



专论与综述

碱基编辑器的开发及其在细菌基因组编辑中的应用

赵亚伟^{1,2} 姜卫红³ 邓子新² 汪志军² 芦银华^{*1}

1 上海师范大学生命科学学院 上海 200232

2 上海交通大学生命科学技术学院 微生物代谢国家重点实验室 上海 200030

3 中国科学院分子植物科学卓越创新中心/植物生理生态研究所 合成生物学重点实验室 上海 200032

摘要: 碱基编辑器是近两年发展起来的新型基因组编辑工具, 它将碱基脱氨酶的催化活性和 CRISPR/Cas 系统的靶向特异性进行结合, 催化 DNA 或 RNA 链上特定位点的碱基发生脱氨基反应, 进而完成碱基的替换。碱基编辑器分为 DNA 和 RNA 碱基编辑器两大类, 其中 DNA 碱基编辑器分为两种: 胞嘧啶碱基编辑器和腺嘌呤碱基编辑器; 前者可以实现胞嘧啶到胸腺嘧啶的转换, 而后者则可以将腺嘌呤突变为鸟嘌呤。由于 DNA 碱基编辑器不会造成 DNA 的双链断裂(DSB), 也不依赖于宿主的非同源末端修复和同源重组途径, 因此, 大大减少了 DSB 相关的编辑副产物, 如小片段插入或缺失等。基于 CRISPR/Cas 系统的 RNA 碱基编辑器, 可以实现 RNA 链上腺嘌呤核苷到次黄苷的转换。本文对不同类碱基编辑器的开发过程、适用范围和编辑特点等进行梳理, 并对其在细菌基因组编辑中的应用进行了介绍; 最后简要探讨了细菌中碱基编辑器的缺点以及将来可能的研究方向。

关键词: CRISPR/Cas 系统, DNA 碱基编辑器, RNA 碱基编辑器, 细菌

Development and application of base editors in bacterial genome editing

ZHAO Ya-Wei^{1,2} JIANG Wei-Hong³ DENG Zi-Xin² WANG Zhi-Jun² LU Yin-Hua^{*1}

1 College of Life Sciences, Shanghai Normal University, Shanghai 200232, China

2 State Key Laboratory of Microbial Metabolism, School of Life Sciences and Biotechnology, Shanghai Jiao Tong University, Shanghai 200030, China

3 CAS Key Laboratory of Synthetic Biology, Centre for Excellence in Molecular Plant Sciences/Institute of Plant Physiology and Ecology, Chinese Academy of Sciences, Shanghai 200032, China

Abstract: Base editors are novel genome-editing tools developed in the past two years that comprise fusions between a catalytically disabled CRISPR/Cas endonuclease and a base deaminase to deaminate the exocyclic amine of the target bases, thereby leading to base substitutions in DNA or RNA. Two classes of base editors have been developed, namely DNA base editors and RNA base editors. Two types of DNA editors have been described: cytosine base editors (CBEs) convert C to T and adenine base editors (ABEs) convert A to G. Base editors do not create double-strand DNA breaks (DSBs) and do not rely on cellular non-homologous end joining (NHEJ) and homology-directed repair (HDR), so they minimize the

Foundation items: National Natural Science Foundation of China (31770088, 31570072)

***Corresponding author:** Tel: 86-21-64322000; E-mail: yhlu@shnu.edu.cn

Received: 07-11-2018; **Accepted:** 13-12-2018; **Published online:** 29-12-2018

基金项目: 国家自然科学基金(31770088, 31570072)

***通信作者:** Tel: 021-64322000; E-mail: yhlu@shnu.edu.cn

收稿日期: 2018-11-07; **接受日期:** 2018-12-13; **网络首发日期:** 2018-12-29

generation of DSB-associated by products, such as small insertions or deletion (indels). RNA base editors based on CRISPR/Cas systems could achieve adenosine conversion to inosine. In this review, we summarize the development process, scope of application and editing features of base editors and highlight their recent applications in bacterial genome editing. Finally, we will also briefly discuss limitations and future directions of base editors for applications in bacteria.

Keywords: CRISPR/Cas system, DNA base editors, RNA base editors, Bacteria

CRISPR/Cas 是原核生物的一种适应性免疫系统,用于宿主抵御外源 DNA 或 RNA 的入侵,分布于 45%的细菌和 85%的古细菌基因组中^[1]。CRISPR/Cas 发挥免疫作用主要包括 3 个阶段:适应、表达和干扰。在适应阶段,外源 DNA 或 RNA 序列被 Cas 蛋白(核酸内切酶)加工,并整合到基因组的 CRISPR array 序列中;接着是表达阶段,CRISPR array 转录成 crRNA,与相应的 Cas 蛋白形成复合物;最后是发挥免疫功能的干扰阶段,当外源 DNA 或 RNA 再次入侵宿主时,在 crRNA 的引导下,crRNA/Cas 蛋白复合物对外源 DNA 或 RNA 进行干扰和免疫^[2]。CRISPR/Cas 系统根据是否存在 PAM (Protospacer adjacent motif)序列区分宿主和外源 DNA/RNA, PAM 序列是 Cas 蛋白特异识别的一段 DNA/RNA 短序列,与 crRNA 识别的 DNA/RNA 序列邻近^[3]。根据 CRISPR/Cas 的作用机制,可以将 CRISPR/Cas 系统分为两类:第一类,需由多个 Cas 蛋白组成效应复合体(Effector),在 crRNA 引导下,结合并降解外源入侵 DNA/RNA;第二类,仅需单一的 Cas 蛋白就能在 crRNA 的引导下发挥免疫功能^[4-5]。

目前研究和应用最广泛的 CRISPR/Cas 系统是来源于酿脓链球菌的 Cas9,它属于第二类 CRISPR/Cas 系统,其作用机制已被研究得非常透彻,并已广泛应用于动物、植物与微生物细胞的基因组编辑,极大地促进了生命科学的发展^[6]。Cas9 蛋白发挥作用不仅需要 crRNA 引导,还需要与 tracrRNA 结合,三者形成一个三元复合物,对靶标 DNA 进行高效切割^[7]。2012 年, Jinek 等将 crRNA 和 tracrRNA 进行融合,形成单一的 sgRNA (Single guide RNA), Cas9 在其引导下呈现出良好的 DNA 切割活性^[8]。利用 Cas9 进行基因编辑有两种方式:(1)不精确的

基因编辑,其依赖于宿主自身的非同源末端修复(NHEJ)途径,当 Cas9 切割基因组形成双链断裂(DSB),宿主利用 NHEJ 途径进行 DNA 修复,会引入 DNA 插入和缺失(Indels), Indels 的引入往往使基因发生移码突变而失活;(2)精确的基因编辑,依赖于宿主自身的同源重组修复(HDR)途径,需要在 Cas9 切割基因组的同时引入外源同源序列。宿主利用外源同源序列与基因组进行重组,实现靶基因的精确编辑^[6]。虽然 HDR 可以实现基因的缺失、插入、点突变等精确改造,但 HDR 主要发生在细胞分裂的 G2 期和 S 期,在一些分裂不活跃的细胞中, HDR 效率往往不高。此外, NHEJ 和 HDR 会相互竞争,在真核细胞中, NHEJ 往往比 HDR 更高效地修复 DNA 的 DSB,所以在编辑的细胞中经常会发生小片段 DNA 插入或缺失^[9]。

Cas9 蛋白有两个核酸酶结构域,分别是 RuvC 和 HNH 结构域,其中 HNH 结构域切割与 sgRNA 互补配对的 DNA 链,而 RuvC 切割另一条未与 sgRNA 配对的 DNA 链^[8]。Qi 等通过突变 Cas9 核酸酶结构域的 2 个活性位点(D10A 与 H840A),获得仅能结合 DNA 而无切割活性的 dCas9 (Dead Cas9)。利用 dCas9 的这一特性,构建了 CRISPR interference (CRISPRi)技术,实现 sgRNA 介导的靶基因转录抑制,目前该技术已被广泛应用^[10]。另外,如将 dCas9 与具有转录激活作用的蛋白质结构域(如 VP16)进行融合,可以激活靶基因的表达^[11];而将 dCas9 与 DNA 甲基化酶进行融合,可以对靶基因进行甲基化修饰^[12]。2016 年, Komor 等创造性地将 dCas9 与胞嘧啶核苷脱氨酶进行融合,首次实现了精确的 DNA 碱基编辑,从胞嘧啶(C)到胸腺嘧啶(T)的转换^[13](图 1A)。DNA 碱基编辑与 Cas9 切割介导的基因编辑有明显的区别,前者不依赖于

