

(12) 按照专利合作条约所公布的国际申请

(19) 世界知识产权组织
国际局

(43) 国际公布日
2024 年 6 月 20 日 (20.06.2024)



(10) 国际公布号
WO 2024/124402 A1

- (51) 国际专利分类号:
G06T 7/80 (2017.01)
- (21) 国际申请号: PCT/CN2022/138731
- (22) 国际申请日: 2022 年 12 月 13 日 (13.12.2022)
- (25) 申请语言: 中文
- (26) 公布语言: 中文
- (71) 申请人: 深圳华大智造科技股份有限公司
(**MGI TECH CO., LTD.**) [CN/CN]; 中国广东省深圳市盐田区北山工业区综合楼及 11 栋 2 楼, Guangdong 518083 (CN)。
- (72) 发明人: 温欣(**WEN, Xin**); 中国广东省深圳市盐田区北山工业区综合楼及 11 栋 2 楼, Guangdong 518083 (CN)。 杨斌(**YANG, Bin**); 中国广东省深圳市盐田区北山工业区综合楼及 11 栋 2 楼,

Guangdong 518083 (CN)。 罗滨(**LUO, Bin**); 中国广东省深圳市盐田区北山工业区综合楼及 11 栋 2 楼, Guangdong 518083 (CN)。 王忠海(**WANG, Zhonghai**); 中国广东省深圳市盐田区北山工业区综合楼及 11 栋 2 楼, Guangdong 518083 (CN)。

(74) 代理人: 上海弼兴律师事务所 (**SHANGHAI BESHINING LAW OFFICE**); 中国上海市小木桥路 681 号外经大厦 21 楼, Shanghai 200032 (CN)。

(81) 指定国(除另有指明, 要求每一种可提供的国家保护): AE, AG, AL, AM, AO, AT, AU, AZ, BA, BB, BG, BH, BN, BR, BW, BY, BZ, CA, CH, CL, CN, CO, CR, CU, CV, CZ, DE, DJ, DK, DM, DO, DZ, EC, EE, EG, ES, FI, GB, GD, GE, GH, GM, GT, HN, HR, HU, ID, IL, IN, IQ, IR, IS, IT, JM, JO, JP, KE, KG, KH, KN, KP, KR, KW, KZ, LA, LC, LK, LR, LS, LU, LY, MA, MD, MG, MK, MN,

(54) **Title:** GENE SEQUENCING METHOD AND SYSTEM, AND GENE IMAGE ACQUISITION METHOD AND DEVICE

(54) 发明名称: 基因测序方法及系统、基因图像获取方法及装置

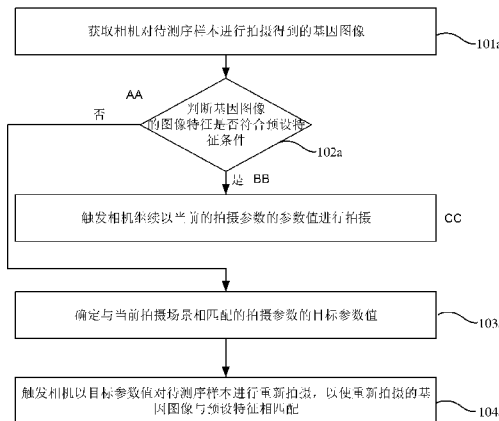


图 1a

- 101a Acquire a gene image obtained by a camera photographing a sample to be sequenced
- 102a Determine whether image features of the gene image satisfy a preset feature condition
- 103a Determine target parameter values of photographing parameters matching a current photographing scene
- 104a Trigger the camera to re-photograph said sample according to the target parameter values, such that a re-photographed gene image matches preset features
- AA No
- BB Yes
- CC Trigger the camera to continue to perform photographing according to the parameter values of the current photographing parameters

(57) **Abstract:** The present invention relates to a gene sequencing method and system, and a gene image acquisition method and device. The gene image acquisition method comprises: acquiring a gene image obtained by a camera photographing a sample to be sequenced; determining whether image features of the gene image satisfy a preset feature condition; if no, determining target parameter values of photographing parameters matching a current photographing scene; and triggering the camera to re-photograph said sample according to the target parameter values, such that image features of a re-photographed gene image satisfy the preset feature condition. Therefore,

MW, MX, MY, MZ, NA, NG, NI, NO, NZ, OM, PA, PE, PG, PH, PL, PT, QA, RO, RS, RU, RW, SA, SC, SD, SE, SG, SK, SL, ST, SV, SY, TH, TJ, TM, TN, TR, TT, TZ, UA, UG, US, UZ, VC, VN, WS, ZA, ZM, ZW。

(84) 指定国(除另有指明, 要求每一种可提供的地区保护): ARIPO (BW, CV, GH, GM, KE, LR, LS, MW, MZ, NA, RW, SC, SD, SL, ST, SZ, TZ, UG, ZM, ZW), 欧亚 (AM, AZ, BY, KG, KZ, RU, TJ, TM), 欧洲 (AL, AT, BE, BG, CH, CY, CZ, DE, DK, EE, ES, FI, FR, GB, GR, HR, HU, IE, IS, IT, LT, LU, LV, MC, ME, MK, MT, NL, NO, PL, PT, RO, RS, SE, SI, SK, SM, TR), OAPI (BF, BJ, CF, CG, CI, CM, GA, GN, GQ, GW, KM, ML, MR, NE, SN, TD, TG)。

根据细则4.17的声明:

- 关于申请人有权申请并被授予专利(细则4.17(ii))
- 发明人资格(细则4.17(iv))

本国际公布:

- 包括国际检索报告(条约第21条(3))。

gene images satisfying gene sequencing requirements can be provided for gene sequencing, thereby achieving effective gene sequencing and improving the overall efficiency and accuracy of gene sequencing.

(57) 摘要: 本发明涉及一种基因测序方法及系统、基因图像获取方法及装置一种基因图像获取方法, 其中基因图像获取方法包括: 获取相机对待测序样本进行拍摄得到的基因图像; 判断所述基因图像的图像特征是否符合预设特征条件; 在判断结果为否的情况下, 确定与当前拍摄场景相匹配的拍摄参数的目标参数值; 触发所述相机以所述目标参数值对所述待测序样本进行重新拍摄, 以使所述重新拍摄得到的基因图像的图像特征符合预设特征条件。从而能够为基因测序提供符合基因测序需求的基因图像, 进而能够实现有效的基因测序, 整体提高基因测序的效率和准确性。

基因测序方法及系统、基因图像获取方法及装置

技术领域

本发明涉及基因测试技术领域，尤其涉及一种基因测序方法及系统、基因图像获取方法及装置。

背景技术

二代基因测序技术是通过不同染料标记追踪不同碱基，由激光激发待测序样品产生荧光，经由成像系统检测分析各碱基的荧光信号值来完成的。因此每个碱基的荧光信号值会直接影响测序的质量和准确度，荧光信号过高会增加荧光串扰，荧光信号过低会使碱基无法识别。

发明内容

本申请的主要目的在于，提供一种基因测序方法及系统、基因图像获取方法及装置、电子设备和存储介质，以改善现有技术中存在的上述缺陷。

第一方面，提供一种基因图像获取方法，包括：

获取相机对待测序样本进行拍摄得到的基因图像；

判断所述基因图像的图像特征是否符合预设特征条件；

在判断结果为否的情况下，确定与当前拍摄场景相匹配的拍摄参数的目标参数值；

触发所述相机以所述目标参数值对所述待测序样本进行重新拍摄，以使所述重新拍摄得到的基因图像的图像特征符合预设特征条件。

可选地，所述图像特征的数量为至少两个，所述预设特征条件包括各个图像特征的特征值范围；

判断所述基因图像的图像特征是否符合预设特征条件，包括：

判断各个图像特征的特征值是否均落入对应的特征值范围。

可选地，所述图像特征包括灰度值的中位数，预设特征条件包括第一特征值范围；判断所述基因图像的图像特征是否符合预设特征条件，包括：判断所述灰度值的中位数是否落入第一特征值范围；

和/或，所述图像特征包括灰度值的平均值，预设特征包括第二特征值范围；判断所述基因图像的图像特征是否符合预设特征条件，包括：判断所述灰度值的平均值是否落入第二特征值范围；

和/或，所述图像特征包括目标像素点的灰度值，预设特征包括第三特征值范围；判断所述基因图像的图像特征是否符合预设特征条件，包括：判断所述目标像素点的灰度值是否落入第三特征值范围。

可选地，特征值范围根据实验数据确定，所述实验数据包括：不同的拍摄参数对所述图像特征的影响数据、基因图像包含的曝光点数与所述图像特征的关系数据、不影响图像质量的信号强度。

