

QStrain 4.1

Manual de usuario de inicio rápido

Contenido

Primeros pasos	1
1 Descripción general del flujo de trabajo	1
Flujo de trabajo.....	2
2 Flujo de trabajo: Realización de un análisis QStrain.....	2
2.1 QStrain Pasos generales del análisis.....	2
2.2 Carga de series	4
2.3 Selección de análisis.....	5
2.4 Gestión de contornos.....	8
2.5 Accesorios del análisis.....	11
Resultados	19
3 Resultados QStrain	19
3.1 Gráficos de resultados de deformación global	20
3.2 Resultados numéricos de deformación global.....	20
3.3 Resultados de deformación regional estándar	21
3.4 Resultados regionales detallados (Time to Peak)	22
4 Resumen de resultados.....	23
4.1 Resultados del corte longitudinal del VI (apical)	23
4.2 Resultados del corte transversal (SAX).....	23
4.3 Resultados del atrio	24
4.4 Corte longitudinal VD (Ventrículo derecho)	24
5 Informes	24
6 Sesiones	26
Referencia	27
7 Combinaciones de teclas.....	27
8 Parámetros/Medidas.....	28
8.1 Parámetros de deformación	28
8.2 Parámetros de velocidad.....	28
8.3 Parámetros de desplazamiento	28

8.4	Parámetros de velocidad de deformación	28
8.5	Parámetros generales	29

Primeros pasos

1 Descripción general del flujo de trabajo

Un análisis de QStrain se puede iniciar desde QMass o como una aplicación independiente.

La siguiente tabla describe los pasos del flujo de trabajo de un análisis de QStrain iniciado directamente desde QMass, o QStrain como una aplicación independiente.

Para más información, consulte la sección Flujo de trabajo: Realización de un análisis QStrain.

Tabla 1: QMass + Flujo de trabajo de QStrain / Flujo de trabajo solo de QStrain

QMass + QStrain	QStrain independiente														
Cargar series															
Detección automática de contornos															
Revisar contornos															
Iniciar análisis QStrain: Cargar datos y contornos de las series automáticamente	Iniciar análisis QStrain														
<table border="1"> <thead> <tr> <th>QStrain</th> </tr> </thead> <tbody> <tr> <td>Seleccionar series</td> </tr> <tr> <td>Seleccionar tipo de análisis</td> </tr> <tr> <td></td> </tr> <tr> <td></td> </tr> <tr> <td></td> </tr> <tr> <td>Completar análisis de deformación</td> </tr> </tbody> </table>	QStrain	Seleccionar series	Seleccionar tipo de análisis				Completar análisis de deformación	<table border="1"> <thead> <tr> <th>QStrain</th> </tr> </thead> <tbody> <tr> <td>Seleccionar series</td> </tr> <tr> <td>Seleccionar tipo de análisis</td> </tr> <tr> <td>Dibujar contornos manualmente</td> </tr> <tr> <td>Revisar contornos</td> </tr> <tr> <td>Verificar las fases de DF y SF</td> </tr> <tr> <td>Completar análisis de deformación</td> </tr> </tbody> </table>	QStrain	Seleccionar series	Seleccionar tipo de análisis	Dibujar contornos manualmente	Revisar contornos	Verificar las fases de DF y SF	Completar análisis de deformación
QStrain															
Seleccionar series															
Seleccionar tipo de análisis															
Completar análisis de deformación															
QStrain															
Seleccionar series															
Seleccionar tipo de análisis															
Dibujar contornos manualmente															
Revisar contornos															
Verificar las fases de DF y SF															
Completar análisis de deformación															

⚠ El flujo de trabajo preferido es el de iniciar QStrain desde QMass usando los contornos detectados automáticamente.

Flujo de trabajo

2 Flujo de trabajo: Realización de un análisis QStrain

La aplicación QStrain admite los siguientes análisis relacionados con la deformación.

- Corte longitudinal del VI (apical)
- Corte transversal VI (SAX)
- Imágenes auriculares (atrio)
- Imágenes del VD (ventrículo derecho)

Para desplazarse por los pasos del análisis.

- Haga clic  en la barra de herramientas vertical para continuar con la siguiente etapa de un análisis.
- Haga clic  en la barra de herramientas vertical para ir a la etapa anterior de un análisis.
- Haga clic  en la barra de herramientas vertical para ir a la etapa de Cargar una serie y análisis.
- En la ventana de visualización de Revisión DF/SF, haga clic  para aceptar y clic  para rechazar los cambios de contorno.
- En la ventana de selección de la secuencia M-Mode, haga clic  para volver al análisis.
- En la ventana de Análisis segmentario Time to Peak (tiempo para alcanzar el pico máximo), haga clic  para volver al análisis.

2.1 QStrain Pasos generales del análisis

Los análisis de QStrain comparten los mismos pasos.

- Carga de series
- Selección de análisis
- Creando contornos
- Realización del análisis de deformación global.
 - Opcional: Análisis de SAX: Añada un punto de referencia para cada corte.
 - Revisión de la fase de DF SF: Secuencia M-Mode
 - Análisis regional detallado completo, en el Análisis Time to Peak.

