

(12) 特許協力条約に基づいて公開された国際出願

(19) 世界知的所有権機関
国際事務局

(43) 国際公開日
2023年2月9日(09.02.2023)



(10) 国際公開番号

WO 2023/013640 A1

(51) 国際特許分類:

C07K 14/435 (2006.01) *C12N 15/12* (2006.01)
C08J 9/28 (2006.01)

(21) 国際出願番号: PCT/JP2022/029659

(22) 国際出願日: 2022年8月2日(02.08.2022)

(25) 国際出願の言語: 日本語

(26) 国際公開の言語: 日本語

(30) 優先権データ:

特願 2021-126893 2021年8月2日(02.08.2021) JP

(71) 出願人: S p i b e r 株式会社(SPIBER INC.)
[JP/JP]; 〒9970052 山形県鶴岡市覚岸寺字水
上 2 3 4 番地 1 Yamagata (JP).

(72) 発明者: 加 賀 田 秀 樹 (KAGATA Hideki);
〒9970052 山形県鶴岡市覚岸寺字水上 2 3 4
番地 1 S p i b e r 株式会社内 Yamagata
(JP). 坂田 一樹(SAKATA Kazuki); 〒9970052
山形県鶴岡市覚岸寺字水上 2 3 4 番地 1 S
p i b e r 株式会社内 Yamagata (JP).

(74) 代理人: 長谷川 芳樹, 外(HASEGAWA Yoshiki
et al.); 〒1000005 東京都千代田区丸の内二
丁目 1 番 1 号丸の内 M Y P L A Z A
(明治安田生命ビル) 9 階 創英国際特
許法律事務所 Tokyo (JP).

(81) 指定国(表示のない限り、全ての種類の国内保
護が可能): AE, AG, AL, AM, AO, AT, AU, AZ,
BA, BB, BG, BH, BN, BR, BW, BY, BZ, CA, CH,
CL, CN, CO, CR, CU, CV, CZ, DE, DJ, DK, DM, DO,
DZ, EC, EE, EG, ES, FI, GB, GD, GE, GH, GM, GT,
HN, HR, HU, ID, IL, IN, IQ, IR, IS, IT, JM, JO, JP,
KE, KG, KH, KN, KP, KR, KW, KZ, LA, LC, LK,
LR, LS, LU, LY, MA, MD, ME, MG, MK, MN, MW,

MX, MY, MZ, NA, NG, NI, NO, NZ, OM, PA, PE,
PG, PH, PL, PT, QA, RO, RS, RU, RW, SA, SC, SD,
SE, SG, SK, SL, ST, SV, SY, TH, TJ, TM, TN, TR, TT,
TZ, UA, UG, US, UZ, VC, VN, WS, ZA, ZM, ZW.

(84) 指定国(表示のない限り、全ての種類の広域保
護が可能): ARIPO (BW, GH, GM, KE, LR, LS,
MW, MZ, NA, RW, SD, SL, ST, SZ, TZ, UG, ZM,
ZW), ユーラシア (AM, AZ, BY, KG, KZ, RU, TJ,
TM), ヨーロッパ (AL, AT, BE, BG, CH, CY, CZ,
DE, DK, EE, ES, FI, FR, GB, GR, HR, HU, IE, IS, IT,
LT, LU, LV, MC, MK, MT, NL, NO, PL, PT, RO, RS,
SE, SI, SK, SM, TR), OAPI (BF, BJ, CF, CG, CI, CM,
GA, GN, GQ, GW, KM, ML, MR, NE, SN, TD, TG).

添付公開書類:

- 一 国際調査報告 (条約第21条(3))
- 一 明細書の別個の部分として表した配列リスト
(規則5.2(a))

(54) Title: POROUS BODY AND METHOD FOR PRODUCING SAME

(54) 発明の名称: 多孔質体及びその製造方法

(57) Abstract: The present invention relates to a porous material comprising a polypeptide derivative, wherein the polypeptide derivative comprises a block copolymer which has a first segment that includes a polypeptide skeleton and one or a plurality of second segments that bond to the first segment, the polypeptide skeleton being a recombinant polypeptide skeleton or a hydrophobic polypeptide skeleton, and the second segment including a molecular group that has a plasticizing function with respect to the polypeptide skeleton.

(57) 要約: ポリペプチド誘導体を含み、前記ポリペプチド誘導体が、ポリペプチド骨格を含む第一のセグメントと、前記第一のセグメントに結合する一又は複数の第二のセグメントと、を有するブロック共重合体を含み、前記ポリペプチド骨格が、組換えポリペプチド骨格又は疎水性ポリペプチド骨格であり、前記第二のセグメントが前記ポリペプチド骨格に対する可塑化機能を有する分子団を含む、多孔質体に関する。



WO 2023/013640 A1

明 細 書

発明の名称：多孔質体及びその製造方法

技術分野

[0001] 本開示は、多孔質体及びその製造方法に関する。

背景技術

[0002] 近年、環境保全意識の高まりに応じて、生分解性を有し且つ生産及び加工に際して必要なエネルギーが小さいタンパク質材料が注目を浴びている。そして、そのようなタンパク質材料は、例えば、繊維、フィルム、樹脂、ゲル、多孔質体等の様々な形態において、様々な分野での需要の増大が見込まれている。しかしながら、天然のタンパク質材料は、均質なものを大量に得ることが難しい。そのため、天然タンパク質材料の欠点を補い得る、人工タンパク質を含む材料が検討されてきている。

[0003] 例えば、特許文献1には、クモ糸タンパク質に由来するポリペプチド多孔質体であって、前記ポリペプチドは非水溶性ポリペプチドを含み、見掛けの密度が 0.1 g/cm^3 以下であることを特徴とするポリペプチド多孔質体が開示されている。

先行技術文献

特許文献

[0004] 特許文献1：国際公開第2014/175178号

発明の概要

発明が解決しようとする課題

[0005] 特許文献1に記載されるようなポリペプチド多孔質体には、品質、特に柔軟性において更なる改善の余地があった。本開示は、このような事情に鑑みてなされたものであり、柔軟性に優れる多孔質及びその製造方法を提供することを目的とする。

課題を解決するための手段

[0006] 本開示の一側面は、ポリペプチド誘導体を含み、ポリペプチド誘導体が、

ポリペプチド骨格を含む第一のセグメントと、第一のセグメントに結合する一又は複数の第二のセグメントと、を有するブロック共重合体を含み、ポリペプチド骨格が、組換えポリペプチド骨格又は疎水性ポリペプチド骨格であり、第二のセグメントがポリペプチド骨格に対する可塑化機能を有する分子団を含む、多孔質体を提供する。

[0007] 本開示の多孔質体は、上記第一及び第二のセグメントを有するブロック共重合体を含むポリペプチド誘導体を含むことによって、タンパク質同様にポリペプチド骨格を有する材料が用いられながら、柔軟性に優れている。上記ポリペプチド誘導体は、第一のセグメントと第二のセグメントとが直接結合したブロック共重合体を含むため、タンパク質に可塑剤を単純に混合する場合のようなマクロな相分離の発生が低減されている。

[0008] 上記第一のセグメントは、平均ハイドロパシー・インデックス（疎水性度：疎水性指標）が0.22以上である疎水性ポリペプチド骨格を含んでいてよい。ポリペプチド骨格が上述のような疎水性ポリペプチド骨格であることによって、可塑化機能を有する分子団との第一のセグメントとの親和性が向上し、多孔質体の柔軟性が更に優れたものとなる。

[0009] 上記ポリペプチド骨格に対する可塑化機能を有する分子団の分子量は、上記ポリペプチド骨格の分子量を100としたときに、10以上であってよく、100以下であってよい。

[0010] 上記第二のセグメントの合計の分子量は、上記第一のセグメントの分子量100を基準として、10以上であってよく、2000以下であってよい。

[0011] 上記ポリペプチド骨格に対する可塑化機能を有する分子団は、ポリエーテル、ポリエステル、又はポリカーボネートであってよい。

[0012] 上記ポリエーテルは、ポリエチレングリコール（PEG）又はポリテトラメチレングリコール（PTMG）であってよい。

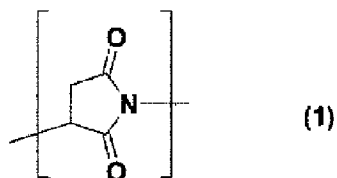
[0013] 上記ポリペプチド骨格が疎水性組換えポリペプチド骨格であってよい。

[0014] 上記ポリペプチド骨格が組換えタンパク質に由来する骨格を含んでもよい。

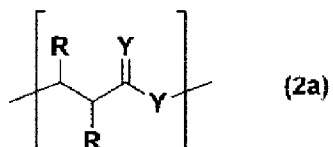
- [0015] 上記組換えタンパク質が組換え構造タンパク質を含んでもよい。
- [0016] 上記組換え構造タンパク質が改変フィブロインを含んでもよい。
- [0017] 上記改変フィブロインが改変クモ糸フィブロインを含んでもよい。
- [0018] 上記第二のセグメントの分子量が、上記第一のセグメントの分子量を100としたときに1～400の範囲内の値であってよい。これによって、ポリペプチド誘導体を含む多孔質体において、第一のセグメントの特性（例えば、高い機械的強度）を保持しつつ、多孔質体としての柔軟性を有利に高めることができる。
- [0019] 上記第二のセグメントが、ポリエーテル、ポリエステル、ポリカーボネート、ポリアミド、ポリオール、ポリオフィン、ポリアセタール、ポリケタール、ポリ（メタ）アクリレート、シリコーン、ポリウレタン、ポリアルキレンイミン、フェノール樹脂、尿素樹脂、メラミン樹脂、及び多糖類からなる群より選択される少なくとも一種に由来する骨格を含んでもよい。
- [0020] 上記第二のセグメントが、ポリエーテル基、ポリエステル基、ポリカーボネート基、ポリアミド基、ポリオール基、及び、修飾多糖基からなる群より選択される少なくとも一種を含んでもよい。
- [0021] 上記第一のセグメントを複数有し、上記第二のセグメントの一部が2以上の上記第一のセグメントと結合してネットワーク構造を形成していてもよい。ネットワーク構造を有することで、靱性が更に向上し得る。
- [0022] 上記第一のセグメントを複数有し、上記第一のセグメントと第二のセグメントとが交互に結合していてもよい。第一のセグメントと第二のセグメントとが交互に結合することによって、例えば、靱性が更に向上し得る。
- [0023] 上記第二のセグメントが複数の上記分子団を含み、複数の上記分子団が互いに連結していてもよい。第二セグメントの設計の幅をより広げることができ、多孔質体の柔軟性をより容易に調整できる。
- [0024] 第二のセグメントがリンカーを更に含み、上記リンカーを介して上記分子団と上記ポリペプチド骨格とが結合していてもよい。
- [0025] 上記リンカーが、下記式（1）で表される構造単位、下記一般式（2 a）

～（６）で表される構造単位、下記式（７）で表される構造単位、下記一般式（８ａ）～（９）で表される構造単位、下記一般式（１０）～（１１ｂ）で表される構造単位、及び下記一般式（１３）～（１６）で表される構造単位からなる群より選択される少なくとも一種を含んでもよい。

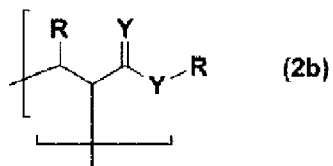
[0026] [化1]



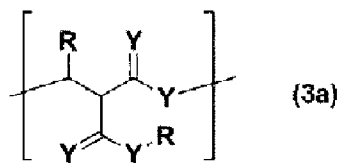
[0027] [化2]



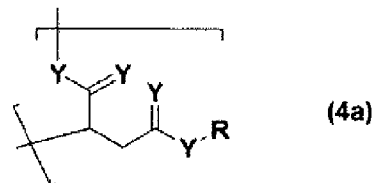
[0028] [化3]



[0029] [化4]

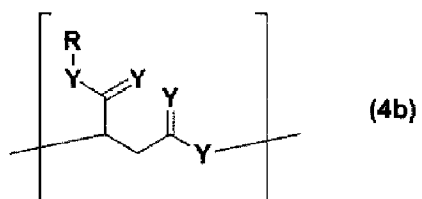


[0030] [化5]

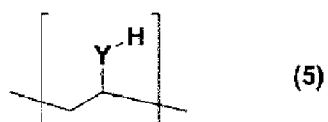


[0031]

[化6]



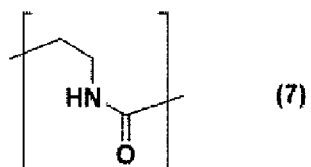
[0032] [化7]



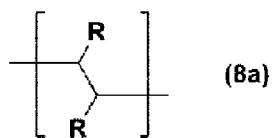
[0033] [化8]



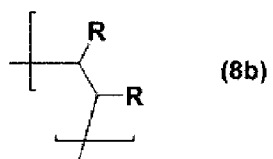
[0034] [化9]



[0035] [化10]

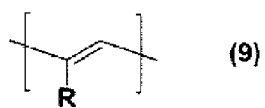


[0036] [化11]

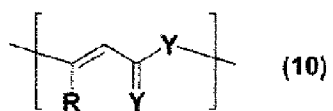


[0037]

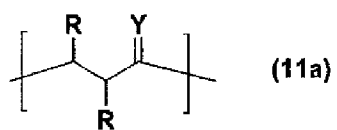
[化12]



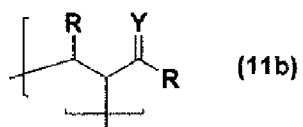
[0038] [化13]



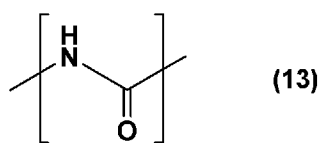
[0039] [化14]



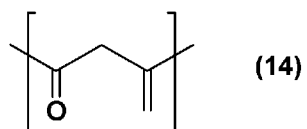
[0040] [化15]



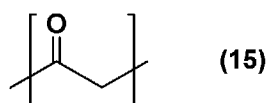
[0041] [化16]



[0042] [化17]

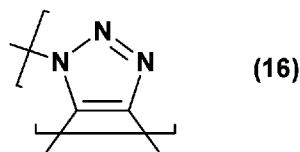


[0043] [化18]



[0044]

[化19]

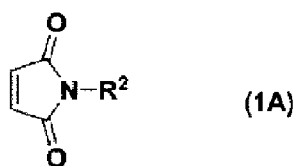


- [0045] 上記一般式 (2 a)、(2 b)、(3 a)、(4 a)、(4 b)、(5)、(6)、(10)、(11 a) 及び (11 b) において、Y は、互いに独立に、酸素原子、硫黄原子、又は NR^1 を示し、 R^1 は、水素、炭化水素基、芳香族基、カルボニル基、又はスルホニル基を示し、上記一般式 (2 a)、(2 b)、(3 a)、(4 a)、(4 b)、(8 a)、(8 b)、(9)、(10)、(11 a) 及び (11 b) において、R は、互いに独立に、水素、炭化水素基、又は芳香族基を示す。
- [0046] 上記リンカーが、上記式 (1) で表される構造単位、並びに、上記一般式 (2 a)、(3 a)、(4 a)、(4 b) 及び (10) で表される構造単位からなる群より選択される少なくとも一種であってよい。
- [0047] 第一のセグメントが、ポリペプチド骨格中のチオール基、アミノ基及びヒドロキシ基からなる群より選択される少なくとも 1 種の官能基によって第二のセグメントと結合してよい。
- [0048] 本開示の他の一側面は、ポリペプチド誘導体及び溶媒を含む混合物をゲル化させる工程 A と、ゲル化した混合物から溶媒を離脱させることにより、ポリペプチド誘導体を含む多孔質体を得る工程 B と、を含み、ポリペプチド誘導体が、ポリペプチド骨格を含む第一のセグメントと、第一のセグメントに結合する一又は複数の第二のセグメントと、を有し、ポリペプチド骨格が、組換えポリペプチド骨格又は疎水性ポリペプチド骨格であり、第二のセグメントがポリペプチド骨格に対する可塑化機能を有する分子団を含む、多孔質体を製造する方法を提供する。
- [0049] 工程 B において、ゲル化した混合物を凍結乾燥させることにより、ゲル化した混合物から溶媒を離脱させてよい。
- [0050] 上記多孔質体を製造する方法において、溶媒が有機溶媒であり、工程 B に

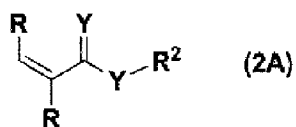
において、凍結乾燥させる前にゲル化した混合物中の溶媒を水に置換することを含んでいてよい。

[0051] 上記多孔質体を製造する方法は、ポリペプチド骨格を含む化合物と、下記一般式(1A)～(16A)で表される化合物とを反応させることによってポリペプチド誘導体を得る工程を備えていてよい。ポリペプチド誘導体を得る工程において、ポリペプチド骨格は、チオール基、アミノ基、ヒドロキシ基、グアニジノ基、カルボキシ基、フェノキシ基、インドール基、アミド基、アジド基、及びアルキニル基からなる群より選択される少なくとも一種を有していてよい。

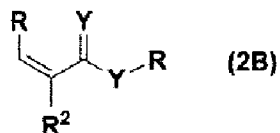
[0052] [化20]



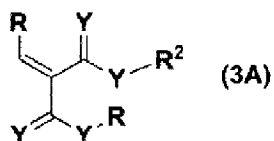
[0053] [化21]



[0054] [化22]

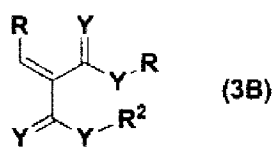


[0055] [化23]

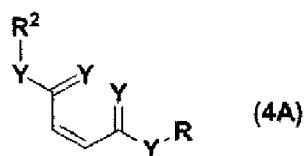


[0056]

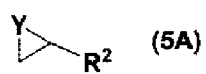
[化24]



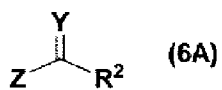
[0057] [化25]



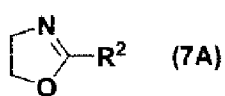
[0058] [化26]



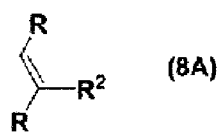
[0059] [化27]



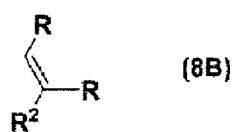
[0060] [化28]



[0061] [化29]

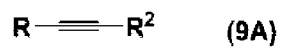


[0062] [化30]

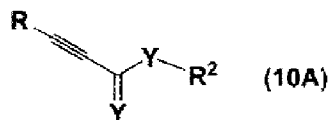


[0063]

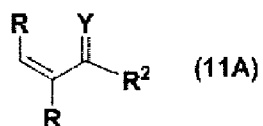
[化31]



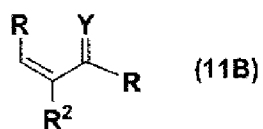
[0064] [化32]



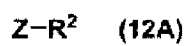
[0065] [化33]



[0066] [化34]



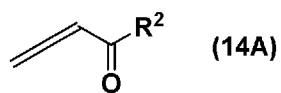
[0067] [化35]



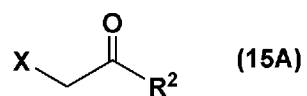
[0068] [化36]



[0069] [化37]



[0070] [化38]



[0071] [化39]



[0072] 上記一般式 (1 A)、(2 A)、(2 B)、(3 A)、(3 B)、(4 A)

)、(5A)、(6A)、(7A)、(8A)、(8B)、(9A)、(10A)、(11A)、(11B)及び(12A)において R^2 は、上記ポリペプチド骨格に対する可塑化機能を有する分子団を示し、上記一般式(2A)、(2B)、(3A)、(3B)、(4A)、(5A)、(6A)、(8B)、(9A)、(10A)、(11A)及び(11B)において、Yは、互いに独立に、酸素原子、硫黄原子、又は NR^1 を示し、 R^1 は、水素、炭化水素基、芳香族基、カルボニル基、又はスルホニル基を示し、上記一般式(2A)、(2B)、(3A)、(3B)、(4A)、(5A)、(8A)、(8B)、(9A)、(10A)、(11A)及び(11B)においてRは、互いに独立に、水素、炭化水素基、又は芳香族基を示し、上記一般式(6A)及び(12A)において、Zはハロゲン原子、スルホン酸エステル基、又は含フッ素カルボン酸エステル基を示し、上記一般式(15A)において、Xはハロゲン原子を示す。

[0073] ポリペプチド誘導体を得る工程では、特定の官能基を有するポリペプチド骨格を含む化合物と、ポリペプチド骨格に対する可塑化機能を有する分子団を有する、下記一般式(1A)～(16A)で表される特定の化合物と、を反応させることによってポリペプチド誘導体を調製している。こうすることによって、得られるポリペプチド誘導体は、ポリペプチド骨格に対する可塑化機能を有する分子団を有し、タンパク質同様にポリペプチド骨格を有しながら、ポリペプチド誘導体全体として、柔軟性に優れる材料となっている。このため、柔軟性に優れる多孔質体を製造可能である。上記ポリペプチド誘導体は、第一のセグメントと第二のセグメントとが結合しているため、タンパク質に可塑剤を単純に混合する場合のようなマクロな相分離の発生が低減されている。

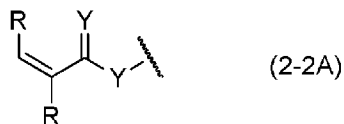
[0074] 上記多孔質体を製造する方法は、ポリペプチド骨格を含む化合物と、ポリペプチド骨格に対する可塑化機能を有する分子団を含む化合物と、下記一般式(2-1A)～(2-16A)で表される構造単位からなる群より選択される少なくとも一種の構造単位を2つ以上有する化合物と、を反応させるこ

とによってポリペプチド誘導体を得る工程を備えていてよい。ポリペプチド誘導体を得る工程において、ポリペプチド骨格は、チオール基、アミノ基、ヒドロキシ基、グアニジノ基、カルボキシ基、フェノキシ基、インドール基、アミド基、アジド基、及びアルキニル基からなる群より選択される少なくとも一種を有し、上記分子団を含む化合物は、チオール基、アミノ基、ヒドロキシ基、グアニジノ基、カルボキシ基、フェノキシ基、インドール基、アミド基、アジド基、及びアルキニル基からなる群より選択される少なくとも一種を有していてよい。

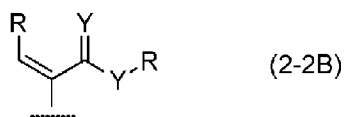
[0075] [化40]



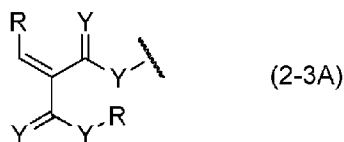
[0076] [化41]



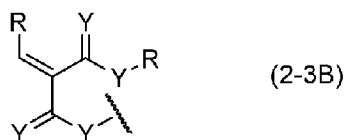
[0077] [化42]



[0078] [化43]

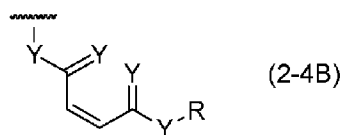


[0079] [化44]



[0080]

[化45]



[0081] [化46]



[0082] [化47]



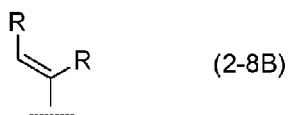
[0083] [化48]



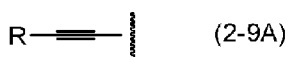
[0084] [化49]



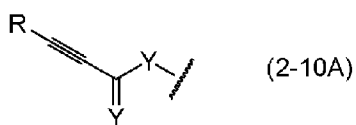
[0085] [化50]



[0086] [化51]



[0087] [化52]



[0088]

[化53]



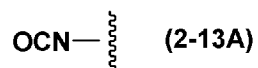
[0089] [化54]



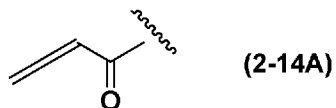
[0090] [化55]



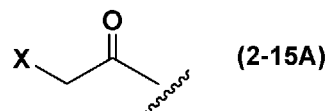
[0091] [化56]



[0092] [化57]



[0093] [化58]



[0094] [化59]



[0095] 上記一般式 (2-2A)、(2-2B)、(2-3A)、(2-3B)、(2-4A)、(2-5A)、(2-6A)、(2-10A)、(2-11A)、及び(2-11B)において、Yは、互いに独立に、酸素原子、硫黄原子、又はNR¹を示し、R¹は、水素、炭化水素基、芳香族基、カルボニル基、又はスルホニル基を示し、上記一般式(2-2A)、(2-2B)、(2-3A)、(2-3B)、(2-4A)、(2-8A)、(2-8B)、

(2-9A)、(2-10A)、(2-11A)、(2-11B)、及び(2-12A)においてRは、互いに独立に、水素、炭化水素基、又は芳香族基を示し、上記一般式(2-6A)及び(2-12A)において、Zはハロゲン原子、スルホン酸エステル基、又は含フッ素カルボン酸エステル基を示し、上記一般式(2-15A)において、Xはハロゲン原子を示す。

[0096] ポリペプチド誘導体を得る工程では、特定の官能基を有するポリペプチド骨格を含む化合物と、ポリペプチド骨格に対する可塑化機能を有し、特定の官能基を有する分子団を含む化合物と、一般式(2-1A)～(2-16A)で表される構造単位からなる群より選択される少なくとも一種の構造単位を2つ以上有する化合物と、を反応させることによってポリペプチド誘導体を調製する。こうすることによって、得られるポリペプチド誘導体は、ポリペプチド骨格に対する可塑化機能を有する分子団を有し、タンパク質同様にポリペプチド骨格を有しながら、ポリペプチド誘導体全体として、柔軟性に優れる材料となっている。このため、柔軟性に優れる多孔質体を製造可能である。上記ポリペプチド誘導体は、第一のセグメントと第二のセグメントとが結合しているため、タンパク質に可塑剤を単純に混合する場合のようなマクロな相分離の発生が低減されている。

発明の効果

[0097] 本開示によれば、柔軟性に優れる多孔質体及びその製造方法を提供できる。

図面の簡単な説明

[0098] [図1]図1は、改変フィブロインのドメイン配列の一例を示す模式図である。

[図2]図2は、天然由来のフィブロインの z/w (%)の値の分布を示す図である。

[図3]図3は、天然由来のフィブロインの x/y (%)の値の分布を示す図である。

[図4]図4は、改変フィブロインのドメイン配列の一例を示す模式図である。

[図5]図5は、フィブロインのドメイン配列の一例を示す模式図である。

[図6]図6は、実施例Aの多孔質体の曲がり量の試験結果を示す写真である。

[図7]図7は、比較例Aの多孔質体の曲がり量の試験結果を示す写真である。

[図8]図8は、実施例で調製したポリペプチド誘導体についてのSDS-PAGEの測定結果を示す図である。

[図9]図9は、実施例で調製したポリペプチド誘導体についてのSDS-PAGEの測定結果を示す図である。

[図10]図10は、実施例で用いた加圧成形機の模式断面図である。

[図11]図11は、図10に示した加圧成形機の使用法を示す模式図であり、(a)は組成物導入前、(b)は組成物導入直後、(c)は組成物を加熱及び加圧している状態、の加圧成形機の模式断面図である。

[図12]図12は、実施例のポリペプチド誘導体を含む試験用成形体の外観を示す写真である。

[図13]図13は、比較例の混合物を用いて成形した試験用成形体の外観を示す写真である。

[図14]図14は、比較例の混合物を用いて成形した試験用成形体の外観を示す写真である。

[図15]図15は、実施例12で調製した繊維の外観を示す写真である。

[図16]図16は、参考例2におけるGPC測定の結果を示すグラフである。

[図17]図17は、参考例3における接触角測定の結果を示す写真である。

[図18]図18は、実施例で作製したキャストフィルムの光学顕微鏡写真であり、図18(a)及び図18(b)はそれぞれポリペプチド誘導体フィルム及び改変フィブロイン+PEG混合体フィルムを100倍に拡大して示す光学顕微鏡写真である。

[図19]図19は、実施例で作製したキャストフィルムの走査型電子顕微鏡写真であり、図19(a)及び図19(b)はそれぞれポリペプチド誘導体フィルム及び改変フィブロイン+PEG混合体フィルムを1000倍に拡大して示す走査型電子顕微鏡写真である。

[図20]図20は、実施例で作製したポリペプチド誘導体及びその原料である

改変フィブロインのGPC測定の結果を示すグラフである。

発明を実施するための形態

- [0099] 以下、本開示を実施するための形態について、場合によって図面を参照し、詳細に説明する。ただし、以下の実施形態は本開示を説明するための例示であり、本開示を以下の内容に限定する趣旨ではない。
- [0100] 本明細書において例示する材料は特に断らない限り、1種を単独で又は2種以上を組み合わせ用いることができる。組成物中の各成分の含有量は、組成物中の各成分に該当する物質が複数存在する場合には、特に断らない限り、組成物中に存在する当該複数の物質の合計量を意味する。
- [0101] 本明細書においてポリペプチド誘導体とは、第一のセグメントと第二セグメントとが結合したブロック共重合体を含む組成物を言う。ポリペプチド誘導体は、未反応の第一のセグメント（第一のセグメントを形成するための物質）、及び／又は、未反応の第二のセグメント（第二のセグメントを形成するための物質）を含んでいてもよい。本明細書におけるポリペプチド誘導体は、マクロ的な観察では、相分離なく、均一な状態である。マクロ的な観察は、例えば、光学顕微鏡又は走査電子顕微鏡等によって100～3000倍程度の倍率で実施される。マクロ的な観察によって、相分離なく均一な状態であることを確認する方法としては、観察対象となる物質のキャストフィルムを形成し、当該キャストフィルムを100～3000倍程度の倍率で光学顕微鏡又は走査電子顕微鏡によって観察することによって確認する方法が挙げられる。相分離なく均一な状態であることは、具体的には、後述する実施例に記載の方法によって確認することができる。本明細書におけるポリペプチド誘導体は、ミクロ的に（例えば原子間力顕微鏡を用いたサブミクロンスケールで）観察したときには相分離が認められ得るものである。
- [0102] このようなポリペプチド誘導体を含む多孔質体は、第一のセグメントと第二セグメントとの混合物及び第一のセグメントと第二セグメントのうち的一方が他方に分散されてなる組成物を含む多孔質体とは異なって、ポリペプチド誘導体含有部（多孔質体の一部若しくは全部）の全体において、物理特性

乃至機械特性の均一化が有利に図られて、例えば、クラックの発生が有利に抑制され得る。透明性が確保され得るだけでなく、多孔質体の作製時に、ポリペプチド誘導体含有部の成形性が効果的に高められ得る。ポリペプチド誘導体に含まれる、第一のセグメントと第二セグメントとが結合したブロック共重合体のポリペプチド誘導体全体に対する含有量は、特に限定されるものではなく、例えば、重量基準で、30%以上であってもよく、40%以上であってもよく、50%以上であってもよく、60%以上であってもよく、70%以上であってもよく、80%以上であってもよい。ポリペプチド誘導体は、第一のセグメントと第二セグメントとが共有結合したブロック共重合体を主成分として含んでいることが望ましい。従って、ポリペプチド誘導体に含まれる上記ブロック共重合体のポリペプチド誘導体全体に対する含有量は、重量基準で、好ましくは50%超であり、より好ましくは60%以上であり、更に好ましくは70%以上であり、更により好ましくは80%以上であり、最も好ましくは85%以上である。上記ブロック共重合体を50%超の割合で含有するポリペプチド誘導体を含む多孔質体においては、ポリペプチド誘導体を含むことによって得られる柔軟性及び／又は靱性の向上効果がより高いレベルで達成され得る。

[0103] [多孔質体]

本実施形態に係る多孔質体は、ポリペプチド誘導体を含む。当該多孔質体は、ポリペプチド誘導体を含んでいるため、柔軟性に優れている。

[0104] <ポリペプチド誘導体>

ポリペプチド誘導体は、ポリペプチド骨格を含む第一のセグメントと、上記第一のセグメントに結合する一又は複数の第二のセグメントを有するブロック共重合体を含む。上記第二のセグメントが上記ポリペプチド骨格に対する可塑化機能を有する分子団を含む。第二のセグメントの数は、第一のセグメント1つに対して、一又は複数であり、好ましくは2以上であり、より好ましくは2～10であり、さらに好ましくは2～8であり、さらに好ましくは2～6であり、最も好ましくは2～4である。

[0105] ポリペプチド誘導体に含まれるブロック共重合体としては、第一のセグメント及び第二のセグメントを有するものであればよく、例えば、1つの第一のセグメントに一又は複数の第二のセグメントが結合したものであってよく、第一のセグメントと、第一のセグメントに結合した第二のセグメントとを含むブロックが複数連結したものであってもよい。ブロック共重合体は、ポリペプチド骨格を含む第一のセグメントを主鎖とし、第二のセグメントを側鎖に有する高分子（例えば、グラフトポリマー等）であってよい。ブロック共重合体は、上記第一のセグメントを複数有し、上記第一のセグメントと第二のセグメントとが交互に結合していてもよい。第一のセグメントと第二のセグメントとが交互に結合することによって、例えば、上記ポリペプチド誘導体を含むことによって、多孔質体の靱性が更に向上し得る。

[0106] ポリペプチド誘導体に含まれるブロック共重合体は、上記第一のセグメントを複数有し、上記第二のセグメントの一部が2以上の上記第一のセグメントと結合してネットワーク構造を形成していてもよい。ネットワーク構造を有することで、上記ポリペプチド誘導体を含むことによって、多孔質体の靱性が更に向上し得る。

[0107] 第一のセグメントと第二のセグメントとの結合は、直接結合していてもよく、第一のセグメント及び第二のセグメントと結合できるような構造によって結合していてもよい。それらのいずれの結合形態においても、第一のセグメントと第二のセグメントとの結合は配位結合であってもよく、イオンの相互作用による結合であってもよく、共有結合であってもよい。それらの中でも共有結合が望ましい。

[0108] <第一のセグメント>

第一のセグメントはポリペプチド骨格を含み、例えば、ポリペプチド骨格のみからなってもよい。第一のセグメントは、ポリペプチド骨格を構成するアミノ酸配列中の官能基（例えば、システインの有するチオール基等）によって第二のセグメントと結合していてもよい。換言すれば、第二のセグメントと結合可能な官能基を有する組換えポリペプチド又は疎水性ポリペプチドで

あれば、上記のポリペプチド骨格として採用できる。この際、ポリペプチドが有する上記官能基の数は、例えば、1個以上、2個以上、又は4個以上であってよい。ポリペプチドが有する上記官能基の数は、例えば、30個以下、25個以下、20個以下、15個以下、10個以下、又は8個以下であってよい。ポリペプチドが有する上記官能基の数は上述の範囲内で調整することができ、例えば、1～30、1～25、1～20、1～15、1～10、1～8、又は2～8であってよい。第一のセグメントは、ポリペプチド骨格を構成するアミノ酸配列中の官能基に対して導入した官能基によって第二のセグメントと結合してよい。

[0109] 上述のような官能基は、例えば、チオール基、アミノ基、ヒドロキシ基、グアニジノ基、カルボキシ基、フェノキシ基、インドール基、アミド基、アジド基、及びアルキニル基からなる群より選択される少なくとも一種であってよく、好ましくは、チオール基、アミノ基、ヒドロキシ基、グアニジノ基、カルボキシ基、フェノキシ基、インドール基、及びアミド基からなる群より選択される少なくとも一種であってよく、より好ましくは、チオール基、アミノ基、ヒドロキシ基、グアニジノ基、カルボキシ基、フェノキシ基、及びインドール基からなる群より選択される少なくとも一種であってよく、更に好ましくは、チオール基、アミノ基、ヒドロキシ基、グアニジノ基、カルボキシ基、及びフェノキシ基からなる群より選択される少なくとも一種であってよく、更により好ましくは、チオール基、アミノ基、ヒドロキシ基、グアニジノ基、及びカルボキシ基からなる群より選択される少なくとも一種であってよく、更により好ましくは、チオール基、アミノ基、ヒドロキシ基、及びグアニジノ基からなる群より選択される少なくとも一種であってよく、特に好ましくは、チオール基、アミノ基、及びヒドロキシ基からなる群より選択される少なくとも一種であってよく、特により好ましくは、チオール基、及びアミノ基からなる群より選択される少なくとも一種であってよく、最も好ましくはチオール基である。アミノ基は、例えば、リジンが有するアミノ基であってよい。ヒドロキシ基は、例えば、セリンが有するヒドロキ

シ基、及びスレオニンが有するヒドロキシ基等であってよい。グアニジノ基は、例えば、アルギニンが有するグアニジノ基であってよい。カルボキシ基は、例えば、グルタミン酸が有するカルボキシ基、及びアスパラギン酸が有するカルボキシ基等であってよい。フェノキシ基は、例えば、チロシンが有するフェノキシ基であってよい。インドール基は、例えば、トリプロファンが有するインドール基であってよい。アミド基は、例えば、グルタミンが有するアミド基、及びアスパラギンが有するアミド基等であってよい。アルキニル基は、システインが有するチオール基に対してハロゲン化アセチレンを反応させて導入したアルキニル基であってよい。

[0110] 第一のセグメントの分子量は、例えば、好ましくは200～1000000であり、より好ましくは300～900000であり、更に好ましくは400～800000であり、更により好ましくは500～700000であり、更によりまた好ましくは600～600000であり、更に好適には1000～600000であり、更に好適には3000～600000であり、更に好適には5000～600000であり、更に好適には10000～600000であり、更に好適には5000～100000である。

[0111] 第一のセグメントの分子量が200以上であると、可塑化機能を有する分子団を含む第二のセグメント（ソフトセグメント）に対してハードセグメントとして機能する第一のセグメントが十分な大きさになる。そうなった場合には、ポリペプチド誘導体を用いて成形される多孔質体の剛性が充分に大きくなり、多孔質体としてより使用しやすくなる。第一のセグメントの分子量が1000000以下であると、連結反応の反応性の低下が抑えられ、化学工学的に素材として商業生産が可能な時間で反応を完遂させやすくなり、その結果、多孔質体内に残存した未反応の第二セグメントの局在化を抑制しやすくなる。

[0112] 第一のセグメントの分子量、及び第一のセグメントに含まれるポリペプチド骨格の分子量は、例えば、1000以上、2000以上、3000以上、4000以上、5000以上、6000以上、7000以上、8000以上

