NMR spectrum analysis

1. Получение спектра

1.1 Загрузка даных

```
In [1]:
         import numpy as np
         import nmrglue as nmr
         Содержимое папки 1Н:
In [2]: ls 1H
        1H-O-CDCl3.fid/ 1H-2-CDCl3.fid/
                                             1H-4-CDCl3.fid/
                                                               README.md
        1H-1-CDCl3.fid/ 1H-3-CDCl3.fid/
                                            1H-5-CDCl3.fid/
                                                               Брутоформулы.txt
         Брутто-формулы (как видно наша это С6Н1202 под номером 2):
In [3]: cat 1H/Брутоформулы.txt
        0
                C4H802
                C3H602
        1
        2
                C6H1202
        3
                C8H803
        4
                C5H1002
        5
                C4H1002
In [4]: # nmrglue.variant.read() принимает папку, а не файл
         metadata, signal = nmr.varian.read("1H/1H-2-CDCl3.fid")
         type(metadata), type(signal)
Out[4]: (dict, numpy.ndarray)
         Метаданые это большой словарь с нечитаемыми полями:
In [5]: metadata.keys()
Out[5]: dict_keys(['nblocks', 'ntraces', 'np', 'ebytes', 'tbytes', 'bbytes', 'vers_id', 'sta
tus', 'nbheaders', 'S_DATA', 'S_SPEC', 'S_32', 'S_FLOAT', 'S_COMPLEX', 'S_HYPERCOMPL
         EX', 'S ACQPAR', 'S SECND', 'S TRANSF', 'S NP', 'S NF', 'S NI', 'S NI2', 'procpar'])
In [6]: # [key for key in metadata["procpar"].keys() if "fr" in key]
In [7]: nu 0 = float(metadata["procpar"]["sfrq"]['values'][0]) * 1e6 # 500 MHz = nu 0
         nu 0
Out[7]: 499853183.7
In [8]: signal t = float(metadata["procpar"]["at"]["values"][0]) # Signal recording time, sec
         signal t
Out[8]: 2.9999424
```

Описания полей можно найти только в документации производителя (и то не факт, что это открытая информация), nmrglue к большому сожалению их не приводит. В нём существует функция guess_udic , которая экстрагирует наиболее важные значения и представляет в формате, описываемой документацией nmrglue . К сожалению, у меня не получилось

заставить её работать с этими данными

Сигнал это простой одномерный массив комплексных чисел:

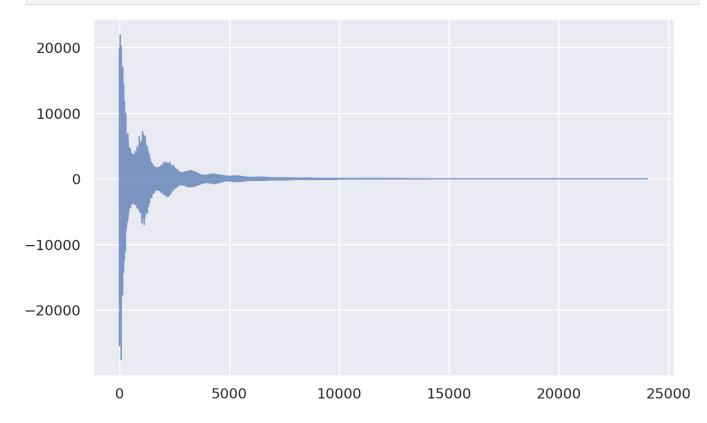
```
In [9]: signal.shape, signal.dtype
Out[9]: ((24038,), dtype('complex64'))
In [10]: spectrum_max_Hz = (signal.shape[0] - 1) / signal_t
spectrum_max_Hz
Out[10]: 8012.487173087056
In [11]: spectrum_Hz = np.linspace(0, spectrum_max_Hz, signal.shape[0])
```

