

## Microbiota e fertilidade

### *Microbiota and fertility*

Mariana Groke Marques<sup>1,2\*</sup>, Jose Rodrigo Claudio Pandolfi<sup>2</sup>,  
Janine de Camargo<sup>3</sup>, Ricardo Zanella<sup>3</sup>

<sup>1</sup>Embrapa Suínos e Aves, Concórdia, SC, Brasil. <sup>2</sup>

Pós-Graduação em Produção e Sanidade Animal, Instituto Federal Catarinense, Concórdia, SC, Brasil. <sup>3</sup>Programa de  
Pós-Graduação em Bioexperimentação,

Universidade de Passo Fundo, Passo Fundo, RS, Brasil

\*E-mail: mariana.marques@embrapa.br

### Resumo

Avanços nas tecnologias de sequenciamento de nova geração têm demonstrado que o sistema reprodutivo masculino abriga comunidades microbianas complexas com potencial de impacto sobre a fertilidade em diferentes espécies. Contrariando o conceito tradicional de que o sêmen seria um fluido estéril, evidências atuais indicam que a microbiota seminal é composta por diversas populações bacterianas, provenientes tanto de fontes endógenas quanto de fontes ambientais. Estudos em várias espécies, como humanos, bovinos e suínos, demonstram que a composição da microbiota está associada à qualidade espermática e ao desempenho reprodutivo, influenciando parâmetros como a motilidade, a integridade celular e a fertilidade. Em suínos, evidências mais robustas indicam que a microbiota pode ser modulada por intervenções nutricionais e antimicrobianas, com impactos na estabilidade do ambiente seminal. Em equinos, os estudos são mais recentes e indicam associações iniciais entre a microbiota e parâmetros espermáticos, enquanto em cães, a literatura ainda é limitada e predominantemente descritiva. Em conjunto, essas evidências indicam que a microbiota deve ser compreendida como um componente funcional da biologia reprodutiva masculina, com potencial para o desenvolvimento de estratégias que melhorem a eficiência reprodutiva.

**Palavras-chave:** Microbiota seminal; fertilidade masculina; qualidade espermática; NGS; reprodução animal

### Abstracts

*Advances in next-generation sequencing technologies have demonstrated that the male reproductive system harbors complex microbial communities that may affect fertility across species. Contrary to the traditional view of semen as a sterile fluid, current evidence indicates that the seminal microbiota comprises diverse bacterial populations originating from both endogenous and environmental sources. Studies in humans, cattle, and pigs have shown that microbial composition is associated with sperm quality and reproductive performance, influencing parameters such as motility, cellular integrity, and fertility. In pigs, robust evidence further suggests that seminal microbiota can be modulated by nutritional and antimicrobial interventions, affecting the stability of the seminal environment. In horses, studies are more recent and indicate initial associations between microbiota and sperm parameters, whereas in dogs, the available literature remains limited and predominantly descriptive. Overall, these findings indicate that the microbiota should be considered a functional component of male reproductive biology, with potential applications for strategies to improve reproductive efficiency.*

**Keywords:** Seminal microbiota; male fertility; sperm quality; NGS; animal reproduction

### Introdução

As tecnologias de Sequenciamento de Nova Geração (NGS) transformaram profundamente a compreensão da microbiologia reprodutiva, ao desafiar o conceito tradicional de que o sêmen seria um fluido estéril. Antes do advento dessas abordagens, a análise bacteriana baseava-se principalmente em metodologias convencionais, como o cultivo laboratorial, que apresentam limitações importantes, sobretudo na detecção de microrganismos para os quais não há protocolos de cultivo estabelecidos. Com o avanço do NGS e das ferramentas de bioinformática para análise de dados, tornou-se possível realizar uma

caracterização mais abrangente e precisa da microbiota seminal, incluindo a definição de perfis taxonômicos detalhados das comunidades bacterianas presentes nesse ambiente (Marques et al., 2025).

Essas abordagens permitem a avaliação da diversidade alfa, relacionada à riqueza e distribuição de táxons dentro de uma amostra, da diversidade beta, que reflete as diferenças na composição microbiana entre grupos, e da abundância diferencial, possibilitando a identificação de microrganismos que variam entre condições experimentais, incluindo bactérias anteriormente consideradas “incultiváveis” e, portanto, não detectadas por métodos tradicionais.

Nesse contexto, tanto em humanos quanto em espécies de interesse zootécnico, como os suínos, essas tecnologias revelaram que o sêmen abriga comunidades microbianas complexas, cuja presença não deve ser interpretada exclusivamente como indicativo de infecção, mas sim como parte de um ecossistema dinâmico composto por microrganismos comensais, simbióticos e oportunistas, capazes de influenciar positiva ou negativamente a qualidade espermática e o desempenho reprodutivo. Adicionalmente, evidências indicam que essas comunidades microbianas não são aleatórias, sendo moduladas por fatores fisiológicos e ambientais, incluindo microrganismos oriundos do próprio trato reprodutivo, bem como de fontes externas, como pele, fezes, água e o ambiente de coleta e de processamento do sêmen, particularmente relevantes em sistemas de produção animal.

