



(12) 发明专利申请

(10) 申请公布号 CN 104991056 A

(43) 申请公布日 2015. 10. 21

(21) 申请号 201510473549. 7

(22) 申请日 2015. 08. 05

(71) 申请人 武汉林勉生物技术有限公司

地址 430030 湖北省武汉市硚口区解放大道
同馨花园

(72) 发明人 李方和 李时君 刘汉华

(74) 专利代理机构 武汉科皓知识产权代理事务
所(特殊普通合伙) 42222

代理人 张火春

(51) Int. Cl.

G01N 33/53(2006. 01)

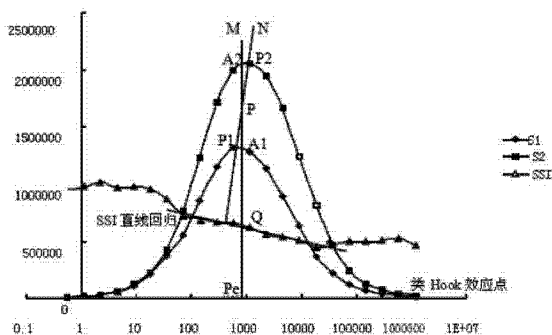
权利要求书3页 说明书21页 附图3页

(54) 发明名称

一种血清学检测与定量分析的方法

(57) 摘要

本发明涉及一种血清学检测定量分析方法。在半对数坐标图像上,以 X 轴为靶物质浓度的对数值, Y 轴为信号强度及信号饱和度指数,根据 T1、T2 时点测得系列参比标准品实验信号 S1、S2 及 SSDI 绘制 S1、S2 HB 双向剂量反应曲线及 SSI 曲线;采用拟合法确证 HB 双向曲线中函数 x 与 y 以及 SSDI 的关系;确定函数图像分析的界点 A1、A2 及 Q,构成复合 HB 双向剂量反应曲线图像分析体系;根据被分析标本所测得的实验信号 Y,及 SSDI 值与 Q 值比较的结果,在相应的曲线区段进行函数 x 的查读,将查读的对数结果转化为实际检测浓度并报道实验结果。所建立的实验方法能拮抗浓度依赖性 Hook 效应干扰,并能极大拓宽靶物质定量检测范围。



1. 一种血清学检测定量分析的方法,其特征在于:包括如下步骤:

1) 实验过程:在存在标记与未标记对应免疫反应试剂(抗原及抗体)及信号生成相关试剂的实验孔(管,或其他载体容器)中分别加入当次参比标准品、拟合样品、阴阳性对照或待测标本,混合后放置,以使其发生免疫反应,并产生可供测定的实验信号,于发生免疫反应的T1、T2时点分别进行实验信号S1、S2的检测;将其输入专项实验分析系统进行处理,并按照实验者指令输出实验结果;

2) 函数关系的拟合:

(1) 同上实验条件下,采用超过100个浓度点样本,浓度范围设定涵盖整个HB双向曲线中有效分析区段图像,样本的浓度区间设定为质点间间隔0.025—0.10横轴(X轴)读数距离,对此参比标准品进行10次或以上重复实验,取每个浓度点各次检测的实验信号平均值作为该点对应的实验信号进行高密度函数拟合分析;

(2) 将所生成的实验信号输入人工智能分析系统,人工智能分析系统的后台路径概况:

①输入T1及T2两时点检测的实验信号值S1及S2;

②计算出受检标本T1及T2时点S1与S2测值的比值,即实验信号饱和度,将实验信号饱和度转换成饱和度指数(Signal Saturation degree index, SSDI),转换方法为 $(S1/S2) \times 100 \times e$,e为转换系数,SSDI在纵轴上的函数价值与实验信号y同;

③在平面半对数坐标图像上,根据系列参比标准品测定所获取的实验信号S1及S2,分别绘制出S1及S2两条Heidelberger双向剂量反应曲线,并将饱和度指数按照各自对应靶物质浓度依次标绘到前述半对数函数图像中,绘制出相应的信号饱和度指数曲线SSI,此三条曲线构成复合HB双向剂量反应曲线图像分析体系,其中Y轴为实验信号强度或SSDI,X轴为靶物质浓度的对数数值;

④采用拟合法确证HB双向曲线中函数x与y,以及信号饱和度指数曲线SSI中函数x与SSDI的关系:

通过拟合实验证实,HB双向剂量反应曲线图像中各HB双向曲线上的实测点(y)与其所对应的函数值(x)之间的关系可采用以下公式表述:

$$f(x) = a \times \exp\left(-\left(\frac{x-b}{c}\right)^2\right), \text{拟合效果 } R^2 \geq 0.99$$

其中x:为靶物质浓度的自然对数;a:修正参数;b:对数均值;f(x)=实验信号(y);c:标准差;

信号饱和度指数曲线SSI上各实测点SSDI,限两HB双向曲线图像内侧点值,及其与所对应的函数值(x)之间的关系可以采用以下公式表述:

$$f(x) = a + b \times x, \text{拟合效果 } R^2 \geq 0.95$$

其中x:为靶物质浓度的自然对数;a:截距(当x=0时,Y的取值本底信号的大小);b:斜率(x变化一个单位时Y的增减量);

$$y = f(x) = \text{SSDI} = (S1/S2) \times 100 \times e \text{ (e为转换系数)};$$

3) 拟合函数图像分析界点的确定

(1) 计算两HB双向曲线的顶点P1及P2,公式: $P(y) = f(x) = \mu$,其中, $\mu = b$,即实验数据模拟出的模型参数的对数均值,为P1或P2在顶点对应的浓度对数值;

(2) 确认两顶点在 X 轴读数差值的中点 P_e (公式: $P_e(x) = (P_1(x) + P_2(x))/2$), 经 P_e 点对 X 轴做垂线 M, 并与 S1、S2 及 SSI 三曲线分别相交于 A1、A2 及 Q, 分别算出三者的实验信号, 即 y 或 SSDI 值;

(3) 编程以建立以复合 HB 双向剂量反应曲线为参比对象的血清学均相免疫实验定量分析系统;

4) 浓度参比标准品及设定

设定当次常规参比标准品, 以步骤 2 建立的 HB 双向剂量反应曲线为基础, 其浓度以大致达成双向曲线的下述线性区段为目标, 具体设定包括: ①本底核对参比, 0 靶物质, 阈值设定参照; ②敏感性控制参比, 低浓度端, 曲线正态分布的三阶导数的围起点处; ③线性状态控制, 左右拐点附近, 正态分布曲线的围二阶导数起点处; ④ Y 值高点控制, 正态分布曲线的围一阶导数起点 (即围顶点) 处; ⑤类 Hook 效应控制点设定, 其浓度设定以所产生实验信号在强度上与敏感性控制参比品所产生的实验信号相对应;

5) 实验结果分析:

(1) 通过浓度参比标准品检测、数据的输入、调出适宜当次结果分析, 即前述步骤 2)、3) 建立的数据分析系统; 通过 A1 界点可将 S1 双向曲线不对称地分为左右两部分, 顶点 P1 位于界点 A1 的左侧, 其中右侧高 x 值区段为实验结果判读区段; 通过 A2 界点可将 S2 双向曲线不对称地分为左右两部分, 顶点 P2 位于界点 A2 的右侧, 其中左侧低 x 值区段为实验结果判读区段; 通过实验标本序号的输入锁定待分析实验标本实测与计算数据; 通过测定标本 SSDI 与 Q 值的比较确定待测标本参比分析的曲线及相应区段, 即当测定标本的 SSDI 大于 Q 值时, 根据其 T2 时点测值 y 在 S2 曲线的左侧区段查读实验结果; 当测定标本 SSDI 小于 Q 值时, 根据其 T1 时点测值 y 在 S1 曲线的右侧区段查读实验结果;

(2) 采用输入参比标准品检测数据所调出的前述步骤 2)、3) 建立的数据分析系统中的阈值对上述 5) ①项分析结果做进一步分析, 其 S2 测值小于对应曲线阈值 (阴性孔均值乘以 2.1 倍) 者为阴性;

(3) 采用输入参比标准品检测数据所调出的前述步骤 2)、3) 建立的数据分析系统中的类 Hook 效应控制点对上述步骤 5) ①项分析结果做进一步分析, 其 S1 测值小于对应曲线类 Hook 效应控制点参比信号者为存在类 Hook 效应影响的实验标本, 靶物质浓度高于类 Hook 效应控制点, 定量分析结果仅供参考, 该结果以定性方式报道为超高浓度阳性;

(4) 经上述选择分析后, 根据被分析标本所测得的实验信号 Y, 在相应的曲线区段进行函数 x 的计算, 将计算的对数结果转化为实际检测浓度并报道实验结果。

2. 根据权利要求 1 所述的血清学检测定量分析的方法, 其特征在于: 所述的血清学检测是指均相免疫, 类均相免疫, 及其它抗原、抗体及其实验信号生成系统等三者存于同一实验体系中, 能在一定时段内实施二次以上实验信号探测, 且不妨碍体系中免疫反应进程, 不影响所依托常规实验方法原有检测结果的实验方法。

3. 根据权利要求 1 所述的血清学检测定量分析的方法, 其特征在于: 步骤 1) 所述的待测标本系指需要进行免疫检测的含或不含靶物质的溶液, 如血清、体液、培养物上清及其它可能包含抗原或抗体的实验材料。

4. 根据权利要求 1 所述的血清学检测定量分析的方法, 其特征在于: 步骤 1) 所采用的试剂包括免疫试剂、信号生成试剂、连接试剂、信号展示与强化试剂中的一种或一种以上。

5. 根据权利要求 1 所述的血清学检测定量分析的方法,其特征在于:步骤 1) 所述的反应时间设定取决于所依托实验免疫反应的进程,主要反应时点设定为:T0 时点,即抗原与抗体在实验方法规定的免疫反应条件下混合并开始免疫反应过程的时点;T1 时点,免疫反应过程中第一次进行实验信号检测的时点;T2 时点,免疫反应过程中第二次进行实验信号检测的时点;免疫反应的时段规划为 T1 时段:T0 至 T1 时点所间隔的时间段;T2 时段:T0 至 T2 时点所间隔的时间段;免疫反应的总时段长度因实验方法不同及其对实验结果的要求不同而有所区别,其范围限定在 2-60min 之间,T1 与 T2 时段长度的比例为 0.1 到 0.95。

