

Detección molecular de agentes infecciosos causantes de abortos en yeguas en Corrientes, Argentina

Molecular detection of infectious agents responsible for abortions in mares on Corrientes, Argentina

Montesi A.M.¹; Maruňak S.L.¹; Jastrzebski F.A.²; Gómez Capará L.³; Alonso J.M.⁴;

De Biasio M.B.¹

tierraeq01@gmail.com, smarunak@yahoo.com.ar, fernandojastreski@gmail.com,
bacteriologia@hpediatrico.gob.ar, manoloalonsosalvación@gmail.com, maribadb@yahoo.com.ar

¹ Servicio Veterinario de Biología Molecular. Facultad de Ciencias Veterinarias-UNNE Sargento Cabral 2139. (3400) Corrientes, Argentina.

² Centro de Reproducción Equina Don Ercole. Ruta Nacional Nro.8, Km 592. (5800) Río IV, Córdoba, Argentina.

³ Hospital Pediátrico “Dr. Avelino L. Castelán”. Av. Velez Sarsfield, 120. (3500) Resistencia, Chaco, Argentina.

⁴ Hospital Escuela Veterinario, Área de Grandes Animales. Facultad de Ciencias Veterinarias-UNNE Sargento Cabral 2139. (3400) Corrientes, Argentina.

Recibido: 04/08/2025. Aceptado: 28/08/2025

Resumen. Argentina ocupa el tercer lugar a nivel mundial en la producción de caballos Pura Sangre de Carrera (PSC) y el primero en la industria de caballos de polo; además se encuentra entre los principales exportadores de carne equina. Es por ello que el estatus sanitario debe ser resguardado con el objetivo de consolidar y favorecer la producción interna y la comercialización a nivel internacional. La tasa global de pérdidas gestacionales en la población de caballos varía del 5 al 15%, siendo los principales agentes involucrados herpesvirus equino 1 y 4 (HVE-1 y 4), virus de la arteritis viral equina, *Salmonella abortus equi* y *Leptospira spp.*, pudiendo estos producir brotes epizooticos. La utilización de técnicas diagnósticas rápidas y específicas son fundamentales para decidir las medidas profilácticas y terapéuticas a emplear. El objetivo del presente trabajo fue detectar material genético de agentes infecciosos en productos de abortos equinos provenientes de distintos establecimientos de Corrientes mediante reacción en cadena de la polimerasa (PCR – por sus siglas en inglés). Se analizaron un total de 24 muestras provenientes de 6 casos clínicos de aborto. A partir de las mismas, se extrajo ácido desoxirribonucleico (ADN) y se realizaron rondas de amplificación de secuencias específicas de diferentes agentes infecciosos. Los análisis de las correspondientes corridas electroforéticas mostraron bandas compatibles con HVE-1 en 13 muestras, de las cuales 3 de las mismas resultaron también detectables para HVE-4. No se detectaron bandas específicas para *Salmonella spp* en ninguna de las muestras

analizadas. La técnica aplicada demostró sensibilidad y especificidad lo que la convierte en una herramienta útil para la identificación de material genético de los agentes analizados.

Palabras clave: ADN; herpesvirus; aborto; PCR; equinos

Abstract. Argentina is the third global producer of Thoroughbred racehorses (PSC– by its acronym in Spanish) and first in the polo horses industry; it is also among the most outstanding exporter of horse meat. Safeguarding the health status is important to consolidate and promote internal production and international trading. The overall rate of pregnancy loss in the horse population varies from 5 to 15%, with the main agents involved being Equine Herpesvirus 1 and 4 (EHV-1 and EHV-4), Equine Arteritis Virus (EAV), *Salmonella abortus equi* and *Leptospira* spp., which can cause epizootic outbreaks. The use of quick and specific diagnostic techniques are essential to decide which prophylactic and therapeutic methods need to be employed. The objective of this study was to detect genetic material from infectious agents in equine abortion products from different establishments in Corrientes using polymerase chain reaction (PCR). A total of 24 samples from 6 clinical cases of abortion were analysed. The deoxyribonucleic acid (DNA) was extracted and amplification rounds of specific sequences of different infectious agents were performed. Analysis of the corresponding electrophoretic runs showed bands compatible with HVE-1 in 13 samples, 3 of which also were detectable for HVE-4. No specific bands for *Salmonella* spp were detected in any of the samples analysed. The technique demonstrated sensitivity and specificity, becoming a useful tool for identifying the genetic material of the analysed agents.

