

QStrain 4.2

Guide de démarrage rapide

Table des matières

Mise en route	1
1 Aperçu du flux de travail	1
Flux de travail.....	2
2 Flux de travail : effectuer une QStrain QStrain.....	2
2.1 QStrain QStrain	2
2.2 Chargement des séries	4
2.3 Sélection d'analyse.....	5
2.4 Gestion des contours	8
2.5 Accessoire d'analyse	12
Résultats	20
3 QStrain QStrain	20
3.1 Graphiques de résultats de déformation globale	21
3.2 Résultats numériques de déformation globale.....	21
3.3 Résultats de déformation régionale standard.....	22
3.4 Résultats régionaux détaillés (Temps pour arriver au pic).....	23
4 Aperçu des résultats	24
4.1 Résultats axe long LV (apical).....	24
4.2 Résultats axe court (SAX)	24
4.3 Résultats atrium.....	25
4.4 Axe long RV (ventricule droit).....	25
5 Création de rapport.....	25
6 Sessions.....	27
Référence	28
7 Raccourcis.....	28
8 Paramètres / Mesures	29
8.1 Paramètres de déformation	29
8.2 Paramètres de vitesse	29
8.3 Paramètres de déplacement	29

8.4	Paramètres de vitesse de déformation	29
8.5	Paramètres généraux	30

Mise en route

1 Aperçu du flux de travail

Une analyse QStrain peut être lancée soit depuis QMass, soit depuis une application autonome.

Le tableau suivant décrit les étapes du flux de travail d'une analyse QStrain démarrée directement depuis QMass, ou depuis QStrain en tant qu'application autonome.

Pour plus de détails, référez-vous à la section Flux de travail : effectuer une QStrain QStrain.

Tableau 1 : Flux de travail QMass + QStrain / Flux de travail autonome QStrain

QMass + QStrain	QStrain autonome														
Charger des séries															
Détection automatique des contours															
Vérifier contours															
Lancer l'analyse QStrain : Charger automatiquement des données et contours de la série	Lancer l'analyse QStrain														
<table><tr><td>QStrain</td></tr><tr><td>Sélectionner la série</td></tr><tr><td>Sélectionner le type d'analyse</td></tr><tr><td></td></tr><tr><td></td></tr><tr><td></td></tr><tr><td>Analyse de déformation complète</td></tr></table>	QStrain	Sélectionner la série	Sélectionner le type d'analyse				Analyse de déformation complète	<table><tr><td>QStrain</td></tr><tr><td>Sélectionner la série</td></tr><tr><td>Sélectionner le type d'analyse</td></tr><tr><td>Dessiner manuellement les contours</td></tr><tr><td>Vérifier contours</td></tr><tr><td>Vérifier la phase ED et ES</td></tr><tr><td>Analyse de déformation complète</td></tr></table>	QStrain	Sélectionner la série	Sélectionner le type d'analyse	Dessiner manuellement les contours	Vérifier contours	Vérifier la phase ED et ES	Analyse de déformation complète
QStrain															
Sélectionner la série															
Sélectionner le type d'analyse															
Analyse de déformation complète															
QStrain															
Sélectionner la série															
Sélectionner le type d'analyse															
Dessiner manuellement les contours															
Vérifier contours															
Vérifier la phase ED et ES															
Analyse de déformation complète															

 Le flux de travail privilégié est de lancer QStrain depuis QMass, en utilisant les contours automatiquement détectés.

2 Flux de travail : effectuer une QStrain

L'application QStrain prend en charge les analyses liées aux déformations suivantes.

- Axe long LV (Apical)
- Axe court LV (SAX)
- Images auriculaires (Atrium)
- Images RV (ventricule droit)

Pour parcourir les étapes d'analyse.

- Cliquez sur  dans la barre d'outils verticale pour passer à l'étape suivante d'une analyse.
- Cliquez sur  dans la barre d'outils verticale pour revenir à l'étape précédente d'une analyse.
- Cliquez sur  dans la barre d'outils verticale pour aller à l'étape Chargement d'une série et analyse
- Dans la fenêtre d'affichage aperçu ED/ES, cliquez sur  pour accepter et cliquez sur  pour rejeter les modifications de contour.
- Dans la fenêtre de sélection Séquence M-Mode, cliquez sur  pour revenir à l'analyse.
- Dans la fenêtre d'analyse segmentaire Temps pour arriver au pic, cliquez sur  pour revenir à l'analyse.

2.1 QStrain QStrain

Les analyses QStrain partagent les mêmes étapes.

- Chargement des séries
- Sélection d'analyse
- Création de contours
- Effectuer l'analyse de déformation globale
 - En option : Analyse SAX : Ajouter un point de référence, pour chaque coupe.
 - Vérification de phase ED ES : Séquence M-Mode
 - Effectuez l'analyse régionale détaillée, dans l'Analyse du temps pour arriver au pic.