可选地，所述拍摄参数包括相机增益；

触发所述相机以所述目标参数值对所述待测序样本进行重新拍摄，包括：触发所述相机以所述相机增益的目标参数值对所述待测序样本进行重新拍摄。

可选地，所述拍摄参数包括相机增益；述

确定与当前拍摄场景相匹配的拍摄参数的目标参数值，包括：

根据预先确定的拍摄场景与相机增益的对应关系，确定与当前拍摄场景相匹配的目标相机增益。

第二方面，提供一种基因测序方法，包括：

获取待测序样本的基因图像，所述基因图像采用第一方面任一项所述的基因图像获取方法获取；

根据所述基因图像对所述测序样本进行基因测序。

第三方面，提供一种基因图像获取装置，包括：

获取模块，用于获取相机对待测序样本进行拍摄得到的基因图像；

判断模块，用于判断所述基因图像的图像特征是否符合预设特征条件，并在判断结果为否的情况下，调用确定模块；

所述确定模块，用于确定与当前拍摄场景相匹配的拍摄参数的目标参数值；

触发模块，用于触发所述相机以所述目标参数值对所述待测序样本进行重新拍摄，以使所述重新拍摄得到的基因图像的图像特征符合预设特征条件。

第四方面，提供一种基因测序系统，包括：测序装置以及基因图像获取装置；

所述基因图像获取装置，用于通过执行第一方面任一项所述的基因图像获取方法获取基因图像；

所述测序装置，用于根据所述基因图像对所述测序样本进行基因测序。

第五方面，提供一种电子设备，包括存储器、处理器及存储在存储器上并可在处理器上运行的计算机程序，所述处理器执行所述计算机程序时实现上述任一项所述的方法。

第六方面，提供一种计算机可读存储介质，其上存储有计算机程序，所述计算机程序被处理器执行时实现上述任一项所述的方法。

本申请的积极进步效果在于：

本发明提供的基因图像获取方法，能够为基因测序提供质量较好，符合基因测序需求的基因图像，避免基因测序测试过程中因图像质量不佳导致的测序中断，避免数据量的损失以及数据不可用，从而能够实现有效的基因测序，整体提高基因测序的效率和准确性。

附图说明

图 1a 为本发明一示例实施例提供的一种基因图像获取方法的流程图；

图 1b 为本发明一示例实施例提供的另一种基因图像获取方法的流程图；

图 2a 为本发明一示例实施例提供的一种不同的相机增益对基因图像的

灰度值的影响示意图；

图 2b 为本发明一示例实施例提供的一种基因图像包含的曝光点数与灰度值的中位数的关系示意图；

图 3 为本发明一示例实施例提供的一种基因测序方法的流程图；

图 4a 为本发明一示例实施例提供的一种效果对比图；

图 4b 为本发明一示例实施例提供的另一种效果对比图；

图 5 为本发明一示例性实施例提供的一种基因图像获取装置的模块示意图；

图 6 为本发明一示例性实施例提供的一种电子设备的模块示意图。

具体实施方式

图 1a 为本发明一示例性实施例提供的一种基因图像获取方法的流程图，该基因图像获取方法包括以下步骤：

步骤 101a、获取相机对待测序样本进行拍摄得到的基因图像。

待测序样本包括包裹有目标物的检测球 DNB、包裹有目标物的簇等。目标物例如细胞、生物组织或细菌及其反应物等；DNB(DNAnanoball)是 DNA 纳米球分子（一个 DNB 中包括多个相同的 DNA 序列），属于一种 DNA 分子，DNB 中 DNA 的数量可以是 1 个也可以是多个，本公开实施例对此不作特别限定。目标物的簇通过对目标物聚类得到。

获取基因图像时，一般将待测序样本置于测序芯片中，依据测序芯片上的图案特征点找到拍摄的起始位置，该位置能确保图像算法定位待测序样本的对应点位。拍摄得到的基因图像的分辨率大约 2 千万个像素，以待测序样本为 DNA 为例，基因图像包括了 4 百多万万个 DNA（或 DNB），每个亮点代表一个 DNA 片段中一个序列位置的碱基信息，两个 DNA 之间间隔约为 2 个像素；另外每张基因图像上有明显的间隔不同的分界线，分界线上的 DNA 距离不同，通过识别距离，确定拍摄位置，实现相机定位拍摄。一张图像对

应测序芯片的一个区域，为了识别出四种碱基，每个区域同时拍四张图像，四张图像由光学滤光系统分出不同波长的光，四种碱基发光波长不同，所以同一个区域的四张图像灰度值大小不同，亮点位置也不同。

需要说明的是，步骤 101a 中可以直接获取相机对待测序样本进行拍摄得到的基因图像；步骤 101a 中所获取的基因图像，也可是在基因测试过程中，从相机对待测序样本进行拍摄得到的基因图像中确定出的用于配准的基因图像，而无需额外、专门拍摄基因图像。

在一个实施例中，相机采用的拍摄参数的初始参数值可以根据经验确定。拍摄得到的基因图像用于基因测序。拍摄参数包括光源强度、透过率、曝光时间、检测器量子效率和相机增益等中的至少一项。

步骤 102a、判断基因图像的图像特征是否符合预设特征条件。

图像特征表征基因图像的图像质量，判断图像特征是否符合预设特征条件，也即判断基因图像的图像质量是否符合要求，是否能实现有效的基因测序。

若判断结果为是，说明以相机当前的拍摄参数的参数值拍摄得到的基因图像的图像质量符合要求，可直接用于基因测序，无需对参数值进行调整后，也即无需执行步骤 103a 和步骤 104a。

若判断结果为否，说明以相机当前的拍摄参数的参数值拍摄得到的基因图像的图像质量不符合要求，无法用于基因测序，进而说明当前的拍摄参数的参数值不适宜，需要重新确定参数值，则执行步骤 103a 和步骤 104a。

需要说明的是，图像特征的数量可以为一个，也可以为多个。

当图像特征的数量为至少两个时，相对应的，预设特征条件包括对应数量的图像特征的特征值范围，步骤 102a 中则判断各个图像特征的特征值是否均落入对应的特征值范围。通过多个图像特征，能够对基因图像的图像质量作出多维度的评估，确保基因图像的图像质量符合后续基因测序的要求。

图像特征可以但不限于包括以下特征参数中的至少一种：灰度值的中位

数、灰度值的平均值、目标像素点的灰度值等。灰度值的中位数为基因图像中各像素点的灰度值的中位数。灰度值的平均值为基因图像中各像素点的灰度值的平均值。目标像素点可以根据实际需求自行确定，例如将基因图像的中心位置的像素点确定为目标像素点。目标像素点可以根据实际情况自行设置，例如对所有的像素点灰度值按照从高至低的顺序进行排序，取排序后的第 n 个灰度值对应的像素点确定为目标像素点；其中， n 可以根据实际情况自行设置。 $n/\text{像素数} \times 100\%$ 即为其百分位点；例如，中位数也可称为 50% 位点。

在一个实施例中，图像特征包括灰度值的中位数，预设特征条件包括第一特征值范围。步骤 102a 中则判断灰度值的中位数是否落入第一特征值范围；若判断结果为是，说明基因图像的图像质量符合基因测序要求，可直接用于基因测序；若判断结果为否，说明基因图像的图像质量不符合图像测序要求，需要对拍摄参数的参数值进行调整，并重新获取基因图像。

拍摄对应的区域可能本身会有异常的亮斑或黑斑，通过灰度值的中位数来表征整张图像的图像特征，可以排除个别像素点的异常干扰。

在一个实施例中，图像特征包括灰度值的平均值，预设特征条件包括第二特征值范围。步骤 102a 中则判断灰度值的平均值是否落入第二特征值范围；若判断结果为是，说明基因图像的图像质量符合基因测序要求，可直接用于基因测序；若判断结果为否，说明基因图像的图像质量不符合图像测序要求，需要对拍摄参数的参数值进行调整，并重新获取基因图像。

灰度值的平均值能够反映基因图像的整体状态，平均值能够很好的反映基因图像的图像特征。

在一个实施例中，图像特征包括目标像素点的灰度值，预设特征条件包括第三特征值范围。步骤 102a 中则判断目标像素点的灰度值是否落入第三特征值范围；若判断结果为是，说明基因图像的图像质量符合基因测序要求，可直接用于基因测序；若判断结果为否，说明基因图像的图像质量不符合图

像测序要求，需要对相机的拍摄参数进行调整，并重新获取基因图像。

在一个实施例中，将两个以上的图像特征作为图像质量好坏的判断依据，例如将灰度值的中位数和灰度值的平均值同时用来评价图像质量好坏，通过多个图像特征，能够对基因图像的图像质量作出多维度的评估，确保基因图像的图像质量符合后续基因测序的要求。