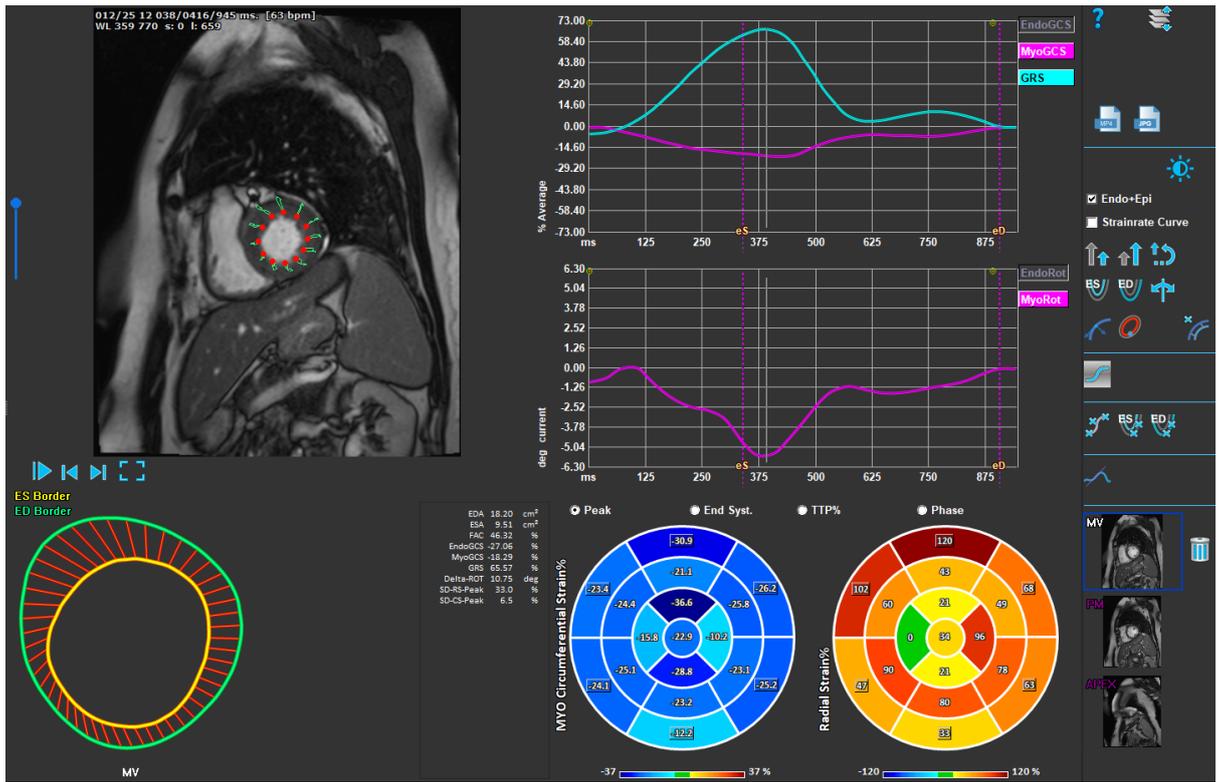


Figura 1: Análisis de SAX

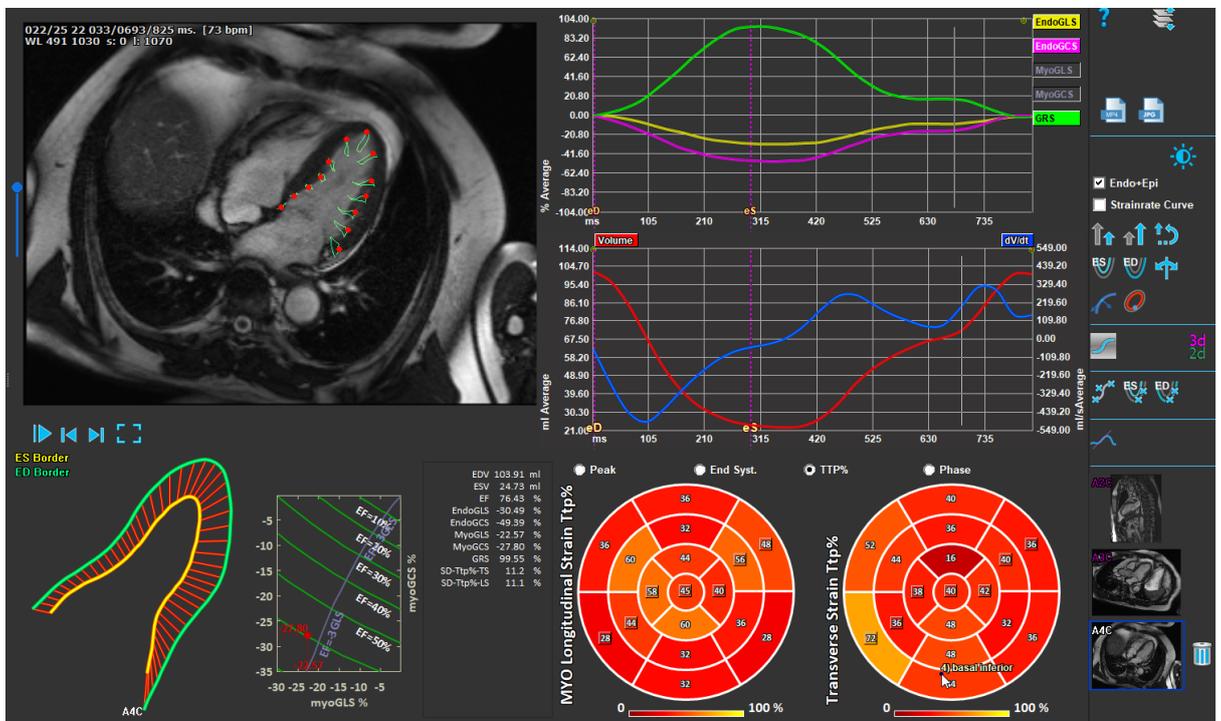


Figura 2: Análisis de LAX

2.2 Carga de series

El primer paso para realizar un análisis de deformación es cargar las series. Se puede cargar una serie o varias en QStrain desde el **Navegador de series** de Medis Suite. Consulte el manual del usuario de Medis Suite para obtener instrucciones detalladas.

QStrain Admite las series RM y TC.

Para cargar series desde el Navegador de series de Medis Suite

1. Seleccione todas las series de deformación en la vista de imagen o texto del **Navegador de series** de Medis Suite.
2. Haga clic y arrastre los elementos seleccionados en el icono de la aplicación QStrain.

O bien:

1. Seleccione todas las series en la vista de imagen o texto del **Navegador serie** de Medis Suite.
2. Haga clic con el botón derecho sobre la serie seleccionada para abrir un menú contextual.
Elija QStrain.

Esta acción cargará la selección de análisis de series en el área de visualización.

Para cargar series desde QMass

- Seleccione el icono  de la barra de herramientas **General** en QMass.

ⓘ Todos los datos de la serie que se han cargado en QMass y los contornos relacionados que se han creado en QMass, se cargarán en QStrain.

ⓘ QStrain solo carga la serie MR y TC DICOM.

2.3 Selección de análisis

La aplicación QStrain admite los siguientes análisis relacionados con la deformación.

