

WS

中华人民共和国卫生行业标准

WS/T 356—2024
代替 WS/T 356—2011

参考物质互换性评估指南

Guideline for evaluation of commutability of reference materials

2024 - 05 - 09 发布

2024 - 11 - 01 实施

目 次

前 言	II
1 范围	1
2 规范性引用文件	1
3 术语和定义	1
4 评估原理	2
5 实验材料	2
6 测量程序	3
7 评价方法	3
8 数据分析	3
附 录 A (资料性) 数据分析-肌酐测定互换性-OLS 回归	9
附 录 B (资料性) 数据分析-肌酐两种测定方法互换性评估-Deming 回归	12
附 录 C (资料性) Deming 回归评价互换性的离群值判断方法	15
附 录 D (资料性) 数据分析-胆固醇两种测定方法互换性评估-IFCC 方法	16
参 考 文 献	22

前 言

本标准为您推荐性标准。

本标准替代WS/T 356—2011《基质效应与互通性评估指南》，与WS/T 356—2011相比，除结构性调整和编辑性改动外，本标准主要技术变化如下：

- 将互通性更改为互换性（见3.5，2011年版的2.3）；
- 更改了原标准中部分文字和公式表述中的不当之处（见8.3.2、8.4.4，2011年版的4.3.4）；
- 增加了Deming回归分析的内容（见8.4、附录B、附录C）；
- 增加了IFCC评估方案的内容（见附录D）。

本标准由国家卫生健康标准委员会临床检验标准专业委员会负责技术审查和技术咨询，由国家卫生健康委医疗管理服务指导中心负责协调性和格式审查，由国家卫生健康委员会医政司负责业务管理、法规司负责统筹管理。

本标准起草单位：北京医院/国家卫生健康委临床检验中心、广东省中医院、首都医科大学附属北京天坛医院、中国计量科学研究院、北京市医疗器械检验研究院、解放军总医院第七医学中心、山东大学齐鲁医院、广东省人民医院、贵州省人民医院。

本标准主要起草人：张传宝、周伟燕、黄宪章、张国军、武利庆、李胜民、刘杰、张义、侯铁英、聂瑛洁。

本标准于2011年首次发布，本次为第一次修订。

参考物质互换性评估指南

1 范围

本标准规定了临床检验参考物质互换性评价的实验设计和数据分析方法。

本标准适用于临床实验室、室间质量评价/能力验证组织者、标准物质生产者和体外诊断产品生产商在制备和使用参考物质过程中的互换性评价。

2 规范性引用文件

下列文件中的内容通过文中的规范性引用而构成本文件必不可少的条款。其中，注日期的引用文件，仅该日期对应的版本适用于本文件；不注日期的引用文件，其最新版本（包括所有的修改单）适用于本文件。

WS/T 408—2024 定量检验程序分析性能验证指南

GB/T 29791.1—2013 体外诊断医疗器械 制造商提供的信息（标示）第 1 部分：术语、定义和通用要求

3 术语和定义

下列术语和定义适用于本标准。

3.1

参考物质 reference material

一种或多种指定特性足够均匀和稳定，已被证明适合在测量过程中或名义特性检验中预期应用的物质。

注：预期应用包括校准、给其他物质定值或用做质量保证物质等。

[来源：GB/T 29791.1—2013，定义 3.58]

3.2

制备样品 processed samples

用于模拟实际临床样品的物质。

注1：如果对样品进行了任何加工处理，导致其不同于实际临床样品，如冷冻、冻干、添加非内源性物质或稳定剂，则视为制备样品。

注2：本标准中，是指除临床样品以外的经过加工处理步骤得到的参考物质，包括：有证标准物质、校准物、室间质评物、室内质控物等。

[来源：CLSI EP14-A3，1.4.2]

3.3

基质 matrix

一个物质系统中除待测物之外的所有成分。

3.4

基质效应 matrix effect

除待测物以外样品特性对按特定测量程序测定待测物及其量值的影响。

注：对于质谱分析技术，基质效应指样品中除待测物以外的其他成分对分析方法测量能力的干扰。

[来源：CLSI EP14-A3，1.4.2]