预设特征条件包含的第一特征值范围、第二特征值范围、第三特征值范围根据实验数据确定，实验数据包括：不同的拍摄参数对所述图像特征的影响数据、基因图像包含的曝光点数与图像特征的关系数据、不影响图像质量的信号强度。

下面介绍确定特征值范围的一种实现方式：

S1a、获取目标波长范围对应的历史基因图像。

S1a 中的历史基因图像可以是数据库筛选出的目标波长范围的历史基因图像。数据库中预先存储有基于光的各类波长范围的历史基因图像。

S2a、确定历史基因图像的特征值与历史基因图像的曝光点数的关联关系。

该关联关系可以是对数据库中的历史基因图像拟合得到。

S3a、从历史基因图像中筛选符合测序质量条件的目标历史基因图像。

测序质量条件可以根据实际需求自行确定，确定出的目标历史基因图像为质量较好的基因图像，该基因图像的特征值对评价图像质量具有参考意义。

S4a、根据目标历史基因图像确定目标曝光点数范围。

S5a、根据目标曝光点数范围和关联关系确定特征值范围。

上述第一特征值范围、第二特征值范围、第三特征值范围均可通过 S1a~S5a 确定。

本发明实施例中，根据符合测序质量条件的目标历史基因图像确定特征值范围，所确定的特征值范围具有实际的参考意义，准确性高。下面以图像特征为灰度值的中位数，拍摄参数为相机增益为例，介绍确定第一特征值范

围（预设特征条件）的实现方式。

a. 确定不同的相机增益对基因图像的灰度值的影响

统计实验阶段获取的基因图像的亮度的波动范围（包括不同 DNA 文库和制备，测序阶段（SE/PE/barcode），参见图 2a，不同相机增益亮度波动高达 10 倍。亮度波动是导致图像过曝或亮度信号过低的根本原因，想要将图像灰度值稳定在某个范围内，需要先知道目标波动范围有多大，才能制定对应的调节参数和方案。

测试不同的相机增益对同一个待测样本的图像灰度值的影响，然后以同一个相机增益去拍或者换算了不同待测样本的亮度的波动范围。

b. 确定基因图像包含的曝光点数与灰度值的中位数的关系

统计过曝点数和基因图像的亮度的相关性，参见图 2b，图中横坐标为该不同待测序样本的基因图像的灰度值的中位数，纵坐标为灰度值饱和的像素数，不同碱基的趋势基本一致，两者线性拟合后相关性 80%以上。

测序过程中 ACGT 四种碱基各自结合了不同波长的染料，通过光学将不同波长的光成像到不同的相机上，同一个位置的四张图像分别以对应的波长命名为 ACGT；但是染料发光的波长段是有重叠区域的，只有 A 碱基不被干扰，所以 A 对应的基因图像和 CGT 对应的基因图像需分别计算分析曝光点数。

c. 确定不影响图像质量的信号强度

统计不影响测序质量的信号强度，得到需要达到的信号范围，取大量正常测序数据，该统计记录的是测序 FQC 合格的对应图像，FQC 出货的指标包括了下机数据量、质量值、错误率、拆分率等，统计了近期出货的十几台仪器的图像。该信号强度可以通过基因图像各像素点的灰度值和/或过曝点数表征；其中，过曝点数为灰度值超过 65472 的像素点的数量。

下表按顺序分别为所有对应图像灰度值的中位数的平均值、灰度值的平均数的平均值、灰度值饱和点数（曝光点数）的平均值、第一个数和第二个

数的差值、参加统计的图像的灰度值饱和点数的标准差、第三个数和第五个数的和。

	灰 度 值 的 中 位 数 x1	灰 度 值 的 平 均 值 x2	曝 光 点 数 的 平 均值 x3	x1-x2	曝 光 点 数 的 标 准 差 x4	x3+x4
A	19002	25916	1829128	6914	865863	2694991
C	20032	22854	249129	2822	130778	379907
G	15930	19137	166083	3207	177511	343594
T	20429	23809	348586	3381	177571	526157

根据上述实验数据可以得到正常基因图像的灰度值饱和点数的数量范围，从而倒推第一特征值范围。

第二特征值范围与第三特征值范围的确定方式与第一特征值范围类似，此处不再赘述。

本发明实施例中，预先确定特征值范围，在实际基因测序阶段或者基因图像获取阶段无需重复收集实验数据制定特征值范围，从而可以提高基因图像获取的效率，进而提高基因测序的效率。

步骤 103a、确定与当前拍摄场景相匹配的拍摄参数的目标参数值。

目标参数值为与当前拍摄场景相匹配的拍摄参数的参数值，包括光源强度、系统透过率、曝光时间、检测器量子效率和相机增益等拍摄参数中的至少一种参数的参数值。

经实验可知，测序芯片的材质、环境亮度、待测序样本的种类、待测序样本的数量、染料材质、光源强度等均与基因图像的亮度有关，因此拍摄场景可以但不限于通过以下参数中的至少一种表征：测序芯片的材质、环境亮度、待测序样本的种类、待测序样本的数量等。

相机采用重新确定的目标参数值中对待测序样本进行拍摄，能够得到图像质量符合基因测序需求的基因图像。

在一个实施例中，重新确定与当前拍摄场景相匹配的相机增益的参数值，而无需确定其他拍摄参数的参数值。相机增益的改变不会影响荧光发射的光子数，不会改变基因图像的信噪比，且能确保亮度信号可以线性调节，因此实施难度较低且较稳定，也不会延长拍摄时间，因此通过调节相机的相机增益，来达到不影响图像获取时间以及提高图像质量的目的。

在一个实施例中，根据预先确定的拍摄场景与拍摄参数的对应关系，确定与当前拍摄场景相匹配的目标拍摄参数。具体的，获取确定预设特征条件时得到的实验数据，通过该实验数据进行拟合得到对应关系。

在一个实施例中，根据预先训练的拍摄参数确定模型确定与当前拍摄场景相匹配的目标拍摄参数。拍摄参数确定模型根据获取确定预设特征条件时得到的实验数据（训练样本）对神经网络训练得到，拍摄参数确定模型的输入参数包括与拍摄场景相关的参数，输出参数为拍摄参数。确定目标参数值时，将实验数据包含的与当前拍摄场景相关的参数的参数值输入拍摄参数确定模型，即可根据拍摄参数确定模型确定与当前拍摄场景相匹配的拍摄参数的目标参数值。

下面以图像特征为灰度值的中位数为例，介绍确定相机增益的一种实现方式。

根据上述实验数据可得到，图像的灰度值的中位数在 23000 以下可以使图像不过曝。而基于 PE150(双端测序)的一链自动调相机增益的一般结果，大部分调节后仍为 3，只有极少数样本在一链调节为 2，所以一链相机增益的方案定为在 3/2 之间调节；即在一链测序时，以相机增益为 3 拍图，当对应的图像中位数小于 23000 时，相机增益设置为 3，大于 23000 时，相机增益设置为 2，AT 波长对应的两个相机使用同样的配置，以相机增益较低的为准，CG 波长对应的两个相机使用同样的配置，以相机增益较低的为准。

基于 PE150 的二链自动调相机增益的一般结果，以及一般过曝后设固定值为 2 的临时操作来看，二链翻倍相机增益设为 2 是符合大部分应用数据

的，但也有小部分应用在相机增益为 2 的时候也有过曝的风险，所以二链相机增益的方案定为在 2/1 之间调节；即在二链测序时，以相机增益为 2 拍图，当判定的图像中位数小于 23000 时，相机增益设置为 2，大于 23000 时，相机增益设置为 1，AT 波长对应的两个相机使用同样的配置，以相机增益较低的为准，CG 波长对应的两个相机使用同样的配置，以相机增益较低的为准。

基于部分 barcode 标签与二链共用相机增益过曝的现象，以及此前测试中不同相机增益 barcode 部分的质量数据表现，将 PE（双端测序）的 barcode 相机增益固定为 1，SE（单端测序）的 barcode 相机增益固定为 2。

由上可知目标相机增益小于步骤 101a 中拍摄基因图像的相机增益。也即存在目标相机增益向低值合并的情况，如 AT 对应向低值合并，CG 向低值合并；或波长相近的向低值合并。

步骤 104a、触发相机以目标参数值对待测序样本进行重新拍摄，以使重新拍摄的基因图像与预设特征相匹配。

当拍摄参数包括相机增益时，则触发相机以与当前拍摄场景相匹配的相机增益对待测序样本进行重新拍摄，以使重新拍摄的基因图像与预设特征相匹配。

本发明实施例提供过的基因图像获取方法，能够为基因测序提供质量较好，符合基因测序需求的基因图像，避免基因测序测试过程中因图像质量不佳导致的测序中断（例如无法进行图像配准或无法自动找焦面），避免数据量的损失以及数据不可用，从而能够实现有效的基因测序，整体提高基因测序的效率和准确性。