- **Corte longitudinal del VI** (Apical)
- **Corte transversal VI** (SAX)
- **Aurícula** (Atrio)
- **VD** (Ventrículo derecho)

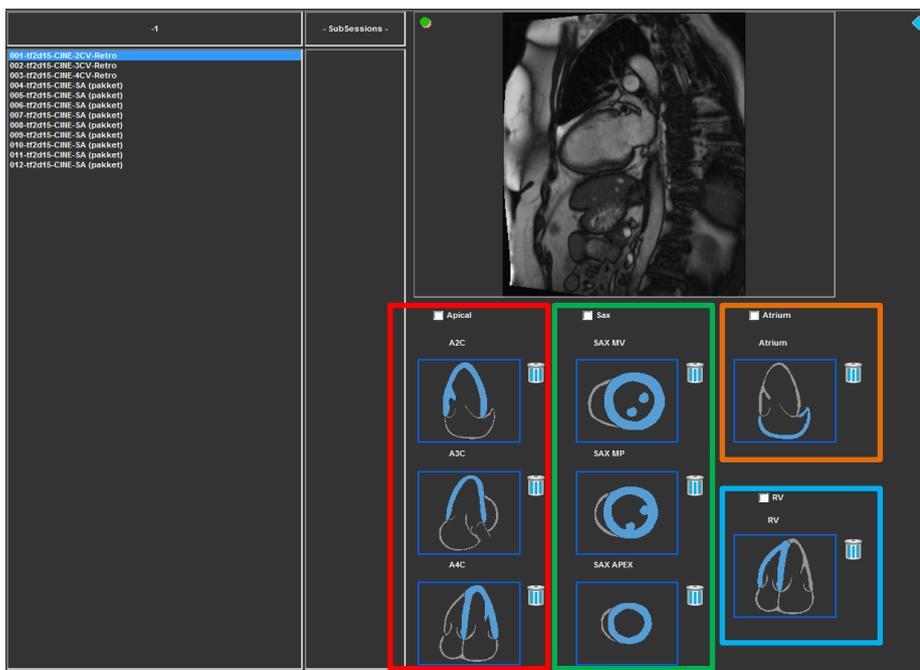


Figura 3: Series y selección del análisis

Selección de la serie.

- Seleccione una serie del área de visualización izquierda.

Empareje una serie con una orientación de imagen.

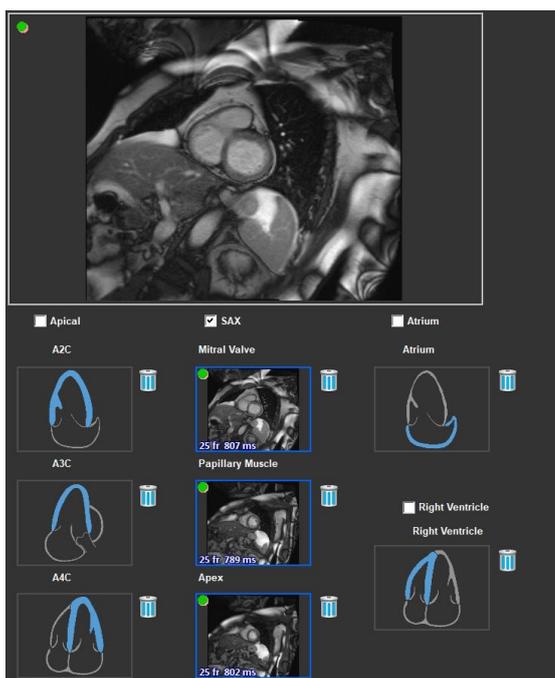


Figura 4: Empareje una serie con una orientación

Elija el tipo de análisis.

- Marque la casilla de verificación del análisis a realizar.

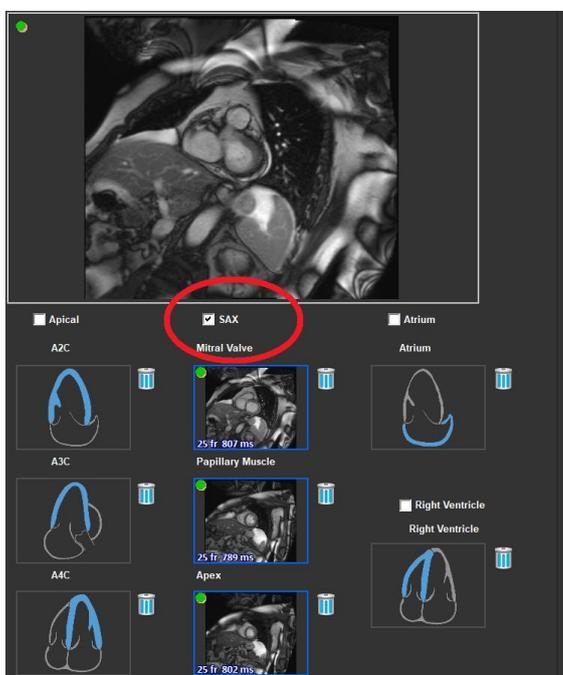


Figura 5: Seleccione el tipo de análisis QStrain

⚠ Solo se puede seleccionar un tipo de análisis.

ⓘ Un círculo verde o rojo en la esquina superior izquierda del área de visualización indica que los contornos epi o endo se importaron con la serie seleccionada.

Las series seleccionadas se combinan con un análisis QStrain dado. Los análisis LAX y SAX facilitan hasta tres series, cada una representando un corte. Los análisis de atrio y VD se limitan a una serie.

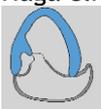
Para emparejar una serie con un análisis SAX.

- Seleccione una serie de la lista de series.
- Haga clic y arrastre la imagen del área de visualización al nivel correspondiente, los iconos

de la válvula mitral , el músculo papilar  o el ápice .

Para emparejar una serie con un análisis LAX.

- Seleccione una serie de la lista de series.
- Haga clic y arrastre la imagen del área de visualización a los iconos de vista de cámara A2C

, A3C  o A4C  correspondientes.

Para acoplar una serie con un análisis de atrio.

- Seleccione una serie de la lista de series.

- Haga clic y arrastre la imagen del área de visualización al icono Atrio .

Para emparejar una serie con un análisis VD.

- Seleccione una serie de la lista de series.

- Haga clic y arrastre la imagen de la ventana gráfica al icono de VD .

Para eliminar una serie de un análisis

- Haga clic en el icono  junto a la serie que desea eliminar.

2.4 Gestión de contornos

Los contornos son un requisito previo de un análisis de deformación. La siguiente sección explica los aspectos relacionados con la gestión de contornos de QStrain.

ⓘ Cuando los contornos se importan desde QMass, el flujo de trabajo de edición de contorno del análisis se supera automáticamente.

2.4.1 Creando contornos

El primer paso del análisis QStrain es definir el endocardio y opcionalmente los contornos del epicardio. QStrain los contornos se pueden añadir a través de las ventanas de revisión y edición de contornos SF o DF o se pueden importar con la serie seleccionada.

2.4.1.1 Habilite la ventana Creación de contorno.

- Después de completar la selección y el análisis de la serie en la ventana de selección de la serie, haga clic  en en la barra de herramientas vertical.

O bien:

- En la ventana de análisis, haga clic en  o , o  en la barra de herramientas vertical.

O bien:

- En la ventana de análisis, seleccione la casilla de verificación Endo + Epi en la barra de herramientas vertical.

