

QMass[®] 8.1

Guide de démarrage rapide



Medis Medical Imaging Systems bv
Schuttersveld 9, 2316 XG Leiden, Pays-Bas



<http://www.medisimaging.com>

Medis Medical Imaging Systems bv
Schuttersveld 9, 2316 XG Leiden
P.O. Box 384, 2300 AJ Leiden, Pays-Bas
P +31 71 522 32 44
F +31 71 521 56 17
E support@medisimaging.com

Medis Medical Imaging Systems, Inc.
9360 Falls of Neuse Road, Suite 103
Raleigh, NC 27615-2484, USA
P +01 (919) 278 7888
F +01 (919) 847 8817
E support@medisimaging.com

Avis de copyright

© 2003-2020 Medis Medical Imaging Systems bv. Tous droits réservés.

Le présent manuel est protégé par le droit d'auteur et par les lois et les dispositions de traités internationaux en matière de droit d'auteur. Aucune partie de ce manuel ne peut être copiée, reproduite, modifiée, publiée ni distribuée sous quelque forme, par quelque moyen ou à quelque fin que ce soit, sans la permission écrite préalable de Medis medical imaging systems bv. Il est permis d'imprimer librement des copies non modifiées du présent document dans son ensemble, à condition que les copies ne soient pas faites ou distribuées à des fins lucratives ou commerciales.

Déclaration relative aux marques

QMass est une marque déposée appartenant à Medis Associated BV aux États-Unis et dans d'autres pays. DICOM est la marque déposée de la National Electrical Manufacturers Association pour la publication de sa norme relative à la communication numérique d'informations médicales. Toutes les autres marques, tous les autres produits et tous les autres noms d'entreprises mentionnés dans le présent document sont des marques de commerce ou des marques déposées appartenant à leurs propriétaires respectifs.

Informations sur la réglementation

Utilisation prévue

QMass est un logiciel conçu pour la visualisation et l'analyse des images IRM et TDM du cœur et des vaisseaux sanguins.

QMass est destiné à prendre en charge les fonctionnalités de visualisation suivantes :

- la boucle ciné et la revue en 2D
- réaliser des mesures

QMass est destiné également à prendre en charge les analyses suivantes :

- quantification de la fonction cardiaque
- anatomie et segmentation tissulaire
- analyse d'intensité de signal pour le dimensionnement du myocarde et de l'infarctus
- Cartes paramétriques IRM (telles que Relaxation T1, T2, T2*)

QMass est destiné également à être utilisé pour :

- la quantification des résultats T2* dans les images IRM qui peuvent être utilisées pour caractériser la surcharge en fer dans le cœur et le foie

Ces analyses sont basées sur des contours tracés manuellement par le clinicien ou un technicien médical qualifié en charge du logiciel ou sont automatiquement détectés par le logiciel, puis présentés à des fins d'examen et de modification manuelle. Les résultats obtenus s'affichent en haut des images et dans les rapports.

Les résultats d'analyse obtenus avec QMass sont conçus pour être utilisés par des cardiologues et des radiologues afin d'aider à la prise de décisions cliniques concernant le cœur et les vaisseaux.

Champs d'application

QMass est indiqué pour une application dans un environnement clinique nécessitant des résultats quantifiés plus reproductibles que ceux obtenus manuellement afin d'aider à la visualisation et à l'analyse des images IRM et TDM du cœur et des vaisseaux sanguins, chez des patients atteints de maladies cardiovasculaires. En outre, QMass permet la quantification de T2* dans les images IRM du cœur et du foie.

Lorsque les résultats quantifiés fournis par QMass sont appliqués dans un environnement clinique sur les images IRM et TDM d'un patient, ils permettent d'aider à la prise de décision clinique pour le diagnostic du patient. Dans ce cas, les résultats ne constituent explicitement pas la seule et unique base du diagnostic clinique et leur utilisation est réservée aux cliniciens responsables.

AVERTISSEMENTS

 L'application QMass doit être utilisée par des cardiologues, des radiologues ou des techniciens formés et qualifiés pour effectuer des analyses cardiaques. Si les résultats d'analyse sont utilisés à des fins diagnostiques, ils doivent être interprétés par un médecin compétent dans ce domaine. Dans la pratique clinique, QMass ne doit pas être utilisé à des fins autres que celles qui sont indiquées dans la section Utilisation prévue.

 Les utilisateurs doivent avoir un niveau de compétence suffisant dans la langue d'exploitation sélectionnée, lire ce manuel, se familiariser avec le logiciel et être certifiés par Medis avant d'utiliser QMass dans un environnement clinique afin d'être en mesure d'obtenir des résultats d'analyse fiables.

Réglementations européennes



QMass appartient à la catégorie des appareils médicaux de classe IIa. Il est conforme aux exigences du décret néerlandais sur les appareils médicaux (Besluit Medische Hulpmiddelen, Stb. 243/1995) et à la directive européenne 93/42/CEE sur les dispositifs médicaux.

Réglementations en Amérique du Nord

QMass a reçu l'autorisation de mise sur le marché aux États-Unis en vertu des dispositions du paragraphe 510(k) de la loi sur les aliments, les médicaments et les cosmétiques (Food, Drug, and Cosmetic Act) de la FDA (Food and Drug Administration).

Attention

La loi fédérale américaine n'autorise la vente de ce dispositif que par un médecin ou sur ordonnance.

QMass respecte les exigences des règlements canadiens sur les dispositifs médicaux et a été homologué en tant que dispositif médical de classe II.

Réglementations en Amérique du Sud

QMass est conformes aux exigences de l'agence de surveillance de la santé nationale brésilienne et a été homologué en tant que dispositif médical de classe II.

Réglementations en Asie-Pacifique

QMass est conforme aux exigences de l'administration australienne sur les produits thérapeutiques et a été homologué en tant que dispositif médical de classe IIa.

QMass est conforme aux exigences de la loi japonaise sur les produits pharmaceutiques et les dispositifs médicaux et a été homologué en tant que dispositif médical de classe II.

QMass est conforme aux exigences de l'acte sud-coréen sur les dispositifs médicaux et a été homologué en tant que dispositif médical de classe II.

Conventions utilisées

Le présent manuel utilise les conventions présentées ci-dessous pour indiquer les manipulations de la souris et du clavier et pour faire référence aux éléments de l'interface utilisateur.

Souris

Cliquer	Appuyez sur le bouton principal de la souris puis relâchez-le. Si vous êtes gaucher, vous pouvez utiliser le bouton droit de la souris comme bouton principal.
Cliquer avec le bouton droit	Appuyez sur le bouton secondaire de la souris puis relâchez-le. Si vous êtes gaucher, vous pouvez utiliser le bouton gauche de la souris comme bouton secondaire.
Cliquer avec le bouton central	Appuyez sur la molette ou le bouton central de la souris, puis relâchez-le. Si votre souris ne possède que deux boutons, appuyez simultanément sur les boutons gauche et droit de la souris avant de les relâcher.
Double-cliquer	Appuyez deux fois puis relâchez le bouton principal de la souris.
BGS, BCS, BDS	Bouton gauche de la souris (BGS), bouton central de la souris (BCS) et bouton droit de la souris (BDS).