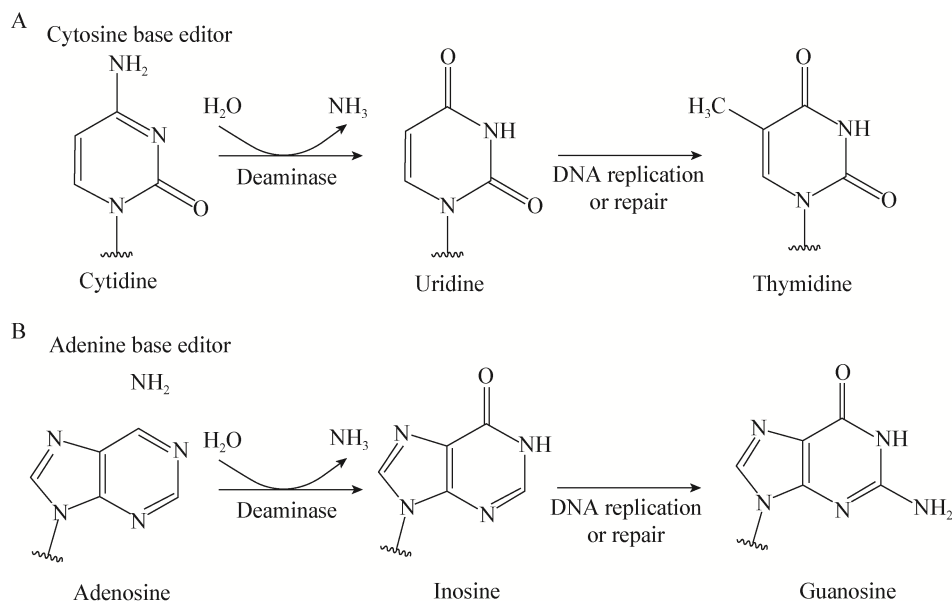


图 1 胞嘧啶碱基编辑器和腺嘌呤碱基编辑器的作用机理

Figure 1 The mechanism of cytosine base editing and adenine base editing

注: A: 胞嘧啶核苷脱氨基酶催化的化学反应及编辑原理; B: 腺嘌呤核苷脱氨基酶催化的化学反应及编辑原理。

Note: A: The chemical reaction catalyzed by the cytidine deaminase and the mechanism of cytosine base editing; B: The chemical reaction catalyzed by the adenosine deaminase and the mechanism of adenine base editing.

DNA 的双链断裂, 而 Cas9 介导的基因编辑依赖于 DNA 的双链断裂。此外, 相比于使用 Cas9 进行 HDR 介导的精确基因编辑, 碱基编辑不需要引入外源同源序列。

目前, 已开发的 DNA 碱基编辑器有两种, 一种是上面提及的胞嘧啶碱基编辑器(Cytosine base editor, CBE), 依赖于胞嘧啶核苷脱氨基酶, 通过将胞嘧啶核苷脱氨转换为尿嘧啶核苷, 尿嘧啶核苷在 DNA 复制和修复过程中会转换为胸腺嘧啶核苷, 从而实现 C 到 T 的转换^[13](图 1A)。另一种是腺嘌呤碱基编辑器(Adenine base editor, ABE), 依赖于腺嘌呤核苷脱氨基酶, 通过将腺嘌呤核苷脱氨转换为次黄苷, 然后在 DNA 复制和修复过程中会转换为鸟嘌呤核苷, 从而实现腺嘌呤(A)到鸟嘌呤(G)的转换^[14](图 1B)。这两种 DNA 碱基编辑器可以实现所有四种碱基的转换, 包括 C 到 T, A 到 G, T 到 C 以及 G 到 A^[15]。除了 DNA 碱基编辑器以外, 目前还开发了 CRISPR/Cas 系统辅助的 RNA 碱基编辑器, 将 Cas13 与腺嘌呤核苷脱氨基酶融合为复合

体, 可以将目标腺嘌呤核苷脱氨转换为次黄苷^[16]。碱基编辑器常用的蛋白主要包括: 胞嘧啶核苷脱氨基酶、腺嘌呤核苷脱氨基酶、CRISPR/Cas 蛋白(如第二类 II 型的 Cas9、V 型的 Cpf1)、尿嘧啶 DNA 糖苷酶抑制子、DNA 末端结合蛋白 Gam (表 1)。本文将就 DNA 和 RNA 碱基编辑器的最新研究进展进行简单综述, 并简要介绍其在细菌基因组编辑研究中的应用。

1 DNA 碱基编辑器

1.1 胞嘧啶碱基编辑器(CBE)

CBE 可以实现 C 到 T 的转换, 由 Komor 等率先开发^[13]。他们将 dCas9 与鼠源 APOBEC1 脱氨基酶进行融合, 开发了第一代碱基编辑器 BE1。当 dCas9 和 sgRNA 形成的复合物与目标 DNA 结合时, 会打开 DNA 双链结构, 置换出一条单链 DNA; 而 APOBEC1 只能以单链 DNA 作为底物, 不能以双链 DNA 作为底物^[17]。BE1 可以有效地对单链 DNA 上的碱基进行编辑, 编辑窗口约为 5 bp, 位于 PAM 序列上游-13 到-17。虽然 BE1 在体外可以对

表 1 碱基编辑器中用到的蛋白或酶

Table 1 Proteins or enzymes used in base editing tools

蛋白 Protein	简写 Abbreviation	物种 Species	功能或特点 Function or characteristics
胞嘧啶核苷脱氨基酶 Cytidine deaminase	rAPOBEC1	<i>Rattus norvegicus</i>	对编辑位点具有偏好性, 对 TC 或 CC 位点的编辑效率较高 Base editing exhibit sequence context preference and the efficiency is higher for TC or CC sites
	hAPOBEC3A	<i>Homo sapiens</i>	可以对甲基化区域的胞嘧啶进行编辑 Edit cytosine found in methylated DNA regions
	PmCDA1	<i>Petromyzon marinus</i>	没有明显编辑位点偏好性 No strong context preference for base editing
	hAID*P182X	<i>Homo sapiens</i>	编辑过程会使胞嘧啶转换为其它 3 种碱基 Convert cytosine to other three bases
腺嘌呤核苷脱氨基酶 Adenosine deaminase	TadA*	<i>Escherichia coli</i>	由 tRNA 腺嘌呤核苷脱氨酶 TadA 改造得到的突变体, 可以将 DNA 上的腺嘌呤核苷转换为次黄苷 Evolved from tRNA adenosine deaminase TadA, could convert adenosine to inosine in DNA
	ADAR2	<i>Homo sapiens</i>	将 RNA 上的腺嘌呤核苷转换为次黄苷 Convert adenosine to inosine in RNA
	Sp dCas9	<i>Streptococcus pyogenes</i>	识别 NGG PAM 位点, 不切割 DNA 链 Recognize NGG PAM site and do not cut DNA
Cas9	Sp nCas9 (D10A)	<i>Streptococcus pyogenes</i>	识别 NGG PAM 位点, 仅切割与 sgRNA 互补的 DNA 链 Recognize NGG PAM site and nick the DNA strand complementary to sgRNA
	Sa nCas9 (D10A)	<i>Staphylococcus aureus</i>	识别 NNGRRT PAM 位点, 仅切割与 sgRNA 互补的 DNA 链 Recognize NNGRRT PAM site and nick the DNA strand complementary to sgRNA
Cpf1	dLbCpf1	<i>Lachnospiraceae bacterium</i>	识别 TTTV PAM 位点, 不切割 DNA 链 Recognize TTTV PAM site and do not cut DNA
尿嘧啶 DNA 糖苷酶抑制子 Uracil DNA glycosylase inhibitor	UGI	Bacteriophage PBS1	抑制尿嘧啶 DNA 糖苷酶的活性, 抑制尿嘧啶的切除 Repress the activity of uracil DNA glycosylase and thereby inhibit the removal of uracil in DNA
DNA 末端结合蛋白 Gam DNA end binding Gam protein	Gam	Bacteriophage Mu	结合于 DNA 双链断裂的切口, 减少 Indel 的形成 Bind to the ends of DSBs and reduce indel formation

胞嘧啶进行有效编辑, 效率约为 25%–40%, 但其在体内的编辑效率却很低, 仅为 0.8%–7.7%, 限制该技术在体内的应用。作者推测可能是体内的 DNA 修复机制导致编辑效率下降。前期研究表明, 当 DNA 双链上出现尿嘧啶时, 尿嘧啶 N-糖苷酶(Uracil N-glycosylase, UNG)就会启动碱基切除修复机制, 将尿嘧啶切除, 进而修复 DNA。为了抑制 UNG 的活性, Komor 等将来源于噬菌体 PBS 的 UNG 抑制子 UGI (Uracil DNA glycosylase inhibitor)^[18]引入 BE1, 构建了第二代碱基编辑器 BE2^[13]。结果显示, BE2 可以在细菌中进行有效地碱基编辑, 但在哺乳动物细胞中编辑效率仍不高。为了进一步提高编辑效

