



Enfermedades Infecciosas y Microbiología Clínica

www.elsevier.es/eimc



Original breve

Infecciones por *Vagococcus* spp. Aspectos microbiológicos y clínicos y revisión de la literatura



Laura Racero^a, Claudia Barberis^a, Germán Traglia^a, María Susana Loza^b, Carlos Vay^a y Marisa Almuzara^{a,b,*}

^a Universidad de Buenos Aires, Facultad de Farmacia y Bioquímica, Laboratorio de Bacteriología, Cátedra de Microbiología Clínica, Hospital de Clínicas José de San Martín, Ciudad Autónoma de Buenos Aires, Argentina

^b Hospital Interzonal de Agudos Eva Perón, San Martín, Provincia de Buenos Aires, Argentina

INFORMACIÓN DEL ARTÍCULO

Historia del artículo:

Recibido el 16 de marzo de 2020

Aceptado el 10 de junio de 2020

On-line el 26 de julio de 2020

Palabras clave:

Vagococcus spp.

Patógeno emergente

Diabetes mellitus

Infección de piel y partes blandas

Infecciones osteoarticulares

Espectrometría de masas (MALDI-TOF MS)

R E S U M E N

Introducción: En los últimos años un aumento en la frecuencia de aislamiento de *Vagococcus* spp. estaría indicando la urgencia de la infección por este patógeno en nuestra institución.

Métodos: Estudio prospectivo y descriptivo que abarca el periodo de julio de 2014 a enero de 2019. La identificación fenotípica de 15 aislados de *Vagococcus* spp. se realizó por pruebas bioquímicas convencionales, por metodología automatizada y por espectrometría de masas (MALDI-TOF MS). La identificación molecular por secuenciación del gen ARNr 16S. La sensibilidad antibiótica fue realizada utilizando el sistema automatizado Vitek® 2C.

Resultados: Se identificaron 11 *Vagococcus fluvialis*, un *Vagococcus lutrae* y tres *Vagococcus* spp. por metodología molecular. MALDI-TOF MS permitió el rápido reconocimiento de este género. Los antibióticos más activos fueron ampicilina, trimetoprima/sulfametoxazol, vancomicina, teicoplanina y linezolid.

La mayoría de los aislamientos se asociaron con infecciones en la piel y partes blandas u osteoarticulares en pacientes diabéticos.

Conclusión: Esta comunicación representa la mayor revisión de casos de infecciones por *Vagococcus* spp. reportados en la literatura, en la que se destacan los aspectos microbiológicos y clínicos de este patógeno.

© 2020 Elsevier España, S.L.U.

y Sociedad Española de Enfermedades Infecciosas y Microbiología Clínica. Todos los derechos reservados.

Infections due to *Vagococcus* spp. Microbiological and clinical aspects and literature review

A B S T R A C T

Introduction: An increase in recent years in the isolation of *Vagococcus* spp. is suggestive of emerging infection by this pathogen in our hospital.

Methods: Prospective, descriptive study. Period: July 2014-January 2019. Phenotypic identification of 15 isolates of *Vagococcus* spp. was performed by conventional biochemical tests, automated methodology and mass spectrometry (MALDI-TOF MS). Molecular identification was achieved by sequencing the 16S rRNA gene. The Vitek™ 2C automated system was used to test antibiotic susceptibility.

Results: The molecular method identified 11 *Vagococcus fluvialis*, one *Vagococcus lutrae* and three *Vagococcus* spp. MALDI-TOF MS facilitated the rapid recognition of the genus. The most active antibiotics were ampicillin, trimethoprim/sulfamethoxazole, vancomycin, teicoplanin and linezolid. Most of the cases of isolation were associated with skin and soft tissue or osteoarticular infections in patients with diabetes.

Keywords:

Vagococcus spp.

Emerging pathogen

Diabetes mellitus

Skin and soft tissue infection

Osteoarticular infections

Mass spectrometry (MALDI-TOF MS)

* Autor para correspondencia.

Correo electrónico: marisaalmuzara@gmail.com (M. Almuzara).

Conclusion: This article is the most extensive review of cases of *Vagococcus* spp. infection reported in the literature and highlights the microbiological and clinical aspects of this pathogen.

© 2020 Elsevier España, S.L.U. and Sociedad Española de Enfermedades Infecciosas y Microbiología Clínica. All rights reserved.

