



PRELIMINARNO ISPITIVANJE PRISUSTVA UZROČNIKA KONTAGIOZNOG METRITISA U POPULACIJI KONJA U SRBIJI

PRELIMINARY INVESTIGATION OF THE PRESENCE OF THE CONTAGIOUS EQUINE METRITIS AGENT IN THE HORSE POPULATION IN SERBIA

**Andrea Radalj¹, Isidora Prošić¹, Aleksandar Nikšić¹, Damir Benković²,
Dejan Krnjić¹, Jakov Nišavić¹, Ljubodrag Stanišić³**

¹Univerzitet u Beogradu, Fakultet veterinarske medicine, Katedra za mikrobiologiju, Beograd, R. Srbija

²Veterinarski specijalistički institut "Sombor", Sombor, R. Srbija

³Univerzitet u Beogradu, Fakultet veterinarske medicine, Katedra za porodiljstvo, sterilitet i veštačko osemenjavanje, Beograd, R. Srbija

Kratak sadržaj

Kontagiozni metritis konja, izazvan bakterijom *Taylorella equigenitalis*, predstavlja značajno oboljenje kopitara, sa potencijalom da izazove privremeni sterilitet i utiče na reproduktivne performanse konja. Uprkos tome, studije koje se bave detekcijom ovog uzročnika u populaciji konja u Srbiji do sada nisu bile sprovedene. U cilju preliminarne procene prisustva *T. equigenitalis*, prikupljeni su brisevi iz genitalnog trakta klinički zdravih kobila iz različitih delova zemlje. Detekcija bakterije sprovedena je primenom kvantitativne PCR (real-time PCR) u cilju eliminacije mogućih nespecifičnih amplifikacija primenom konvencionalnih PCR protokola. Dobijeni rezultati su potvrdili prisustvo *T. equigenitalis* u ispitanoj populaciji, što predstavlja prvu studiju ovog tipa u našoj zemlji i osnovu za vršenje daljih ispitivanja. Naši nalazi ukazuju na mogući rizik od daljeg širenja infekcije i potrebu za uvođenjem sistematskog nadzora, kao i uspostavljanjem dijagnostičkih i kontrolnih mera u skladu sa međunarodnim smernicama.

Ključne reči: *Taylorella equigenitalis*; kontagiozni metritis; konji; PCR dijagnostika

Summary

Contagious equine metritis (CEM), caused by the bacterium *Taylorella equigenitalis*, is a clinically important disease of equids that can induce transient infertility and impair reproductive performance. To date, no studies have investigated the presence of this pathogen in the Serbian horse population. To obtain a preli-

minary estimate of *T. equigenitalis* prevalence, genital tract swabs were collected from clinically healthy mares across various regions of Serbia. Detection was performed using quantitative real-time PCR to avoid the nonspecific amplifications sometimes encountered with conventional PCR assays. The results confirmed the presence of *T. equigenitalis* in the sampled population, marking the first report of this pathogen in Serbia and providing a foundation for future investigations. These findings highlight a potential risk for further dissemination of infection and underscore the need to introduce systematic surveillance together with diagnostic and control measures consistent with international guidelines.

Key words: *Taylorella equigenitalis*; contagious equine metritis; horses; PCR diagnostics

