

# QStrain 4.1

Manuale utente. Avvio rapido

# Sommario

Per iniziare .....	1
1      Panoramica del flusso di lavoro .....	1
Flusso di lavoro.....	2
2      Flusso di lavoro: Esecuzione di un'analisi in QStrain.....	2
2.1    QStrain: Step generali dell'analisi .....	2
2.2    Caricamento delle serie .....	4
2.3    Selezione dell'analisi .....	5
2.4    Gestione dei contorni .....	8
2.5    Accessori per l'analisi .....	11
Referti.....	19
3      Referti di QStrain .....	19
3.1    Grafici dei risultati delle deformazioni globali .....	20
3.2    Risultati numerici delle deformazioni globali.....	20
3.3    Referti standard delle deformazioni regionali .....	21
3.4    Referti regionali dettagliati (Tempo di picco) .....	22
4      Panoramica dei referti .....	23
4.1    Referti asse lungo LV (Apicale) .....	23
4.2    Referti asse corto (SAX) .....	23
4.3    Referti Atrio .....	24
4.4    Asse lungo RV (Ventricolo destro) .....	24
5      Crea Referto .....	24
6      Sessioni .....	26
Riferimenti.....	27
7      Tasti di scelta rapida .....	27
8      Parametri/Misurazioni.....	28
8.1    Parametri di deformazione .....	28
8.2    Parametri di velocità .....	28
8.3    Parametri di spostamento .....	28

8.4	Parametri del tasso di deformazione.....	28
8.5	Parametri generali.....	29

# 1 Panoramica del flusso di lavoro

L'analisi in QStrain può essere avviata da QMass o come applicazione autonoma.

La tabella seguente descrive le fasi del flusso di lavoro di un'analisi QStrain avviata direttamente da QMass oppure come applicazione autonoma.

Per ulteriori dettagli, fare riferimento alla sezione Flusso di lavoro: Esecuzione di un'analisi in QStrain.

Tabella 1: QMass + flusso di lavoro QStrain / flusso di lavoro autonomo QStrain

QMass + QStrain	QStrain autonomo
Caricamento delle serie	
Rilevamento <b>automatico</b> dei contorni Revisione dei contorni	
Avvio dell'analisi QStrain: Caricamento automatico delle serie di dati e dei contorni	Avvio dell'analisi QStrain
<b>QStrain</b>	<b>QStrain</b>
Seleziona una serie	Seleziona una serie
Seleziona il tipo di analisi	Seleziona il tipo di analisi
	Disegna <b>manualmente</b> i contorni
	Revisione dei contorni
	Verifica delle fase ED & ES
Analisi completa della deformazione	Analisi completa della deformazione

ⓘ Il flusso di lavoro preferibile è l'avvio QStrain da Qmass utilizzando i contorni rilevati in automatico.

## 2 Flusso di lavoro: Esecuzione di un'analisi in QStrain

L'applicazione QStrain supporta le seguenti analisi relative alle deformazioni.

- Asse lungo LV (Apicale)
- Asse corto LV (SAX)
- Immagini atriali (Atrium)
- Immagini RV (Ventricolo destro)

Per navigare tra gli step delle analisi.

- Cliccare sul pulsante  della barra verticale degli strumenti per passare alla fase successiva di un'analisi.
- Cliccare sul pulsante  della barra verticale degli strumenti per tornare alla fase precedente di un'analisi.
- Cliccare sul pulsante  della barra verticale degli strumenti per andare alla fase Caricamento di una serie & Fase dell'analisi.
- Nel riquadro di visualizzazione della Revisione ED/ES, cliccare sul pulsante  per accettare e cliccare sul pulsante  per rifiutare le modifiche dei contorni.
- Nella finestra di Selezione della modalità-M delle sequenze cliccare sul pulsante  per tornare all'analisi.
- Nella finestra dell'Analisi segmentale del tempo di picco cliccare sul pulsante  per tornare all'analisi.

### 2.1 QStrain: Step generali dell'analisi

In QStrain le analisi condividono i medesimi step.

- Caricamento delle serie
- Selezione dell'analisi
- Creazione dei contorni
- Completamento dell'analisi globale delle deformazioni.
  - Opzionale: Analisi SAX: Aggiungere un punto di riferimento su ogni strato.
  - Revisione delle fasi ED ES: Sequenza modalità-M
  - Completare l'analisi regionale dettagliata nella Analisi del Tempo di picco.

