

QStrain 4.3

Benutzerhandbuch

Table of Contents

Erste Schritte	4
1 Übersicht	4
1.1 Workflows	5
Workflow	6
2 Workflow: Durchführen einer QStrain-Analyse.....	6
2.1 QStrain-Analyse Allgemeine Schritte	6
2.2 Serien laden	8
2.3 Analyseauswahl.....	9
2.4 Konturverwaltung	12
2.5 Analysezubehör.....	16
Ergebnisse	28
3 QStrain-Ergebnisse	28
3.1 Diagramme der globalen Strain-Ergebnisse	29
3.2 Numerische Ergebnisse des globalen Strains	29
3.3 Standardergebnisse des regionalen Strains.....	30
3.4 Detaillierte regionale Ergebnisse (Time To Peak)	31
4 Ergebnisübersicht	32
4.1 Ergebnisse LV-Langachse (apikal).....	32
4.2 Ergebnisse Kurzachse (SAX).....	32
4.3 Atrium-Ergebnisse.....	33
4.4 RV-Langachse (rechter Ventrikel)	33
5 Berichte	34
6 Sitzungen.....	35
Referenz	36
7 Tastenkombinationen.....	36
8 Parameter/Messungen.....	37
8.1 Strain-Parameter	37
8.2 Geschwindigkeitsparameter	37

8.3	Verschiebungsparameter	37
8.4	Strain-Raten-Parameter	37
8.5	Allgemeine Parameter	38
Appendix II.	Messgenauigkeit	40

1 Übersicht

In diesem Abschnitt werden die generischen Workflows von QStrain und der Arbeitsbereich beschrieben.

1.1 Workflows

Eine QStrain-Analyse kann entweder über QMass oder als eigenständige Anwendung gestartet werden.

In der folgenden Tabelle werden die Schritte im Workflow einer QStrain-Analyse beschrieben, die direkt aus QMass oder QStrain als Standalone-Anwendung gestartet wurde.

Weitere Einzelheiten finden Sie im Abschnitt Workflow: Durchführen einer QStrain-Analyse.

Tabelle 1 : QMass + QStrain-Workflow / QStrain-Standalone-Workflow

QMass + QStrain	QStrain Standalone														
Serie laden															
Automatische Konturerkennung Konturen überprüfen															
Starten der QStrain-Analyse: Automatisches Laden Serierendaten & Konturen	Starten der QStrain-Analyse														
<table border="1"> <tr><td>QStrain</td></tr> <tr><td>Serien auswählen</td></tr> <tr><td>Analysetyp wählen</td></tr> <tr><td> </td></tr> <tr><td> </td></tr> <tr><td> </td></tr> <tr><td>Strain-Analyse abschließen</td></tr> </table>	QStrain	Serien auswählen	Analysetyp wählen				Strain-Analyse abschließen	<table border="1"> <tr><td>QStrain</td></tr> <tr><td>Serien auswählen</td></tr> <tr><td>Analysetyp wählen</td></tr> <tr><td>Konturen manuell zeichnen</td></tr> <tr><td>Konturen überprüfen</td></tr> <tr><td>ED- & ES-Phase überprüfen</td></tr> <tr><td>Strain-Analyse abschließen</td></tr> </table>	QStrain	Serien auswählen	Analysetyp wählen	Konturen manuell zeichnen	Konturen überprüfen	ED- & ES-Phase überprüfen	Strain-Analyse abschließen
QStrain															
Serien auswählen															
Analysetyp wählen															
Strain-Analyse abschließen															
QStrain															
Serien auswählen															
Analysetyp wählen															
Konturen manuell zeichnen															
Konturen überprüfen															
ED- & ES-Phase überprüfen															
Strain-Analyse abschließen															

 Der bevorzugte Workflow ist das Starten von QStrain aus QMass unter Verwendung der automatisch erkannten Konturen.

2 Workflow: Durchführen einer QStrain-Analyse

Die QStrain-Anwendung unterstützt die folgenden Strain-bezogenen Analysen.

- LV-Langachse (apikal)
- LV Kurzachse (SAX)
- Vorhofbilder (Atrium)
- RV-Bilder (rechter Ventrikel)

Navigieren durch die Analyseschritte.

- Klicken Sie  in der vertikalen Symbolleiste, um mit der nächsten Stufe einer Analyse fortzufahren.
- Klicken Sie  in der vertikalen Symbolleiste, um zur vorherigen Stufe einer Analyse zu gelangen.
- Klicken Sie  in der vertikalen Symbolleiste, um zur Stufe Laden einer Serie & Analyse zu gelangen.
- Klicken Sie im Ansichtsfenster der ED/ES-Überprüfung  zum Akzeptieren und auf , um Konturänderungen abzulehnen.
- Klicken Sie im Fenster Auswahl des Sequenz-M-Modus auf , um zur Analyse zurückzukehren.
- Klicken Sie im Fenster Time to Peak Segmentale Analyse auf , um zur Analyse zurückzukehren.

2.1 QStrain-Analyse Allgemeine Schritte

QStrain-Analysen teilen die gleichen Schritte.

- Serien laden
- Analyseauswahl
- Konturen erstellen
- Abschluss der globalen Strain-Analyse.
 - Optional: SAX-Analyse: Fügen Sie für jeden Schnitt einen Referenzpunkt hinzu.
 - ED-ES-Phasenüberprüfung: Sequenz-M-Modus
 - Vollständige detaillierte Regionale Analyse in der Time-to-Peak-Analyse.