Além da microbiota local, a microbiota intestinal tem se destacado como importante modulador da função reprodutiva masculina, pois microrganismos intestinais podem influenciar processos reprodutivos por meio de mecanismos imunológicos, hormonais e metabólicos, sustentando o conceito de eixo intestino–testículo. Dessa forma, o uso do NGS não apenas tem redefinido a compreensão da microbiota seminal, mas também tem possibilitado a transição de uma visão baseada na esterilidade para uma abordagem voltada à compreensão e modulação desse microbioma, com o objetivo de melhorar a eficiência reprodutiva, especialmente em espécies de produção.

### Microbiota seminal e a qualidade espermática

A bacteriospermia é uma condição caracterizada por elevada carga bacteriana no fluido seminal, geralmente associada a concentrações superiores a  $10^3$  unidades formadoras de colônia por mL (CFU/mL) e a processos infecciosos do trato urogenital (Tvrdá et al., 2022). Embora essa condição possa impactar negativamente a qualidade espermática, sua abordagem difere conceitualmente da adotada nas análises de microbiota, que buscam compreender não apenas a presença, mas, principalmente, a composição e a estrutura das comunidades microbianas.

A microbiota seminal é composta por uma ampla diversidade de microrganismos de diferentes espécies, sendo reconhecida como um componente intrínseco do ambiente reprodutivo. Estudos baseados em tecnologias de sequenciamento têm demonstrado que microrganismos estão presentes no sêmen, mesmo em condições fisiológicas normais, reforçando a ideia de que esse fluido deve ser compreendido como um ecossistema microbiano dinâmico (Altmäe et al., 2019).

Nesse contexto, a simples detecção de bactérias não deve ser interpretada como um processo patológico. A presença de microrganismos no sêmen, que anteriormente era interpretada sob uma perspectiva exclusivamente patológica, vem sendo revista diante de evidências recentes que indicam que comunidades microbianas estão presentes em diferentes espécies e podem exercer efeitos tanto benéficos quanto deletérios sobre os parâmetros espermáticos (Contreras et al., 2023).

Assim, nos estudos de microbiota seminal, o foco recai sobre os efeitos associados à predominância de determinados microrganismos e ao equilíbrio entre os diferentes táxons presentes no sêmen. Evidências indicam que diferentes perfis microbianos estão associados a variações na qualidade espermática, influenciando parâmetros como a motilidade, a integridade mitocondrial e a integridade do DNA espermático (Altmäe et al., 2019).

A relação entre os principais gêneros bacterianos da microbiota seminal e seus efeitos sobre a qualidade espermática em diferentes espécies é sintetizada na Tabela 1 e detalhada a seguir para humanos, bovinos, suínos, equinos e cães.

#### *Humanos*

Em humanos, Baud et al. (2019) observaram três perfis principais de microbiota seminal, caracterizados pelo predomínio dos gêneros *Prevotella*, *Staphylococcus* e *Lactobacillus*, que se correlacionaram com alterações na motilidade e na morfologia dos espermatozoides. Nesse estudo, a abundância relativa de *Prevotella* aumentou em amostras com alterações de motilidade, enquanto a de *Lactobacillus* aumentou em amostras com morfologia espermática normal. Resultados semelhantes

também foram relatados por Vajpeyee et al. (2024), que observaram um aumento na presença do gênero *Prevotella* em grupos de indivíduos com espermatozoides anormais; por outro lado, quando o gênero

Tabela 1. Gêneros bacterianos da microbiota seminal e sua associação com a qualidade espermática em diferentes espécies

