

QStrain 4.4

Manual de usuario

Contenido

Primeros pasos	4
1 Descripción general	4
1.1 Flujos de trabajo	4
Flujo de trabajo.....	5
2 Flujo de trabajo: Realización de un análisis QStrain.....	5
2.1 QStrain Pasos generales del análisis.....	5
2.2 Carga de series	7
2.3 Selección de análisis.....	9
2.4 Gestión de contornos	13
2.5 Accesorios del análisis.....	17
Resultados	28
3 Resultados QStrain	28
3.1 Gráficos de resultados de deformación global	29
3.2 Resultados numéricos de deformación global.....	30
3.3 Resultados de deformación regional estándar	30
3.4 Resultados regionales detallados (Time to Peak)	31
4 Resumen de resultados.....	32
4.1 Resultados del corte longitudinal del VI (LV LAX)	32
4.2 Resultados del corte transversal (LV SAX)	32
4.3 Resultados aurícula izquierda y derecha	33
4.4 Corte longitudinal VD (Ventrículo derecho)	33
5 Informes	34
6 Sesiones	35
Referencia	36
7 Combinaciones de teclas.....	36
8 Parámetros/Medidas.....	37
8.1 Parámetros de deformación	37
8.2 Parámetros de velocidad.....	37

8.3	Parámetros de desplazamiento	37
8.4	Parámetros de velocidad de deformación	37
8.5	Parámetros generales	38
Apéndice I. Principales variables de mecánica cardíaca derivadas de la tecnología de seguimiento		39
Apéndice II. Exactitud de las mediciones		40

Primeros pasos

1 Descripción general

Los flujos de trabajo genéricos QStrain y el espacio de trabajo se describen en esta sección.

1.1 Flujos de trabajo

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

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

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

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

QMass + QStrain	QStrain independiente
Cargar series	
Detección automática de contornos	
Revisar contornos	
Iniciar análisis QStrain: Cargar datos y contornos de las series automáticamente	Iniciar análisis QStrain
QStrain	QStrain
Seleccionar series	Seleccionar series
Seleccionar tipo de análisis	Seleccionar tipo de análisis
	Dibujar contornos manualmente
	Revisar contornos
	Verificar las fases de DF y SF
Completar análisis de deformación	Completar análisis de deformación

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

Flujo de trabajo

2 Flujo de trabajo: Realización de un análisis QStrain

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

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

Para desplazarse por los pasos del análisis.

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

2.1 QStrain Pasos generales del análisis

Los análisis de QStrain comparten los mismos pasos.

- Carga de series
- Selección de análisis

2.1.1 Carga de contornos

QStrain acepta contornos de la generados con la función AutoQ y de QMass (cuando QStrain se inicia desde QMass). En el cuadro de diálogo de selección de datos, puede ver si hay contornos disponibles para una serie mediante el punto rojo/verde en la parte superior izquierda de una serie.

QMass puede proporcionar contornos para los contornos Endo y Epi del ventrículo izquierdo para las series SAX y LAX. AutoQ puede proporcionar contornos para los contornos Endo y Epi del ventrículo izquierdo para las series SAX y LAX, contornos Endo y Epi para el ventrículo derecho para las series LAX y puede proporcionar contornos Endo para las aurículas izquierda y derecha Cuando se cargan contornos, se presenta un mensaje de advertencia en la barra de estado.

Contornos creados automáticamente cargados. Por favor verifique.

Los contornos creados se cargan automáticamente. Verifíquelo, por favor.

Figura 1: mensaje cuando los contornos han sido cargados

- ❗ Los contornos solo se utilizan cuando son aplicables para el análisis seleccionado.
- ❗ Los contornos se utilizan como entrada para el seguimiento. Por lo tanto, los contornos después del seguimiento pueden ser ligeramente diferentes debido al seguimiento.
 - Creando contornos
 - Realización del análisis de deformación global.
 - Opcional: Análisis de SAX: Añadir un punto de referencia para cada corte.
 - Revisión de la fase de DF SF: Secuencia M-Mode
 - Análisis regional detallado completo, en el Análisis Time to Peak.

