

病毒核酸检测的 高效分组方案设计与优化

■长沙市中雅培粹学校 杜承泽

在新冠肺炎疫情防控期间,利用荧光 RT-PCR 核酸检测以确诊病例并立刻进行进 一步治疗至关重要。

核酸检测确诊一般需要几个小时,检测方案的效率直接关系到确诊时间,也是疫情发展时收治确诊病人人院的瓶颈环节。因此,寻找高效的检测方案或优化现有方案,急迫且重要。

一、模型假设

- 1. 检测试剂的判断正确率为 100%。
- 2. 检测试剂可以正确检测出混合血液, 均为阴性时显现阴性特性,否则显示阳性。 实际上,目前医院单次核酸检测准确率并 非 100%,因此,需要两次确认才能确诊。 但这个过程对本文分组方案研究没有本质影 响,因此做本模型假设是合理的。
- 3. 由于核酸检测的原理是先提取核酸, 然后进行复制扩殖到一定数量再检测。因此, 检测试剂所需血液较少,可将抽出的血液分 成两份、四份或多份,不影响最终检测结果。

采用逐一检测法,即将所有待检样本与

试剂逐一混合检验,检测结果即为此样本结果,检测次数等于感染总人数。这也是目前 医院采用的常规检测方案。

二、二人分组法

在需要病毒核酸检测确诊概率较低的疾病时,可采用比逐一检测法效率更高的检测方法。我提出了一种二人分组法检测。

- 1. 方法概述
- (1)将所有待检样本每2份分1组,每1份分成2小份。
- (2)首先将每份的第1小份混合。如果检测结果是阴性,那么2人均为阴性。
- (3) 否则,检测第1份的第2小份。如果检测结果是阴性,那么第1人为阴性,第2人为阳性。
- (4)否则,第1人为阳性。检测第2份的第2小份。
 - (5)检测结果即为第二人的患病情况。

为方便表述,检测结果以"0"代表阴性,"1"表示阳性。例如"00"表示1号、2号样本均为阴性。





图 1 二人分组法流程图

2. 分类讨论

经过分析, 二人分组法检测情况与检测次数关系如表 1。

从表中可以看出,如果一 组内同为阴性的数量不够多, 或确诊概率较高,那么不宜运 用本方法。

3. 检测次数与确诊概率、

表 1 二人分组法检测情况与检测次数的关系 第 1 份样本 第 2 份样本 检测次数

第 1 份样本	第 2 份样本	检测次数
阴性	阴性	1
阴性	阳性	2
阳性	阴性	3
阳性	阳性	3

人数的关系

利用 C++ 编写程序,根据表 1 模拟 100 次,表中检测次数取 100 次平均值,得到表 2。

检测次数 人数 给定确诊概率	100	200	300	400	500	600	700	800	900	1 000
10%	64.9	127.8	194.1	257.3	321.0	386.5	451.5	517.4	581.0	645.5
20%	77.7	155.6	234.6	310.6	390.0	466.6	547.3	625.2	698.0	781.4
30%	90.5	179.7	269.7	363.4	451.2	540.4	631.7	726.5	815.1	905.0
38.1%	100.0	199.7	300.2	398.8	498.2	601.7	701.2	796.6	898.6	998.2
40%	103.4	202.7	304.5	409.5	510.1	611.1	715.9	816.9	919.6	1 020.5
50%	113.1	226.5	337.1	450.5	563.8	672.4	787.5	899.5	1 010.2	1 130.2

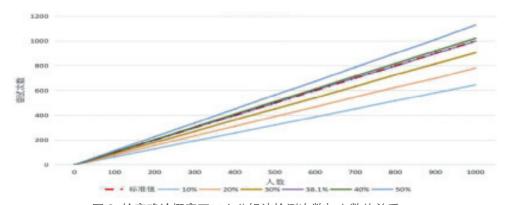


图 2 给定确诊概率下二人分组法检测次数与人数的关系

研究性学习

图 2 是根据表 2 绘制得出。图中"标准值"指运用逐一检测法的检测次数。从图中可以看出,在确诊概率一定时,检测次数与样本数正相关;当确诊概率大约在 38.1% 以下时,使用二人分组法更优。

根据国家卫生健康委员会官方通报的数据,可粗略计算1月26日确诊率p:

$$p \approx \frac{$$
 当日新增确诊病例 $}{$ 当日新增确诊病例 $+$ 当日新增疑似病例 $= \frac{769}{769 + 3806} \approx 16.81\%$

据此数据,当日新冠病毒检测可考虑使 用二人分组法。然而,多日来确诊概率并不 稳定,也有超过 40% 的情况。

三、四人分组法

在二人分组法的基础上设四人分组法,

预计可应用在确诊概率更低的环境中。

1. 方法概述

每4份待测样本为1组,每份样本分为3小份。将第1小份血液混合检测。如果检测结果为阴性,则4人均为阴性。否则,将4份样本平均分成2小组,具体操作方法参见二人分组法。基于此,编写相应C++程序进行模拟。