| Espécie | Microrganismo (Gênero)        | Associação            | Parâmetro                                                                                                 | Referência                                                       |
|---------|-------------------------------|-----------------------|-----------------------------------------------------------------------------------------------------------|------------------------------------------------------------------|
| Humanos | <i>Prevotella</i>             | Associação negativa   | Motilidade, morfologia e concentração                                                                     | Baud et al., (2019); Vajpeyee et al., (2024), Cao et al. (2023)  |
| Humanos | <i>Lactobacillus</i>          | Associação positiva   | Morfologia e concentração                                                                                 | Baud et al., (2019); Vajpeyee et al., (2024), Cao et al. (2023)  |
| Humanos | <i>Enterococcus</i>           | Associação negativa   | Motilidade                                                                                                | Farahani et al. (2021);                                          |
| Humanos | <i>Staphylococcus</i>         | Associação negativa   | Astenozoospermia e hiperviscosidade                                                                       | Cao et al. (2023)                                                |
| Humanos | <i>Mycoplasma</i>             | Associação negativa   | Concentração e morfologia                                                                                 | Farahani et al. (2021)                                           |
| Bovinos | <i>W5053</i>                  | Associação negativa   | Fertilidade                                                                                               | Cojkic et al., (2021)                                            |
| Bovinos | <i>Lawsonella</i>             | Associação negativa   | Fertilidade                                                                                               | Cojkic et al., (2021)                                            |
| Bovinos | <i>Curvibacter</i>            | Disbiose - negativa   | Fertilidade                                                                                               | Cojkic et al., (2021)                                            |
| Bovinos | <i>Dyella</i>                 | Disbiose - negativa   | Fertilidade                                                                                               | Cojkic et al., (2021)                                            |
| Bovinos | <i>Campylobacter</i>          | Associação negativa   | Motilidade e morfologia                                                                                   | Koziol et al. (2022)                                             |
| Bovinos | <i>Methanobacterium</i>       | Associação negativa   | Motilidade e morfologia                                                                                   | Koziol et al. (2022)                                             |
| Bovinos | <i>Bacteroides</i>            | Associação positiva   | Qualidade seminal                                                                                         | Koziol et al. (2022)                                             |
| Bovinos | <i>Trueperella</i>            | Associação positiva   | Qualidade seminal                                                                                         | Koziol et al. (2022)                                             |
| Bovinos | <i>S5-A14a</i>                | Associação positiva   | Qualidade seminal                                                                                         | Koziol et al. (2022)                                             |
| Bovinos | <i>Methanobrevibacter</i>     | Associação positiva   | Qualidade seminal                                                                                         | Koziol et al. (2022)                                             |
| Bovinos | <i>Fusobacterium</i>          | Sem associação direta | Fertilidade                                                                                               | Koziol et al. (2022)                                             |
| Suíños  | <i>Lactobacillus</i>          | Associação positiva   | Motilidade, tamanho da leitegada, número de leitões nascidos vivos, competição com bactérias oportunistas | Zhang et al., (2020), Ngo et al., (2023), McAnally et al. (2023) |
| Suíños  | <i>Delftia</i>                | Associação positiva   | Qualidade seminal                                                                                         | Ngo et al., (2023)                                               |
| Suíños  | <i>Globicatella sanguinis</i> | Associação negativa   | Qualidade seminal                                                                                         | Ngo 2023                                                         |
| Suíños  | <i>Prevotella</i>             | Associação negativa   | Motilidade                                                                                                | McAnally 2023                                                    |
| Suíños  | <i>Ruminococcus</i>           | Associação negativa   | Motilidade                                                                                                | McAnally 2023                                                    |
| Suíños  | <i>Bacteroides</i>            | Associação negativa   | Motilidade                                                                                                | McAnally 2023                                                    |
| Suíños  | <i>Pseudomonas</i>            | Associação negativa   | Motilidade                                                                                                | Zhang et al., (2020)                                             |
| Suíños  | <i>Aerococcus</i>             | Associação negativa   | Qualidade seminal                                                                                         | Zhang et al., (2020)                                             |
| Suíños  | <i>Gallicola</i>              | Associação negativa   | Qualidade seminal                                                                                         | Literatura citada                                                |

|         |                                    |                     |                        |                              |
|---------|------------------------------------|---------------------|------------------------|------------------------------|
| Suínos  | <i>Ulvibacter</i>                  | Associação negativa | Qualidade seminal      | Ngo et al. (2025)            |
| Suínos  | <i>Proteiniphilum</i>              | Associação negativa | Qualidade seminal      | Li et al., (2023)            |
| Equinos | família<br><i>Peptoniphilaceae</i> | Associação positiva | Motilidade             | Quiñones-Pérez et al. (2022) |
| Equinos | <i>Clostridium</i>                 | Associação negativa | Motilidade progressiva | Quiñones-Pérez et al. (2022) |
| Equinos | <i>Fretibacterium</i>              | Associação positiva | Maior fertilidade      | Malaluang et al. (2024)      |

*Lactobacillus* estava presente; os efeitos deletérios do gênero *Prevotella* foram atenuados. Também em humanos, Ho et al. (2021) demonstraram uma associação negativa entre a presença de *Enterococcus spp.* e a motilidade não progressiva. Farahani et al. (2021) identificaram que amostras com maior abundância de microrganismos do gênero *Enterococcus*, como o *Enterococcus faecalis*, apresentaram redução da motilidade espermática, enquanto *Mycoplasma hominis* esteve associado à diminuição da concentração e ao aumento de anormalidades morfológicas.