UVOD

Kontagiozni metritis kobila (*engl.* contagious equine metritis, CEM) je veoma zarazno bakterijsko oboljenje konja koje izaziva nepokretni Gram-negativni kokobacil *Taylorella equigenitalis* iz familije *Alcaligenaceae*. Infekcija kobila navedenim uzročnikom rezultuje zapaljenjem endometrijuma i cerviksa pri čemu pastuvi najčešće predstavljaju asimptomatske kliconoše, a kobile izlučuju uzročnika u akutnoj fazi i dugotrajno tokom perioda rekonvalescencije (WOAH, 2022; Grabatin i sar. 2025). Bolest se klinički manifestuje isključivo kod kobila uz pojavu obilnog vaginalnog sekreta i posledičnim razvojem privremenog steriliteta, a ređe pojavom pobačaja tokom prvog trimestra (Perharić i sar. 2013). Navedeni mikroorganizam kolonizuje tkiva genitalnog trakta kobila (klitoralni sinusi, klitoralna jama i endometrijum) i pastuva (uretra i prepucijum) dok se transmisija između jedinki odigrava koitalnim putem, pomoću opreme koja se koristi za veštačko osemenjavanje kao i semenom zaraženih pastuva (Schulman i sar. 2013). Ždrebac zaraženih kobila takođe može biti asimptomatski inficirana pri čemu nakon dostizanja polne zrelosti i sama predstavljaju izvor infekcije u prijemljivoj populaciji (Perharić i sar. 2013). Imajući u vidu ekonomski značaj kontagioznog metritisa za konjarstvo kroz uticaj na reproduktivno zdravlje i ograničenja u kretanju životinja, navedeno oboljenje podleže međunarodnim regulativama, odnosno definisane su mere njegovog suzbijanja i preporučene validirane dijagnostičke procedure (WOAH, 2022). Konje kod kojih je potvrđeno prisustvo ovog uzročnika je neophodno izolovati uz obustavljanje svih aktivnosti vezanih za parenje ili veštačko osemenjavanje. Zatim se pristupa terapiji i rigoroznoj primeni biosigurnosnih mera (WOAH, 2024). Terapija kobila i pastuva je u najvećem broju slučajeva zasnovana na lokalnoj primeni antiseptičkih sredstava i antibiotika, a nakon njenog sprovođenja životinje je potrebno testirati na prisustvo uzročnika uzastopno tri puta u razmacima od najmanje 7 dana (Perharić i sar. 2013). Jedna od metoda suzbijanja kontagioznog metritisa je primena veštačkog osemenjavanja pri čemu je neophodno korišćenje semena poreklom od pastuva negativnih na prisustvo *T. equigenitalis* (Erdman i sar. 2011; WOAH, 2024). Infekcija se dokazuje mikrobiološkim ispitivanjem briseva genitalnog trakta kobila i pastuva (klitoralna jama i sinusi, endometrijum tokom akutne infekcije, uretra, prepucijum) koji se uz poštova-

nje principa hladnog lanca u laboratoriju šalju uronjeni u Amies transportni medijum i zasejavaju na hranljive podloge u roku od 48 časova (AAEP 2021; WOA, 2022). Ukoliko se dijagnostika oslanja na real-time PCR, vijabilnost bakterija nije od značaja i brisevi se mogu dostaviti bez transportnog medijuma ili uronjeni u fosfatni slani puffer (PBS) (Mawhinney i Bollard, 2023; WOA, 2022;). Uprkos postojanju standardnih laboratorijskih protokola za izolaciju *T. equigenitalis*, postavljanje pravovremene dijagnoze je otežano imajući u vidu spori rast ovog uzročnika na hranljivim podlogama koji zahteva mikroaerofilne uslove kao i često prisustvo komensalnih mikroorganizama koji dodatno otežavaju dobijanje čiste kulture prilikom izolacije (Schulman i sar. 2013; Nadin-Davis i sar. 2015; WOA, 2022). Osim toga, identifikaciju primenom standardnih bakterioloških metoda dodatno komplikuje mogućnost detekcije srodnog uzročnika *T. asinigenitalis*, primarno izolovanog iz genitalnog trakta magaraca, a koji uglavnom poseduje nizak patogeni potencijal za konje (Jang i sar. 2001; Baverud i sar. 2006; Wilsher i sar. 2021; Dorrego i sar. 2023). U današnje vreme, molekularne metode zasnovane na lančanoj reakciji polimeraze (PCR) su sve zastupljenije u mikrobiološkoj dijagnostici gde uz svoju visoku specifičnost i osetljivost obezbeđuju dobijanje validnih rezultata, a naročito su pogodne za simultano ispitivanje većeg broja uzoraka za kratko vreme (Schulman i sar. 2013; Wakeley i sar. 2006). U praksi se najčešće upotrebljavaju real-time PCR testovi koji zbog svoje visoke specifičnosti obezbeđuju razlikovanje *T. equigenitalis* od *T. asinigenitalis* u ispitivanom materijalu (Wakeley i sar. 2006; Duquesne i sar. 2007). U okviru priručnika svetske organizacije za zaštitu zdravlja životinja (*engl.* World Organization for Animal Health, WOA), izolacija *T. equigenitalis* na hranljivim podlogama se i dalje preporučuje kao metoda izbora, međutim, opisano je i nekoliko specifičnih real-time PCR protokola za koje je dokazana viša osetljivost i specifičnost u odnosu na standardnu proceduru kultivacije bakterija (WOA, 2022). Osim toga, komparativne studije ukazuju da određeni real-time PCR protokoli koji podrazumevaju korišćenje adekvatnih prajmera i proba poseduju izrazito niske limite detekcije nukleinske kiseline *T. equigenitalis* u poređenju sa drugim molekularnim metodama, što ih čini metodama izbora pod uslovom da je izvršena adekvatna validacija u okviru dijagnostičke laboratorije (Kinoshita i sar. 2022, WOA, 2022). Pored toga, molekularne metode imaju sve veći praktični značaj kako u mikrobiološkim tako i u epizootiološkim ispitivanjima pri čemu se sekvenciranjem i analizom celog genoma ili određenih gena *T. equigenitalis* stiče uvid u osobine sojeva koji cirkulišu na terenu kao i njihovu osetljivost na antimikrobne lekove (Hrala i sar. 2025). Najnoviji podaci iz Evrope ukazuju na važnost sprovođenja ciljanog ispitivanja prisustva ove bakterije kod životinja u različitim sistemima uzgoja koji mogu uticati na prevalenciju ovog oboljenja (Grabatin i sar. 2025). Imajući u vidu da studije koje se bave detekcijom *T. equigenitalis* u populaciji konja u Srbiji do sada nisu bile sprovedene, cilj našeg ispitivanja bio je skrining populacija klinički zdravih kobilica primenom real-time PCR metode preporučene od strane WOA. Dobijeni podaci predstavljaju osnovu za dalja ispitivanja i ukazuju na potrebu razvoja programa nadzora kontagioznog metritisa kobilica u Srbiji.

