

Anthropic 「How Claude is accelerating protein design and analytical chemistry」 徹底調査報告書

エグゼクティブサマリ

本調査の最重要な前提は、アップロードされた対象資料は、通常の意味での「査読済み学術論文」ではなく、Anthropicが2026年8月18日に公開したScience系の企業研究記事をPDF化した資料である、という点である。アップロード済みの英語版・日本語表示版はいずれも同一内容を基礎とし、本文からは個人著者、ジャーナル名、DOI、独立査読プロセスは確認できない。一方で、タンパク質設計についてはAdaptiv BioとTwist Bioscienceによる外部wet-lab検証が行われており、単なるシミュレーション結果より証拠価値は高い。ただし、これは査読とは異なる。[filecite:turn0file0](#) [filecite:turn0file1](#)

科学的な核心は、「Claudeそのものが新しいタンパク質生成アルゴリズムになった」というより、Claudeが既存の専門タンパク質設計・構造予測モデル群を自律的に選択・連携・反復し、実験候補を絞り込む“研究エージェント”として機能した点にある。Claude Opus 4.8とMythos Previewは、評価対象15ターゲット中14ターゲットで結合タンパク質を得て、合計1,320設計から354のbinderを得た。multi-target条件で22.6%および26.7%、Mythosのsingle-target条件で35.1%のhit rateを報告し、高親和性binderを少なくとも6ターゲットで得たとしている。[filecite:turn0file1](#)

もっとも、「今日の一般的な10～15%より大幅に高い」という記事の表現は慎重に読む必要がある。査読済みNature論文ではRfDiffusionが実験成功率19%を報告している一方、2025年のBindCraftは12ターゲットで10～100%、平均46.3%を報告している。したがって、Claudeの22.6～35.1%をタンパク質binder設計一般のstate of the art超越と評価することはできない。むしろ本成果の強さは、複数ターゲット・複数専門モデル・長時間計算を少ない人間介入で統合したエージェント型R&Dプロセスの自動化にある。 ¹

分析化学側では、Claude Opus 5が契約ラボからの生のNMRとLC-MSファイルを、ベンダー専用ソフトなしで処理し、それぞれ23分・19分で結果を返した。NMRの水素数はラボ結果と0.08 ¹H以内、LC-MS純度はClaude 96.4%、ラボ96.33%であった。LC-MSでは未文書化のベンダーバイナリを解析して2,664スキャンを再構成し、クロマトグラム、質量スペクトル、純度表、分子量、再利用可能コードまで生成している。反面、NMRについて最初の解析で「4ピークすべて消失」と誤判定した後、自己チェックで2ピークだけと訂正しており、自律分析の有用性と同時に、検証機構が必須であることを示す事例でもある。

[filecite:turn0file1](#)

知財上は、科学成果そのものの以上に重大な示唆がある。特に重要なのは以下である。

知財論点	現時点の評価	緊急度	根拠
公開による新規性喪失	非常に高いリスク。8月18日以前に未出願で、公開データに配列・構造・機能が十分開示されていれば、欧州等で権利化余地を直ちに失う可能性	最優先	EPCでは出願前に公衆利用可能となった情報が原則先行技術。 ²

知財論点	現時点の評価	緊急度	根拠
AI利用時の発明者認定	高リスク 。Claudeが標的部位選択、構造・配列生成、最適化を自律実行したため、人間の「着想」をclaim単位で立証できる記録が必要	最優先	米USPTOは2025年改訂指針でAIは道具であり、発明者は自然人のみと明示。 ³
binder配列のFTO	高リスク、ただし未確認	高	PD-L1、TrkA等について既存の配列類似性を含む特許クレームが存在。 ⁴
AI設計工程のFTO	中～高	高	DeepMind等が構造予測MLによる候補binder選択を具体的にクレーム化。 ⁵
契約・成果帰属	高、未確認	高	Adaptyv Bio、Twist Bioscienceとの契約上のforeground IP、改良発明、実験データ帰属は本文に未指定。 filecite turn0file1
未公開出願の存在	未確認	高	PCT・多くの米国出願は原則優先日から約18か月まで非公開であり、現在検索できない出願が存在し得る。 ⁶
学術的引用	未確認	低（現時点）	公開から約1日しか経過しておらず、主要学術索引で対象記事の引用レコードを本調査では確認できなかった。

したがって、知財部門に対する最大の提言は、「研究完了後に知財部へ相談する」という従来フローを廃止し、AIエージェントの実行中から発明抽出・発明者証拠化・FTO・公開制御を並走させることである。Claudeの例では、人間が数週間～数か月かけていた設計作業が48時間単位に圧縮されており、従来の月次発明発掘会議では知財判断が研究速度に追いつかない。[filecite](#)[turn0file1](#)

調査範囲の期間はユーザー指定が「未指定」のため、関連科学・特許について原則2016～2026年を視野に入れつつ、主要な先端研究・公開特許は2021～2026年を重点調査した。予算・時間制約は「未指定」。SNSについては公開Web索引を用いたが、X等の公式APIによる全量取得は未確認／未実施であり、SNS感情分析を統計的なものとして扱っていない。

対象資料・メタデータと調査範囲

アップロードされた英語資料と日本語資料を照合すると、対象はAnthropicの「How Claude is accelerating protein design and analytical chemistry」であり、2026年8月18日付である。本文末尾にはAnthropic PBCの表記、関連コンテンツ、Science購読フォーム等があり、ジャーナルPDFではなくWeb記事の印刷・PDF保存物であることが分かる。本文はさらに「protein design technical report」「chemical analysis technical report」「prompts and data」へのリンクを案内しているが、それらは本記事とは別資料である。