、9000以上、10000以上、20000以上、30000以上、40000以上、50000以上、60000以上、70000以上、80000以上、90000以上、又は100000以上であってよい。さらに、第一のセグメントの分子量、及び第一のセグメントに含まれるポリペプチド骨格の分子量は、400000以下、360000未満、300000以下、又は200000以下であってよい。

[0113] 第一のセグメント及びポリペプチド骨格は、分子量が小さい程、溶媒への溶解度が高まる傾向にある。それ故、ポリペプチド骨格及び／又は第一のセグメントの分子量が、例えば200000以下、或いは100000以下である場合には、ポリペプチド骨格を含む化合物を溶媒に溶解させて、ポリペプチド骨格に対する可塑化機能を有する分子団を含む化合物と反応させることでポリペプチド誘導体を得る際に、目的とするポリペプチド誘導体の生成効率の向上が望まれ得る。そのようにして得られるポリペプチド誘導体を用いて形成された多孔質体においては、ある程度の強度を確保しつつ、柔軟性の向上が期待され得る。加えて、ポリペプチド骨格及び／又は第一のセグメントの分子量が、例えば200000以下、或いは100000以下である場合には、ポリペプチド誘導体の柔軟性を高めるために第二のセグメントの使用量を可及的に抑制し得ることが期待される。上記した第一のセグメントの分子量及びポリペプチド骨格の分子量は重量平均分子量である。

[0114] 本明細書における分子量は、ドデシル硫酸ナトリウム－ポリアクリルアミドゲル電気泳動（SDS－PAGE）によって測定される値である。かかる電気泳動は以下の手順にて実施される。すなわち、先ず、2mgの粉末サンプルに200 μ L、2M塩化リチウムDMSO（富士フィルム和光純薬製）を加え、80℃、60分間、さらに95℃、10分間加熱しながら攪拌することで、サンプルを溶解させる。その後、10Mウレア溶液でサンプルを50倍希釈、試料用緩衝液（富士フィルム和光純薬製）でさらに2倍希釈し、95℃、5分間加熱することで、タンパク質を変性させる。次いで、電気泳動装置（Bio－lad製）にSDS－PAGE用ゲル（Bio－lad製）を取り付け

、装置にSDSバッファを満たす一方、電気泳動装置を電源装置（Bio craft製）に繋ぐ。変性させたサンプルを10 μ LずつSDS-PAGE用ゲルの各ウェルに加え、30mA／1枚、30分間の条件で電流を流す。電気泳動終了後、SDS-PAGE用ゲルを装置から取り出し、Orion蛍光ゲルステイン（Bio-lad製）に浸し、1時間振盪する。その後、UVサンプルトレイ（Bio-lad製）にゲルをのせ、Gel Doc EZゲル撮影装置（Bio-lad製）で染色像を取得する。

[0115] ポリペプチド骨格を構成するアミノ酸残基数は50以上であってよい。当該アミノ酸残基数は、例えば、100以上、150以上、200以上、250以上、300以上、350以上、400以上、450以上、又は500以上であってよい。当該アミノ酸残基数は、例えば、5000以下、4500以下、4000以下、3500以下、3000以下、2500以下、2000以下、1500以下、又は1000以下であってよい。アミノ酸残基数が少ない程、溶媒への溶解度が高まる傾向にある。それ故、本実施形態に係るポリペプチドのアミノ酸残基数が、例えば5000以下、或いは2500以下である場合には、ポリペプチド骨格を含む化合物を溶媒に溶解させて、ポリペプチド骨格に対する可塑化機能を有する分子団を含む化合物と反応させることでポリペプチド誘導体を得る際に、目的とするポリペプチド誘導体の生成効率の向上が望まれ得る。そのようにして得られるポリペプチド誘導体を用いて形成される多孔質体においては、ある程度の強度を確保しつつ、柔軟性の向上が期待され得る。

[0116] ポリペプチド骨格は、組換えポリペプチド骨格又は疎水性ポリペプチド骨格であり、疎水性組換えポリペプチド骨格であってよい。

[0117] 組換えポリペプチドは、遺伝子組換え技術を使用して製造されたポリペプチドを意味する。ポリペプチド骨格が組換えポリペプチド骨格である場合、アミノ酸配列の設計変更が容易であることから、ポリペプチド誘導体の特性、物性等のコントロールが容易になる。ポリペプチド骨格が組換えポリペプチド骨格である場合、常に均一な分子デザインが可能であるため、目的に応

じたポリペプチド骨格を安定的に得ることができる。これによって、目的とするポリペプチド誘導体及び多孔質体の品質の安定化が有利に図られる。

[0118] ポリペプチド骨格が疎水性ポリペプチド骨格である場合には、可塑化機能を有する分子団の第一のセグメントとの親和性が向上し、より柔軟性に優れた多孔質体を製造できる。加えて、かかる多孔質体の耐水性が向上し、例えば、多孔質体が工業用の汎用材料として使用される場合に、使用寿命の延命化が有利に図られ得る。ポリペプチド誘導体は、例えば、第二のセグメントに含まれる、ポリペプチド骨格に対する可塑化機能を有する分子団の疎水性乃至親水性をコントロールすることで、ポリペプチド誘導体全体の疎水性乃至親水性を任意に調整可能である。ポリペプチド骨格が疎水性ポリペプチド骨格である場合には、ポリペプチド骨格が親水性ポリペプチド骨格である場合に比して、ポリペプチド誘導体全体を疎水性側にシフトすることができ、以てポリペプチド誘導体全体の疎水性乃至親水性をより幅広い範囲にわたってコントロール可能となる。

[0119] 疎水性ポリペプチド骨格における疎水性は、後述する平均ハイドロパシー・インデックス（疎水性度：疎水性指標）の値を指標として推定することができる。疎水性ポリペプチド骨格の平均ハイドロパシー・インデックスの値は、例えば、0.00以上、0.10以上、0.20以上、0.22以上、0.25以上、0.30以上、0.35以上、0.40以上、0.45以上、0.50以上、0.55以上、0.60以上、0.65以上、又は0.70以上であってよい。その上限値は特に制限されるものではないものの、例えば、1.00以下であってもよく、0.7以下であってもよい。

[0120] 疎水性ポリペプチド骨格は、60℃における臭化リチウム水溶液（濃度：9M）に対する溶解性の低いものが好ましい。この溶解性は、上記疎水性ポリペプチド骨格に相当する化合物（ポリペプチド）又はポリペプチド誘導体を分解し疎水性ポリペプチド骨格のみ単離して得られたポリペプチドを用いて評価できる。60℃における臭化リチウム水溶液（濃度：9M）に対して上記ポリペプチドを溶解させた場合の最大濃度が、例えば、30質量%未満

、25質量%未満、20質量%未満、15質量%未満、10質量%未満、5質量%未満、又は1質量%未満であってよい。疎水性ポリペプチド骨格としては、60℃における臭化リチウム水溶液（濃度：9M）に対して全く溶解しないものであってもよい。

[0121] 疎水性ポリペプチド骨格は、水の接触角が大きなものであることが好ましい。水の接触角は、基材上に上記疎水性ポリペプチド骨格に相当する化合物（ポリペプチド）又はポリペプチド誘導体を分解し疎水性ポリペプチド骨格のみ単離して得られたポリペプチドからなる膜を形成し、当該膜を用いて評価できる。当該膜に水を滴下して、5秒間経過後の接触角が55°以上となるような膜を構成するポリペプチドが、上記疎水性ポリペプチド骨格として好ましい。上記接触角は、例えば、60°以上、65°以上、又は70°以上であってよい。

[0122] 疎水性ポリペプチド骨格は、耐熱水性に優れたものであることが好ましい。耐熱水性は、上記疎水性ポリペプチド骨格に相当する化合物（ポリペプチド）又はポリペプチド誘導体を分解し疎水性ポリペプチド骨格のみ単離して得られたポリペプチドを用いて評価できる。上記ポリペプチドと水とからなる分散液であって、上記ポリペプチドの含有量が5質量%である分散液を調製し、当該分散液を100℃で5時間加熱処理しても分解しないようなポリペプチドが、上記疎水性ポリペプチド骨格として好ましい。

[0123] ポリペプチド骨格は、タンパク質に由来する骨格を含んでいてよく、タンパク質に由来する骨格のみからなってもよい。タンパク質は、組換えタンパク質であってよく、改変フィブリンであってよい。ポリペプチド骨格が組換えタンパク質に由来する骨格を含むことによって、ポリペプチド骨格を構成するアミノ酸配列中の官能基の数及び位置を任意に調節することができる。これによって、ポリペプチド誘導体の構造並びに特性をデザインすることが可能となる。

[0124] 組換えタンパク質としては、工業規模での製造が可能な任意のタンパク質を挙げることができ、例えば、工業用に利用できるタンパク質等を挙げるこ

とができる。工業用に利用可能とは、例えば、屋内又は屋外で使用される様々な汎用材料等に利用し得ることをいう。

[0125] 組換えタンパク質は、そのドメイン配列が、天然由来のタンパク質のアミノ酸配列とは異なるタンパク質であってもよく、天然由来のタンパク質のアミノ酸配列と同一であるタンパク質であってもよい。組換えタンパク質は、天然由来のタンパク質のアミノ酸配列をそのまま利用したものであってもよく、天然由来のタンパク質のアミノ酸配列に依拠してそのアミノ酸配列を改変したもの（例えば、クローニングした天然由来のタンパク質の遺伝子配列を改変することによりアミノ酸配列を改変したもの）であってもよく、天然由来のタンパク質に依らず人工的に設計及び合成したもの（例えば、設計したアミノ酸配列をコードする核酸を化学合成することにより所望のアミノ酸配列を有するもの）であってもよい。

[0126] 組換えタンパク質は、天然タンパク質とは異なり、アミノ酸配列を自由に設計し得るものであることから、かかる組換えタンパク質に由来する骨格が、ポリペプチド誘導体に含有される場合には、組換えタンパク質のアミノ酸配列を適宜にデザインすることによって多孔質体の機能、特性、物性等を任意にコントロールすることができる。常に均一な分子デザインが可能であるため、目的タンパク質との相同性の高い、目的に応じたタンパク質を安定的に得ることができる。以て、目的とするポリペプチド誘導体、ひいてはそれを用いて得られる多孔質体の品質の安定化が有利に図られる。

[0127] ポリペプチド骨格は、組換え構造タンパク質に由来する骨格を含んでいてよい。構造タンパク質とは、生体の構造に関わるタンパク質、若しくは生体を作り出す構造体を構成するタンパク質、又はそれらに由来するタンパク質を意味する。構造タンパク質は、一定の条件下において自己凝集し、繊維、フィルム、樹脂、ゲル、ミセル、ナノパーティクル等の構造体を形成するタンパク質のことをいう。構造タンパク質の具体例としては、スパイダーシルク（クモ糸）、カイコシルク、ケラチン、コラーゲン、エラスチン及びレシリン、並びにこれら由来のタンパク質等を挙げることができる。組換え構造

タンパク質は、遺伝子組換えにより微生物生産した構造タンパク質である。
組換え構造タンパク質は、成形性及び／又は生産性の観点からアミノ酸の配列を改良したものであってよい。

[0128] タンパク質を人工的に成形する際、側鎖の小さいアミノ酸ほど水素結合しやすく、強度の高い多孔質体を得やすい。アラニン残基及びグリシン残基は、側鎖が非極性のアミノ酸であるため、ポリペプチド生成における折りたたみの過程で内側に向くように配置され、 α ヘリックス構造又は β シート構造を取りやすい。よって、グリシン残基、アラニン残基、セリン残基等のアミノ酸の割合が高いことが望ましい。強度向上の観点から、アラニン残基含有量は、例えば、10～40%、12～40%、15～40%、18～40%、20～40%、又は、22～40%であってよい。強度向上の観点から、グリシン残基含有量は、例えば、10～55%、11～55%、13～55%、15～55%、18～55%、20～55%、22～55%、又は25～55%であってよい。

[0129] 本明細書において、「アラニン残基含有量」とは、下記式で表される値である。

アラニン残基含有量＝（ポリペプチドに含まれるアラニン残基の数／ポリペプチドの全アミノ酸残基の数）×100（%）

グリシン残基含有量、セリン残基含有量、スレオニン残基含有量、プロリン残基含有量及びチロシン残基含有量は、上記式において、アラニン残基をそれぞれグリシン残基、セリン残基、スレオニン残基、プロリン残基及びチロシン残基と読み替えたものと同義である。

[0130] 加工性を向上させる観点では、加工時点において分子間の強固な水素結合を阻害することが重要であり、この観点から側鎖の大きいアミノ酸又は屈曲性を有するアミノ酸が一定程度、配列全体に均質に含まれていることが望ましく、具体的には、チロシン残基、スレオニン残基、プロリン残基が含まれるモチーフを繰り返して周期で入っていてもよい。例えば、任意の連続した20アミノ酸残基の中、プロリン残基、スレオニン残基及びチロシン残基の

合計含有量が、5%以上、5.5%超、6.0%以上、6.5%超、7.0%以上、7.5%超、8.0%以上、8.5%超、9.0%以上、10.0%以上、又は15.0%以上であってよい。例えば、任意の連続した20アミノ酸残基の中、プロリン残基、スレオニン残基及びチロシン残基の合計含有量が、50%以下、40%以下、30%以下、又は20%以下であってよい。

[0131] タンパク質は、セリン残基含有量、スレオニン残基含有量及びチロシン残基含有量の合計が、4%以上、4.5%以上、5%以上、5.5%以上、6%以上、6.5%以上、又は7%以上であってよい。セリン残基含有量、スレオニン残基含有量及びチロシン残基含有量の合計は、例えば、35%以下、33%以下、30%以下、25%以下、又は20%以下であってよい。

[0132] タンパク質は、反復配列を有するものであってよい。すなわち、タンパク質は、配列同一性が高いアミノ酸配列（反復配列単位）が複数存在するものであってよい。反復配列単位のアミノ酸残基数は6～200であることが好ましい。反復配列単位間の配列同一性は、例えば、85%以上、90%以上、95%以上、96%以上、97%以上、98%以上、又は99%以上であってよい。反復配列単位の疎水性度（ハイドロパシー・インデックス）は、例えば、-0.80以上、-0.70以上、-0.60以上、-0.50以上、-0.40以上、-0.30以上、-0.20以上、-0.10以上、0.00以上、0.22以上、0.25以上、0.30以上、0.35以上、0.40以上、0.45以上、0.50以上、0.55以上、0.60以上、0.65以上、又は0.70以上であってよい。反復配列単位の疎水性度の上限値は特に制限されるものではないものの、例えば、1.0以下であってもよく、0.7以下であってもよい。

[0133] タンパク質は、 $(A)_n$ モチーフを含むものであってよい。本明細書において、 $(A)_n$ モチーフとは、アラニン残基を主とするアミノ酸配列を意味する。 $(A)_n$ モチーフのアミノ酸残基数は2～27であってよく、2～20、2～16、又は2～12の整数であってよい。 $(A)_n$ モチーフ中の全アミノ酸

残基数に対するアラニン残基数の割合は40%以上であってよく、60%以上、70%以上、80%以上、83%以上、85%以上、86%以上、90%以上、95%以上、又は100%（アラニン残基のみで構成されることを意味する。）であってもよい。

[0134] タンパク質には、グリシン残基、セリン残基、又はアラニン残基と隣り合う位置に、システイン残基が挿入されたことに相当するアミノ酸配列を有していることが好ましく、グリシン残基と隣り合う位置に、システイン残基が挿入されたことに相当するアミノ酸配列を有していることがより好ましい。システイン残基はメルカプト基を（チオール基又はスルフヒドリル基ともいう）有し、メルカプト基の選択性によって、第二のセグメントとの結合を容易なものとすることができる。したがって、タンパク質におけるシステイン残基の挿入位置に応じて、第一のセグメントのポリペプチド骨格に対する第二のセグメントの結合位置を任意の位置とすることができる。システイン残基は、グリシン残基、セリン残基、又はアラニン残基と、グリシン残基、セリン残基、又はアラニン残基との間に位置していてよく、セリン残基と、グリシン残基との間に位置していてよい。

[0135] タンパク質は、疎水性アミノ酸残基と隣り合う位置に、システイン残基が挿入されたことに相当するアミノ酸配列を有していることが好ましい。この場合、分子間で疎水性アミノ酸残基同士が疎水的相互作用により固定される。システイン残基は、疎水性アミノ酸残基の隣に位置していてよく、疎水性アミノ酸残基と、疎水性アミノ酸残基以外のアミノ酸残基との間に、位置していてもよく、疎水性アミノ酸残基と、グリシン残基、セリン残基、又はアラニン残基との間に位置していてよく、疎水性アミノ酸残基と、グリシン残基との間に位置していてよい。疎水性アミノ酸残基は、イソロイシン残基、バリン残基、ロイシン残基、フェニルアラニン残基、メチオニン残基、及びアラニン残基からなる群より選択される1種であってよい。

[0136] タンパク質としては、フィブロインが好ましい。フィブロインとしては、例えば、天然由来のフィブロインが挙げられる。天然由来のフィブロインと

しては、例えば、昆虫又はクモ類が産生するフィブロインが挙げられる。

[0137] 昆虫が産生するフィブロインとしては、例えば、ボンビックス・モリ (*Bombyx mori*)、クワコ (*Bombyx mandarina*)、天蚕 (*Antheraea yamamai*)、柞蚕 (*Antheraea pernyi*)、楓蚕 (*Eriogyna pyretorum*)、蓖蚕 (*Pilosamia Cynthia ricini*)、樗蚕 (*Samia cynthia*)、栗虫 (*Caligula japonica*)、チュッサー蚕 (*Antheraea mylitta*)、ムガ蚕 (*Antheraea assama*) 等のカイコが産生する絹タンパク質、及びスズメバチ (*Vespa similima xanthoptera*) の幼虫が吐出するホーネットシルクタンパク質が挙げられる。

[0138] 昆虫が産生するフィブロインのより具体的な例としては、例えば、カイコ・フィブロインL鎖 (GenBankアクセッション番号M76430 (塩基配列)、AAA27840.1 (アミノ酸配列)) が挙げられる。

[0139] クモ類が産生するフィブロインとしては、例えば、オニグモ、ニワオニグモ、アカオニグモ、アオオニグモ及びマメオニグモ等のオニグモ属 (*Araneus* 属) に属するクモ、ヤマシロオニグモ、イエオニグモ、ドヨウオニグモ及びサツマノミダマシ等のヒメオニグモ属 (*Neoscona* 属) に属するクモ、コオニグモモドキ等のコオニグモモドキ属 (*Pronus* 属) に属するクモ、トリノフンダマシ及びオオトリノフンダマシ等のトリノフンダマシ属 (*Cyrtarachne* 属) に属するクモ、トゲグモ及びチブサトゲグモ等のトゲグモ属 (*Gasteracantha* 属) に属するクモ、マメイタイセキグモ及びムツトゲイセキグモ等のイセキグモ属 (*Ordgarius* 属) に属するクモ、コガネグモ、コガタコガネグモ及びナガコガネグモ等のコガネグモ属 (*Argiope* 属) に属するクモ、キジロオヒキグモ等のオヒキグモ属 (*Arachnura* 属) に属するクモ、ハツリグモ等のハツリグモ属 (*Acusilas* 属) に属するクモ、スズミグモ、キヌアミグモ及びハラビロスズミグモ等のスズミグモ属 (*Cytophora* 属) に

属するクモ、ゲホウグモ等のゲホウグモ属 (*Politys* 属) に属するクモ、ゴミグモ、ヨツデゴミグモ、マルゴミグモ及びカラスゴミグモ等のゴミグモ属 (*Cyclosa* 属) に属するクモ、及びヤマトカナエグモ等のカナエグモ属 (*Chorizopes* 属) に属するクモが産生するスパイダーシルクタンパク質、並びにアシナガグモ、ヤサガタアシナガグモ、ハラビロアシダカグモ及びウロコアシナガグモ等のアシナガグモ属 (*Tetragnatha* 属) に属するクモ、オオシロカネグモ、チュウガタシロカネグモ及びコシロカネグモ等のシロカネグモ属 (*Leucauge* 属) に属するクモ、ジョロウグモ及びオオジョロウグモ等のジョロウグモ属 (*Nephila* 属) に属するクモ、キンヨウグモ等のアズミグモ属 (*Menosira* 属) に属するクモ、ヒメアシナガグモ等のヒメアシナガグモ属 (*Dyschiriongnatha* 属) に属するクモ、クロゴケグモ、セアカゴケグモ、ハイロゴケグモ及びジュウサンボシゴケグモ等のゴケグモ属 (*Latrodectus* 属) に属するクモ、及びユープロステノプス属 (*Euprosthenops* 属) に属するクモ等のアシナガグモ科 (*Tetragnathidae* 科) に属するクモが産生するスパイダーシルクタンパク質が挙げられる。スパイダーシルクタンパク質としては、例えば、MaSp (MaSp1 及び MaSp2)、ADF (ADF3 及び ADF4) 等の牽引糸タンパク質、並びに MiSp (MiSp1 及び MiSp2) 等が挙げられる。

[0140] クモ類が産生するフィブロインのより具体的な例としては、例えば、fibroin-3 (adf-3) [Araneus diadematus 由来] (GenBank アクセッション番号 AAC47010 (アミノ酸配列)、U47855 (塩基配列))、fibroin-4 (adf-4) [Araneus diadematus 由来] (GenBank アクセッション番号 AAC47011 (アミノ酸配列)、U47856 (塩基配列))、dragline silk protein spidroin 1 [Nephila clavipes 由来] (GenBank アクセッション番号 AAC04504 (アミノ酸配列)、U37520 (塩基配列))、ma

jor angulate spidroin 1 [Latrodectus hesperus 由来] (GenBank アクセッション番号 ABR68856 (アミノ酸配列)、EF595246 (塩基配列))、dragline silk protein spidroin 2 [Nephila clavata 由来] (GenBank アクセッション番号 AAL32472 (アミノ酸配列)、AF441245 (塩基配列))、major ampullate spidroin 1 [Euprosthenops australis 由来] (GenBank アクセッション番号 CAJ00428 (アミノ酸配列)、AJ973155 (塩基配列))、及び major ampullate spidroin 2 [Euprosthenops australis] (GenBank アクセッション番号 CAM32249.1 (アミノ酸配列)、AM490169 (塩基配列))、minor ampullate silk protein 1 [Nephila clavipes] (GenBank アクセッション番号 AAC14589.1 (アミノ酸配列))、minor ampullate silk protein 2 [Nephila clavipes] (GenBank アクセッション番号 AAC14591.1 (アミノ酸配列))、並びに minor ampullate spidroin-like protein [Nephilengys cruentata] (GenBank アクセッション番号 ABR37278.1 (アミノ酸配列)) 等が挙げられる。

[0141] 天然由来のフィブロインのより具体的な例としては、更に、NCBI GenBank に配列情報が登録されているフィブロインを挙げることができる。例えば、NCBI GenBank に登録されている配列情報のうち DIVISION として INV を含む配列の中から、DEFINITION に spidroin、ampullate、fibroin、「silk 及び polypeptide」、又は「silk 及び protein」がキーワードとして記載されている配列、CDS から特定の product の文字列

、SOURCEからTISSUE TYPEに特定の文字列の記載された配列を抽出することにより確認することができる。

[0142] タンパク質は、改変フィブロインであってよい。本明細書において「改変フィブロイン」とは、人為的に製造されたフィブロイン（人造フィブロイン）を意味する。改変フィブロインは、天然由来のフィブロインのアミノ酸配列とは異なるフィブロインであってもよく、天然由来のフィブロインのアミノ酸配列と同一であるフィブロインであってもよい。

[0143] 改変フィブロインは、天然由来フィブロインに準ずる構造を有する繊維状タンパク質であってよく、天然由来フィブロインが有する反復配列と同様の配列を有するフィブロインであってもよい。「フィブロインが有する反復配列と同様の配列」とは、実際に天然由来フィブロインが有する配列であってもよく、それと類似する配列であってもよい。

[0144] 「改変フィブロイン」は、本開示で特定されるアミノ酸配列を有するものであれば、天然由来のフィブロインに依拠してそのアミノ酸配列を改変したもの（例えば、クローニングした天然由来のフィブロインの遺伝子配列を改変することによりアミノ酸配列を改変したもの）であってもよく、天然由来のフィブロインに依らず人工的にアミノ酸配列を設計したもの（例えば、設計したアミノ酸配列をコードする核酸を化学合成することにより所望のアミノ酸配列を有するもの）であってもよい。改変フィブロインのアミノ酸配列を改変したものも、そのアミノ酸配列が天然由来のフィブロインのアミノ酸配列とは異なるものであれば、改変フィブロインに含まれる。改変フィブロインとしては、例えば、人工絹（シルク）フィブロイン（カイコが産生する絹タンパク質のアミノ酸配列を改変したもの）、及び改変クモ糸フィブロイン（クモ類が産生するスパイダーシルクタンパク質のアミノ酸配列を改変したもの）などが挙げられる。改変フィブロインは、好ましくは改変クモ糸フィブロインを含み、より好ましくは改変クモ糸フィブロインからなる。

[0145] 本実施形態に係る改変フィブロインの具体的な例として、クモの大瓶状腺で産生される大吐糸管しおり糸タンパク質に由来する改変フィブロイン（第

1の改変フィブロイン)、グリシン残基の含有量が低減されたドメイン配列を有する改変フィブロイン(第2の改変フィブロイン)、 $(A)_n$ モチーフの含有量が低減されたドメイン配列を有する改変フィブロイン(第3の改変フィブロイン)、グリシン残基の含有量、及び $(A)_n$ モチーフの含有量が低減された改変フィブロイン(第4の改変フィブロイン)、局所的に疎水性指標の大きい領域を含むドメイン配列を有する改変フィブロイン(第5の改変フィブロイン)、並びにグルタミン残基の含有量が低減されたドメイン配列を有する改変フィブロイン(第6の改変フィブロイン)が挙げられる。

[0146] 第1の改変フィブロインとしては、式1: $[(A)_n\text{モチーフ}-REP]_m$ で表されるドメイン配列を含むタンパク質が挙げられる。第1の改変フィブロインにおいて、 $(A)_n$ モチーフのアミノ酸残基数は、3~20の整数が好ましく、4~20の整数がより好ましく、8~20の整数が更に好ましく、10~20の整数が更により好ましく、4~16の整数が更によりまた好ましく、8~16の整数が特に好ましく、10~16の整数が最も好ましい。第1の改変フィブロインは、式1中、REPを構成するアミノ酸残基数は、10~200残基であることが好ましく、10~150残基であることがより好ましく、20~100残基であることが更に好ましく、20~75残基であることが更により好ましい。第1の改変フィブロインは、式1: $[(A)_n\text{モチーフ}-REP]_m$ で表されるアミノ酸配列中に含まれるグリシン残基、セリン残基及びアラニン残基の合計残基数がアミノ酸残基数全体に対して、40%以上であることが好ましく、60%以上であることがより好ましく、70%以上であることが更に好ましい。

[0147] 第1の改変フィブロインは、式1: $[(A)_n\text{モチーフ}-REP]_m$ で表されるアミノ酸配列の単位を含み、かつC末端配列が配列番号1~3のいずれかに示されるアミノ酸配列又は配列番号1~3のいずれかに示されるアミノ酸配列と90%以上の相同性を有するアミノ酸配列であるポリペプチドであってもよい。

[0148] 配列番号1に示されるアミノ酸配列は、ADF3 (GI: 1263287

、NCBI)のアミノ酸配列のC末端の50残基のアミノ酸からなるアミノ酸配列と同一であり、配列番号2に示されるアミノ酸配列は、配列番号1に示されるアミノ酸配列のC末端から20残基取り除いたアミノ酸配列と同一であり、配列番号3に示されるアミノ酸配列は、配列番号1に示されるアミノ酸配列のC末端から29残基取り除いたアミノ酸配列と同一である。

[0149] 第1の改変フィブロインのより具体的な例として、(1-i)配列番号4 (recombinant spider silk protein ADF3KaiLargeNRSH1)で示されるアミノ酸配列、又は(1-ii)配列番号4で示されるアミノ酸配列と90%以上の配列同一性を有するアミノ酸配列を含む、改変フィブロインを挙げることができる。配列同一性は、95%以上であることが好ましい。

[0150] 配列番号4で示されるアミノ酸配列は、N末端に開始コドン、His10タグ及びHRV3Cプロテアーゼ(Human rhinovirus 3Cプロテアーゼ)認識サイトからなるアミノ酸配列(配列番号5)を付加したADF3のアミノ酸配列において、第1~13番目の反復領域をおよそ2倍になるように増やすとともに、翻訳が第1154番目アミノ酸残基で終了するように変異させたものである。配列番号4で示されるアミノ酸配列のC末端のアミノ酸配列は、配列番号3で示されるアミノ酸配列と同一である。

[0151] (1-i)の改変フィブロインは、配列番号4で示されるアミノ酸配列からなるものであってもよい。

[0152] 第2の改変フィブロインは、そのドメイン配列が、天然由来のフィブロインと比較して、グリシン残基の含有量が低減されたアミノ酸配列を有する。第2の改変フィブロインは、天然由来のフィブロインと比較して、少なくともREP中の1又は複数のグリシン残基が別のアミノ酸残基に置換されたことに相当するアミノ酸配列を有するものということができる。

[0153] 第2の改変フィブロインは、そのドメイン配列が、天然由来のフィブロインと比較して、REP中のGGX及びGPGXX(但し、Gはグリシン残基、Pはプロリン残基、Xはグリシン以外のアミノ酸残基を示す。)から選ば

れる少なくとも一つのモチーフ配列において、少なくとも1又は複数の当該モチーフ配列中の1つのグリシン残基が別のアミノ酸残基に置換されたことに相当するアミノ酸配列を有するものであってもよい。

[0154] 第2の改変フィブロインは、上述のグリシン残基が別のアミノ酸残基に置換されたモチーフ配列の割合が、全モチーフ配列に対して、10%以上であってもよい。

[0155] 第2の改変フィブロインは、式1： $[(A)_n \text{モチーフ}-REP]_m$ で表されるドメイン配列を含み、上記ドメイン配列から、最もC末端側に位置する $(A)_n$ モチーフから上記ドメイン配列のC末端までの配列を除いた配列中の全REPに含まれるXGX（但し、Xはグリシン以外のアミノ酸残基を示す。）からなるアミノ酸配列の総アミノ酸残基数を z とし、上記ドメイン配列から、最もC末端側に位置する $(A)_n$ モチーフから上記ドメイン配列のC末端までの配列を除いた配列中の総アミノ酸残基数を w としたときに、 z/w が30%以上、40%以上、50%以上又は50.9%以上であるアミノ酸配列を有するものであってもよい。 $(A)_n$ モチーフ中の全アミノ酸残基数に対するアラニン残基数は83%以上であってよいが、86%以上であることが好ましく、90%以上であることがより好ましく、95%以上であることが更に好ましく、100%であること（アラニン残基のみで構成されることを意味する）が更により好ましい。

[0156] 第2の改変フィブロインは、GGXモチーフの1つのグリシン残基を別のアミノ酸残基に置換することにより、XGXからなるアミノ酸配列の含有割合を高めたものであることが好ましい。第2の改変フィブロインは、ドメイン配列中のGGXからなるアミノ酸配列の含有割合が30%以下であることが好ましく、20%以下であることがより好ましく、10%以下であることが更に好ましく、6%以下であることが更により好ましく、4%以下であることが更によりまた好ましく、2%以下であることが特に好ましい。ドメイン配列中のGGXからなるアミノ酸配列の含有割合は、下記XGXからなるアミノ酸配列の含有割合（ z/w ）の算出方法と同様の方法で算出すること

ができる。

[0157] z/w の算出方法を更に詳細に説明する。まず、式1： $[(A)_n \text{モチーフ}-REP]_m$ で表されるドメイン配列を含むフィブロイン（改変フィブロイン又は天然由来のフィブロイン）において、ドメイン配列から、最もC末端側に位置する $(A)_n$ モチーフからドメイン配列のC末端までの配列を除いた配列に含まれる全てのREPから、XGXからなるアミノ酸配列を抽出する。XGXを構成するアミノ酸残基の総数が z である。例えば、XGXからなるアミノ酸配列が50個抽出された場合（重複はなし）、 z は $50 \times 3 = 150$ である。例えば、XGXGXからなるアミノ酸配列の場合のように2つのXGXに含まれるX（中央のX）が存在する場合は、重複分を控除して計算する（XGXGXの場合は5アミノ酸残基である）。 w は、ドメイン配列から、最もC末端側に位置する $(A)_n$ モチーフからドメイン配列のC末端までの配列を除いた配列に含まれる総アミノ酸残基数である。例えば、図1に示したドメイン配列の場合、 w は $4 + 50 + 4 + 100 + 4 + 10 + 4 + 20 + 4 + 30 = 230$ である（最もC末端側に位置する $(A)_n$ モチーフは除いている。）。次に、 z を w で除すことによって、 z/w （%）を算出することができる。

[0158] ここで、天然由来のフィブロインにおける z/w について説明する。まず、上述のように、NCBI GenBankにアミノ酸配列情報が登録されているフィブロインを例示した方法により確認したところ、663種類のフィブロイン（このうち、クモ類由来のフィブロインは415種類）が抽出された。抽出された全てのフィブロインのうち、式1： $[(A)_n \text{モチーフ}-REP]_m$ で表されるドメイン配列を含み、フィブロイン中のGGXからなるアミノ酸配列の含有割合が6%以下である天然由来のフィブロインのアミノ酸配列から、上述の算出方法により、 z/w を算出した。その結果を図2に示す。図2の横軸は z/w （%）を示し、縦軸は頻度を示す。図2から明らかとなおり、天然由来のフィブロインにおける z/w は、いずれも50.9%未満である（最も高いもので、50.86%）。

- [0159] 第2の改変フィブロインにおいて、 z/w は、50.9%以上であることが好ましく、56.1%以上であることがより好ましく、58.7%以上であることが更に好ましく、70%以上であることが更により好ましく、80%以上であることが更によりまた好ましい。 z/w の上限に特に制限はないが、例えば、95%以下であってもよい。
- [0160] 第2の改変フィブロインは、例えば、クローニングした天然由来のフィブロインの遺伝子配列から、グリシン残基をコードする塩基配列の少なくとも一部を置換して別のアミノ酸残基をコードするように改変することにより得ることができる。このとき、改変するグリシン残基として、GGXモチーフ及びGPGXXモチーフにおける1つのグリシン残基を選択してもよいし、 z/w が50.9%以上になるように置換してもよい。例えば、天然由来のフィブロインのアミノ酸配列から上記態様を満たすアミノ酸配列を設計し、設計したアミノ酸配列をコードする核酸を化学合成することにより得ることもできる。いずれの場合においても、天然由来のフィブロインのアミノ酸配列からREP中のグリシン残基を別のアミノ酸残基に置換したことに相当する改変に加え、更に1又は複数のアミノ酸残基を置換、欠失、挿入及び／又は付加したことに相当するアミノ酸配列の改変を行ってもよい。
- [0161] 上記の別のアミノ酸残基としては、グリシン残基以外のアミノ酸残基であれば特に制限はないが、バリン（V）残基、ロイシン（L）残基、イソロイシン（I）残基、メチオニン（M）残基、プロリン（P）残基、フェニルアラニン（F）残基及びトリプトファン（W）残基等の疎水性アミノ酸残基、グルタミン（Q）残基、アスパラギン（N）残基、セリン（S）残基、リシン（K）残基及びグルタミン酸（E）残基等の親水性アミノ酸残基が好ましく、バリン（V）残基、ロイシン（L）残基、イソロイシン（I）残基、フェニルアラニン（F）残基及びグルタミン（Q）残基がより好ましく、グルタミン（Q）残基が更に好ましい。
- [0162] 第2の改変フィブロインのより具体的な例として、（2-i）配列番号6（Met-PRT380）、配列番号7（Met-PRT410）、配列番

号8 (Met-PRT525) 若しくは配列番号9 (Met-PRT799) で示されるアミノ酸配列、又は(2-i)配列番号6、配列番号7、配列番号8若しくは配列番号9で示されるアミノ酸配列と90%以上の配列同一性を有するアミノ酸配列を含む、改変フィブロインを挙げることができる。

[0163] (2-i)の改変フィブロインについて説明する。配列番号6で示されるアミノ酸配列は、天然由来のフィブロインに相当する配列番号10 (Met-PRT313) で示されるアミノ酸配列のREP中の全てのGGXをGQXに置換したものである。配列番号7で示されるアミノ酸配列は、配列番号6で示されるアミノ酸配列から、N末端側からC末端側に向かって2つおきに(A)_nモチーフを欠失させ、更にC末端配列の手前に[(A)_nモチーフ-REP]を1つ挿入したものである。配列番号8で示されるアミノ酸配列は、配列番号7で示されるアミノ酸配列の各(A)_nモチーフのC末端側に2つのアラニン残基を挿入し、更に一部のグルタミン(Q)残基をセリン(S)残基に置換し、配列番号7の分子量とほぼ同じとなるようにC末端側の一部のアミノ酸を欠失させたものである。配列番号9で示されるアミノ酸配列は、配列番号7で示されるアミノ酸配列中に存在する20個のドメイン配列の領域(但し、当該領域のC末端側の数アミノ酸残基が置換されている。)を4回繰り返した配列のC末端に所定のヒンジ配列とHisタグ配列が付加されたものである。

[0164] 配列番号10で示されるアミノ酸配列(天然由来のフィブロインに相当)におけるz/wの値は、46.8%である。配列番号6で示されるアミノ酸配列、配列番号7で示されるアミノ酸配列、配列番号8で示されるアミノ酸配列、及び配列番号9で示されるアミノ酸配列におけるz/wの値は、それぞれ58.7%、70.1%、66.1%及び70.0%である。配列番号10、配列番号6、配列番号7、配列番号8及び配列番号9で示されるアミノ酸配列のギザ比率(後述する)1:1.8~11.3におけるx/yの値は、それぞれ15.0%、15.0%、93.4%、92.7%及び89.