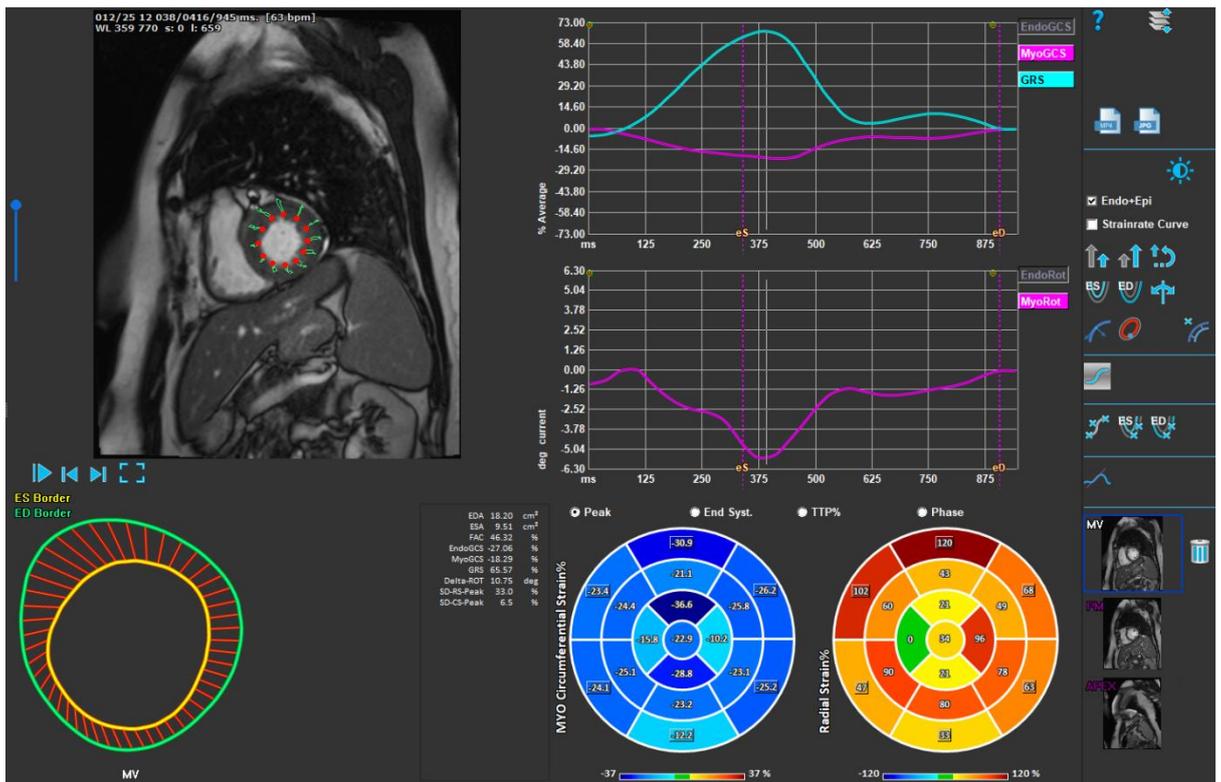


Abbildung 1 : SAX-Analyse

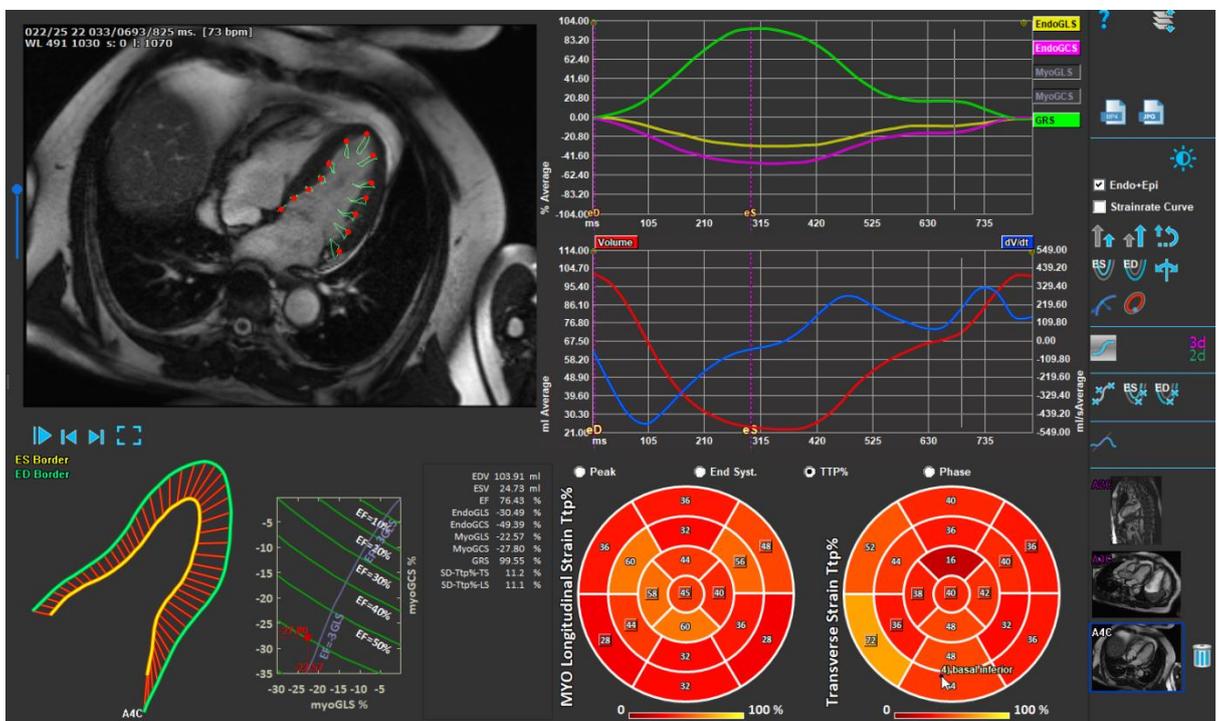


Abbildung 2 : LAX-Analyse

2.2 Serien laden

Der erste Schritt einer Strain-Analyse ist das Laden der Serie. Eine Serie oder mehrere Serien können in QStrain über den **Serienbrowser** der Medis Suite geladen werden. Ausführliche Anweisungen finden Sie im Medis-Suite-Benutzerhandbuch.

QStrain unterstützt MRT- und CT-Serien.

So laden Sie Serien aus dem Serienbrowser der Medis Suite

1. Wählen Sie den Satz von Strain-Serien in der Bild- oder Textansicht des Medis Suite **Serienbrowsers** aus.
2. Klicken Sie auf die ausgewählten Elemente und ziehen Sie sie auf das QStrain-Anwendungssymbol.

Oder,

1. Wählen Sie alle Serien in der Bild- oder Textansicht des Medis Suite **Serienbrowsers** aus.
2. Klicken Sie mit der rechten Maustaste über die ausgewählte Serie, um ein Kontextmenü zu öffnen.

Wählen Sie QStrain.

Dadurch wird die Serie in das Ansichtsfenster für die Auswahl der Serienanalyse geladen.

Zum Laden von Serien aus QMass

- Wählen Sie das Symbol  in der Symbolleiste **Allgemein** in QMass.

ⓘ Alle in QMass geladenen Serientaten und die zugehörigen Konturen, die in QMass erstellt wurden, werden in QStrain geladen.

ⓘ QStrain lädt nur MRT- und CT-DICOM-Serien.

2.3 Analyseauswahl

Die QStrain-Anwendung unterstützt die folgenden Strain-bezogenen Analysen.

- **LV-Langachse** (apikal)
- **LV Kurzachse** (SAX)
- **Vorhof** (Atrium)
- **RV** (rechter Ventrikel)

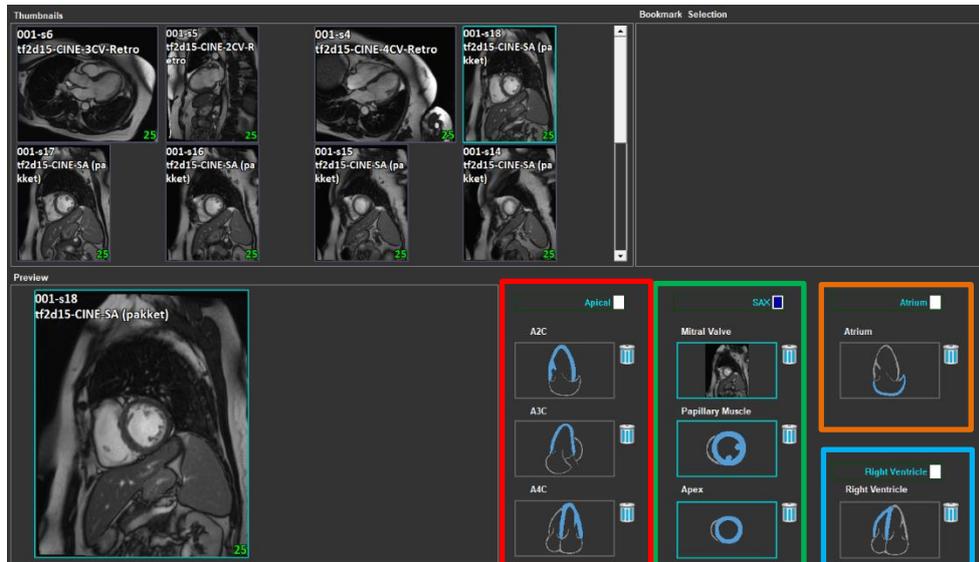


Abbildung 3 : Auswahl von Serien und Analysen

2.3.1 Automatische Serienkopplung

Die geladenen Serien werden beim Start automatisch mit den Kammer-Ausrichtungsansichten der Langachse gekoppelt, wenn sie genügend Positionsdaten enthalten und wenn sie passen. Wenn mehrere Serien für eine bestimmte Bildlokalisierung geeignet sind, wird die jüngste Serie gekoppelt. Die automatische Lokalisierung von Serien kann durch manuelle Auswahl aufgehoben werden.

2.3.2 Manuelle Anwahl und Kopplung

Serienauswahl.

- Wählen Sie im linken Ansichtsfenster eine Serie aus.

Koppeln Sie eine Serie mit einer Bildausrichtung.

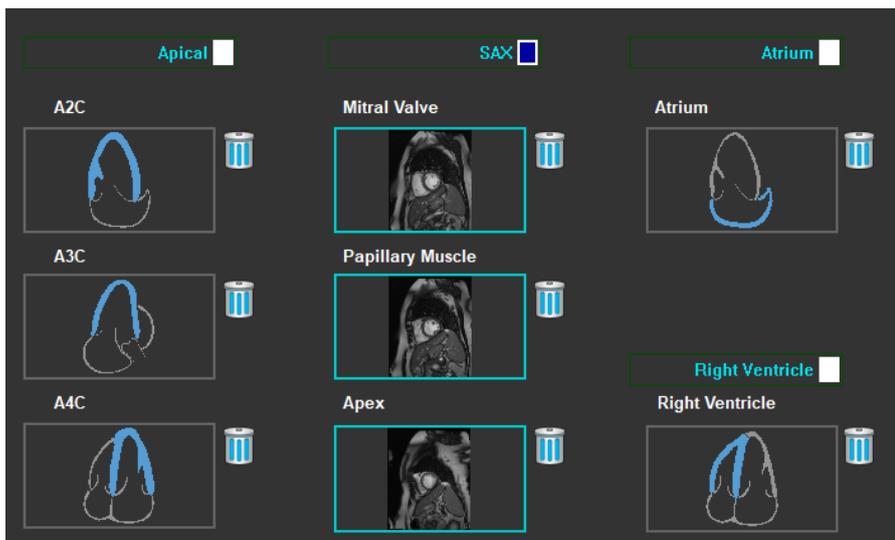


Abbildung 4 : Koppeln Sie eine Serie mit einer Ausrichtung

Wählen Sie den Analysetyp.

- Aktivieren Sie das Kontrollkästchen der durchzuführenden Analyse.

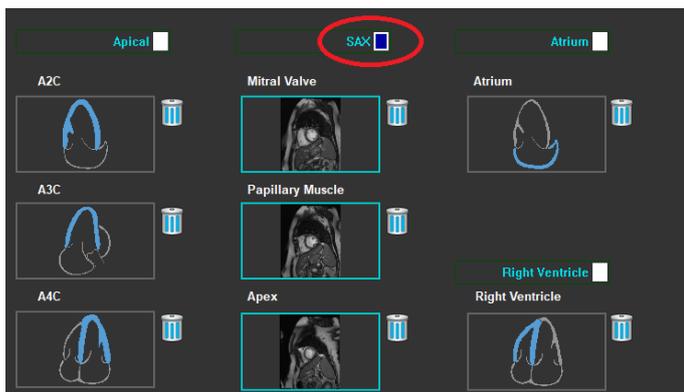


Abbildung 5 : Wählen Sie den QStrain-Analysetyp aus

⚠ Es kann nur ein Analysetyp ausgewählt werden.

