

HIV-IMT试剂条带

分析条带：

一：条带有4种类型：强阳性对照1个，弱阳性对照1个，阴性对照1个，样品条带（待检测样品，每次实验根据样本数有1到多个）；

二：条带上灰黑色显示点有特定意义，需要每个条带提取到每个对应位置的灰黑色点的有无来进行判断。

三：判定规则

1. 每个条带质控点必须有，没有输出：该条带“检测失效”。

2. 强阳性，弱阳性，阴性对照质控点必须要有，每次有哪些灰黑色点必须要有；强阳性对照必须有相应位置的10的点，不能少；弱阳性对照必须有相应位置的3点（质控带，P24，HIV-2条带）；阴性对照1点，除了质控点，其他点不能有，不能多。

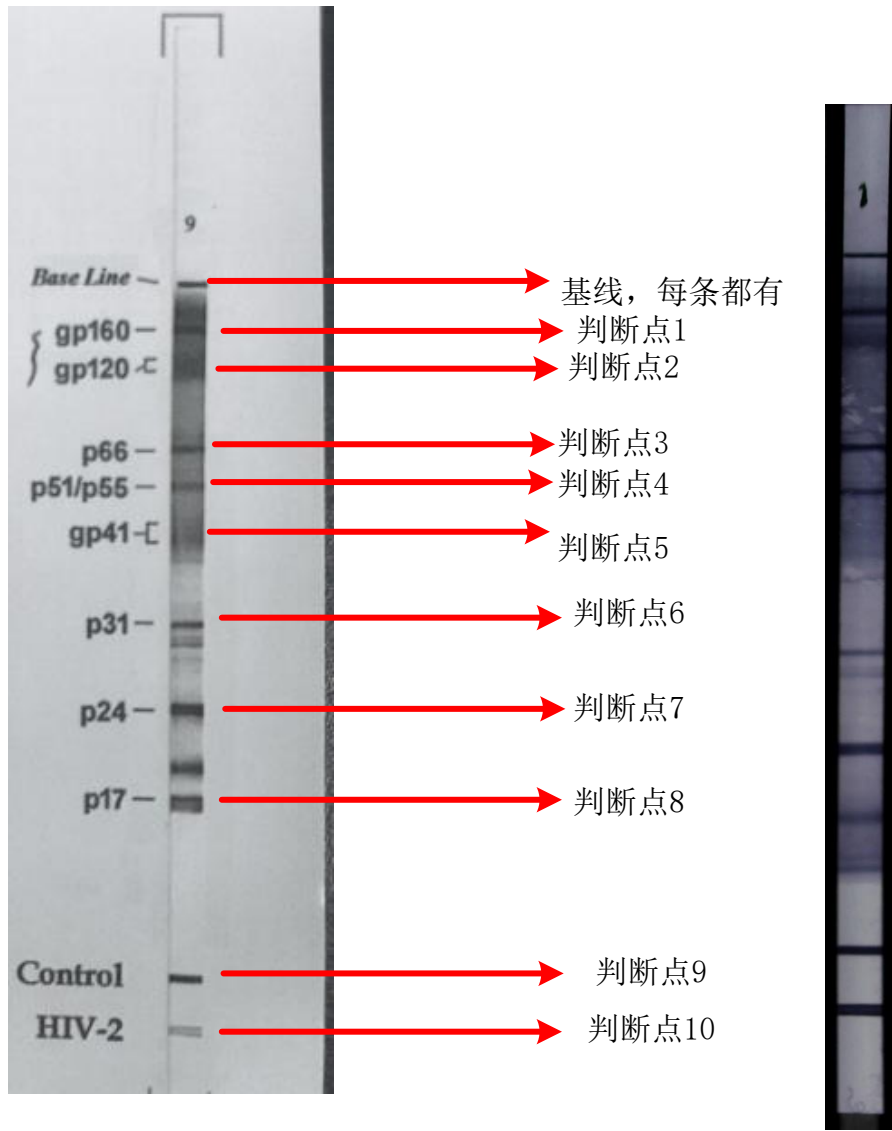
3. 样品条带中质控点必须有，如没有，则提示“检测失效”；其他位置与强阳性，弱阳性对照带的相应位置比较，如有，则标记+，如果没有，则标记-。