Clavier

SHIFT/CTRL+click	Appuyez sur la touche SHIFT/CTRL de votre clavier et gardez-la enfoncée tout en cliquant sur un bouton ou un objet.
CTRL+O	Appuyez sur la touche CTRL de votre clavier et maintenez-la enfoncée tout en appuyant sur O , puis relâchez les deux touches. Cet exemple affiche la fenêtre de dialogue d'ouverture d'une étude.

Conventions typographiques

Sous l'onglet Afficher , sélectionnez l'option Masquer tous dessins .	Le nom des boutons, des champs, des menus, des options de menu, ainsi que le nom des onglets sont inscrits en majuscules et en gras.
Affichage > Film	Une séquence d'options de menu à sélectionner pour effectuer une tâche précise est indiquée par le signe « supérieur à ».
<code>mass.ini</code>	Le texte entré ou qui s'affiche à l'écran, comme le nom et l'emplacement de fichiers, est affiché avec la police <code>Courier New</code> .

Symboles utilisés



Référence. Points associés à une documentation ou à des sections du présent document susceptibles de vous intéresser.



Astuce. Fournit des informations utiles ou une autre méthode de travail.



Remarque. Fournit des informations supplémentaires.



Attention. Invite à la prudence lors de la réalisation d'une tâche.



Avertissement. Indique une situation potentiellement dangereuse relative à la représentation ou à l'analyse de l'image susceptible de générer des résultats erronés. Il est recommandé de respecter les instructions pour éviter cette situation.

Table des matières

1.	À propos QMass	1
2.	Assistance technique	2
	Mise en route	3
3.	Démarrage	3
4.	Espace de travail de QMass	6
5.	Réalisation d'une analyse de la fonction LV	7
6.	Effectuer une analyse QStrain	9
7.	Effectuer une analyse étendue de la fonction LV	10
8.	Analyse T2w	12
9.	Analyse DSI	14
10.	Analyse T2w-DSI combinés	17
11.	Analyse TSI	18
12.	Analyse T1	20
13.	Analyse T2/T2*	23
14.	Terminer une analyse QMass	27

1. À propos QMass

QMass est la solution logicielle de Medis pour l'analyse des études IRM cardiaques. Sa détection automatique des contours vous permet d'effectuer des analyses quantitatives rapides et précises. QMass comprend l'analyse de la fonction ventriculaire, l'analyse de la taille de l'infarctus (appelée analyse de l'intensité du signal retardé ou analyse DSI), l'analyse T2w, l'analyse T2w-DSI combinés, l'analyse de perfusion de premier passage (appelée analyse de l'intensité du signal temporel ou analyse TSI), l'analyse de la fonction du niveau d'effort (appelée analyse comparative), l'analyse T1 et l'analyse T2/T2*. QMass peut également lire les données reformatées par tomodensitométrie et effectuer une analyse fonctionnelle sur ces données.

-  L'application QMass doit être utilisée par du personnel médical compétent ou par des techniciens formés. Si les résultats d'analyse sont utilisés à des fins diagnostiques, ils doivent être interprétés par un médecin compétent dans ce domaine. L'application QMass ne doit pas être utilisée à des fins autres que celles indiquées dans la section Utilisation prévue.
-  QMass ne peut pas effectuer d'analyse de tissu taille infarctus, d'analyse T2w, d'analyse de perfusion, d'analyse T1, d'analyse T2 et d'analyse T2* sur des données reformatées par tomodensitométrie.
-  Des contours créés automatiquement et manuellement peuvent entraîner des résultats erronés. Assurez-vous de bien les vérifier et de les corriger si nécessaire.

2. Assistance technique

Medis s'est engagé à fournir des produits et services de haute qualité. Si vous avez des questions relatives au logiciel ou des suggestions à faire concernant l'amélioration du logiciel ou de la documentation, contactez le support technique Medis.

Si vous contactez le support technique Medis par e-mail, indiquez le nom du logiciel et le numéro de version dans le champ de l'objet. Pour rechercher le numéro de version du logiciel, sélectionnez

 > À propos....

Amérique du Nord et Amérique du Sud

Medis medical imaging systems, Inc.
E-mail : support@medisimaging.com
Téléphone : +1 919 278 7888 (du lundi au vendredi de 9H00 à 17H00 EST)

Europe, Afrique, Asie et Australie

Medis medical imaging systems bv
E-mail : support@medisimaging.com
Téléphone : +31 71 522 32 44 (du lundi au vendredi de 9H00 à 17H00 Europe centrale)

3. Démarrage de QMass

QMass est démarré à partir de Medis Suite.

 Pour une description détaillée sur le démarrage d'applications et le chargement de données dans les applications, reportez-vous au Démarrage rapide/Manuel d'utilisation de Medis Suite.

En utilisant la fonction Glisser-déplacer, il est possible de charger des données dans QMass. En fonction des touches de modification enfoncées pendant l'activation de la fonction Glisser-déplacer, QMass aura un comportement de charge différent :

Glisser-déplacer	Les données seront ajoutées à la session en cours et la première série sera rendue active.
Glisser-déplacer + Maj	Les données seront ajoutées. La série active actuelle reste active.
Glisser-déplacer + Ctrl	Les données actuelles seront fermées. Les nouvelles données seront chargées. La première série sera activée.

Pour charger des contours locaux existants

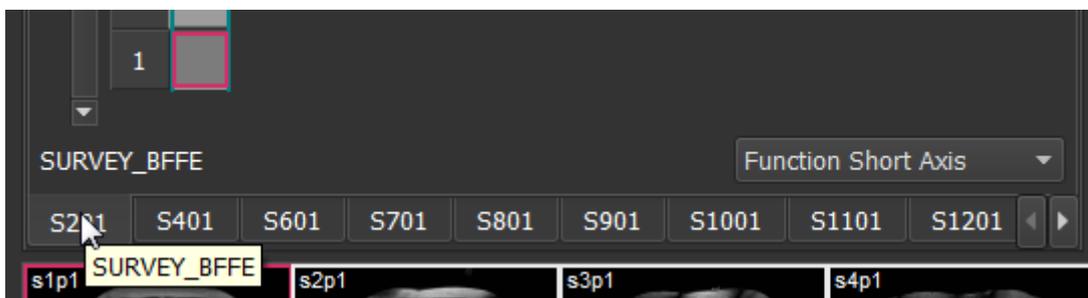
- Cliquez sur Menu  et sélectionnez **Fichier > Charger des contours ...**

Sélectionnez le fichier d'analyse de QMass qui vous intéresse.

Pour sélectionner une série

- Si vous avez ouvert plusieurs séries, vous pouvez basculer d'une série à l'autre en cliquant sur leurs onglets sous la Matrice étude.

Déplacez la souris sur un onglet pour afficher une info-bulle indiquant le nom de la série.



Pour parcourir les images d'une série

- Utilisez les touches fléchées de votre clavier pour faire défiler les images dans la zone d'affichage des miniatures et dans la Vue active.

Pour sélectionner une image

- Cliquez sur une image dans la zone d'affichage des miniatures pour la sélectionner.
Ceci permet d'afficher l'image dans la Vue active.
Dans la zone d'affichage des miniatures, l'image sélectionnée est marquée d'un cadre rouge.

Pour afficher une série dans la fenêtre Film

- Cliquez sur  dans la barre d'outils ou appuyez sur F5.