一种血清学检测与定量分析的方法

技术领域

[0001] 本发明涉及体外免疫分析技术领域,具体地涉及一种在检测实验样本时能拮抗浓度依赖性 Hook 效应干扰,并能拓宽靶物质定量检测范围的检测方法。

背景技术

[0002] 血清学检测以抗原抗体的免疫结合为依托,实验状态下,参与反应的抗原抗体的分子特征、免疫复合物 (Immune complement, IC) 的分子大小、数量多寡及其产生实验信号的能力 (强弱) 是血清学检测动力学研究的主要内容。在血清学检测建立的早期,学者们发现在同一的实验体系内,被检测抗原的浓度与实验信号的强度呈正相关 (相关关系以 $Y = ax+b$ 描述),并将这一现象用于对被检测物质浓度状态的评价。随后研究者发现,实验信号与靶物质浓度的直线相关只能保持在较为狭小的浓度范围,由此造成的定量范围狭窄是当前血清学检测技术的主要缺陷。超出此浓度范围即表现出潜带 (包括前带与后带) 现象,即由两者构成的函数曲线在高低浓度端出现定向弯曲。这种曲线偏离的特征又被称为 Hook 效应 (即钩状效应)。稍后 (上世纪初叶),Heidelberger 等对这一现象做系统的研究,发现随着靶物质浓度持续的序贯升高,实验信号由低升高,达一定程度后再由高降低 (并最后可望回归到阈值状态),其函数图像在常数坐标上呈偏锋状态序贯升降的双向曲线状态,在半对数坐标上则构成与正态分布类似的序贯升降的双向曲线状态。该曲线状态的形成原因在低浓度端取决于实验标本中被测定物质的浓度,而中、高浓度端则取决于实验体系中抗原与抗体两者的分子比例改变,及由此造成的免疫复合物分子信号生成能力的序贯性降低。由于这一研究对免疫反应动力学的阐述至关重要,后来者便以发现者名字命名,将根据该结果绘制的函数图像称之为 Heidelberger 双向剂量反应曲线 (HB 双向剂量反应曲线,简称 HB 双向曲线)。

[0003] 需要注意的是,Heidelberger 等所处时代实验条件十分局限,后来学者的研究亦多数局限在该结果的承袭与验证,实验结果相对粗糙且未能排除多种因素干扰,因而使这项极具理论价值的研究未与血清学检测的技术实践发生关联。

[0004] 综上所述,在实验技术发展臻于完备的当今,Hook 效应成为制约血清学检验技术发展的主要因素,定量范围狭窄为广义的 Hook 效应的一种表现形式。随着标记免疫学技术在敏感性上的大幅提升,尤其是在某一时段内我国部分固相免疫实验的反应方式由经典的二步法转变为一步法 (如一步法 ELISA),并在临床检验中大量普及应用后,由 Hook 效应引起的检验结果失真甚至错误便成为一个较为常见的临床现象。它的存在严重妨碍了科研数据的准确性,并对临床诊断、治疗及其预后的判断造成显然的负面影响。如果发生于某些特殊临床检测如采用一步法 ELISA 或化学发光技术进行血清 HBsAg 筛选,则可造成 50% 或以上临床标本的定量结果偏离真值,部分强阳性标本测值降低或显著降低,甚至导致个别具有高度传染性的强阳性标本出现假阴性结果。这种漏检一旦发生在献血员筛选,则势必导致输血相关性肝炎的严重临床事件。

[0005] 二步法免疫 (如二步法 ELISA 等) 作为对 Hook 效应拮抗的一种方式,能将一步法

结果中低信号高值及假阴性结果转换成高信号溢值状态,但不能改变该部分标本定量结果偏离真值的状态,其定量范围亦未得到拓展。

[0006] 上世纪九十年代初,有学者对血清学检测中免疫反应时间与实验信号消长进行研究,发现随着反应时间的延长,实验信号强度增加,在相同间隔时段内检测,不同浓度标本实验信号增长的幅度不同,研究者据此找出能界定 Hook 效应发生时的最佳信号增长比率,以其做界点判定被测定标本有否发生 Hook 效应,并对出现 Hook 效应者进行稀释重测,取得理想的结果。该方法随后作为判定并矫正 Hook 效应的措施进入商业化临床应用,取得了较好的社会效益;Kornel Papik 等对上述免疫反应动力学现象进行了进一步研究,在进一步系统印证上述现象的同时,提出一项拮抗 Hook 效应并同时拓展定量分析范围的新方法,将其用于血清铁蛋白的检测,取得了十分理想的实验结果;国内刘忠民等(2000年)采用相同的实验手段进行血清 IgG 检测,在进一步阐述 HB 双向剂量反应曲线特征的同时,还发现与 Kornel Papik 研究雷同的实验信号依时性改变可同时出现在抗原过剩及抗体过剩等两种实验状态下,从而使后来者有理由推断此类 Hook 效应拮抗方法可望同时用于抗原与抗体两者的检测。

[0007] 上述研究结果表明,HB 双向剂量反应曲线是一个抗原抗体反应过程中客观存在的实验现象,尽管在良好的试验状态下,其曲线的各个部分均不同程度地具备稳定的剂量相关特征,但既往研究者一直未能将其用于血清学检测结果的定量参比分析。其原因可能包括①既往研究者对 HB 双向剂量反应曲线的特征缺乏深入认识;②既往沿用的函数分析方式(直线回归, $Y = ax+b$)不能进行 Hook 现象处理,而简单的曲线回归难以在整体曲线上达成定量分析所需要的实验精度;③既往多数实验方法因实验过程、试剂、仪器等原因难以呈现适宜参比的曲线状态;④如何在双向反应曲线上与同一实验信号(Y)对应的两个靶物质浓度对映值中确认实验标本的靶物质浓度真值;以及⑤如何矫正 HB 双向曲线围顶点区段因顶点效应而导致的局部定量分析精度明显下降。这些技术难点的解决是推动 HB 双向曲线由理论走向实际应用的前提。

[0008] 均相免疫(包括由微球吸附技术参与的类均相免疫)实验指全部的反应与结果的观察均在同一个液相环境中进行的免疫学检测方法,操作过程比其它类型的血清学实验简洁。免疫沉淀(与免疫凝集)实验,光激发化学发光免疫分析实验(Light Initiated chemiluminescence assay, LiCA),以及均相酶免疫分析是这类方法的主要代表,亦是目前已经(或正在)商品化的主要均相免疫技术。例如我国近年推出的血清 HBsAg 检测光激发化学发光实验,具有很高的敏感性、便捷性与稳定性,定量检测范围等诸多实验品质亦与电化学发光等优秀检测技术相当,但因受 Hook 效应影响较固相免疫实验方法为甚,且不存在部分纠正 Hook 效应的过渡性措施(如固相免疫试验中的二步法免疫实验等)而造成大量无法定量与错误定量结果,不仅远未能占有应得的市场份额,反而与一步法 ELISA 等传统技术一起被排除于献血员筛选等规模化市场应用的行列。

[0009] 因此,本领域需要一种旨在纠正 Hooks 效应并拓展血清学检测定量范围的简便易行的血清学检测分析方法。

发明内容

[0010] 本发明的目的是提出一种血清学定量检测及分析新方法。该方法以均相免疫或类

均相免疫技术为依托,能全方位保持原有血清学实验的技术特征,可用于抗原或抗体的检测,能拮抗浓度依赖性 Hook 效应干扰,并极大拓宽靶物质定量检测范围。

[0011] 上述目的是通过以下技术方案实现的:

[0012] 一种旨在纠正 Hook 效应并拓展血清学检测定量范围的血清学检测方法,包括如下步骤:

[0013] 1、实验过程:在存在标记与未标记对应免疫反应试剂(抗原及抗体)及信号生成相关试剂的实验孔(管,或其他载体容器)中分别加入参比标准品、拟 合样品、阴阳性对照或待测标本,混合后放置,以使其发生免疫反应,并产生可供测定的实验信号,于发生免疫反应的 T1、T2 时点分别进行实验信号 S1、S2 的检测;将其输入专项实验分析系统进行处理,并按照实验者指令输出实验结果;

[0014] 2、函数关系的拟合:

[0015] 1) 同上实验条件下,采用超过 100 个浓度点样本,浓度范围设定涵盖 HB 双向曲线有效分析区段图像,浓度区间设定为质点间间隔 0.025—0.10 横轴(X 轴)读数距离,对此参比标准品进行 10 次或以上重复实验,取每个浓度点各次检测的实验信号平均值作为该点对应的实验信号进行高密度函数拟合分析;

[0016] 2) 将所生成的实验信号输入人工智能分析系统,人工智能分析系统的后台路径概况:

[0017] ①输入 T1 及 T2 两时点检测的实验信号值 S1 及 S2;

[0018] ②计算出受检标本 T1 及 T2 时点 S1 与 S2 的比值,包括实验信号饱和度等;将实验信号饱和度转换成饱和度指数(Signal Saturation degree index, SSDI),转换方法为 $(S1/S2) \times 100 \times e$, e 为转换系数;

[0019] ③在平面半对数坐标图像上,根据系列参比标准品测定所获取的实验信号 S1 及 S2,分别绘制出 S1 及 S2 两条 HeideIBerger 双向剂量反应曲线,并将饱和度指数按照各自对应靶物质浓度依次标绘到前述半对数函数图像中,绘制出相应的信号饱和度指数曲线 SSI,此三条曲线构成复合 HB 双向剂量反应曲线图像分析体系,其中 Y 轴为实验信号强度或 SSDI, X 轴为靶物质浓度的对数数值;

[0020] ④采用拟合法确证 HB 双向曲线中函数 x 与 y(以及 SSDI)的关系。

[0021] 通过拟合实验证实,HB 双向剂量反应曲线图像中各 HB 双向曲线上的实测点(y)与其所对应的函数值(x)之间的关系可采用以下公式表述:

[0022] $f(x) = a \times \exp\left(-\left(\frac{x-b}{c}\right)^2\right)$, 拟合效果 $R^2 \geq 0.99$

[0023] 其中 x:为靶物质浓度的自然对数; a:修正参数; b:对数均值; c:标准差; f(x) = 实验信号(y);

[0024] HB 双向剂量反应曲线图像中信号饱和度指数曲线(SSI)上各实测点(SSDI,限两 HB 双向曲线图像内侧点值)及其与所对应的函数值(x)之间的关系可以采用以下公式表述。

[0025] $f(x) = a + b \times x$, 拟合效果 $R^2 \geq 0.95$

[0026] 其中 x:为靶物质浓度的自然对数; a:截距(当 x = 0 时, Y 的取值本底信号的大小); b:斜率(x 变化一个单位时 Y 的增减量);

[0027] $y = f(x) = SSDI = (S1/S2) \times 100 \times e$ (e 为转换系数) ;

[0028] 3、(拟合)函数图像分析界点的确定

[0029] 1) 计算两 HB 双向曲线的顶点 P1 及 P2, 公式: $P(y) = f(x) = \mu$, 其中, $\mu = b$ (见前曲线回归公式), 即实验数据模拟出的模型参数的对数均值, 为 P1 或 P2 在顶点对应的浓度对数值;

[0030] 2) 确认两顶点在 X 轴读数差值的中点 P_e (公式: $P_e(x) = (P1(x) + P2(x)) / 2$), 经 P_e 点对 X 轴做垂线 M, 并与 S1、S2 及 SSI 三曲线分别相交于 A1、A2 及 Q, 分别算出三者的实验信号 (y, 或 SSDI) 值;