Keywords: DNA; Herpesvirus; abortion; PCR; equines

Introducción

Argentina es reconocida mundialmente por producir equinos deportivos de excelencia, ubicándose en primer lugar como productor de caballos de polo y tercer lugar como productor de caballos sangre pura de carrera, también aparece dentro de los principales exportadores de carne equina, aportando el 0,9% del total de la producción mundial. Resguardar la salud de los equinos, en las diferentes producciones, requiere de personal especializado y de métodos diagnósticos rápidos y eficaces para la toma de decisiones profilácticas, de contención y tratamiento (INDEC, 2024; SAGyP, 2024; MAGyP, 2020).

Los abortos de causa infectocontagiosa en yeguas producen una importante reducción de las tasas reproductivas, que se traducen en pérdidas económicas para los distintos haras a nivel mundial rondando entre el 8% y 19% (Laugier et al., 2011; Acland, 1993). Estos agentes representan una amenaza a la salud de la especie, produciendo infecciones feto-placentarias, siendo los de mayor frecuencia de presentación el virus de rinoneumonitis equina (herpesvirus equino 1 y 4) (Acland, 1993), arteritis viral equina (arterivirus) (Perozo, 2005); bacterias como *Salmonella Abortus equi*, *Leptospira* spp., *Streptococcus equi subsp. zooepidermicus* y fúngicos como *Aspergillus* spp. y *Cándida* spp. (INDEC, 2024; Vera et al., 2023; Mazzanti, 2014; Izquierdo, 2006). La realización de la necropsia y la observación de las lesiones puede permitir una buena aproximación, sin embargo, el diagnóstico de certeza se logra identificando al agente en los tejidos fetales y/o placenta (Bustos et al., 2017).

Los herpesvirus equinos 1 y 4 (HVE-1 y 4) son alfa herpesvirus que afectan a los miembros de la familia equidae. Se considera que el HVE-4 es la principal causa de rinoneumonitis mientras que el HVE-1 está asociado principalmente al aborto, enfermedad neonatal y síndrome neurológico, aunque también produce sintomatología respiratoria. La infección por HVE-1 constituye un serio problema económico en los establecimientos de cría en Argentina. Al igual que otros herpesvirus, produce infecciones de tipo latente de manera que el animal se convierte en portador asintomático y eliminador del virus. El diagnóstico de HVE-1 se realiza usualmente por aislamiento del agente viral (AV) a partir de órganos de fetos abortados pero esta técnica consume mucho tiempo y además brinda resultados falsos negativos debido a los cambios posmortem que se producen en las muestras y que llevan a la inactivación del agente viral (Galosi, 2011).

El género *Salmonella* pertenece a la familia de las Enterobacteriaceae, está integrada por bacilos Gram negativos, anaerobios facultativos, no esporulados, generalmente móviles. Se caracterizan por ser de amplia distribución, altamente patógenos y de difícil aislamiento (Gonzalez Pedraza et al., 2014). *Salmonella* entérica serovar *Abortus equi* causa el aborto paratífico con un alto impacto negativo en la industria equina, fetos abortados, los potrillos nacen septicémicos, con poliartritis, osteomielitis, etc. Esta infección reemergió en el año 2011 en nuestro país y, desde entonces, múltiples brotes de abortos han generado preocupación en productores y veterinarios (Barrandeguy et al., 2018).

Las técnicas moleculares para la detección del genoma de agentes infecciosos constituyen una herramienta diagnóstica altamente sensible y específica. Entre sus principales ventajas destaca su capacidad para aplicarse incluso después de haber administrado tratamiento antibiótico, así como su eficacia para detectar concentraciones mínimas del agente infeccioso (Sánchez y Cardona-Castro 2004; OIE 2017).

El presente trabajo tiene como objetivo describir el uso de tres tipos de reacciones de amplificación de ácidos nucleicos para identificar y diferenciar herpesvirus equino tipo 1, tipo 4 y *Salmonella* spp. a partir de muestras de productos de abortos equinos en la ciudad de Corrientes.