[filecite](#)[turn0file0](#) [filecite](#)[turn0file1](#)

メタデータ項目	確認結果	評価
タイトル	How Claude is accelerating protein design and analytical chemistry	確認済み。 filecite turn0file0
公開日	2026年8月18日	確認済み。 filecite turn0file1
発行主体	Anthropic / Anthropic PBC	確認済み。 filecite turn0file1
個人著者	未指定	本文上、個人著者名を確認できない。Anthropic組織発信として扱うべき。
著者所属	個人著者が未指定のため 未指定 。発行主体はAnthropic	Adaptiv Bio、Twist Bioscienceは外部検証機関であり著者所属とは認定できない。 filecite turn0file1
外部実験機関	Adaptiv Bio、Twist Bioscience	Claudeの設計を独立に作製・試験したと記事が説明。 filecite turn0file1
資金提供	未指定	独立したFunding Statementはアップロード記事内で確認できない。
ジャーナル	該当なし	企業研究記事であり、学術ジャーナル掲載物ではない。
DOI	記事自体は 該当なし／未確認	本文からDOIは確認できない。リンク先technical reportのDOIは 未確認 。
査読	査読済みであることは未確認	外部wet-lab validationはあるが、journal peer reviewとは異なる。
元記事URL	未確認	PDFから元ページURLを確実に復元できず、検索インデックスにも2026年8月19日時点で完全な該当ページが現れなかった。
技術報告・生データ	リンクの存在は確認、リンク先内容は本PDFのみからは 未確認	配列公開範囲が特許性判断上きわめて重要。 filecite turn0file1

なお、Anthropicは2026年6月9日のFable 5 / Mythos 5発表時点ですでに、Mythos 5のタンパク質設計実験について「14ターゲット中9ターゲットに有望なdrug-design candidate」と説明し、人間なしでbinding site選択、専門ツール選択、失敗からの回復まで実行したとしていた。8月18日の対象記事は、この研究システムのより詳細な開示である可能性が高いが、両者が完全に同一実験セットであるかは**未確認**である。 ⁷

またAnthropicは6月30日にClaude Scienceを公開し、60以上の科学向けskills/connectors、構造生物学・cheminformatics等のツール、GPU/HPCへの計算投入、reviewer agentによる引用・計算チェックを統合した研究環境として提供している。対象記事の実験は、この「一般LLM＋専門科学モデル＋計算資源＋外部wet lab」という垂直統合構想の具体的な実証例と位置付けられる。 ⁸

内容精査と科学的評価

タンパク質設計実験の目的は、創業初期工程で専門家が数週間～数か月を要するde novo minibinder設計を、汎用推論モデルClaudeがどこまでend-to-endで自律化できるかを評価することにある。計16ターゲットが選定されたが、mature GDF-8は凝集・非特異的結合のため実験結果が不明瞭で、主要結果は15ターゲット

について提示された。Claudeはターゲット上の設計部位を決め、候補構造・配列を生成し、structure-design、sequence-design、co-foldingモデルを組み合わせ、複数回in silico最適化し、発現性・溶解性・結合可能性をスクリーニングした。🔗🔗filecite🔗turn0file1🔗

multi-targetキャンペーンでは48時間のセッションと最大12,500 NVIDIA H100 GPU-hours、Mythos Previewのsingle-targetでは24時間、ターゲット当たり最大2,500 H100 GPU-hoursが与えられた。約3万tokenの設計prompt、インターネット、論文、Google Drive、Slack、Gmail、BioRxivへのconnector、専門GPUモデル群を利用し、開始後の人間介入はアクセス承認、インフラ監視、実験発注等に限定したとされる。これは「AIがゼロから物理学的原理を発見した」という実験ではなく、**AIが既存の科学ツールチェーンを自律運用する能力を測った実験**と読むべきである。🔗🔗filecite🔗turn0file1🔗

最終的に1,320設計から354 binder、15ターゲット中14ターゲットで結合成功が報告された。multi-targetではMythos Preview 26.7%、Opus 4.8 22.6%、single-targetのMythos Previewでは35.1%のhit rateだった。高親和性は記事の定義で $K_D < 10$ nMであり、少なくとも6ターゲットでこれを達成、少なくとも4ターゲットで報告済み最高親和性と同等以上とされる。🔗🔗filecite🔗turn0file1🔗

特にRBX1では、Mythos Preview single-targetが40%のhit rateを示し、Adaptyv Bio競技参加者の3.7%を大きく上回ったと報告される。TNFαでは、Mythos PreviewではなくOpus 4.8が成功し、human・cynomolgus monkey・mouse TNFαに交差反応するbinderも得た。さらに6ターゲットで、20%以上のβ-strandを含む15の確認binder、10種類のbackboneが得られた。一方、BBF-14ではsub-micromolar〜micromolar程度の限定的成功、MBPでは90設計中、結合確認binderはゼロであった。したがって、ターゲット依存性は非常に大きい。🔗🔗filecite🔗turn0file1🔗

