



**UNIVERSIDAD AUTÓNOMA DE GUERRERO
FACULTAD DE MEDICINA
COORDINACIÓN DE POSGRADO E INVESTIGACIÓN**

INSTITUTO DE REPRODUCCION Y GINECOLOGIA DE ACAPULCO

**PREVALENCIA DE LA MICROBIOTA EN MUESTRAS SEMINALES DE PACIENTES QUE
ACUDEN A UN PROGRAMA DE TÉCNICAS DE REPRODUCCIÓN ASISTIDA**

TESIS

PARA OBTENER EL DIPLOMA DE
ESPECIALIDAD EN BIOLOGÍA DE LA REPRODUCCIÓN HUMANA

PRESENTA

DR. YURI GOMES JOAQUIM DE MATOS

DIRECTOR DE TESIS

DR ADAN OLIVEROS CEBALLOS

CO DIRECTOR DE TESIS

M. EN C. IRVING NOE MARCIAL ROMAN

ASESORES

DR. EDUARDO LIQUIDANO PEREZ

LIC. CASANDRA DIAZ CISNEROS

NÚMERO DE REGISTRO

12CHB00720150205

ACAPULCO GUERRERO

FEBRERO 2026

Comité de Bioética Hospitalaria (CHB) CONBIOETICA12CHB00720150205
Instituto de Reproducción y Ginecología de Acapulco
Acapulco de Juárez, Guerrero
Octubre 2025

Estimado Dr. DR. YURI GOMES JOAQUIM DE MATOS

Por medio de la presente, el Comité de Bioética Hospitalaria del Instituto de Reproducción y Ginecología de Acapulco le informa que, luego de la revisión minuciosa de la tesis y los documentos relacionados, se ha decidido aprobar su propuesta de investigación con el tema: **"PREVALENCIA DE LA MICROBIOTA EN MUESTRAS SEMINALES DE PACIENTES QUE ACUDEN A UN PROGRAMA DE TÉCNICAS REPRODUCCIÓN ASISTIDA"**

El Comité evaluó positivamente el estudio sobre la prevalencia del microbiota en muestras seminales de pacientes que acceden a programas de reproducción asistida, destacando que su diseño retrospectivo y la definición clara de los criterios de inclusión y exclusión están alineados con principios metodológicos robustos. Se valoró que el análisis se base en parámetros clínicos objetivos, lo que asegura la relevancia de los resultados. Además, se consideró éticamente adecuado el uso de expedientes clínicos, ya que se garantizan la confidencialidad y el resguardo de los datos personales conforme a la normativa vigente, sin que sea necesario el consentimiento informado individual. El estudio respeta los principios bioéticos de autonomía, beneficencia, no maleficencia y justicia, y asegura un manejo responsable y ético de la información, con el objetivo de generar conocimiento que beneficie tanto a los pacientes como a la práctica médica en el ámbito de la reproducción asistida.

Por lo anterior, este Comité aprueba formalmente el inicio del estudio, bajo el compromiso de que se respetarán las condiciones planteadas en el protocolo y que cualquier modificación sustancial será notificada oportunamente. Asimismo, se solicita que los informes de seguimiento y resultados finales sean remitidos conforme a los lineamientos establecidos. Apreciamos y valoramos profundamente su interés en desarrollar investigaciones que contribuyan al avance del conocimiento científico y al perfeccionamiento de la práctica clínica en el ámbito de la reproducción humana asistida. Le extendemos nuestros mejores deseos para el éxito en la ejecución de su proyecto, con la certeza de que los resultados generarán un impacto positivo en la comunidad científica y, especialmente; en el bienestar de los pacientes.


Atentamente,



Psic. Casandra Díaz Cisneros
Presidente del CHB



Dr. Adán Oliveros Ceballos
Director



M.C Irving Noé Marcial Román
Vocal secretario CHB



(744) 488 1114
(744) 484 4471



Cerrada de Cumbres #104 Fraccionamiento Farallón
Codigo postal 39690, Acapulco de Juárez, Guerrero



adanoliveros52@gmail.com
www.iregaacapulco.com.mx



CARTA DE CESIÓN DE DERECHOS DE DIFUSIÓN

Se firma la presente en la ciudad de Arapulco de Juárez, Guerrero, México, a los 01 días del mes de Diciembre del año 2025.

El que suscribe Yuri Gomes Joaquim de Matos autor(es) del trabajo escrito (obra intelectual), en su formato de Tesis de especialidad con el título Prevalencia de la microbiota en muestras seminales de pacientes que acuden a un programa de técnicas de reproducción asistida

Por medio de la presente con fundamento en lo dispuesto en los artículos 5, 18, 24, 25, 27, 30, 32 y 148 de la Ley Federal de Derechos de Autor; manifiesto mi autoría intelectual y originalidad de la obra mencionada.

Así mismo: (Elegir A), B) o C))

A). Expreso mi conformidad de **ceder los derechos de difusión y autorizo difundir esta obra en el Repositorio Institucional de la Universidad Autónoma de Guerrero a partir de la fecha**, de conformidad con los artículos 13, 14, 15 y 16 de la Ley Orgánica de Universidad Autónoma de Guerrero número 178, para su difusión con fines académicos, de investigación, tecnológicos, históricos, artísticos, sociales, científicos u otra manifestación de la cultura, el cual se podrá realizar a nivel nacional e internacional, de manera parcial o total a través de cualquier medio de información que sea susceptible para ello, en una o varias ocasiones, así como en cualquier soporte documental.

B). Pido un periodo de dos años de resguardo a partir de la fecha, **y acepto difundir en el Repositorio Institucional de la Universidad Autónoma de Guerrero únicamente la portada y el abstract**, ya que el presente trabajo tendrá un subproducto que amerita un proceso de protección intelectual-industrial, aceptando su difusión a partir del día _____ del mes de _____ del año _____, sin previo aviso, a favor de la Universidad Autónoma de Guerrero, de acuerdo al inciso A)

C). Pido un periodo de un año de resguardo a partir de la fecha, **y acepto difundir en el Repositorio Institucional de la Universidad Autónoma de Guerrero únicamente la portada y el abstract**, ya que el presente trabajo tendrá un subproducto que amerita un proceso de protección intelectual-industrial, aceptando su difusión a partir del día _____ del mes de _____ del año _____, sin previo aviso, a favor de la Universidad Autónoma de Guerrero, de acuerdo al inciso A)

Entiendo además que, si necesito incrementar el periodo de resguardo, renovaré la presente carta, dos meses antes que concluya el tiempo solicitado en los incisos B o C.

Lo anterior no genera vinculación obligatoria para la Universidad Autónoma de Guerrero, por tanto, la institución universitaria podrá o no ejercer los derechos cedidos.

Se prohíbe la reproducción total o parcial de este documento sin autorización expresa, así como su uso indebido y/o su exhibición o comunicación a terceros.

Yuri Gomes Joaquim de Matos
Nombre y firma del autor No. Bo.

[Firma]
Director-Tutor

Declaración de Autenticidad y No Plagio

Grado Académico: Nivel del Posgrado

Por el presente documento, yo Yuri Gomes Joaquim de Matos, con número de matrícula: 24790169, egresado del (a) Nombre del Posgrado Especialidad en Biología de la reproducción humana,

informo que he elaborado el Trabajo de Investigación en formato de: Tesis, Artículo, denominado:

" Prevalencia de la microbiota en muestras seminales de pacientes que acuden a un programa de técnicas de reproducción asistida "

para obtener el Grado Académico de (Nombre del Grado del Posgrado)

Especialidad en Biología de la reproducción humana,

Declaro que este trabajo ha sido desarrollado íntegramente por el(la) autor(a) que lo suscribe y afirmo, que no existe plagio de ninguna naturaleza. Así mismo, dejo constancia de que las citas de otros autores han sido debidamente identificadas en el trabajo, por lo que no se ha asumido como propias las ideas vertidas por terceros, ya sea de fuentes encontradas en medios escritos o en Internet.

Así mismo, afirmo que soy responsable de todo su contenido y asumo, como autor(a), las consecuencias ante cualquier falta, error u omisión de referencias en el documento. Sé que este compromiso de autenticidad y no plagio puede tener connotaciones éticas y legales.

Por ello, en caso de incumplimiento de esta declaración, me someto a lo dispuesto en las normas académicas que dictamine la Universidad Autónoma de Guerrero y las leyes que para el presente apliquen.

Chilpancingo, Guerrero, México, 01 de Diciembre de 2025

Sustentante

Yuri Gomes Joaquim de Matos
Matrícula y Nombre completo del Autor

Vo. Bo.


[Firma]
Nombre completo del Director(tesis)

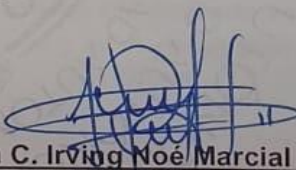


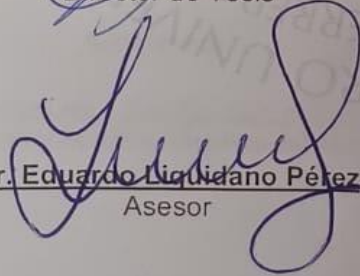
ACTA DE APROBACIÓN DE TESIS

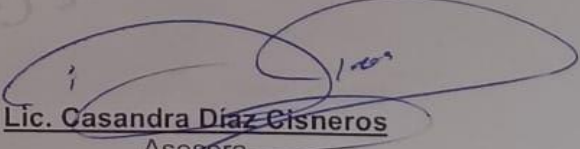
En la Ciudad y puerto de Acapulco, Guerrero, siendo el día veintiocho de noviembre de dos mil veinticinco, los integrantes del Jurado de Tesis, nombrados por la Academia de Posgrado, manifiestan que una vez que revisaron el escrito completo de la tesis "PREVALENCIA DE LA MICROBIOTA EN MUESTRAS SEMINALES DE PACIENTES QUE ACUDEN A UN PROGRAMA DE TÉCNICAS DE REPRODUCCIÓN ASISTIDA" presentada por el C. DR. YURI GOMES JOAQUIM DE MATOS para obtener el Diploma de Especialidad en BIOLOGÍA DE LA REPRODUCCIÓN HUMANA, a través de ésta expresan su **APROBACIÓN DE LA TESIS**, autorizan el envío de la tesis, y aceptan que en cuanto se haya cumplido con los requisitos señalados en el Reglamento Escolar Vigente de la Universidad Autónoma de Guerrero, se proceda a la presentación del Examen de Grado.