2.4.1.2 Para crear un contorno.

Cuando la ventana de edición de contornos esté abierta, edite los contornos de la siguiente manera:

- Haga clic para establecer el primer punto de edición en la imagen, en la posición recomendada mostrada por el indicador de punto de contorno.
- Haga clic para establecer el segundo punto de edición en la imagen, en la posición recomendada mostrada por el indicador de punto de contorno.
- Haga clic con el botón derecho para establecer el último punto de edición en la imagen, en la posición recomendada que muestra el indicador de punto de contorno. Se generará un contorno.

ⓘ Seleccione la casilla de verificación Endo + Epi para generar contornos Endo y Epi.

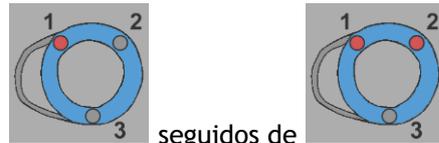
ⓘ Desactive la casilla de verificación Endo + Epi para generar solo el contorno Endo.

2.4.2 Creación de contornos por indicadores

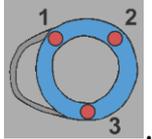
En la esquina inferior derecha de la ventana de edición de contorno, un indicador de posición de contorno recomienda la ubicación de la posición ideal de los puntos de contorno progresivos.

2.4.2.1 Indicadores de los puntos de contorno (SAX)

SAX



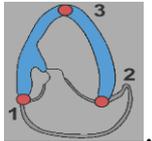
Indicadores de ubicación de SAX son los siguientes, seguidos de y



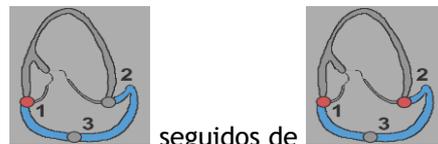
LAX



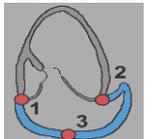
Los indicadores de ubicación de LAX son los siguientes, seguidos de y



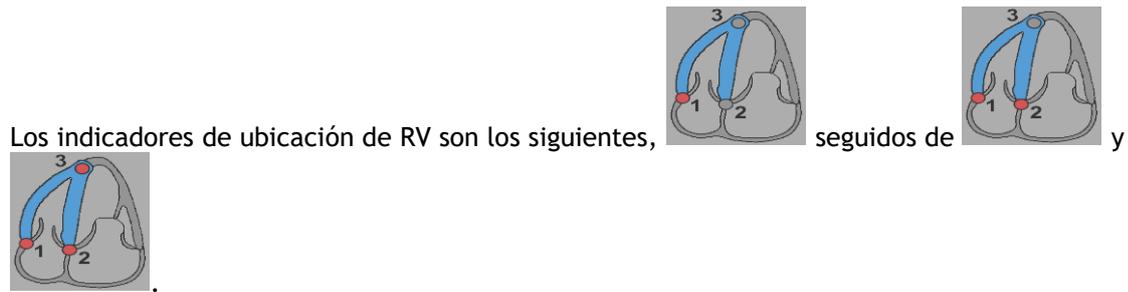
Atrio



Los indicadores de ubicación del atrio son los siguientes, seguidos de y



VD



2.4.3 Edición de contornos

2.4.3.1 Para modificar contornos

Para modificar contorno existente.

1. Pase el cursor del ratón sobre el punto de edición del contorno que se va a modificar.
2. Haga clic y arrastre el ratón para mover el punto de edición del contorno.
3. Suelte el ratón para establecer el punto de edición.

2.4.3.2 Para eliminar todos los puntos del contorno.

1. Haga clic en el punto de edición  de la barra de herramientas vertical.

2.4.3.3 Para eliminar un punto de contorno.

1. Pase el cursor del ratón sobre el punto de edición del contorno que se eliminará.

Haga clic con el botón derecho en el punto de edición del contorno.

2.4.4 Finalizar la edición de contorno

Una vez definidos los contornos, se puede continuar con el análisis.

Para continuar desde la ventana Edición de contorno a la ventana Análisis.

- Seleccione  de la barra de herramientas vertical.

O bien:

- Haga clic con el botón derecho en el área de visualización

2.5 Accesorios del análisis

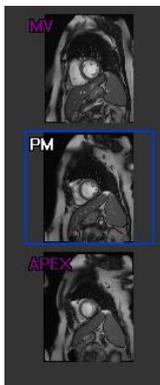
La barra de herramientas vertical en la ventana de análisis contiene herramientas que ayudan en el flujo de trabajo del análisis de deformaciones.

2.5.1 Creación de un punto de referencia para el análisis SAX

Los puntos de referencia mejoran la precisión de los resultados.

Establecer un punto de referencia en un análisis SAX.

- Elija un corte del SAX desde la barra de herramientas vertical.



- Seleccione  de la barra de herramientas vertical.
- Haga clic en el septo anterior.
- Haga clic en Confirmar.

 El análisis de deformación SAX requiere la colocación de un punto de referencia en el septo anterior de cada corte.

2.5.2 Gestión de DF SF

2.5.2.1 Revisión y modificación de contorno DF SF

La ventana de revisión de contornos SF facilita la actualización de los contornos DF y SF.

Para habilitar la ventana de revisión y modificación de contorno de SF.

- En la ventana de análisis, haga clic  en en la barra de herramientas vertical.

Para habilitar la ventana de revisión y modificación de contorno de DF.

- En la ventana de análisis, haga clic  en en la barra de herramientas vertical.

2.5.2.2 Revisión de la fase de DF SF: Secuencia M-Mode

La Secuencia M-Mode es una herramienta que ayuda a administrar la posición de las fases DF y SF. Se utiliza una línea de secuencia M-Mode para crear una imagen de M-Mode. Normalmente, la línea M-Mode se dibuja desde las paredes ventriculares externas a través del diámetro del ventrículo. Las posiciones de las fases DF y SF se pueden ajustar en la imagen de M-Mode.

La edición de secuencia M-Mode consta de tres pasos.

- Defina una línea a través de un ventrículo.
- Evalúe la imagen M-Mode.
- Revise / modifique la posición de DF y SF.