3.5

(参考物质的)互换性 commutability (of a reference material)

参考物质的属性,指按两种给定测量程序对此物质的指定量所获测量结果的关系与对其它指定物质所获测量结果关系的一致程度。

注1: 所述参考物质通常为校准物,其它指定物质通常是常规样品。

注2: 互换性,有时亦作互通性,均为“commutability”的中译文。

注3: 临床检验领域参考物质的互换性,通常指用不同测量程序测量该物质时,各测量程序测量结果之间的数字关系,与用这些测量程序测量实际临床样品时测量结果的数字关系的一致程度,即该物质理化性质与实际临床样品的接近程度。

[来源: GB/T 29791.1—2013, 补充定义和分析术语A.3.9]

3.6

计量学溯源性 metrological traceability

通过文件规定的不间断的校准链将测量结果与参照对象联系起来的特性,校准链中的每项校准均会引入测量不确定度。

[来源: ISO/IEC 指南 99:2007, 定义 2.4.1]

4 评估原理

在临床实验室常规测量中,待测物的检测信号与其活性或浓度等量值的关系常常受到外部条件(如温度或基质)的影响,因此不同测量程序测定结果之间的关系很大程度上依赖于所选择的待测样品的性质。由于临床检验分析的对象是临床样品,故在本标准中亦使用一批具有代表性的临床样品作为比对标准。

评估方式如下:用两种测量程序同时对选定的一系列具有代表性的临床样品和参考物质进行分析,利用两种测量程序得到临床样品的结果建立数学关系。参考物质测定的结果偏离这一数学关系的程度即反映其互换性。一般来说,参考物质与临床样品的性质差异越大,数据的偏离程度将越大,该物质的互换性越差。

测量程序的不精密度和非特异性会影响测量数据的离散程度,可以通过多次重复测定并采用均值进行分析的方式降低不精密度,从而减少随机误差对互换性结果判读的影响。参考物质在测量程序间具有互换性,是实现检测结果计量学溯源性的重要保证。

5 实验材料

5.1 参考物质

评价互换性的测量程序包含试剂、校准物和仪器等,应对其进行说明。实验过程中,所使用的试剂批号应一致。

评价的参考物质一般包括标准物质、校准物、室间质评样品等。如参考物质浓度较高,需对其进行稀释以得到合适浓度水平的样品,通过稀释制备得到的样品都应进行互换性评价。

5.2 临床样品

5.2.1 单人体临床样品

优先使用不同来源的单人体新鲜临床样品,单人体临床样品可来自健康人或患者,样品体积应满足所有测量程序分析的需要。

5.2.2 混合临床样品

由于部分临床样品来源有限,如新生儿或罕见病相关项目,在不能收集足够体积的单人体临床样品时,可选择混合临床样品,尽量避免使用过多单人体来源样品进行混合。

5.2.3 临床样品的添加

应尽量避免在临床样品中添加纯品待测物或其他添加剂，以避免影响样品的基质。实际操作中，在无法收集到高浓度的样品而必须进行添加时，应对添加过的样品进行标记，并说明这些样品对互换性结果判定可能造成的影响。

5.2.4 临床样品的浓度和数量

临床样品的浓度水平应均匀分布在测量程序测量区间内，并涵盖参考物质的浓度范围。应选择具有代表性的临床样品（如健康人和患者的样品），避免使用含有已知干扰物或交叉反应物质的样品。若明确冰冻样品不影响测定，亦可采用新鲜冰冻样品。

样品数量可根据测量程序的性能特征而有所不同，应 ≥ 20 个不同浓度水平的样品。

注：为便于实验，可根据实验批次计算样品份数，将实验样品分装后进行保存。

5.2.5 样品稳定性

需考察临床样品中被测量的稳定性，以满足实验要求；如样品需要冰冻储存，应避免反复冻融。

6 测量程序

测量程序应为与参考物质相关的程序，通常为参考物质定值程序或被校准/比对的程序。如：参考物质生产者在评价互换性时，应将此参考物质适用的临床常用测量程序同定值程序同时测定参考物质和临床样品，评价参考物质在常用程序上的互换性；EQA机构在评价EQA质评物的互换性时，应考虑临床上主流的测量程序，并对其进行互换性评价；临床实验室评价校准物或质控物在不同测量程序中是否可互换时，需对不同测量程序进行两两比对，评价参考物质的互换性。

