

#287

コロナウイルスの mRNA ワクチン

https://l-hospitalier.github.io

2021.5



Marylin Kozak, PhD

大部分の真核細胞と真核細胞に感染するウイルスの mRNA は【モノシストロン性mRNA】で mRNA の塩基配列と蛋白のアミノ酸配列コードが 1 対 1 に対応。 mRNA の読み取り方(起点と終点、読み取り枠 open reading frame)が一意(unique)。原核生物(細菌)やファージ(細菌に感染するウイルス)は【ポリシストロン性mRNA】で開始点と終止点が複数ある。 1 つの塩基配列の読み取り開始点と終止点(open reading frame)をずらして機能的に複数のアミノ酸配列に対応する場合も。 原核生物では開始コドン(AUG)のさらに数塩基上流にシャイン・ダルガノ(SD)配列(AGGAGGU の 7 塩基)を持ち、これにリボゾームが結合(#164 参照)。 真核生



物では AUG の開始コドンを含む**コザック共通配列*1**(Kozak's consensus sequence: 5'-RNNAUGG-3')が翻訳開始点(Kozak 共通配列はリボゾーム結合部位ではなく翻訳開始点。 tRNA は三浦、古市が発見した 5'-CAP 構造*2 と真核開始因子(eukaryotic initiation factor)に結合。 【mRNA ワクチン】 ワクチンは病原体のエピトープを抽出、

病原性をなくす処理をして宿主に投与、抗体を作らせる。 通常は遺伝子組み換え大腸菌に病原体の一部を作らせた①蛋白ワクチン(例:B型肝炎ワクチン)を使う。 他にヒトに無害なウイルス(猿のアデノウィルス)の遺伝子を改変、ベクターとしてヒト感染させて細胞内に送り込み、宿主のリボゾームに病原体蛋白を産生させる②ウイルスベクター・ワクチン。 病原体の mRNA を膜に包み込んで宿主体内に入れ、宿主リボゾームに病原体蛋白を産生させる③mRNA ワクチンの3種類*3。 ウイルスベクター・ワクチンはトラブルが多かったが2019年、単純ヘルペスを使ったエボラウイルス用ワクチ

ン (rVSV-ZEBOV) が欧米で承認。 COVID-19 用はファイザー・ビオンテック (Pfizer・BioNtech) やモデルナは (3) mRNA ワクチン。 アストラゼネカ、ジョンソン&ジョンソ

ンは②ウイルス・ベクター。 シノバック (中国) やスプートニク V (ロシア) 、塩野 義は遺伝子組み換えで作成した (アジュバントを加えた?) ①従来型蛋白。 古市による

Modified nucleotides とコロナ用 mRNA ワクチンの構造は左図。 5'-CAP、蛋白に翻訳さ Spike/RBD Spike/RBD 3' ない 5'-UTR、Spike/RDB(ウイルス表面のスパイク蛋白のアミ



Uridine

HO OH HO OH

ノ酸配列でコロナのACE2 レセプターと結合する領域 receptor binding domain がある)などから構成。 従来 mRNA を投与しても自然免疫系により PAMPS として排除されるので、mRNA

Pseudouridine N1-methyl-pseudo-uridine ワクチンは成立しないと考えられていたが、ハンガリーのカリコー・カタリン(Katalin Kariko)は渡米後ウリジンを 1-メチル・シュードウリジン ψ (m1 ψ) で置換した modified-mRNA は実験動物の自然免疫で排除されず細胞内に入り、ウリジンとして読まれてアデニンと対になり水素結合を形成、有効な蛋白合成能があるのを発見*4(2008)。 これによりコロナ mRNA ワクチンが成立(彼女は現在BioNtech の副 CEO)。 この mRNA を脂肪微粒子(LNP:lipid nano particle)で包み、宿主体内に入れると mRNA は細胞内でスパイク蛋白を合成。 このスパイクが細胞表面に配置されて抗原提示細胞になり、リンパ節でナイーブ T 細胞を活性化(#283 参照)。

^{*1}Marylin Kozak ^{*2}mRNA の 5'に結合する CAP 構造 (7 メチルグアニル酸) はミトコンドリアの mRNA にはない。 CAP は mRNA をエキソヌクレアーゼ分解から保護。 1975 年東大の古市泰弘と三浦謹一郎。^{*3} 日本感染症学会ワクチン委員会「COVID-19 ワクチンに関する提言」2021/2/26。^{*4}阪大、審良静男、ペンシルバニア大 Weissman と共同研究。