



### ● スペクトルの位相補正

位相補正は基本的に自動で行われますが、手で修正したいときなどは以下の手順でスペクトルの位相を合わせることができます。

まず、データを読み込むと表示されるツールバーの[手動位相補正]ボタンをクリックし、位相補正モードに切り替えます。その際、自動で最大ピークの位置にピボットポイント(緑色の線)が設定されます。ピボットポイントは線の上にあるグラブボックスを左クリックしてドラッグすることで移動できます。

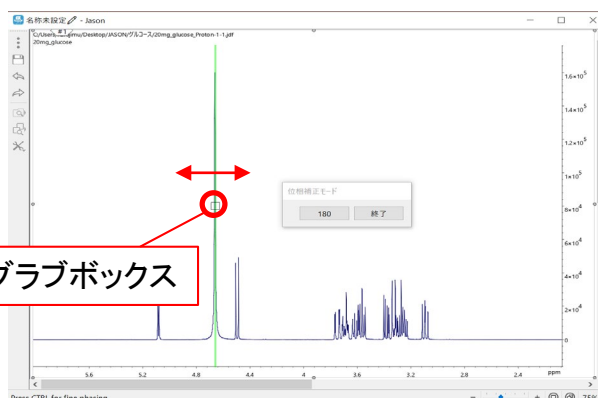
#### 【1次元スペクトル】

0次位相補正(P0)は左クリックしてドラッグ、1次位相補正(P1)は右クリックしてドラッグすることで、スペクトルの位相を合わせることができます。

ツールバー



手動位相補正

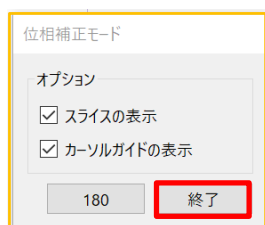


グラブボックス

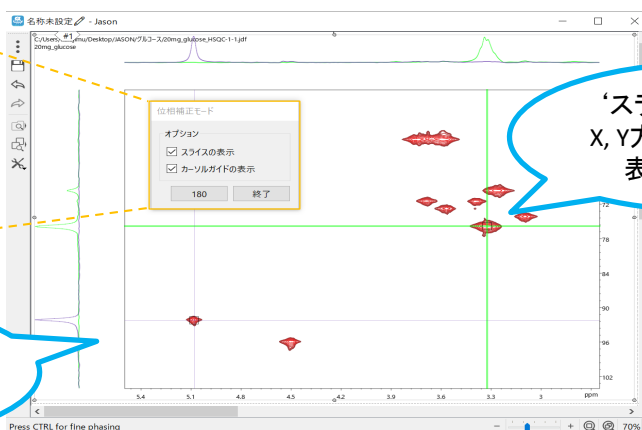
#### 【2次元スペクトル】

位相補正モードのオプションの‘スライスの表示’にチェックを入れると、ピボットポイントを通過するXおよびYのトレース(緑色のスペクトル)が表示されます。また、‘カーソルガイドの表示’にチェックを入れると、2番目のトレースセット(青色のスペクトル)が選択できるようになります。

P0およびP1の補正は1次元と同様の方法で行えます。水平方向に動かすと直接軸の位相、垂直方向に動かすと間接軸の位相、斜めに動かすと両方の軸の位相が同時に変化します。



‘カーソルガイドの表示’で2番目のトレースセットが表示されます。



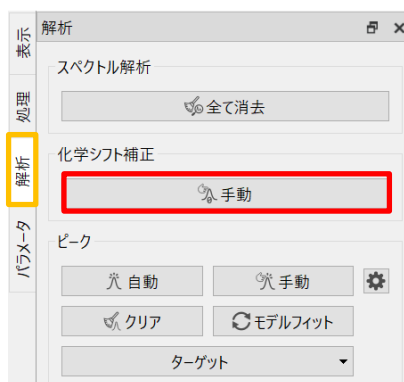
‘スライスの表示’でX, Y方向のトレースが表示されます。

位相の補正が終わったら、[終了]をクリックして元の画面に切り替えます。



## ● 化学シフト補正

解析タブページの‘化学シフト補正’の[手動]ボタンをクリックした後、ピークトップにカーソルを合わせ、ピークを選択します。リファレンス信号の値を入力して[OK]を押すと、スペクトル全体の化学シフトが補正されます。



※これらはJASON(JEOL Analytical Software Network) ver.1.3Iによるものです。