用于互换性评价的测量程序应具备如下分析性能：

a) 足够精密，精密度不佳会带来较大的不确定度，影响互换性的评价；

b) 足够特异，使用特异性不足的测量程序可能会得到错误的互换性评价结果。若实验过程中使用了参考测量程序，则参考测量程序为参比程序，常规测量程序为实验程序；若不含参考测量程序，则将常规测量程序进行两两比较。

注：理想的参比程序应为无基质效应的参考测量程序或指定比对程序。在实际工作中也可选用常规测量程序作为参比程序，但是在这种情况下，比较难以判断基质效应是来自于参比程序拟或实验程序。

7 评价方法

7.1 分别使用实验程序与参比程序测定所有样品，重复测定 ≥ 3 批，实验批内每个样品测定1次，每批测定都需对测量程序进行重新校准。临床样品数量 ≥ 20 个（IFCC方法样品数量 ≥ 30 个），参考物质随机穿插在临床样品中，同批次测定。

7.2 实验完成后，将样品在适宜条件下保存以备再次测定。如在数据分析过程中发现问题，有必要选用其它参比程序（如参考测量程序）对样品进行重新测定。

注：参考物质可能比临床样品更均匀，因此它们的重复性可能更好。如果发现以上情况且可量化，宜适当增加临床样品重复测定的次数，或减少参考物质重复测定次数，以确保两种样品测定结果的标准相似。同样原因，两种程序也会具有不同的重复性，如果程序间的重复性差别已知且可量化，宜适当调整各测量程序的重复测量次数。

7.3 实验程序与参比程序宜同步进行，若不能实现同步测定，应在适宜的条件下储存样品，并提供相关信息，以证明储存条件不会影响测量结果。但应注意储存条件如冰冻，可能导致被测量与蛋白结合状态改变而引入基质效应，对样品互换性产生影响。

8 数据分析

数据分析方法的选择应考虑以下因素：参考物质与临床样品数量、测量程序的数量、是否包含参考测量程序。首先根据数据的分布特征选取合适的回归模型，包括普通最小二乘法（ordinary least square, OLS）回归法、戴明（Deming）回归方法、Passing-Bablok（PB）回归法、多项式回归（Polynomial Curve Fitting）方法。前两者较为常用。

IFCC互换性评价工作组推荐采用偏倚/偏差差值法来评价参考物质的互换性，需要预先设定一个合理的评价标准，强调该标准应是一个特定的且与医学预期用途相关的标准，该评价标准可弥补回归分析法的不足，评价案例列于附录D，供参考。本指南主要介绍OLS回归法和Deming回归法评价互换性的方案。

8.1 回归方法的选择

8.1.1 回归方法选择的原则

回归分析方法是假定一组变量（ X ， Y ）间具有线性关系并估计线性模型相关参数和标准差。回归方法的选择和正确使用在很大程度上取决于数据的特性，即 X 和 Y 的标准差以及参考物质和临床样品的重复检测次数。在建立数学模型前，应确定 X 和 Y 数据残差是否符合正态分布，符合正态分布或经过对数转换后符合正态分布，采用OLS和Deming回归，不符合正态分布的数据采用PB回归进行分析。

8.1.2 OLS和Deming回归方法

均采用最小二乘法拟合，但两者对数据的假设不同。OLS回归假设变量 Y 服从标准差恒定的正态分布，自变量 X 无随机误差，主要适用于参比程序为参考测量程序的情况。

Deming回归假设两个测量程序所得的结果都含有随机误差，根据观察点到回归线垂直距离的平方和最小来估计回归模型斜率和截距，适用于两种常规测量程序间的互换性评价。Deming回归在参数估计时更为严谨，估计的参数与实际情况的一致性更好，在互换性研究中的适用范围更广。