MATERIJAL I METODE

Ispitani su uzorci briseva klitoralne jame poreklom od 47 kobila prikupljeni sa teritorija opština Šabac, Kragujevac, Obrenovac, Požarevac i jedan bris endometrijuma sa teritorije Sombora. Sve životinje su bile dobrog opšteg stanja i bez vidljivih kliničkih simptoma oboljenja reproduktivnog trakta izuzev jedne jedinke iz Sombora kod koje su zabeleženi problemi sa sterilitetom. Ispitivanjem su obuhvaćene kobile uzrasta od 1 do 27 godina sledećih rasa: engleski punokrvnjak, lipicaner, holandski toplokrvni konj i frizijski konj. Nakon uzorkovanja, brisevi su uronjeni u sterilni fosfatni slani pufer (PBS) i transportovani do laboratorije uz poštovanje principa hladnog lanca. U laboratoriji su uzorci vorteksirani, a zatim centrifugovani tokom 10 minuta na $1,677 \times g$, pri čemu je dobijeni talog korišćen u postupku ekstrakcije DNK primenom GeneJET Genomic DNA Purification Kit (Thermo Scientific, SAD) prema protokolu opisanom u uputstvu proizvođača. Pripremljeni ekstrakti DNK su zatim ispitani primenom metode real-time PCR preporučene od strane WOAHA uz upotrebu prethodno opisanog para prajmera specifičnog za segmente 16S rDNA *T. equigenitalis* i *T. asinigenitalis* i proba TEquiFAM i TASiniHEX koje obezbeđuju razlikovanje ova dva uzročnika na osnovu detektovane fluorescencije (Wakeley i sar. 2006). Termalni protokol za izvođenje PCR je adaptiran prema uslovima, odnosno reagensima koji se koriste na Katedri za mikrobiologiju (Tabela 1). Sve analize su izvedene primenom aparata Gentier mini-Portable Real-Time PCR System (Tianlong, Kina), a kao kontrole korišćeni su DNK ekstrakt interne laboratorijske kontrole *T. equigenitalis* Katedre za mikrobiologiju prethodno potvrđen primenom sekvenciranja genoma i voda za PCR.