⚠ Ein grüner oder roter Kreis in der oberen linken Ecke des Ansichtsfensters zeigt an, dass Epi- oder Endokonturen mit der ausgewählten Serie importiert werden.

Die ausgewählten Serien sind mit einer vorhandenen QStrain-Analyse gekoppelt. LAX- und SAX-Analysen ermöglichen bis zu drei Serien, die jeweils einen Schnitt darstellen. Atrium- und RV-Analysen sind auf eine Serie beschränkt.

Eine Serie mit einer SAX-Analyse koppeln.

- Wählen Sie eine Serie aus der Serienliste aus.

-
- Klicken Sie auf das Ansichtsfenster-Bild und ziehen Sie es auf die entsprechenden Ebene auf

das Mitralklappen-  , Papillarmuskel-  oder Apex-Symbol  .

Eine Serie mit einer LAX-Analyse koppeln.

- Wählen Sie eine Serie aus der Serienliste aus.
- Klicken Sie auf das Ansichtsfenster-Bild und ziehen Sie es auf die entsprechenden Kammer-

Ansichtssymbole A2C  , A3C  oder A4C  .

Eine Serie mit einer Atriumanalyse koppeln.

- Wählen Sie eine Serie aus der Serienliste aus.

- Klicken Sie auf das Ansichtsfenster-Bild und ziehen Sie es auf das Atrium-Symbol  .

Eine Serie mit einer RV-Analyse koppeln.

- Wählen Sie eine Serie aus der Serienliste aus.

- Klicken Sie auf das Ansichtsfenster-Bild und ziehen Sie es auf das RV-Symbol  .

So entfernen Sie eine Serie aus einer Analyse

- Klicken Sie auf das  -Symbol neben der Serie, die Sie entfernen möchten

So wählen Sie die Serie im Ansichtsfenster aus, die bereits in einer Analyseausrichtung ausgewählt wurde

- Klicken Sie auf das Symbol für die Analyseausrichtungsansicht, um die entsprechende Serie im Ansichtsfenster auszuwählen

2.4 Konturverwaltung

Konturen sind Voraussetzung für eine Strain-Analyse. Im folgenden Abschnitt werden die konturverwaltungsbezogenen Aspekte von QStrain erläutert.

ⓘ Wenn Konturen aus QMass importiert werden, wird der Workflow zur Konturbearbeitung der Analyse automatisch übersprungen.

2.4.1 Konturen erstellen

Der erste Schritt der QStrain-Analyse besteht darin, die Endokard- und optional die Epikardkonturen zu definieren. QStrain-Konturen können über die ES- oder ED-Konturbearbeitungs- und Überprüfungsfenster hinzugefügt werden, oder die Konturen können mit der ausgewählten Serie importiert werden.

2.4.1.1 Aktivieren des Fensters Konturerstellung.

- Klicken Sie nach Abschluss der Serienauswahl und -analyse im Serienauswahlfenster  in die vertikale Symbolleiste.

Oder,

- Klicken Sie im Analyse-Ansichtsfenster auf  oder  oder  in der vertikalen Symbolleiste.

Oder,

- Aktivieren Sie im Analyse-Ansichtsfenster das Kontrollkästchen Endo+Epi in der vertikalen Symbolleiste.

2.4.1.2 Kontur erstellen.

Wenn das Konturbearbeitungsfenster geöffnet ist, bearbeiten Sie die Konturen wie folgt:

1. Klicken Sie, um den ersten Bearbeitungspunkt auf dem Bild an der empfohlenen Position festzulegen, die vom Konturpunktindikator angezeigt wird.
2. Klicken Sie, um den zweiten Bearbeitungspunkt auf dem Bild an der empfohlenen Position festzulegen, die vom Konturpunktindikator angezeigt wird.

3. Rechtsklicken Sie, um den letzten Bearbeitungspunkt auf dem Bild an der empfohlenen Position festzulegen, die vom Konturpunktindikator angezeigt wird. Eine Kontur wird erzeugt.

ⓘ Aktivieren Sie das Kontrollkästchen Endo+Epi, um sowohl Endo- als auch Epi-Konturen zu generieren.

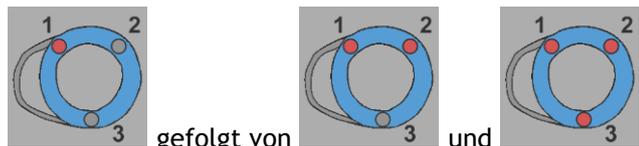
ⓘ Deaktivieren Sie das Kontrollkästchen Endo+Epi, um nur die Endo-Kontur zu generieren.

2.4.2 Konturen durch Indikatoren erstellen

In der unteren rechten Ecke des Ansichtsfensters Konturbearbeitung empfiehlt ein Konturpositionsindikator die ideale Positionsplatzierung der progressiven Konturpunkte.

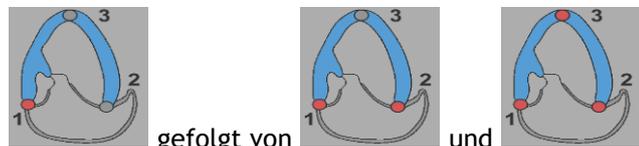
2.4.2.1 Konturpunktanzeigen (SAX)

SAX



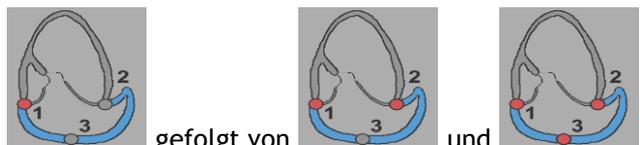
SAX-Platzierungsindikatoren sind wie folgt, gefolgt von und .

LAX



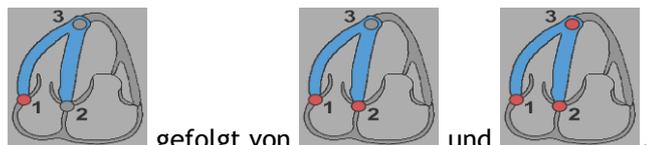
LAX-Platzierungsindikatoren sind wie folgt, gefolgt von und .

Atrium



Atrium-Platzierungsindikatoren sind wie folgt, gefolgt von und .

RV



RV-Platzierungsindikatoren sind wie folgt, gefolgt von und .

2.4.3 Konturen bearbeiten

2.4.3.1 Konturen ändern

So ändern Sie eine bestehende Kontur

Verschieben von Bearbeitungspunkten:

- Bewegen Sie den Mauszeiger über den Bearbeitungspunkt. Der Cursor ändert sich in einen doppelseitigen Pfeilcursor.
- Klicken und ziehen Sie die Maus, um den Bearbeitungspunkt zu verschieben. Wenn die Kontur bereits erstellt ist (drei Bearbeitungspunkte vorhanden), wird eine neue Kontur auf der Grundlage der neuen Position der Bearbeitungspunkte angezeigt.
- Lassen Sie die Maus los, um die Bearbeitung zu beenden und die beim Ziehen angezeigte Kontur wird endgültig.

Konturen mit Einpassen bearbeiten:

- Bewegen Sie den Mauszeiger über die Kontur. Der Cursor ändert sich in einen Einpassen-Cursor.
- Klicken Sie mit der linken Maustaste und ziehen Sie die Maus, um die Kontur zu bearbeiten. Ein Ausschnitt der Kontur wird mit einer Mausbewegung bearbeitet.
- Lassen Sie die Maus los, um die Bearbeitung zu beenden und die beim Ziehen angezeigte Kontur wird endgültig.

Verschieben von Konturen (Strg + Linksklick und Ziehen):

- Drücken Sie die Strg-Taste und klicken Sie mit der linken Maustaste auf den Ansichtsfensterbereich und ziehen Sie die Maus, um die Kontur zu verschieben. Wenn sowohl Epi- als auch Endo-Konturen vorhanden sind, wird die Kontur in der Nähe des Mausclickpunkts zum Verschieben ausgewählt.
- Die Kontur bewegt sich um den gleichen Abstand und in die gleiche Richtung, wie sich die Maus bewegt.
- Lassen Sie die Maustaste los, um das Verschieben zu beenden.
- Drücken Sie Strg + Umschalt + Linke Maustaste und ziehen Sie, um die Epi- und Endo-Konturen gleichzeitig zu verschieben.

Konturen glätten (Umschalt + S):

- Drücken Sie die Tasten Umschalt + S, um die ausgewählte Kontur zu glätten, d.h. entweder ES- oder ED-Kontur.
- Die zuletzt manuell bearbeitete Kontur (mit Einpassen oder Verschieben der Bearbeitungspunkte) wird die ausgewählte Kontur sein.

2.4.3.2 Alle Konturpunkte entfernen.

- Klicken Sie auf den Bearbeitungspunkt  in der vertikalen Werkzeugleiste.