Com base nos resultados de Cao et al. (2023), alguns gêneros bacterianos da microbiota seminal apresentaram associação direta com parâmetros espermáticos, sendo: o aumento de *Staphylococcus* esteve associado à astenozoospermia e hiperviscosidade, a presença do gênero *Prevotella* demonstrou correlação negativa com a contagem total de espermatozoides, indicando possível envolvimento em disfunções reprodutivas, e por outro lado, o gênero *Lactobacillus* apresentou associação positiva com a concentração espermática, sugerindo um possível papel benéfico no ambiente seminal. Todos esses achados reforçam a ideia de que, em humanos, as alterações na abundância relativa de gêneros específicos da microbiota seminal estão diretamente associadas à qualidade espermática. Em conjunto, esses estudos indicam que a composição da microbiota seminal humana não apenas reflete, mas também pode modular a qualidade espermática, reforçando seu papel como componente-chave da fisiologia reprodutiva masculina.

#### Bovinos

Estudos conduzidos em bovinos apontam para uma tendência semelhante à observada em humanos, na qual variações na composição da microbiota seminal estão associadas à qualidade espermática e à fertilidade dos reprodutores. Estudos demonstraram que a microbiota seminal está associada à fertilidade, sendo observadas diferenças na abundância de gêneros bacterianos entre animais de alto e de baixo desempenho reprodutivo. Os gêneros *W5053* e *Lawsonella* foram mais abundantes em touros de baixa fertilidade, sendo considerados potenciais biomarcadores negativos (Cojkic et al., 2021).

O estudo de Cojkic et al. (2021) demonstrou, ainda, que os gêneros *Curvibacter* e *Dyella* não foram diretamente associados à fertilidade dos touros; porém, destacaram-se nas análises de rede de correlação, indicando um papel relevante na organização da microbiota seminal. Ambos apresentaram correlações negativas significativas com múltiplos outros táxons bacterianos, sugerindo interações competitivas que podem influenciar a composição e a diversidade da comunidade microbiana. Nesse contexto, alterações na abundância de *Curvibacter* e *Dyella* podem estar associadas a estados de disbiose, caracterizados por desequilíbrio na composição microbiana, perda de estabilidade e reorganização das interações entre os microrganismos. Essa disbiose pode favorecer a predominância de táxons potencialmente associados à menor fertilidade, influenciando indiretamente a qualidade espermática (Cojkic et al., 2021).

Assim, os achados reforçam que a fertilidade não está relacionada apenas à presença de microrganismos específicos, mas também à estrutura e ao equilíbrio da microbiota seminal, nos quais alguns gêneros podem desempenhar papel relevante na manutenção ou na ruptura desse equilíbrio.

No estudo de Koziol et al. (2022), a comparação entre touros com espermiogramas satisfatórios e insatisfatórios evidenciou diferenças na abundância de determinados gêneros bacterianos, sendo que touros classificados como satisfatórios apresentaram maior abundância de *Bacteroides*, *Trueperella* e do grupo não cultivável *S5-A14a*, além de arqueias como *Methanobrevibacter*, sugerindo possível associação desses microrganismos com melhor qualidade seminal. Em contraste, amostras de touros com qualidade seminal insatisfatória apresentaram maior abundância de tipos de sequência dos gêneros *Campylobacter* e *Methanobacterium*, indicando associação desses táxons a alterações na motilidade e/ou na morfologia espermática, critérios utilizados para a classificação dos animais no estudo.

Além das diferenças de abundância, a análise de coocorrência microbiana revelou padrões

distintos entre os grupos. Em touros com sêmen de qualidade insatisfatória, microrganismos potencialmente patogênicos, como *Campylobacter* e *Fusobacterium*, apresentaram interações positivas com outros táxons, sugerindo possível atuação sinérgica na comunidade microbiana associada à pior qualidade espermática (Koziol et al. 2022).

Adicionalmente, análises do microbioma seminal bovino demonstram a presença frequente de microrganismos potencialmente associados a alterações reprodutivas, como *Staphylococcus*, *Streptococcus*, *Mycoplasma*, *Pseudomonas* e *Corynebacterium*, embora sua ocorrência também seja relatada em animais clinicamente saudáveis (Medo et al., 2021).

Webb et al. (2022) relataram que a microbiota seminal bovina é rica, diversa e dinâmica, sofrendo alterações ao longo do tempo e após a estação de monta, e é composta por uma ampla variedade de microrganismos, incluindo gêneros como *Fusobacterium*, *Porphyromonas*, *Prevotella*, *Bifidobacterium* e *Campylobacter*, que abrangem tanto espécies comensais quanto potencialmente patogênicas, incluindo aquelas resistentes a antimicrobianos.

