

• 个案与短篇 •

读点前移设置在西门子 ADVIA2400 全自动生化分析仪上的应用

陈 彬,许永志,陈燕红,王少容,冯嘉莉

(解放军第一七五医院厦门大学附属东南医院,福建漳州 363000)

DOI:10.3969/j.issn.1673-4130.2015.16.077

文献标识码:C

文章编号:1673-4130(2015)16-2455-01

酶类的检测过程中,一般采用速率法,即连续监测法,其原理是连续测定酶反应过程中某一反应产物或底物的浓度随时间变化的多点数据,求出酶反应初速度,间接计算酶活性浓度^[1]。在西门子 ADVIA2400 全自动生化分析仪中,每一个测试的反应时间为 10 min,每隔 14 s 读取一次吸光度,在反应曲线中记录为一个点,每个反应过程一共有 41 个点,而连续监测法中,一般根据读取的第 28 点到第 33 点之间的连续吸光度变化,即线性反应区吸光度变化值 ΔA ,计算每分钟吸光度的变化值($\Delta A/\text{min}$),从而算出酶活性浓度 $U/L = \Delta A/\text{min} \times V \times 106\epsilon \times v \times L$,式中, V-反应体积(mL)、 ϵ -摩尔吸光系数($\text{cm}^2 \cdot \text{mol}^{-1}$)、v-样品量(mL)、L-比色杯光径(cm)。

但是在实际工作中,部分标本酶类检测活性过高,过早使反应体系中的底物耗尽,导致在第 28 到 33 的读点区未检测出正确的吸光度变化值,使检测结果不正确^[2-3]。以丙氨酸氨基转移酶(ALT)活性检测为例,见图 1,在测定中由于 ALT 活性过高,在 28 读点区之前已将底物全部耗尽,反应已经结束,此时在第 28 到 33 的读点区已处于反应曲线非线性区,曲线趋于水平,读取的吸光度变化值($\Delta A/\text{min}$)偏小,甚至为 0,根据现在的 ΔA 计算起的 ALT 活性值将远远低于实际结果。此时,可以通过西门子 ADVIA2400 全自动生化分析仪的参数设置,来纠正此类错误,见图 2。

0.35 时,整个酶促反应体系中的底物已经耗尽,系统将自动将读点区前移至第 23 点,在线性区内读取高于 0.35 的连续数点的吸光度值,从而计算出正确的 ΔA 。

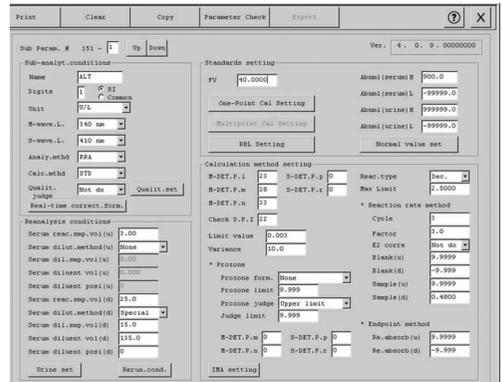


图 3 西门子 ADVIA2400 ALT 参数设置

此外,在连续监测法测定酶活性的反应中,由于酶活性过高,底物在短时间内迅速消耗,整个反应曲线的线性区缩短,读点前移后可能使读取的吸光度数据减少,计算出的每分钟吸光度的变化值($\Delta A/\text{min}$)与实际酶促反应曲线整个线性区的斜率存在差异。同时,酶活性过高也会使检测结果超出线性范围,使检测结果不准确^[4-5]。因此,还需要通过参数设置窗口里:(1)Abnml (Serum) H 或 Abnml (Urine) H 项设定项目的血清或尿液的检测上限的值;(2)Reanalysis conditions 项中 Serum dilute, method(d)、Serum dil. samp. vol(d)、Serum diluent vol(d)分别设定稀释方法、标本加入量、稀释液加入量,从而确定稀释比例。当检测结果高于线性范围的上限时,仪器将自动对稀释盘中保留的标本稀释复查,检测出准确的结果。

在日常工作中,通过对西门子 ADVIA2400 全自动生化分析仪酶检测项目参数设置,以读点前移设置和自动稀释复查功能相结合,就可以准确得到高活性的酶的检测结果,有效避免检验结果差错的发生,更好地服务于临床及患者。