2.4.3.3 Bearbeitungen rückgängig machen/wiederherstellen.

- Drücken Sie Strg + Z, um die an der Kontur vorgenommenen Bearbeitungen rückgängig zu machen, d.h. das Verschieben, Einpassen, Glätten der Kontur ODER das Verschieben von Bearbeitungspunkten.
- Drücken Sie Strg + Y, um die rückgängig gemachte Aktion wiederherzustellen, vorausgesetzt, dass nach dem Rückgängigmachen keine neue Bearbeitung vorgenommen wird.
- Rückgängig machen/Wiederherstellen ist nur möglich, solange die Bearbeitung nicht abgeschlossen ist, oder zusätzlich auf der ED-Bearbeitungsseite, wenn der Frame nicht geändert wurde.

2.4.4 Konturbearbeitung beenden

Nachdem die Konturen definiert wurden, kann die Analyse fortgesetzt werden.

Um vom Fenster Konturbearbeitung zum Fenster Analyse fortzufahren.

- Wählen Sie  in der vertikalen Symbolleiste aus.

Oder,

- rechtsklicken Sie in das Ansichtsfenster

2.5 Analysezubehör

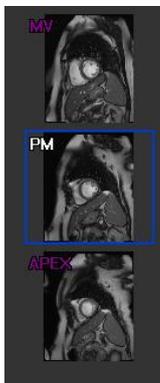
Die vertikale Symbolleiste im Analysefenster enthält Dienstprogramme, die den Workflow für die Strain-Analyse unterstützen.

2.5.1 Erstellen eines Referenzpunkts für die SAX-Analyse

Referenzpunkte verbessern die Genauigkeit der Ergebnisse.

So legen Sie einen Referenzpunkt in einer SAX-Analyse fest

- Wählen Sie in der vertikalen Symbolleiste den SAX a Schnitt aus.



- Wählen Sie  in der vertikalen Symbolleiste aus.
- Klicken Sie auf das Anteriore Septum.
- Klicken Sie auf Bestätigen.

 Die SAX-Strain-Analyse erfordert eine Referenzpunktplatzierung am anterioren Septum jedes Schnittes.

2.5.2 ED ES Verwaltung

2.5.2.1 ED ES Konturenprüfung & -Modifikation

Das Fenster ES-Konturüberprüfung erleichtert das Aktualisieren der ED- und ES-Konturen.

So aktivieren Sie das Fenster ES-Konturenüberprüfung & Modifikation.

- Klicken Sie im Analysefenster auf  in der vertikale Symbolleiste.

So aktivieren Sie das Fenster ED-Konturenüberprüfung & Modifikation.

- Klicken Sie im Analysefenster auf  in der vertikale Symbolleiste.

2.5.2.2 ED-ES-Phasenüberprüfung: Sequenz-M-Modus

Der Sequenz-M-Modus ist ein Dienstprogramm, das bei der Verwaltung der Position der ED- und ES-Phase hilft. Eine Sequenz-M-Modus-Linie wird verwendet, um ein M-Modus-Bild zu erstellen. Typischerweise wird die M-Modus-Linie von den äußeren Ventrikelwänden über den Durchmesser des Ventrikels gezogen. Die ED- und ES-Phasenpositionen können dann auf dem M-Modus-Bild eingestellt werden.

Die Bearbeitung im Sequenz-M-Modus besteht aus drei Schritten.

- Definieren einer Linie über ein Ventrikel.
- Beurteilen des M-Modus-Bildes.
- Überprüfen/Ändern der ED- und ES-Position.

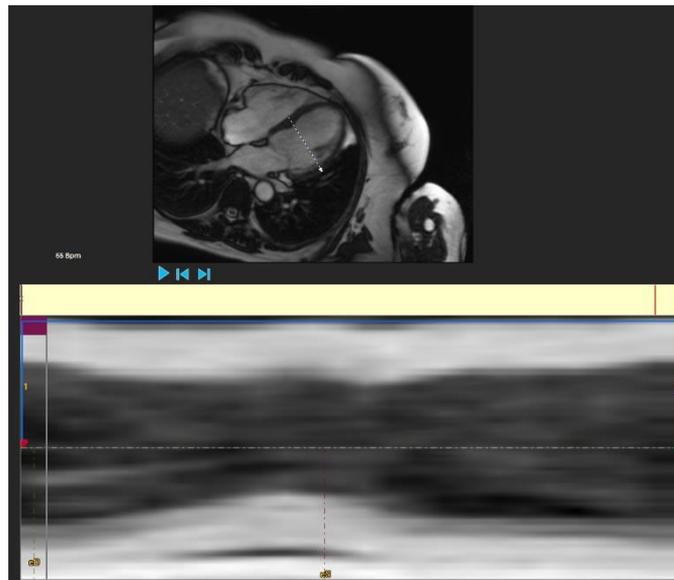


Abbildung 6 : Sequenz-M-Modus ED-ES-Phasenüberprüfung

Die ED- und ES-Phasen können mithilfe des M-Modus-Bildes überprüft und bei Bedarf geändert werden. Das resultierende M-Modus-Überlagerungsbild wird automatisch im Volumendiagramm des Analysefensters angezeigt. Die Überlagerung kann ein- und ausgeschaltet werden.

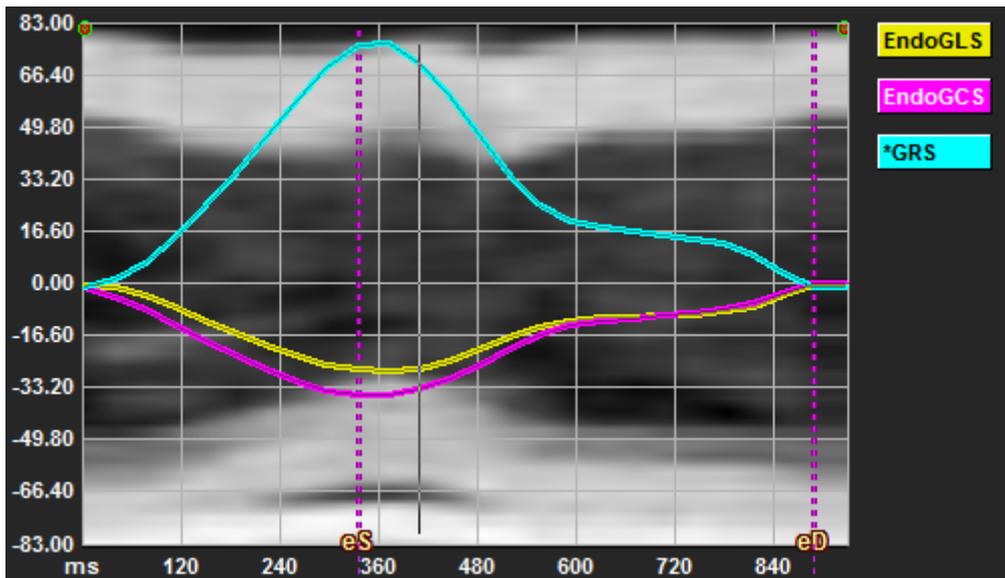


Abbildung 7 : M-Modus-Überlagerung im Volumendiagramm des Analysefensters

Zeichnen der M-Modus-Linie.

- Klicken Sie im Analyse-Ansichtsfenster auf  in der vertikalen Symbolleiste.
- Klicken Sie im Bild, um die M-Modus-Linie zu beginnen.
- Rechtsklicken Sie, um die M-Modus-Linie zu beenden.

So aktualisieren Sie die ED- oder ES-Phase.

- Klicken und ziehen Sie die vertikalen ED- oder ES-Rasterlinien im M-Modus-Bild.
- Klicken Sie  in der vertikalen Symbolleiste, um zum Analysefenster zurückzukehren.

Aktivieren/Deaktivieren der M-Modus-Überlagerung in Volumendiagrammen.

Im Analysefenster.

- Klicken Sie , um den M-Modus im Strain-Diagramm zu aktivieren oder zu deaktivieren.

2.5.3 Time-to-Peak-Analyse

Die Time-to-Peak-Analyse liefert detaillierte regionale Strain-Ergebnisse des 17-Segment-AHA-Modells. Die regionalen Ergebnisse sind farblich unterscheidbar. Das Segmentmodell und die entsprechenden Diagramme sind interaktiv und erleichtern das Aktivieren und Deaktivieren der regionalen Ergebnisse.

Das folgende Farbschema wird verwendet, um die verschiedenen Segmentmodellbereiche und ihre entsprechenden Ergebnisse zu unterscheiden.

Basal		Medial		Apikal	
Basal	Anterior	Medial	Anterior	Apikal	Anterior
Basal	Anterolateral	Medial	Anterolateral	Apikal	Inferior
Basal	Inferolateral	Medial	Inferolateral	Apikal	Septal
Basal	Inferior	Medial	Inferior		Lateral
Basal	Inferoseptal	Medial	Inferoseptal		
Basal	Anteroseptal	Medial	Anteroseptal		

So starten Sie eine Time-to-Peak-Analyse.

- Klicken Sie  in der vertikalen Symbolleiste, um zum Analysefenster zurückzukehren.

Region auswählen.

Im Fenster Time-to-Peak-Analyse:

- Bewegen Sie den Mauszeiger über das Segmentmodell.

Oder,

- Bewegen Sie den Mauszeiger über die Diagramme.

Aktivieren/deaktivieren einer Region.