Tabela 1. Modifikovani protokol, prajmeri i probe za detekciju i diferencijaciju *Taylorella equigenitalis* i *T. asinigenitalis*

Termalni protokol	Prajmeri (5' – 3')		Probe	
95 °C (60 s); 40 ciklusa: 95 °C (15 s) i 60 °C (30 s)	Tay37 7 for:	CCG-CGT-GTG- CGA-TTG-A	Tequi FAM	6FAM-AAA-GGT-TTG-TGT- -TAA-TAC-CAT-GGA-CTG- -CTG-ACG-G-BHQ1
	Tay48 8 rev:	TTT-GCC-GGT-GCT- -TAT-TCT-TCA	Tasini HEX	HEX-AAA-GTT-TTA-GGA- -TAA-TAC-CCT-AGG-ATG- -CTG-ACG-G-BHQ1

REZULTATI

Primenom prethodno opisanog real-time PCR protokola u uzorcima poreklom od 5 kobila (10,4%) zabeleženo je prisustvo *Taylorella* vrsta, i to *T. equigenitalis* u četiri uzorka i *T. asinigenitalis* u jednom uzorku. U odnosu na ukupan broj ispitanih uzoraka, *T. equigenitalis* je detektovana kod kobila rasa engleski punokrvnjak i lipicaner u ukupno 8,3% uzoraka, dok je *T. asinigenitalis* detektovan kod kobile rase holandski toplokrvnjak. Pozitivne jedinke su bile uzrasta od 7 do 9 godina i poreklom sa različitih lokaliteta u okviru opštine Šabac.

DISKUSIJA

Sprovedeno ispitivanje zasnivalo se na analizi uzoraka primenom real-time PCR protokola propisanog od strane WOAHA koji obezbeđuje specifičnu diferencijaciju *T. equigenitalis* i *T. asinigenitalis* u ispitivanim uzorcima (Wakeley i sar. 2006; WOAHA, 2022). Dostupna ispitivanja pokazuju da u rutinskoj dijagnostici kontagioznog metritisa kobila real-time PCR poseduje izvesne prednosti u odnosu na standardnu metodu izolacije kao što su visoka specifičnost i osetljivost kao i brzina dobijanja rezultata (Nadin-Davis i sar. 2015; Kinoshita i sar. 2022; WOAHA, 2022). Ispitivanje sprovedeno u Sloveniji potvrđuje visoku osetljivost molekularnih metoda čijom primenom se može identifikovati veći broj pozitivnih uzoraka, a naročito je značajna eliminacija uticaja potencijalne kontaminacije uzoraka koja često onemogućuje izolaciju uzročnika (Zdovc i sar. 2005). Osim toga, dijagnostiku primenom PCR olakšava i mogućnost grupisanja uzoraka poreklom od više jedinki kao i upotreba standardnih briseva bez transportne podloge. Skoriji literaturni podaci ukazuju da se stabilnost DNK u uzorcima genitalnih briseva pospešuje uranjanjem suvih briseva u PBS neposredno pre izvođenja ekstrakcije (Štritof i sar. 2017; Mawhinney i sar. 2019; Mawhinney i Bollard, 2023). Sličan protokol se pokazao kao uspešan u našem ispitivanju, pri čemu su brisevi neposredno nakon uzorkovanja uranjeni u PBS i tako transportovani do laboratorije. Poslednjih godina se u rutinskoj dijagnostici kontagioznog metritisa kobila pribegava isključivo izvođenju real-time PCR protokola koji zahvaljujući oligonukleotidnim probama umanjuju rizik od nespecifične amplifikacije moguće primenom standardne PCR metode (Moore i sar. 2001; Wakeley i sar. 2006). Prikazani rezultati ispitivanja uzoraka poreklom od kobila iz 5 opština u Srbiji ukazuju na prisustvo *T. equigenitalis* kod jedinki različitog uzrasta i rase (engleski punokrvnjak i lipicaner) poreklom iz različitih gazdinstava sa područja Šapca. Navedeni nalaz je neophodno pažljivo interpretirati imajući u vidu da se radi o preliminarnom ispitivanju relativno malog broja uzoraka. Međutim, dobijeni podaci ukazuju na prisustvo asimptomatski inficiranih jedinki u populaciji konja u Srbiji kao i na značaj primene molekularnih metoda prilikom vršenja skrininga reproduktivnog zdravlja konja (Petry i sar. 2023; WOAHA, 2022; Grabatin i sar. 2025). Nalazi dobijeni u okviru pilot studije iz Hrvatske pokazuju slične podatke. Naime, izolacija uzročnika iz ukupno 12 uzoraka dala je negativne rezultate pri čemu su primenom PCR detektovane tri pozitivne jedinke (Štritof i sar. 2017). Imajući u vidu da je u sprovedenoj studiji korišćen standardni PCR protokol koji ne obezbeđuje diferencijaciju *Taylorella* vrsta, naknadnom primenom sekvenciranja PCR produkata detektovana je jedna jedinka pozitivna na prisustvo *T. equigenitalis*. U navedenom pogledu se upotrebom real-time PCR metode skraćuje vreme do dobijanja tačne dijagnoze i značajno olakšava interpretacija rezultata. *T. equigenitalis* perzistira u genitalnom traktu asimptomatski inficiranih životinja pri čemu naročito prilikom parenja dolazi do efikasne transmisije između jedinki (Perharić i sar. 2013). U tom smislu, pastuvi predstavljaju važan rezervoar ovog uzročnika što je potrebno uzeti u obzir prilikom sprovođenja ispitivanja čak i kada u populaciji ne postoji sumnja na ovo oboljenje (Zdovc i sar. 2005; Štritof i sar. 2017; Grabatin i sar. 2025). Imajući u vidu da se testiranje životinja na prisustvo uzročnika kontagioznog metritisa pre parenja u našoj zemlji

