

## COVID-19 感染後の精子の質と精液中の SARS-CoV-2RNA の有無について：前向き観察研究と精液中の COVID 検査の検証

Sperm quality and absence of SARS-CoV-2 RNA in semen after COVID-19 infection : a prospective, observational study and validation of the SpermCOVID test.

Donders GGG et al  
Fertil Steril 117:287-296, 2022

**目的** COVID-19 感染治癒後の精液の感染性の有無と生殖能への影響について研究する。

**方法** COVID-19 感染治癒後のベルギー人男性 120 人を対象とした前向きコホート研究である。精液の質は WHO 基準を用いて評価した。精子の DNA 損傷は DNA fragmentation index および High DNA stainability を用いて評価した。SARS-CoV-2 スパイク 1 抗原に対する抗体は ELISA 法により、核および S1 受容体結合ドメインに対する抗体は化学発光微粒子免疫分析によりそれぞれ評価した。

**結果** 感染後から短期間でも長期間でも精液中に SARS-CoV-2 RNA は検出されなかった。精子の平均直進運動率は、COVID-19 感染から短期間(1 カ月未満)で検査した場合は 60%、1~2 カ月の間で検査した場合は 37%、2 カ月以上経過してから検査した場合は 28%減

少していた。平均総精子数は、COVID-19 感染から短期間(1 カ月未満)で検査した場合 37%、1~2 カ月の間で検査した場合 29%、2 カ月以上経過してから検査した場合は 6%減少していた。COVID-19 感染の重症度や発熱の有無は精子所見と関連がなかったが、精子の異常と血清中のスパイク 1 やスバイク 1 の受容性結合ドメインに対する SARS-CoV-2 IgG 抗体の力価とは強い関連を認めた。ヌクレオチドに対する抗体の力価とは関連がなかった。3 人に高濃度の抗精子抗体の出現を認めた。

**結論** COVID-19 感染から 1 週間以上経過した場合、精液中に SARS-CoV-2 の感染性はない。しかし妊娠を望むカップルに対しては、COVID-19 感染により精液の質が低下する可能性があることを注意喚起すべきである。

(弘前大学医学部附属病院産科婦人科 赤石麻美 抄)

## メタゲノム解析により明らかとなった薬剤のヒトの腸内細菌叢に及ぼす影響

Population-level metagenomics uncovers distinct effects of multiple medications on the human gut microbiome.  
Nagata N et al

Gastroenterology 163:1038-1052, 2022

**背景と目的** 薬物はヒトの腸内細菌叢の構造を決定する主要な要因であり、その過剰な使用はヒトの罹患率と死亡率のリスクを増大させる。しかし、一般的に処方される特定の薬剤や多剤併用が腸内細菌叢に与える影響については、まだ十分に調査されていない。

**方法** 日本人を対象に詳細なメタデータとマイクロバイオームデータを統合した Japanese 4D(Disease, Drug, Diet, Daily life)コホートを構築し、このコホートに参加する 4,198 人の糞便サンプルをショットガンメタゲノムシークエンスで解析を行った。合計 759 の薬剤投与歴を分析し、そのほか身体測定因子、生活習慣、食習慣、運動習慣、疾患などのメタデータを網羅的に収集した。243 人から 2 回目の糞便サンプルを採取し、薬剤の開始と中止によるマイクロバイオームへの影響を評価した。

**結果** 異なる治療カテゴリーにまたがる多数の薬剤がマイクロバイオームに影響を及ぼすことがわかった。分析した薬剤の 70%以上はこれまで調査されてい

なかった。薬剤の多剤併用(ポリファーマシー)では、薬剤投与数が増加するにつれて腸内に常在している日和見感染症を引き起こす病原菌が増えることを発見した。また、薬剤投与数の増加は免疫恒常性を保つ働きがある短鎖脂肪酸代謝を低下させ、細菌のストレス反応を増加させるなど、微生物の機能にも関連していた。抗菌薬でなくとも、多くの薬剤を内服することで抗菌薬の耐性を上昇させる可能性が示唆された。特に、薬剤開始と中止によるマイクロバイオームの変化と回復が明らかになり、横断的コホートで観察された薬剤と微生物の関連性を裏づけるものとなった。

**結論** われわれの大規模メタゲノム解析は、ヒトの腸内細菌叢に対する特定の薬剤および多剤併用の広範囲な影響を解明した。どの薬剤がどの程度腸内細菌叢に影響するのかという知見を提供し、薬剤選択をするうえで有用な情報となりうる。

(弘前大学医学部附属病院産科婦人科 米田真子 抄)