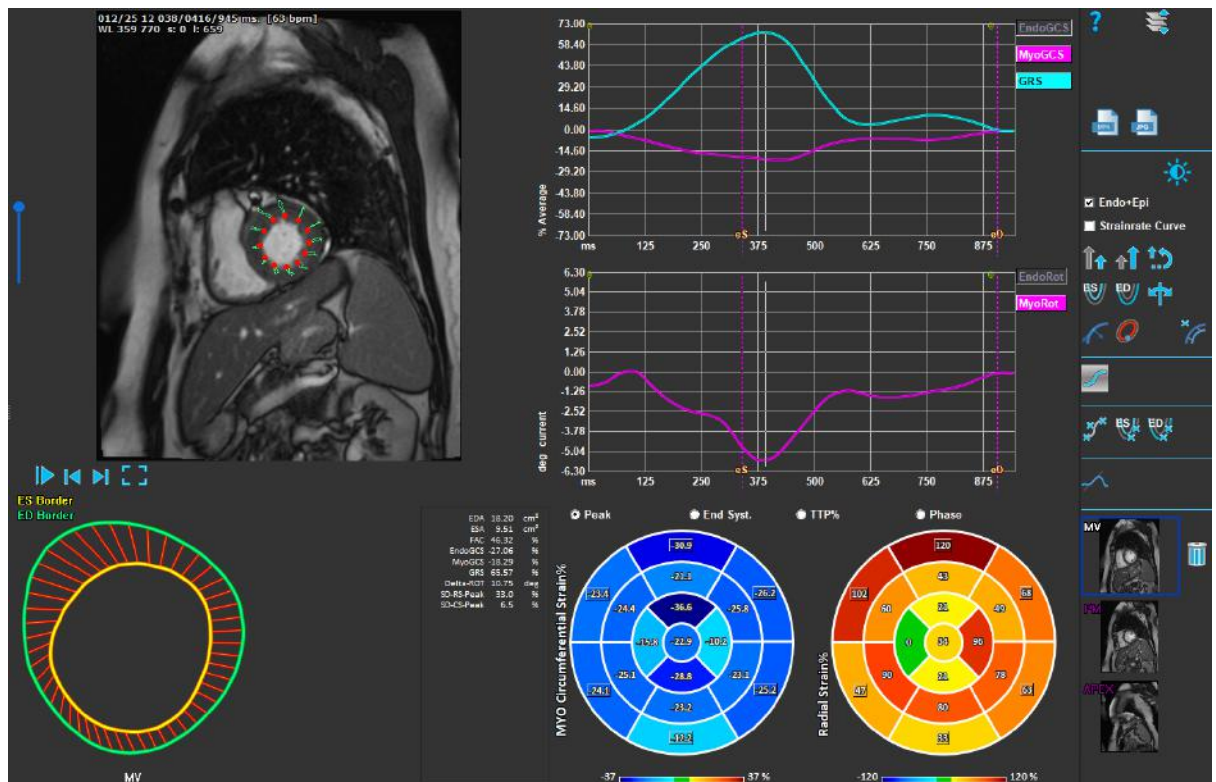


Figure 1 : Analyse SAX

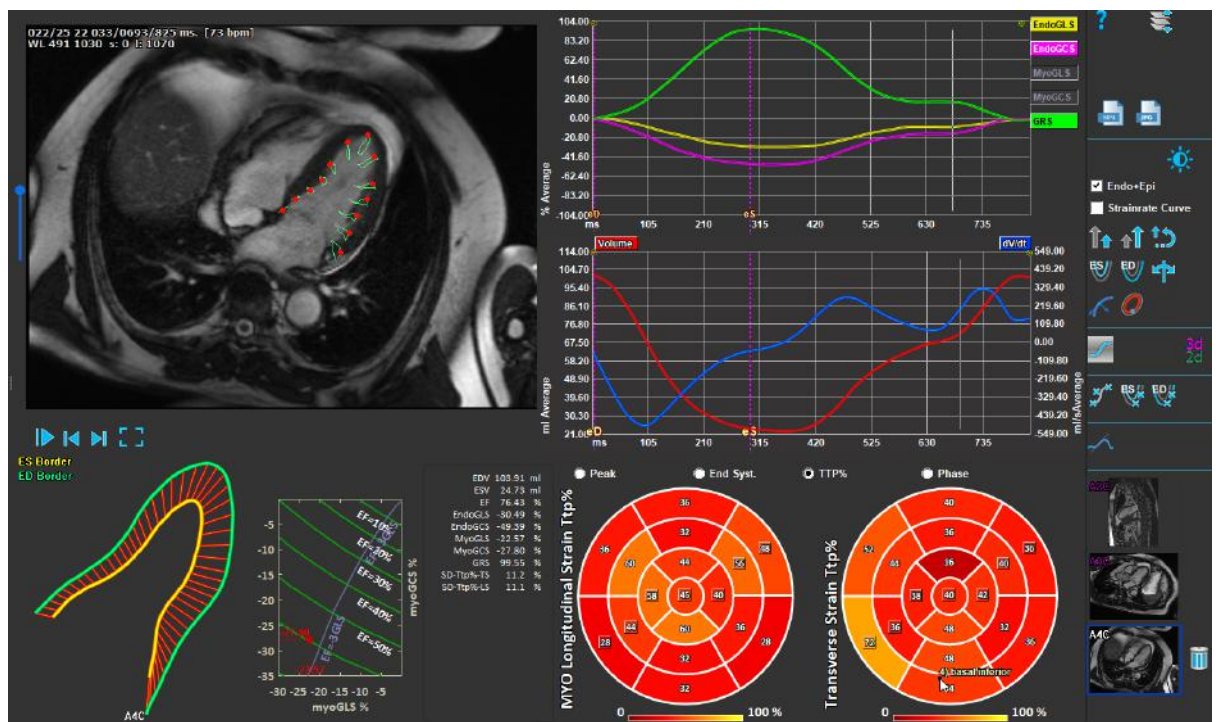


Figure 2 : Analyse LAX

2.2 Chargement des séries

La première étape d'une analyse de déformation consiste à charger la série. Une ou plusieurs séries peuvent être chargées dans QStrain à partir de l'**explorateur de séries** de Medis Suite. Pour des instructions détaillées, reportez-vous au manuel d'utilisation de Medis Suite

QStrain est compatible avec les séries RM et TDM.

Pour charger une série depuis l'explorateur de séries de Medis Suite

1. Sélectionnez l'ensemble de séries de déformation dans l'affichage d'image ou de texte de l'**explorateur de séries** de Media Suite.
2. Cliquez sur les éléments sélectionnez et faites les glisser vers l'icône de l'application QStrain.

Ou

1. Sélectionnez toutes les séries dans l'affichage d'image ou dans l'affichage de texte de l'**explorateur de séries** de Medis Suite .
2. Cliquez avec le bouton droit de la souris sur la série sélectionnée pour ouvrir un menu contextuel.

Choisissez QStrain.

Cela chargera la série dans la fenêtre d'affichage sélection d'analyse de série.

Pour charger des séries depuis QMass

- Sélectionnez l'icône  dans la barre d'outils **Général** dans QMass.

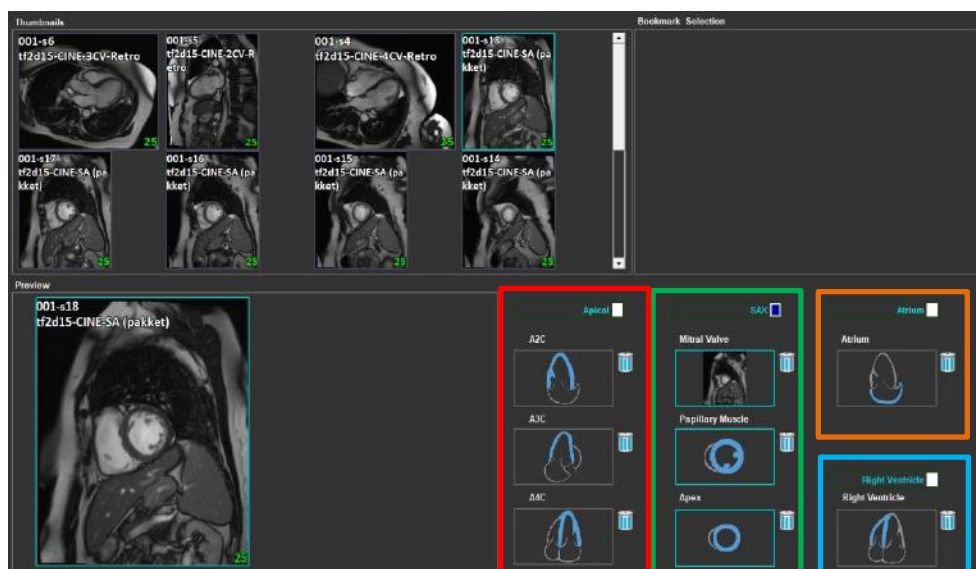
ⓘ Toutes les données de la série chargées dans QMass et leurs contours associés qui ont été créées dans QMass seront chargées dans QStrain.