- a) 当 X 和 Y 数据标准差在测量范围内都近似恒定，可以对测量结果的均值使用常规的Deming回归方法。
- b) 若标准差与浓度成比例变化（变异系数恒定）时，推荐使用加权Deming回归分析或者将结果进行对数转换后使用非加权Deming回归分析。

8.1.3 PB回归方法

PB回归是一种非参数统计方法，对误差项的分布类型不作任何假设。PB回归可用于标准差或变异系数恒定的情况，也可适用于混合型。它唯一的限制是假设误差方差的比值等于斜率的平方。PB回归使用任意两个数据点之间的斜率来估计回归线的斜率；对截距进行估计时应使一半的数据点落在回归线的上方，一半落在下方。PB回归稳健性好，离群值对结果的影响小，但会造成较宽的预测区间。

8.1.4 多项式回归方法

采用合适的统计分析软件（如SPSS）进行多项式回归分析，以参比程序测定每个临床样品的均值为自变量（ X 轴），实验程序测定每个样品的均值为因变量（ Y 轴），求出最佳拟合回归方程，以期得到最小的预测区间（见下文），提高检出基质效应的能力。若最佳拟合为二项式，则回归方程为： $Y=a+bX+cX^2$ ，对该二项式回归方程中的回归系数 c 进行统计分析，若 c 与0有显著性差异（如 t 检验结果 $P<0.05$ ），则采用此二项式回归模式；若 c 与0无显著性差异（如 $P>0.05$ ），则使用线性回归分析。

若两种方法测定结果之间不呈线性，很可能是因为20个临床样品的浓度范围分布较窄，建议增加样品以得到更宽的 X 值范围，不能用20个样品的数据来查找非线性的原因。

8.2 数据分布的线性评价

利用临床样品及参考物质重复测定结果的均值（使用不同符号）作散点图， Y 轴为实验程序结果， X 轴为参比程序结果，采用OLS回归进行初步的线性回归分析。通过计算回归线的截距和斜率（回归线不一定要通过原点）进行统计学分析，检查数据是否适合线性回归分析，具体可参见WS/T 408—2024《定量检验程序分析性能验证指南》。

如果数据适合线性回归，检查是否存在异常值。从散点图中可明显观察到离群值，需采用统计方法进行离群值判断，可采用附录C中描述的离群值检测方法。发现潜在异常值后，需剔除并记录原因（例如，仪器或操作人员失误等），并补充样品进行数据替换。

8.3 OLS回归分析

8.3.1 参比程序的要求和选择

使用本方法时，要求参比程序为参考测量程序，对于参考物质不表现或只有极轻微的基质效应，具有极小的随机误差。参比程序选择顺序如下：

- a) 一级参考测量程序，如同位素稀释质谱测定血清胆固醇的参考测量程序；
- b) 二级参考测量程序，如美国 CDC 改良的 Abell-Kendall 法测定胆固醇的参考测量程序；
- c) 指定的参比程序，如美国 CDC 的 HDL-C 指定比对程序。

8.3.2 数据分析

8.3.2.1 利用临床样品及制备样品重复测定结果的均值（使用不同符号）作散点图， Y 轴为实验程序结果， X 轴为参比程序结果。

8.3.2.2 线性回归分析步骤如下：

- a) 目视，实验程序和参比程序测定结果呈线性关系，无明显弯曲；在实验浓度范围内，临床样品的实验程序测定值（回归线的 Y 轴）呈均匀分布。
- b) 检查数据是否适合回归分析（参考 CLSI EP6-Ed2 《定量测量程序的线性评估》）。
- c) 将实验程序测定临床样品结果的均值作为 Y 值，参比程序测定临床样品的均值作为 X 值，进行线性回归分析（见附录 A）。

8.3.2.3 用以下公式计算给定 X 值下（重复测量均值），新鲜临床样品预测值 \hat{Y} 的两侧 95% 置信区间。

$$\hat{Y} \pm t(0.975, n-2) S_{y \cdot x} \sqrt{1 + \frac{1}{n} + \frac{(\bar{X}_i - \bar{X})^2}{\sum (\bar{X}_i - \bar{X})^2}} \dots\dots\dots (1)$$

$$S_{y \cdot x} = \sqrt{\sum (\hat{Y} - \bar{Y}_i)^2 / (n - g)} \dots\dots\dots (2)$$

