

# VALUTAZIONE DEL RUOLO DI BERGEYELLA ZOOHELUM NEL COMPLESSO DELLA MALATTIA RESPIRATORIA DEL SUINO

## *EVALUATION OF BERGEYELLA ZOOHELUM'S ROLE IN THE PORCINE RESPIRATORY DISEASE COMPLEX*

PUPILLO G., BARISELLI S., TORRI D., GHERPELLI Y., DE LORENZI G., DOTTORI M.

*Istituto zooprofilattico sperimentale della Lombardia e dell'Emilia Romagna – sezione di Reggio Emilia*

**Parole chiave:** Bergeyella, PRDC, microbiota

**Keywords:** Bergeyella, PRDC, microbiote

### **RIASSUNTO**

*Bergeyella zoohelcum* è un bacillo, gram-negativo, catalasi ed ossidasi positivo, appartenente alla famiglia Weeksellaceae, noto in medicina umana per essere il responsabile di rari ma gravi casi clinici, legati soprattutto a ferite da morso di cani e gatti. Il ruolo in medicina veterinaria non è noto, con rare segnalazioni in forme morbose legate all'isolamento da gatti e suini con sintomatologia respiratoria. Maggiori informazioni si hanno sul riscontro di *Bergeyella* nella normale flora orale, nasale e delle basse vie respiratorie in diverse specie animali, compreso il suino. In questo studio retrospettivo riportiamo l'isolamento di 5 ceppi di *B. zoohelcum* da carcasse e visceri di suino, conferiti presso la sezione di Reggio Emilia dell'Istituto Zooprofilattico Sperimentale della Lombardia e dell'Emilia-Romagna (IZSLER) durante l'anno 2022, riportanti in anamnesi segni respiratori e presentanti all'esame anatomopatologico lesioni macroscopiche ascrivibili al complesso della malattia respiratoria del suino (PRDC). Alla luce di recenti studi che dimostrano la presenza di *B. zoohelcum* nelle vie aeree, dell'individuazione di alcuni fattori di virulenza e profili di antimicrobicoresistenza uniti alla crescente attenzione al microbiota ed alle sue modificazioni in risposta a stimoli di diversa natura cui gli esseri viventi possono essere sottoposti, discutiamo il possibile ruolo che *B. zoohelcum* può avere come agente eziologico del PRDC o come indicatore di dismicrobismo delle vie aeree.

### **ABSTRACT**

*Bergeyella zoohelcum* is a rod shaped bacteria, gram-negative stain, catalase and oxidase positive, member of the family Weeksellaceae, known in human medicine as responsible of rare but severe human clinical cases, mostly related to dogs and cats bites. Its role in veterinary medicine is not yet been clarified, due to lack of information as causative agent of infection, to date isolated only from cats and swine presenting respiratory signs. Much more information is available on the presence of *Bergeyella* in oral, nasal and respiratory low tract microflora in different animal species, including pigs. In this retrospective study we report the isolation of *B. zoohelcum* strains from carcasses and swine organs, analyzed by the Reggio Emilia department of *Istituto Zooprofilattico Sperimentale della Lombardia e dell'Emilia-Romagna* during 2022, presenting as anamnestic data respiratory signs and macroscopic lesions referable to Porcine respiratory disease complex (PRDC). Considering recent studies reporting the presence of *B. zoohelcum* in swine airways, the presence of some virulence factors and antimicrobial resistance profile and considering the growing attention to the microbiota and its modifications when the organism is exposed to different kind of stressors, the possible role of *B. zoohelcum* as new etiological agent in the PRDC or as airways dismicrobism indicator is discussed.