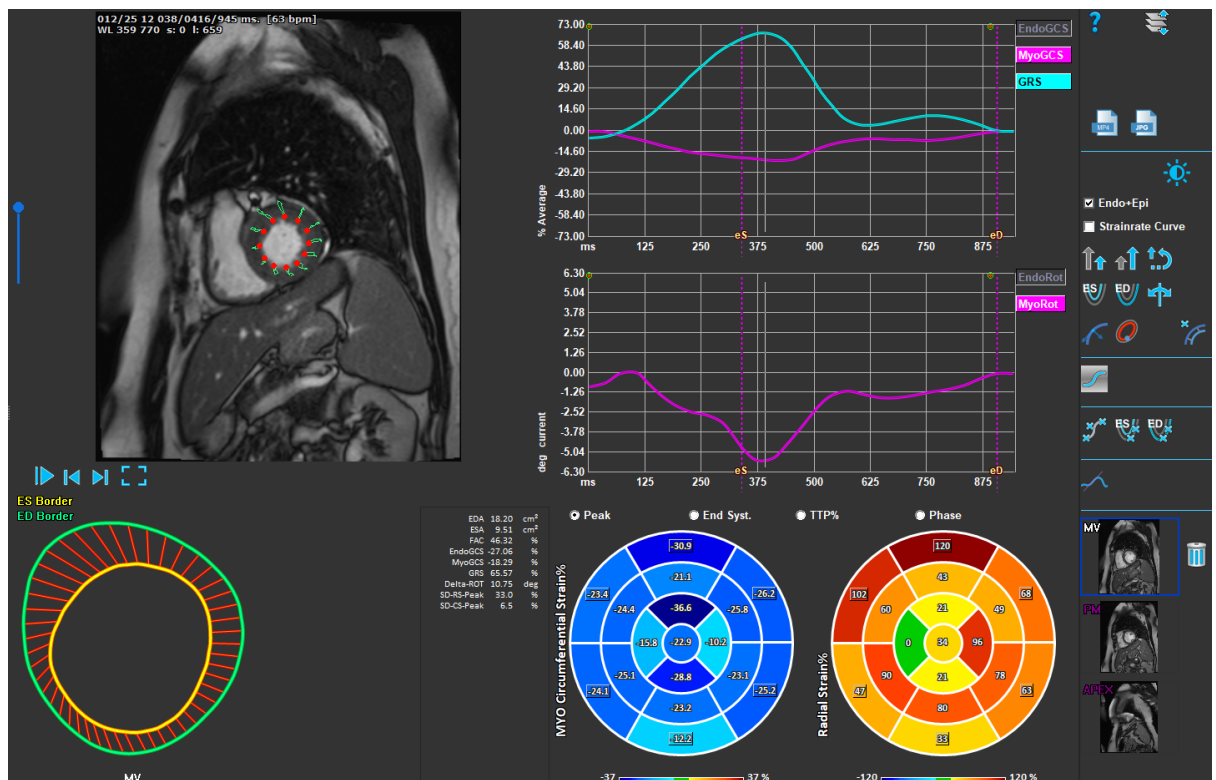


Figura 2: Análisis de LV SAX

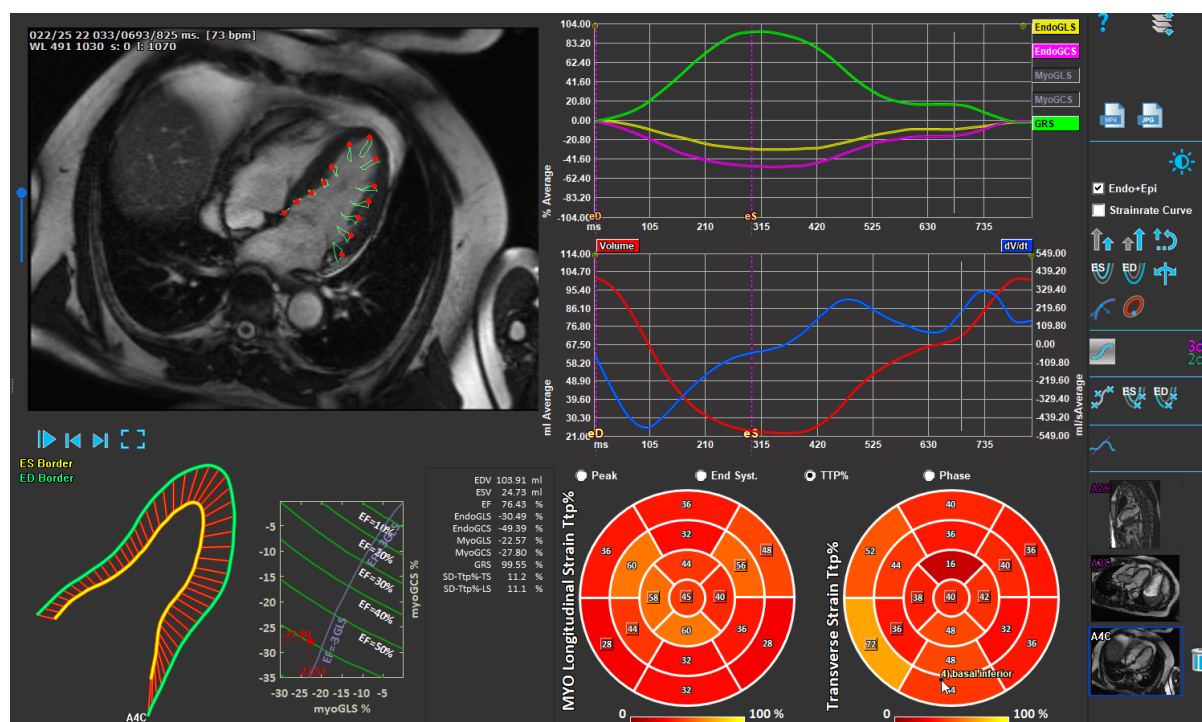


Figura 3: Análisis de LV LAX

2.2 Carga de series

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

QStrain Admite las series RM y TC.

Para cargar series desde el Navegador de series de Medis Suite

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

O bien:

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

Elegir QStrain.

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

Para cargar series desde QMass

- Seleccionar el icono  de la barra de herramientas **General** en QMass.
- ! Todos los datos de la serie que se han cargado en QMass y los contornos relacionados que se han creado en QMass, se cargarán en QStrain.
- ! QStrain solo carga la serie MR y TC DICOM.

2.3 Selección de análisis

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

- **Corte longitudinal del VI** (LV LAX)
- **Corte transversal VI** (LV SAX)
- **Aurícula izquierd** (Left Atrium)
- **Aurícula derecha** (Right Atrium)
- **VD** (Right Ventricle)



Figura 4: Series y selección del análisis

2.3.1 Acoplamiento automático en serie

Las series cargadas se acoplan automáticamente al principio a vistas de orientación de cámara de eje largo si contienen datos de posición suficientes y si se ajustan. Si varias series son adecuadas para una localización de imagen específica, la más reciente está acoplada. La localización automática de series puede ser anulada por selección manual.

Si las series se acoplan automáticamente se da una advertencia. El usuario siempre debe comprobar si la serie acoplada es la serie correcta.

Las miniaturas de orientación de las series se rellenan automáticamente. Compruébelo.

Figura 5: Mensaje cuando la serie es automáticamente acoplada a las vistas

ⓘ Para aurícula izquierda pueden ser adecuados tanto uno de 2 canales como uno de 4 canales. Se acoplará 2 canales si ambos están disponibles.

ⓘ En caso de que haya disponibles varias series para un tipo de serie, se utilizará la última serie adquirida.

2.3.2 Selección manual y acoplamiento

Selección de la serie.

- Seleccionar una serie del área de visualización izquierda.

Emparejar una serie con una orientación de imagen.

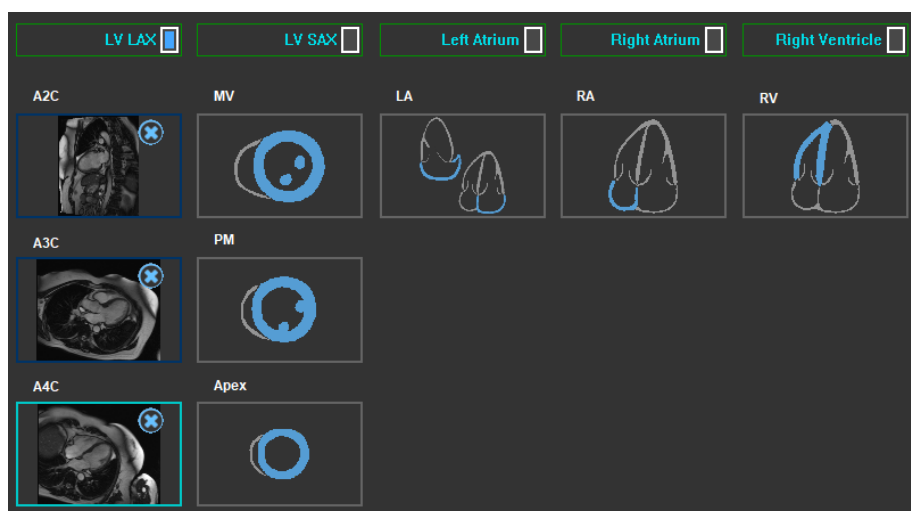


Figura 6: Emparejar una serie con una orientación

Elegir el tipo de análisis.