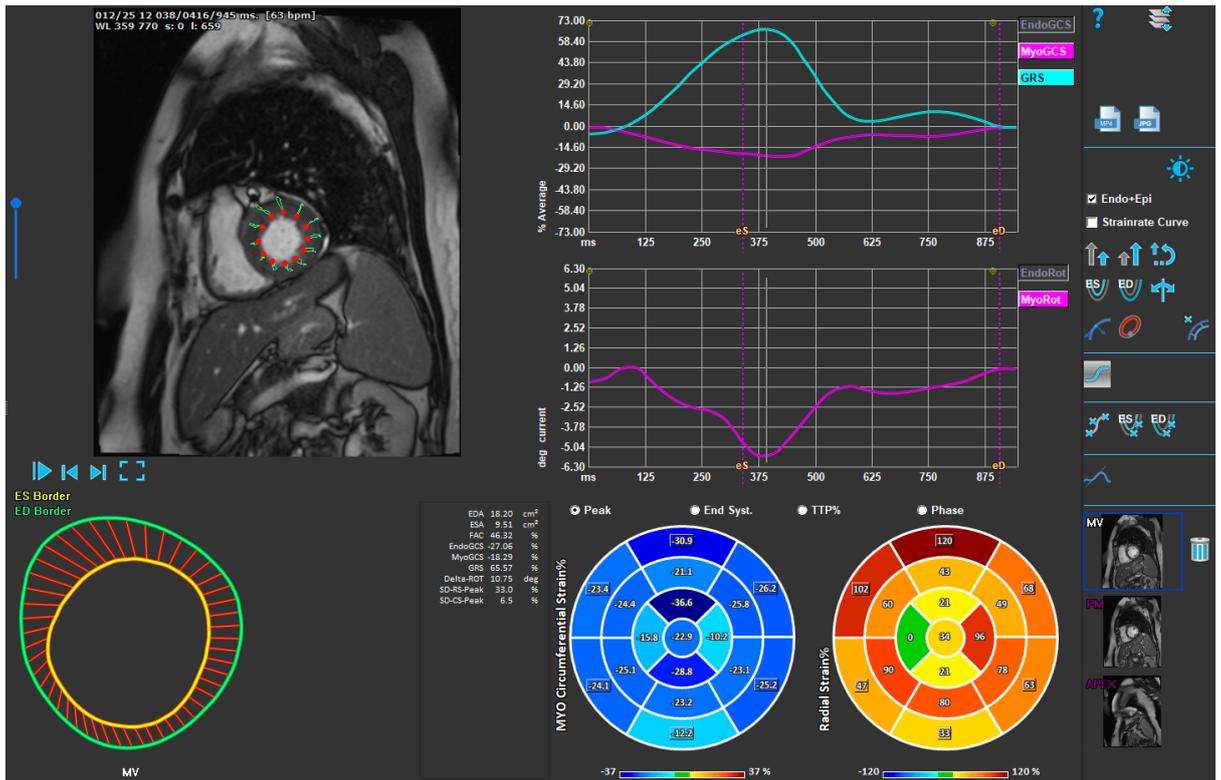


Figura 1 : Analisi SAX

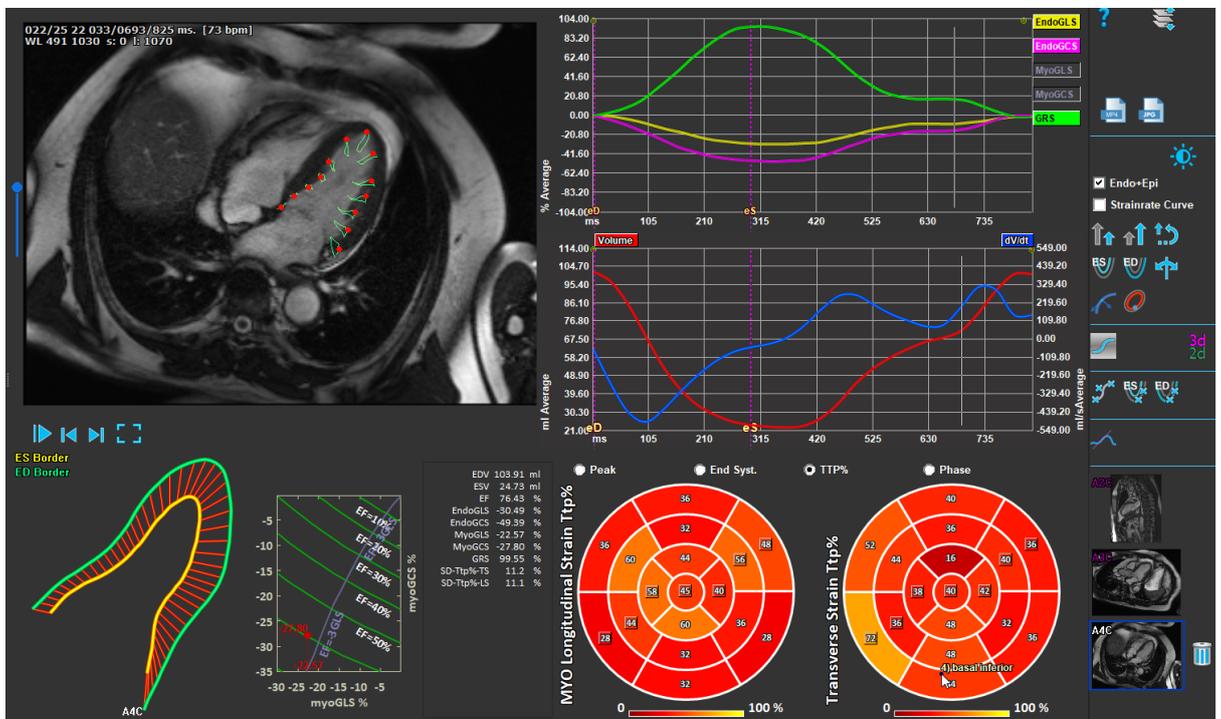


Figura 2 : Analisi LAX

## 2.2 Caricamento delle serie

Il primo step di un'analisi delle deformazioni è il caricamento delle serie. Una o più serie possono essere caricate in QStrain dal **Browser delle serie** della Medis Suite. Consultare il Manuale dell'Utente della Medis Suite per avere istruzioni più di dettaglio.

QStrain supporta le serie RM e TAC.

### Per caricare le serie dal Browser delle Serie della Medis Suite

1. Selezionare il set delle serie delle deformazioni nella vista immagine o nella vista testo del **Browser delle serie** della Medis Suite.
2. Cliccare e trascinare gli elementi selezionati sull'icona dell'applicazione QStrain.

Oppure:

1. Selezionare tutte le serie nella vista immagine o nella vista testo del **Browser delle serie** della Medis Suite.
2. Cliccare con il tasto destro del mouse sopra la serie selezionata per aprire un menu di scelta rapida.

Scegliere QStrain.

La serie verrà caricata nel riquadro di visualizzazione di selezione dell'analisi delle serie.

### Per caricare le serie da QMass

- Selezionare l'icona  nella barra degli strumenti **Generale** di QMass.

ⓘ Tutti i dati delle serie caricati in QMass e i relativi contorni creati saranno caricati in QStrain.

ⓘ QStrain carica solo le serie DICOM di RM e TAC.

## 2.3 Selezione dell'analisi

L'applicazione QStrain supporta le seguenti analisi relative alle deformazioni.

- **Asse lungo LV** (Apicale)
- **Asse corto LV** (SAX)
- **Atriale** (Atrium)
- **RV** (ventricolo destro)

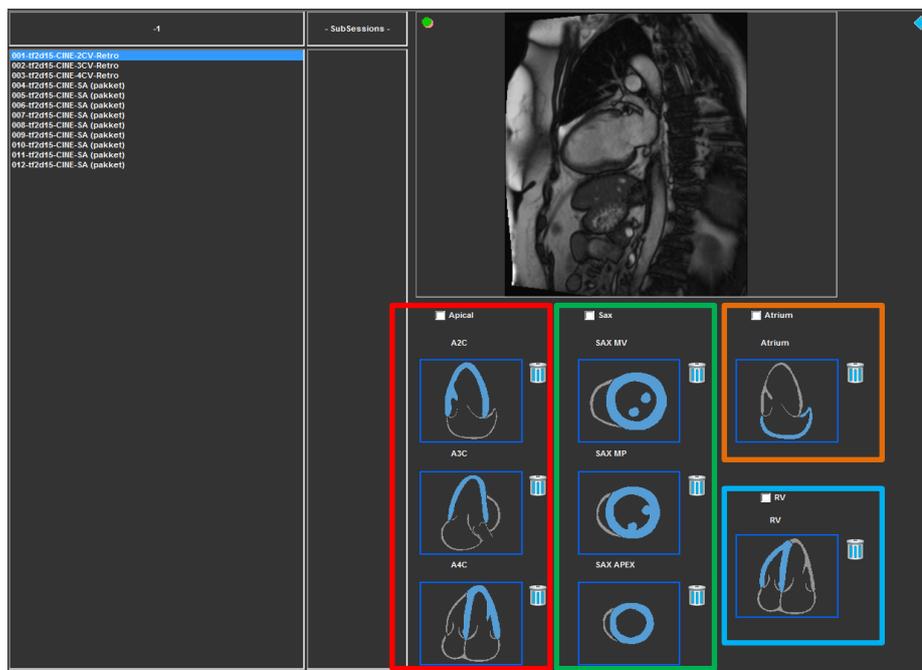


Figura 3 : Selezione delle serie e dell'analisi

### Selezione della Serie

- Seleziona una serie dal riquadro di visualizzazione sinistro.