2. 与二人分组法的关系

当 4 份样本全为阴性时,每组只需检测 1 次;否则,每组比二人分组法多检测 1 次。

3. 四种方法检测次数与确诊概率的关系 在对四种方法、1000人、100次的模 拟中,得到如表 3的数据。检测次数取100 次的平均值。

表 3 给定确诊概率下千人、四种方法的检测次数对比

检测 检测方法					
检测次数	逐一检测法	二人分组法	四人分组法	八人分组法	
给定确诊概率					
0%	1 000	500	250	125	
5%	1 000	575.44	392.88	314.70	
10%	1 000	645.97	527.87	488.18	
15%	1 000	712.82	651.14	651.17	
20%	1 000	779.94	769.37	790.32	
25%	1 000	843.01	870.80	923.92	
30%	1 000	906.10	975.39	1 034.54	
35%	1 000	963.97	1 063.82	1 144.92	
38.1%	1 000	998.21	×		
40%	1 000	1 020.19	1 144.15	1 247.02	
45%	1 000	1 075.61	1 222.2	1 322.80	
50%	1 000	1 126.70	1 298.66	1 410.54	
55%	1 000	1 174.19	1 362.49	1 476.99	
60%	1 000	1 220.94	1 425.18	1 542.67	
65%	1 000	1 260.95	1 478.75	1 599.16	
70%	1 000	1 305.80	1 529.94	1 651.40	
75%	1 000	1 343.64	1 578.88	1 702.20	
80%	1 000	1 382.49	1 620.44	1 742.28	
85%	1 000	1 411.85	1 658.59	1 784.13	
90%	1 000	1 445.29	1 692.39	1 817.38	
95%	1 000	1 473.86	1 724.87	1 848.51	
100%	1 000	1 500	1 750	1 875	

如果试剂足量,允许对密切接触者进行 测试,确诊率可能较低,可考虑不使用逐一 检测法。

从表 3 中可以看出, 当确诊概率低于 38.1% 时,可以选用二人分组法。

当社区出现确诊病例,需要对社区所有与确诊病例密切接触的居民进行检测时,一般确诊率较低,可考虑选用此类方法以节约时间和材料。根据表3中的数据绘制出图3。

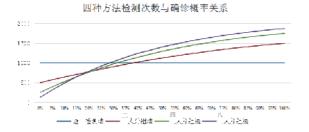


图 3 给定确诊概率下千人、四种方法的检测次数对比

4. 函数曲线拟合

利用 Excel 表格工具对上图曲线(1000人)进行拟合。"尝试次数"用n表示,确诊概率用p表示。检测次数拟合结果示意图如图 4。

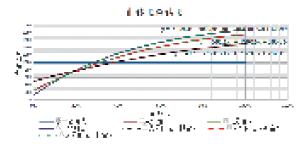


图 4 给定确诊概率下千人、四种方法的检测次数的函数拟合结果

根据拟合结果,二人分组法的拟合曲线 满足 $n=-501.1p^2+1$ 500.6p+500.36,四人分组 法满足 $n=492.53p^3-1$ 921 p^2+2 929.6p+252.19, 八人分组法满足 $n=-511.93p^4+2053.1p^3-3811.9p^2+4022.2p+123.99$ 。

按照拟合结果对结论进行修正,当确诊率高于38.1583%时,考虑使用逐一检测法。

5. 关于多人分组法的构想

基于此构思,可以设想八人分组法、 十六人分组法等,与二人分组法、四人分组 法相似。依照之前的经验与规律,确诊概率 越低,分组的检测样本就可以越多。

此外,每组的样本数每增加1倍,全部为阴性时,只需检测1次,大大节省时间。 一旦存在阳性患者,则每组样本数每增加1倍,需要的检测次数就增加1次。

此外,我发现,k (k=2",n 是自然数) 人分组法中,最少(0%)的检测次数是 $\frac{N}{k}$,最多(100%)是 $N \times \frac{2k-1}{k}$ (N是总人数)。

四、结论

与医院当前使用的逐一检验法相比,本 文提出了二人分组法和四人分组法,并通过编 程实现,分析了在不同确诊概率下,二人分组 法、四人分组法与逐一检测法的优劣,找出不 同方案选取的临界参数值,并进行方案推荐。

随着确诊概率的变化,选用不同的检测方案有更好的适应性。具体而言,在确诊概率一定时,检测次数与样本数正相关;当确诊概率高于38.2%时,逐一检测法更优。当确诊概率在21.7%~38.2%之间时,使用二人分组法检测更优。当确诊概率在21.7%以下时,可以考虑选择四人分组法检测。

除应用于大范围检测外,本方法在不同 类型病毒核酸检测(如环境污染病毒核酸检 测)等低概率检测场合下有很好的应用效果。 (指导老师: 张 梨 梁 硕)