8%である。

[0165] (2-i) の改変フィブロインは、配列番号6、配列番号7、配列番号8又は配列番号9で示されるアミノ酸配列からなるものであってもよい。

[0166] (2-ii) の改変フィブロインは、配列番号6、配列番号7、配列番号8又は配列番号9で示されるアミノ酸配列と90%以上の配列同一性を有するアミノ酸配列を含むものである。(2-ii) の改変フィブロインもまた、式1: $[(A)_n \text{モチーフ} \text{REP}]_m$ で表されるドメイン配列を含むタンパク質である。上記配列同一性は、95%以上であることが好ましい。

[0167] (2-ii) の改変フィブロインは、配列番号6、配列番号7、配列番号8又は配列番号9で示されるアミノ酸配列と90%以上の配列同一性を有し、かつREP中に含まれるXGX(但し、Xはグリシン以外のアミノ酸残基を示す。)からなるアミノ酸配列の総アミノ酸残基数をzとし、上記ドメイン配列中のREPの総アミノ酸残基数をwとしたときに、 z/w が50.9%以上であることが好ましい。

[0168] 第2の改変フィブロインは、N末端及びC末端のいずれか一方又は両方にタグ配列を含んでいてもよい。これにより、改変フィブロインの単離、固定化、検出及び可視化等が可能となる。

[0169] タグ配列として、例えば、他の分子との特異的親和性(結合性、アフィニティ)を利用したアフィニティタグを挙げることができる。アフィニティタグの具体例として、ヒスチジンタグ(Hisタグ)を挙げることができる。Hisタグは、ヒスチジン残基が4から10個程度並んだ短いペプチドで、ニッケル等の金属イオンと特異的に結合する性質があるため、金属キレートクロマトグラフィー(chelating metal chromatography)による改変フィブロインの単離に利用することができる。タグ配列の具体例として、例えば、配列番号11で示されるアミノ酸配列(Hisタグ配列及びヒンジ配列を含むアミノ酸配列)が挙げられる。

[0170] タグ配列として、グルタチオンに特異的に結合するグルタチオン-S-トランスフェラーゼ(GST)、マルトースに特異的に結合するマルトース結

合タンパク質（MBP）等のタグ配列を利用することもできる。

[0171] タグ配列として、抗原抗体反応を利用した「エピトープタグ」を利用することもできる。抗原性を示すペプチド（エピトープ）をタグ配列として付加することにより、当該エピトープに対する抗体を結合させることができる。エピトープタグとして、HA（インフルエンザウイルスのヘマグルチニンのペプチド配列）タグ、mycタグ、FLAGタグ等を挙げることができる。エピトープタグを利用することにより、高い特異性で容易に改変フィブロインを精製することができる。

[0172] タグ配列を特定のプロテアーゼで切り離せるようにしたのもタグ配列として使用することができる。当該タグ配列を介して吸着したタンパク質をプロテアーゼ処理することにより、タグ配列を切り離した改変フィブロインを回収することもできる。

[0173] タグ配列を含む改変フィブロインのより具体的な例として、（2-i-i-i）配列番号12（PRT380）、配列番号13（PRT410）、配列番号14（PRT525）若しくは配列番号15（PRT799）で示されるアミノ酸配列、又は（2-i-v）配列番号12、配列番号13、配列番号14若しくは配列番号15で示されるアミノ酸配列と90%以上の配列同一性を有するアミノ酸配列を含む、改変フィブロインを挙げることができる。

[0174] 配列番号16（PRT313）、配列番号12、配列番号13、配列番号14及び配列番号15で示されるアミノ酸配列は、それぞれ配列番号10、配列番号6、配列番号7、配列番号8及び配列番号9で示されるアミノ酸配列のN末端に配列番号11で示されるアミノ酸配列（Hisタグ配列及びヒンジ配列を含む）を付加したものである。

[0175] （2-i-i-i）の改変フィブロインは、配列番号12、配列番号13、配列番号14又は配列番号15で示されるアミノ酸配列からなるものであってもよい。

[0176] （2-i-v）の改変フィブロインは、配列番号12、配列番号13、配列番号14又は配列番号15で示されるアミノ酸配列と90%以上の配列同一

性を有するアミノ酸配列を含むものである。(2-i v)の改変フィブロインもまた、式1: $[(A)_n \text{モチーフ} - R E P]_m$ で表されるドメイン配列を含むタンパク質である。上記配列同一性は、95%以上であることが好ましい。

[0177] (2-i v)の改変フィブロインは、配列番号12、配列番号13、配列番号14又は配列番号15で示されるアミノ酸配列と90%以上の配列同一性を有し、かつR E P中に含まれるX G X (但し、Xはグリシン以外のアミノ酸残基を示す。)からなるアミノ酸配列の総アミノ酸残基数をzとし、上記ドメイン配列中のR E Pの総アミノ酸残基数をwとしたときに、 z/w が50.9%以上であることが好ましい。

[0178] 第2の改変フィブロインは、人工タンパク質生産系において生産されたタンパク質を宿主の外部に放出するための分泌シグナルを含んでいてもよい。分泌シグナルの配列は、宿主の種類に応じて適宜設定することができる。

[0179] 第3の改変フィブロインは、そのドメイン配列が、天然由来のフィブロインと比較して、 $(A)_n$ モチーフの含有量が低減されたアミノ酸配列を有する。第3の改変フィブロインのドメイン配列は、天然由来のフィブロインと比較して、少なくとも1又は複数の $(A)_n$ モチーフが欠失したことに相当するアミノ酸配列を有するものということができる。

[0180] 第3の改変フィブロインは、天然由来のフィブロインから $(A)_n$ モチーフを10~40%欠失させたことに相当するアミノ酸配列を有するものであってもよい。

[0181] 第3の改変フィブロインは、そのドメイン配列が、天然由来のフィブロインと比較して、少なくともN末端側からC末端側に向かって1~3つの $(A)_n$ モチーフ毎に1つの $(A)_n$ モチーフが欠失したことに相当するアミノ酸配列を有するものであってもよい。

[0182] 第3の改変フィブロインは、そのドメイン配列が、天然由来のフィブロインと比較して、少なくともN末端側からC末端側に向かって2つ連続した $(A)_n$ モチーフの欠失、及び1つの $(A)_n$ モチーフの欠失がこの順に繰り返

されたことに相当するアミノ酸配列を有するものであってもよい。

[0183] 第3の改変フィブロインは、そのドメイン配列が、少なくともN末端側からC末端側に向かって2つおきに $(A)_n$ モチーフが欠失したことに相当するアミノ酸配列を有するものであってもよい。

[0184] 第3の改変フィブロインは、式1： $[(A)_n\text{モチーフ}-REP]_m$ で表されるドメイン配列を含み、N末端側からC末端側に向かって、隣合う2つの $[(A)_n\text{モチーフ}-REP]$ ユニットのREPのアミノ酸残基数を順次比較して、アミノ酸残基数が少ないREPのアミノ酸残基数を1としたとき、他方のREPのアミノ酸残基数の比が1.8～11.3となる隣合う2つの $[(A)_n\text{モチーフ}-REP]$ ユニットのアミノ酸残基数を足し合わせた合計値の最大値を x とし、ドメイン配列の総アミノ酸残基数を y としたときに、 x/y が20%以上、30%以上、40%以上又は50%以上であるアミノ酸配列を有するものであってもよい。 $(A)_n$ モチーフ中の全アミノ酸残基数に対するアラニン残基数は83%以上であってよいが、86%以上であることが好ましく、90%以上であることがより好ましく、95%以上であることが更に好ましく、100%であること（アラニン残基のみで構成されることを意味する）が更に好ましい。

[0185] x/y の算出方法を図1を参照しながら更に詳細に説明する。図1には、改変フィブロインからN末端配列及びC末端配列を除いたドメイン配列を示す。当該ドメイン配列は、N末端側（左側）から $(A)_n$ モチーフ第1のREP（50アミノ酸残基）－ $(A)_n$ モチーフ第2のREP（100アミノ酸残基）－ $(A)_n$ モチーフ第3のREP（10アミノ酸残基）－ $(A)_n$ モチーフ第4のREP（20アミノ酸残基）－ $(A)_n$ モチーフ第5のREP（30アミノ酸残基）－ $(A)_n$ モチーフという配列を有する。

[0186] 隣合う2つの $[(A)_n\text{モチーフ}-REP]$ ユニットは、重複がないように、N末端側からC末端側に向かって、順次選択する。このとき、選択されない $[(A)_n\text{モチーフ}-REP]$ ユニットが存在してもよい。図1には、パターン1（第1のREPと第2のREPの比較、及び第3のREPと第4のR

REPの比較)、パターン2(第1のREPと第2のREPの比較、及び第4のREPと第5のREPの比較)、パターン3(第2のREPと第3のREPの比較、及び第4のREPと第5のREPの比較)、パターン4(第1のREPと第2のREPの比較)を示した。なお、これ以外にも選択方法は存在する。

[0187] 次に各パターンについて、選択した隣合う2つの[(A)_nモチーフ-REP]ユニット中の各REPのアミノ酸残基数を比較する。比較は、よりアミノ酸残基数の少ない方を1としたときの、他方のアミノ酸残基数の比を求めることによって行う。例えば、第1のREP(50アミノ酸残基)と第2のREP(100アミノ酸残基)の比較の場合、よりアミノ酸残基数の少ない第1のREPを1としたとき、第2のREPのアミノ酸残基数の比は、 $100/50=2$ である。同様に、第4のREP(20アミノ酸残基)と第5のREP(30アミノ酸残基)の比較の場合、よりアミノ酸残基数の少ない第4のREPを1としたとき、第5のREPのアミノ酸残基数の比は、 $30/20=1.5$ である。

[0188] 図1中、よりアミノ酸残基数の少ない方を1としたときに、他方のアミノ酸残基数の比が1.8~11.3となる[(A)_nモチーフ-REP]ユニットの組を実線で示した。本明細書中、この比をギザ比率と呼ぶ。よりアミノ酸残基数の少ない方を1としたときに、他方のアミノ酸残基数の比が1.8未満又は11.3超となる[(A)_nモチーフ-REP]ユニットの組は破線で示した。

[0189] 各パターンにおいて、実線で示した隣合う2つの[(A)_nモチーフ-REP]ユニットの全てのアミノ酸残基数を足し合わせる(REPのみではなく、(A)_nモチーフのアミノ酸残基数でもある)。そして、足し合わせた合計値を比較して、当該合計値が最大となるパターンの合計値(合計値の最大値)をxとする。図1に示した例では、パターン1の合計値が最大である。

[0190] 次に、xをドメイン配列の総アミノ酸残基数yで除すことによって、 x/y (%)を算出することができる。

- [0191] 第3の改変フィブロインにおいて、 x/y は、50%以上であることが好ましく、60%以上であることがより好ましく、65%以上であることが更に好ましく、70%以上であることが更により好ましく、75%以上であることが更によりまた好ましく、80%以上であることが特に好ましい。 x/y の上限に特に制限はなく、例えば、100%以下であってよい。ギザ比率が1:1.9~11.3の場合には、 x/y は89.6%以上であることが好ましく、ギザ比率が1:1.8~3.4の場合には、 x/y は77.1%以上であることが好ましく、ギザ比率が1:1.9~8.4の場合には、 x/y は75.9%以上であることが好ましく、ギザ比率が1:1.9~4.1の場合には、 x/y は64.2%以上であることが好ましい。
- [0192] 第3の改変フィブロインが、ドメイン配列中に複数存在する $(A)_n$ モチーフの少なくとも7つがアラニン残基のみで構成される改変フィブロインである場合、 x/y は、46.4%以上であることが好ましく、50%以上であることがより好ましく、55%以上であることが更に好ましく、60%以上であることが更により好ましく、70%以上であることが更によりまた好ましく、80%以上であることが特に好ましい。 x/y の上限に特に制限はなく、100%以下であればよい。
- [0193] ここで、天然由来のフィブロインにおける x/y について説明する。まず、上述のように、NCBI GenBankにアミノ酸配列情報が登録されているフィブロインを例示した方法により確認したところ、663種類のフィブロイン（このうち、クモ類由来のフィブロインは415種類）が抽出された。抽出された全てのフィブロインのうち、式1: $[(A)_n \text{モチーフ} - R E P]_m$ で表されるドメイン配列で構成される天然由来のフィブロインのアミノ酸配列から、上述の算出方法により、 x/y を算出した。ギザ比率が1:1.9~4.1の場合の結果を図3に示す。
- [0194] 図3の横軸は x/y (%)を示し、縦軸は頻度を示す。図3から明らかとおり、天然由来のフィブロインにおける x/y は、いずれも64.2%未満である（最も高いもので、64.14%）。

[0195] 第3の改変フィブロインは、例えば、クローニングした天然由来のフィブロインの遺伝子配列から、 x/y が64.2%以上になるように $(A)_n$ モチーフをコードする配列の1又は複数を欠失させることにより得ることができる。例えば、天然由来のフィブロインのアミノ酸配列から、 x/y が64.2%以上になるように1又は複数の $(A)_n$ モチーフが欠失したことに相当するアミノ酸配列を設計し、設計したアミノ酸配列をコードする核酸を化学合成することにより得ることもできる。いずれの場合においても、天然由来のフィブロインのアミノ酸配列から $(A)_n$ モチーフが欠失したことに相当する改変に加え、更に1又は複数のアミノ酸残基を置換、欠失、挿入及び／又は付加したことに相当するアミノ酸配列の改変を行ってもよい。

[0196] 第3の改変フィブロインのより具体的な例として、 $(3-i)$ 配列番号17 (Met-PR T 399)、配列番号7 (Met-PR T 410)、配列番号8 (Met-PR T 525)若しくは配列番号9 (Met-PR T 799)で示されるアミノ酸配列、又は $(3-ii)$ 配列番号17、配列番号7、配列番号8若しくは配列番号9で示されるアミノ酸配列と90%以上の配列同一性を有するアミノ酸配列を含む、改変フィブロインを挙げることができる。

[0197] $(3-i)$ の改変フィブロインについて説明する。配列番号17で示されるアミノ酸配列は、天然由来のフィブロインに相当する配列番号10 (Met-PR T 313)で示されるアミノ酸配列から、N末端側からC末端側に向かって2つおきに $(A)_n$ モチーフを欠失させ、更にC末端配列の手前に $[(A)_n\text{モチーフ}-REP]$ を1つ挿入したものである。配列番号7、配列番号8又は配列番号9で示されるアミノ酸配列は、第2の改変フィブロインで説明したとおりである。

[0198] 配列番号10で示されるアミノ酸配列（天然由来のフィブロインに相当）のギザ比率1:1.8~11.3における x/y の値は15.0%である。配列番号17で示されるアミノ酸配列、及び配列番号7で示されるアミノ酸配列における x/y の値は、いずれも93.4%である。配列番号8で示さ

れるアミノ酸配列における x/y の値は、 92.7% である。配列番号 9 で示されるアミノ酸配列における x/y の値は、 89.8% である。配列番号 10、配列番号 17、配列番号 7、配列番号 8 及び配列番号 9 で示されるアミノ酸配列における z/w の値は、それぞれ 46.8% 、 56.2% 、 70.1% 、 66.1% 及び 70.0% である。

[0199] (3-i) の改変フィブロインは、配列番号 17、配列番号 7、配列番号 8 又は配列番号 9 で示されるアミノ酸配列からなるものであってもよい。

[0200] (3-ii) の改変フィブロインは、配列番号 17、配列番号 7、配列番号 8 又は配列番号 9 で示されるアミノ酸配列と 90% 以上の配列同一性を有するアミノ酸配列を含むものである。(3-ii) の改変フィブロインもまた、式 1: $[(A)_n \text{モチーフ}-REP]_m$ で表されるドメイン配列を含むタンパク質である。上記配列同一性は、 95% 以上であることが好ましい。

[0201] (3-ii) の改変フィブロインは、配列番号 17、配列番号 7、配列番号 8 又は配列番号 9 で示されるアミノ酸配列と 90% 以上の配列同一性を有し、かつ N 末端側から C 末端側に向かって、隣合う 2 つの $[(A)_n \text{モチーフ}-REP]$ ユニットの REP のアミノ酸残基数を順次比較して、アミノ酸残基数が少ない REP のアミノ酸残基数を 1 としたとき、他方の REP のアミノ酸残基数の比が $1.8 \sim 11.3$ (ギザ比率が $1:1.8 \sim 11.3$) となる隣合う 2 つの $[(A)_n \text{モチーフ}-REP]$ ユニットのアミノ酸残基数を足し合わせた合計値の最大値を x とし、ドメイン配列の総アミノ酸残基数を y としたときに、 x/y が 64.2% 以上であることが好ましい。

[0202] 第 3 の改変フィブロインは、N 末端及び C 末端のいずれか一方又は両方に上述したタグ配列を含んでいてもよい。

[0203] タグ配列を含む改変フィブロインのより具体的な例として、(3-iii) 配列番号 18 (PRT399)、配列番号 13 (PRT410)、配列番号 14 (PRT525) 若しくは配列番号 15 (PRT799) で示されるアミノ酸配列、又は (3-iv) 配列番号 18、配列番号 13、配列番号 14 若しくは配列番号 15 で示されるアミノ酸配列と 90% 以上の配列同一性

を有するアミノ酸配列を含む、改変フィブロインを挙げることができる。

[0204] 配列番号18、配列番号13、配列番号14及び配列番号15で示されるアミノ酸配列は、それぞれ配列番号17、配列番号7、配列番号8及び配列番号9で示されるアミノ酸配列のN末端に配列番号11で示されるアミノ酸配列（Hisタグ配列及びヒンジ配列を含む）を付加したものである。

[0205] (3-iii)の改変フィブロインは、配列番号18、配列番号13、配列番号14又は配列番号15で示されるアミノ酸配列からなるものであってもよい。

[0206] (3-iv)の改変フィブロインは、配列番号18、配列番号13、配列番号14又は配列番号15で示されるアミノ酸配列と90%以上の配列同一性を有するアミノ酸配列を含むものである。(3-iv)の改変フィブロインもまた、式1： $[(A)_n \text{モチーフ-REP}]_m$ で表されるドメイン配列を含むタンパク質である。上記配列同一性は、95%以上であることが好ましい。

[0207] (3-iv)の改変フィブロインは、配列番号18、配列番号13、配列番号14又は配列番号15で示されるアミノ酸配列と90%以上の配列同一性を有し、かつN末端側からC末端側に向かって、隣合う2つの $[(A)_n \text{モチーフ-REP}]$ ユニットのREPのアミノ酸残基数を順次比較して、アミノ酸残基数が少ないREPのアミノ酸残基数を1としたとき、他方のREPのアミノ酸残基数の比が1.8～11.3となる隣合う2つの $[(A)_n \text{モチーフ-REP}]$ ユニットのアミノ酸残基数を足し合わせた合計値の最大値をxとし、ドメイン配列の総アミノ酸残基数をyとしたときに、 x/y が64.2%以上であることが好ましい。

[0208] 第3の改変フィブロインは、人工タンパク質生産系において生産されたタンパク質を宿主の外部に放出するための分泌シグナルを含んでいてもよい。分泌シグナルの配列は、宿主の種類に応じて適宜設定することができる。

[0209] 第4の改変フィブロインは、そのドメイン配列が、天然由来のフィブロインと比較して、 $(A)_n$ モチーフの含有量が低減されたことに加え、グリシン

残基の含有量が低減されたアミノ酸配列を有するものである。第4の改変フィブロインのドメイン配列は、天然由来のフィブロインと比較して、少なくとも1又は複数の(A)_nモチーフが欠失したことに加え、更に少なくともREP中の1又は複数のグリシン残基が別のアミノ酸残基に置換されたことに相当するアミノ酸配列を有するものといえることができる。すなわち、第4の改変フィブロインは、上述した第2の改変フィブロインと、第3の改変フィブロインの特徴を併せ持つ改変フィブロインである。具体的な態様等は、第2の改変フィブロイン、及び第3の改変フィブロインで説明したとおりである。

[0210] 第4の改変フィブロインのより具体的な例として、(4-i)配列番号7 (Met-PR T 4 1 0)、配列番号8 (Met-PR T 5 2 5)、配列番号9 (Met-PR T 7 9 9)、配列番号13 (PR T 4 1 0)、配列番号14 (PR T 5 2 5)若しくは配列番号15 (PR T 7 9 9)で示されるアミノ酸配列、又は(4-ii)配列番号7、配列番号8、配列番号9、配列番号13、配列番号14若しくは配列番号15で示されるアミノ酸配列と90%以上の配列同一性を有するアミノ酸配列を含む、改変フィブロインを挙げることができる。配列番号7、配列番号8、配列番号9、配列番号13、配列番号14又は配列番号15で示されるアミノ酸配列を含む改変フィブロインの具体的な態様は上述のとおりである。

[0211] 第5の改変フィブロインは、そのドメイン配列が、天然由来のフィブロインと比較して、REP中の1又は複数のアミノ酸残基が疎水性指標の大きいアミノ酸残基に置換されたこと、及び／又はREP中に1又は複数の疎水性指標の大きいアミノ酸残基が挿入されたことに相当する、局所的に疎水性指標の大きい領域を含むアミノ酸配列を有するものであってよい。

[0212] 局所的に疎水性指標の大きい領域は、連続する2～4アミノ酸残基で構成されていることが好ましい。

[0213] 上述の疎水性指標の大きいアミノ酸残基は、イソロイシン(I)、バリン(V)、ロイシン(L)、フェニルアラニン(F)、システイン(C)、メ

チオニン（M）及びアラニン（A）から選ばれるアミノ酸残基であることがより好ましい。

[0214] 第5の改変フィブロインは、天然由来のフィブロインと比較して、R E P中の1又は複数のアミノ酸残基が疎水性指標の大きいアミノ酸残基に置換されたこと、及び／又はR E P中に1又は複数の疎水性指標の大きいアミノ酸残基が挿入されたことに相当する改変に加え、更に、天然由来のフィブロインと比較して、1又は複数のアミノ酸残基を置換、欠失、挿入及び／又は付加したことに相当するアミノ酸配列の改変があってもよい。

[0215] 第5の改変フィブロインは、例えば、クローニングした天然由来のフィブロインの遺伝子配列からR E P中の1又は複数の親水性アミノ酸残基（例えば、疎水性指標がマイナスであるアミノ酸残基）を疎水性アミノ酸残基（例えば、疎水性指標がプラスであるアミノ酸残基）に置換すること、及び／又はR E P中に1又は複数の疎水性アミノ酸残基を挿入することにより得ることができる。例えば、天然由来のフィブロインのアミノ酸配列からR E P中の1又は複数の親水性アミノ酸残基を疎水性アミノ酸残基に置換したこと、及び／又はR E P中に1又は複数の疎水性アミノ酸残基を挿入したことに相当するアミノ酸配列を設計し、設計したアミノ酸配列をコードする核酸を化学合成することにより得ることもできる。いずれの場合においても、天然由来のフィブロインのアミノ酸配列からR E P中の1又は複数の親水性アミノ酸残基を疎水性アミノ酸残基に置換したこと、及び／又はR E P中に1又は複数の疎水性アミノ酸残基を挿入したことに相当する改変に加え、更に1又は複数のアミノ酸残基を置換、欠失、挿入及び／又は付加したことに相当するアミノ酸配列の改変を行ってもよい。

[0216] 第5の改変フィブロインは、式1： $[(A)_n \text{モチーフ}-R E P]_m$ で表されるドメイン配列を含み、最もC末端側に位置する $(A)_n$ モチーフから上記ドメイン配列のC末端までの配列を上記ドメイン配列から除いた配列に含まれる全てのR E Pにおいて、連続する4アミノ酸残基の疎水性指標の平均値が2.6以上となる領域に含まれるアミノ酸残基の総数をpとし、最もC末

端側に位置する (A)_nモチーフから上記ドメイン配列のC末端までの配列を上記ドメイン配列から除いた配列に含まれるアミノ酸残基の総数をqとしたときに、 p/q が6.2%以上であるアミノ酸配列を有してもよい。

[0217] アミノ酸残基の疎水性指標については、公知の指標 (Hydropathy index: Kyte J, & Doolittle R (1982) “A simple method for displaying the hydropathic character of a protein”, J. Mol. Biol., 157, pp. 105–132) を使用する。具体的には、各アミノ酸の疎水性指標 (ハイドロパシー・インデックス、以下「HI」とも記す。) は、下記表1に示すとおりである。

[0218] [表1]

アミノ酸	HI	アミノ酸	HI
イソロイシン(Ile)	4.5	トリプトファン(Trp)	-0.9
バリン(Val)	4.2	チロシン(Tyr)	-1.3
ロイシン(Leu)	3.8	プロリン(Pro)	-1.6
フェニルアラニン(Phe)	2.8	ヒスチジン(His)	-3.2
システイン(Cys)	2.5	アスパラギン(Asn)	-3.5
メチオニン(Met)	1.9	アスパラギン酸(Asp)	-3.5
アラニン(Ala)	1.8	グルタミン(Gln)	-3.5
グリシン(Gly)	-0.4	グルタミン酸(Glu)	-3.5
スレオニン(Thr)	-0.7	リシン(Lys)	-3.9
セリン(Ser)	-0.8	アルギニン(Arg)	-4.5

[0219] p/q の算出方法を更に詳細に説明する。算出には、式1: [(A)_nモチーフ-REP]_mで表されるドメイン配列から、最もC末端側に位置する (A)_nモチーフからドメイン配列のC末端までの配列を除いた配列 (以下、「配列A」とする) を用いる。まず、配列Aに含まれる全てのREPにおいて、連続する4アミノ酸残基の疎水性指標の平均値を算出する。疎水性指標の平均値は、連続する4アミノ酸残基に含まれる各アミノ酸残基のHIの総和を4 (アミノ酸残基数) で除して求める。疎水性指標の平均値は、全ての連続する4アミノ酸残基について求める (各アミノ酸残基は、1～4回平均値の算出に用いられる。)。次いで、連続する4アミノ酸残基の疎水性指標の平

均値が2.6以上となる領域を特定する。あるアミノ酸残基が、複数の「疎水性指標の平均値が2.6以上となる連続する4アミノ酸残基」に該当する場合であっても、領域中には1アミノ酸残基として含まれることになる。当該領域に含まれるアミノ酸残基の総数がpである。配列Aに含まれるアミノ酸残基の総数がqである。

[0220] 例えば、「疎水性指標の平均値が2.6以上となる連続する4アミノ酸残基」が20カ所抽出された場合（重複はなし）、連続する4アミノ酸残基の疎水性指標の平均値が2.6以上となる領域には、連続する4アミノ酸残基（重複はなし）が20含まれることになり、 p は $20 \times 4 = 80$ である。例えば、2つの「疎水性指標の平均値が2.6以上となる連続する4アミノ酸残基」が1アミノ酸残基だけ重複して存在する場合、連続する4アミノ酸残基の疎水性指標の平均値が2.6以上となる領域には、7アミノ酸残基含まれることになる（ $p = 2 \times 4 - 1 = 7$ 。「-1」は重複分の控除である。）。

例えば、図4に示したドメイン配列の場合、「疎水性指標の平均値が2.6以上となる連続する4アミノ酸残基」が重複せずに7つ存在するため、 p は $7 \times 4 = 28$ となる。例えば、図4に示したドメイン配列の場合、 q は $4 + 50 + 4 + 40 + 4 + 10 + 4 + 20 + 4 + 30 = 170$ である（C末端側の最後に存在する（A）_nモチーフは含めない）。次に、 p を q で除すことによって、 p/q （%）を算出することができる。図4の場合 $28/170 = 16.47\%$ となる。

[0221] 第5の改変フィブロインにおいて、 p/q は、6.2%以上であることが好ましく、7%以上であることがより好ましく、10%以上であることが更に好ましく、20%以上であることが更に好ましく、30%以上であることが更に好ましい。また、 p/q の上限は、特に制限されないが、例えば、45%以下であってもよい。

[0222] 第5の改変フィブロインは、例えば、クローニングした天然由来のフィブロインのアミノ酸配列を、上記の p/q の条件を満たすように、REP中の1又は複数の親水性アミノ酸残基（例えば、疎水性指標がマイナスであるア

ミノ酸残基)を疎水性アミノ酸残基(例えば、疎水性指標がプラスであるアミノ酸残基)に置換すること、及び／又はREP中に1又は複数の疎水性アミノ酸残基を挿入することにより、局所的に疎水性指標の大きい領域を含むアミノ酸配列に改変することにより得ることができる。例えば、天然由来のフィブロインのアミノ酸配列から上記のp/qの条件を満たすアミノ酸配列を設計し、設計したアミノ酸配列をコードする核酸を化学合成することにより得ることもできる。いずれの場合においても、天然由来のフィブロインと比較して、REP中の1又は複数のアミノ酸残基が疎水性指標の大きいアミノ酸残基に置換されたこと、及び／又はREP中に1又は複数の疎水性指標の大きいアミノ酸残基が挿入されたことに相当する改変に加え、更に1又は複数のアミノ酸残基を置換、欠失、挿入及び／又は付加したことに相当する改変を行ってもよい。

[0223] 疎水性指標の大きいアミノ酸残基としては、特に制限はないが、イソロイシン(I)、バリン(V)、ロイシン(L)、フェニルアラニン(F)、システイン(C)、メチオニン(M)及びアラニン(A)が好ましく、バリン(V)、ロイシン(L)及びイソロイシン(I)がより好ましい。

[0224] 第5の改変フィブロインのより具体的な例として、(5-i)配列番号19(Met-PR T 7 2 0)、配列番号20(Met-PR T 6 6 5)若しくは配列番号21(Met-PR T 6 6 6)で示されるアミノ酸配列、又は(5-ii)配列番号19、配列番号20若しくは配列番号21で示されるアミノ酸配列と90%以上の配列同一性を有するアミノ酸配列を含む、改変フィブロインを挙げることができる。

[0225] (5-i)の改変フィブロインについて説明する。配列番号19で示されるアミノ酸配列は、配列番号7(Met-PR T 4 1 0)で示されるアミノ酸配列に対し、C末端側の末端のドメイン配列を除いて、REP一つ置きにそれぞれ3アミノ酸残基からなるアミノ酸配列(VLI)を2カ所挿入し、更に一部のグルタミン(Q)残基をセリン(S)残基に置換し、かつC末端側の一部のアミノ酸を欠失させたものである。配列番号20で示されるアミ

ノ酸配列は、配列番号 8 (Me t - P R T 5 2 5) で示されるアミノ酸配列に対し、R E P 一つ置きにそれぞれ 3 アミノ酸残基からなるアミノ酸配列 (V L I) を 1 カ所挿入したものである。配列番号 2 1 で示されるアミノ酸配列は、配列番号 8 で示されるアミノ酸配列に対し、R E P 一つ置きにそれぞれ 3 アミノ酸残基からなるアミノ酸配列 (V L I) を 2 カ所挿入したものである。

[0226] (5 - i) の改変フィブロインは、配列番号 1 9、配列番号 2 0 又は配列番号 2 1 で示されるアミノ酸配列からなるものであってもよい。

[0227] (5 - i i) の改変フィブロインは、配列番号 1 9、配列番号 2 0 又は配列番号 2 1 で示されるアミノ酸配列と 9 0 % 以上の配列同一性を有するアミノ酸配列を含むものである。(5 - i i) の改変フィブロインもまた、式 1 : $[(A)_n \text{モチーフ} - R E P]_m$ で表されるドメイン配列を含むタンパク質である。上記配列同一性は、9 5 % 以上であることが好ましい。

[0228] (5 - i i) の改変フィブロインは、配列番号 1 9、配列番号 2 0 又は配列番号 2 1 で示されるアミノ酸配列と 9 0 % 以上の配列同一性を有し、かつ最も C 末端側に位置する (A)_n モチーフからドメイン配列の C 末端までの配列をドメイン配列から除いた配列に含まれる全ての R E P において、連続する 4 アミノ酸残基の疎水性指標の平均値が 2. 6 以上となる領域に含まれるアミノ酸残基の総数を p とし、最も C 末端側に位置する (A)_n モチーフからドメイン配列の C 末端までの配列をドメイン配列から除いた配列に含まれるアミノ酸残基の総数を q としたときに、 p/q が 6. 2 % 以上であることが好ましい。

[0229] 第 5 の改変フィブロインは、N 末端及び C 末端のいずれか一方又は両方にタグ配列を含んでいてもよい。

[0230] タグ配列を含む改変フィブロインのより具体的な例として、(5 - i i i) 配列番号 2 2 (P R T 7 2 0)、配列番号 2 3 (P R T 6 6 5) 若しくは配列番号 2 4 (P R T 6 6 6) で示されるアミノ酸配列、又は (5 - i v) 配列番号 2 2、配列番号 2 3 若しくは配列番号 2 4 で示されるアミノ酸配列

と90%以上の配列同一性を有するアミノ酸配列を含む、改変フィブロインを挙げることができる。

[0231] 配列番号22、配列番号23及び配列番号24で示されるアミノ酸配列は、それぞれ配列番号19、配列番号20及び配列番号21で示されるアミノ酸配列のN末端に配列番号11で示されるアミノ酸配列（Hisタグ配列及びヒンジ配列を含む）を付加したものである。

[0232] (5-i i i)の改変フィブロインは、配列番号22、配列番号23又は配列番号24で示されるアミノ酸配列からなるものであってもよい。

[0233] (5-i v)の改変フィブロインは、配列番号22、配列番号23又は配列番号24で示されるアミノ酸配列と90%以上の配列同一性を有するアミノ酸配列を含むものである。(5-i v)の改変フィブロインもまた、式1： $[(A)_n \text{モチーフ}-REP]_m$ で表されるドメイン配列を含むタンパク質である。上記配列同一性は、95%以上であることが好ましい。

[0234] (5-i v)の改変フィブロインは、配列番号22、配列番号23又は配列番号24で示されるアミノ酸配列と90%以上の配列同一性を有し、かつ最もC末端側に位置する(A)_nモチーフからドメイン配列のC末端までの配列をドメイン配列から除いた配列に含まれる全てのREPにおいて、連続する4アミノ酸残基の疎水性指標の平均値が2.6以上となる領域に含まれるアミノ酸残基の総数をpとし、最もC末端側に位置する(A)_nモチーフからドメイン配列のC末端までの配列をドメイン配列から除いた配列に含まれるアミノ酸残基の総数をqとしたときに、 p/q が6.2%以上であることが好ましい。

[0235] 第5の改変フィブロインは、人工タンパク質生産系において生産されたタンパク質を宿主の外部に放出するための分泌シグナルを含んでいてもよい。分泌シグナルの配列は、宿主の種類に応じて適宜設定することができる。

[0236] 第6の改変フィブロインは、天然由来のフィブロインと比較して、グルタミン残基の含有量が低減されたアミノ酸配列を有する。

[0237] 第6の改変フィブロインは、REPのアミノ酸配列中に、GGXモチーフ

及びG P G X Xモチーフから選ばれる少なくとも一つのモチーフが含まれていることが好ましい。

[0238] 第6の改変フィブロインが、R E P中にG P G X Xモチーフを含む場合、G P G X Xモチーフ含有率は、通常1%以上であり、5%以上であってもよく、10%以上であるのが好ましい。G P G X Xモチーフ含有率の上限に特に制限はなく、50%以下であってもよく、30%以下であってもよい。

[0239] 本明細書において、「G P G X Xモチーフ含有率」は、以下の方法により算出される値である。

[0240] 式1： $[(A)_n \text{モチーフ}-R E P]_m$ 、又は式2： $[(A)_n \text{モチーフ}-R E P]_m - (A)_n \text{モチーフ}$ で表されるドメイン配列を含むフィブロイン（改変フィブロイン又は天然由来のフィブロイン）において、最もC末端側に位置する $(A)_n$ モチーフからドメイン配列のC末端までの配列をドメイン配列から除いた配列に含まれる全てのR E Pにおいて、その領域に含まれるG P G X Xモチーフの個数の総数を3倍した数（即ち、G P G X Xモチーフ中のG及びPの総数に相当）をsとし、最もC末端側に位置する $(A)_n$ モチーフからドメイン配列のC末端までの配列をドメイン配列から除き、更に $(A)_n$ モチーフを除いた全R E Pのアミノ酸残基の総数をtとしたときに、G P G X Xモチーフ含有率は s / t として算出される。

[0241] G P G X Xモチーフ含有率の算出において、「最もC末端側に位置する $(A)_n$ モチーフからドメイン配列のC末端までの配列をドメイン配列から除いた配列」を対象としているのは、「最もC末端側に位置する $(A)_n$ モチーフからドメイン配列のC末端までの配列」（R E Pに相当する配列）には、フィブロインに特徴的な配列と相関性の低い配列が含まれることがあり、mが小さい場合（つまり、ドメイン配列が短い場合）、G P G X Xモチーフ含有率の算出結果に影響するので、この影響を排除するためである。R E PのC末端に「G P G X Xモチーフ」が位置する場合、「X X」が例えば「A A」の場合であっても、「G P G X Xモチーフ」として扱う。

[0242] 図5は、改変フィブロインのドメイン配列を示す模式図である。図5を参

照しながらGPGXXモチーフ含有率の算出方法を具体的に説明する。まず、図5に示した改変フィブロインのドメイン配列（「 $[(A)_n \text{モチーフ}-REP]_m - (A)_n \text{モチーフ}$ 」タイプである。）では、全てのREPが「最もC末端側に位置する $(A)_n$ モチーフからドメイン配列のC末端までの配列をドメイン配列から除いた配列」（図5中、「領域A」で示した配列。）に含まれているため、sを算出するためのGPGXXモチーフの個数は7であり、sは $7 \times 3 = 21$ となる。同様に、全てのREPが「最もC末端側に位置する $(A)_n$ モチーフからドメイン配列のC末端までの配列をドメイン配列から除いた配列」（図5中、「領域A」で示した配列。）に含まれているため、当該配列から更に $(A)_n$ モチーフを除いた全REPのアミノ酸残基の総数tは $50 + 40 + 10 + 20 + 30 = 150$ である。次に、sをtで除すことによって、 s/t （%）を算出することができ、図5の改変フィブロインの場合 $21/150 = 14.0\%$ となる。

[0243] 第6の改変フィブロインは、グルタミン残基含有率が9%以下であることが好ましく、7%以下であることがより好ましく、4%以下であることが更に好ましく、0%であることが特に好ましい。

