20 Лазерный корреляционный спектрометр для оценки размеров и динамики изменения размеров структур в биологических жидкостях

© Е.Н. Величко¹, Э.К. Непомнящая¹, А.В. Соколов², Т.Ю. Кудряшова¹

¹ Санкт-Петербургский политехнический университет Петра Великого, 195251 Санкт-Петербург, Россия ² АО "Концерн "ЦНИИ "Электроприбор", 197046 Санкт-Петербург, Россия

e-mail: elina.nep@gmail.com

Поступила в редакцию 10.12.2019 г. В окончательной редакции 03.02.2020 г. Принята к публикации 28.02.2020 г.

> Для оценки размеров наноструктур в биологических жидкостях и исследования динамики их изменения в работе предложен модифицированный метод лазерной корреляционной спектроскопии. Описаны схема аппаратно-программного комплекса и алгоритм метода, позволяющий добиться высокой точности определения размеров наночастиц, а также исследовать процесс изменения размеров наночастиц в динамике.

> Предложенный аппаратно-программный комплекс позволил провести исследования динамики образования агрегатов в сыворотке крови человека в процессе иммунного ответа. Полученные результаты свидетельствуют о наличии процессов быстрой агрегации белков в результате активации иммунного ответа, кроме того размер образующихся агрегатов зависит от состояния иммунной системы и наличия заболеваний.

> Ключевые слова: лазерная корреляционная спектроскопия, динамическое рассеяние света, размеры частиц, наночастицы, биологическая жидкость, молекулярная агрегация.

DOI: 10.21883/OS.2020.07.49567.63-20

Введение

В настоящее время основные диагностические данные о состоянии организма человека получают с помощью исследования крови и других биологических жидкостей [1]. При этом немаловажно не только определение общих концентраций веществ в крови, но и анализ функциональности тех или иных биологических систем, в том числе молекулярных комплексов. Прямых методов для подобного анализа в современной диагностической медицине не внедрено.

В данной работе в качестве диагностического параметра для определения функциональности молекулярных комплексов предлагается использование размера частиц в сыворотке крови. Известно, что различные типы структур в крови отличаются не только биохимическими свойствами, но и размерами [2]. При этом ряд процессов, происходящих в организме человека, сопровождается агрегацией молекулярных структур и, соответственно, изменением их размеров [3,4].

Таким образом, анализируя размер структур в жидкости можно определить ее состав и проанализировать динамику происходящих в ней биологических процессов. Существующие в настоящее время методы для определения размеров структур имеют ряд недостатков, ограничивающих их применение в медицинской диагностике. В табл. 1 приведен краткий обзор существующих методов оценки размеров наночастиц. Как уже было отмечено, важна возможность оценки изменения размеров структур в биологических жидкостях в динамике. Из таблицы видно, что большинство существующих методов не позволяют проводить исследования частиц с размерами менее 100 nm в динамике. Перспективным представляется развитие методов лазерной корреляционной спектроскопии [5]. Ограниченное применение лазерной корреляционной спектроскопии в медицине в настоящее время связано с недостаточной точностью и совершенством существующих приборов и алгоритмов обработки данных. В данной работе предлагается схема аппаратно-программного комплекса (АПК) и алгоритм проведения измерений, разработанные для реализации возможности оценки динамики агрегации молекулярных структур в биологических жидкостях [6].

Схема и алгоритм проведения измерений

Метод лазерной корреляционной спектроскопии основан на измерении временной зависимости интенсивности рассеянного излучения на частицах, совершающих броуновское движение в жидкости [7]. Спектр такого рассеяния будет иметь допплеровское уширение Δf , зависящее от коэффициента диффузии частиц, который в свою очередь зависит от их размеров согласно формуле

$$\Delta f = q^2 D_T / 2\pi = q^2 k_b T / 6\pi^2 \eta d. \tag{1}$$

Методы анализа	Определяемые размеры частиц, nm	Недостатки	
Сканирующая электронная микроскопия	5-5000	Невозможность оценки динамики	
Просвечивающая электронная микроскопия	5-5000	Невозможность оценки динамики	
Рентгенография	0.5-1000	Сложность подготовки проб, невозможность оценки динамики	
Седиментационный анализ	100-10000	Низкая точность при исследовании молекулярных комплексов	
Оптическая микроскопия	1000-100000	Неподходящий диапазон размеров	
Статическое светорассеяние	500-8000	Неподходящий диапазон размеров	
Лазерная корреляционная спектроскопия	0.5-2000	Несовершенство существующих приборов и алгоритмов	