因拍摄场景不可控，会导致待测序样本产生的荧光信号不可控，进而导致基因图像的亮度不可控，较难获取质量较好的基因图像，通过对相机增益的线性调节，即可确定与当前拍摄场景相匹配的相机增益，操作便捷，且基于该相机增益拍摄得到的基因图像亮度适中，图像质量较好。本发明实施例中还能实现同一张基因图像不同区域分别使用不同的相机增益，使基因图片

达到整体亮度适中的效果。

图 1b 为本发明一示例性实施例提供的另一种基因测序方法的流程图，该基因测序方法包括以下步骤：

步骤 101b、基于光的目标波长范围获取相机对测序样本进行拍摄得到的第一基因图像。

其中，光的目标波长范围可以根据实际情况自行确定。

步骤 102b、获取目标波长范围对应的预设特征条件。

在一个实施例中，步骤 102b 包括：

S1b、获取目标波长范围对应的历史基因图像；

S2b、确定历史基因图像的特征值与历史基因图像的曝光点数的关联关系；

S3b、从历史基因图像中筛选符合测序质量条件的目标历史基因图像；

S4b、根据目标历史基因图像确定目标曝光点数范围；

S5b、根据目标曝光点数范围和关联关系确定特征值范围。

步骤 S1b~S5 b 的具体实现方式与 S1a~S5a 相同，此处不再赘述。

步骤 103b、根据第一基因图像的图像特征和预设特征条件确定拍摄参数的目标参数值。

在一个实施例中，步骤 103b 包括：根据预先确定的图像特征、预设特征条件与拍摄参数的参数值的对应关系，确定目标相机增益。

该对应关系可预先对图像特征、预设特征条件与拍摄参数的参数值拟合得到，根据该对应关系，即可确定与第一基因图像的图像特征和预设特征条件相匹配的拍摄参数的目标参数值。

步骤 104b、触发相机以目标参数值对待测序样本进行重新拍摄，以使重新拍摄得到的第二基因图像的图像特征符合预设特征条件。

本发明实施例提供过的基因图像获取方法，能够为基因测序提供质量较好，符合基因测序需求的基因图像，避免基因测序测试过程中因图像质量不

佳导致的测序中断（例如无法进行图像配准或无法自动找焦面），避免数据量的损失以及数据不可用，从而能够实现有效的基因测序，整体提高基因测序的效率和准确性。

图 3 为本发明一示例实施例提供的一种基因测序方法的流程图，该基因测序方法包括：

步骤 301、获取待测序样本的基因图像。

其中，该基因图像采用上述任一实施例提供的基因图像获取方法获取得到。

步骤 303、根据基因图像对测序样本进行基因测序。

本发明实施例获取的基因图像均符合基因测序需求，根据该基因图像能够实现对测序样本的有效测序，且准确率和效率均较高。

在把一张芯片都拍摄完成之后，会做生化切除合成反应，把已经拍过图像的碱基结合的染料洗掉，让这条链的下一个碱基结合新的染料，所以之后同一个 DNA 点位发出光的波长可能会不同，通过每次拍摄在不同的图像上得到的灰度值来判断其碱基类型，从而最终组合得出这一条 DNA 链的序列。

参见图 4a 和图 4b，图中一部分设置为自动调增益，一部分设置为其他条件的默认参数。该测试增益的自动调节结果一链 ATGC 为 3333，二链为 1122，即一链 AT 增益为 3，GC 增益为 3，二链 AT 增益为 1，CG 增益为 2，barcode 四个通道增益都为 1。碱基 AT 是互补对，碱基 CG 是互补对，理论上 AT 的碱基含量一致，CG 的碱基含量一致，上图横轴为测序的 cycle 数，纵轴分别为 AT 和 CG 含量的差值，数据越接近于 0 越好，但如果所有配置结果一致的话，说明是别的原因导致了碱基分离，此测试是为了对比说明自动调节增益之后的结果相对最好。自动调节的结果碱基分布正常，且下机错误率和比对率 mappingrate 均较好。

与前述基因测序方法、基因图像获取方法实施例相对应，本发明还提供了基因测序装置、基因图像获取装置的实施例。

图5为本发明一示例性实施例提供的一种基因图像获取装置的模块示意图，该基因图像获取装置包括：

获取模块51，用于获取相机对待测序样本进行拍摄得到的基因图像；

判断模块52，用于判断所述基因图像的图像特征是否符合预设特征条件，并在判断结果为否的情况下，调用确定模块；

所述确定模块53，用于确定与当前拍摄场景相匹配的拍摄参数的目标参数值；

触发模块54，用于触发所述相机以所述目标参数值对所述待测序样本进行重新拍摄，以使所述重新拍摄得到的基因图像的图像特征符合预设特征条件。

可选地，所述图像特征的数量为至少两个，所述预设特征条件包括各个图像特征的特征值范围；

判断模块具体用于：

判断各个图像特征的特征值是否均落入对应的特征值范围。

可选地，所述图像特征包括灰度值的中位数，预设特征条件包括第一特征值范围；判断模块具体用于：判断所述灰度值的中位数是否落入第一特征值范围；

和/或，所述图像特征包括灰度值的平均值，预设特征包括第二特征值范围；判断模块具体用：判断所述灰度值的平均值是否落入第二特征值范围；

和/或，所述图像特征包括目标像素点的灰度值，预设特征包括第三特征值范围；判断模块具体用：判断所述目标像素点的灰度值是否落入第三特征值范围。

可选地，特征值范围根据实验数据确定，所述实验数据包括：不同的拍摄参数对所述图像特征的影响数据、基因图像包含的曝光点数与所述图像特征的关系数据、不影响图像质量的信号强度。

可选地，所述拍摄参数包括相机增益；

触发模块具体用于：

触发所述相机以所述相机增益的目标参数值对所述待测序样本进行重新拍摄。

可选地，所述拍摄参数包括相机增益；

确定模块具体用于：

根据预先确定的拍摄场景与相机增益的对应关系，确定与当前拍摄场景相匹配的目标相机增益。

本发明实施例还提供一种基因图像获取装置，该装置包括：

获取模块，用于基于光的目标波长范围获取相机对测序样本进行拍摄得到的第一基因图像，并获取所述目标波长范围对应的预设特征条件；

确定模块，用于根据所述第一基因图像的图像特征和所述预设特征条件确定拍摄参数的目标参数值；

触发模块，用于触发所述相机以所述目标参数值对所述待测序样本进行重新拍摄，以使所述重新拍摄得到的第二基因图像的图像特征符合所述预设特征条件。

可选地，所述预设特征条件包括特征值范围；

获取模块包括：

获取单元，用于获取目标波长范围对应的历史基因图像；

第一确定单元，用于确定历史基因图像的特征值与所述历史基因图像的曝光点数的关联关系；

筛选单元，用于从所述历史基因图像中筛选符合测序质量条件的目标历史基因图像；

第二确定单元，用于根据所述目标历史基因图像确定目标曝光点数范围；

第三确定单元，用于根据所述目标曝光点数范围和所述关联关系确定所述特征值范围。

可选地，所述确定模块具体用于：根据预先确定的图像特征、预设特征

条件与拍摄参数的参数值的对应关系，确定所述目标相机增益。

可选地，拍摄第二基因图像的目标相机增益小于拍摄第一基因图像的相机增益。也即存在参数值（相机增益）向低值合并的情况，如 AT 对应向低值合并，CG 向低值合并；或波长相近的向低值合并。

本发明实施例还提供一种基因测序系统，包括：测序装置以及基因图像获取装置；所述基因图像获取装置用于通过上述任一实施例提供的基因图像获取方法获取基因图像；所述测序装置用于根据所述基因图像对所述测序样本进行基因测序。

对于装置、系统实施例而言，由于其基本对应于方法实施例，所以相关之处参见方法实施例的部分说明即可。以上所描述的装置、系统实施例仅仅是示意性的，其中所述作为分离部件说明的单元可以是或者也可以不是物理上分开的，作为单元显示的部件可以是或者也可以不是物理单元，即可以位于一个地方，或者也可以分布到多个网络单元上。可以根据实际的需要选择其中的部分或者全部模块来实现本发明方案的目的。本领域普通技术人员在不付出创造性劳动的情况下，即可以理解并实施。

图 6 为本发明一示例实施例示出的一种电子设备的结构示意图，示出了适于用来实现本发明实施方式的示例性电子设备 60 的框图。图 6 显示的电子设备 60 仅仅是一个示例，不应对本发明实施例的功能和使用范围带来任何限制。