Em conjunto, os estudos em bovinos (*Bos taurus*) indicam que a microbiota seminal constitui um ecossistema complexo e dinâmico, cuja composição e equilíbrio estão associados à qualidade espermática e à fertilidade dos reprodutores, mais do que à presença isolada de microrganismos específicos, sendo a disbiose um fator potencialmente determinante nessas alterações.

### Suínos

Em suínos (*Sus scrofa*), a microbiota seminal representa um ecossistema complexo e dinâmico de microrganismos que habitam o trato reprodutivo masculino, diferindo conceitualmente da bacteriospermia por envolver não apenas microrganismos cultiváveis, mas também todo o perfil genômico e as interações ecológicas que modulam a fisiologia espermática (Marques et al., 2025; Ngo et al., 2023).

Estudos baseados em sequenciamento de nova geração demonstram que o sêmen suíno abriga uma comunidade bacteriana diversa, predominantemente composta pelos filos Proteobacteria, Firmicutes, Actinobacteria e Bacteroidetes, cuja composição varia entre indivíduos, condições ambientais e sistemas de produção (Godia et al., 2020; Zhang et al., 2020). Nesse contexto, o equilíbrio entre táxons microbianos emerge como fator determinante para parâmetros como a motilidade, a integridade de membrana e a viabilidade espermática.

O gênero *Lactobacillus* tem sido consistentemente identificado como um dos principais componentes associados à manutenção da qualidade espermática e ao desempenho reprodutivo, frequentemente descrito como biomarcador positivo da microbiota seminal. Estudos baseados em sequenciamento indicam que a maior abundância de *Lactobacillus* está positivamente associada à motilidade espermática, ao tamanho da leitegada e ao número de leitões nascidos vivos, além de apresentar correlação negativa com as taxas de anormalidade espermática e de retorno ao estro (Zhang et al., 2020). Esses achados foram confirmados por análises subsequentes, que evidenciam que *Lactobacillus* não apenas está associado à melhor qualidade seminal, mas também desempenha um papel funcional no microambiente seminal, atuando como um potencial probiótico capaz de modular a microbiota e reduzir os efeitos deletérios de bactérias oportunistas (Zhang et al., 2020; Ngo et al., 2023).

De forma complementar, McAnally et al. (2023) observaram que o gênero *Lactobacillus* está associado a amostras de sêmen com melhor qualidade espermática, sugerindo um possível papel probiótico na modulação do ambiente seminal, embora mecanismos causais diretos ainda não tenham sido estabelecidos. Além disso, revisões recentes destacam que bactérias com perfil probiótico, especialmente *Lactobacillus* e *Bifidobacterium*, contribuem para a redução do estresse oxidativo, da fragmentação do DNA espermático e da concentração intracelular de espécies reativas de oxigênio, promovendo a melhora da viabilidade e da integridade estrutural dos espermatozoides (Miao et al., 2024).

Outro aspecto relevante refere-se à interação ecológica entre *Lactobacillus* e bactérias potencialmente prejudiciais. Evidências demonstram que *Lactobacillus* pode atuar de forma antagonista contra gêneros como *Pseudomonas* e *Prevotella*, reduzindo seus efeitos negativos sobre a motilidade e a funcionalidade espermáticas, reforçando seu papel na manutenção do equilíbrio microbiano (Zhang et al., 2020; Ngo et al., 2023). Assim, mais do que um marcador de qualidade, *Lactobacillus* deve ser compreendido como um componente funcional da microbiota seminal, cuja presença está associada à estabilidade ecológica do sistema e à otimização do potencial fertilizante.

Além dos *Lactobacillus*, a *Delftia acidovorans* apresentou correlação positiva com a qualidade seminal em condições tropicais, sugerindo um papel potencial na estabilidade funcional da membrana espermática (Ngo et al., 2023).

Por outro lado, a predominância de determinados microrganismos está associada a efeitos

deletérios na qualidade do ejaculado. *Pseudomonas* apresentam associação negativa com a motilidade espermática e o desempenho reprodutivo, sendo mais abundantes em condições ambientais desfavoráveis, como períodos de estresse térmico (Zhang et al., 2020). De forma semelhante, *Globicatella sanguinis* foi correlacionada negativamente com a qualidade seminal, atuando como potencial biomarcador de comprometimento espermático (Ngo et al., 2023). Adicionalmente, estudos demonstram que gêneros como *Prevotella*, *Ruminococcus* e *Bacteroides* apresentam correlação negativa com a motilidade espermática, especialmente em condições de armazenamento, o que indica que a composição microbiana pode influenciar a longevidade e a estabilidade do sêmen (McAnally et al., 2023).