## INTRODUZIONE

Le informazioni sul normale microbiota delle vie respiratorie del suino ed ancor di più sulle modifiche dello stesso, in risposta a diversi fattori, non sono ancora approfonditamente state studiate. In generale, lo studio del microbiota di diversi sistemi ed apparati in primo luogo dell'uomo, ma anche di molte specie animali di interesse zootecnico e non, stanno portando alla luce nuove e interessanti informazioni, utilizzabili in ambito di valutazione del benessere e/o in ottica di diagnostica (Pirolo et al, 2021). Dato il numero di microrganismi che risiedono nell'apparato digerente, questo risulta il distretto anatomico più studiato, ma sempre più, anche grazie all'avanzamento delle tecnologie usate a fini di ricerca, gli altri apparati sono oggetto di approfondimenti. Il microbioma respiratorio del suino è stato recentemente indagato da alcuni studi che hanno valutato la flora batterica delle alte e delle basse vie respiratorie, sia in animali sani che affetti da malattia respiratoria (Pirolo et al., 2021). L'interesse deriva dal grave impatto che il complesso della malattia respiratoria del suino (PRDC) ha nella suinicoltura mondiale, trattandosi per di più di una condizione ad eziologia multifattoriale sia dal punto di vista microbiologico che ambientale/gestionale (Opriessnig, 2011). I microrganismi coinvolti nel PRDC sono ripartibili in agenti primari rappresentati da *Mycoplasma hyopneumoniae*, Porcine Respiratory and Reproductive Syndrome Virus (PRRS), Virus dell'influenza suina (SIV), Circovirus suino di tipo 2 (PCV2) e Virus della Malattia di Aujeszky (MA) e agenti secondari come *Pasteurella multocida*, *Streptococcus suis*, *Glaesserella parasuis*, *Bordetella bronchiseptica*, *Trueperella pyogenes* e *Actinobacillus pleuropneumoniae* (Brockmeier et al., 2002). Non rientra tra questi *Bergeyella zoohelcum*, batterio associato principalmente a rari ma gravi casi clinici umani come ascessi, setticemie e celluliti a seguito di morsi da cane e gatto (Lin et al., 2007; Montejo et al., 2001; Reina e Borrell, 1992). In medicina veterinaria, *B. zoohelcum* è stato dimostrato far parte del normale microbiota nasale ed orale del cane, del gatto e di altri mammiferi, tra cui il suino (Bailie et al., 1978; Talan et al., 1999; Arriba et al., 2018), ma ad oggi sono stati riportati in patologia veterinaria solamente l'isolamento da tampone nasale di gatto e di suini presentanti sintomatologia respiratoria (Decoster et al., 2002; Zamora et al., 2016). *B. zoohelcum* è un bacillo Gram-negativo, non sporigeno, ossidasi e catalasi positivo, conosciuto fino al 1994 come *Weeksella zoohelcum*, con l'introduzione, su proposta di Vandamme, del genere *Bergeyella* (Vandamme et al., 1994), cui sono state recentemente assegnate altre 2 specie: *B. porcorum* e *B. cardium* (Sohn et al., 2015; Zamora et al., 2016). In patologia suina, al giorno d'oggi, non è un batterio ricercato nella routine diagnostica né si hanno molti dati in bibliografia a supporto del suo potenziale patogeno. In questo studio retrospettivo si descrive l'isolamento di *B. zoohelcum* in 5 diversi conferimenti di carcasse e visceri di suino, conferiti presso la sezione di Reggio Emilia dell'IZSLER nel 2022, da aziende del Nord Italia, presentanti in anamnesi sintomi riferibili a patologia respiratoria e lesioni anatomopatologiche macroscopiche ascrivibili al PRDC.

## MATERIALI E METODI

Sono stati inclusi nello studio retrospettivo 5 conferimenti di visceri e carcasse di suino, consegnati presso la sezione Reggio Emilia dell'IZSLER nell'anno 2022 per la ricerca di agenti del PRDC mediante esame batteriologico e indagini di biologia molecolare e/o conferma istologica di malattia da PCV2. Ogni isolato incluso nel lavoro corrisponde ad un singolo allevamento del Nord Italia ed in caso di isolamento da più di un campione dello stesso conferimento, è stato riportato come unico caso. Trattandosi di uno studio retrospettivo di analisi eseguite su richiesta di privati, non sono state eseguite

costantemente le stesse indagini, anche alla luce del fatto che le informazioni relative ai focolai di malattia respiratoria sono in molti casi riportati con sintomatologia differente e non sempre il conferente autorizza l'esecuzione di approfondimenti diagnostici al di fuori dei propri sospetti. Routinariamente le carcasse e/o parti di esse, sono soggette ad un esame necroscopico con approccio sistematico da cui si prelevano campioni da sottoporre alle analisi richieste.