率, 他们将 BE2 中的 dCas9 替换为 nCas9(D10A), 开发了第三代碱基编辑器 BE3^[13]。nCas9(D10A)可以在未被编辑的 DNA 单链引入切口, DNA 倾向于以已发生编辑的 DNA 单链作为模板进行修复, 使目标碱基的编辑效率提高 2–6 倍, 在哺乳动物细胞中编辑效率达到 37%左右。值得一提的是, 虽然 BE3 相较于 BE2 编辑效率明显提高, 但是 Indel 出现的频率也明显提高, 说明该版本的碱基编辑器仍需进一步优化完善。

与此同时, Nishida 等采用来自七鳃鳗的胞嘧啶核苷脱氨基酶 PmCDA1 与 nCas9(D10A)进行融合, 在酵母和哺乳动物细胞中开发了类似的 CBE, 命名

为 Target-AID^[19]。由于使用了不同的胞嘧啶核苷脱氨基酶以及融合蛋白的组织结构不同, Target-AID 与 BE3 存在以下几点不同: (1) 编辑窗口与 BE3 明显不同, Target-AID 编辑窗口位于 PAM 序列的 -15 到 -19; (2) 编辑位点邻近的碱基对编辑效率的影响不同, 编辑位点邻近的碱基对 BE3 的编辑效率有很大影响。例如, 某些编辑位点胞嘧啶的 5 端为鸟嘌呤时, BE3 的编辑效率较低; 而 Target-AID 对编辑位点邻近的碱基没有明显的偏好性; (3) Target-AID 在某些位点会将胞嘧啶转换为鸟嘌呤, 且突变频率与胞嘧啶的位置有关; 当胞嘧啶距离 PAM 越近时, 突变为鸟嘌呤的频率越高。BE3 也存在胞嘧啶突变为鸟嘌呤的现象, 但突变频率与胞嘧啶的位置无关^[19]。

为了使胞嘧啶高效率转换为胸腺嘧啶, 而不是鸟嘌呤和腺嘌呤, Komor 等在 BE3 的基础上, 通过优化 APOBEC1 与 nCas9(D10A)的 Linker 区长度、nCas9(D10A)与 UGI 的 Linker 区长度以及增加一个拷贝的 UGI, 获得了第四代碱基编辑器 BE4^[20]。相比于 BE3, BE4 的编辑效率提高了 1.5 倍, 胞嘧啶转换为鸟嘌呤和腺嘌呤的频率与 Indel 出现的频率均降低 230%。由于 Indel 的出现可能破坏基因的功能, Komor 等在 BE4 的氨基端引入来自 Mu 噬菌体的 Gam 蛋白, 构建了 BE4-Gam。Gam 蛋白可以结合在 DNA 双链断裂的末端, 保护 DNA 不被降解。相比于 BE4, BE4-Gam 使 Indel 出现的频率再降低 210%。

当编辑窗口存在多个胞嘧啶时, 胞嘧啶核苷脱氨基酶会使其它非目标胞嘧啶也发生突变。为了减少这种情况的出现, Kim 等又在 BE3 的基础上开发了编辑窗口更小的碱基编辑器, 他们将 BE3 中的 APOBEC1 进行点突变, 筛选到的突变体使编辑窗口减小到 1-2 bp, 从而显著增加了碱基编辑的精确性^[21]。此外, 现有碱基编辑器在识别编辑单链 DNA 上的胞嘧啶时需依赖 PAM 序列的存在, 但往往很多编辑位点的附近没有合适的 PAM 序列。为了解

决这一问题, Kim 等将 BE3 中的 nCas9(D10A)引入各种点突变, 或替换为来源于金黄色葡萄球菌的 Sa nCas9(D10A), 改良版 BE3 识别的 PAM 序列更加多样, 进而增加了 DNA 上的可编辑位点(约 2.5 倍)^[21]。Hu 等采用噬菌体辅助的连续进化(PACE)技术, 筛选到可以识别更多 PAM 序列的 Cas9, 命名为 xCas9^[22]。将 BE3 中的 nCas9(D10A)替换为 xCas9(D10A)构建的 xBE3, 可以有效识别并编辑附近存在 PAM 序列为 NGN、GAA、GAT 的胞嘧啶碱基。xCas9 不仅可以识别更多的 PAM, 而且它的使用还进一步降低了编辑的脱靶率^[22]。Nishimasu 等进行了类似的研究工作, 他们采用理性设计的方法获得了一种 Cas9 突变体, 命名为 NG-Cas9^[23]。基于 NG-dCas9 的编辑器可以有效编辑某些 PAM 序列为 NG 附近的胞嘧啶位点^[23]。最近, 研究发现 DNA 的甲基化修饰会降低 BE3 的编辑效率, Wang 等将鼠源的 APOBEC1 替换为来自人类的 APOBEC3A (hA3A), 构建的 hA3A-BE3 可以明显减少 DNA 甲基化对编辑效率的影响, 实现对甲基化胞嘧啶的有效编辑^[24]。Ma 等将 Human activation-induced deaminase (hAID)的 C 端去除得到 AIDx, 将 dCas9 与 AIDx 进行融合开发了一种 Targeted AID-mediated mutagenesis (TAM), 这种方法可以将胞嘧啶转化为其它 3 种碱基^[25]。此外, Gehrke 等开发的 eA3A-BE3 可以在不改变编辑窗口的情况下, 优先编辑“TC”位点中的胞嘧啶, 这种方法使碱基编辑更加精准^[26](表 2)。以上研究工作, 尤其是哈佛大学 David R. Liu 实验室的工作^[13,20-22], 一方面显著提升了 CBE 的效率以及精确性, 另一方面也大幅度增加了基因组上的可编辑位点, 这些努力为其应用于哺乳动物、植物细胞基因组的精准编辑打下了良好的基础。

目前, 除了 Cas9 被广泛应用于基因组编辑以外, 属于第二类 V 型 CRISPR/Cas 系统的 Cpf1 (又称 Cas12a)也被开发用于基因组编辑。最近, Li 等将来源于 *Lachnospiraceae bacterium* 切割活性丧失的 Cpf1 (dLbCpf1)与 APOBEC1 和 UGI 进行融合,

表 2 胞嘧啶碱基编辑器的结构和编辑窗口

Table 2 The architecture and editing window of cytosine base editors

胞嘧啶碱基编辑器 Cytosine base editor	组织结构 Architecture	编辑窗口 Editing window	PAM	参考文献 References
BE1	rAPOBEC1-Sp dCas9	-13-17	NGG	[13]
BE2	rAPOBEC1-Sp dCas9-UGI	-13-17	NGG	[13]
BE3	rAPOBEC1-Sp nCas9(D10A)-UGI	-13-17	NGG	[13]
Target-AID	Sp nCas9(D10A)-PmCDA1-UGI	-15-19	NGG	[19]
BE4	rAPOBEC1-Sp nCas9(D10A)-UGI-UGI	-13-17	NGG	[20]
BE4-Gam	Gam-rAPOBEC1-Sp nCas9(D10A)-UGI-UGI	-13-17	NGG	[20]
SaBE3	rAPOBEC1-Sa nCas9(D10A)-UGI	-9-18	NNGRRT	[21]
Sa(KKH)-BE3	rAPOBEC1-Sa KKH nCas9(D10A)-UGI	-9-18	NNNRRT	[21]
VQR-BE3	rAPOBEC1-Sp VQR nCas9(D10A)-UGI	-10-17	NGAN	[21]
VRER-BE3	rAPOBEC1-Sp VRER nCas9(D10A)-UGI	-11-18	NGCG	[21]
YE1-BE3	rAPOBEC1 W90Y R126E-Sp nCas9(D10A)-UGI	-14-17	NGG	[21]
YE2-BE3	rAPOBEC1 W90Y R132E-Sp nCas9(D10A)-UGI	-15-16	NGG	[21]
EE-BE3	rAPOBEC1 R126E R132E-Sp nCas9(D10A)-UGI	-15-16	NGG	[21]
YEE-BE3	rAPOBEC1 W90Y R126E R132E-Sp nCas9(D10A)-UGI	-15-16	NGG	[21]
SaBE4	rAPOBEC1-Sa nCas9(D10A)-UGI-UGI	-9-18	NNGRRT	[20]
SaBE4-Gam	Gam-rAPOBEC1-Sa nCas9(D10A)-UGI-UGI	-9-18	NNGRRT	[20]
xBE3	rAPOBEC1-Sp xCas9(D10A)-UGI	-13-17	NG	[22]
Target-AID-NG	Sp nCas9(D10A)-NG-PmCDA1-UGI	-13-19	NG	[23]
TAM	Sp dCas9-hAID*-P182X	-12-16	NGG	[25]

构建了 dLbCpf1-BE0, 可以对 PAM 下游 8-13 bp 的胞嘧啶进行编辑, 编辑效率约为 20%-22%, 且 Indel 出现的频率和脱靶率都很低^[27]。该编辑器的开发为细胞基因组的编辑(C 到 T 或 G 到 A 碱基的转换)提供了一个备选工具。