Materiales y métodos

El presente trabajo fue desarrollado en el Servicio Veterinario de Biología Molecular a partir de muestras de hisopados de tejidos de productos de abortos y dado que esto podría generar una disminución en la sensibilidad de la detección de los genomas analizados, hemos realizado dicha búsqueda mediante una reacción de PCR semianidada para HVE-1 y 4, de acuerdo a los oligonucleótidos cebadores descritos en el manual de la OIE (2017), y para la identificación del genoma de *Salmonella* spp. utilizamos como referencia nuestro trabajo presentado por Solari et al. (2024).

Considerando que las reacciones de PCR de más de un paso poseen un mayor riesgo de contaminación, se han tomado máximos recaudos, como: manipulación en áreas separadas (pre y post

PCR), utilización de tips con filtro durante el procesamiento de las muestras, como así también la incorporación de controles negativos de PCR en cada ronda de amplificación.

Es importante destacar que las muestras analizadas fueron recibidas entre 2019 y 2021, de casos esporádicos de diferentes lugares de la provincia de Corrientes.

Obtención y Preparación de muestras

Se recibieron muestras provenientes de seis abortos, las mismas consistieron en hisopados realizados sobre cortes con bisturí estéril de tejidos tales como placenta, riñón, hígado, pulmón y en un caso líquido estomacal del feto. Los hisopos fueron colocados en tubos tipo Falcon de 15ml libres de DNAsas y RNAsas y conservados con refrigerante durante su transporte hacia el laboratorio. Las muestras fueron conservadas en freezer a -20°C por un lapso de tiempo no mayor a una semana hasta su procesamiento.

Extracción de ADN

Los hisopos se dejaron reposar a temperatura ambiente sumergidos en 1000 µl de solución fisiológica y luego fueron escurridos haciendo presión sobre las paredes del tubo. El eluido fue centrifugado a 8500 rpm durante 10 minutos. El sobrenadante fue descartado y el pellet resuspendido en 500 µl de solución de homogenización conteniendo el detergente CTAB (bromuro de cetil trimetilamonio) e incubado a 60°C durante una hora. La purificación de ácidos nucleicos fue realizada por agregado de una mezcla de cloroformo: alcohol isoamílico en proporción 24:1, seguida de una precipitación con alcohol isopropílico. La eliminación de sales coprecipitantes fue realizada mediante un lavado con etanol 70% y el pellet obtenido fue secado a temperatura ambiente y luego resuspendido en 30-50 µl de agua libre de nucleasas. Las muestras de ADN extraídas fueron conservadas a -20°C hasta su utilización.

Amplificación por PCR

Se realizaron dos rondas de amplificación sucesivas (PCR semianidada) para identificar a los genomas de virus HVE-1 y HVE-4. Las reacciones fueron llevadas a cabo en 25 µl de volumen final conteniendo: 1X de Buffer de PCR, 2,5mM MgCl₂; 2 µM de cada cebador (HVE-1 Fw y HVE-1 Rew para la primera ronda y HVE-1 Fw y HVE-1 Rn para la segunda, para herpes 1 y HVE-4 Fw y HVE-4 Rew para la primera ronda y HVE-4 Fw y HVE-4 Rn para la segunda, para herpes 4 (Tabla 1); 0,2 mM de una mezcla equimolecular de dNTPs y 0,5U de Taq ADN polimerasa. Los cebadores utilizados para la identificación del genoma de HVE-1 están dirigidos al gen que codifica a la glicoproteína H y los utilizados para HVE-4 al gen que codifica a la glicoproteína B. Las dos rondas de amplificación fueron efectuadas bajo las siguientes condiciones: desnaturalización inicial a 94°C durante 5min, luego 35 ciclos de desnaturalización a 95°C por 30s; pegado de cebadores: 60°C por 30s; extensión: 72°C por 60s; extensión final: 72°C durante 5min e incubación a 4°C hasta su utilización. Los productos obtenidos en la primera ronda de amplificación fueron utilizados como molde para la segunda.

Tabla 1. Secuencias de oligonucleótidos cebadores utilizados para la amplificación de secuencias específicas.