Pour faire défiler les images de la série dans la fenêtre Film

- Utilisez les touches fléchées de votre clavier.

Pour basculer entre les séries dans la fenêtre Film

- Appuyez sur la touche PgUp (Pg. préc) ou PgDn (Pg. suiv) de votre clavier.

Pour effectuer un zoom avant ou arrière

- Utilisez le curseur sous la fenêtre d'affichage ou définissez le mode édition sur le mode zoom  et utilisez le BGS.

Pour effectuer un panoramique

- Appuyez sur le bouton central ou la molette de la souris, maintenez-le enfoncé et faites glisser.
Ceci permet de faire un panoramique de l'image.
Pour revenir en mode édition, relâchez le bouton central ou la molette de la souris.

Pour régler la largeur et le niveau de la fenêtre

- Appuyez sur 2 sur le clavier pour optimiser la largeur et le niveau de la fenêtre.

Ou

- Cliquez sur BDS et faites glisser dans la vue active. Déplacez la souris vers la gauche ou la droite pour régler la largeur de la fenêtre, déplacez-la vers le haut ou le bas pour ajuster le niveau de la fenêtre.

Pour charger une série pour une analyse comparative

- Cliquez sur Menu  et sélectionnez **Fichier > Ouvrir sélection séries ...**

Sélectionnez la série qui vous intéresse. Cochez la case Comparaison et chargez les données.

Pour modifier les paramètres de la combinaison automatique

- Cliquez sur Menu  et sélectionnez **Fichier > Ouvrir sélection séries ...**

Activez ou désactivez la case à cocher de la combinaison automatique. En sélectionnant plusieurs séries, il est possible de créer une nouvelle série combinée.

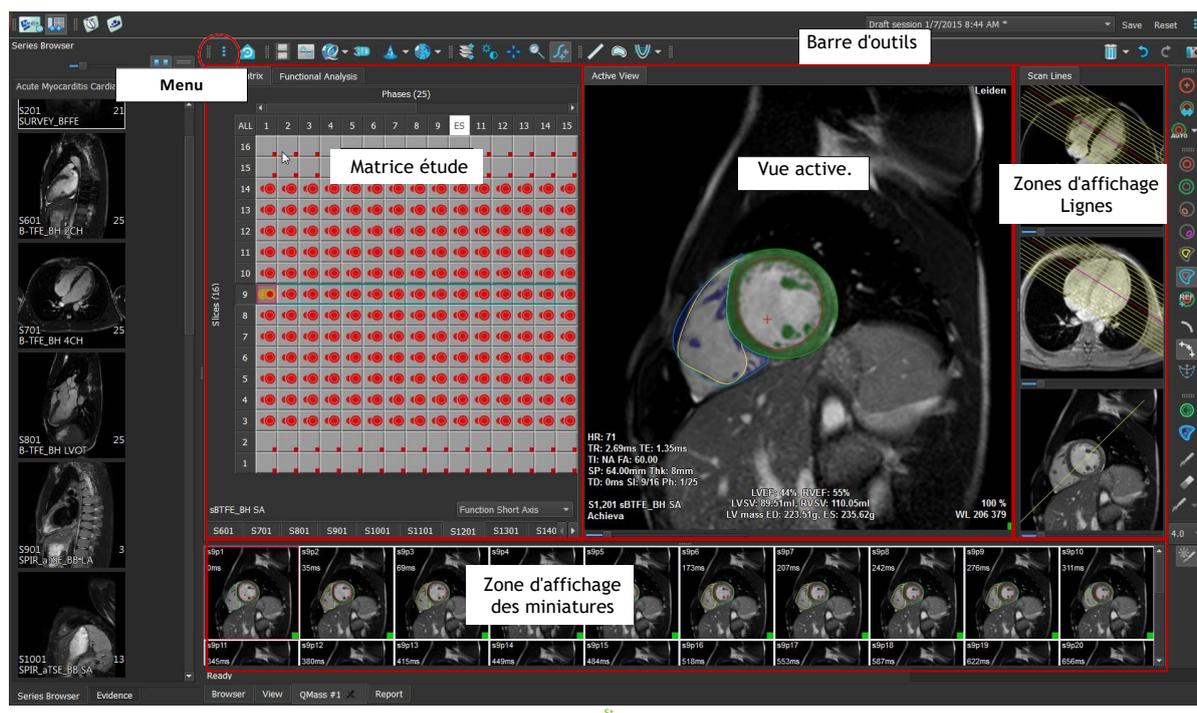
Pour créer un cliché à partir d'un graphique ou d'une fenêtre

- Cliquez sur  dans la barre d'outils de la boîte de dialogue.

4. Espace de travail de QMass

L'espace de travail principal de l'application QMass est constitué d'un ensemble de barres d'outils, d'une matrice d'étude et de trois zones d'affichage. Les icônes actives dans les barres d'outils dépendent du type d'étude analysé et de son orientation.

Les zones d'affichage Lignes scan présentent la position de coupe de la série sélectionnée. Dans les deux premières vues, vous pouvez passer à une autre série en faisant un clic droit et en sélectionnant la nouvelle série. Vous pouvez également effectuer un panoramique et effectuer un zoom avant ou arrière à l'aide des curseurs.



Dans cette présentation rapide, vous apprendrez à connaître les fonctions clés de QMass ainsi que le fonctionnement de base du logiciel. Vous allez ouvrir une étude, l'examiner, effectuer une analyse de la fonction LV, afficher les résultats de l'analyse.

Vous trouverez dans les deux dernières sections de ce Guide de démarrage rapide des instructions sur la réalisation d'une analyse de perfusion à amélioration tardive et d'une analyse de perfusion de premier passage.

5. Réalisation d'une analyse de la fonction LV

Maintenant que nous avons examiné la série, nous allons effectuer une analyse de la fonction LV à l'aide de l'assistant d'analyse ventriculaire. Il existe plusieurs assistants dans QMass qui fournissent un flux de travail guidé pour vous aider à effectuer une analyse rapidement et facilement. L'assistant d'analyse ventriculaire comporte quatre étapes :

- sélectionner la série du grand axe et de la série du petit axe et placer des marqueurs de la valve et de l'apex dans la phase ED de la série du grand axe
- placer des marqueurs dans la phase ES de la série du grand axe et sélectionner le type de contours à détecter
- vérifier les contours détectés
- vérification des résultats

 L'assistant d'analyse ventriculaire n'est disponible que si l'étude contient des images ciné à grand axe et à petit axe. Si vous n'avez pas d'images grand axe, vous pouvez toujours effectuer une analyse à l'aide de la fonction de détection automatique standard. Consultez le manuel d'utilisation de QMass pour obtenir des instructions.

 Des contours créés automatiquement et manuellement peuvent entraîner des résultats erronés. Assurez-vous de bien les vérifier et de les corriger si nécessaire.

Pour réaliser une analyse de la fonction LV à l'aide de l'assistant d'analyse ventriculaire.

1. Dans la matrice étude, sélectionnez les onglets des différentes séries et vérifiez pour chaque série si le type d'étude correct est défini.

Si nécessaire, vous pouvez corriger l'étiquetage d'une série en cliquant avec le bouton droit de la souris sur son onglet et en sélectionnant l'étiquette appropriée dans le menu.