1.2 腺嘌呤碱基编辑器(ABE)

ABE 是由 Gaudelli 等开发, 他们首先提出了一个假设, 如将 DNA 双链上的腺嘌呤核苷脱氨基后可生成次黄苷, 次黄苷在 DNA 复制和修复过程中能与胞嘧啶核苷配对, 进而实现腺嘌呤到鸟嘌呤的转换^[14](图 1B)。如果将 CBE 中的胞嘧啶核苷脱氨基酶替换为腺嘌呤核苷脱氨基酶, 就可以开发出相应的 ABE。然而, 目前尚未发现以单链 DNA 作为底物的腺嘌呤核苷脱氨基酶。所以, 开发 ABE 的最大困难就是寻找以单链 DNA 作为底物的腺嘌呤核苷脱氨基酶^[15]。已经报道的腺嘌呤核苷脱氨基酶的作用底物包括: 游离的腺嘌呤、游离的腺嘌呤核苷、RNA 中的腺嘌呤核苷、RNA 和 DNA 的异源二

聚体中错配的腺嘌呤核苷^[28]。Gaudelli 等^[14]首先尝试将 BE3 中的 APOBEC1 替换为已报道的腺嘌呤核苷脱氨基酶, 包括: 大肠杆菌来源的 TadA^[29-30]、人类来源的 ADAR2^[31]/ADAT2^[32] 与小鼠来源的 ADA^[33], 但均不能实现腺嘌呤到鸟嘌呤的转换。作者推测这些酶都不能以单链 DNA 作为底物进行脱氨基反应, 于是希望通过人工改造的方法获得可以作用于 DNA 的腺嘌呤核苷脱氨基酶。选择大肠杆菌来源的 TadA 作为改造的靶点, 主要出于以下三方面的考虑: (1) TadA 是一个 tRNA 腺嘌呤核苷脱氨基酶, 可以将 tRNA^{Arg} 反密码子环上单链 RNA 中的腺嘌呤核苷脱氨基生成次黄苷。TadA 和 APOBEC1 有一定的同源性, 并且 TadA 与 tRNA 结合的构象和 APOBEC1 结合单链 DNA 的构象类似^[17,34]; (2) TadA 催化的脱氨基反应不需要小分子激活剂^[35]; (3) TadA 作用的底物是核酸链上的腺嘌呤核苷, 而不是游离的腺嘌呤核苷和腺嘌呤^[33]。作者首先构建了一个 TadA 的突变体(TadA*)库, 将其与 dCas9 进行融合

后, 导入大肠杆菌中进行筛选。为了便于筛选, 作者将氯霉素酰基转移酶(Cm^R)的第 193 位活性位点组氨酸突变为酪氨酸, 导入大肠杆菌中作为筛选压力。只有当突变的 TadA*-dCas9 和 sgRNA 使活性位点的腺嘌呤转换为鸟嘌呤, 才能使菌株恢复对氯霉素的抗性。经过第一轮筛选, 找到了 2 个关键的 TadA 点突变 A106V 和 D108N。将突变的 TadA* 与密码子优化的 nCas9(D10A)进行融合, 并引入核定位信号(NLS), 构建出第一版腺嘌呤碱基编辑器 ABE1.2 (TadA*-XTEN-nCas9-NLS)。然而, ABE1.2 在哺乳动物细胞中的编辑效率非常低, 仅为 3.2%; 通过使用更高浓度的氯霉素进行第二轮筛选, 找到 2 个新的 TadA 点突变 D147Y 和 E155V, 将这 2 个点突变引入 ABE1.2 得到 ABE2.1 (ABE1.2+D147Y+E155V), 编辑效率提高至 11%。由于原始的 TadA 是以同源二聚体形式发挥功能, 其中一个单体催化脱氨基反应, 另一个单体结合 tRNA 底物^[36]。于是, 作者在 ABE2.1 的氨基端引入另一个 TadA* 得到 ABE2.9, 编辑效率提高至 20%。为了进一步提高编辑效率, 作者进行了第三轮筛选, 找到 3 个新的点突变位点 L84F、H123Y 和 I157F。将这些点突变引入 ABE2.9 得到 ABE3.1, 编辑效率提高至 29%。然而, ABE3.1 偏好编辑 YAC 位点的腺嘌呤, 对某些位点(如 GAG)的编辑效率比较低。为了消除 ABE3.1 的偏好性, 作者进行了第四轮和第五轮筛选, 找到 4 个点突变 H36L、R51L、S146C 和 K157N。将其引入 ABE3.1 得到 ABE5.1, 但编辑效率反而降低 170%, 作者推测这些点突变的引入可能破坏了负责底物供应的氨基端 TadA 的结构, 于是将 ABE5.1

中氨基端 TadA* 替换为原始的 TadA 得到 ABE5.3, 编辑效率提高至 39%, 且在非 YAC 位点编辑效率明显提高。为了去除不利点突变并提高编辑效率, 作者再次进行了第六、第七轮筛选, 分别得到 ABE6.3 和 ABE7.10, 编辑效率分别提高至 47% 与 58%。ABE7.10 的编辑窗口为 PAM 序列上游的-14 到-17, 且对含有多个腺嘌呤位点的编辑效率明显提高。此外, 相比于使用 Cas9 进行的基因编辑, ABE7.10 的脱靶率更低, Indel 出现的频率也明显降低。

与 CBE 类似, 通过替换 ABE7.10 中的 nCas9(D10A), 开发了多种其它的 ABE 碱基编辑工具, 如 xABE^[22]、ABESa^[37]、Sa(KKH)-ABE^[38]等(表 3)。这些 ABE 工具可以识别不同的 PAM 位点, 且编辑窗口有所差异, 使基因组中可被编辑的位点进一步增多。

2 RNA 碱基编辑器

与 CBE 和 ABE 依赖于 CRISPR/Cas 系统进行 DNA 的碱基编辑不同, 许多 RNA 碱基编辑器不依赖于 CRISPR 系统, 而是利用已经报道的脱氨基酶的特性进行编辑。研究较多的 RNA 脱氨基酶是 ADAR (Adenosine deaminase acting on RNA) 家族蛋白^[39-40]。ADAR 可以催化 RNA 链上的腺嘌呤核苷转换为次黄苷, 次黄苷在翻译和 RNA 剪接过程中会被误读为鸟嘌呤核苷, 进而实现 RNA 的碱基编辑^[39-40]。ADAR 蛋白有 2 个结构域, 氨基端的双链 RNA 结合结构域和羧基端的脱氨基酶结构域, 脱氨基酶结构域的底物是 RNA 双链结构中的腺嘌呤核苷^[31,41]。人类基因组中有 2 个 ADAR 蛋白: ADAR1 和 ADAR2。此外, ADAR 的关键活性位点谷氨酸突

表 3 腺嘌呤碱基编辑器的结构和编辑窗口

Table 3 The architecture and editing window of adenine base editor

腺嘌呤碱基编辑器 Adenine base editor	组织结构 Architecture	编辑窗口 Editing window	PAM	参考文献 References
ABE7.10	TadA-TadA*-Sp nCas9(D10A)	-14--17	NGG	[14]
xABE	TadA-TadA*-Sp xCas9(D10A)	-14--17	NG	[22]
ABESa	TadA-TadA*-Sa nCas9(D10A)	-9--15	NNGRRT	[37]
Sa(KKH)-ABE	TadA-TadA*-Sa KKH nCas9(D10A)	-9--15	NNGRRT	[38]

变为谷氨酰胺,可提高 ADAR 的碱基编辑效率^[28]。ADAR 对 RNA 双链结构中腺嘌呤核苷与胞嘧啶核苷的错配(A-C 错配)编辑效率较高^[42]。利用 ADAR 的这些特点,开发了许多 RNA 碱基编辑器,可大致分为两类:反义 RNA 介导的碱基编辑器和 CRISPR 介导的碱基编辑器。

反义 RNA 介导的碱基编辑器主要采用 3 种策略:(1) 将 ADAR 结合的双链 RNA 结构与反义 RNA 进行融合,利用反义 RNA 靶向目标 RNA,并使需要突变的腺嘌呤核苷与反义 RNA 中的胞嘧啶核苷配对,形成 A-C 错配,从而提高编辑效率^[43];(2) 将 ADAR 的脱氨基酶结构域(ADAR_{DD})与 SNAP 标签(改造的 O⁶-烷基鸟嘌呤-DNA-烷基转移酶,具有与 5'-O-苄基鸟嘌呤修饰的 RNA 结合的活性)进行融合^[44],形成 SNAP-ADAR_{DD} 融合蛋白,并将反义 RNA 的 5'端用苄基鸟嘌呤进行修饰,利用 SNAP 标签和苄基鸟嘌呤的特异性结合,将 ADAR_{DD} 引导至反义 RNA 和目标 RNA 形成的双链区进行碱基编辑^[45-46];(3) 将 λ 噬菌体的 N 蛋白与 ADAR_{DD} 进行融合,并将反义 RNA 与 17 nt 的 BoxB 发卡结构进行融合,利用 λ 噬菌体的 N 蛋白与 BoxB 发卡结构的相互作用将 ADAR_{DD} 引导至目标位点进行编辑^[47-48]。然而,由于反义 RNA 介导的碱基编辑仅仅依赖于反义 RNA 和目标 RNA 的碱基互补配对进行识别和编辑,所以其特异性往往较低。此外,反义 RNA 介导的碱基编辑无法克服 ADAR 的底物偏好性,对某些位点(如 GAN 位点)的编辑效率较低^[16]。