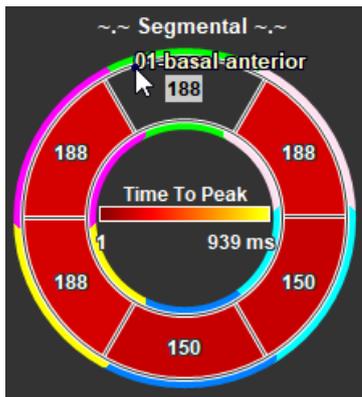


Abbildung 8 : Aktivieren/deaktivieren der SAX-TTP-Region

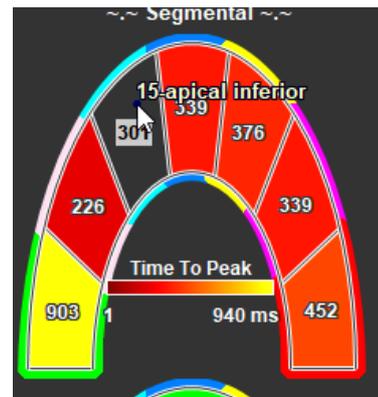


Abbildung 9 : Aktivieren/deaktivieren der LAX-TTP-Region

Im Fenster Time-to-Peak-Analyse.

- Klicken Sie auf das Segment, um es zu aktivieren oder zu deaktivieren.

Alle Regionen aktivieren/deaktivieren.

Im Fenster Time-to-Peak-Analyse.

- Klicken Sie auf die Mitte des Segmentmodells, um alle Segmente zu aktivieren oder zu deaktivieren.

Um den regionalen Analysetyp zu wechseln.

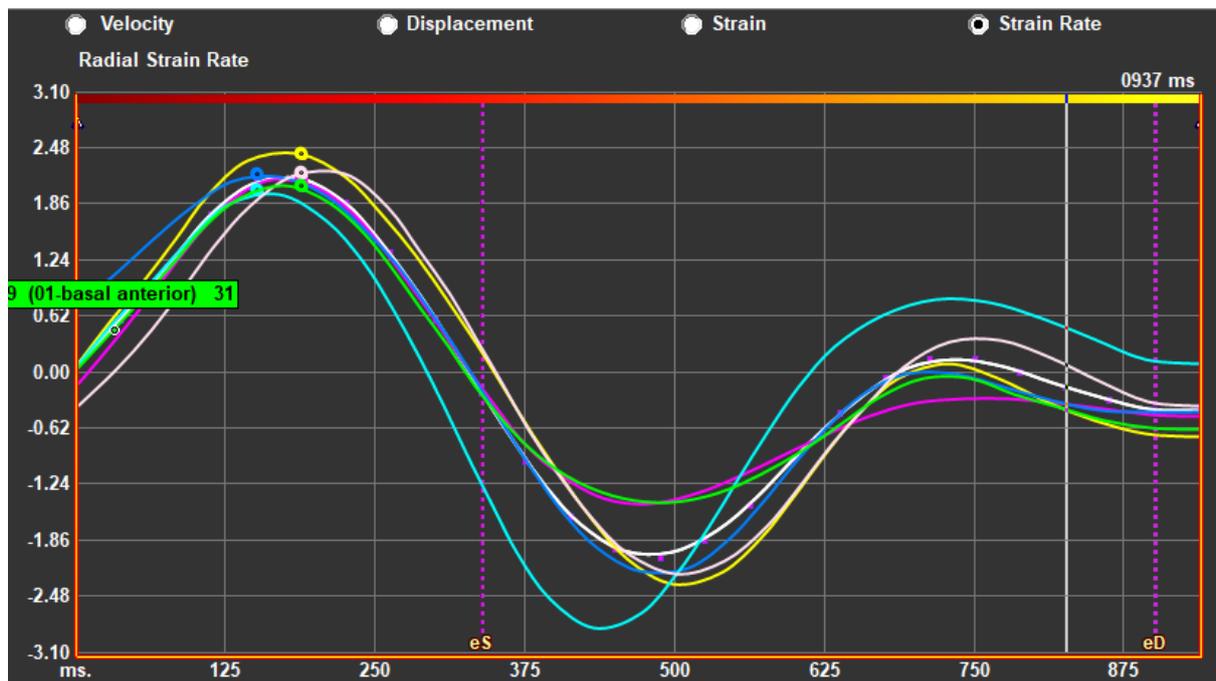


Abbildung 10 : Wählen Sie den Strain-Ergebnistyp

Im Fenster Time-to-Peak-Analyse.

- Wählen Sie entweder „Geschwindigkeit“, „Verschiebung“, „Strain“ oder „Strain-Rate“.

Umschalten zwischen regionalen Endokard-, Epikard- oder Myokardergebnissen.

Im Fenster Time-to-Peak-Analyse.

- Klicken Sie  in der vertikalen Symbolleiste, um die regionalen Endokardergebnisse anzuzeigen.
- Klicken Sie  in der vertikalen Symbolleiste, um die regionalen Epikardergebnisse anzuzeigen.
- Klicken Sie  in der vertikalen Symbolleiste, um die regionalen Myokardergebnisse anzuzeigen.



2.5.4 3D-Film

QStrain verfügt über eine 2D/3D-Ansicht zur Unterstützung der Visualisierung des Strains während der Durchführung einer Strain-Analyse.

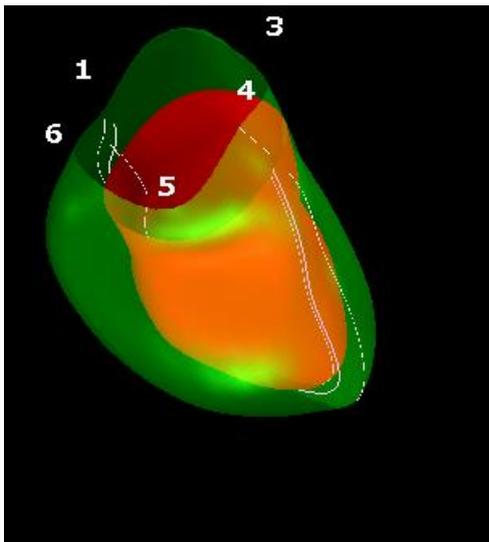


Abbildung 11 : 3D-Ansicht des Strains

Aktivieren der 3D-Ansicht

- Laden und vervollständigen Sie eine Analyse von mindestens 2 LAX-Serien.

- Klicken Sie im Analyse-Ansichtsfenster auf  in der vertikalen Symbolleiste.

2.5.5 Einwärtsverschiebung

Die Einwärtsverschiebung ist ein Wert, der für jeden Punkt der Endokardgrenze definiert ist und die Komponente des Verschiebungsvektors darstellt, die zum „Zentrum der Kontraktion“ gerichtet ist. Ein solches Zentrum ist definiert als ein Punkt auf der LV-Achse, dessen Position zwischen der Hälfte und zwei Dritteln der Basis-Apex-Distanz für die basale bzw. apikale Region liegt. Die Berechnung der Einwärtsverschiebung wird nur für LAX-Daten durchgeführt.

Die Einwärtsverschiebung wird ausgehend von der enddiastolischen Position gemessen, die als Ruheposition angenommen wird. Daher steigt sie normalerweise während der Systole an, um am Ende der Systole einen positiven Spitzenwert zu erreichen, und nimmt während der Diastole ab, um schließlich am Ende der Diastole auf Null zurückzugehen.

Normalisierte Einwärtsverschiebung (ID %)

Die Einwärtsverschiebung wird in mm gemessen. Außerdem wird sie mit dem anfänglichen (enddiastolischen), lokalen Abstand zum LV-Zentrum normalisiert und in % ausgedrückt, wobei 0 % keine Kontraktion bedeutet und 100 % einer theoretischen Grenze einer regionalen endsystolischen Größe entspricht, die auf Null schrumpft.

Einwärtsindex (II %)

Der Einwärtsindex (II) ist ein Index, der das Verhältnis zwischen der Einwärtsverschiebung (ID) und einem Standardreferenzwert (IIsv) angibt. Der Einwärtsindex wird berechnet als $ID/IDsv \cdot 100$ und wird in Prozent ausgedrückt.

Anzeige der Einwärtsverschiebung auf der Analyseseite

Die Messungen der Einwärtsverschiebung werden für jedes Segment einzeln durchgeführt und im AHA-Modell mit 17 Segmenten im Analysefenster angezeigt.

Die berechnete Standardabweichung für die segmentale Einwärtsverschiebung (SD-ID) und den Einwärtsindex (SD-II) sind im Abschnitt Ergebnisse aufgeführt.

Außerdem können Sie die Einwärtsverschiebungs-Spitze in %, die Zeit bis zum Spitzenwert in % und die Phase in % anzeigen, indem Sie eine Auswahl in der vertikalen Werkzeugleiste treffen.