Introducción

Vagococcus spp. es un género de cocos gram positivos catalasa negativa, anaerobios facultativos y comprende 14 especies¹, de las cuales sólo *Vagococcus salmoninarum* y *Vagococcus fluvialis* han sido asociados a enfermedad infecciosa en animales. *V. fluvialis* ha sido aislado de lesiones en cerdos, en ganado vacuno, en gatos y en caballos, mientras que *V. salmoninarum* en peces salmónidos enfermos de peritonitis². Sin embargo, su importancia como patógenos humanos, permanece incierta, ya que en la mayoría de los casos el aislamiento es en cultivo polimicrobiano, debido a lo cual establecer el verdadero rol infeccioso de esta especie resulta difícil³. En los últimos años un aumento en la frecuencia de aislamiento de *Vagococcus* spp. a partir de muestras clínicas, nos estaría indicando la urgencia de la infección por este patógeno en nuestra institución, un hospital público de la provincia de Buenos Aires, Argentina.

El objetivo de este trabajo fue evaluar los aspectos microbiológicos y clínicos de *Vagococcus* spp. aislados a partir de muestras clínicas humanas.

Métodos

Se trata de un estudio prospectivo observacional. Se analizaron 15 aislamientos provenientes de muestras clínicas humanas (período julio 2014-enero 2019) en un centro de salud de la Provincia de Buenos Aires.

Medio sanitario: nuestra institución es un Hospital Interzonal de Agudos situado en el noreste de la provincia de Buenos Aires (Argentina) y es el hospital de mayor complejidad en la región sanitaria en la que se enclava, que abarca 14 localidades. Cuenta con 230 camas y 3 unidades de cuidados intensivos (adultos, pediátricos y neonatales). El 20% de las internaciones en el servicio de Clínica Médica son debidas a infecciones de pie diabético.

Número de muestras de partes blandas y óseas en pacientes con pie diabético: nuestro protocolo incluye la toma de tres a seis muestras, con un mínimo de tres. En la mayoría de los casos (11 de 13) se procesaron como mínimo tres muestras (partes blandas y/o óseas).

Toma de muestra: las muestras de tejido (partes blandas y óseas) fueron tomadas en el quirófano por biopsia, previo desbridamiento quirúrgico y de contaminación de la lesión o úlcera.

Identificación fenotípica: se realizó con pruebas bioquímicas convencionales, según el esquema propuesto por Christensen y Ruoff⁴, basado en las siguientes pruebas: catalasa, bilis esculina, motilidad, PYR, leucina aminopeptidasa, crecimiento en CINA 6,5%, a 45 °C y a 10 °C, y sensibilidad a vancomicina, y por el propuesto por Teixeira et al. para identificar las especies de *Enterococcus* spp.⁵ basado en la hidrólisis de arginina, la utilización del piruvato y la producción de ácido a partir de manitol, sorbitol, rafinosa, arabinosa, alfa metil glucósido glicerol y sacarosa.

La identificación se realizó también mediante el sistema automatizado Vitek® 2C (BioMérieux®) y por espectrometría de masas (MALDI-TOF MS, Bruker®, Becton Dickinson®) utilizando un instrumento Bruker Daltonics MicroFlex LT® con el software Biotyper 3.1® (Bruker Daltonics®, Bremen, Alemania). Basado en informes previos⁶⁻⁸ y en nuestros propios resultados⁹, se emplearon puntos de corte más bajos que los propuestos por el fabricante para la identificación a nivel de género y a nivel de especie: se consideró identificación correcta a nivel de género y especie cuando se obtuvo un score $\geq 1,5$ y $\geq 1,7$ respectivamente; un puntaje $< 1,5$ se

consideró no confiable. Se utilizó el criterio de validez de interpretación entre la primera especie y la siguiente distinta de los diez primeros resultados con una divergencia del 10%⁸. Si no se cumplía esta condición, la identificación se consideró correcta sólo a nivel de género⁸. La identificación por MALDI-TOF MS se consideró correcta cuando el resultado obtenido estuvo de acuerdo con los resultados de identificación obtenidos mediante la secuenciación del gen ARNr 16S.

La identificación molecular fue considerada como el *gold standard* y se llevó a cabo por amplificación por PCR del ARNr 16S, empleando Taq ADN polimerasa (Promega®) usando los cebadores descritos por Weisburg et al.¹⁰ para la obtención del producto. La secuenciación de los productos de ambas cadenas se realizó usando un BioAnalizador ABIPrism® 3100 en las instalaciones de Macro-gen Inc®. (Corea del Sur). Las secuencias se analizaron mediante BLAST (*Basic Local Alignment Search Tool*) y fueron comparadas con las secuencias disponibles en la base de datos GenBank.