Таблица 1. Основные методы оценки размеров наночастиц

Здесь Δf — допплеровское уширение, D_T — коэффициент диффузии, η — вязкость жидкости, k_b постоянная Больцмана, T — температура, d — гидродинамический диаметр частиц, q — модуль вектора рассеяния

$$q = \frac{4\pi n_0}{\lambda_0} \sin\left(\frac{\theta}{2}\right),\tag{2}$$

где n_0 — показатель преломления среды, λ_0 — длина волны излучения источника, θ — угол регистрации рассеяния.

В данной работе регистрация рассеянного излучения производится с использованием аппаратного комплекса, схема которого приведена на рис. 1. Принципы построения схемы и выбора элементов обсуждались нами в предыдущих работах [8,9].

Для создания когерентного монохроматического излучения в работе используется полупроводниковый лазерный модуль с длиной волны 650 nm [10]. Для стабилизации флуктуаций интенсивности излучения питание модуля осуществляется с использованием аккумуляторной батареи, не подключенной к сети. Контроль мощности излучения в работе осуществляется перед проведением измерений с использованием измерителя мощности [11].

Задание линейной поляризации излучения происходит с использованием поляризационного фильтра, а фокусировка в объеме исследуемого раствора осуществляется системой линз. Исследуемый раствор помещается в ячейку из кварцевого стекла, прозрачного в видимом диапазоне длин волн. Рассеянное излучение детектируется при помощи фотоэлектронного умножителя, сбор и передача рассеянного излучения на входную апертуру умножителя осуществляется с использованием системы линз и оптоволоконного световода [12,13].

Затем сигнал оцифровывается и передается на систему обработки [14,15] и анализа данных, в роли которой выступает компьютер с установленной программой записи и обработки данных [16].





Рис. 1. Блок-схема лазерного корреляционного спектрометра. 1 — стабилизированный источник тока для питания лазерного модуля, 2 — лазерный модуль с выбранной длиной волны излучения, 3 — система фокусировки, 4 — ячейка с исследуемым образцом, 5 — система сбора излучения, 6 — стабилизированный источник питания с регулировкой усиления приемника 7 — фотоприемник, 8 — модуль оцифровки данных, 9 система обработки и анализа данных, 10 — линия обратной связи для регулировки мощности излучения, 11 — линия обратной связи для регулировки усиления сигнала, 12 контроль мощности зондирующего излучения.

Измерения для вычисления размеров исследуемых структур проводятся согласно приведенному ниже протоколу:

1) приготовить исследуемый раствор;

2) разместить образец в измерительной ячейке и стабилизировать тепловое равновесие между образцом и измерительной ячейкой. Колебания равновесной температуры должны быть в пределах $\pm 1^{\circ}$ С. Необходимость поддержания постоянной температуры и контроля ее значения обусловлена температурной зависимостью вязкости раствора, входящей в расчетную формулу для размера; подключить прибор к компьютеру и запустить программу для записи и обработки данных рассеяния света;

4) ввести в компьютерную программу данные, необходимые для проведения измерений: длительность измерения, температуру, показатель преломления и коэффициент динамической вязкости испытуемого образца, длину волны лазерного излучения и значение угла рассеяния, если эти параметры выбираются, наименование эксперимента;

5) запустить калибровочное измерение, в рамках которого на ячейку с исследуемым образцом подается короткий световой импульс длительностью 10 ms и происходит настройка мощности лазерного излучения [17] исходя из регистрируемой интенсивности рассеяния, определяется уровень темнового тока фотоприемника;

6) запустить запись динамического сигнала рассеяния лазерного излучения на исследуемом образце;

7) обработать полученные данные (вычислить среднее значение размера, стандартное отклонение и распределение частиц по значениям размера). При исследованиях динамических параметров требуется задать временной шаг, с которым будут вычисляться размеры.

Для обработки данных в работе используется специализированный алгоритм численного решения обратной некорректной задачи, возникающий при анализе динамического рассеяния в лазерной корреляционной спектроскопии. В основе данного алгоритма лежит модифицированный метод регуляризации Тихонова, подробное описание алгоритма можно найти в предыдущих работах [16,18]. Алгоритм позволяет вычислять средние размеры частиц в растворах, содержащих частицы различных размеров.