図表は結果の解釈に重要である。

PDF 位置	図表の意味	知財・研究上の読み方
4頁	15ターゲットのhit rate。ターゲットによりほぼ0%から約90%まで大幅に変動	平均hit rateだけで能力を判断すべきでなく、ターゲット別データが重要。🔗🔗filecite🔗turn0file1🔗
6頁	structure design → sequence design → in silico optimizationのSankeyと手法別hit rate	Claudeの発明性候補は単独モデルより モデル選択・組合せ・反復戦略 に存在する可能性。 🔗🔗filecite🔗turn0file1🔗
7頁	RBX1の競技デザインとのwet-lab比較	本記事中でも比較的強い外部ベンチマーク。 🔗🔗filecite🔗turn0file1🔗
8頁	TNFα binderの複数種間交差反応	商用化・動物試験には価値が高いが、TNFαは知財的に極めて混雑した標的。🔗🔗filecite🔗turn0file1🔗
9頁	β-sheetを含むfold-diverse binder	単純なα-helical minibinderへの偏りを超えた構造多様性を示唆。🔗🔗filecite🔗turn0file1🔗
10頁	BBF-14、MBPの失敗・限界	ネガティブデータが開示されており、一般化能力の限界を把握する上で重要。🔗🔗filecite🔗turn0file1🔗
12頁	raw NMR/LC-MS → 処理済みスペクトル・純度表	分析化学側の商業価値が、単なる会話ではなく「ベンダーraw file→検証可能な成果物」にあることを示す。 🔗🔗filecite🔗turn0file1🔗

科学的比較では注意が必要である。2023年のRFdiffusion Nature論文は、5つのbinder targetについて全体で19%の実験成功率を報告し、従来Rosetta法から約2桁改善したとしている。⁹ 一方、BindCraftの2025年Nature論文は12ターゲットで成功率10~100%、平均46.3%を報告している。¹⁰ したがって、「Claude 22~35% > 一般的10~15%」という比較はAnthropicが選んだProteinbase等の母集団に依存しており、異なる実験条件の46.3% BindCraft等と単純比較できない。

この比較からの私の評価は、**本成果の学術的に最も新しい部分はhit rateそのものではなく、LLMエージェントによる専門モデルの自律オーケストレーション、候補選択、失敗回復、wet-labへの受け渡しを一つの研究サイクルにしたことである。**これは推論であるが、対象記事自身がClaudeが複数の公知専門モデルを利用したと明記し、既存研究にはすでにRFdiffusion、BindCraft等の高度な自動設計法が存在することから支持される。[filecite](#)[turn0file1](#)¹¹

分析化学の実験は、さらに商用化との距離が近い。Claude Opus 5は生の¹H NMR FIDとLC-MS raw binaryだけを受け取り、NMRを23分、LC-MSを19分で処理し、双方を並行実行した。NMRでは18ピークを抽出し、交換性プロトンを示唆する4つのbroad peakを認識して重水添加実験を提案した。実際に契約ラボも3日後に同じ追試を行っていたという。LC-MSでは未文書化形式を解析し、全2,664 scanについて装置記録と整合を確認し、4.34分の主要成分、96.4% UV純度、504 Daの分子量を復元した。[filecite](#)[turn0file1](#)

ただし、分析化学側の最大の弱点は**実質的に単一のroutine QC sampleによるdemonstrationであること**である。化学種、装置メーカー、マトリックス、ピーク混雑度、異性体、微量不純物等を跨いだ大規模ブラインドベンチマークではない。またNMRでは初回判断の誤りが自己チェックで修正された。このため、「一般の分析化学者を置換できる」と結論するには証拠不足であり、「raw analytical dataから研究者がレビュー可能な一次解析を高速生成するcopilot/agent」と評価する方が妥当である。[filecite](#)[turn0file1](#)

引用状況・学術的影響・外部反響

2026年8月19日現在、対象記事は公開からおよそ1日しか経過していない。加えてjournal articleではないため、Crossref・Google Scholar型のcitation objectとして定着するまでの時間も通常論文とは異なる。本調査で対象タイトル、354 binders、14/15 targets、96.4%対96.33%等の特徴的な語を用いて検索した範囲では、**対象記事を直接引用する学術論文・査読論文のレコードは未確認であり、引用数を「0」と断定することもできない。**したがって現段階の「学術的影響」は引用数ではなく、前身となるAnthropicのClaude Science／Mythos研究と、既存protein-design研究との位置関係で評価するのが適切である。[filecite](#)[turn0file1](#)

関連研究の質は高い。RFdiffusionとBindCraftはいずれもNature掲載研究であり、対象記事が依存するprotein-design技術分野の査読済み比較軸となる。Adaptiv Bio側もBenchBBとしてPD-L1、EGFR、IL7Rα、BHRF1、SpCas9、BBF-14、MBP等の標準化ターゲットを設定しており、Claudeの実験のかかなりの部分はこの第三者benchmark ecosystem上で評価された。Adaptivは2025年のProtein Design CompetitionでEGFRについて1,857超の提出、600候補を実験し、60 binderを確認したとしており、比較実験の背景データとして有用である。¹²

一方、外部反響については「8月18日の対象記事そのもの」と「Claude Science構想全般」を分ける必要がある。**対象記事そのものに対する主要メディア・SNSの直接反応は、本調査時点では未確認**である。これは公開から1日という時間差から合理的だが、世界中に言及が存在しないことを意味するものではない。

Claude Science全般については6月30日の公開時にReutersが独立報道し、研究データベース、coding tools、compute、research workflowsを一つにまとめる科学ワークベンチであること、60超の科学データベース、preclinical drug program計画等を報じた。¹³ Financial Timesも「pharma revenue」への展開という事業的観点から扱っており、Claude Scienceが純粋な研究デモではなくライフサイエンス市場への商用戦略でもあることが外部から認識されている。¹⁴

The Vergeはより慎重なトーンで、Claude ScienceとAnthropic自身の薬剤開発計画を紹介しつつ、専門家から「AI drug discovery」は非常に広い概念であること、real-world experimentsは依然不可欠であること、臨床・毒性・製造など最も遅い部分まではAIが消去しないことを指摘している。したがって外部論調は、「研究探索や初期設計の高速化」については肯定的、「AIがdrug development全体を直ちに自動化する」との強い主張には慎重、と要約できる。¹⁵