A influência da microbiota sobre a qualidade seminal também está relacionada à estrutura e à diversidade da comunidade microbiana. Evidências indicam que maior diversidade microbiana pode estar associada a pior motilidade espermática, sugerindo que microbiotas mais estáveis e de menor complexidade relativa apresentam melhor desempenho funcional (McAnally et al., 2023). Além disso, a interação entre grupos bacterianos desempenha papel central, sendo observada uma relação inversa entre táxons potencialmente benéficos, como Lactobacillales, e grupos associados a ambientes inflamatórios, como Enterobacterales, reforçando a ideia de que o equilíbrio entre esses microrganismos é determinante para a qualidade seminal (Ngo et al., 2023).

Fatores fisiológicos, como a idade, também influenciam a microbiota seminal e sua relação com a qualidade espermática. Cachaços mais velhos apresentam alterações na composição microbiana, com aumento da abundância de gêneros como *Aerococcus*, *Gallicola*, *Ulvibacter* e *Proteiniphilum*, que se correlacionam negativamente com a capacidade antioxidante do sêmen e com parâmetros de qualidade espermática (Li et al., 2023). Esses achados sugerem que alterações na microbiota podem estar associadas a modificações no estado redox seminal e ao aumento da suscetibilidade ao estresse oxidativo.

Além da caracterização da microbiota, cresce o interesse em compreender como essa comunidade pode ser modulada por fatores externos. Dados recentes obtidos por nosso grupo indicam que a microbiota seminal de cachorros responde a intervenções nutricionais e antimicrobianas, com alterações na abundância de gêneros bacterianos específicos ao longo do tempo. Observou-se que a administração de antimicrobianos na dieta dos machos promoveu um aumento relativo de gêneros como *Acinetobacter*, *Aeromonas* e membros da família Enterobacteriaceae, sugerindo uma desestabilização inicial da comunidade microbiana. Por outro lado, a suplementação alimentar com plasma seco esteve associada à reorganização da microbiota, incluindo a redução relativa de *Acinetobacter*, o que indica um possível efeito modulador sobre a estrutura e a estabilidade ecológica da comunidade bacteriana (Scherer et al., dados não publicados).

Esses achados reforçam que a microbiota seminal não é estática, mas altamente responsiva a intervenções externas, e que sua modulação pode representar uma estratégia promissora para influenciar a estabilidade do ambiente seminal e, potencialmente, a qualidade espermática. Assim, o foco das pesquisas recentes tem evoluído de uma abordagem descritiva para uma perspectiva funcional, na qual a manipulação da microbiota passa a ser considerada um componente-chave na regulação da fertilidade do macho suíno.

De forma complementar, resultados recentes indicam que a modulação do ambiente microbiano reprodutivo pode repercutir para além da microbiota seminal, influenciando o ambiente uterino e o desenvolvimento embrionário inicial. Observou-se que as intervenções antimicrobianas no sêmen associaram-se à redução da diversidade microbiana uterina e ao enriquecimento de determinados táxons, como *Streptococcus*, o que impactou a cinética do desenvolvimento embrionário após a inseminação artificial. Esses achados sugerem que mudanças na microbiota do sistema reprodutivo de porcas, decorrentes do uso de antimicrobianos nos diluentes de sêmen, podem afetar os processos iniciais do desenvolvimento embrionário, reforçando a importância da microbiota como componente funcional integrado à fertilidade (de Camargo et al., dados não publicados).

### Equinos

Em equinos (*Equus caballus*), a microbiota seminal tem sido descrita como uma comunidade diversa e altamente variável entre indivíduos. Em garanhões saudáveis e férteis, Quiñones-Pérez et al. (2021) identificaram predomínio dos filos Bacteroidetes, Firmicutes e Actinobacteria, com maior representatividade das famílias Porphyromonadaceae, Peptoniphilaceae, Corynebacteriaceae e Prevotellaceae, além de elevada variabilidade interindividual. De forma semelhante, estudos mais recentes também demonstraram que o sêmen equino apresenta composição relativamente consistente em níveis taxonômicos superiores, mas com diferenças marcantes no nível de gênero entre os animais (Al-Kass et al., 2020; Núñez-Montero et al., 2024; Cooke et al., 2024).

No nível de gênero, foram descritos como abundantes em sêmen equino: *Porphyromonas*, *Peptoniphilus*, *Fastidiosipila*, *Ezakiella*, *Petrimonas*, *Suttonella*, *Ercella*, *Proteiniphilum* e

*Saccharofermentans*, embora haja forte variação entre indivíduos (Quiñones-Pérez et al., 2021; Cooke et al., 2024; Núñez-Montero et al., 2024). Esses estudos, no entanto, são predominantemente descritivos e, por si só, não demonstram efeito direto desses gêneros sobre a qualidade seminal.