[0244] 本明細書において、「グルタミン残基含有率」は、以下の方法により算出される値である。

[0245] 式1： $[(A)_n \text{モチーフ}-REP]_m$ 、又は式2： $[(A)_n \text{モチーフ}-REP]_m - (A)_n \text{モチーフ}$ で表されるドメイン配列を含むフィブロイン（改変フィブロイン又は天然由来のフィブロイン）において、最もC末端側に位置する $(A)_n$ モチーフからドメイン配列のC末端までの配列をドメイン配列から除いた配列（図5の「領域A」に相当する配列。）に含まれる全てのREPにおいて、その領域に含まれるグルタミン残基の総数をuとし、最もC末端側に位置する $(A)_n$ モチーフからドメイン配列のC末端までの配列をドメイン配列から除き、更に $(A)_n$ モチーフを除いた全REPのアミノ酸残基の総数をtとしたときに、グルタミン残基含有率は u/t として算出される。グルタミン残基含有率の算出において、「最もC末端側に位置する $(A)_n$

モチーフからドメイン配列のC末端までの配列をドメイン配列から除いた配列」を対象としている理由は、上述した理由と同様である。

[0246] 第6の改変フィブロインは、そのドメイン配列が、天然由来のフィブロインと比較して、REP中の1又は複数のグルタミン残基を欠失したこと、又は他のアミノ酸残基に置換したことに相当するアミノ酸配列を有するものであってよい。

[0247] 「他のアミノ酸残基」は、グルタミン残基以外のアミノ酸残基であればよいが、グルタミン残基よりも疎水性指標の大きいアミノ酸残基であることが好ましい。アミノ酸残基の疎水性指標は表1に示すとおりである。

[0248] 表1に示すとおり、グルタミン残基よりも疎水性指標の大きいアミノ酸残基としては、イソロイシン（I）、バリン（V）、ロイシン（L）、フェニルアラニン（F）、システイン（C）、メチオニン（M）アラニン（A）、グリシン（G）、スレオニン（T）、セリン（S）、トリプトファン（W）、チロシン（Y）、プロリン（P）及びヒスチジン（H）から選ばれるアミノ酸残基を挙げることができる。これらの中でも、イソロイシン（I）、バリン（V）、ロイシン（L）、フェニルアラニン（F）、システイン（C）、メチオニン（M）及びアラニン（A）から選ばれるアミノ酸残基であることがより好ましく、イソロイシン（I）、バリン（V）、ロイシン（L）及びフェニルアラニン（F）から選ばれるアミノ酸残基であることが更に好ましい。

[0249] 第6の改変フィブロインは、REPの疎水性度（ハイドロパシー・インデックス）が、例えば、 -0.80 以上、 -0.70 、 -0.60 以上、 -0.50 以上、 -0.40 以上、 -0.30 以上、 -0.20 以上、 -0.10 以上、 0.00 以上、 0.10 以上、 0.20 以上、 0.22 以上、 0.25 以上、 0.30 以上、 0.35 以上、 0.40 以上、 0.45 以上、 0.50 以上、 0.55 以上、 0.60 以上、 0.65 以上、又は 0.70 以上であってよい。REPの疎水性度の上限に特に制限はなく、 1.0 以下であってよく、 0.7 以下であってもよい。

[0250] 本明細書において、「R E Pの疎水性度」は、以下の方法により算出される値である。

[0251] 式1： $[(A)_n \text{モチーフ}-R E P]_m$ 、又は式2： $[(A)_n \text{モチーフ}-R E P]_m - (A)_n \text{モチーフ}$ で表されるドメイン配列を含むフィブロイン（改変フィブロイン又は天然由来のフィブロイン）において、最もC末端側に位置する $(A)_n$ モチーフからドメイン配列のC末端までの配列をドメイン配列から除いた配列（図5の「領域A」に相当する配列。）に含まれる全てのR E Pにおいて、その領域の各アミノ酸残基の疎水性指標の総和を v とし、最もC末端側に位置する $(A)_n$ モチーフからドメイン配列のC末端までの配列をドメイン配列から除き、更に $(A)_n$ モチーフを除いた全R E Pのアミノ酸残基の総数を t としたときに、R E Pの疎水性度は v/t として算出される。R E Pの疎水性度の算出において、「最もC末端側に位置する $(A)_n$ モチーフからドメイン配列のC末端までの配列をドメイン配列から除いた配列」を対象としている理由は、上述した理由と同様である。

[0252] 第6の改変フィブロインは、そのドメイン配列が、天然由来のフィブロインと比較して、R E P中の1又は複数のグルタミン残基を欠失したこと、及び／又はR E P中の1又は複数のグルタミン残基を他のアミノ酸残基に置換したことに相当する改変に加え、更に1又は複数のアミノ酸残基を置換、欠失、挿入及び／又は付加したことに相当するアミノ酸配列の改変があってもよい。

[0253] 第6の改変フィブロインは、例えば、クローニングした天然由来のフィブロインの遺伝子配列からR E P中の1又は複数のグルタミン残基を欠失させること、及び／又はR E P中の1又は複数のグルタミン残基を他のアミノ酸残基に置換することにより得ることができる。例えば、天然由来のフィブロインのアミノ酸配列からR E P中の1又は複数のグルタミン残基を欠失したこと、及び／又はR E P中の1又は複数のグルタミン残基を他のアミノ酸残基に置換したことに相当するアミノ酸配列を設計し、設計したアミノ酸配列をコードする核酸を化学合成することにより得ることもできる。

[0254] 第6の改変フィブロインのより具体的な例として、(6-i)配列番号25 (Met-PRT888)、配列番号26 (Met-PRT965)、配列番号27 (Met-PRT889)、配列番号28 (Met-PRT916)、配列番号29 (Met-PRT918)、配列番号30 (Met-PRT699)、配列番号31 (Met-PRT698)、配列番号32 (Met-PRT966)、配列番号41 (Met-PRT917)若しくは配列番号42 (Met-PRT1028)で示されるアミノ酸配列を含む改変フィブロイン、又は(6-ii)配列番号25、配列番号26、配列番号27、配列番号28、配列番号29、配列番号30、配列番号31、配列番号32、配列番号41若しくは配列番号42で示されるアミノ酸配列と90%以上の配列同一性を有するアミノ酸配列を含む改変フィブロインを挙げることができる。

[0255] (6-i)の改変フィブロインについて説明する。配列番号25で示されるアミノ酸配列は、配列番号7で示されるアミノ酸配列 (Met-PRT410)中のQQを全てVLに置換したものである。配列番号26で示されるアミノ酸配列は、配列番号7で示されるアミノ酸配列中のQQを全てTSに置換し、かつ残りのQをAに置換したものである。配列番号27で示されるアミノ酸配列は、配列番号7で示されるアミノ酸配列中のQQを全てVLに置換し、かつ残りのQをIに置換したものである。配列番号28で示されるアミノ酸配列は、配列番号7で示されるアミノ酸配列中のQQを全てVIに置換し、かつ残りのQをLに置換したものである。配列番号29で示されるアミノ酸配列は、配列番号7で示されるアミノ酸配列中のQQを全てVFに置換し、かつ残りのQをIに置換したものである。

[0256] 配列番号30で示されるアミノ酸配列は、配列番号8で示されるアミノ酸配列 (Met-PRT525)中のQQを全てVLに置換したものである。配列番号31で示されるアミノ酸配列は、配列番号8で示されるアミノ酸配列中のQQを全てVLに置換し、かつ残りのQをIに置換したものである。

[0257] 配列番号32で示されるアミノ酸配列は、配列番号7で示されるアミノ酸

配列 (Met-PRT410) 中に存在する 20 個のドメイン配列の領域を 2 回繰り返した配列中の Q Q を全て V F に置換し、かつ残りの Q を I に置換したものである。

[0258] 配列番号 41 で示されるアミノ酸配列 (Met-PRT917) は、配列番号 7 で示されるアミノ酸配列中の Q Q を全て L I に置換し、かつ残りの Q を V に置換したものである。配列番号 42 で示されるアミノ酸配列 (Met-PRT1028) は、配列番号 7 で示されるアミノ酸配列中の Q Q を全て I F に置換し、かつ残りの Q を T に置換したものである。

[0259] 配列番号 25、配列番号 26、配列番号 27、配列番号 28、配列番号 29、配列番号 30、配列番号 31、配列番号 32、配列番号 41 及び配列番号 42 で示されるアミノ酸配列は、いずれもグルタミン残基含有率は 9 % 以下である (表 2)。

[0260] [表 2]

改変フィブロイン	グルタミン残基含有率	GPGXX モチーフ含有率	REP の疎水性度
Met-PRT410 (配列番号 7)	17.7%	27.9%	-1.52
Met-PRT888 (配列番号 25)	6.3%	27.9%	-0.07
Met-PRT965 (配列番号 26)	0.0%	27.9%	-0.65
Met-PRT889 (配列番号 27)	0.0%	27.9%	0.35
Met-PRT916 (配列番号 28)	0.0%	27.9%	0.47
Met-PRT918 (配列番号 29)	0.0%	27.9%	0.45
Met-PRT699 (配列番号 30)	3.6%	26.4%	-0.78
Met-PRT698 (配列番号 31)	0.0%	26.4%	-0.03
Met-PRT966 (配列番号 32)	0.0%	28.0%	0.35
Met-PRT917 (配列番号 41)	0.0%	27.9%	0.46
Met-PRT1028 (配列番号 42)	0.0%	28.1%	0.05

[0261] (6-i) の改変フィブロインは、配列番号 25、配列番号 26、配列番号 27、配列番号 28、配列番号 29、配列番号 30、配列番号 31、配列番号 32、配列番号 41 又は配列番号 42 で示されるアミノ酸配列からなるものであってもよい。

[0262] (6-ii) の改変フィブロインは、配列番号 25、配列番号 26、配列番号 27、配列番号 28、配列番号 29、配列番号 30、配列番号 31、配列番号 32、配列番号 41 又は配列番号 42 で示されるアミノ酸配列と 90

%以上の配列同一性を有するアミノ酸配列を含むものである。(6-i i)の改変フィブロインもまた、式1: [(A)_nモチーフ-REP]_m、又は式2: [(A)_nモチーフ-REP]_m-(A)_nモチーフで表されるドメイン配列を含むタンパク質である。上記配列同一性は、95%以上であることが好ましい。

[0263] (6-i i)の改変フィブロインは、グルタミン残基含有率が9%以下であることが好ましい。(6-i i)の改変フィブロインは、GPGXXモチーフ含有率が10%以上であることが好ましい。

[0264] 第6の改変フィブロインは、N末端及びC末端のいずれか一方又は両方にタグ配列を含んでいてもよい。これにより、改変フィブロインの単離、固定化、検出及び可視化等が可能となる。

[0265] タグ配列を含む改変フィブロインのより具体的な例として、(6-i i i)配列番号33(PRT888)、配列番号34(PRT965)、配列番号35(PRT889)、配列番号36(PRT916)、配列番号37(PRT918)、配列番号38(PRT699)、配列番号39(PRT698)、配列番号40(PRT966)、配列番号43(PRT917)若しくは配列番号44(PRT1028)で示されるアミノ酸配列を含む改変フィブロイン、又は(6-i v)配列番号33、配列番号34、配列番号35、配列番号36、配列番号37、配列番号38、配列番号39、配列番号40、配列番号43若しくは配列番号44で示されるアミノ酸配列と90%以上の配列同一性を有するアミノ酸配列を含む改変フィブロインを挙げることができる。

[0266] 配列番号33、配列番号34、配列番号35、配列番号36、配列番号37、配列番号38、配列番号39、配列番号40、配列番号43及び配列番号44で示されるアミノ酸配列は、それぞれ配列番号25、配列番号26、配列番号27、配列番号28、配列番号29、配列番号30、配列番号31、配列番号32、配列番号41及び配列番号42で示されるアミノ酸配列のN末端に配列番号11で示されるアミノ酸配列(Hisタグ配列及びヒンジ

配列を含む)を付加したものである。N末端にタグ配列を付加しただけであるため、グルタミン残基含有率に変化はなく、配列番号33、配列番号34、配列番号35、配列番号36、配列番号37、配列番号38、配列番号39、配列番号40、配列番号43及び配列番号44で示されるアミノ酸配列は、いずれもグルタミン残基含有率が9%以下である(表3)。

[0267] [表3]

改変フィブロイン	グルタミン残基含有率	GPGXXモチーフ含有率	REPの疎水性度
PRT888(配列番号33)	6.3%	27.9%	-0.07
PRT965(配列番号34)	0.0%	27.9%	-0.65
PRT889(配列番号35)	0.0%	27.9%	0.35
PRT916(配列番号36)	0.0%	27.9%	0.47
PRT918(配列番号37)	0.0%	27.9%	0.45
PRT699(配列番号38)	3.6%	26.4%	-0.78
PRT698(配列番号39)	0.0%	26.4%	-0.03
PRT966(配列番号40)	0.0%	28.0%	0.35
PRT917(配列番号43)	0.0%	27.9%	0.46
PRT1028(配列番号44)	0.0%	28.1%	0.05

[0268] (6-i i i)の改変フィブロインは、配列番号33、配列番号34、配列番号35、配列番号36、配列番号37、配列番号38、配列番号39、配列番号40、配列番号43又は配列番号44で示されるアミノ酸配列からなるものであってもよい。

[0269] (6-i v)の改変フィブロインは、配列番号33、配列番号34、配列番号35、配列番号36、配列番号37、配列番号38、配列番号39、配列番号40、配列番号43又は配列番号44で示されるアミノ酸配列と90%以上の配列同一性を有するアミノ酸配列を含むものである。(6-i v)の改変フィブロインもまた、式1: [(A)_nモチーフ-REP]_m、又は式2: [(A)_nモチーフ-REP]_m-(A)_nモチーフで表されるドメイン配列を含むタンパク質である。上記配列同一性は、95%以上であることが好ましい。

[0270] (6-i v)の改変フィブロインは、グルタミン残基含有率が9%以下であることが好ましい。(6-i v)の改変フィブロインは、GPGXXモチ

ーフ含有率が10%以上であることが好ましい。

[0271] 第6の改変フィブロインは、人工タンパク質生産系において生産されたタンパク質を宿主の外部に放出するための分泌シグナルを含んでいてもよい。分泌シグナルの配列は、宿主の種類に応じて適宜設定することができる。

[0272] 改変フィブロインは、第1の改変フィブロイン、第2の改変フィブロイン、第3の改変フィブロイン、第4の改変フィブロイン、第5の改変フィブロイン、及び第6の改変フィブロインが有する特徴のうち、少なくとも2つ以上の特徴を併せ持つ改変フィブロインであってもよい。

[0273] 本実施形態に係る改変フィブロインは、式1： $[(A)_n\text{モチーフ}-REP]_m$ 、又は式2： $[(A)_n\text{モチーフ}-REP]_m-(A)_n\text{モチーフ}$ で表されるドメイン配列を含むタンパク質であってよい。改変フィブロインは、ドメイン配列のN末端側及びC末端側のいずれか一方又は両方に更にアミノ酸配列（N末端配列及びC末端配列）が付加されていてもよい。N末端配列及びC末端配列は、これに限定されるものではないが、典型的には、フィブロインに特徴的なアミノ酸モチーフの反復を有さない領域であり、100残基程度のアミノ酸からなる。

[0274] 本明細書において「ドメイン配列」とは、フィブロイン特有の結晶領域（典型的には、アミノ酸配列の $(A)_n$ モチーフに相当する。）と非晶領域（典型的には、アミノ酸配列のREPに相当する。）を生じるアミノ酸配列であり、式1： $[(A)_n\text{モチーフ}-REP]_m$ 、又は式2： $[(A)_n\text{モチーフ}-REP]_m-(A)_n\text{モチーフ}$ で表されるアミノ酸配列を意味する。ここで、 $(A)_n$ モチーフは4～27アミノ酸残基から構成されるアミノ酸配列を示し、かつ $(A)_n$ モチーフ中の全アミノ酸残基数に対するアラニン残基数が80%以上である。REPは10～200アミノ酸残基から構成されるアミノ酸配列を示す。mは10～300の整数を示す。mは、20～300の整数であることが好ましく、30～300の整数であることがより好ましい。複数存在する $(A)_n$ モチーフは、互いに同一のアミノ酸配列でもよく、異なるアミノ酸配列でもよい。複数存在するREPは、互いに同一のアミノ酸配列で

もよく、異なるアミノ酸配列でもよい。

[0275] ドメイン配列中に複数存在する $(A)_n$ モチーフは、少なくとも7つがアラニン残基のみで構成されることが好ましい。アラニン残基のみで構成されるとは、 $(A)_n$ モチーフが、 $(A|a)_k$ ($A|a$ はアラニン残基を示す。) で表されるアミノ酸配列を有することを意味する。 k は、好ましくは4～27の整数、より好ましくは4～20の整数、更に好ましくは4～16の整数を示す。

[0276] REP は、10～200アミノ酸残基から構成される。REP を構成するアミノ酸残基の1以上が、グリシン残基、セリン残基、及びアラニン残基からなる群より選択されるアミノ酸残基であってよい。すなわち、REP は、グリシン残基、セリン残基、及びアラニン残基からなる群より選択されるアミノ酸残基を含んでいてよい。

[0277] REP を構成するアミノ酸残基の1以上が、疎水性アミノ酸残基であってよい。すなわち、REP は、疎水性アミノ酸残基を含んでいることが好ましい。疎水性アミノ酸残基とは、疎水性指標がプラスであるアミノ酸残基を意味する。アミノ酸残基の疎水性指標 (ハイドロパシー・インデックス、以下「HI」とも記す。) については、公知の指標公知の指標 (Hydropathy index: Kyte J, & Doolittle R (1982) "A simple method for displaying the hydropathic character of a protein", J. Mol. Biol., 157, pp. 105-132) を使用する。疎水性アミノ酸残基としては、例えば、イソロイシン (HI: 4.5)、バリン (HI: 4.2)、ロイシン (HI: 3.8)、フェニルアラニン (HI: 2.8)、メチオニン (HI: 1.9)、アラニン (HI: 1.8) が挙げられる。

[0278] 本実施形態に係る改変フィブロインにおいて、ドメイン配列は、天然由来のフィブロインと比較して、REP 中にシステイン残基が挿入されたことに相当するアミノ酸配列を有することが好ましい。

[0279] ドメイン配列は、R E P中のグリシン残基、セリン残基、又はアラニン残基と隣り合う位置に、システイン残基が挿入されたことに相当するアミノ酸配列を有していることが好ましく、R E P中のグリシン残基と隣り合う位置に、システイン残基が挿入されたことに相当するアミノ酸配列を有していることがより好ましい。R E P中のシステイン残基は、グリシン残基、セリン残基、又はアラニン残基と、グリシン残基、セリン残基、又はアラニン残基との間に位置していてよく、セリン残基と、グリシン残基との間に位置していてよい。

[0280] ドメイン配列は、R E P中の疎水性アミノ酸残基と隣り合う位置に、システイン残基が挿入されたことに相当するアミノ酸配列を有していることが好ましい。この場合、分子間で疎水性アミノ酸残基同士が疎水的相互作用により固定される。R E P中のシステイン残基は、疎水性アミノ酸残基の隣に位置していてよく、疎水性アミノ酸残基と、疎水性アミノ酸残基以外のアミノ酸残基との間に、位置していてもよく、疎水性アミノ酸残基と、グリシン残基、セリン残基、又はアラニン残基との間に位置していてよく、疎水性アミノ酸残基と、グリシン残基との間に位置していてよい。疎水性アミノ酸残基は、イソロイシン残基、バリン残基、ロイシン残基、フェニルアラニン残基、メチオニン残基、及びアラニン残基からなる群より選択される1種であってよい。

[0281] ドメイン配列は、天然由来のフィブロインと比較して、ドメイン配列のN末端及び／又はC末端の近傍に位置するR E P中に、システイン残基が挿入されたことに相当するアミノ酸配列を有していてよい。この場合、分子鎖を長くすることができる。本明細書において、ドメイン配列のN末端の近傍に位置するR E Pとは、ドメイン配列のN末端から1～3番目に位置するR E Pを意味する。例えば、システイン残基は、ドメイン配列のN末端から1～2番目に位置するR E P中に位置していてよい。本明細書において、ドメイン配列のC末端の近傍に位置するR E Pとは、ドメイン配列のC末端から1～3番目に位置するR E Pを意味する。例えば、システイン残基は、ドメイ

ン配列のC末端から1～2番目に位置するR E P中に位置してよい。システイン残基は、ドメイン配列の最もN末端側及び／又は最もC末端側に位置するR E P中に位置していることが好ましい。

[0282] ドメイン配列は、天然由来のフィブロインと比較して、R E P中の中央又は中央近傍にシステイン残基が挿入されたことに相当するアミノ酸配列を有してよい。本明細書において、R E P中のアミノ酸配列の中央近傍とは、R E Pの中央に位置するアミノ酸残基（中央に位置するアミノ酸残基が2つ存在する場合はN末端側のアミノ酸残基）からN末端側に向かって1～5番目の位置、又はR E Pの中央に位置するアミノ酸残基（中央に位置するアミノ酸残基が2つ存在する場合はC末端側のアミノ酸残基）から1～5番目の位置を示す。例えば、システイン残基は、R E Pの中央に位置していてもよく、R E Pの中央に位置するアミノ酸残基からN末端側、又はC末端側に向かって1～3番目又は1～2番目に位置していてもよい。ここにおいて、システイン残基が、例えば、ドメイン配列のN末端側とC末端側にそれぞれ一つずつ位置するように挿入されたポリペプチド骨格を含む第一のセグメントを用いる場合、そのような第一のセグメントと第二のセグメントとが交互に一つずつ位置するように連結させてなるポリペプチド誘導体を得ることができる。このポリペプチド誘導体を用いて得られる多孔質体では、靱性の更なる向上が期待され得る。システイン残基が、例えば、ドメイン配列のN末端側及び／又はC末端側よりも中央部側に位置するように挿入されたポリペプチド骨格を含む第一のセグメントを用いる場合、そのような第一のセグメントに対して第二のセグメントが連結されてなるポリペプチド誘導体では、溶媒に対する溶解度の向上が期待され得る。

[0283] 改変フィブロインは、R E Pのアミノ酸配列中に、G P G X Xモチーフ（Gはグリシン残基、Pはプロリン残基、Xはグリシン残基以外のアミノ酸残基を示す。）を含むことが好ましい。R E P中にこのモチーフが含まれることにより、改変フィブロインの伸度を向上させることができる。

[0284] 改変フィブロインが、R E P中にG P G X Xモチーフを含む場合、G P G

XXモチーフ含有率は、通常1%以上であり、5%以上であってもよく、好ましくは10%以上である。この場合、改変フィブロイン繊維の応力がより一層高くなる。GPGXXモチーフ含有率の上限に特に制限はなく、50%以下であってもよく、30%以下であってもよい。

[0285] 本明細書において、「GPGXXモチーフ含有率」は、以下の方法によって算出される値である。式1： $[(A)_n\text{モチーフ}-REP]_m$ 、又は式2： $[(A)_n\text{モチーフ}-REP]_m - (A)_n\text{モチーフ}$ で表されるドメイン配列を含むフィブロインにおいて、最もC末端側に位置する $(A)_n$ モチーフからドメイン配列のC末端までの配列をドメイン配列から除いた配列に含まれる全てのREPにおいて、その領域に含まれるGPGXXモチーフの個数の総数を3倍した数（即ち、GPGXXモチーフ中のG及びPの総数に相当）をcとし、最もC末端側に位置する $(A)_n$ モチーフからドメイン配列のC末端までの配列をドメイン配列から除き、更に $(A)_n$ モチーフを除いた全REPのアミノ酸残基の総数をdとしたときに、GPGXXモチーフ含有率は c/d として算出される。

[0286] GPGXXモチーフ含有率の算出において、「最もC末端側に位置する $(A)_n$ モチーフからドメイン配列のC末端までの配列をドメイン配列から除いた配列」を対象としているのは、「最もC末端側に位置する $(A)_n$ モチーフからドメイン配列のC末端までの配列」（REPに相当する配列）には、フィブロインに特徴的な配列と相関性の低い配列が含まれることがあり、mが小さい場合（つまり、ドメイン配列が短い場合）、GPGXXモチーフ含有率の算出結果に影響するので、この影響を排除するためである。REPのC末端に「GPGXXモチーフ」が位置する場合、「XX」が例えば「AA」の場合であっても、「GPGXXモチーフ」として扱う。

[0287] 図5は、フィブロインのドメイン配列を示す模式図である。図5を参照しながらGPGXXモチーフ含有率の算出方法を具体的に説明する。まず、図5に示したフィブロインのドメイン配列（「 $[(A)_n\text{モチーフ}-REP]_m - (A)_n\text{モチーフ}$ 」タイプである。）では、全てのREPが「最もC末端側

に位置する (A)_nモチーフからドメイン配列のC末端までの配列をドメイン配列から除いた配列」(図5中、「領域A」で示した配列。)に含まれているため、cを算出するためのGPGXXモチーフの個数は7であり、cは7×3=21となる。同様に、全てのREPが「最もC末端側に位置する(A)_nモチーフからドメイン配列のC末端までの配列をドメイン配列から除いた配列」(図5中、「領域A」で示した配列。)に含まれているため、当該配列から更に(A)_nモチーフを除いた全REPのアミノ酸残基の総数dは50+40+10+20+30=150である。次に、cをdで除することによって、c/d(%)を算出することができ、図5のフィブロインの場合21/150=14.0%となる。

[0288] 改変フィブロインは、REPの疎水性度(ハイドロパシー・インデックス:疎水性指標)が、例えば、-0.80、-0.70、-0.06以上、-0.50以上、-0.40以上、-0.30以上、-0.20以上、-0.10以上、0.00以上、0.10以上、0.20以上、0.22以上、0.25以上、0.30以上、0.35以上、0.40以上、0.45以上、0.50以上、0.55以上、0.60以上、0.65以上、0.70以上であってよい。REPの疎水性度の上限に特に制限はなく、1.0以下であってよく、0.7以下であってもよい。

[0289] 本明細書において、「REPの疎水性度」は、以下の方法により算出される値である。式1: [(A)_nモチーフ-REP]_m、又は式2: [(A)_nモチーフ-REP]_m-(A)_nモチーフで表されるドメイン配列を含むフィブロインにおいて、最もC末端側に位置する(A)_nモチーフからドメイン配列のC末端までの配列をドメイン配列から除いた配列(図5の「領域A」に相当する配列。)に含まれる全てのREPにおいて、その領域の各アミノ酸残基の疎水性指標の総和をeとし、最もC末端側に位置する(A)_nモチーフからドメイン配列のC末端までの配列をドメイン配列から除き、更に(A)_nモチーフを除いた全REPのアミノ酸残基の総数をfとしたときに、REPの疎水性度はe/fとして算出される。REPの疎水性度の算出において、「

最もC末端側に位置する(A)_nモチーフからドメイン配列のC末端までの配列をドメイン配列から除いた配列」を対象としている理由は、上述した理由と同様である。

[0290] ドメイン配列は、天然由来のフィブロインと比較して、REP中に1以上16未満のシステイン残基が挿入されたことに相当するアミノ酸配列を有していてよい。つまり、REPに挿入したことに相当するシステイン残基の総数は、1以上16未満であってよい。REP中に挿入したことに相当するシステイン残基の総数は、1以上12以下、1以上10以下、1以上8以下、1以上6以下、又は2以上4以下であってもよい。ドメイン配列中のREP一つあたりのシステイン残基数は、例えば、1～3であってよく、1～2であってよく、1であってよい。

[0291] 本実施形態に係る改変フィブロインのシステイン残基の総数は、1以上16未満、1以上12以下、1以上10以下、1以上8以下、1以上6以下、又は2以上4以下であってもよい。

[0292] 本実施形態に係る改変フィブロインは、上述したREP中のシステイン残基に関する改変に加え、天然由来のフィブロインと比較して、1又は複数のアミノ酸残基を置換、欠失、挿入及び／又は付加したことに相当するアミノ酸配列の改変が更にあってよい。

[0293] 本実施形態に係る改変フィブロインの分子量は、特に限定されないが、例えば、10kDa以上700kDa以下であってよい。本実施形態に係る改変フィブロインの分子量は、例えば、2kDa以上、3kDa以上、4kDa以上、5kDa以上、6kDa以上、7kDa以上、8kDa以上、9kDa以上、10kDa以上、20kDa以上、30kDa以上、40kDa以上、50kDa以上、60kDa以上、70kDa以上、80kDa以上、90kDa以上、又は100kDa以上であってよく、600kDa以下、500kDa以下、400kDa以下、360kDa未満、300kDa以下、又は200kDa以下であってよい。

[0294] 本実施形態に係る改変フィブロインとしては、システイン残基が挿入され

たことに相当するアミノ酸配列を有することが好ましく、当該改変フィブロインのより具体的な例として、(i) 配列番号46、配列番号47、配列番号48、配列番号49、配列番号50、又は配列番号51で表されるアミノ酸配列を含む、改変フィブロイン、又は(ii) 配列番号52、配列番号53、配列番号54、又は配列番号55で表されるアミノ酸配列を含む、改変フィブロインを挙げることができる。

[0295] 配列番号46で示されるアミノ酸配列(PRT1)は、配列番号56で示されるアミノ酸配列(PRT11)に対し、ドメイン配列の最もN末端側に位置するREPに、システイン残基を1カ所挿入したものである。すなわち、配列番号46で示されるアミノ酸配列(PRT1)におけるシステイン残基の総数は1である。

[0296] 配列番号47で示されるアミノ酸配列(PRT2)は、配列番号57で示されるアミノ酸配列(PRT12)に対し、ドメイン配列の最もN末端側に位置するREPに、システイン残基を1カ所挿入したものである。すなわち、配列番号47で示されるアミノ酸配列(PRT2)におけるシステイン残基の総数は1である。

[0297] 配列番号48で示されるアミノ酸配列(PRT3)は、配列番号57で示されるアミノ酸配列(PRT12)に対し、ドメイン配列の最もN末端側に位置するREP及び最もC末端側に位置するREPに、システイン残基をそれぞれ1カ所挿入したものである。すなわち、配列番号48で示されるアミノ酸配列(PRT3)におけるシステイン残基の総数は2である。

[0298] 配列番号49で示されるアミノ酸配列(PRT4)は、配列番号57で示されるアミノ酸配列(PRT12)に対し、ドメイン配列のN末端側及びC末端側それぞれから1番目及び2番目に位置するREP中に、それぞれ1カ所ずつシステイン残基が挿入されたものである。すなわち、配列番号49で示されるアミノ酸配列(PRT4)におけるシステイン残基の総数は4である。

[0299] 配列番号50で示されるアミノ酸配列(PRT5)は、配列番号57で示

されるアミノ酸配列（P R T 1 2）に対し、ドメイン配列のN末端側及びC末端側それぞれから1～4番目に位置するR E P中に、それぞれ1カ所ずつシステイン残基が挿入されたものである。すなわち、配列番号50で示されるアミノ酸配列（P R T 5）におけるシステイン残基の総数は8である。

[0300] 配列番号51で示されるアミノ酸配列（P R T 6）は、配列番号57で示されるアミノ酸配列（P R T 1 2）に対し、ドメイン配列のN末端側及びC末端側それぞれから1～8番目に位置するR E P中に、それぞれ1カ所ずつシステイン残基が挿入されたものである。すなわち、配列番号51で示されるアミノ酸配列（P R T 6）におけるシステイン残基の総数は16である。

[0301] 配列番号52で示されるアミノ酸配列（P R T 7）は、配列番号58で示されるアミノ酸配列（P R T 1 3）に対し、ドメイン配列の最もN末端側及び最もC末端側それぞれに位置するR E Pに、システイン残基を1カ所ずつ挿入したものである。すなわち、配列番号52で示されるアミノ酸配列（P R T 7）におけるシステイン残基の総数は2である。

[0302] 配列番号53で示されるアミノ酸配列（P R T 8）は、配列番号59で示されるアミノ酸配列（P R T 1 4）に対し、ドメイン配列の最もN末端側及び最もC末端側それぞれに位置するR E Pに、システイン残基を1カ所ずつ挿入したものである。すなわち、配列番号53で示されるアミノ酸配列（P R T 8）におけるシステイン残基の総数は2である。

[0303] 配列番号54で示されるアミノ酸配列（P R T 9）は、配列番号59で示されるアミノ酸配列（P R T 1 4）に対し、ドメイン配列のN末端側及びC末端側それぞれから1～4番目に位置するR E P中に、それぞれ1カ所ずつシステイン残基が挿入されたものである。すなわち、配列番号54で示されるアミノ酸配列（P R T 9）におけるシステイン残基の総数は8である。

[0304] 配列番号55で示されるアミノ酸配列（P R T 1 0）は、配列番号59で示されるアミノ酸配列（P R T 1 4）に対し、ドメイン配列のN末端側及びC末端側それぞれから1～8番目に位置するR E P中に、それぞれ1カ所ずつシステイン残基が挿入されたものである。すなわち、配列番号55で示さ

れるアミノ酸配列（P R T 1 0）におけるシステイン残基の総数は16である。

[0305] (i) の改変フィブロインは、配列番号46、配列番号47、配列番号48、配列番号49、配列番号50、又は配列番号51で示されるアミノ酸配列のみを有するものであってもよい。(ii) の改変フィブロインは、配列番号52、配列番号53、配列番号54、又は配列番号55で示されるアミノ酸配列のみを有するものであってもよい。

[0306] 上述の改変フィブロインは、N末端及びC末端のいずれか一方又は両方にタグ配列を含んでいてもよい。これによって、改変フィブロインの単離、固定化、検出及び可視化等が可能となる。

[0307] タグ配列として、例えば、他の分子との特異的親和性（結合性、アフィニティ）を利用したアフィニティタグを挙げることができる。アフィニティタグの具体例として、ヒスチジンタグ（Hisタグ）を挙げることができる。Hisタグは、ヒスチジン残基が4から10個程度並んだ短いペプチドで、ニッケル等の金属イオンと特異的に結合する性質があるため、金属キレートクロマトグラフィー（chelating metal chromatography）による改変フィブロインの単離に利用することができる。タグ配列の具体例として、例えば、配列番号70又は配列番号71で示されるアミノ酸配列（Hisタグを含むアミノ酸配列）が挙げられる。

[0308] タグ配列として、グルタチオンに特異的に結合するグルタチオン-S-トランスフェラーゼ（GST）、マルトースに特異的に結合するマルトース結合タンパク質（MBP）等のタグ配列を利用することもできる。

[0309] タグ配列として、抗原抗体反応を利用した「エピトープタグ」を利用することもできる。抗原性を示すペプチド（エピトープ）をタグ配列として付加することにより、当該エピトープに対する抗体を結合させることができる。エピトープタグとして、HA（インフルエンザウイルスのヘマグルチニンのペプチド配列）タグ、mycタグ、FLAGタグ等を挙げることができる。エピトープタグを利用することにより、高い特異性で容易に改変フィブロイ

ンを精製することができる。

[0310] タグ配列を特定のプロテアーゼで切り離せるようにしたものもタグ配列として使用することができる。当該タグ配列を介して吸着したタンパク質をプロテアーゼ処理することにより、タグ配列を切り離した改変フィブロインを回収することもできる。

[0311] タグ配列を含む改変フィブロインのより具体的な例として、(i i i) 配列番号60 (P R T 1 5)、配列番号61 (P R T 1 6)、配列番号62 (P R T 1 7)、配列番号63 (P R T 1 8)、配列番号64 (P R T 1 9)、若しくは配列番号65 (P R T 2 0)で示されるアミノ酸配列を含む、改変フィブロイン、又は(i v) 配列番号66 (P R T 2 1)、配列番号67 (P R T 2 2)、配列番号68 (P R T 2 3)、若しくは配列番号69 (P R T 2 4)で示されるアミノ酸配列を含む、改変フィブロインを挙げることができる。

[0312] 配列番号60 (P R T 1 5)、配列番号61 (P R T 1 6)、配列番号62 (P R T 1 7)、配列番号63 (P R T 1 8)、配列番号64 (P R T 1 9)、及び配列番号65 (P R T 2 0)で示されるアミノ酸配列は、それぞれ、配列番号46 (P R T 1)、配列番号47 (P R T 2)、配列番号48 (P R T 3)、配列番号49 (P R T 4)、配列番号50 (P R T 5)、及び配列番号51 (P R T 6)で示されるアミノ酸配列のN末端に、配列番号70で示されるアミノ酸配列を含むタグ配列を導入したものである。配列番号66 (P R T 2 1)、配列番号67 (P R T 2 2)、配列番号68 (P R T 2 3)、及び配列番号69 (P R T 2 4)で示されるアミノ酸配列は、それぞれ、配列番号52 (P R T 7)、配列番号53 (P R T 8)、配列番号54 (P R T 9)、及び配列番号55 (P R T 1 0)で示されるアミノ酸配列のN末端に、配列番号70で示されるアミノ酸配列を含むタグ配列を導入したものである。

[0313] (i i i) の改変フィブロインは、配列番号60、配列番号61、配列番号62、配列番号63、配列番号64、又は配列番号65で示されるアミノ

酸配列のみを有するものであってもよい。

[0314] 配列番号60 (PRT15)、配列番号61 (PRT16)、配列番号62 (PRT17)、配列番号63 (PRT18)、配列番号64 (PRT19)、又は配列番号65 (PRT20) で示されるアミノ酸配列を含む、改変フィブロインのGPGXXモチーフ含有率は、それぞれ40.2%、39.9%、39.9%、39.7%、39.3%、及び38.6%であり、いずれも10%以上である。

[0315] (iv) の改変フィブロインは、配列番号66、配列番号67、配列番号68、若しくは配列番号69で示されるアミノ酸配列のみを有するものであってもよい。

[0316] 配列番号66 (PRT21)、配列番号67 (PRT22)、配列番号68 (PRT23)、又は配列番号69 (PRT24) で示されるアミノ酸配列を含む、改変フィブロインのGPGXXモチーフ含有率は、それぞれ39.9%、39.9%、39.3%、及び38.6%であり、いずれも10%以上である。

[0317] 上述の改変フィブロインは、組換えタンパク質生産系において生産されたタンパク質を宿主の外部に放出するための分泌シグナルを含んでいてもよい。分泌シグナルの配列は、宿主の種類に応じて適宜設定することができる。

[0318] タンパク質は、当該タンパク質をコードする核酸を使用して、常法により製造することができる。当該タンパク質をコードする核酸は、塩基配列情報に基づいて、化学合成してもよく、PCR法等を利用して合成してもよい。

[0319] (第二のセグメント)