ⓘ QStrain charge uniquement des séries RM et TDM DICOM.

2.3 Sélection d'analyse

L'application QStrain est compatible avec les analyses relatives à la déformation suivantes.

- **Axe long LV** (Apical)
- **Axe court** (SAX)
- **Auriculaire** (Atrium)
- **RV** (ventricule droit)



Sélection de série.

Figure 3 : Sélection de série et d'analyse

- Sélectionner une série dans la fenêtre d'affichage de gauche.

Coupler une série avec une orientation d'image.



Figure 4 : Coupler une série avec une orientation

Choisir le type d'analyse.

- Cocher la case à cocher de l'analyse à effectuer.

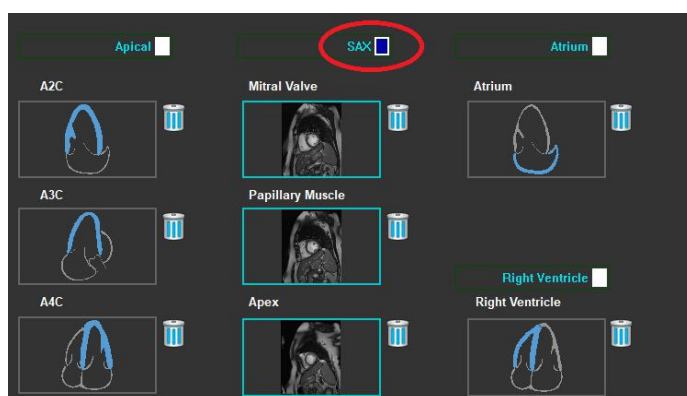


Figure 5 : Sélectionner le type d'analyse QStrain

! Un seul type d'analyse peut être sélectionné.

! Un cercle vert ou rouge Dans le coin en haut à gauche de la fenêtre d'affichage indique que les contours epi ou endo sont importés avec les séries sélectionnées.

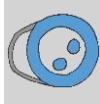
Les séries sélectionnées sont couplées à une analyse QStrain donnée. Les analyses LAX et SAX facilitent jusqu'à trois séries, chacune représentant une coupe. Les analyses de l'atrium et du RV sont limitées à une seule série.

Pour coupler une série avec une analyse SAX.

- Sélectionnez une série dans la liste de séries.

- Cliquez sur l'image de la fenêtre d'affichage et faites-la glisser vers le niveau

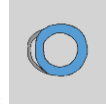
correspondant, icônes valve mitrale



, muscle papillaire



ou Apex



.

Pour coupler une série avec une analyse LAX.

- Sélectionnez une série dans la liste de séries.
- Cliquez sur l'image de la fenêtre d'affichage et faites-la glisser vers les icônes d'affichage de

cavité A2C



, A3C



ou A4C



correspondantes.

Pour coupler une série avec une analyse d'atrium.

- Sélectionnez une série dans la liste de séries.

- Cliquez sur l'image de la fenêtre d'affichage et faites glisser vers l'icône



de l'atrium.

Pour coupler une série avec une analyse RV.

- Sélectionnez une série dans la liste de séries.

- Cliquez sur l'image de la fenêtre d'affichage et faites glisser vers l'icône



RV.

Pour supprimer une série d'une analyse

- Cliquez sur l'icône



à côté de la série que vous souhaitez supprimer

2.4 Gestion des contours

Les contours sont une condition préalable à une analyse de déformation. La section suivante explique les aspects liés à la gestion des contours de QStrain.

 Lorsque des contours sont importés de QMass, le flux de travail Modification de contour de l'analyse est automatiquement dépassé.

2.4.1 Création de contours

La première étape de l'analyse QStrain est de définir les contours de l'endocarde et éventuellement de l'épicarde. Les contours QStrain peuvent être ajoutés par le biais des fenêtres de modification et de vérification de contour ES ou ED ou les contours peuvent être importés avec la série sélectionnée.

2.4.1.1 Activer la fenêtre de création de contour.

- Après avoir effectué la sélection et l'analyse de série dans la fenêtre de sélection de série, cliquez sur  dans la barre d'outils verticale.

Ou

- Dans la fenêtre d'affichage d'analyse, cliquez sur  ou sur , ou sur  dans la barre d'outils verticale.

Ou

- Dans la fenêtre d'affichage d'analyse, sélectionnez la case à cocher Endo+Epi dans la barre d'outils verticale.

2.4.1.2 Pour créer un contour.

Lorsque la fenêtre de modification de contour est ouverte, modifiez les contours de la manière suivante :

- Cliquez pour placer le premier point de modification sur l'image, à l'endroit recommandé affiché par l'indicateur de point de contour.
- Cliquez pour placer le deuxième point de modification sur l'image, à l'endroit recommandé affiché par l'indicateur de point de contour.

3. Cliquez sur le bouton droit de la souris pour placer le dernier point de modification sur l'image, à l'endroit recommandé affiché par l'indicateur de point de contour. Un contour sera généré.

❗ Sélectionnez la case à cocher Endo + Epi pour générer à la fois les contours Endo et Epi.

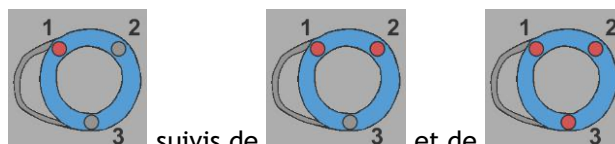
❗ Décochez la case à cocher Endo + Epi pour générer uniquement le contour endo.

2.4.2 Création de contours avec des indicateurs

Dans le coin inférieur droit de la fenêtre d'affichage de contour, un indicateur de position de contour recommande le placement idéal de la position des points de contour progressif.

2.4.2.1 Indicateurs de point de contour (SAX)

SAX

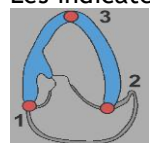


Indicateurs de placement SAX comme suit, suivis de et de .

LAX



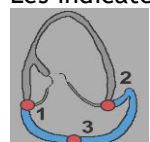
Les indicateurs de placement LAX sont comme suit, suivis de et de .



Atrium



Les indicateurs de placement de l'atrium sont comme suit, suivis de et de .



RV



2.4.3 Modification de contours

2.4.3.1 Pour modifier des contours

Pour modifier un contour existant.