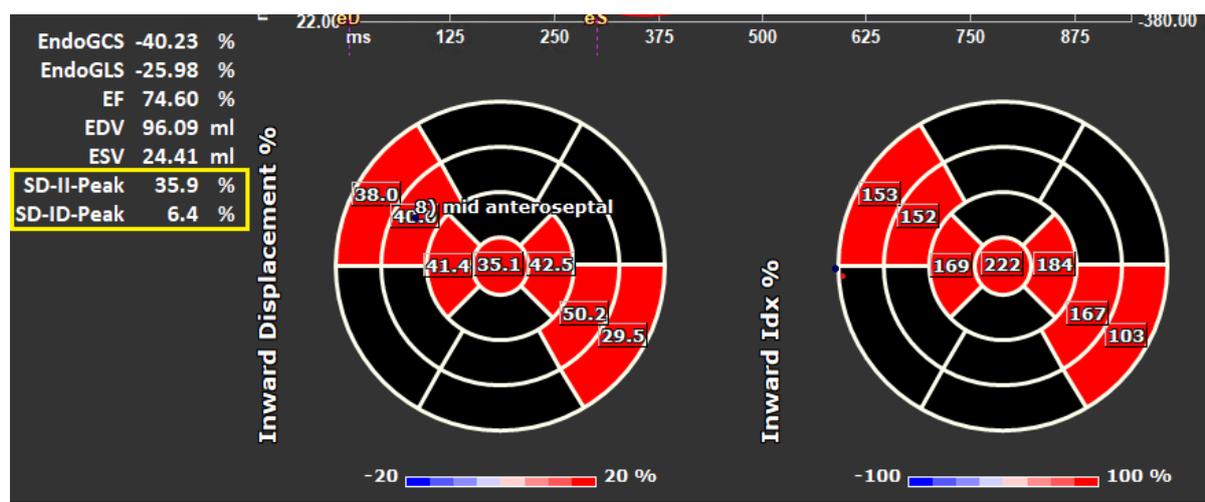


Abbildung 123: Ergebnisse der Einwärtsverschiebung

So zeigen Sie das AHA-Modell der Einwärtsverschiebung mit 17 Segmenten und die Ergebnisse an

- Aktivieren Sie im Analyse-Ansichtsfenster das Kontrollkästchen „Einwärtsverschiebung“ Inward Displacement in der vertikalen Werkzeugleiste.

Wenn Sie das Kontrollkästchen InwD aktivieren, werden die Strain-Ergebnisse im AHA-Modell mit 17 Segmenten durch die InwD-Ergebnisse ersetzt. Um die Strain-Ergebnisse erneut anzuzeigen, aktivieren Sie das Kontrollkästchen „Strain“ Strain.

2.5.6 Bildposition

Die räumliche Positionierung eines Bildes kann automatisch oder manuell gespiegelt werden.

So starten Sie die automatische Bildpositionskorrektur

- Nachdem Sie die Serienauswahl und -analyse im „Error! Reference source not found.“ abgeschlossen haben, klicken Sie auf  in der vertikalen Werkzeugleiste.



Abbildung 13 : Vor dem Spiegeln der Bildposition

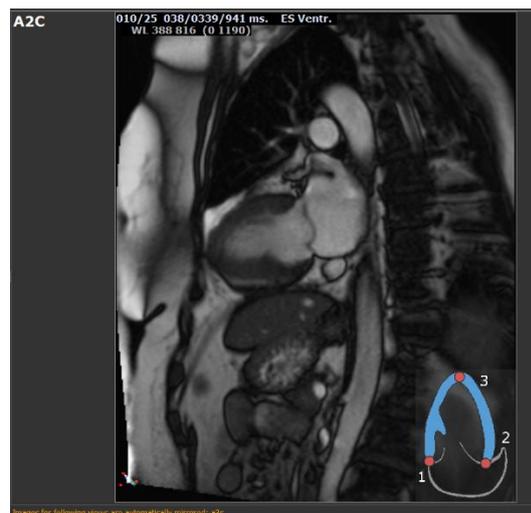


Abbildung 14 : Nach dem Spiegeln der Bildposition

So spiegeln Sie eine Serie manuell

- Klicken Sie im Analyse-Ansichtsfenster auf .

Oder:

- Im „Error! Reference source not found.“ klicken Sie auf .

Oder:

- Im Error! Reference source not found. klicken Sie auf .

 Der Benutzer muss sicherstellen, dass die räumliche Position genau ist. Das Spiegeln kann die Ergebnisse verändern. Stellen Sie sicher, dass die räumliche Position korrekt ist und korrigieren Sie sie gegebenenfalls.

 Eine Warnmeldung zeigt an, dass das Bild manuell oder automatisch gespiegelt wurde. Überprüfen Sie die Ergebnisse und korrigieren Sie sie gegebenenfalls.

3 QStrain-Ergebnisse

Die QStrain-Ergebnisse sind in QStrain, in den Medis-Suite-Befunden und im Medis-Suite-Bericht sichtbar. Momentaufnahmen und Filme können ebenfalls zu den Ergebnissen hinzugefügt werden. Die QStrain-Analyse liefert die folgenden Sätze an Strain-Ergebnissen.

- Global
- Standard regional
- Detailliert regional (Time-to-Peak-Analyse)

Die grundlegenden Strain-Ergebnisse sind wie folgt.

- Globaler Radialer Strain (GRS)
- Global Umfangs-Strain (GCS)
- Globaler Längs-Strain (GLS)

ⓘ Weitere Einzelheiten zu den Ergebnissen finden Sie unter Ergebnisübersicht

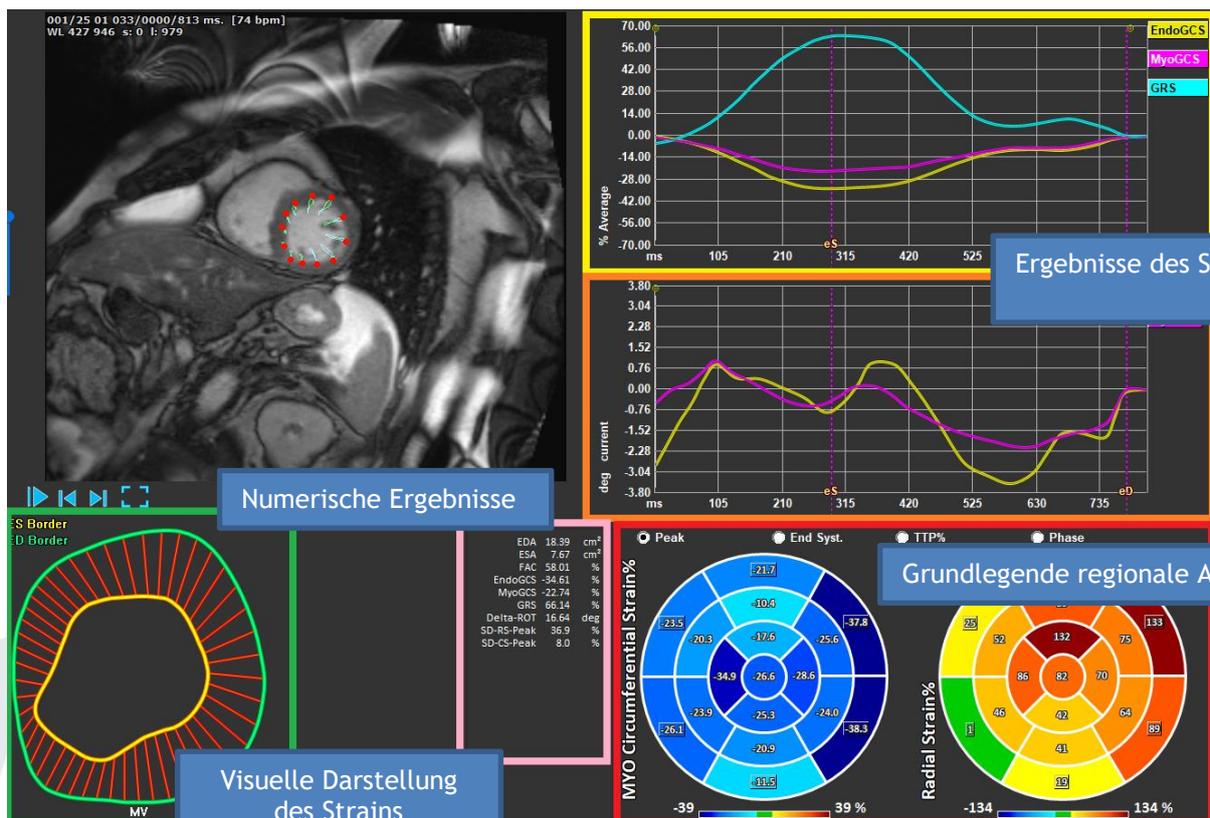


Abbildung 15 : Übersicht des Ergebnisbereichs

3.1 Diagramme der globalen Strain-Ergebnisse

Auf die globalen Ergebnisse kann über das Analysefenster zugegriffen werden. Es gibt zwei grafische Ergebnisdiagramme. Das obere Diagramm zeigt globale Strain-Kurven, während das untere die Rotations-Strain-Kurven in der SAX-Analyse und die Flächenkurven in der LAX-, Atrium- und RV-Analyse zeigt.

