

QStrain 4.0 Guide de démarrage rapide

9.15.400.32.1



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



http://www.medisimaging.com

Sur le site Web de Medis, sélectionnez « Produits » puis le groupe de produits applicable. La documentation utilisateur se trouve sur cette page.

Un lecteur PDF est requis pour accéder à la documentation. S'il n'y a pas de lecteur PDF installé dans le système, vous pouvez télécharger le lecteur Adobe gratuit. Rendez-vous sur le site Web d'Adobe sur <u>https://get.adobe.com/reader/</u> et cliquez sur « Télécharger lecteur Adobe » pour télécharger le lecteur Adobe.

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, États-Unis P +01 (919) 278 7888 F +01 (919) 847 8817 E support@medisimaging.com

Mentions légales

Avis de copyright

© 2015 - 2021 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

DICOM est la marque déposée de l'association nationale de fabricants de matériel électrique pour ses publications de normes concernant des communications numériques d'information médicale. 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

QStrain est un logiciel destiné à être utilisé pour la visualisation et l'analyse d'images RM et TDM en 2D du cœur et des vaisseaux sanguins. QStrain est destiné à prendre en charge les fonctionnalités de visualisation suivantes :

- la boucle ciné et la revue en 2D

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

- quantification de la fonction cardiaque
- segmentation anatomique

Ces analyses sont basées sur des contours tracés manuellement par le clinicien ou un technicien médical qualifié en charge du logiciel ou qui sont automatiquement détectés par le logiciel, puis présentés à des fins d'examen et de modification manuelle. Les résultats d'analyse obtenus avec 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.

Les résultats d'analyse obtenus avec QStrain 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

QStrain est indiqué pour une application dans un environnement clinique nécessitant des résultats quantifiés validés et reproductibles afin d'aider à la visualisation et à l'analyse des images RM et TDM du cœur et des vaisseaux sanguins, chez des patients atteints de maladies cardiovasculaires.

Lorsque des résultats quantifiés fournis par QStrain sont appliqués dans un environnement clinique sur les images RM et TDM d'un patient individuel, ils permettent d'aider à la prise de décisions cliniques pour le diagnostic du patient ou l'évaluation du traitement appliqué. 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.

Limites

Aucunes limites n'ont été actuellement spécifiée pour QStrain 4.0.

AVERTISSEMENTS

QStrain doit être utilisé 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, QStrain ne doit pas être utilisé à des fins autres que celles qui sont indiquées dans la section Utilisation prévue.

Il est expressément recommandé de mesurer les paramètres de déformation uniquement pour les séquences qui sont validées pour les mesures de déformation. Des résultats de mesure fiables peuvent être obtenus uniquement avec des acquisitions validées.

Us utilisateurs doivent maîtriser suffisamment la langue d'exploitation sélectionnée, avoir lu manuel et s'être familiarisé avec le logiciel afin d'être en mesure d'obtenir des résultats d'analyse fiables.

Remarque sur le rapport hauteur/largeur et la résolution du moniteur

① La forme des objets et des mesures affichés peut subir une légère distorsion lorsque la résolution est définie sur un rapport hauteur/largeur différent de celui du moniteur. Cette distorsion n'a cependant AUCUNE répercussion sur l'exactitude des mesures ou des analyses effectuées. Pour éviter toute distorsion, réglez la résolution du moniteur sur un rapport hauteur/largeur égal au rapport hauteur/largeur physique. Les moniteurs LCD fonctionnent généralement mieux à leur résolution native. Microsoft Windows recommande une résolution lorsqu'il dispose de suffisamment d'informations pour le faire.

Réglementations européennes



QStrain 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

QStrain a une 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.

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

Réglementations de la région Asie-Pacifique

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

QStrain 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.

Conventions utilisées

Le présent manuel utilise les conventions et acronymes présentés 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 et faire glisser	Appuyez sur le bouton principal de la souris et maintenez-le enfoncé. Faites glisser la souris pour exécuter une fonction. Relâchez le bouton principal de la souris. 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.
Molette de la souris	Faites tourner la molette de la souris.
Clavier	
MAJ/CTRL+clic	Appuyez sur la touche MAJ/CTRL de votre clavier et gardez-la enfoncée tout en cliquant sur un bouton ou un objet.

CTRL+K Appuyez sur la touche CTRL de votre clavier et maintenez-la enfoncée tout en appuyant sur K, puis relâchez les deux touches.

Conventions typographiques

Dans le nœud Annotations du volet Résultats	Les noms des boutons, des champs, des menus, des options de menu et des onglets apparaissent avec une majuscule et en gras.
Procédures > Annot. avec texte	Une séquence d'options de menu à sélectionner pour effectuer une tâche précise est indiquée par le signe « supérieur à ».
Étiquette: Analyse QStrain	Le texte entré ou qui s'affiche à l'écran, comme les étiquettes d'annotation, est affiché avec la police Segou UI.