- Marcar la casilla de verificación del análisis a realizar.

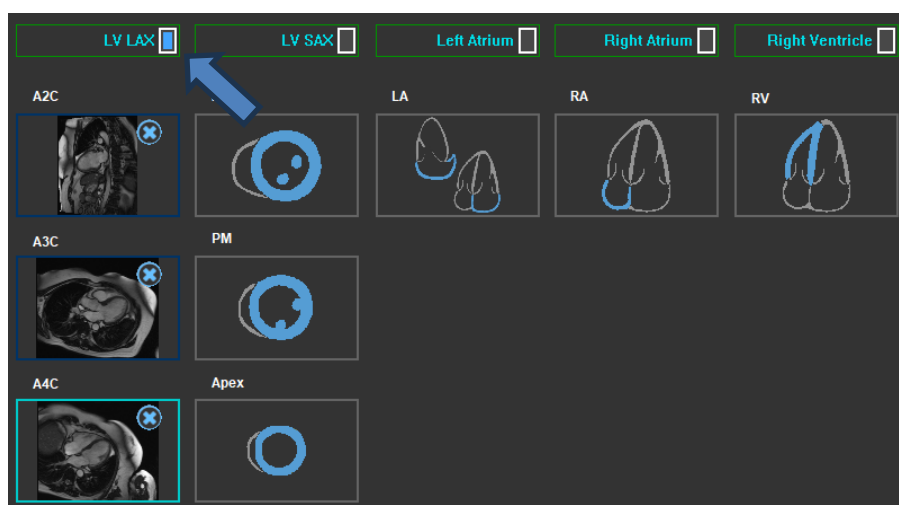


Figura 7: Seleccionar el tipo de análisis QStrain

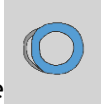
❗ Solo se puede seleccionar un tipo de análisis.

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

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

Para emparejar una serie con un análisis LV SAX.

- Seleccionar una serie de la lista de series.
- Hacer clic y arrastrar la imagen del área de visualización al nivel correspondiente, los iconos

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

Para emparejar una serie con un análisis LAX.

- Seleccionar una serie de la lista de series.
- Hacer clic y arrastrar la imagen del área de visualización a los iconos de vista de cámara A2C

, A3C  o A4C  correspondientes.

Para acoplar una serie con un análisis de aurícula izquierda.

- Seleccionar una serie de la lista de series.

- Hacer clic y arrastrar la imagen del área de visualización al icono Atrio .

Para acoplar una serie con análisis de la aurícula derecha.

- Selecciona la serie desde la lista de series.

- Haz click y desplaza la ventana grafica hacia el ícono de la aurícula .

Para emparejar una serie con un análisis VD.

- Seleccionar una serie de la lista de series.

- Hacer clic y arrastrar la imagen de la ventana gráfica al icono de VD .

Para eliminar una serie de un análisis

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

Para seleccionar la serie en la vista ya seleccionada en una orientación de análisis

- Hacer clic en el icono Vista de orientación de análisis para seleccionar la serie correspondiente en la vista

2.3.3 Duplicación automática en espejo de la serie.

Las series seleccionadas para un análisis se verifican si es necesario realizar una duplicación y se duplicarán cuando se inicie el análisis.

Cuando se duplican una o más series, se presenta un mensaje de advertencia en la barra de estado.

Las imágenes de las siguientes vistas se reflejan automáticamente: a3c.

Figura 8: Mensaje cuando una serie de imágenes son automáticamente duplicadas en espejo

2.4 Gestión de contornos

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

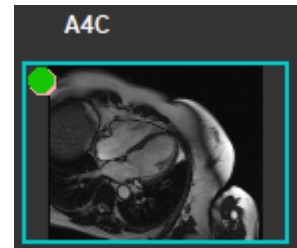
❗ Cuando los contornos se importan desde QMass, el flujo de trabajo de edición de contorno del análisis se supera automáticamente.

2.4.1 Cargando contornos Loading contours

QStrain acepta contornos de la generación AutoQ y de QMass (cuando QStrain se inicia desde QMass). En el cuadro de diálogo de selección de datos, puede ver si hay contornos disponibles para una serie mediante el punto rojo/verde en la parte superior izquierda de una serie.

QMass puede proporcionar contornos para los contornos Endo y Epi del ventrículo izquierdo para las series SAX y LAX.

AutoQ puede proporcionar contornos para los contornos Endo y Epi del ventrículo izquierdo para las series SAX y LAX, contornos Endo y Epi para el ventrículo derecho para las series LAX y puede proporcionar contornos Endo para las aurículas izquierda y derecha.



Cuando se cargan contornos, se presenta un mensaje de advertencia en la barra de estado.

Los contornos creados se cargan automáticamente. Verifíquelo, por favor.

Figura 9: Mensaje cuando se cargan contornos

❗ Los contornos son utilizados solo cuando se corresponden al análisis seleccionado.

❗ Los contornos se utilizan como entrada para el seguimiento. Por lo tanto, los contornos después del seguimiento pueden ser ligeramente diferentes debido al seguimiento. .

2.4.2 Creando contornos

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

2.4.2.1 Habilitar la ventana Creación de contorno.

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

O bien:

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

O bien:

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

2.4.2.2 Para crear un contorno.

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

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

❗ Seleccionar la casilla de verificación Endo + Epi para generar contornos Endo y Epi.

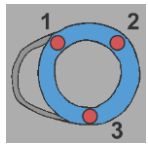
❗ Desactivar la casilla de verificación Endo + Epi para generar solo el contorno Endo.

2.4.3 Creación de contornos por indicadores

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

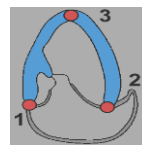
2.4.3.1 Indicadores de los puntos de contorno (SAX)

LV SAX



Indicadores de ubicación de SAX son los siguientes

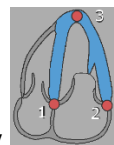
LV LAX



Los indicadores de ubicación de LAX son los siguientes,

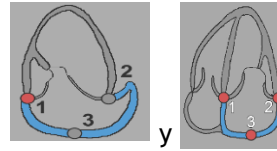


seguidos de



y

Atrio izquierd



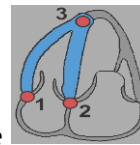
Los indicadores de ubicación del atrio son los siguientes,

Atrio derecha



Los indicadores de ubicación del atrio son los siguiente

VD



Los indicadores de ubicación de RV son los siguiente

2.4.4 Edición de contornos

2.4.4.1 Modificar contornos

Para modificar un contorno existente

Mover puntos de edición:

- Colocar el cursor del ratón sobre el punto de edición. El cursor cambia a cursor de flecha de doble cara.
- Hacer clic y arrastrar el ratón para mover el punto de edición. Si el contorno ya está creado (Tres puntos de edición presentes), se mostrará un nuevo contorno basado en la nueva posición de los puntos de edición.
- Soltar el ratón para terminar la edición y el contorno se muestra mientras se arrastra se convierte en final.