上記第二のセグメントは、上記ポリペプチド骨格に対する可塑化機能を有する分子団を含む。ポリペプチド骨格に対する可塑化機能を有する分子団とは、当該分子団同士の分子間力が、ポリペプチド骨格同士の分子間力よりも小さく、両者を混合した場合に、ポリペプチド骨格単体よりも素材の柔軟性を向上させることが可能な分子団をいう。ポリペプチド骨格に対する可塑化機能を有する分子団とは、ポリペプチド骨格よりも融点又はガラス転移温度が

低い分子団ともいえる。ポリペプチド骨格に対する可塑化機能を有する分子団は、例えば、ポリエーテル、ポリエステル、又はポリカーボネートであってよい。当該分子団としてのポリエーテルは、例えば、ポリエチレングリコール（PEG）又はポリテトラメチレングリコール（PTMG）であってよい。可塑化機能とは、柔軟性の向上機能、或いは曲げ及び／又は引っ張りにおける破断伸度を高める機能ともいえる。ポリペプチド骨格に対する可塑化機能を有する分子団は、生分解性を有するもの、或いはバイオマス由来のものが好適に用いられる。それによって、多孔質体全体として生分解性、及び、バイオ価をより高めることが十分に期待され、更には多孔質体の製造エネルギーの更なる低減が図られ得る。

[0320] 上記第二のセグメントは、上記分子団を複数含んでもよい。そして、上記第二のセグメントが複数の上記分子団を含み、複数の上記分子団が互いに連結していてもよい。上記分子団同士の連結は、一部に分岐を有していてもよい。上記連結が一部に分岐を有することで、第二のセグメントは、複数の上記分子団による分岐構造を有することができ、分岐ごとに第一のセグメントとの結合を複数形成することもできる。すなわち、上記連結の一部に分岐を導入することによっても、第一のセグメントと第二のセグメントとのネットワーク構造を形成することができる。このように、第二のセグメントが複数の上記分子団を含み、それらの分子団が互いに連結するものであることによって、第二セグメントの設計の幅をより広げることができ、例えば、多孔質体の柔軟性をより容易に調整できる。第二のセグメントが上記分子団を一つだけ含んでいる場合には、複数の第二のセグメント同士を互いに連結させて、それら複数の第二のセグメントのうちの少なくとも一つを第一のセグメントに結合させてもよい。あるいは、複数の第二のセグメントを一つの第一のセグメントに結合させてもよい。複数の第二のセグメント同士を連結する場合には、複数の第二のセグメント同士の連結の一部に分岐を導入して、第二のセグメントのネットワークを形成してもよい。第二のセグメントは、生分解性の更なる向上等の観点から、ポリ（メタ）アクリレートに由来する骨格

を含んでいなくてよい。

[0321] 第二のセグメントは、例えば、ポリエーテル、ポリエステル、ポリカーボネート、ポリアミド、ポリオール（ポリビニルアルコール等）、ポリオレフィン、ポリアセタール、ポリケタール、ポリ（メタ）アクリレート、シリコーン、ポリウレタン、ポリアルキレンイミン、フェノール樹脂、尿素樹脂、メラミン樹脂、及び多糖類からなる群より選択される少なくとも一種に由来する骨格を含んでよい。

[0322] 第二のセグメントは、好ましくは、ポリエーテル基、ポリエステル基、ポリカーボネート基、ポリアミド基、ポリオール基（ポリビニルアルコール基等）、及び、修飾多糖基からなる群より選択される少なくとも一種の官能基を含んでもよく、エーテル基、エステル基、カーボネート基、アミド基、及び、修飾多糖基からなる群より選択される少なくとも一種の官能基を含んでもよい。第二のセグメントは、例えば、エーテル結合、エステル結合、炭酸エステル結合（カーボネート結合）、アミド基、シロキサン結合、ウレタン結合、ウレタン結合、又はウレア結合を有する構造単位からなる群より選択される少なくとも一種の構造単位を含んでよく、アルキレン基、置換アルキレン基、オキシメチレン基、アルキレンイミン基、又は修飾多糖基を有する構造単位からなる群より選択される少なくとも一種の構造単位を含むともいえる。

[0323] ポリエーテル基としては、例えば、ポリエチレングリコール、ポリプロピレングリコール、エチレンオキサイド／プロピレンオキサイド共重合体、及びポリブチレングリコール（ポリテトラメチレングリコール（PTMG））等のポリアルキレングリコール類に由来する官能基が挙げられる。これらのポリエーテル基が第二のセグメントに含まれる場合、ポリエーテル基は、必要に応じて第二セグメントに含まれる、後述するリンカーが有するエステル基、チオエステル基、又はアミド基中のヘテロ元素（O，N，S）に直結していてもよい。あるいはポリエーテル基は、第一セグメントに含まれるポリペプチド骨格が有するエステル基、チオエステル基、又はアミド基中のヘテ

ロ元素（O，N，S）に直結していてもよい。この場合、ポリエーテル基全体がリンカー及び／又は第一セグメントから分離しやすくなり、その結果、ポリエーテル基の生分解速度が高められ得る。

[0324] ポリエステル基としては、例えば、ポリ乳酸、ポリ（3-ヒドロキシブタン酸）、ポリヒドロキシブタン酸／ヒドロキシバレリル酸共重合体、ポリヒドロキシブタン酸／4-ヒドロキシブタン酸共重合体、ポリヒドロキシブタン酸／ヒドロキシヘキサン酸共重合体、ポリトリメチレンテレフタレート、ブタンジオール／長鎖ジカルボン酸共重合体、ポリエチレンテレフタレート、ポリブチレンサクシネート、ポリブチレンサクシネート・アジペート共重合体、ポリブチレンアジペート・テレフタレート共重合体、ポリカプロラクトン、及びポリトリメチレンフランジカルボキシレート（Poly(trimethylene furandicarboxylate):PTF）等のポリエステル類に由来する官能基が挙げられる。ポリエステル基は、上述のポリエステル類の中でも、好ましくは、ポリカプロラクトン等のバイオマスプラスチック又は生分解性プラスチックに分類されるに由来する官能基である。

[0325] ポリカーボネート基としては、例えば、1，6-ヘキサンジオールポリカーボネート、1，5-ペンタンジオールポリカーボネート、及び1，10-デカンジオールカーボネート等の脂肪族炭化水素鎖を主骨格として有するポリカーボネート類に由来する官能基が挙げられる。

[0326] ポリアミド基としては、例えば、ナイロン3、ナイロン4、ナイロン5、ナイロン6、ナイロン11、及びナイロン610等のポリアミド類に由来する官能基が挙げられる。ポリアミド基は、上述のポリアミド類の中でも、好ましくは、バイオマスプラスチック又は生分解性プラスチックに分類されるに由来する官能基である。

[0327] ポリオール基（ポリビニルアルコール基等）としては、例えば、ポリビニルアルコール、エチレン・ビニルアルコール共重合体等のポリオール類（ポリビニルアルコール類等）に由来する官能基が挙げられる。ポリオール基は、上述のポリオール類の中でも、好ましくは、バイオマスプラスチック又は

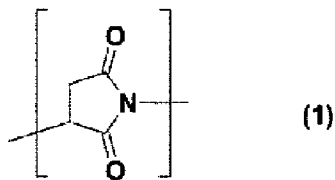
生分解性プラスチックに分類されるに由来する官能基である。

[0328] 修飾多糖類基としては、例えば、セルロース、デンプン、キチン、及びキトサン等を化学修飾した化合物に由来する官能基が挙げられる。上記化学修飾した化合物は、例えば、酢酸セルロース、エチルセルロース、酢酸デンプン、ヒドロキシプロピル化デンプン、カルボキシメチルキチン、及びカルボキシメチルキトサン等が挙げられる。

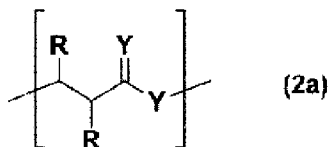
[0329] 第二のセグメントは、上記ポリペプチド骨格に対する可塑化機能を有する分子団に加えて、リンカーを更に含んでもよい。この場合、上記リンカーを介して、上記分子団と上記ポリペプチド骨格とが結合してよい。リンカーは、例えば、下記式（１）で表される構造単位、下記一般式（２ a）～（６）で表される構造単位、下記式（７）で表される構造単位、下記一般式（８ a）～（９）で表される構造単位、下記一般式（１０）～（１１ b）で表される構造単位、及び下記一般式（１３）～（１６）で表される構造単位からなる群より選択される少なくとも一種を含んでよく、下記式（１）で表される構造単位、下記一般式（２ a）～（６）で表される構造単位、下記式（７）で表される構造単位、及び下記一般式（８ a）～（９）で表される構造単位からなる群より選択される少なくとも一種を含んでよく、生分解性を向上させる観点から、好ましくは、下記式（１）で表される構造単位、並びに、下記一般式（２ a）、（３ a）、（４ a）、（４ b）及び（１０）で表される構造単位からなる群より選択される少なくとも一種を含む。リンカーは、上述の構造単位を複数含んでもよい。すなわち、リンカーは、上述の構造単位のみからなってもよく、上述の構造単位を複数有してもよい（リンカーの本体部に対して上述の構造単位が複数共有結合していてもよい）。リンカーの本体部は比較的分子量が小さいことが好ましい。リンカーが上述の構造単位を３つ以上有する場合、例えば、１つの第二のセグメントに対して、３つの第一のセグメントが結合することが可能であり、このような選択によっても上記ポリペプチド誘導体にネットワーク構造を導入することができる。上記ポリペプチド誘導体の製造に用いる原料の選択（ポリペプチド骨格を有

する化合物、及び、当該ポリペプチド骨格に対する可塑化機能を有する分子団を含む化合物の官能基を調整すること）によって、複数ある第二のセグメントの一部が互いに結合したブロック共重合体を含むポリペプチド誘導体とすることもできる。リンカーが上述の構造単位を複数有する場合、複数ある構造単位の少なくとも一つが上記ポリペプチド骨格と結合し、少なくとも一つが上記分子団と結合する構造であってよい。リンカーが、上述の構造単位のみからなる場合、リンカーを示す構造単位を表す式中に記載された二本の結合の一方にペプチド骨格、他方に上記分子団が結合する。例えば、上記リンカーが下記式（１）で表される場合、好ましくは、上記分子団が窒素（N）と結合し、他方がポリペプチド骨格と結合する。リンカーが上述の構造単位を複数有する場合、例えば、下記式（１）で表される構造単位の場合、好ましくは、リンカーの本体部に対して窒素（N）が結合し、他方が、上記ポリペプチド骨格及び上記分子団と結合する。

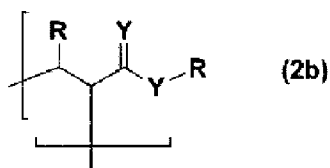
[0330] [化60]



[0331] [化61]

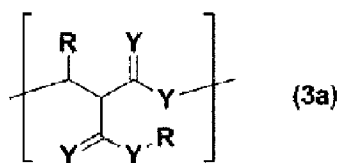


[0332] [化62]

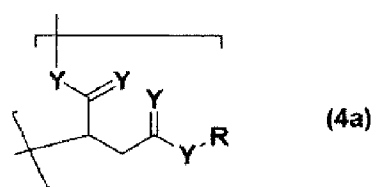


[0333]

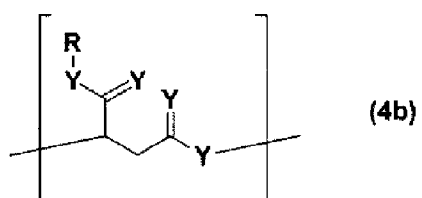
[化63]



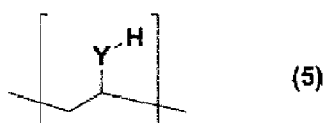
[0334] [化64]



[0335] [化65]



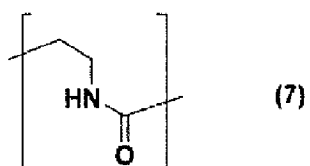
[0336] [化66]



[0337] [化67]

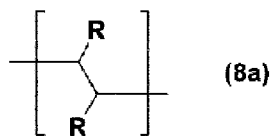


[0338] [化68]

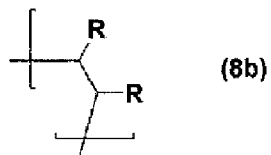


[0339]

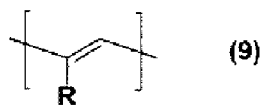
[化69]



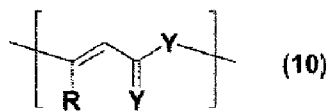
[0340] [化70]



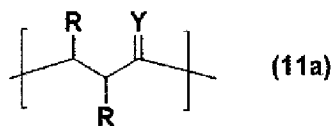
[0341] [化71]



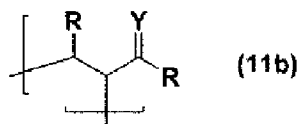
[0342] [化72]



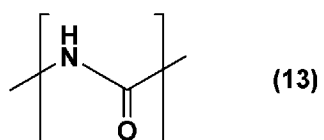
[0343] [化73]



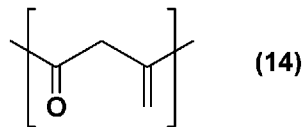
[0344] [化74]



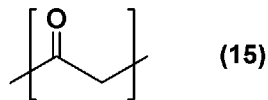
[0345] [化75]



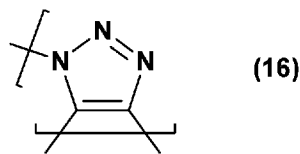
[0346] [化76]



[0347] [化77]



[0348] [化78]



[0349] 上記一般式 (2 a)、(2 b)、(3 a)、(4 a)、(4 b)、(5)、(6)、(10)、(11 a) 及び (11 b) において、Y は、互いに独立に、酸素原子、硫黄原子、又は NR^1 を示す。上記 NR^1 において、 R^1 は、水素、炭化水素基、芳香族基、カルボニル基、又はスルホニル基を示す。上記一般式 (2 a)、(2 b)、(3 a)、(4 a)、(4 b)、(8 a)、(8 b)、(9)、(10)、(11 a) 及び (11 b) において、R は、互いに独立に、水素、炭化水素基、又は芳香族基を示す。

[0350] 第二のセグメントの分子量（ポリペプチド骨格に対する可塑化機能を有する分子団）は、例えば、200～500000、300～400000、350～350000、400～300000、500～200000、600～1000000、700～50000、800～10000、900～7500、又は100～5000であってよい。

[0351] 第二のセグメントの分子量の分子量が200以上である場合、分子の三次元構造内において可塑化機能を有する上記分子団の局在化を抑制しやすくなり、一定レベルの機能を発揮する為に導入しなければならない可塑化機能を有する分子団の重量比率を十分に低くすることができる。その結果、ポリペプチド誘導体の製造における反応時間の短時間化、反応温度の低温化が実現できる可能性がある。

- [0352] 第二のセグメントの分子量の分子量が50000以下である場合、分子量が適度な範囲になり、第一のセグメントに対する第二のセグメントの結合反応性の低下がより抑制されやすくなる。
- [0353] 上記した第二のセグメントの分子量は、重量平均分子量であり、一般にはGPCを用いた公知の方法で求められるものである。
- [0354] 第一のセグメントの分子量（ポリペプチド骨格）に対する第二のセグメント（ポリペプチド骨格に対する可塑化機能を有する分子団）の分子量は、ポリペプチド誘導体の用途等に応じて、適宜調整することができる。第二のセグメントの分子量（第一のセグメント1つに対して2つ以上の第二のセグメントが結合している場合には、合計の分子量）は、第一のセグメントの分子量100を基準として、例えば、好ましくは1～10000であり、より好ましくは1.5～9000であり、更に好ましくは2～8000であり、より好ましくは3～7000であり、更に好ましくは5～5000であり、更により好ましくは7～3000であり、更によりまた好ましくは10～2000である。
- [0355] 第一のセグメントの分子量に対する第二のセグメントの分子量が1以上であると、ポリペプチド誘導体を用いて得られる多孔質体の柔軟性を更に高めることができる。第一のセグメントの分子量に対する第二のセグメントの分子量が10000以下であると、十分な可塑性（柔軟性）を有するとともに、多孔質体の剛性を更に向上させることができる。第一のセグメントの分子量に対する第二のセグメントの分子量が上述の範囲内であることで、柔軟性により優れる多孔質体を製造することが可能である。
- [0356] 第二のセグメントの分子量、及びポリペプチド骨格に対する可塑化機能を有する分子団の分子量は、第一のセグメントの分子量、又は第一のセグメントに含まれるポリペプチド骨格の分子量を100としたとき（好ましくは第一のセグメントに含まれるポリペプチド骨格の分子量を100としたとき）に、例えば、1.4以上、1.5以上、1.6以上、1.7以上、1.8以上、1.9以上、2.0以上、5.0以上、10以上、20以上、30以上

、又は40以上であってもよい。その上限値は特に限定されるものではないものの、例えば、1000以下、800以下、600以下、400以下、200以下、100以下、80以下、70以下、60以下、50以下であってもよい。さらに、第二のセグメントの分子量は、第一のセグメントの分子量を100としたときに、望ましくは1～1000の範囲内であり、より望ましくは1～800の範囲内であり、更に望ましくは1～600の範囲内であり、更により望ましくは1～400の範囲内であり、更に望ましくは1～200の範囲内であり、より望ましくは1～100の範囲内であり、好ましくは1～70の範囲内であり、より好ましくは1.5～60であり、更に好ましくは1.5～50であり、特に好ましくは2.0～50である。第一のセグメント（ポリペプチド骨格）の分子量と第二のセグメント（ポリペプチド骨格に対する可塑化機能を有する分子団）の分子量との比が上記の範囲内の値である場合には、例えば、ポリペプチド誘導体を用いて得られる多孔質体において、ポリペプチド骨格を有していることによる第一のセグメントの特性（例えば、高い機械的強度）を十分に保持しつつ、柔軟性、或いは延伸性等を高めることが期待され得る。上記した、第一のセグメントの分子量を100としたときの第二のセグメントの分子量の比率は重量平均分子量で求めたものである。

[0357] 第一のセグメント（ポリペプチド骨格）と第二のセグメント（可塑化機能を有する分子団）とのポリペプチド誘導体中の含有比率は、多孔質体の用途等に応じて、適宜調整することができる。かかる含有比率は、質量比で、第二のセグメントを100としたときに、第一のセグメントが、例えば、50以上、60以上、70以上、80以上、90以上、100以上、110以上、150以上、200以上、250以上、300以上、300以上、400以上、450以上、500以上、550以上、又は600以上であってもよい。かかる値の上限値は特に限定されるものではないものの、1000以下、900以下、800以下、又は700以下であってもよい。第一のセグメントと第二のセグメントとのポリペプチド誘導体中の含有比率が上記の範囲内の

値とされていることによって、第二のセグメントの無駄な使用が抑えられて、ポリペプチド誘導体の製造コストの抑制が図られ得る。ポリペプチド誘導体中における、第一のセグメントに対する第二のセグメントの含有比率の低減は、例えば、第一のセグメントの分子量の低減等によって有利に実現され得る。

[0358] 上述の実施形態の説明においては、リンカーを第二のセグメントの構成要素として説明したが、第二のセグメントとは区別して取り扱ってもよい。リンカーを第一のセグメントの構成要素として扱うこともできる。リンカー部の分子量は上記ポリペプチド骨格及び上記分子団に比べて小さいが、リンカーを第二のセグメントとは区別して取り扱う場合、上述の第二のセグメントの分子量はリンカー部の分子量を差し引いた範囲を第二のセグメントの分子量の好適範囲であるものとして扱う。同様に、リンカー部を第一のセグメントの構成要素として扱う場合、上述の第一のセグメントの分子量はリンカー部の分子量を加えた範囲を第一のセグメントの分子量の好適範囲であるものとして扱う。

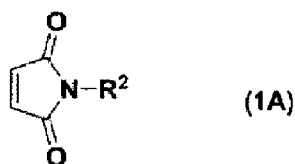
[0359] <ポリペプチド誘導体の製造方法>

上述のポリペプチド誘導体は、例えば、ポリペプチド骨格を構成するシステインのチオール基（メルカプト基又はスルフヒドリル基ともいう）と、マレイミド又はマレイン酸誘導体の炭素－炭素二重結合との1，4－付加反応を利用して、チオエーテル結合を生成させることによって、上記分子団の有する官能基（例えば、ポリエーテル基、ポリエステル基、ポリカーボネート基、ポリアミド基、ポリオール基、及び、修飾多糖基からなる群より選択される少なくとも一種の官能基）を第一のセグメントに導入することで製造することができる。上述のポリペプチド誘導体は、上述の製造方法の一例を応用し、例えば、システインを有するポリペプチド骨格を含む化合物と、当該ポリペプチド骨格に対する可塑化機能を有する分子団を含み、且つチオール基を有する化合物と、マレイミド基を2つ以上有する化合物とを、上述のマレイミド基の1，4－付加反応を利用してチオエーテル結合を形成すること

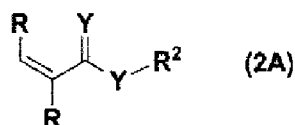
によっても製造することができる。上述のポリペプチド誘導体は、その他、例えば、エポキシ基、又はイソシアネート基に対する付加反応、 α -ハロカルボニル基に対する置換反応、アルキニル基とアジド基との間のHuisgen環化反応を利用して製造することもできる。

[0360] より一般的には、ポリペプチド誘導体の製造方法の一実施形態は、ポリペプチド骨格を含む化合物と、下記一般式(1A)～(16A)で表される化合物の少なくとも1種とを反応させることによってポリペプチド誘導体を得る工程を備える。上記工程は、ポリペプチド骨格を含む化合物と、下記一般式(1A)～(12A)で表される化合物とを反応させることによってポリペプチド誘導体を得る工程であってよい。上記ポリペプチド骨格は、チオール基、アミノ基、ヒドロキシ基、グアニジノ基、カルボキシ基、フェノキシ基、インドール基、アミド基、アジド基、及びアルキニル基からなる群より選択される少なくとも一種を有し、好ましくは、チオール基、アミノ基、ヒドロキシ基、グアニジノ基、カルボキシ基、フェノキシ基、インドール基、及びアミド基からなる群より選択される少なくとも一種を有する。ポリペプチド骨格を含む化合物と、下記一般式(1A)～(12A)又は(14A)で表される化合物との反応がマイケル付加反応であってよい。

[0361] [化79]

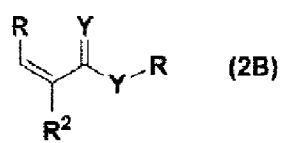


[0362] [化80]

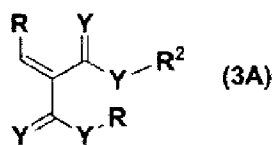


[0363]

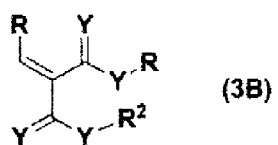
[化81]



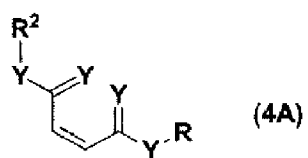
[0364] [化82]



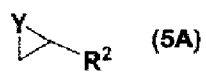
[0365] [化83]



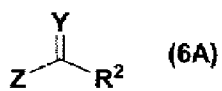
[0366] [化84]



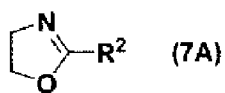
[0367] [化85]



[0368] [化86]

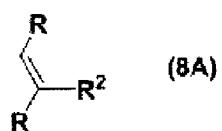


[0369] [化87]

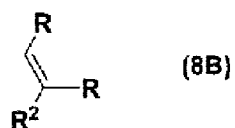


[0370]

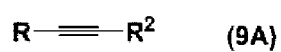
[化88]



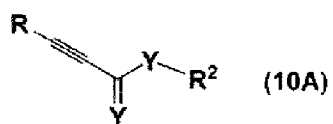
[0371] [化89]



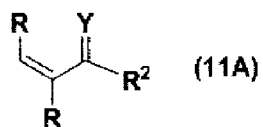
[0372] [化90]



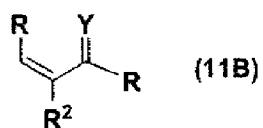
[0373] [化91]



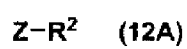
[0374] [化92]



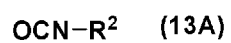
[0375] [化93]



[0376] [化94]

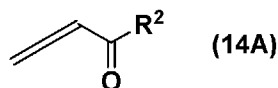


[0377] [化95]

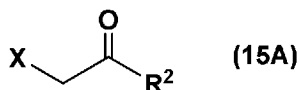


[0378]

[化96]



[0379] [化97]



[0380] [化98]



[0381] 上記一般式 (1 A)、(2 A)、(2 B)、(3 A)、(3 B)、(4 A)、(5 A)、(6 A)、(7 A)、(8 A)、(8 B)、(9 A)、(10 A)、(11 A)、(11 B) 及び (12 A) において R^2 は、上記ポリペプチド骨格に対する可塑化機能を有する分子団を示す。上記ポリペプチド骨格に対する可塑化機能を有する分子団としては、上述のポリペプチド誘導体についての説明において例示したものを適用できる。

[0382] 上記一般式 (2 A)、(2 B)、(3 A)、(3 B)、(4 A)、(5 A)、(6 A)、(8 B)、(9 A)、(10 A)、(11 A) 及び (11 B) において、Y は、互いに独立に、酸素原子、硫黄原子、又は NR^1 を示す。上記 NR^1 において、 R^1 は、水素、炭化水素基、芳香族基、カルボニル基、又はスルホニル基を示す。上記一般式 (2 A)、(2 B)、(3 A)、(3 B)、(4 A)、(5 A)、(8 A)、(8 B)、(9 A)、(10 A)、(11 A) 及び (11 B) において R は、互いに独立に、水素、炭化水素基、又は芳香族基を示す。上記一般式 (6 A) 及び (12 A) において、Z はハロゲン原子、スルホン酸エステル基、及び含フッ素カルボン酸エステル基を示す。上記一般式 (15 A) において、X はハロゲン原子を示す。

[0383] ポリペプチド骨格を有する化合物一つ（第一のセグメント一つ）に対して導入されるポリペプチド骨格に対する可塑化機能を有する分子団（第二のセグメント）の数は、ポリペプチド骨格を構成するアミノ酸配列に由来するチオール基、アミノ基、ヒドロキシ基、グアニジノ基、カルボキシ基、フェノ

キシ基、インドール基、アミド基、アジド基、及びアルキニル基（好ましくは、チオール基、アミノ基、ヒドロキシ基、グアニジノ基、カルボキシ基、フェノキシ基、インドール基、及びアミド基）の合計官能基数以下となるが、例えば、1個以上、2個以上、又は4個以上であってよく、30個以下、25個以下、20個以下、15個以下、10個以下、又は8個以下であってよい。ポリペプチド骨格を有する化合物一つ（第一のセグメント一つ）に対して導入されるポリペプチド骨格に対する可塑化機能を有する分子団（第二のセグメント）の数は上述の範囲内で調整することができ、例えば、1～30、1～25、1～20、1～15、1～10、1～8、又は2～8であってよい。

[0384] ポリペプチド誘導体の製造方法においては、例えば、溶媒中で、ポリペプチド骨格を有する化合物と一般式（1A）～（16A）で表される化合物の少なくとも1種（好ましくは一般式（1A）～（12A）で表される化合物）とを混合してもよい。反応が進行しにくい場合には、酸、塩基の添加、及び加温等を行ってもよい。反応温度は、通常、0～150℃であり、例えば、50～150℃、70～120℃、又は90～100℃であってよく、100～110℃、20～100℃、又は25～90℃であってよい。使用される溶媒は、ポリペプチド骨格を有する化合物及び一般式（1A）～（16A）で表される化合物を溶解することができ、所望の反応の進行を阻害しないものであればよい。このような溶媒としては、ヘキサフルオロイソプロピルアルコール（HFIP）、ジメチルスルホキシド（DMSO）、ジメチルホルムアミド（DMF）、ジメチルアセトアミド（DMA）、酢酸、ギ酸等が挙げられる。

[0385] 上述の反応によって得られる生成物（ポリペプチド誘導体を含む粗製物）は、例えば、再沈殿、順相カラムクロマトグラフィー、逆相カラムクロマトグラフィー、サイズ排除クロマトグラフィー、溶媒による洗浄等によって精製してもよい。

[0386] 上述のポリペプチド誘導体の製造方法の一実施形態は、ポリペプチド骨格

を含む化合物と、ポリペプチド骨格に対する可塑化機能を有する分子団を含む化合物と、下記一般式 (2-1A) ~ (2-16A) で表される構造単位からなる群より選択される少なくとも一種の構造単位を2つ以上有する化合物と、を反応させることによってポリペプチド誘導体を得る工程を備える。上記工程は、ポリペプチド骨格を含む化合物と、上記ポリペプチド骨格に対する可塑化機能を有する分子団を含む化合物と、下記一般式 (2-1A) ~ (2-12A) で表される構造単位からなる群より選択される少なくとも一種の官能基を2つ以上有する化合物と、を反応させることによってポリペプチド誘導体を得る工程であってよい。

[0387] 上記ポリペプチド骨格は、チオール基、アミノ基、ヒドロキシ基、グアニジノ基、カルボキシ基、フェノキシ基、インドール基、アミド基、アジド基、及びアルキニル基からなる群より選択される少なくとも一種を有し、好ましくは、チオール基、アミノ基、ヒドロキシ基、グアニジノ基、カルボキシ基、フェノキシ基、インドール基、及びアミド基からなる群より選択される少なくとも一種を有する。

[0388] 上記分子団を含む化合物は、上記分子団以外に、下記一般式 (2-1A) ~ (2-12A) で表される構造単位と反応し得る反応性官能基を有する化合物であってよい。反応性官能基は、チオール基、アミノ基、ヒドロキシ基、グアニジノ基、カルボキシ基、フェノキシ基、インドール基、アミド基、アジド基、及びアルキニル基からなる群より選択される少なくとも一種であってよく、好ましくは、チオール基、アミノ基、ヒドロキシ基、グアニジノ基、カルボキシ基、フェノキシ基、インドール基、及びアミド基からなる群より選択される少なくとも一種である。上記分子団を含む化合物は、反応性官能基を2個以上有する化合物であってよく、反応性官能基を2個有する化合物であってよい。

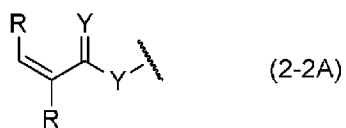
[0389] ポリペプチド骨格が有する官能基と、上記分子団を含む化合物の有する官能基とは、一般式 (2-1A) ~ (2-16A) で表される構造単位からなる群より選択される少なくとも一種の官能基を2つ以上有する化合物の官能

基の種類に応じて、選択することができ、同一であっても異なってもよい。
 ポリペプチド骨格が有する官能基と、上記分子団を含む化合物の有する官能基とが異なる場合、ポリペプチド誘導体の分子構造の制御をより容易に行うことができる。

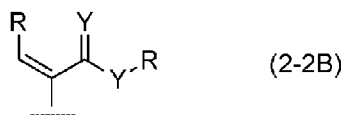
[0390] [化99]



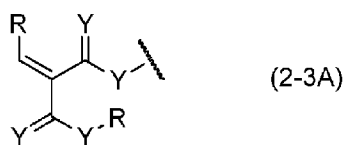
[0391] [化100]



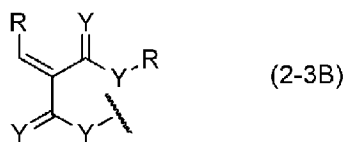
[0392] [化101]



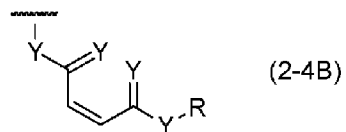
[0393] [化102]



[0394] [化103]



[0395] [化104]

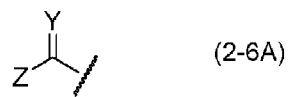


[0396]

[化105]



[0397] [化106]



[0398] [化107]



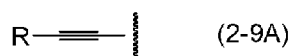
[0399] [化108]



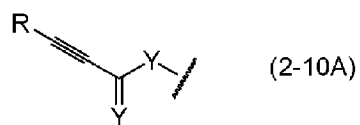
[0400] [化109]



[0401] [化110]



[0402] [化111]



[0403] [化112]



[0404]

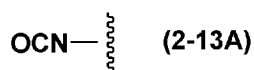
[化113]



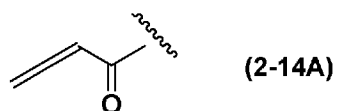
[0405] [化114]



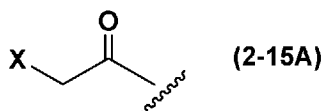
[0406] [化115]



[0407] [化116]



[0408] [化117]



[0409] [化118]



[0410] 上記一般式(2-2A)、(2-2B)、(2-3A)、(2-3B)、(2-4A)、(2-5A)、(2-6A)、(2-10A)、(2-11A)、及び(2-11B)において、Yは、互いに独立に、酸素原子、硫黄原子、又はNR¹を示す。R¹は、水素、炭化水素基、芳香族基、カルボニル基、又はスルホニル基を示す。上記一般式(2-2A)、(2-2B)、(2-3A)、(2-3B)、(2-4A)、(2-8A)、(2-8B)、(2-9A)、(2-10A)、(2-11A)、(2-11B)、及び(2-12A)においてRは、互いに独立に、水素、炭化水素基、又は芳香族基を示す。上記一般式(2-6A)及び(2-12A)において、Zはハロゲン原子、スルホン酸エステル基、又は含フッ素カルボン酸エステル基を示す。

す。上記一般式（2-15A）において、Xはハロゲン原子を示す。

[0411] ポリペプチド骨格を含む化合物及び上記ポリペプチド骨格に対する可塑化機能を有する分子団を含む化合物と、上述の特定官能基を2つ以上有する化合物との反応は、例えば、マイケル付加反応等であってよい。

[0412] 上記第二のセグメントは、好ましくは、上記分子団を含む化合物と、上記一般式（2-1A）～（2-12A）で表される構造単位からなる群より選択される少なくとも一種の官能基を2つ以上有する化合物との付加反応物（又は付加重合物）に由来する骨格を含んでいてよく、反応性官能基及びポリエーテル基を含む化合物と、上記一般式（2-1A）～（2-12A）で表される構造単位からなる群より選択される少なくとも一種の官能基2つ以上、及び、ポリエーテル基を含む化合物との付加反応物（又は付加重合物）に由来する骨格を含んでいてもよい。

[0413] 第一セグメントに対する第二セグメントの重量比率を高くすれば柔軟性が向上可能である。そうするには、第二セグメントの高分子化が有効である。そして、そのためには、複数種類の可塑剤を結合させて、第二セグメントの高分子化を図ることが好ましい。

[0414] ポリペプチド誘導体を得る工程では、特定の官能基を有するポリペプチド骨格を含む化合物、及びポリペプチド骨格に対する可塑化機能を有し、特定の官能基を有する分子団を含む化合物に対して反応する官能基を、特定の構造単位を2つ以上有する化合物として切り分けている。このような方法を取ることで、特定の官能基を有するポリペプチド骨格を含む化合物と、ポリペプチド骨格に対する可塑化機能を有し、特定の官能基を有する分子団を含む化合物との間で反応を進行させずに、反応溶液を調製することができる。混合しても反応が進行しないため、十分に均一な状態となるまで、例えば時間をかけることもできる。均一な反応溶液が調製された後、特定の構造単位を2つ以上有する化合物を配合することによって、反応を開始させることによって、反応系の制御をより容易に行うことができ、より均一なポリペプチド誘導体を調製することができる。このような方法は、ポリペプチド骨格及び

分子団の種類に応じて溶媒等へ溶解性が低いときに特に有用である。

[0415] <その他の成分>

多孔質体は、ポリペプチド誘導体以外の成分（その他の成分）を含んでいてもよく、含んでいなくてもよい。その他の成分としては、例えば、着色剤、平滑剤、酸化防止剤、紫外線吸収剤、染料、充填剤、架橋剤、艶消し剤、レベリング剤等が挙げられる。その他の成分を含有する場合、多孔質体全量に対するポリペプチド誘導体の含有割合は、例えば、50質量%以上であってよく、99質量%以下であってよい。

[0416] <多孔質体の用途>

本実施形態に係る多孔質体は、従来の多孔質体に用いられた用途に使用することができる。本実施形態に係る多孔質体は、例えば、化粧品用途、医療用途、防水透湿層、衝撃吸収材、下着等に含まれるパッドとしての衣料用途等の用途に使用することができる。

[0417] [多孔質体の製造方法]

本実施形態に係る多孔質体の製造方法特に限定されるものではないが、例えば、ポリペプチド誘導体及び溶媒を含む混合物をゲル化させる工程Aと、ゲル化した混合物から溶媒を離脱させることにより、ポリペプチド誘導体を含む多孔質体を得る工程Bと、を含む方法によって、目的とする多孔質体を製造することができる。ポリペプチド誘導体については、上述したとおりである。

[0418] 工程Aでは、ポリペプチド誘導体及び溶媒を含む混合物をゲル化させる。ゲル化は、例えば、ポリペプチド誘導体及び溶媒を含む混合物（溶液）を冷却することによって行うことができる。ゲル化のための温度は、溶媒の種類等に応じて、適宜設定することができる。ゲル化のための温度は、例えば、 $-196\sim 20^{\circ}\text{C}$ であってよい。

[0419] 溶媒は、水、又は有機溶媒であってよい。有機溶媒としては、例えば、ジメチルスルホキシド、エタノール、N,N-ジメチルホルムアミド、ヘキサフルオロ-2-プロパノール、ギ酸、又はそれらの混合溶媒等が挙げられる。

。

[0420] 混合物におけるポリペプチド誘導体の濃度は、例えば、混合物全量に対して、1質量%以上であってよく、30質量%以下であってよい。混合物は、ポリペプチド誘導体及び溶媒以外を含んでいてもよく、含んでいなくてもよい。

[0421] ポリペプチド誘導体及び溶媒を含む混合物をゲル化させる方法は、上述の方法の他、公知の相分離を利用したゲル化方法、例えば、熱誘起相分離法、重合誘起相分離法、非溶媒誘起相分離法等が採用可能である。