4. 主要抓取P24， GP41， GP120， GP160 4个点判定。

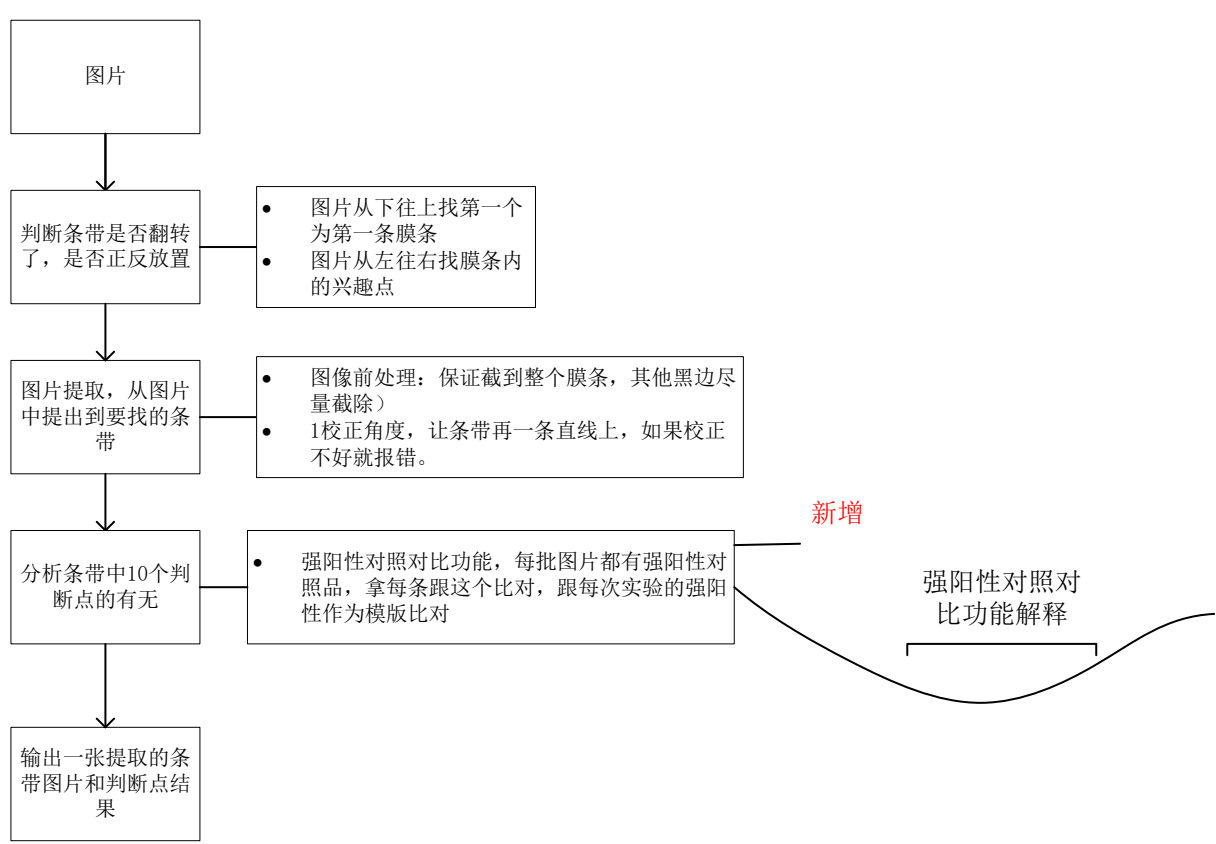
5. 依据试剂厂说明书的判定规则判定，样品条带出现哪些+，则为HIV阴性，阳性，不确定。