最近, Cox 等开发了一种 CRISPR/Cas 介导的 RNA 碱基编辑器 REPAIR (RNA editing for Programmable A to I Replacement)^[16]。与反义 RNA 介导的碱基编辑不同, REPAIR 系统利用失活的 Cas13 蛋白的辅助进行识别,不仅可以编辑更多的位点,特异性也得到明显提升。Cas13 蛋白属于第二类第 VI 型 CRISPR 核酸酶,具有 RNA 核酸内切酶结构域,能够在 RNA 引导下切割 RNA,主要包括 3 个家族: Cas13a、Cas13b 和 Cas13c^[5]。Cox 等^[16]通过筛选不同来源的 Cas13 蛋白,发现来自 *Prevotella*

sp. P5-125 的 Cas13b (PspCas13b)对靶基因的干扰活性较强,且特异性较好。于是,将失活的 PspCas13b 蛋白(dPspCas13b)与高活性的 ADAR2_{DD}(E488Q)进行融合,构建了第一版的 RNA 碱基编辑器 REPAIRv1,编辑效率高,但脱靶率也很高。作者推测是由于 ADAR2_{DD}(E488Q)的活性过强所致。随后,他们通过结构指导的蛋白改造策略对 REPAIRv1 系统中的 ADAR2_{DD}(E488Q)进行点突变筛选,双位点突变体 ADAR2_{DD}(E488Q+T375G)的脱靶率大幅降低(接近 3 个数量级),命名为 REPAIRv2。相对于反义 RNA 介导的碱基编辑, REPAIRv2 特异性大幅提升,脱靶率降低一个数量级以上^[16];不过,与 REPAIRv1 相比,它的靶向编辑活性明显下降。尽管如此,由于 REPAIRv2 具有高特异性、低脱靶率的优势,它将是一种非常有应用潜力的 RNA 编辑工具。

3 碱基编辑器在细菌基因组编辑研究中的应用

鉴于碱基编辑器介导的基因组编辑技术操作简便、特异性高,因此倍受科研工作者的青睐。目前该技术已被广泛应用于人类疾病相关的点突变修复研究或治疗、植物分子育种、疾病动物模型的建立与高通量功能基因组的研究等^[49-57]。最近, CBE 碱基编辑器也被应用于细菌的基因组编辑^[58],然而这方面的应用研究尚处于起步阶段,目前仅在以下一些细菌中得到了应用,包括大肠杆菌^[59-60]、谷氨酸棒状杆菌^[61],以及多个致病菌,如金黄色葡萄球菌^[62]、肺炎克雷伯菌^[63]、假单胞菌^[64]和羊布鲁氏杆菌^[60](表 4)。下面进行简单介绍。

3.1 大肠杆菌

Banno 等将之前在哺乳动物细胞和酵母中研发的 Target-AID 系统应用于大肠杆菌,开发了基于 CBE 的多重基因组编辑技术^[59]。开始,他们尝试使用 nCas9(D10A)-PmCDA1 进行碱基编辑,但因其对大肠杆菌存在较大毒性而改用 dCas9-PmCDA1 (简称为 dCas9-CDA)。结果显示, dCas9-CDA 可以实现大肠杆菌的基因组编辑(C 到 T),但编辑效率

表 4 细菌中开发的碱基编辑器

Table 4 The base editing systems developed in bacteria

细菌 Bacteria	质粒 Plasmid	组织结构 Architecture	编辑窗口 Editing window	多位点编辑效率 Multiple site editing efficiency	参考文献 References
<i>Escherichia coli</i>	pScI-dCas9-CDA-UL	Sp dCas9-PmCDA1-UGI-LVA	-16--20	3 sites (62.5%) 6 sites (87.5%)	[59]
<i>Escherichia coli</i>	pEcBE3	rAPOBEC1-Sp nCas9(D10A)-UGI-NLS	ND	ND	[60]
<i>Corynebacterium glutamicum</i>	pnCas9(D10A)-AID ^{TS}	Sp nCas9(D10A)-PmCDA1	-16--20	2 sites (85.0%) 3 sites (23.3%)	[61]
<i>Staphylococcus aureus</i>	pnCasSA-BEC	rAPOBEC1-Sp nCas9(D10A)	-13--17	ND	[62]
<i>Pseudomonas</i>	pnCasPA-BEC	rAPOBEC1-Sp nCas9(D10A)	-13--18	ND	[64]
<i>Klebsiella pneumoniae</i>	pBECKP	rAPOBEC1-Sp nCas9(D10A)	-13--18	ND	[63]
<i>Brucella melitensis</i>	pBmBE3	rAPOBEC1-Sp nCas9(D10A)-UGI-NLS	ND	ND	[60]

注: ND: 编辑窗口或效率没有测定.

Note: ND: The editing window or efficiency was not determined.

差异较大,有些位点的编辑效率高达 61.7%–95.1%,而有些位点的效率仅为 1.4%–9.2%,最佳编辑窗口为 5 bp (在 PAM 序列上游-16 到-20 bp)。为了提高编辑效率,作者在 dCas9-CDA 的 C 端融合了 UNG 抑制子 UGI 以及蛋白降解标签 LVA 两种元件,构建了编辑器 dCas9-CDA-UL。LVA 的引入可以降低 dCas9-CDA-UGI 过量表达造成的细胞毒性^[65]。结果显示,改良版的编辑器可以对所有测试的靶点进行高效编辑。同时,他们发现调整 sgRNA 的长度可以使编辑窗口发生改变;当 sgRNA 延长时,编辑窗口会向远离 PAM 的 5 端偏移。通过全基因组测序得知, dCas9-CDA-UL 的脱靶率会高于 dCas9-CDA,且脱靶位点没有明显的位置偏好性。随后,作者开展多位点编辑的尝试,结果显示当 3 个位点同时编辑时, dCas9-CDA 无法一次获得三位点突变株,但 dCas9-CDA-UL 可以一次获得三位点突变株,而且效率高达 62.5%;当运用 dCas9-CDA-UL 进行 6 个位点的同时突变,效率更是高达 87.5%。预示基于 dCas9-CDA-UL 的碱基编辑技术非常高效。最后,他们使用 4 个 sgRNA 引导 dCas9-CDA-UL 靶向多拷贝的转座酶编码基因(分别是 10、12、5 与 14 个拷贝,总计 41 个位点),实现一次对 41 个位点胞嘧啶的碱基编辑,充分证明 dCas9-CDA-UL 碱基编辑器的高效率^[59]。该 dCas9-CDA-UL 介导的基

因组编辑技术适合用于多重及高通量基因突变,并且同样适用于其他细菌的基因组编辑,甚至包括遗传操作困难的细菌。因此,它的广泛使用必将极大推动细菌的功能基因组研究。另外,值得一提的是, Gandelli 等在开发适用于哺乳动物细胞的 ABE 过程中,对腺嘌呤核苷脱氨酶 TadA 的改造均是在大肠杆菌中完成^[14],证明 ABE 系统也可以在大肠杆菌中有效发挥作用。

3.2 谷氨酸棒杆菌

之前的研究工作中,科研人员已在重要工业微生物谷氨酸棒状杆菌建立了基于 CRISPR/Cas9 或 Cpf1 的基因组编辑技术,但这些技术的多基因同步编辑能力较弱,一次最多只能编辑 2 个基因^[66-68]。最近,来自中国科学院天津工业生物技术研究所的研究团队开发了一种多重、自动化的碱基编辑器 MACBETH (Multiplex automated *Corynebacterium glutamicum* base editing method)^[61]。他们首先将 dCas9(D10A/H840A)与 PmCDA1 进行融合,构建了 CBE 编辑器 dCas9-AID,其编辑效率仅约 11.2%。为了提高编辑效率,作者将编辑器中的 dCas9 替换成 nCas9(D10A),构建了 nCas9(D10A)-AID,其编辑效率显著提升,达到 62.4%±8.2%。随后,他们通过连续传代,延长编辑时间,进一步提高了编辑效率,单基因的编辑效率最高可达 90%–100% (3–5 代);