Nombre	Secuencias	Tamaño	Target	Referencia bibliográfica
HVE-1 Fw	5'-AAGAGGAGCACGTGTTGGAT-3'	638 pb	Gen Glicoproteína H de HVE-1	Ruiz Sáenz J. et al., (2008)
HVE-1 Rew	5'-TTGAAGGACGAATAGGACGC-3'			
HVE-1 Rn	5'-AGTAGGTCAGGCCGATGCTT-3'	287 pb		
HVE-4 Fw	5'-AAGAGGAGCACGTGTTGGAT-3'	509 pb	Gen Glicoproteína B de HVE-4	Ruiz Sáenz J. et al., (2008)
HVE-4 Rew	5'-CGTCTTCTCGAAGACGGGTA-3'			
HVE-4 Rn	5'-CGCTAGTGTCATCATCGTCG-3'	323 pb		
InvA-Fw	5'-GTGAAATTATCGCCACGTTCTGGGCAA-3'	284 pb	Gen invA de Salmonella sp.	Wibisono FM, et al., (2021)
InvA-Rew	5'-TCA TCG CAC CGT CAA AGG AAC C-3'			
Horse Fw	5'-GACCTCCCAGCTCCATCAAACATCTCATCTTGATGAAA-3'	439 pb	ADNmt	İlhak & Arslan, (2007)
Horse Rew	5'-CTCAGATTCACTCGACGAGGGTAGTA-3'			

Las reacciones de PCR para la identificación de *Salmonella* spp fueron llevadas a cabo en 25 µl de volumen final conteniendo: 1X de Buffer de PCR, 1,5 mM MgCl₂; 0,2 µM de cada cebador (InvA Fw e InvA Rew) (Tabla 1); 0,2 mM de una mezcla equimolecular de dNTPs y 1,0U de Taq ADN polimerasa. Las condiciones térmicas fueron: desnaturalización inicial: 95°C durante 1 min, luego 35 ciclos de desnaturalización a 95°C por 30s; pegado de cebadores: 60°C por 30s; extensión: 72°C por 30s; extensión final: 72°C durante 4 min, e incubación a 4°C hasta su utilización.

Para la reacción de amplificación del control interno se utilizó un par de oligonucleótidos cebadores dirigidos a un fragmento de ADN mitocondrial específico de la especie equina (Tabla 1) en un volumen

final de 25µl, conteniendo: 1X de Buffer de PCR, 2,5 mM MgCl₂; 0,4 µM de cada Primer; 0,20 mM de una mezcla equimolecular de dNTPs y 1U de Taq ADN polimerasa. Las condiciones térmicas de amplificación fueron: desnaturalización inicial a 94°C durante 5 min, seguida de 30 ciclos de desnaturalización a 94°C durante 45s; pegado de primer a 58°C durante 45s; extensión a 72°C durante 90s y extensión final a 72°C durante 5 min, finalizando con incubación a 4°C.

En todos los casos el control negativo consistió en 2 µl de agua, mientras que las muestras de ADN utilizadas como control positivo para HVE 1/4 fueron cedidas por el Instituto de Virología Equina del INTA de Castelar, Buenos Aires, Argentina y el de *Salmonella spp* fue extraído a partir de un cultivo en placa de *Salmonella entérica A*.

Electroforesis en gel de agarosa

Los productos de amplificación obtenidos fueron separados por electroforesis en gel de agarosa 2,0% en TBE 1X, teñidos con bromuro de etidio y visualizados por transiluminación UV.

Pruebas de Especificidad

Se realizaron pruebas de especificidad de oligonucleótidos que consisten en enfrentar en reacciones de PCR, oligonucleótidos cebadores específicos de HVE-1 a muestras con ADN de HVE-4 y oligonucleótidos cebadores específicos de HVE-4 a muestras con ADN de HVE-1.

Límite de detección

Se utilizó un Fluorómetro Quantus (Promega) para la cuantificación de ADN obtenido a partir de una vacuna a virus HVE-1 atenuado y de material genético de los controles positivos cedidos por el Laboratorio de Virología del INTA Castelar, consistentes en ADN de HVE-1 y HVE-4 extraído a partir de muestras de pacientes en las que se detectó el genoma viral. Para ambos tipos de muestras se realizaron diluciones seriadas y amplificaciones por PCR para HVE 1 y 4, seguidas de electroforesis en agarosa 2%.

Aval del Comité de Ética

Esta investigación contó con la autorización del Comité de Ética para la experimentación con muestras de animales, de la Facultad de Ciencias Veterinarias de la Universidad Nacional del Nordeste. Protocolo asignado Nº 104.