HIV-IMT标准条带判断点：（共10个点，还有1个基线点，其他都为没用 的杂点）

HIV-IMT实际条带判断点，跟标准条带相同



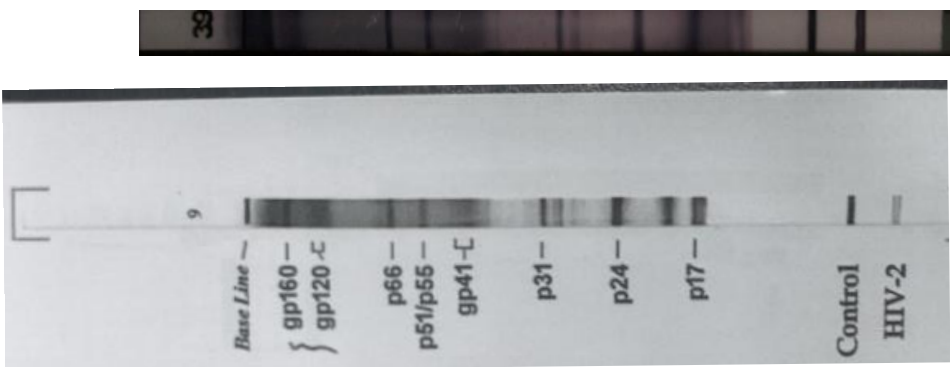
HIV-IMT判断流程图



第一：图片名为PC的是强阳性对照，如图

第二：这个质条一定有10个全的判断点，并且像素点位置基本不变

第三：其他质条跟这个PC质条的判断点的像素位置比较，确定有无



输出

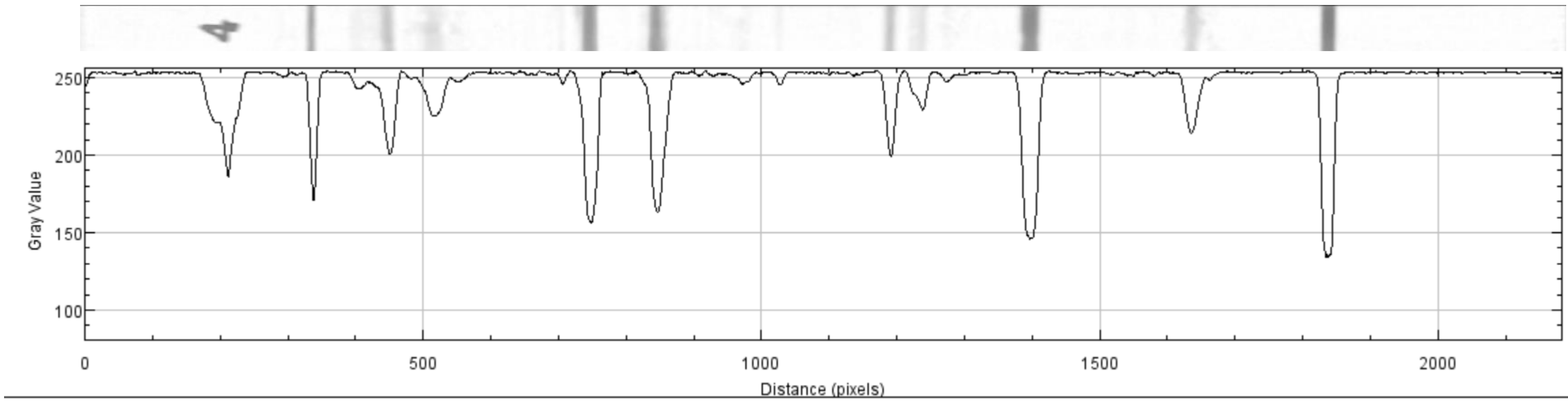
- 文件名为output的txt文件
  - 文件夹名为Resting的文件夹
  - 文件夹名为OriginalBlot的文件夹
  - 文件夹名为handleBlot的文件夹
- 新增
- 加了分析波形的条带图片
  - 判断点离起始点的像素距离值，用txt文件存，文件名为：判断点距离
  - 加了分析波形的条带图片，图片经过了处理
  - 判断点离起始点的像素距离值，用txt文件存，文件名为：判断点距离

HIV-IMT输出新增解释

截出来的原始图片

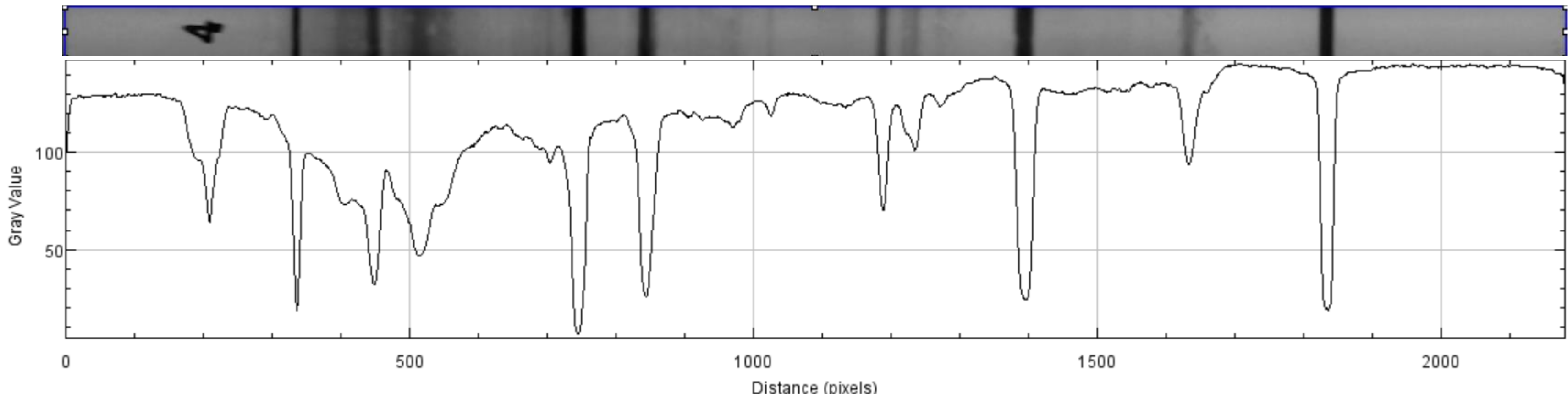


加了分析波形的图片，图片经过了处理过滤了杂痕，方便用户查看



分析波形，横坐标为像素点距离值，纵坐标为灰度值

加了分析波形的原始图片



判断点离起始点的像素距离值



Baseline;gp160;gp120;p66;p51/P55;gp41;p31;p24;p17;control;HIV-2;//表示判断点名称  
325; 438; 511; 736; 829; .....//表示判断点距离起始点的像素值