2. Sélectionnez **Analyse > Assistant analyse ventriculaire**.
3. Sous **Sélection séries**, dans la liste déroulante **Série LAX**, sélectionnez la série du grand axe que vous souhaitez utiliser comme référence pour spécifier les emplacements de la valve mitrale et de l'apex.

Si vous avez chargé un scan radial de grand axe, vous pouvez sélectionner la coupe de grand axe que vous souhaitez utiliser dans le champ **Coupe LAX**.

Dans la liste déroulante **Série SAX**, sélectionnez la série ciné petit axe que vous souhaitez analyser.

Sous **Phase ED**, vérifiez si la phase présentée en tant que Phase ED LV est correcte.

Dans la Vue active, sélectionnez les marqueurs du grand axe et faites-les glisser aux bons emplacements. Placez le marqueur A sur l'apex et placez les marqueurs B sur les valves mitrales.

Cliquez sur **Suivant**.



4. Sous **Phase ES**, vérifiez la phase. Dans la vue active, placez les marqueurs A et B comme décrit à l'étape précédente.

Sous **Sélection contour**, sélectionnez le type de contours que vous souhaitez détecter dans les images du petit axe.

⚠ Si vous souhaitez calculer la vitesse d'éjection max et la vitesse de remplissage max, laissez l'option **Tous** sélectionnée dans la zone **Endo LV**.

Cliquez sur **Suivant**.

5. Une fois la détection automatique des contours terminée, vérifiez les contours détectés. Examinez la Phase ED et la Phase ES en sélectionnant l'icône **Affichage** correspondante.

⚠ La précision des résultats d'analyse n'est garantie que si les contours automatiquement détectés sont vérifiés et modifiés, le cas échéant.

💡 Pour une vue d'ensemble de tous les contours détectés, vous pouvez basculer sur l'onglet **Matrice étude**.

Pour modifier un contour, cliquez sur ,  ou sur  puis lancez la modification.

 Pour des instructions détaillées sur la modification, reportez-vous au Manuel d'utilisation de QMass.

Pour basculer entre l'affichage de la phase ED et l'affichage la phase ES dans la zone d'affichage des miniatures, cliquez sur le bouton **Affichage** correspondant dans l'assistant.

Pour modifier la phase ED ou la phase ES et redétecter automatiquement les contours, sélectionnez le nouveau nombre phase sous **Redétecter contours** à l'étape 3 de l'assistant, puis cliquez sur **Appliquer**.

Pour exclure ou inclure des images individuelles, cliquez sur le carré vert ou rouge dans le coin inférieur droit de la zone d'affichage des miniatures. Les contours sont alors automatiquement supprimés ou détectés.

Cliquez sur **Suivant**.

6. Pour obtenir les résultats de l'analyse régionale, assurez-vous  est sélectionné, puis cliquez dans la Vue active pour marquer le septum postérieur ou antérieur dans la coupe actuelle. Répétez cela pour les autres coupes que vous analysez.

⚠ Si vous placez le point de référence sur le septum antérieur, veillez à modifier au préalable les paramètres d'œil de bœuf, afin que les segments cardiaques soient étiquetés

correctement. Sélectionnez Menu  > **Paramètres** > **Œil de bœuf...** Dans l'onglet **Afficher**, sous **Emplacement point de référence**, sélectionnez **Antérieur** puis cliquez sur **OK**.

7. Cliquez sur  pour afficher les résultats de l'analyse. Cliquez sur  pour afficher les résultats de l'analyse régionale.

Pour enregistrer les contours que vous avez créés, sélectionnez Menu  > **Fichier** > **Enregistrer** dans la barre de menu.

8. Cliquez sur **Terminé** pour fermer l'assistant.

6. Effectuer une analyse QStrain

Maintenant que nous avons les résultats de l'analyse fonctionnelle, nous pouvons lancer une analyse QStrain.

- Cliquez sur  pour lancer l'analyse QStrain.
- 💡 Toutes les données et tous les contours sont donnés en entrée de l'analyse QStrain.
- 💡 Les contours ne sont pas strictement nécessaires pour lancer une analyse QStrain.

7. Effectuer une analyse étendue de la fonction LV

La case à cocher MassK (segmentation des muscles sanguins) de l'analyse fonctionnelle offre une méthode alternative pour déterminer les volumes sanguins et musculaires pour l'analyse fonctionnelle, en plus du volume musculaire papillaire.

En utilisant un curseur de seuil, on peut déterminer un seuil qui distingue le sang du muscle dans les deux chambres ventriculaire droite et gauche. Le seuil peut être copié vers d'autres coupes ou phases.

Pour effectuer une analyse fonctionnelle en mode MassK

1. Sélectionnez l'onglet **Analyse fonctionnelle** et cochez la case **MassK**.
2. Dessinez les contours épicaudiques dans toutes les coupes et phases.
3. Dessinez les contours endocaudiques s'il faut distinguer entre le volume papillaire et le volume du myocarde.
4. Faites glisser le curseur des seuils LV ou RV pour modifier la classification des muscles sanguins.
5. Cliquez sur le bouton de la barre d'outils, « **Modifier tissu papillaire LV** » pour ajouter ou supprimer manuellement du tissu musculaire.
6. Afficher les résultats dans le graphique de volume de l'onglet **Analyse fonctionnelle**

Ou

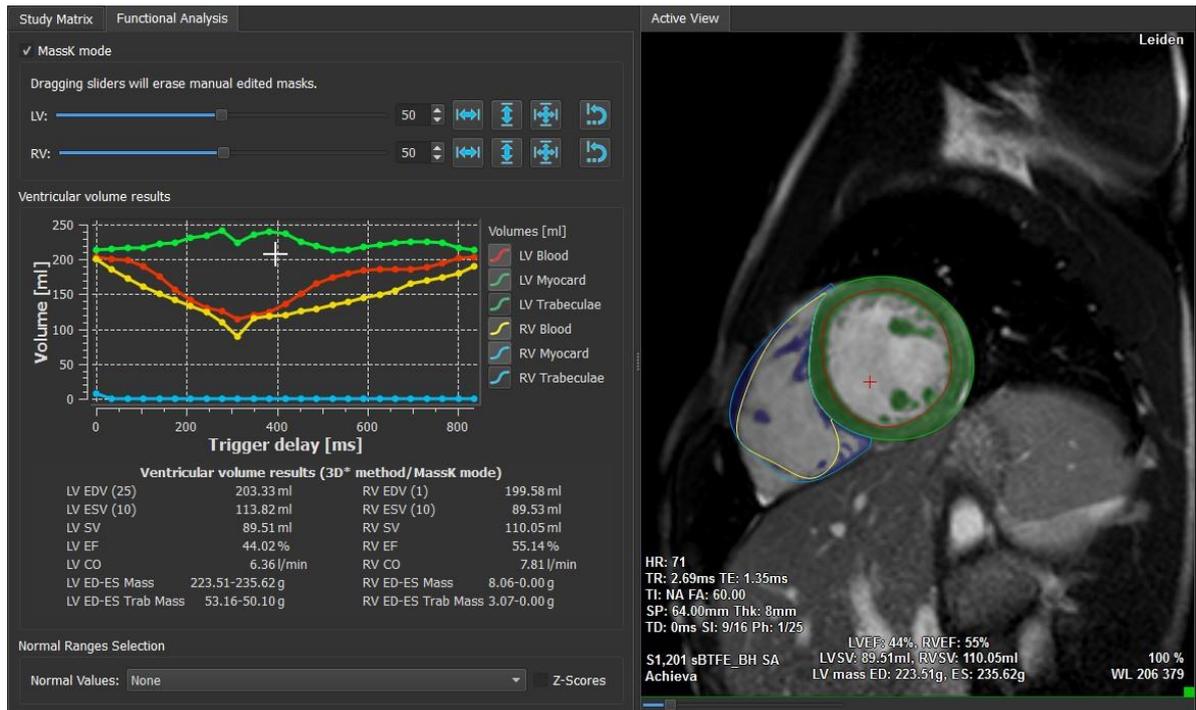
Le volet Résultats ou le volet Rapport de Medis Suite.