感情・拡散の比較は次の通りである。

チャンネル	対象記事への直接反応	定性的センチメント	拡散・影響の評価
学術論文	未確認	判定不能	公開1日であり時期尚早
Anthropic公式	直接発信	強いポジティブ	最初の一次発信源。6月のMythos→Claude Science→8月詳細成果という継続的発信。 ¹⁶
Reuters	8月記事直接は未確認。Claude Scienceを6月報道	中立～肯定的	技術能力・製品化をニュースとして広く拡散。 ¹³
Financial Times	直接記事は未確認	商業的関心	Pharma市場・収益化の文脈。 ¹⁴
The Verge	直接記事は未確認	混合／慎重	AI創薬の可能性を認めつつ、wet-lab、臨床、データ制約を強調。 ¹⁵
Xその他SNS	未確認	定量評価不能	API全量取得を実施していないため、投稿数・engagement・sentiment percentageは提示しない
Blog・業界サイト	8月記事直接は 未確認	未確認	Adaptyv等の周辺技術記事は活発だが、本記事への直接反応とは区別すべき。 ¹⁷

「主要インフルエンサー」についても、対象記事のSNS拡散を定量的に追跡できていないため**未確認**である。ただし、Claude Science全体の議論ではAnthropicのLife Sciences責任者Eric Kauderer-Abramsが事業・研究戦略の中心的発言者であり、The VergeではCambridgeのNamshik Han、UCLのMatthew Todd、OxfordのFrank von Delftらが外部専門家として、AI創薬の価値と限界についてコメントしている。¹⁸

現時点で推定される拡散経路は、**Anthropic公式研究・製品発表→Anthropicのモデル／Claude Scienceコミュニティ→Reuters・FT等の一般ビジネスメディア→AI／biotech専門メディア→学術引用**である。ただし8月18日の特定記事について、この最終経路が実際に形成されたことはまだ**未確認**である。

特許・知財ランドスケープ

以下は公開特許に基づく**初期FTO／patentabilityスクリーニング**であり、正式な侵害鑑定ではない。特に重要なのは、今回の成果には少なくとも三層の知財が重なっている点である。すなわち、①Claudeのagentic workflow、②Claudeが利用する個々のprotein-design／structure-predictionモデル、③最終的に生成された具体的binder配列・構造・用途、である。これらは別々にFTOと特許性を判断しなければならない。

filecite^{turn0}file1^{turn1}

代表的な公開特許をclaimベースで比較すると、最も注意すべきものの一つがUS20230416726A1「Scaffolding protein functional sites using deep learning」である。同出願はde novo designed

polypeptideについて配列同一性を段階的に広くカバーし、独立claim 1でSEQ ID NO:1-15に対し75~100% identityのpolypeptideを包含し、claim 7はTrkA-binding SEQ ID NO:15、claim 8はPD-L1-binding SEQ ID NO:22を具体的に規定する。Claudeの対象にもTrkAとPD-L1が含まれるため、**標的が同じというだけでは侵害ではないものの、Claude生成配列を当該SEQ IDとalignmentしなければFTOを判断できない。** ⁴

さらにDeepMind TechnologiesのWO2026046536A1「Protein binder selection using structure prediction machine learning models」は、候補binderごとにstructure prediction MLモデルでtargetとの3D complexと原子レベルconfidence scoreを生成し、そのscoreに基づいて候補subsetを選択する方法をclaim 1に置く。claim 7では候補自体がprotein-design generative modelから生成される構成、claim 8ではその3D構造からアミノ酸配列を決める構成まで含む。Claudeの記事も候補構造・配列の生成、co-folding、in silico screeningを反復したとするため、**技術概念上の重なりは中〜高**である。ただしAnthropic記事は選択scoreの具体式・原子confidence利用法を開示しておらず、文言侵害は**未確認**である。 ⁵

US20240161864A1「Diffusion model for generative protein design」は、設計条件とdiffusion energy component／conditioner energy componentを用いてprotein backboneをdenoiseする方法を独立claim 1に置き、claim 4はbackboneからsequence-generation modelを用いる構成、claim 10は自然言語入力からdesign conditionを導出する構成を含む。ClaudeのキャンペーンではRFdiffusion系を含む複数structure design toolが利用されているため技術的関連性は高いが、**ClaudeというLLMを利用したこと自体がこのclaimを実施することを意味しない。**問題となるのは実際に呼び出された専門モデルの実装と各claim要件との一致である。 ¹⁹

US20260018240A1「Equivariant diffusion model for generative protein design」は、入力proteinのsequenceと3D structureの表現から、sequenceと3D structureをjoint denoisingしてoutput proteinを生成するシステムをclaim 1とする。対象記事の公開情報だけでは、この特定joint-denoising architectureをClaudeが実施している証拠はなく、現状の重複評価は**低〜中／未確認**である。 ²⁰

公開特許・出願	主なclaim／対象	Claude記事との接点	初期リスク
US20230416726A1	特定de novo polypeptideの75~100% sequence identity。TrkA、PD-L1も具体的に包含	ClaudeもTrkA、PD-L1を設計	高：配列alignment必須。 実際の重複は未確認。 ⁴
WO2026046536A1	structure-prediction confidenceを使った candidate binder選択	Claudeも3D/co-folding予測と screeningを実施	中〜高。 score実装のclaim chart必要。 ⁵
US20240161864A1	条件付きdiffusionによるprotein backbone生成、sequence model、NLP条件	Claudeが diffusion系専門モデルをオーケストレート	中。 Claude orchestration 自体と基礎モデルclaimを分離すべき。 ¹⁹
US20260018240A1	sequence+3D structureのjoint denoising	関連する生成 protein技術	低〜中／未確認。 ²⁰
WO2025228980A1	designed VEGF-binding protein	Claudeの対象に VEGF-A	target-levelでは関連、配列／claim重複は未確認。 ²¹

