

QStrain 4.3

Manual do usuário

Índice

QStrain 4.3.....	I
Manual do usuário	I
Primeiros passos	4
1 Visão geral	4
1.1 Fluxos de trabalho	4
Fluxo de trabalho	6
2 Fluxo de trabalho: Efetuando uma análise QStrain	6
2.1 Etapas Gerais de Análise QStrain	6
2.2 Carregando Séries.....	8
2.3 Seleção da Análise	9
2.3.1 Acoplamento automático da série	9
2.3.2 Seleção manual e acoplamento	9
2.4 Gestão de contornos.....	12
2.4.1 Criação de contornos	12
2.4.2 Criação de contornos por indicadores.....	13
2.4.3 Edição de contornos	14
2.4.4 Finalizar a edição de contornos.....	15
2.5 Acessórios de Análise	16
2.5.1 Criação de um ponto de referência para análise SAX.....	16
2.5.2 Gestão ED ES.....	17
2.5.3 Análise do Tempo-para-pico.....	19
2.5.4 Filme 3D.....	23
2.5.5 Deslocamento Interno	23
2.5.6 Posição da imagem	25
Resultados	26
3 Resultados QStrain.....	26
3.1 Gráficos de resultados globais de deformação.....	27

3.2	Resultados numéricos de deformação global	27
3.3	Resultados de deformação regional padrão	28
3.4	Resultados regionais detalhados (tempo-para-pico)	29
4	Visão geral dos resultados	30
4.1	Resultados do eixo longo LV (apical)	30
4.2	Resultados de eixo curto (SAX).....	30
4.3	Resultados do Átrio	31
4.4	Eixo longo RV (ventrículo direito)	31
5	Relatórios	31
6	Sessões	33
	Referência	34
7	Teclas de atalho.....	34
8	Parâmetros / Medidas	35
8.1	Parâmetros de deformação	35
8.2	Parâmetros de velocidade	35
8.3	Parâmetros de deslocamento	35
8.4	Parâmetros da taxa de deformação	35
8.5	Parâmetros gerais.....	36
Appendix I.	Principais Variáveis da Mecânica Cardíaca Derivadas da Tecnologia de Rastreamento 37	
Appendix II.	Precisão das Medições.....	38

Primeiros passos

1 Visão geral

Os fluxos de trabalho genéricos do QStrain e o espaço de trabalho são descritos nesta seção.

1.1 Fluxos de trabalho

Uma análise QStrain pode ser iniciada a partir do QMass ou como um aplicativo independente.

A tabela a seguir descreve as etapas no fluxo de trabalho de uma análise QStrain iniciada diretamente do QMass ou do QStrain como um aplicativo independente.

Para obter mais detalhes, consulte a seção Fluxo de trabalho: Fluxo de trabalho: Efetuando uma análise QStrain.

Tabela 1 : Fluxo de trabalho QMass + QStrain / Fluxo de trabalho QStrain independente

QMass + QStrain	QStrain independente
Carregar Série	
Detecção Automática de Contornos Rever Contornos	
Iniciar a análise QStrain: Carregamento automático de dados e contornos da série	Iniciar a análise QStrain
QStrain	QStrain
Selecionar Série	Selecionar Série
Selecionar Tipo de Análise	Selecionar Tipo de Análise
	Desenhar contornos manualmente
	Rever Contornos
	Verificar fase ED e ES
Completar análise de deformação	Completar análise de deformação

 O fluxo de trabalho preferido é iniciar o QStrain a partir do QMass, utilizando os contornos detectados automaticamente.

2 Fluxo de trabalho: Efetuando uma análise QStrain

O aplicativo QStrain suporta as seguintes análises relacionadas à deformação.

- Eixo longo LV (Apical)
- Eixo curto LV (SAX)
- Imagens atriais (Átrio)
- Imagens RV (Ventrículo direito)

Para navegar pelas etapas de análise.

- Clique em  na barra de ferramentas vertical para continuar para o próximo estágio de uma análise.
- Clique em  na barra de ferramentas vertical para ir para o estágio anterior de uma análise.
- Clique em  na barra de ferramentas vertical para ir para o estágio Carregando séries e Análise.
- Na janela de exibição Revisão ED/ES, clique em  para aceitar e clique em  para rejeitar as alterações de contorno.
- Na janela Seleção da Sequência M-Mode, clique em  para retornar à análise.
- Em Análise Segmental do Tempo-para-pico, clique em  para retornar à análise.

2.1 Etapas Gerais de Análise QStrain

As análises QStrain compartilham as mesmas etapas.

- Carregando Séries
- Seleção da Análise
- Criação de contornos
- Completar a Análise Global de Deformação.
 - Opcional: Análise SAX: Adicione um ponto de referência, para cada segmento.
 - Revisão de fase ED ES: sequência M-Mode
 - Análise regional detalhada completa, na Análise do Tempo-para-pico.