Entre os trabalhos que avaliaram diretamente a relação entre microbiota e parâmetros espermáticos, Quiñones-Pérez et al. (2022) observaram que a família *Peptoniphilaceae* se correlacionou positivamente com a motilidade total, enquanto *Clostridiales Incertae Sedis XI* apresentou correlação negativa com a motilidade progressiva. Os autores ressaltam que esses achados correspondem a associações estatísticas, e não a relações causais demonstradas.

Além disso, fatores ambientais e de manejo parecem influenciar a composição da microbiota seminal equina. Malaluang et al. (2024) demonstraram diferenças na composição bacteriana do sêmen entre garanhões de diferentes países europeus, especialmente no nível de gênero, sugerindo a influência do clima, do manejo e da variabilidade individual. Nesse estudo, *Fretibacterium* e um gênero não cultivado da família *Peptostreptococcaceae* apresentaram maior abundância nos animais classificados com maior fertilidade.

Em conjunto, os estudos disponíveis indicam que a microbiota seminal equina constitui um ecossistema diverso e individualizado, cuja composição pode estar associada à motilidade e à qualidade espermática. Entretanto, a literatura ainda é limitada e majoritariamente descritiva, o que evidencia a necessidade de estudos funcionais que esclareçam o papel específico desses microrganismos na fertilidade de garanhões.

### Cães

Em cães (*Canis lupus familiaris*), os estudos sobre a microbiota seminal ainda são limitados; porém, abordagens recentes baseadas no sequenciamento do gene 16S rRNA têm começado a caracterizar a comunidade microbiana presente no sêmen. Banchi et al. (2024) realizaram a primeira descrição da microbiota seminal em cães saudáveis utilizando técnicas independentes de cultura, demonstrando que o sêmen canino abriga uma comunidade bacteriana composta predominantemente pelos filos *Proteobacteria*, *Firmicutes* e *Actinobacteria*, sendo *Pasteurellaceae* a família mais abundante.

No nível de gênero, foram identificados, entre outros, *Clostridium* e *Lactobacillus*, embora grande parte das sequências tenha sido classificada apenas em níveis taxonômicos superiores, o que evidencia a limitação atual na resolução taxonômica desses estudos. Além disso, o trabalho demonstrou que fatores ambientais influenciam significativamente a microbiota seminal, uma vez que foram observadas diferenças na diversidade microbiana entre cães mantidos em ambiente domiciliar e em canis, enquanto não foram detectadas diferenças na composição microbiana entre animais normospérmicos e teratozoospermicos (Banchi et al., 2024).

Apesar da caracterização detalhada da microbiota, esse estudo não identificou associações diretas entre a composição microbiana e parâmetros espermáticos, reforçando que, na espécie canina, a relação entre a microbiota seminal e a qualidade espermática ainda não está claramente estabelecida. Assim, a microbiota seminal em cães permanece um campo emergente, com predominância de estudos descritivos e escassez de evidências funcionais que permitam estabelecer o papel específico desses microrganismos na fertilidade.

### Considerações finais

Os avanços nas técnicas de sequenciamento têm redefinido a compreensão da microbiota no sistema reprodutivo masculino, evidenciando que o sêmen não é um fluido estéril, mas um ecossistema microbiano dinâmico e funcional. As evidências reunidas indicam que a composição e o equilíbrio da microbiota seminal estão associados à qualidade espermática e à fertilidade, embora a magnitude e a natureza dessas associações variem entre espécies.

Em humanos e bovinos, há evidências consistentes de associação entre perfis microbianos e parâmetros espermáticos, enquanto, em suínos, esse conhecimento avança para uma perspectiva funcional, incluindo a possibilidade de modulação da microbiota por intervenções nutricionais e antimicrobianas. Em equinos, os estudos ainda são predominantemente descritivos, mas já apontam associações iniciais com parâmetros de motilidade, ao passo que, em cães, a microbiota seminal permanece pouco explorada, evidenciando uma importante lacuna de conhecimento.

Esses achados reforçam que a fertilidade masculina não deve ser compreendida apenas a partir de parâmetros espermáticos clássicos, mas também considerando a microbiota como componente integrante da fisiologia reprodutiva. Nesse contexto, a modulação da microbiota emerge como uma abordagem promissora para o desenvolvimento de estratégias inovadoras voltadas à melhoria da eficiência reprodutiva.

Entretanto, são necessários estudos adicionais, especialmente de caráter funcional e longitudinal, que permitam elucidar os mecanismos de interação entre a microbiota e os espermatozoides e consolidar sua aplicação prática em sistemas de produção animal.