1.2 Необработанный сигнал

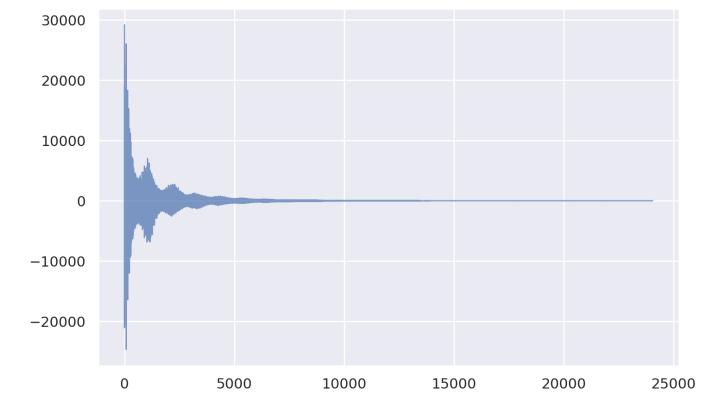
```
import matplotlib
import matplotlib.pyplot as plt
import seaborn as sns

scale = 5
ratio = (1 + 5 ** 0.5) / 2
matplotlib.rcParams["figure.figsize"] = scale * ratio, scale
%config InlineBackend.figure_format='retina'
sns.set()
```

```
In [13]: plt.plot(signal.real, label="Re", linewidth=1, alpha=0.7);
```



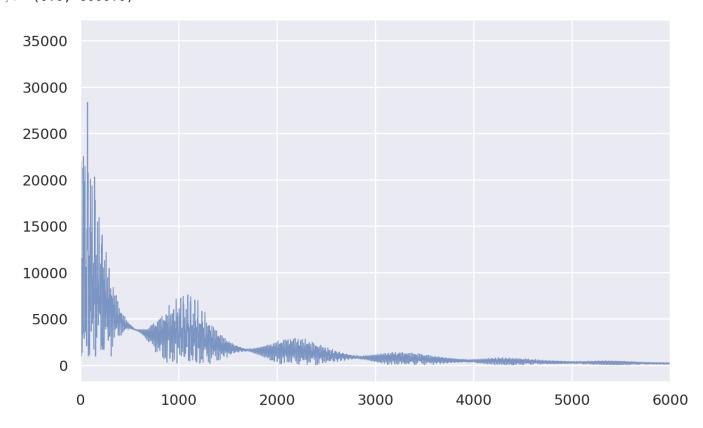
```
In [14]: plt.plot(signal.imag, linewidth=1, alpha=0.7);
```



Мнимые и действительные части очень похожи. Также после 10000 временных единиц график не отличается от нуля

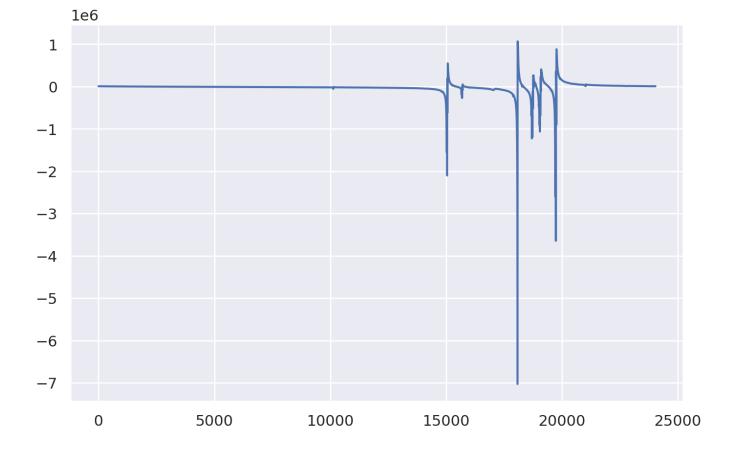
```
In [15]: plt.plot(np.abs(signal), linewidth=.7, alpha=0.7)
  plt.xlim(0, 6000)
```

Out[15]: (0.0, 6000.0)



1.3 Необработанный спектр

```
In [16]: spectrum = nmr.process.proc_base.fft(signal)
In [17]: plt.plot(spectrum.real);
```



2. Обработка спектра

2.1 Коррекция фазы

2.1.а Встроенная ручная коррекция фазы

Коррекция фазы в ручном режиме встроенной функцией:

Низкая скорость ответа никуда не годится, поэтому приведём гораздо более функциональный вариант.