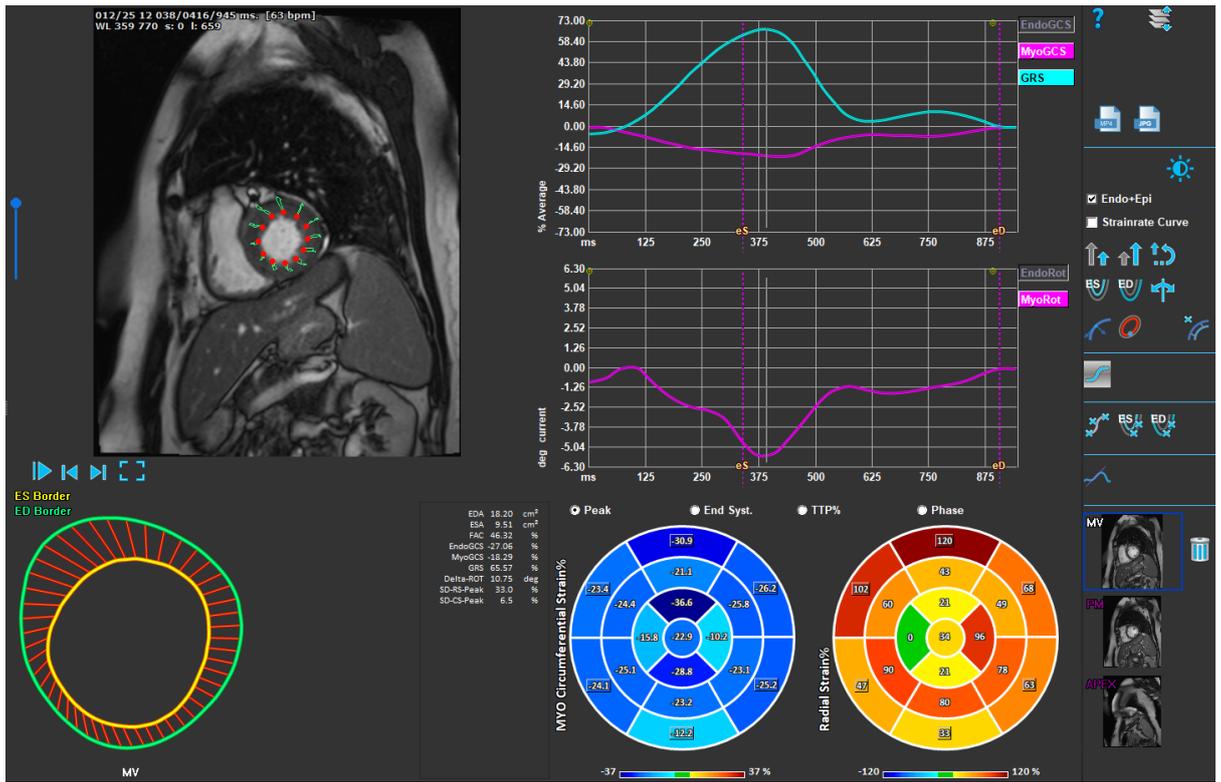


Figura 1 : Análise SAX

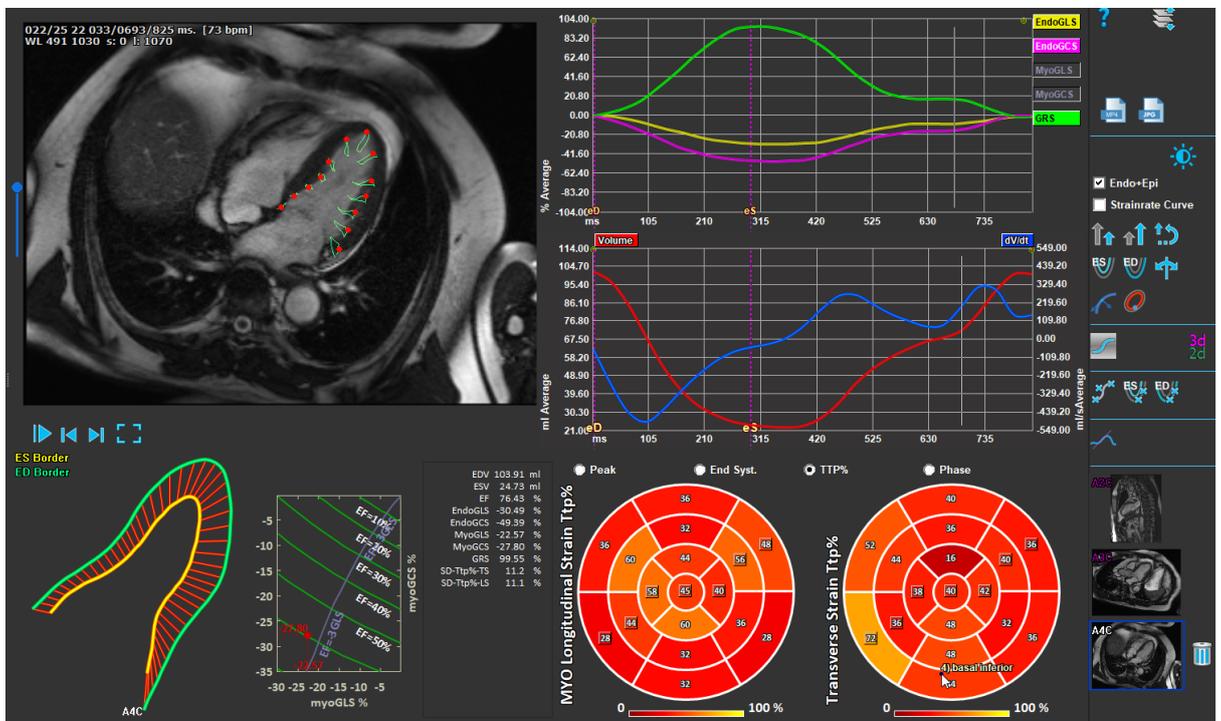


Figura 2 : Análise LAX

2.2 Carregando Séries

A primeira etapa de uma análise de deformação é carregar a série. Uma série ou várias séries podem ser carregadas no QStrain a partir do navegador de séries do Medis Suite. Consulte o manual do usuário Medis Suite para obter instruções detalhadas.

O QStrain suporta séries MR e CT.

Para carregar séries a partir do navegador de séries do Medis Suite

1. Selecione o conjunto de séries de deformação na visualização de imagem ou texto do **navegador de séries** do Medis Suite.
2. Clique e arraste os itens selecionados para o ícone do aplicativo QStrain.

Ou,

1. Selecione todas as séries na visualização de imagem ou texto do **navegador de séries** do Medis Suite.
2. Clique com o botão direito em cima da série selecionada para abrir um menu de contexto.
Selecione QStrain.

Isso carregará a série na janela de visualização de seleção de análise de séries.

Para carregar séries a partir do QMass

- Selecione o ícone  na barra de ferramentas **Geral** no QMass.

ⓘ Todos os dados da série carregados no QMass e seus contornos relacionados que foram criados no QMass, serão carregados no QStrain.

ⓘ O QStrain carrega apenas as séries MR e CT DICOM.

2.3 Seleção da Análise

O aplicativo QStrain suporta as seguintes análises relacionadas à deformação.

- **Eixo longo LV** (Apical)
- **Eixo curto LV** (SAX)
- **Atrial** (Átrio)
- **RV** (Ventrículo direito)

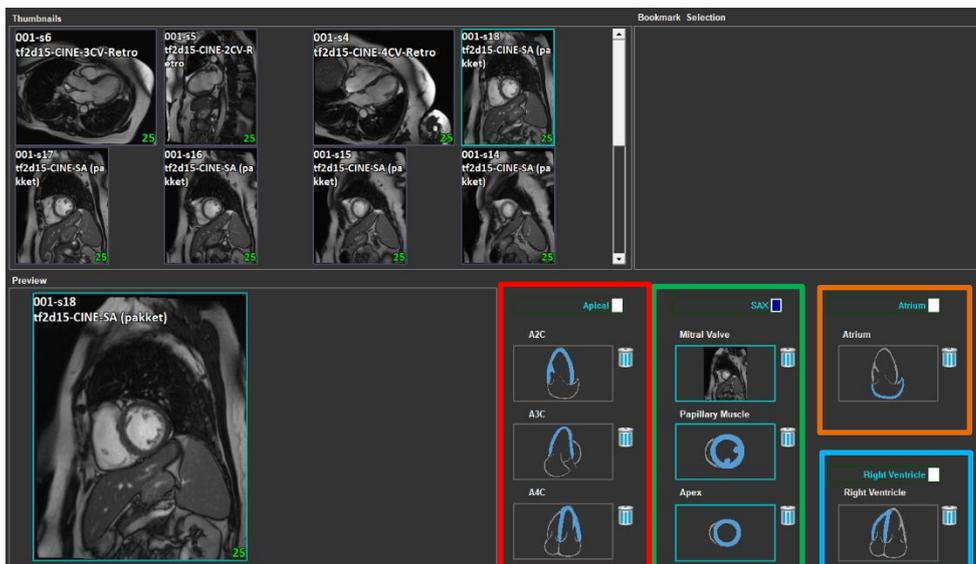


Figura 3 : Seleção e análise de série

2.3.1 Acoplamento automático da série

As séries carregadas são automaticamente acopladas no início às vistas de orientação da câmara de eixo longo se contiverem dados posicionais suficientes e se ajustarem. Se várias séries forem adequadas para uma localização de imagem específica, a mais recente é acoplada. A localização automática de séries pode ser substituída pela seleção manual.

2.3.2 Seleção manual e acoplamento

Seleção de séries.

- Selecione uma série na janela de visualização esquerda.

Acople uma série a uma orientação de imagem.

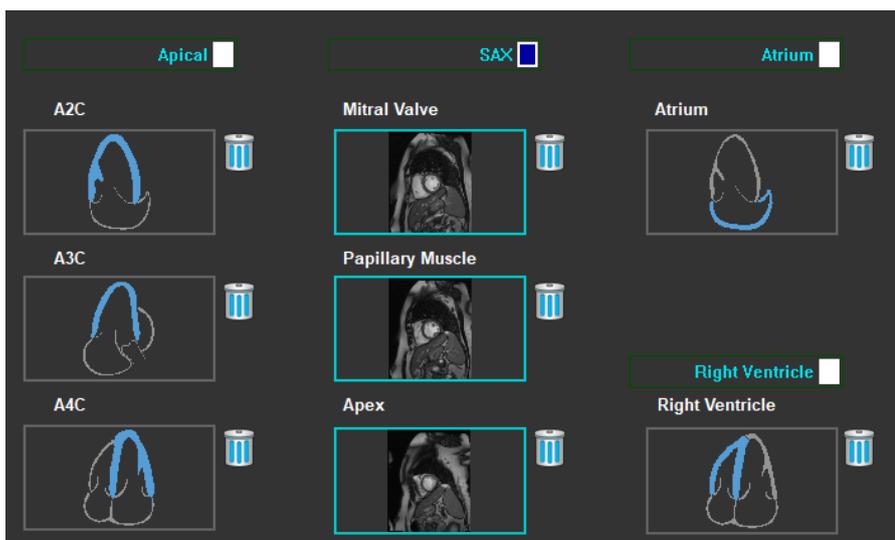


Figura 4 : Acoplar uma série a uma orientação

Escolha o tipo de análise.

- Marque a caixa de seleção da análise a ser executada.

