynebacterium minutissimum*
422	Wundabstrich	*Corynebacterium amycolatum* (PX) 25086111_MLD	2,112	*C. striatum / amycolatum*	2100125	milchig, matt-glänzend	*Corynebacterium amycolatum*
423	Abstrich Ulkus	*C. striatum* MB_8820_05 THL	2,407	*C. striatum / amycolatum*	3100105	creme, glänzend	*Corynebacterium striatum*
424	Abstrich Knie	*Corynebacterium amycolatum* (PX) 25086111_MLD	2,249	*Corynebacterium jeikeium C. striatum / amycolatum C.* CDC group G	2100324	matt	*Corynebacterium amycolatum*
425	Wundabstrich Vorfuß	*Corynebacterium freneyi* DSM 44506_DSM	1,974	*C. striatum / amycolatum*	3110325	weiß-gelblich, trocken	*Corynebacterium freneyi**

Fortsetzung Tabelle 14: Vergleich der Speziesidentifikation mit MALDI-TOF MS und dem API Coryne Testsystem

Nr.	Ursprungs-material	Speziesidentifikation mit MALDI-TOF MS	Score Wert	Speziesidentifikation mit API Coryne	Nummerischer Code	Morphologie, ggf. CAMP-Test	vorliegende Spezies
426	Wundabstrich	*Corynebacterium amycolatum* 100_28_B77962_42_IBS	2,134	*Corynebacterium jeikeium* *C. striatum / amycolatum* *C.* CDC group G	2100324	matt	*Corynebacterium amycolatum*
427	Wundabstrich	*Corynebacterium amycolatum* (PX) 25086111_MLD	2,163	*Corynebacterium jeikeium* *C. striatum / amycolatum* *C.* CDC group G	2100324	milchig, matt-glänzend	*Corynebacterium amycolatum*
428	Wundabstrich	*Dermabacter hominis* 126_x_B25504_60_IBS	1,967	*Dermabacter hominis*	4570365	grau, glänzend	*Dermabacter hominis*
429	Abstrich	*Dermabacter hominis* 122_x_T29453_64_IBS	1,929	*Dermabacter hominis*	4570764 (?)	grau, glänzend, typischer Geruch	*Dermabacter hominis*
430	Abdomenabstrich	*C. amycolatum* (PX)25086111_MLD	2,105	*C. striatum / amycolatum* *C.* CDC group G	3100325	matt	*Corynebacterium amycolatum*
432	Abstrich Fußballen	*C. amycolatum* (PX)25086111_MLD	2,124	*C. striatum / amycolatum* *C.* CDC group G *Corynebacterium jeikeium*	3100324	matt	*Corynebacterium amycolatum*
433	Trachealabstrich	*Corynebacterium striatum* MB_8820_05 THL	2,435	*C. striatum / amycolatum*	2100105 Wdh. (Zink: 3100105)	lehmfarben, glänzend; CAMP-Test positiv	*Corynebacterium simulans**
434	Wundabstrich	*Corynebacterium striatum* MB_8820_05 THL	2.324	*C. striatum / amycolatum*	3100105	lehmfarben, glänzend	*Corynebacterium striatum*
435	Abstrich Ohr	*C. pseudodiphtheriticum* ATCC 10701 THL	2,357	*Corynebacterium pseudodiphtheriticum*	1001004	milchig, matt-glänzend	*Corynebacterium pseudodiphtheriticum*
436	Abstrich Nabel	*Corynebacterium amycolatum* 128_x_A5608_63_IBS	2,102	*C. striatum / amycolatum*	3101124	milchig, matt	*Corynebacterium amycolatum*
437	Wundabstrich	*Corynebacterium propinquum* 80_D4 coll_ISB	2,281	*Corynebacterium pseudodiphtheriticum*	1001104	milchig, matt-glänzend	*Corynebacterium pseudodiphtheriticum*

Fortsetzung Tabelle 14: Vergleich der Speziesidentifikation mit MALDI-TOF MS und dem API Coryne Testsystem

