

複数データの差異解析で画像上の違いが分かりにくい場合

カラーバーの設定が原因かもしれません。
共通のカラーバーを適用してみましょう。

複数データを差異解析した例(ROIはALL)

ファイル 表示 検索 設定 オプション 拡張機能 ヘルプ

差異解析 | No Title* - IMAGEREVEAL

ROIリスト

No.	使用	ファイル名	ROI名	属性
1	✓	Liver_Slide...	All	tumor
2	✓	Liver_Slide...	All	tumor

データ行列テーブル

No.	使用	タグ	ラベル	m/z	PCA-水平軸	PCA-垂直軸
			PCA-水平軸			
			PCA-垂直軸			
1	✓		199.4	200.4920	-7.620e-003	0.000e
2	✓		200.9920-201.9920	201.4920	-9.634e-003	0.000e
3	✓		201.9920-202.9920	202.4920	3.437e-002	0.000e
4	✓		202.9920-203.9920	203.4920	-5.358e-002	0.000e
5	✓		203.9920-204.9920	204.4920	-3.961e-002	0.000e
6	✓		204.9920-205.9920	205.4920	-1.407e-002	0.000e
7	✓		205.9920-206.9920	206.4920	3.208e-002	0.000e
8	✓		206.9920-207.9920	207.4920	3.585e-002	0.000e
9	✓		207.9920-208.9920	208.4920	6.929e-002	0.000e
10	✓		208.9920-209.9920	209.4920	6.593e-002	0.000e
11	✓		209.9920-210.9920	210.4920	5.804e-002	0.000e
12	✓		210.9920-211.9920	211.4920	4.894e-002	0.000e
13	✓		211.9920-212.9920	212.4920	7.349e-003	0.000e
14	✓		212.9920-213.9920	213.4920	2.405e-002	0.000e
15	✓		213.9920-214.9920	214.4920	4.541e-002	0.000e
16	✓		214.9920-215.9920	215.4920	3.614e-002	0.000e

MSイメージ

化合物名/コメント: TIC
ファイル名: Liver_Slide9_9AA_200-600_A_2.5x_1_AREA01.imdx
タイプ: TIC

500 μm

グラフ

スペクトル 箱ひげ図

ノーマライズ計算は適用されま

表..	ファイル名	ス
✓	Liver_Slide9_...	Wh
✓	Liver_Slide9_...	Wh

ピークピッキング

Intensity

Liver_Slide9_9AA_200-600_Cont_2.5x_1

m/z

273.039, 230.037, 222.053, 174.039, 371.185, 450.116, 514.282, 385.144, 386.140, 586.293

MSイメージ一覧

MSイメージ追加

ソート

表示

m/z検索

重ね合わせ

四則演算

TIC

Liver_Slide9_9AA_200-600_A_2.5x_1_ARE...

Liver_Slide9_9AA_200-600_Cont_2.5x_1_...

PCA結果



違いがどこかわからない

The screenshot displays the IMAGEREVEAL software interface with several key windows:

- ROIリスト (ROI List):** A table listing two ROIs for 'Liver_Slide9_9AA_200-600_Cont_2.5x_1_AREAO1.imdx', both marked as 'tumor'.
- データ行列テーブル (Data Matrix Table):** A table with columns for No., 使用 (checked), タグ, ラベル, m/z, PCA-水平軸, and PCA-垂直軸. It lists 16 data points with their respective m/z values and PCA coordinates.
- MSイメージ (MS Image):** A large heatmap showing the spatial distribution of ions, with a 500 μm scale bar. Metadata on the right includes m/z許容幅 (514.49196±0.5000) and ファイル名.
- グラフ (Graph):** A mass spectrum plot titled 'Liver_Slide9_9AA_200-600_Cont_2.5x_1_AREAO1.imdx' showing intensity vs. m/z. Key peaks are labeled with their m/z values: 273.039, 290.037, 221.053, 274.039, 371.185, 385.144, 386.140, 450.116, and 514.282.
- MSイメージ一覧 (MS Image List):** A smaller view of the MS image, highlighted with a green box, showing the same spatial distribution as the main MS image window.
- 解析パラメータ (Analysis Parameters):** A table of parameters for the TIC (Total Ion Chromatogram) analysis, including 'No.', 'Name', and 'Value'.