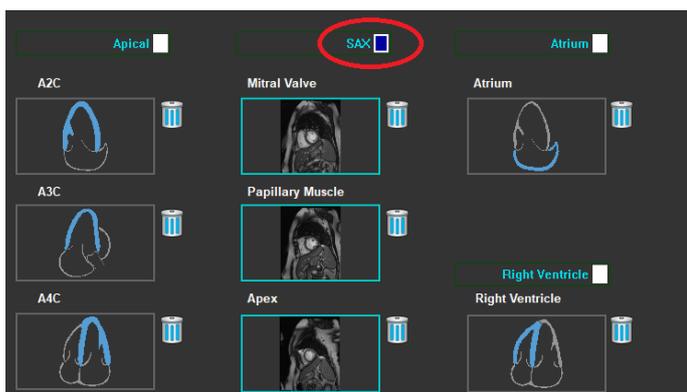


Figura 5 : Selecione o tipo de análise QStrain

- ⚠ Apenas um tipo de análise pode ser selecionado.
- ⚠ Um círculo verde ou vermelho no canto superior esquerdo da janela de visualização indica que os contornos Epi ou Endo são importados com a série selecionada.

As séries selecionadas são acopladas a uma determinada análise QStrain. As análises LAX e SAX facilitam até três séries, cada uma representando um segmento. As análises de átrio e RV são limitadas a uma série.

Para acoplar uma série a uma análise SAX.

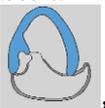
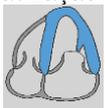
- Selecione uma série na lista de séries.

- Clique e arraste a imagem da janela de visualização para o nível correspondente, ícones, da

válvula mitral , músculo papilar  ou ápice .

Para acoplar uma série a uma análise LAX.

- Selecione uma série na lista de séries.
- Clique e arraste a imagem da janela de visualização para os ícones de visualização da

câmara A2C , A3C  ou A4C .

Para acoplar uma série a uma Análise de Átrio.

- Selecione uma série na lista de séries.

- Clique e arraste a imagem da janela de visualização para o ícone Átrio. .

Para acoplar uma série a uma análise RV.

- Selecione uma série na lista de séries.

- Clique e arraste a imagem da janela de visualização para o ícone RV .

Para remover uma série de uma análise

- Clique no ícone  ao lado da série que deseja remover

Para selecionar a série na janela de visualização já selecionada em uma orientação de Análise

- Clique no ícone Vista de orientação de análise para selecionar a série correspondente na janela de visualização

2.4 Gestão de contornos

Os contornos são um pré-requisito para uma análise de deformação. A seção a seguir explica os aspectos relacionados ao gerenciamento de contornos do QStrain.

ⓘ Quando os contornos são importados do QMass, o fluxo de trabalho de Edição de Contornos da análise é automaticamente ultrapassado.

2.4.1 Criação de contornos

O primeiro passo da análise do QStrain é definir o Endocárdio e, opcionalmente, os contornos do Epicárdio. Os contornos QStrain podem ser adicionados através das janelas de edição e revisão de contornos ES ou ED ou os contornos podem ser importados com a série selecionada.

2.4.1.1 Habilitar a janela de criação de contornos.

- Depois de concluir a seleção e análise da série na janela de Seleção de série, clique em  na barra de ferramentas vertical.

Ou,

- Na janela de visualização de análises, clique em  ou  ou  na barra de ferramentas vertical.

Ou,

- Na janela de visualização da análise, selecione a caixa de seleção Endo + Epi na barra de ferramentas vertical.

2.4.1.2 Criar um contorno.

Quando a janela de edição de contornos estiver aberta, edite os contornos da seguinte forma:

- Clique para definir o primeiro ponto de edição na imagem, na posição recomendada exibida pelo indicador de ponto de contorno.
- Clique para definir o segundo ponto de edição na imagem, na posição recomendada exibida pelo indicador de ponto de contorno.
- Clique com o botão direito para definir o último ponto de edição na imagem, na posição recomendada exibida pelo indicador de ponto de contorno. Será gerado um contorno.

ⓘ Selecione a caixa de seleção Endo + Epi para gerar os contornos Endo e Epi.

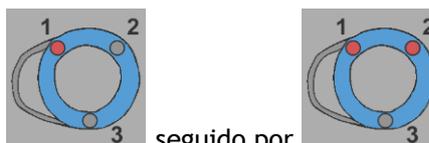
ⓘ Desmarque a caixa de seleção Endo + Epi para gerar apenas o contorno Endo.

2.4.2 Criação de contornos por indicadores

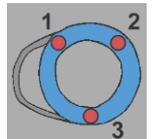
No canto inferior direito da janela de visualização de Edição de Contornos, um indicador de posição de contornos recomenda o posicionamento ideal dos pontos de contorno progressivos.

2.4.2.1 Indicadores de Ponto de Contorno (SAX)

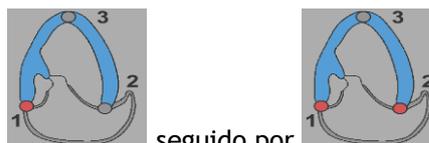
SAX



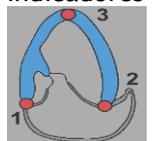
Indicadores de posicionamento SAX como seguinte, seguido por e



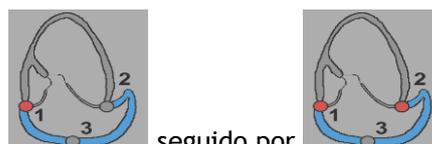
LAX



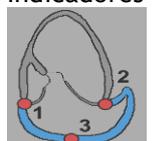
Indicadores de posicionamento LAX como seguinte, seguido por e



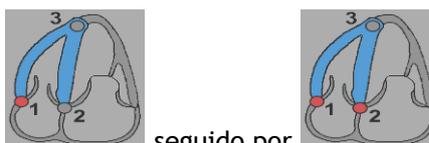
Átrio



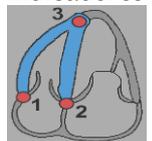
Indicadores de posicionamento de Átrio como seguinte, seguido por e



RV



Indicadores de posicionamento RV como seguinte, seguido por e



2.4.3 Edição de contornos

2.4.3.1 Modificar contornos

Modificar um contorno existente

Mover pontos de edição:

- Passe o cursor do mouse sobre o ponto de edição. O cursor muda para um cursor de seta de dois lados.
- Clique e arraste o mouse para mover o ponto de edição. Se o contorno já estiver criado (Três pontos de edição presentes), o novo contorno será exibido com base na nova posição dos pontos de edição.
- Solte o mouse para finalizar a edição e o contorno mostrado ao arrastar torna-se final.

Contornos de edição elásticos:

- Passe o cursor do mouse sobre o contorno. O cursor muda para um cursor elástico.
- Clique com o botão esquerdo do mouse e arraste o mouse para editar o contorno. Uma seção de contorno será editada com o movimento do mouse.
- Solte o mouse para finalizar a edição e o contorno mostrado ao arrastar torna-se final.

Mover contornos (Ctrl + Clique com botão esquerdo e arraste):

- Pressione a tecla Ctrl e clique com o botão esquerdo do mouse na área da janela de visualização e arraste o mouse para mover o contorno. Se ambos os contornos Epi e Endo estiverem presentes, o contorno próximo ao ponto de clique do mouse será selecionado para mover.
- O contorno se moverá na mesma distância e direção que o mouse se move.
- Solte o botão do mouse para finalizar o movimento.
- Pressione Ctrl + Shift + Clique com o botão esquerdo e arraste para mover os contornos Epi e Endo simultaneamente.

Suavizar contornos (Shift + S):

- Pressione as teclas Shift + S para suavizar o contorno selecionado, ou seja, contorno ES ou ED.
- O último contorno editado manualmente, usando elástico ou edições de movimento, será o contorno selecionado.

2.4.3.2 Remover todos os pontos de contorno.

- Clique no ponto de edição  na barra de ferramentas vertical.

2.4.3.3 Desfazer/Refazer edições.

- Pressione Ctrl + Z para desfazer as edições feitas no contorno, ou seja, mover, aplicar elástico, suavizar contorno OU mover pontos de edição.
- Pressione Ctrl + Y para refazer a ação de desfazer, desde que nenhuma nova edição seja executada após desfazer.

- Desfazer/Refazer só pode ser feito enquanto a edição não for concluída, ou adicionalmente na página de edição ED, se o quadro não for alterado.

2.4.3.4 Remover um ponto de contorno.

1. Passe o cursor do mouse sobre o ponto de edição do contorno a ser removido.

Clique com o botão direito no ponto de edição do contorno.

2.4.4 Finalizar a edição de contornos

Após a definição dos contornos, a análise pode continuar.