Abbina una serie con un orientamento dell'immagine.

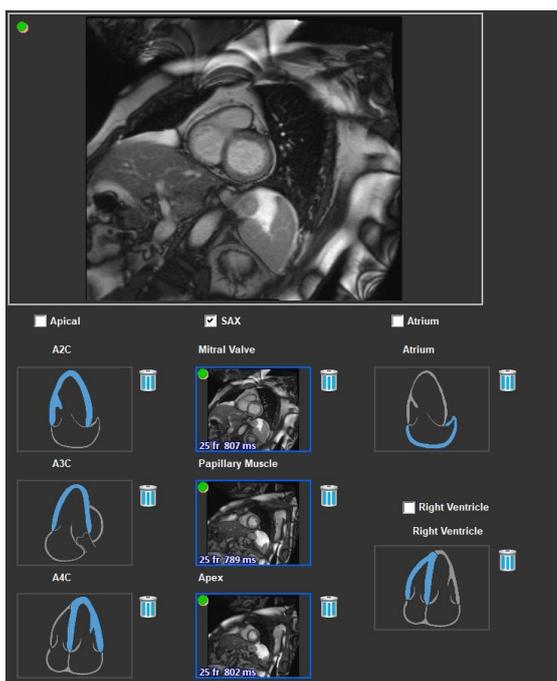


Figura 4 : Abbina una serie con un orientamento

Scegliere il tipo di analisi.

- Selezionare la casella di controllo dell'analisi da eseguire.

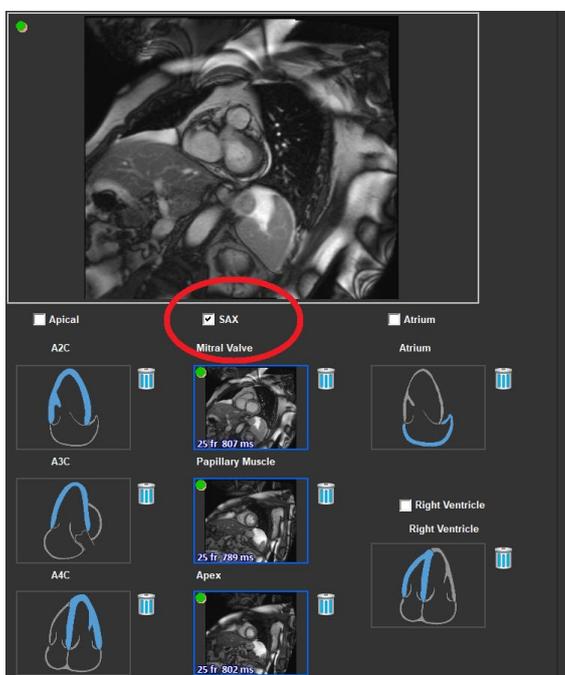


Figura 5 : Selezionare il tipo di analisi di QStrain

⚠ È possibile selezionare un solo tipo di analisi.

❗ Un cerchio verde o uno rosso nell'angolo superiore sinistro del riquadro di visualizzazione indicano che i contorni epi o endo sono stati importati insieme alle serie selezionate.

Le serie selezionate sono abbinare con una certa analisi di QStrain. Le analisi LAX e SAX supportano fino a tre serie, ognuna delle quali rappresenta uno strato. Le analisi dell'atrio e del RV sono limitate a una sola serie.

#### Abbinare una serie con un'analisi SAX.

- Seleziona una serie dall'elenco delle serie.
- Cliccare e trascinare l'immagine del riquadro di visualizzazione sul livello corrispondente o

sulle icone della valvola mitrale , del muscolo papillare  o dell'apice .

#### Abbinare una serie con un'analisi LAX.

- Seleziona una serie dall'elenco delle serie.
- Cliccare e trascinare l'immagine del riquadro di visualizzazione sulle corrispondenti icone di

visualizzazione della camera A2C , A3C  o A4C .

#### Abbinare una serie con un'analisi dell'atrio.

- Seleziona una serie dall'elenco delle serie.
- Cliccare e trascinare l'immagine del riquadro di visualizzazione sull'icona dell'atrio



#### Abbinare una serie con un'analisi RV.

- Seleziona una serie dall'elenco delle serie.

- Cliccare e trascinare l'immagine del riquadro di visualizzazione sull'icona RV .

#### Per rimuovere una serie da un'analisi

- Cliccare sull'icona  accanto alla serie che si desidera rimuovere.

## 2.4 Gestione dei contorni

I contorni sono un prerequisito per effettuare un'analisi delle deformazioni. La sezione seguente illustra gli aspetti relativi alla gestione dei contorni in QStrain.

ⓘ Quando i contorni vengono importati da QMass, il flusso di lavoro Modifica contorni dell'analisi viene superato automaticamente.

### 2.4.1 Creazione dei contorni

Il primo passo dell'analisi in QStrain è definire i contorni dell'endocardio e, facoltativamente, dell'epicardio. I contorni in QStrain possono essere aggiunti tramite le finestre di modifica e di revisione dei contorni ES o ED, oppure possono essere importati insieme alla serie selezionata.

#### 2.4.1.1 Abilitare la finestra di Creazione dei contorni.

- Dopo aver completato la selezione e l'analisi delle serie nella finestra della Selezione serie, cliccare sul pulsante  della barra verticale degli strumenti.

Oppure:

- Nel riquadro di visualizzazione dell'analisi, cliccare sul pulsante  o  o  della barra verticale degli strumenti.

Oppure:

- Nel riquadro di visualizzazione dell'analisi, selezionare la casella di controllo Endo+Epi nella barra verticale degli strumenti.

#### 2.4.1.2 Creare un contorno.

Quando la finestra di modifica dei contorni è aperta, modificare i contorni come segue:

1. Cliccare per impostare il primo punto di modifica sull'immagine nella posizione consigliata visualizzata dall'indicatore del punto di contorno.
2. Cliccare per impostare il secondo punto di modifica sull'immagine nella posizione consigliata visualizzata dall'indicatore del punto di contorno.
3. Cliccare con il pulsante destro del mouse per impostare l'ultimo punto di modifica sull'immagine nella posizione consigliata visualizzata dall'indicatore del punto di contorno. Verrà generato un contorno.