Le mode MassK dépend des contours épicaudiques. Vérifiez toujours que tous les contours épicaudiques sont disponibles et corrects.



Si tous les résultats dérivés (fraction d'éjection, volume éjecté, débit cardiaque) sont nuls, vérifiez si tous les contours EPI sont disponibles.



8. Analyse T2w

L'analyse pondérée T2 (T2w) vous aide à déterminer le volume de l'intensité élevée du signal T2w élevé dans le myocarde qui a été largement utilisé dans l'imagerie de l'œdème dans diverses maladies du myocarde.

Ce chapitre explique comment effectuer une analyse à l'aide de l'analyse T2w.

Effectuer une analyse T2w

QMass dispose d'une analyse T2w. Il s'agit d'un simple outil d'analyse d'une page. Il faut :

- Créer des contours endocardiques et épicaudiques LV
- Détecter et vérifier les zones d'intensité élevée ou basse du signal dans le myocarde.
- Vérifier le seuil et la segmentation T2w

Pour effectuer une analyse T2w

1. Charger un jeu de données T2w dans QMass.

 Voir aussi, « **Transfert de contours de séries ciné du petit axe.** »

2. Choisissez les séries à analyser.

3. Démarrez l'**assistant analyse T2w** en appuyant à côté de  et en sélectionnant  **assistant analyse T2w**.

4. Dans l'assistant, cliquez sur  et tracez des contours endocardiques LV dans chaque coupe de la série dans la vue active. De même, cliquez sur  pour dessiner des contours épicaudiques LV dans chaque coupe de la série.

 Voir aussi, « **Transfert de contours de séries ciné du petit axe.** »

5. Cliquez sur Détecter  et vérifiez si le contour ROI1 est détecté dans la partie de faible intensité du myocarde et si ROI2 est détecté dans la partie de forte intensité de signal du myocarde. Si nécessaire, vous pouvez modifier les contours ou les détecter à nouveau à l'aide du bouton Détecter.

6. Vérifiez le seuil T2w en examinant la segmentation des intensités élevées dans toutes les coupes. Vous pouvez remplacer le seuil calculé en faisant glisser le curseur sous **Seuil intensité**.

 Vous pouvez copier une valeur de seuil définie manuellement sur d'autres coupes en utilisant **Copy to all slice**  (Copier sur ts numéros de coupe), **Copy to lower slice numbers**  (Copier sur numéros de coupe inférieurs) ou **Copy to higher**

slice numbers  (Copier sur numéros de coupe supérieurs).

 Vous pouvez calculer une autre valeur de seuil en fonction de la zone de contour de faible intensité en spécifiant la méthode de calcul de l'**écart type** et en fournissant un écart type.

Cliquez sur  pour dessiner des zones avec des tissus de haute intensité. Pour commencer à effacer les pixels, cliquez sur .

 Vous pouvez masquer les masques en désélectionnant **Menu**  > **Paramètres** > **Principaux param.** > **Afficher** > **masques**.

 Affichez les résultats dans le volet T2w ou dans le volet Résultats ou le volet Rapport de Medis Suite.

Pour effectuer une mesure du rapport T2

1. Utilisez l'icône ROI  pour déterminer une zone à l'intérieur de la région du myocarde en traçant le contour correspondant.
2. Utilisez l'icône ROI  pour déterminer le muscle squelettique en traçant le contour correspondant.
3. À partir des deux ROI, les intensités de signal moyenne, minimale et maximale sont calculées et utilisées pour calculer le rapport T2 entre les deux régions définies.

 La valeur du rapport T2 peut être consultée sur le panneau de rapport.

Transfert de contours de séries ciné du petit axe

Si des contours sont déjà disponibles dans la série ciné du petit axe, vous pouvez charger la série et transférer les contours de cette série vers la série T2w en cliquant sur . Le transfert de contours fonctionne mieux si vous créez manuellement des contours dans la phase de la série ciné du petit axe dans laquelle la série T2w a été numérisée.

9. Analyse DSI

Une analyse de l'intensité du signal retardé (analyse DSI) peut vous aider à déterminer la taille de l'infarctus ainsi que l'étendue de la transmuralité de l'infarctus qui semble délimiter un myocarde viable et non viable ainsi que le rétablissement de la fonction après revascularisation.

 Pour en savoir plus, voir l'article suivant : *Gibbons, Raymond J., et al. "The quantification of infarct size." Journal of the American College of Cardiology 44.8 (2004): 1533-1542.*

L'assistant comporte quatre étapes :

- créer des contours endocardiques et épocardiques LV
- vérifier les zones de myocarde sain et hyper-intense
- vérifier le seuil et la segmentation DSI
- placer un point de référence, définir le seuil de transmuralité.

Pour effectuer une analyse DSI

1. Chargez un jeu de données DSI dans QMass.

 Voir aussi, « **Transfert de contours de séries ciné du petit axe.** »

2. Choisissez les séries DSI à analyser.

3. Démarrez l'**Assistant analyse DSI** en appuyant en regard de  et en sélectionnant  **Assistant analyse DSI**.

4. Dans l'assistant, cliquez sur  et tracez des contours endocardiques LV dans chaque

coupe de la série dans la vue active. De même, cliquez sur  pour dessiner des contours épocardiques LV dans chaque coupe de la série.

 Voir aussi, « **Transfert de contours de séries ciné du petit axe.** »

5. Cliquez sur **Détecter**  et vérifiez si le contour ROI1 est détecté dans un myocarde sain et si ROI2 est détecté dans un myocarde hyper-intense. Si nécessaire, vous pouvez modifier les contours ou les détecter à nouveau à l'aide du bouton **Détecter**. Le seuil DSI hyper-accentué est également calculé lorsque le bouton **Détecter** est enfoncé.

 La valeur de seuil calculée est copiée automatiquement dans toutes les autres coupes si l'option **Copie auto** est sélectionnée. Si vous utilisez le bouton **Appliquer** sans sélectionner **Copie auto**, alors les contours ROI et la valeur de seuil sont déterminés uniquement pour la coupe actuelle. Vous pouvez répéter cela pour chaque coupe séparément.

6. Vérifiez le seuil DSI en examinant la segmentation de la taille infarctus dans toutes les coupes. Vous pouvez remplacer le seuil calculé en faisant glisser le curseur sous **Seuil intensité**.

Cliquez sur  et sur  pour dessiner les zones avec hypo-accentuations.

Pour commencer à effacer les pixels, cliquez sur .