Continuar da janela Edição de Contornos para a janela Análise.

- Selecione  na barra de ferramentas vertical.

Ou,

- Clique com o botão direito na janela de visualização

2.5 Acessórios de Análise

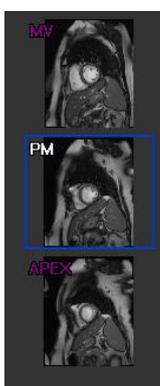
A barra de ferramentas vertical na janela de análise, contém utilitários que auxiliam no fluxo de trabalho da análise de deformação.

2.5.1 Criação de um ponto de referência para análise SAX

Os pontos de referência aumentam a precisão dos resultados.

Definir um ponto de referência em uma análise SAX.

- Escolha o segmento SAX na barra de ferramentas vertical.



- Selecione  na barra de ferramentas vertical.
- Clique no Septo Anterior.
- Clique em Confirmar.

 A análise de deformação SAX requer a colocação de um ponto de referência no septo anterior de cada corte.

2.5.2 Gestão ED ES

2.5.2.1 Revisão e modificação de contornos ED ES

A janela de revisão de contornos ES facilita a atualização dos contornos ED e ES.

Para ativar a janela de revisão e modificação de contornos ES.

- Na janela de análise, clique em  na barra de ferramentas vertical.

Para ativar a janela de revisão e modificação de contornos ED.

- Na janela de análise, clique em  na barra de ferramentas vertical.

2.5.2.2 Revisão de fase ED ES: sequência M-Mode

A sequência M-Mode é um utilitário que auxilia no gerenciamento da posição das fases ED e ES. Uma linha de sequência M-Mode é usada para criar uma imagem M-Mode. Normalmente, a linha M-Mode é desenhada a partir das paredes ventriculares externas ao longo do diâmetro do ventrículo. As posições de fase ED e ES podem ser ajustadas na imagem M-Mode.

A edição da sequência M-Mode consiste em três etapas.

- Definir uma linha através de um ventrículo.
- Avaliar a imagem M-Mode.
- Revisar/modificar a posição ED e ES.

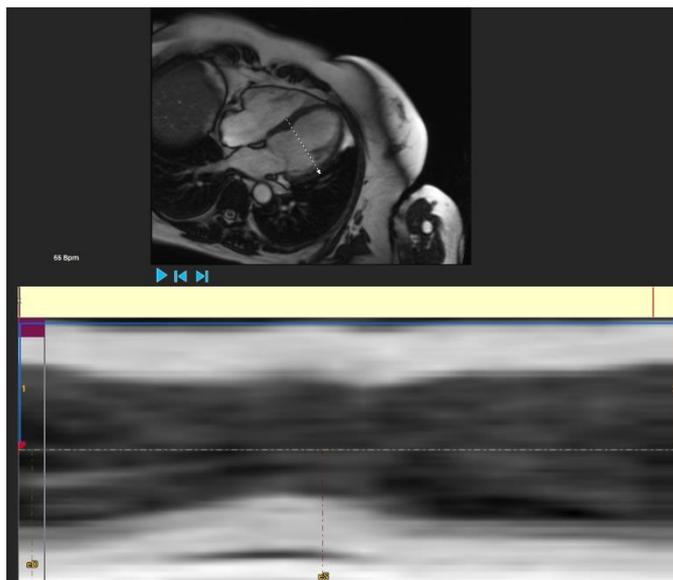


Figura 6 : Revisão de fase ED ES da sequência M-Mode

As fases ED e ES podem ser verificadas e modificadas se necessário, usando a imagem M-Mode. A imagem de sobreposição resultante do M-Mode será exibida automaticamente no gráfico de volume da janela de análise. A sobreposição pode ser ativada e desativada.

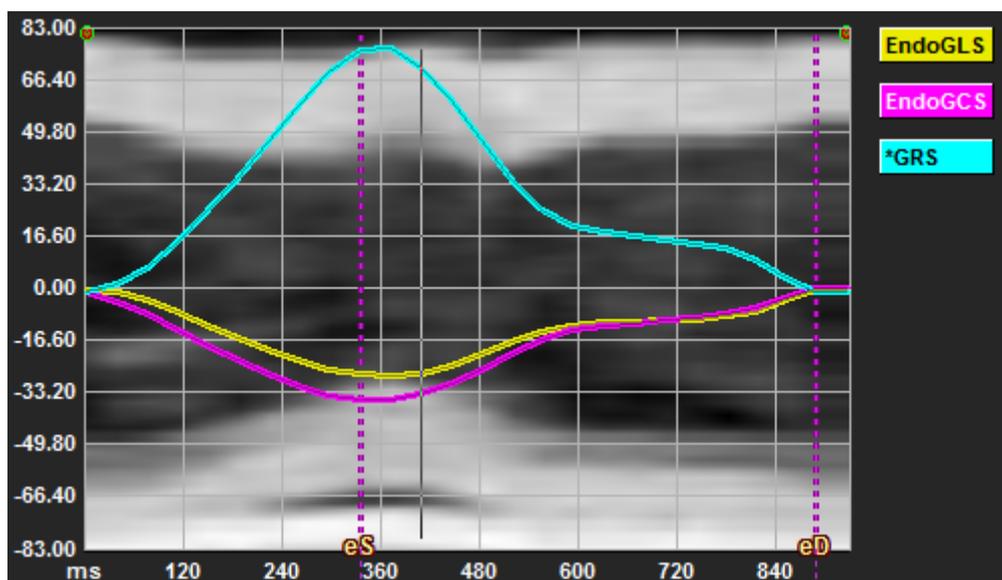


Figura 7 : Sobreposição do M-Mode no gráfico de volume da janela de análise

Desenhar a linha M-Mode.

- Na janela de visualização de análise, clique em  na barra de ferramentas vertical.
- Na imagem, clique para iniciar a linha M-Mode.
- Clique com o botão direito para encerrar a linha M-Mode.

Para atualizar a fase ED ou ES.

- Clique e arraste as linhas de grade verticais ED ou ES na imagem M-Mode.
- Clique em  na barra de ferramentas vertical para retornar à janela de análise.

Habilitar/desabilitar a sobreposição M-Mode nos gráficos de volume.

Na janela de análise.

- Clique em  para ativar ou desativar o M-Mode no gráfico de deformação.

2.5.3 Análise do Tempo-para-pico

A análise Tempo-para-pico fornece resultados detalhados de deformações regionais do modelo AHA de 17 segmentos. Os resultados regionais são distinguíveis pela cor. O modelo de segmento e os gráficos correspondentes são interativos e facilitam a ativação e desativação dos resultados regionais.

O esquema de cores a seguir é usado para distinguir as diferentes regiões do modelo de segmento e seus resultados correspondentes.

Basal		Médio		Apical	
Basal	Anterior	Médio	Anterior	Apical	Anterior
Basal	Anterolateral	Médio	Anterolateral	Apical	Inferior
Basal	Inferior lateral	Médio	Inferior lateral	Apical	Septal
Basal	Inferior	Médio	Inferior		Lateral
Basal	Inferior septal	Médio	Inferior septal		
Basal	Antero septal	Médio	Antero septal		

Iniciar uma análise de tempo-para-pico.

- Clique em  na barra de ferramentas vertical para retornar à janela de análise.

Selecionar uma região.

Na janela de análise Tempo-para-pico:

- Passe o mouse sobre o modelo de segmento.

Ou,

- Passe o mouse sobre os gráficos.

Ativar / desativar uma região.

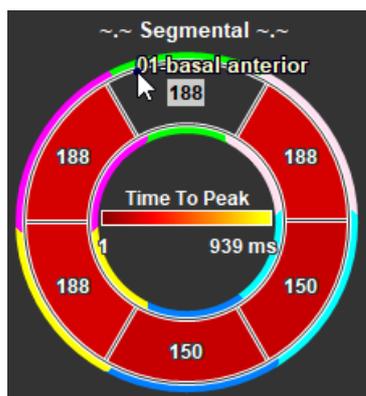


Figura 8 : Ativar/desativar a região SAX TTP

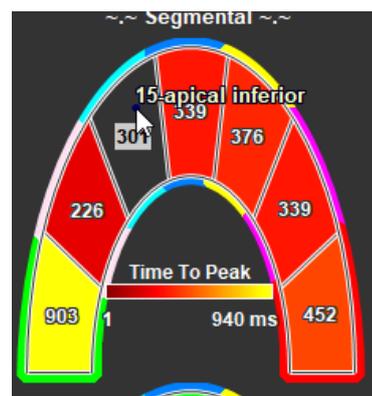


Figura 9 : Ativar/desativar LAX TTP

Na janela de análise Tempo-para-pico.