Апробация аппаратно-программного комплекса

Апробация предложенного АПК в работе производилась на модельных растворах стеклянных микросфер с заранее известными размерами. Концентрация частиц в растворах составляла 0.05 g/l. Результаты вычисления и сравнение их с результатами, полученными при помощи других методов, представлены в табл. 2.

Погрешность определения размеров, представленная в таблице, вычислялась в относительных величинах исходя из измеренного значения СКО и доверительной вероятности 95%.

Погрешность измерения размеров частиц в полидисперсных растворах оценивалась аналогичным образом для смеси стеклянных микросфер с диаметрами 60, 90 и 150 nm. В табл. 3 представлены результаты проведенного анализа.

Полученные результаты позволяют оценить погрешность определения размеров частиц в моно- и полидисперсных растворах. Помимо модельных растворов в данной работе проводилось исследование размеров Таблица 2. Расчет размеров наночастиц различных размеров и оценка погрешности

Номинальный размер, пт	20	60	90	150	320	540
Рассчитанный размер, nm	20.6	61.5	92.3	147.9	325.3	547.1
Погрешность, %	3.2	3.2	3.7	3.9	3.7	6.1

Таблица 3. Расчет размеров наночастиц в полидисперсной смеси и оценка погрешности

Номинальный размер, nm	60	90	150	
Рассчитанный размер, nm	60.6	92.3	147.9	
Погрешность, %	5.5	5.9	9.9	

частиц в растворе белка альбумина. Данный белок составляет до 60% всех белков сыворотки крови и несет исключительно важную функцию для организма [19–21]. Результаты определения размеров структур в водном растворе альбумина с концентрацией 1 g/l представлены на рис. 2. Здесь *d* — диаметр частиц в растворе, *N* — относительная концентрация частиц.

Согласно литературным данным, средний размер белка альбумина составляет порядка 6 nm, что согласуется с результатами нашего исследования. При этом следует отметить, что в исследуемых расстворах также обнаружено присутствие более крупных структур с размерами порядка 70–100 nm, которые можно ассоциировать с агрегатами белков. Существуют свидетельства, доказывающие наличие тенденции белка альбумина в неравновесных условиях образовывать агрегаты различной формы и размеров [22]. Аналогичные исследования проводились



Рис. 2. Результат измерения диаметра молекулы альбумина в воде на разработанном АПК.

другими авторами и результаты их работ согласуются с полученными нами данными [19–22].

Исследование динамики агрегации

Наибольший интерес с точки зрения развития научных исследований представляет возможность исследования динамики изменения размеров структур в биологических жидкостях в процессе их агрегации. Подобные процессы регулярно наблюдаются в организме человека в результате протекания различных реакций. Одним из примеров является агрегация белков сыворотки крови, вызванная активацией иммунного ответа организма и образованием иммунных комплексов [23]. Данные комплексы состоят из большого числа единичных белков и предназначены для идентификации чужеродных патогенов [24]. Длительность реакции активации иммунной системы, образованной системой белков комплемента [25], составляет порядка 30 s, что создает значительные трудности при исследовании данного процесса биохимическими методами.

При помощи описанного в данной работе АПК и алгоритма проведения измерений был проведен анализ динамики активации иммунной системы в сыворотке крови здоровых доноров. Исследование проводилось до и в течение 210 s после активации иммунной системы при помощи антигена, в роли которого выступала вакцина "Гриппол". В исследовании использовалась кровь 10 условно-здоровых доноров и 8 доноров с патологиями иммунного ответа.

Сыворотку, используемую для исследований, получали из цельной крови доноров в день забора материала. Для запуска процесса естественного свертывания образцы крови в стерильных пробирках 3 h выдерживались в термостате при температуре 37°С, а затем для лучшего отделения сыворотки центрифугировались в течение 3 min.

На рис. З представлены результаты исследования активации иммунитета в сыворотках крови здоровых доноров. На данном графике d — диаметр частиц, t — время, прошедшее после активации иммунной системы. В момент t = 0 исследуются размеры структур в сыворотке до активации иммунной системы. Сразу после этого в сыворотку добавляется антиген и регистрируется начало реакции агрегации. Наблюдается постепенное увеличение размеров структур от 8 до 40 nm в процессе протекания иммунной реакции. Начиная примерно со 175-й s после добавления в сыворотку антигена динамических процессов не наблюдается, и можно заключить, что процесс сборки иммунных комплексов на антигене завершился.