1. Placez le curseur de votre souris au-dessus du point de modification de contour à modifier.
2. Cliquez et faites glisser la souris pour déplacer le point de modification de contour.
3. Relâchez la souris pour définir le point modifié.

2.4.3.2 Pour supprimer tous les points de contour.

1. Cliquez sur le point modifié  dans la barre verticale.

2.4.3.3 Pour supprimer un point de contour.

1. Placez le curseur de votre souris au-dessus du point de modification de contour à supprimer.

Cliquez sur le point de modification de contour avec le bouton droit de votre souris.

2.4.4 Terminer la modification de contour

Une fois les contours définis, l'analyse peut être poursuivie.

Pour passer de la fenêtre de modification de contour à la fenêtre d'analyse.

- Sélectionnez la  dans la barre d'outils verticale.

Ou

- Cliquez avec le bouton droit de la souris dans la fenêtre d'affichage.

2.5 Accessoire d'analyse

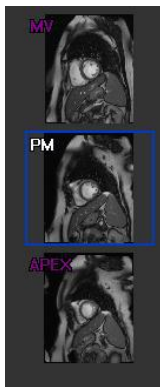
La barre d'outils verticale dans la fenêtre d'analyse contient des utilitaires qui aident au flux de travail de l'analyse de déformation.

2.5.1 Création d'un point de référence pour une analyse SAX

Des points de référence améliorent la précision des résultats.

Pour fixer un point de référence dans une analyse SAX.

- Choisir le SAX une coupe depuis la barre d'outils verticale.



- Sélectionner le  dans la barre d'outils verticale.
- Cliquer sur le septum antérieur.
- Cliquer sur « Confirmer ».



L'analyse de déformation SAX nécessite un placement de points de référence sur le septum antérieur de chaque coupe.

2.5.2 Gestion ED ES

2.5.2.1 Vérification et modification contour ED ES

La fenêtre de vérification de contour ES facilite la mise à jour des contours ED et ES.

Pour activer la fenêtre de vérification et de modification de contour ES.

- Dans la fenêtre d'analyse, cliquez sur  dans la barre d'outils verticale.

Pour activer la fenêtre de vérification et de modification de contour ED.

- Dans la fenêtre d'analyse, cliquez sur  dans la barre d'outils verticale.

2.5.2.2 Vérification de phase ED ES : Séquence M-Mode

La séquence M-Mode est un utilitaire qui aide à la gestion de la position de la phase ED et ES. Une ligne de séquence M-Mode est utilisée pour créer une image M-Mode. La ligne M-Mode est habituellement dessinée depuis les parois ventriculaires extérieures à travers le diamètre du ventricule. Les positions de phase ED et ES peuvent ensuite être ajustées sur l'image M-Mode.

La modification de séquence M-Mode comprend les trois étapes suivantes.

- Définir une ligne à travers un ventricule.
- Évaluer l'image M-Mode.
- Vérifier/modifier la position ED et ES.

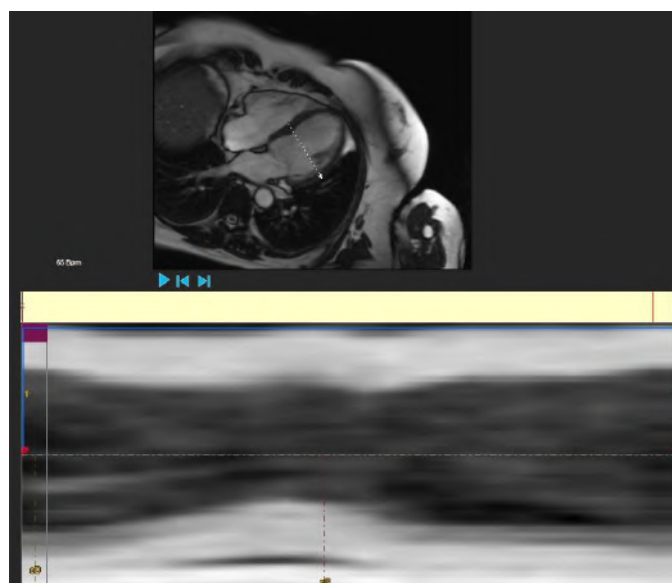


Figure 6 : Vérification de phase séquence M-Mode ED ES

Les phases ED et ES peuvent être vérifiées et modifiées si nécessaire, en utilisant l'image M-Mode. L'image de calque M-Mode en résultant sera automatiquement affichée dans le graphique de volume de la fenêtre d'analyse. Le calque peut être activé et désactivé.

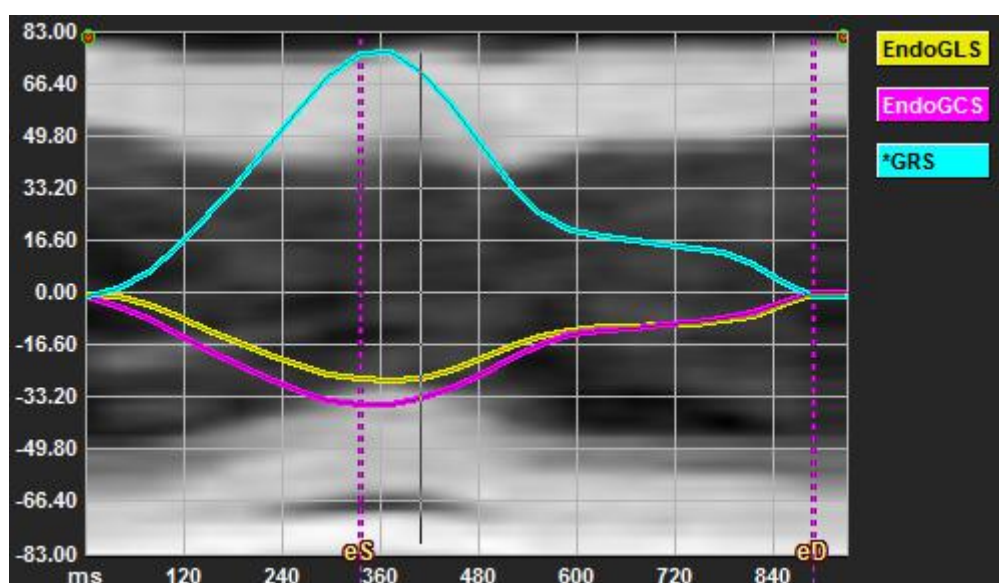


Figure 7 : Calque M-Mode dans le graphique de volume de la fenêtre d'analyse

Pour dessiner la ligne M-Mode.

- Dans la fenêtre d'analyse, cliquez sur  dans la barre d'outils verticale.
- Dans l'image, cliquez pour commencer la ligne M-Mode.
- Cliquez avec le bouton droit de la souris pour terminer la ligne M-Mode.