### ***Esame colturale***

I campioni da sottoporre all'esame batteriologico, nel dettaglio il parenchima polmonare ed i bronchi, sono seminati su terreno Agar globuli addizionato con  $\beta$ -nicotinamide adenina dinucleotide (NAD) (AG+C), Hektoen enteric agar (HEA) ed agar siero (AS), questi ultimi due terreni incubati in termostato a  $37 \pm 1$  °C in condizioni di aerobiosi e, allo stesso range di temperatura, ma in condizioni di pressione parziale di CO<sub>2</sub>, 5-10% le piastre di AG+C, con una prima lettura a 24 ore seguita da un'altra, definitiva, a 48 ore. Ad entrambe le letture si riporta su un foglio di lavoro standard quanto osservato. Le colonie isolate con caratteristiche morfologiche tipiche di agenti patogeni del distretto considerato sono trapiantate e/o sottoposte ad eventuali tipizzazioni ulteriori. Se la specie batterica lo permette ne viene valutato il profilo di antibiotico sensibilità mediante individuazione della concentrazione minima inibente (MIC) in brodo. Inoltre, per i campioni oggetto di questo studio, terminato il periodo di incubazione, colonie non presenti alla prima lettura a 24 ore, ma riscontrate a 48 ore in coltura pura o preponderanti, non emolitiche, mucose, grigio-biancastre e parzialmente confluenti, presenti su AG+C e AS, non presenti su HEG, catalasi ed ossidasi positive, sono state trapiantate su Agar globuli (AG) e dopo 24 ore di incubazione tipizzate mediante spettrometria di massa "Matrix Assisted Laser Desorption Ionization – Time of flight" (MALDI-TOF).

### ***Concentrazione minima inibente (MIC)***

L'antibiogramma è stato eseguito su colonie trapiantate su AG, dopo 24 ore di incubazione a  $37 \pm 1$  °C. La metodica utilizzata è quella della MIC in brodo, utilizzando le molecole incluse nel pannello utilizzato di routine per i patogeni respiratori, riportato in tabella 2. La lettura è stata eseguita dopo 24 ore di incubazione in termostato a  $35 \pm 1$  °C.

### ***Altri approfondimenti***

Parti di tessuto, in sede necroscopica, sono stati posti in contenitori sterili per essere successivamente congelati a -20°C o fissati in formalina tamponata al 10%, rispettivamente per l'esecuzione di ricerche mediante metodi di biologia molecolare (PCR tradizionale o PCR-Real Time) o esame istologico ed immunoistochimico. Mediante PCR tradizionale sono stati ricercati: PRRSV, *A. pleuropneumoniae* e *G. parasuis*; mediante PCR-Real Time: SIV (con tipizzazione mediante PCR multiplex), *M. hyopneumoniae*, PCV2 (con metodo quantitativo). Esame istologico ed immunoistochimico eseguiti soltanto su linfonodi se presentanti una carica virale di PCV2 maggiore o uguale a  $1 \times 10^6$  copie genomiche virali/grammo.

## **RISULTATI**

I risultati sono riportati di seguito, schematicamente, sotto forma di tabella.

**Tabella 1.** Risultati ottenuti dagli accertamenti diagnostici. *M. hyopneumoniae* = *M. hyop*; *G. parasuis* = *G. para*; *A. pleuropneumoniae* = *A. pp*  
**Table 1.** Results obtained by diagnostic exams. *M. hyopneumoniae* = *M. hyop*; *G. parasuis* = *G. para*; *A. pleuropneumoniae* = *A. pp*

ID	matrice	lesioni macroscopiche	esame colturale	BIOLOGIA MOLECOLARE					
				PPRS	SIV (tipizzazione)	PCV2 (copie genomiche/g)	M. hyop	G. para (fibrina)	A. pp
1	carcassa	piccole aree di consolidamento polmonare multifocali e pleurite fibrinosa lieve diffusa	<i>B. zoohelcum</i> + <i>S. suis</i> non tipizzabile	P	P (H1N1)	-	-	P	-
2	corata	consolidamento polmonare localizzato alle aree cranio-ventrali	<i>B. zoohelcum</i>	N	P (H1N2)	-	N	-	-
3	corata	broncopolmonite catarral-purulenta alle aree cranio-ventrali	<i>B. zoohelcum</i>	N	N	8x10 <sup>6</sup>	-	-	N
4	corata	lieve pleurite fibrinosa diffusa, broncopolmonite catarral-purulenta alle aree cranio-ventrale.	<i>B. zoohelcum</i> + <i>T. pyogenes</i>	P	N	1,5x10 <sup>16</sup>	-	P	-
5	visceri	lieve splenomegalia, pleurite e pericardite fibrinosa	<i>B. zoohelcum</i>	P	-	4,1x10 <sup>6</sup>	-	-	-

**Tabella 2.** profili di antibiotico-sensibilità dei 5 ceppi di *B. zoohelcum*: valori di MIC e range di concentrazione antibiotiche testate.