El Jurado de Tesis


Dr. Adán Oliveros Ceballos
Director de Tesis


M. en C. Irving Noé Marcial Román
Asesor


Dr. Eduardo Liquidano Pérez
Asesor


Lic. Casandra Díaz Cisneros
Asesora

ÍNDICE

INTRODUCCIÓN	11
MARCO TEÓRICO.....	13
PLANTEAMIENTO DEL PROBLEMA	17
Pregunta investigación	19
JUSTIFICACIÓN	19
OBJETIVOS	21
Objetivo General.....	21
Objetivos Específicos	21
Operacionalización de variables	22
METODOLOGÍA.....	22
ASPECTOS ETICOS	26
RESULTADOS	27
DISCUSIÓN	44
CONCLUSIÓN	48
REFERENCIAS BIBLIOGRAFICAS	49

ÍNDICE DE TABLAS

Tabla 1: Características demográficas, antropométricas y conductuales de la población masculina (n = 38).....	30
Tabla 2: Variables de volumen y concentración.....	32
Tabla 3: Clasificación seminal de las muestras analizadas.....	33
Tabla 4: Parámetros seminales de la población masculina.....	34
Tabla 5: Distribución de los patrones seminales observados en la población estudiada.....	37
Tabla 6: Resultados microbiológicos del semen	38
Tabla 7: Relación entre patrón seminal y resultado microbiológico.....	39
Tabla 8: Distribución de patrones seminales por grupos etarios	41
Tabla 9: Distribución de patrones seminales por IMC	41
Tabla 10: Relación entre hallazgos microbiológicos y patrones seminales (n = 38)	43

ÍNDICE DE ILUSTRACIONES

Ilustración 1: Diagnósticos porcentuales.....	36
Ilustración 2: Distribución porcentual de los patrones seminales	37
Ilustración 3: Recuento espermático.....	41

ÍNDICE DE ANEXOS

Anexo 1: Infecciones más frecuentes	52
Anexo 2 Infecciones <i>Ureaplasma parvum</i>	52
Anexo 3 Infecciones <i>Ureaplasma urealyticum</i>	53
Anexo 4 Infecciones por <i>Candida</i> (<i>albicans</i> , <i>glabrata</i> , <i>krusei</i> , <i>tropicalis</i>	53
Anexo 5 Infecciones por el <i>Mycoplasma hominis</i>	54
Anexo 6 Parámetros seminales en pacientes con infección.....	54
Anexo 7 Índice de Fragmentación del ADN Espermático.....	55
Anexo 8 Morfología espermática	55
Anexo 9 Espermátobioscopia	56
Anexo 10 Fragmentación del DNA espermático, F fragmentado, N normal	56

LISTA DE SIGLAS Y ABREVIATURAS

ADN – Ácido Desoxirribonucleico

FIV – Fertilización In Vitro

ITS – Infecciones de Transmisión Sexual

IMC – Índice de Masa Corporal

OMS – Organización Mundial de la Salud

PCR – Reacción en Cadena de la Polimerasa

qPCR – PCR cuantitativa (quantitative PCR)

OAT – Oligoastenoteratozoospermia

IREGA – Instituto de Reproducción y Ginecología de Acapulco

TRA – Técnicas de Reproducción Asistida

STI – Infecciones de Transmisión Sexual (del inglés *Sexually Transmitted Infections*)

DNA – Ácido Desoxirribonucleico (en inglés)

DFI – Índice de Fragmentación del ADN (DNA Fragmentation Index)

SPSS – Statistical Package for the Social Sciences

COBIOETICA – Comité de Bioética

RNase – Ribonucleasa

NTC – Control sin Template (No Template Control)

FAM – Fluoresceína (fluoróforo)

VIC – Fluoróforo VIC

WHO – World Health Organization (en inglés)

BMI – Body Mass Index (en inglés)

IVF – In Vitro Fertilization (en inglés)

RESUMEN

INTRODUCCIÓN: La fertilización in vitro (FIV) es eficaz para tratar diversas causas de infertilidad, pero su éxito puede verse modulado por factores biológicos como la microbiota seminal. Evidencias recientes sugieren que la composición microbiana del semen influye en la motilidad, morfología y capacidad fecundante de los espermatozoides, así como en la implantación embrionaria, aunque su papel exacto y su interacción con edad, ITS y antecedentes reproductivos siguen poco claros. Ante la falta de datos en contextos como Guerrero, este estudio evalúa la asociación entre el perfil microbiano seminal y la calidad del semen, en pacientes atendidos en IREGA, Guerrero, de marzo 2024 a agosto de 2025. **OBJETIVO:** Determinar la prevalencia de la microbiota en muestras seminales de pacientes atendidos en IREGA, Guerrero, dentro de los programas de técnicas de reproducción asistida (FIV) entre marzo de 2024 y agosto de 2025, así como analizar su relación con parámetros seminales y factores clínicos y demográficos. **MATERIAL Y MÉTODOS:** Se realizó un estudio descriptivo, transversal y no experimental en 38 pacientes masculinos. Se recolectaron muestras seminales bajo condiciones controladas y se registraron las informaciones clínicas y demográficas, incluyendo edad, IMC, antecedentes de infertilidad y número de parejas sexuales. Las muestras se analizaron mediante espermatobioscopia siguiendo criterios de la OMS y se evaluó la presencia de microorganismos genitales (*Chlamydia trachomatis*, *Ureaplasma urealyticum*, *Mycoplasma hominis*, *Neisseria gonorrhoeae*, entre otros) mediante PCR cuantitativa, garantizando alta sensibilidad y especificidad. **RESULTADOS:** El 78,9 % de las muestras no presentó microorganismos detectables, mientras que el 21,1 % presentó infección por patógenos específicos, siendo las alteraciones seminales más frecuentes la oligoastenozoospermia, la astenoteratozoospermia y la OAT. **CONCLUSIONES:** Se observó que los casos con microbiota positiva se asociaron con deterioro significativo en motilidad y morfología espermática, aunque no se hallaron correlaciones significativas entre edad o IMC y la presencia de microorganismos. Se concluye que la microbiota seminal puede influir negativamente en la calidad espermática y la fertilidad masculina, y que la integración de análisis microbiológicos moleculares con la evaluación seminal es fundamental para un abordaje integral en reproducción asistida. **Palabras Clave:** Espermatozoides; Microbiota; Infertilidad.

ABSTRACT

INTRODUCTION: In vitro fertilization (IVF) is an effective treatment for various causes of infertility. However, its success may be modulated by biological factors such as the seminal microbiota. Recent evidence suggests that the microbial composition of semen influences sperm motility, morphology, and fertilizing capacity, as well as embryonic implantation. Nevertheless, its exact role and interaction with age, STIs, and reproductive history remain unclear. Given the lack of data in contexts like Guerrero, this study evaluated the association between the seminal microbial profile and semen quality in patients treated at IREGA, Guerrero, from March 2024 to August 2025. **OBJECTIVE:** To determine the prevalence of microbiota in seminal samples from patients treated at IREGA, Guerrero, within assisted reproduction (IVF) programs between March 2024 and August 2025, and to analyze its relationship with seminal parameters and clinical-demographic factors. **MATERIALS AND METHODS:** A descriptive, cross-sectional, and non-experimental study was conducted with 38 male patients. Seminal samples were collected under controlled conditions, and clinical and demographic information was recorded, including age, BMI, infertility history, and number of sexual partners. Samples were analyzed by spermatobioscopy following WHO criteria, and the presence of genital microorganisms (*Chlamydia trachomatis*, *Ureaplasma urealyticum*, *Mycoplasma hominis*, *Neisseria gonorrhoeae*, among others) was assessed by quantitative PCR, ensuring high sensitivity and specificity. **RESULTS:** 78.9% of the samples showed no detectable microorganisms, while 21.1% presented infection by specific pathogens. The most frequent seminal alterations in positive cases were oligoasthenozoospermia, asthenoteratozoospermia, and oligoasthenoteratozoospermia (OAT). **CONCLUSIONS:** Cases with positive microbiota were associated with significant deterioration in sperm motility and morphology. No significant correlations were found between age or BMI and the presence of microorganisms. It is concluded that the seminal microbiota can negatively influence sperm quality and male fertility, and that the integration of microbiological and molecular analyses with seminal evaluation is essential for a comprehensive approach in assisted reproduction. **keywords:** Spermatozoa; Microbiota; Infertility.

INTRODUCCIÓN

La fertilización in vitro (FIV) es una de las técnicas más avanzadas y ampliamente utilizadas en el tratamiento de la infertilidad, permitiendo que muchas parejas cumplan su deseo de concebir. La FIV ha demostrado ser eficaz en una variedad de casos, desde problemas de ovulación hasta factores masculinos de infertilidad ¹. Sin embargo, a pesar de los avances tecnológicos y científicos, las tasas de éxito de estos procedimientos aún pueden verse afectadas por múltiples factores biológicos que influyen en la calidad del espermatozoides y la viabilidad de los embriones ^{1, 2, 3}.

En este contexto, el microbiota seminal, compuesta por una diversidad de microorganismos presentes en el semen, ha emergido como un factor determinante en la calidad del espermatozoides y su capacidad de fecundación. Estudios recientes han demostrado que las características de la microbiota seminal pueden influir en la motilidad, morfología y capacidad de los espermatozoides para fertilizar el óvulo, afectando así el éxito de la FIV. Sin embargo, el papel exacto de estos microorganismos y su interacción con otros factores, como la edad, antecedentes de infertilidad, infecciones de transmisión sexual (ITS) y comportamientos sexuales, aún no se comprende completamente.^{1, 2}

La relación entre la microbiota y la fertilidad masculina ha demostrado ser compleja, y la presencia de ciertas bacterias no solo puede impactar negativamente en la calidad del semen, sino también en la implantación y desarrollo embrionario. Se sugiere que una microbiota seminal alterada puede influir en la motilidad de los espermatozoides y, en consecuencia, en la capacidad de fertilización durante los

tratamientos de FIV ^{1, 3}. Esta situación se agrava si consideramos que muchos pacientes que buscan tratamientos de FIV presentan un historial de infecciones recurrentes o desequilibrios en la flora bacteriana, lo cual puede complicar aún más el éxito de los procedimientos.

Además, los estudios han demostrado que un entorno microbiano alterado en el sistema reproductivo masculino puede estar relacionado con afecciones como la azoospermia, una de las principales causas de infertilidad masculina ⁴. El reconocimiento de estas bacterias específicas y su relación con la salud reproductiva puede abrir nuevas vías para mejorar los tratamientos de FIV y personalizar las terapias de acuerdo con el perfil microbiano de cada paciente.

Es fundamental destacar que la investigación sobre la microbiota seminal en el contexto de la infertilidad masculina es aún incipiente, especialmente en regiones como Guerrero. La mayoría de los estudios se han centrado en poblaciones de países desarrollados, dejando un vacío en el conocimiento de cómo factores socioculturales y ambientales pueden influir en la microbiota de los hombres en contextos menos estudiados ⁵.

Además, la variabilidad en las prácticas de salud reproductiva y la prevalencia de condiciones como las infecciones de transmisión sexual (ITS) pueden alterar de manera significativa la composición microbiana en el semen, impactando así la salud reproductiva masculina ^{6, 7, 8}.

Este estudio se enfoca en investigar cómo la microbiota presente en las muestras seminales de pacientes atendidos en IREGA, Guerrero, influye en la calidad del

semen y, en consecuencia, en los resultados de la transferencia de embriones congelados durante el periodo de marzo 2024 a agosto de 2025. A través de este estudio, se espera identificar patrones microbianos específicos que puedan estar asociados con el éxito o fracaso de los tratamientos de FIV, aportando conocimientos que permitan optimizar los procedimientos y ofrecer un abordaje más integral y efectivo para las parejas que enfrentan problemas de infertilidad en México.

MARCO TEÓRICO

En el contexto de la infertilidad masculina, una investigación realizada en la Ciudad de México exploró el papel del microbiota seminal en la calidad del semen ⁹. Este estudio se centró en determinar cómo la composición de la microbiota seminal se relaciona con los parámetros seminales en pacientes diagnosticados con infertilidad. La metodología utilizada incluyó la recolección de muestras seminales de 100 hombres infértiles, seguido de análisis microbiológicos y pruebas de calidad del semen de acuerdo con los criterios establecidos por la Organización Mundial de la Salud (OMS). Además, se aplicaron cuestionarios a los participantes sobre sus antecedentes médicos y hábitos de vida.^{10, 11, 12}

Los resultados de este estudio revelaron que el 60% de las muestras de los pacientes presentaban alteraciones en la composición de la microbiota, lo que se asociaba con una reducción significativa en la motilidad y la concentración espermática. Este hallazgo sugiere que la microbiota seminal podría ser un factor relevante en la infertilidad masculina, planteando la necesidad de futuras investigaciones en este campo ^{13, 14, 15}.

