

CRISPR基因编辑技术风险画像标签体系构建研究

陈 梅

中央民族大学信息工程学院，北京

收稿日期：2025年10月6日；录用日期：2025年10月30日；发布日期：2025年11月7日

摘 要

本文提出了一种CRISPR基因编辑技术风险画像标签体系，旨在系统识别和量化该技术在扩散过程中可能带来的多维风险。传统风险研究方法存在滞后性和碎片化问题，难以动态捕捉人员、工具、物种等关键风险要素之间的复杂互动关系。为此，本文构建了一个包含物种可编辑性风险和工具编辑能力风险的双层标签体系，每个一级标签下设三个二级标签，分别从能力、工具覆盖度和人员覆盖度三个维度进行刻画。研究进一步提出了包括工作总数、物种流行度、工具流行度等在内的六个量化指标，并引入一元线性回归模型对未来风险趋势进行预测。通过一个基于文献抽取数据的示例，文章展示了标签体系的具体计算流程与应用效果，验证了该方法的客观性、前瞻性与全面性。该研究为CRISPR技术的风险治理提供了新的量化工具与预警机制支持。

关键词

基因编辑技术，风险画像，标签体系

Research on the Construction of a Risk Profile Label System for CRISPR Gene Editing Technology

Mei Chen

School of Information Engineering, Minzu University of China, Beijing

Received: October 6, 2025; accepted: October 30, 2025; published: November 7, 2025

Abstract

This paper proposes a risk profile label system for CRISPR gene editing technology, aiming to

systematically identify and quantify the multi-dimensional risks that may arise during its diffusion. Traditional risk research methods suffer from issues of lag and fragmentation, making it difficult to dynamically capture the complex interactions among key risk elements such as personnel, tools, and species. To address this, this study constructs a two-tier label system comprising species editability risk and tool editing capability risk. Each first-level label contains three second-level labels, characterized across three dimensions: capability, tool coverage, and personnel coverage. The research further introduces six quantitative indicators, including the total number of research efforts, species popularity, and tool popularity, and employs a univariate linear regression model to predict future risk trends. Through an example based on data extracted from the literature, the paper demonstrates the specific calculation process and application effectiveness of the label system, verifying the method's objectivity, foresight, and comprehensiveness. This research provides a new quantitative tool and early warning mechanism for the risk governance of CRISPR technology.

Keywords

Gene Editing Technology, Risk Profiling, Labeling System

Copyright © 2025 by author(s) and Hans Publishers Inc.

This work is licensed under the Creative Commons Attribution International License (CC BY 4.0).

<http://creativecommons.org/licenses/by/4.0/>



Open Access

1. 引言

用户画像(User Profile)作为一种数据建模方法,最初广泛应用于互联网、市场营销等领域,通过整合用户行为、属性与偏好等多维度信息,构建出具有代表性的虚拟用户模型,以实现精准服务与个性化推荐[1][2]。近年来,用户画像方法逐渐拓展至风险管理领域,其通过对风险主体或风险行为进行多维度刻画,实现对风险来源、传播路径与影响程度的系统识别与预测[3]-[5]。在技术治理与科技伦理等新兴场景中,用户画像具备将复杂风险要素“可视化”“可量化”的潜力,为构建前瞻性风险预警机制提供了新路径。

CRISPR 基因编辑技术自问世以来,已成为生命科学领域的核心支柱技术之一,在疾病治疗、作物育种、生态修复等方面展现出巨大潜力[6][7]。然而,其强大的基因编辑能力也使其成为一柄公认的“双刃剑”,伴随而来的风险问题日益凸显[8]-[10]。这些风险主要包括主观恶意应用与客观意外事件两类:前者如种族特异性基因武器、农业生态破坏等生物恐怖威胁;后者则包括技术本身存在的脱靶效应、操作失误、非预期扩散等引发的安全与伦理问题。目前,学术界对 CRISPR 技术风险的研究多集中于来源分析、评估模型与立法监管等方面,但普遍缺乏系统化、量化的风险表征手段。现有方法多属于“亡羊补牢”式,依赖专家在事件发生后的经验判断,难以从宏观层面全面把握技术扩散中不断演化的风险态势。因此,在风险识别与预警中,基于统计结果进行评估显得尤为重要——它能够将分散的风险信息转化为可量化、可比较的数据指标,从而为风险判断提供客观依据,弥补主观经验的局限性。在此背景下,引入用户画像技术,构建能够动态反映人员、工具、物种等多维风险要素的画像体系,具有重要的理论必要性与现实紧迫性。