Nr.	Ursprungs-material	Speziesidentifikation mit MALDI-TOF MS	Score Wert	Speziesidentifikation mit API Coryne	Nummerischer Code	Morphologie, ggf. CAMP-Test	vorliegende Spezies
438	Abstrich Ulkus	*Dermabacter hominis* 122_x_T29453_64_IBS	1,884	*Dermabacter hominis*	4570765	weiß, glänzend, typischer Geruch	*Dermabacter hominis*
439	Abstrich Leiste	*C. striatum* 23086514_MLD	2,330	*C.* CDC group G *C. striatum/ amycolatum*	3100305	creme, glänzend	*Corynebacterium striatum*
440	Abstrich Leiste	*C. striatum* 23086514_MLD	2,396	*C. striatum / amycolatum* *Corynebacterium jeikeium* *C.* CDC group G	3100304	creme, glänzend	*Corynebacterium striatum*
441	Wundabstrich Vorfuß	*Dermabacter hominis* 122_x_T29453_64_IBS	2,018	*Dermabacter hominis*	4570365	weiß, typischer Geruch	*Dermabacter hominis*
442	Abstrich Ulkus	*Corynebacterium accolens* x_x_28779_H_IBS	1,852	*C.* CDC group G *C. striatum / amycolatum*	3100305 Wdh.	lipophil, glanz	*Corynebacterium tuberculostearicum*
443	Wundabstrich Unterschenkel	*Corynebacterium aurimucosum* DSM 44827_DSM	1,833	*C. striatum / amycolatum* *C.* CDC group G *Corynebacterium jeikeium* Mögl. von *C. minutissimum*	2110327 (?)	creme, glänzend, keine schwarze Pigmentierung; CAMP-Test neg.	*Corynebacterium minutissimum*
444	Abstrich Nase	*C. pseudodiphtheriticum* ATCC 10701 THL	2,297	*Corynebacterium pseudodiphtheriticum*	3001004	matt-glänzend	*Corynebacterium pseudodiphtheriticum*
445	Abstrich Ohr	*Corynebacterium amycolatum* (PX) 25086111_MLD	2,098	*C. striatum / amycolatum* *C.* CDC group G *Corynebacterium jeikeium*	3100324	milchig, matt-glänzend	*Corynebacterium amycolatum*
446	Abstrich Ulkus Leiste	*Arthrobacter cumminsii* C2 MVO	1,616	*Brevibacterium* sp. *Arthrobacter* sp.	6102004	creme, glänzend	*Arthrobacter cumminsii* ^
447	Wundabstrich Unterschenkel	*Corynebacterium amycolatum* 100_28_B77962_42_IBS	2,202	*Corynebacterium jeikeium* *C. striatum / amycolatum* *C.* CDC group G	2100324	matt, milchig	*Corynebacterium amycolatum*

Fortsetzung Tabelle 14: Vergleich der Speziesidentifikation mit MALDI-TOF MS und dem API Coryne Testsystem