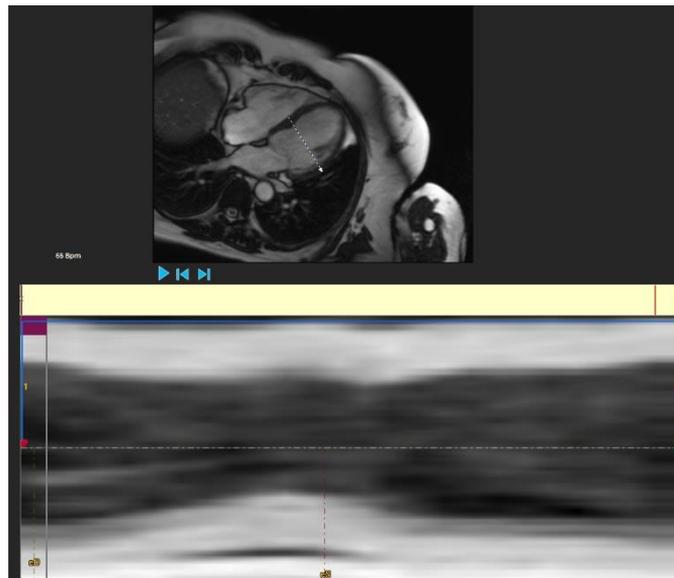


Figura 6: Revisión de fase DF y SF de la Secuencia M-Mode

Las fases DF y SF pueden verificarse y modificarse si es necesario, utilizando la imagen M-Mode. La imagen de superposición M-Mode resultante se mostrará automáticamente en el gráfico de volumen de la ventana de análisis. La superposición se puede activar y desactivar.

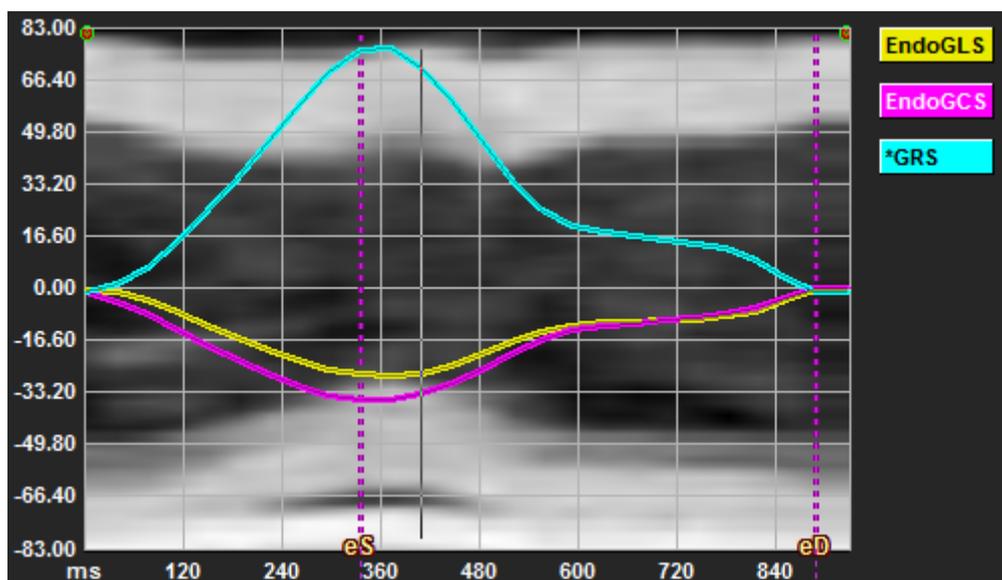


Figura 7: Superposición M-Mode en el gráfico de volumen de la ventana de análisis

Para dibujar la línea M-Mode.

- En la ventana de análisis, haga clic en  de la barra de herramientas vertical.
- En la imagen, haga clic para comenzar la línea M-Mode.
- Haga clic con el botón derecho para finalizar la línea M-Mode.

Para actualizar la fase DF o SF.

- Haga clic y arrastre las líneas de cuadrícula verticales DF o SF en la imagen M-Mode.
- Haga clic en  en la barra de herramientas vertical para volver a la ventana de análisis.

Para habilitar/deshabilitar la superposición M- Mode en los gráficos de volumen.

En la ventana de análisis.

- Haga clic en  para habilitar o deshabilitar M- Mode en el gráfico de deformación.

2.5.3 Análisis Time to Peak

El análisis Time to Peak proporciona resultados detallados de deformación regional del modelo AHA de 17 segmentos. Los resultados regionales se distinguen por el color. El modelo de segmento y los gráficos correspondientes son interactivos y facilitan la habilitación y deshabilitación de los resultados regionales.

El siguiente esquema de color se utiliza para distinguir las diferentes regiones del modelo de segmento y sus resultados correspondientes.

Basal		Media		Apical	
Basal	Anterior	Media	Anterior	Apical	Anterior
Basal	Anterolateral	Media	Anterolateral	Apical	Inferior
Basal	Inferolateral	Media	Inferolateral	Apical	Septal
Basal	Inferior	Media	Inferior		Lateral
Basal	Inferolateral	Media	Inferolateral		
Basal	Anteroseptal	Media	Anteroseptal		

Para iniciar un análisis Time to Peak.

- Haga clic en  en la barra de herramientas vertical para volver a la ventana de análisis.

Para seleccionar una región.

En la ventana de análisis Time to Peak:

- Desplácese sobre el modelo de segmento.

O bien:

- Coloque el cursor sobre los gráficos.

Para habilitar/deshabilitar una región.

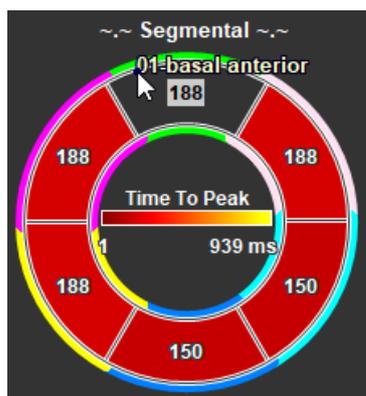


Figura 8: Habilitar/deshabilitar la figura de la región SAX TTP
Habilitar/deshabilitar la región LAX TTP

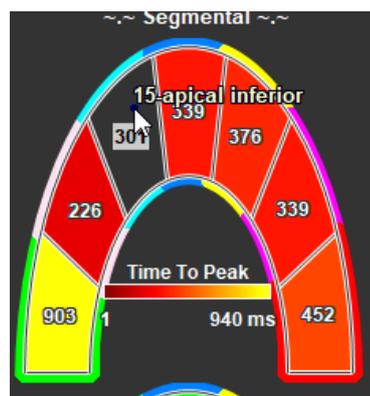


Figura 9:

En la ventana de análisis Time to Peak.

- Haga clic en el segmento para habilitar o deshabilitar.

Para habilitar/deshabilitar todas las regiones.

En la ventana de análisis Time to Peak.

- Haga clic en el centro del modelo de segmento para habilitar o deshabilitar todos los segmentos.

Para cambiar el tipo de análisis regional.