Pour mettre à jour la phase ED ou ES.

- Cliquez sur le quadrillage verticale ED ou ES et faites glisser dans l'image M-Mode.
- Cliquez sur  dans la barre d'outils verticale pour revenir à la fenêtre d'analyse.

Pour activer/désactiver le calque M-Mode dans les graphiques de volume.

Dans la fenêtre d'analyse.

- Cliquez pour  activer ou désactiver le M-Mode dans le graphique de déformation.

2.5.3 Analyse du temps pour arriver au pic

L'analyse du temps pour arriver au pic fournit des résultats de déformation régionaux du modèle AHA à 17 segments. Les résultats régionaux se distinguent par leur couleur. Le modèle de segment et les graphiques correspondants sont interactifs et facilitent l'activation et la désactivation des résultats régionaux.

La charte chromatique suivante est utilisée pour faire la distinction entre les différentes régions de modèle de segment et leurs résultats correspondants.

Basale		Médiane		Apicale	
Basale	Antérieure	Médiane	Antérieure	Apicale	Antérieure
Basale	Antérolatérale	Médiane	Antérolatérale	Apicale	Inférieure
Basale	Inférieure latérale	Médiane	Inférieure latérale	Apicale	Septale
Basale	Inférieure	Médiane	Inférieure		Latérale
Basale	Inférieure septale	Médiane	Inférieure septale		
Basale	Antéro-septale	Médiane	Antéro-septale		

Pour lancer une analyse Temps pour arriver au pic.

- Cliquez sur  dans la barre d'outils verticale pour revenir à la fenêtre d'analyse.

Pour sélectionner une région.

Dans la fenêtre d'analyse Temps pour arriver au pic :

- Passez votre souris au-dessus du modèle de segment.

Ou

- Passez votre souris au-dessus des graphiques.

Pour activer/désactiver une région.

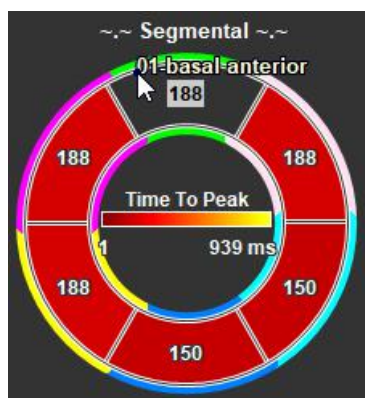


Figure 8 : Activer/désactiver une région TTP SAX
région TTP LAX

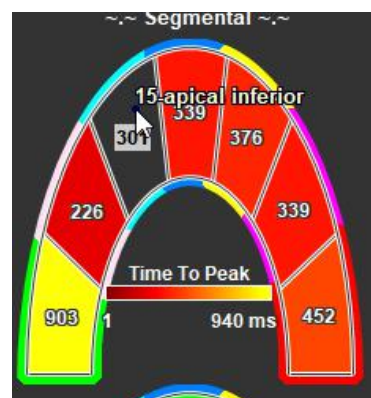


Figure 9 : Activer/désactiver une

Dans la fenêtre d'analyse Temps pour arriver au pic.

- Cliquer sur le segment pour activer ou désactiver.

Pour activer / désactiver toutes les régions.

Dans la fenêtre d'analyse temps pour arriver au pic.

- Cliquez au centre du modèle de segment pour activer ou désactiver tous les segments.

Pour changer le type d'analyse régionale.

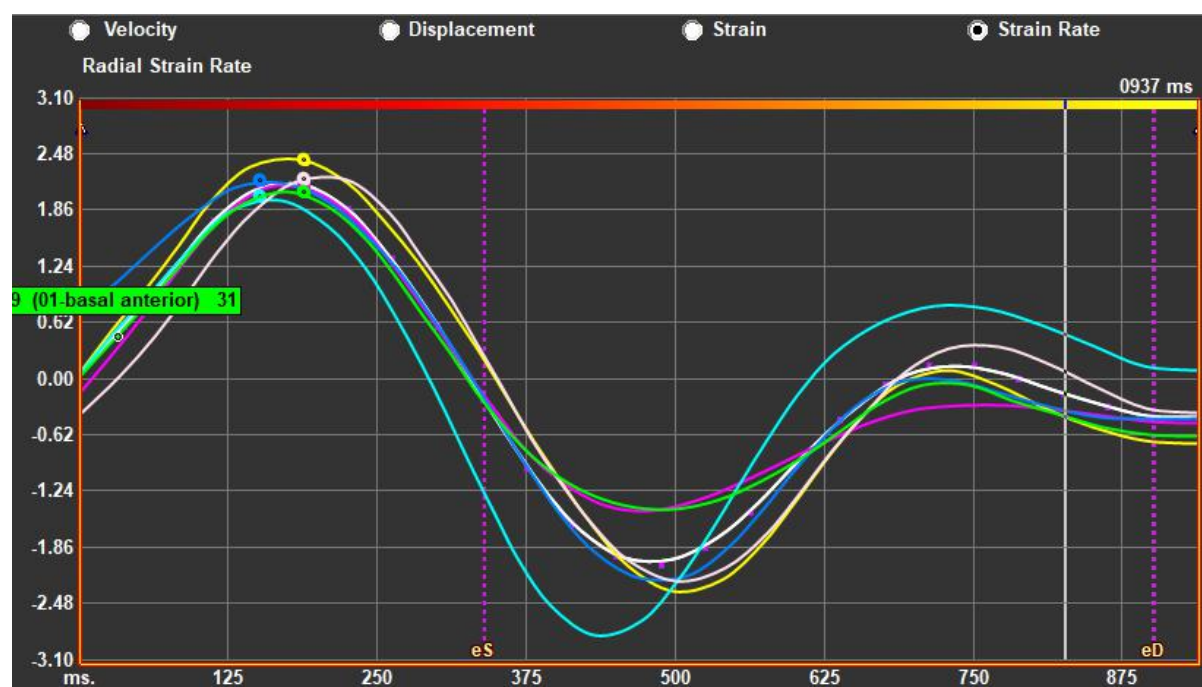


Figure 10 : sélectionner le type de résultats de déformation

Dans la fenêtre d'analyse Temps pour arriver au pic.

- Sélectionnez « Vitesse », « Déplacement », « Déformation » ou « Vitesse de déformation ».

Pour basculer entre les résultats régionaux de l'endocarde, de l'épicarde ou du myocarde.

Dans la fenêtre d'analyse Temps pour arriver au pic.

- Cliquez sur  dans la barre d'outils verticale pour les résultats régionaux endocardiques.
- Cliquez sur  dans la barre d'outils verticale pour les résultats régionaux épicaux.
- Cliquez sur  dans la barre d'outils verticale pour les résultats régionaux myocardiques.