 Vous pouvez copier une valeur de seuil définie manuellement sur d'autres coupes en

utilisant **Copy to all slice**  (Copier sur ts numéros de coupe), **Copy to lower slice**

numbers  (Copier sur numéros de coupe inférieurs) ou **Copy to higher slice numbers**

 (Copier sur numéros de coupe supérieurs).

 Vous pouvez calculer une autre valeur de seuil en fonction de la zone de contour sain en spécifiant une méthode de calcul.

 Vous pouvez augmenter la taille de la pointe du pinceau ou de la gomme en augmentant la **Draw size** (taille du tracé).

 Sélectionnez **Smart brush** (pinceau intelligent) ou cliquez sur  dans la barre d'outils si vous souhaitez modifier le masque actuel sans écraser ou effacer les autres masques.

 Vous pouvez masquer les masques en désélectionnant **Display masks** (afficher masques).

7. Définissez un point de référence. Vous pouvez placer un point de référence en cliquant sur



et en définissant un point de référence dans la vue active à l'extrémité inférieure ou antérieure du septum interventriculaire.



Assurez-vous qu'un point de référence est placé dans chaque coupe que vous analysez.



Si vous placez le point de référence sur le septum antérieur, veillez à modifier les paramètres d'œil de bœuf, afin que les segments cardiaques soient étiquetés

correctement. Sélectionnez Menu  > **Paramètres** > **Œil de bœuf...** Dans l'onglet **Afficher**, sous **Emplacement point de référence**, sélectionnez **Antérieur**.



Si vous souhaitez modifier le seuil de transmuralité par défaut de 50 %, vous pouvez modifier le seuil sous **Seuil transmuralité**.



Vous pouvez cliquer sur  pour ouvrir une fenêtre Œil de bœuf. Vous pouvez également sélectionner le diagramme de votre choix dans la liste déroulante **Afficher**. Cliquez avec le bouton droit de la souris sur la fenêtre pour accéder aux options permettant d'enregistrer le diagramme et de l'ajouter aux Résultats.



Affichez les résultats dans le volet DSI, dans le volet Résultats ou dans le volet Rapport de Medis Suite.

Transfert de contours de séries ciné du petit axe

Si des contours sont déjà disponibles dans la série ciné du petit axe, vous pouvez charger la série et transférer les contours de cette série vers la série DSI en cliquant sur . Le transfert de contours fonctionne mieux si vous créez manuellement des contours dans la phase de la série ciné du petit axe dans laquelle la série DSI a été numérisée.

10. Analyse T2w-DSI combinés

L'analyse T2w-DSI combinés vous aide à déterminer l'indice et la différence entre les résultats de l'analyse T2w et le résultat DSI.

Ce chapitre explique comment effectuer une analyse T2w-DSI.

Effectuer une analyse T2w-DSI

QMass dispose d'une analyse T2w-DSI. Il s'agit d'un simple outil d'analyse. Il faut :

- Charger et créer les contours endocardiques et épocardiques LV dans la série T2w et DSI.
- Effectuer une analyse T2w et DSI sur les ensembles de données respectifs.

Pour effectuer une analyse T2w-DSI

1. Chargez un ensemble de données DSI et T2w dans QMass.
2. Démarrez l'**Assistant analyse T2w-DSI** en appuyant en regard de  et en sélectionnant  T2w-DSI combinés.
3. Effectuez une analyse DSI sur l'ensemble de données DSI.
4. Effectuez une analyse T2w sur l'ensemble de données T2w.

 Affichez les résultats dans le volet DSI/T2w et T2w-DSI combinés, ou dans le volet Résultats ou le volet Rapport de Medis Suite.

 Dans l'analyse T2w-DSI combinés, le volume T2w élevé est toujours supposé supérieur ou égal au volume du volume d'infarctus. Si le volume de l'infarctus est supérieur au volume T2w élevé, le volume et les calculs seront arrondis à zéro au lieu d'afficher les valeurs négatives.

11. Analyse TSI

Dans QMass, vous pouvez effectuer une analyse de perfusion de premier passage, appelée analyse Intensité de signal Temps (TSI). Pour ce faire, vous devez suivre les étapes suivantes :

- dessiner les contours endocardiques et épocardiques
- placer des points de référence
- enregistrer les contours

Pour dessiner les contours endocardiques et épocardiques

1. Chargez un ensemble de données TSI dans QMass.
2. Choisissez les séries TSI à analyser, puis cliquez sur **OK**.

Si la barre d'outils Intensité de signal Temps avec l'icône  n'apparaît pas, sélectionnez l'onglet Matrice étude et vérifiez si la série est libellée correctement. Vous pouvez le faire en cliquant avec le bouton droit de la souris sur l'onglet Série.

3. Dans la zone d'affichage des miniatures, sélectionnez une image présentant un contraste suffisant dans les ventricules gauche et droit.
4. Par défaut, le mode de dessin est défini sur traçage. Pour dessiner en mode point, cliquez sur .
5. dans la vue active, tracez le contour endocardique puis cliquez sur  et tracez le contour épocardique.

 Assurez-vous d'exclure la cavité sang LV et RV en dessinant les contours endocardiques appropriés, afin d'éviter que son signal de haute intensité n'affecte les résultats.

6. Si vous souhaitez analyser l'intensité du signal au fil du temps dans une région d'intérêt, cliquez sur . Dans la vue active, tracez un contour autour de la région d'intérêt (ROI).

Si vous souhaitez comparer une ou plusieurs ROI, cliquez sur l'une des autres icônes ROI

, , ou  et tracez le ou les contours correspondants dans la vue active.

Pour placer des points de référence

1. Cliquez sur .
2. Dans la vue active, placez un point de référence sur la jonction inférieure ou antérieure du ventricule droit et du ventricule gauche.

 Si vous placez le point de référence sur le septum antérieur, veillez à modifier au préalable les paramètres d'œil de bœuf, afin que les segments cardiaques soient étiquetés

correctement. Sélectionnez Menu  > Paramètres > Œil de bœuf... Dans l'onglet Afficher, sous Emplacement point de référence, sélectionnez Antérieur puis cliquez sur **OK**.

Pour enregistrer les contours

1. Si vous avez dessiné une ou plusieurs ROI, sélectionnez le ou les éléments de menu correspondants dans le sous-menu Enregistrement. Cliquez sur la flèche en regard de  puis sélectionnez **Enregistrer contours ROI1** et les autres éléments de menu qui s'appliquent.

2. Cliquez sur .

Cela permet de copier les contours sélectionnés dans les autres images de la coupe et d'effectuer une correction du mouvement de respiration.

 L'enregistrement de contour est effectué en fonction des paramètres d'enregistrement de contour. Pour accéder à ces paramètres et les modifier, sélectionnez **Menu** , **Paramètres > Param. enregistrement**

3. Vérifiez les contours dans la zone d'affichage des miniatures ou dans l'outil Film pour voir si le positionnement automatique des contours doit être corrigé.

Pour déplacer un ensemble de contours vers une autre position, appuyez sur MAJ+CTRL et faites-le glisser vers sa nouvelle position.

 Ne modifiez **pas** les contours à l'aide des outils de dessin. Si vous souhaitez ajouter de nouvelles ROI après avoir effectué l'enregistrement, veillez à créer les contours de ROI dans l'image dans laquelle vous avez créé les contours initiaux.