[0031] 3) 编程以建立以复合 HB 双向剂量反应曲线为参比对象的血清学均相免疫检测定量分析系统;

[0032] 4、浓度参比标准品及设定

[0033] 设定当次常规参比标准品, 以步骤 2 建立的 HB 双向剂量反应曲线为基础, 其浓度以大致达成双向曲线的下述线性区段为目标, 具体设定包括: ①本底核对参比, 0 靶物质, 阈值设定参照; ②敏感性控制参比, 低浓度端, 曲线正态分布的三阶导数的围起点处; ③线性状态控制, 左右拐点附近, 正态分布曲线的围二阶导数起点处; ④ Y 值高点控制, 正态分布曲线的围一阶导数起点 (即围顶点) 处; ⑤类 Hook 效应控制点设定, 其浓度设定以所产生实验信号在强度上与敏感性控制参比品所产生的实验信号相对应;

[0034] 5、实验结果分析

[0035] 1) 通过浓度参比标准品检测、数据的输入、调出适宜当次结果分析, 即调出经修正的前述步骤 2、3 建立的数据分析系统; 通过 A1 界点可将 S1 双向曲线不对称地分为左右两部分, 顶点 P1 位于界点 A1 的左侧, 其中右侧高 x 值区段为实验结果判读区段; 通过 A2 界点可将 S2 双向曲线不对称地分为左右两部分, 顶点 P2 位于界点 A2 的右侧, 其中左侧低 x 值区段为实验结果判读区段; 通过实验标本序号的输入锁定待分析实验标本实测与计算数据; 通过测定标本 SSDI 与 Q 值的比较确定待测标本参比分析的曲线及相应区段, 即当测定标本的 SSDI 大于 Q 值时, 根据其 T2 时点测值 y 在 S2 曲线的左侧区段查读实验结果; 当测定标本 SSDI 小于 Q 值时, 根据其 T1 时点测值 y 在 S1 曲线的右侧区段查读实验结果;

[0036] 2) 采用输入参比标准品检测数据所调出的前述步骤 2、3 建立的数据分析系统中的阈值对上述 5、1) 项分析结果做进一步分析, 其实验标本 S2 测值小于对应曲线阈值 (阴性孔均值乘以 2.1 倍) 者为阴性;

[0037] 3) 采用输入参比标准品检测数据所调出的前述步骤 2、3 建立的数据分析系统中的类 Hook 效应控制点对上述步骤 5、1) 项分析结果做进一步分析, 其实验标本 S1 测值小于对应曲线类 Hook 效应控制点参比信号者为存在类 Hook 效应影响的实验标本, 该标本靶物质浓度高于类 Hook 效应控制点, 其结果以定性方式报道为超高浓度阳性, 定量分析结果由下述步骤 5、4) 提供, 仅供参考; 4) 经上述选择分析后, 根据被分析标本所测得的实验信号 Y, 在相应的曲线区段进行函数 x 的查读, 将查读的对数结果转化为实际检测浓度并报道实验结果。复合 HB 双向剂量反应曲线图像分析系统的构成流程见图 1。

[0038] 优选地, 这种血清学定量检测方法是指均相免疫, 类均相免疫, 及其它抗原、抗体及其实验信号生成系统等三者存于同一实验体系中, 能在一定时段内实施二次以上实验信号探测, 且不妨碍体系中免疫反应进程, 不影响所依托实验方法原有检测 (即常规检测方

法) 结果品质的实验方法。

[0039] 优选地, 这种血清学定量检测方法中所述的待测标本系指需要进行免疫检测的含或不含靶物质(抗原或抗体)的溶液, 如血清、体液、培养物上清及其它包含抗原与抗体的实验材料。

[0040] 优选地, 这种血清学定量检测方法中所采用的试剂包括免疫试剂、信号生成试剂、连接试剂、信号展示与强化试剂中的一种或一种以上。

[0041] 优选地, 这种血清学定量检测方法的实验设置中, 其反应时间设定取决于所依托实验免疫反应的进程, 主要反应时点设定为: T0 时点, 即抗原与抗体在实验方法规定的免疫反应条件下混合并开始免疫反应过程的时点; T1 时点, 免疫反应过程中第一次进行实验信号检测的时点; T2 时点, 免疫反应过程中第二次进行实验信号检测的时点; 免疫反应的时段规划为 T1 时段: T0 至 T1 时点所间隔的时间段; T2 时段: T0 至 T2 时点所间隔的时间段; 免疫反应的总时段长度因实验方法不同及其对实验结果的要求不同而有所区别, 其范围限定在 2-60min 之间, T1 与 T2 时段长度的比例为 0.1 到 0.95。

[0042] 本技术方案在半对数坐标图像中, HB 双向剂量反应曲线图像的信号消长轨迹呈序贯的双向变化, 实验信号强度与靶物质浓度变化的函数曲线呈平滑的剂量相关。其在半对数坐标上的轨迹表现为显著的正态分布图像。采用曲线回归处理, 该 HB 双向剂量反应曲线图像上各实测点所对应的函数值可以采用公式 $f(x) = a \times \exp\left(-\left(\frac{x-b}{c}\right)^2\right)$ 拟合, 并取得极好的拟合效果 ($R^2 \geq 0.99$)。在实际检测中, 当获取待测标本实测信号 (y) 后, 通过上述公式, 可以准确地求出双向曲线上类 Hook 效应点内 (除围顶点区段以外) 任意信号强度实验标本的靶物质浓度。这一发现为将 HB 双向剂量反应曲线用于血清学检测定量分析提供了理论基础。

[0043] 免疫反应过程中实验信号强度的依时性变化的主要特点: 既定时段内实验信号随反应时间延长而增强; 不同时点信号强度之间的比率与实验标本中靶物质浓度相关; 两时点测值的相关关系可以多种比较方式加以表达, 将其中实验信号饱和度指标转换成饱和度指数 (Signal Saturation degree index, SSDI, 在实施例 1 中的转换方法为 $(S1/S2) \times 100 \times 10000$)。并将其绘制到半对数坐标图像中, 发现, 随着靶物质浓度的升高, 其曲线 (Curve of Signal Saturation degree Index, SSI, 信号饱和度曲线) 的图像呈左高右低的序贯性下降趋势。这一趋势在图像核心区段 (即双向曲线两拐点之间图像区域) 尤其明显。经公式 $f(x) = a + b \times x$ 拟合, 拟合效果 $R^2 \geq 0.95$ 。

[0044] 基于以上技术特征, 本技术方案首次提出复合 HB 双向剂量反应曲线图像分析法。该法图像由两条根据不同时点测值获取数据 (T1 及 T2 时点, 测得的 S1 及 S2 信号) 绘制的 HB 双向剂量反应曲线 (S1 曲线及 S2 曲线)、一条 SSI 曲线, 根据定量分析的需要加入的其它辅助线段与界点等, 其构成与分析路径可以图 1 方式概括。该分析体系的建立为本专利的实施铺平了道路。

[0045] 本发明相对于现有技术具有如下创新之处:

[0046] 1、提出将 HB 双向剂量反应曲线作为血清学检测定量分析的参比对象;

[0047] 2、通过采用半对数法处理, 使 HB 双向剂量反应曲线由原来的直线-弧线混合方式转变为单纯的曲线方式。在 HB 双向剂量反应曲线的参比分析上引入曲线回归, 并以此取代

传统的直线回归参比,在数学分析上为这一分析方式的建立提供了理论基础;

[0048] 3、将实验信号的时间依赖性特征引入复合 HB 双向剂量反应曲线分析体系,解决了以单时点双向曲线作参比时,“假性对映值”对实验结果(真值)的干扰;

[0049] 4、利用参比图像中两条 HB 双向剂量反应曲线的顶点出现依时性摆动的现象避开围顶点效应对实验结果的干扰,从而在整体上提升定量分析结果的实验精度;

[0050] 5、依据正态分布三阶导数的结构特征设定参照品靶物质浓度,为采用 HB 双向曲线参比法定量分析时参比标准品的制备提供了理论依托;

[0051] 6、类 Hook 效应界点的设置,既从理论上界定了实验方法的分析上限,又为发现因含极高浓度靶物质而出现定量精度降低的标本提供可能。

[0052] 7、对不同时点采集的两条 HB 双向剂量反应曲线实施分别拟合,分段拟合及其分别应用,为提升定量分析结果的精度提供了重要的保障。

[0053] 因此,本发明在不增加实质性操作,不影响所依托方法基本品质的前提下,能够达到纠正 Hook 效应,并显著拓展所依托实验方法的定量检测范围的目标。

附图说明

[0054] 图 1 为复合 HB 双向剂量反应曲线图像分析系统核心构成框图;

[0055] 图 2 为先 BA 结合型多时点 LiCA 血清 HBsAg 检测复合 HB 双向剂量反应曲线;

[0056] 图 3 多个不同时点进行信号采集获得的复合 HB 双向剂量反应曲线图像;

[0057] 图 4 为后 BA 结合 LiCA 血清抗 HBc 检测复合 HB 双向剂量反应曲线;

[0058] 图 5 为常规免疫沉淀实验标准曲线示意图;

[0059] 图 6 为血清人 IgG 时间依赖性多时点絮状免疫沉淀检测复合 HB 双向曲线;

具体实施方式

[0060] 通过以下详细说明结合附图可以进一步理解本发明的特点和优点。所提供的实施例仅是对本发明方法的说明,而不以任何方式限制本发明揭示的其余内容。

[0061] 一、本文所用各术语解释如下:

[0062] 1、抗原、抗体剂量-反应曲线(又称为 Heidelberger 双向剂量反应曲线,简称 HB 双向曲线):

[0063] 由 Heidelberger 于上世纪初发现,即在既定抗体浓度下做免疫沉淀实验,沉淀物的量随着靶抗原浓度增加而成比例增加,当抗原浓度的增加到一定程度后,所产生沉淀物的数量不再增加,继而降低,最后回到阈值状态,所产生信号的函数图像在常数坐标上呈偏锋状态序贯升降的双向曲线状态,在半对数坐标上则构成与正态分布类似的序贯升降的双向曲线状态,不同实验状态下的曲线表达存在一定差别。该曲线状态的形成原因在低浓度段取决于实验标本中被测定物质的浓度,而中、高浓度段则取决于实验体系中抗原与抗体两者的分子比例,及由此造成的免疫复合物分子信号生成能力的序贯性降低。采用敏感性更高的试验方法(如 LiCA)可以使这一变化体现得更为显著。由于这一研究对免疫反应动力学的阐述至关重要,后来者便将根据该结果绘制的函数图像以发现者名字命名为 Heidelberger 双向剂量反应曲线(HB 双向剂量反应曲线)。

[0064] 2、Hooks 效应:

[0065] Hooks 效应 (Hook effect, 钩状现象) 与既往血清学检测中的“带效应”相关, 是一种存在于多种血清学检测中的量 (靶物质浓度) 效 (检测信号) 分离现象。其表现为当反应体系中靶物质, 包括抗原或抗体的浓度升高到一定程度后, 所产生的检测信号在其函数坐标图象上不能按照其既往比例关系进一步延长, 而是脱离原有曲线的线性关系趋势而表现出定向弯曲的实验现象。采用既往定量方法分析, 这一现象在二步法免疫检测中的表现为中、高或超高浓度标本在定量检测中的失定量 (不能报道明确的定量结果, 即溢值现象) 状态; 在一步法免疫检测中, 其检测结果因标准曲线在较高浓度状态表现为明显的弯曲而出现检测结果的量效分离, 当其浓度进一步升高时, 则表现出检测结果的失定量及定量错误 (低信号高值状态), 甚至出现假阴性结果。

[0066] 3、均相免疫技术:

[0067] 是一种在同一实验体系中同步或序贯进行免疫反应、实验信号形成反应、及实验信号检测等多项实验过程的免疫学实验技术。

[0068] 4、固相免疫技术:

[0069] 参与反应的免疫物质 (包括其它试剂) 至少有一项吸附在固相载体上, 其免疫结合反应发生在液相与固相之间, 反应产物附着在固相载体的表面, 实验反应的中间及完成阶段需要进行反应产物与未反应物质的分离。操作相对繁琐是该类方法的主要缺点。

[0070] 5、类均相免疫技术:

[0071] 微球载体的应用赋予部分固相免疫实验以新的技术特征。免疫凝集实验即为这类特殊固相免疫实验的代表。该实验参与反应的免疫物质 (如游离抗原) 分别分布在液相及固相载体 (乳胶颗粒, 血球, 或其它颗粒性物质) 表面, 其免疫反应经液相转运而在固相载体的表面进行, 此过程符合固相免疫反应的技术特征。但实验反应的中间或完成阶段不需要进行反应产物与非反应物质的分离。此外, 由于实验信号的检测能在上述全部反应物质同时存在的状态下进行, 不仅使实验操作显著简化, 还为在同一时段内的不同时点进行多次重复信号探测提供了可能。这些特征与前述均相免疫实验的部分特征相同。

[0072] 由于同时具备均相免疫与固相免疫实验的双重特征, 该类方法在分类上显然介于固相免疫及均相免疫之间。但因其部分均相免疫特征能为该类实验的技术拓展提供更大空间, 不少学者将其直接归类到“均相免疫实验”。申请者则认同部分学者“类均相免疫试验”的表述, 并认为该表述能更加客观地凸显该类方法的技术特征。

[0073] 6、围顶点效应:

[0074] 在 HB 双向曲线上围绕顶点及其附近的曲线区段, 由于该区段各点所构成的弧线与横轴几近平行, 且越接近顶点的部位 (点) 该现象越明显, 采用此区段曲线进行实验结果的参比定量分析, 其定量精度将显著低于 HB 双向曲线的其它区段, 由此造成的影响称之为围顶点效应。

[0075] 7、围顶点区段:

[0076] 采用 HB 双向曲线参比分析时的围顶点效应如前所述。在参比分析时出现显著围顶点效应的曲线区段称为围顶点区段。此区段曲线用于对实验结果的参比分析, 其定量精度显著低于 HB 双向曲线的其它区段。

[0077] 8、T₀:

[0078] T₀ 指实验体系中加入全部免疫反应试剂与标本, 经混合并开始发生免疫反应的时

点,此时点获取的实验信号为该实验的本底信号。

[0079] 9、T1 时点及 T1 时段：

[0080] T1 指用于定量分析的第一次实验信号采集的时点。其免疫反应的时间为自 T0 到 T1 两时点之间的时间长度,该长度称为 T1 时段。

[0081] 10、T2 时点及 T2 时段：

[0082] T2 指用于定量分析的第二次实验信号采集的时点。其免疫反应的时间为自 T0 到 T2 两时点之间的时间长度,该长度称为 T2 时段；

[0083] 11、S1 信号与 S1 双向曲线：

[0084] S1 为各实验标本在 T1 时点测定所得到的实验信号值。S1 双向曲线为根据在 T1 时点所获取的系列浓度标准参比品实验信号强度值在复合 HB 双向曲线图像上所绘制的 HB 双向剂量反应曲线。

[0085] 12、S2 信号与 S2 双向曲线：

[0086] S2 为各实验标本在 T2 时点测定所得到的实验信号值。S2 双向曲线为根据在 T2 时点所获取的系列浓度标准参比品实验信号强度值在复合 HB 双向曲线图像上所绘制的 HB 双向剂量反应曲线。

[0087] 13、信号饱和度指数 (SSDI) 与饱和度指数曲线 (SSI)：

[0088] 将某一实验标本或既定浓度参比品系列在不同时点进行检测,以高信号测值 S2 为分母进行比较将所获得的 S1/S2 比值转化为百分数 (即为信号饱和度),再分别乘以适当的转化系数 (e, 实施例 1 中 e 为 10000),所得到的数值即为信号饱和度指数 (Signal Saturation degree index, SSDI)。根据此指数与横轴对应 函数 x 所绘制的曲线称为信号饱和度指数曲线 (SSI)。

[0089] 14、复合 HB 双向曲线分析系统：

[0090] 为适应本专利方式而建立的一种 HB 双向曲线分析图像方式。它包括以实验信号实际值为纵坐标,靶物质浓度的对数为横坐标的一组函数坐标体系;两条根据不同检测时点 T1、T2 检测所获取的实验信号值而绘制的 HB 双向剂量反应曲线,即 S1、S2 双向曲线;一条根据信号饱和度指数 SSDI 与各自对应的靶物质浓度绘制的信号饱和度指数曲线 (SSI),在曲线的低靶物质浓度段,SSDI 指数较高,随着靶物质浓度的逐渐升高,其信号饱和度指数曲线逐步降低,这一变化趋势就整体而言呈平滑且略带 S 状图像,在双向曲线图像内侧的中段 (约为双向曲线的两拐点之间) 曲线的线性趋势符合 $Y = a + b \times x$ 规律。具体见图 2。

[0091] 15、顶点：

[0092] HB 双向曲线上实验信号强度的最高点,称为顶点。复合 HB 双向曲线图像中,S1 与 S2 两双向曲线的顶点分别为 P1、P2。

[0093] 16、顶点摆动现象：

[0094] 在复合 HB 双向曲线图像中,根据不同时点采集信号所绘制的 S1 与 S2 两条 HB 双向曲线的顶点不在同一条针对横轴的垂线上,所对应的函数 x (横轴上的靶物质浓度) 亦不同,由此导致曲线顶点随着反应时间的延长或缩短而呈现左右 (即横轴靶物质的低浓度端与高浓度端) 摆动的现象称为顶点摆动现象。在同一实验体系既定的反应时段内,其顶点摆动的幅度取决于两曲线信号采集时间的间隔长度。具体见图 2 及 3。

[0095] 17、辅助线 M：

[0096] 确定 HB 双向曲线的顶点 (P1 及 P2) 及其两者在横轴上的投影值, 确认两投影点的 X 轴读数差值的中点 P_e , 经 P_e 点对 X 轴所做垂线为辅助线 M, 辅助线 M 因其与横轴及 S1、S2、SSI 等相交并产生 P_e 、A1、A2 及 Q 等重要分析界点, 又称为界点承载线。具体见图 2。

[0097] 18、A1 :

[0098] 在复合双向曲线图像中, 辅助线 M 与 S1 双向曲线的交点称之为 A1, 该点将 S1 双向曲线分为左右两部分, 曲线右侧部分不含顶点及其围顶点区段, 作为 S1 曲线的有效判断区段分析实验结果可避免围顶点效应的干扰, 具体见图 2。

[0099] 19、A2 :

[0100] 在复合双向曲线图像中, 辅助线 M 与 S2 双向曲线的交点称之为 A2, 该点将 S2 双向曲线分为左右两部分, 曲线左侧部分不含拐点及其围顶点区段, 作为 S2 曲线的有效判读区段分析实验结果可避免围顶点效应的干扰, 具体见图 2。

[0101] 20、Q :

[0102] 在复合双向曲线图像中, 辅助线 M 与 SSI 曲线的交点称之为 Q (又称为界点 Q) 点, 该点是区分被测定标本实验结果判读曲线及曲线部位的界点。根据被测定标本 SSDI 值与 Q 值的比较将其分为两组, SSDI 值大于 Q 者根据 S2 测值在 S2 双向曲线左侧查读实验结果, SSDI 值小于 Q 者根据 S1 测值在 S1 双向曲线右侧查读实验结果, 具体见图 2。(相关界点间横轴函数值关系: $P_e(x) = (P1-P2)/2 = Q = A1 = A2$)

[0103] 21、先 BALiCA 与后 BALiCA :

[0104] 当前市售 LiCA 在实验试剂体系中引入了生物素抗生物素系统 (BAS), 其目的在于增强免疫物质结合的速率与实验信号生成的稳定性。BAS 的介入使 LiCA 的实验过程包含了抗原抗体结合及生物素抗生物素结合等两项主要的生物学反应。理论上讲, 两者的反应可在同一体系中同步发生, 也可因加入顺序的不同而序贯发生。在实际应用中, 我们将分别含生物素与抗生物素的试剂在免疫反应前预先混合, 让其发生 BA 受体结合反应, 然后加入被检测物质进行免疫反应的实验方式称之为先 BALiCA, 而将先加入免疫试剂 (含为生物素标记的免疫反应物) 与被检测物质做免疫反应, 然后再加入抗生物素标记微球并进行 BA 结合反应的 LiCA 实验称之为后 BA 免疫反应。多时点检测 LiCA 同时适用于上述两种实验反应方式, 能取得大致相同的实施效果, 但因多时段反应及多次信号探测费时较常规 LiCA 为多, 而先 BALiCA 的实施在反应时段的安排上较后 BALiCA 能为本申请方法提供更大的空间。上述分类同时适宜其它受体反应与抗原抗体反应同时存在的实验方法。

[0105] 22、真值与假性对映值

[0106] 在采用双向曲线进行参比时, 每一标本在某时点所取得的单一实验信号在对应曲线图像上均存在两个呈镜像状态, 且高低迥异的靶物质浓度数值。申请者将能代表靶物质浓度的数值称为靶物质浓度真值, 而将另一数值称为“假性对映值”。

[0107] 【实施例 1】时间依赖性多时点分析方法在光激发化学发光 (LiCA) (以下简称多时点 LICA) 检测血清中 HBsAg 的应用 (先 BA 结合型 LICA 实验)