Sensibilidad antibiótica: se realizó mediante el sistema automatizado Vitek® 2C (BioMérieux®) utilizando la tarjeta AST 577. Los antibióticos ensayados fueron ampicilina, trimetoprima/sulfametoxazol (TMS), eritromicina, ciprofloxacina, vancomicina, teicoplanina, minociclina, tetraciclina y linezolid. Para la interpretación de los resultados se usaron los puntos de corte establecidos por el Clinical and Laboratory Standards Institute [Instituto de Estándares Clínicos y de Laboratorio] (CLSI) para *Enterococcus* spp. excepto para el caso de eritromicina en el que se usaron aquellos fijados para *Streptococcus* grupo *viridans*¹¹.

Correlato clínico: se recabó información sobre edad, sexo, comorbilidades, tipo de infección (mono o polimicrobiana), tratamiento antibiótico instaurado y evolución, a fin de evaluar el rol de *Vagococcus* spp. en la infección humana. La jerarquización del aislamiento de *Vagococcus* spp. en cada caso fue evaluada conjuntamente entre el microbiólogo y el infectólogo. En líneas generales, *Vagococcus* spp. fue jerarquizado desde el punto de vista clínico cuando fue observado en el examen directo y aislado como único microorganismo en la muestra. Cuando se aisló formando parte de una microbiota polimicrobiana fue considerado como un patógeno oportunista, con la misma jerarquía que un estafilococo coagulasa negativa, *Streptococcus* grupo *viridans*, *Corynebacterium* spp. y *Enterococcus* spp al ser aislados en microbiota polimicrobiana¹².

Tratamiento

Los antibióticos suministrados y la vía de administración, así como la duración de cada tratamiento, varió de acuerdo a la severidad de la infección, y se muestran en la [tabla 1](#).

Resultados

La amplificación y posterior secuenciación del gen ARNr 16S identificó 11 aislamientos como *V. fluvialis*, uno como *V. lutrae* y en tres casos sólo se obtuvo la identificación molecular a nivel de género dado que esta metodología no discriminó entre *V. fluvialis* y *V. carnophilus*.

Debido a la similitud fenotípica entre las distintas especies, la identificación por pruebas bioquímicas convencionales sólo permitió la identificación a nivel de género.

Aunque la identificación por espectrometría de masas correlacionó con la identificación molecular en 11 aislados de *V. fluvialis*,

Tabla 1Características microbiológicas y clínicas de los casos con aislamiento de *Vagococcus* spp