两基因同时编辑效率达到 85% (5 代), 三基因同时编辑效率达到 23.3% (8 代)。在该研究中, 他们还将碱基编辑系统用于谷氨酸棒杆菌的代谢工程改造, 通过同时失活 *pyk* 和 *ldhA* 基因使谷氨酸产量提高 3 倍。最后, 作者将碱基编辑器与自动化系统进行整合, 运用 MACBETH 技术成功实现了 94 个转录因子的高通量失活(引入终止密码子), 其中超过 86% 靶基因的编辑效率(C 到 T 的转换)超过 50%。该技术与之前谷氨酸棒杆菌中建立的基于 CRISPR/Cas9 或 Cpf1 编辑技术相比, 更加简便、高效, 并且编辑通量更高。

3.3 金黄色葡萄球菌、肺炎克雷伯氏菌等致病菌

为加速病原菌的相关研究, 包括致病与耐药机制、新型药靶筛选等, 开发适用于病原菌的高效快速基因组编辑技术十分重要。最近, 来自上海科技大学的 Ji 研究团队在多种病原菌或重要工业微生物中开发了胞嘧啶碱基编辑器^[62-64]。他们将鼠源的 APOBEC1 (位于 N 端)与 nCas9(D10A) (C 端)通过 XTEN linker 进行融合, 构建 CBE 编辑系统 pnCasSA-BEC。运用该编辑系统, 在金黄色葡萄球菌临床分离株中, 如 ST239 (770)和 ST398 (1059), 实现了高效的单基因编辑, 效率最高可达 100%。由于金黄色葡萄球菌的同源重组效率较低, 限制了 CRISPR 系统介导的基因缺失技术的应用。因此, 该技术的建立必将极大地改善致病性金黄色葡萄球菌的遗传操作^[62]。采用相同的策略, 他们又相继在多种假单胞菌(包括绿脓假单胞菌、恶臭假单胞菌、荧光假单胞菌和丁香假单胞菌)中开发了基于 pnCasPA-BEC 的基因编辑技术^[64]。Wang 等在肺炎克雷伯菌(既是一种重要工业微生物, 同时也是一种人类病原菌)中开发类似的 CBE 编辑系统 pBECKP, 实现了高效的碱基编辑^[63]。此外, 来自华中农业大学的 Zheng 等将在哺乳动物细胞中开发的 BE3 编辑器应用于大肠杆菌和羊布鲁氏杆菌 (*Brucella melitensis*)的单基因编辑^[60], 效率也高达 100%。这些基于 CBE 的高效基因编辑技术的开发大幅提高了相关病原菌的基因组改造效率, 必将推动病原

菌致病与耐药机制、药靶筛选的研究工作。

3.4 链霉菌

在重要工业微生物链霉菌中已相继开发了基于 CRISPR/Cas9 或 Cpf1 的高效基因组编辑技术, 可以实现单基因/双基因、单基因簇/双基因簇以及定点突变等形式的基因组高效编辑。这些技术的研发大幅提高了链霉菌基因组的编辑效率, 极大促进了此类细菌的功能基因组以及代谢工程的研究^[69-74]。但总体来看, 这些技术的通量相对较低, 一般情况下一次遗传操作仅能完成 1-2 个基因或位点的缺失或突变; 另外, 这些技术需要依赖于 HDR 或 NHEJ 进行 DSB 的修复, 进而完成基因的缺失或突变, 所以现有技术并不适用于 DNA 同源重组能力弱的链霉菌的基因组编辑。为此, 本实验室开发了适用于链霉菌基因组多重编辑的胞嘧啶碱基编辑器, 并在天蓝色链霉菌(模式菌)与雷帕链霉菌(免疫抑制剂-雷帕霉素产生菌)中进行了功能及效率测试, 证实该技术可以在这两种链霉菌很好地发挥功能, 实现基因组的高效多重编辑。该技术的研发为链霉菌的基因组编辑提供了一种很好的替代工具; 同时, 由于碱基编辑器介导的基因组改造不依赖于同源重组, 因此该方法的建立必将推动 DNA 重组能力较弱链霉菌中功能基因的筛选鉴定以及代谢工程研究。

4 总结与展望

碱基编辑器分成两大类, 分别是 DNA 和 RNA 碱基编辑器, 它们可以对生物体遗传信息(DNA 或 RNA)进行高效、高分辨率地精准改造(单一碱基对)。与 CRISPR/Cas 系统介导的基因改造不同, 碱基编辑器不依赖于宿主细胞自身的 NHEJ 和 HDR 途径, 而是借助于脱氨基酶的催化活性实现碱基的转换, 进而完成基因编辑^[50-51]。DNA 碱基编辑器有 2 种, 分别是将 DNA 上 C·G 碱基对转换成 T·A 的 CBE 和将 A·T 转换成 G·C 的 ABE; 而 RNA 碱基编辑器在 RNA 水平上实现腺嘌呤核苷到次黄苷的转换, 可以在不改变 DNA 的情况下, 实现基因的可

逆编辑^[15]。目前, 碱基编辑器在真核生物中已被广泛应用, 主要用于人类疾病相关的点突变修复研究或治疗、植物分子育种、疾病动物模型的建立、高通量功能基因组研究等^[49-57]。两年来, 针对碱基编辑器(尤其是 CBE)存在的一些问题, 包括编辑效率低、可编辑位点少以及脱靶效应等, 科研人员开展了卓有成效的研究工作, 通过各种策略, 包括优化 Cas 蛋白或脱氨基酶(理性设计或连续进化等)、引入 UNG 抑制子 UGI、优化 Cas 蛋白与脱氨基酶之间连接区的长度、控制碱基编辑器的作用时间等, 获得多种改良版的 CBE。与第一版本的 BE1 相比, 它们呈现出编辑效率高、可编辑位点多、脱靶效应低等优势。为最终用于点突变引起的人类遗传疾病的精准治疗奠定了良好的基础。

在原核生物中, 碱基编辑器的开发应用尚处于起步阶段, 至今仅在少数一些细菌中得到了应用, 包括大肠杆菌^[59-60]、谷氨酸棒状杆菌^[61], 以及多个致病菌, 如金黄色葡萄球菌^[62]、肺炎克雷伯菌^[63]、假单胞菌^[64]与羊布鲁氏杆菌^[60]等, 而且使用的都是 CBE。通过 CBE 在基因内部引入终止密码子, 引起基因表达终止及蛋白功能的失活, 以此来进行功能基因的鉴定以及代谢工程研究。该技术同样适用于其他细菌的基因组编辑, 尤其可以为同源重组效率低下、遗传操作困难的细菌的基因组编辑提供很好的解决方案。由于碱基编辑器存在简单、高效率、高特异性以及低脱靶率等优势, 相信在不久的将来必将在更多细菌中建立碱基编辑器介导的基因组编辑技术, 进而促进众多细菌的功能基因组研究。必须指出的是, 从现有结果来看, 细菌中使用的 CBE 的脱靶率相对较高, 将来可以通过优化 sgRNA 设计以及使用更加严谨的 CRISPR/Cas 系统, 或通过蛋白质工程等来优化碱基编辑器, 以达到降低脱靶率的效果。另外, 在细菌中 ABE 及 RNA 编辑器还有待开发, 这些技术的发展将进一步丰富现有细菌基因组编辑的工具箱, 从而为细菌功能基因组的研究提供更多备选方案。最后, 从编辑通量来看, 在大肠杆菌中开发的 dCas-CDA-UL 通量最高, 一次

可以同时针对 6 个位点进行高效的碱基编辑^[59]。如能在众多细菌中开发更高通量的碱基编辑器将进一步促进功能基因组研究, 而且将为工业微生物的分子育种提供强大的基因突变工具。