Nr.	Ursprungs-material	Speziesidentifikation mit MALDI-TOF MS	Score Wert	Speziesidentifikation mit API Coryne	Nummerischer Code	Morphologie, ggf. CAMP-Test	vorliegende Spezies
448	Abstrich Dekubitus Steiß	*C. amycolatum* (PX)25086111_MLD	2,083	*C. striatum / amycolatum* *C.* CDC group G *Corynebacterium jeikeium*	3100324	matt, milchig	*Corynebacterium amycolatum*
449	Ulkusabstrich Fußsohle	*C. amycolatum* (PX)25086111_MLD	2,156	*Corynebacterium jeikeium*	2100304	matt, milchig	*Corynebacterium amycolatum*
450	Wundabstrich Unterschenkel	*Corynebacterium propinquum* 80_D4 coll_ISB	2,508	*Corynebacterium pseudodiphtheriticum*	7101004	milchig, matt	*Corynebacterium pseudodiphtheriticum*
451	Trachealsekret	*C. striatum* MB_8820_05 THL	2,469	*C. striatum / amycolatum*	3100105	creme, glänzend	*Corynebacterium striatum*
452	Wundabstrich Unterschenkel	*Corynebacterium amycolatum* (PX) 25086111_MLD	2,051	*Corynebacterium jeikeium*	2100304	matt, milchig	*Corynebacterium amycolatum*
453	Wundabstrich Unterschenkel	*Corynebacterium minutissimum* 99_25_CCUG27045_41_IBS	1,878	*C. striatum / amycolatum* Mögl. von *C. minutissimum*	6100125	creme, glänzend; CAMP-Test neg.	*Corynebacterium minutissimum*
454	Trachealabstrich	*C. pseudodiphtheriticum* ATCC 10701 THL	2,351	*C. pseudodiphtheriticum* *Rhodococcus* sp.	1101004	milchig, matt-glänzend	*Corynebacterium pseudodiphtheriticum*
455	Wundabstrich Fuß plantar	*Corynebacterium amycolatum* (PX) 25086111_MLD	1,945	*Corynebacterium jeikeium* *C. striatum / amycolatum* *C.* CDC group G	2100324	milchig, matt	*Corynebacterium amycolatum*
456	Trachealsekret	*Corynebacterium propinquum* 80_D4 coll_ISB	2,311	*Corynebacterium pseudodiphtheriticum*	7001004	milchig, matt-glänzend, leicht griselig	*Corynebacterium pseudodiphtheriticum*
457	Wundabstrich	*C. striatum* 23086514_MLD	2,347	*C. striatum / amycolatum* *Corynebacterium jeikeium* *C.* CDC group G	3100304	creme, glänzend,	*Corynebacterium striatum*
458	Cervixabstrich	*Listeria monocytogenes* MB_1601_05 THL	1,435	*Arthrobacter* sp. *Brevibacterium* sp.	2002004	grau-glänzend; CAMP-Test neg.	*Arthrobacter* sp.^ (partielle 16S rRNA Gen-Sequenzierung)
459	Bronchialsekret	*C. striatum* MB_8820_05 THL	2,473	*C. striatum / amycolatum*	3100105	creme, glänzend	*Corynebacterium striatum*

Fortsetzung Tabelle 14: Vergleich der Speziesidentifikation mit MALDI-TOF MS und dem API Coryne Testsystem

Nr.	Ursprungs-material	Speziesidentifikation mit MALDI-TOF MS	Score Wert	Speziesidentifikation mit API Coryne	Nummerischer Code	Morphologie, ggf. CAMP-Test	vorliegende Spezies
460	Wundabstrich	*Dermabacter hominis* 122_x_T29453_64_IBS	1,995	*Dermabacter hominis*	4570365	weiß, glänzend, typischer Geruch	*Dermabacter hominis*
461	Wundabstrich	*Dermabacter hominis* 126_x_B25504_60_IBS	1,836	*Dermabacter hominis*	4570365	weiß, glänzend, typischer Geruch	*Dermabacter hominis*
462	Abstrich	*Dermabacter hominis* 126_x_B25504_60_IBS	1,836	*Dermabacter hominis*	4570365	grau-weiß, glänzend	*Dermabacter hominis*
464	Abstrich Ohr	*C. striatum* 23086514_MLD	2,346	*C. striatum / amycolatum*	3100105	creme, glänzend	*Corynebacterium striatum*
465	Abstrich Leiste	*C. striatum* 23086514_MLD	2,336	*C.* CDC group G *C. striatum / amycolatum*	3100305	creme, glänzend	*Corynebacterium striatum*
466	Wundabstrich Innenknöchel	*Corynebacterium propinquum* 80_D4 coll_ISB	2,425	*Corynebacterium pseudodiphtheriticum*	7101004	milchig, matt	*Corynebacterium pseudodiphtheriticum*
467	Wundabstrich	*C. striatum* MB_8820_05 THL	2,341	*C. striatum / amycolatum*	3100105	creme, glänzend	*Corynebacterium striatum*
468	Wundabstrich	*C. amycolatum* (PX)25086111_MLD	1,967	*C. striatum / amycolatum* *C.* CDC group G	3100325	weiß, matt	*Corynebacterium amycolatum*
469	keine Daten	*C. amycolatum* (PX)25086111_MLD	2,219	*C. striatum / amycolatum* *C.* CDC group G *Corynebacterium jeikeium*	3100324	weiß, matt	*Corynebacterium amycolatum*
470	Trachealsekret	*C. pseudodiphtheriticum* ATCC 10701 THL	2,439	*Corynebacterium pseudodiphtheriticum*	3101004	creme, glänzend	*Corynebacterium pseudodiphtheriticum*
472	Trachealsekret	*C. amycolatum* (PX)25086111_MLD	1,955	*C. striatum / amycolatum* *C.* CDC group G	3100325	weiß, matt	*Corynebacterium amycolatum*
473	Wundabstrich	*C. amycolatum* (PX) 25086111_MLD	2,097	*C. striatum / amycolatum*	3100105	milchig, matt, trocken	*Corynebacterium amycolatum*
474	Trachealsekret	*C. striatum* MB_8820_05 THL	2,420	*C.* CDC group G *C. striatum / amycolatum*	3100305	creme, glänzend	*Corynebacterium striatum*