rutinski ne sprovodi, sistematsko ispitivanje briseva poreklom od pastuva bi doprinelo boljem poznavanju epizootiološke situacije i predstavljalo dobru osnovu za kontrolu ovog oboljenja (Zdovc i sar. 2005; WOA, 2022; Grabatin i sar. 2025). Rezultati prikazani u našem ispitivanju ne ukazuju direktno na visoku prevalenciju *T. equigenitalis* u populacijama konja u Srbiji, ali opravdavaju sprovođenje studije širih razmera zasnovane na primeni molekularnih metoda uz tipizaciju pozitivnih uzoraka (Wasinski i sar. 2025). Uz to, literaturni izvori iz drugih evropskih zemalja prikazuju sporadične nalaze malog broja inficiranih jedinki i pojavu oboljenja povezanu sa uvozom životinja (Zdovc i sar. 2005; Rocha, 2016; Wasinski i sar. 2025). Osim toga, podaci iz Sjedinjenih Američkih Država pokazuju kako veštačko osemenjavanje bez prethodne kontrole i transport jedinki imaju značajan uticaj na širenje kontagioznog metritisa širom zemlje (Erdman i sar. 2011). Imajući u vidu preliminarne podatke dobijene u ovom ispitivanju, trebalo bi razmotriti sprovođenje programa testiranja konja pre parenja zasnovanog na real time PCR protokolu koji obezbeđuje diferencijaciju *Taylorella* vrsta uz molekularnu tipizaciju pozitivnih uzoraka u cilju dobijanja detaljnije epizootiološke slike (Wakeley i sar. 2006; May i sar. 2016; May i sar. 2019; Kinoshita i sar. 2022; Mawhinney i Bollard, 2023; Petry i sar. 2023; Grabatin i sar. 2025). Navedene aktivnosti obuhvataju potvrdu pozitivnih nalaza i procenu perzistencije uzročnika u ispitivanoj populaciji ponovljenim uzorkovanjem, uz strogu kontrolu preanalitičke faze (suvi brisevi, održavanje hladnog lanca tokom transporta, kratka elucija u PBS-u neposredno pre ekstrakcije). Laboratorijska ispitivanja neophodno je sprovoditi validiranim metodama, uz odgovarajuće pozitivne i negativne kontrole, kako bi se smanjila verovatnoća detekcije rezidualne DNK (Wakeley i sar. 2006; Mawhinney i Bollard, 2023; WOA, 2024). Pored toga, kada je izvodljivo, uz molekularnu dijagnostiku treba primeniti i standardnu izolaciju uzročnika, kako bi se potvrdila njegova vijabilnost u ispitivanom materijalu (WOA, 2022). Rezultati svih ispitivanja moraju biti izveštavani do nivoa vrste u cilju razlikovanja *T. equigenitalis* i *T. asinigenitalis*, što je naročito važno za tumačenje rezultata ukoliko se vrše ispitivanja u mešanim populacijama magaraca i konja (Wakeley i sar. 2006; Dorrego i sar. 2023).