**Table 2.** Antibiotic sensitivity profile of the 5 *B. zoohelcum* strains: MIC values and concentrations range tested.

Molecola (range di concentrazione testato)	Isolato				
	1	2	3	4	5
Amoxicillina + Ac.Clavulanico (0,0625-16 µg/mL)	0,5	0,25	1	0,5	2
Ampicillina (0,015625-16 µg/mL)	8	1	2	4	4
Ceftiofur (0,0625-8 µg/mL)	0,5	≤0,0625	0,125	≤0,0625	≤0,0625
Enrofloxacin (0,03125-2 µg/mL)	>2	≤0,03125	≤0,03125	≤0,03125	≤0,03125
Florfenicolo (0,25-8 µg/mL)	2	≤0,25	0,5	≤0,25	≤0,25
Flumequina (2-16 µg/mL)	>16	≤2	≤2	≤2	≤2

## DISCUSSIONE

Nell'anno 2022, presso la sezione di Reggio Emilia dell'IZSLER è stata isolata *B. zoohelcum* da parenchima polmonare suino di 5 diversi conferimenti. Si tratta di una numerosità molto bassa comparata al numero di esami svolti presso la suddetta sezione, ma l'isolamento è stato preso in considerazione ed approfondito poiché la crescita batterica è risultata abbondante e in purezza (eccezion fatta per il campione 1 e 4). Il criterio di abbondanza e purezza di una specie batterica all'esame colturale si applica routinariamente in campo diagnostico, soprattutto laddove si valutino distretti anatomici con una normale flora batterica residente; pertanto l'applicazione di questi criteri permette di dare rilevanza o meno a una crescita batterica osservata, unendo anche i dati anamnestici e anatomopatologici. In tutti i casi all'esame anatomopatologico erano state osservate lesioni macroscopiche ascrivibili al

PRDC e da ulteriori approfondimenti diagnostici eseguiti su richiesta del conferente, da tutti i campioni è stato individuato un microrganismo rientrante tra i comuni agenti eziologici del PRDC. Come riportato in Tabella 1 il campione 2 presenta positività per SIV H1N2; il campione 3 positività per PCV2 ( $8 \times 10^6$  copie genomiche virali/g); il campione 5 positività per PRRSV e PCV2 ( $4,1 \times 10^6$  copie genomiche virali/g); in questo caso è stata eseguita anche la conferma istologica a livello linfonodale che ha messo in luce un quadro di Ciroviroosi subclinica. Dal campione 1, presentante pleurite fibrinosa ed aree multifocali di consolidamento polmonare, è stata messa in evidenza la presenza di PRRSV, SIV H1N1, *S. suis* non tipizzabile sierologicamente da parenchima polmonare e *G. parasuis* da fibrina (PCR). Quest'ultimo reperto, unito a positività per PRRSV, PCV2 ( $1,5 \times 10^{16}$  copie genomiche virali/g) e *T. pyogenes* sono stati isolati anche dal campione 4 anch'esso presentante pleurite fibrinosa e broncopolmonite catarrale-purulenta.

Correa fitz e collaboratori, riportano che il microbiota nasale, e dunque delle alte vie respiratorie, influenza lo sviluppo di malattia da *G. parasuis* e che il phylum *Bacteroidetes* (cui appartiene *Bergeyella*) è particolarmente presente nelle prime vie aeree di suini sani (2016). Questo importante aumento in termini di numerosità, che rendono *B. zoohelcum* coltivabile in condizioni purezza o quasi, potrebbe essere indicativo di un importante dismicrobismo, derivante da fattori stressanti cui il suino può essere sottoposto e che ha, in concomitanza, determinato la manifestazione di sierosite da *G. parasuis*. Come è ormai noto, infatti, un forte squilibrio del microbiota, derivante da fattori intrinseci ed estrinseci (*stressors*) può essere il punto chiave per l'instaurarsi di un'infezione. Anche gli studi che hanno interessato le basse vie respiratorie, quelle oggetto dei dati da noi esposti, riportano che il phylum *Bacteroidetes* è tra i phyla più presenti in questo distretto in animali considerati sani (Huang et al., 2019, Siqueira et al., 2017). Le valutazioni del microbiota delle basse vie respiratorie in soggetti affetti dal PRDC, ha portato alla luce un aumento della biomassa totale contenuta nei liquidi broncoalveolari, ma una netta riduzione della diversità numerica delle specie presenti (Huang et al 2019). Tra queste le specie microbiche più abbondanti risultano essere micoplasmi ed ureaplasmi, ed al contempo si osserva una riduzione di specie considerate benefiche per il distretto considerato, come *Lactococcus* spp. e *Lactobacillus* spp. (Pirolo et al., 2021). Mentre questi studi sono condotti mediante metodiche molecolari, l'esame batteriologico eseguito nella routine diagnostica permette di coltivare soltanto alcuni dei microrganismi riscontrati (es. *Bergeyella*), che di fronte ad una riduzione di *competitors* possono prendere il sopravvento sulla restante flora microbica, crescendo in purezza all'esame culturale.