Fortsetzung Tabelle 14: Vergleich der Speziesidentifikation mit MALDI-TOF MS und dem API Coryne Testsystem

Nr.	Ursprungs-material	Speziesidentifikation mit MALDI-TOF MS	Score Wert	Speziesidentifikation mit API Coryne	Nummerischer Code	Morphologie, ggf. CAMP-Test	vorliegende Spezies
475	Abstrich Abszess Rücken	*Dermabacter hominis* DSM 7083_DSM	1,799	*Dermabacter hominis*	4570365	grau-weiß, glänzend	*Dermabacter hominis*
476	Abstrich Ulkus	*Dermabacter hominis* 126_x_B25504_60_IBS	1,889	*Dermabacter hominis*	4570365	grau-weiß, glänzend	*Dermabacter hominis*
477	Abstrich Fuß	*C. striatum* MB_8820_05 THL	2,430	*C. striatum / amycolatum*	3100105	creme, glänzend	*Corynebacterium striatum*
478	Abstrich Großzehe	*C. striatum* MB_8820_05 THL	2,383	*C. striatum / amycolatum*	3100105	creme, glänzend	*Corynebacterium striatum*
479	Abstrich Abszess perianal	*Corynebacterium amycolatum* 100_28_B77962_42_IBS	2,152	*Corynebacterium jeikeium* *C. striatum / amycolatum* *C.* CDC group G	2100324 Wdh.	matt, weiß	*Corynebacterium amycolatum*
480	Abstrich	*Corynebacterium amycolatum* (PX) 25086111_MLD	2,180	*Corynebacterium jeikeium* *C. striatum / amycolatum* *C.* CDC group G	2100324	milchig, trocken, matt	*Corynebacterium amycolatum*
481	Wundabstrich	*Corynebacterium amycolatum* 100_28_B77962_42_IBS	2,075	*C. striatum / amycolatum*	3110125	milchig, trocken, matt	*Corynebacterium amycolatum*
482	Wundabstrich Oberschenkel	*Lactobacillus gasseri* DSM 20243T_DSM	1,455	*Oerskovia xanthineolytica* *Cellulomonas* sp. / *Microbacterium* sp.	2572326	grau-weiß, glänzend; CAMP-Test neg.	*Brachybacterium* sp.* (partielle 16S rRNA Gen-Sequenzierung)
483	Abdomenabstrich	*C. striatum* 23086514_MLD	2,409	*C. striatum / amycolatum* *Corynebacterium jeikeium* *C.* CDC group G	3100304	creme, glänzend	*Corynebacterium striatum*
484	Abstrich Leiste	*Corynebacterium minutissimum* 99_25_CCUG27045_41_IBS	1,997	*C. striatum / amycolatum* Mögl. von *C. minutissimum*	2140135	creme, glänzend	*Corynebacterium minutissimum*
485	Abstrich Unterschenkel	*Corynebacterium freneyi* DSM 44506_DSM	1,601	*C. striatum / amycolatum*	2110325	gelblich, trocken, spreitend	*Corynebacterium freneyi**

Fortsetzung Tabelle 14: Vergleich der Speziesidentifikation mit MALDI-TOF MS und dem API Coryne Testsystem