- Clique no segmento para ativar ou desativar.

Ativar/desativar todas as regiões.

Na janela de análise Tempo-para-pico.

- Clique no centro do modelo de segmento para ativar ou desativar todos os segmentos.

Mudar o tipo de análise regional.

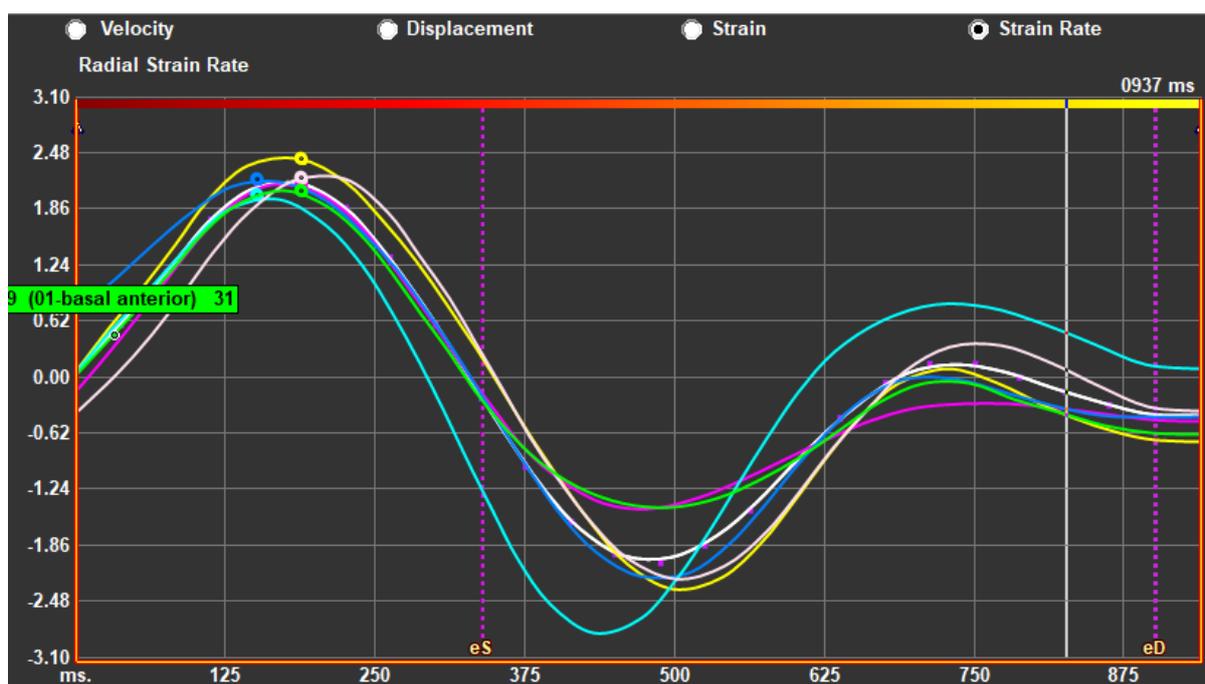


Figura 10 : Seleção o tipo de resultado de deformação

Na janela de análise Tempo-para-pico.

- Selecione 'Velocidade', 'Deslocamento', 'Deformação' ou 'Taxa de deformação'.

Alternar entre os resultados regionais de Endocárdio, Epicárdio ou Miocárdio.

Na janela de análise Tempo-para-pico.

- Clique em  na barra de ferramentas vertical Resultados regionais do endocárdio.
- Clique em  na barra de ferramentas vertical Resultados regionais do epicárdio.
- Clique em  na barra de ferramentas vertical Resultados regionais do miocárdio.



2.5.4 Filme 3D

O QStrain tem uma visão 2D/3D para auxiliar na visualização da deformação durante a realização de uma análise de deformação.

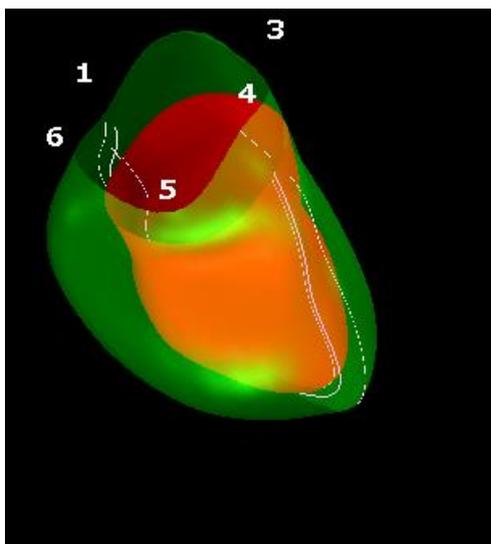


Figura 192 : Vista de Deformação 3D

Ativar a visualização 3D

- Carregue e conclua uma análise de pelo menos 2 séries LAX.

- Na janela de visualização de análise, clique em  na barra de ferramentas vertical.

2.5.5 Deslocamento Interno

O Deslocamento Interno é um valor definido para cada ponto da borda endocárdica, que representa o componente do vetor de deslocamento que é direcionado para o “centro de contração”. Tal centro é definido como um ponto no eixo do VE cuja posição varia de metade a dois terços da

distância base-ápice, para as regiões basal e apical, respectivamente. O cálculo do deslocamento interno é realizado apenas para dados LAX.

O deslocamento interno é medido a partir do quadro diastólico final, assumido como a posição de repouso. Portanto, normalmente aumenta durante a sístole para atingir um valor de pico positivo no final da sístole e diminui durante a diástole para eventualmente retornar a zero no final da diástole.

Deslocamento interno normalizado (ID%)

O deslocamento interno é medido em mm. Além disso, é normalizado com a distância local inicial (diastólica final) ao centro do VE e expressa em %, onde 0% significa nenhuma contração e 100% corresponde a um limite teórico de um tamanho sistólico final regional que diminui para zero.

Índice interno (II%)

O Índice interno (II) é um índice que mostra a relação entre o deslocamento interno (ID) e um valor de referência padrão (IISv). O Inward Index é calculado como $ID/IDsv \times 100$ e é expresso em porcentagem.

Exibição de deslocamento interno na página de análise

As medições de deslocamento interno são feitas para cada segmento individualmente e são mostradas no modelo AHA de 17 segmentos na janela Análise.

O desvio padrão calculado no deslocamento interno segmentar (SD-ID) e índice interno (SD-II) são mostrados na seção Resultados.

Além disso, % de pico de deslocamento interno, % de tempo para pico e % de fase podem ser visualizados fazendo a seleção na barra de ferramentas vertical.

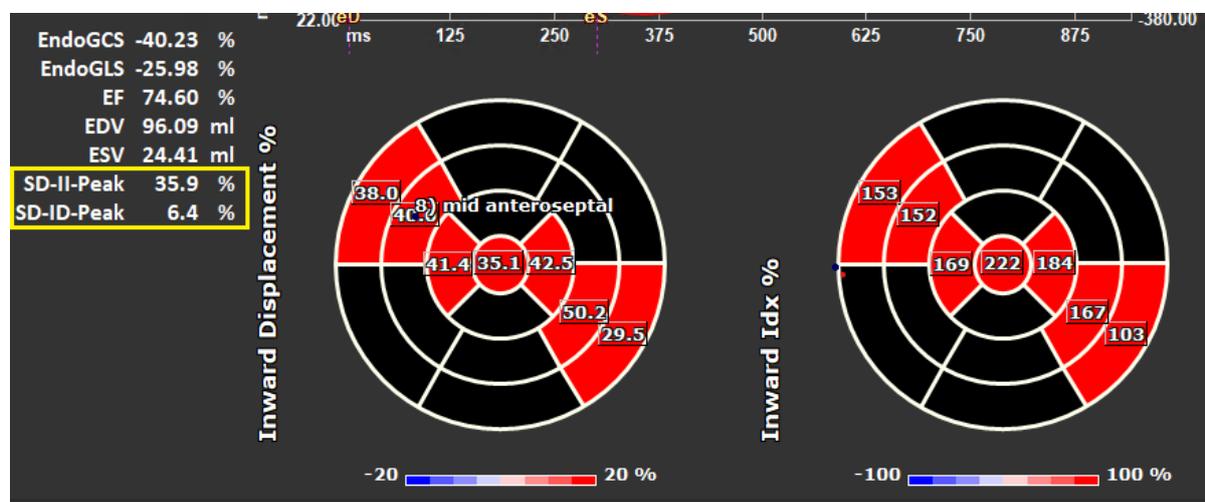
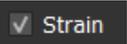


Figura 11: Resultados do Deslocamento Interno

Visualizar o modelo e os resultados da AHA de 17 segmentos de Deslocamento Interno

- Na janela de visualização da análise, selecione a caixa de seleção “Deslocamento Interno” Inward Displacement na barra de ferramentas vertical.