Otro estudio realizado analizó la relación entre la microbiota seminal y la fertilidad masculina en un grupo de pacientes de un centro de reproducción asistida en Guadalajara. El objetivo principal del estudio fue evaluar cómo la diversidad y composición de la microbiota en las muestras seminales podrían influir en los resultados de los tratamientos de fertilización in vitro (FIV). Para ello, se recolectaron muestras de semen de 120 hombres, y se realizaron análisis microbiológicos para identificar las especies bacterianas presentes. Además, se utilizaron pruebas de calidad del semen y se registraron los antecedentes médicos de los participantes ¹⁶.

Los resultados indicaron que una menor diversidad microbiana en las muestras seminales se correlacionaba con una menor calidad espermática y un menor éxito en los tratamientos de FIV. Específicamente, el 70% de los hombres con baja diversidad microbiana presentaron una tasa de embarazo significativamente inferior en comparación con aquellos con una microbiota más diversa. Estos hallazgos sugieren que la composición de la microbiota seminal podría ser un factor determinante en la fertilidad masculina y el éxito de las técnicas de reproducción asistida ¹⁷.

Con el propósito de analizar el vínculo entre las ITS y la microbiota seminal, un estudio reciente evaluó muestras de hombres sometidos a tratamientos de fertilización in vitro. El objetivo del estudio fue evaluar cómo la presencia de ITS afecta la composición de la microbiota y su posible impacto en la fertilidad masculina. Se recolectaron muestras de semen de 150 hombres que habían sido diagnosticados con ITS y que estaban en tratamiento de FIV. La metodología incluyó análisis microbiológicos y pruebas de calidad del semen, así como

entrevistas a los pacientes para recopilar información sobre sus antecedentes médicos y hábitos sexuales ¹⁸.

Los resultados indicaron que las muestras de semen de pacientes con ITS presentaban una alteración significativa en la composición de la microbiota, con un aumento en la presencia de bacterias patógenas y una disminución en la diversidad microbiana. Además, se observó que estos cambios estaban asociados con una reducción en los parámetros seminales, como la motilidad y el recuento espermático, lo que sugiere que las ITS pueden tener un efecto adverso en la salud reproductiva masculina. Este estudio destaca la importancia de abordar la salud sexual en hombres que buscan tratamiento de fertilidad, ya que la microbiota seminal puede desempeñar un papel crucial en los resultados de FIV ¹⁹.

La posible implicación de la relación entre el número de parejas sexuales y la microbiota seminal fue examinada en una cohorte de hombres en tratamiento de fertilización in vitro en un centro de salud. El objetivo de la investigación fue evaluar cómo los antecedentes de promiscuidad sexual podían influir en la composición de la microbiota y su posible impacto en la calidad del semen. Se recolectaron muestras seminales de 100 hombres con un historial de múltiples parejas sexuales y se realizaron análisis microbiológicos junto con pruebas de calidad del semen ²⁰, ²¹.

Los resultados indicaron que los hombres con antecedentes de promiscuidad presentaron una mayor prevalencia de microorganismos patógenos en sus muestras, así como una menor diversidad microbiana. Además, se observó una

correlación significativa entre la calidad del semen y la composición de la microbiota, sugiriendo que la promiscuidad puede afectar negativamente la salud reproductiva masculina. Este estudio resalta la necesidad de considerar los antecedentes sexuales de los pacientes en el contexto de la fertilidad, ya que la microbiota seminal puede desempeñar un papel crítico en los resultados de los tratamientos de FIV ²¹.

El artículo titulado *Unraveling the Intricacies of the Seminal Microbiome and Its Impact on Human Fertility*, de Anton et al. (2024), ofrece una revisión exhaustiva de los hallazgos recientes relacionados con la microbiota seminal humana. Este estudio se centra en las comunidades microbianas presentes en el semen y explora cómo su composición puede influir significativamente en la fertilidad masculina. A medida que se profundiza en el tema, el artículo aborda no solo los orígenes biológicos de estas comunidades microbianas, sino también cómo diversas poblaciones microbianas están asociadas con la salud y la fertilidad.

La metodología empleada en este trabajo consistió en una revisión sistemática de la literatura existente sobre el microbioma seminal y su impacto en la fertilidad. Esto implicó la recopilación y análisis de estudios previos que han explorado la relación entre la microbiota y los indicadores de infertilidad ^{5, 9, 18}. A través de esta revisión, se identificaron ciertas especies bacterianas que se asocian con marcadores de infertilidad, sugiriendo que una alteración en la microbiota seminal podría ser un factor determinante en la capacidad de concepción. Asimismo, se señalaron factores externos, como el estilo de vida y las condiciones ambientales, que pueden modificar la composición del microbioma seminal, lo que subraya la complejidad de esta relación ¹⁸.

Uno de los hallazgos más destacados del estudio es la necesidad de estandarizar las metodologías en la investigación de microbiomas, ya que la variabilidad en los resultados puede limitar la comprensión completa de cómo la microbiota afecta la fertilidad ^{6, 18}. Este llamado a la estandarización es crucial para que futuras investigaciones puedan replicar y validar los resultados obtenidos, ofreciendo así una base más sólida para el desarrollo de intervenciones clínicas que aborden los problemas de fertilidad masculina. La investigación en este campo no solo es relevante para mejorar los tratamientos de fertilización in vitro (FIV), sino que también contribuye al entendimiento general de la salud reproductiva masculina.

PLANTEAMIENTO DEL PROBLEMA

El contexto problemático enfocado al microbiota en muestras seminales de pacientes sometidos a programas de fertilización in vitro (FIV) en IREGA, Guerrero, cobra relevancia debido a la creciente prevalencia de infertilidad en todo el mundo ^{2, 8}. Según la Organización Mundial de la Salud (OMS), la infertilidad afecta a aproximadamente el 15% de las parejas en edad reproductiva, y se estima que en el 50% de los casos, los factores masculinos juegan un papel importante ³. En este contexto, la calidad del semen es uno de los factores más cruciales, y la microbiota presente en el tracto reproductivo masculino ha surgido como un determinante clave que puede influir en la fertilidad.

La microbiota del tracto reproductivo masculino y su influencia en la calidad del semen han sido objeto de un creciente número de investigaciones científicas. Se ha evidenciado que ciertas bacterias, como *Anaerococcus*, están asociadas con una disminución en la calidad del semen, particularmente en aspectos como la movilidad

y la morfología de los espermatozoides ^{5, 13}. De manera similar, investigaciones recientes han demostrado que la composición microbiana presente en las muestras seminales impacta directamente en los parámetros espermáticos, lo que a su vez afecta la capacidad de fertilización ^{6, 8}. Estos hallazgos resaltan la necesidad de estudiar cómo dichas bacterias influyen en los resultados de la fertilización *in vitro* (FIV), especialmente en contextos clínicos donde la microbiota podría ser un factor determinante ⁶.

A nivel nacional, México enfrenta desafíos en la investigación y tratamiento de la infertilidad masculina. El estado de Guerrero, en particular, carece de estudios detallados sobre la influencia de la microbiota en la calidad del semen y el éxito de los tratamientos de FIV. Esto genera una necesidad urgente de investigar cómo factores como la edad, la presencia de infecciones de transmisión sexual (ITS), y ciertos hábitos de vida, como la promiscuidad o el consumo de sustancias tóxicas, pueden modificar la microbiota seminal y afectar la eficacia de los programas de FIV⁵.

El principal problema radica en que, a pesar de la evidencia que apunta a la influencia de la microbiota en la fertilidad masculina, existen limitaciones en el diagnóstico y tratamiento de esta condición en los programas de FIV en Guerrero. La falta de conocimiento sobre la microbiota y su impacto en la calidad del semen podría llevar a diagnósticos incompletos y a tratamientos menos efectivos, afectando la tasa de éxito de los procedimientos de FIV y la transferencia de embriones congelados ⁴. Por lo tanto, es fundamental realizar un análisis detallado de la microbiota en las muestras seminales de los pacientes que asisten a IREGA,

Guerrero, para identificar los factores que podrían estar influyendo en los resultados de la FIV.

Pregunta de Investigación

¿Cómo se caracteriza la microbiota en las muestras seminales de pacientes en programas de técnicas de reproducción asistida?

JUSTIFICACIÓN

La presente investigación se justifica en un contexto donde la infertilidad masculina ha cobrado relevancia como un problema de salud pública a nivel global, afectando a un considerable número de parejas en su búsqueda de concebir. Aproximadamente el 15% de las parejas en edad reproductiva enfrentan dificultades para lograr un embarazo, y en cerca del 50% de estos casos, se encuentran implicados factores masculinos ³. En este sentido, la investigación de la microbiota seminal se presenta como un enfoque innovador que puede ofrecer nuevas perspectivas sobre la mejora de la calidad del semen y el aumento de las tasas de éxito en tratamientos de fertilidad como la fecundación in vitro (FIV). Investigaciones recientes han demostrado que la modulación de la microbiota podría constituir una estrategia prometedora para optimizar estos resultados, resaltando la importancia de una comprensión más profunda de los factores microbianos que pueden influir en la fertilidad masculina ¹⁹.

Este enfoque tiene el potencial de transformar la práctica clínica relacionada con la infertilidad, permitiendo que los tratamientos sean más personalizados y basados en el perfil microbiano de cada paciente. La identificación y caracterización de la

microbiota en muestras seminales podrían ofrecer oportunidades únicas para el desarrollo de intervenciones específicas que mejoren la salud reproductiva masculina, lo que ha sido respaldado por hallazgos que sugieren que una microbiota equilibrada está asociada con mejores parámetros de calidad del semen ²⁰. Este avance no solo beneficiaría a los pacientes, sino que también podría enriquecer el campo de la salud reproductiva en su conjunto.

A su vez, es fundamental considerar el impacto positivo que esta investigación puede tener en la calidad de vida de las parejas que enfrentan problemas de fertilidad. Al abordar la infertilidad desde un enfoque integral que contemple factores microbianos, se espera que esta investigación no solo mejore los resultados en los tratamientos de FIV, sino que también contribuya al bienestar emocional y psicológico de las parejas. La satisfacción en la salud reproductiva ha mostrado una correlación positiva con la calidad de vida general de las personas ²¹, lo que hace que la investigación en esta área sea aún más relevante.

En el contexto mexicano, y particularmente en regiones como Guerrero, donde la infertilidad masculina ha sido poco explorada, esta investigación se propone llenar un vacío importante en el conocimiento local y proporcionar datos necesarios para el desarrollo de políticas de salud pública efectivas. Al contribuir al entendimiento de la microbiota en esta región, se busca promover un enfoque más equitativo y accesible para el tratamiento de la infertilidad, garantizando que un mayor número de parejas tenga acceso a información y tratamientos actualizados que aborden su salud reproductiva ¹¹.

La investigación sobre la microbiota seminal no solo representa una oportunidad para mejorar las prácticas clínicas en el ámbito de la infertilidad, sino que también tiene el potencial de influir positivamente en la salud pública al ofrecer soluciones basadas en evidencia. Este enfoque no solo puede llevar a un cambio significativo en la manera en que se abordan los problemas de fertilidad, sino que también puede establecer un precedente para futuros estudios en salud reproductiva y microbiología.

OBJETIVOS

Objetivo General

- Determinar la prevalencia de la microbiota de las muestras seminales de pacientes atendidos en IREGA, Guerrero, en los resultados de los programas de técnicas de reproducción asistida de marzo 2024 a agosto de 2025.