I dati di MIC ottenuti non sono stati interpretati, in quanto non sono disponibili Breakpoint (BP) riferibili a questa specie batterica né alla famiglia di appartenenza. Sebbene valutazioni anche solo parziali, visti i valori ottenuti, non sarebbero corrette in quanto non sono note resistenze intrinseche e/o inefficacia dei trattamenti in vivo, alcuni studi su altre specie animali riportano sensibilità ai  $\beta$ -lattamici e ai chinoloni, in linea con i profili da noi riportati (Shukla et al., 2003; Beltran et al., 2006). Arriba e collaboratori, riportano soltanto l'interpretazione del risultato ottenuto in ceppi di origine suina e non i valori di MIC osservati (2018). Ciò non permette un confronto corretto, ma solo delle considerazioni, che mettono in luce concordanza nella valutazione della elevata frequenza di sensibilità al ceftiofur, all'ampicillina e all'associazione amoxicillina-acido clavulanico e della frequente resistenza dei ceppi testati alla tulatromicina.

Basandoci sulle lesioni osservate e sull'esito dell'esame culturale, *B. zoohelcum* è stato refertato e sottoposto alla valutazione di antibiotico sensibilità mediante MIC, nonostante non si abbiano BP in medicina veterinaria, in quanto altri ceppi di *B. zoohelcum* ed una nuova specie correlata, *B. porcorum*, sono stati isolati da suini con segni clinici indicativi di malattia respiratoria (Zamora et al., 2016). Arriba e colleghi hanno inoltre valutato la presenza di

fattori di virulenza ed i profili di antibiotico-suscettibilità di alcuni ceppi di *Bergeyella*, isolati dalle cavità nasali di suini di 3-4 settimane di vita e di 1 cinghiale (2018). I risultati ottenuti hanno dimostrato la presenza di alcuni dei fattori di virulenza valutati (resistenza al siero e alla fagocitosi, la presenza di capsula e capacità di aderire alle mucose) che uniti al profilo, non costante, di resistenze multiple ad antimicrobici, portano ad attribuire a *B. zoohelcum* e *B. porcorum* un potenziale potere patogeno (Arriba et al., 2018).

## CONCLUSIONI

Ulteriori studi sono necessari per chiarire il potenziale ruolo patogeno di *B. zoohelcum* nel PRDC. Per ottenere informazioni più chiare è necessario associare all'esame batteriologico approfondimenti diagnostici come l'esame istologico e immunoistochimico e la ricerca di fattori di virulenza dei ceppi isolati.

In caso di mancata conferma del ruolo patogeno, di fronte ad abbondante crescita batterica all'esame colturale associato a lesioni macroscopiche riferibili a PRDC, *B. zoohelcum* potrebbe essere interpretato come indicatore di dismicrobismo delle basse vie aeree. Non si esclude che studi futuri sul microbiota dell'apparato respiratorio del suino mettano in luce che questo microorganismo, rientrando tra quelli coltivabili senza particolari metodiche nella routine diagnostica possa essere rappresentativo dell'esposizione dell'animale a determinati *stressors*. Questo è stato già evidenziato dalla letteratura esistente per altri microrganismi, mostrando come diversi stimoli (trattamenti antibiotici, livelli di ammoniaca ambientali, tipo di alimentazione etc.) possano determinare la selezione della flora microbica a favore di determinati phyla e famiglie (Pirolo et al., 2021).