ZAKLJUČAK

Naši rezultati su u saglasnosti sa podacima drugih studija iz neposrednog okruženja ukazujući da obe vrste roda *Taylorella* cirkulišu u asimptomatski inficiranim populacijama konja. Osim toga, potvrđena je i praktična primenljivost real-time PCR metode za detekciju pozitivnih jedinki, što ide u prilog standardizaciji dijagnostičkog protokola koji se može implementirati u program nadzora ovog značajnog oboljenja.

ZAHVALNICA

Rad je podržan sredstvima Ministarstva nauke, tehnološkog razvoja i inovacija Republike Srbije (Ugovor broj 451-03-136/2025-03/200143).

LITERATURA

1. AAEP, 2021, Infectious Disease Guidelines: Contagious Equine Metritis, dostupno: <https://aaep.org/wp-content/uploads/2024/02/ContagiousEquineMetritis2021.pdf>
2. Baverud V, Nystrom C, Johansson KE, 2006, Isolation and identification of *Taylorella asinigenitalis* from the genital tract of a stallion, first case of a natural infection, *Vet Microbiol*, 116(4), 294–300.
3. Dorrego A, Herranz C, Pérez-Sancho M, Camino E, Gómez-Arrones V, Carrasco JJ, De Gabriel-Pérez J, Serres C, Cruz-López F, 2023, First report and molecular characterization of cases of natural *Taylorella asinigenitalis* infection in three donkey breeds in Spain, *Vet Microbiol*, 276, 109604.
4. Duquesne F, Pronost S, Laugier C, Petry S, 2007, Identification of *Taylorella equigenitalis* responsible for contagious equine metritis in equine genital swabs by direct polymerase chain reaction, *Res Vet Sci*, 82, 47–49.
5. Erdman MM, Creekmore LH, Fox PE, Pelzel AM, Porter-Spalding BA, Aalsburg A M, Cox LK, Morningstar-Shaw BR, Crom RL, 2011, Diagnostic and epidemiologic analysis of the 2008-2010 investigation of a multi-year outbreak of contagious equine metritis in the United States, *Prev Vet Med*, 101(3-4), 219–228.
6. Grabatin M, Fux R, Zablotzki Y, Goehring LS, Witte TS, 2025, *Taylorella equigenitalis* in Icelandic intact males compared with other horse breeds using natural cover, *Equine Vet J*, 57(2), 441–448.
7. Hrala M, Andrla P, Bosak J, Fedrova P, Mugutdinov A, Karpiskova R, Nedbalcova K, Raichova J, Faldyna M, Horin Petr, Šmajš D, 2025, Whole genome sequences of nine *Taylorella equigenitalis* strains isolated in the Czech Republic between 1982–2021: Molecular dating suggests a common ancestor at the time of Roman Empire, *PLOS ONE*, 20(1), e0315946.
8. Jang SS, Donahue JM, Arata AB, Goris J, Hansen LM, Earley DL, Vandamme P A, Timoney PJ, Hirsh DC, 2001, *Taylorella asinigenitalis* sp. nov., a bacterium isolated from the genital tract of male donkeys (*Equus asinus*), *Int J Syst Evol Microbiol*, 51(Pt 3), 971–976.
9. Kinoshita Y, Kakoi H, Ishige T, Yamanaka T, Niwa H, Uchida-Fujii E, Nukada T, Ueno T, 2022, Comparison of seven nucleic acid amplification tests for detection of *Taylorella equigenitalis*, *J Vet Med Sci*, 84(1), 129–132.
10. Mawhinney I, Bollard A, 2023, Enhanced detection of *Taylorella equigenitalis* by qPCR using 'Dry' swabs, *J Equine Sci*, 34(1), 7–12.
11. Mawhinney I, Errington J, Stamper N, Torrens N, Engelsma MY, Roest HIJ, 2019, Pooling of genital swabs for detection by PCR of *Taylorella equigenitalis*, the cause of contagious equine metritis, *Equine Vet J*, 51(2), 227–230.
12. May CE, Guthrie AJ, Keys B, Joone C, Monyai M, Schulman ML, 2016, Polymerase chain reaction-based national surveillance programme to determine the distribution and prevalence of *Taylorella equigenitalis* in South African horses, *Equine Vet J*, 48(3), 307–311.
13. May CE, Guthrie AJ, Schulman ML, 2019, Direct culture-independent sequence typing of *Taylorella equigenitalis* obtained from genital swabs and frozen semen samples from South African horses, *J Vet Diagn Invest*, 31(5), 792–794.
14. Moore JE, Millar BC, Xu J, Buckley TC, 2001, Possible misidentification of *Bacteroides* sp., probably *B. ureolyticus* as *Taylorella equigenitalis*: implications for the laboratory diagnosis of CEM, *Vet Res*, 32(6), 611–616.
15. Nadin-Davis S, Knowles MK, Burke T, Böse R, Devenish J, 2015, Comparison of culture versus quantitative real-time polymerase chain reaction for the detection of *Taylorella equigenitalis* in field samples from naturally infected horses in Canada and Germany, *Can J Vet Res*, 79(3), 161–169.
16. Perharić M, Milas Z, Starešina V, Barbić Lj, Štritof Majetić Z, Habuš J, Stevanović V, Mojčec Perko V, Martinković K, Turk N, 2013, Zarazni metritis kobila, *Hrvatski veterinarski vjesnik*, 21(3-4), 33-39.

