



加快打造原始创新策源地，加快突破关键核心技术，努力抢占科技制高点，为把我国建设成为世界科技强国作出新的更大的贡献。

——习近平总书记在致中国科学院建院70周年贺信中作出的“两加快一努力”重要指示要求

[首页](#)[组织机构](#)[科学研究](#)[成果转化](#)[人才教育](#)[学部与院士](#)[科学普及](#)[党建与科学文化](#)[信息公开](#)[首页 > 科研进展](#)

## 合肥研究院研发出面向CRISPR的综合分析预测工具及平台

2023-06-06 来源：合肥物质科学研究院

【字体：大 中 小】



语音播报



近日，中国科学院合肥物质科学研究院健康与医学技术研究所基因组学团队研究员张帆研发了名为CRISPRimmunity的分析服务平台。该平台是识别CRISPR相关重要分子事件以及用于基因编辑调节器的交互式网络服务器。相关研究成果发表在*Nucleic Acids Research*上。

CRISPRimmunity是全新的、用户界面友好的网络服务器，旨在提供面向CRISPR的一站式综合分析服务平台，全面注释CRISPR-Cas系统与Anti-CRISPR系统共进化过程中关键分子事件，准确预测Anti-CRISPR蛋白，从头识别新型II类CRISPR-Cas基因座，基于CRISPR阵列信息预测细菌与可移动元件（噬菌体、质粒）之间的相互作用，从更加综合地进化视角理解CRISPR-Cas系统和anti-CRISPR系统。

CRISPR-Cas系统是自然界中原核生物长期演化过程中所形成适应性免疫系统。该系统通过RNA介导的DNA降解抵御外源基因入侵，能够实现高度灵活的特异性靶向，成为现有基因编辑和基因修饰中效率最高、最简便、成本最低的技术之一。新型CRISPR-Cas相关蛋白及Anti-CRISPR蛋白的发现，将进一步加深科学家对CRISPR-Cas系统在原核生物中的作用的认知，扩展在其他细胞和生物体中进行基因组编辑应用的工具箱。然而，目前可用的CRISPR-Cas相关数据资源仅仅关注CRISPR-Cas系统或anti-CRISPR系统中的特定领域，忽视了两者的共同进化关系，因而提供的信息与服务有限，且缺乏识别新型II类CRISPR-Cas系统的可用方法。

课题组研发了面向CRISPR-Cas系统与Anti-CRISPR系统的综合分析预测平台——CRISPRimmunity。该平台构建了一系列面向CRISPR相关信息的自定义数据库，注释已知的Anti-CRISPR蛋白和Anti-CRISPR相关蛋白、II类CRISPR-Cas系统、CRISPR阵列类型、HTH结构域和可移动遗传元件，以剖析CRISPR-Cas系统与anti-CRISPR系统共进化中关键分子事件；综合了同源分析、关联分析及原噬菌体区域中自靶向事件等多种策略预测Anti-CRISPR蛋白以提高预测的准确性，在99个经实验验证的Acrcs和676个非Acrcs的数据上对CRISPRimmunity进行测试，Anti-CRISPR蛋白预测准确率达到0.997；首次提供了II类CRISPR-Cas基因座的从头预测算法，鉴定了4个具有不同PAM结构域的Cas9，1个更小的Cpf1，61个C2c10及3个未分类的全新的V型Cas蛋白，其中一部分CRISPR-Cas基因座已在体外经实验验证了活性。

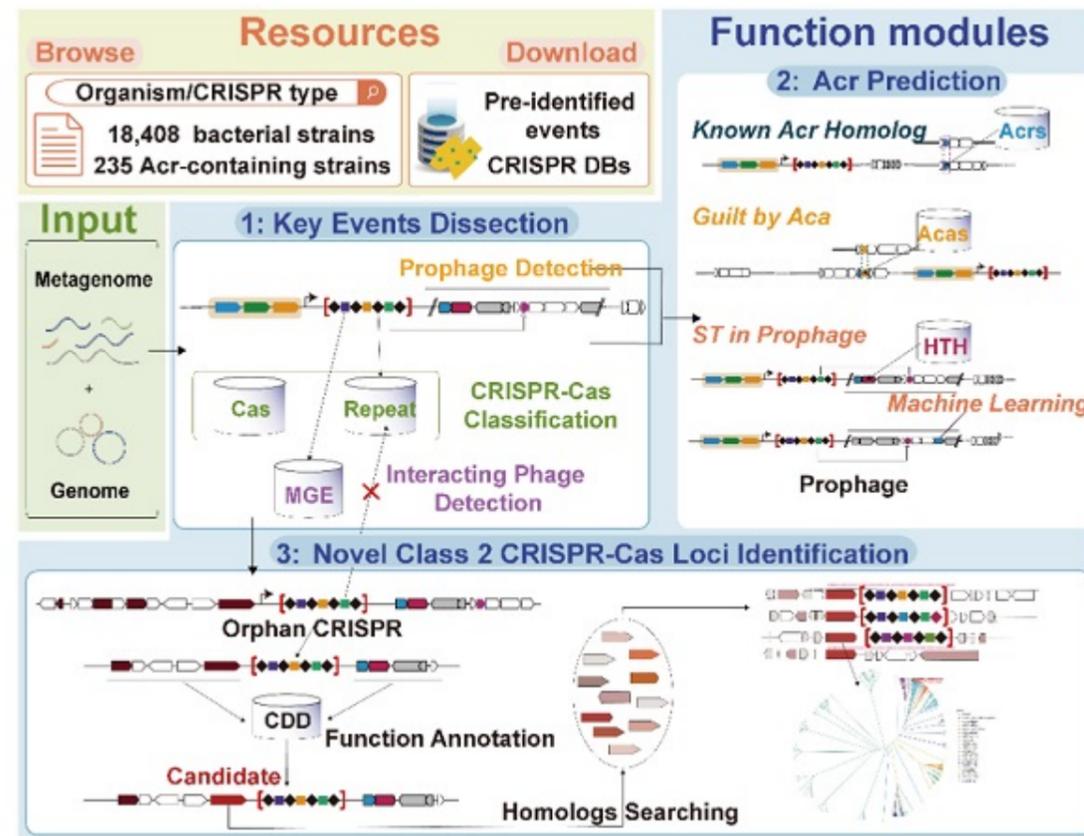


CRISPRimmunity网络服务器设计了图形用户界面，提供多种可视化、自定义设置选项和可导出机器可读格式的详细结果和详细教程，以便不同需求的用户使用；提供了在NCBI数据库中18,408株完全测序的细菌及235株含Acr的细菌及208,209株人类肠道微生物中预注释的CRISPR相关重要分子事件的浏览和下载，为未来的实验设计和进一步的数据分析提供了参考。此外，CRISPRimmunity提供了本地化版本为计算生物学家批量数据挖掘提供便利。

研究工作得到国家自然科学基金、黑龙江省头雁团队原创探索基金和哈尔滨工业大学青年科学家工作室等的支持。

[论文链接](#)

[CRISPRimmunity平台链接](#)



CRISPRimmunity预测分析框架





- » 上一篇：植物所揭示青藏高原热融湖塘甲烷排放特征
- » 下一篇：生物物理所等在基因改造的光卤化酶催化芳基卤化物的全细胞氢化/氙化研究中获进展



扫一扫在手机打开当前页