然而,将用户画像方法应用于 CRISPR 基因编辑技术风险治理仍面临若干关键难点。首先,风险来源具有高度异构性,涉及科研人员、技术工具、目标物种、应用场景等多个维度,数据分散且结构不一;其次,风险行为具有隐蔽性与动态演化特征,单一指标难以全面捕捉其扩散路径与影响范围;此外,缺乏统一的风险标签体系也导致画像构建过程中维度不清晰、标准不统一,难以支撑跨领域、跨层级的风

险整合与比对分析。因此，系统构建一套覆盖“人员－工具－物种”的多级标签体系，成为实现 CRISPR 技术风险精准画像的核心基础，也是克服当前风险治理中“碎片化”“滞后性”瓶颈的关键所在。

2. CRISPR 基因编辑技术风险的来源

笔者认为，CRISPR 基因编辑技术风险来源于其不确定性，不确定性的本质是技术扩散过程中人员、工具、物种三大动态要素相互作用的结果。在基因编辑技术的发展和应用过程中，人员是技术行为的执行与决策主体，其专业背景、伦理观念与行为意图直接决定了技术是被规范应用还是恶意使用；工具是技术能力的直接载体，CRISPR 系统本身的编辑效率、特异性(如脱靶风险)及其持续演进(如新型编辑器涌现)构成了风险的客观技术基础；物种则是技术作用的客体与风险传导的终端，不同物种的遗传背景、生态位及社会价值(如模式生物、经济作物或人类自身)使得同一种技术操作可能引发截然不同的伦理、生态或社会后果。

这三大要素并非孤立存在，而是通过复杂的互动网络共同驱动着风险的生成与演化：一项新型工具(工具维度)被更多元背景的研究者(人员维度)应用于更广泛的生物体(物种维度)，其技术可达性与应用不可预测性便同步激增。任何单一维度的监测都无法刻画这种动态耦合关系——仅关注工具会忽略使用者的意图，仅聚焦物种会脱离具体的技术语境，仅分析人员则无法预判其可能采用的技术路径。因此，构建风险画像标签体系必须从这三方面协同入手，通过结构化、可量化的标签，系统性地解构与认知 CRISPR 技术的内在不确定性，为前瞻性风险治理奠定基石。

3. CRISPR 基因编辑技术风险标签体系

如表 1 所示，基因编辑技术风险画像标签体系由物种标签和工具标签构成。

Table 1. Gene editing technology risk profile labeling system
表 1. 基因编辑技术风险画像标签体系

标签主体	一级标签	二级标签
基因编辑技术风险	物种可编辑性风险	物种能力
		物种工具能力
		物种人员能力
	工具编辑能力风险	工具能力
		工具物种能力
		工具人员能力

为计算上述标签，本研究定义下列具体指标：

- (1) 工作总数：指已完成的基因编辑工作数量，用 Num 表示。
- (2) 物种流行度：指某物种 S 在基因编辑工作中的流行程度，用 PopularityS 表示，计算方式定义为：

$$\text{PopularityS} = \frac{\text{NumS}}{\text{Num}} * 100\%$$

其中，NumS 代表以物种 S 为基因编辑对象的工作数量。

- (3) 工具流行度：指某工具 T 在基因编辑工作中的流行程度，用 PopularityT 表示，计算方式定义为：

$$\text{PopularityT} = \frac{\text{NumT}}{\text{Num}} * 100\%$$

其中，NumT 代表以工具 T 为基因编辑工具的工作数量。

- (4) 物种覆盖度：指成功被作为基因编辑对象的物种种类数，用 SpecyWidth 表示。
- (5) 工具覆盖度：指成功被应用于基因编辑工作的基因编辑工具种类数，用 ToolWidth 表示。
- (6) 人员覆盖度：指成功实施过基因编辑工作的人员数量，用 PersonWidth 表示。