Caso	Sexo	Edad	Muestra	Diagnóstico infeccioso	Enfermedad de base	Microbiota acompañante	Tratamiento antibiótico	Tratamiento quirúrgico	Evolución
1	M	48	Hueso, partes blandas	Osteomielitis crónica de pie. Mal perforante plantar	DBT	<i>Alcaligenes faecalis</i> , <i>Enterobacter cloacae</i> , <i>Staphylococcus haemolyticus</i>	TMS IV (14 días), luego TMS VO (3 meses)	Amputación 1° y 2° dedo de pie izquierdo	Favorable
2	M	61	Hueso	Osteomielitis crónica de pie	DBT	<i>Enterococcus faecalis</i>	Ciprofloxacina IV (empírico) luego AMS IV (14 días). Alta AMC VO (3 meses)	Amputación 4° dedo de pie izquierdo	Favorable
3	F	56	Hueso	Osteomielitis crónica de pie	DBT/Hipotiroidismo	<i>Proteus mirabilis</i> , <i>Morganella morganii</i> , <i>Aeromonas hydrophila</i> , <i>Pseudomonas aeruginosa</i>	AMS IV + ciprofloxacina IV (6 días), luego piperacilina/tazobactam IV (5 días)	Amputación infrapatelar	Favorable
4	M	54	Partes blandas	Osteomielitis de pie	DBT	<i>Klebsiella oxytoca</i> , <i>Enterococcus faecalis</i>	Sin datos	Sin datos	Favorable
5	M	61	Hueso	Osteomielitis crónica de pie	DBT	<i>Enterococcus faecalis</i>	Ciprofloxacina IV (empírico) luego AMS IV (14 días). Alta AMC VO (3 meses)	Amputación infrapatelar	Favorable
6	M	65	Hueso y partes blandas	Osteomielitis crónica de pie	DBT	<i>Morganella morganii</i> , <i>Enterococcus faecalis</i>	Vancomicina IV + piperacilina/tazobactam IV (1 día), luego se desconoce AMS IV + ciprofloxacina IV (67 días)	Amputación transmetatarsiana 3°, 4° y 5° dedo de pie derecho	Desfavorable. Se deriva a UCI de otra institución
7	F	60	Partes blandas	Osteomielitis crónica de pie	DBT	<i>Klebsiella pneumoniae</i> , <i>Morganella morganii</i> , <i>Enterococcus faecalis</i>	AMS IV + ciprofloxacina IV (67 días)	Amputación hallux, 2° y 3er dedo de pie derecho	Favorable
8	M	78	Sangre	Infección PPB /infección urinaria	DBT, cáncer de próstata, insuficiencia renal crónica	-	Piperacilina/tazobactam IV + metronidazol VO (23 días)		Obitó
9	M	75	Orina	Infección urinaria	HTA	-	AMS VO 5 días		Se desconoce
10	M	39	Hueso, partes blandas	Osteomielitis crónica de pie	DBT	<i>Enterococcus faecalis</i> , <i>Proteus mirabilis</i>	Ciprofloxacina IV + clindamicina IV; luego AMS IV + Ciprofloxacina IV (por 20 días)	Toilette quirúrgica	Favorable
11	M	78	hueso	Osteomielitis crónica de pie	Arteriopatía distal grado iv, HTA, tabaquismo, EPOC, litiasis vesicular	-	AMS IV (1 día)	Amputación transmetatarsiana	Obitó
12	M	55	Hueso, partes blandas	Osteomielitis crónica de pie	DBT	<i>Proteus mirabilis</i>	Se desconoce	Toilette quirúrgica	Favorable
13	F	47	Partes blandas	Infección sitio quirúrgico (cirugía protésica de cadera)	Artritis reumatoidea, HTA, artrosis, cirrosis biliar	<i>Proteus mirabilis</i> , <i>Staphylococcus lugdunensis</i> , <i>Enterobacter cloacae</i> (KPC), <i>Escherichia coli</i>	Meropenem IV + colistina IV + vancomicina IV, luego cefalotina IV/TMS VO (por 22 días)	Toilette quirúrgica	Favorable
14	M	51	Partes blandas	Infección PPB de pie	DBT	<i>Streptococcus agalactiae</i> , <i>Streptococcus anginosus</i>	AMS VO 7 días	Toilette quirúrgica	Favorable
15	M	53	Hueso	Osteomielitis crónica de pie	DBT	<i>Wohlfahrtiimonas chitiniclastica</i> , <i>Staphylococcus haemolyticus</i> , <i>Corynebacterium striatum</i> , <i>Escherichia coli</i>	Ciprofloxacina IV + clindamicina IV (24 días) luego TMS VO	Amputación de hallux y de 2o dedo de pie derecho	Favorable

AMC: amoxicilina-ácido clavulánico; AMS: ampicilina-sulbactam; DBT: diabetes mellitus; EPOC: enfermedad pulmonar obstructiva crónica; HTA: hipertensión arterial; IV: administración endovenosa; PPB: piel y partes blandas; TMS: trimetoprima-sulfametoxazol; UCI: Unidad de Cuidados Intensivos; VO: administración vía oral.

los tres aislamientos identificados sólo a nivel de género por el método de referencia también fueron identificados como *V. fluvialis* con scores > 2,0 por la espectrometría de masas. A pesar de obtener un score confiable a nivel de especie, la identificación por esta metodología fue considerada correcta sólo a nivel de género, dado que *V. carnophilus* no se encuentra en la base de datos del equipo. El único aislado identificado como *V. lutrae* por metodología molecular fue identificado a nivel de especie por MALDI-TOF MS.

En relación al sistema automatizado VITEK® C2 y, a diferencia de la identificación molecular, todos los aislados fueron identificados como *V. fluvialis*, por lo tanto, la identificación por esta metodología se consideró correcta sólo a nivel de género.

La mayoría de los hallazgos de *Vagococcus* spp. (13/15) correspondieron a infecciones localizadas en piel y partes blandas/partes óseas; los dos aislados restantes procedían de urocultivo y hemocultivo.