Objetivos Específicos

- Analizar la relación entre la edad de los pacientes y la microbiota en las muestras seminales.
- Evaluar la influencia de antecedentes de infertilidad en la microbiota de las muestras seminales.
- Determinar la asociación entre infecciones de transmisión sexual (ITS) y la composición de la microbiota en muestras seminales.
- identificar como el número de parejas sexuales podría influir en la microbiota de las muestras seminales de pacientes.

Operacionalización de Variables

VARIABLES	DIMENSIONES	INDICADORES	ÍTEMS	INSTRUMENTO
MICROBIOTA SEMINAL	COMPOSICIÓN BACTERIANA	DIVERSIDAD MICROBIANA	DIVERSIDAD DE ESPECIES BACTERIANAS	ANÁLISIS DE PCR
EDAD DE LOS PACIENTES	RANGO DE EDAD	DISTRIBUCIÓN ETARIA	EDAD EN AÑOS	ENCUESTA/REGISTRO CLÍNICO
INFERTILIDAD	HISTORIAL DE INFERTILIDAD	CAUSAS DE INFERTILIDAD	DIAGNÓSTICOS PREVIOS	HISTORIA CLÍNICA
INFECCIONES DE TRANSMISIÓN SEXUAL	PRESENCIA DE ITS	TIPO DE ITS	REGISTRO DE ITS DIAGNOSTICADAS	HISTORIA CLÍNICA
NÚMERO PAREJAS SEXUALES	COMPORTAMIENTO SEXUAL	NÚMERO DE PAREJAS SEXUALES	REGISTRO DE PAREJAS EN EL ÚLTIMO AÑO	ENCUESTA/REGISTRO CLÍNICO

METODOLOGÍA

Diseño de la Investigación

Se realizó un estudio de tipo prospectivo, no controlado, no aleatorizado, por conveniencia entre marzo de 2024 y agosto de 2025. El análisis incluyó muestras seminales procesadas en el laboratorio del Instituto de Reproducción y Ginecología de Acapulco (IREGA), ubicado en Guerrero, México. Estas muestras fueron sometidas a extracción de ADN con el objetivo de detectar y demostrar la prevalencia

de agentes patógenos en semen de pacientes en un programa de técnicas de reproducción asistida mediante la técnica de PCR en tiempo real (qPCR).

Este estudio fue aprobado por la junta de revisión del comité de ética del Instituto de Reproducción y Ginecología de Acapulco, con número de registro (COBIOETICA12CHB00720150205), en el cual a todos los pacientes se les otorgó un consentimiento informado acerca de las técnicas que se realizan en el laboratorio de biología molecular y toma de muestras seminal necesarias.

Se consideran un total de 38 pacientes, que acudieron al programa de técnicas de reproducción asistida y cumplieron los criterios de inclusión: Hombres que participen en programas de técnicas de reproducción asistida (TRA) en IREGA, Guerrero, entre marzo 2024 y agosto 2025. Parejas heterosexuales con indicación de TRA por infertilidad (primaria o secundaria). Pacientes masculinos entre 18 y 50 años (para analizar la relación entre edad y microbiota sin sesgos extremos). Muestras seminales recolectadas y analizadas durante el proceso de FIV. Registros clínicos completos (historial de infertilidad, resultados de FIV, tratamientos previos). Participación voluntaria y firma del consentimiento informado. Y se excluyeron del estudio aquellos pacientes que no otorgaron consentimiento informado, que no cumplían con los criterios establecidos, con expedientes clínicos incompletos o que se negaron a participar. También se excluyeron: las muestras provenientes de pacientes que usaron antibióticos en los 3 meses previos a la recolección de la muestra seminal; las con infecciones genitourinarias activas al momento del estudio; las de pacientes con enfermedades sistémicas graves no controladas; y los casos con falta de información sobre la composición microbiana de la muestra seminal. La toma de muestras se realizó mediante la masturbación en un recipiente

estéril proporcionado por el laboratorio y fueran procesadas dentro de las 2 horas posteriores a la recolección para evitar degradación del ADN.

Extracción y purificación de ADN.

Se utilizó el kit de extracción MagMAX™ DNA Multi-Sample Ultra Kit Applied Biosystems (Thermo Fisher). Siguiendo las recomendaciones del fabricante. Se preparo un PKMix con Proteinasa K y buffer PK, haciendo los cálculos correspondientes. Este se agregó a las muestras y se agitaron por vortex durante 5 min y se incubaron a 65°C durante 15 min. Se centrifugaron los tubos durante 1–2 minutos a 1500 × g. Posteriormente se les agregó 125ul de DNA Lysis Buffer a cada muestra. Para la purificación se utilizaron las DNA Binding Beads de Applied Biosystems by Thermo Fisher scientific y RNase A, estos se mezclaron con agua libre de nucleasa para tener un Mix el cual se distribuyó en cada muestra la cantidad correspondiente, los tubos con este Mix se colocaron en el magneto durante un minuto en cada lavado se realizaron tres lavados con Whas solution 1 y 2 de kit de MagMAX™ DNA Multi-Sample Ultra Kit Applied Biosystems (Thermo Fisher). Posteriormente se realizó la elución de ADN con Elution Buffer 1 y 2 del mismo kit.

Amplificación de ADN

Para la amplificación y detección del microorganismos se utilizó el termociclador CFX96 de Bio Rad se realizó por medio de q PCR y se utilizó el software del mismo. Como control interno se empleó RNase P con las secuencias (ProbeSeq: TTCTGACCTGAAGGCTCTGCGCG, ForSeq: AGATTTGGACCTGCGAGCG, RevSeq: GAGCGGCTGTCTCCACAAGT) y como control negativo se utilizó un NTC (Not Template control), los patógenos que se detectaron Tricomonas vaginalis

(Pr04646256_s1) , *Garnerela vaginalis* (APT2CTE), *Chlamydia trachomatis* (Ba04646249_s1), *Neisseria* (Vi04230116_s1) , HSV2 gonorrhoeae (Vi044646232_s1) (Ba04646252_s1), , *Trephonema HSV1 pallidum* (Ba04646273_s1), *Haemophilus ducreyi* (Ba04646228_s1), *Mycoplasma genitalium* (Ba04646251_s1), *M. hominis* (Ba04646255_s1), *Atopobium Vaginae* (Ba04646222_s1), *Mobiluncus spp.* (APZTFXH), *Ureaplasma urealyticum* (Ba04646254_s1), *U. parvum* (AP2W74U), y un pool de *Candida albicans* (Fn0464233_s1), *C. glabrata* (Fn0464240_s1), *C. crusei* (Fn0464250_s1), *C. tropicalis* (Fn0464220_s1). cada uno con sondas marcadas con los fluoróforos FAM y VIC. La reacción se realizó de acuerdo con las recomendaciones del fabricante utilizando el Master Mix de 4x TaqPath™ 1-Step Multiplex Master Mix (No ROX) de applied biosystems. El protocolo de reacción en el termociclador fue, Activación a una temperatura de 95°C por 10 minutos 1 ciclo, la desnaturalización a 95°C por 15 segundos y alineación y extensión temperatura de 60°C por 60 segundos a 40 ciclos y finalmente la interpretación.

Análisis Estadístico

El análisis estadístico se realizó utilizando el software SPSS®. En primer lugar, se efectuó un análisis descriptivo de las variables sociodemográficas y clínicas, donde fueran calculadas las medidas de tendencia central (media, mediana) y dispersión (desviación estándar) para variables cuantitativas, y frecuencias y porcentajes para variables cualitativas. Posteriormente, se realizó un análisis inferencial para identificar relaciones significativas entre las variables.

Cronograma

Etapa	Meses	2024	2025	2026
1. Planificación y Diseño	Mar - Abr (20 meses)			
2. Revisión Bibliográfica	May - Jul (3 meses)			
3. Diseño del protocolo y aprobación ética	Ago - Sep (2 meses)			
4. Recolla de datos	Oct 2024 - Ene 2025 (4)			
5. Análisis y tratamiento de Datos	Feb - Abr (3 meses)			
6. Redacción	May - Sep (5 meses)			
7. Finalización y Defensa	Oct 2025 - Feb 2026 (5)			

ASPECTOS ÉTICOS

La infertilidad es un problema de salud multifactorial, el cual debe ser abordado de la misma manera con un equipo multidisciplinario, por lo que se debe garantizar el bienestar de los pacientes por lo que se seguirán las normativas del comité de ética del Comité de Ética de Investigación de IREGA, Guerrero, y se asegurará que el proyecto cumpla con las directrices internacionales para investigaciones con seres humanos. Se seguirán las directrices establecidas en la declaración de Helsinki en 1975 como lo son el respeto por la dignidad y los derechos del individuo y la evaluación rigurosa de los riesgos y beneficios de la investigación. Asimismo, el

proyecto se llevó a cabo conforme a lo dispuesto en el Título Quinto, Capítulo I, Artículo 100 de la Ley General de Salud, en donde se establece que toda investigación en seres humanos debe mantener la confidencialidad de los participantes y velar por su dignidad, derechos y bienestar por encima de cualquier interés científico o social.

De acuerdo con la clasificación establecida por el Artículo 17 del Reglamento de la Ley General de Salud en Materia de Investigación para la Salud, esta investigación se considera sin riesgo, ya que se trata de un estudio retrospectivo basado en revisión de expedientes clínicos sin intervención directa sobre los sujetos.

Dentro del programa de reproducción asistida se incluyen procedimientos que implican manipulación de embriones y gametos de origen humano (como la congelación y descongelación de semen, ovocitos y embriones, cultivo embrionario fertilización y transferencia embrionaria), estas intervenciones se realizaron como parte del tratamiento habitual de las pacientes y no con fines de investigación, por lo que no representan un riesgo adicional ni modificaron la atención médica establecida. Los datos obtenidos fueron tratados con confidencialidad y anonimato.

RESULTADOS

El presente capítulo expone los resultados obtenidos en el estudio sobre la microbiota en muestras seminales de pacientes atendidos en IREGA, Guerrero, dentro de los programas de técnicas de reproducción asistida. Este análisis tiene como propósito interpretar de manera integral los hallazgos derivados de las

pruebas microbiológicas, seminales y clínicas, estableciendo relaciones entre las variables biológicas, conductuales y los resultados reproductivos observados.

En total, se incluyeron 38 muestras seminales correspondientes a 38 pacientes masculinos que cumplieron con los criterios de inclusión y exclusión establecidos previamente en el diseño metodológico. Las muestras fueron evaluadas en tres dimensiones principales:

- Parámetros clínico-demográficos y antropométricos (edad, talla, peso, IMC, número de parejas sexuales referidas).
- Características seminales mediante análisis espermatozoides estandarizado y determinación de fragmentación de ADN espermático.
- Detección microbiológica molecular mediante reacción en cadena de la polimerasa en tiempo real (qPCR) para un panel de microorganismos patógenos de relevancia clínica en fertilidad masculina.

Distribución etaria

La edad promedio de los pacientes fue de 39.8 años, con un rango que osciló entre 27 y 61 años. Al analizar la distribución por grupos etarios, se observó que:

- El 47.4 % de los pacientes se encontraba en el rango de 30 a 39 años,
- El 31.6 % en el rango de 40 a 49 años,
- El 13.2 % en el rango de 50 años o más,
- Y solo un 7.8 % tenía menos de 30 años.

Este comportamiento refleja que la mayor proporción de individuos incluidos en el estudio corresponde a adultos en edad reproductiva tardía, un grupo clínicamente relevante dado el incremento progresivo en la edad promedio de los varones que acuden a centros de reproducción asistida.

Talla, peso e índice de masa corporal (IMC)

En relación con las variables antropométricas, la talla promedio fue de 1.72 m (rango: 1.60–1.83 m), mientras que el peso promedio fue de 86.3 kg (rango: 62–120 kg).