一级标签以向量形式定义，定义如下：

物种可编辑性风险 = [物种能力，物种工具能力，物种人员能力]。

工具编辑能力风险 = [工具能力，工具物种能力，工具人员能力]。

各二级标签计算方法如下：

物种能力(SpecyAbilityS)，为当前物种流行度和未来物种流行度之和，

$$\text{SpecyAbilityS} = \text{PopularityS}_{\text{now}} + \text{PopularityS}_{\text{future}}。$$

物种工具能力(ToolAbilityS)，为当前物种工具覆盖度和未来物种工具覆盖度之和，

$$\text{ToolAbilityS} = \text{ToolWidthS}_{\text{now}} + \text{ToolWidthS}_{\text{future}} \quad (\text{ToolWidthS: 物种工具覆盖度, 指应用于物种 S 上的工具覆盖度, 即应用于物种 S 上的工具种类数})。$$

物种人员能力(PersonAbilityS)，为当前物种人员覆盖度和未来物种人员覆盖度之和，计算公式为：

$$\text{PersonAbilityS} = \text{PersonWidthS}_{\text{now}} + \text{PersonWidthS}_{\text{future}} \quad (\text{PersonWidthS: 物种人员覆盖度, 指成功对物种 S 实施基因编辑的人员覆盖度, 即成功对物种 S 实施基因编辑的人员数量})。$$

工具能力(ToolAbilityT)，为当前工具流行度和未来工具流行度之和，

$$\text{ToolAbilityT} = \text{PopularityT}_{\text{now}} + \text{PopularityT}_{\text{future}}。$$

工具物种能力(SpecyAbiliguangdutyT)，为当前工具物种覆盖度和未来工具物种覆盖度之和，

$$\text{SpecyAbilityT} = \text{SpecyWidthT}_{\text{now}} + \text{SpecyWidthT}_{\text{future}} \quad (\text{SpecyWidthT: 工具物种覆盖度, 指成功使用工具 T 完成基因编辑的物种覆盖度, 即工具 T 可编辑的物种种类数})。$$

工具人员能力(PersonAbilityT)，指成功利用该工具实施过基因编辑的人员数量，本发明中定义人员覆盖度为当前工具人员覆盖度和未来工具人员覆盖度之和，计算公式为：

$$\text{PersonAbilityT} = \text{PersonWidthT}_{\text{now}} + \text{PersonWidthT}_{\text{future}} \quad (\text{PersonWidthT: 工具人员覆盖度, 指成功使用工具 T 的人员覆盖度, 即成功使用工具 T 的人员数量})。$$

4. CRISPR 基因编辑技术风险标签体系应用示例

假定从文献中通过深度学习、自然语言处理等技术抽取出五元组得到二维表如表 2。

Table 2. Five-tuple list of gene editing technologies
表 2. 基因编辑技术五元组列表

doi 号	物种	工具	日期	通讯作者名
1	霍乱弧菌	CRISPR/Cas9	2012-01-01	Tom
2	霍乱弧菌	CRISPR/Cas9	2012-09-01	Bob
3	猪	CRISPR/dCas9	2013-03-01	Lily
4	猪	CRISPR/Cas9	2014-07-01	May
5	霍乱弧菌	CRISPR/Cas9	2013-05-01	Lucy
6	猪	CRISPR/dCas9	2015-08-01	Tom
7	霍乱弧菌	CRISPR/dCas9	2015-12-31	Abel

计算过程如下：

第一，遍历五元组，分别抽取物种、工具信息，得到物种集合 $Sp = \{\text{霍乱弧菌}, \text{猪}\}$ ，工具集合 $To = \{\text{CRISPR/Cas9}, \text{CRISPR/dCas9}\}$ 。