Nr.	Ursprungs-material	Speziesidentifikation mit MALDI-TOF MS	Score Wert	Speziesidentifikation mit API Coryne	Nummerischer Code	Morphologie, ggf. CAMP-Test	vorliegende Spezies
486	Trachealsekret	*C. amycolatum* (PX)25086111_MLD	2,081	*C. striatum / amycolatum* *C.* CDC group G	3100225 (?)	matt, weiß	*Corynebacterium amycolatum*
487	Abstrich Ohr	*C. amycolatum* (PX)25086111_MLD	2,137	*C. striatum / amycolatum*	3100124	matt, weiß	*Corynebacterium amycolatum*
488	Abstrich Ulkus Fuß	*Coryn. striatum* 23086514_MLD	2,430	*C. striatum / amycolatum* *Corynebacterium jeikeium* *C.* CDC group G	3100304	creme, glänzend	*Corynebacterium striatum*
489	Abstrich Leiste	*C. amycolatum* (PX) 25086111_MLD	2,083	*C.* CDC group G *C. striatum / amycolatum*	3100305	matt, milchig	*Corynebacterium amycolatum*
490	Abstrich Unterschenkel	*Corynebacterium propinquum* 80_D4 coll_ISB	2,366	*Corynebacterium propinquum*	71000004	milchig, matt-glänzend	*Corynebacterium propinquum*
491	Abstrich Unterschenkel	*C. amycolatum* (PX)25086111_MLD	2,106	*C. striatum / amycolatum* *Corynebacterium jeikeium*	3100104	matt, milchig	*Corynebacterium amycolatum*
492	Augenabstrich	*C. amycolatum* (PX)25086111_MLD	2,180	*C. striatum / amycolatum* *C.* CDC group G *Corynebacterium jeikeium*	3100324	matt, milchig	*Corynebacterium amycolatum*
493	Blutkultur	*Dermabacter hominis* DSM 7083_DSM	1,814	*Dermabacter hominis*	4570365	grau-weiß, glänzend	*Dermabacter hominis*
494	Blutkultur	*Corynebacterium afermentans* subsp. *afermentans* 73_D4 coll ISB	1,551	*Corynebacterium jeikeium* *C.* CDC group G *C. striatum / amycolatum* *Brevibacterium* sp.	6100304	creme, glänzend; CAMP-Test positiv	*Corynebacterium coyleae*
495	Abstrich Thorax	*Corynebacterium amycolatum* (PX) 25086111_MLD	1,756	*C.* CDC group G *C. striatum / amycolatum*	3100305	initial matt, lipophil gekerbter Rand; in Subkultur zusätzlich weiße, matte Kolonien.	*Corynebacterium amycolatum*

Fortsetzung Tabelle 14: Vergleich der Speziesidentifikation mit MALDI-TOF MS und dem API Coryne Testsystem

Nr.	Ursprungs-material	Speziesidentifikation mit MALDI-TOF MS	Score Wert	Speziesidentifikation mit API Coryne	Nummerischer Code	Morphologie, ggf. CAMP-Test	vorliegende Spezies
497	Wundabstrich	*Corynebacterium jeikeium* 30_CIP 103337 ISB	1,971	*Corynebacterium jeikeium*	2100304 Wdh.	milchig-glänzend, lipophil	*Corynebacterium jeikeium*
498	Abstrich Nase	*C. pseudodiphtheriticum* ATCC 10701 THL	2,377	*Corynebacterium pseudodiphtheriticum*	3101004	milchig, matt-glänzend	*Corynebacterium pseudodiphtheriticum*
499	Wundabstrich Stumpf	*C. striatum* MB_8820_05 THL	2,298	*C. striatum / amycolatum*	3100105	creme, glänzend	*Corynebacterium striatum*
500	Trachealsekret	*C. striatum* MB_8820_05 THL	2,462	*C. striatum / amycolatum*	3100105	creme, glänzend	*Corynebacterium striatum*
501	Abstrich Mamma	*Corynebacterium amycolatum* (PX) 25086111_MLD	2,109	*Corynebacterium jeikeium* *C. striatum / amycolatum* *C.* CDC group G	2100324	milchig, matt	*Corynebacterium amycolatum*
502	Wundabstrich Fuß	*C. striatum* MB_8820_05 THL	2,405	*C. striatum / amycolatum*	3100105	creme, glänzend	*Corynebacterium striatum*
503	Abstrich Mamma	*Corynebacterium amycolatum* 100_28_B77962_42_IBS	2,138	*C. striatum / amycolatum*	3100125	matt, milchig, trocken	*Corynebacterium amycolatum*
504	Abstrich Nase	*C. pseudodiphtheriticum* ATCC 10701 THL	2,368	*Corynebacterium pseudodiphtheriticum*	5001004	milchig, matt-glänzend	*Corynebacterium pseudodiphtheriticum*
505	Abstrich Abdomen	*Aeromonas schubertii* CECT 4240T_DSM	1,416	*C. striatum / amycolatum* *Rhodococcus* sp. *C. pseudotuberculosis* *Corynebacterium urealyticum* *Corynebacterium bovis*	2111104 (?)	weiß, glänzend; CAMP-Test neg.	*Corynebacterium* sp. (partielle 16S rRNA Gen-Sequenzierung)
506	Wundabstrich Großzehe	*Dermabacter hominis* 126_x_B25504_60_IBS	1,988	*Dermabacter hominis*	4570765	weiß, glänzend	*Dermabacter hominis*
507	Wundabstrich	*Corynebacterium tuberculostearicum* DSM 44922_DSM	1,752	*Corynebacterium jeikeium* *C.* CDC group G *C. striatum / amycolatum* *Brevibacterium* sp.	6100304 Wdh.	lipophil	*Corynebacterium tuberculostearicum*