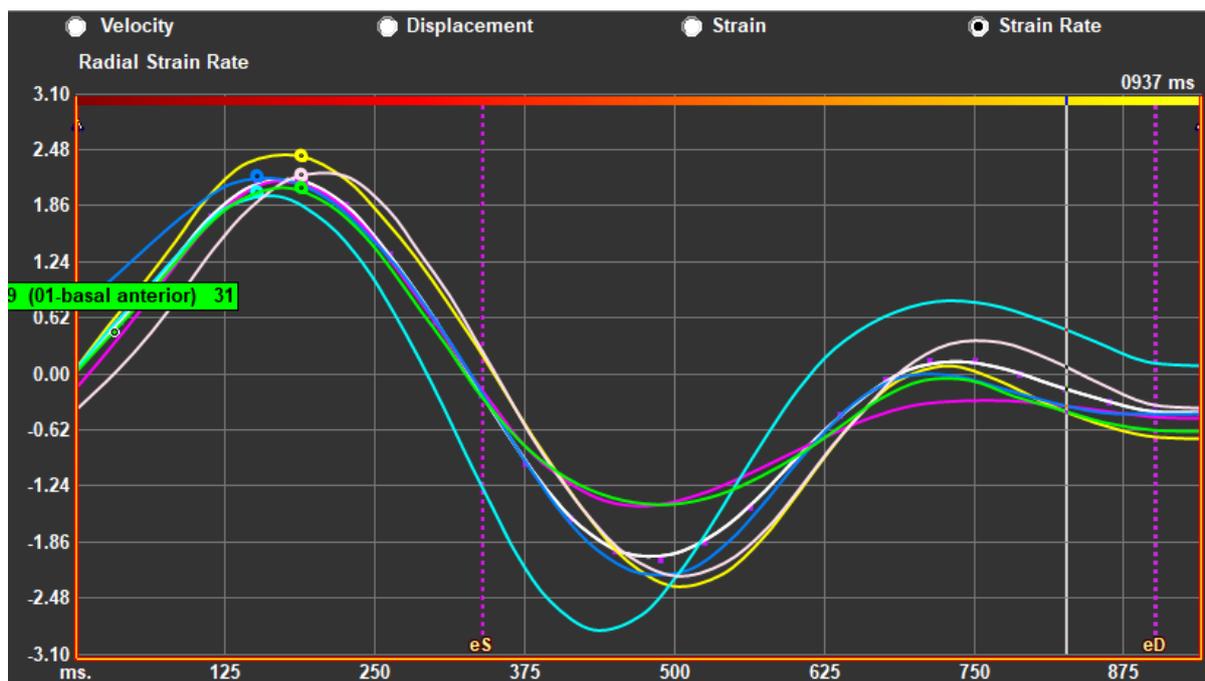


Figura 10: Seleccione el tipo de resultados de deformación

En la ventana de análisis Time to Peak.

- Seleccione "Velocidad", "Desplazamiento", "Deformación" o "Tasa de deformación".

Para cambiar entre los resultados regionales de Endocardio, Epicardio o Miocardio.

En la ventana de análisis Time to Peak.

- Haga clic en  de la barra de herramientas vertical para ver los resultados regionales del Endocardio.
- Haga clic en  de la barra de herramientas vertical para ver los resultados regionales del Epicardio.
- Haga clic en  de la barra de herramientas vertical para ver los resultados regionales del Miocardio.



2.5.4 Película 3D

QStrain tiene una vista 2D/3D para ayudar en la visualización de la deformación mientras se realiza su análisis.

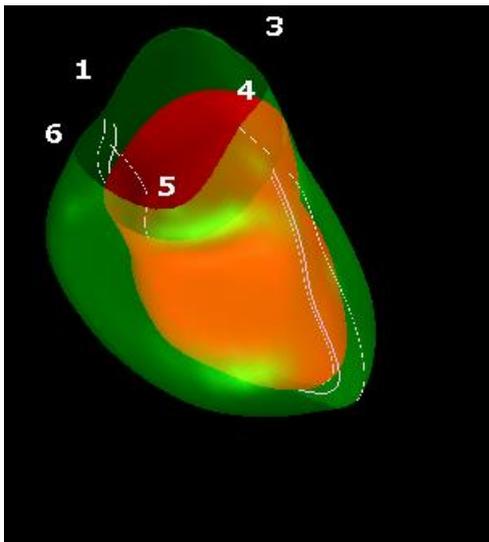


Figura 11: Vista 3D de la deformación

Para habilitar la vista 3D

- Cargue y complete un análisis de al menos 2 series LAX.
- En la ventana de análisis, haga clic en  de la barra de herramientas vertical.

3 Resultados QStrain

Los resultados QStrain son visibles en QStrain, en Medis Suite Findings y Medis Suite Report. También se pueden añadir capturas y películas a los resultados. El análisis QStrain proporciona los siguientes conjuntos de resultados de deformación.

- Global
- Regional estándar
- Regional detallado (Análisis Time to Peak)

Los resultados de la deformación principal son los siguientes.

- Deformación radial global (GRS)
- Deformación de circunferencia global (GCS)
- Deformación longitudinal global (GLS)

📌 Consulte

Resumen de resultados para más información sobre los resultados.