El único aislamiento de *Vagococcus lutrae* a partir de sangre correspondió a un paciente diabético de 77 años, con antecedentes de cáncer de próstata en tratamiento con quimioterápicos, que ingresó por mala evolución clínica. El paciente presentaba dos probables focos infecciosos como fuente de la bacteriemia, el foco urinario y el de piel y partes blandas. A partir de la orina se aisló *K. pneumoniae* productora de beta lactamasa de espectro extendido (BLEE) sólo sensible a ampicilina y carbapenemes, pero la muestra de partes blandas (celulitis de dorso de pie) lamentablemente no fue enviada para cultivo. El paciente tuvo una mala evolución y falleció.

Con relación al correlato clínico, el grupo etario estuvo comprendido entre 39 y 78 años, de los cuales 12 fueron de sexo masculino y 3 de sexo femenino.

En doce de los casos *Vagococcus* spp. fue aislado con microbiota acompañante (tabla 1).

Doce de quince de los pacientes presentaban diabetes mellitus como enfermedad de base (tabla 1). Dos pacientes fallecieron.

Los antibióticos más activos fueron ampicilina, TMS, vancomicina, teicoplanina y linezolid, con una CIM₅₀ (µg/mL) de < 2,0, < 2,0, 2, 0,5 y 1,0 respectivamente. La resistencia a las fluoroquinolonas fue observada en seis aislamientos, con una CIM₅₀ de 1,0 µg/mL y CIM₉₀ de 8,0 µg/mL. Doce de los quince aislamientos resultaron resistentes a las tetraciclinas con una CIM₅₀ de 16 µg/mL. Los macrólidos presentaron una escasa actividad (sólo cuatro de 15 aislamientos fueron sensibles) (CIM₅₀ y CIM₉₀ de 1,0 µg/mL).

Discusión

La primera evidencia de una conexión de *V. fluvialis* con posibles infecciones humanas fue comunicada por Teixeira et al., en 1997¹³, ellos reportaron el aislamiento de esta especie del líquido peritoneal de un paciente con nefropatía, a partir de una herida infectada de un paciente mordido por un cordero; y de hemocultivos de dos pacientes de los que no se disponía información adicional sobre el estado clínico o la enfermedad asociada¹³. Recién, veinte años después, en el año 2008, Al-Ahmad et al. informaron el aislamiento de *V. fluvialis* como parte de una infección endodóntica mixta en un paciente con un conducto radicular dentario infectado¹⁴. Más recientemente, Jadhav et al. describieron un caso de endocarditis por esta especie en un paciente de 70 años con insuficiencia aórtica grave que requirió reemplazo valvular¹⁵.

Con relación a otras especies, García et al. comunicaron en 2016 el primer aislamiento clínico de *Vagococcus lutrae* (una especie que fue aislada en nutrias), proveniente de lesiones maceradas en piel en paciente con obesidad mórbida en Francia¹⁶. El segundo aislamiento de esta especie a partir de una infección humana y el primero a partir de sangre de una paciente añosa con lesiones en

piel como probable foco de infección fue recientemente reportado por Altintas et al.¹⁷.

En agosto de 2019, Shewmaker et al. describen el aislamiento de una nueva especie: *Vagococcus vulneris* en una herida de pie¹⁸.

El aislamiento de *Vagococcus lutrae* a partir de sangre en el presente trabajo representaría el segundo reporte de aislamiento de esta especie a partir de sangre y el tercero a partir de una infección humana en la literatura. Lamentablemente no pudo establecerse si el foco de la bacteriemia fue la infección de piel y partes blandas, o si en cambio se trató de un contaminante, dado que el microorganismo fue aislado en uno de dos frascos de hemocultivos.

Se destaca la presencia de diabetes como enfermedad de base en 12 de los 15 pacientes en los que se aisló *Vagococcus* spp. Esta asociación no ha sido mencionada previamente en la literatura y abre una nueva puerta para la investigación.

Consideramos que el reporte de *Vagococcus* puede estar subestimado debido a que el microorganismo suele ser incorrectamente identificado como *Enterococcus* spp. por pruebas bioquímicas convencionales, dada la similitud en su perfil bioquímico^{5,13}. El advenimiento de la espectrometría de masas MALDI-TOF MS y su uso cada vez más extendido a nivel mundial permitirá reconocer este género en forma rápida y establecer su verdadero rol en la infección humana.

Nuestro trabajo incluye el estudio de 15 aislados de *Vagococcus* spp., lo que constituye el trabajo con el mayor número de casos descriptos en la literatura. Su aislamiento mayoritario a partir de infecciones de piel, partes blandas y óseas de pacientes diabéticos abre una puerta a la investigación de la posible asociación entre las infecciones por *Vagococcus* spp. y los pacientes con esta enfermedad metabólica.