公開特許・出願	主なclaim／対象	Claude記事との 接点	初期リスク
既存TNFα／VEGF／IL-7R ／EGFR抗体・binding protein群	配列、CDR、epitope、 用途、融合protein等	Claudeが同じ治 療標的にbinder を作成	商用化FTOは広範囲調査必 須。 例としてVEGF、IL-7R 等には多数の既存公開出願 が存在する。 ²²

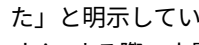
ここで重要なのは、**特許性とFTOは別問題**だということである。Claudeが全く新しい配列を生成して特許を取得できたとしても、上流の製造方法、使用方法、標的epitope、広いfunctional genus claim等を侵害しない保証にはならない。逆に、公開記事によってClaude自身の後願特許の新規性が失われても、それによって第三者特許から自由になるわけではない。

公開時点の問題は特に重大である。EPC Article 54では、出願前に公衆に利用可能となったものは原則としてstate of the artに含まれる。したがって、8月18日の記事やリンク先公開datasetが、Claude設計binderの**完全なアミノ酸配列＋標的＋結合活性＋再現可能な設計情報**を含む場合、未出願の欧州特許について自己先行技術となる可能性が高い。どの配列が実際に公開されたかはリンク先datasetを本調査では確認できていないため、具体的な新規性喪失範囲は**未確認**である。²

米国には発明者由来の一定の開示についてAIA上の1年例外があり、日本にも特許法30条の新規性喪失例外制度があるが、これを通常の公開戦略として依存するべきではない。日本では例外適用を受けるための期間・証明手続があり、また外国法は異なる。²³ 欧州のような絶対的新規性を基本とする法域を含め、**原則は「出願してから公開」**とすべきである。

さらに、現在公開検索でAnthropic名義の完全対応特許が見つからなかったとしても、「出願されていない」と結論してはならない。PCT国際出願は通常優先日から18か月後に公開され、米国の通常のutility applicationも例外を除き最先の優先日から18か月程度まで公開されない。したがって、2026年の研究に対応する2025～2026年優先の出願は今なお秘匿期間中である可能性がある。⁶

そしてAI発明者問題は、今回の実験では理論上の問題ではなく、実務的な中心問題になる。USPTOは2025年11月に2024年ガイダンスを全面的に取り消した上で、AI利用発明にも従来と同じinventorship standardが適用され、発明者は自然人のみ、AIは人間が使用するtoolであると明示した。³ 日本特許庁も、願書の「発明者」は従来から発明をした自然人を記載すべきものと扱っている。²⁴ 欧州でも2026年2月のDABUS関連T 0528/25でappealがdismissされている。²⁵

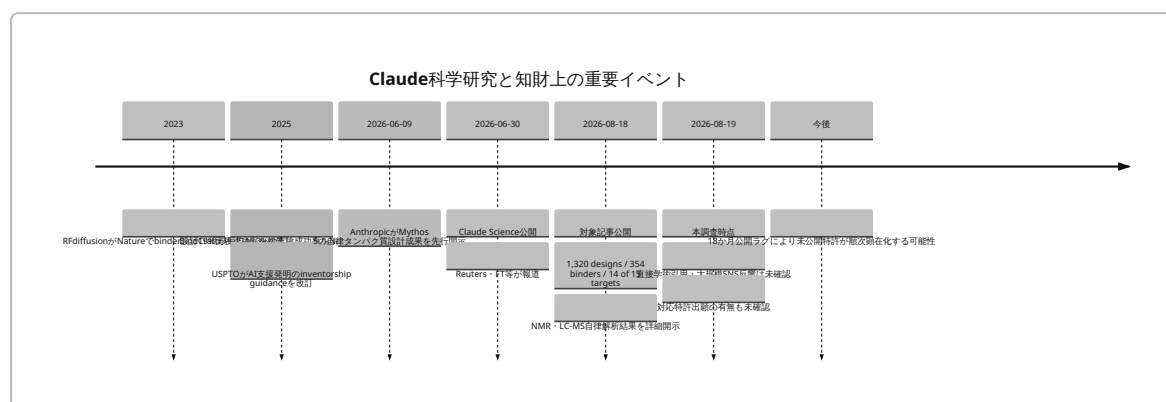
ここでClaude記事が「Claudeがbinding siteを選び、candidate structures/sequencesを生成し、最適化した」と明示していることが知財上の問題になる。たとえば「配列Xそのもの」をclaimする際、人間研究者がClaude出力以前にその具体的配列を着想していなかった場合、**誰がclaimされた発明をconceiveしたか**について詳細な分析を迫られる。これは直ちに「特許を取れない」ことを意味しないが、従来「研究責任者を発明者に入れておく」式の実務は極めて危険になる。人間が標的、epitope、要求特性、選択基準、改変方向をどの時点で考案し、Claudeの候補から何を理由に選択・改変したかをclaim elementごとに保存する必要がある。³

商用化可能性は二極化する。**分析化学agentは短期商用化可能性が高い**。既存ラボで毎日発生するraw NMR/LC-MS解析を短時間で標準化し、レポート生成まで行う価値は明瞭で、Claude Science自体も既に科学ワークベンチとして提供されている。⁸ ただし、ベンダーファイルformat、ソフトウェアライセンス、契約ラボデータ、検証責任、GxP等の規制品質システムとの接続は別途必要である。

個別de novo minibinderの医薬商用化は中長期で、現時点では不確実性が大きい。対象記事自身がminibinderは標準的なdrug modalityではなく、高親和性binderの発見はdrug-like molecule開発の第一段階