ⓘ Selezionare la casella di controllo Endo + Epi per generare sia i contorni Endo che quelli Epi.

ⓘ Deselezionare la casella di controllo Endo + Epi per generare solo il contorno Endo.

## 2.4.2 Creazione dei contorni tramite Indicatori

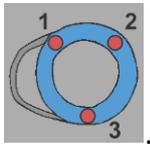
Nell'angolo in basso a destra del riquadro di visualizzazione della Modifica dei contorni un indicatore di posizione del contorno suggerirà il posizionamento ideale dei progressivi punti di contorno.

### 2.4.2.1 Indicatori dei punti di contorno (SAX)

SAX



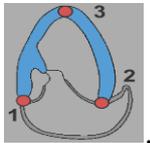
Gli indicatori di posizionamento SAX sono i seguenti , seguiti da e



LAX



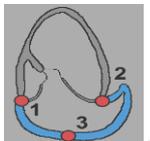
Gli indicatori di posizionamento LAX sono i seguenti , seguiti da e



Atrio



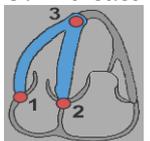
Gli indicatori di posizionamento dell'atrio sono i seguenti , seguiti da e



RV



Gli indicatori di posizionamento RV sono i seguenti , seguiti da e



## 2.4.3 Modifica dei contorni

### 2.4.3.1 Per modificare i contorni

Per modificare un contorno esistente.

1. Far scorrere il cursore del mouse sul punto di modifica del contorno che si vuole cambiare.
2. Cliccare e trascinare il mouse per spostare il punto di modifica del contorno.
3. Rilasciare il mouse per impostare il punto di modifica.

### 2.4.3.2 Per rimuovere tutti i punti di contorno.

1. Cliccare sul punto di modifica il pulsante  della barra verticale degli strumenti.

### 2.4.3.3 Per rimuovere un punto di contorno.

1. Posizionare il cursore del mouse sul punto di modifica del contorno da rimuovere.

Cliccare con il pulsante destro del mouse sul punto di modifica del contorno.

## 2.4.4 Refinire la modifica dei contorni

Dopo aver definito i contorni, l'analisi può andare avanti.

Per passare dalla finestra della Modifica dei contorni a quella dell'Analisi.

- Selezionare il pulsante  della barra verticale degli strumenti.

Oppure:

- Cliccare con il pulsante destro del mouse nel riquadro di visualizzazione

## 2.5 Accessori per l'analisi

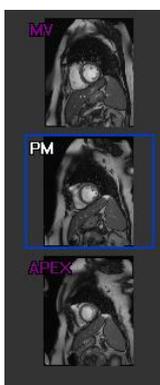
La barra verticale degli strumenti nella finestra di analisi contiene funzionalità che facilitano il flusso di lavoro dell'analisi delle deformazioni.

### 2.5.1 Creazione di un Punto di Riferimento per l'analisi SAX

I punti di riferimento migliorano l'accuratezza dei risultati.

Impostare un punto di riferimento in un'analisi SAX.

- Scegliere un SAX per strato dalla barra verticale degli strumenti.



- Selezionare il pulsante  della barra verticale degli strumenti.
- Cliccare sul Setto Anteriore.
- Cliccare su Conferma.

 L'analisi della deformazione SAX richiede il posizionamento di un punto di riferimento sul setto anteriore di ciascuno strato.

## 2.5.2 Gestione ED ES

### 2.5.2.1 Revisione e Modifica dei contorni ED ES

La finestra di revisione del contorno ES facilita l'aggiornamento dei contorni ED ES.

**Abilitare la finestra di Revisione e di Modifica dei contorni ES.**

- Nella finestra di analisi fare cliccare sul pulsante  della barra verticale degli strumenti.

**Abilitare la finestra di Revisione e di Modifica dei contorni ED.**

- Nella finestra di analisi fare cliccare sul pulsante  della barra verticale degli strumenti.

## 2.5.2.2 Revisione delle fasi ED ES: Sequenza modalità-M

La Sequenza modalità-M è una funzionalità che aiuta a gestire la posizione delle fasi ED e ES. Una linea della sequenza modalità-M viene utilizzata per creare un'immagine in modalità-M. Tipicamente, la linea in modalità-M è tracciata dalle pareti ventricolari esterne per tutto il diametro del ventricolo stesso. Le posizioni di fase ED e ES possono poi essere modificate sull'immagine in modalità-M.

La modifica della sequenza modalità-M si effettua in tre fasi.

- Definire una linea attraverso un ventricolo.
- Valutare l'immagine in modalità-M.
- Rivedere/Modificare le posizioni ED e ES.

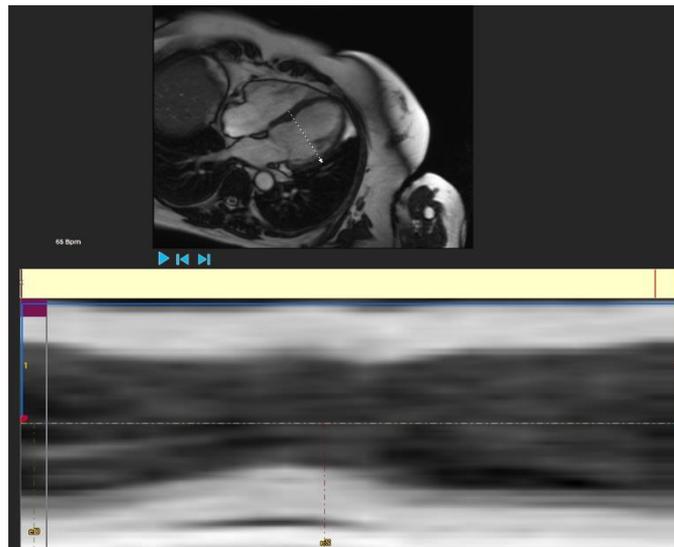


Figura 6 : Revisione delle fasi ES e ED nella sequenza modalità-M

Le fasi ED e ES possono essere verificate e modificate se necessario, utilizzando l'immagine in modalità-M. L'immagine sovrapposta in modalità-M-risultante sarà visualizzata in automatico nel grafico del volume all'interno della finestra di analisi. La sovrapposizione può essere disattivata e attivata.

