

CARACTERIZACIÓN DEL MICROBIOMA SEMINAL EN TOROS CHAROLESES Y SU RELACIÓN CON LA CALIDAD SEMINAL

Benito^{1*}, A., Sarmiento², A., Montañés¹, M., Charef¹, S.E., Bodas¹, R., Vieira¹, C., Hernández¹, M., González¹, P., Cañete¹, A. y García¹, J.J.

¹Instituto Tecnológico Agrario de Castilla y León; ²Universidad de Salamanca

*bendiaal@itacyl.es

INTRODUCCIÓN

El microbioma seminal desempeña un papel crucial en la fisiología reproductiva, aunque su impacto en la calidad espermática bovina aún no está esclarecido. Estudios recientes han identificado comunidades microbianas específicas en el semen de toros que podrían influir en la viabilidad espermática y la fertilidad (Yáñez-Ortiz *et al.*, 2022). Sin embargo, la relación entre microbiota y fertilidad varía según la raza y el sistema productivo, lo que subraya la necesidad de ampliar la investigación en diferentes poblaciones bovinas (Pilatzki *et al.*, 2021). Este estudio tiene como objetivo caracterizar las comunidades bacterianas predominantes en el semen de toros de raza charolesa y evaluar su posible asociación con la calidad seminal, contribuyendo así al conocimiento sobre el papel del microbioma en la fertilidad bovina.

MATERIAL Y MÉTODOS

Para llevar a cabo este trabajo se contó con 18 toros de raza charolesa (*Bos taurus*), con edades comprendidas entre los 4 y los 8 años y criados bajo idénticos sistemas de manejo extensivo, dentro del territorio de Castilla y León. Se tomó una muestra por animal, mediante electroeyaculación, durante el periodo otoñal. La calidad seminal se evaluó utilizando el sistema CASA, *Sperm Class Analyzer*® (SCA v.3.2.0), Microptic S.L., Barcelona, España, seleccionando el porcentaje de motilidad progresiva como parámetro principal. Según este valor, los animales se dividieron en dos grupos en función de la mediana (35,28%): 9 aptos (por encima) y 9 no aptos (por debajo). La extracción de ADN se realizó empleando el kit DNeasy PowerFood Microbial Kit (Qiagen, Germany). La secuenciación se desarrolló conforme a la "Biblioteca de secuenciación metagenómica 16S. Guía de preparación", según los protocolos de Illumina. Para llevar a cabo el análisis bioinformático se utilizó el paquete DADA2 incorporado en el software QIIME2. Se aplicó la prueba de Shapiro-Wilk y posteriormente el test de Kruskal-Wallis utilizando el software RStudio, considerando diferencias significativas si $p < 0,05$.

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

Las especies más abundantes independientemente del grupo fueron en orden decreciente *Porphyromonas* sp., *Histophilus somni*, *Bacteroidales bacterium*, *Porphyromonas somerae* y *Corynebacterium cystitidis*, mientras que los géneros predominantes fueron *Porphyromonas*, *Streptobacillus* y *Helcococcus*. Se identificaron diferencias significativas ($p < 0,05$) entre grupos: *Erysipelotrichaceae bacterium* y *Peptostreptococcus* fueron más abundantes en toros aptos, mientras que *Campylobacter sputorum* y *Sphingomonas* predominaron en toros no aptos. Estos hallazgos sugieren que ciertas bacterias podrían influir en la calidad espermática lo que coincide con estudios previos. Por ejemplo, *C. sputorum* se ha asociado con metritis en vacas (Abay *et al.*, 2024), lo que respalda su posible impacto negativo en la fertilidad. Por el contrario, *Sphingomonas* se ha relacionado positivamente con la calidad seminal en otras especies (Yáñez-Ortiz *et al.*, 2022), aunque su mayor presencia en toros no aptos en este estudio indica que su papel podría variar entre especies. Estos resultados subrayan la complejidad de las interacciones entre el microbioma seminal y la fertilidad, destacando la necesidad de estudios adicionales.

CONCLUSIÓN

El microbioma seminal de toros charoleses presenta comunidades bacterianas específicas, cuya predominancia podría relacionarse con la aptitud reproductiva del animal. Si bien, para poder verificar estas diferencias será necesario realizar nuevos estudios contando con un mayor tamaño muestral.

REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Abay, M. *et al.* 2024. Microbial Pathogenesis 194: 106810
- Pilatzki, A. *et al.* 2021. Theriogenology, 167: 1-1
- Yáñez-Ortiz, I. *et al.* 2022. Animal Reproduction Science. 236: 106890.

Agradecimientos: Este estudio forma parte del proyecto REPROVAC financiado por fondos FEADER (008).