2.1.b Ручная коррекция фазы

Для создание минимального UI будем пользоваться виджетами Jupyter-a. Возможно они требуют установки отдельной библиотеки, возможно она уже установилась при установки самого Juputer

```
In [19]: import ipywidgets as widgets
```

Ввод коэффициентов для коррекции фазы:

```
value=0,
             min=-180,
             max=180,
             step=.5,
         p0_label = widgets.Label(value="Zero order phase $\\;p_0$, degrees:")
         link = widgets.link((p0 slider, 'value'), (p0 input, 'value'))
         p0_block = widgets.VBox([p0_label, p0_slider, p0_input])
In [21]:
         p1 slider = widgets.FloatSlider(
             min = -180,
             max=180,
             step=.5,
         p1 input = widgets.FloatText(
             value=0,
             min=-180,
             max=180,
             step=.5,
         p1 label = widgets.Label(value="First order phase $\\;p 1$, degrees:")
         link = widgets.link((p1 slider, 'value'), (p1 input, 'value'))
         p1 block = widgets.VBox([p1 label, p1 slider, p1 input])
In [22]: phase correction = widgets.HBox([
             p0 block,
             p1 block
         ])
```

Дополнительные параметры

```
In [23]: logscale = widgets.Checkbox(
             description="Use logscale for y axis",
             value=False,
             indent=False,
         )
         subsampling = widgets.Checkbox(
             description="Operate on every 10th point",
             value=False,
             indent=False,
         fit y = widgets.Button(
             description="Fit y axis limits",
         options = widgets.VBox([
             subsampling,
             logscale,
             fit y,
         ])
```

Общий блок с виджетами:

Чтобы получить быстрое обновление графиков (и бонусом навигацию), заменим бэкенд matplotlib на ipyml . Чтобы это можно было сделать, нужно установить библиотеку с

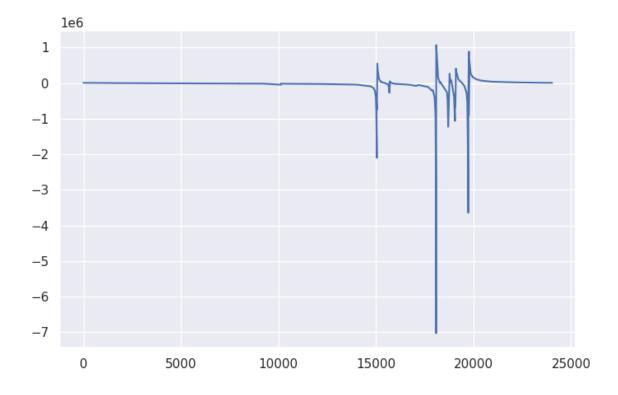
)

таким же названием.

```
In [25]: %matplotlib ipympl
         matplotlib.style.use('fast') # Could theoretically speed up rendering
         if 'figure' in globals():
             # With ipympl you have to manually close previous figures,
             # even from previous runs of the same cell
             plt.close(figure)
         figure = plt.figure()
         line, = plt.plot(spectrum.real)
         xrange = np.arange(spectrum.shape[0])
         xrange_subsampled = xrange[::10]
         spectrum subsampled = spectrum[::10]
         last phased spectrum = np.array([])
         last xrange = np.array([])
         def update ylims(button clicked):
             x_{min}, x_{max} = plt.xlim()
             visible spectrum = last phased spectrum[
                 (x min <= last xrange) & (last xrange <= x max)</pre>
             y_min, y_max = visible_spectrum.min(), visible spectrum.max()
             yrange = y max - y min
             plt.ylim(y_min - 0.1 * yrange, y max + 0.1 * yrange)
         fit y.on click(update ylims)
         def redraw_spectrum(p0, p1, subsampling, logscale):
             xrange = xrange if not subsampling else xrange subsampled
             spectrum_ = spectrum if not subsampling else spectrum subsampled
             phased spectrum = nmr.proc base.ps(spectrum , p0, p1).real
             if logscale:
                 xrange_ = xrange_[phased_spectrum > 0]
                 phased spectrum = np.log(phased spectrum[phased spectrum > 0])
             line.set_data(xrange_, phased_spectrum)
             figure.canvas.draw()
             figure.canvas.flush events() # Probably not needed
             global last_phased_spectrum, last_xrange
             last phased spectrum = phased spectrum
             last xrange = xrange
         out = widgets.interactive output(
             redraw_spectrum,
                 'p0': p0 slider,
                 'p1': p1 slider,
                 'subsampling': subsampling,
                 'logscale': logscale,
             }
         )
```

```
widgets.VBox([controls, out])
```





Значения только что подобранных вручную коэффициентов:

figure autophased = plt.figure()