[0108] (一) 实验材料

[0109] 1. 仪器与耗材

[0110] 1) 实验仪器: LiCAHT 光激化学发光检测仪, 中国博阳生物 (上海) 科技有限公司制造。

- [0111] 2) 人工智能数据处理系统:自制软件处理系统。
- [0112] 3) 实验耗材:同上由中国博阳生物(上海)科技有限公司提供。
- [0113] 2. 实验试剂和标本
- [0114] 1) LiCAHBsAg 检测试剂由中国博阳生物(上海)科技有限公司生产,市售获得。包括:
- [0115] 试剂 1 :R1. Anti-HBs 包被发光微球;
- [0116] 试剂 2 :R2. 生物素化的 anti-HBs ;
- [0117] 试剂 3 :R3. 包被链亲和素 (SA) 的感光微球;
- [0118] 试剂 4 :实验稀释系统,市售试剂系统携带;
- [0119] 2) 参比标准品
- [0120] ①自制参比品储存液:自感染者血清中纯化(密度梯度离心法,BSA 参比光谱吸收法定量),浓度 7.62mg/ml,置 -30℃冻存。
- [0121] ②自制参比品:该提取物采用实验稀释系统调整浓度(2400.0 μg/ml),经浓度标定后稀释,适量分装,-30℃冻存,供室内标准参比,及回收实验标本使用。参比品浓度与数量的设定规则与 HB 双向曲线结构及其拟合方式关联并参照临床检测的方便程度(表 1),具体使用浓度见表 2。回收实验标本的设定参照表 3。
- [0122] ③市售参比品:市售 LiCA 试剂盒随带,共 6 份。HBsAg 浓度分别为:0.0ng/ml, 0.6ng/ml,4.6ng/ml,18.3ng/ml,200.0ng/ml,500.0ng/ml(定量上限 500ng/ml)。
- [0123] 3) 对照血清
- [0124] 阴性对照与阳性对照血清:市售试剂盒携带,用于域值确认,及试剂反应性评价。
- [0125] 4) 检测标本:血清、血浆、体液、或体外培养物。
- [0126] 3. 人工智能分析系统
- [0127] “复合 HB 双向剂量反应曲线图像法分析体系”,其宏观逻辑框架见发明内容。用于血清 HBsAg 检测的专项智能分析系统构建亦在上述分析系统的框架内完成(见后分析系统构建)。
- [0128] (二) 实验步骤
- [0129] 1. 实验准备:
- [0130] 取出所有试剂与标本,恢复至室温,按需调整至工作浓度。
- [0131] 2. 实验操作
- [0132] 1) 取试剂 R2、R3 等体积,混合,室温放置 15min;
- [0133] 2) 加至 LiCA 实验反应板各孔中,每孔(管)200 μl;
- [0134] 3) 加入 R1(100 μl/孔(管)),混合;
- [0135] 4) 取待测标本,阴、阳性对照,及 HBsAg 定量标准血清系列各 25 μl,分别加至 LiCA 反应板各孔中,每份标本加一孔;
- [0136] 5) 混合实验体系,置 LiCA 发光检测仪上,育温 15min(此时间点即为 T1)。(注意消除各孔间免疫反应时间差,下同);
- [0137] 6) 在 680nm 激发,610nm 波长检测条件下检测各孔实验信号(S1),并将各信号值输送至人工智能数据处理系统;
- [0138] 7) 继续放置 15min(达 T2 时点,即标本与实验体系混合后 30min);

[0139] 8) 置 LiCA 发光检测仪上,680nm 激发,610nm 波长检测各孔实验信号 (S2),并将信号输送至人工智能数据处理系统;

[0140] 9) 由人工智能系统根据实验者指令对上述实验信号进行综合分析,并报道检测结果。

[0141] (三) 实验分析系统构建与应用

[0142] 1、专项靶物质 (即 HBsAg) 检测分析系统的构建过程

[0143] 1) 采用超过 100 个浓度点的系列 HBsAg 稀释标准参比品,浓度范围设定涵盖整个 HB 双向曲线有效图像,样本的浓度区间设定为质点间间隔 0.025—0.05 个横轴读数 (X 轴),进行 10 次或以上重复 LICA 检测,取每个浓度点各次 LICA 检测的实验信号平均值作为该点对应的实验信号;

[0144] 2) 于整个反应体系混合后的不同时点 (免疫反应经历的时点, T1 及 T2) 检测实验信号 (S1 及 S2);

[0145] 3) 将实验数据纳入人工智能分析系统,启动系统中曲线模拟程序,进行普通及高密度质点函数实验参比曲线图像模拟 (一次或多次,整体模拟、分隔模拟与分段模拟相结合)。并据此形成用于血清 HBsAg 检测的实验结果分析体系;

[0146] 4) 采用高溯源质控物以同上方式对上述曲线进行模拟核对 (可用低密度拟合);

[0147] 5) 有选择性地将该程序用于不同地区检测单位,通过具体的田间实验验证并修正分析系统。

[0148] 2、复合 HB 双向剂量反应曲线图像法人工智能分析系统软件数据处理路径:

[0149] 1) 获取并计算实验结果,得到 S1、S2、SSDI 三组数据;

[0150] 2) 应用实验参比品检测数据输入,调出并修正机内储存实验体系,构建出适合当次实验使用的复合 HB 双向剂量分析曲线图像分析系统;

[0151] 3) 通过对 HB 双向剂量反应曲线及其曲线回归分析方法的应用,为 Hook 效应的消弭及其定量范围的显著拓展提供有效的定量分析空间;

[0152] 4) 综合应用 S1 双向曲线、S2 双向曲线,及 SSI 曲线,三者间关系的分析结果,确认检测标本靶物质浓度 (真值) 查读所采用的曲线区段,以此解决双向曲线参比分析中的对映值现象对实验结果分析的干扰。

[0153] 5) 应用顶点偏移 (或称顶点漂移) 的实验现象解决围顶点效应造成的局部区段 (围顶点区段) 定量分析精度下降的问题。(具体方法如示意图 2 所述);

[0154] 6) 利用类 Hook 效应判点,标识出曲线右侧低信号区段内定量分析精度下降的标本 (该现象仅出现在极其罕见的超高靶物质浓度的实验标本中);

[0155] 3、人工智能系统软件路径的图像法显示

[0156] 该系统运作的基本路径可以由复合 HB 双向剂量反应曲线图像加以显示。其具体绘制方法可简括为:①输入并处理全部数据,绘制出三条曲线 (S1、S2、SSI);②通过计算确认 S1 及 S2 曲线的顶点;③在人工智能软件引导下绘制 N 及 M 辅助线;④根据辅助线 M 与三条曲线的交点定位 A1、A2 及 Q 三点,并确认其函数点值 (y 与 x);⑤以此三点点值为参照确定结果查读区段,并查读被检测标本的靶物质浓度。上述界点均系通过解析函数法计算求得。

[0157] 4、实验结果分析技术路径

[0158] 1) 输入实验标本序号,人工智能系统自动查读被检测标本当次实验中的信号检测强度 S1、S2,计算其 SSDI,并将其与当次分析系统选定的 Q 界点值进行比较,以确定实验结果在图像分析系统上的查读区段;

[0159] 2):结果查读(计算)区段采信标准:

[0160] SSDI 值大于 Q 值:根据 T2 时点信号强度在 S2 双向曲线 A2 界点的左侧查读检测结果;

[0161] SSDI 值小于 Q 值:根据 T1 时点信号强度在 S1 双向曲线 A1 界点的右侧查读检测结果;

[0162] 3) 阴阳性结果的判断

[0163] 以阈值(即空白孔实验信号 $\times 2.1$)为界点判断,低于此值者为阴性;高于此值者为阳性,阳性者须做靶物质浓度的定量分析。

[0164] 4) 阳性结果的定量分析

[0165] 依据各自测定数据(实验信号,即 y),采用公式法计算(由分析系统执行)被测定标本在 S1 及 S2 两条双向曲线上指定查读区内的靶物质浓度对数(即实验信号 Y 的对应函数 x,计算公式: $f(x) = a \times \exp(-(\frac{x-b}{c})^2)$,计算方法参照分析系统建立,并反向进行。

[0166] 5) 将所获取并采信的 x 函数(浓度的对数数值)转换为靶物质浓度值(ng/ml),并根据实验者指令输出实验结果。

[0167] (四) 实验结果

[0168] 1、血清 HBsAg 检测时间依赖性多时点光激发化学发光实验(以下简称多时点 LiCA)的实验结果定量分析系统见图 2。

[0169] 2、几项主要的分析数据

[0170] 实施 HBsAg 多时点 LiCA 检测所需要的有关中间数据由分析系统运算后取得,本次实验部分关键的界点数据见表 1。

[0171] 表 1 HBsAg 检测先 BA 结合型多时点 LiCA 实验结果分析中间数据

[0172]

参数名称	位置与意义	确认方式	y/x(ng/ml)
阈值(Y)	阴性结果判断标准	T1 阴性测值 $\times 2.1^*$	1843.8/设定阴性上限
P1(S1 曲线顶点)	S1 曲线中轴与该曲线交点	人工智能软件确认	1320735/872.26
P2(S2 曲线顶点)	S2 曲线中轴与该曲线交点	人工智能软件确认	2069357.1/1096.73
A1 点	辅助线 M 与 S1 曲线交点	人工智能软件判读	1288115.6/957.35
A2 点	辅助线 M 与 S2 曲线交点	人工智能软件判读	2023870.1/957.35
Q 点(#)	辅助线 M 与 S1 曲线交点	人工智能软件判读	636680.0/957.35
类 Hook 效应界点	参比设定浓度最高值	人为设定,软件判读	11202/1200000

[0173] *:表中阈值的计算方法系根据既往文献习惯沿用,亦可根据其它方式确认;#:辅助线 M 即为界点承载线,此线上各个界点值的 x 值相同($P_e(x) = (P_1(x) - P_2(x))/2 = Q = A_1 = A_2$),y 值取自 M 与各曲线的交点。

[0174] 3、采用多时点 LiCA 检测标准参比品浓度及其定量分析实验结果见表 2

[0175] 表 2 血清 HBsAg 专利法 LiCA 检测标准参比品浓度设定及实验结果

[0176]

设定浓度	S1 信号	S2 信号	SI (饱和度指数)	设定理由 (示意设定)
0	868	1024	847700	空白 (试剂本底), 阈值计算

[0177]

0.6	8323	8714	955000	低浓度, 敏感性评价
36.6	366761	423778	865500	左侧围拐点监控
1171.9	1276232	2055648	620800	围顶点, 监测顶点
37500.0	217028	463101	468600	右侧围拐点监控
1 200 000	11202	22119	506442	类 Hook 效应提示

[0178] 4、回收实验结果

[0179] 采用多时点 LICA 对一组系列稀释的自制参比血清进行检测, 并以前述建立 (试验阶段) 的人工智能系统对检测结果进行分析。实验结果见表 3。

[0180] 表 3 血清 HBsAg 先 BA 结合型多时点 LiCA 检测回收实验结果

[0181]