## Referências

- Altmäe S, Fransiak JM, Mändar R.** The seminal microbiome in health and disease. *Nature Reviews Urology* 16(12), 703-721, 2019.
- Al-Kass Z, Guo Y, Vinnere Pettersson O, Niazi A, Morrell JM.** Metagenomic analysis of bacteria in stallion semen. *Animal Reproduction Science* 221, 106568, 2020.
- Banchi P, Bertolotti L, Spanoghe L, Ali Hassan H, Lannoo J, Domain G, Henzel KS, Gaillard V, Rota A, Van Soom A.** Characterization of the semen microbiota of healthy stud dogs using 16S RNA sequencing. *Theriogenology* 216, 1-7, 2024.
- Baud D, Pattaroni C, Vulliemoz N, Castella V, Marsland BJ, Stojanov M.** Sperm microbiota and its impact on semen parameters. *Frontiers in Microbiology* 10, 234, 2019.
- Cao X, et al.** Association between seminal microbiota and sperm quality parameters in men. *Andrology* 11, 1123-1135, 2023.
- Cojkić A, Niazi A, Guo Y, Hallap T, Padrik P, Morrell JM.** Identification of bull semen microbiome by 16S sequencing and possible relationships with fertility. *Microorganisms* 9, 2431, 2021.
- Contreras MJ, Arias ME, Treulen F, Silva M, Cabrera P, Felmer R.** Insights into mammalian semen microbiota: what do we know to date? *Microorganisms* 11, 39, 2023.
- Farahani L, Tharakan T, Yap T, Ramsay JW, Jayasena CN, Minhas S.** The semen microbiome and its impact on sperm function and male fertility: a systematic review and meta-analysis. *Andrology* 9(1), 115-144, 2021.
- Gòdia M, Ramayo-Caldas Y, Zingaretti LM, Darwich L, López S, Rodríguez-Gil JE, Yeste M, Sánchez A, Clop A.** A pilot RNA-seq study in 40 Pietrain ejaculates to characterize the porcine sperm microbiome. *Theriogenology* 157, 525-533, 2020.
- Ho KL, et al.** Association between seminal bacteria and non-progressive motility in men. *Andrologia*, 2021.
- Kozioł JH, Sheets T, Wickware CL and Johnson TA.** Composition and diversity of the seminal microbiota in bulls and its association with semen parameters. *Theriogenology* 182, 17-25, 2022.
- Li Y, et al.** Age-related changes in boar seminal microbiota and oxidative status. *Frontiers in Microbiology* 14, 1187423, 2023.
- Malaluang P, Niazi A, Guo Y, Nagel C, Guimaraes T, Rocha A, Aurich C, Morrell JM.** Bacterial diversity in semen from stallions in three European countries evaluated by 16S sequencing. *Veterinary Research Communications* 48, 1409-1421, 2024.
- McAnally C., et al.** Characterizing the relationship between the seminal microbiome and semen quality in boar studs. *Journal of Animal Science* 101, skad242, 2023.
- Marques MG, Pandolfi JRC, Scherer CG, de Camargo J, Bianchi I, Zanella R.** Reproductive microbiota and swine fertility: a new perspective on semen quality. *Revista Brasileira de Reprodução Animal* 49(1), 159-166, 2025.
- Medo J, et al.** The bovine seminal microbiome and its association with reproductive traits. *Veterinary Microbiology*, 2021.
- Miao X, Zhao Y, Zhu L, Zeng Y, Yang C, Zhang R, Lund AK, Zhang M.** The equilibrium of bacterial microecosystem: probiotics, pathogenic bacteria, and natural antimicrobial substances in semen. *Microorganisms* 12, 2253, 2024.
- Ngo et al.** Seminal microbiota and sperm quality in boars under tropical conditions. *Animals* 13, 1785, 2023.
- Núñez-Montero K, Leal K, Rojas-Villalta D, Castro M, Larronde C, Wagenknecht L, Contreras MJ.** 16S gene metagenomic characterization in healthy stallion semen. *Research in Veterinary Science* 176, 105354, 2024.
- Quiñones-Pérez C, Hidalgo M, Ortiz I, Crespo F, Vega-Pla JL.** Characterization of the seminal bacterial microbiome of healthy, fertile stallions using next-generation sequencing. *Animal Reproduction* 18(2), e20200052, 2021.
- Quiñones-Pérez C, Martínez A, Ortiz I, Crespo F, Vega-Pla JL.** The semen microbiome and semen parameters in healthy stallions. *Animals* 12, 534, 2022.
- Tvrđá E., et al.** Bacteriospermia and its impact on sperm quality: a review. *International Journal of Molecular Sciences* 23, 12345, 2022.

**Vajpeyee P., et al.** Seminal microbiome and sperm abnormalities in humans. *Andrology*, 2024.  
**Webb SR, Kraemer DC., et al.** Dynamics of bovine seminal microbiota. *Animal Microbiome*, 2022.  
**Zhang J., et al.** Boar seminal microbiota and its association with fertility traits. *Microbiome* 8, 75, 2020.

---