Ao selecionar a caixa de seleção InwD, os resultados de tensão no modelo AHA de 17 segmentos são substituídos pelos resultados InwD. Para visualizar os resultados da deformação novamente, selecione a caixa de seleção “Strain” .

2.5.6 Posição da imagem

O posicionamento espacial de uma imagem pode ser invertido automática ou manualmente.

Para iniciar a correção automática da posição da imagem

- Depois de concluir a seleção e análise da série na ‘Error! Reference source not found.’, clique  na barra de ferramentas vertical.

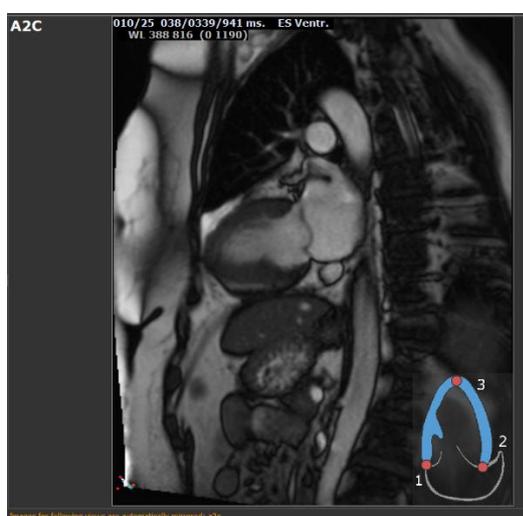
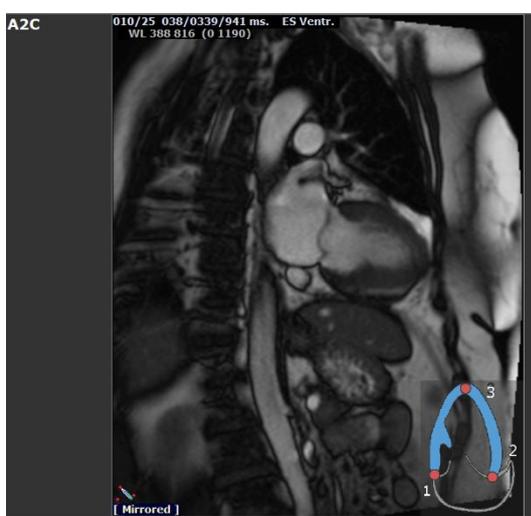


Figura 12 : Antes da inversão da posição da imagem Figura 13 : Após inversão da posição da imagem

Para inverter manualmente uma série

- Na janela de visualização da análise, clique em .
- Ou,
- Na ‘Error! Reference source not found.’, clique em .
- Ou,
- Na Error! Reference source not found., clique em .

 O usuário deve garantir que a posição espacial seja precisa. Inverter pode modificar os resultados. Certifique-se de revisar se a posição espacial é precisa e corrija-a, se necessário.

 Uma mensagem de aviso indicará que a imagem foi invertida manual ou automaticamente. Certifique-se de revisar os resultados e corrigir, se necessário.

3 Resultados QStrain

Os resultados do QStrain são visíveis no QStrain, nas descobertas do Medis Suite e no Relatório do Medis Suite. Fotos instantâneas e filmes também podem ser adicionados aos resultados. A análise QStrain fornece os seguintes conjuntos de resultados de deformação.

- Global
- Regional padrão
- Regional detalhado (análise de Tempo-para-pico)

Os resultados da deformação primária são os seguintes.

- Deformação global radial (GRS)
- Deformação da circunferência global (GCS)
- Deformação longitudinal global (GLS)

! Referir Resultados regionais detalhados TTP

Visão geral dos resultados para obter mais detalhes sobre os Resultados

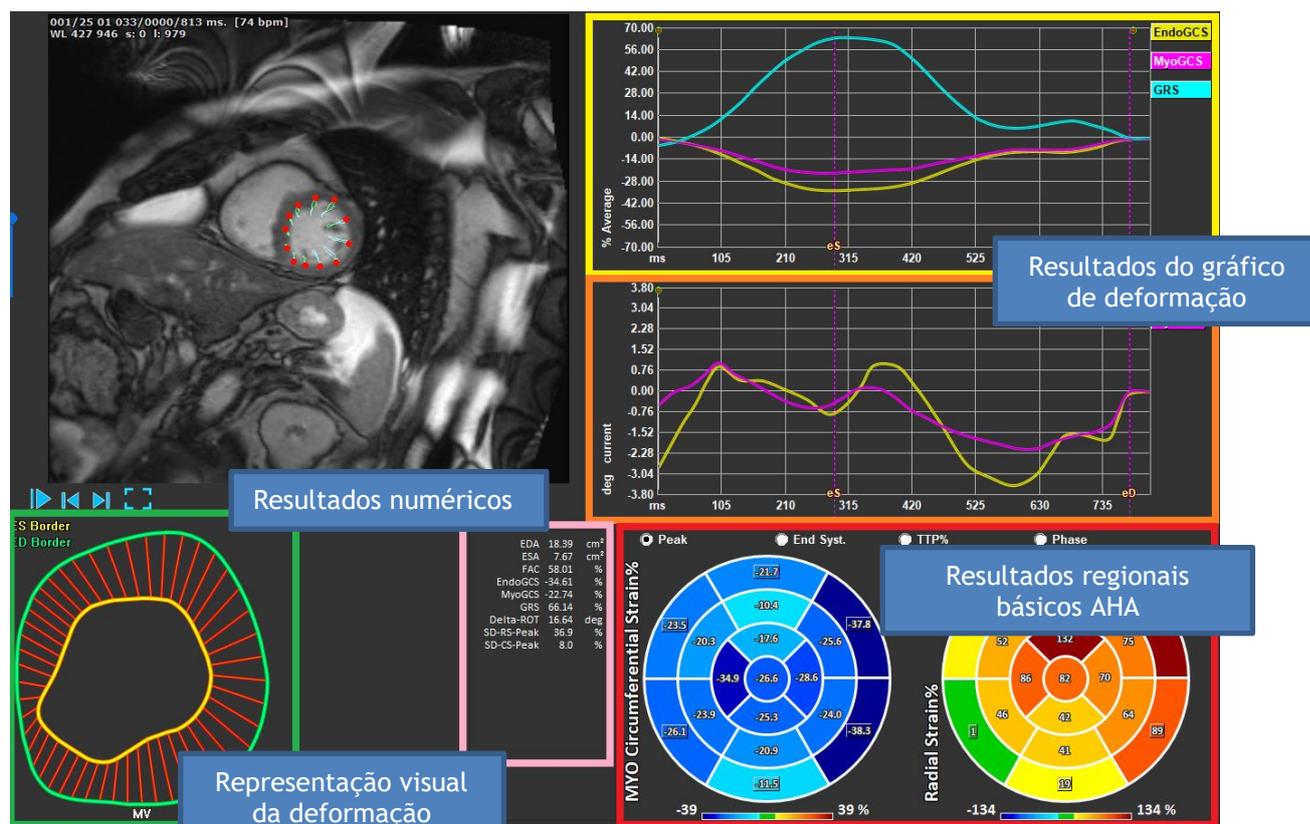


Figura 14 : Visão geral das seções de resultados

3.1 Gráficos de resultados globais de deformação

Os resultados globais são acessíveis na janela de análise. Existem dois resultados gráficos. O gráfico superior mostra curvas de deformação global, enquanto o inferior mostra curvas de deformação rotacional na análise SAX e curvas de área na análise LAX, Átrio e RV.