[0422] 工程Bでは、ゲル化した混合物から溶媒を離脱させる。これによって、ポリペプチド誘導体を含む多孔質体を得る。ゲル化した混合物から溶媒を離脱させる方法としては、例えば、混合物を凍結乾燥させる方法、加熱乾燥させる方法、真空乾燥させる方法、自然乾燥させる方法等の公知の乾燥方法が挙げられる。乾燥中にゲル化した混合物を加圧圧縮して溶媒を絞り出す操作を加えてもよい。

[0423] 工程Bにおいて、溶媒を離脱させる前に混合物中の溶媒（第1の溶媒）を他の溶媒（第2の溶媒）に置換してもよい。第1の溶媒（例えば、ジメチルスルホキシド）を第2の溶媒（例えば、エタノール）に置換した後、混合物中の第2の溶媒を更に第3の溶媒（水）に置換してもよい。第2及び第3の溶媒は、上記例示した溶媒であってよい。

[0424] 工程Bでは、凍結乾燥させる前にゲル化した混合物中の溶媒を水に置換することを含むことが好ましい。凍結乾燥によって溶媒を離脱させる場合、溶媒を離脱させる直前の溶媒は水であることが好ましい。これによって、多孔質体の製造がより容易になる。

[0425] 本実施形態に係る多孔質体は、気泡を供給した混合物を加熱して少なくとも一部の溶媒を揮発させて、多孔質体を得る工程を含む方法によって製造することもできる。混合物及び溶媒については上述した態様を適用することができる。

[0426] 混合物の加熱温度は、溶媒の種類に応じて適宜設定することができる。例

えば、混合物の加熱温度は、100℃以上であってよく、例えば、100～150℃であってよい。

[0427] 本実施形態に係る多孔質体は、上述した方法に以外に、例えば、熱水等の溶媒に溶解しやすい成分を供給した混合物を固化させた後、溶媒中でその成分を除去することによって多孔質体を得る工程を含む方法、発泡剤を供給した混合物を加熱して発泡と同時に溶媒を除去することで多孔質体を得る工程を含む方法等によって製造することもできる。混合物及び溶媒については上述した態様を適用することができる。

実施例

[0428] 以下、実施例等に基づいて本開示をより具体的に説明する。ただし、本開示は以下の実施例に限定されるものではない。

[0429] <改変フィブロインの製造>

(1) 発現ベクターの作製

配列番号72で示されるアミノ酸配列(PRT27)を有する改変フィブロイン、配列番号62で示されるアミノ酸配列(PRT17)を有する改変フィブロイン、及び配列番号63で示されるアミノ酸配列(PRT18)を有する改変フィブロインを設計した。配列番号72で示されるアミノ酸配列(PRT27)を有する改変フィブロインの平均ハイドロパシー・インデックスの値は0.44であり、配列番号62で示されるアミノ酸配列(PRT17)を有する改変フィブロインの平均ハイドロパシー・インデックスの値は0.45であり、配列番号63で示されるアミノ酸配列(PRT18)を有する改変フィブロインの平均ハイドロパシー・インデックスの値は0.46である。

[0430] 配列番号62で示されるアミノ酸配列(PRT17)は、配列番号72で示されるアミノ酸配列(PRT27)に対し、ドメイン配列のN末端側及びC末端側のそれぞれから1番目に位置するREP中に、それぞれ1カ所ずつシステイン残基が挿入されたものである。配列番号62で示されるアミノ酸配列を有する改変フィブロインのシステイン残基の総数は2である。配列番

号63で示されるアミノ酸配列（P R T 1 8）は、配列番号72で示されるアミノ酸配列（P R T 2 7）に対し、ドメイン配列のN末端側及びC末端側それぞれから1～2番目に位置するR E P中に、それぞれ1カ所ずつシステイン残基が挿入されたものである。配列番号63で示されるアミノ酸配列を有する改変フィブロインのシステイン残基の総数は4である。

[0431] 配列番号62、配列番号63及び配列番号72で示されるアミノ酸配列を有する改変フィブロインをコードする核酸をそれぞれ合成した。当該核酸には、5'末端にN d e I サイト、終止コドン下流にE c o R I サイトを付加した。この核酸をクローニングベクター（p U C 1 1 8）にクローニングした。その後、同核酸をN d e I 及びE c o R I で制限酵素処理して切り出した後、タンパク質発現ベクターp E T - 2 2 b（+）に組換えて発現ベクターを得た。

[0432] （2）タンパク質の製造

得られた発現ベクターで、大腸菌B L R（D E 3）を形質転換した。当該形質転換大腸菌を、アンピシリンを含む2 m L のL B培地で15時間培養した。当該培養液を、アンピシリンを含む100 m L のシード培養用培地（表4）にO D₆₀₀が0.005となるように添加した。培養液温度を30℃に保ち、O D₆₀₀が5になるまでフラスコ培養を行い（約15時間）、シード培養液を得た。

[0433] [表4]

シード培養用培地	
試薬	濃度(g/L)
グルコース	5.0
KH ₂ PO ₄	4.0
K ₂ HPO ₄	9.3
Yeast Extract	6.0
アンピシリン	0.1

[0434] 当該シード培養液を500 m L の生産培地（表5）を添加したジャーファーマンターにO D₆₀₀が0.05となるように添加した。培養液温度を37℃に保ち、p H 6.9で一定に制御して培養した。培養液中の溶存酸素濃度を

、溶存酸素飽和濃度の20％に維持するようにした。

[0435] [表5]

生産培地	
試薬	濃度(g/L)
グルコース	12.0
KH_2PO_4	9.0
$\text{MgSO}_4 \cdot 7\text{H}_2\text{O}$	2.4
Yeast Extract	15
$\text{FeSO}_4 \cdot 7\text{H}_2\text{O}$	0.04
$\text{MnSO}_4 \cdot 5\text{H}_2\text{O}$	0.04
$\text{CaCl}_2 \cdot 2\text{H}_2\text{O}$	0.04
アデカノール(アデカ、LG-295S)	0.1(mL/L)

[0436] 生産培地中のグルコースが完全に消費された直後に、フィード液（グルコース455g／1L、Yeast Extract 120g／1L）を1mL／分の速度で添加した。培養液温度を37℃に保ち、pH6.9で一定に制御して培養した。培養液中の溶存酸素濃度を、溶存酸素飽和濃度の20％に維持するようにし、20時間培養を行った。その後、1Mのイソプロピルーβーチオガラクトピラノシド（IPTG）を培養液に対して終濃度1mMになるよう添加し、改変フィブロインを発現誘導させた。IPTG添加後20時間経過した時点で、培養液を遠心分離し、菌体を回収した。IPTG添加前とIPTG添加後の培養液から調製した菌体を用いてSDS-PAGEを行い、IPTG添加に依存した目的とする改変フィブロインサイズのバンドの出現によって、目的とする改変フィブロインの発現を確認した。

[0437] (3) タンパク質の精製

IPTGを添加してから2時間後に回収した菌体を20mM Tris-HCl buffer (pH7.4)で洗浄した。洗浄後の菌体を約1mMのPMSFを含む20mM Tris-HCl緩衝液(pH7.4)に懸濁させ、高圧ホモジナイザー(GEA Niro Soavi社製)で細胞を破碎した。破碎した細胞を遠心分離し、沈殿物を得た。得られた沈殿物を、高純度になるまで20mM Tris-HCl緩衝液(pH7.4)で洗浄した。洗浄後の沈殿物を100mg／mLの濃度になるように8M グアニジン緩衝液(8M グアニジン塩酸塩、10mM リン酸二水素ナトリウム

、20 mM NaCl、1 mM Tris-HCl、pH 7.0)で懸濁し、60℃で30分間、スターラーで攪拌し、溶解させた。溶解後、透析チューブ(三光純薬株式会社製のセルロースチューブ36/32)を用いて水で透析を行った。透析後に得られた白色の凝集タンパク質を遠心分離により回収し、凍結乾燥機で水分を除き、凍結乾燥粉末を回収することにより、粉末状の改変フィブロイン(PRT17、PRT18、PRT27)を得た。

[0438] <実施例Aの多孔質体の製造>

下記a)、b)、c)をジメチルスルホキシド(DMSO)14.25 g(12.95 mL)に投入後、窒素置換して100℃、300 rpmで攪拌(15 min)し、その後、室温で10 min静置した。これにより、DMSO中でポリペプチド誘導体を合成して、ポリペプチド誘導体DMSO溶液(ポリペプチド誘導体濃度:5 wt%)を調製した。

a) 改変フィブロイン(PRT:17、数平均分子量50000):457 mg

b) mal-PEG-mal(数平均分子量20000):276 mg(バイオケムペグ社 H0022022-20K)

c) HS-PEG-SH(数平均分子量2000):17.0 mg(バイオケムペグ社 H0003003-2K)

[0439] ステンレス板上に敷いたテフロンシートの外周部に厚さ2 mmの枠状シリコンゴムシートを貼り付けた。その後、枠状シリコンゴムシートの内側にポリペプチド誘導体DMSO溶液を垂らし、全体にいきわたらせた。次いで、ポリペプチド誘導体DMSO溶液を4℃冷蔵庫で冷却してゲル化させた(一晚)。その後、エタノールを収容した容器内にゲルをシートごと投入し(エタノール置換)、3時間静置することで、テフロンシートを剥がすと共に、DMSOをエタノールに置換した。次に、容器内のエタノールを捨ててRO水を入れ2時間静置することでエタノールを水にRO置換した。その後、RO水への置換が完了したゲルを-20℃冷凍庫で凍結させた後、凍結乾燥機で一晩乾燥させた。これにより、多孔質体(実施例A)を得た。

[0440] <比較例Aの多孔質体の製造>

改変フィブロイン（PRT17、数平均分子量50000）350mgをDMSO4.65g（4.23mL）に投入後、窒素置換して100℃、300rpmで攪拌（15min）し、その後、室温で10min静置した。これにより、改変フィブロインのDMSO溶液（改変フィブロイン濃度：7wt%）を調製した。その後、ポリペプチド誘導体DMSO溶液を用いる代わりに、上記改変フィブロインのDMSO溶液を用いて、実施例Aと同様に、多孔質体（比較例A）を得た。

[0441] <実施例Bの多孔質体の製造>

下記a), b), c)をDMSO4.275g（3.87mL）に投入後、窒素置換して100℃、300rpmで攪拌（15min）した。これにより、DMSO中でポリペプチド誘導体を合成して、ポリペプチド誘導体DMSO溶液（ポリペプチド誘導体濃度：5wt%）を調製した。

a) 改変フィブロイン（PRT17、数平均分子量50000）：225mg

b) mal-PEG-mal（数平均分子量20000）：60mg（バイオケムペグ社 H0022022-20K）

c) HS-PEG-SH（数平均分子量2000）：4mg（バイオケムペグ社 H0003003-2K）

[0442] ハンドブレンダーを用いて、ポリペプチド誘導体DMSO溶液を1分間泡立てた。ステンレス板上に敷いたテフロンシートの外周部に60×30×2mmの棒状シリコンゴムシートを貼り付けた。その後、棒状シリコンゴムシートの内側に泡立てたポリペプチド誘導体DMSO溶液を垂らし、全体にいきわたらせた。その後、120℃でポリペプチド誘導体DMSO溶液を1時間乾燥させた。これにより多孔質体（実施例B）を得た。

[0443] <比較例Bの多孔質体の製造>

改変フィブロイン（PRT17、数平均分子量50000）225mgをジメチルスルホキシド（DMSO）4.275g（3.886mL）に投入

後、窒素置換して100℃、300rpmで攪拌（15min）した。これにより、改変フィブロインのDMSO溶液（改変フィブロイン濃度：5wt%）を調製した。その後、実施例Bでポリペプチド誘導体DMSO溶液を用いる代わりに、上記改変フィブロインのDMSO溶液を用いて、実施例Bと同様にして、多孔質体（比較例B）を得た。

[0444] <柔軟性の評価>

実施例A及び比較例Aの多孔質体を用い、それらを長さ方向一端部のみに於いて片持ち状態で支持し、このときの自重による曲がり具合を観察した。その結果を図6及び図7に示す。

[0445] 図6及び図7から明らかなように、実施例Aは自重によって曲がりが発生しているものの、比較例Aは自重による曲がりが生じていないことが確認される。これは、ポリペプチド誘導体を含む多孔質体が、ポリペプチド誘導体を含まない多孔質体に比して優れた柔軟性を有することを示している。

[0446] 実施例B及び比較例Bの多孔質体を用い、それら各多孔質体の長さ方向両端部を掴んで曲げた。実施例Bの多孔質体は亀裂等を生じさせることなく曲げることができた。比較例Bの多孔質体は長さ方向中央部付近に亀裂が発生した。このことから、ポリペプチド誘導体を含む多孔質体が、ポリペプチド誘導体を含まない多孔質体よりも柔軟性に優れていることが分かる。

[0447] <成形時の外観及びブリードアウトの評価>

（実施例1）

数平均分子量：5000のメトキシポリエチレングリコールマレイミド（シグマアルドリッチ社製：第二のセグメント）を用いて、ポリペプチド誘導体を調製した。具体的には、ガラス容器に、上述のようにして調製した配列番号63で示されるアミノ酸配列（PRT18）を有する、数平均分子量：50000の改変フィブロイン（第一のセグメント）を2500mg、上記メトキシポリエチレングリコールマレイミドを500mg測り取り、更に溶媒として、ヘキサフルオロイソプロピルアルコール（セントラル硝子株式会社製、HFIP）を50mL加え、攪拌することで、改変フィブロイン等を

溶解させ反応溶液を得た。その後、室温（25℃）にて、反応溶液を20時間攪拌することで反応を行った。

[0448] 20時間が経過したところで、溶媒を留去し、粗生成物をメタノール（ナカライテスク株式会社製）で3回洗浄した。一回の洗浄にメタノール50mLを用いた。洗浄操作によって、メトキシポリエチレングリコールマレイミド等の未反応物を除去した。洗浄操作後、減圧乾燥を行うことによって、生成物（ポリペプチド誘導体）を得た。生成物に対するSDS-PAGEによって、分子量の増大を確認し、改変フィブロインに、ポリエチレングリコール鎖が導入されていることを確認した。得られたポリペプチド誘導体は、第一のセグメント一つに対して1～4個の第二のセグメントが結合したものとなっていることを確認した。図8にSDS-PAGEの結果を示す。図8において、1及び7レーンが分子量特定のための標準サンプルであり、2, 3が配列番号63で示されるアミノ酸配列（PRT18）を有する改変フィブロインであり、4が実施例1で調製した上記ポリペプチド誘導体である。

[0449] （実施例2）

数平均分子量が10000であるメトキシポリエチレングリコールマレイミド（シグマアルドリッチ社製）を用いたこと、メトキシポリエチレングリコールマレイミドの配合量を20mgとしたこと、改変フィブロインを50mgとしたこと、溶媒としてヘキサフルオロイソプロピルアルコール（セントラル硝子株式会社製、HFIP）を1mL加えこと、及び粗生成物の一回の洗浄にメタノール1mLを用いた以外は、実施例1と同様にして、ポリペプチド誘導体を調製した。生成物に対するSDS-PAGEによって、分子量の増大を確認し、改変フィブロインに、ポリエチレングリコール鎖が導入されていることを確認した。得られたポリペプチド誘導体は、第一のセグメント一つに対して1～4個の第二のセグメントが結合したものとなっていることを確認した。図8において、5レーンが実施例2で調製したポリペプチド誘導体である。

[0450] （実施例3）

数平均分子量が750であるメトキシポリエチレングリコールマレイミド（シグマアルドリッチ社製）を用いたこと、及びメトキシポリエチレングリコールマレイミドの配合量を1.5mgとしたこと以外は、実施例2と同様にして、ポリペプチド誘導体を調製した。生成物に対するSDS-PAGEによって、分子量の増大を確認し、改変フィブロインに、ポリエチレングリコール鎖が導入されていることを確認した。得られたポリペプチド誘導体は、第一のセグメント一つに対して1～4個の第二のセグメントが結合したものであることを確認した。図8において、6レーンが実施例3で調製したポリペプチド誘導体である。

[0451]（比較例1）

比較のため、システインを有しない改変フィブロインを用いて同様の実験を行った。すなわち、ガラス容器に、上述のようにして調製した配列番号72で示されるアミノ酸配列（PRT27）を有する改変フィブロイン（数平均分子量：100000）を20mg、数平均分子量：5000のメトキシポリエチレングリコールマレイミド（シグマアルドリッチ社製）を4mg測り取り、更に溶媒として、ヘキサフルオロイソプロパノール（セントラル硝子株式会社製、HFIP）を1mL加え、攪拌することで、改変フィブロイン等を溶解させ反応溶液を得た。その後、室温（25℃）にて、反応溶液を20時間攪拌することで反応を行った。

[0452] 20時間が経過したところで、溶媒を留去し、粗生成物をメタノール（ナカライテスク株式会社製）で3回洗浄した。一回の洗浄にメタノール1mLを用いた。洗浄操作によって、メトキシポリエチレングリコールマレイミド等の未反応物を除去した。洗浄操作後、減圧乾燥を行うことによって、生成物を得た。生成物に対するSDS-PAGEによって、分子量に変化がないことが確認され、改変フィブロインと、メトキシポリエチレングリコールマレイミドとの反応が進行していないことを確認した。図9にSDS-PAGEの結果を示す。図9において、1レーンが分子量特定のための標準サンプルであり、6レーンが生成物であり、7レーンが配列番号72で示されるアミ

ノ酸配列（P R T 2 7）を有する改変フィブロインである。

[0453]（比較例 2）

上述のようにして調製した配列番号 7 2 で示されるアミノ酸配列（P R T 2 7）を有する改変フィブロイン（数平均分子量：1 0 0 0 0 0）と、ポリエチレンオキサイドとの混合物を調製した。具体的には、容器に、上記改変フィブロイン 1 0 g と、上記改変フィブロイン全量を 1 0 0 質量%として、5 質量%の重量となるように、ポリエチレンオキサイド（数平均分子量：4 0 0 0）を配合し、ビーズミル（日本コークス工業株式会社製、アトライター）を用いて回転数：1 0 0 0 回／分の条件で 1 0 分間、乾式混合させて、混合物を調製した。

[0454]（比較例 3）

ポリエチレンオキサイドとして、数平均分子量 2 0 0 0 0 のポリエチレンオキサイドを用いた他、比較例 2 と同様にして、混合物を調製した。

[0455]（比較例 D）

上述のようにして調製した配列番号 7 2 で示されるアミノ酸配列（P R T 2 7）を有する改変フィブロイン（数平均分子量：1 0 0 0 0 0）と、ポリエチレンオキサイドモノステアレート（4 0 E. O.、数平均分子量：2 0 0 0）との混合物を調製した。改変フィブロイン全量を 1 0 0 質量%として、1 0 質量%の重量となるように、ポリエチレンオキサイドモノステアレーートを配合し、エタノール（9 9. 5 %）中で 1 5 時間混合し、オープンにて 6 0 °C で 5 時間乾燥させて、混合物を調製した。

[0456]（評価）

実施例 1 ～ 3 で調製したポリペプチド誘導体、比較例 2、3 及び 4 で調製した混合物を用いて、それぞれ以下の条件で、加熱加圧成形によって成形体を調製した。成形には、図 1 0 に示す加圧成形機 1 0 を用いた。図 1 0 は、加圧成形機の模式断面図である。図 1 0 に示す加圧成形機 1 0 は、貫通孔が形成され加温可能な金型 2 と、金型 2 の貫通孔内で上下動が可能な上側ピン 4 及び下側ピン 6 とを備えるものであり、金型 2 に、上側ピン 4 又は下側ピ

ン6を挿入して生じる空隙に、サンプルを導入して、金型2を加温しつつ、上側ピン4及び下側ピン6で組成物を圧縮することで、成形体を得ることができる。

[0457] 図11を用いて、成形体を得る工程を説明する。図11の(a)は組成物導入前、(b)はサンプル導入直後、(c)はサンプルを加熱及び加圧している状態の加圧成形機の模式断面図である。図11の(a)に示すように、金型2の貫通孔に下側ピン6のみを挿入した状態で貫通孔内に組成物を導入し、図11の(b)に示すように、金型2の貫通孔に上側ピン4を挿入して下降させ、金型2の加熱を開始して、加熱加圧前のサンプル8aを貫通孔内で加熱加圧する。あらかじめ定めた加圧力に至るまで上側ピン4を下降させ、図11の(c)に示す状態でサンプルが所定の温度に達するまで、加熱及び加圧を継続して、加熱加圧後の成形体8bを得る。場合によって、冷却器（例えばスポットクーラー）を用いて金型2の温度を下降させ、成形体8bが所定の温度になったところで、上側ピン4又は下側ピン6を金型2から抜き取り、成形体を得てもよい。加圧に関しては、下側ピン6を固定した状態で上側ピン4を下降させて実施してもよいが、上側ピン4の下降と下側ピン6の上昇の両方を実施してもよい。

[0458] 具体的にはまず、上記ポリペプチド誘導体又は上記混合物を0.6g測り取り、図10に示す加圧成形機10の金型2（実施例1については、直径：14mmの円形状の貫通孔を有する円柱形状の金型を用い、比較例2、3及び4については、断面が35mm×25mmの長方形形状の貫通孔を有する円柱形状の金型を用いた。）の貫通孔内に導入した。この際、厚みが均等になるようにサンプルを加えていった。全てのサンプルを導入した後、金型2の加熱を開始するとともに、ハンドプレス機（NP aシステム株式会社製、商品名：NT-100H-V09）を用いて、上側ピン4と下側ピン6を貫通孔内に挿入することでサンプルの加圧を行った。この際、サンプルの加圧条件が50MPaとなるように制御した。サンプルの温度が150℃に到達してから5分間経過したところで、加熱を中止し、スポットクーラー（トラスコ

中山株式会社製、商品名：TS-25EP-1)で冷却して、サンプルの温度が50℃になったところで取り出し、バリ取りを行った後、直径：14mm×厚さ：3.0mmの円盤状の成形体（比較例2、3及び4は、縦：35mm×横：25mm×厚さ：3.0mmの直方体形状の成形体）を得た。成形に使用した、上記成形材料及び上記混合物の水分含有量は、加熱乾燥式水分計で測定したところ、いずれも7～9質量%であった。

[0459] 得られた成形体について、外観についての目視観察、及びブリードアウトに関しての指で触り観測を行い、以下の基準で評価した。結果を表6に示す。成形体の外観を図12、図13及び図14に示す。

[0460] [外観の評価基準]

A：均一である。

B：均一であるが濁りがみられる。

C：不均一である。

[0461] [ブリードアウトの評価基準]

A：ベタツキがない。

B：成形直後にベタツキがあるが、ふき取った後はベタツキがない。

C：ふき取ってもべたつきが残る、又は再度ベタツキが発生する。

[0462] [表6]

	外観	ブリードアウト
実施例1	A	A
実施例2	A	—
実施例3	A	—
比較例2	B	A
比較例3	C	A
比較例4	B	C

[0463] 表6中、「—」は、測定を実施していないことを意味する。表6、図12、図13、図14に示される結果から確認されるように、第一のセグメントと、第二のセグメントとが直接結合していることによって、実施例1～3では相分離等が確認されなかった。一方、改変フィブロインと、柔軟性の高分

子との混合物である比較例 1 ～ 4 では、相分離及び／又はブリードアウトが発生することが確認された。

[0464] (実施例 4)

実施例 1 で調製した合成高分子、及び上述のようにして調製した配列番号 72 で示されるアミノ酸配列 (P R T 27) を有する人工フィブロイン (数平均分子量: 100000) を含むフィルムを成形した。具体的には、容器にジメチルスルホキシド 4.4 g 測り取り、ここに上記人工フィブロイン 0.15 g を測り取り、窒素下で 120℃ の条件下で 15 分間攪拌し上記人工フィブロインを溶解させた。上記人工フィブロイン 0.15 を更に加え、窒素下で 120℃ の条件下で 30 分間攪拌し上記人工フィブロインが合計 0.30 g 溶解した溶液を調製した。上記溶液中に、上記合成高分子 0.15 g を測り取り、窒素下で 90℃ の条件下で 15 分間攪拌し上記合成高分子を溶解させた。上記合成高分子 0.15 g を更に加え、窒素下で 90℃ の条件下で 30 分間攪拌させることで、上記人工フィブロイン及び上記合成高分子がそれぞれ 0.30 g ずつ溶解したドープ液を調製した。ドープ液中において、合成高分子: 人工フィブロイン: ジメチルスルホキシドが、6 質量%: 6 質量%: 88 質量% となるように混合比を調整した。

[0465] 上記ドープ液を 80℃ の下、30 分間静置することで脱泡させた。コーター (株式会社井元製作所製) を用いて、脱泡後のドープ液からフィルムを成形した。まず、離型部材として PET フィルム (150 mm × 200 mm) をコーター上に設置し、アプリケーション厚さ 0.5 mm、塗工スピード 20 m/分間の条件で、40℃ の温度条件下でドープ液の液膜を上記 PET フィルム上に設けた。その後、ドープ液の液膜を PET フィルムごと、送風オーブン内に静置し、100℃ の条件下で 15 分間乾燥させ、更に真空オーブンに移し、80℃ の条件下で 15 時間かけて真空乾燥させ、絶乾させることで、合成高分子及び人工フィブロインからなるフィルム状の成形体 (フィルム) を調製した。

[0466] 調製されたフィルムは無色透明であり、柔軟性があることが確認された。

当該フィルムは曲げ応力を加えた場合であっても割れが発生しないことが確認された。

[0467] (実施例5)

上述のようにして調製した配列番号62で示されるアミノ酸配列(PRT 17)を有する人工フィブロイン(数平均分子量:50000:第一のセグメント)2300mgと、数平均分子量20,000のポリエチレングリコールビスマレイミド、(Biochempeg Scientific Inc. 製、H0022022-20K:第二のセグメント)900mgをナスフラスコ内で115mLの溶媒(DMSO、キシダ化学株式会社製)に溶解させた後、トリエチルアミン(ナカライテスク株式会社製)12 μ Lを加え、80℃で17時間攪拌しながら反応を行なった。酢酸エチル(関東化学株式会社製)300mL、さらにヘキサン(関東化学株式会社製)300mLを加え、2時間静置して生成物を沈殿させた。さらに遠心(1,000g $\times$ 10分)を行い、上清を除去した。未反応のポリエチレングリコールビスマレイミドを除去するため、酢酸エチルを再度添加、遠心、上清除去を3回繰り返した。更に、減圧乾燥を行う事により生成物を得た。調製された合成高分子は、人工フィブロイン(第一のセグメントに相当)の分子鎖末端に、ポリエチレングリコール鎖を有するN置換マレイミド(第二のセグメントに相当)が結合したブロックが複数繰り返された構造を有する。すなわち、当該合成高分子は、第二のセグメント、第一のセグメント、及び第二のセグメントの順に3つのセグメントが結合した分子となっている。

[0468] 上述のとおり調製した合成高分子を含むフィルムを成形した。具体的には、容器にジメチルスルホキシド4.55g測り取り、ここに上記合成高分子0.45gを加え、窒素下で90℃の条件下で30分間攪拌させることで、上記合成高分子が溶解したドープ液を調製した。攪拌速度は100rpmに設定した。ドープ液中において、合成高分子:ジメチルスルホキシドが、9質量%:91質量%となるように混合比を調整した。

[0469] 上記ドープ液を用いて、実施例4と同様にしてフィルム状の成形体(フィ

ルム)を調製した。調製されたフィルムは無色透明であり、実施例4のフィルムよりもより柔軟性に優れることが確認された。当該フィルムは曲げ応力を加えた場合であっても割れが発生しないことが確認された。

[0470] (実施例6)

上述のようにして調製した配列番号62で示されるアミノ酸配列(PRT 17)を有する人工フィブロイン(数平均分子量:50000:第一のセグメント)1424mgと、数平均分子量20,000のメトキシポリエチレングリコールマレイミド、(Biochempeg Scientific Inc. 製、MF001022-20K:第二のセグメント)1076mgをナスフラスコ内で71mLの溶媒(DMSO、キシダ化学株式会社製)に溶解させた後、トリエチルアミン(ナカライテスク株式会社製)7.5 μ Lを加え、80℃で17時間攪拌しながら反応を行なった。酢酸エチル(関東化学株式会社製)210mL、さらにヘキサン(関東化学株式会社製)210mLを加え、17時間静置して生成物を沈殿させた。さらに遠心(1,000g $\times$ 10分)を行い、上清を除去した。未反応のメトキシポリエチレングリコールマレイミドを除去するため、酢酸エチルを再度添加、遠心、上清除去を3回繰り返した。更に減圧乾燥を行う事によって合成高分子を得た。調製された合成高分子は、人工フィブロイン(第一のセグメントに相当)の分子鎖の両末端に、ポリエチレングリコール鎖を有するN置換マレイミド(第二のセグメントに相当)が結合した構造を有する。すなわち、当該合成高分子は、第二のセグメント、第一のセグメント、及び第二のセグメントの順に3つのセグメントが結合した分子となっている。

[0471] 上述のとおり調製した合成高分子を含むフィルムを成形した。具体的には、容器にジメチルスルホキシド4.30g測り取り、ここに上記合成高分子0.70gを加え、窒素下で90℃の条件下で30分間攪拌させることで、上記合成高分子が溶解したドープ液を調製した。攪拌速度は100rpmに設定した。ドープ液中において、合成高分子:ジメチルスルホキシドが、14質量%:86質量%となるように混合比を調整した。

[0472] 上記ドープ液を用いて、実施例4と同様にしてフィルム状の成形体（フィルム）を調製した。調製されたフィルムは無色透明であり、実施例4のフィルムよりもより柔軟性に優れることが確認された。当該フィルムは曲げ応力を加えた場合であっても割れが発生しないことが確認された。

[0473] （実施例7）

両末端にマレイミド基を有するポリエチレングリコール（バイオケムペグ社製、数平均分子量：20000）と、システイン残基を2つ有する人工フィブロインとを反応させ、合成高分子を調製した。具体的には、上述のように調製した配列番号62で示されるアミノ酸配列（PRT17）を有する人工フィブロイン（数平均分子量：50000）4.022gと、両末端にマレイミド基を有するポリエチレングリコール1.564gと、溶媒としてジメチルスルホキシド201mLとをナスフラスコに測り取り、80℃で48時間攪拌し溶解及び反応させ、合成高分子の溶液を得た。得られた溶液に、酢酸エチル603mL、及びヘキサン603mLを加えて2時間攪拌し、遠心分離を行った後、さらに酢酸エチルで3回洗浄した。その後、エバポレーターで乾燥させて、最後に室温で真空乾燥させて合成高分子の粉末を得た。

[0474] （実施例8）

両末端にマレイミド基を有するポリエチレングリコール（バイオケムペグ社製、数平均分子量：20000）と、システイン残基を2つ有する人工フィブロインとを、反応させ、合成高分子を調製した。具体的には、上述のように調製した配列番号62で示されるアミノ酸配列（PRT17）を有する人工フィブロイン（数平均分子量：50000）348mgをステンレス容器に測り取り、溶媒としてジメチルスルホキシド2.11mLを加え、攪拌し溶解させてフィブロイン溶液を得た。両末端にマレイミド基を有するポリエチレングリコール132mgをガラス容器に測り取り、溶媒としてジメチルスルホキシド1.09mLを加え、攪拌し溶解させてポリエチレングリコール溶液を得た。得られたフィブロイン溶液とポリエチレングリコール溶液とを攪拌しながら混合し、100℃で5分間攪拌しながら反応させた後、更に1

00℃で10分間静置させ反応させることによって合成高分子を調製した。実施例8では、ジメチルスルホキシドに合成高分子が溶解したままの状態、乾燥させることなく、後述するフィルム成形に供した。

[0475] (実施例9)

両末端にマレイミド基を有するポリエチレングリコール（バイオケムペグ社製、数平均分子量：20000）と、システイン残基を2つ有する人工フィブロインと、システイン残基を4つ有する人工フィブロインとを反応させ、合成高分子を調製した。具体的には、上述のように調製した配列番号62で示されるアミノ酸配列（PRT17）を有する人工フィブロイン（数平均分子量：50000、システイン残基の総数2）336mgと、配列番号63で示されるアミノ酸配列（PRT18）を有する人工フィブロイン（数平均分子量：53100、システイン残基の総数4）44mgと、両末端にマレイミド基を有するポリエチレングリコール160mgとをガラス容器に測り取り、溶媒としてジメチルスルホキシド4.42mLを加え、攪拌しながら上述の成分を溶解させることで反応溶液を得た。得られた反応溶液を100℃で10分間攪拌しながら反応させた後、更に100℃で5分間静置させ反応させることによって、合成高分子を調製した。実施例9では、ジメチルスルホキシドに合成高分子が溶解したままの状態、乾燥させることなく、後述するフィルム成形に供した。

[0476] (実施例10)

両末端にマレイミド基を有するポリエチレングリコール（バイオケムペグ社製、数平均分子量：20000）と、チオール基を2つ有する2、2'－（エチレンジオキシ）ジエタンチオール、システイン残基を2つ有する人工フィブロインとを反応させ、合成高分子を調製した。具体的には、上述のように調製した配列番号62で示されるアミノ酸配列（PRT17）を有する人工フィブロイン（数平均分子量：50000）300mgと、両末端にマレイミド基を有するポリエチレングリコール284mgとをガラス容器に測り取り、溶媒としてジメチルスルホキシド3.42mLを加え、攪拌し各成分

を溶解させることで反応溶液を得た。得られた反応溶液を100℃で15分間攪拌し反応させた後、2、2' - (エチレンジオキシ) ジエタンチオール 1.55 mg を更に加え、100℃で10分間攪拌させ反応させることによって、合成高分子を調製した。実施例10では、ジメチルスルホキシドに合成高分子が溶解したままの状態、乾燥させることなく、後述するフィルム成形に供した。

[0477] (実施例11)

両末端にマレイミド基を有するポリエチレングリコール（バイオケムペグ社製、数平均分子量：1000）と、両末端にシステイン残基を有する（即ち、両末端にチオール基を有する）ポリエチレングリコール（バイオケムペグ社製、数平均分子量：2000）と、システイン残基を2つ有する人工フィブロインとを反応させ、合成高分子を調製した。具体的には、上述のように調製した配列番号62で示されるアミノ酸配列（PRT17）を有する人工フィブロイン（数平均分子量：50000）378 mg と、両末端にマレイミド基を有するポリエチレングリコールを79 mg と、両末端にシステイン残基を有するポリエチレングリコール143 mg とをバイアル瓶に測り取り、溶媒としてジメチルスルホキシド4.40 mL を加え、攪拌し溶解させることで反応溶液を得た。反応溶液を100℃で10分間攪拌しながら反応させたのち、更に100℃で10分間静置させ反応させることによって合成高分子を調製した。実施例11では、ジメチルスルホキシドに合成高分子が溶解したままの状態、乾燥させることなく、後述するフィルム成形に供した。

[0478] (比較例5)

実施例7～11で調製された合成高分子との比較のために、上述のようにして調製した配列番号72で示されるアミノ酸配列（PRT27）を有する人工フィブロイン（分子量：100000）を用い、類似の操作を加えた。具体的には、上述のようにして調製した配列番号72で示されるアミノ酸配列（PRT27）を有する人工フィブロイン（分子量：100000）の粉

末650mgをステンレス容器に測り取り、溶媒としてジメチルスルホキシド3.955mLを加え、攪拌し分散液を得た。得られた分散液を120℃で、30分間攪拌し溶解した後、更に100℃で10分間静置させた。比較例5では、ジメチルスルホキシドに人工フィブロインが溶解したままの状態、乾燥させることなく、後述するフィルム成形に供した。

[0479] <成形体の評価>

実施例7～11で調製された合成高分子を用いて、以下の条件でフィルム状の成形体を作製した。実施例7で調製された合成高分子については、まず合成高分子の粉末530mgをジメチルスルホキシド3.53mLに加え、90℃で40分間攪拌させることによって、上記粉末を溶解させてドープ溶液を調製し、次いで80℃で30分間静置し、脱泡させたものをフィルム成形に供した。実施例8～11で調製された合成高分子は、ジメチルスルホキシドに溶解させたまま、乾燥させることなく、ドープ溶液としてフィルム成形に供した。比較例5の人工フィブロインも同様にジメチルスルホキシドに溶解したまま、乾燥させることなくドープ溶液としてフィルム成形に供した。

[0480] まず、離型部材としてPETフィルム（150mm×200mm）を用意し、アプリケーターで厚さ0.4mmとなるようにドープ溶液の液膜を、上記PETフィルム上に設けた。その後、上記液膜をPETフィルムごと、送風オーブン内に静置し、60℃の条件下で30分間乾燥させ、更に真空オーブンに移し、80℃の条件下で15時間かけて真空乾燥させ、絶乾させることによって合成高分子又は人工フィブロインからなるフィルム状の成形体（フィルム）を調製した。

[0481] 調製された各フィルムに対して引張試験を行うことで、弾性率、引張強度、破断伸度、及びタフネスを評価した。結果を表7に示す。表7には絶乾状態におけるフィルムの膜厚も併記した。表7に示す破断伸度は、比較例5で得られた結果を基準とする相対値で記した。

[0482]

[表7]

	膜厚 [μm]	弾性率	破断伸度	タフネス
実施例 7	26	73	1292	639
実施例 8	27	76	5400	2927
実施例 9	22	63	8520	3120
実施例 10	28	24	22332	7190
実施例 11	59	38	436	217
比較例 5	49	100	100	100

[0483] 表 7 に示されるとおり、実施例 7 ～ 11 で得られたフィルムは、比較例 5 で得られたフィルムと比べて、破断伸度が極めて大きく、且つ弾性率が低く抑制されていることがわかる。このことから、実施例 7 ～ 11 で得られたフィルムは柔軟性に十分に優れることが確認できる。くわえて、実施例 7 ～ 11 で得られたフィルムはタフネスも十分に優れたものとなっている。

[0484] 実施例 7 及び実施例 8 の結果から、一旦粉体として合成高分子を単離し再度溶解させてからフィルムを調製するよりも反応後の溶液から直接フィルムを成形することによって弾性率、破断伸度及びタフネスに優れるフィルムを調製できることが確認できた。実施例 8、実施例 10 及び実施例 11 の結果から、第二のセグメントを構成する柔軟さを調製することによって、得られるフィルムの柔軟性を調製することができ、第二のセグメントを長くすることによって、その傾向が顕著となることが確認された。

[0485] (実施例 12)