式中：

\hat{Y} ——用回归方程计算各已知浓度 (X) 下的预测值；

n ——临床样品的数量；

g ——常数项，线性回归时为 2，二次回归时为 3；

$S_{y \cdot x}$ ——直线回归的剩余标准差；

\bar{X}_i —— X 轴上第 i 个值（参比程序测定某样品的均值）；

\bar{Y}_i —— Y 轴上第 i 个值（实验程序测定某样品的均值）；

\bar{X} ——所有样品参比程序测定均值的整体均值。

对于参考物质，利用以上公式，计算出参比程序测定均值 (X)，对应的预测值 (\hat{Y}) 的 95% 置信区间，如果实验程序的测定均值 (Y) 落在该区间内，说明该参考物质在两种程序间具有互换性。需要注意的是，若两种测定方法间的特异性差异较大，测定结果间的相关性将受到影响，从而导致计算出来的置信区间偏大，以至于无法检出不太显著的基质效应，影响最终的结论。

8.3.2.4 在散点图上，可将一系列临床样品的参比程序测定均值 (X) 与对应的 Y 值的 95% 预测区间在回归线两边标记出来（见附录 A）。若制备样品的点落在预测区间线条之外则说明不具有互换性。若制备样品的点在置信区间内，则表明制备样品在两程序间具有互换性。

注：若回归曲线附近的数据点分布和待测物浓度的关系既非比例关系亦非恒定关系，宜将数据分成几组较小的浓度区间，在每个区间内单独进行线性回归分析。区间组的划分标准为：每组内新鲜临床样品结果的分布保持大体一致，每组应至少含有 10 份新鲜临床样品的数据，且包含制备样品。

8.4 Deming 回归分析

8.4.1 Deming 回归流程图（图 1）

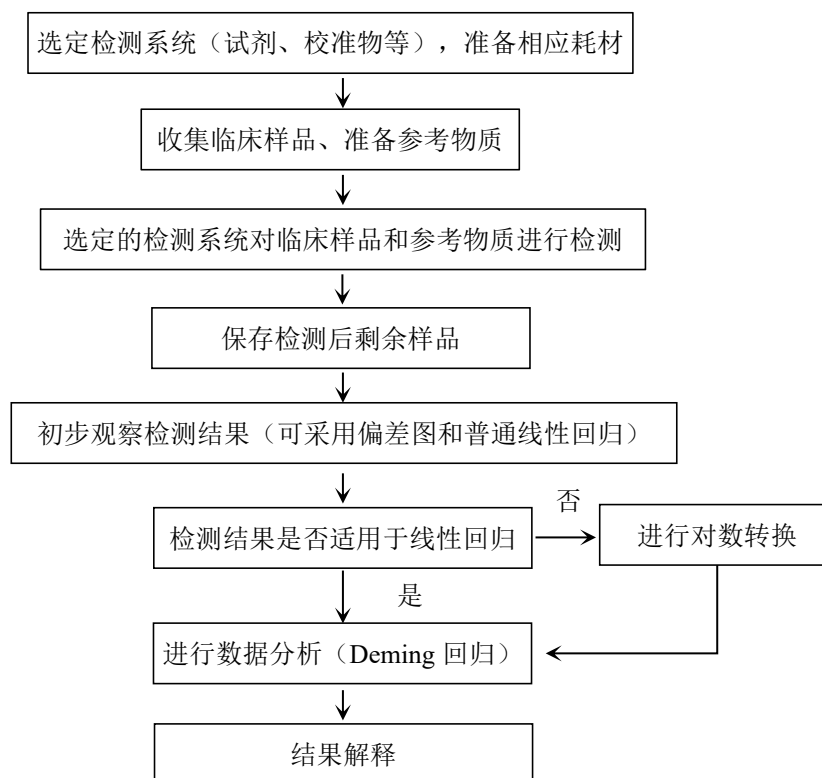


图 1 Deming 回归评估待测评样品互换性流程图

8.4.2 绘制偏差图

通过偏差图检查两测量程序（ X 、 Y ）获得的临床样品结果的均值分布，偏差图的 X 轴为两测量程序所得结果的均值（若测量程序包括参考测量程序则 X 轴为参考测量程序的均值）， Y 轴为两测量程序所得结果的差值，如图2。