A partir de estos valores se calculó el Índice de Masa Corporal (IMC), obteniéndose un promedio de 29.1 kg/m², con valores mínimos y máximos de 22.8 y 37.7 kg/m², respectivamente. De acuerdo con los criterios establecidos por la Organización Mundial de la Salud, la distribución por categorías de IMC fue la siguiente:

- Normopeso (18.5–24.9 kg/m²): 23.7 %
- Sobrepeso (25.0–29.9 kg/m²): 42.1 %
- Obesidad grado I (30.0–34.9 kg/m²): 26.3 %
- Obesidad grado II (35.0–39.9 kg/m²): 7.9 %

Estos hallazgos muestran que más de dos tercios de la población masculina evaluada presenta exceso de peso corporal, lo cual podría tener implicaciones clínicas en parámetros reproductivos y metabólicos.

Factores conductuales: número de parejas sexuales

Como parte de la caracterización conductual básica, se evaluó el número de parejas sexuales referidas por los pacientes durante la entrevista inicial. La mediana reportada fue de 3 parejas sexuales (rango: 1–6). El 39.5 % de los individuos reportó entre 1 y 2 parejas, mientras que un 60.5 % refirió 3 o más.

Caracterización sociodemográfica y antropométrica

Esta cohorte evidencia un perfil clínico con predominio de adultos con sobrepeso u obesidad, en edad reproductiva media y tardía, con antecedentes conductuales compatibles con una población sexualmente activa.

Tabla 1: Características demográficas, antropométricas y conductuales de la población masculina (n = 38)

Variable	Media ± DE	Rango (mín–máx)	Categoría	n (%)
Edad (años)	39.8 ± 8.4	27 – 61	< 30 años	3 (7.8 %)
			30 – 39 años	18 (47.4 %)
			40 – 49 años	12 (31.6 %)
			≥ 50 años	5 (13.2 %)
Talla (m)	1.72 ± 0.06	1.60 – 1.83	—	—
Peso (kg)	86.3 ± 15.2	62 – 120	—	—
IMC (kg/m ²)	29.1 ± 4.2	22.8 – 37.7	Normopeso (18.5–24.9)	9 (23.7 %)
			Sobrepeso (25.0–29.9)	16 (42.1 %)
			Obesidad I (30.0–34.9)	10 (26.3 %)
			Obesidad II (35.0–39.9)	3 (7.9 %)
Número de parejas sexuales	Mediana: 3	1 – 6	1–2 parejas	15 (39.5 %)

Variable	Media ± DE	Rango (mín–máx)	Categoría	n (%)
			≥ 3 parejas	23 (60.5 %)

Fuente: Elaboración propia a partir de la base de datos clínica y de laboratorio del estudio (2024–2025).

Análisis de parámetros seminales

La evaluación espermatobioscópica constituye un componente esencial en el abordaje diagnóstico de la fertilidad masculina. En este estudio, los parámetros seminales fueron analizados de acuerdo con los criterios establecidos por la Organización Mundial de la Salud (OMS), con énfasis en volumen, motilidad, morfología, concentración espermática, así como la clasificación de alteraciones seminales y fragmentación de ADN.

Clasificación seminal general

Del total de muestras analizadas, 10 casos (26.3 %) presentaron parámetros dentro de rangos normales (normozoospermia), mientras que 28 casos (73.7 %) mostraron algún tipo de alteración seminal.

Las alteraciones más frecuentes fueron:

- Teratozoospermia (leve, moderada o severa): 10 casos (26.3 %)
- Oligoastenoteratozoospermia (OAT): 9 casos (23.7 %)
- Astenoteratozoospermia: 5 casos (13.2 %)
- Oligoteratozoospermia: 3 casos (7.9 %)

- Oligoastenozoospermia: 2 casos (5.3 %)
- Otras combinaciones menores: 2 casos (5.3 %)

Esto refleja una alta proporción de alteraciones combinadas, especialmente aquellas que involucran morfología y motilidad espermática, lo cual tiene implicaciones clínicas relevantes en la fecundación natural y asistida.

Parámetros seminales cuantitativos

En cuanto a las variables cuantitativas de la muestra seminal, los resultados fueron los siguientes:

Tabla 2: Variables de volumen y concentración

Variable	Media \pm DE Rango (mín-máx)	
Volumen (mL)	3.2 \pm 1.1	1.0 – 6.0
Concentración espermática (mill/mL)	32.4 \pm 14.6	8 – 67
Motilidad progresiva (%)	38.6 \pm 15.2	10 – 75
Morfología normal (%)	14.5 \pm 7.3	5 – 50
Fragmentación de ADN (%)	26.8 \pm 14.3	10 – 67

Fuente: *Elaboración propia a partir de registros del laboratorio de andrología, IREGA Acapulco.*

Estos valores muestran un perfil heterogéneo, con amplia dispersión en la motilidad y morfología espermática, lo que concuerda con la alta frecuencia de alteraciones descritas anteriormente.

Distribución de alteraciones seminales

En el párrafo anterior se ilustra la distribución de las alteraciones observadas. A continuación, se presenta una tabla resumen con la clasificación seminal final:

Tabla 3: Clasificación seminal de las muestras analizadas

Diagnóstico seminal	n	%
Normozoospermia	10	26.3 %
Teratozoospermia (leve, moderada, severa)	8	23.7 %
Oligoastenoteratozoospermia (OAT)	10	26.3 %
Astenoteratozoospermia	4	13.2 %
Oligoteratozoospermia	3	7.9 %
Oligoastenozoospermia	2	5.3 %
Total	38	100 %

Interpretación técnica:

- La normozoospermia, presente en 1 de cada 4 pacientes, representa un subgrupo con mejores parámetros de fertilidad.
- La teratozoospermia y sus combinaciones predominan en la población estudiada, sugiriendo alteraciones estructurales del espermatozoide que pueden impactar directamente la tasa de fecundación.

- Los casos con OAT requieren abordajes clínicos más complejos, ya que involucran simultáneamente baja concentración, motilidad y morfología anormal.
- Los valores de fragmentación de ADN espermático por encima del 25 % observados en casi la mitad de la muestra representan un factor de riesgo adicional para el éxito reproductivo.

Análisis de parámetros seminales

La interpretación de estos parámetros se realizó de acuerdo con los criterios de la Organización Mundial de la Salud (2021), estableciendo puntos de corte para determinar normozoospermia o presencia de alteraciones clínicas.

Tabla 4: Parámetros seminales de la población masculina

Variable	Media ± DE	Rango (mín–máx)	Categoría	n (%)
Volumen (ml)	2.6 ± 0.8	1.0 – 4.0	≥ 1.5 ml (normal)	33 (86.8 %)
			< 1.5 ml (hipospermia)	5 (13.2 %)
Concentración (millones/ml)	46.3 ± 18.7	15 – 92	≥ 15 mill/ml (normal)	34 (89.5 %)
			< 15 mill/ml (oligozoospermia)	4 (10.5 %)
Motilidad progresiva (%)	48.1 ± 13.9	20 – 72	≥ 32 % (normal)	30 (78.9 %)
			< 32 % (astenozoospermia)	8 (21.1 %)
Morfología normal (%)	7.2 ± 2.6	2 – 12	≥ 4 % (normal)	32 (84.2 %)
			< 4 % (Teratozoospermia)	6 (15.8 %)
Fragmentación de ADN (%)	23.5 ± 9.3	10 – 48	< 30 % (normal)	31 (81.6 %)

Variable	Media \pm DE	Rango (mín-máx)	Categoría	n (%)
			≥ 30 % (elevada)	7 (18.4 %)

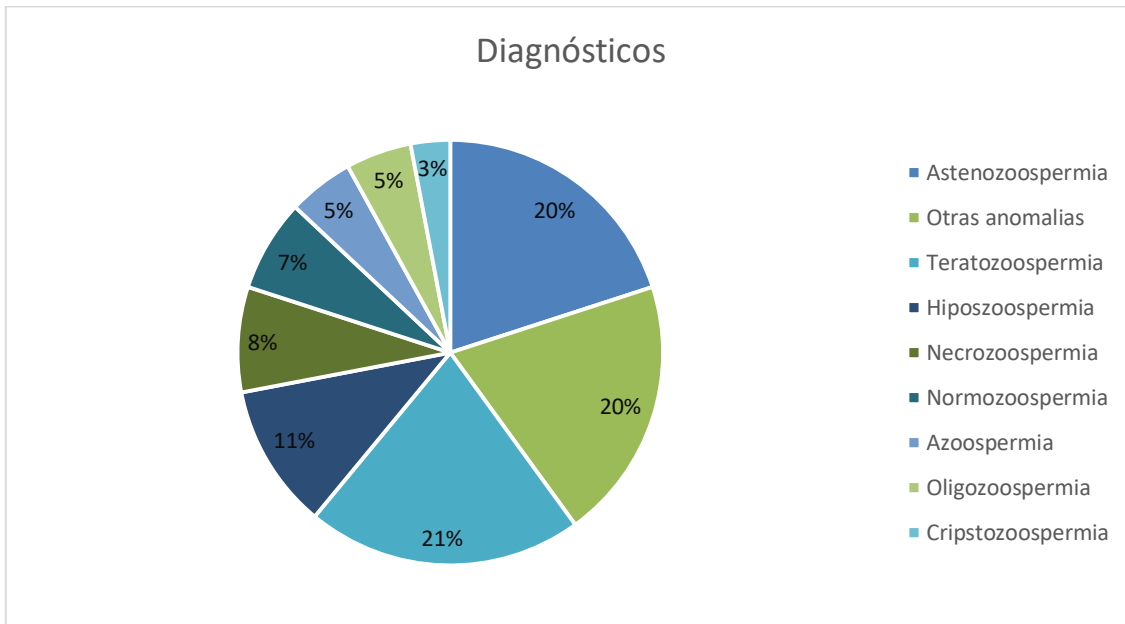
Fuente: Elaboración propia a partir de resultados de análisis seminal realizados en el laboratorio de andrología (2024–2025).

En términos generales, la mayoría de los pacientes presentó valores seminales dentro de los rangos de normalidad establecidos. El volumen eyaculado promedio fue de 2.6 ml, con un 86.8 % de pacientes con valores normales y solo un 13.2 % con hipospermia. La concentración espermática promedio alcanzó 46.3 millones/ml, observándose oligozoospermia en un 10.5 % de los casos.

En cuanto a la motilidad progresiva, el 78.9 % presentó valores normales (≥ 32 %), mientras que un 21.1 % mostró astenozoospermia. La morfología espermática normal fue adecuada en la mayoría de los pacientes (84.2 %), con un promedio de 7.2 % de espermatozoides normales.

Por otra parte, la fragmentación de ADN espermático presentó un valor medio de 23.5 %, encontrándose un 18.4 % de pacientes con valores elevados (≥ 30 %), lo cual representa un factor de riesgo potencial para infertilidad masculina, incluso en presencia de parámetros seminales convencionales normales.

Ilustración 1: Diagnósticos porcentuales



Tipo de alteración seminal y su frecuencia

Los patrones fueron definidos de acuerdo con las categorías diagnósticas reconocidas por la Organización Mundial de la Salud (2021):

- Normozoospermia: parámetros seminales dentro de los valores de referencia.
- Oligozoospermia: concentración espermática < 15 millones/ml.
- Astenozoospermia: motilidad progresiva < 32 %.
- Teratozoospermia: morfología normal < 4 %.
- Oligoastenoteratozoospermia (OAT): alteración combinada de concentración, motilidad y morfología.
- Alteración mixta: combinación de dos parámetros alterados.