にすぎないと認めている。filecite turn0file1 外部専門家もAIが実験、毒性、安全性、製造、臨床を不要にする段階にはないと指摘している。 15

時系列にすると、知財実務上の変化がより明確になる。



タイムライン上の科学・制度上の事実は、Nature、Anthropic、USPTO、WIPOの各一次資料に基づく。 26

今後の知財業務への影響と推奨対応

今回の成果が示す本質的な変化は、**発明の生成速度が、知財部が従来想定していた発明届・発明ヒアリング・先行技術調査の速度を超える**ことである。タンパク質設計では1セッション48時間程度で多数の候補を生成・評価し、354のwet-lab hitを得ている。仮にこれを企業R&Dにそのまま適用すれば、発明候補は「四半期に数件」ではなく「一回のAI campaignから数十～数百件」発生し得る。filecite turn0file1

そのため、最優先で導入すべきものは**AI発明プロベナンス・レジャー**である。最低限、モデル名・バージョン、system prompt、研究者prompt、ターゲット選定理由、入力文献、呼び出した専門モデルとversion、乱数seed、生成された全配列・構造、ランキング基準、人間が採否を判断した時刻と理由、改変指示、wet-lab結果、発明届、最初の外部開示日時を一つの監査可能な記録に結び付けるべきである。これは再現性だけでなく、米国等で「どの自然人が何をconceiveしたか」を後からclaim単位で再構成する証拠になる。USPTOの現行方針上、AI自体をinventorとして補うことはできない。 3

次に、「**公開前IP gate**」を科学ワークフローそのものへ埋め込むべきである。研究者が論文、bioRxiv、Proteinbase、GitHub、X、顧客デモ、conference abstractへ出そうとした時点では遅い。AI agentが「wet-lab confirmed hit」「KD閾値達成」「cross-species activity」「新規fold」「新用途」等を検出した瞬間に知財レビューticketを自動生成し、①既出願か、②新規発明か、③秘密保持対象か、④公開可能かを判定する仕組みが必要である。EPCの絶対的新規性を考えると、このgateは研究者の任意運用ではなく技術的なrelease controlにする価値が高い。 2

FTOについては、一般的なキーワード特許検索だけでは不足する。タンパク質では**sequence-level FTO**が必要である。Claudeが生成した全candidateについて、特許sequence listingとのexact matchだけでなく、70%、75%、80%、85%、90%、95%等のidentity帯、conserved residue、motif、epitope、binding functionまで機械的にスクリーニングすべきである。US20230416726A1のように75% identityから広くclaimする出願が実在するため、BLAST類似検索とclaim constructionを連動させる必要がある。 4

さらに**method-level FTO**も独立して必要である。Claudeが単に「設計を考えた」だけでなく、structure predictionのconfidence scoreで候補を絞る、diffusion modelでbackboneを生成する、sequence modelで配列化する、といった工程自体に第三者のmethod patentが存在する。 27 特許部門は「Claudeの特許」だ

けを監視するのではなく、DeepMind、Institute for Protein Design関連、AI biotech、protein-design software各社のfamilyを、agentが呼び出すツールごとに監視するべきである。

出願戦略も三層に分けることを推奨する。

第一層は具体的分子。有望binderについて、exact sequenceだけでなく、合理的なsequence-identity genus、重要残基、構造・epitope、結合親和性、cross-reactivity、nucleic acid、vector、host cell、fusion construct、composition、diagnostic/therapeutic useを段階的に検討する。ただし広いfunctional claimは既存技術と衝突しやすいため、実験データで支えられる範囲を厳密に設定する。

第二層は設計・選抜工程。Claude特有の「複数専門モデルの選択→失敗診断→別モデルへの切替→反復最適化→wet-lab selection」のどこに既存RFdiffusion、BindCraft、DeepMind binder-selection特許と異なる技術的特徴があるかを発明抽出する。単に「LLMを使ってprotein designした」程度では既存技術の組合せとして弱い可能性があり、具体的な情報フロー・confidence calibration・resource allocation・self-correction等に焦点を当てる必要がある。既存の自動設計法自体はすでに高度である。 ²⁸

第三層は分析化学automation。 vendor-neutral raw-format decoding、一次解析結果とのself-consistency validation、追試の自動提案、raw dataからaudit-ready reportまでのprovenance chainに独自性があれば、software/measurement-related inventionとして検討余地がある。ただし各法域のsoftware patentability、既存vendor patent、format licence、copyright／reverse-engineering上の問題を別途確認する必要がある。対象記事だけではこれらの権利関係は**未確認**である。 filecite turn0file1 

契約面では、ClaudeのようなR&D agentを利用する際、従来のSaaS契約レビューだけでは不十分になる。少なくともAI提供者、cloud lab、CRO、DNA synthesis provider、専門モデル提供者との契約について、**background IP、foreground IP、AI生成物の帰属、実験によるimprovement invention、共同発明、データ利用権、モデル訓練への二次利用禁止、秘密情報保持、publication review、sequence data retention、breach対応、発明者確認への協力義務**を明示すべきである。今回のAdaptyv Bio・Twist Bioscienceとの具体的契約条件は記事にないため**未指定／未確認**である。 filecite turn0file1 