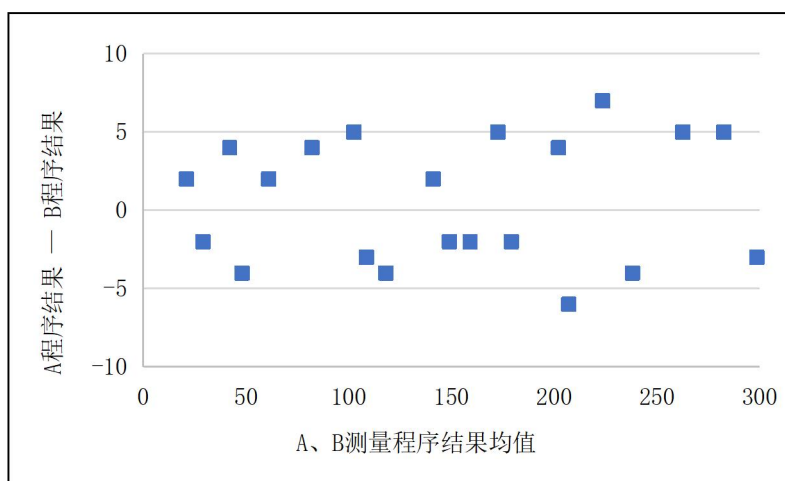


图 2 测量程序的偏差图

8.4.3 数据转化

若偏差/偏倚是恒定的，则可直接进行Deming回归。若偏差/偏倚随着被测量浓度的增加而增加，则需将数据进行log10转换，若转换后的偏差/偏倚恒定则将转换后的数据进行Deming回归。

8.4.4 计算过程

采用两种不同的检测系统 X 、 Y 检测临床样品和参考物质时，往往认为两种检测系统的结果之间存在线性关系，临床样品在两系统上的结果之间的关系可以表示为：

$$Y = \alpha_H + \beta_H X \dots\dots\dots (3)$$

$$Y = \alpha_{PC} + \beta_{PC} X \dots\dots\dots (4)$$

式中：

X ——为 X 系统检测样品的结果；

Y ——为 Y 系统检测样品的结果；

α_H ——为临床样品在两个检测系统上线性关系的截距；

α_{PC} ——为参考物质在两个检测系统上线性关系的截距；

β_H ——为临床样品在两个检测系统上线性关系的斜率；

β_{PC} ——为参考物质在两个检测系统上线性关系的斜率。

对 X 、 Y 两检测系统结果做 Deming 回归的详细计算过程如下：

$$\hat{\beta}_H = \frac{\hat{\sigma}_Y^2 - \lambda \hat{\sigma}_X^2 + \sqrt{(\hat{\sigma}_Y^2 - \lambda \hat{\sigma}_X^2)^2 + 4\lambda \hat{\sigma}_{XY}^2}}{2\hat{\sigma}_{XY}} \dots\dots\dots (5)$$

$$\hat{\alpha}_H = \bar{Y} - \hat{\beta}_H \bar{X} \dots\dots\dots (6)$$

$$\hat{\sigma}_X^2 = \frac{1}{n} \sum_{i=1}^n (X_i - \bar{X})^2 \dots\dots\dots (7)$$

$$\hat{\sigma}_Y^2 = \frac{1}{n} \sum_{i=1}^n (Y_i - \bar{Y})^2 \dots\dots\dots (8)$$

$$\hat{\sigma}_{XY} = \frac{1}{n} \sum_{i=1}^n (X_i - \bar{X})(Y_i - \bar{Y}) \dots\dots\dots (9)$$

$$\bar{X} = \frac{1}{n} \sum_{i=1}^n X_i \dots\dots\dots (10)$$

$$\bar{Y} = \frac{1}{n} \sum_{i=1}^n Y_i \dots\dots\dots (11)$$

$$\hat{\lambda} = \hat{\sigma}^2(\varepsilon_Y) / \hat{\sigma}^2(\varepsilon_X) \dots\dots\dots (12)$$