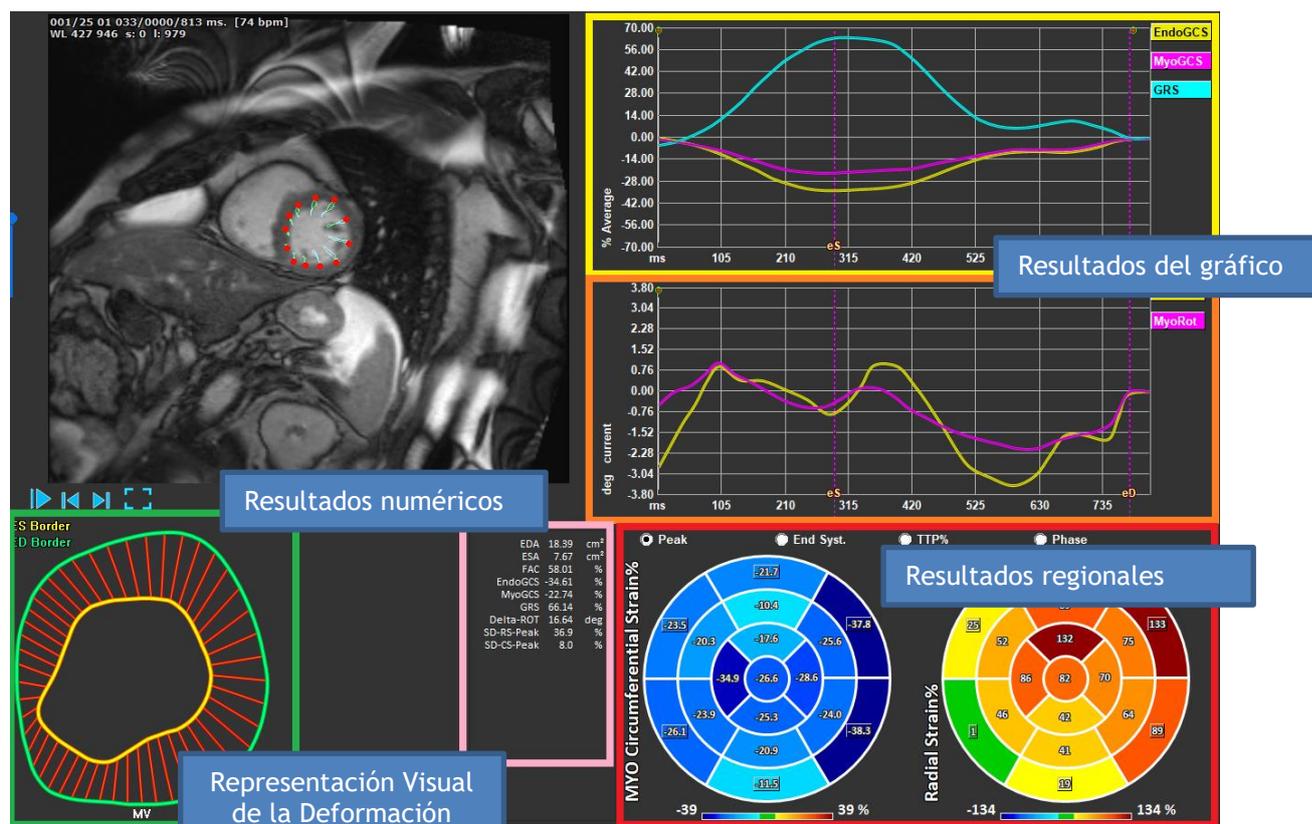


Figura 12: Resumen de las secciones de resultados

3.1 Gráficos de resultados de deformación global

Se puede acceder a los resultados globales desde la ventana de análisis. Hay dos gráficos de resultados gráficos. El gráfico superior muestra las curvas de deformación global, mientras que la inferior muestra las curvas de deformación rotacional en el análisis SAX y las curvas de área en el análisis LAX, Atrio y VD.

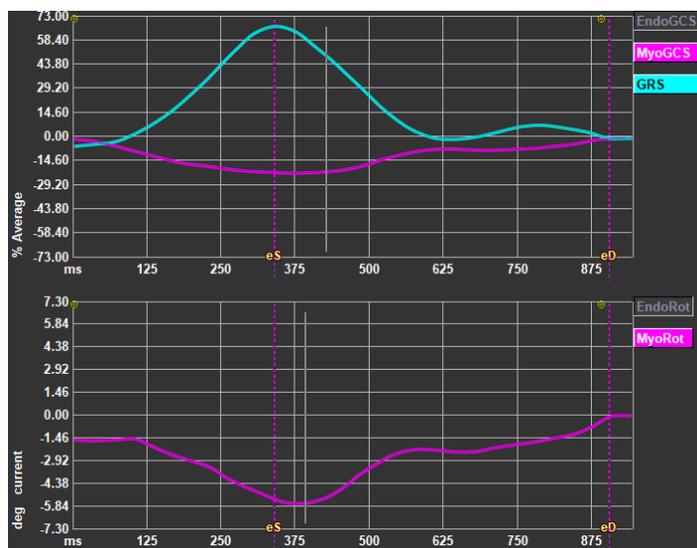


Figura 13: Gráficos del análisis de deformación

Para habilitar la curva de velocidad de deformación

En la ventana de análisis, seleccione la casilla de verificación Curva de velocidad de deformación de la barra de herramientas vertical.

ⓘ Los resultados de la deformación miocárdica están disponibles cuando los contornos Endo y Epi están disponibles.

ⓘ La deformación de rotación depende del corte y, por lo tanto, refleja la deformación del corte seleccionado.

3.2 Resultados numéricos de deformación global

Se puede acceder a los resultados globales numéricos desde la ventana de análisis.

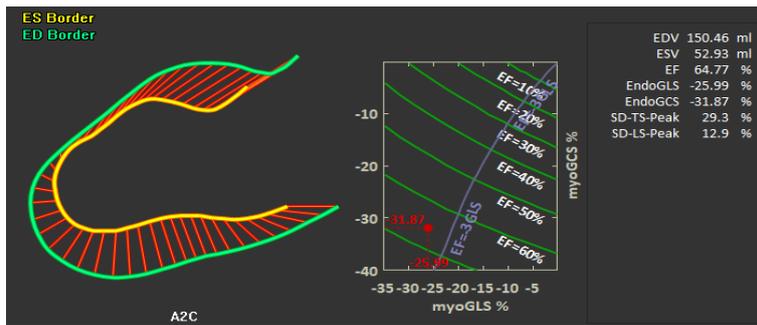


Figura 14: Resultados numéricos de LAX

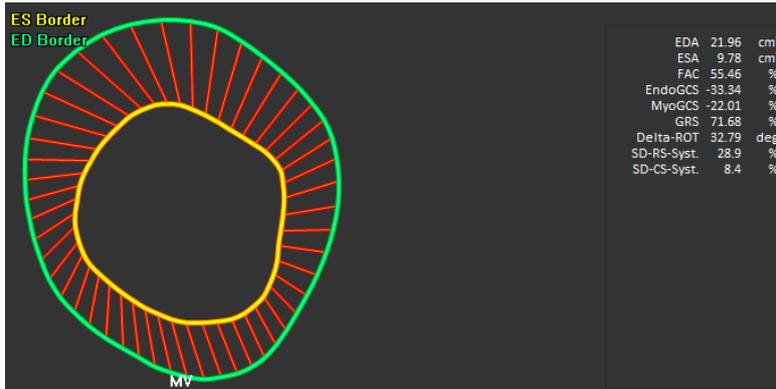


Figura 15: Resultados numéricos de SAX

3.3 Resultados de deformación regional estándar

Se puede acceder a los resultados regionales estándar desde la ventana de análisis.

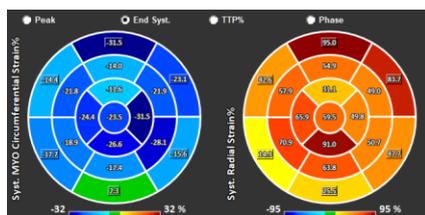


Figura 16: Resultados regionales estándar

3.4 Resultados regionales detallados (Time to Peak)

Se puede acceder a los resultados regionales detallados desde la ventana de análisis.



Figura 17: Resultados regionales detallados. TTP

4 Resumen de resultados

Las siguientes listas definen los resultados que están disponibles de cada análisis de QStrain.