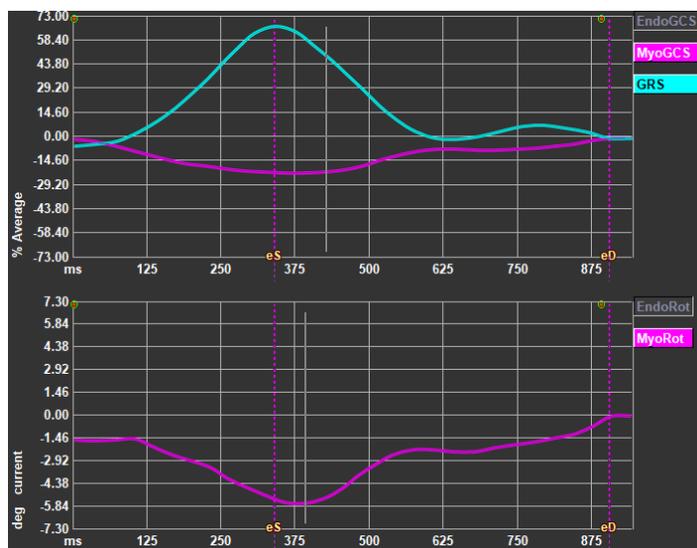


Abbildung 16 : Analyse Strain-Diagramme

So aktivieren Sie die Strain-Raten-Kurve

Aktivieren Sie im Analyse-Ansichtsfenster das Kontrollkästchen Strain-Raten-Kurve in der vertikalen Symbolleiste.

ⓘ Ergebnisse des Myokard-Strains sind verfügbar, wenn sowohl Endo- als auch Epi-Konturen verfügbar sind.

ⓘ Der Rotations-Strain ist schnittabhängig und spiegelt daher den Strain des ausgewählten Schnitts wider.

3.2 Numerische Ergebnisse des globalen Strains

Auf die numerischen globalen Ergebnisse kann über das Analysefenster zugegriffen werden.

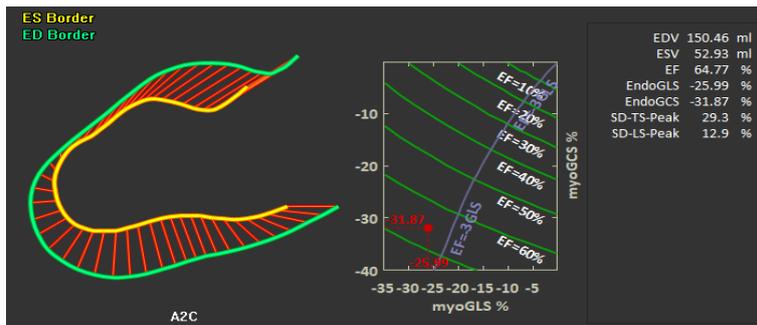


Abbildung 17 : Numerische LAX-Ergebnisse

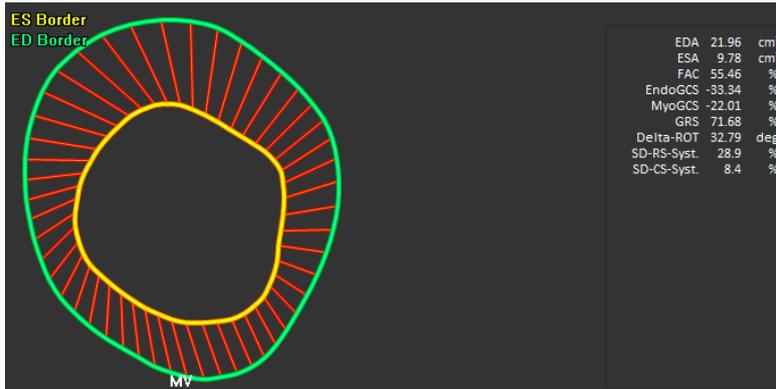


Abbildung 18 : Numerische SAX-Ergebnisse

3.3 Standardergebnisse des regionalen Strains

Die Standardergebnisse des regionalen Strains sind über das Analysefenster zugänglich.

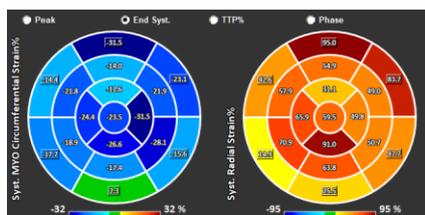


Abbildung 19 : Standardergebnisse des regionalen Strains

3.4 Detaillierte regionale Ergebnisse (Time To Peak)

Detaillierte regionale Ergebnisse sind über das Analysefenster zugänglich.



Abbildung 20 : Detaillierte regionale Ergebnisse. TTP

4 Ergebnisübersicht

In den folgenden Listen werden die Ergebnisse definiert, die für jede QStrain-Analyse verfügbar sind.

4.1 Ergebnisse LV-Langachse (apikal)

QStrain bietet die folgende Ergebnisliste:

- EDV
- ESV
- EF
- Endo GLS
- Endo GCS
- Myo GLS (Nur wenn die EPI-Kontur segmentiert ist)
- Myo GCS (Nur wenn die EPI-Kontur segmentiert ist)
- GRS (Nur wenn die EPI-Kontur segmentiert ist)
- SD-LS-Peak (Nur wenn die Ansicht Peak-AHA ausgewählt ist)
- SD-TS-Peak (Nur wenn die Ansicht Peak-AHA ausgewählt und die EPI-Kontur segmentiert ist)
- SD-LS-Syst. (Nur wenn die Ansicht End Syst. AHA ausgewählt ist)
- SD-TS-Syst. (Nur wenn die Ansicht End Sys. AHA ausgewählt und die EPI-Kontur segmentiert ist)
- SD-Ttp% -LS (Nur wenn die Ansicht TTP% AHA ausgewählt ist)
- SD-Ttp% -TS (Nur wenn die Ansicht TTP% AHA ausgewählt und die EPI-Kontur segmentiert ist)
- SD-Ph% -LS (Nur wenn die Ansicht Phase AHA ausgewählt ist)
- SD-Ph% -TS (Nur wenn die Ansicht Phase AHA ausgewählt und die EPI-Kontur segmentiert ist)

4.2 Ergebnisse Kurzachse (SAX)

QStrain bietet die folgende Ergebnisliste:

- EDA
- ESA
- FAC
- Endo Rot
- Endo GCS
- Myo Rot (Nur wenn die EPI-Kontur segmentiert ist)
- Myo GCS (Nur wenn die EPI-Kontur segmentiert ist)
- GRS (Nur wenn die EPI-Kontur segmentiert ist)
- Delta Rot (Nur wenn alle Schnitte in SAX-LV vorhanden sind)
- SD-CS-Peak (Nur wenn die Ansicht Peak AHA ausgewählt ist)
- SD-RS-Peak (Nur wenn die Ansicht Peak AHA ausgewählt und die EPI-Kontur segmentiert ist)
- SD-CS-Syst. (Nur wenn die Ansicht End Syst. AHA ausgewählt ist)
- SD-RS-Syst. (Nur wenn die Ansicht End Syst. AHA ausgewählt und die EPI-Kontur segmentiert ist)
- SD-Ttp% -CS (Nur wenn die Ansicht TTP% AHA ausgewählt ist)

- SD-Ttp%-RS (Nur wenn die Ansicht TTP% AHA ausgewählt und die EPI-Kontur segmentiert ist)
- SD-Ph%-CS (Nur wenn die Ansicht Phase AHA ausgewählt ist)
- SD-Ph% -RS (Nur wenn die Ansicht Phase AHA ausgewählt und die EPI-Kontur segmentiert ist)

4.3 Atrium-Ergebnisse

QStrain bietet die folgende Ergebnisliste:

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

4.4 RV-Langachse (rechter Ventrikel)

QStrain bietet die folgende Ergebnisliste:

- EDA
- ESA
- FAC
- Endo GLS
- Myo GLS (Nur wenn die EPI-Kontur segmentiert ist)
- GRS (Nur wenn die EPI-Kontur segmentiert ist)

5 Berichte

Die QStrain-Ergebnisse werden im Medis-Suite-Ergebnisbereich und im Medis-Suite-Bericht zur Verfügung gestellt.

The screenshot displays the Medis Suite report interface. On the left is a navigation menu with sections like Patient Study Info, Background Correction, and Results. The main area shows the following data:

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

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	18.95 cm/s	
Peak flow velocity	145.10 cm/s	
Peak pressure gradient	8.42 mmHg	
Min vessel area	257.63 mm ²	
Max vessel area	293.36 mm ²	

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 ²	
Max vessel area	128.93 mm ²	

Additional sections include Impressions, Extra-cardiac Findings, Miscellaneous, Comments, and Conclusions.

Abbildung 21 Medis-Suite-Bericht mit QStrain-Ergebnissen

Die Berichtsfunktionen von Medis Suite werden im Medis-Suite-Benutzerhandbuch beschrieben. Die Medis-Suite-Dokumentation ist auf der Registerkarte Benutzerdokumente verfügbar, die wie folgt geöffnet werden kann;

- Drücken Sie F1.
- Drücken Sie die Schaltfläche Hilfe .
- Klicken Sie die Hauptmenü-Taste der Medis Suite in der oberen rechten Ecke  > **Hilfe > Benutzerdokumente**

6 Sitzungen

Der QStrain-Status kann in einer Medis-Suite-Sitzung gespeichert werden. Die Sitzung kann neu geladen werden, um die Analysen fortzusetzen oder zu überprüfen.