Pour afficher les résultats analyse TSI

1. Cliquez sur  pour afficher les résultats d'analyse sur un graphique.
2. Dans la liste déroulante **Afficher**, sélectionnez le graphique **Intensité myo - Temps** or **Intensité ROI - Temps**.

ou

1. Cliquez sur  pour afficher les résultats d'analyse dans un diagramme en œil de bœuf.
2. Dans la liste déroulante **Afficher**, sélectionnez **Analyse IS**.

Une liste déroulante est ajoutée dans la fenêtre de dialogue.

3. Sélectionnez le type de diagramme que vous souhaitez afficher.

 Pour une description détaillée des diagrammes en œil de bœuf, reportez-vous au manuel d'utilisation.

 Cliquez avec le bouton droit de la souris pour sélectionner 'Ajouter cliché aux résultats' pour ajouter le cliché du graphique au rapport en cours.

 Affichez les résultats dans le volet Résultats ou le volet Rapport de Medis Suite.

12. Analyse T1

Si vous disposez du module Analyse T1, vous pouvez utiliser QMass pour analyser la durée relaxation T1 d'une région d'intérêt.

Ce chapitre explique comment :

- Effectuer une analyse T1

Une analyse T1 détermine le taux de récupération de la magnétisation d'une région d'intérêt.

Pour effectuer une analyse T1

- Chargez un ensemble de données T1 dans QMass.
- Choisissez les séries T1 à analyser.

 Dans la matrice étude, cliquez avec le bouton droit de la souris sur l'onglet Série et vérifiez si la série est étiquetée correctement en tant que série T1. Si nécessaire, vous pouvez changer l'étiquette de la série dans le sous-menu.

- Sélectionnez l'onglet Analyse T1.
- Dans la zone d'affichage des miniatures, sélectionnez une image avec un contraste suffisant.
- Sélectionnez votre outil de dessin préféré et dessinez le contour de l'endocarde.

 Assurez-vous d'exclure la cavité LV afin d'éviter que son signal de haute intensité n'affecte les résultats.

- Cliquez sur  et dessinez le contour épикаrdique.

 Assurez-vous d'exclure la cavité sang RV afin d'éviter que son signal de haute intensité n'affecte les résultats.

- Marquez une ou plusieurs régions d'intérêt dans le septum. Sélectionnez l'icône de la région d'intérêt, par exemple, , et dessinez une région d'intérêt dans le myocarde.

 Vous pouvez désélectionner **Copie auto** sous **Contours** pour empêcher la copie des contours des régions d'intérêt vers les autres images.

- L'onglet Analyse T1 affiche maintenant deux courbes par région d'intérêt : la courbe des valeurs mesurées dans la couleur de la région d'intérêt et la courbe ajustée en pointillé.
- La zone Temps [ms] indique maintenant le temps de récupération T1.

- 💡 Vous pouvez cliquer sur les icônes dans la zone « Temps [ms] » pour afficher ou masquer les différentes régions d'intérêt.
- 💡 Vous pouvez sélectionner et afficher le calque T1, T1*, ou le calque résiduel en sélectionnant un **Calque** à partir de la liste déroulante.
- 💡 Vous pouvez sélectionner le type acquisition, Look-Locker (LL) qui affiche les résultats T1*, T1 ou t0 ou Saturation progressive (PS) qui affiche les résultats T1 et t0.

Résultat	Description
T1 (Saturation progressive)	T1 pour les études à saturation progressive correspond à l'équation suivante : $I = A - B \cdot \text{EXP} (-t/T1)$
T1* (Look-Locker)	T1* pour les études Look-Locker correspond à l'équation suivante : $I = A - B \cdot \text{EXP} (-t / T1^*)$
T1 (Look-Locker)	La valeur T1 pour les études Look-Locker correspond à l'équation suivante : $T1 = T1 \cdot (B / A - 1)$
t0	t0 est le « temps de retour à zéro », c'est-à-dire le moment où l'intensité du signal croise le zéro sur l'axe horizontal. On peut aussi estimer approximativement la valeur t0 à partir du graphique.

Vous pouvez également afficher le taux de récupération par pixel à l'aide du suivi du curseur de la souris. Cliquez sur , puis passez la souris sur le pixel de l'image. Ceci affiche le taux de récupération du pixel actuellement suivi.

💡 Reportez-vous à l'article suivant pour obtenir des informations sur le mappage T1 dans les études Look-Locker : Daniel R. Messroghli et al, Modified Look-Locker Inversion Recovery (MOLLI) for High-Resolution T1 mapping of the Heart, Magnetic Resonance in Medicine 52: 141-146 (2004).

💡 Affichez les résultats dans le volet T1, le volet Résultats ou le volet Rapport de Medis Suite.

Pour définir une plage de couleurs et un paramètre de carte de couleurs

1. Sélectionnez Menu  > Paramètres > Paramètres T1.

Ceci a pour effet d'ouvrir la fenêtre de la boîte de dialogue Paramètres T1.

Sous **Plage couleurs**, choisissez votre plage couleurs de couleurs préférée. Sous **Carte couleurs**, choisissez votre Carte couleurs du calque préférée.

 Vous pouvez spécifier une carte couleurs par défaut dans l'éditeur de fichier de configuration.

Pour exporter les temps de relaxation par coupe vers DICOM

Cliquez sur le bouton  « Ajouter la carte paramétrique aux résultats ».

 Les cartes apparaîtront automatiquement dans la session QMass actuelle et peuvent être sélectionnées dans l'onglet Matrice étude pour une analyse plus approfondie.

 Pour des instructions sur la sélection séries, voir : Démarrage de QMass.

13. Analyse T2/T2*

L'analyse T2/T2* permet de déterminer les temps de relaxation T2/T2*. La quantification du temps de relaxation T2* aide à caractériser la charge en fer du cœur et du foie.

Ce chapitre explique comment :

- effectuer une analyse de la durée de perte T2 ou T2*.

Une analyse de la durée de perte T2 ou T2* comprend deux étapes : vous devez d'abord tracer un contour autour de la région d'intérêt dans le myocarde, puis exclure de la courbe les mesures qui sont biaisées par le bruit de l'IRM.

Pour effectuer une analyse T2 ou T2*

1. Chargez un ensemble de données T2/T2* dans QMass.
2. Choisissez les séries T2/T2* à analyser.
3.  Dans la matrice étude, cliquez avec le bouton droit de la souris sur l'onglet Série et vérifiez si la série est étiquetée correctement en tant que série T2/T2*. Si nécessaire, vous pouvez changer l'étiquette de la série dans le sous-menu.
4. Sélectionnez l'onglet Analyse T2/T2*.
5. Dans la zone d'affichage des miniatures, sélectionnez une image avec un contraste suffisant.
6. Sélectionnez votre outil de dessin préféré et dessinez le contour de l'endocarde.