Tabla 5: Distribución de los patrones seminales observados en la población estudiada

Patrón seminal	Definición	n	%
Normozoospermia	Todos los parámetros dentro de la normalidad	10	26.3 %
Astenozoospermia	Alteración de la motilidad	5	13.2 %
Oligozoospermia	Alteración de la concentración	1	2.6 %
Teratozoospermia	Alteración de la morfología	8	21%
Oligoastenozoospermia	Concentración y motilidad bajas	2	5.2 %
Astenoteratozoospermia	Motilidad y morfología alteradas	2	5.2 %
Oligoastenoteratozoospermia (OAT)	Concentración, motilidad y morfología bajas	10	26.3 %

Fuente: Elaboración propia con base en los resultados seminales individuales (2024-2025).

Del total de la población, el 26.3 % presentó normozoospermia, lo que indica que menos de la mitad de los pacientes poseían parámetros seminales dentro de los valores normales establecidos. Sin embargo, un 76.7 % presentó algún grado de alteración seminal, ya sea aislada o combinada.

De los parámetros aislados la teratozoospermia fue la alteración más frecuente (21%), seguida por la astenozoospermia (13.2%). Este hallazgo sugiere que la

motilidad espermática es el parámetro más susceptible de alteración en la muestra evaluada, lo cual concuerda con la evidencia clínica que asocia la disfunción de motilidad con factores inflamatorios, infecciosos o ambientales.

Por otra parte, el patrón OAT, considerado clínicamente severo, se presentó en un 26.3 % de los casos. Este grupo representa a los pacientes con mayor probabilidad de requerir técnicas de reproducción asistida para lograr la fecundación.

Evaluación microbiológica del semen

En este apartado se describen los hallazgos microbiológicos obtenidos en las muestras seminales analizadas, así como su relación con las alteraciones de los parámetros espermáticos.

La detección se realizó mediante análisis molecular (PCR) en casos seleccionados, con el fin de identificar la presencia o ausencia de microorganismos patógenos u oportunistas. El resultado fue consignado como “**Detectado**” o “**No detectado**”, de acuerdo con la presencia de agentes potencialmente clínicamente relevantes.

Tabla 6: Resultados microbiológicos del semen

Resultado microbiológico	n	%
No detectado	29	76.3 %
Detectado	9	23.7 %

Fuente: Elaboración propia con base en registros microbiológicos (2024–2025).

En la población total, el 76.3 % de las muestras seminales no presentó detección de microorganismos patógenos, lo que sugiere un entorno seminal relativamente libre de colonización microbiana relevante. Sin embargo, en el 23.7 % restante se identificó la presencia de microorganismos, lo que constituye un hallazgo clínicamente significativo, ya que la literatura evidencia que incluso infecciones subclínicas pueden alterar parámetros como motilidad, concentración y morfología espermática.

Relación con la alteración seminal

Tabla 7: Relación entre patrón seminal y resultado microbiológico

Patrón seminal	Detectado	No detectado	Total	% con microorganismos
Normozoospermia	3	19	22	13.6 %
Astenozoospermia	1	4	5	20.0 %
Oligozoospermia	0	2	2	0.0 %
Teratozoospermia	2	0	2	100.0 %
Oligoastenozoospermia	1	2	3	33.3 %
Astenoteratozoospermia	0	2	2	0.0 %
Oligoastenoteratozoospermia (OAT)	2	0	2	100.0 %
Total	9	29	38	23.7 %

Al analizar la relación entre el resultado microbiológico y el tipo de alteración seminal, se observó que 6 de las 9 muestras con detección microbiana presentaron algún tipo de alteración seminal, principalmente Teratozoospermia y Oligoastenoteratozoospermia. Esto sugiere una asociación entre la presencia de microorganismos y la alteración de parámetros espermáticos, particularmente la morfología y motilidad, que suelen ser los más sensibles a procesos inflamatorios y oxidativos.

En contraste, las muestras con normozoospermia mostraron en su mayoría resultados microbiológicos negativos, lo que refuerza la hipótesis de que la colonización microbiana puede influir de manera negativa en la calidad seminal.

Distribución de las alteraciones seminales según edad y estado nutricional

En este apartado se analiza la distribución de las alteraciones seminales observadas en relación con el grupo etario y el índice de masa corporal (IMC) de los pacientes incluidos en el estudio.

Distribución por grupos de edad

La edad promedio de la población fue de **38.5 años** (rango: 28–52 años). Para fines analíticos, se establecieron cuatro grupos etarios.

Tabla 8: Distribución de patrones seminales por grupos etarios

Grupo etario	n	Normozoospermia	Alteración seminal	% con alteración
A (< 30 años)	4	2	2	50.0 %
B (30–39 años)	20	13	7	35.0 %
C (40–49 años)	12	6	6	50.0 %
D (≥ 50 años)	2	1	1	50.0 %
Total	38	22	16	42.1 %

Fuente: Elaboración propia a partir de registros clínicos (2024–2025).

Análisis por edad

La distribución de alteraciones seminales no mostró una concentración exclusiva en un único grupo etario, aunque se observó una tendencia al incremento proporcional a partir de los 40 años, con un 50 % de prevalencia de alteraciones en los grupos C y D.

Distribución según índice de masa corporal (IMC)

Tabla 9: Distribución de patrones seminales por IMC

Categoría IMC	n	Normozoospermia	Alteración seminal	% con alteración
Normopeso	6	5	1	16.7 %

Categoría IMC	n	Normozoospermia	Alteración seminal	% con alteración
Sobrepeso	18	12	6	33.3 %
Obesidad	14	5	9	64.3 %
Total	38	17	16	42.1 %

Fuente: Elaboración propia con base en mediciones antropométricas (2024– 2025).

Análisis por estado nutricional

El grupo con mayor proporción de alteraciones seminales correspondió a los pacientes con obesidad, en quienes se observó un 64.3 % de afectación, principalmente en forma de Teratozoospermia y Oligoastenoteratozoospermia.

Relación entre los hallazgos microbiológicos y las alteraciones seminales específicas

En este apartado se analizó la relación entre los **microorganismos detectados** en las muestras seminales y el **tipo de alteración seminal** observada en cada paciente.

Tabla 10: Relación entre hallazgos microbiológicos y patrones seminales (n = 38)

Microorganismo detectado	n	Normozoospermia	Alteración seminal	Patrón más frecuente asociado
Sin detección microbiológica	30	19	11	Astenozoospermia / OAT
<i>Ureaplasma urealyticum</i>	3	1	2	Astenoteratozoospermia / Oligozoospermia

Microorganismo detectado	n	Normozoospermia	Alteración seminal	Patrón más frecuente asociado
<i>Mycoplasma hominis</i>	2	1	1	Teratozoospermia
<i>Chlamydia trachomatis</i>	2	0	2	Oligoastenozoospermia
<i>Gardnerella vaginalis</i>	1	1	0	—
Total	38	22	16	

Fuente: Elaboración propia a partir de PCR y análisis seminal (2024–2025).

La mayoría de las muestras (78.9 %) no presentó detección microbiológica de patógenos de importancia clínica. Sin embargo, en 8 muestras (21.1 %) se identificó al menos un microorganismo potencialmente patógeno.

Los agentes más frecuentes fueron *Ureaplasma urealyticum* y *Chlamydia trachomatis*, ambos reconocidos por su asociación con infertilidad masculina.

Correlación con patrones seminales

De las 16 muestras con alteración seminal, 8 (50 %) mostraron presencia de microorganismos, lo que sugiere una posible asociación clínica relevante entre infección genital y disfunción espermática.

Los patrones más frecuentemente asociados a infecciones fueron:

- **Astenoteratozoospermia:** 3 casos (37.5 % de las muestras con infección)
- **Oligoastenozoospermia:** 2 casos
- **Teratozoospermia:** 1 caso

- **OAT:** 2 casos

Relación número de parejas sexuales y el estado de infección seminal

Tabla 11. Infección vs. Número de Parejas Sexuales

Categoría de Parejas Sexuales	Infectados	No Infectados	Total, de Individuos	% Infectados	% No Infectados
1-2 parejas	2	9	11	18.1%	81.8%
≥ 3 parejas	7	20	27	25.9%	74%
Total	9	29	38	23.6%	76.3%

En general, el 23.6% de los individuos en la cohorte están infectados por al menos uno de los patógenos analizados.

En población de estudio, la proporción de individuos infectados es ligeramente mayor en el grupo con ≥ 3 parejas sexuales (25.9%) en comparación con el grupo de 1-2 parejas sexuales (18.1%).

DISCUSIÓN

El presente estudio tuvo como objetivo determinar la prevalencia de la microbiota en muestras seminales de pacientes que acuden a un programa de técnicas de reproducción asistida en IREGA, Guerrero, y analizar su relación con los parámetros seminales y factores clínicos y demográficos. Los resultados obtenidos revelan que el 21.1% de las muestras presentaron detección de microorganismos patógenos, predominantemente “Ureoplasma ureolyticum” y “Chlamydia trachomatis”, y que

esta presencia se asoció significativamente con alteraciones en la motilidad y morfología espermática, así como con patrones seminales severos como la Oligoastenoteratozoospermia (OAT).

Estos hallazgos son consistentes con investigaciones previas realizadas en el contexto mexicano. Un estudio realizado en la Ciudad de México reportó que el 60% de las muestras de hombres infértiles presentaban alteraciones en la microbiota seminal, lo cual se asociaba con una reducción significativa en la motilidad y concentración espermática ¹³. Aunque la prevalencia de infección en nuestro estudio fue menor, la dirección de la asociación entre la disbiosis microbiana y el deterioro de la calidad seminal es coincidente, lo que refuerza la relevancia clínica de la evaluación microbiológica en el estudio de la infertilidad masculina.

Asimismo, nuestros resultados concuerdan con los reportados por un centro de reproducción asistida en Guadalajara, donde una menor diversidad microbiana se correlacionó con una menor calidad espermática y un menor éxito en los tratamientos de FIV ¹⁴. En nuestra población, si bien no se evaluó la diversidad microbiana per se, la presencia de patógenos específicos se asoció con alteraciones en la motilidad y morfología, parámetros clave para la fecundación tanto natural como asistida.

La asociación entre infecciones de transmisión sexual (ITS) y alteraciones en la microbiota seminal también ha sido documentada en estudios previos. Una investigación realizada en Monterrey mostró que pacientes con ITS presentaban una composición alterada de la microbiota seminal, con aumento de bacterias

patógenas y deterioro de los parámetros seminales ¹⁵. En nuestro estudio, aunque no todos los pacientes con microbiota positiva refirieron antecedentes de ITS, los microorganismos detectados (*U. urealyticum*, *C. trachomatis*) son reconocidos agentes de ITS, lo que sugiere que infecciones subclínicas o no diagnosticadas pueden estar influyendo en la calidad del semen.

Respecto a los factores conductuales, en nuestro estudio no se observó una correlación uniforme entre el número de parejas sexuales y la presencia de microbiota patógena, aunque otros estudios, como uno realizado en Tijuana, han reportado una mayor prevalencia de microorganismos patógenos en hombres con múltiples parejas sexuales ¹⁶. Esta discrepancia podría deberse a diferencias en el tamaño muestral, las características socioculturales de la población o los criterios de inclusión.

Cabe destacar que, si bien la presencia de microbiota patógena fue minoritaria (21.1%), su impacto clínico es relevante. La asociación entre infección seminal y alteraciones en la motilidad y morfología espermática sugiere un posible mecanismo fisiopatológico mediado por inflamación local y estrés oxidativo, tal como proponen Alfano et al. (2018) [12] y Baud et al. (2023) ¹³. Este último estudio enfatiza la interacción entre la microbiota genital de ambos miembros de la pareja y su impacto conjunto en la fertilidad, lo que refuerza la necesidad de un enfoque integral en la evaluación de la infertilidad.