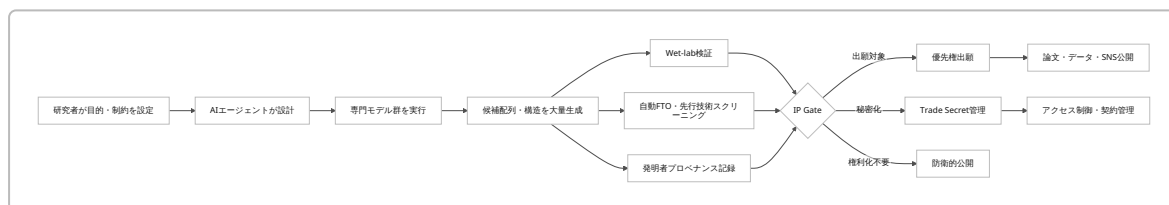
リスク対応を実務優先度で整理すると次のようになる。

優先	リスク	推奨対応	期限感
最優先	公開前未出願発明	8月18日公開資料・リンク先datasetに含まれる全配列・構造・用途を即時inventory化し、既存優先権出願との対応表を作成	即日～数日
最優先	Inventorship	各claim候補について「人間の着想→AI出力→人間選択／改変」を再構成し、inventorship memoを作成	出願前
高	Sequence FTO	Claude設計配列を既存patent sequence listingとalignment。特にPD-L1、TrkA、TNFα、VEGF-A、EGFR、IL-7Rα等	開発候補選択前
高	Method FTO	DeepMind等のbinder-selection・diffusion claimとのclaim chart	commercial deployment前
高	所有権・契約	Anthropic／CRO／cloud lab／model provider契約のforeground IP・改良発明条項を監査	新規campaign前

優先	リスク	推奨対応	期限感
中～高	秘密管理	AI入力可否分類、研究データsegmentation、未出願結果の外部connector送信制御	常時
中	OSS／model license	利用した各specialist model、weight、codeのversion・licenseをSBOM的に保存	campaign開始時
中	特許監視	Anthropic、DeepMind、protein-design各社、主要標的のfamily監視	毎週～毎月
中	学術・メディア監視	Google Scholar/OpenAlex/Crossref+主要news+SNSを追跡	当面週次、その後月次

監視計画については、**公開後最初の90日は週次**が適切である。対象記事は公開翌日であり、今後technical report、bioRxiv、学術論文、追加dataset、Adaptiv/Twist側の発表が追従する可能性があるからである。一方、特許は18か月公開ラグがあるため、少なくとも2028年前半まで継続的なfamily monitoringが必要になる。PCTの通常公開時期が優先日から約18か月であることから、現在「見えない」2026年出願が後からランドスケープを大きく変える可能性がある。 29

知財部門そのものも、AIエージェント前提の業務へ変える必要がある。従来は「R&D → 発明届 → 特許検索 → 弁理士 → 出願」だったが、今後は次のような並列型が望ましい。



このフローの核心は、**FTO・inventorship・秘密管理**を研究結果が完成した後に行うのではなく、**candidate生成と同時に**行うことである。AIが科学研究を高速化するなら、知財部も同じ速度で機械支援されなければならない。

結論・主要一次ソース

本対象資料は、現時点では「学術界で確立した査読済み研究成果」ではなく、**極めて興味深い外部wet-lab validation付きの企業研究発表**と評価するのが最も厳密である。Protein designでは1,320設計から354 binder、15ターゲット中14で成功し、RBX1、TNFα、β-sheet binderなど印象的な成果を示す一方、MBPの完全失敗など明確な限界もある。分析化学ではraw NMR/LC-MSから短時間でラボ結果に近い解析を再現したが、実証sample数が極めて小さく、一般性能を主張するには追加validationが必要である。

[filecite](#)[turn0file1](#)

学術的には、RFdiffusionの19%と比べれば強い結果を含むが、BindCraftの平均46.3%のように、Claudeより高いhit rateを報告する査読済みpipelineも既に存在する。したがって、科学上の大きなインパクトは「最強のprotein generator」ではなく、**汎用AIエージェントが専門モデル、計算資源、文献、データ、wet-labを結びつけて研究工程そのものを自律運用できるようになったこと**にある。 11

知財業務に対するインパクトはさらに大きい。AIが数時間～数日で多数の新規分子候補を生成すると、①誰が発明者か、②何をいつ発明したか、③どの第三者claimに触れるか、④いつまで秘密だったか、⑤どれを出

願してから公開すべきか、を人手の事後ヒアリングだけで管理することは困難になる。米国・日本・欧州でAI自体を発明者として扱えないという現在の制度状況は、この問題を一層重要にする。³⁰

最優先の推奨は、対象記事のリンク先で公開されたprotein sequences／structures／experimental dataを直ちに特定し、それぞれについて「出願済みか」「未出願か」「第三者特許とのsequence overlapがあるか」を確認することである。特にPD-L1とTrkAは、公開特許に具体的なsequence-identity claimが見つっているため、実配列を用いたclaim chartなしに商用FTOを判断すべきではない。⁴

同時に、今後の知財プロセスとして、prompt-to-invention ledger、公開前IP gate、automated sequence-FTO、claim-by-claim inventorship memo、AI/CRO契約標準条項、18か月以上の継続patent monitoringを標準化することを推奨する。これは今回のAnthropic成果への個別対応にとどまらず、AIエージェントが研究者の「道具」から「長時間自律的に研究を実行する主体」に近づくにつれて、あらゆる製薬・化学・材料・バイオ企業に必要となる知財インフラである。³¹