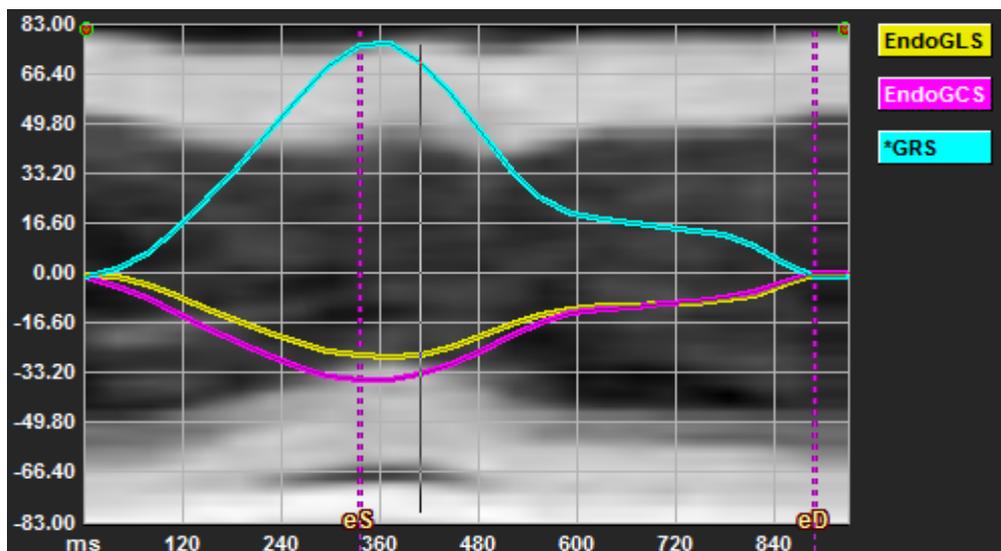


Figura 7 : Sovrapposizione in modalità-M nella finestra di analisi del grafico di volume

### Tracciare la linea in modalità-M.

- Nel riquadro di visualizzazione dell'analisi, cliccare il pulsante  della barra verticale degli strumenti.
- Nell'immagine cliccare per iniziare a tracciare la linea in modalità-M.
- Cliccare con il pulsante destro del mouse per terminare di tracciare la linea in modalità-M.

### Aggiornare le fasi ED o ES.

- Cliccare e trascinare la griglia verticale ED o ES nell'immagine in modalità M.
- Cliccare il pulsante  della barra verticale degli strumenti per tornare alla finestra di analisi.

### Abilitare/disabilitare la sovrapposizione in modalità-M-sui grafici di volume.

Nella finestra di analisi.

- Cliccare il pulsante  per attivare o disattivare la modalità M nel grafico delle deformazioni.

## 2.5.3 Analisi del Tempo di picco

L'analisi del Tempo di picco fornisce risultati dettagliati a 17 segmenti delle deformazioni dello schema regionale AHA. I risultati regionali sono distinguibili l'uno dall'altro in base al colore. Il modello di segmento e i grafici relativi sono interattivi e facilitano l'abilitazione e la disabilitazione dei risultati regionali.

La combinazione di colori che segue è quella utilizzata per distinguere le diverse aree del modello di segmento e i relativi risultati.

Basale		Medio		Apicale	
Basale	Anteriore	Medio	Anteriore	Apicale	Anteriore
Basale	Anterolaterale	Medio	Anterolaterale	Apicale	Inferiore
Basale	Posterolaterale	Medio	Posterolaterale	Apicale	Settale
Basale	Inferiore	Medio	Inferiore		Laterale
Basale	Posterosettale	Medio	Posterosettale		
Basale	Anteriorsettale	Medio	Anteriorsettale		

**Avviare un'analisi del Tempo di picco.**

- Cliccare il pulsante  della barra verticale degli strumenti per tornare alla finestra di analisi.

**Selezionare un'area.**

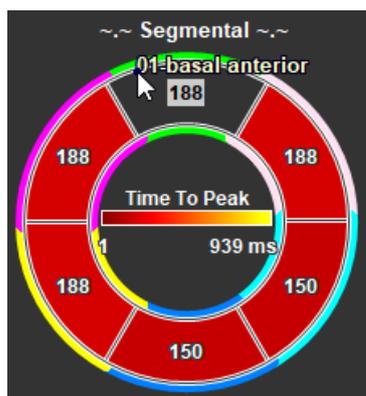
Nella finestra Analisi del Tempo di picco:

- Far scorrere sopra il modello di Segmento.

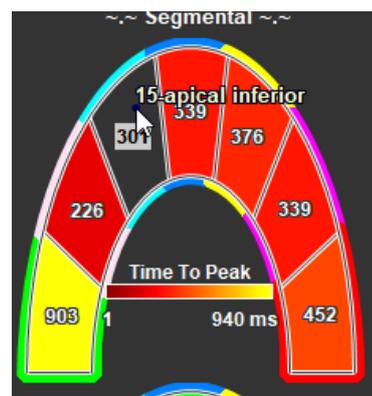
Oppure:

- Far scorrere sopra i grafici.

**Per abilitare/disabilitare una regione.**



*Figura 8 : Abilitare/Disabilitare una regione TTP SAX*



*Figura 9 : Abilitare/Disabilitare una regione TTP LAX*

Nella finestra di Analisi del Tempo di picco.

- Cliccare sul segmento da abilitare o disabilitare.

**Abilitare/Disabilitare tutte le regioni.**

Nella finestra di Analisi del Tempo di picco.

- Cliccare il centro del modello di segmento per abilitare o disabilitare tutti i segmenti.

Cambiare tipo di analisi regionale.