2.5.4 Film en 3D

QStrain a une vue en 2D/3D pour aider à la visualisation de la déformation lors de la réalisation d'une analyse de déformation.

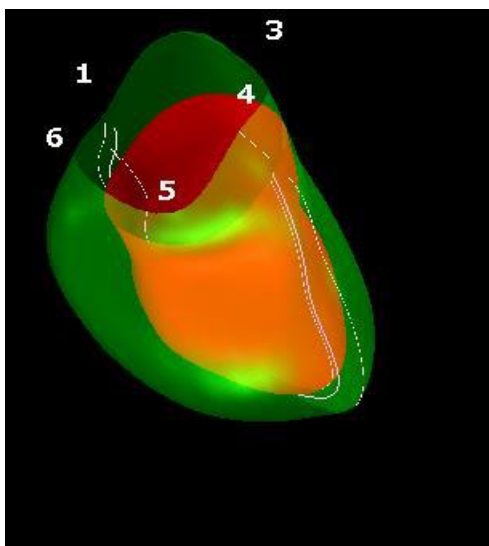


Figure 11 : Vue de la déformation en 3D

Pour activer la vue en 3D

- Charger et effectuer une analyse de 2 séries LAX au moins.
- Dans la fenêtre d'analyse, cliquez sur  dans la barre d'outils verticale.

3 QStrain QStrain

Les résultats QStrain sont visibles dans QStrain, dans les Résultats de Media Suite et dans le Rapport de Media Suite. Des clichés et des films peuvent également être ajoutés aux résultats. L'analyse QStrain fournit les ensembles de résultats de déformation suivants.

- Globale
- Régionale standard
- Régionale détaillée (analyse du temps jusqu'au pic)

Les principaux résultats de la déformation sont les suivants.

- Déformation radiale globale (GRS - Global Radial Strain)
- Déformation circonférence globale (GCS - Global Circumference Strain)
- Déformation longitudinale globale (GLS - Global longitudinal Strain)

! Référez-vous à

Aperçu des résultats pour plus de détails sur les résultats

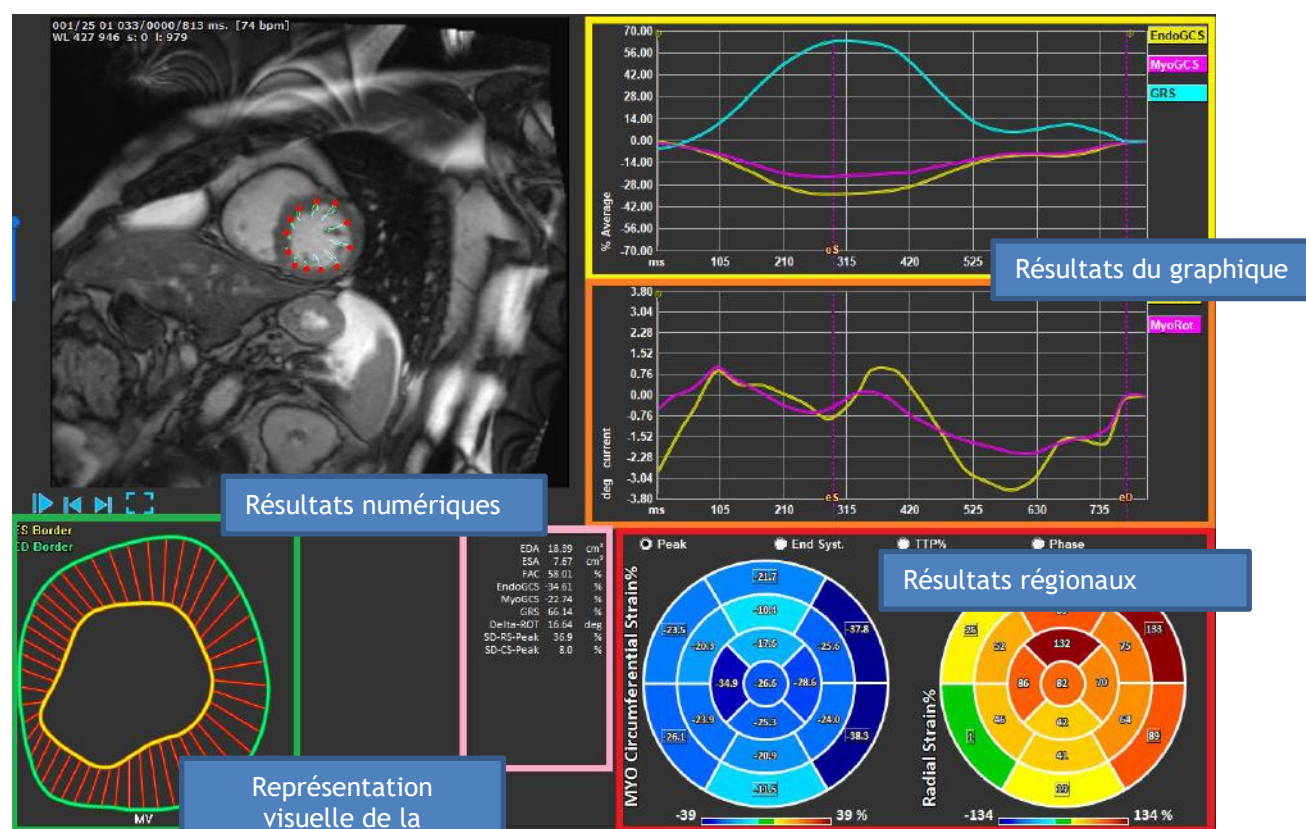


Figure 12 : Aperçu des sections de résultats

3.1 Graphiques de résultats de déformation globale

Les résultats globaux sont accessibles depuis la fenêtre d'analyse. Il existe deux graphiques de résultats graphiques. Le graphique supérieur montre les courbes de déformation globales, tandis que ceux du bas montrent les courbes de déformation rotationnelle dans l'analyse SAX et les courbes de la zone dans l'analyse LAX, de l'atrium et du RV.

