

コロナウイルスの mRNA ワクチン

https://l-hospitalier.github.io

2021.5



Marylin Kozak, PhD

Katalin Kariko, 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<mark>【モノシストロン性</mark> <mark>mRNA】</mark>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)に定 まる。 一方原核生物の細菌やファージ(細菌に感染するウイルス)は【ポリシスト ロン性 mRNA】で開始点と終止点を複数持つ。 1 つの mRNA が複数のアミノ酸配

列コード領域を持つ場合は一連の代謝酵素系が多く、代謝系に極端な律速段階を作 らないことにつながる。 読み取り領域がオーバーラップして 1 つの塩基配列から 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ある。 原核生物では開始コドン(AUG)のさらに数塩基



(Pfizer・BioNtech) やモデルナは mRNA ワクチンでシノバック (中国) やスプートニ ク V (ロシア) は遺伝子組み換えで作成した蛋白にアジュバントを加えた従来型。 古

Modified nucleotides 市氏によるとコロナ用 mRNA ワクチンは左図の構造 (m19) Spike/RBD 5'-cap 5'-UTR 3'-UTR poly(A) tail Coding sequence

で、5'-CAP、蛋白に翻訳されない 5'-UTR、 Spike/RDB(ウイルス表面のスパイク蛋白 のアミノ酸配列で中にコロナの 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 ワクチンは成 立しないと考えられていた。 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(m1ψ)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、有効な蛋白合成能があるのを発見*3(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)。 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 細胞を活性化する(#283 参照)。 (十分理解できていません。 ホットなテーマなので自分で良く確認のこと)

<ワクチンRNA作成レシピ>

スパラア RNA FRAD タミン IOX 転写 反応液 (DNase - RNase フリー中性緩衝液)、Mg、塩少々 ATP、GTP、CTP 各5 mM(終濃度) ΨTP(あるいはNIm ΨTP)5 mM キャッププライマーm TgoppGpAmpG (TriLink社製CleanCap^{R)} 4 mM 直鎖状にしたプラスミド DNA template 25~50 μg Murine RNase inhibitor 25 Units Yeast inorganic pyrophosphatase 0.04 Unit T7 RNA ポリメラーゼ 1,280 Units

これらに蒸留水を加えて、全量1 mlとし、数時間加温してキャップ mRNAの酵素反応合成を進める。

*^{*1}Marylin Kozak ^{*2}mRNA の 5'に結合する CAP 構造(7 メチルグアニル酸)はミトコンドリアや葉緑体の mRNA には ない。 CAP はエキソヌクレアーゼによる RNA 分解を阻止する。 1975 年に東大の古市と三浦が発見。3 阪大、審良静 男、ペンシルバニア大 Wessmann との共同研究。

#287