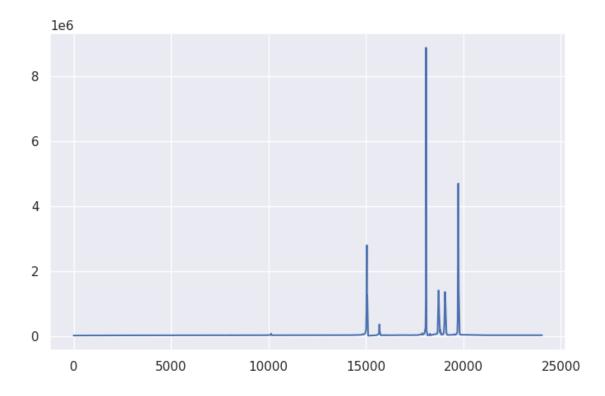
```
In [26]: p0_manual = p0_slider.value
    p1_manual = p1_slider.value
    p0_manual, p1_manual
```

Out[26]: (0.0, 0.0)

Интерактивный бекэнд может быть не очень удобен, вернёмся к обычному

plt.plot(autophased_spectrum);

Figure



2.1.d Результирующая фаза

```
In [30]:
         phase_correction_type = widgets.ToggleButtons(
             options=["Manual", "Automatic"]
         )
         p0, p1 = None, None
         phased spectrum = []
         out = widgets.Output()
         def update phase correction type(phase correction type):
             global p0, p1, phased_spectrum
             if phase correction type == "Manual":
                 p0, p1 = p0 manual, p1 manual
             else:
                 p0, p1 = p0_automatic, p1_automatic
             phased_spectrum = nmr.proc_base.ps(spectrum, p0, p1).real
             print(f"Using '{phase correction type}' phase correction")
         out = widgets.interactive output(
             update phase correction type,
             dict(phase correction type=phase correction type)
         widgets.VBox([phase correction type, out])
```

2.2 Коррекция базового уровня

Koppekция базового уровня выполняется с помощью функций подмодуля nmrglue.proc_bl. К сожалению их документация слишком скудна чтобы понять, как их правильно использовать, поэтому воспользуемся одной из тех, что не требуют обязательных параметров...

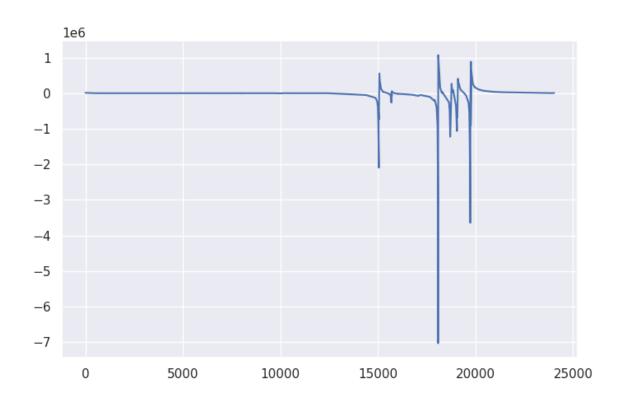
```
In [31]: based_spectrum = nmr.proc_bl.baseline_corrector(phased_spectrum)

if 'figure_baseline' in globals():
    plt.close(figure_baseline)

figure_baseline = plt.figure()

plt.plot(based_spectrum)
```