Contornos de edición de bandas de goma:

- Colocar el cursor del ratón sobre el contorno. El cursor cambia al cursor de goma de bandas.
- Hacer clic en el botón izquierdo del ratón y arrastrar el ratón para editar el contorno. Una sección de contorno se editará con el movimiento del ratón.
- Soltar el ratón para terminar la edición y el contorno se muestra mientras se arrastra se convierte en final.

Contornos móviles (Ctrl + LMB Clic y arrastrar):

- Pulsar la tecla Ctrl y hacer clic en el botón izquierdo del ratón en el área de vista y arrastrar el ratón para mover el contorno. Si ambos contornos Epi y Endo están presentes, el contorno cerca del punto de clic del ratón será seleccionado para moverse.
- El contorno se moverá la misma distancia y dirección que el ratón se mueve.

- Soltar el botón del ratón para finalizar el movimiento.
- Presionar Ctrl + Shift + LMB Hacer clic y arrastrar para mover los contornos Epi y Endo simultáneamente.

Suavizado de contornos (Shift + S):

- Presionar las teclas Shift + S para suavizar el contorno seleccionado, es decir, ya sea SF o DF.
- El último contorno editado manualmente, usando bandas elásticas o ediciones de movimiento, será el contorno seleccionado.

2.4.4.2 Retirar todos los puntos de contorno

- Hacer clic en el punto de edición  en la barra de herramientas vertical.

2.4.4.3 Deshacer/Rehacer ediciones

- Pulsar Ctrl + Z para deshacer las ediciones realizadas en el contorno, p.ej. en movimiento, bandas de goma, suavizar el contorno o mover los puntos de edición.
- Pulsar Ctrl + Y para rehacer la acción de deshacer, siempre que no se realice ninguna nueva edición después de deshacer.
- Deshacer/Rehacer solo se puede hacer mientras la edición no esté terminada, o adicionalmente en la página de edición ED, si el fotograma no se cambia.

2.4.5 Finalizar la edición de contorno

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

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

- Seleccionar  de la barra de herramientas vertical.

O bien:

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

2.5 Accesorios del análisis

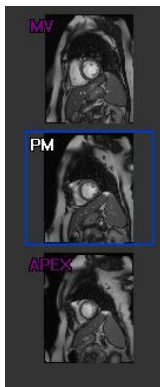
La barra de herramientas vertical en la ventana de análisis contiene herramientas que ayudan en el flujo de trabajo del análisis de deformaciones.

2.5.1 Creación de un punto de referencia para el análisis LV SAX

Los puntos de referencia mejoran la precisión de los resultados.

Establecer un punto de referencia en un análisis LV SAX.

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



- Seleccionar  de la barra de herramientas vertical.
- Hacer clic en el septo anterior.
- Hacer clic en Confirmar.

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

2.5.2 Gestión de DF y SF

2.5.2.1 Revisión y modificación de contorno DF SF

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

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

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

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

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

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

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

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

- Definir una línea a través de un ventrículo.
- Evaluar la imagen M-Mode.
- Revisar / modificar la posición de DF y SF.

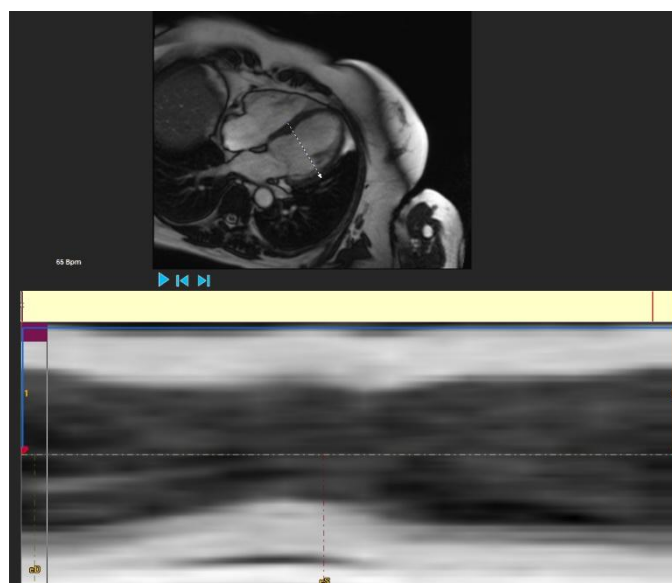


Figura 10: Revisión de fase DF y SF de la Secuencia M-Mode

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

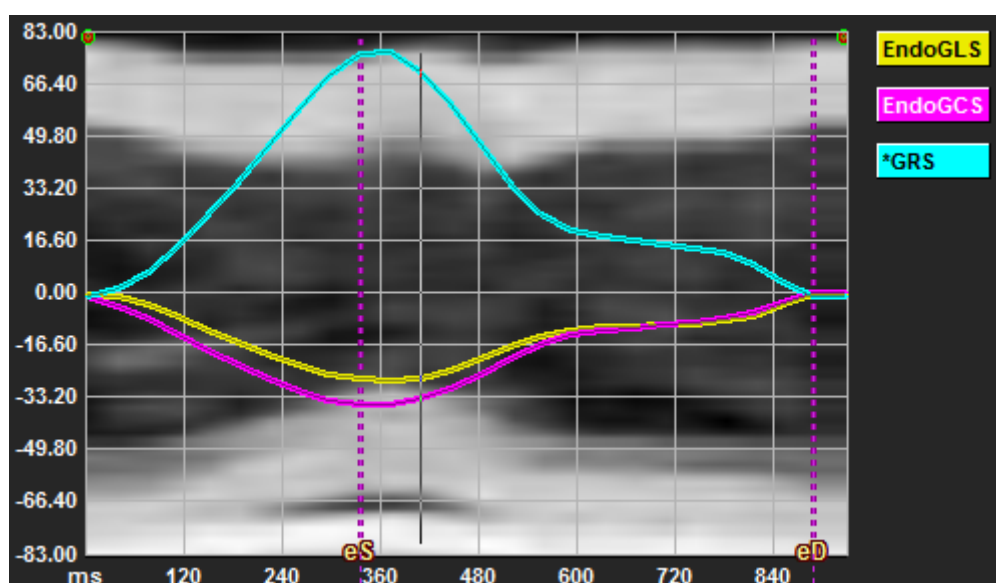


Figura 11: Superposición M-Mode en el gráfico de volumen de la ventana de análisis

Para dibujar la línea M-Mode.

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

Para actualizar la fase DF o SF.

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

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

En la ventana de análisis.

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

2.5.3 Análisis Time to Peak

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

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

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

Para iniciar un análisis Time to Peak.