Financiación

El presente trabajo ha sido financiado con fondos del Proyecto UBACYT 2018 Modalidad 1: Código 20020170100109BA.

Conflicto de intereses

Los autores declaran no tener ningún conflicto de intereses.

Bibliografía

- List of prokaryotic names with standing in nomenclature. 2020. Disponible en: <http://www.bacterio.net/vagococcus.html/>.
- Schmidtke LM, Carson J. Characteristics of *Vagococcus salmoninarum* isolated from diseased salmonid fish. J Appl Bacteriol. 1994;77:229–36.
- Pot B, Devriese LA, Hommez J, Miry C, Vandemeulebroecke K, Kersters K, et al. Characterization and identification of *Vagococcus fluvialis* strains isolated from domestic animals. J Appl Bacteriol. 1994;77:362–9.
- Christensen JJ, Ruoff KL. General approaches to identification of aerobic Gram-positive cocci. En: Jorgensen JH, Pfaller MA, Carroll KC, Funke G, Landry ML, Richter SS, et al., editores. Manual of Clinical Microbiology. Washington: ASM Press; 2015. p. 350–3.
- Teixeira L, Siqueira Carvalho M, Facklam R, Lynn Shewmaker P. Enterococcus. En: Jorgensen JH, Pfaller MA, Carroll KC, Funke G, Landry ML, Richter SS, et al., editores. Manual of Clinical Microbiology. Washington: ASM Press; 2015. p. 403–21.
- Bizzini A, Durussel C, Bille J, Greub G, Prod'Hom G. 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. 2010;48:1549–54.
- Cherkaoui A, Hibbs J, Emonet S, Tangomo M, Girard M, Francois P, et al. 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. 2010;48:1169–75.
- Alatoom AA, Cazanave CJ, Cunningham SA, Ihde SM, Patel R. Identification of non-diphtheriae *Corynebacterium* by use of matrix-assisted laser desorption/ionization-time of flight mass spectrometry. J Clin Microbiol. 2012;50:160–3.
- Barberis C, Almuzara M, Join-Lambert O, Ramirez MS, Famiglietti A, Vay C. Comparison of the Bruker MALDI-TOF mass spectrometry system and conventional phenotypic methods for identification of Gram-positive rods. PLoS One. 2014;9:e106303.

10. Weisburg WG, Barns SM, Pelletier DA, Lane DJ. 16S ribosomal DNA amplification for phylogenetic study. *J. Bacteriol.* 1991;173:697–703.
11. Clinical and Laboratory Standards Institute. Performance standards for antimicrobial susceptibility testing. Twenty-nine Informational Supplement. CLSI document M100. 2019. Disponible en: <https://clsi.org/standards/products/microbiology/documents/m100/>.
12. Burillo A, Moreno A, Salas C. Diagnóstico microbiológico de las infecciones de piel y tejidos blandos. 2006. Disponible en: www.seimc.org/documentoscientificos/procedimientosmicrobiologia/seimc-procedimiento-microbiologia22.pdf.
13. Teixeira LM, Carvalho MG, Merquior VL, Steigerwalt AG, Brenner DJ, Facklam RR. Phenotypic and genotypic characterization of *Vagococcus fluvialis*, including strains isolated from human sources. *J Clin Microbiol.* 1997;35:2778–81.
14. Al-Ahmad A, Pelz K, Schirrmeister JF, Hellwig E, Pukall R. Characterization of the first oral *Vagococcus* isolate from a root-filled tooth with periradicular lesions. *Curr Microbiol.* 2008;57:235–8.
15. Jadhav KP, Pai PG. A rare infective endocarditis caused by *Vagococcus fluvialis*. *J Cardiol Cases.* 2019;20:129–31.
16. Garcia V, Abat C, Rolain JM. Report of the first *Vagococcus lutrae* human infection, Marseille, France. *New Microbes New Infect.* 2016;9:56–7.
17. Altintas I, Andrews V, Larsen MV. First reported human bloodstream infection with *Vagococcus lutrae*. *New Microbes New Infect.* 2020;34:100649.
18. Shewmaker PL, Whitney AM, Gulvik CA, Humrighouse BW, Gartin J, Moura H, et al. *Vagococcus bubulae* sp. nov., isolated from ground beef, and *Vagococcus vulneris* sp. nov., isolated from a human foot wound. *Int J Syst Evol Microbiol.* 2019;69:2268–76.