如图 6 所示，电子设备 60 可以以通用计算设备的形式表现，例如其可以为服务器设备。电子设备 60 的组件可以包括但不限于：上述至少一个处理器 61、上述至少一个存储器 62、连接不同系统组件(包括存储器 62 和处理器 61)的总线 63。

总线 63 包括数据总线、地址总线和控制总线。

存储器 62 可以包括易失性存储器，例如随机存取存储器(RAM) 621 和/或高速缓存存储器 622，还可以进一步包括只读存储器(ROM)623。

存储器 62 还可以包括具有一组(至少一个)程序模块 624 的程序工具 625 (或实用工具), 这样的程序模块 624 包括但不限于: 操作系统、一个或者多个应用程序、其它程序模块以及程序数据, 这些示例中的每一个或某种组合中可能包括网络环境的实现。

处理器 61 通过运行存储在存储器 62 中的计算机程序, 从而执行各种功能应用以及数据处理, 例如上述任一实施例所提供的方法。

电子设备 60 也可以与一个或多个外部设备 64(例如键盘、指向设备等)通信。这种通信可以通过输入/输出(I/O)接口 65 进行。并且, 模型生成的电子设备 60 还可以通过网络适配器 66 与一个或者多个网络(例如局域网(LAN), 广域网(WAN)和/或公共网络, 例如因特网)通信。如图所示, 网络适配器 66 通过总线 63 与模型生成的电子设备 60 的其它模块通信。应当明白, 尽管图中未示出, 可以结合模型生成的电子设备 60 使用其它硬件和/或软件模块, 包括但不限于: 微代码、设备驱动器、冗余处理器、外部磁盘驱动阵列、RAID (磁盘阵列) 系统、磁带驱动器以及数据备份存储系统等。

应当注意, 尽管在上文详细描述中提及了电子设备的若干单元/模块或子单元/模块, 但是这种划分仅仅是示例性的并非强制性的。实际上, 根据本发明的实施方式, 上文描述的两个或更多单元/模块的特征和功能可以在一个单元/模块中具体化。反之, 上文描述的一个单元/模块的特征和功能可以进一步划分为由多个单元/模块来具体化。

本发明实施例还提供一种计算机可读存储介质, 其上存储有计算机程序, 所述程序被处理器执行时实现上述任一实施例所提供的方法。

其中, 可读存储介质可以采用的更具体可以包括但不限于: 便携式盘、硬盘、随机存取存储器、只读存储器、可擦拭可编程只读存储器、光存储器件、磁存储器件或上述的任意合适的组合。

在可能的实施方式中, 本发明实施例还可以实现为一种程序产品的形式, 其包括程序代码, 当所述程序产品在终端设备上运行时, 所述程序代码用于

使所述终端设备执行实现上述任一实施例的方法。

其中，可以以一种或多种程序设计语言的任意组合来编写用于执行本发明的程序代码，所述程序代码可以完全地在用户设备上执行、部分地在用户设备上执行、作为一个独立的软件包执行、部分在用户设备上部分在远程设备上执行或完全在远程设备上执行。

虽然以上描述了本发明的具体实施方式，但是本领域的技术人员应当理解，这些仅是举例说明，在不背离本发明的原理和实质的前提下，可以对这些实施方式做出多种变更或修改。因此，本发明的保护范围由所附权利要求书限定。

权利要求

1.一种基因图像获取方法，其特征在于，包括：

获取相机对待测序样本进行拍摄得到的基因图像；

判断所述基因图像的图像特征是否符合预设特征条件；

在判断结果为否的情况下，确定与当前拍摄场景相匹配的拍摄参数的目标参数值；

触发所述相机以所述目标参数值对所述待测序样本进行重新拍摄，以使所述重新拍摄得到的基因图像的图像特征符合预设特征条件。

2.根据权利要求1所述的基因图像获取方法，其特征在于，所述图像特征的数量为至少两个，所述预设特征条件包括各个图像特征的特征值范围；

判断所述基因图像的图像特征是否符合预设特征条件，包括：

判断各个图像特征的特征值是否均落入对应的特征值范围。

3.根据权利要求1所述的基因图像获取方法，其特征在于，所述图像特征包括灰度值的中位数，预设特征条件包括第一特征值范围；判断所述基因图像的图像特征是否符合预设特征条件，包括：判断所述灰度值的中位数是否落入第一特征值范围；

和/或，所述图像特征包括灰度值的平均值，预设特征包括第二特征值范围；判断所述基因图像的图像特征是否符合预设特征条件，包括：判断所述灰度值的平均值是否落入第二特征值范围；

和/或，所述图像特征包括目标像素点的灰度值，预设特征包括第三特征值范围；判断所述基因图像的图像特征是否符合预设特征条件，包括：判断所述目标像素点的灰度值是否落入第三特征值范围。

4.根据权利要求2所述的基因图像获取方法，其特征在于，特征值范围根据实验数据确定，所述实验数据包括：不同的拍摄参数对所述图像特征的影响数据、基因图像包含的曝光点数与所述图像特征的关系数据、不影响图

像质量的信号强度。

5.根据权利要求 1 所述的基因图像获取方法，其特征在于，所述拍摄参数包括相机增益；

触发所述相机以所述目标参数值对所述待测序样本进行重新拍摄，包括：
触发所述相机以所述相机增益的目标参数值对所述待测序样本进行重新拍摄。

6.根据权利要求 1-5 中任一项所述的基因图像获取方法，其特征在于，所述拍摄参数包括相机增益；

确定与当前拍摄场景相匹配的拍摄参数的目标参数值，包括：

根据预先确定的拍摄场景与相机增益的对应关系，确定与当前拍摄场景相匹配的目标相机增益。

7.根据权利要求 1-5 中任一项所述的基因图像获取方法，其特征在于，所述预设特征条件包括特征值范围；所述基因图像获取方法还包括：

确定历史基因图像的特征值与所述历史基因图像的曝光点数的关联关系；所述历史基因图像为基于光的目标波长范围获取的基因图像；

从所述历史基因图像中筛选符合测序质量条件的目标历史基因图像；

根据所述目标历史基因图像确定目标曝光点数范围；

根据所述目标曝光点数范围和所述关联关系确定所述特征值范围。

8.一种基因图像获取方法，其特征在于，包括：

基于光的目标波长范围获取相机对测序样本进行拍摄得到的第一基因图像；

获取所述目标波长范围对应的预设特征条件；

根据所述第一基因图像的图像特征和所述预设特征条件确定拍摄参数的目标参数值；

触发所述相机以所述目标参数值对待测序样本进行重新拍摄，以使所述重新拍摄得到的第二基因图像的图像特征符合所述预设特征条件。

9.根据权利要求 8 所述的基因图像获取方法，其特征在于，所述预设特征条件包括特征值范围；

所述获取所述目标波长范围对应的预设特征条件包括：

获取目标波长范围对应的历史基因图像；

确定历史基因图像的特征值与所述历史基因图像的曝光点数的关联关系；

从所述历史基因图像中筛选符合测序质量条件的目标历史基因图像；

根据所述目标历史基因图像确定目标曝光点数范围；

根据所述目标曝光点数范围和所述关联关系确定所述特征值范围。

10.根据权利要求 8 或 9 所述的基因图像获取方法，其特征在于，所述拍摄参数包括相机增益；所述根据所述第一基因图像的图像特征和所述预设特征条件确定拍摄参数的目标参数值包括：

根据预先确定的图像特征、预设特征条件与拍摄参数的参数值的对应关系，确定目标相机增益。

11.根据权利要求 10 所述的基因图像获取方法，其特征在于，拍摄第二基因图像的目标相机增益小于拍摄第一基因图像的相机增益。

12.一种基因测序方法，其特征在于，包括：

获取待测序样本的基因图像，所述基因图像采用权利要求 1-11 中任一项所述的基因图像获取方法获取；

根据所述基因图像对所述测序样本进行基因测序。

13.一种基因图像获取装置，其特征在于，包括：

获取模块，用于获取相机对待测序样本进行拍摄得到的基因图像；

判断模块，用于判断所述基因图像的图像特征是否符合预设特征条件，并在判断结果为否的情况下，调用确定模块；

所述确定模块，用于确定与当前拍摄场景相匹配的拍摄参数的目标参数值；

触发模块，用于触发所述相机以所述目标参数值对所述待测序样本进行重新拍摄，以使所述重新拍摄得到的基因图像的图像特征符合预设特征条件。

14.一种基因图像获取装置，其特征在于，包括：

获取模块，用于基于光的目标波长范围获取相机对测序样本进行拍摄得到的第一基因图像，并获取所述目标波长范围对应的预设特征条件；

确定模块，用于根据所述第一基因图像的图像特征和所述预设特征条件确定拍摄参数的目标参数值；

触发模块，用于触发所述相机以所述目标参数值对待测序样本进行重新拍摄，以使所述重新拍摄得到的第二基因图像的图像特征符合所述预设特征条件。

15.一种基因测序系统，其特征在于，包括：测序装置以及基因图像获取装置；

所述基因图像获取装置，用于通过执行权利要求 1-11 中任一项所述的基因图像获取方法获取基因图像；

所述测序装置，用于根据所述基因图像对所述测序样本进行基因测序。

16.一种电子设备，包括存储器、处理器及存储在存储器上并可在处理器上运行的计算机程序，其特征在于，所述处理器执行所述计算机程序时实现权利要求 1 至 12 任一项所述的方法。