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

Para seleccionar una región.

En la ventana de análisis Time to Peak:

- Desplazarse sobre el modelo de segmento.

O bien:

- Colocar el cursor sobre los gráficos.

Para habilitar/deshabilitar una región.

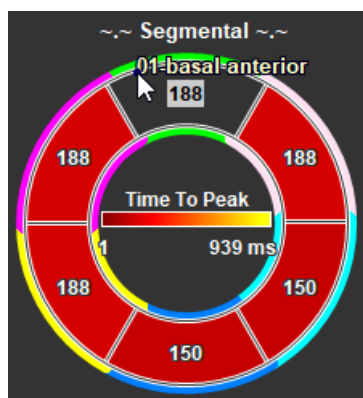


Figura 12: Habilitar/deshabilitar la región SAX TTP

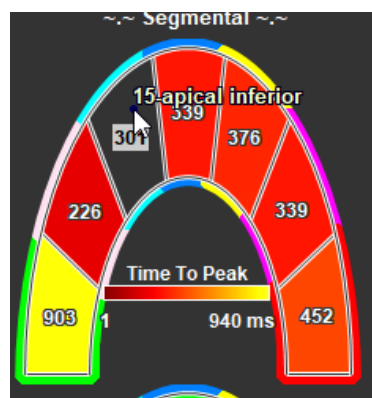


Figura 13: Habilitar/deshabilitar la región LAX TTP

En la ventana de análisis Time to Peak.

- Hacer clic en el segmento para habilitar o deshabilitar.

Para habilitar/deshabilitar todas las regiones.

En la ventana de análisis Time to Peak.

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

Para cambiar el tipo de análisis regional.

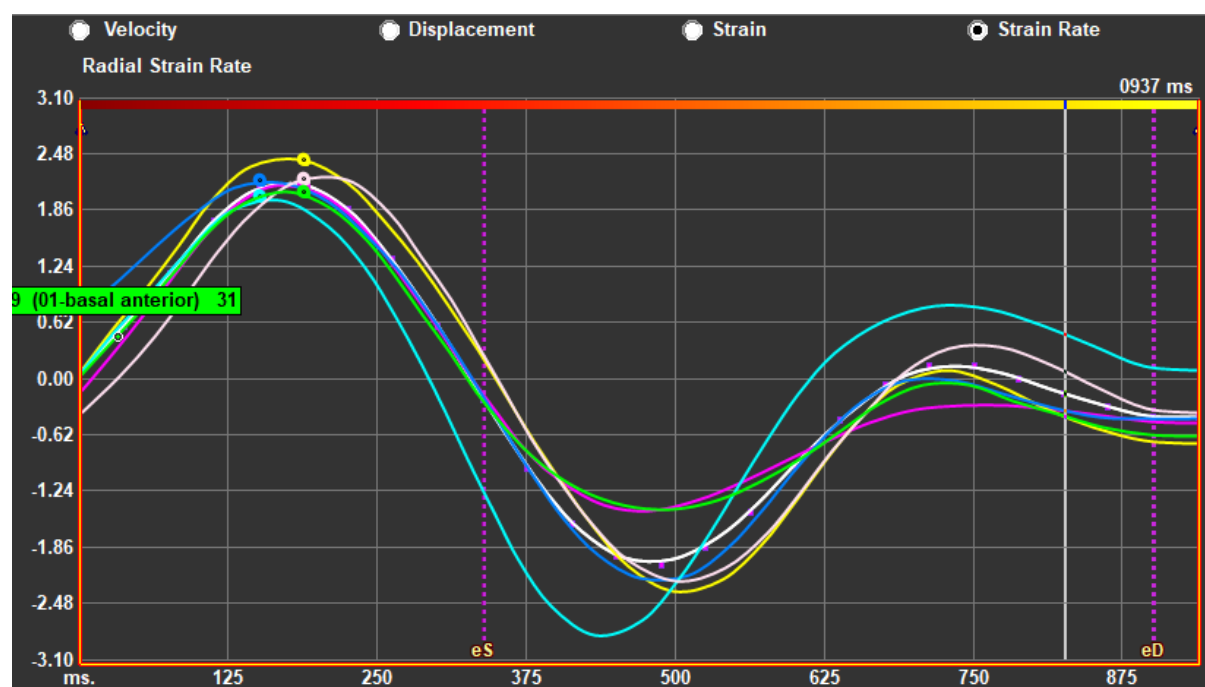


Figura 14: Seleccionar el tipo de resultados de deformación

En la ventana de análisis Time to Peak.

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

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

En la ventana de análisis Time to Peak.

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



2.5.4 Película 3D

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

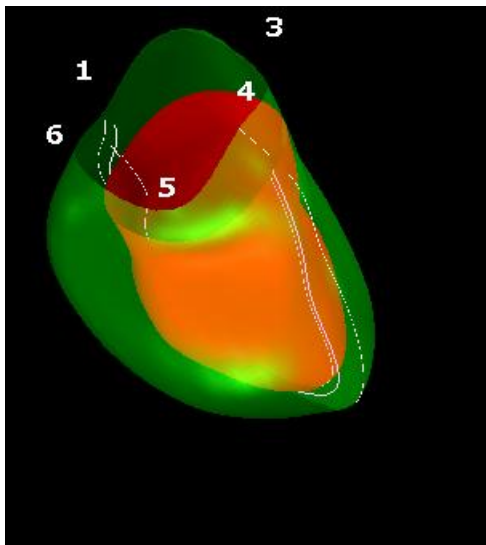


Figura 15: Vista 3D de la deformación

Para habilitar la vista 3D

- Cargar y completar un análisis de al menos 2 series LAX.
- En la ventana de análisis, hacer clic en  de la barra de herramientas vertical.

2.5.5 Desplazamiento interno

El desplazamiento interno es un valor definido para cada punto del borde endocárdico, que representa el componente del vector de desplazamiento que se dirige hacia el "centro de contracción". Dicho centro se define como un punto en el eje del VI cuya posición oscila entre la mitad y dos tercios de la distancia entre la base y el ápice, para las regiones basales y apicales, respectivamente. El cálculo de desplazamiento interno se realiza solo para datos LAX.

El desplazamiento hacia el interior se mide a partir del fotograma diastólico final, asumido como la posición de descanso. Por lo tanto, normalmente aumenta durante la sístole para alcanzar un valor máximo positivo en la sístole final y disminuye durante la diástole para finalmente volver a cero en la diástole final.

Desplazamiento interno normalizado (ID %)

El desplazamiento hacia el interior se mide en mm. Además, se normaliza con el inicial (fin-diastólico), la distancia local al centro del VI y se expresa en %, donde 0 % significa ninguna contracción y 100 % corresponde a un límite teórico de un tamaño extremo-sistólico regional que se reduce a cero.