编号	设定浓度	S1 信号	S2 信号	SSDI*	回收浓度	回收率
1	0	768	1042	737044	N	N
2	0.6	8323	8714	955000	0.45	75.0
3	1.1	19684	20245	972200	0.96	87.3
4	2.3	31999	31731	1008400	1.95	84.8
5	4.6	59582	61842	963500	5.23	113.7
6	9.2	104549	117730	972900	8.79	95.5
7	18.3	213995	224137	954700	17.29	94.5
8	36.6	366761	423778	865500	38.12	104.2
9	73.3	549551	760484	722600	73.44	100.2
10	146.6	855505	1231242	694800	142.2	97.0
11	293.2	1145062	1713942	668100	297.5	101.5
12	586.5	1315844	1992092	660500	597.2	103.6
13	1171.9	1276232	2055648	620800	1213.6	103.6
14	2343.8	1130609	1941596	558300	2512.7	107.2
15	4687.5	891561	1662912	536100	4496.3	95.9
16	9375	631267	1240671	508800	9537.2	101.7
17	18750	365278	813322	449100	19532	104.2
18	37500	217028	463101	468600	36342	96.9
19	75000	121825	243760	499700	73425	97.9
20	150000	64775	130477	496400	142600	95.1
21	300000	36549	72406	504700	265683	88.6
22	600000	19618	37831	518600	523610	87.3
23	1200000	11202	22119	506442	1137500	94.8

[0182] *:饱和度指数:计算方法为 $SSDI = (S1/S2) \times 100 \times 10000$, 不同实验方法所采用的系数不同;

[0183] 5、临床检测结果

[0184] 1) 采用多时点 LiCA 对一组临床标本进行检测,并与常规 LiCA 进行比较,结果见表 4。72 例未经筛选的临床患者,两法 HBsAg 阳性检出率均为 16.7%。常规 LiCA 检测因 Hooks 效应导致的定量检测结果总体偏离率达 50.0%。其中定量失报率(即因溢值状态而不能给出确切定量数据标本)为 16.67%;定量错报率(结果偏离真值 5 倍以上)33.3%;

[0185] 表 4 先 BA 结合型多时点 LiCA 临床检测及其与常规 LiCA 的比较

[0186]

编号*	检测结果 (ng/ml)		
	先 BA 结合型 LiCA	常规 LiCA	先 BALiCA/常规法 (%)
6	147.65	147.65	100.0
9	4236.43	243.81	1737.69
15	927.6	>500#	未比较
28	259.92	259.92	100.0
33	11246.89	115.42	9744.32
35	104.06	104.06	100.0
37	41.62	41.62	100.0
38	8426.42	144.73	5822.1
46	2143.72	>500#	未比较
59	0.75	0.75	100.0
62	9753.26	127.43	7653.82
71	132.46	132.46	100.0
有效统计数	12	10	16.67% (定量失报率) #
平均值	3118.43	111.83	2789

[0187] * :血清采集当日检测单位的实验编号。# :常规 LiCA 检测未能报道确切浓度的标本。

[0188] 2) 采用多时点 LiCA 对一组雅培化学发光定量检测溢值(二步免疫法, >250IU/ml, 67 份)的血清标本进行检测,并与常规 LiCA 进行比较。全部血清两法 HBsAg 检测均阳性,其浓度均值分别为 6729.32 ± 1396.26 及 217.85 ± 69.73 ,前者均值为后者 31.03 倍。未发现浓度依赖性假阴性现象。其检测结果的浓度区间分布见表 5。

[0189] 表 5 采用两种 LiCA 对一组雅培试剂 HBsAg 溢值血清检测结果

[0190]

实验方法	先 BA 结合多时点 LiCA*	常规 LiCA*
低浓度真值 (200-500ng/ml) 区	9/13.43	9/13.43
高浓度真值区 (专利法)	58/86.57	无
高信号溢值 (常规 LiCA) 区	无	6/8.96
低信号高浓度 (常规 LiCA) 区	无	52/77.61
合计	67/100%	67/100%

[0191] * :例数 / 百分率 (以全体实验对象为 100%)

[0192] (五) 多时点 LiCA 检测的实验信号衍变特征

[0193] 采用同上实验方法进行检测,于免疫反应的不同时点 (T1、T2、T3、T4、T5) 进行实验信号 (S1—S5) 采集,并以同上方式将其绘制到复合 HB 双向剂量反应曲线图像 (图 3) 中,结果显示,在既定的时段内,因反应时点改变而导致的实验信号强度变化并非局限于前

述专利法中的某特定时点,而顶点摆动现象亦出现在所观察时段免疫反应的全过程。

[0194] (六) 结论:

[0195] 1、方法敏感性:两法(多时点 LiCA 与常规 LiCA) 相同, < 1.0ng/ml ;

[0196] 2、定量范围:

[0197] 常规 LiCA :1.0—500(1000)ng/ml ;

[0198] 多时点 LiCA :1.0—100000 ~ 1000000ng/ml。

[0199] 两者比较:专利法 LiCA 较常规 LiCA 拓展 100 ~ 1000 倍。

[0200] 3、实施效果:

[0201] 1) 通过对 HB 双向剂量反应曲线及其曲线回归分析方法的应用,显著拓展常规 LiCA 的定量分析空间;

[0202] 2) 综合应用 S1 双向曲线、S2 双向曲线及其 SSI 曲线三者关系的分析结果,确认检测标本靶物质浓度(真值)计算与查读所采用的曲线区段,以此解决双向曲线参比分析中的假性对映值对定量分析的干扰;

[0203] 3) 应用顶点偏移(或称顶点漂移)的实验现象,解决围顶点效应造成的局部区段参比定量分析精度下降的问题;

[0204] 4) 利用类 Hook 效应判点,标识出曲线右侧低信号区段内实验精度下降的标本(该现象仅出现在极其罕见的超高靶物质浓度的实验标本中)。

[0205] 5) 对不同时点采集的两条 HB 双向剂量反应曲线实施分别拟合,分段拟合及其分别应用,为提升定量分析结果的精度提供了重要的保障。

[0206] 【实施例 2】时间依赖性多时点分析方法在光激发化学发光(LiCA)检测血清中抗 HBc 的应用(后 BA 结合型 LiCA 实验)

[0207] 本实施例与实施例 1 不同之处在于检测对象为抗 HBc 抗体,实验方式为后 BA 反应 LiCA。

[0208] (一) 实验材料

[0209] 1、仪器与耗材

[0210] 1) 实验仪器:LiCAHT 光激化学发光检测仪;

[0211] 2) 人工智能数据处理系统:自制软件处理系统,后台数据处理路径见专利说明及实施例 1;

[0212] 3) 实验耗材:同上由中国博阳生物(上海)科技有限公司提供。

[0213] 2、实验试剂和标本

[0214] 1) 采用市售试剂(中国博阳生物科技有限公司制造)。包括:

[0215] 试剂 1 :R1. 生物素化的 HBcAg ;

[0216] 试剂 2 :R2. 包被链亲和素(SA)的感光微球

[0217] 试剂 3 :R3. HBcAg 包被发光微球;

[0218] 试剂 4 :实验稀释系统;同上市售试剂系统携带;

[0219] 2) 参比标准品:可同时采用市售及自制标准参比品。

[0220] ①市售标准品:市售试剂盒随带,共 6 份。抗 HBc 浓度分别为:0.0IU/ml,0.3IU/ml,2.4IU/ml,13.2IU/ml,80.0IU/ml,200.0IU/ml

[0221] ②自制参比标准品类:采用抗 HBc 强阳性既往 HBV 感染者血清,经抗 HBc 活性标

定后制备。制备物包括拟合实验用品、回收实验用品、参比实验用品,以及常规参比标准品等。制备原则与方法同实施例 1;

[0222] 3) 对照血清

[0223] 阴性对照与阳性对照血清为同上市售试剂盒携带,用于域值确认及试剂反应性评价。

[0224] 4) 检测标本:血清、血浆、体液、或体外培养物

[0225] 3. 人工智能分析系统

[0226] 抗 HBc 检测专项“复合 HB 双向剂量反应曲线图像法分析体系”,其宏观逻辑框架参见发明内容。其构建亦在上述分析系统的框架内介绍。

[0227] (二) 实验步骤

[0228] 1. 实验准备:取出所有试剂与标本,恢复至室温,按需调整至工作浓度与状态;

2. 实验操作

[0229] 1) 取试剂 R1 及 R3 试剂适量,等体积混合,加至 LiCA 反应板各孔中,每孔(管)100 μ l;

[0230] 2) 取待测标本,阴、阳性对照,及抗 HBc 定量标准血清系列各 25 μ l,分别加至上述各反应各孔中,每份标本加一孔(或根据需要的任意孔),混合,育温 10min;

[0231] 3) 加入试剂 R3,每孔 175 μ l,混合,在机反应 15min(达 T1);

[0232] 4) 在 680nm 激发,610nm 波长检测条件下检测各孔实验信号(S1),并将各信号值输送至人工智能数据处理系统;

[0233] 5) 继续放置 15min,达 T2 时点;

[0234] 6) 置 LiCA 发光检测仪上,680nm 激发,610nm 波长检测各孔实验信号(S2),并将信号输送至人工智能数据处理系统;

[0235] 7) 由人工智能系统根据实验者指令对上述实验信号进行综合分析,储存及报道检测结果。抗 HBc 的浓度以 IU/ml 表示(本实施例以下同)。

[0236] (三) 实验结果分析路径

[0237] 1、根据参比血清实验数据调取并修正储备的专项实验分析系统,形成供当次使用的血清抗 HBc 多时点 LiCA 检测复合 HB 双向剂量分析系统;

[0238] 2、向专项人工智能数据处理系统内输入 T1 及 T2 两时点检测数据 S1 及 S2,计算出受检标本的 SSDI 值;

[0239] 3、按照实施例 1 的方法确认实验体系中的相关界点数据(阈值, A1, A2 及 Q 界点等);

[0240] 4、按照实施例 1 的方法对实验结果进行靶物质浓度的分析,并按指令输出实验结果;

[0241] 5、血清抗 HBc 检测 LiCA 实验复合 HB 双向剂量反应曲线图像分析法分析系统模拟见图 4 所示。

[0242] (四) 实验结果

[0243] 1、时间依赖性多时点分析方法建立的光激发化学发光(以下简称多时点 LICA)检测血清中抗 HBc 的复合 HB 双向剂量反应曲线分析体系的图像法显示见图 4。

[0244] 2、几项主要的分析数据

[0245] 表 6 血清抗 HBc 检测先 BA 结合型多时点 LiCA 实验结果分析中间数据

[0246]