Fortsetzung Tabelle 14: Vergleich der Speziesidentifikation mit MALDI-TOF MS und dem API Coryne Testsystem

Nr.	Ursprungs-material	Speziesidentifikation mit MALDI-TOF MS	Score Wert	Speziesidentifikation mit API Coryne	Nummerischer Code	Morphologie, ggf. CAMP-Test	vorliegende Spezies
508	Wundabstrich	*Corynebacterium amycolatum* (PX) 25086111_MLD	2,114	*Corynebacterium jeikeium* *C. striatum / amycolatum* *C.* CDC group G	2100324	matt, milchig	*Corynebacterium amycolatum*
509	Abstrich Mamma	*Corynebacterium amycolatum* 100_28_B77962_42_IBS	2,109	*Corynebacterium jeikeium* *Coryn. striatum/ amycolatum*	2100326	matt, milchig,	*Corynebacterium amycolatum*
510	Wundabstrich	*Corynebacterium striatum* 23086514_MLD	2,414	*C.* CDC group G *C. striatum / amycolatum* *Corynebacterium jeikeium*	2100305 (Zink: 3100305)	creme, glänzend	*Corynebacterium simulans**
511	Abstrich Ulkus	*C. striatum* MB_8820_05 THL	2,384	*C. striatum / amycolatum*	3100105	creme, glänzend	*Corynebacterium striatum*
513	Wundabstrich	*Dermabacter hominis* DSM 7083_DSM	1,951	*Dermabacter hominis* *Cellulomonas* sp. / *Microbacterium* sp.	6570365 (?)	grau-weiß, glänzend	*Dermabacter hominis*
514	Sputum	*C. striatum* 23086514_MLD	2,403	*C. striatum / amycolatum*	3100105	creme, glänzend	*Corynebacterium striatum*
516	Abstrich Ulkus	*C. striatum* MB_8820_05 THL	2,424	*C. striatum / amycolatum*	2100105 (Zink: 3100105)	creme, glänzend; CAMP-Test positiv	*Corynebacterium simulans**
517	Sputum	*Corynebacterium propinquum* 80_D4 coll_ISB	2,377	*Corynebacterium pseudodiphtheriticum*	3001004	milchig, matt-glänzend, griseliger Belag	*Corynebacterium pseudodiphtheriticum*
518	Abstrich Nase	*Corynebacterium propinquum* 80_D4 coll_ISB	2,455	*Corynebacterium pseudodiphtheriticum*	3101004	milchig, matt-glänzend, griseliger Belag	*Corynebacterium pseudodiphtheriticum*
519	Abstrich Auge	*C. pseudodiphtheriticum* ATCC 10701 THL	2,419	*Corynebacterium pseudodiphtheriticum*	3101004	milchig, matt-glänzend, griseliger Belag	*Corynebacterium pseudodiphtheriticum*
520	Abstrich Ulkus	*C. striatum* 23086514_MLD	2,284	*C. striatum / amycolatum*	3100105	creme, glänzend	*Corynebacterium striatum*