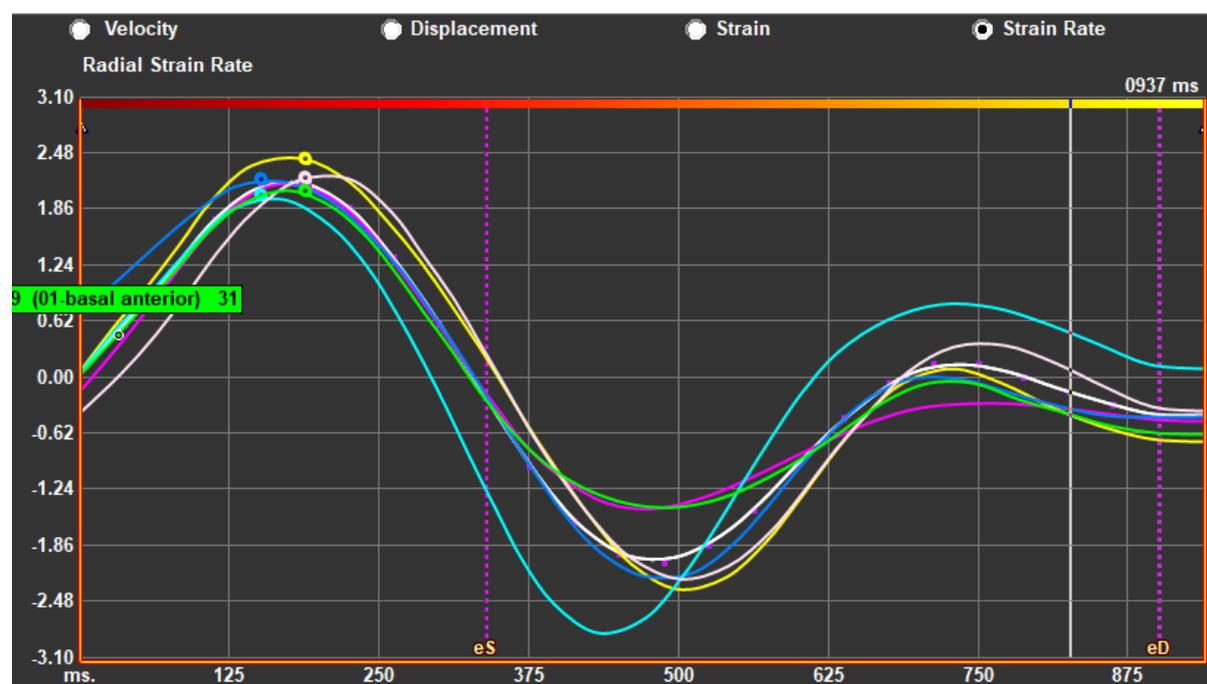


Figura 10 : Selezionare il tipo di risultati delle deformazioni

Nella finestra di Analisi del Tempo di picco.

- Selezionare “Velocità”, “Spostamento”, “Deformazione” oppure “Velocità di deformazione”.

Passare dai risultati regionali dell'Endocardio, a quelli dell'Epicardio o del Miocardio.

Nella finestra di Analisi del Tempo di picco.

- Cliccare il pulsante  della barra verticale degli strumenti per visualizzare i risultati regionali endocardici.
- Cliccare il pulsante  della barra verticale degli strumenti per visualizzare i risultati regionali epicardici.
- Cliccare il pulsante  della barra verticale degli strumenti per visualizzare i risultati regionali del miocardio.



## 2.5.4 Filmato 3D

QStrain ha una vista 2D/3D per facilitare la visualizzazione delle deformazioni durante l'esecuzione di un'analisi delle deformazioni.

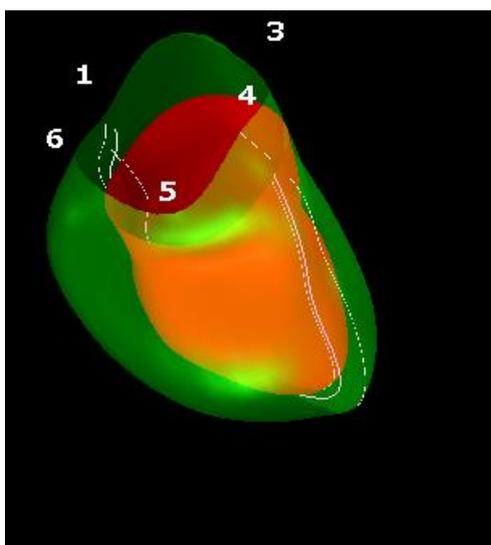


Figura 11 : Vista 3D delle deformazioni

### Abilitare la vista 3D

- Caricare e completare un'analisi di almeno 2 serie LAX.
- Nel riquadro di visualizzazione dell'analisi, cliccare il pulsante  della barra verticale degli strumenti.

### 3 Referti di QStrain

I Referti di QStrain sono disponibili in QStrain nei Risultati o nella sezione Referti della Medis Suite. Snapshot e filmati possono essere aggiunti ai referti. L'analisi di QStrain fornisce la seguente serie di referti delle deformazioni.

- Globale
- Regionale Standard
- Regionale dettagliato (analisi del tempo di picco)

I referti della deformazione primaria sono i seguenti.

- Deformazione radiale globale (GRS)
- Deformazione della circonferenza globale (GCS)
- Deformazione longitudinale globale (GLS)



Fare riferimento alla

Panoramica dei referti per ulteriori dettagli sui Referti

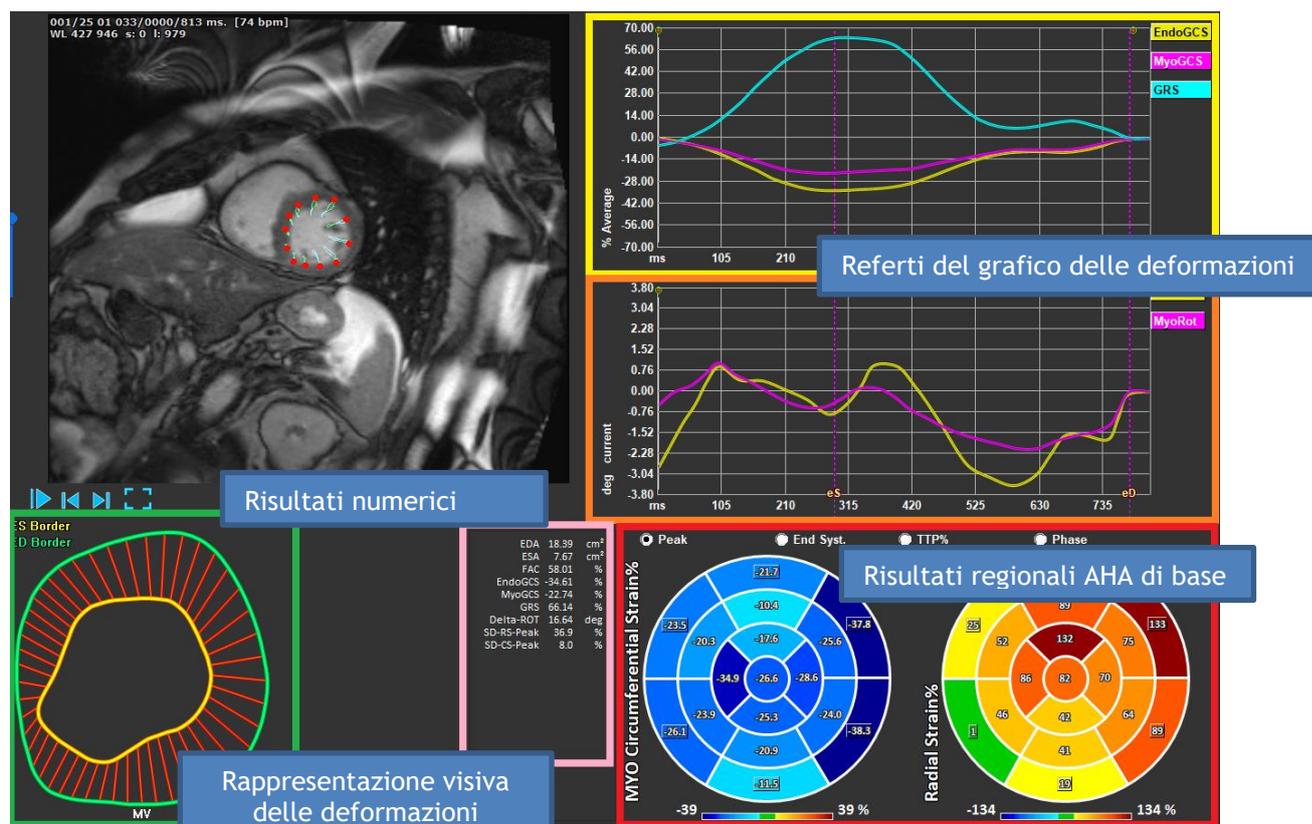


Figura 12 : Panoramica dei risultati delle sezioni

### 3.1 Grafici dei risultati delle deformazioni globali

I risultati globali sono accessibili dalla finestra di analisi. Ci sono due grafici dei risultati. Il grafico in alto mostra le curve di deformazione globali, quello in basso le curve di deformazione rotazionale nell'analisi SAX e le curve di area nell'analisi SAX, dell'atrio e dell'RV.