Índice interno (II %)

El índice interno (II) es un índice que muestra la relación entre el desplazamiento interno (ID) y un valor de referencia estándar (IIsv). El índice interno se calcula como $ID/IIsv \times 100$ y se expresa en porcentaje.

Visualización de desplazamiento interno en la página de análisis

Las mediciones de desplazamiento interno se realizan para cada segmento individualmente y se muestran en el modelo AHA de 17 segmentos en la ventana de análisis.

La desviación estándar calculada sobre el desplazamiento segmentario hacia adentro (SD-ID) y el índice hacia adentro (SD-II) se muestran en la sección Resultados.

Además, el pico de desplazamiento interno %, el Time to Peak % y el de fase % se pueden ver haciendo una selección en la barra de herramientas vertical.

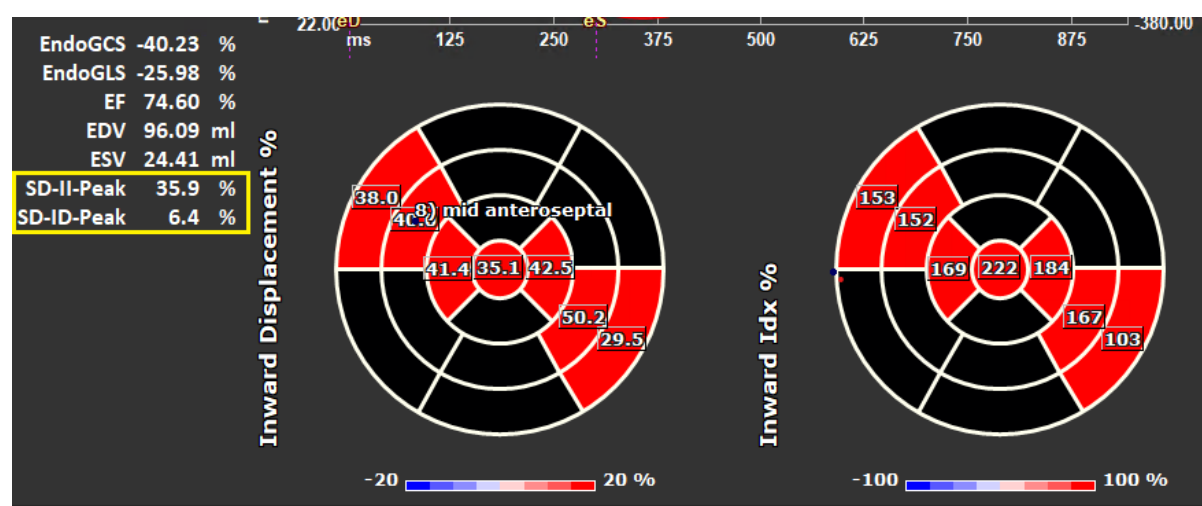


Figura 16: Resultados del Desplazamiento interno

Para ver el modelo y los resultados del segmento AHA del Desplazamiento Interno 17

En la vista de análisis, seleccionar la casilla «Desplazamiento interno» ☒ Inward Displacement en la barra de herramientas vertical.

Al seleccionar la casilla de verificación InwD, los resultados de la cepa en el modelo AHA de 17 segmentos se reemplazan por los resultados InwD. Para volver a ver los resultados de la cepa, seleccionar la casilla «Cepa» ☒ Strain.

2.5.6 Posición de la imagen

El posicionamiento espacial de una imagen se puede voltear automática o manualmente.

Para iniciar la corrección automática de la posición de la imagen

- Después de completar la selección y análisis de series en la «Ventana de selección de series y análisis», hacer clic en  en la barra de herramientas vertical.

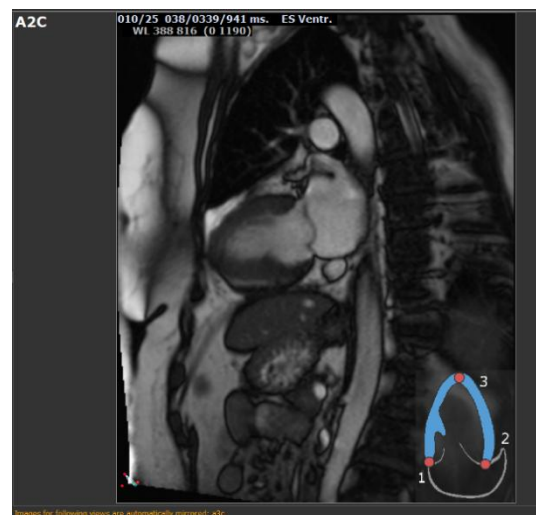
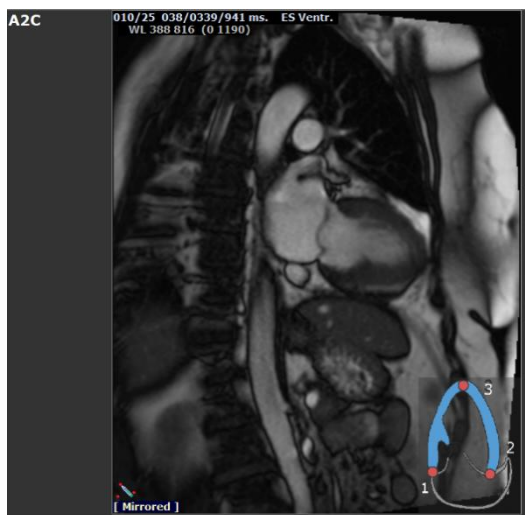


Figura 17: Antes de voltear la posición de la imagen Figura 18: Después de voltear la posición de la imagen

Para voltear manualmente una serie

- En la vista de análisis, hacer clic en .

O bien:

- En la ventana 'ES Contour Review & Modification', hacer clic en .

O bien:

- En la ventana de selección de secuencia / modo M, hacer clic en .

 El usuario debe asegurarse de que la posición espacial es precisa. Flipping puede modificar los resultados. Asegurarse de revisar la posición espacial es precisa y corregir si es necesario.



Un mensaje de advertencia indicará que la imagen ha sido volteada manual o automáticamente. Asegurarse de revisar los resultados y corregir si es necesario.