4.1 Resultados del corte longitudinal del VI (apical)

QStrain proporciona la siguiente lista de resultados:

- EDV
- ESV
- EF
- Endo GLS
- Endo GCS
- Myo GLS (solo si el contorno EPI está segmentado)
- Myo GCS (solo si el contorno EPI está segmentado)
- GRS (solo si el contorno EPI está segmentado)
- SD-LS-Peak (solo cuando se selecciona la vista Peak AHA)
- SD-TS-Peak (solo cuando se selecciona la vista Peak AHA y el contorno de EPI está segmentado)
- SD-LS-Syst. (Solo cuando se selecciona la vista End Syst. AHA)
- SD-TS-Syst. (Solo cuando se selecciona la vista End Syst. AHA y el contorno de EPI está segmentado)
- SD-Ttp%-LS (solo cuando se selecciona la vista TTP% AHA)
- SD-Ttp%-TS (solo cuando se selecciona la vista TTP% AHA y el contorno de EPI está segmentado)
- SD-Ph%-LS (solo cuando se selecciona la vista Phase AHA)
- SD-Ph%-TS (solo cuando se selecciona la vista Phase AHA y el contorno EPI está segmentado)

4.2 Resultados del corte transversal (SAX)

QStrain proporciona la siguiente lista de resultados:

- EDA
- ESA
- FAC
- Endo Rot
- Endo GCS
- Myo Rot (solo si el contorno EPI está segmentado)
- Myo GCS (solo si el contorno EPI está segmentado)
- GRS (solo si el contorno EPI está segmentado)
- Delta Rot (solo cuando están presentes todos los cortes en SAX-VI)
- SD-CS-Peak (solo cuando se selecciona la vista Peak AHA)
- SD-RS-Peak (solo cuando se selecciona la vista Peak AHA y el contorno de EPI está segmentado)
- SD-CS-Syst. (Solo cuando se selecciona la vista End Syst. AHA)
- SD-RS-Syst. (Solo cuando se selecciona la vista End Syst. AHA y el contorno de EPI está segmentado)
- SD-Ttp%-CS (solo cuando se selecciona la vista TTP% AHA)
- SD-Ttp%-RS (solo cuando se selecciona la vista TTP% AHA y el contorno de EPI está segmentado)
- SD-Ph%-CS (solo cuando se selecciona la vista Phase AHA)

- SD-Ph%-RS (solo cuando se selecciona la vista Phase AHA y el contorno EPI está segmentado)

4.3 Resultados del atrio

QStrain proporciona la siguiente lista de resultados:

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

4.4 Corte longitudinal VD (Ventrículo derecho)

QStrain proporciona la siguiente lista de resultados:

- EDA
- ESA
- FAC
- Endo GLS
- Myo GLS (Solo cuando el contorno de EPI está segmentado)
- GRS (Solo cuando el contorno de EPI está segmentado)

5 Informes

Los resultados de QStrain están disponibles en el panel de resultados de Medis Suite y en el informe de Medis Suite.

The screenshot displays the Medis Suite report interface. On the left, a navigation pane shows sections like Patient Study Info, Reason for Referral, Technique, Viewer, and V QFlow 4D Stable Daily 1.0 #1. The main content area is divided into several sections:

- Patient Study Info:** Includes Name, ID, Birthdate, Age/Gender, Modality, Manufacturer, and Manufacturer model. Study date is 11/11/2010. Description is MRI Heart Morph + Func w/ + w/o Con.
- Reason for Referral:** A field with an 'Edit' button.
- QFlow 4D Stable Daily 1.0 #1:** A section header.
- Background Correction:** Shows Fitting Order: 1 and 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 %	
- 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 %	
- Conclusions:** A field with an 'Edit' button.

Figura 18 Informe de Medis Suite con resultados de QStrain

La funcionalidad de informes de Medis Suite se describe en el manual del usuario de Medis Suite. La documentación de Medis Suite está disponible en la pestaña Documentos del usuario, que se puede abrir de la siguiente manera:

- Pulse F1.
- Pulse el botón de ayuda .
- Seleccione el botón del menú principal de Medis Suite en la esquina superior derecha  > **Ayuda > Documentos del usuario**

6 Sesiones

El estado de QStrain se puede guardar en una sesión de Medis Suite. La sesión podrá volver a cargarse para proseguir con ella o revisar los análisis.

La funcionalidad de la sesión en Medis Suite se describe en el manual del usuario de Medis Suite. La documentación de Medis Suite está disponible en la pestaña Documentos del usuario, que se puede abrir de la siguiente manera:

- Pulse F1.
- Pulse el botón de ayuda .
- Seleccione el botón del menú principal de Medis Suite en la esquina superior derecha  > **Ayuda > Documentos del usuario**

7 Combinaciones de teclas

Cuando trabaje con QStrain, puede usar varias combinaciones de teclas en las acciones de su teclado y ratón para realizar rápidamente las siguientes tareas.

Pulsar	Para
Disposición	
F11	Mostrar u ocultar las ventanas del entorno de trabajo
Control de imagen	
Rueda de desplazamiento	Zoom
Procedimientos	
Controles de navegación	
Flecha izquierda	Visualizar el punto temporal anterior
Flecha derecha	Visualizar el punto temporal siguiente

8 Parámetros/Medidas

8.1 Parámetros de deformación

GLS	Deformación longitudinal global
GRS	Deformación radial global
GCS	Deformación circunferencial global
MyoRot	Rotación miocárdica
Delta-ROT	Delta Rotation, diferencia entre rotación basal y apical
Pk%	Valor máximo de deformación como porcentaje
S-Pk	Valor de deformación en SF como porcentaje
TTP ms	Time to Peak en milisegundos

8.2 Parámetros de velocidad

Pk	Velocidad máxima
S-Pk	Velocidad en SF
TTP ms	Tiempo hasta la velocidad máxima en milisegundos

8.3 Parámetros de desplazamiento

Pk	Desplazamiento máximo
S-Pk	Desplazamiento en SF
TTP ms	Tiempo hasta el desplazamiento máximo en milisegundos

8.4 Parámetros de velocidad de deformación

Pk 1/s	Pico de velocidad de deformación en 1/s
S-Pk	Tasa de deformación en SF en 1/s
TTP ms	Tiempo hasta el pico de velocidad de deformación en milisegundos

8.5 Parámetros generales

DF	Fase diastólica final
SF	Fase sistólica final
EDA	Área DF
ESA	Área SF
FAC	Cambio del área de la fracción
EDV	Volumen DF
ESV	Volumen SF
EF	Fracción de eyección EF
TTP	Time to Peak (tiempo para alcanzar el pico máximo)
Max Wall Delay	Diferencia entre el TTP máximo y mínimo