参数名称	位置与意义	确认方式	Y (光子数) / x (ng/ml)
阈值(Y)	阴性结果判断标准	阴性测值 $\times 2.1^*$	1843.8/设定阴性上限
P1 (S1 曲线顶点)	S1 曲线中轴与该曲线交点	人工智能软件确认	1120735/207.9
P2 (S2 曲线顶点)	S2 曲线中轴与该曲线交点	人工智能软件确认	1259357/239.3
A1 点	辅助线 M 与 S1 曲线交点	人工智能软件判读	1096931/223.2
A2 点	辅助线 M 与 S2 曲线交点	人工智能软件判读	1233389/223.2
Q 点#	辅助线 M 与 SI 曲线交点	人工智能软件判读	889364/223.2
类 Hook 效应界点	S1 曲线, 最高参比点值	人工智能软件判读	10937/240.000

[0247] * :表中阈值的计算方法系根据既往文献习惯沿用 (空白孔信号均值 $\times 2.1$), 亦可采用其它方式。

[0248] 3、当次实验参比实验数据 (多时点 LiCA 参照品设定实验举例)

[0249] 表 7 简易后 BA 结合 LiCA 血清抗 HBc 检测标准曲线依托数据

[0250]

设定浓度	S1	S2	SSI	设定理由
0	878	1028	854200	空白本底, 阈值计算
0.12	8631	8714	990000	低浓度, 敏感性评价
7.4	245261.0	254266.8	964581	左侧拐点控制
234.5	1096931.0	1233388.9	889364	围顶点监控
75000.0	229890	277861	827356	右侧拐点控制
24000.0	10937	13271.4	824113	提示类 Hook 效应

[0251] 4、回收实验结果

[0252] 表 8 血清抗 HBc 专利法 (简易后 BA 结合) LiCA 回收实验结果

[0253]

N	设定浓度*	S1	S2	SSI	回收浓度	回收率 (%)
1	0.0	878	1028	854085	N	N
2	0.1	5178.0	5228.0	990551	0.08	80.0
3	0.2	11934.0	12147.0	982465	0.19	95.0
4	0.5	19085.0	19038.0	1002458	0.39	78.0
5	0.9	36844.0	37105.2	992949	0.81	90.0
6	1.8	69120.0	70638.0	978510	1.74	96.7
7	3.7	132931.0	134482.2	988462	3.87	104.6
8	7.4	245261.0	254266.8	964581	7.91	106.9
9	14.7	430694.0	456290.4	943904	16.2	110.2
10	29.4	684486.0	738745.2	926552	31.2	106.1
11	58.7	939566.0	1028365.2	913650	55.8	95.1
12	117.3	1085608.0	1195255.2	908264	119.3	101.7
13	234.5	1096931.0	1233388.9	889364	216.7	92.4
14	469.0	1022083.0	1164957.6	877357	459.2	97.9
15	938	853764	997747.2	855692	953.4	101.6
16	1875	633601	744402.6	851584	1825.1	97.3
17	3750	399131	487993.2	817903	3675.5	98.0
18	7500	229890	277860.6	827356	7223.4	96.3
19	15000	122973	146256	840807	14792	98.2
20	30000	65713	78286.2	839399	27932	93.1
21	60000	36618	43443.6	842878	55693	92.8
22	120000	19262	22698.6	848575	107326	89.4
23	240000	10937	13271.4	824113	226049	94.2

[0254] * :抗 HBc 浓度, IU/ml

[0255] (五) 结论 :

[0256] 1、方法敏感性 :常规 LiCA 与多时点 LiCA 两法相同, < 0.10IU/ml ;

[0257] 2、特异性、稳定性与操作便捷性 :两法相同 ;

[0258] 3、定量范围 :

[0259] 常规 LiCA :0.1 ~ 200IU/ml ;

[0260] 专利方法 :0.1 ~ 100000IU/ml 或以上 ;

[0261] 4、Hooks 效应拮抗效果 (专利法与常规 LiCA 比较) :

[0262] 能十分显著地拓展定量分析范围,能基本上消弭 Hook 效应影响,并具备发现极为少见的类 Hook 效应现象能力。具体介绍与实施例 1 同。

[0263] 【实施例 3】血清 IgG 检测时间依赖性多时点絮状免疫凝集实验

[0264] 血清 IgG 检测时间依赖性多时点探测絮状免疫沉淀实验 (下称多时点检测絮状免疫沉淀实验)。与实施例 1、2 相比,实施例 3 存在如下主要区别,即该实施例所依托的实验技术 (免疫沉淀实验) 敏感性显著偏低,定量检测的相对范围亦明显偏窄;免疫复合物结构状态对实验结果的影响通常较大,其实验信号强度的依时性变化特征亦较前两者显著。但这些并不影响对实验结果的定量分析;人 IgG 在血清中表达基数高,浓度变动范围相对较窄,采用专利方法进行检测,对实验结果的分析无须采用整个的 HB 双向剂量反应曲线;因

此,该实施例所达成的目标仅在于采用此种经济简便的实验指标论证本专利方法在絮状免疫沉淀实验,免疫凝集实验及其协同免疫凝集实验等方法中应用的可行性,同时为血清免疫沉淀等实验技术的发展(如采用同一稀释度标本同步检测血清 IgG、IgA 及 IgM,以及采用同一试验方法对浓度差别悬殊的血清与多种体液标本做同步检测等)提供新的技术方向。

[0265] (一) 实验材料

[0266] 1、仪器与耗材

[0267] 1) 实验仪器 :HITACHI 7170A 自动生化分析仪,日本 Hitachi 公司制造 ;

[0268] 2) 人工智能数据处理系统 :自制软件处理系统,后台处理路径参见实施 1 ;

[0269] 2、试剂

[0270] 1) 血清 IgG 检测免疫比浊法测定试剂盒 :上海玉兰生化试剂研究所生产 ;

[0271] 试剂 1 :R1. 抗人 IgG 溶液 ;

[0272] 试剂 2 :R2. 稀释剂 ;

[0273] 2) 参比标准品

[0274] 标准参比品 :常规标准血清。同上试剂盒随带,共 6 份 ;Ig 浓度分别为 :0.00g/L、0.20g/L、2.60g/L、4.00g/L、16.00g/L、64.0g/L ;

[0275] 3) 自制参比品

[0276] 参比品原料(人 IgG) :自健康人血清中纯化,BSA 参比光谱吸收法定量,经标定并调整其浓度为 128.00mg/ml (128g/L)。取此纯化物以同上市售试剂随带的稀释液稀释,适量分装,-20℃冻存。所构建参比系列的浓度范围为 :

[0277] 参比实验品 :0.00g/L、2.00g/L、4.00g/L、16.00g/L、64.0g/L、256g/L

[0278] 回收实验样品 :具体浓度见表 9 ;

[0279] 4) 检测标本 :血清(及血浆等)。

[0280] (二) 实验步骤

[0281] 1、实验准备 :取出所有试剂与标本,恢复至室温,按需调整至对应浓度 ;

[0282] 2、实验操作

[0283] 1) 将实验试剂(R1 及 R2)与实验标本按操作说明放置在仪器的相应部位,启动仪器,依标本类别及管序(单管法)设定并逐次执行实验操作 ;

[0284] 2) 于仪器设定的第 20(T1,6min)及第 33(T2,10min)测点进行实验信号检测(450nm 波长比色),并将所采集的实验信号输入为该法编制的复合 HB 双向剂量反应曲线分析系统 ;

[0285] 3) 根据检测序号依次处理实验标本,并按指令报道实验结果 ;

[0286] 4) 常规絮状免疫沉淀实验血清 IgG 检测严格按试剂说明进行(图 5)。

[0287] (三) 实验结果分析路径

[0288] 1、根据参比血清实验数据调取并修正分析系统储存信息,形成当次使用的复合 HB 双向剂量分析图像系统 ;

[0289] 2、向人工智能数据处理系统内输入 T1(第 20 测点)及 T2(第 33 测点)两时点检测数据 S1 及 S2,计算出受检标本的 SSDI 值 ;

[0290] 3、按照实施例 1 的方法修正实验分析体系,并确认实验体系中的相关界点数据(阈值, A1, A2 及 Q 点等) ;

[0291] 4、参照实施例 1 的分析方式对实验结果进行靶物质浓度的定量分析,并按指令输出实验结果;

[0292] 5、血清 IgG 检测絮状免疫沉淀实验复合 HB 双向剂量反应曲线图像分析法分析系统显示见图 6。

[0293] (四) 实验结果

[0294] 1、标准曲线及标准参比品的靶物质浓度

[0295] 采用专利与常规试验方法对同一套系列稀释的标准参比品进行检测,将其输入专项分析系统,并形成当次使用的复合 HB 双向剂量反应曲线定量分析系统。结果见表 9、表 11、图 5 及图 6。

[0296] 表 9 血清人 IgG 时间依赖性多时点絮状免疫沉淀实验参比标准品检测结果

[0297]

设定浓度 (g/L)	S1	S2	SSDI
0	370	397	9320
2.0	828	900	9698
4.0	1478	1524	9698
16.0	4424	4624	9530
64.0	11000	12300	8943*
256.0	11740	14860	7900

[0298] *:常规法定量限定值的 SSDI,大于此值者为可定量测值标本。

[0299] 2、几项重要的中间数据

[0300] 本实施例检测所获取的用于定量分析的几项重要的中间数据,见表 10。

[0301] 表 10 血清人 IgG 时间依赖性多时点絮状免疫沉淀检测的几项中间实验数据 *

[0302]

界点名称	实验信号 (y)	靶物质浓度 (g/L)	用途
阈值	777	0.0	界定阴阳性
Q	8495	156.3	界定分析区段
A1	13270	156.3	界定具体查读区段
A2	15620	156.3	界定具体查读区段

[0303] *:供当次实验结果的判定及查读实验结果

[0304] 3、专利法检测回收实验结果

[0305] 采用多时点检测絮状免疫凝集实验对一组已知浓度的系列稀释参比品进行检测,并以人工智能系统对检测结果进行分析。实验结果(三孔均值)见表 11。在实验性小样本检测条件下,其回收率介于 90.9% ---105%之间。

[0306] 表 11 血清人 IgG 检测时间依赖性多时点絮状免疫沉淀实验检测结果

[0307]

浓度 (g/L)	S1	S2	SSI	回收浓度	回收率 (%)
0.0	370	395	9320	0.0	N
2.0	828	900	9200	2.1	105
4.0	1478	1524	9698	3.9	97.5
8.0	2746	2813	9762	7.9	98.8
16.0	4424	4642	9530	16.5	103.1
32.0	7231	7800	9270	33.2	103.8
64.0	11000	12300	8943	63.1	98.6
128.0#	13265	15410	8608	116.4	90.9
256.0#	11740	14860	7900	241.2	94.2
512.0#	7824	10600	7381	503.1	98.3

[0308] 注:SSDI 计算公式为 $(S1/S2)*100*100$;回收率 = (回收浓度 / 设定浓度) × 100;