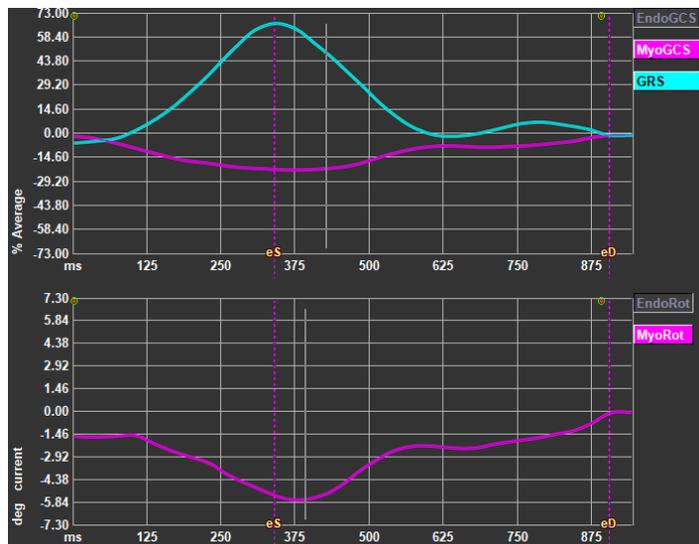


Figura 13 : Grafici dell'analisi delle deformazioni

#### Abilitare la curva del tasso di deformazione

Nel riquadro di visualizzazione dell'analisi, selezionare la casella di controllo della Curva del tasso di deformazione nella barra verticale degli strumenti.

- ⓘ I risultati delle deformazioni miocardiche sono disponibili quando saranno disponibili entrambi i contorni Endo e Epi.
- ⓘ Il tasso di deformazione dipende dallo strato, e quindi riflette la deformazione dello strato selezionato.

### 3.2 Risultati numerici delle deformazioni globali

I risultati globali numerici sono accessibili dalla finestra di analisi.

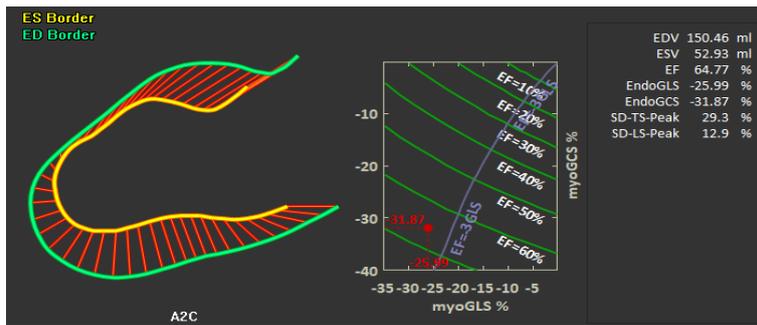


Figura 14 : Risultati numerici LAX

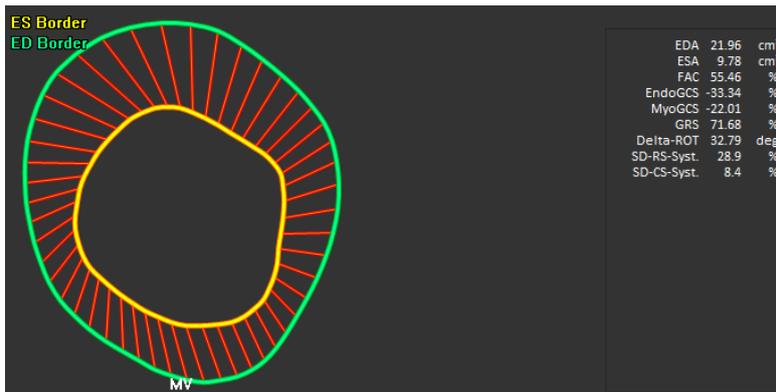


Figura 15 : Risultati numerici SAX

### 3.3 Referti standard delle deformazioni regionali

I referti standard sono accessibili dalla finestra di analisi.

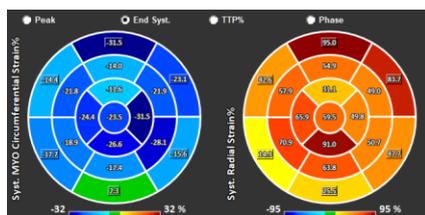


Figura 16 : Referti regionali standard

### 3.4 Referti regionali dettagliati (Tempo di picco)

I referti regionali dettagliati sono accessibili dalla finestra di analisi.



Figura 17 : Referti regionali dettagliati. TTP

## 4 Panoramica dei referti

Le seguenti liste definiscono i referti disponibili per ciascuna analisi in QStrain.

### 4.1 Referti asse lungo LV (Apicale)

QStrain fornisce il seguente elenco di referti:

- EDV
- ESV
- EF
- Endo GLS
- Endo GCS
- Myo GLS (solo se il contorno EPI è segmentato)
- Myo GCS (solo se il contorno EPI è segmentato)
- GRS (solo se il contorno EPI è segmentato)
- SD-Picco LS (solo quando è selezionata la vista Picco AHA)
- SD-Picco TS (solo quando è selezionata la vista Picco AHA e il contorno EPI è segmentato)
- SD-LS-Syst. (Solo quando la vista AHA End Syst. è selezionata)
- SD-TS-Syst. (Solo quando la vista AHA End Syst. è selezionata e il contorno EPI è segmentato)
- SD-Ttp%-LS (solo quando è selezionata la vista AHA TTP%)
- SD-Ttp%-TS (solo quando è selezionata la vista AHA TTP% e il contorno EPI è segmentato)
- SD-Ph%-LS (solo quando è selezionata la vista AHA di fase)
- SD-Ph%-TS (solo quando è selezionata la vista AHA di fase e il contorno EPI è segmentato)

### 4.2 Referti asse corto (SAX)

QStrain fornisce il seguente elenco di referti:

- EDA
- ESA
- FAC
- Endo Rot
- Endo GCS
- Myo Rot (solo se il contorno EPI è segmentato)
- Myo GCS (solo se il contorno EPI è segmentato)
- GRS (solo se il contorno EPI è segmentato)
- Delta Rot (solo quando sono presenti tutti gli strati in SAX-LV)
- SD-Picco CS (solo quando è selezionata la vista Picco AHA)
- SD-Picco RS (solo quando è selezionata la vista Picco AHA e il contorno EPI è segmentato)
- SD-CS-Syst. (Solo quando la vista AHA End Syst. è selezionata)
- SD-RS-Syst. (Solo quando la vista AHA End Syst. è selezionata e il contorno EPI è segmentato)
- SD-Ttp%-CS (solo quando è selezionata la vista AHA TTP%)
- SD-Ttp%-RS (solo quando è selezionata la vista AHA TTP% e il contorno EPI è segmentato)
- SD-Ph%-CS (solo quando è selezionata la vista AHA di fase)
- SD-Ph%-RS (solo quando è selezionata la vista AHA di fase e il contorno EPI è segmentato)

## 4.3 Referti Atrio

QStrain fornisce il seguente elenco di referti:

- EDV
- ESV
- EF
- Endo GLS
- Endo GCS
- FAC

## 4.4 Asse lungo RV (Ventricolo destro)

QStrain fornisce il seguente elenco di referti:

- EDA
- ESA
- FAC
- Endo GLS
- Myo GLS (solo quando il contorno EPI è segmentato)
- GRS (solo quando il contorno EPI è segmentato)

## 5 Crea Referto

I referti di QStrain sono disponibili nel Pannello dei risultati Referti e tra i Referti della Medis Suite.

Report created by:  
Report date/time:  
Session name:

**Medis**

**Patient Study Info**

Name: Study date: 11/11/2010  
ID: Description: MRI Heart Morph + Func w/ + w/o Con  
Birthdate: Accession number:  
Age/Gender: Referring physician's name:  
Modality: Institution name:  
Manufacturer: Performing physician's name:  
Manufacturer model: Operator's name:  
Acquisition number: 1

**Reason for Referral** [Edit]

**QFlow 4D Stable Daily 1.0 #1**

**Background Correction**

Fitting Order: 1  
Std Threshold: 25%

**Reconstruction 01 Results ROI 1:[ROI 1] slice 1**

	per HB	per Minute
Net flow volume	34.17 ml/beat	3.04 l/min
Forward flow volume (S.I)	34.45 ml/beat	3.06 l/min
Backward flow volume (S.I)	0.27 ml/beat	0.02 l/min
Regurgitant fraction (S.I)	0.80 %	
Average flow velocity	18.90 cm/s	
Peak flow velocity	145.10 cm/s	
Peak pressure gradient	0.42 mmHg	
Min vessel area	257.63 mm <sup>2</sup>	
Max vessel area	293.36 mm <sup>2</sup>	

**Reconstruction 01 Results ROI 2:[ROI 2] slice 1**

	per HB	per Minute
Net flow volume	-14.14 ml/beat	-1.26 l/min
Forward flow volume (S.I)	18.95 ml/beat	1.68 l/min
Backward flow volume (S.I)	4.81 ml/beat	0.43 l/min
Regurgitant fraction (S.I)	25.39 %	
Average flow velocity	-16.07 cm/s	
Peak flow velocity	102.20 cm/s	
Peak pressure gradient	4.18 mmHg	
Min vessel area	107.46 mm <sup>2</sup>	
Max vessel area	128.93 mm <sup>2</sup>	

**Conclusions** [Edit]

**Impressions**

Extra-cardiac Findings  
Miscellaneous  
Comments  
Conclusions

Figura 18 Referti della Suite Medis con i Risultati di QStrain

La funzionalità di refertazione è descritta nel Manuale dell'Utente della Medis Suite. La documentazione della Suite Medis è disponibile nella scheda Documenti dell'Utente che può essere aperta come segue;

- Premere F1.

- Premendo il pulsante Guida .
- Selezionare il pulsante del menu principale della Medis Suite in alto a destra  > **Aiuto** > **Documenti per l'Utente**

## 6 Sessioni

Lo stato di QStrain può essere salvato in una sessione della Suite Medis. La sessione può essere ricaricata per proseguire o riesaminare le analisi.

La funzionalità della sessione è descritta nel Manuale dell'Utente della Suite Medis. La documentazione della Suite Medis è disponibile nella scheda Documenti dell'Utente che può essere aperta come segue;

- Premere F1.
- Premendo il pulsante Guida .
- Selezionare il pulsante del menu principale della Medis Suite in alto a destra  > **Aiuto** > **Documenti per l'Utente**

## 7 Tasti di scelta rapida

Quando si lavora con QStrain, è possibile utilizzare diverse combinazioni di tasti sulla tastiera e azioni del mouse per eseguire rapidamente le seguenti operazioni.

<b>Premere</b>	<b>per</b>
<b>Layout</b>	
F11	Mostra o nascondi i riquadri dell'area di lavoro
<b>Controllo dell'immagine</b>	
Rotellina di scorrimento	Zoom
<b>Procedure</b>	
<b>Controlli di Navigazione</b>	
Freccia a sinistra	Mostra il punto temporale precedente
Freccia a destra	Mostra il punto temporale successivo

## 8 Parametri/Misurazioni

### 8.1 Parametri di deformazione

GLS	Deformazione longitudinale globale
GRS	Deformazione radiale globale
GCS	Deformazione circonferenziale globale
MyoRot	Rotazione miocardica
Delta-ROT	Rotazione Delta, differenza tra la rotazione basale e quella apicale
Pk%	Valore di picco della deformazione in percentuale
S-Pk	Valore di deformazione in ES in percentuale
TTP ms	Tempo di picco in millisecondi

### 8.2 Parametri di velocità

Pk	Velocità di picco
S-Pk	Velocità in ES
TTP ms	Velocità del Tempo di picco in millisecondi

### 8.3 Parametri di spostamento

Pk	Spostamento massimo
S-Pk	Spostamento in ES
TTP ms	Tempo allo spostamento massimo in millisecondi

### 8.4 Parametri del tasso di deformazione

Pk 1/s	Picco del tasso di deformazione in 1/s
S-Pk	Tasso di deformazione in ES in 1/s
TTP ms	Tempo al picco del tasso di deformazione in millisecondi

## 8.5 Parametri generali

ED	Fine fase diastolica
ES	Fine fase sistolica
EDA	Area ED
ESA	Area ES
FAC	Cambio delle aree di frazione
EDV	Volume ED
ESV	Volume ES
EF	Frazione di eiezione
TTP	Tempo di picco
Massimo ritardo di parete	Differenza tra il TTP più basso e quello più alto.