式中：

n ——临床样品数量；

\bar{X} ——为 X 系统检测临床样品结果的总均值；

\bar{Y} ——为 Y 系统检测临床样品结果的总均值；

\bar{X}_i ——为 X 系统检测第 i 个临床样品的均值；

\bar{Y}_i ——为 Y 系统检测第 i 个临床样品的均值。

$$\hat{\sigma}^2(\varepsilon_X) = \frac{1}{n(N_H-1)} \sum_{i=1}^n \sum_{j=1}^{N_H} (X_{ij} - \bar{X}_i)^2 \dots\dots\dots (13)$$

$$\hat{\sigma}^2(\varepsilon_Y) = \frac{1}{n(N_H-1)} \sum_{i=1}^n \sum_{k=1}^{N_H} (Y_{ik} - \bar{Y}_i)^2 \dots\dots\dots (14)$$

式中：

N_H ——为每个样品重复检测的次数；

j ——在 X 检测系统上样品重复检测次数；

k ——在 Y 检测系统上样品的重复检测次数。

从以上公式便可以计算出 $\hat{\alpha}_H, \hat{\beta}_H$ 从而确定回归线方程 $Y = \hat{\alpha}_H + \hat{\beta}_H X$ ，将该方程绘制为一条直线，并计算该直线 95% 置信度的预测区间，95% 置信度的区间计算方法如下：

$$[L, U] = \bar{Y}_{PC.pred} \pm t(1 - \frac{\gamma}{2}, \nu) * \hat{\sigma}(\bar{Y}_{PC.pred}) \dots\dots\dots (15)$$

$$\nu = n(N_H - 1) \dots\dots\dots (16)$$

$$\bar{Y}_{PC.pred} = \hat{\alpha}_H + \hat{\beta}_H \bar{X} \dots\dots\dots (17)$$

$$\hat{\sigma}(\bar{Y}_{PC.pred}) = \sqrt{(\bar{X}_{PC} - \bar{X})^2 \hat{\sigma}_{\beta_H}^2 + \frac{1}{N_{PC}} (\hat{\beta}_H^2 \hat{\sigma}^2(\epsilon_X) + \hat{\sigma}^2(\epsilon_Y)) (1 + \frac{1}{n})} \dots\dots\dots (18)$$

$$\hat{\sigma}_{\beta_H}^2 = \frac{\hat{\beta}_H^2}{n \hat{\sigma}_{XY}^2} (\hat{\sigma}_X^2 \hat{\sigma}_Y^2 - \hat{\sigma}_{XY}^2) \dots\dots\dots (19)$$

式中：

$[L, U]$ ——分别为检测区间的下限和上限；

γ ——为所选置信度；

ν ——自由度。

如计算 95% 的预测区间则 $\gamma=0.05$ ，如计算 99% 的预测区间 $\gamma=0.01$ 。通常将该预测区间的上限和下限在 Deming 回归图上分别做一条直线，形成一个区间，通过待测物质在 X, Y 检测系统上的结果在相同的坐标点出来，如果检测结果落在该区间内则认为互换性良好，如果超过该区间则认为不具有互换性（图 3），计算案例见附录 B。

8.4.5 Deming 回归图及互换性评估

以两测量程序测得临床样品结果的均值（或log10均值）为相应的 X, Y 轴，并绘制 Deming 回归图。计算临床样品对于相应的 X 值，其 Y 值的预测值及双侧 95% 的预测区间，并绘制在回归图上，如图 3。临床样品和参考物质采用不同的符号绘制在同一图表上。若参考物质的检测结果在区间内，则认为参考物质具有互换性的，若在区间外，则认为参考物质不具有互换性。