上述のようにして調製した配列番号 62 で示されるアミノ酸配列 (PRT 17) を有する人工フィブロイン (数平均分子量: 50000: 第一のセグメント) 2177mg と、数平均分子量 20000 のポリエチレングリコールビスマレイミド、(Biochempeg Scientific Inc. 製、H0022022-20K: 第二のセグメント) 823mg を塩化リチウムの濃度が 2M のジメチルスルホキシド溶液 (DMSO、キシダ化学株式会社製) 12000mg に溶解させた後、窒素下で、100℃で 4 時間攪拌しながら反応させることで、上記合成高分子が溶解したドープ液を調製

した。攪拌速度は100rpmに設定した。ドープ液中において、合成高分子：ジメチルスルホキシドが、20質量%：80質量%となるように混合比を調整した。得られたドープの100℃における粘度は、10900mPa・sであった。調製されたドープ液中の合成高分子は、人工フィブロイン（第一のセグメントに相当）の分子鎖末端に、ポリエチレングリコール鎖を有するN置換マレイミド（第二のセグメントに相当）が結合したブロックが複数繰り返された構造を有する。

[0486] 上記ドープ液を用いて、以下に示す条件で乾湿式紡糸することによって、繊維を調製した。100℃のドープ液をノズル（ノズル直径：0.1mm）からギアポンプによって窒素ガスと共に押出しし、第一凝固浴（第1浴）、第二凝固浴（第2浴）、及び延伸浴（第3浴）を通過させた後、60℃に設定した加熱式ローラーによって巻き取った。延伸浴での延伸倍率は8.5倍に設定した。第1浴は0℃のメタノール浴とし、第2浴は25℃のメタノール浴とし、第3浴は54℃の水浴とした。得られた繊維は十分な伸張性を有することを確認した。得られた繊維の外観を図15に示す。

[0487] <参考例1：構造タンパク質の疎水性評価（溶解性）>

改変フィブロイン（人工フィブロイン）、シルクフィブロイン（平均ハイドロパシー・インデックスの値：0.21）について、9M臭化リチウム水溶液への溶解性を評価した。シルクフィブロインとしては、KBセーレン社製の「シルクパウダー1M」を用い、改変フィブロインとしては、上述のようにして調製した配列番号62で示されるアミノ酸配列（PRT17）を有する改変フィブロイン（数平均分子量：50000）、及び上述のようにして調製した配列番号72で示されるアミノ酸配列（PRT27）を有する改変フィブロイン（数平均分子量：100000）を用いた。溶解性の評価は、具体的には、9M臭化リチウム水溶液にそれぞれシルクフィブロイン、改変フィブロインを所定量添加し、60℃で30分間攪拌した後の水溶液の外観を観察することによって、溶解性を評価した。結果を表7に示す。表7中、「A」は添加したフィブロインが完全に溶解し、設定した濃度の溶液を調

製できたことを示し、「B」はフィブロインの解け残りが観察されたことを示す。すなわち、改変フィブロインは60℃の9M臭化リチウム水溶液に対しても5質量%相当の量も溶解させることができない、疎水性の高いフィブロインであることが確認された。

[0488] [表8]

		フィブロイン濃度の設定値[質量%]								
		1	5	20	30	31	32	33	34	35
シルクフィブロイン		—	A	A	A	B	B	B	B	B
人工フィブロイン	PRT17	B	B	—	B	—	—	—	—	—
	PRT27	—	B	—	B	—	—	—	—	—

[0489] <参考例2：構造タンパク質の疎水性評価（耐熱水性）>

改変フィブロイン（人工フィブロイン）、シルクフィブロインについて、熱水耐性試験を行い、耐熱水性を評価した。シルクフィブロインとしては、KBセーレン社製の「シルクパウダーIM」を用い、改変フィブロインとしては、上述のようにして調製した配列番号62で示されるアミノ酸配列（PRT17）を有する改変フィブロイン（数平均分子量：50000）を用いた。フィブロインの含有量が5質量%となるように、ガラス容器にフィブロイン50mg、溶媒としてRO水を950mg加えて分散液を調製した。当該分散液を100℃で5時間攪拌した。5時間が経過したところで、遠心分離によって溶媒を除去した。溶媒を除去後アセトンで2回洗浄し、遠心分離によってアセトンを除去した。洗浄操作後、減圧乾燥を行うことによって処理粉末を得た。処理粉末に対するGPC測定によって、分解の程度を確認した。GPCの結果を図16に示す。図16から明らかなように、シルクフィブロインは処理前に比べて分子量の減少が確認され、改変フィブロインにはそのような分子量の減少が確認されなかった。この結果から、上記の改変フィブロインはRO水に対する親水性がシルクフィブロインよりも低かったためと推定される。換言すれば、上記改変フィブロインは疎水性が高いといえる。図16中、配列番号62で示されるアミノ酸配列（PRT17）を有する改変フィブロイン（数平均分子量：50000）の結果をPRT100と

記す。

[0490] <参考例3：構造タンパク質の疎水性評価（接触角）>

改変フィブロイン（人工フィブロイン）、シルクフィブロインについて、水に対する接触角の測定及び評価を行った。シルクフィブロインとしては、K Bセーレン社製の「シルクパウダー1M」を用い、改変フィブロインとしては、上述のようにして調製した配列番号62で示されるアミノ酸配列（P R T 1 7）を有する改変フィブロイン（数平均分子量：50000）、及び上述のようにして調製した配列番号72で示されるアミノ酸配列（P R T 2 7）を有する改変フィブロイン（数平均分子量：100000）を用いた。接触角の測定は、具体的にはまず、フィブロインの含有量が3質量%となるように、ガラス容器にフィブロイン30mg、溶媒としてジメチルスルホキシド970mgを加え、分散液を調製した。当該分散液を100℃で15分間攪拌してジメチルスルホキシド溶液を調製した。次に、スライドガラス上に、厚さ100 μ mのマスキングテープを貼り付けシムにして、上述のようにして調製したジメチルスルホキシド溶液をキャストし液膜を形成した。その後、スライドガラスごと、真空オーブン（東京理科危機社製、製品名：V O S - 2 1 0 C）内に移動、静置し、80℃で減圧乾燥を行うことでフィブロインのフィルム（膜）を形成した。当該フィルムに対して、2 μ LのRO水を滴下し、5秒間経過後の水の接触角を、接触角計（共和界面科学社製、製品名：D M s - 0 6 1）を用いて測定した。測定は各フィブロインに対して、6サンプルで行い、その平均値を評価に用いた。結果を表8及び図17に示す。表8に示すとおり、シルクフィブロインに比べて改変フィブロインは水の接触角が大きく、疎水性が高いことが確認された。図17中、シルクフィブロインの結果を左に示し、配列番号62で示されるアミノ酸配列（P R T 1 7）を有する改変フィブロインの結果を右に示し、配列番号72で示されるアミノ酸配列（P R T 2 7）を有する改変フィブロインの結果を中央に示す。

[0491]

[表9]

		水の接触角[°] (平均値)
シルクフィブロイン		54.9
人エフィブロイン	PRT17	70.0
	PRT27	72.4

[0492] <参考例4：ポリペプチド誘導体の構造評価>

下記2種類のキャストフィルム（ポリペプチド誘導体フィルム、改変フィブロイン+PEG混合体フィルム）を作製した。2種類のキャストフィルムの光学顕微鏡100倍観察結果と、走査型電子顕微鏡1000倍観察結果をそれぞれ図18及び図19に示す。

[0493] 図18(a)及び図18(b)はそれぞれポリペプチド誘導体フィルム及び改変フィブロイン+PEG混合体フィルムを100倍に拡大して示す光学顕微鏡写真である。図19(a)及び図19(b)はそれぞれポリペプチド誘導体フィルム及び改変フィブロイン+PEG混合体フィルムを1000倍に拡大して示す走査型電子顕微鏡写真である。

[0494] ポリペプチド誘導体とその原料である改変フィブロイン（PRT17、数平均分子量50000）のGPCチャートを図20に示す。

[0495] 図18～20より、ポリペプチド誘導体フィルムは顕微鏡観察では明確な相分離構造は確認されず、フィブロインとPEGが化学的に結合した結果、分子量の増加が見られたことが確認された。

[0496] （ポリペプチド誘導体フィルムの作製）

下記a), b)をジメチルスルホキシド(DMSO)0.92g(0.84mL)に投入後、窒素置換して100℃、300rpmで攪拌(15分)し、その後、室温で10分静置した。これにより、DMSO中でポリペプチド誘導体を合成して、ポリペプチド誘導体溶液（ポリペプチド誘導体濃度：8wt%）を調製した。

a) 改変フィブロイン（PRT17、数平均分子量50000）：58mg

b) m a l - P E G - m a l（数平均分子量20000）：22mg（バイ

オケムペグ社 H O O 2 2 0 2 2 - 2 0 K)

ステンレス板に張り付けた離型紙上に、ポリペプチド誘導体溶液を垂らした後、ドクターブレードでならして、幅80mm、厚さ400 μ mでキャストした。その後、キャストしたポリペプチド誘導体溶液を60℃の送風オーブンで30分乾燥した後、80℃で15時間、真空乾燥した。これにより、ポリペプチド誘導体フィルムを作製した。

[0497] (改変フィブロイン+PEG混合体フィルムの作製)

下記a), b)をジメチルスルホキシド(DMSO)0.92g(0.84mL)に投入して混合溶液を調整する他は、上記のポリペプチド誘導体フィルムと同じ方法で改変フィブロイン+PEG混合体フィルムを作製した。

a) 改変フィブロイン(PRT27、数平均分子量100000):58mg

b) PEG(数平均分子量20000):22mg(和光純薬工業株式会社)

産業上の利用可能性

[0498] 本開示によれば、柔軟性に優れる多孔質体を提供できる。本開示によれば、第一のセグメントに対して導入する第二のセグメントの選択によって、ポリペプチド誘導体の物性及び機能を調整することが可能である。ひいては、上記ポリペプチド誘導体を用いて調製される多孔質体の物性及び機能を調整し得る。

符号の説明

[0499] 2…金型、4…上側ピン、6…下側ピン、8a…サンプル、8b…成形体、10…加圧成形機。

請求の範囲

- [請求項1] ポリペプチド誘導体を含み、
 前記ポリペプチド誘導体が、ポリペプチド骨格を含む第一のセグメントと、
 前記第一のセグメントに結合する一又は複数の第二のセグメントと、
 を有するブロック共重合体を含み、
 前記ポリペプチド骨格が、組換えポリペプチド骨格であり、
 前記第二のセグメントが前記ポリペプチド骨格に対する可塑化機能を有する分子団を含む、多孔質体。
- [請求項2] ポリペプチド誘導体を含み、
 前記ポリペプチド誘導体が、ポリペプチド骨格を含む第一のセグメントと、
 前記第一のセグメントに結合する一又は複数の第二のセグメントと、
 を有するブロック共重合体を含み、
 前記ポリペプチド骨格が、疎水性ポリペプチド骨格であり、
 前記第二のセグメントが前記ポリペプチド骨格に対する可塑化機能を有する分子団を含む、多孔質体。
- [請求項3] 前記ポリペプチド骨格に対する可塑化機能を有する分子団の分子量が、前記ポリペプチド骨格の分子量を100としたときに、10以上である、請求項1又は2に記載の多孔質体。
- [請求項4] 前記ポリペプチド骨格に対する可塑化機能を有する分子団の分子量が、前記ポリペプチド骨格の分子量を100としたときに、100以下である、請求項3に記載の多孔質体。
- [請求項5] 前記第二のセグメントの合計の分子量が、前記第一のセグメントの分子量100を基準として、10以上である、請求項1又は2に記載の多孔質体。
- [請求項6] 前記第二のセグメントの合計の分子量が、前記第一のセグメントの分子量100を基準として、2000以下である、請求項5に記載の

多孔質体。

[請求項7] 前記ポリペプチド骨格に対する可塑化機能を有する分子団が、ポリエーテル、ポリエステル、又はポリカーボネートである、請求項1～6のいずれか一項に記載の多孔質体。

[請求項8] 前記ポリエーテルが、ポリエチレングリコールである、請求項7に記載の多孔質体。

[請求項9] 前記ポリペプチド骨格が疎水性組換えポリペプチド骨格である、請求項1～8のいずれか一項に記載の多孔質体。

[請求項10] 前記ポリペプチド骨格の平均ハイドロパシー・インデックスが0.22以上である、請求項1～9のいずれか一項に記載の多孔質体。

[請求項11] 前記ポリペプチド骨格が組換えタンパク質に由来する骨格を含む、請求項1～10のいずれか一項に記載の多孔質体。

[請求項12] 前記組換えタンパク質が組換え構造タンパク質を含む、請求項11に記載の多孔質体。

[請求項13] 前記組換え構造タンパク質が改変フィブロインを含む、請求項12に記載の多孔質体。

[請求項14] 前記改変フィブロインが改変クモ糸フィブロインを含む、請求項13に記載の多孔質体。

[請求項15] 前記第一のセグメントが前記ポリペプチド骨格中のチオール基、アミノ基及びヒドロキシ基からなる群より選択される少なくとも1種の官能基によって前記第二のセグメントと結合している、請求項1～14のいずれか一項に記載の多孔質体。

[請求項16] ポリペプチド誘導体及び溶媒を含む混合物をゲル化させる工程Aと、

ゲル化した前記混合物から前記溶媒を離脱させることにより、前記ポリペプチド誘導体を含む多孔質体を得る工程Bと、を含み、

前記ポリペプチド誘導体が、ポリペプチド骨格を含む第一のセグメントと、

前記第一のセグメントに結合する一又は複数の第二のセグメントと、
を有するブロック共重合体を含み、

前記ポリペプチド骨格が、組換えポリペプチド骨格であり、

前記第二のセグメントが前記ポリペプチド骨格に対する可塑化機能を有する分子団を含む、多孔質体を製造する方法。

[請求項17] ポリペプチド誘導体及び溶媒を含む混合物をゲル化させる工程 A と

、

ゲル化した前記混合物から前記溶媒を離脱させることにより、前記ポリペプチド誘導体を含む多孔質体を得る工程 B と、を含み、

前記ポリペプチド誘導体が、ポリペプチド骨格を含む第一のセグメントと、

前記第一のセグメントに結合する一又は複数の第二のセグメントと、
を有するブロック共重合体を含み、

前記ポリペプチド骨格が、疎水性ポリペプチド骨格であり、

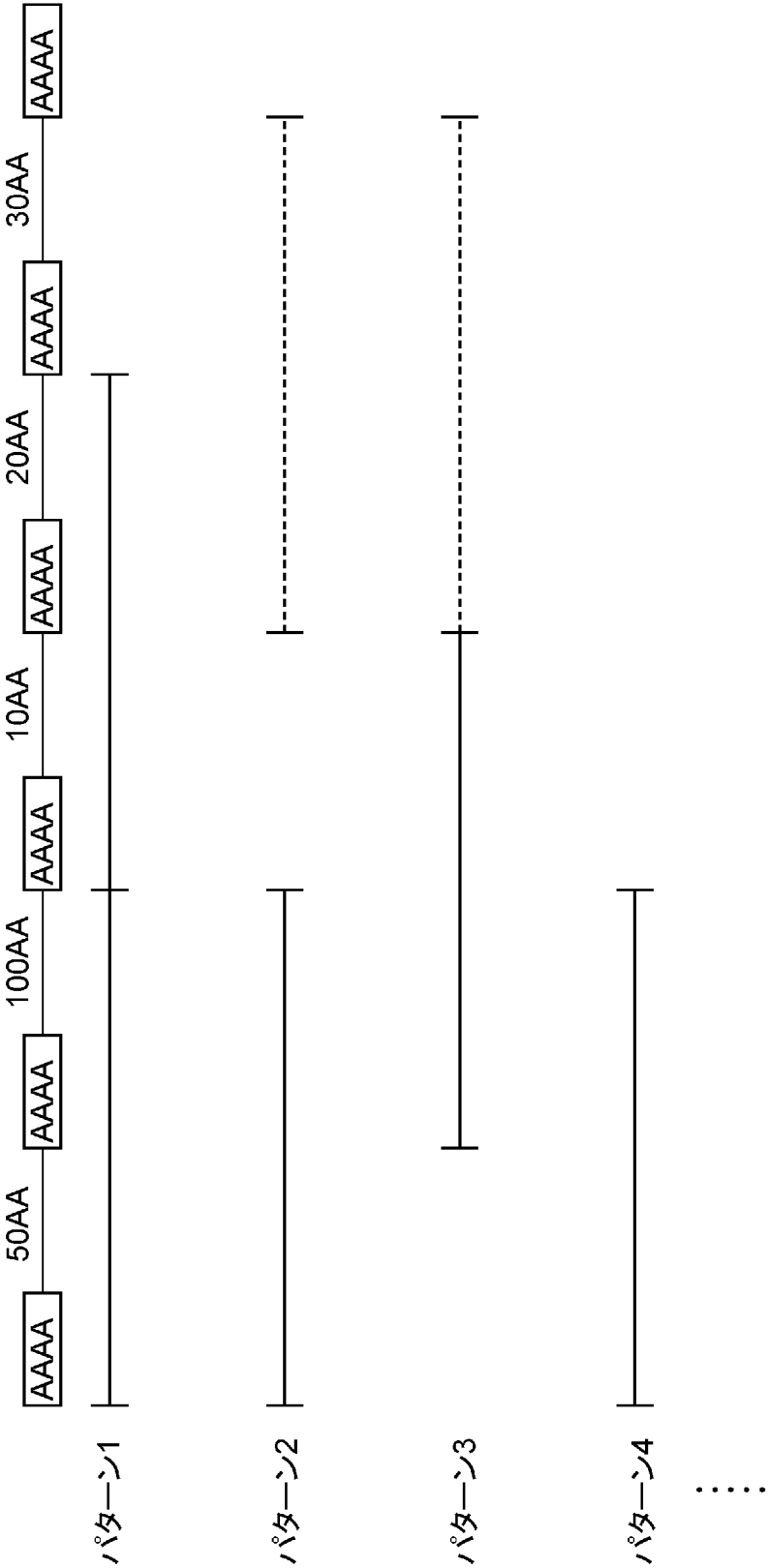
前記第二のセグメントが前記ポリペプチド骨格に対する可塑化機能を有する分子団を含む、多孔質体を製造する方法。

[請求項18] 前記工程 B において、ゲル化した前記混合物を凍結乾燥させることにより、ゲル化した前記混合物から前記溶媒を離脱させる、請求項 16 又は 17 に記載の多孔質体を製造する方法。

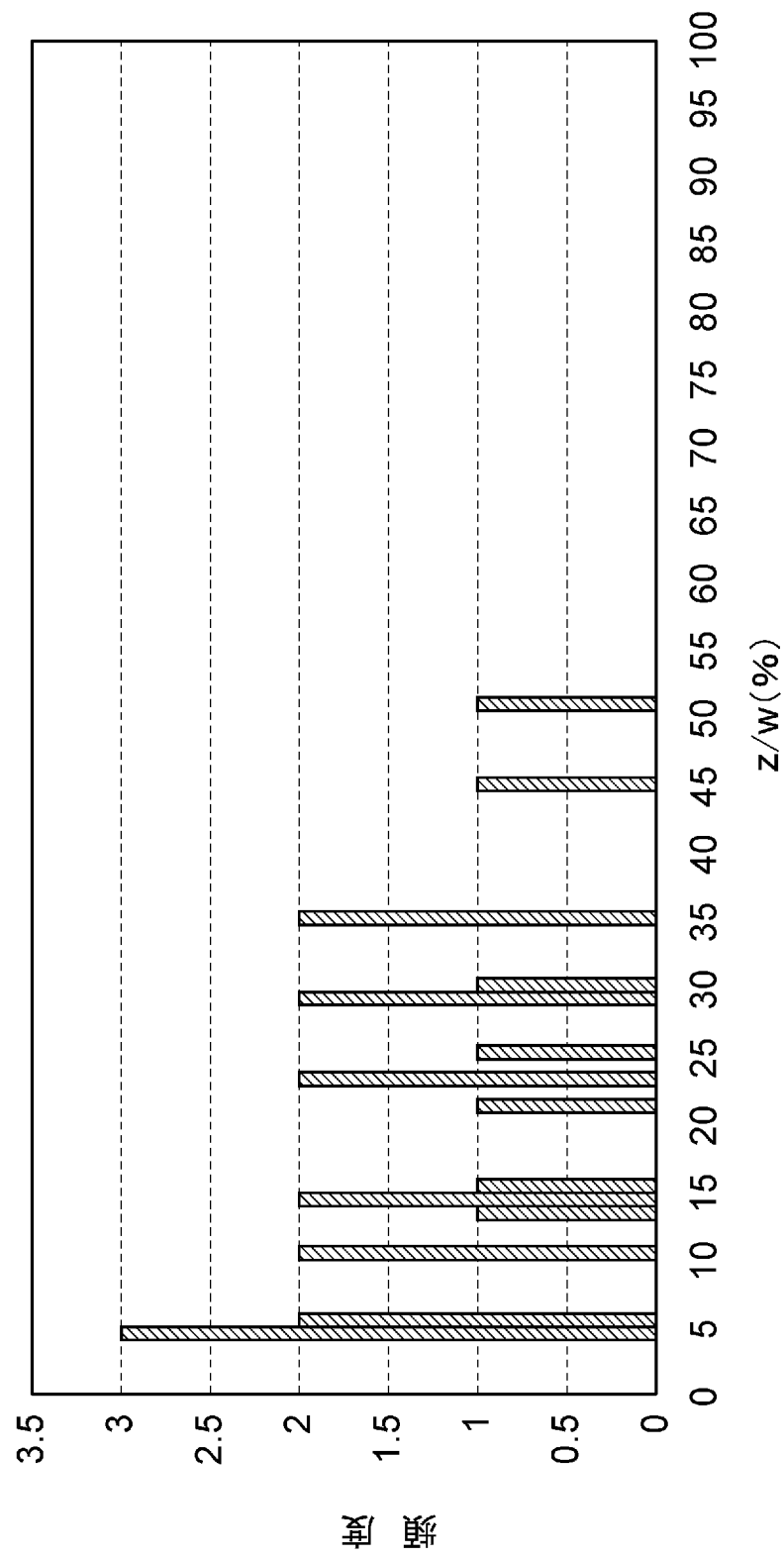
[請求項19] 前記溶媒が有機溶媒であり、

前記工程 B において、凍結乾燥させる前にゲル化した前記混合物中の前記溶媒を水に置換することを含む、請求項 18 に記載の多孔質体を製造する方法。

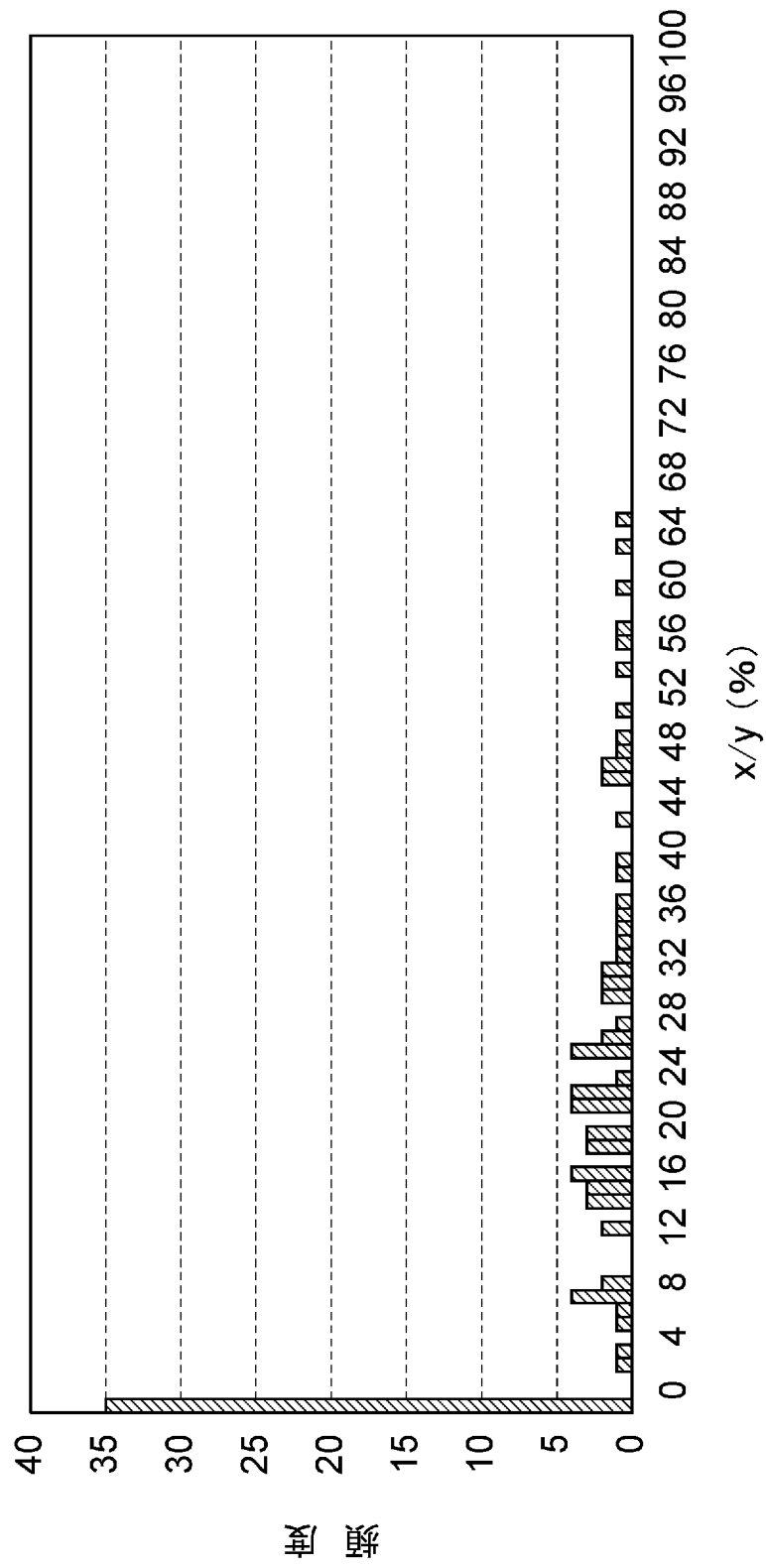
[図1]



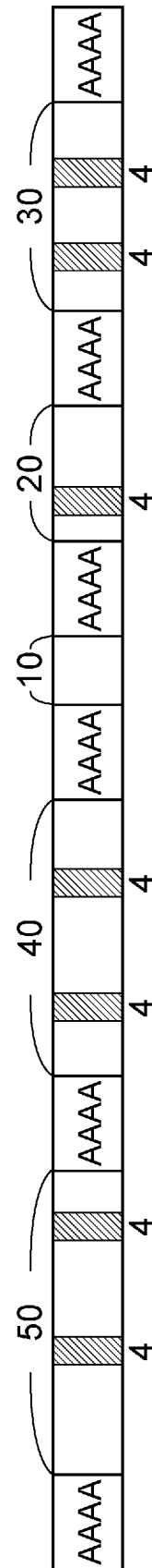
[図2]



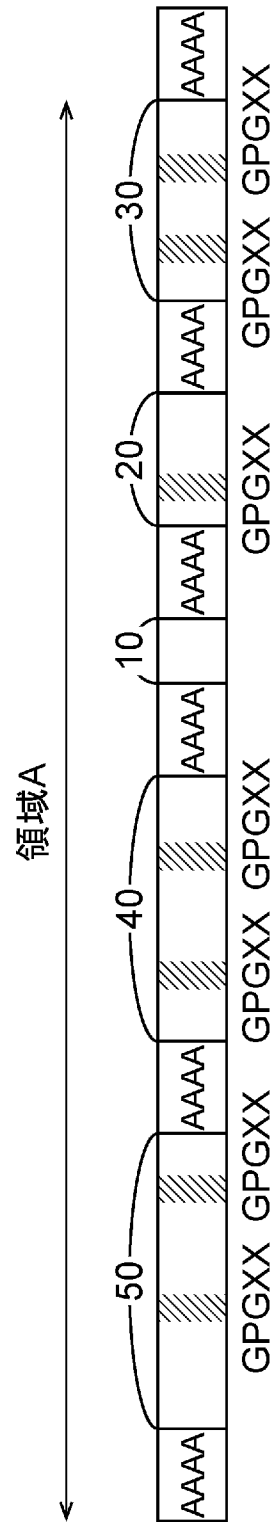
[図3]



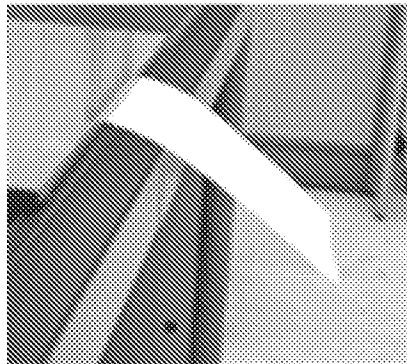
[図4]



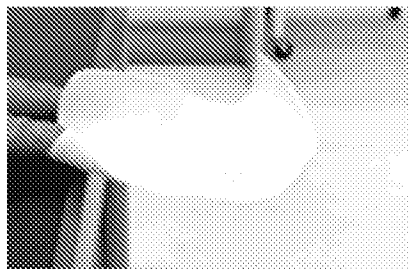
[図5]



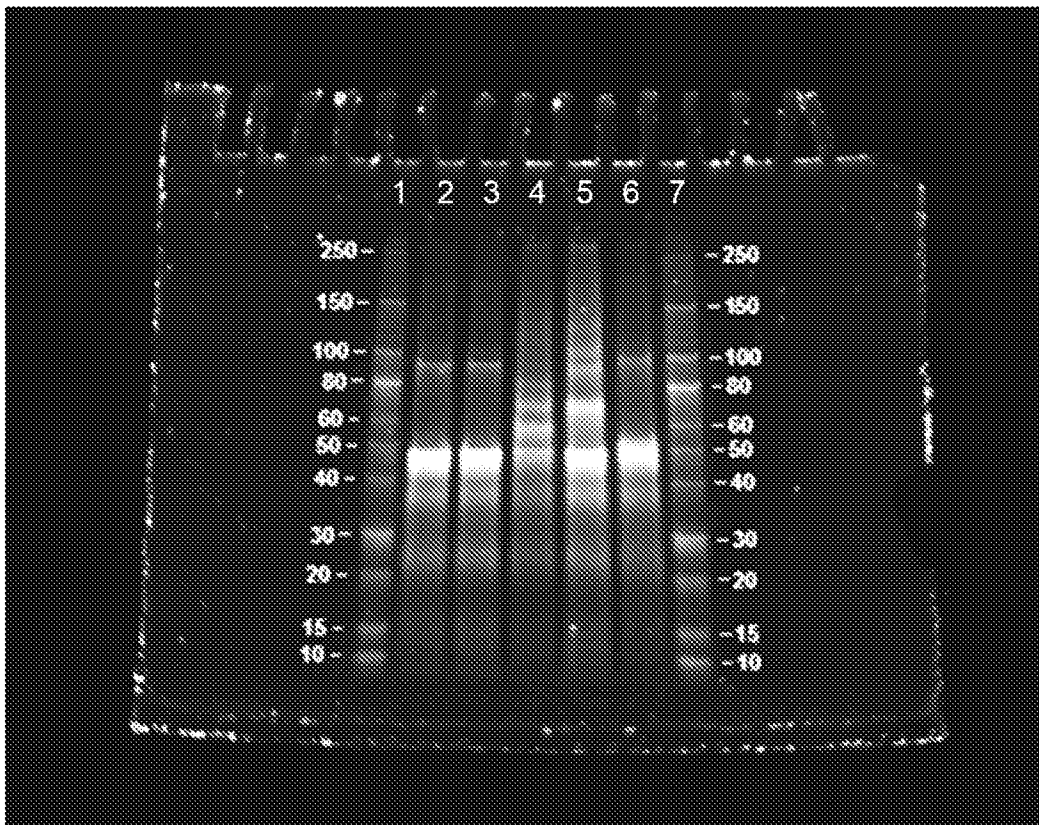
[図6]



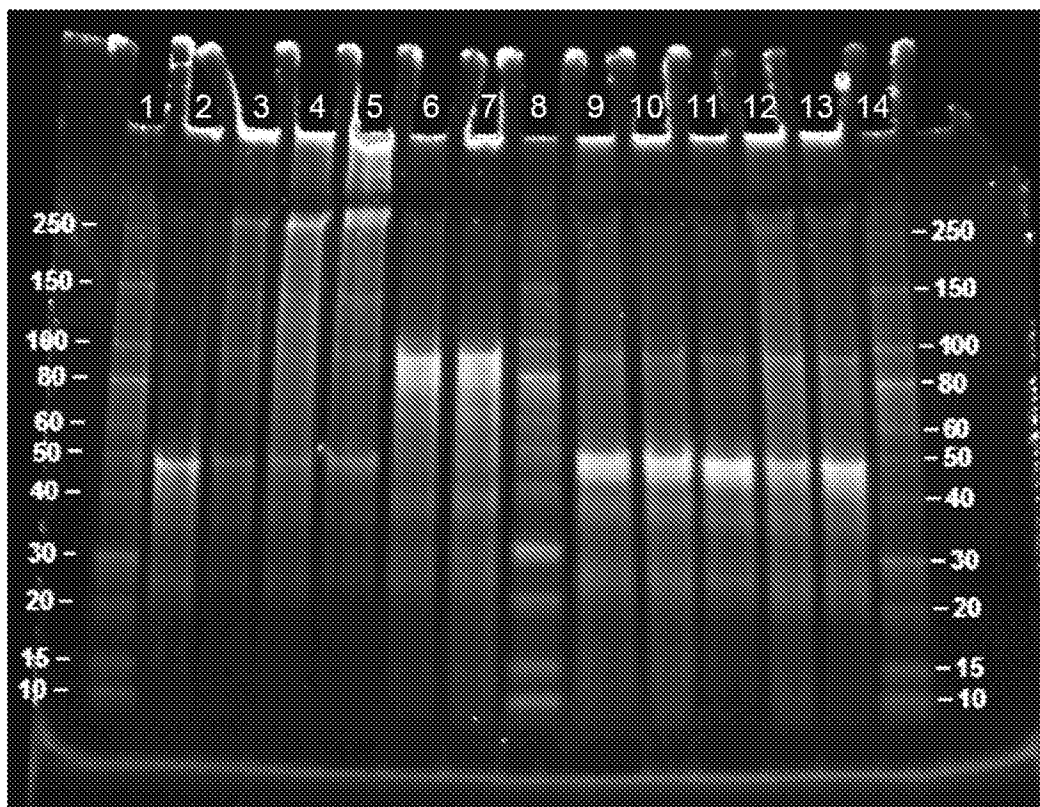
[図7]



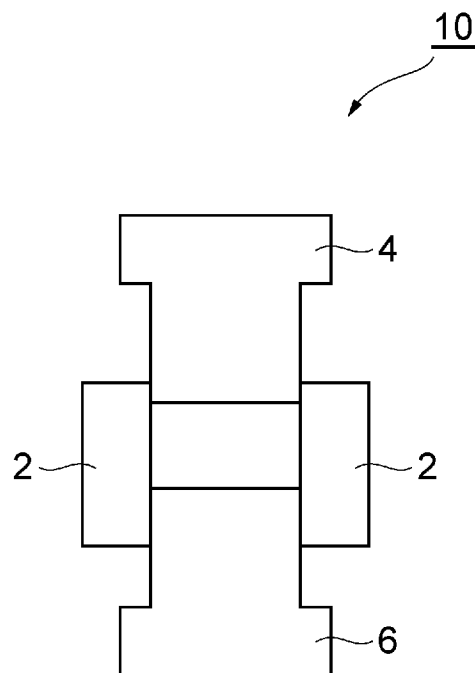
[図8]



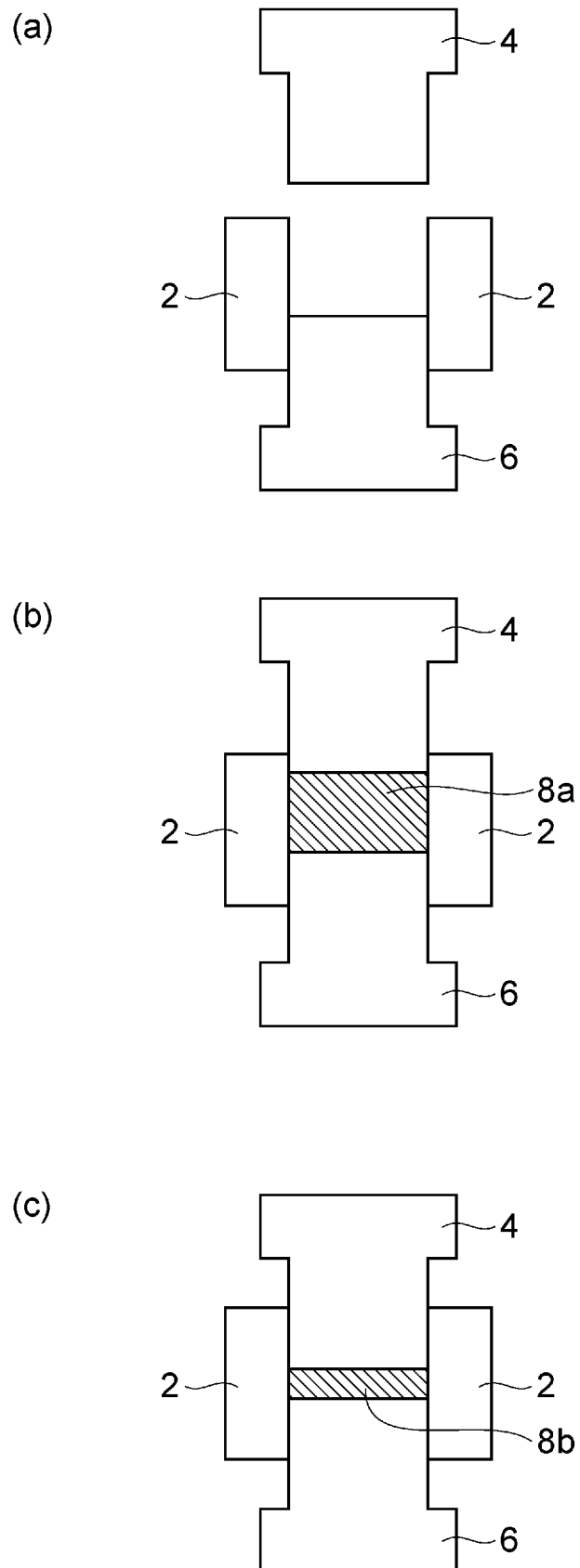
[図9]