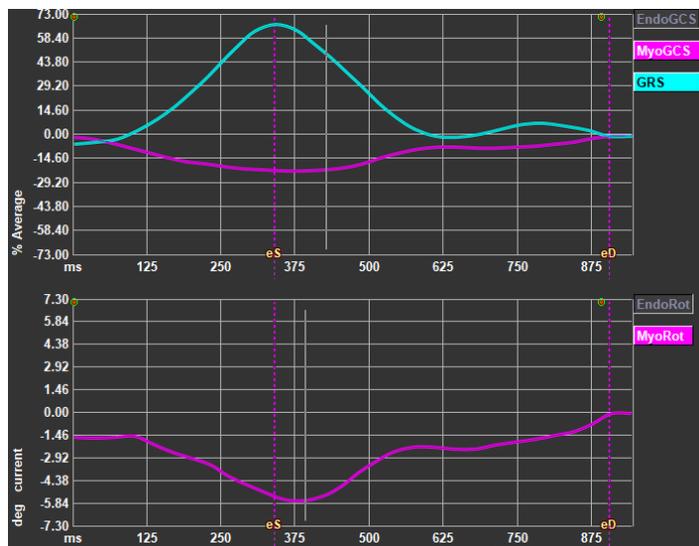


Figura 15: Gráficos de análise de deformação

Ativar a curva de taxa de deformação

Na janela de visualização de análise, marque a caixa de seleção Curva de taxa de deformação na barra de ferramentas vertical.

- ⚠ Os resultados de deformação do miocárdio estão disponíveis quando os contornos Endo e Epi estão disponíveis.
- ⚠ A tensão de rotação depende do segmento e, portanto, reflete a tensão do segmento selecionado.

3.2 Resultados numéricos de deformação global

Os resultados numéricos globais podem ser acessados na janela de análise.

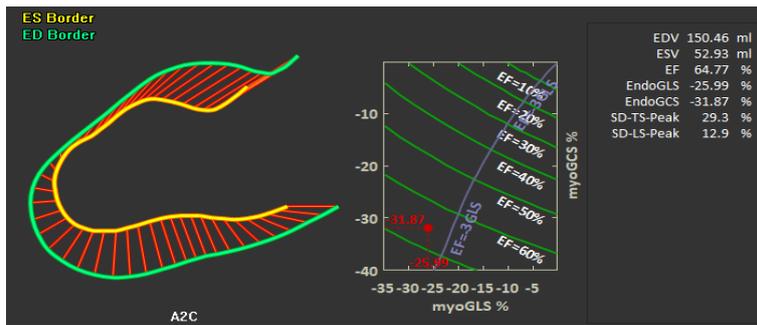


Figura 16 : Resultados numéricos LAX

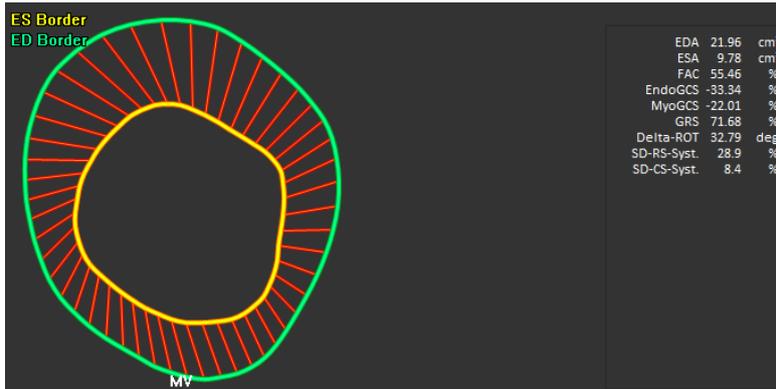


Figura 17: Resultados numéricos SAX

3.3 Resultados de deformação regional padrão

Os resultados regionais padrão são acessíveis na janela de análise.

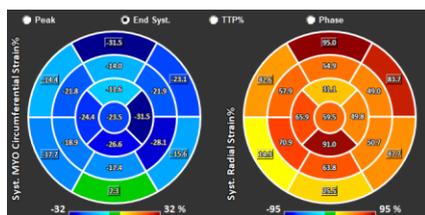


Figura 18: Resultados regionais padrão

3.4 Resultados regionais detalhados (tempo-para-pico)

Os resultados regionais detalhados podem ser acessados na janela de análise.



Figura 19 : Resultados regionais detalhados TTP

4 Visão geral dos resultados

As listas a seguir definem os resultados disponíveis de cada análise QStrain.

4.1 Resultados do eixo longo LV (apical)

O QStrain fornece a seguinte lista de resultados:

- EDV
- ESV
- EF
- Endo GLS
- Endo GCS
- Myo GLS (somente se o contorno EPI for segmentado)
- Myo GCS (somente se o contorno EPI for segmentado)
- GRS (somente se o contorno EPI for segmentado)
- SD-LS-Peak (somente quando a visualização Pico AHA é selecionada)
- SD-TS-Peak (somente quando a visualização Pico AHA é selecionada e o contorno EPI é segmentado)
- SD-LS-Syst. (Somente quando a visualização ES AHA é selecionada)
- SD-TS-Syst. (Somente quando a visualização ES AHA é selecionada e o contorno EPI é segmentado)
- SD-Ttp% -LS (somente quando a visualização TTP% AHA é selecionada)
- SD-Ttp% -TS (somente quando a visualização TTP% AHA é selecionada e o contorno EPI é segmentado)
- SD-Ph% -LS (somente quando a visualização de fase AHA é selecionada)
- SD-Ph% -TS (somente quando a visualização de fase AHA é selecionada e o contorno EPI é segmentado)

4.2 Resultados de eixo curto (SAX)

O QStrain fornece a seguinte lista de resultados:

- EDA
- ESA
- FAC
- Endo Rot
- Endo GCS
- Myo Rot (somente se o contorno EPI for segmentado)
- Myo GCS (somente se o contorno EPI for segmentado)
- GRS (somente se o contorno EPI for segmentado)
- Delta Rot (somente quando todos os segmentos em SAX-LV estão presentes)
- SD-CS-Peak (somente quando a visualização Pico AHA é selecionada)
- SD-RS-Peak (somente quando a visualização Pico AHA é selecionada e o contorno EPI é segmentado)
- SD-CS-Syst. (Somente quando a visualização ES AHA é selecionada)
- SD-RS-Syst. (Somente quando a visualização ES AHA é selecionada e o contorno EPI é segmentado)
- SD-Ttp% -CS (somente quando a visualização TTP% AHA é selecionada)
- SD-Ttp% -RS (somente quando a visualização TTP% AHA é selecionada e o contorno EPI é segmentado)
- SD-Ph% -CS (somente quando a visualização da Fase AHA é selecionada)

- SD-Ph% -RS (somente quando a visualização de fase AHA é selecionada e o contorno EPI é segmentado)

4.3 Resultados do Átrio

O QStrain fornece a seguinte lista de resultados:

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

4.4 Eixo longo RV (ventrículo direito)

O QStrain fornece a seguinte lista de resultados:

- EDA
- ESA
- FAC
- Endo GLS
- Myo GLS (somente quando o contorno EPI é segmentado)
- GRS (somente quando o contorno EPI é segmentado)

5 Relatórios

Os resultados do QStrain são disponibilizados no painel de resultados do Medis Suite e nos relatórios do Medis Suite.

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

Medis

Patient Study Info

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

Reason for Referral [Edit]

QFlow 4D Stable Daily 1.0 #1

Background Correction

Fitting Order: 1
Std Threshold: 25%

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

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	10.90 cm/s	
Peak flow velocity	145.10 cm/s	
Peak pressure gradient	0.42 mmHg	
Min vessel area	257.63 mm ²	
Max vessel area	293.30 mm ²	

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

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	

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	-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 [Edit]

Impressions

Extra-cardiac Findings

Miscellaneous

Comments

Conclusions

Figura 20: Relatório do Medis Suite com resultados QStrain

A funcionalidade de Relatórios do Medis Suite é descrita no manual do usuário do Medis Suite. A documentação do Medis Suite está disponível na guia Documentos do usuário, que pode ser aberta da seguinte forma;

- Pressionando F1.
- Clicando o  botão de ajuda.
- Selecionando o botão do menu principal do Medis Suite no canto superior direito >  > Ajuda > Documentos do Usuário

6 Sessões

O estado do QStrain pode ser salvo em uma sessão do Medis Suite. A sessão pode ser recarregada para continuar ou revisar as análises.