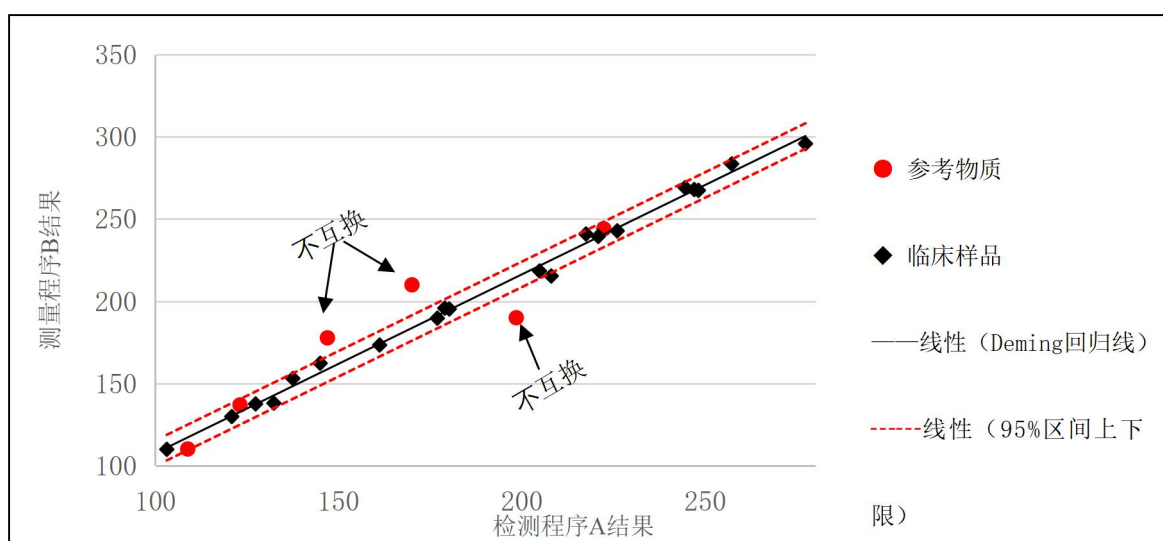


图 3 Deming 回归方法评估参考物质互换性的评价结果

附录 A

(资料性)

数据分析-肌酐测定互换性-OLS 回归

A.1 利用参考方法作为参比程序，某酶法试剂盒作为实验程序，评价 5 个参考物质在两个程序间的互换性。本实验测定 20 个临床样品(S1~S20)，5 个参考物质(P1~P5)，每个样品测定 3 次，各样品的均值如表 A.1。

表 A.1 各样品测定结果

样品	参比程序测定均值(\bar{X}_i)	实验程序测定均值(\bar{Y}_i)
S1	129.3	116.3
S2	881.9	820.0
S3	163.3	147.7
S4	886.4	827.3
S5	298.3	269.0
S6	112.5	103.3
S7	322.9	292.7
S8	293.3	263.7
S9	599.9	541.5
S10	730.6	658.5
S11	250.3	230.0
S12	516.7	466.0
S13	160.9	149.0
S14	70.8	63.5
S15	43.7	39.0
S16	343.5	307.5
S17	230.8	215.0
S18	366.2	331.0
S19	328.7	302.5
S20	340.9	312.0
均值	353.5	322.8
P1	200.0	220.0
P2	80.0	70.0
P3	283.0	285.0
P4	390.0	330.0
P5	515.2	520.0

A.2 用以下公式计算给定 X 值下（重复测量均值），新鲜临床样品预测值 \hat{Y} 的双侧 95%置信区间。

$$\hat{Y} \pm t(0.975, n-2)S_{y \cdot x} \sqrt{1 + \frac{1}{n} + \frac{(\bar{X}_i - \bar{X})^2}{\sum (\bar{X}_i - \bar{X})^2}} \dots \dots \dots (A.1)$$

$$S_{y \cdot x} = \sqrt{\sum (\hat{Y} - \bar{Y}_i)^2 / (n - g)} \dots \dots \dots (A.2)$$

式中：

\hat{Y} ——用回归方程计算各已知浓度 (X) 下的预测值；

以上内容仅为本文档的试下载部分，为可阅读页数的一半内容。如要下载或阅读全文，请访问：<https://d.book118.com/185210233012011310>