REFERENCES

- [1] McGinn J, Marraffini LA. Molecular mechanisms of CRISPR-Cas spacer acquisition[J]. *Nature Reviews Microbiology*, 2019, 17(1): 7-12
- [2] Knott GJ, Doudna JA. CRISPR-Cas guides the future of genetic engineering[J]. *Science*, 2018, 361(6405): 866-869
- [3] Shah SA, Erdmann S, Mojica FJM, et al. Protospacer recognition motifs: mixed identities and functional diversity[J]. *RNA Biology*, 2013, 10(5): 891-899
- [4] Makarova KS, Wolf YI, Alkhnbashi OS, et al. An updated evolutionary classification of CRISPR-Cas systems[J]. *Nature Reviews Microbiology*, 2015, 13(11): 722-736
- [5] Koonin EV, Makarova KS, Zhang F. Diversity, classification and evolution of CRISPR-Cas systems[J]. *Current Opinion in Microbiology*, 2017, 37: 67-78
- [6] Hsu PD, Lander ES, Zhang F. Development and applications of CRISPR-Cas9 for genome engineering[J]. *Cell*, 2014, 157(6): 1262-1278
- [7] Deltcheva E, Chylinski K, Sharma CM, et al. CRISPR RNA maturation by *trans*-encoded small RNA and host factor RNase III[J]. *Nature*, 2011, 471(7340): 602-607
- [8] Jinek M, Chylinski K, Fonfara I, et al. A programmable dual-RNA-guided DNA endonuclease in adaptive bacterial immunity[J]. *Science*, 2012, 337(6096): 816-921
- [9] Paquet D, Kwart D, Chen A, et al. Efficient introduction of specific homozygous and heterozygous mutations using CRISPR/Cas9[J]. *Nature*, 2016, 533(7601): 125-129
- [10] Qi LS, Larson MH, Gilbert LA, et al. Repurposing CRISPR as an RNA-guided platform for sequence-specific control of gene expression[J]. *Cell*, 2013, 152(5): 1173-1183
- [11] La Russa MF, Qi LS. The new state of the art: Cas9 for gene activation and repression[J]. *Molecular and Cellular Biology*, 2015, 35(22): 3800-3809
- [12] Xu XS, Qi LS. A CRISPR-dCas toolbox for genetic engineering and synthetic biology[J]. *Journal of Molecular Biology*, 2019, 431(1): 34-47
- [13] Komor AC, Kim YB, Packer MS, et al. Programmable editing of a target base in genomic DNA without double-stranded DNA cleavage[J]. *Nature*, 2016, 533(7603): 420-424
- [14] Gaudelli NM, Komor AC, Rees HA, et al. Programmable base editing of A·T to G·C in genomic DNA without DNA cleavage[J]. *Nature*, 2017, 551(7681): 464-471
- [15] Rees HA, Liu DR. Base editing: precision chemistry on the genome and transcriptome of living cells[J]. *Nature Reviews Genetics*, 2018, 19(12): 770-788
- [16] Cox DBT, Gootenberg JS, Abudayyeh OO, et al. RNA editing with CRISPR-Cas13[J]. *Science*, 2017, 358(6366): 1019-1027
- [17] Harris RS, Petersen-Mahrt SK, Neuberger MS. RNA editing enzyme APOBEC1 and some of its homologs can act as DNA mutators[J]. *Molecular Cell*, 2002, 10(5): 1247-1253
- [18] Mol CD, Arvai AS, Sanderson RJ, et al. Crystal structure of human uracil-DNA glycosylase in complex with a protein inhibitor: protein mimicry of DNA[J]. *Cell*, 1995, 82(5): 701-708
- [19] Nishida K, Arazoe T, Yachie N, et al. Targeted nucleotide editing using hybrid prokaryotic and vertebrate adaptive immune systems[J]. *Science*, 2016, 353(6305): aaf8729
- [20] Komor AC, Zhao KT, Packer MS, et al. Improved base excision repair inhibition and bacteriophage Mu Gam protein yields C: G-to-T: A base editors with higher efficiency and product purity[J]. *Science Advances*, 2017, 3(8): eaao4774

- [21] Kim YB, Komor AC, Levy JM, et al. Increasing the genome-targeting scope and precision of base editing with engineered Cas9-cytidine deaminase fusions[J]. *Nature Biotechnology*, 2017, 35(4): 371-376
- [22] Hu JH, Miller SM, Geurts MH, et al. Evolved Cas9 variants with broad PAM compatibility and high DNA specificity[J]. *Nature*, 2018, 556(7699): 57-63
- [23] Nishimasu H, Shi X, Ishiguro S, et al. Engineered CRISPR-Cas9 nuclease with expanded targeting space[J]. *Science*, 2018, 361(6408): 1259-1262
- [24] Wang X, Li JN, Wang Y, et al. Efficient base editing in methylated regions with a human APOBEC3A-Cas9 fusion[J]. *Nature Biotechnology*, 2018, 36(10): 946-949
- [25] Ma YQ, Zhang JY, Yin WJ, et al. Targeted AID-mediated mutagenesis (TAM) enables efficient genomic diversification in mammalian cells[J]. *Nature Methods*, 2016, 13(12): 1029-1035
- [26] Gehrke JM, Cervantes O, Clement MK, et al. An APOBEC3A-Cas9 base editor with minimized bystander and off-target activities[J]. *Nature Biotechnology*, 2018, 36(10): 977-982
- [27] Li XS, Wang Y, Liu YJ, et al. Base editing with a Cpf1-cytidine deaminase fusion[J]. *Nature Biotechnology*, 2018, 36(4): 324-327
- [28] Zheng YX, Lorenzo C, Beal PA. DNA editing in DNA/RNA hybrids by adenosine deaminases that act on RNA[J]. *Nucleic Acids Research*, 2017, 45(6): 3369-3377
- [29] Wolf J, Gerber AP, Keller W. TadA, an essential tRNA-specific adenosine deaminase from *Escherichia coli*[J]. *The EMBO Journal*, 2002, 21(14): 3841-3851
- [30] Kim J, Malashkevich V, Roday S, et al. Structural and kinetic characterization of *Escherichia coli* TadA, the wobble-specific tRNA deaminase[J]. *Biochemistry*, 2006, 45(20): 6407-6416
- [31] Matthews MM, Thomas JM, Zheng YX, et al. Structures of human ADAR2 bound to dsRNA reveal base-flipping mechanism and basis for site selectivity[J]. *Nature Structural & Molecular Biology*, 2016, 23(5): 426-433
- [32] Gerber AP, Keller W. An adenosine deaminase that generates inosine at the wobble position of tRNAs[J]. *Science*, 1999, 286(5442): 1146-1149
- [33] Grunebaum E, Cohen A, Roifman CM. Recent advances in understanding and managing adenosine deaminase and purine nucleoside phosphorylase deficiencies[J]. *Current Opinion in Allergy and Clinical Immunology*, 2013, 13(6): 630-638
- [34] Shi K, Carpenter MA, Banerjee S, et al. Structural basis for targeted DNA cytosine deamination and mutagenesis by APOBEC3A and APOBEC3B[J]. *Nature Structural & Molecular Biology*, 2017, 24(2): 131-139
- [35] Macbeth MR, Schubert HL, van Demark AP, et al. Inositol hexakisphosphate is bound in the ADAR2 core and required for RNA editing[J]. *Science*, 2005, 309(5740): 1534-1539
- [36] Losey HC, Ruthenburg AJ, Verdine GL. Crystal structure of *Staphylococcus aureus* tRNA adenosine deaminase TadA in complex with RNA[J]. *Nature Structural & Molecular Biology*, 2006, 13(2): 153-159
- [37] Hua K, Tao XP, Zhu JK. Expanding the base editing scope in rice by using Cas9 variants[J]. *Plant Biotechnology Journal*, 2018. DOI: 10.1111/pbi.12993
- [38] Yang L, Zhang XH, Wang LR, et al. Increasing targeting scope of adenosine base editors in mouse and rat embryos through fusion of TadA deaminase with Cas9 variants[J]. *Protein & Cell*, 2018, 9(9): 814-819
- [39] Nishikura K. Functions and regulation of RNA editing by ADAR deaminases[J]. *Annual Review of Biochemistry*, 2010, 79: 321-349
- [40] Tan MH, Li Q, Shanmugam R, et al. Dynamic landscape and regulation of RNA editing in mammals[J]. *Nature*, 2017, 550(7675): 249-254
- [41] Bass BL, Weintraub H. An unwinding activity that covalently modifies its double-stranded RNA substrate[J]. *Cell*, 1988, 55(6): 1089-1098
- [42] Wong SK, Sato S, Lazinski DW. Substrate recognition by ADAR1 and ADAR2[J]. *RNA*, 2001, 7(6): 846-858
- [43] Wettengel J, Reautschnig P, Geisler S, et al. Harnessing human ADAR2 for RNA repair - Recoding a PINK1 mutation rescues mitophagy[J]. *Nucleic Acids Research*, 2017, 45(5): 2797-2808
- [44] Stafforst T, Schneider MF. An RNA-deaminase conjugate selectively repairs point mutations[J]. *Angewandte Chemie International Edition*, 2012, 51(44): 11166-11169
- [45] Vogel P, Schneider MF, Wettengel J, et al. Improving site-directed RNA editing *in vitro* and in cell culture by chemical modification of the guideRNA[J]. *Angewandte Chemie International Edition*, 2014, 53(24): 6267-6271
- [46] Vogel P, Moschref M, Li Q, et al. Efficient and precise editing of endogenous transcripts with SNAP-tagged ADARs[J]. *Nature Methods*, 2018, 15(7): 535-538
- [47] Montiel-González MF, Vallecillo-Viejo I, Yudowski GA, et al. Correction of mutations within the cystic fibrosis transmembrane conductance regulator by site-directed RNA editing[J]. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 2013, 110(45): 18285-18290
- [48] Montiel-González MF, Vallecillo-Viejo IC, Rosenthal JJC. An efficient system for selectively altering genetic information within mRNAs[J]. *Nucleic Acids Research*, 2016, 44(21): e157
- [49] Hess GT, Tycko J, Yao D, et al. Methods and applications of CRISPR-mediated base editing in eukaryotic genomes[J]. *Molecular Cell*, 2017, 68(1): 26-43
- [50] Kim JS. Precision genome engineering through adenine and cytosine base editing[J]. *Nature Plants*, 2018, 4(3): 148-151
- [51] Eid A, Alshareef S, Mahfouz MM. CRISPR base editors: genome editing without double-stranded breaks[J]. *Biochemical Journal*, 2018, 475(11): 1955-1964
- [52] Komor AC, Badran AH, Liu DR. Editing the genome without double-stranded DNA breaks[J]. *ACS Chemical Biology*, 2018, 13(2): 383-388
- [53] Wu WY, Yang YH, Lei HT. Progress in the application of CRISPR: From gene to base editing[J]. *Medicinal Research Reviews*, 2018. DOI: 10.1002/med.21537
- [54] May A. Base editing on the rise[J]. *Nature Biotechnology*, 2017, 35(5): 428-429
- [55] Plosky BS. CRISPR-mediated base editing without DNA double-strand breaks[J]. *Molecular Cell*, 2016, 62(4): 477-478
- [56] Bjerke JN, Beardslee PC, McNaughton BR. Recent advances in CRISPR base editing: from A to RNA[J]. *Biochemistry*, 2018, 57(6): 886-887
- [57] Seo H, Kim JS. Towards therapeutic base editing[J]. *Nature Medicine*, 2018, 24(10): 1493-1495
- [58] Arazoe T, Kondo A, Nishida K. Targeted nucleotide editing technologies for microbial metabolic engineering[J]. *Biotechnology Journal*, 2018, 13(9): 1700596
- [59] Banno S, Nishida K, Arazoe T, et al. Deaminase-mediated multiplex genome editing in *Escherichia coli*[J]. *Nature Microbiology*, 2018, 3(4): 423-429
- [60] Zheng K, Wang Y, Li N, et al. Highly efficient base editing in bacteria using a Cas9-cytidine deaminase fusion[J]. *Communications Biology*, 2018, 1(1): 32
- [61] Wang Y, Liu Y, Liu J, et al. MACBETH: Multiplex automated *Corynebacterium glutamicum* base editing method[J]. *Metabolic Engineering*, 2018, 47: 200-210
- [62] Gu TN, Zhao SQ, Pi YS, et al. Highly efficient base editing in *Staphylococcus aureus* using an engineered CRISPR RNA-guided cytidine deaminase[J]. *Chemical Science*, 2018, 9(12): 3248-3253
- [63] Wang Y, Wang SS, Chen WZ, et al. Precise and efficient genome editing in *Klebsiella pneumoniae* using CRISPR-Cas9 and CRISPR-assisted cytidine deaminase[J]. *Applied and Environmental Microbiology*, 2018, 84(23): e01834-18
- [64] Chen WZ, Zhang Y, Zhang YF, et al. CRISPR/Cas9-based genome editing in *Pseudomonas aeruginosa* and cytidine deaminase-mediated base editing in *Pseudomonas* species[J]. *iScience*, 2018, 6: 222-231

