

当社 Smart Gut 取締役 CTO 服部正平博士が “後続の研究に大きな影響を与える科学者”として 5 年連続で選出されました。

細菌叢解析事業とルミナコイド（発酵性食物繊維）事業を行っている株式会社 Smart Gut（本社：東京都千代田区、代表取締役 酒井康光）の取締役 CTO 服部正平博士が、Clarivate 社の“Highly Cited Researchers 2024”（高被引用論文著者 2024 年版）の一人に選ばれました。2020 年から 5 年連続の選出となりました。

服部正平博士（マイクロバイーム研究・生命科学者）



ヒトゲノム計画に貢献し、特にヒトの 21 番染色体の全解読に関与しました。その後、腸内細菌叢（マイクロバイーム*）の研究にシフトし、次世代シーケンサーを用いたメタゲノム解析を通じて、人体における微生物の役割や健康への影響を探求しています。

研究分野：ゲノム科学(ヒトゲノム、微生物ゲノム、ヒトマイクロバイーム研究)

経歴：東京大学医科学研究所ヒトゲノムセンター（助教授）、理化学研究所ゲノム科学総合研究センター（チームリーダー）、北里大学北里生命科学研究科（教授）、東京大学新領域創成科学研究科（教授、現名誉教授）、早稲田大学理工学術院（教授、現招聘研究員）、理化学研究所生命医科学研究センター（チームリーダー）などを経て、現在に至る。

国際ヒトマイクロバイームコンソーシアム(IHMC)2022(第9回 IHMC 国際会議主催)(組織委員長)などを兼務。
2024 年株式会社 Smart Gut 取締役 CTO・細菌叢解析事業責任者に就任。

国立研究開発法人 科学技術振興機構・科学技術プラットフォーム（以下ホームページより引用）

(https://jipsti.jst.go.jp/sti_updates/2024/11/15336.html)

Clarivate 社は、特定出版年・特定分野で世界各国で発表された全論文を対象に、他の論文への引用回数が上位 1%に入る論文を複数発表している、後続の研究に多大な影響を与える科学者や社会科学者を選出し、Highly Cited

Researchers（高被引用論文著者）として、2014 年から毎年発表している。Web of Science Group の研究部門 ISI（Institute for Scientific Information）が選出し、2024 年度は世界全体で 6,886 人が選ばれた。

国・地域別の高被引用論文著者数が最も多いのは、2023 年に引き続き米国（36.4%、2,507 人）で、2018 年度の 43.3%から徐々に減少している。一方、2 位の中国（20.4%、1,405 人）は 2018 年から 2 倍以上増加。次いで 3 位は英国（8.2%、563 人）、4 位ドイツ（4.8%、332 人）と 5 位オーストラリア（4.5%、313 人）と続いている。

選出された研究者の 85.4%が上位 10 カ国、74.4%が上位 5 カ国に集中しており、216 人が 2 つの研究分野、22 人が 3 つ以上の研究分野で選出された。なお日本からは 35 機関 78 名が選出され、国別では 15 位だった。

【ニュースソース】

*マイクロバイオーーム研究

マイクロバイオーーム研究とは、生物や環境に存在する微生物叢（細菌叢）のゲノム(遺伝子情報)解析などを通じて、特に微生物叢と疾患との関係や、宿主への生理作用などを解明しようという研究です。

2006年ワシントン大学のジェフリー・ゴードン博士らは、腸内微生物叢（腸内フローラ）が肥満の原因であることを発見しました。この発見を機に、治療や予防をターゲットとしたマイクロバイオーーム研究が世界各地で盛んに行われるようになりました。腸内微生物叢は人間の免疫システムに密接に関わっており、微生物叢のバランスの乱れが、様々な疾患の要因であることも判明してきています。

服部正平博士責任統括[細菌叢 DNA 抽出サービス（アカデミア向け）]

実際の細菌叢構造を忠実・正確に反映した 細菌叢 DNA 抽出技術の提供で、 日本のマイクロバイオーーム研究の発展に貢献

今日、腸内細菌叢を含むさまざまな細菌叢の DNA を抽出するプロトコルが開発されていますが、用いる抽出プロトコル毎に菌種組成や遺伝子組成、種多様性などの細菌叢データが統計学的に有意に異なることが知られています。しかしながら、数あるプロトコルの中で実際の細菌叢構造をもっとも忠実・正確に反映しているプロトコルを見出すこと、開発することは容易ではなく、マイクロバイオーーム研究における長年の解決すべき課題でした。

当社取締役 CTO 服部正平らは、種々のヒト糞便 DNA 抽出プロトコルの比較解析を合理的な評価法のもと行い、LA 法（酵素的溶菌法）ならびに N 法と P 法（ともに物理的溶菌法）が、実際の細菌叢構造をもっとも忠実・正確に反映したプロトコルであるという結論に至りました。

当社では LA 法をさらに技術的改良を施した酵素的溶菌法をベースにしたプロトコルによる細菌叢 DNA 抽出サービスを行なっています。

本プロトコルは、実際の細菌叢構造を忠実・正確に反映した解析だけでなく、高い DNA 収量（極微量試料の解析）や高分子量 DNA（ロングリード NGS 対応）など、すぐれた酵素法の特徴（下記）も有しています。

Smart Gut 菌叢 DNA 抽出プロトコルの特徴

- ・細菌種への偏りが小さい溶菌特性と高範囲な溶菌スペクトル
- ・高い DNA 収量(皮膚等の菌数が極めて少ない試料の細菌叢解析も可)
- ・高分子量 DNA(ロングリード NGS で 10kb 以上の平均リード長)
- ・高品質 DNA(NGS による 16S、メタゲノムショットガン、定量 PCR での高い成功率)
- ・糞便中の相対菌数の定量（DNA 収量／糞便重量 = 相対菌数）

当社「細菌叢 DNA 抽出サービス」により、糞便や唾液などの試料の取り扱いや細菌叢 DNA 抽出作業の時間や煩雑さを省くのみならず、新たに開始する研究では、方法論の違いに左右されない従来よりも実際の細菌叢構造をより忠実・正確に反

映した 16S やメタゲノムデータを提供します。また、既に進行中の研究では、本方法と過去に実施した方法を比較することで改めて過去の解析結果を見直す機会となります。

会社概要



株式会社 Smart Gut

ガット・マイクロバイーム（腸内細菌叢）で人々の QOL を高める

当社は、2020 年より内閣府 官民研究開発投資拡大プログラム（PRISM）に参画。その後、大学研究機関や医療機関とルミナコイド（発酵性食物繊維）とマイクロバイーム（細菌叢）に関する共同研究を続け、社会的に価値のあるサービスや製品を提供しています。

商号：株式会社 Smart Gut（カブシキガイシャ スマートガット）

本店：東京都千代田区九段南 1 丁目 5 番 6 号 りそな九段ビル 5 階

事業：細菌叢解析事業 / ルミナコイド事業

会社ホームページ：<https://www.smart-gut.com/>

腸内細菌叢解析事業 <https://www.smart-gut.com/services>

（ルミナコイド事業）Lulumilk 公式サイト：<https://www.lulumilk.com>