Resultados y Discusión

Amplificación por PCR

De un total de 6 productos de aborto, se analizaron 24 muestras: placenta, riñón, hígado, pulmón y líquido estomacal. Luego de la segunda ronda de amplificación para HVE-1 y HVE-4, 4 fetos dieron resultado detectable a HVE-1 y dos de ellos detectables también a HVE-4 observándose en la

electroforesis bandas de 287pb y 323pb respectivamente. Se detectó genoma viral de HVE-1 y de HVE-4 en forma variable en las diferentes muestras analizadas (Tabla 2).

Pruebas de Especificidad

No se observaron reacciones cruzadas en los ensayos realizados.

Límite de detección

La cuantificación de ADN a partir de la vacuna a virus atenuado de HVE-1 contra la Rinoneumonitis equina resultó de 4150 ng/ml, mientras que las obtenidas a partir de controles positivos cedidos por INTA de Castelar fueron de 718 ng/ml para HVE-1 y 677 ng/ml para HVE-4.

Las infecciones causadas por Herpesvirus y Salmonella son frecuentemente asociadas a abortos equinos a nivel mundial (Dobler et al., 2003). El aislamiento viral de HVE-1 resulta más eficaz a partir de muestras tomadas asépticamente de placenta, hígado, pulmón, timo y bazo del producto de aborto. En casos de enfermedad neurológica, el virus se puede aislar postmortem mediante el cultivo de muestras de cerebro y médula espinal, pero tales intentos suelen ser infructuosos. Sin embargo, pueden ser útiles para un examen mediante PCR y análisis histopatológico (OIE, 2017).

Edington et al. (1985) sugieren que el aislamiento viral del agente es considerado “la técnica de oro”, la misma puede demorar mucho tiempo en proveer resultados y su éxito depende de la calidad de las muestras. Es por ello que el uso de la técnica de PCR se ha convertido en el principal método para detección de HVE 1 y 4 en muestras clínicas, tejidos de archivo incluidos en parafina o a partir de cultivos celulares. Se han diseñado varios cebadores para distinguir entre HVE-1 y HVE-4, siendo alta la correlación entre la PCR y el aislamiento viral, con la ventaja para la primera de que no se requieren virus vivos (OIE, 2017).

La técnica de PCR es especialmente útil en brotes epizooticos explosivos, de abortos o de enfermedad neurológica o respiratoria, en la que identificar rápidamente al virus resulta fundamental para orientar la estrategia de gestión tales como las restricciones en los desplazamientos (OIE, 2017), vacunación sistemática con vacunas de probada eficacia, que eviten la presentación de abortos epizooticos por HVE-1 (Lam Chiok et al., 2011).

La sensibilidad analítica de la prueba refiere a la cantidad mínima de un analito que se puede determinar. En nuestro caso, al evaluar ADN procedente de una vacuna a HVE-1 atenuada, ese límite fue de 83 fg (0.000083 ng), mientras que al evaluar el mismo virus a partir del control positivo consistente en ADN de equino y de HVE, fue de 0.28 ng para HVE-1 y 1.05 ng para HVE-4. La diferencia entre la sensibilidad analítica y diagnóstica observada para HVE-1 podría deberse al efecto que tiene el ADN del huésped en la mezcla de reacción.

La detección de *Salmonella* en casos de abortos resurgió en el año 2011 en nuestro país, ocasionando grandes pérdidas económicas, como se mencionó anteriormente. Algunos investigadores utilizaron técnicas diagnósticas de laboratorio basadas en métodos bacteriológicos clásicos complementados con técnicas de biología molecular (Bustos et al., 2017). Sin embargo, en el presente

Tabla 2. Resultados de PCR específica para HVE-1, HVE-4 y *Salmonella spp.* a partir de muestras de 6 productos de aborto equino. Pacientes 1-6. D: detectable. ND: no detectable.

Paciente	Tejido	HVE-1	HVE-4	<i>Salmonella spp</i>
1	Pulmón	ND	ND	ND
	Estómago	D	ND	ND
	Riñón	ND	ND	ND
	Hígado	D	ND	ND
2	Pulmón	ND	ND	ND
	Estómago	ND	ND	ND
	Riñón	ND	ND	ND
	Hígado	ND	ND	ND
3	Pulmón	D	ND	ND
	Estómago	D	ND	ND
	Riñón	D	ND	ND
	Hígado	D	ND	ND
4	Pulmón	ND	ND	ND
	Estómago	ND	ND	ND
	Riñón	ND	ND	ND
	Hígado	ND	ND	ND
5	Pulmón	ND	ND	ND
	Estómago	D	D	ND
	Riñón	D	D	ND
	Hígado	D	ND	ND
6	Pulmón	D	ND	ND
	Estómago	D	ND	ND
	Riñón	D	D	ND
	Hígado	D	ND	ND

estudio no hemos encontrado a partir de las muestras analizadas material genético específico de *Salmonella spp.*