## BIBLIOGRAFIA

1. Pirolo, M., Espinosa-Gongora, C., Bogaert, D., & Guardabassi, L. (2021). The porcine respiratory microbiome: recent insights and future challenges. *Animal Microbiome*, 3(1), 1-13.
2. de Arriba, M. L., Lopez-Serrano, S., Galofre-Mila, N., & Aragon, V. (2018). Characterisation of *Bergeyella* spp. isolated from the nasal cavities of piglets. *The Veterinary Journal*, 234, 1-6.
3. Zamora, L., Domínguez, L., Fernández-Garayzábal, J. F., & Vela, A. I. (2016). *Bergeyella porcorum* sp. nov., isolated from pigs. *Systematic and applied microbiology*, 39(3), 160-163.
4. Beltran, A., Bdiwi, S., Jani, J., Recco, R. A., Go, E. E., & Zaman, M. M. (2006). A case of *Bergeyella zoohelcum* bacteremia after ingestion of a dish prepared with goat blood. *Clinical infectious diseases*, 42(6), 891-892.
5. Shukla, S. K., Paustian, D. L., Stockwell, P. J., Morey, R. E., Jordan, J. G., Levett, P. N., ... & Reed, K. D. (2004). Isolation of a fastidious *Bergeyella* species associated with cellulitis after a cat bite and a phylogenetic comparison with *Bergeyella zoohelcum* strains. *Journal of Clinical Microbiology*, 42(1), 290-293.
6. Huang, T., Zhang, M., Tong, X., Chen, J., Yan, G., Fang, S., & Ai, H. (2019). Microbial communities in swine lungs and their association with lung lesions. *Microbial biotechnology*, 12(2), 289-304.
7. Correa-Fiz, F., Gonçalves dos Santos, J. M., Illas, F., & Aragon, V. (2019). Antimicrobial removal on piglets promotes health and higher bacterial diversity in the nasal microbiota. *Scientific reports*, 9(1), 1-9.
8. Decostere, A., Devriese, L. A., Ducatelle, R., & Haesebrouck, F. (2002). *Bergeyella* (*Weeksellia*) *zoohelcum* associated with respiratory disease in a cat. *The Veterinary Record*, 151(13), 392.
9. Vandamme, P., Bernardet, J. F., Segers, P., Kersters, K., & Holmes, B. (1994). New Perspectives in the Classification of the Flavobacteria: Description of *Chryseobacterium* gen. nov., *Bergeyella* gen. nov., and *Empedobacter* nom. rev. *International journal of systematic bacteriology*, 44(4), 827-831.

10. Bailie, W. E., Stowe, E. C., & Schmitt, A. M. (1978). Aerobic bacterial flora of oral and nasal fluids of canines with reference to bacteria associated with bites. *Journal of clinical microbiology*, 7(2), 223-231.
11. Talan, D. A., Citron, D. M., Abrahamian, F. M., Moran, G. J., & Goldstein, E. J. (1999). Bacteriologic analysis of infected dog and cat bites. *New England Journal of Medicine*, 340(2), 85-92.
12. Opriessnig, T., Giménez-Lirola, L. G., & Halbur, P. G. (2011). Polymicrobial respiratory disease in pigs. *Animal Health Research Reviews*, 12(2), 133-148.
13. Brockmeier, S. L., Halbur, P. G., & Thacker, E. L. (2002). Porcine respiratory disease complex. *Polymicrobial diseases*, 231-258.
14. Lin, W. R., Chen, Y. S., & Liu, Y. C. (2007). Cellulitis and bacteremia caused by *Bergeyella zoohelcum*. *Journal of the Formosan Medical Association*, 106(7), 573-576.
15. Montejo, M., Aguirrebengoa, K., Ugalde, J., Lopez, L., Nieto, J. A. S., & Hernández, J. L. (2001). *Bergeyella zoohelcum* bacteremia after a dog bite. *Clinical Infectious Diseases*, 33(9), 1608-1609.
16. Reina, J., & Borrell, N. (1992). Leg abscess caused by *Weeksella zoohelcum* following a dog bite. *Clinical infectious diseases*, 14(5), 1162-1163.
17. Siqueira, F. M., Pérez-Wohlfeil, E., Carvalho, F. M., Trelles, O., Schrank, I. S., Vasconcelos, A. T. R., & Zaha, A. (2017). Microbiome overview in swine lungs. *PLoS One*, 12(7), e0181503.
18. Sohn, K. M., Huh, K., Baek, J. Y., Kim, Y. S., Kang, C. I., Peck, K. R. & Chung, D. R. (2015). A new causative bacteria of infective endocarditis, *Bergeyella cardium* sp. nov. *Diagnostic Microbiology and Infectious Disease*, 81(3), 213-216.