主要一次・準一次ソースのURLは以下の通りである。

ソース	URL
Anthropic — Claude Science	https://www.anthropic.com/news/claude-science-ai-workbench ⁸
Anthropic — Claude Fable 5 / Mythos 5	https://www.anthropic.com/news/claude-fable-5-mythos-5 ³²
Nature — RFdiffusion	https://www.nature.com/articles/s41586-023-06415-8 ⁹
Nature — BindCraft	https://www.nature.com/articles/s41586-025-09429-6 ³³
USPTO — Revised inventorship guidance for AI-assisted inventions	https://www.uspto.gov/subscription-center/2025/revised-inventorship-guidance-ai-assisted-inventions ³
JPO — 発明者等の表示について	https://www.jpo.go.jp/system/process/shutugan/hatsumei.html ²⁴
EPO — T 0528/25, DABUS	https://www.epo.org/de/boards-of-appeal/decisions/t250528eu1 ²⁵
EPO — EPC Article 54 Novelty	https://www.epo.org/en/legal/epc/2020/a54.html ²
WIPO — PCT international publication timing	https://www.wipo.int/ja/web/pct-system/texts/ro/ro337 ³⁴
US20230416726A1 — Scaffolding protein functional sites using deep learning	https://patents.google.com/patent/US20230416726A1/en ⁴
WO2026046536A1 — Protein binder selection using structure prediction ML models	https://patents.google.com/patent/WO2026046536A1/en ⁵
US20240161864A1 — Diffusion model for generative protein design	https://patents.google.com/patent/US20240161864A1/en ¹⁹

ソース	URL
US20260018240A1 — Equivariant diffusion model for generative protein design	https://patents.google.com/patent/US20260018240A1/en 20
Reuters — Claude Science launch coverage	https://www.reuters.com/science/anthropic-unveils-claude-science-ai-platform-scientific-research-2026-06-30/ 13

特許のGoogle Patents表示は検索・初期screeningには有用だが、法的status、family、審査経過、最終claim scopeについてはUSPTO、WIPO PATENTSCOPE、EPO Register、J-PlatPat等の公式記録で最終確認すべきである。特に本件では未公開出願が存在し得るため、「現時点で検索に出ない＝権利がない」ではない。 6

🔍navlist🔍Claude Science周辺の主要報道🔍turn2news32,turn2news34,turn2news35🔍

- 1 9 11 26 <https://www.nature.com/articles/s41586-023-06415-8>
<https://www.nature.com/articles/s41586-023-06415-8>
- 2 <https://www.epo.org/en/legal/epc/2020/a54.html>
<https://www.epo.org/en/legal/epc/2020/a54.html>
- 3 30 31 <https://www.uspto.gov/subscription-center/2025/revised-inventorship-guidance-ai-assisted-inventions>
<https://www.uspto.gov/subscription-center/2025/revised-inventorship-guidance-ai-assisted-inventions>
- 4 <https://patents.google.com/patent/US20230416726A1/en>
<https://patents.google.com/patent/US20230416726A1/en>
- 5 27 <https://patents.google.com/patent/WO2026046536A1>
<https://patents.google.com/patent/WO2026046536A1>
- 6 <https://www.uspto.gov/web/offices/pac/mpep/s1120.html>
<https://www.uspto.gov/web/offices/pac/mpep/s1120.html>
- 7 <https://www.anthropic.com/news/claude-fable-5-mythos-5?pubDate=20260225>
<https://www.anthropic.com/news/claude-fable-5-mythos-5?pubDate=20260225>
- 8 <https://www.anthropic.com/news/claude-science-ai-workbench>
<https://www.anthropic.com/news/claude-science-ai-workbench>
- 10 28 33 <https://www.nature.com/articles/s41586-025-09429-6>
<https://www.nature.com/articles/s41586-025-09429-6>
- 12 <https://www.adaptvbio.com/blog/benchbb>
<https://www.adaptvbio.com/blog/benchbb>
- 13 18 <https://www.reuters.com/science/anthropic-unveils-claude-science-ai-platform-scientific-research-2026-06-30/>
<https://www.reuters.com/science/anthropic-unveils-claude-science-ai-platform-scientific-research-2026-06-30/>
- 14 <https://www.ft.com/content/50c10721-bda6-439e-a6c3-755311e4b505>
<https://www.ft.com/content/50c10721-bda6-439e-a6c3-755311e4b505>

- 15 <https://www.theverge.com/ai-artificial-intelligence/961311/anthropic-claude-science-ai-drug-development>
<https://www.theverge.com/ai-artificial-intelligence/961311/anthropic-claude-science-ai-drug-development>
- 16 32 <https://www.anthropic.com/news/claude-fable-5-mythos-5?subjects=announcements>
<https://www.anthropic.com/news/claude-fable-5-mythos-5?subjects=announcements>
- 17 <https://www.adaptyvbio.com/blog/adaptyv-api>
<https://www.adaptyvbio.com/blog/adaptyv-api>
- 19 <https://patents.google.com/patent/US20240161864A1>
<https://patents.google.com/patent/US20240161864A1>
- 20 <https://patents.google.com/patent/US20260018240A1/en>
<https://patents.google.com/patent/US20260018240A1/en>
- 21 <https://patents.google.com/patent/WO2025228980A1/fr>
<https://patents.google.com/patent/WO2025228980A1/fr>
- 22 <https://patents.google.com/patent/JP2019515648A/ja>
<https://patents.google.com/patent/JP2019515648A/ja>
- 23 <https://www.uspto.gov/web/offices/pac/mpep/s2153.html>
<https://www.uspto.gov/web/offices/pac/mpep/s2153.html>
- 24 <https://www.jpo.go.jp/system/process/shutugan/hatsumei.html>
<https://www.jpo.go.jp/system/process/shutugan/hatsumei.html>
- 25 <https://www.epo.org/de/boards-of-appeal/decisions/t250528eu1>
<https://www.epo.org/de/boards-of-appeal/decisions/t250528eu1>
- 29 34 <https://www.wipo.int/ja/web/pct-system/texts/ro/ro337>
<https://www.wipo.int/ja/web/pct-system/texts/ro/ro337>