17.一种计算机可读存储介质，其上存储有计算机程序，其特征在于，所述计算机程序被处理器执行时实现权利要求 1 至 12 任一项所述的方法。

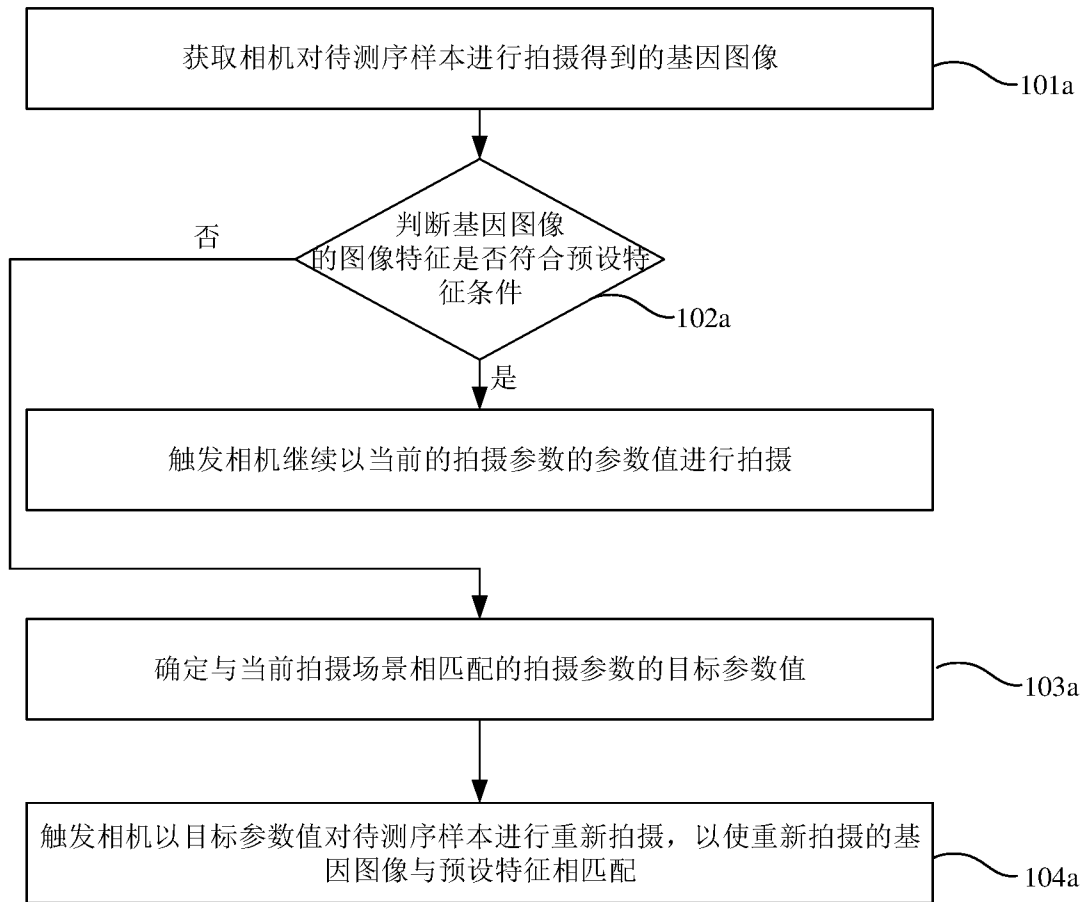


图 1a

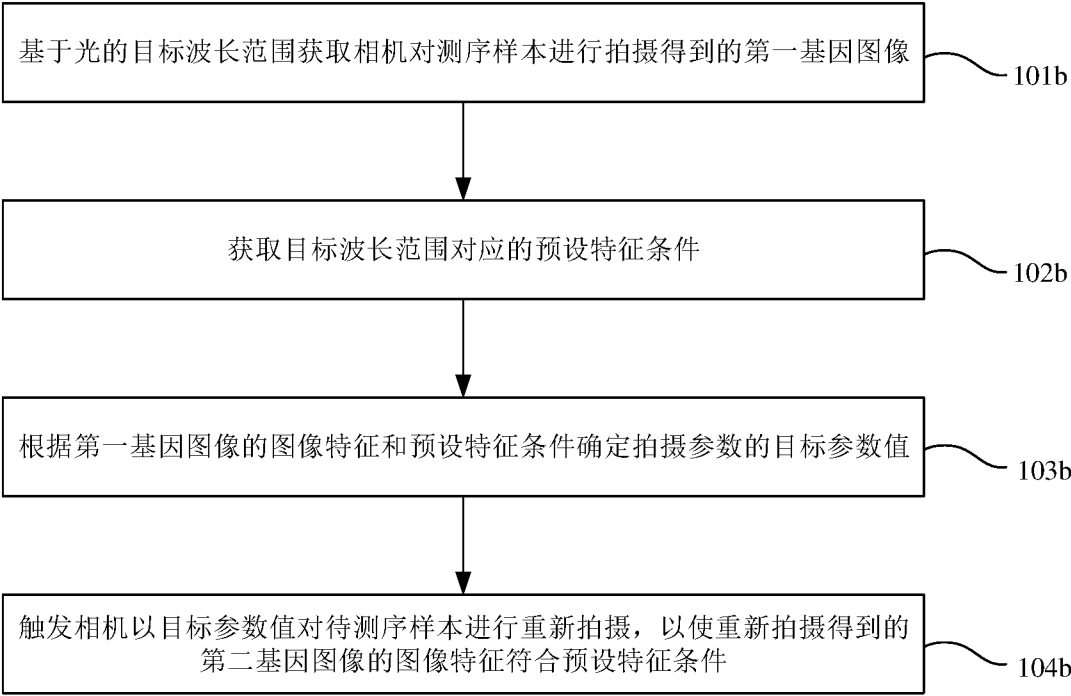


图 1b

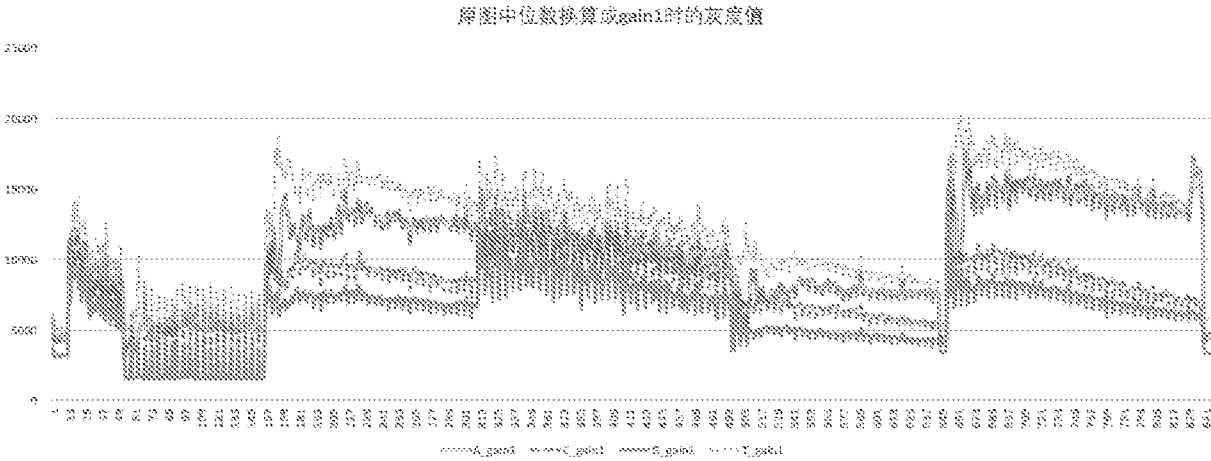


图 2a

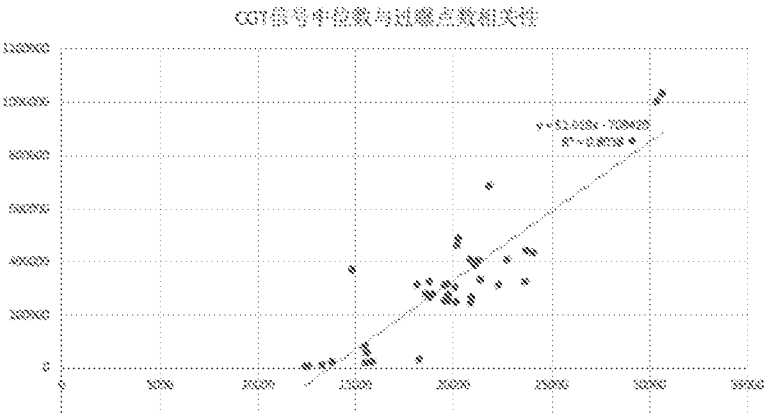


图 2b