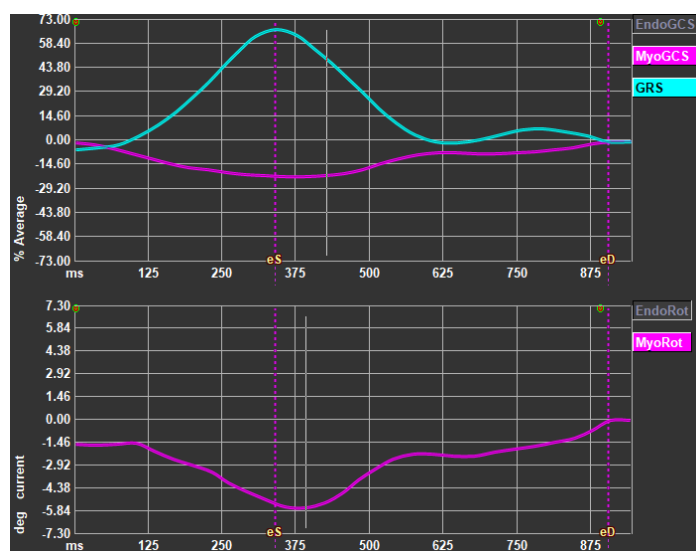


Figure 13 : Graphiques de déformation de l'analyse

Pour activer la courbe de vitesse de déformation

Dans la fenêtre d'affichage d'analyse, sélectionnez la case à cocher Courbe de vitesse de déformation dans la barre d'outils verticale.

- ❗ Les résultats de déformation myocardique sont disponibles lorsque les contours Endo et Epi sont tous deux disponibles.
- ❗ La déformation de rotation dépend de la coupe et reflète par conséquent la déformation de la coupe sélectionnée.

3.2 Résultats numériques de déformation globale

Les résultats numériques globaux sont accessibles depuis la fenêtre d'analyse.

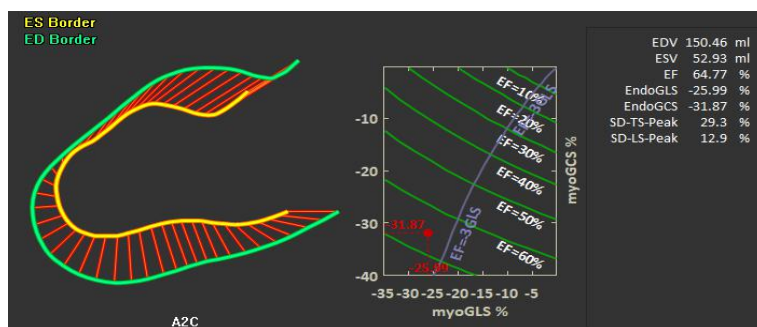


Figure 14 : Résultats numériques LAX

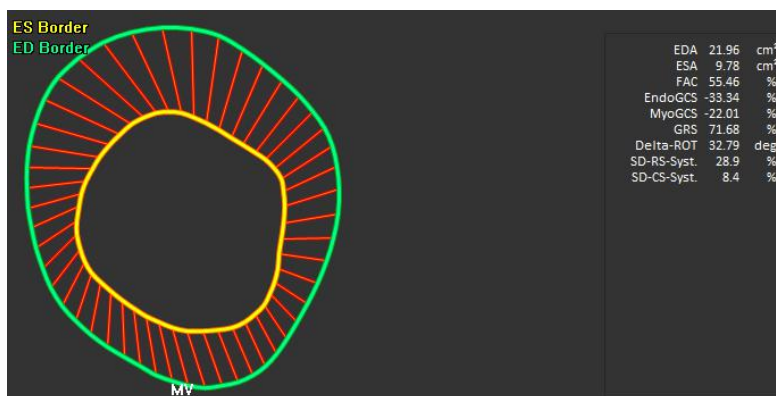


Figure 15 : Résultats numériques SAX

3.3 Résultats de déformation régionale standard

Les résultats régionaux standard sont accessibles depuis la fenêtre d'analyse.

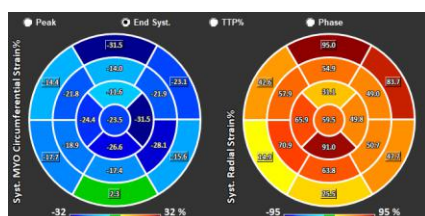


Figure 16 : Résultats régionaux standard

3.4 R sultats r gionaux d taill s (Temps pour arriver au pic)

Les r sultats r gionaux d taill s sont accessibles depuis la fen tre d'analyse.

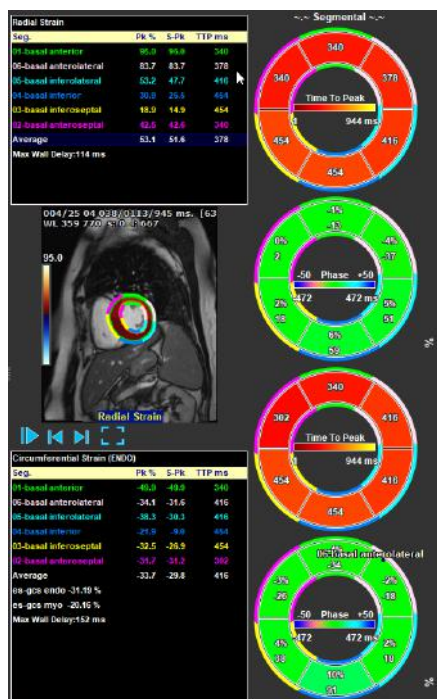


Figure 17 : R sultats r gionaux d taill s. TTP

4 Aperçu des résultats

Les listes suivantes définissent les résultats qui sont disponibles dans chaque analyse QStrain.

4.1 Résultats axe long LV (apical)

QStrain fournit la liste de résultats suivante :

- EDV
- ESV
- EF
- GLS endo
- GLS endo
- GLS myo (seulement si le contour EPI est segmenté)
- GCS myo (seulement si le contour EPI est segmenté)
- GRS (seulement si le contour EPI est segmenté)
- Pic SD-LS (seulement lorsque la vue Pic AHA est sélectionnée)
- Pic SD-TS (seulement lorsque la vue Pic AHA est sélectionnée, et que le contour EPI est segmenté)
- SD-LS-Syst. (seulement lorsque la vue AHA télésystolique est sélectionnée)
- SD-TS-Syst. Pic SD-TS (seulement lorsque la vue AHA télésystolique est sélectionnée, et que le contour EPI est segmenté)
- SD-Ttp%-LS (seulement lorsque la vue AHA % TTP est sélectionnée)
- SD-Ttp%-TS (seulement lorsque la vue AHA % TTP est sélectionnée, et que le contour EPI est segmenté)
- SD-Ph%-LS (seulement lorsque la vue Phase AHA est sélectionnée)
- SD-Ph%-TS (seulement lorsque la vue Phase AHA est sélectionnée, et que le contour EPI est segmenté)

4.2 Résultats axe court (SAX)

QStrain fournit la liste de résultats suivante :