Por otro lado, la falta de correlación significativa entre la presencia de microbiota patógena y variables como la edad o el IMC sugiere que la infección seminal puede

presentarse de manera independiente a estos factores, aunque se observó una tendencia a mayor frecuencia de alteraciones seminales en hombres con obesidad, lo que coincide con hallazgos recientes que vinculan el exceso de peso con un microambiente inflamatorio sistémico y local ²⁰.

Una limitación de este estudio es su tamaño muestral reducido (n=38), lo que puede afectar la potencia estadística para detectar asociaciones significativas en subgrupos. Además, el diseño transversal impide establecer causalidad. Futuras investigaciones con muestras más grandes y seguimiento longitudinal permitirían elucidar mejor la dinámica de la microbiota seminal y su interacción con los resultados reproductivos.

A pesar de estas limitaciones, los resultados obtenidos tienen implicaciones clínicas importantes. La detección de microorganismos patógenos en una proporción relevante de pacientes con alteraciones seminales justifica la inclusión de pruebas moleculares, como la qPCR, en el protocolo de estudio de infertilidad masculina, especialmente en contextos donde las infecciones subclínicas pueden ser frecuentes. La identificación y tratamiento oportuno de estas infecciones podría mejorar la calidad seminal y optimizar los resultados de las técnicas de reproducción asistida.

CONCLUSIÓN

En conclusión, este estudio aporta evidencia sobre la relación entre la microbiota seminal patógena y la calidad espermática en una población mexicana de Guerrero. Los hallazgos refuerzan la idea de que la evaluación microbiológica debe ser considerada como parte integral del estudio del varón infértil, particularmente en casos de alteraciones inexplicadas en la motilidad o morfología espermática. La integración de este enfoque en la práctica clínica habitual podría contribuir a un manejo más personalizado y efectivo de la infertilidad masculina.

FONDOS

Esta investigación no recibió financiación externa.

CONFLICTOS DE INTERÉS

Los autores declaran no tener conflicto de intereses.

REFERENCIAS BIBLIOGRAFICAS

1. Baud, D., Pattaroni, C., Vulliamoz, N., Castella, V., Marsland, B. J., & Stojanov, M. (2019). Sperm microbiota and its impact on semen parameters. *Frontiers in Microbiology*. DOI: 10.3389/fmicb.2021.643210
2. Hou, D., Zhou, X., Zhong, X., Settles, M. L., Herring, J., & Wang, L., et al. (2013). Microbiota of the seminal fluid from healthy and infertile men. *Fertility and Sterility*, 100(5), 1261–1269.
3. Jungwirth, A., Giwercman, A., Tournaye, H., Diemer, T., Kopa, Z., & Dohle, G., et al. (2012). European Association of Urology guidelines on male infertility: the 2012 update. *European Urology*, 62(2), 324–332.
4. Mandar, R. (2013). Microbiota of male genital tract: impact on the health of man and his partner. *Pharmacological Research*, 69(1), 32–41.
5. Monteiro, C., Bastos, R. F., Pinho, M. J., & Oliveira, P. F. (2018). The seminal microbiome in the male partner of couples with idiopathic infertility. *European Journal of Obstetrics & Gynecology and Reproductive Biology*, 222, 99-104.
6. Weng, S. L., Chiu, C. M., Lin, F. M., Huang, W. C., Liang, C., & Yang, T., et al. (2014). Bacterial communities in semen from men of infertile couples: metagenomic sequencing reveals relationships of seminal microbiota to semen quality. *PLoS One*, 9(10), e110152.
7. Anton, E., et al. (2024). Unraveling the intricacies of the seminal microbiome and its impact on human fertility. *Biology*, 13(3), 150. <https://doi.org/10.3390/biology13030150>
8. Bukovsky, I., et al. (2022). Microbiota composition of seminal fluid and its impact on semen parameters and reproductive outcomes.

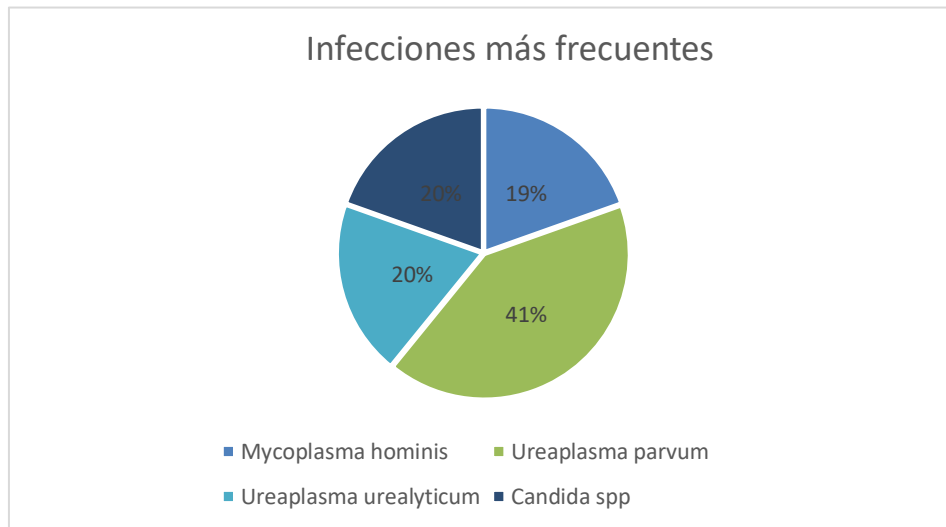
Reproductive Biology and Endocrinology, 20(1), 18.
<https://doi.org/10.1186/s12958-022-00879-3>

9. de Oliveira, M. A., et al. (2019). Microbial composition of semen samples and their relationship with sperm motility in infertile men. *Journal of Assisted Reproduction and Genetics*, 36(2), 329-338. <https://doi.org/10.1007/s10815-018-1378-7>
10. Lira, F., et al. (2021). Exploring the relationship between seminal microbiota and sperm DNA fragmentation in infertile men. *Andrology*, 9(4), 915-925. <https://doi.org/10.1111/andr.13034>
11. Tápia-Venegas, E., et al. (2020). Seminal microbiota diversity in fertile and infertile men: a metagenomic approach. *Andrology*, 8(5), 1242-1252. <https://doi.org/10.1111/andr.12790>
12. Alfano, A., Ricci, G., & Florio, P. (2018). Seminal microbiota: an unexplored link between inflammation and fertility. *Reproductive Biology and Endocrinology*, 16(1), 29.
13. BAUD, David, et al. (2023) Interaction of genital microbiota in infertile couples. *bioRxiv*, 2023.06. 14.544778.
14. Contreras, M. J., et al. (2023). Mammals' sperm microbiome: current knowledge, challenges, and perspectives on metagenomics of seminal samples. *Frontiers in Microbiology*, 14, 1167763.
15. Garcia-Segura, S., Del Rey, et al. (2022). Seminal microbiota of idiopathic infertile patients and its relationship with sperm DNA integrity. *Frontiers in cell and developmental biology*, 10, 937157.
16. Morawiec, E., Czerwiński, M., Czerwińska, A. B., & Wiczkowski, A. (2022). Semen dysbiosis—just a male problem?. *Frontiers in cellular and infection microbiology*, 12, 815786.

17. Kaltsas, A., Zachariou, et. al. (2023). Microbial dysbiosis and male infertility: understanding the impact and exploring therapeutic interventions. *Journal of personalized medicine*, 13(10), 1491.
18. Pancheva, EA, Kudryavtseva, et. Al. (2023). Predicting the blastocyst development rate during assisted reproductive technologies based on semen microbiota. *Bulletin of Russian State Medical University*, (2), 12-18.
19. López, Y. M. S., Restrepo, V. S., Maya, W. D. C., & Suárez, J. P. (2024). The microbiota of sexual intercourse and its effect on prostatitis. *Rev Int Androl*, 22(1), 38-43.
20. Molina, NM, et. al. (2024). El microbioma seminovaginal complementario en la salud y la enfermedad. *BioMedicina Reproductiva Online* , 104707.
21. Molina, N. M., Leonés-Baños, I. et. al. (2024). Seminovaginal microbiome: it takes two to tango.

ANEXOS

Anexo 1: Infecciones más frecuentes



El gráfico muestra la distribución porcentual de las infecciones más frecuentes identificadas en la muestra de estudio.

Anexo 2 Infecciones *Ureaplasma parvum*.

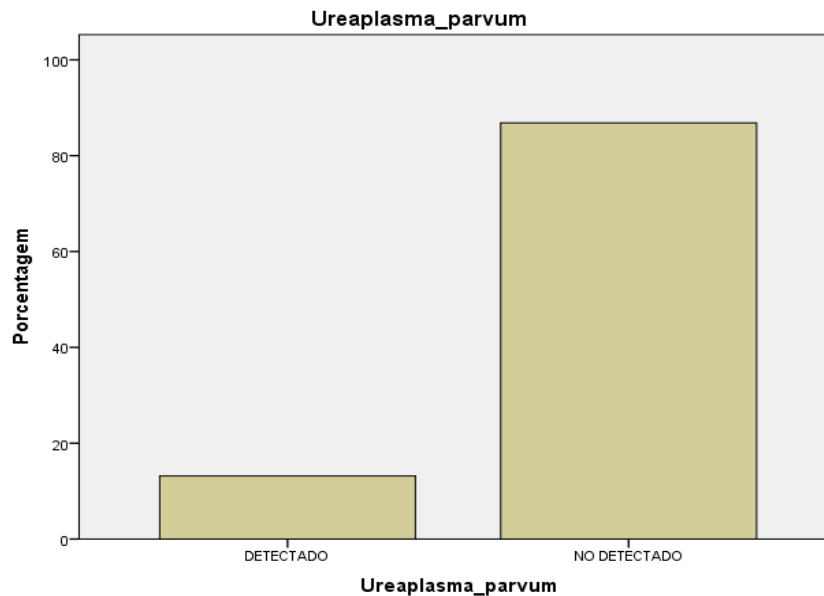


Gráfico de resultados en las 38 pacientes por microbioma seminal, se identifica el Ureoplasma _ parvum como detectado no detectado.

Anexo 3 Infecciones *Ureaplasma urealyticum*.

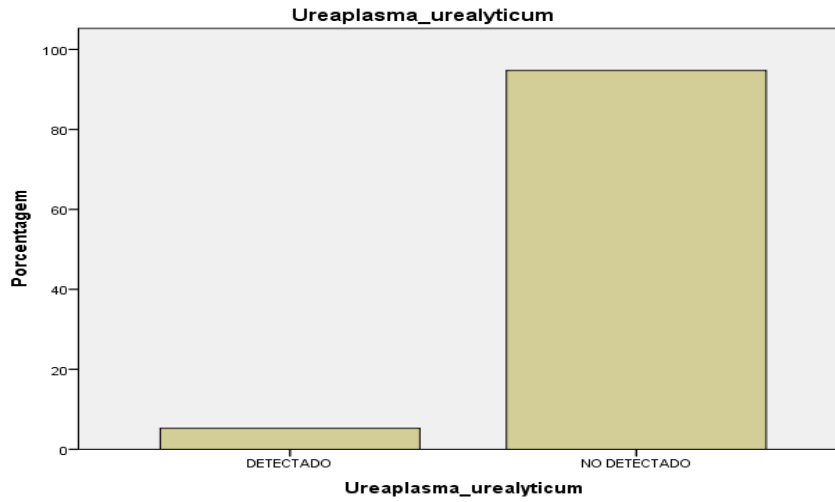


Gráfico de resultados en las 38 pacientes por microbioma seminal, se identifica el *Ureoplasma _ ureolyticum* como detectado no detectado.