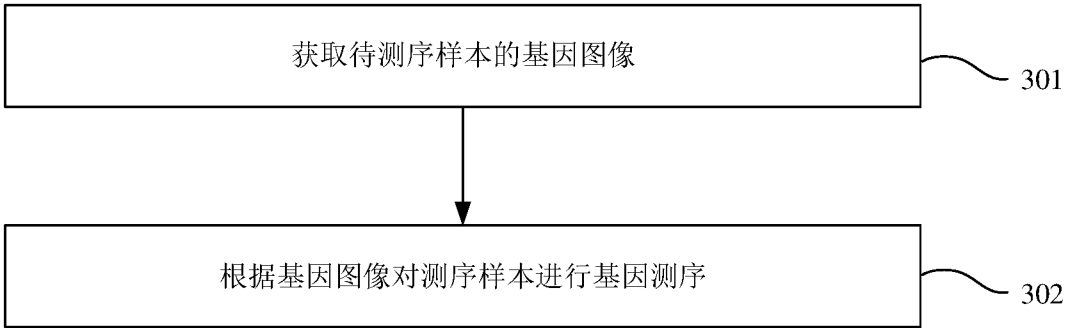


图 3

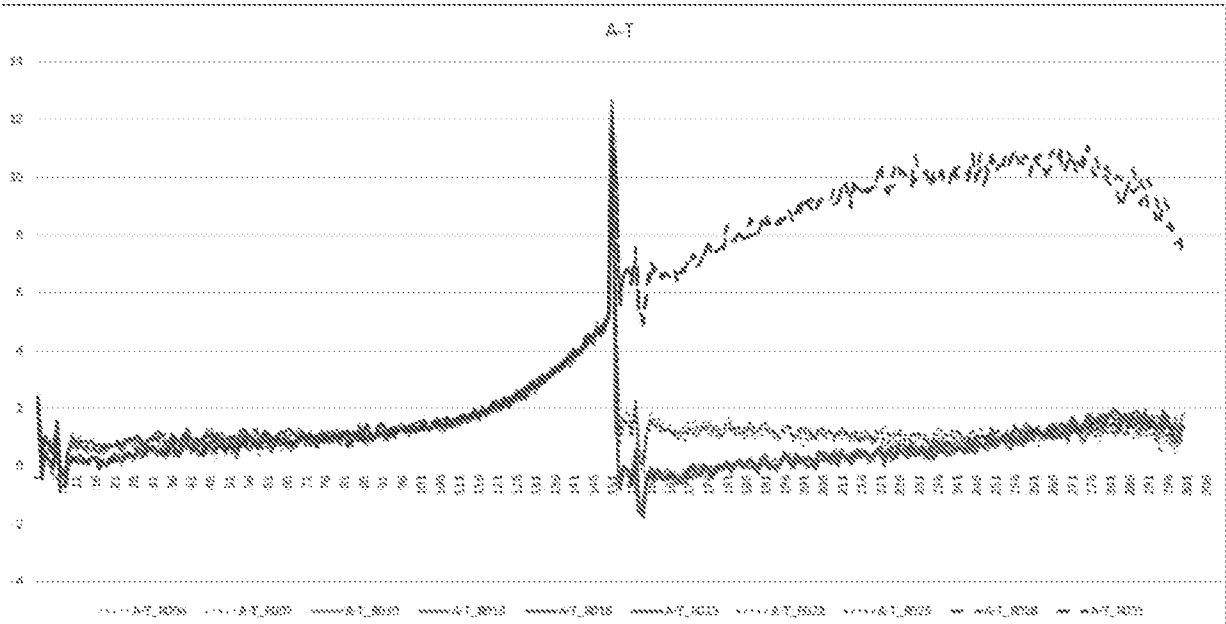


图 4a

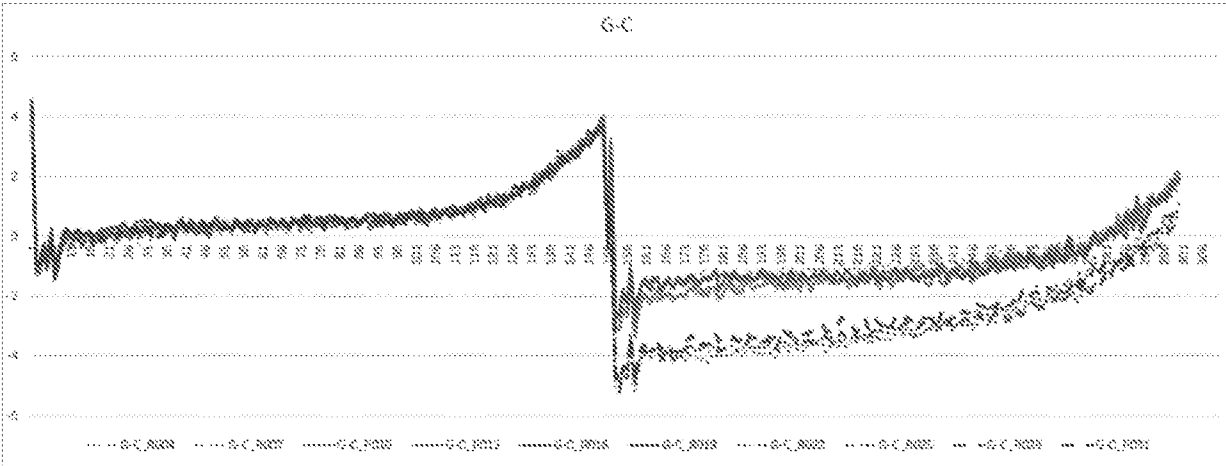


图 4b

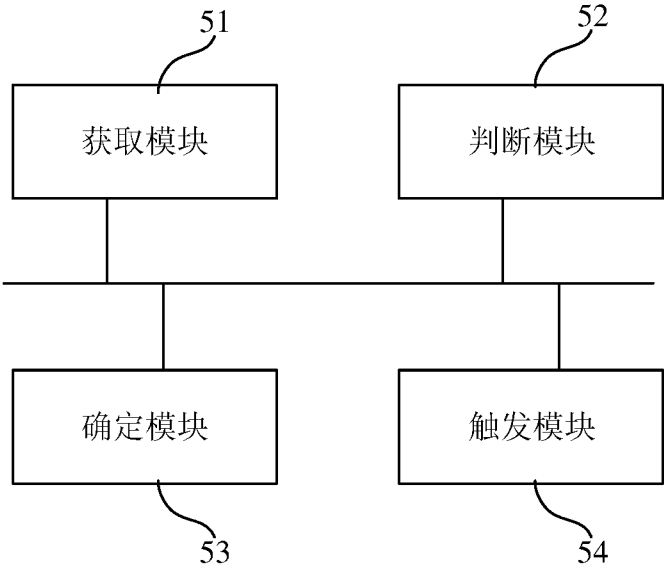


图 5

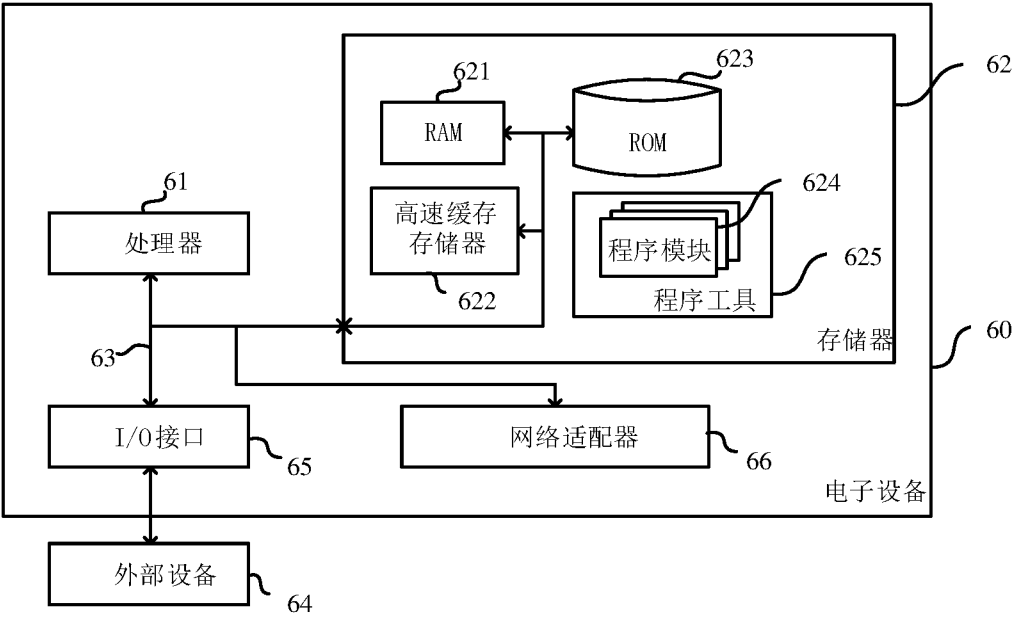


图 6

INTERNATIONAL SEARCH REPORT

International application No.