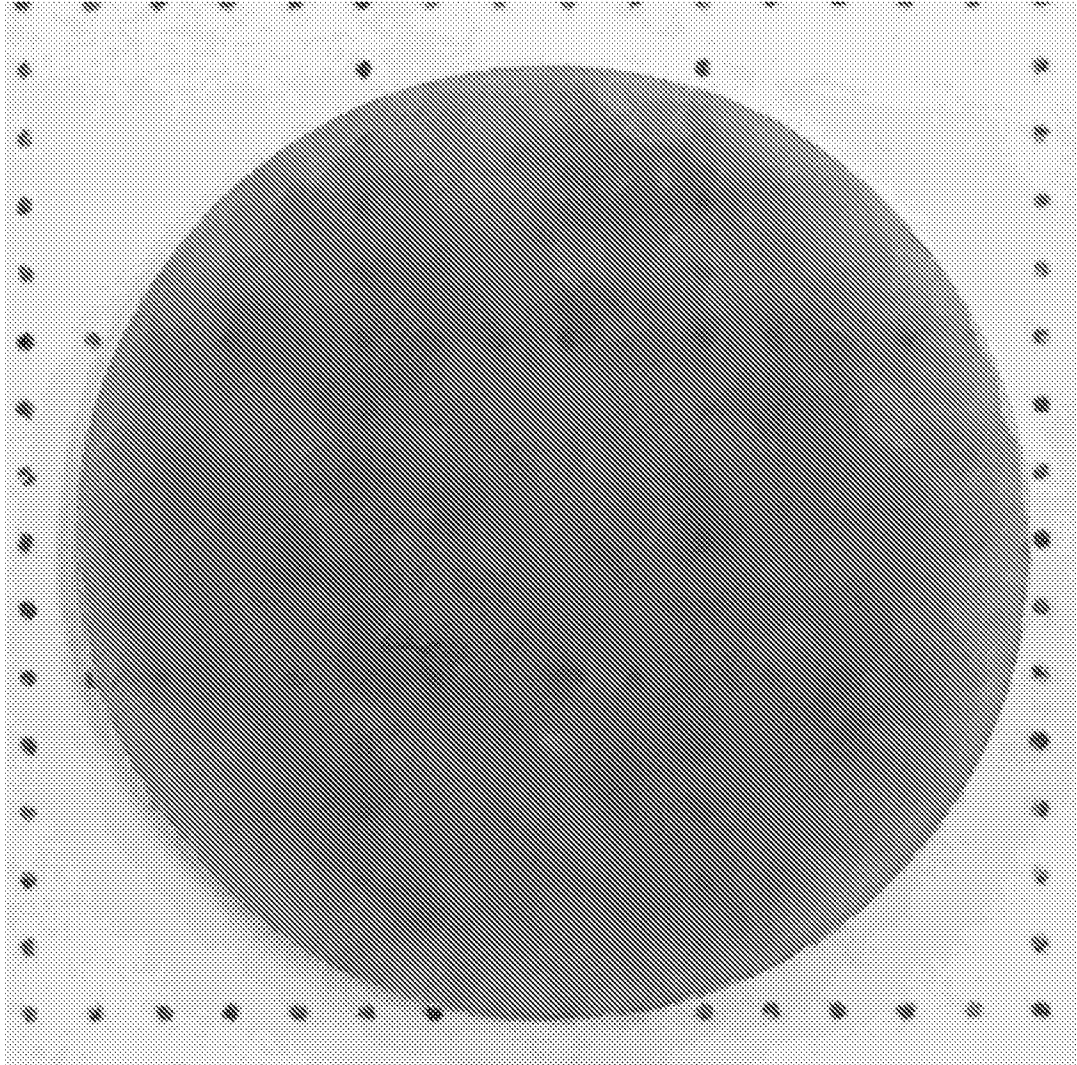
[図10]



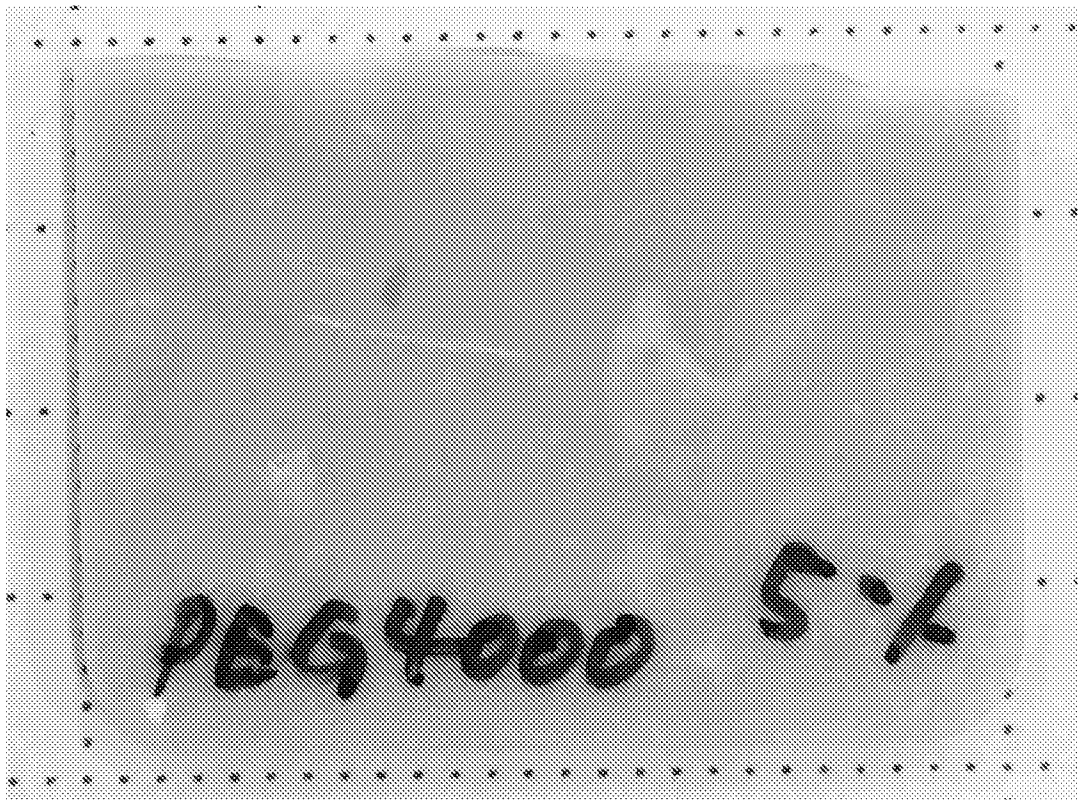
[図11]



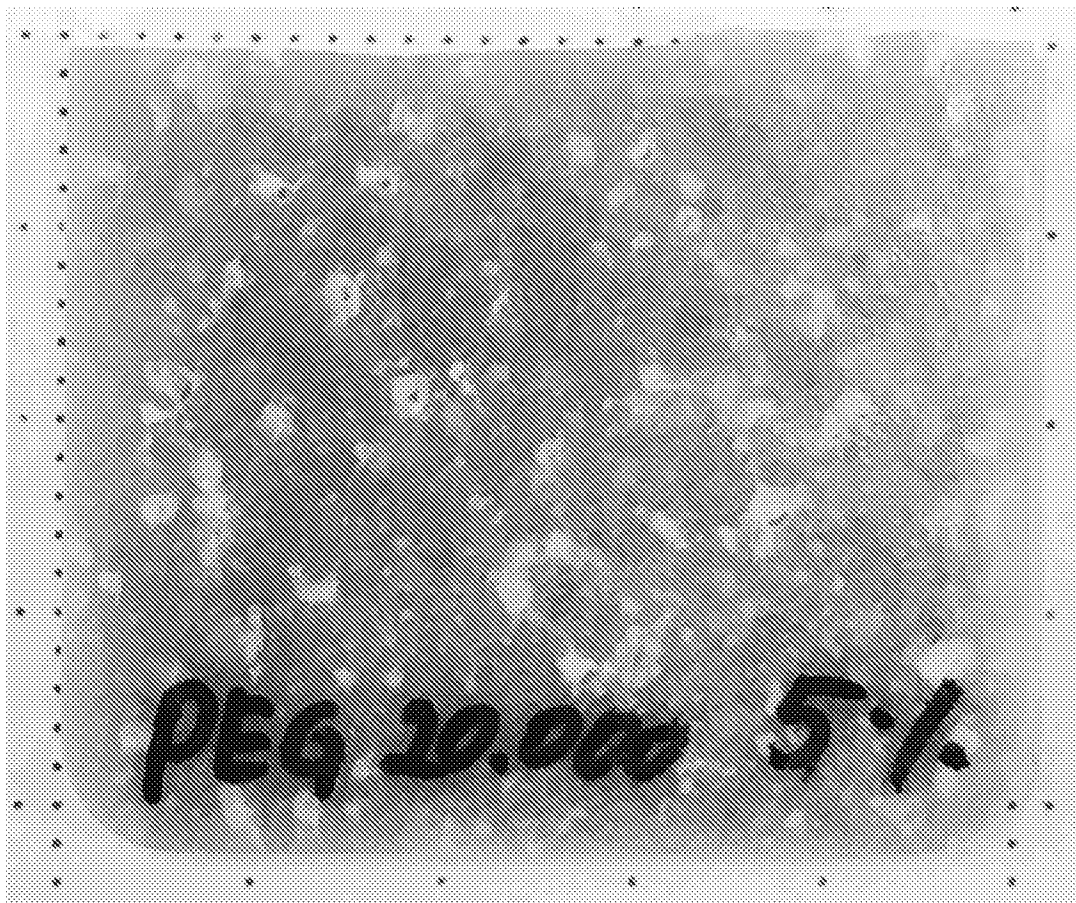
[図12]



[図13]



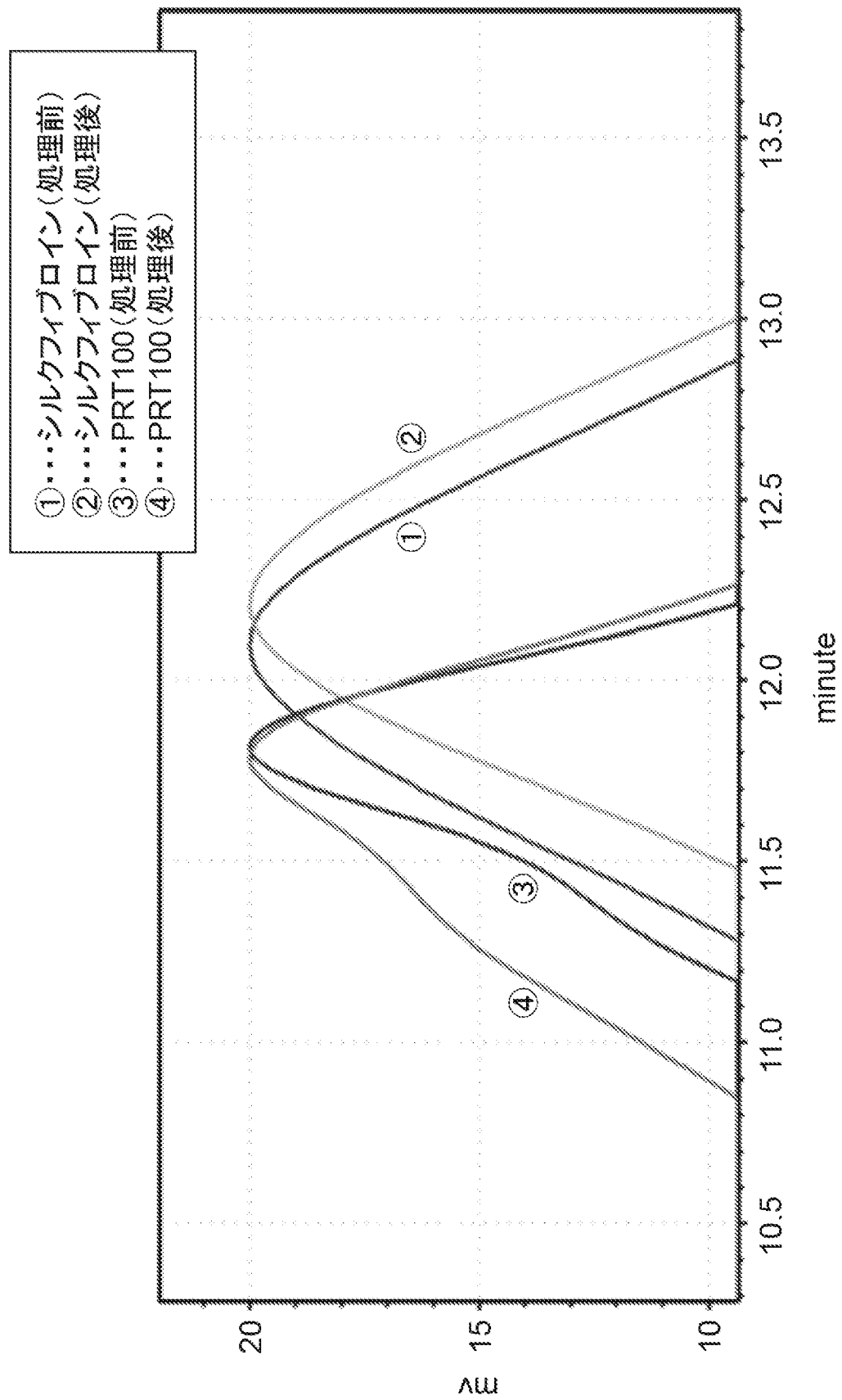
[図14]



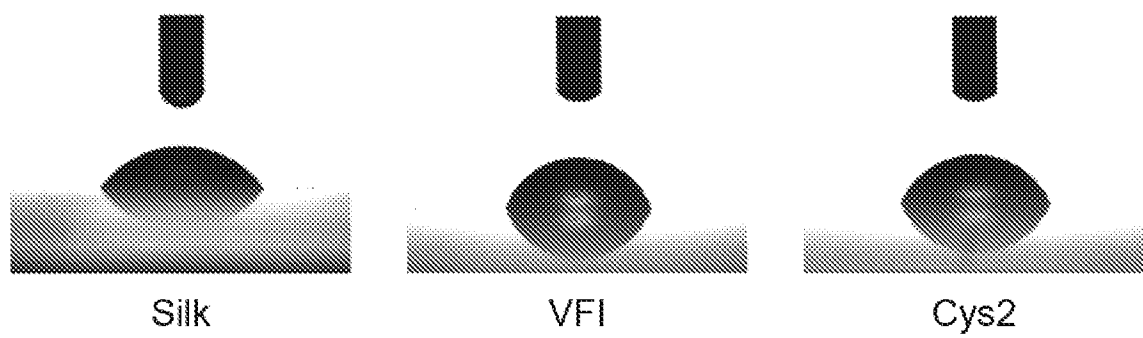
[図15]



[図16]

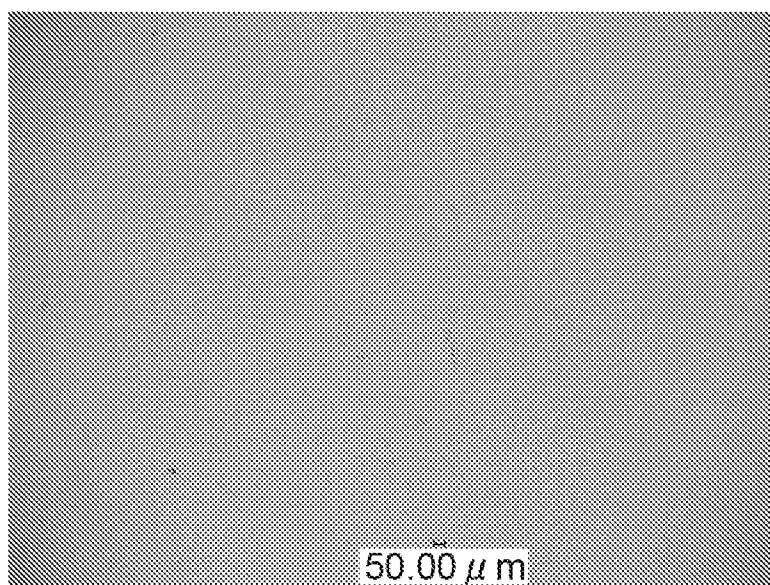


[図17]

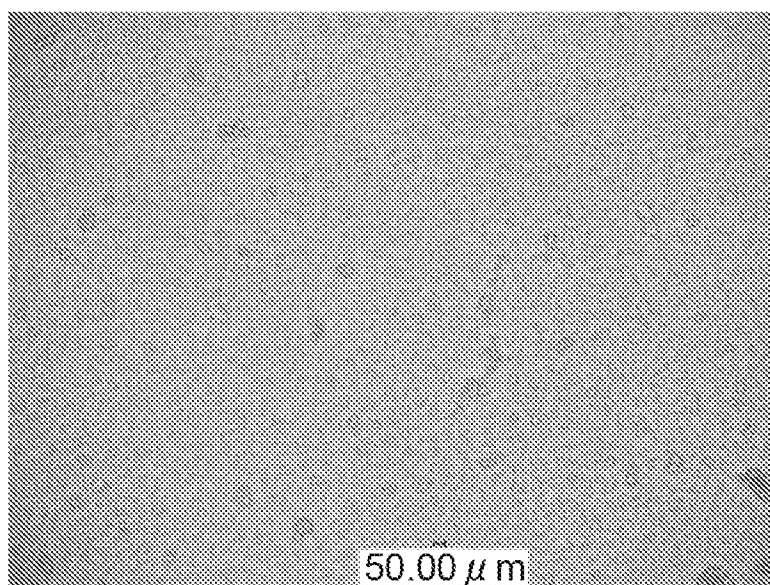


[図18]

(a)

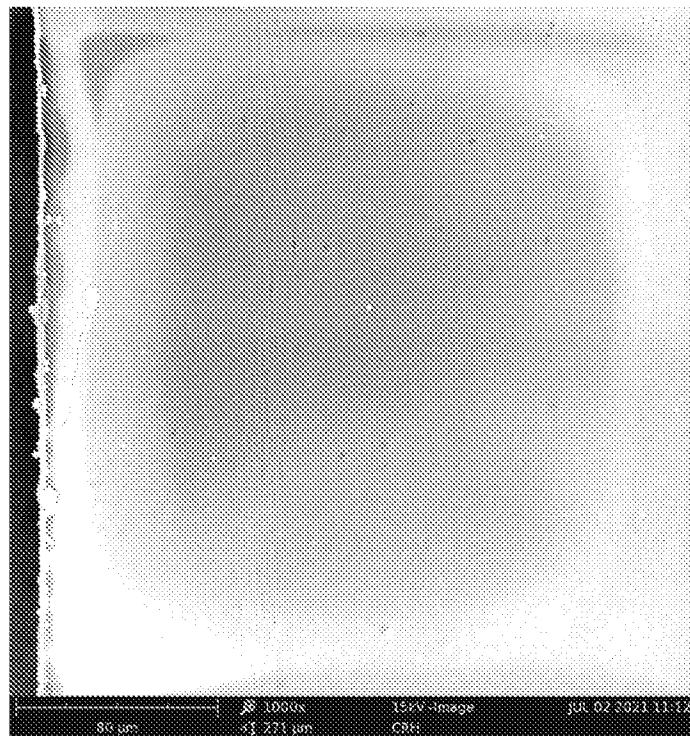


(b)

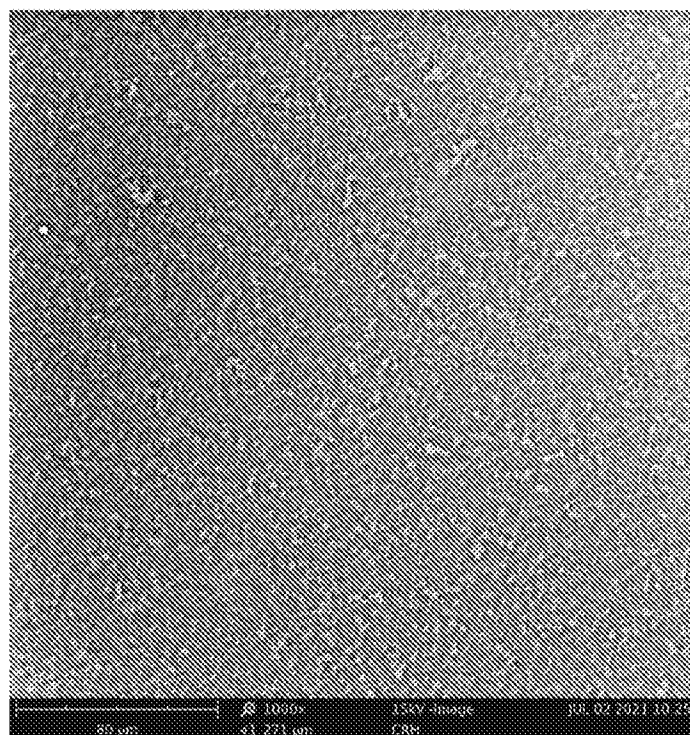


[図19]

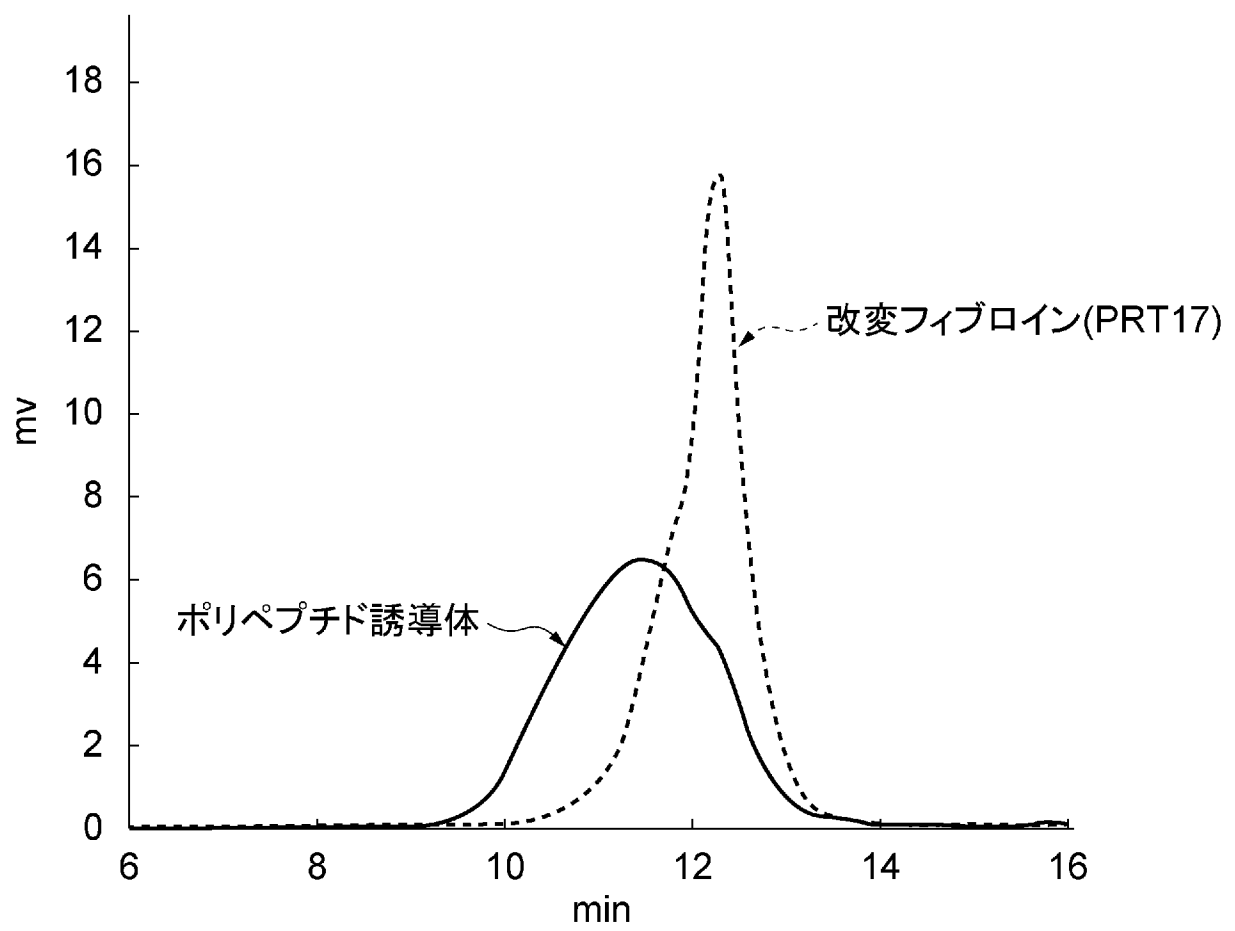
(a)



(b)



[図20]



INTERNATIONAL SEARCH REPORT

International application No.

PCT/JP2022/029659

A. CLASSIFICATION OF SUBJECT MATTER**C07K 14/435**(2006.01)i; **C08J 9/28**(2006.01)i; **C12N 15/12**(2006.01)i

FI: C07K14/435; C08J9/28; C12N15/12 ZNA

According to International Patent Classification (IPC) or to both national classification and IPC

B. FIELDS SEARCHED

Minimum documentation searched (classification system followed by classification symbols)

C07K14/435; C08J9/28; C12N15/12

Documentation searched other than minimum documentation to the extent that such documents are included in the fields searched

Published examined utility model applications of Japan 1922-1996
 Published unexamined utility model applications of Japan 1971-2022
 Registered utility model specifications of Japan 1996-2022
 Published registered utility model applications of Japan 1994-2022

Electronic data base consulted during the international search (name of data base and, where practicable, search terms used)

JSTPlus/JMEDPlus/JST7580 (JDreamIII); Cplus/MEDLINE/EMBASE/BIOSIS (STN)

C. DOCUMENTS CONSIDERED TO BE RELEVANT

Category*	Citation of document, with indication, where appropriate, of the relevant passages	Relevant to claim No.
X	WO 2020/198264 A1 (ENCODIA, INC.) 01 October 2020 (2020-10-01) claims 127-129, paragraphs [0039], [0056], [0249]	1-7, 9-12, 15
Y	WO 2014/175178 A1 (SPIBER INC.) 30 October 2014 (2014-10-30) claims 5, 6, 8, paragraphs [0019], [0022], [0031]	1-19
Y	JP 2006-275769 A (SUMITOMO BAKELITE CO LTD) 12 October 2006 (2006-10-12) claims 1, 7, paragraph [0015]	1-19
Y	JP 2014-064572 A (AGENCY FOR SCIENCE TECHNOLOGY & RESEARCH) 17 April 2014 (2014-04-17) claims 1-4	1-19
Y	JP 2019-187440 A (HANMI PHARM. CO., LTD.) 31 October 2019 (2019-10-31) claim 5	1-19
Y	WO 2017/188430 A1 (SPIBER INC.) 02 November 2017 (2017-11-02) claims 1, 6, paragraphs [0002], [0013]	1-19

☐ Further documents are listed in the continuation of Box C.☒ See patent family annex.

* Special categories of cited documents:

“A” document defining the general state of the art which is not considered to be of particular relevance

“E” earlier application or patent but published on or after the international filing date

“L” document which may throw doubts on priority claim(s) or which is cited to establish the publication date of another citation or other special reason (as specified)

“O” document referring to an oral disclosure, use, exhibition or other means

“P” document published prior to the international filing date but later than the priority date claimed

“T” later document published after the international filing date or priority date and not in conflict with the application but cited to understand the principle or theory underlying the invention

“X” document of particular relevance; the claimed invention cannot be considered novel or cannot be considered to involve an inventive step when the document is taken alone

“Y” document of particular relevance; the claimed invention cannot be considered to involve an inventive step when the document is combined with one or more other such documents, such combination being obvious to a person skilled in the art

“&” document member of the same patent family

Date of the actual completion of the international search

30 August 2022

Date of mailing of the international search report

20 September 2022

Name and mailing address of the ISA/JP

Japan Patent Office (ISA/JP)
 3-4-3 Kasumigaseki, Chiyoda-ku, Tokyo 100-8915
 Japan

Authorized officer

Telephone No.

INTERNATIONAL SEARCH REPORT

International application No.

PCT/JP2022/029659

Box No. I Nucleotide and/or amino acid sequence(s) (Continuation of item 1.c of the first sheet)

1. With regard to any nucleotide and/or amino acid sequence disclosed in the international application, the international search was carried out on the basis of a sequence listing:
- a. ☒ forming part of the international application as filed:
- ☒ in the form of an Annex C/ST.25 text file.
- ☐ on paper or in the form of an image file.
- b. ☐ furnished together with the international application under PCT Rule 13*ter*.1(a) for the purposes of international search only in the form of an Annex C/ST.25 text file.
- c. ☐ furnished subsequent to the international filing date for the purposes of international search only:
- ☐ in the form of an Annex C/ST.25 text file (Rule 13*ter*.1(a)).
- ☐ on paper or in the form of an image file (Rule 13*ter*.1(b) and Administrative Instructions, Section 713).
2. ☐ In addition, in the case that more than one version or copy of a sequence listing has been filed or furnished, the required statements that the information in the subsequent or additional copies is identical to that forming part of the application as filed or does not go beyond the application as filed, as appropriate, were furnished.

3. Additional comments:

The “form of an Annex C/ST.25 text file” is replaced with the “form of ST.26.”

INTERNATIONAL SEARCH REPORT
Information on patent family members

International application No.

PCT/JP2022/029659

Patent document cited in search report			Publication date (day/month/year)	Patent family member(s)	Publication date (day/month/year)
WO	2020/198264	A1	01 October 2020	JP 2022-526939 A claims 127-129, paragraphs [0036], [0053], [0235]	
WO	2014/175178	A1	30 October 2014	US 2015/0361144 A1 claims 5, 6, 8, paragraphs [0023], [0026]	
JP	2006-275769	A	12 October 2006	(Family: none)	
JP	2014-064572	A	17 April 2014	US 2011/0053783 A1 claims 1-4	
JP	2019-187440	A	31 October 2019	US 2016/0008483 A1 claim 5	
WO	2017/188430	A1	02 November 2017	US 2019/0135881 A1 claims 1, 6, paragraphs [0002], [0017]	

A. 発明の属する分野の分類（国際特許分類（IPC）） C07K 14/435(2006.01)i; C08J 9/28(2006.01)i; C12N 15/12(2006.01)i FI: C07K14/435; C08J9/28; C12N15/12 ZNA										
B. 調査を行った分野										
調査を行った最小限資料（国際特許分類（IPC）） C07K14/435; C08J9/28; C12N15/12										
最小限資料以外の資料で調査を行った分野に含まれるもの										
<table border="0"> <tr> <td>日本国実用新案公報</td> <td>1922-1996年</td> </tr> <tr> <td>日本国公開実用新案公報</td> <td>1971-2022年</td> </tr> <tr> <td>日本国実用新案登録公報</td> <td>1996-2022年</td> </tr> <tr> <td>日本国登録実用新案公報</td> <td>1994-2022年</td> </tr> </table>			日本国実用新案公報	1922-1996年	日本国公開実用新案公報	1971-2022年	日本国実用新案登録公報	1996-2022年	日本国登録実用新案公報	1994-2022年
日本国実用新案公報	1922-1996年									
日本国公開実用新案公報	1971-2022年									
日本国実用新案登録公報	1996-2022年									
日本国登録実用新案公報	1994-2022年									
国際調査で使用した電子データベース（データベースの名称、調査に使用した用語） JSTPlus/JMEDPlus/JST7580 (JDreamIII); Cplus/MEDLINE/EMBASE/BIOSIS (STN)										
C. 関連すると認められる文献										
引用文献の カテゴリー*	引用文献名 及び一部の箇所が関連するときは、その関連する箇所の表示	関連する 請求項の番号								
X	WO 2020/198264 A1 (ENCODIA, INC.) 01.10.2020 (2020-10-01) 請求項127-129、[0039]、[0056]、[0249]	1-7,9-12,15								
Y	WO 2014/175178 A1 (スパイバー株式会社) 30.10.2014 (2014-10-30) 請求項5、6、8、[0019]、[0022]、[0031]	1-19								
Y	JP 2006-275769 A (住友ベークライト株式会社) 12.10.2006 (2006-10-12) 請求項1、7、[0015]	1-19								
Y	JP 2014-064572 A (エイジェンシー・フォー・サイエンス、テクノロジー・アンド・リサーチ) 17.04.2014 (2014-04-17) 請求項1-4	1-19								
Y	JP 2019-187440 A (ハンミ ファーム、カンパニー リミテッド) 31.10.2019 (2019-10-31) 請求項5	1-19								
Y	WO 2017/188430 A1 (Spiber株式会社) 02.11.2017 (2017-11-02) 請求項1、6、[0002]、[0013]	1-19								
☐ C欄の続きにも文献が列挙されている。 ☒ パテントファミリーに関する別紙を参照。										
<table border="0"> <tr> <td> * 引用文献のカテゴリー “A” 特に関連のある文献ではなく、一般的な技術水準を示すもの “E” 国際出願日前の出願または特許であるが、国際出願日以後に公表されたもの “L” 優先権主張に疑義を提起する文献又は他の文献の発行日若しくは他の特別な理由を確立するために引用する文献（理由を付す） “O” 口頭による開示、使用、展示等に言及する文献 “P” 国際出願日前で、かつ優先権の主張の基礎となる出願の日の後に公表された文献 </td> <td> “T” 国際出願日又は優先日後に公表された文献であって出願と抵触するものではなく、発明の原理又は理論の理解のために引用するもの “X” 特に関連のある文献であって、当該文献のみで発明の新規性又は進歩性がないと考えられるもの “Y” 特に関連のある文献であって、当該文献と他の1以上の文献との、当業者にとって自明である組合せによって進歩性がないと考えられるもの “&” 同一パテントファミリー文献 </td> </tr> </table>			* 引用文献のカテゴリー “A” 特に関連のある文献ではなく、一般的な技術水準を示すもの “E” 国際出願日前の出願または特許であるが、国際出願日以後に公表されたもの “L” 優先権主張に疑義を提起する文献又は他の文献の発行日若しくは他の特別な理由を確立するために引用する文献（理由を付す） “O” 口頭による開示、使用、展示等に言及する文献 “P” 国際出願日前で、かつ優先権の主張の基礎となる出願の日の後に公表された文献	“T” 国際出願日又は優先日後に公表された文献であって出願と抵触するものではなく、発明の原理又は理論の理解のために引用するもの “X” 特に関連のある文献であって、当該文献のみで発明の新規性又は進歩性がないと考えられるもの “Y” 特に関連のある文献であって、当該文献と他の1以上の文献との、当業者にとって自明である組合せによって進歩性がないと考えられるもの “&” 同一パテントファミリー文献						
* 引用文献のカテゴリー “A” 特に関連のある文献ではなく、一般的な技術水準を示すもの “E” 国際出願日前の出願または特許であるが、国際出願日以後に公表されたもの “L” 優先権主張に疑義を提起する文献又は他の文献の発行日若しくは他の特別な理由を確立するために引用する文献（理由を付す） “O” 口頭による開示、使用、展示等に言及する文献 “P” 国際出願日前で、かつ優先権の主張の基礎となる出願の日の後に公表された文献	“T” 国際出願日又は優先日後に公表された文献であって出願と抵触するものではなく、発明の原理又は理論の理解のために引用するもの “X” 特に関連のある文献であって、当該文献のみで発明の新規性又は進歩性がないと考えられるもの “Y” 特に関連のある文献であって、当該文献と他の1以上の文献との、当業者にとって自明である組合せによって進歩性がないと考えられるもの “&” 同一パテントファミリー文献									
国際調査を完了した日 30.08.2022		国際調査報告の発送日 20.09.2022								
名称及びあて先 日本国特許庁(ISA/JP) 〒100-8915 日本国 東京都千代田区霞が関三丁目4番3号		権限のある職員（特許庁審査官） 長谷川 強 4B 1783 電話番号 03-3581-1101 内線 3446								

第 I 欄 ヌクレオチド又はアミノ酸配列（第 1 ページの 1. c の続き）

1. この国際出願で開示されたヌクレオチド又はアミノ酸配列に関して、以下の配列表に基づき国際調査を行った。

- a. ☒ 出願時における国際出願の一部を構成する配列表
 ☒ 附属書C/ST.25テキストファイル形式
 ☐ 紙形式又はイメージファイル形式
- b. ☐ 国際出願とともに、PCT規則13の3.1(a)に基づき国際調査のためにのみ提出された、附属書C/ST.25テキストファイル形式の配列表
- c. ☐ 国際出願日後に、国際調査のためにのみ提出された配列表
 ☐ 附属書C/ST.25テキストファイル形式(PCT規則13の3.1(a))
 ☐ 紙形式又はイメージファイル形式(PCT規則13の3.1(b)及びPCT実施細則第713号)

2. ☐ さらに、複数の版の配列表又は配列表の写しが提出され、変更後の配列表又は追加の写しに記載された情報が、出願時における配列表と同一である旨、又は出願時における国際出願の開示の範囲を超えない旨の陳述書の提出があった。

3. 補足意見:

上記「附属書 C/ST.25テキストファイル形式」は「ST.26形式」と読み替える。

国際調査報告
 パテントファミリーに関する情報

国際出願番号

PCT/JP2022/029659

引用文献			公表日	パテントファミリー文献	公表日
WO	2020/198264	A1	01.10.2020	JP 2022-526939 A 請求項 1 2 7 - 1 2 9、 [0 0 3 6]、[0 0 5 3]、[0 2 3 5]	
WO	2014/175178	A1	30.10.2014	US 2015/0361144 A1 請求項 5、6、8、[0 0 2 3]、[0 0 2 6]	
JP	2006-275769	A	12.10.2006	(ファミリーなし)	
JP	2014-064572	A	17.04.2014	US 2011/0053783 A1 請求項 1 - 4	
JP	2019-187440	A	31.10.2019	US 2016/0008483 A1 請求項 5	
WO	2017/188430	A1	02.11.2017	US 2019/0135881 A1 請求項 1、6、[0 0 0 2]、[0 0 1 7]	