Si bien las técnicas moleculares de detección de genomas de agentes infecciosos causantes de abortos poseen costos elevados en comparación con los métodos tradicionales, ofrecen alta sensibilidad y especificidad, posibilitando un diagnóstico rápido y preciso lo cual redundaría en la aplicación de medidas sanitarias oportunas beneficiando no solo al sector productivo sino también a la sanidad animal.

Considerando que las muestras obtenidas de abortos equinos pueden presentar inhibidores de amplificación, se ha demostrado en Argentina que es posible diagnosticar exitosamente HVE-1 a partir de material con calidad de conservación variable, mediante el empleo de métodos de extracción de ADN libres de fenol-cloroformo (Galosi et al., 2001).

En el presente estudio optamos por la reacción de PCR semianidada debido a su alta sensibilidad y especificidad, lo que la hace especialmente adecuada para la detección de agentes virales en muestras escasas, como los hisopados obtenidos de abortos en equinos. Esta técnica, al incorporar una segunda ronda de amplificación con un par de cebadores internos, permite aumentar significativamente la sensibilidad y la especificidad, ya que consigue amplificar cantidades mínimas de material genético viral y bacteriano, aumentando la probabilidad de detección incluso cuando la carga viral es baja. En el caso de bacterias, no requiere mantener viables a dichos gérmenes para su identificación. Lo antes expuesto resulta en una ventaja significativa, dado que en ocasiones es difícil prever el momento en el que ocurre el aborto y cuando las pérdidas ocurren a campo, sobrevienen contaminaciones y reducción del material de estudio (Kleiboeker, 2005).

Conclusiones

Las infecciones por *Salmonella* y HVE-1 y 4 han sido reportadas como causales de importantes pérdidas económicas en la industria equina a nivel mundial, incluyendo Argentina, sin embargo existen escasos reportes en la Provincia de Corrientes. Este trabajo demostró la presencia de HVE-1 y 4 en la región, en el 66,7% de los casos analizados, reforzando la necesidad de implementar medidas profilácticas como la vacunación que contribuyan a disminuir la presentación de casos de aborto como también la posible aparición de brotes virales respiratorios y/o nerviosos.

Resulta importante destacar que en algunos equinos, los agentes virales (HVE 1-4) pueden establecer infecciones latentes dificultando su erradicación. Esto favorece a la reactivación viral bajo condiciones de estrés o inmunosupresión constituyendo una fuente potencial de infección para otros caballos. Identificar animales portadores permitiría implementar medidas de manejo más eficaces, tales como el aislamiento temporal, la vigilancia clínica y la planificación adecuada de la reproducción y los traslados.

Los resultados de este trabajo podrían ser utilizados por otros investigadores con interés en la temática, para profundizar los conocimientos acerca de los agentes infecciosos, como así también para

ejercer vigilancia epidemiológica facilitando la detección de cambios en la incidencia, distribución geográfica y factores de riesgo.