[0309] 结果计算公式: $Y=f(x) = a \times \exp(-(\frac{x-b}{c})^2)$, 计算方法同前 2 项实施例。

[0310] 4、采用专利法及其常规絮状免疫实验(以 64g/L 浓度为设定浓度分析上限)对一组临床标本进行对比检测。实验结果见表 12。两法检测结果之间未表现出显著的差异 $P>0.05$ 。由于本项对比检测采用临床检测样品偏少,仅 1 例标本测值稍高出常规定量分析限值范围。

[0311] 表 12 人血清 IgG 多时点絮状凝集实验测检及其与常规检测的比较

[0312]

实验方法	检测例数	均值标准差	两者比较 (P)
常规免疫凝集	33*	37.9	>0.05
专利法免疫凝集	34	39.3	

[0313] *:Hook 效应 1 例,未计入统计。

[0314] (五) 结论:

[0315] 1) 方法敏感性:两法相同, < 100.0mg/L;

[0316] 2) 定量范围:

[0317] 常规絮状凝集:1.0---64g/L;

[0318] 专利法 LiCA:1.0---300g/L 或以上。

[0319] 两者比较:专利法较常规法拓展 10 ~ 100 倍(受标本中靶物质浓度限值影响)。

[0320] 3)Hooks 效应拮抗效果(专利法与常规 LiCA 比较):

[0321] ①能显著拓展定量检测范围;

[0322] ②发现常规实验检测中的 Hook 效应影响标本;

[0323] ③能消弭 Hook 效应。

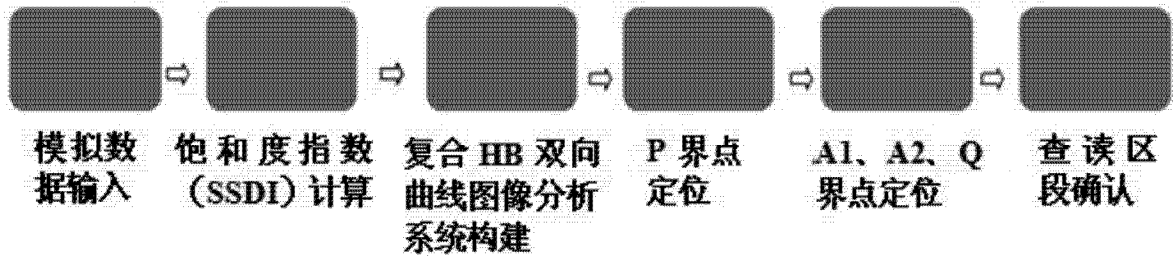


图 1

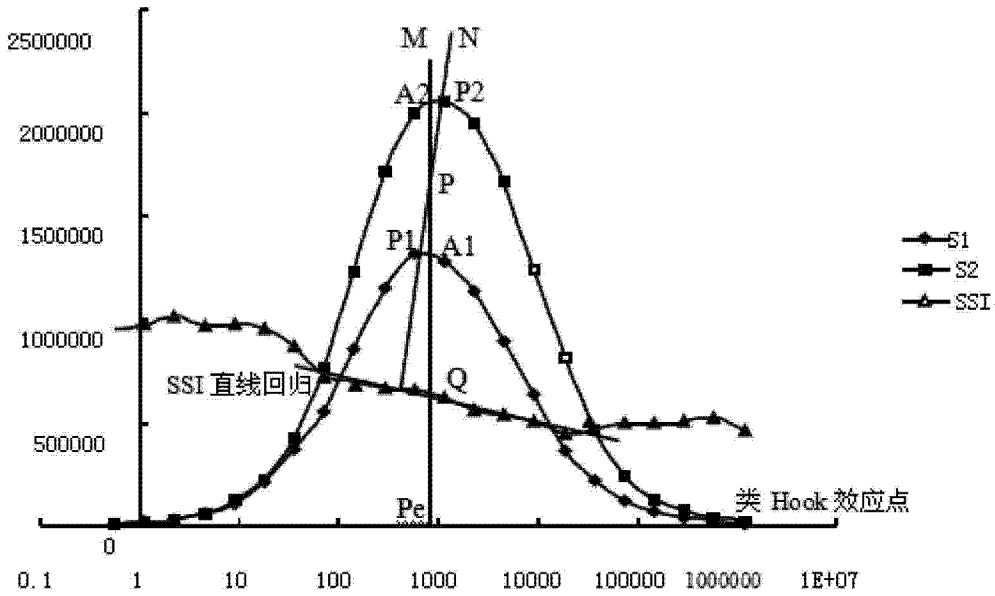


图 2

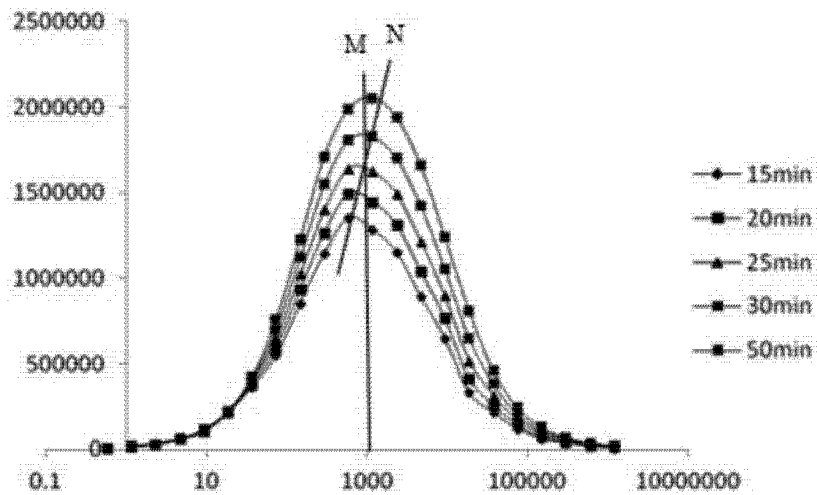


图 3

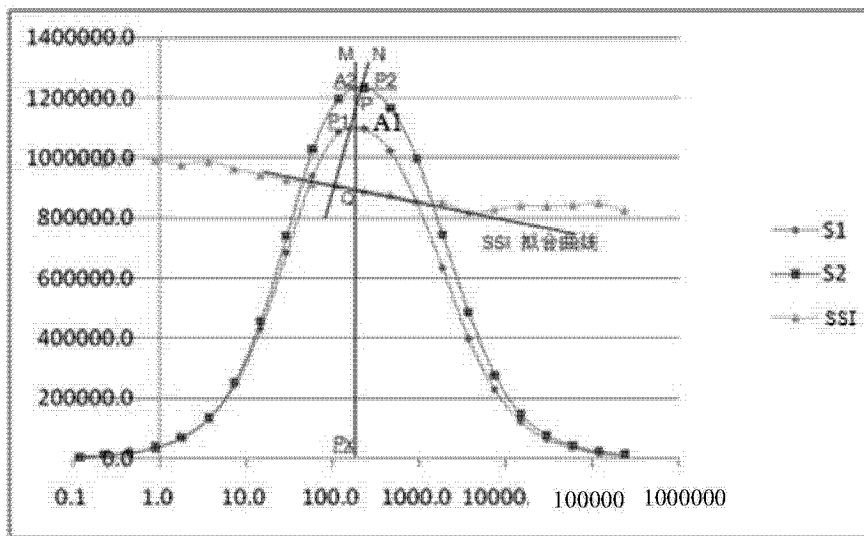


图 4

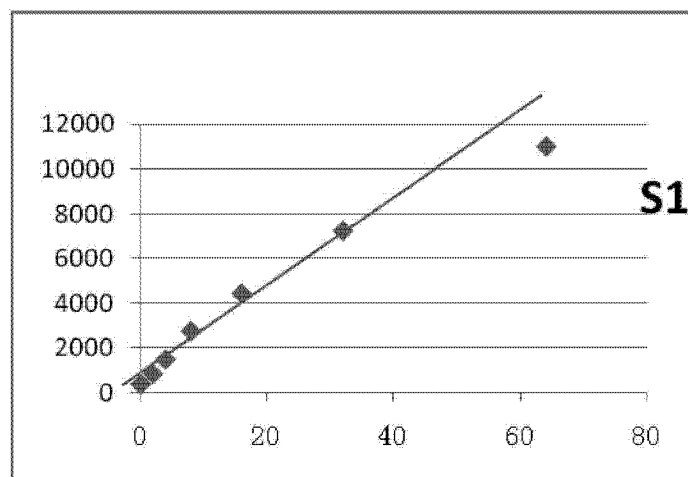


图 5

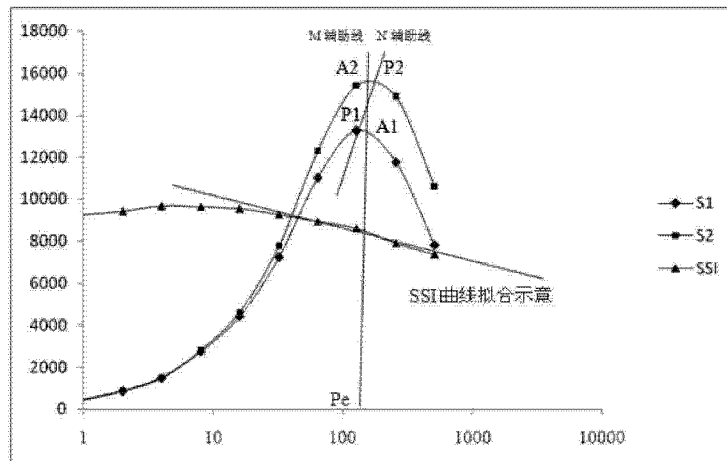


图 6

专利名称(译)	一种血清学检测与定量分析的方法		
公开(公告)号	CN104991056A	公开(公告)日	2015-10-21
申请号	CN201510473549.7	申请日	2015-08-05
[标]申请(专利权)人(译)	武汉林勉生物技术有限公司		
申请(专利权)人(译)	武汉林勉生物技术有限公司		
当前申请(专利权)人(译)	武汉林勉生物技术有限公司		
[标]发明人	李方和 李时君 刘汉华		
发明人	李方和 李时君 刘汉华		
IPC分类号	G01N33/53		
CPC分类号	G01N33/53		
其他公开文献	CN104991056B		
外部链接	Espacenet SIPO		

摘要(译)

本发明涉及一种血清学检测定量分析方法。在半对数坐标图像上，以X轴为靶物质浓度的对数值，Y轴为信号强度及信号饱和度指数，根据T1、T2时点测得系列参比标准品实验信号S1、S2及SSDI绘制S1、S2 HB双向剂量反应曲线及SSI曲线；采用拟合法确证HB双向曲线中函数x与y以及SSDI的关系；确定函数图像分析的界点A1、A2及Q，构成复合HB双向剂量反应曲线图像分析体系；根据被分析标本所测得的实验信号Y，及SSDI值与Q值比较的结果，在相应的曲线区段进行函数x的查读，将查读的对数结果转化为实际检测浓度并报道实验结果。所建立的实验方法能拮抗浓度依赖性Hook效应干扰，并能极大拓宽靶物质定量检测范围。