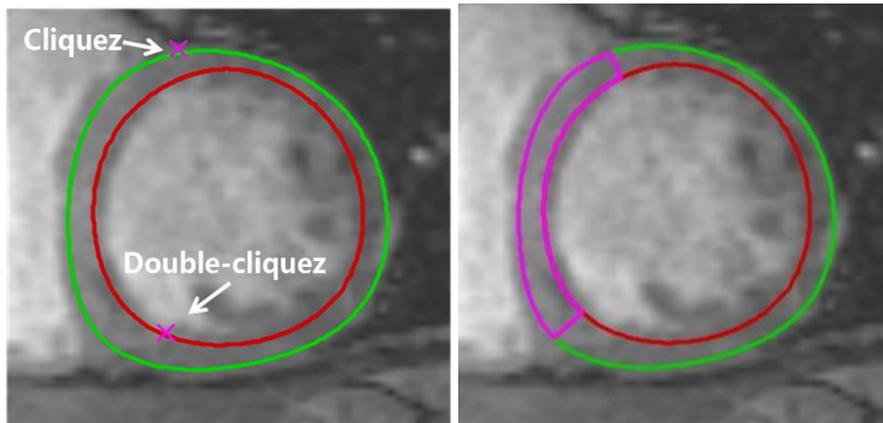
 Assurez-vous d'exclure la cavité sang LV afin d'éviter que son signal de haute intensité n'affecte les résultats.

7. Cliquez sur  et dessinez le contour épiqueardique.

 Assurez-vous d'exclure la cavité sang RV afin d'éviter que son signal de haute intensité n'affecte les résultats.

8. Marquez une ou plusieurs régions d'intérêt dans le septum. Sélectionnez l'icône de la région d'intérêt, par exemple, , et sélectionnez . Cliquez sur le contour épiqueardique pour marquer le début du segment septal, puis double-cliquez sur le contour endocardique pour marquer la fin.

Ceci crée la région d'intérêt. Les illustrations suivantes présentent un exemple.



💡 Vous pouvez désélectionner **Copie auto** sous **Contours** pour empêcher la copie des contours des régions d'intérêt vers les autres images.

9. L'onglet Analyse T2/T2* affiche maintenant deux courbes : la courbe des valeurs mesurées dans la couleur de la région d'intérêt, et la courbe ajustée dans une version allégée et semi-transparente de cette couleur.

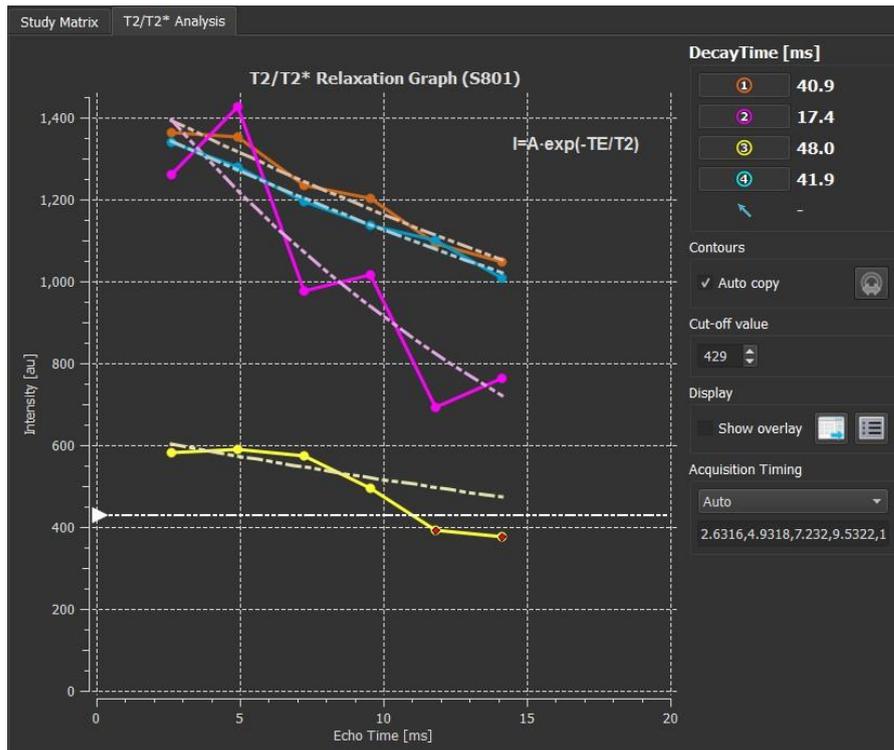
Pour supprimer les points de mesure qui sont biaisés par le bruit de l'IRM et calculer la valeur T2/T2* correcte de la région d'intérêt, vous devez déplacer le curseur de seuil vers le point où la courbe commence à se stabiliser.

⚠️ Si la courbe est inclinée vers le haut au lieu d'être inclinée vers le bas à la fin, veuillez d'abord à exclure les images correspondantes. Pour ce faire, vous devez cliquer sur les carrés verts situés dans le coin inférieur droit des images dans la vue d'affichage des miniatures.

Cliquez sur le triangle blanc situé en bas du diagramme et faites-le glisser vers le haut.

Ceci marque les points sous le curseur comme exclus et fait de la courbe d'ajustement la partie non exclue de la courbe mesurée. S'assurer que la courbe d'ajustement passe par les premiers points mesurés.

L'illustration suivante en est un exemple.



10. La zone Durée perte indique maintenant la durée de perte T2 ou T2*.

Utilisez les icônes de la zone Durée perte pour afficher ou masquer les différentes régions d'intérêt.

Vous pouvez afficher un calque de couleurs de la durée de perte en sélectionnant **Afficher calque** sous **Afficher**.

Résultat	Description
T2 ou T2*	<p>Le résultat correspond à l'équation suivante :</p> $I = A \cdot \text{EXP} (-TE / T2)$ <p>où TE est la Durée écho en ms et où T2 désigne T2 pour l'analyse T2 ou T2* pour l'analyse T2*</p>

Vous pouvez également afficher le taux de perte par pixel à l'aide du suivi du curseur de la souris. Cliquez sur  puis passez la souris sur la région d'intérêt. Ceci affiche le taux de perte du pixel actuellement suivi dans la barre d'état en bas de la fenêtre QMass.

 Affichez les résultats dans le volet T2/T2*, le volet Résultats ou le volet Rapport de Medis Suite.

Pour définir une valeur par défaut pour la valeur de seuil et pour les couleurs de calque

1. Sélectionnez Menu  > Paramètres > Paramètres T2/T2*.

Ceci a pour effet d'ouvrir la fenêtre de la boîte de dialogue Paramètres T2/T2*.

Sous **Carte couleurs**, choisissez votre jeu de couleurs préféré.

Après **Valeur de seuil**, spécifiez la valeur par défaut à utiliser pendant la session actuelle.

 Vous pouvez spécifier une valeur de seuil permanente par défaut dans l'éditeur de fichier de configuration.

Pour exporter les durées perte par coupe vers DICOM

Cliquez sur le bouton  « Ajouter la carte paramétrique aux résultats ».

 Les cartes apparaîtront automatiquement dans la session QMass actuelle et peuvent être sélectionnées dans l'onglet Matrice étude pour une analyse plus approfondie.

 Pour des instructions sur la sélection séries, voir : Démarrage de QMass.

14. Terminer une analyse QMass

Une fois l'analyse terminée, appuyez sur le bouton Enregistrer la session de Medis Suite.

 Pour une description détaillée de l'arrêt d'une session de Medis Suite, reportez-vous au Démarrage rapide/Manuel d'utilisation de Medis Suite.