Resultados

3 Resultados QStrain

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

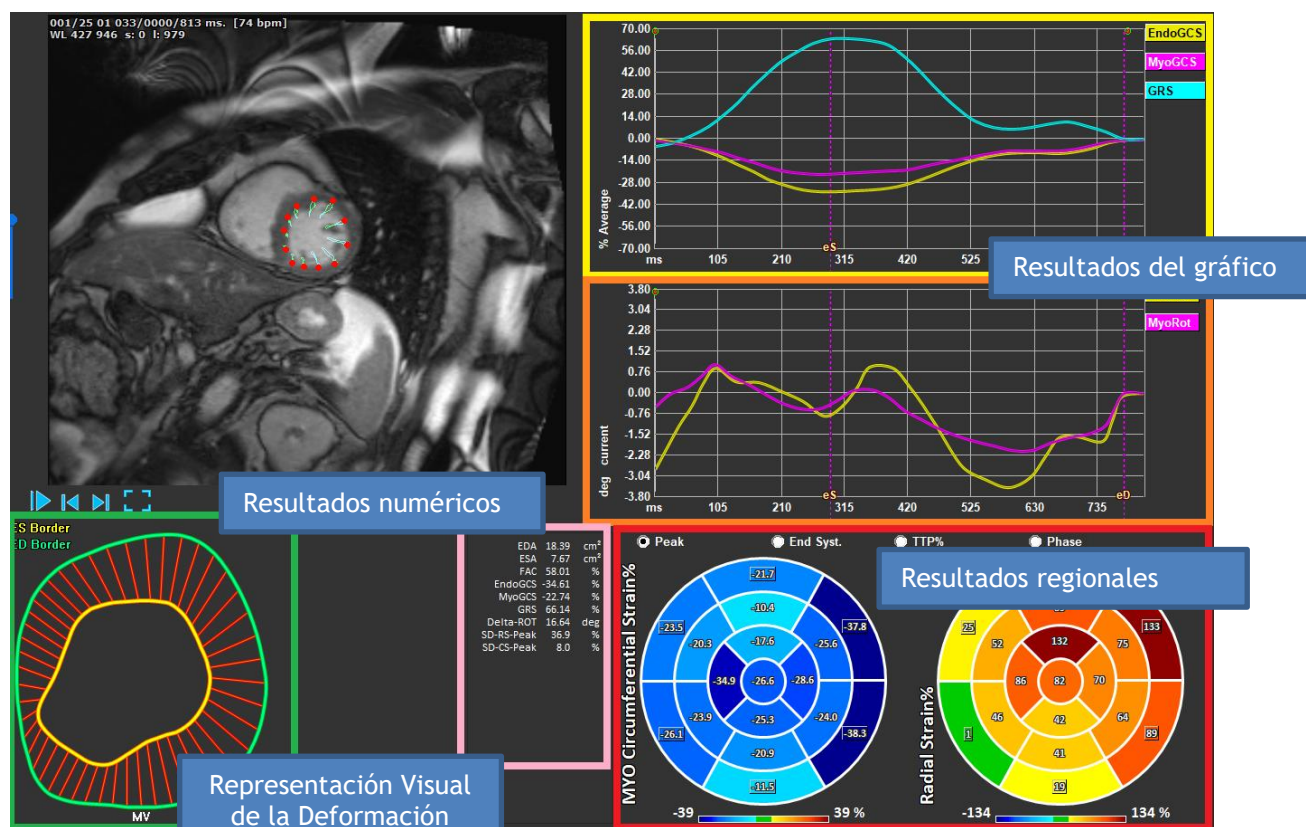
- Global
- Regional estándar
- Regional detallado (Análisis Time to Peak)

Los resultados de la deformación principal son los siguientes.

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

! Consultar

Resumen de resultados para más información sobre los resultados.



3.1 Gráficos de resultados de deformación global

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

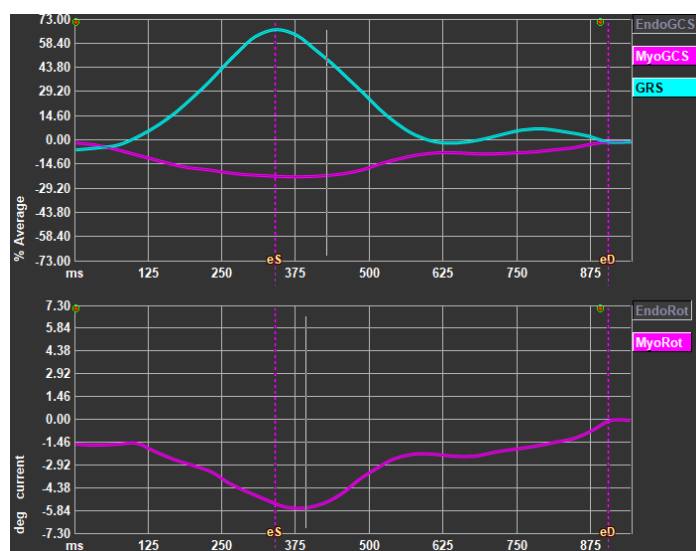


Figura 20: Gráficos del análisis de deformación

Para habilitar la curva de velocidad de deformación

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

Configurar fases SF y DF después del procesamiento.

Cuando se produce el procesamiento de los resultados globales, las fases SF y DF se establecen según las curvas de volumen o área promedio. Sin embargo, las fases SF y DF se pueden mover manualmente actuando sobre estos gráficos: la posición temporal de estas fases se puede cambiar presionando el mouse sobre los cursores verticales SF y DF y soltándolos en la posición deseada.

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

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

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



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



3.4 Resultados regionales detallados (Time to Peak)

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

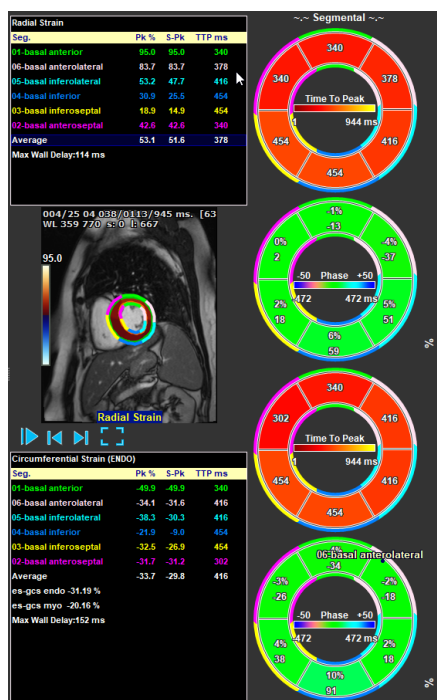


Figura 24: Resultados regionales detallados. TTP

4 Resumen de resultados

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

4.1 Resultados del corte longitudinal del VI (LV LAX)

QStrain proporciona la siguiente lista de resultados:

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

4.2 Resultados del corte transversal (LV SAX)

QStrain proporciona la siguiente lista de resultados:

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

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

4.3 Resultados aurícula izquierda y derecha

QStrain proporciona la siguiente lista de resultados:

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

4.4 Corte longitudinal VD (Ventrículo derecho)

QStrain proporciona la siguiente lista de resultados:

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

5 Informes

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

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

Medis

Patient Study Info

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

Reason for Referral Edit

QFlow 4D Stable Daily 1.0 #1

Background Correction

Fitting Order: 1
Std Threshold: 25%

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

	per HB	per Minute
Net flow volume	34.17 ml/beat	3.04 l/min
Forward flow volume (S.I)	34.45 ml/beat	3.06 l/min
Backward flow volume (S.I)	0.27 ml/beat	0.02 l/min
Regurgitant fraction (S.I)	0.80 %	
Average flow velocity	16.90 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 %	

Conclusions Edit

Results

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

	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	16.90 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	

V 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	

Impressions

Extra-cardiac Findings

Miscellaneous

Comments

Conclusions

Figura 25: Informe de Medis Suite con resultados de QStrain

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

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

6 Sesiones

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

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

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

7 Combinaciones de teclas

Cuando se trabaja con QStrain, se pueden usar varias combinaciones de teclas en las acciones del teclado y ratón para realizar rápidamente las siguientes tareas.