- EDA
- ESA
- FAC
- Rot endo
- GCS endo
- Rot myo (seulement si le contour EPI est segmenté)
- GCS myo (seulement si le contour EPI est segmenté)
- GRS (seulement si le contour EPI est segmenté)
- Rot Delta (seulement lorsque toutes les coupes dans SAX-LV sont présentes)
- Pic SD-CS (seulement lorsque la vue Pic AHA est sélectionnée)
- Pic SD-RS (seulement lorsque la vue Pic AHA est sélectionnée, et que le contour EPI est segmenté)
- SD-CS-Syst. (seulement lorsque la vue AHA télésystolique est sélectionnée)
- SD-RS-Syst. (seulement lorsque la vue AHA télésystolique est sélectionnée, et que le contour EPI est segmenté)
- SD-Ttp%-CS (seulement lorsque la vue AHA % TTP est sélectionnée)
- SD-Ttp%-RS (seulement lorsque la vue AHA % TTP est sélectionnée, et que le contour EPI est segmenté)
- SD-Ph%-CS (seulement lorsque la vue Phase AHA est sélectionnée)

- SD-Ph%-RS (seulement lorsque la vue Phase AHA est s lectionn e, et que le contour EPI est segment )

4.3 R sultats atrium

QStrain fournit la liste de r sultats suivante :

- EDV
- ESV
- EF
- GLS endo
- GCS endo
- FAC

4.4 Axe long RV (ventricule droit)

QStrain fournit la liste de r sultats suivante :

- EDA
- ESA
- FAC
- GLS endo
- GLS myo (seulement lorsque le contour EPI est segment )
- GRS (seulement lorsque le contour EPI est segment )

5 Cr ation de rapport

Les r sultats de QStrain sont mis   disposition dans le volet R sultats de Medis Suite et dans le rapport Medis Suite.

The screenshot displays the Medis Suite software interface, showing the 'Results' panel on the left and the 'Report' panel on the right.

Results Panel (Left):

- Patient Study Info**
 - Reason for Referral
 - Technique
 - Viewer
- V QFlow 4D Stable Daily 1.0 #1**
 - V Background Correction
 - Fitting Order: 1
 - Std Threshold: 25%
 - > Reconstruction 01 Information
 - V Reconstruction 01 Results ROI 1:[ROI 1] slice 1
 - 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: 16.90 cm/s
 - Peak flow velocity: 143.10 cm/s
 - Peak pressure gradient: 0.42 mmHg
 - Min vessel area: 257.63 mm²
 - Max vessel area: 291.78 mm²
 - V Reconstruction 01 Results ROI 2:[ROI 2] slice 1
 - Net flow volume: 18.14 ml/beat 1.68 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: 16.67 cm/s
 - Peak flow velocity: 162.20 cm/s
 - Peak pressure gradient: 4.18 mmHg
 - Min vessel area: 187.46 mm²
 - Max vessel area: 128.93 mm²
- Impressions
- Extra-cardiac Findings
- Miscellaneous
- Comments
- Conclusions

Report Panel (Right):

- Report created by:
- Report date/time:
- Session name:
- Patient Study Info**
 - Name:
 - ID:
 - Birthdate:
 - Age/Gender:
 - Modality:
 - Manufacturer:
 - Manufacturer model:
- Study date: 11/11/2010
- Description: MRI Heart Morph + Func w/ + w/o Con
- Accession number:
- Referring physician's name:
- Institution name:
- Performing physician's name:
- Operator's name:
- Acquisition number: 1
- Reason for Referral**
- QFlow 4D Stable Daily 1.0 #1**
 - Background Correction**
 - Fitting Order: 1
 - Std Threshold: 25%
 - Reconstruction 01 Results ROI 1:[ROI 1] slice 1**

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**

ROI 2:[ROI 2] slice 1	per HB	per Minute
Net flow volume	18.14 ml/beat	1.68 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**

Figure 18 Rapport Medis Suite avec r sultats QStrain

La fonctionnalité de Création de rapport de Medis Suite est décrite dans le manuel d'utilisation de Medis Suite. La documentation de Medis Suite est disponible dans l'onglet documents de l'utilisateur, qui peut être ouvert de la manière suivante :

- Appuyez sur F1.
- En appuyant sur le bouton aide .
- Sélectionnez le bouton de menu principal Medis Suite dans le coin en haut à droite  > **Aide > Documents de l'utilisateur**

6 Sessions

L'état de QStrain peut être enregistré dans la session de Media Suite. La session peut être rechargée pour continuer ou revoir les analyses.

La fonctionnalité de session de Medis Suite est décrite dans le manuel d'utilisation de Medis Suite. La documentation de Medis Suite est disponible dans l'onglet documents de l'utilisateur, qui peut être ouvert de la manière suivante :

- Appuyez sur F1.
- En appuyant sur le bouton aide .
- Sélectionnez le bouton menu principal de Medis Suite dans le coin en haut à droite  >
Aide > Documents de l'utilisateur

7 Raccourcis

Lorsque travaillez avec QStrain, vous pouvez utiliser plusieurs combinaisons de touches sur votre clavier et actions de souris pour effectuer rapidement les tâches suivantes.

Appuyez sur	Pour
Disposition	
F11	Afficher ou masquer les volets de fenêtre de l'espace de travail
Contrôle d'image	
Molette de défilement	Zoom
Procédures	
Contrôles de navigation	
Flèche vers la gauche	Afficher le point temporel précédent
Flèche vers la droite	Afficher le point temporel suivant

8 Paramètres / Mesures

8.1 Paramètres de déformation

GLS	Global Longitudinal Strain (déformation longitudinale globale)
GRS	Global Radial Strain (déformation radiale globale)
GCS	Global Circumferential Strain (déformation circonférentielle globale)
Rot myo	Rotation myocardique
ROT Delta	Rotation Delta, différence entre la rotation basale et apicale
Pk%	Valeur de déformation du pic en pourcentage
S-Pk	Valeur de déformation au niveau ES en pourcentage
TTP ms	Time to peak (temps pour arriver au pic) en millisecondes

8.2 Paramètres de vitesse

Pk	Vélocité du pic
S-Pk	Vélocité au niveau ES
TTP ms	Vélocité temps pour arriver au pic en millisecondes

8.3 Paramètres de déplacement

Pk	Déplacement maximum
S-Pk	Déplacement au niveau ES
TTP ms	Temps pour arriver au déplacement maximum en millisecondes

8.4 Paramètres de vitesse de déformation

Pk 1/s	Pic vitesse de déformation en 1/s
S-Pk	Vitesse de déformation au niveau ES en 1/s
TTP ms	Temps pour arriver au pic de déformation en millisecondes

8.5 Paramètres généraux

ED	Phase télédiastolique
ES	Phase télésystolique
EDA	Zone ED
ESA	Zone ES
FAC	Fraction Area Change (changement de la zone de fraction)
EDV	Volume ED
ESV	Volume ES
EF	Fraction d'éjection
TTP	Time to Peak (temps pour arriver au pic)
Retard de paroi max	Différence entre le TTP le plus bas et le plus élevé