Fortsetzung Tabelle 14: Vergleich der Speziesidentifikation mit MALDI-TOF MS und dem API Coryne Testsystem

Nr.	Ursprungs-material	Speziesidentifikation mit MALDI-TOF MS	Score Wert	Speziesidentifikation mit API Coryne	Nummerischer Code	Morphologie, ggf. CAMP-Test	vorliegende Spezies
522	Trachealsekret	*C. accolens* x_x_28779_H_IBS	1,904	*C.* CDC group G *C. striatum / amycolatum* *Corynebacterium jeikeium*	7100304 Wdh.	lipophil	*Corynebacterium tuberculostearicum*
523	Wundabstrich Unterschenkel	*C. striatum* 23086514_MLD	2,345	*C. striatum / amycolatum* *Corynebacterium jeikeium* *C.* CDC group G	3100304	grau-weiß, glänzend	*Corynebacterium striatum*
524	Katheterspitze zentraler Venenkatheter (ZVK)	*C. amycolatum* (PX)25086111_MLD	2,080	*C. striatum / amycolatum* *C.* CDC group F-1	3101325	matt, milchig	*Corynebacterium amycolatum*
525	Abstrich	*C. amycolatum* (PX)25086111_MLD	2,059	*C. striatum / amycolatum* *C.* CDC group G	3100225	matt, milchig	*Corynebacterium amycolatum*
526	Abstrich Fistel Steiß	*C. amycolatum* (PX)25086111_MLD	2,127	*C. striatum / amycolatum* *C. pseudotuberculosis* *Corynebacterium jeikeium*	2101324	matt, milchig; CAMP-Test neg.	*Corynebacterium amycolatum*
527	Bronchialsekret	*Corynebacterium striatum* MB_8820_05 THL	2,411	*C. striatum / amycolatum*	3100105	grau-weiß, glänzend	*Corynebacterium striatum*
528	Wundabstrich	*C. amycolatum* (PX)25086111_MLD	2,207	*C. striatum / amycolatum* *Corynebacterium jeikeium* *Brevibacterium* sp. *C.* CDC group G	3100224 (?)	matt, milchig	*Corynebacterium amycolatum*
529	keine Daten	*Dermabacter hominis* 126_x_B25504_60_IBS	2,040	*Dermabacter hominis*	4570365	grau-weiß, glänzend	*Dermabacter hominis*
530	Wundabstrich	*Arcanobacterium pyogenes* DSM 20594_DSM	1,421	*Arcanobacterium pyogenes*	5712760	grau-weiß, glänzend, Beta-Hämolyse	*Arcanobacterium pyogenes*
531	Wundabstrich	*C. amycolatum* (PX)25086111_MLD	2,044	*C. striatum / amycolatum* *C.* CDC group G	3100325	matt-weiß, trocken	*Corynebacterium amycolatum*

Fortsetzung Tabelle 14: Vergleich der Speziesidentifikation mit MALDI-TOF MS und dem API Coryne Testsystem