第二，遍历五元组。

(1) 抽取日期信息并从小到大排序，定义 t_0 代表最小日期 2012-01-01， t_k 代表最大日期 2015-12-31，将 t_0 到 t_k 时间段等分为 4 份：[2012-01-01, 2012-12-31]，(2012-12-31, 2013-12-31]，(2013-12-31, 2014-12-31]，(2014-12-31, 2015-12-31]，得到四个关键时间点：

$t_1 = 2012-12-31$

$t_2 = 2013-12-31$

$t_3 = 2014-12-31$

$t_4 = 2015-12-31$

(2) 对每一个关键时间点，计算得到其 Num_t 如下：

$t_1: Num_{t_1} = 2$

$t_2: Num_{t_2} = 4$

$t_3: Num_{t_3} = 5$

$t_4: Num_{t_4} = 7$

第三，① 对物种集合 Sp 中的每个物种 S ，对每个关键时间点 t ，计算该物种截止该关键时间点 t 的 $NumS_t$ 、 $PopularityS_t$ 、 $ToolWidthS_t$ 、 $PersonWidthS_t$ ：

霍乱弧菌(用 D 表示)：

$$NumD_{t_1} = 2$$

$$PopularityD_{t_1} = \frac{NumD_{t_1}}{Num_{t_1}} = \frac{2}{2} = 1$$

$$ToolWidthD_{t_1} = 1$$

$$PersonWidthD_{t_1} = 2$$

$$NumD_{t_2} = 3$$

$$PopularityD_{t_2} = \frac{NumD_{t_2}}{Num_{t_2}} = \frac{3}{4} = 0.75$$

$$ToolWidthD_{t_2} = 1$$

$$PersonWidthD_{t_2} = 3$$

$$NumD_{t_3} = 3$$

$$PopularityD_{t_3} = \frac{NumD_{t_3}}{Num_{t_3}} = \frac{3}{5} = 0.6$$

$$ToolWidthD_{t_3} = 1$$

$$PersonWidthD_{t_3} = 3$$

$$NumD_{t_4} = NumD_{now} = 4$$

$$PopularityD_{t_4} = PopularityD_{now} = \frac{NumD_{t_4}}{Num_{t_4}} = \frac{4}{7} = 0.57$$

$$\text{ToolWidthD}_{t4} = \text{ToolWidthD}_{\text{now}} = 2$$

$$\text{PersonWidthD}_{t4} = \text{PersonWidthD}_{\text{now}} = 4$$

猪(用 X 表示):

$$\text{NumX}_{t1} = 0$$

$$\text{PopularityX}_{t1} = \frac{\text{NumX}_{t1}}{\text{Num}_{t1}} = \frac{0}{2} = 0$$

$$\text{ToolWidthX}_{t1} = 0$$

$$\text{PersonWidthX}_{t1} = 0$$

$$\text{NumX}_{t2} = 1$$

$$\text{PopularityX}_{t2} = \frac{\text{NumX}_{t2}}{\text{Num}_{t2}} = \frac{1}{4} = 0.25$$

$$\text{ToolWidthX}_{t2} = 1$$

$$\text{PersonWidthX}_{t2} = 1$$

$$\text{NumX}_{t3} = 2$$

$$\text{PopularityX}_{t3} = \frac{\text{NumX}_{t3}}{\text{Num}_{t3}} = \frac{2}{5} = 0.4$$

$$\text{ToolWidthX}_{t3} = 2$$

$$\text{PersonWidthX}_{t3} = 2$$

$$\text{NumX}_{t4} = \text{NumX}_{\text{now}} = 3$$

$$\text{PopularityX}_{t4} = \text{PopularityX}_{\text{now}} = \frac{\text{NumX}_{t4}}{\text{Num}_{t4}} = \frac{3}{7} = 0.43$$

$$\text{ToolWidthX}_{t4} = \text{ToolWidthX}_{\text{now}} = 2$$

$$\text{PersonWidthX}_{t4} = \text{PersonWidthX}_{\text{now}} = 3$$

② 对每个关键时间点 t, 对工具集合 To 中的每个工具 T, 计算该工具截止该关键时间点 t 的 NumT_t 、 PopularityT_t 、 SpecyWidthT_t 、 PersonWidthT_t , 方法如下:

CRISPR/Cas9 (用 Cas 表示):

$$\text{NumCas}_{t1} = 2$$

$$\text{PopularityCas}_{t1} = \frac{\text{NumCas}_{t1}}{\text{Num}_{t1}} = \frac{2}{2} = 1$$

$$\text{SpecyWidthCas}_{t1} = 1$$

$$\text{PersonWidthCas}_{t1} = 2$$

$$\text{NumCas}_{t2} = 3$$

$$\text{PopularityCas}_{t2} = \frac{\text{NumCas}_{t2}}{\text{Num}_{t2}} = \frac{3}{4} = 0.75$$

$$\text{SpecyWidthCas}_{t2} = 1$$

$$\text{PersonWidthCas}_{t_2} = 3$$

$$\text{NumCas}_{t_3} = 4$$

$$\text{PopularityCas}_{t_3} = \frac{\text{NumCas}_{t_3}}{\text{Num}_{t_3}} = \frac{4}{5} = 0.8$$

$$\text{SpecyWidthCas}_{t_3} = 2$$

$$\text{PersonWidthCas}_{t_3} = 4$$

$$\text{NumCas}_{t_4} = \text{NumCas}_{\text{now}} = 4$$

$$\text{PopularityCas}_{t_4} = \text{PopularityCas}_{\text{now}} = \frac{\text{NumCas}_{t_4}}{\text{Num}_{t_4}} = \frac{4}{7} = 0.57$$

$$\text{SpecyWidthCas}_{t_4} = \text{SpecyWidthCas}_{\text{now}} = 2$$

$$\text{PersonWidthCas}_{t_4} = \text{PersonWidthCas}_{\text{now}} = 4$$

CRISPR/dCas9 (用 dCas 表示):

$$\text{NumdCas}_{t_1} = 0$$

$$\text{PopularitydCas}_{t_1} = \frac{\text{NumdCas}_{t_1}}{\text{Num}_{t_1}} = \frac{0}{2} = 0$$

$$\text{SpecyWidthdCas}_{t_1} = 0$$

$$\text{PersonWidthdCas}_{t_1} = 0$$

$$\text{NumdCas}_{t_2} = 1$$

$$\text{PopularitydCas}_{t_2} = \frac{\text{NumdCas}_{t_2}}{\text{Num}_{t_2}} = \frac{1}{4} = 0.25$$

$$\text{SpecyWidthdCas}_{t_2} = 1$$

$$\text{PersonWidthdCas}_{t_2} = 1$$

$$\text{NumdCas}_{t_3} = 1$$

$$\text{PopularitydCas}_{t_3} = \frac{\text{NumdCas}_{t_3}}{\text{Num}_{t_3}} = \frac{1}{5} = 0.2$$

$$\text{SpecyWidthdCas}_{t_3} = 1$$

$$\text{PersonWidthdCas}_{t_3} = 1$$

$$\text{NumdCas}_{t_4} = \text{NumdCas}_{\text{now}} = 3$$

$$\text{PopularitydCas}_{t_4} = \text{PopularitydCas}_{\text{now}} = \frac{\text{NumdCas}_{t_4}}{\text{Num}_{t_4}} = \frac{3}{7} = 0.43$$

$$\text{SpecyWidthdCas}_{t_4} = \text{SpecyWidthdCas}_{\text{now}} = 2$$

$$\text{PersonWidthdCas}_{t_4} = \text{PersonWidthdCas}_{\text{now}} = 3$$

第四, ① 根据前面结果, 对物种集合 Sp 中的每个物种 S , 建立一元线性回归模型预测其在 $t(k+1)$ 时间点的 $\text{PopularityS}_{t(k+1)}$ 、 $\text{ToolWidthS}_{t(k+1)}$ 、 $\text{PersonWidthS}_{t(k+1)}$, 记为 $\text{PopularityS}_{\text{future}}$ 、 $\text{ToolWidthS}_{\text{future}}$ 、 $\text{PersonWidthS}_{\text{future}}$ 。一元线性回归模型如下:

$$\text{Popularity}S_t = w1 * t + b1$$

$$\text{ToolWidth}S_t = w2 * t + b2$$

$$\text{PersonWidth}S_t = w3 * t + b3$$

根据前面的结果数据，确定 $w1$ 、 $w2$ 、 $w3$ 、 $b1$ 、 $b2$ 、 $b3$ 的值，计算 $\text{SpecyWidth}_{\text{future}}$ 、 $\text{ToolWidth}_{\text{future}}$ 、 $\text{PersonWidth}_{\text{future}}$ 。

对霍乱弧菌(用 D 表示)建模如下：

$$\text{Popularity}D_t = w1 * t + b1$$

$$\text{ToolWidth}D_t = w2 * t + b2$$

$$\text{PersonWidth}D_t = w3 * t + b3$$

根据前面结果，可得到各参数值如下：

$$w1 = -0.144$$

$$b1 = 290.674$$

$$w2 = 0.3$$

$$b2 = -602.8$$

$$w3 = 0.6$$

$$b3 = -1205.1$$

$$\text{Popularity}D_{\text{future}} = 0.37$$

$$\text{ToolWidth}D_{\text{future}} = 2$$

$$\text{PersonWidth}D_{\text{future}} = 4.5$$

对猪(用 X 表示)建模如下：

$$\text{Popularity}X_t = w4 * t + b4$$

$$\text{ToolWidth}X_t = w5 * t + b5$$

$$\text{PersonWidth}X_t = w6 * t + b6$$

根据前面结果，可得到各参数值如下：

$$w4 = 0.144$$

$$b4 = -289.674$$

$$w5 = 0.7$$

$$b5 = -1408.2$$

$$w6 = 1$$

$$b6 = -2012$$

$$\text{Popularity}X_{\text{future}} = 0.63$$

$$\text{ToolWidth}X_{\text{future}} = 3$$

$$\text{PersonWidth}X_{\text{future}} = 4$$

② 根据前面结果，对工具集合 To 中的每个工具 T ，建立一元线性回归模型预测其在 $t(k+1)$ 时间点的 $\text{Popularity}T_{t(k+1)}$ 、 $\text{SpecyWidth}T_{t(k+1)}$ 、 $\text{PersonWidth}T_{t(k+1)}$ ，记为、 $\text{Popularity}T_{\text{future}}$ 、 $\text{SpecyWidth}T_{\text{future}}$ 、 $\text{PersonWidth}T_{\text{future}}$ 。一元线性回归模型如下：

$$\text{Popularity}T_t = w4 * t + b4$$

$$\text{SpecyWidth}T_t = w5 * t + b5$$

$$\text{PersonWidth}T_t = w6 * t + b6$$

根据前面结果，确定 $w4$ 、 $w5$ 、 $w6$ 、 $b4$ 、 $b5$ 、 $b6$ 的值，计算 $\text{Popularity}T_{\text{future}}$ 、 $\text{SpecyWidth}T_{\text{future}}$ 、 $\text{PersonWidth}T_{\text{future}}$