参考文献

- [1] 周新,涂植光. 临床生物化学和生物化学检验[M]. 3 版. 北京:人民卫生出版社,2003:148.
- [2] 冢家微,张启全,成松. 全自动生化分析仪 ALT 底物耗尽现象的发现和解决[J]. 国际检验医学杂志,2011,32(14):1623-1624.
- [3] 谭丽芳,肖建美,肖拥军. 30 例 ALT 严重底物耗尽现象的探讨[J]. 实用医技杂志,2008,15(20):2633-2634.
- [4] 谢永富,孙宏勋. 临床生化检测线性范围的应用及临床意义[J]. 河北医药,2008,30(1):79-80.
- [5] 冯海螺,毕晓云,吴志东. 血清酶检测线性评价研究[J]. 湖北民族学院学报:医学版,2007,24(2):59-60.

(收稿日期:2015-04-19)

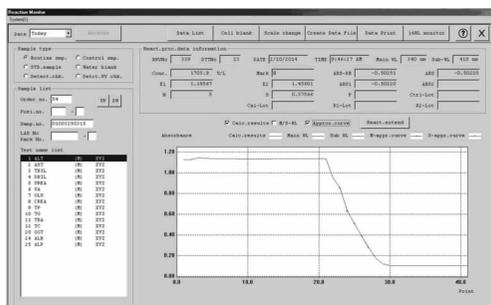


图 1 底物耗尽时反应曲线图

No.	Main WL	Sub-WL	Calc. WL	No.	Main WL	Sub-WL	Calc. WL
1	1.48078	0.32537	1.12533	15	1.48078	0.32537	1.12533
2	1.48078	0.32537	1.12533	16	1.48078	0.32537	1.12533
3	1.48078	0.32537	1.12533	17	1.48078	0.32537	1.12533
4	1.48078	0.32537	1.12533	18	1.48078	0.32537	1.12533
5	1.48078	0.32537	1.12533	19	1.48078	0.32537	1.12533
6	1.48078	0.32537	1.12533	20	1.48078	0.32537	1.12533
7	1.48078	0.32537	1.12533	21	1.48078	0.32537	1.12533
8	1.48078	0.32537	1.12533	22	1.48078	0.32537	1.12533
9	1.48078	0.32537	1.12533	23	1.48078	0.32537	1.12533
10	1.48078	0.32537	1.12533	24	1.48078	0.32537	1.12533
11	1.48078	0.32537	1.12533	25	1.48078	0.32537	1.12533
12	1.48078	0.32537	1.12533	26	1.48078	0.32537	1.12533
13	1.48078	0.32537	1.12533	27	1.48078	0.32537	1.12533
14	1.48078	0.32537	1.12533	28	1.48078	0.32537	1.12533
15	1.48078	0.32537	1.12533	29	1.48078	0.32537	1.12533
16	1.48078	0.32537	1.12533	30	1.48078	0.32537	1.12533
17	1.48078	0.32537	1.12533	31	1.48078	0.32537	1.12533
18	1.48078	0.32537	1.12533	32	1.48078	0.32537	1.12533
19	1.48078	0.32537	1.12533	33	1.48078	0.32537	1.12533
20	1.48078	0.32537	1.12533	34	1.48078	0.32537	1.12533
21	1.48078	0.32537	1.12533	35	1.48078	0.32537	1.12533
22	1.48078	0.32537	1.12533	36	1.48078	0.32537	1.12533
23	1.48078	0.32537	1.12533	37	1.48078	0.32537	1.12533
24	1.48078	0.32537	1.12533	38	1.48078	0.32537	1.12533
25	1.48078	0.32537	1.12533	39	1.48078	0.32537	1.12533
26	1.48078	0.32537	1.12533	40	1.48078	0.32537	1.12533
27	1.48078	0.32537	1.12533	41	1.48078	0.32537	1.12533

图 2 Data List 窗口

“Data List”窗口内的数值包含了整个反应过程中 41 个点主副波长的吸光度值,在第 29 点之后主波长吸光度值(Main WL)已经没有明显变化,此时酶促底物反应已结束,酶反应曲线已进入非线性区阶段,不能通过 28 到 33 的读点区吸光度变化值来计算出正确的酶活性。见图 3,在 ALT 的参数设置窗口,在 M-DET. P.1 项设定为 23, sample(d) 项根据“Data List”窗口查询到底物耗尽时的主波长吸光度值,设定为 0.35,当某一标本 ALT 项目在读点区范围内出现主波长吸光度值低于