Out[31]: [<matplotlib.lines.Line2D at 0x7f78a2c5dd50>] Figure



Базовая линия действительно улучшилась

2.3 Zero correction

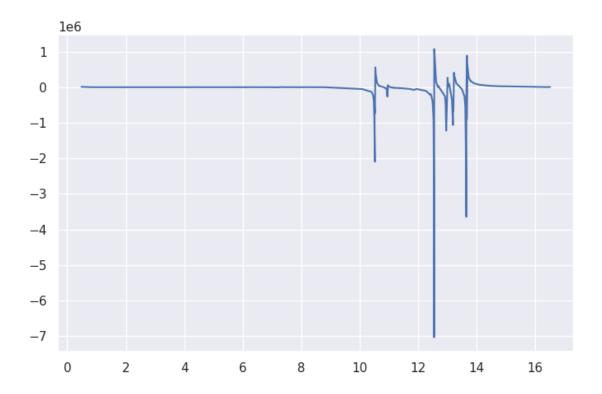
```
In [32]: chloroform_Hz = spectrum_Hz[10134] # Chloroform peak is located at 10134
    chloroform_Hz

Out[32]: 3378.06485884529

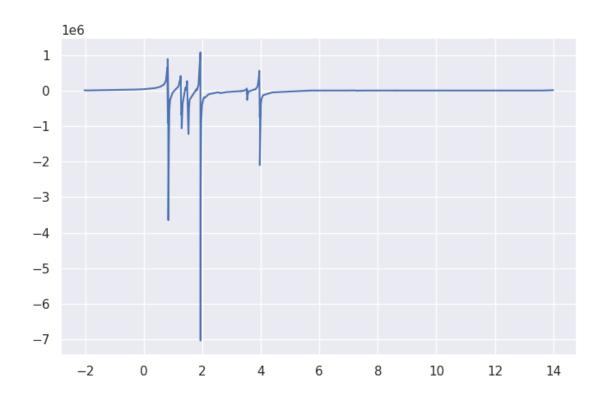
In [33]: choloform_shift = 7.24 # Known value

In [34]: chem_shifts_var_1 = choloform_shift + (spectrum_Hz - chloroform_Hz) / nu_0 * le6

In [35]: if 'figure_zero' in globals():
    plt.close(figure_zero)
    figure_zero = plt.figure()
    plt.plot(chem_shifts_var_1, based_spectrum)
```



```
In [36]: chem_shifts_var_2 = choloform_shift - (spectrum_Hz - chloroform_Hz) / nu_0 * 1e6
In [37]: if 'figure_zero_2' in globals():
    plt.close(figure_zero_2)
figure_zero_2 = plt.figure()
plt.plot(chem_shifts_var_2, based_spectrum)
```



3 Анализ спектров

3.1 Интегрирование пиков

```
In [42]: peak_x_ranges = [
             (15000, 15100),
             # (15600, 15800),
             (17900, 18300),
             (18600, 18900),
             (18900, 19200),
             (19600, 19900),
         ]
         # Peaks can also be determined automatically:
         nmr.analysis.peakpick.pick(based spectrum, pthres=50000, table=True, algorithm="connections")
Out[42]: rec.array([(15051., 1, 6.36305905, 1.19654742e+06),
                     (15071., 2, 34.37160381, 3.09057691e+07),
                     (15715., 3, 6. , 3.79989088e+05),
                     (18090., 4, 35.0878142 , 5.61957573e+07),
                     (18757., 5, 10.85529795, 2.67275787e+06),
                     (18775., 6, 24.99299979, 5.56011228e+06),
                     (18820., 7, 13. , 1.07025839e+06),
                     (18840., 8, 15. , 1.27750026e+06),
(18858., 9, 11. , 7.21147565e+05),
                     (19082., 10, 9.14132261, 2.12052009e+06),
                     (19104., 11, 63.00147392, 3.58852292e+07),
                     (19744., 12, 7.73925498, 2.64510330e+06),
                     (19767., 13, 48.16885605, 1.35328623e+08),
                     (21040., 14, 12.
                                        , 6.52171666e+05)],
                    dtype=[('X_AXIS', '<f8'), ('cID', '<i8'), ('X_LW', '<f8'), ('VOL', '<f
         8')])
```

Автоматическое определение пиков занижает ширину некоторых пиков и даёт ложные срабатывания, поэтому будем использовать размеченные вручную.

Интегрирование пиков будем производить вручную. Хотя nmrglue и имеет подмодуль nmrglue.analysis.integration, он содержит всего две функции (для одномерного и многомерного интегрирования). По неизвестным причинам он в качестве обязательного параметра принимает filebaseio.unit_conversion - объект, предназначенный для работы с размерностями. При создании напрямую он требует 5 обязательных параметров, которые не хочется искать. Адекватный способ создания в документации приведён, но зависит от формата данных (так как подтягивает эти параметры из метаданных, которые у каждого формата свои). У вариана этой функции нет. Можно сконвертировать в ріре, но эти значения будут заполнены случайно.

Вместо всего это безобразия вызванного незрелостью библиотеки достаточно просто сделать np.sum().

```
In [43]: peak_integrals = [
          based_spectrum[x_min:x_max].sum()
          for x_min, x_max in peak_x_ranges
]

peak_integrals
```

3.2 Расщепления

Ну тут все смогут пик приблизить и посмотреть на него... Правда в нескольких местах действительно неочевидно из-за фона

Результы/Выводы

ту ту та ту ту то