No.	使用	ファイル名	ROI名	属性
1	✓	Liver_Slide9_9AA_200-600_Cont_2.5x_1_AREAO1	All	tumor
2	✓	Liver_Slide9_9AA_200-600_Cont_2.5x_1_AREAO1	All	tumor

No.	使用	タグ	ラベル	m/z	PCA-水平軸	PCA-垂直軸
			PCA-水平軸			
			PCA-垂直軸			
1	✓		199.9920-200.9920	200.4920	-7.620e-003	0.000e
2	✓		200.9920-201.9920	201.4920	-9.634e-003	0.000e
3	✓		201.9920-202.9920	202.4920	3.437e-002	0.000e
4	✓		202.9920-203.9920	203.4920	-5.358e-002	0.000e
5	✓		203.9920-204.9920	204.4920	-3.961e-002	0.000e
6	✓		204.9920-205.9920	205.4920	-1.407e-002	0.000e
7	✓		205.9920-206.9920	206.4920	3.208e-002	0.000e
8	✓		206.9920-207.9920	207.4920	3.585e-002	0.000e
9	✓		207.9920-208.9920	208.4920	6.929e-002	0.000e
10	✓		208.9920-209.9920	209.4920	6.593e-002	0.000e
11	✓		209.9920-210.9920	210.4920	5.804e-002	0.000e
12	✓		210.9920-211.9920	211.4920	4.894e-002	0.000e
13	✓		211.9920-212.9920	212.4920	7.349e-003	0.000e
14	✓		212.9920-213.9920	213.4920	2.405e-002	0.000e
15	✓		213.9920-214.9920	214.4920	4.541e-002	0.000e
16	✓		214.9920-215.9920	215.4920	3.614e-002	0.000e

No.	Name	Value
1	ノーマライズ	TIC
2	ノーマライズ基準値設定	オフ
3	ノーマライズ最小しきい値(%)	0
4	データ行列解析方法	ノンターゲット
5	m/z範囲	199.9919
6	許容幅/ピンサイズ (Da)	1.0000
7	ラベリング	オフ
8	除外リスト	オフ
9	しきい値設定	オフ

