

光谱学与光谱分析

荧光关联谱的数据处理改进方法

王硕<sup>1</sup>, 金雷<sup>2\*</sup>, 陈颍延<sup>1</sup>

1. 清华大学物理系, 原子分子纳米科学教育部重点实验室, 北京 100084

2. 香港中文大学电子工程系, 光电子学实验室, 中国香港

收稿日期 2007-9-16 修回日期 2007-12-18 网络版发布日期 2008-11-26

**摘要** 荧光关联谱方法凭借其独特的对溶质浓度及扩散系数的测量能力, 在对复杂系统的分子物理化学性质测量方面, 不断扩大和深化其应用领域。但是从经典上, 传统的荧光关联谱数据处理方法容易在拟合自相关曲线的参数时引入一定的误差, 而且图表上的直观信息不多。针对以上问题, 在文章中作者尝试用带有微分的数据处理办法, 来更直观地估测参数并判断荧光多组分问题。经典自相关曲线处理后的微分曲线, 有特异的波谷位置、深度和半深宽度, 由此可判断特征扩散时间和多荧光成分的组分数目。此改进方法为利用荧光涨落谱方法测量生物组织体内的复杂环境提供帮助。

**关键词** [荧光关联谱](#) [数据处理](#) [微分曲线](#) [估测参数](#) [多荧光组分](#)

**分类号** [O43](#), [Q632](#)

**DOI:** 10.3964/j.issn.1000-0593(2008)11-2601-04

通讯作者:

金雷 [ljjin@ee.cuhk.edu.hk](mailto:ljjin@ee.cuhk.edu.hk)

## 扩展功能

本文信息

▶ [Supporting info](#)

▶ [PDF \(928KB\)](#)

▶ [\[HTML全文\] \(0KB\)](#)

▶ [参考文献 \[PDF\]](#)

▶ [参考文献](#)

服务与反馈

▶ [把本文推荐给朋友](#)

▶ [加入我的书架](#)

▶ [加入引用管理器](#)

▶ [引用本文](#)

▶ [Email Alert](#)

▶ [文章反馈](#)

▶ [浏览反馈信息](#)

相关信息

▶ [本刊中包含“荧光关联谱”的相关文章](#)

▶ 本文作者相关文章

· [王硕](#)

· [金雷](#)

· [陈颍延](#)