

CARACTERIZACIÓN DEL MICROBIOMA SEMINAL EN TOROS LIMUSINES 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 impacto del microbioma seminal en la fertilidad bovina es complejo y depende tanto de la carga bacteriana como de las especies presentes. Algunas bacterias pueden afectar negativamente la calidad del semen, comprometiendo su viabilidad y funcionalidad (Kozioł *et al.*, 2022). Cualquier alteración en la función reproductiva del toro puede repercutir directamente en la eficiencia productiva del rebaño (King *et al.*, 2024). Dado que la rentabilidad de la ganadería de carne está estrechamente ligada a la fertilidad del semental, es fundamental identificar qué comunidades microbianas podrían influir en la calidad del eyaculado. Sin embargo, la relación entre el microbioma seminal y la calidad espermática sigue siendo poco comprendida. Este estudio tiene como objetivo caracterizar el microbioma del semen de toros limusines y evaluar su posible influencia sobre la motilidad espermática.

MATERIAL Y MÉTODOS

Se recogieron un total de 46 muestras seminales procedentes de 46 toros (*Bos taurus*) limusines de 4 a 8 años de edad, sometidos a manejos similares en Castilla y León, durante los meses de otoño. El procedimiento de extracción fue la electroeyaculación. Una vez recogida la muestra, la calidad seminal se evaluó en las dos primeras horas post-extracción mediante el sistema CASA, *Sperm Class Analyzer*[®], (SCA v.3.2.0), Microptic S.L., Barcelona, España, considerando como principal parámetro de viabilidad el porcentaje de espermatozoides móviles progresivos (García-Paloma *et al.*, 2021). Paralelamente, una fracción del semen sin diluir se conservó a -80 °C para la posterior secuenciación del ADN microbiano mediante tecnología NGS. El proceso de extracción de ADN se llevó a cabo siguiendo las instrucciones del kit DNeasy PowerFood Microbial Kit (Qiagen, Germany). La técnica de secuenciación se basó en los protocolos de Illumina, de acuerdo a la "Biblioteca de secuenciación metagenómica 16S. Guía de preparación". El tratamiento bioinformático se realizó utilizando el software QIIME2, concretamente el paquete DADA2. La matriz de datos se dividió en dos grupos a partir de la mediana de la motilidad progresiva: 23 aptos (motilidad progresiva por encima de la mediana) y 23 no aptos (motilidad progresiva inferior a la mediana). Los datos obtenidos se trataron con el programa RStudio, aplicando la prueba de Shapiro-Wilk y el test de Kruskal-Wallis con un valor $p < 0,05$.

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

Las especies más abundantes fueron *Histophilus somni*, *Porphyromonas cangingivalis*, *Porphyromonas somerae*, *Mycoplasmopsis bovigenitalium*, *Clostridiales bacterium* y *Actinobacillus seminis*. A nivel de género, los más comunes fueron *Porphyromonas*, *Fusobacterium*, *Bacteroides*, *Streptobacillus*, *Escherichia-Shigella* y *Parvimonas*. *Histophilus* y *Escherichia-Shigella* también resultaron ser los géneros más aislados en muestras seminales de toros bravos (Benito *et al.*, 2024). Existen otros trabajos en los cuales *Bacteroides* también fue uno de los géneros más abundantes (Kozioł *et al.*, 2022). La mediana de espermatozoides móviles progresivos fue de 48,70 %. No se observó ninguna relación entre la microbiota y la motilidad progresiva.

CONCLUSIÓN

A pesar de la variabilidad del microbioma seminal, *Histophilus*, *Escherichia-Shigella* y *Bacteroides* destacan como géneros predominantes en toros limusines. No se observó un impacto del microbioma predominante sobre la movilidad espermática, lo que sugiere que la calidad seminal podría depender de otros factores. Se requieren estudios adicionales para esclarecer el papel de la microbiota en la calidad seminal.

REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

• Benito, A. *et al.* 2024. • García-Paloma, J.A. *et al.* 2021. • King, E.H. *et al.* 2024. Veterinary Clinics of North America. Food Animal Practice E-Book 40(1): 19. • Kozioł J. *et al.* 2022. Theriogenology 182: 17-25.

Agradecimientos: El presente estudio está enmarcado dentro del proyecto REPROVAC financiado por fondos FEADER (008).