PCT/CN2022/138731

A. CLASSIFICATION OF SUBJECT MATTER

G06T 7/80(2017.01)i

According to International Patent Classification (IPC) or to both national classification and IPC

B. FIELDS SEARCHED

Minimum documentation searched (classification system followed by classification symbols)

IPC: G06T

Documentation searched other than minimum documentation to the extent that such documents are included in the fields searched

Electronic data base consulted during the international search (name of data base and, where practicable, search terms used)

CNABS, CNTXT, WOTXT, EPTXT, USTXT, CNKI, IEEE, VEN: 相机, 参数, 测序, 基因, 图像, 图像特征, 预设, 条件, 场景, 匹配, 拍摄, 范围, 灰度值, 中位数, 平均值, 曝光, 信号, 增益, 历史, 波长, camera, parameter, sequencing, gene, image, feature, preset, condition, scene, match, shot, range, gray value, median, average, exposure, signal, gain, history, wavelength

C. DOCUMENTS CONSIDERED TO BE RELEVANT

Category*	Citation of document, with indication, where appropriate, of the relevant passages	Relevant to claim No.
Y	CN 105629780 A (BGI SHENZHEN et al.) 01 June 2016 (2016-06-01) description, paragraphs [0033]-[0103], and figures 1-5	1-17
Y	CN 112040091 A (SHINING 3D TECH. CO., LTD.) 04 December 2020 (2020-12-04) description, paragraphs [0033]-[0123], and figures 1-10	1-17
Y	CN 113989387 A (VIVO MOBILE COMMUNICATION CO., LTD.) 28 January 2022 (2022-01-28) description, paragraphs [0025]-[0132]	1-17
A	CN 113496463 A (SHENZHEN BGI LIFE SCIENCES RESEARCH INSTITUTE) 12 October 2021 (2021-10-12) entire document	1-17
A	US 2021400171 A1 (ZHEJIANG UNIVIEW TECHNOLOGIES CO., LTD.) 23 December 2021 (2021-12-23) entire document	1-17



Further documents are listed in the continuation of Box C.



See patent family annex.

* Special categories of cited documents:

“A” document defining the general state of the art which is not considered to be of particular relevance
 “D” document cited by the applicant in the international application
 “E” earlier application or patent but published on or after the international filing date
 “L” document which may throw doubts on priority claim(s) or which is cited to establish the publication date of another citation or other special reason (as specified)
 “O” document referring to an oral disclosure, use, exhibition or other means
 “P” document published prior to the international filing date but later than the priority date claimed

“T” later document published after the international filing date or priority date and not in conflict with the application but cited to understand the principle or theory underlying the invention

“X” document of particular relevance; the claimed invention cannot be considered novel or cannot be considered to involve an inventive step when the document is taken alone

“Y” document of particular relevance; the claimed invention cannot be considered to involve an inventive step when the document is combined with one or more other such documents, such combination being obvious to a person skilled in the art

“&” document member of the same patent family

Date of the actual completion of the international search

20 June 2023

Date of mailing of the international search report

23 June 2023

Name and mailing address of the ISA/CN

China National Intellectual Property Administration (ISA/
CN)
China No. 6, Xitucheng Road, Jimenqiao, Haidian District,
Beijing 100088

Authorized officer

Telephone No.

INTERNATIONAL SEARCH REPORT
Information on patent family members

International application No.

PCT/CN2022/138731

Patent document cited in search report			Publication date (day/month/year)	Patent family member(s)			Publication date (day/month/year)
CN	105629780	A	01 June 2016	HK	1220015	A1	21 April 2017
CN	112040091	A	04 December 2020	None			
CN	113989387	A	28 January 2022	None			
CN	113496463	A	12 October 2021	None			
US	2021400171	A1	23 December 2021	WO	2020093651	A1	14 May 2020
				EP	3879814	A1	15 September 2021
				EP	3879814	A4	31 August 2022

国际检索报告

国际申请号

PCT/CN2022/138731

A. 主题的分类 G06T 7/80 (2017.01) i 按照国际专利分类 (IPC) 或者同时按照国家分类和 IPC 两种分类		
B. 检索领域 检索的最低限度文献 (标明分类系统和分类号) IPC: G06T 包含在检索领域中的除最低限度文献以外的检索文献 在国际检索时查阅的电子数据库 (数据库的名称, 和使用的检索词 (如使用)) CNABS, CNTXT, WOTXT, EPTXT, USTXT, CNKI, IEEE, VEN; 相机, 参数, 测序, 基因, 图像, 图像特征, 预设, 条件, 场景, 匹配, 拍摄, 范围, 灰度值, 中位数, 平均值, 曝光, 信号, 增益, 历史, 波长, camera, parameter, sequencing, gene, image, feature, preset, condition, scene, match, shot, range, gray value, median, average, exposure, signal, gain, history, wavelength		
C. 相关文件		
类 型*	引用文件, 必要时, 指明相关段落	相关的权利要求
Y	CN 105629780 A (深圳华大基因研究院 等) 2016年6月1日 (2016 - 06 - 01) 说明书第[0033]-[0103]段, 附图1-5	1-17
Y	CN 112040091 A (先临三维科技股份有限公司) 2020年12月4日 (2020 - 12 - 04) 说明书第[0033]-[0123]段, 附图1-10	1-17
Y	CN 113989387 A (维沃移动通信有限公司) 2022年1月28日 (2022 - 01 - 28) 说明书第[0025]-[0132]段	1-17
A	CN 113496463 A (深圳华大生命科学研究院) 2021年10月12日 (2021 - 10 - 12) 全文	1-17
A	US 2021400171 A1 (ZHEJIANG UNIVIEW TECHNOLOGIES CO., LTD.) 2021年12月23日 (2021 - 12 - 23) 全文	1-17
☐ 其余文件在C栏的续页中列出。 ☒ 见同族专利附件。		
* 引用文件的具体类型: “A” 认为不特别相关的表示了现有技术一般状态的文件 “D” 申请人在国际申请中引证的文件 “E” 在国际申请日的当天或之后公布的在先申请或专利 “L” 可能对优先权要求构成怀疑的文件, 或为确定另一篇引用文件的公布日而引用的或者因其他特殊理由而引用的文件 (如具体说明的) “O” 涉及口头公开、使用、展览或其他方式公开的文件 “P” 公布日先于国际申请日但迟于所要求的优先权日的文件 “T” 在申请日或优先权日之后公布, 与申请不相抵触, 但为了理解发明之理论或原理的在后文件 “X” 特别相关的文件, 单独考虑该文件, 认定要求保护的发明不是新颖的或不具有创造性 “Y” 特别相关的文件, 当该文件与另一篇或者多篇该类文件结合并且这种结合对于本领域技术人员为显而易见时, 要求保护的发明不具有创造性 “&” 同族专利的文件		
国际检索实际完成的日期 2023年6月20日		国际检索报告邮寄日期 2023年6月23日
ISA/CN的名称和邮寄地址 中国国家知识产权局 中国北京市海淀区蓟门桥西土城路6号 100088		授权官员 徐淑娴 电话号码 (+86) 010-53961535

国际检索报告
关于同族专利的信息

国际申请号

PCT/CN2022/138731

检索报告引用的专利文件			公布日 (年/月/日)	同族专利			公布日 (年/月/日)
CN	105629780	A	2016年6月1日	HK	1220015	A1	2017年4月21日
CN	112040091	A	2020年12月4日	无			
CN	113989387	A	2022年1月28日	无			
CN	113496463	A	2021年10月12日	无			
US	2021400171	A1	2021年12月23日	W0	2020093651	A1	2020年5月14日
				EP	3879814	A1	2021年9月15日
				EP	3879814	A4	2022年8月31日