Referencias Bibliográficas

- Acland, H.M. (1993). Abortion in mares. En A. O. McKinnon y J. L. Voss (eds.), *Equine reproduction* (pp. 554–562). Philadelphia: Lea and Febiger.
https://www.researchgate.net/publication/372797122_aborto_infectocontagioso_em_eguas_uma_revisao_bibliografica
- Barrandeguy, M.E., Ivanissevich, A., Zabal, O., Carossino, M., Chacana, P., Bustos, C., Ribaya, F., Malusardi, H., Conte, S. (2018). Detección de Salmonella enterica serovar abortus equi en fluidos seminales del padrillo equino. Anuario de Investigación USAL, (5).
<https://p3.usal.edu.ar/index.php/anuarioinvestigacion/article/view/4517>
- Bustos, C.P., Retamar, G., Gallardo, J., Falzoni, E., Lanza, N., Picos, J., Muñoz, A.J., Mesplet, M., Guida, N. (2017). Lesiones macroscópicas y microscópicas en fetos equinos abortados por Salmonella abortus equi. Revista Veterinaria Argentina, 34, 349.
<https://ri.conicet.gov.ar/handle/11336/78651>
- Dobler, G.H., Rybu, F.R., de Oliveira, H.J.S., Almeida, M.R. (2023). Aborto infectocontagioso em éguas: Uma revisão bibliográfica. Arquivos de Ciências Veterinárias e Zoologia da UNIPAR, 26(1, suplemento), 199–225. <https://doi.org/10.25110/arqvet.v26i1cont-014>
- Edington, N., Bridges, C.G., Huckle, A. (1985). Experimental reactivation of equid herpesvirus 1 (EHV-1) following administration of corticosteroids. Equine Veterinary Journal, 17, 369–372.
<https://doi.org/10.1111/j.2042-3306.1985.tb02524.x>
- Galosi, C.M., Vila Roza, M.V., Oliva, G.A., Pecoraro, M.R., Echeverría, M.G., Corva, S., Etcheverrigaray, M.E. (2001). A polymerase chain reaction for detection of equine herpesvirus-1 in routine diagnostic submissions of tissues from aborted fetuses. *Journal of veterinary medicine. B, Infectious diseases and veterinary public health*, 48(5), 341–346. <https://doi.org/10.1046/j.1439-0450.2001.00455.x>
- Galosi, C.M. (2011). Herpesvirus equino 1: Situación en la República Argentina. Detección rápida del virus herpes equino 1 (EHV-1) por la técnica de reacción en cadena de la polimerasa (PCR) a partir de tejidos de fetos abortados [Presentación en línea]. <http://www.wiziq.com/online-class/577671-herpesvirus-equino-1-en-la-argentina-disertante-dra-cecilia-galosi>
- González Pedraza, J., Pereira Sanandrés, N., Soto Varela, Z., Hernández Aguirre, E., Villarreal Camacho, J. (2014). Aislamiento microbiológico de Salmonella spp. y herramientas moleculares para su detección. Salud Uninorte, 30(1), 73–94. <https://www.redalyc.org/pdf/817/81732147007.pdf>

- İlhak, İ.O., Arslan, A. (2007). Identificación de especies de carne mediante la técnica de reacción en cadena de la polimerasa (PCR). *Revista Turca de Ciencias Veterinarias y Animales*, 31(3).
<https://journals.tubitak.gov.tr/veterinary/vol31/iss3/3>
- Instituto Nacional de Estadística y Censos (INDEC). (2024). Comercio exterior: Vol. 8, n.º 14. Complejos exportadores, primer semestre (Informes técnicos, Vol. 8, n.º 196). Ministerio de Economía, República Argentina. ISSN 2545-6636. Recuperado el 3 de junio de 2024, de https://www.indec.gob.ar/uploads/informesdeprensa/complejos_09_24037ABE13D8.pdf
- Izquierdo, A.C. (2006). Factores relacionados con el aborto en yeguas. *Revista Electrónica Redvet*, 7(1), 1–14. <https://www.redalyc.org/pdf/636/63612648011.pdf>
- Kleiboeker, S. B., Schommer, S. K., Lee, S. M., Watkins, S., Chittick, W., Polson, D. (2005). Simultaneous detection of North American and European porcine reproductive and respiratory syndrome virus using real-time quantitative reverse transcriptase-PCR. *Journal of veterinary diagnostic investigation: official publication of the American Association of Veterinary Laboratory Diagnosticians, Inc*, 17(2), 165–170. <https://doi.org/10.1177/104063870501700211>
- Lam Chiok C, Kim, Manchego S, Alberto, Rivera G, Hermelinda, Sandoval Ch, Nieves, & Ramírez V, Mercy. (2011). Estandarización y validación de la técnica rt-pcr cualitativa en tiempo real para la detección del virus de la peste porcina clásica. *Revista de Investigaciones Veterinarias del Perú*, 22(4), 377-387. Recuperado en 28 de octubre de 2025, de http://www.scielo.org.pe/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S1609-91172011000400012&lng=es&tlng=es.
- Laugier, C., Foucher, N., Sevin, C., Leon, A., Tapprest, J. (2011). A 24-year retrospective study of equine abortion in Normandy. *Journal of Equine Veterinary Science*, 31(3), 116–123.
<https://doi.org/10.1016/j.jevs.2010.12.012>
- Mazzanti, M., Álvarez, A., Famuso, E. (2014). Aborto infeccioso equino: Presentación de casos en haras de la provincia de Buenos Aires durante la temporada 2014 [Tesis de grado, Universidad Nacional del Centro de la Provincia de Buenos Aires, Facultad de Ciencias Veterinarias].
<https://www.ridaa.unicen.edu.ar/handle/123456789/527>
- Ministerio de Agricultura, Ganadería y Pesca (MAGyP). (2020). Mercado internacional de équidos. https://www.magyp.gob.ar/sitio/areas/equinos/informacion_estadistica/_archivos/000004_Co mercio%20Internacional/000002_Indicadores%20de%20mercado%20internacional%20de%20equinos%202019.pdf
- Organización Mundial de Sanidad Animal (OIE). (2017). Manual terrestre de la OIE: Equine rhinopneumonitis (infections with equid herpesvirus 1 and 4). https://www.woah.org/fileadmin/Home/eng/Health_standards/tahm/2.05.09_EQUINE_RHINO.pdf