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

8 Parámetros/Medidas

8.1 Parámetros de deformación

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

8.2 Parámetros de velocidad

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

8.3 Parámetros de desplazamiento

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

8.4 Parámetros de velocidad de deformación

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

8.5 Parámetros generales

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

Apéndice I. Principales variables de mecánica cardíaca derivadas de la tecnología de seguimiento



Para más información, véanse los siguientes artículos:

Tecnología de seguimiento de tejidos para evaluar la mecánica cardíaca

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

Tabla 2 Principales variables de mecánica cardíaca derivadas de la tecnología de seguimiento

Principales variables de mecánica cardíaca derivadas de la tecnología de seguimiento		
	Definición	Parámetros
Desplazamiento, cm	Distancia entre la posición instantánea e inicial (a menudo diastólica final) de un segmento miocárdico	Desplazamiento longitudinal Desplazamiento radial Desplazamiento circunferencial
Velocidad, cm/s	La velocidad de desplazamiento (desplazamiento/tiempo) es altamente dependiente de la velocidad del fotograma	Velocidad longitudinal Velocidad radial Velocidad circunferencial
Cepa, %	Cambio en la longitud de un objeto dentro de una dirección determinada en relación con su longitud inicial (a menudo Endo diastólica)	Deformación longitudinal global/segmentaria (GLS/LS) Deformación radial global/segmentaria (GRS/RS) Deformación circunferencial global/segmental (GCS/CS)
Tasa de deformación, 1/s	La velocidad de deformación depende en gran medida de la velocidad del fotograma	Tasa de deformación sistólica global máxima (GLSR-S) Tasa de deformación longitudinal global diastólica temprana (GLSR-E) Tasa de deformación longitudinal global diastólica tardía (GLSR-A) Tasa de deformación radial global sistólica máxima (GRSR-S) Tasa de deformación radial global diastólica temprana (GRSR-E) Tasa de deformación radial global diastólica tardía (GRSR-A) Tasa de deformación circunferencial global sistólica máxima (GCSR-S) Tasa de deformación circunferencial global diastólica temprana (GCSR-E) Tasa de deformación circunferencial global diastólica tardía (GCSR-A)
Rotación	Resultados del acortamiento y alargamiento de las fibras miocárdicas helicoidales que causan la rotación en sentido antihorario del ápice y la rotación en sentido horario de la base vista desde el ápice	Rotación apical sistólica máxima (apical-R) Rotación basal sistólica máxima (basal-R) Torsión LV (LVT) Torsión del VI (LV-tor) Porcentaje de VI sin rotación en la abertura de la válvula mitral (%LV-UT-MVO) Tasa de desplazamiento del VI (LV-UTR) Tiempo de máximo desenrollado (TTP-UT)
LV ¼ ventrículo izquierdo		

Apéndice II. Exactitud de las mediciones

Eje largo

		Unidad	Precisión esperada	Precisión QStrain	Informe de Precisión Medis Suite	Fuente de precisión
EDV	Volumen DF	ml	2 %	0,01	0,1	AMID Documento de precisión
ESV	Volumen SF	ml	3 %	0,01	0,1	AMID Documento de precisión
EF	Fracción de eyección	%	2	0,01	0,1	A partir de la precisión del volumen EDV/ESV
EndoGLS	Tensión longitudinal global	%	± 1,5	0,01	0,1	AMID Documento de precisión
EndoGCS	Tensión circunferencial global	%	± 1,5	0,01	0,1	AMID Documento de precisión
MyoGLS	Tensión longitudinal global	%	± 1,5	0,01	0,1	AMID Documento de precisión
MyoGCS	Tensión circunferencial global	%	± 1,5	0,01	0,1	AMID Documento de precisión
GRS	Tensión radial global	%	± 4,5	0,01	0,1	AMID Documento de precisión
SD-TS-Peak	Pico de deformación transversal SD	%	± 1,5	0,1	0,1	Basado en la precisión de deformación
SD-LS-Peak	Pico de deformación longitudinal SD	%	± 1,5	0,1	0,1	Basado en la precisión de deformación
SD-TS-Syst	SD Transversal Strain End Systoly	%	± 1,5	0,1	0,1	Basado en la precisión de deformación
SD-LS-Syst	SD Longitudinal Strain End Systoly	%	± 1,5	0,1	0,1	Basado en la precisión de deformación

Eje corto

		Unidad	Precisión esperada	Precisión QStrain	Informe de Precisión Medis Suite	Fuente de precisión
EDA	Área DF	cm ²	1,5 %	0,01	0,1	AMID Documento de precisión
ESA	Área SF	cm ²	4 %	0,01	0,1	AMID Documento de precisión
FAC	Cambio de área de fracción	%	1	0,01	0,1	Desde EDA/ESA precisión de área
MyoGCS	Tensión circunferencial global	%	± 1,5	0,01	0,1	AMID Documento de precisión

EndoGCS	Tensión circunferencial global	%	± 1,5	0,01	0,1	AMID Documento de precisión
GRS	Tensión de rotación global	%	± 4,5	0,01	0,1	AMID Documento de precisión
Delta-rot	Rotación Delta	°	1°	0,01	0,1	AMID Documento de precisión
SD-RS-Peak	Pico de deformación rotacional SD	%	± 4,5	0,1	0,1	Basado en la precisión de deformación
SD-CS-Peak	Pico de deformación circunferencial SD	%	± 1,5	0,1	0,1	Basado en la precisión de deformación
SD-RS-Syst	SD Rotational Strain End Systoly	%	± 4,5	0,1	0,1	Basado en la precisión de deformación
SD-CS-Syst	Sistema de fin de deformación circunferencial SD	%	± 1,5	0,1	0,1	Basado en la precisión de deformación

Si la precisión esperada es un porcentaje, es relativa al valor. Si no se menciona ningún porcentaje, es un error absoluto. En caso de que la unidad sea %, interpretar el error como punto porcentual.