- [65] Andersen JB, Sternberg C, Poulsen LK, et al. New unstable variants of green fluorescent protein for studies of transient gene expression in bacteria[J]. *Applied and Environmental Microbiology*, 1998, 64(6): 2240-2246
- [66] Jiang Y, Qian FH, Yang JJ, et al. CRISPR-Cpf1 assisted genome editing of *Corynebacterium glutamicum*[J]. *Nature Communications*, 2017, 8: 15179
- [67] Liu J, Wang Y, Lu YJ, et al. Development of a CRISPR/Cas9 genome editing toolbox for *Corynebacterium glutamicum*[J]. *Microbial Cell Factories*, 2017, 16(1): 205
- [68] Cho JS, Choi KR, Prabowo CPS, et al. CRISPR/Cas9-coupled recombining for metabolic engineering of *Corynebacterium glutamicum*[J]. *Metabolic Engineering*, 2017, 42: 157-167
- [69] Cobb RE, Wang YJ, Zhao HM. High-efficiency multiplex genome editing of *Streptomyces* species using an engineered CRISPR/Cas system[J]. *ACS Synthetic Biology*, 2015, 4(6): 723-728
- [70] Tong YJ, Charusanti P, Zhang LX, et al. CRISPR-Cas9 based engineering of actinomycetal genomes[J]. *ACS Synthetic Biology*, 2015, 4(9): 1020-1029
- [71] Huang H, Zheng GS, Jiang WH, et al. One-step high-efficiency CRISPR/Cas9-mediated genome editing in *Streptomyces*[J]. *Acta Biochimica et Biophysica Sinica*, 2015, 47(4): 231-243
- [72] Zeng H, Wen S, Xu W, et al. Highly efficient editing of the actinorhodin polyketide chain length factor gene in *Streptomyces coelicolor* M145 using CRISPR/Cas9-CodA(sm) combined system[J]. *Applied Microbiology and Biotechnology*, 2015, 99(24): 10575-10585
- [73] Li L, Wei KK, Zheng GS, et al. CRISPR-Cpf1-assisted multiplex genome editing and transcriptional repression in *Streptomyces*[J]. *Applied and Environmental Microbiology*, 2018, 84(18): e00827-18
- [74] Tao WX, Yang AN, Deng ZX, et al. CRISPR/Cas9-based editing of *Streptomyces* for discovery, characterization, and production of natural products[J]. *Frontiers in Microbiology*, 2018, 9: 1660

(上接 p.277)

征 稿 简 则

3.5 参考文献: 参考文献按文内引用的先后顺序排序编码, 未公开发表的资料请勿引用。我刊参考文献需要注明著者(文献作者不超过 3 人时全部列出, 多于 3 人时列出前 3 人, 后加“等”或“et al.”, 作者姓前名后, 名字之间用逗号隔开)、文献名、刊名、年卷期及页码。国外期刊名必须写完整, 不用缩写, 不用斜体。参考文献数量不限。

参考文献格式举例:

- [1] Marcella C, Claudia E, Pier GR, et al. Oxidation of cystine to cysteic acid in proteins by peroyacids as monitored by immobilized pH gradients[J]. *Electrophoresis*, 1991, 12(5): 376-377
- [2] Wang BJ, Liu SJ. Perspectives on the cultivability of environmental microorganisms[J]. *Microbiology China*, 2013, 40(1): 6-17 (in Chinese)
王保军, 刘双江. 环境微生物培养新技术的研究进展[J]. *微生物学通报*, 2013, 40(1): 6-17
- [3] Shen T, Wang JY. *Biochemistry*[M]. Beijing: Higher Education Press, 1990: 87 (in Chinese)
沈同, 王镜岩. *生物化学*[M]. 北京: 高等教育出版社, 1990: 87
- [4] Liu X. Diversity and temporal-spatial variability of sediment bacterial communities in Jiaozhou Bay[D]. Qingdao: Doctoral Dissertation of Institute of Oceanology, Chinese Academy of Sciences, 2010 (in Chinese)
刘欣. 胶州湾沉积物细菌多样性及菌群时空分布规律[D]. 青岛: 中国科学院海洋研究所博士学位论文, 2010

4 特别说明

4.1 关于测序类论文: 凡涉及测定 DNA 或氨基酸序列的论文, 请先通过国际基因库 EMBL (欧洲)或 GenBank (美国)或 DDBJ (日本), 申请得到国际基因库登录号 (Accession No.)后再投来。

4.2 关于版权: (1) 本刊只接受未公开发表的文章, 请勿一稿两投。(2) 凡在本刊通过审稿、同意刊出的文章, 所有形式的(即各种文字、各种介质的)版权均属本刊编辑部所有。作者如有异议, 敬请事先声明。(3) 对录用的稿件编辑部有权进行文字加工, 但如涉及内容的大量改动, 将请作者过目同意。(4) 文责自负。作者必须保证论文的真实性, 因抄袭剽窃、弄虚作假等行为引发的一切后果, 由作者自负。

4.3 审稿程序及提前发表: (1) 来稿刊登与否由编委会最后审定。对不录用的稿件, 一般在收稿 2 个月之内通过 E-mail 说明原因, 作者登录我刊系统或关注绑定微信也可查看。稿件经过内审、初审、终审通过后, 作者根据编辑部返回的退修意见进行修改补充后上传修改稿, 编辑部复审通过后将发出稿件录用通知单, 稿件按照投稿先后排队发表。(2) 本刊对投稿的个人和单位一视同仁。坚持文稿质量为唯一标准, 对稿件采取择优先登的原则。

5 发表费及稿费

论文一经录用, 将在发表前根据版面收取一定的发表费并酌付稿酬、赠送样刊。

6 联系方式

地址: 北京市朝阳区北辰西路 1 号院 3 号中国科学院微生物研究所《微生物学通报》编辑部(100101)

Tel: 010-64807511; E-mail: tongbao@im.ac.cn; 网址: <http://journals.im.ac.cn/wswxtbcn>