17. Petry S, Breuil MF, Duquesne F, 2023, Surveillance of Contagious Equine Metritis: Results of the First 5-Year Period of French Proficiency Tests for *Taylorella equigenitalis* Detection by Real-Time PCR, *J Equine Vet Sci*, 126, 104248.
18. Rocha T, 2016, Contagious equine metritis in Portugal: A retrospective report of the first outbreak in the country and recent contagious equine metritis test results, *Open Vet J*, 6(3), 263–267.
19. Schulman ML, May CE, Keys B, Guthrie AJ, 2013, Contagious equine metritis: artificial reproduction changes the epidemiologic paradigm. *Vet Microbiol*, 167(1-2), 2–8.
20. Štritof Z, Habuš J, Mojčec Perko V, Majhut M, Brkljača Bottegato N, Perharić M, Hađina S, Milas Z, Turk N, 2017, Detection of *Taylorella equigenitalis* and *Taylorella asinigenitalis* in horses in Croatia as a result of small scale survey, *Vet arhiv*, 87(5), 535–541.
21. Wakeley PR, Errington J, Hannon S, Roest HI, Carson T, Hunt B, Sawyer J, Heath P, 2006, Development of a real time PCR for the detection of *Taylorella equigenitalis* directly from genital swabs and discrimination from *Taylorella asinigenitalis*, *Vet Microbiol*, 118(3-4), 247–254.
22. Wasinski B, Zlotnicka J, Kubajka M, Olejarczyk M, Szulowski K, 2025, *Taylorella equigenitalis* infections in Poland – results of current diagnostic investigations, *J Vet Res*, 0(0).
23. Wilsher S, Omar H, Ismer A, Allen T, Wernery U, Joseph M, Mawhinney I, Florea L, Thurston L, Duquesne F, Petry S, 2021, A new strain of *Taylorella asinigenitalis* shows differing pathogenicity in mares and Jenny donkeys, *Equine Vet J*, 53(5), 990–995.
24. WOA, 2022, Terrestrial Manual, Chapter 3.6.2. Contagious equine metritis, dostupno na: https://www.woah.org/fileadmin/Home/eng/Health_standards/tahm/3.06.02_CEM.pdf
25. WOA, 2024, Terrestrial Animal Health Code, Chapter: Infection with *Taylorella equigenitalis*, dostupno na: https://www.woah.org/fileadmin/Home/eng/Health_standards/tahc/2024/en_chapitre_cem.htm
26. Zdovc I, Očepek M, Gruntar I, Pate M, Klobucar I, Krt B, 2005, Prevalence of *Taylorella equigenitalis* infection in stallions in Slovenia: bacteriology compared with PCR examination, *Equine Vet J*, 37(3), 217–221.