A funcionalidade da sessão no Medis Suite é descrita no manual do usuário do Medis Suite. A documentação do Medis Suite está disponível na guia Documentos do usuário, que pode ser aberta da seguinte forma;

- Pressionando F1.
- Clicando o  botão de ajuda.
- Selecionando o botão do menu principal do Medis Suite no canto superior direito >  > **Ajuda > Documentos do Usuário**

7 Teclas de atalho

Ao trabalhar com o QStrain, você pode usar várias combinações de teclas no teclado e ações do mouse para executar rapidamente as seguintes tarefas.

Pressione	Para
Layout	
F11	Mostra ou esconde as janelas da área de trabalho
Controle de imagem	
Roda de rolagem	Zoom
Procedimentos	
Controles de navegação	
Seta para a esquerda	Exibir o ponto de tempo anterior
Seta para a direita	Exibir o ponto de tempo seguinte

8 Parâmetros / Medidas

8.1 Parâmetros de deformação

GLS	Deformação Longitudinal Global (<i>Global Longitudinal Strain</i>)
GRS	Deformação Longitudinal Radial (<i>Global Radial Strain</i>)
GCS	Deformação Longitudinal Circunferencial (<i>Global Circumferential Strain</i>)
MyoRot	Rotação Miocárdica (<i>Myocardial Rotation</i>)
Delta-ROT	Delta Rotação, diferença entre a rotação basal e apical
Pk%	Valor de deformação de pico como uma porcentagem
S-Pk	Valor de deformação em ES como uma porcentagem
TTP ms	Tempo-para-pico em milissegundos

8.2 Parâmetros de velocidade

Pk	Velocidade de pico
S-Pk	Velocidade em ES
TTP ms	Tempo-para-pico em milissegundos

8.3 Parâmetros de deslocamento

Pk	Máximo de deslocamento
S-Pk	Deslocamento em ES
TTP ms	Tempo para o máximo deslocamento em milissegundos

8.4 Parâmetros da taxa de deformação

Pk 1/s	Pico da taxa de deformação em 1/s
S-Pk	Taxa de deformação em ES em 1/s
TTP ms	Tempo para o pico da taxa de deformação em milissegundos

8.5 Parâmetros gerais

ED	Fase diastólica final (<i>End diastolic</i>)
ES	Fase sistólica final (<i>End systolic</i>)
EDA	Área ED
ESA	Área ES
FAC	Mudança de área de fração (<i>Fraction Area Change</i>)
EDV	Volume ED
ESV	Volume ES
EF	Fração de ejeção (<i>Ejection Fraction</i>)
TTP	Tempo-para-pico (<i>Time to Peak</i>)
Atraso máximo de parede	Diferença entre o menor e o maior TTP

Appendix I. Principais Variáveis da Mecânica Cardíaca Derivadas da Tecnologia de Rastreamento



Para ler mais, consulte os seguintes artigos:

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

Tabela 2 Principais Variáveis da Mecânica Cardíaca Derivadas da Tecnologia de Rastreamento

Principais Variáveis da Mecânica Cardíaca Derivadas da Tecnologia de Rastreamento		
	Definição	Parâmetros
Deslocamento, cm	Distância entre a posição instantânea e inicial (geralmente diastólica final) de um segmento do miocárdio	Deslocamento longitudinal Deslocamento radial Deslocamento circunferencial
Velocidade, cm/s	A precisão da velocidade de deslocamento (deslocamento/tempo) é altamente dependente da taxa de quadros	Velocidade longitudinal Velocidade radial Velocidade circunferencial
Deformação, %	Mudança no comprimento de um objeto dentro de uma certa direção em relação ao seu comprimento inicial (geralmente diastólico final)	Deformação longitudinal global/segmental (GLS/LS) Deformação radial global/segmental (GRS/RS) Deformação circunferencial global/segmental (GCS/CS)
Taxa de deformação, 1/s	A precisão da velocidade de deformação é altamente dependente da taxa de quadros	Taxa de deformação longitudinal global sistólica de pico (GLSR-S) Taxa de deformação longitudinal global diastólica precoce (GLSR-E) Taxa de deformação longitudinal global diastólica tardia (GLSR-A) Taxa de deformação radial global sistólica máxima (GRSR-S) Taxa de deformação radial global diastólica precoce (GRSR-E) Taxa de deformação radial global diastólica tardia (GRSR-A) Taxa de tensão circunferencial global sistólica máxima (GCSR-S) Taxa de tensão circunferencial global diastólica precoce (GCSR-E) Taxa de tensão circunferencial global diastólica tardia (GCSR-A)
Rotação	Resulta do encurtamento e alongamento das fibras miocárdicas orientadas helicoidalmente, causando rotação anti-horária do ápice e rotação horária da base vista do ápice	Pico de rotação apical sistólica (apical-R) Pico da rotação basal sistólica (basal-R) Torção do VE (LVT) Torção LV (LV-tor) Porcentagem de distorção do VE na abertura da válvula mitral (%LV-UT-MVO) Taxa de distorção LV (LV-UTR) Tempo para destorcer o pico (TTP-UT)
LV ¼ ventricular esquerdo		

Appendix II. Precisão das Medições

Eixo longo

		Unidade	Precisão esperada	Precisão QStrain	Precisão Relatório Medis Suite	Fonte de precisão
EDV	Volume ED	ml	2 %	0.01	0.1	Documento de precisão AMID
ESV	Volume ES	ml	3 %	0.01	0.1	Documento de precisão AMID
EF	Fração de Ejeção	%	2	0.01	0.1	Precisão de volume EDV/ESV
EndoGLS	Deformação Global Longitudinal	%	± 1.5	0.01	0.1	Documento de precisão AMID
EndoGCS	Deformação Circunferencial Global	%	± 1.5	0.01	0.1	Documento de precisão AMID
MyoGLS	Deformação Global Longitudinal	%	± 1.5	0.01	0.1	Documento de precisão AMID
MyoGCS	Deformação Circunferencial Global	%	± 1.5	0.01	0.1	Documento de precisão AMID
GRS	Deformação Global Radial	%	± 4.5	0.01	0.1	Documento de precisão AMID
SD-TS-Peak	Pico de Deformação SD Transversal	%	± 1.5	0.1	0.1	Baseado na precisão Strain
SD-LS-Peak	Pico de Deformação SD Longitudinal	%	± 1.5	0.1	0.1	Baseado na precisão Strain
SD-TS-Syst	Deformação Transversal Sistólica Final	%	± 1.5	0.1	0.1	Baseado na precisão Strain
SD-LS-Syst	Deformação Longitudinal Sistólica Final	%	± 1.5	0.1	0.1	Baseado na precisão Strain

Eixo curto

		Unidade	Precisão esperada	Precisão QStrain	Precisão Relatório Medis Suite	Fonte de precisão
EDA	Área ED	cm ²	1.5 %	0.01	0.1	Documento de precisão AMID
ESA	Área ES	cm ²	4 %	0.01	0.1	Documento de precisão AMID
FAC	Alteração da área da fração	%	1	0.01	0.1	Precisão de área EDA/ESA
MyoGCS	Deformação circunferencial global	%	± 1.5	0.01	0.1	Documento de precisão AMID
EndoGCS	Deformação circunferencial global	%	± 1.5	0.01	0.1	Documento de precisão AMID
GRS	Deformação rotacional global	%	± 4.5	0.01	0.1	Documento de precisão AMID
Delta-rot	Rotação Delta	°	1°	0.01	0.1	Documento de precisão AMID
SD-RS-Peak	Pico de deformação rotacional SD	%	± 4.5	0.1	0.1	Baseado na precisão Strain

SD-CS-Peak	Pico de deformação circunferencial SD	%	± 1.5	0.1	0.1	Baseado na precisão Strain
SD-RS-Syst	Deformação Rotacional Sistólica Final SD	%	± 4.5	0.1	0.1	Baseado na precisão Strain
SD-CS-Syst	Deformação Circunferencial Sistólica Final SD	%	± 1.5	0.1	0.1	Baseado na precisão Strain

Se a precisão esperada for uma porcentagem, ela será relativa ao valor. Se nenhuma porcentagem for mencionada, é um erro absoluto. Caso a unidade seja %, interprete o erro como ponto percentual.