- Perozo, E. (2005). Arteritis viral equina: Una revisión. *Revista de la Facultad de Ciencias Veterinarias*, 46(2), 74–86. http://ve.scielo.org/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S0258-65762005000200004&lng=es&tlng=es
- Ruíz Sáenz, J., Góez, Y., López Herrera, A. (2008). Detección de ADN de herpesvirus equino tipos 1 y 4 en mononucleares de sangre periférica y ganglio trigémino de equinos. Infección, latencia y una aproximación a la neuropatogénesis de la cepa circulante. *Revista Colombiana de Ciencias Pecuarias*, 21 (3), 372-386. http://www.scielo.org.co/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S0120-06902008000300007&lng=en&tlng=es.
- Sánchez, M.M., Cardona-Castro, N.M. (2004). Desarrollo y evaluación de una prueba de reacción en cadena de la polimerasa (PCR), utilizando la secuencia del gen h1A para diagnóstico de fiebre entérica por *Salmonella* spp. *Biomédica*, 24(2), 194–9. <https://doi.org/10.7705/biomedica.v24i2.1265>
- Secretaría de Agricultura, Ganadería y Pesca (SAGyP). (2024). Indicadores de exportaciones de equinos. Ministerio de Economía de la República Argentina. https://www.magyp.gob.ar/sitio/areas/equinos/informacion_estadistica/
- Servicio Nacional de Sanidad y Calidad Agroalimentaria (SENASA). (s.f.). Manual de procedimientos: Arteritis viral equina. <https://biblioteca.senasa.gov.ar/items/show/3910>
- Solari, F.I., Montesi, A.M., Maruñak, S.L., De Biasio, M.B. (2023). Técnica molecular para la detección de Herpesvirus en productos de aborto equino. En *XLIII Sesiones de Comunicaciones Científicas – 2023*. Corrientes: Universidad Nacional del Nordeste, Facultad de Ciencias Veterinarias, 1–1. <http://repositorio.unne.edu.ar/handle/123456789/56941>
- Solari, F.I., Montesi, A.M., Maruñak, S.L., De Biasio, M.B. (2024). Identificación de genoma de *Salmonella* sp. en productos de aborto equino de la provincia de Corrientes. *XLIV Sesión de Comunicaciones Científicas*, Facultad de Ciencias Veterinarias – UNNE (p. 51). <https://vet.unne.edu.ar/wp-content/uploads/2025/03/Comunicaciones-Cientificas-2024-version-WEB-con-ISSN.pdf>
- Vera, V., Tordoya, M.S., Alamos, F., Olguín Perglione, C., Gabaglio, C., Barrandeguy, M.E., Vissani, M.A. (2023). Enfermedades virales que afectan a los equinos y su impacto sobre la industria hípica: Resultados del laboratorio del período 2013–2023. Trabajo presentado en la XLIII Reunión Científica Anual de la Sociedad Argentina de Virología. <https://ridaa.unicen.edu.ar:8443/server/api/core/bitstreams/acee75ed-c4eb-4dd9-b406-4533fac0e49f/content>
- Wibisono, F.M., Faridah, H.D., Wibisono, F.J., Tyasningsih, W., Effendi, M.H., Witaningrum, A.M., Ugbo, E.N. (2021). Detection of invA virulence gene of multidrug-resistant *Salmonella* species isolated from the cloacal swab of broiler chickens in Blitar district, East Java, Indonesia. *Veterinary World*, 14(12), 3126–3131. <https://doi.org/10.14202/vetworld.2021.3126-3131>