На рис. 4 представлены усредненные результаты исследования активации иммунитета в сыворотках крови 8 доноров с нарушениями иммунного ответа, спровоцированными различными заболеваниями. В момент t = 20 s и далее наблюдается увеличение размеров



Рис. 3. Размеры структур в сыворотке крови здоровых доноров до (0s) и после (20-210s) добавления в сыворотку крови антигена.



Рис. 4. Размеры структур в сыворотке крови доноров с нарушениями иммунного ответа до (0s) и после (20-210s) добавления в сыворотку крови антигена.

структур относительно момента времени t = 0. Однако общая динамика активации иммунной системы отличается по сравнению с аналогичной картиной, полученной для здоровых доноров.

Наблюдается иной характер активации иммунитета и образования иммунных комплексов, нежели при исследовании сыворотки крови здоровых доноров. При нарушениях иммунного ответа видно, что в исследуемой сыворотке крови не образуется крупных структур с размерами 80–100 nm, как в случае наблюдения иммунной реакции у здоровых доноров. После добавления в исследуемую сыворотку антигена в размерном распределении формируются структуры с размерами 18–60 nm, постепенно увеличивающие свои размеры в ходе протекания иммунной реакции. Отличающаяся динамика протекания реакции по сравнению со здоровыми донорами может быть ассоциирована с нарушениями иммунного ответа.

Различия в распределении белков по размерам при активации иммунной системы с использованием антигена позволяют сделать выводы о наиболее важных свойствах биологических макромолекул, а именно об их способности образовывать высокоупорядоченные структуры и комплексы в соответствии с их конечным функциональным назначением. Исследования, проведенные с помощью разработанного аппаратно-программного комплекса, позволили наблюдать в динамике за реакцией образования молекулярных комплексов в сыворотке крови, а также обнаружить различия в протекающих иммунных реакциях у здоровых доноров и доноров с нарушениями работы иммунной системы. Такая информация поможет определить функциональные возможности иммунной системы пациента и провести диагностические тесты на наличие определенных иммунных заболеваний.

Выводы

В данной работе предложены структура и алгоритм работы аппаратно-программного комплекса для оценки размеров структур в биологических жидкостях. Проведенные расчеты элементов схемы аппаратнопрограммного комплекса и анализ требований, предъявляемых к ним, позволили достичь высокого SNR и реализовать аппаратную часть разрабатываемого комплекса в малогабаритном корпусе.

Апробация разработанного аппаратно-программного комплекса проводилась при исследовании суспензий стеклянных микросфер с известными размерами и растворов белка альбумина. Погрешность определения размеров структур при исследовании полидисперсных растворов с частицами, размеры которых не превышают 500 nm, составила менее 10%.

В работе демонстрируются возможности применения разработанного АПК для исследования динамики изменения размеров структур в биологических жидкостях, в частности исследуется динамика активации иммунной системы в сыворотке крови здоровых доноров и доноров с нарушением работы иммунной системы. Активация иммунитета проводилась путем внесения в сыворотку крови антигенов, в роли которых выступала вакцина гриппа. Реакция активации иммунной системы наблюдалась в течение 4 мин после ее инициации. Результаты показывают, что разработанный аппаратно-программный комплекс позволяет наблюдать процесс активации иммунной системы и формирование иммунных комплексов в сыворотке крови.

Применение метода лазерной корреляционной спектроскопии в медицине для исследования биологических жидкостей позволяет получить уникальные диагностические сведения о состоянии организма, а именно, измерить размеры структур и динамику их изменения в биологических жидкостях и сделать выводы о функциональных особенностях молекул, в том числе белков организма человека.

Благодарности

Авторы благодорят Т.А. Богомаз за всестороннюю помощь и ценные научные консультации.

Соблюдение этических норм

Все процедуры, выполненные в исследовании с участием людей, соответствуют этическим стандартами институционального и/или национального комитета по исследовательской этике и Хельсинкской декларации 1964 г. и ее последующим изменениям или сопоставимым нормам этики.

Конфликт интересов

Авторы заявляют, что у них нет конфликта интересов.