Die Sitzungsfunktionen in Medis Suite werden im Medis-Suite-Benutzerhandbuch beschrieben. Die Medis-Suite-Dokumentation ist auf der Registerkarte Benutzerdokumente verfügbar, die wie folgt geöffnet werden kann;

- Drücken Sie F1.
- Drücken Sie die Schaltfläche Hilfe .
- Klicken Sie die Hauptmenü-Taste der Medis Suite in der oberen rechten Ecke  > Hilfe > Benutzerdokumente

7 Tastenkombinationen

Wenn Sie mit QStrain arbeiten, können Sie verschiedene Tastenkombinationen auf Ihrer Tastatur und Maus verwenden, um die folgenden Aufgaben schnell auszuführen.

Drücken	Hat folgende Funktion
Layout	
F11	Arbeitsbereichsfenster ein- oder ausblenden
Bildsteuerung	
Scrollrad	Zoom
Arbeitsabläufe	
Navigation	
Linkspfeil	Anzeigen des vorherigen Zeitpunkts
Rechtspfeil	Anzeigen des nächsten Zeitpunkts

8 Parameter/Messungen

8.1 Strain-Parameter

GLS	Globaler Längs-Strain
GRS	Globaler Radialer Strain
GCS	Globaler Umfangs-Strain
MyoRot	Myokardrotation
Delta-ROT	Delta-Rotation, Unterschied zwischen basaler und apikaler Rotation
Pk%	Strain-Spitzenwert in Prozent
S-Pk	Strain-Wert bei ES in Prozent
TTP ms	Time-to-Peak in Millisekunden

8.2 Geschwindigkeitsparameter

Pk	Spitzengeschwindigkeit
S-Pk	Geschwindigkeit bei ES
TTP ms	Zeit bis zur Spitzengeschwindigkeit in Millisekunden

8.3 Verschiebungsparameter

Pk	Maximale Verschiebung
S-Pk	Verschiebung bei ES
TTP ms	Zeit bis zur maximalen Verschiebung in Millisekunden

8.4 Strain-Raten-Parameter

Pk 1/s	Strain-Raten-Spitze in 1/s
--------	----------------------------

S-Pk	Strain-Rate bei ES in 1/s
TTP ms	Zeit bis zur Strain-Raten-Spitze in Millisekunden

8.5 Allgemeine Parameter

ED	Enddiastolische Phase
ES	Endsystolische Phase
EDA	ED-Bereich
ESA	ES-Bereich
FAC	Fraktionsbereichsänderung
EDV	ED-Volumen
ESV	ES-Volumen
EF	Ejektionsfraktion
TTP	Time-to-Peak
Maximale Wandverzögerung	Unterschied zwischen niedrigstem und höchstem TTP

Appendix I. Hauptvariablen der Herzmechanik, abgeleitet aus Tracking-Technologie



Weitere Informationen finden Sie in den folgenden Artikeln:

Tissue Tracking Technology for Assessing Cardiac Mechanics

Piet Claus, PHD, Alaa Mabrouk Salem Omar, MD, PHD, Gianni Pedrizzetti, PHD, Partho P. Sengupta, MD, DM, Eike Nagel, MD, PHD

Tabelle 2 Hauptvariablen der Herzmechanik, abgeleitet aus Tracking-Technologie

Hauptvariablen der Herzmechanik, abgeleitet aus Tracking-Technologie		
	Definition	Parameter
Verschiebung, cm	Abstand zwischen momentaner und anfänglicher (oft enddiastolischer) Position eines Myokard-Segments	Längsverschiebung Radiale Verschiebung Umfangsverschiebung
Geschwindigkeit, cm/s	Die Genauigkeit der Verschiebungsgeschwindigkeit (Verschiebung/Zeit) hängt stark von der Framerate ab	Längsgeschwindigkeit Radiale Geschwindigkeit Umfangsgeschwindigkeit
Strain, %	Veränderung der Länge eines Objekts innerhalb einer bestimmten Richtung relativ zu seiner ursprünglichen (oft enddiastolischen) Länge	Globaler/segmentaler Längs-Strain (GLS/LS) Globaler/segmentaler radialer Strain (GRS/RS) Globaler/segmentaler Umfangs-Strain (GCS/CS)
Strain-Rate, 1/s	Die Geschwindigkeit der Deformationsgenauigkeit ist stark von der Framerate abhängig	Systolische globale Spitzen-Längs-Strain-Rate (GLSR-S) Frühe diastolische globale Längs-Strain-Rate (GLSR-E) Späte diastolische globale Längs-Strain-Rate (GLSR-A) Systolische globale Spitzen-Radial-Strain-Rate (GRSR-S) Frühe diastolische globale radiale Strain-Rate (GRSR-E) Späte diastolische globale radiale Strain-Rate (GRSR-A) Systolische globale Spitzen-Umfangs-Strain-Rate (GCSR-S) Frühe diastolische globale Umfangs-Strain-Rate (GCSR-E) Späte diastolische globale Umfangs-Strain-Rate (GCSR-A)
Rotation	Resultiert aus der Verkürzung und Verlängerung spiralförmig orientierter Herzmuskelfasern, die eine Drehung der Herzspitze gegen den Uhrzeigersinn und eine Drehung der Herzbasis im Uhrzeigersinn bewirken, vom Apex aus gesehen	Systolische apikale Spitzenrotation (apical-R) Systolische basale Spitzenrotation (basal-R) LV-Twist (LVT) LV-Torsion (LV-tor) Prozentsatz der LV-Aufdrehung bei Mitralklappenöffnung (%LV-UT-MVO) LV-Aufdrehungsrate (LV-UTR) Zeit bis Spitze Aufdrehung (TTP-UT)
LV ¼ links ventrikular		

Appendix II.

Messgenauigkeit

Langachse

		Einheit	Erwartete Genauigkeit	Präzision QStrain	Präzision Medis Suite-Bericht	Genauigkeitsquelle
EDV	ED-Volumen	ml	2 %	0,01	0,1	AMID-Genauigkeitsdokument
ESV	ES-Volumen	ml	3 %	0,01	0,1	AMID-Genauigkeitsdokument
EF	Ejektionsfraktion	%	2	0,01	0,1	Aus EDV/ESV-Volumengenauigkeit
EndoGLS	Globaler Längs-Strain	%	± 1,5	0,01	0,1	AMID-Genauigkeitsdokument
EndoGCS	Globaler Umfangs-Strain	%	± 1,5	0,01	0,1	AMID-Genauigkeitsdokument
MyoGLS	Globaler Längs-Strain	%	± 1,5	0,01	0,1	AMID-Genauigkeitsdokument
MyoGCS	Globaler Umfangs-Strain	%	± 1,5	0,01	0,1	AMID-Genauigkeitsdokument
GRS	Globaler Radialer Strain	%	± 4,5	0,01	0,1	AMID-Genauigkeitsdokument
SD-TS-Peak	SD Transversal-Strain-Spitze	%	± 1,5	0,1	0,1	Basierend auf Strain-Genauigkeit
SD-LS-Peak	SD Längs-Strain-Spitze	%	± 1,5	0,1	0,1	Basierend auf Strain-Genauigkeit
SD-TS-Syst	SD Transversal-Strain Endsystolisch	%	± 1,5	0,1	0,1	Basierend auf Strain-Genauigkeit
SD-LS-Syst	SD Längs-Strain Endsystolisch	%	± 1,5	0,1	0,1	Basierend auf Strain-Genauigkeit

Kurzachse

		Einheit	Erwartete Genauigkeit	Präzision QStrain	Präzision Medis Suite-Bericht	Genauigkeitsquelle
--	--	---------	-----------------------	-------------------	-------------------------------	--------------------

EDA	ED-Bereich	cm ²	1,5 %	0,01	0,1	AMID-Genauigkeitsdokument
ESA	ES-Bereich	cm ²	4 %	0,01	0,1	AMID-Genauigkeitsdokument
FAC	Fraktionsbereichsänderung	%	1	0,01	0,1	Aus EDA/ESA-Bereichsgenauigkeit
MyoGCS	Globaler Umfangs-Strain	%	± 1,5	0,01	0,1	AMID-Genauigkeitsdokument
EndoGCS	Globaler Umfangs-Strain	%	± 1,5	0,01	0,1	AMID-Genauigkeitsdokument
GRS	Globaler Rotations-Strain	%	± 4,5	0,01	0,1	AMID-Genauigkeitsdokument
Delta-rot	Delta-Rotation	°	1°	0,01	0,1	AMID-Genauigkeitsdokument
SD-RS-Peak	SD Rotations-Strain-Spitze	%	± 4,5	0,1	0,1	Basierend auf Strain-Genauigkeit
SD-CS-Peak	SD Umfangs-Strain-Spitze	%	± 1,5	0,1	0,1	Basierend auf Strain-Genauigkeit
SD-RS-Syst	SD Rotations-Strain Endsystolisch	%	± 4,5	0,1	0,1	Basierend auf Strain-Genauigkeit
SD-CS-Syst	SD Umfangs-Strain Endsystolisch	%	± 1,5	0,1	0,1	Basierend auf Strain-Genauigkeit

Wenn die erwartete Genauigkeit ein Prozentsatz ist, ist sie relativ zum Wert. Wenn kein Prozentsatz angegeben ist, handelt es sich um einen absoluten Fehler. Wenn die Einheit % ist, interpretieren Sie den Fehler als Prozentpunkt.