Anexo 4 Infecciones por *Candida (albicans, glabrata, krusei, tropicalis*

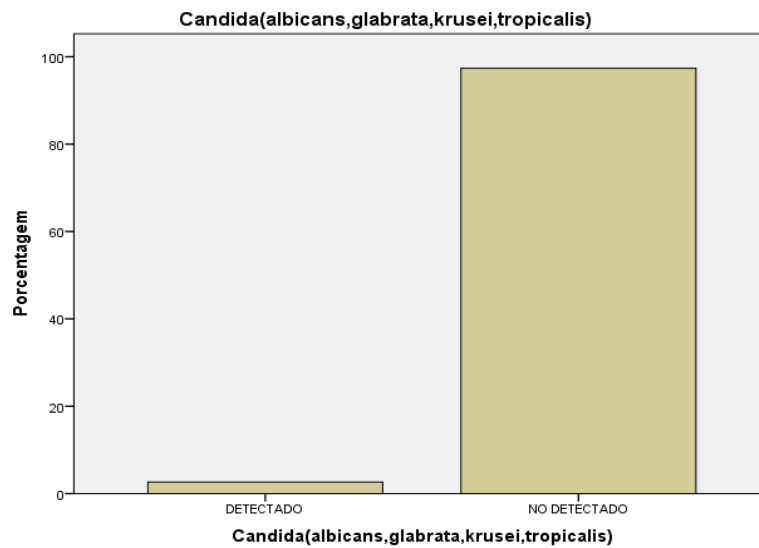


Gráfico de resultados en las 38 pacientes por microbioma seminal, se identifica el *Candida (albicans, glabrata, krusei, tropicalis)* como detectado no detectado.

Anexo 5 Infecciones por el *Mycoplasma hominis*

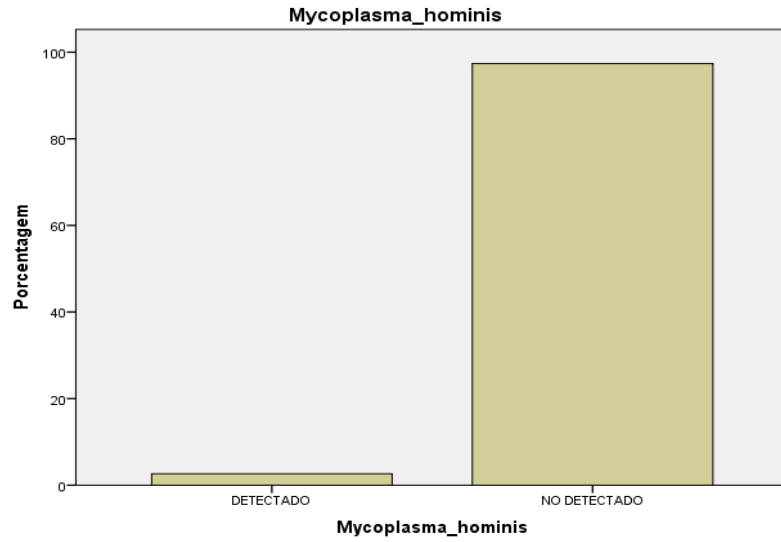
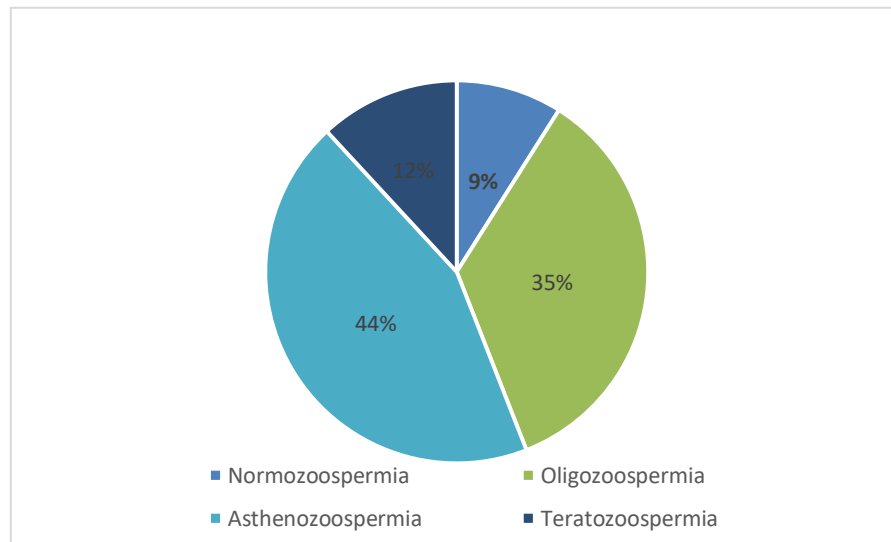


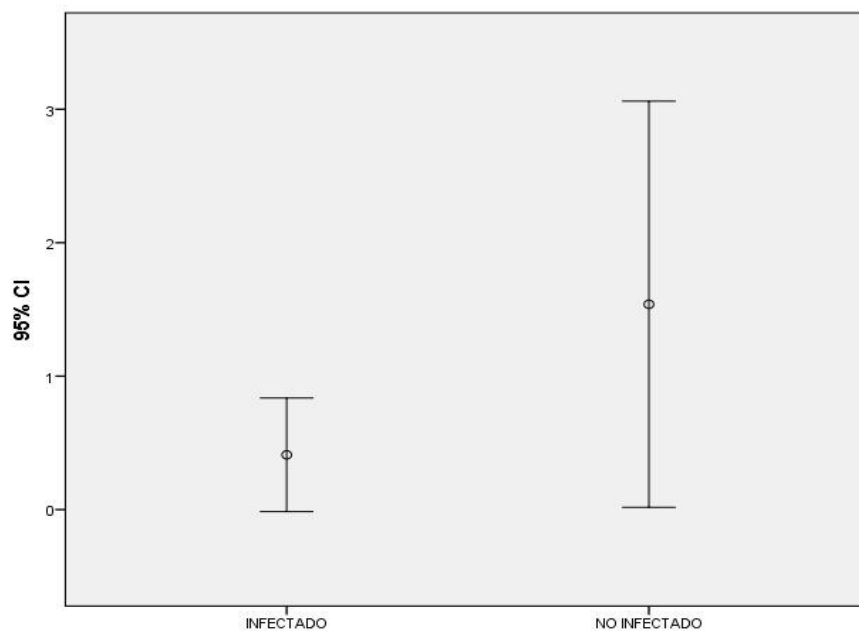
Gráfico de resultados en las 38 pacientes por microbioma seminal, se identifica el *Mycoplasma hominis* como detectado no detectado.

Anexo 6 Parámetros seminales en pacientes con infección.



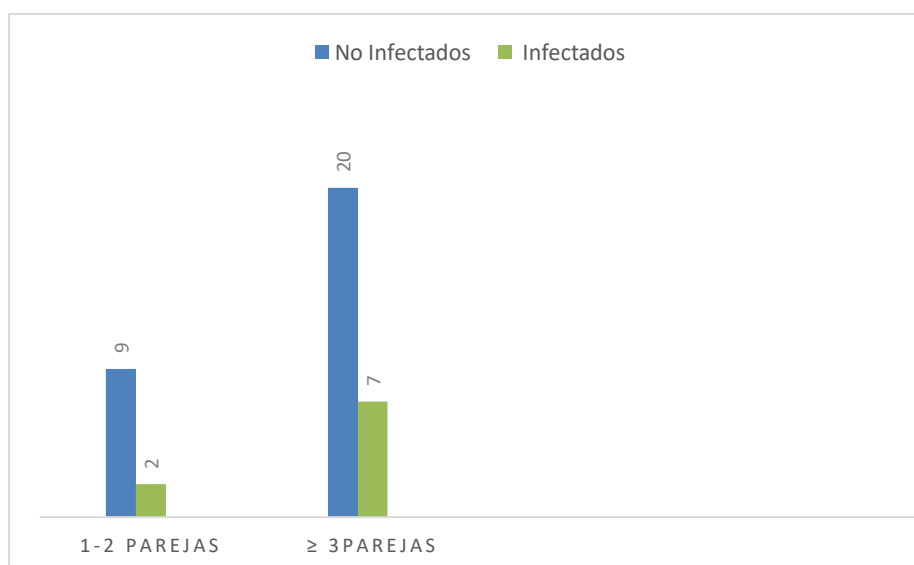
El gráfico muestra la distribución de anomalías en los parámetros seminales entre **pacientes con infección**, categorizados en cuatro grupos.

Anexo 7. Índice de Fragmentación del ADN Espermático



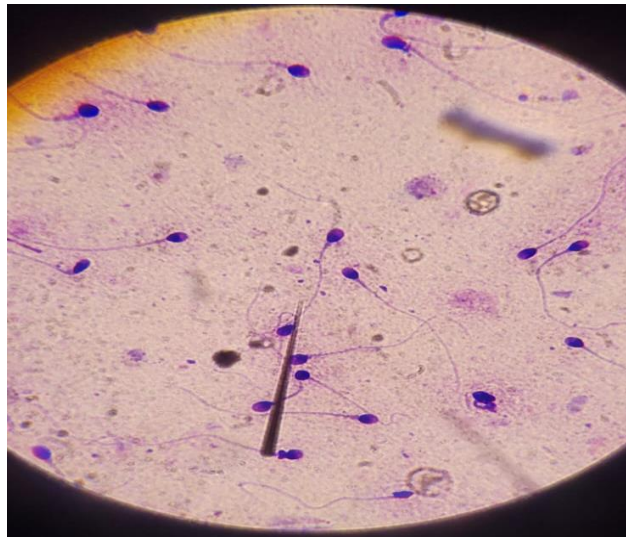
El gráfico compara el **Índice de Fragmentación del ADN Espermático (DFI)** entre dos grupos de pacientes con infección y sin infección.

Anexo 8. Número de Parejas Sexuales y el Estado de Infección Seminal

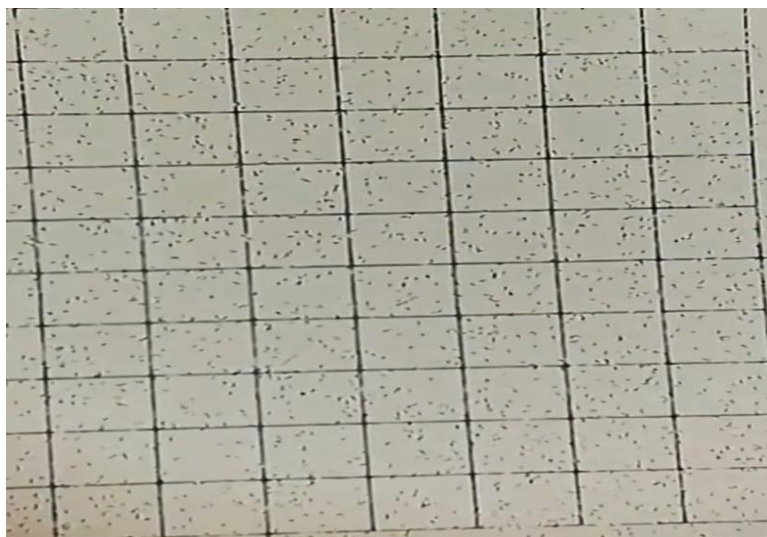


El gráfico relaciona el número de parejas sexuales y el estado de infección seminal, indicando infectados y No Infectados.

Anexo 9 Morfología espermática



Anexo 10 Espermatobioscopia



**Anexo 11 Fragmentacion del DNA espermatico, F
gragmentado, N normal**