对 CRISPR/Cas9 (用 Cas 表示)建模如下：

$$\text{PopularityCas}_t = p1 * t + c1$$

$$\text{SpecyWidthCas}_t = p2 * t + c2$$

$$\text{PersonWidthCas}_t = p3 * t + c3$$

根据前面结果，可得到各参数值如下：

$$p1 = -0.124$$

$$c1 = 250.454$$

$$p2 = 0.4$$

$$c2 = -803.9$$

$$p3 = 0.7$$

$$c3 = -1406.2$$

$$\text{PopularityCas}_{\text{future}} = 0.47$$

$$\text{SpecyWidthCas}_{\text{future}} = 2.5$$

$$\text{PersonWidthCas}_{\text{future}} = 5$$

对 CRISPR/dCas9 (用 dCas 表示)建模如下：

$$\text{PopularitydCas}_t = p4 * t + c4$$

$$\text{SpecyWidthdCas}_t = p5 * t + c5$$

$$\text{PersonWidthdCas}_t = p6 * t + c6$$

根据前面结果，可得到各参数值如下：

$$p4 = 0.124$$

$$c4 = -249.454$$

$$p5 = 0.6$$

$$c5 = -1207.1$$

$$p6 = 0.9$$

$$c6 = -1810.9$$

$$\text{PopularitydCas}_{\text{future}} = 0.53$$

$$\text{SpecyWidthdCas}_{\text{future}} = 2.5$$

$$\text{PersonWidthdCas}_{\text{future}} = 3.5$$

第五，① 根据前面的结果，计算物种集合 Sp 中的每个物种 S 的工具能力 SpecyAbilityS 、物种工具能力 ToolAbilityS 、物种人员能力 PersonAbilityS ，得到各物种基因可编辑风险 CS。

霍乱弧菌(用 D 表示)基因可编辑风险 CD 如下：

$$\text{SpecyAbilityD} = \text{PopularityD}_{\text{now}} + \text{PopularityD}_{\text{future}} = 0.57 + 0.37 = 0.94$$

$$\text{ToolAbilityD} = \text{ToolWidthD}_{\text{now}} + \text{ToolWidthD}_{\text{future}} = 2 + 2 = 4$$

$$\text{PersonAbilityD} = \text{PersonWidthD}_{\text{now}} + \text{PersonWidthD}_{\text{future}} = 4 + 4.5 = 8.5$$

猪(用 X 表示)基因可编辑风险 CX 如下:

$$\text{SpecyAbilityX} = \text{PopularityX}_{\text{now}} + \text{PopularityX}_{\text{future}} = 0.43 + 0.63 = 1.06$$

$$\text{ToolAbilityX} = \text{ToolWidthX}_{\text{now}} + \text{ToolWidthX}_{\text{future}} = 2 + 3 = 5$$

$$\text{PersonAbilityX} = \text{PersonWidthX}_{\text{now}} + \text{PersonWidthX}_{\text{future}} = 3 + 4 = 7$$

② 根据前面的结果, 计算工具集合 To 中的每个工具 T 的物种能力 ToolAbilityT、工具物种能力 SpecyAbilityT、工具人员能力 PersonAbilityT, 得到各工具编辑能力风险。

CRISPR/Cas9 (用 Cas 表示)编辑能力风险 CCas 如下:

$$\text{ToolAbilityCas} = \text{PopularityCas}_{\text{now}} + \text{PopularityCas}_{\text{future}} = 0.57 + 0.47 = 1.04$$

$$\text{SpecyAbilityCas} = \text{SpecyWidthCas}_{\text{now}} + \text{SpecyWidthCas}_{\text{future}} = 2 + 2.5 = 4.5$$

$$\text{PersonAbilityCas} = \text{PersonWidthCas}_{\text{now}} + \text{PersonWidthCas}_{\text{future}} = 4 + 5 = 9$$

CRISPR/dCas9 (用 dCas 表示)编辑能力风险 CdCas 如下:

$$\text{ToolAbilitydCas} = \text{PopularitydCas}_{\text{now}} + \text{PopularitydCas}_{\text{future}} = 0.43 + 0.53 = 0.96$$

$$\text{SpecyAbilitydCas} = \text{SpecyWidthdCas}_{\text{now}} + \text{SpecyWidthdCas}_{\text{future}} = 2 + 2.5 = 4.5$$

$$\text{PersonAbilitydCas} = \text{PersonWidthdCas}_{\text{now}} + \text{PersonWidthdCas}_{\text{future}} = 3 + 3.5 = 6.5$$

第六, 计算物种间、工具间基因编辑能力差异如下:

① 霍乱弧菌和猪基因可编辑性差异为:

$$\begin{aligned} \text{CD} - \text{CX} &= (\text{SpecyAbilityD} - \text{SpecyAbilityX}) \\ &\quad + (\text{ToolAbilityD} - \text{ToolAbilityX}) \\ &\quad + (\text{PersonAbilityD} - \text{PersonAbilityX}) \\ &= (0.94 - 1.06) + (4 - 5) + (8.5 - 7) \\ &= 0.38 \end{aligned}$$

② CRISPR/Cas9 和 CRISPR/dCas9 的基因基因编辑能力差异为:

$$\begin{aligned} \text{CCas} - \text{CdCas} &= (\text{ToolAbilityCas9} - \text{ToolAbilitydCas9}) \\ &\quad + (\text{SpecyAbilityCas9} - \text{SpecyAbilitydCas9}) \\ &\quad + (\text{PersonAbilityCas9} - \text{PersonAbilitydCas9}) \\ &= (1.04 - 0.96) + (4.5 - 4.5) + (9 - 6.5) \\ &= 2.58 \end{aligned}$$

5. 结语

本文构建了 CRISPR 基因编辑技术风险画像标签体系, 实现了从技术扩散角度对风险进行量化表征。本方法具有以下优势:

- (1) 客观性: 基于大数据统计分析, 减少主观判断偏差;
- (2) 前瞻性: 通过回归模型预测未来风险趋势, 实现未雨绸缪;
- (3) 全面性: 覆盖人员、工具、物种等多维风险源。

在应用层面,该体系可服务于多个具体场景:例如,科研资助机构可借此评估项目风险等级,实现精准监管;生物安全审查部门可用于对高风险基因编辑操作进行提前识别与重点防控;此外,在合成生物学公司准入、跨境生物材料流通等领域,该体系也能为风险评估提供量化依据。总之,CRISPR 基因编辑技术风险画像标签体系为技术治理提供了新思路,有助于在技术扩散早期识别潜在风险,推动负责任创新。

致 谢

感谢闫晓东、韦洁瑶、施娜、马佳骥对本工作的建议。

声 明

本文相关内容已经申报专利(202311313336.9)。

参考文献

- [1] 闫嘉琦, 宁芳. 用户画像构建方法研究与展望[J]. 机电产品开发与创新, 2023, 36(1): 138-141+154.
- [2] 刘彪, 刘金长. 基于用户画像分析预测电费敏感型客户的建模实践[C]//中国电机工程学会电力信息化专业委员会. 2017 电力行业信息化年会论文集. 北京: 国网信息通信产业集团有限公司, 2017: 237-241.
- [3] 徐强, 邱显欣, 何芊慧, 等. 多源数据驱动的核心城区配电网风险画像与韧性提升策略[J]. 广东电力, 2025, 38(9): 44-51.
- [4] 林裕鹏. 员工风险画像模型在邮储银行监测分析工作中的应用研究[J]. 邮政研究, 2022, 38(5): 61-66.
- [5] 艾留阳, 张亚强, 李颜. 化工企业生产安全风险画像技术研究[J]. 化工安全与环境, 2022, 35(30): 11-14.
- [6] 刘世利, 李海涛, 王艳丽. CRISPR 基因编辑技术[M]. 北京: 化学工业出版社, 2021.
- [7] 谭磊, 陈明月, 沈彬. 基因编辑研究进展与展望[J]. 南京医科大学学报: 自然科学版, 2021, 41(11): 1689-1694.
- [8] 陈云伟, 陶诚, 周海晨, 等. 基因编辑技术研究进展与挑战[J]. 世界科技研究与发展, 2021, 43(1): 8-23.
- [9] 钟开斌. 防范化解科技领域重大风险[M]. 北京: 国家行政管理出版社, 2020.
- [10] Pineda, M., Lear, A., Collins, J.P. and Kiani, S. (2019) Safe CRISPR: Challenges and Possible Solutions. *Trends in Biotechnology*, 37, 389-401. <https://doi.org/10.1016/j.tibtech.2018.09.010>