Список литературы

- Zapryanova D., Mircheva T., Denev S.A. // Revue Med Vet. 2013. V. 164. P. 150–155.
- [2] Petrova G.P. et al. // Laser Phys. 2009. V. 19. N 6. P. 1303– 1307.
- [3] Kirichenko M.N. et al. // XIII International Conference on Atomic and Molecular Pulsed Lasers. International Society for Optics and Photonics. 2018. V. 10614. P. 106142C.
- [4] Савченко Е.А., Величко Е.Н., Аксенов Е.Т. // Учен. зап. Казан. ун-та. Сер. Физ.-матем. науки. 2018. Т. 160 / Кн. 1. С. 108–115.
- [5] Lawrie A.S. et al. // Vox Sang. 2009. V. 96. N 3. P. 206–212.
- [6] Chaikov L. et al. // J. Biomed. Optics. 2015. V. 20. N. 5. P. 057003.
- [7] Stetefeld J., McKenna S.A., Patel T.R. // Biophysical Rev. 2016. V. 8. N. 4. P. 409–427.
- [8] Nepomnyashchaya E., Velichko E., Kotov O. // 2019 IEEE International Conference on Electrical Engineering and Photonics (EExPolytech). IEEE, 2019. P. 321–324.
- [9] Nepomnyashchaya E., Aksenov E., Velichko E. // 2017 Progress in Electromagnetics Research Symposium-Spring (PIERS). IEEE. 2017. P. 3556–3562.
- [10] Привалов В.Е., Шеманин В.Г. // Опт. и спектр. 1997. Т. 82. № 4. С. 700–702; Privalov V.E., Shemanin V.G. // Opt. and Spectrosc. 1997. V. 82. N 4. Р. 650–652.
- [11] Ivanov S.I., Lavrov A.P. // Int. Symp. Consum. Technol. ISCT. 2018. P. 51–53.
- [12] Kotov O, Chapalo I, Petrov A. // IEEE Int. Conf. Electr. Eng. Photonics, EExPolytech. 2018. P. 257–620.
- [13] Kotov O.I., Bisyarin M.A., Chapalo I.E., Petrov A.V. // J. Opt. Soc. Am. B: Opt. Phys. 2018. V. 35. P. 1990–1999.
- [14] Liokumovich L., Muravyov K., Skliarov P., Ushakov N. // Appl. Opt. 2018. V. 57. P. 7127–7134.
- [15] Ivanov S.I., Liokumovich L.B., Medvedev A.V. // Lect. Notes Comput. Sci. (including Subser. Lect. Notes Artif. Intell. Lect. Notes Bioinformatics). 2018. V. 11118 LNCS. P. 666–674.

- [16] Nepomnyashchaya E.K. // J. Phys.: Conference Ser. IOP Publishing. 2019. V. 1236. N. 1. P. 012041.
- [17] Привалов В.Е., Шеманин В.Г. // Опт. и спектр. 1997. Т. 82.
 № 5. С. 873–875; Privalov V.E., Shemanin V.G. // Opt. Spectrosc. 1997. V. 82. N 5. P. 809–811.
- [18] Nepomnyashchaya E., Antonova E. // 2018 IEEE International Conference on Electrical Engineering and Photonics (EExPolytech). IEEE, 2018. P. 136–140.
- [19] *Rosenoer V.M., Oratz M., Rothschild M.A.* Albumin: Structure, Function and Uses. Elsevier, 2014.
- [20] Vonti A.O., Il'inskii A.V., Kapralova V.M., Shadrin E.B. // Tech. Phys. 2018. V. 63. P. 908–915.
- [21] Sleep D. // Expert Opinion on Drug Delivery. 2015. V. 12. N 5. P. 793–812.
- [22] Баранов А.Н., Власова И.М., Салецкий А.М. // Журн. прикл. спектроск. 2004. Т. 71. № 2. С. 204–207; *Baranov A.N., Vlasova I.M., Saletskii А.М.* // J. Appl. Spectr. 2004. V. 71. N 2. P. 222–226.
- [23] Noris M., Remuzzi G. // Seminars in Nephrology. WB Saunders. 2013. V. 33. N 6. P. 479–492.
- [24] Chester K.A., Begent R.H. // Clinical and Experimental Immunology. 1984. V. 58. N 3. P. 685.
- [25] Esmail H., Lai R.P., Lesosky M., Wilkinson K.A., Graham C.M., Horswell S., Wilkinson R.J. // Proceedings of the National Academy of Sciences. 2018. V. 115. N 5. P. E964–E973.