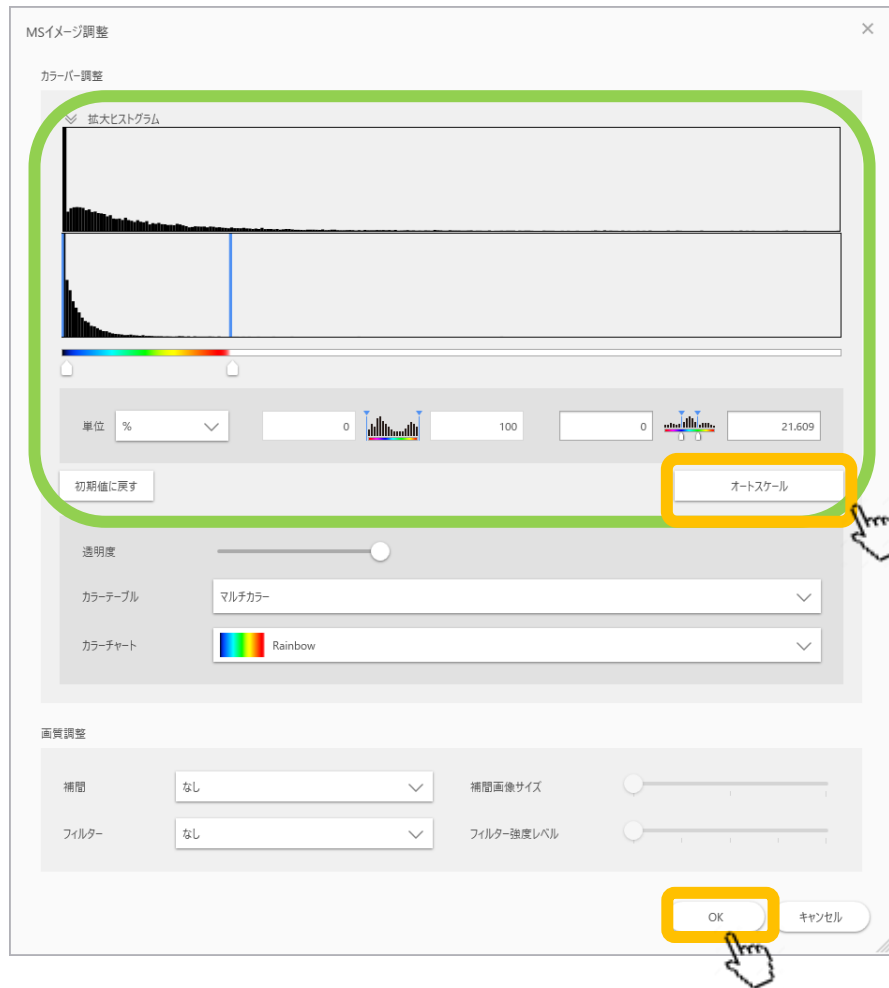
比較する画像のカラーバーを合わせる

The screenshot displays the IMAGEREVEAL software interface with several panels:

- ROIリスト (ROI List):** A table listing two ROI entries for 'Liver_Slide...' with 'tumor' attributes.
- データ行列テーブル (Data Matrix Table):** A table with columns for No., 使用 (checked), タグ, ラベル, m/z, PCA-水平軸, and PCA-垂直軸. It lists 16 data points.
- MSイメージ (MS Image):** A large heatmap image of a liver section with a 500 μm scale bar. A color bar on the right indicates the m/z range from 514.49196 to 514.9920.
- MSイメージ一覧 (MS Image List):** A panel showing two MS images side-by-side. A hand icon points to the gear icon (②歯車ボタンを押す) in the toolbar, which is used to align the color bars.
- グラフ (Graph):** A mass spectrum plot showing intensity vs. m/z with peaks labeled at 273.039, 230.037, 221.053, 174.039, 385.144, 386.140, 371.185, 450.116, and 514.282.
- 解析パラメータ (Analysis Parameters):** A table for TIC (Total Ion Chromatogram) with parameters like 'ノーマライズ' (Normalized) and 'm/z範囲' (m/z range).

①カラーバーを合わせたい画像を選択

複数データを合わせたヒストグラムの”カラーバー調整”が表示される



[オートスケール]を押すとカラーバーの信号強度設定も再計算されなおします。

OKを押すと選択した画像が同一の設定で表示されます。
必要があれば数値を変更してください。

複数の画像に共通のカラーバーが適用される

The screenshot displays the IMAGEREVEAL software interface with several panels:

- ROIリスト (ROI List):** A table listing two ROI entries for 'Liver_Slide...' files, both marked as 'tumor'.
- データ行列テーブル (Data Matrix Table):** A table with columns for No., 使用 (checked), タグ, ラベル, m/z, PCA-水平軸, and PCA-垂直軸. It lists 16 data points with their corresponding m/z values and PCA coordinates.
- MSイメージ (MS Image):** A large heatmap image of a liver slide section, overlaid with a color scale from blue to red. A 500 μm scale bar is present.
- 解析パラメータ (Analysis Parameters):** A table showing parameters for TIC (Total Ion Chromatogram) analysis, such as 'ノーマライズ' (Normalized) and 'ノーマライズ基準値設定' (Normalization Reference Value Setting).
- グラフ (Graph):** A mass spectrum plot showing Intensity vs. m/z. Key peaks are labeled with their m/z values: 273.039, 290.037, 221.053, 174.039, 386.140, 371.135, 450.116, 514.282, and 586.293.
- MSイメージ (Comparison):** A smaller view showing two MS images side-by-side, with a green box highlighting the difference in signal intensity between the two.

このデータの場合、左側のデータの信号強度が低いと分かります。

元に戻したい場合は、[初期値に戻す]を
押す