Nr.	Ursprungs-material	Speziesidentifikation mit MALDI-TOF MS	Score Wert	Speziesidentifikation mit API Coryne	Nummerischer Code	Morphologie, ggf. CAMP-Test	vorliegende Spezies
532	Abstrich Nase	*Corynebacterium minutissimum* 99_25_CCUG27045_41_IBS	1,785	*C. striatum / amycolatum* Mögl. von *C. minutissimum*	2100125	grau-weiß, glänzend	*Corynebacterium minutissimum*
534	Wundabstrich Nase	*C. accolens* x_x_28779_H_IBS	2,130	*Corynebacterium accolens*	5000204 (?)	lipophil	*Corynebacterium accolens*
535	Wundabstrich	*C. striatum* MB_8820_05 THL	2,269	*Coryn. striatum/ amycolatum*	3100105	creme, glänzend	*Corynebacterium striatum*
536	Wundabstrich	*Staphylococcus aureus* subsp. *aureus* DSM 20491	1,554	*Corynebacterium jeikeium* *C.* CDC group G *C. striatum / amycolatum* *Brevibacterium* sp.	6100304	grau-weiß, glänzend; CAMP-Test neg.	*Pseudoclavibacter* sp.** (partielle 16S rRNA Gen-Sequenzierung)
537	Wundabstrich Sinus pilonidalis	*Corynebacterium amycolatum* 100_28_B77962_42_IBS	2,095	*Corynebacterium jeikeium* *C. striatum / amycolatum* *C.* CDC group G	2100324	matt, milchig	*Corynebacterium amycolatum*
538	Wundabstrich	*C. striatum* 23086514_MLD	2,281	*C. striatum / amycolatum*	3100105	creme, glänzend	*Corynebacterium striatum*
539	Wundabstrich	*Salmonella* sp. *(enterica SeroVar anatum)* 11 LAL	1,349	*Corynebacterium jeikeium*	2100204	grau-weiß, glänzend	*Brevibacterium* sp.^ (partielle 16S rRNA Gen-Sequenzierung)
540	Wundabstrich Nase	*Corynebacterium accolens* x_x_28779_H_IBS	1,683	*C. striatum / amycolatum* *Corynebacterium jeikeium* *C.* CDC group G	3100304 Wdh.	lipophil	*Corynebacterium tuberculostearicum*
541	Wundabstrich	*Corynebacterium propinquum* 80_D4 coll_ISB	2,289	*Corynebacterium pseudodiphtheriticum*	7101004	milchig, matt-glänzend	*Corynebacterium pseudodiphtheriticum*
542	Abstrich Abszeß perianal	*Corynebacterium simulans* DSM 44415_DSM	2,203	*C.* CDC group G *C. striatum / amycolatum*	3100305	grau-weiß, glänzend; CAMP-Test positiv	*Corynebacterium striatum*

Fortsetzung Tabelle 14: Vergleich der Speziesidentifikation mit MALDI-TOF MS und dem API Coryne Testsystem

Nr.	Ursprungs-material	Speziesidentifikation mit MALDI-TOF MS	Score Wert	Speziesidentifikation mit API Coryne	Nummerischer Code	Morphologie, ggf. CAMP-Test	vorliegende Spezies
543	Wundabstrich Hand	*Microbacterium maritypicum* DSM 12512T DSM	2,349	*Brevibacterium* sp. *Arcanobacterium haemolyticum*	6510164	gelb, kleine Kolonien, langsames Wachstum	*Microbacterium* sp.^ (partielle 16S rRNA Gen-Sequenzierung)
544	Trachealsekret	*C. striatum* MB_8820_05 THL	2,340	*C. striatum / amycolatum*	3100105	creme, glänzend	*Corynebacterium striatum*

Danksagung

An erster Stelle danke ich dem Betreuer dieser Arbeit, Herrn Prof. Dr. med. Guido Funke, dass er mir dieses interessante Dissertationsthema vorgeschlagen hat und dass er mir hierfür seine wertvolle Stammsammlung zur Verfügung gestellt hat. Ohne seine unermüdliche Motivation, seine wertvollen Diskussionen, sein enormes Fachwissen und letztendlich sein intensives Korrekturlesen wäre diese Arbeit nicht möglich gewesen.
Weiter danke ich allen Mitarbeiterinnen und Mitarbeitern der Abteilung Mikrobiologie des MVZ Labor Dr. Gärtner & Kollegen, Ravensburg, für das Sammeln der Routineisolate über viele Wochen und für die freundliche, immer hilfsbereite, gute Arbeitsatmosphäre im Labor. Insbesondere danke ich den Mikrobiologen Frau Martina Böhringer für ihre vielen wertvollen Ratschläge und Herrn Dr. hum. biol. Reinhard Frodl für seine Hilfe bei allen molekularbiologischen Methoden.
Letztendlich danke ich meinen lieben Eltern, ohne deren ausdauernde Ermunterungen ich diese Arbeit nicht in Angriff genommen hätte.

Cornela Waibel
Januar 2012

Lebenslauf aus Gründen des Datenschutzes entfernt.