Symboles utilisés

De la	Référence : Points associés à une documentation ou à des sections du présent document susceptibles de vous intéresser.
ę	Astuce : Fournit des informations utiles ou une autre méthode de travail.
0	Remarque : Fait passer des informations additionnelles.
A	Attention : Invite à la prudence lors de la réalisation d'une tâche.
0	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

QStrain	4.0١	
Guide de démarrage rapide I		
Informat	tions sur la réglementation 4 -	
Convent	ions utilisées 7 -	
Convent	ions typographiques	
Table de	es matières 9 -	
Introduc	tion 11	
1	À propos de QStrain 11	
1.1	QStrain de QStrain 11	
2	Configuration système 12	
3	Assistance technique 12	
Mise en	route	
4	Aperçu du flux de travail 13	
Flux de	travail	
5	Flux de travail : effectuer une QStrain QStrain 14	
5. i	QStrain QStrain	
5.2	Chargement des séries 16	
5.3	Sélection d'analyse 17	
5.석	Gestion des contours 20	
5.4.1	Création de contours 20	
5.4.2	Création de contours avec des indicateurs 21	
5.4.3	Modification de contours 22	
5.4.4	Terminer la modification de contour 22	
5.5	Accessoire d'analyse 24	
5.5.1	Création d'un point de référence pour une analyse SAX 24	
5.5.2	Gestion ED ES	
5.5.3	Analyse du temps pour arriver au pic 27	
5.5.4	Film en 3D 31	

Résultat	ts
6	QStrain QStrain
ð.:	Graphiques de résultats de déformation globale 33
5.2	Résultats numériques de déformation globale
6.3	Résultats de déformation régionale standard 34
6.4	Résultats régionaux détaillés (Temps pour arriver au pic)
7	Aperçu des résultats
7.1	Résultats axe long LV (apical) 36
7.2	Résultats axe court (SAX) 36
7.3	Résultats atrium
7.4	Axe long RV (ventricule droit)
8	Création de rapport
9	Sessions
Référen	
10	Raccourcis
11	Paramètres / Mesures
î1.1	Paramètres de déformation 41
11.2	Paramètres de vélocité 41
14.3	Paramètres de déplacement 41
\$1.4	Paramètres de vitesse de déformation 41
11.5	Paramètres généraux

Introduction

1 À propos de QStrain

QStrain est la solution logicielle RM TDM pour les déformations de Medis Suite conçue pour aider à l'analyse de visualisation en 2D et de quantification d'études RM et TDM. Elle permet aux cardiologues, aux radiologues et aux techniciens de quantifier la fonction globale et la déformation dans une zone.

QStrain peut être lancée comme une application autonome ou faire partie de QMass.

L'évaluation de la fonction myocardique est essentielle pour déterminer l'état de santé du myocarde. L'évaluation globale de la fonction myocardique est principalement déterminée en utilisant la fraction d'éjection. Le myocarde régional, qui isole le mouvement de la paroi déformée, peut être quantifié à l'aide d'une analyse de la déformation myocardique, qui est mesurée en tant que déformation longitudinale radiale et circonférentielle.

QStrain fonctionne sous la forme d'une application au sein du produit Medis Suite. Le fonctionnement de Medis Suite, y compris les instructions sur la manière de démarrer QStrain et de charger des données d'image, est décrit dans le manuel d'utilisation de Medis Suite. La documentation de Media Suite et la documentation complète de QStrain sont disponibles dans l'onglet documents de l'utilisateur, qui peut être ouvert de la manière suivante :

• Appuyez sur F1.



- Sélectionnez le bouton d'aide
- Sélectionnez le bouton de menu principal Medis Suite dans le coin en haut à droite
 Aide > Documents de l'utilisateur

QStrain[®] est la solution logicielle de Media pour mesurer la déformation cardiaque pour les RM et les TDM.

La fonction QStrain est seulement active si vous disposez de la (des) licence(s) appropriée(s).

1.1 QStrain de QStrain

La disponibilité du produit QStrain dépend de licences. Si vous aimeriez acheter une licence pour une ou plusieurs des applications QStrain, veuillez contacter Medis (sales@medisimaging.com).

2 Configuration système

Vous trouverez la configuration système dans le manuel d'utilisation Medis Suite. Il n'y a pas de configuration système additionnelle pour QStrain.

3 Assistance technique

Medis s'engage 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. Vous pouvez chercher le numéro de version de votre logiciel

dans MedSuite. Dans le coin supérieur droit, sélectionnez 📑 > Aide > 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)

Mise en route

4 Aperçu du flux de travail

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

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

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

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

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

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

Flux de travail

5 Flux de travail : effectuer une QStrain QStrain

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

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

Pour parcourir les étapes d'analyse.

- Cliquez sur 🚧 dans la barre d'outils verticale pour passer à l'étape suivante d'une analyse.
- Cliquez sur dans la barre d'outils verticale pour revenir à l'étape précédente d'une analyse.
- Cliquez sur serie dans la barre d'outils verticale pour aller à l'étape Chargement d'une série et analyse
- Dans la fenêtre d'affichage aperçu ED/ES, cliquez sur pour accepter et cliquez sur

pour rejeter les modifications de contour.

- Dans la fenêtre de sélection Séquence M-Mode, cliquez sur pour revenir à l'analyse.
- Dans la fenêtre d'analyse segmentaire Temps pour arriver au pic, cliquez sur pour revenir à l'analyse.

5.1 QStrain QStrain

Les analyses QStrain partagent les mêmes étapes.

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



Figure 1 : Analyse SAX



Figure 2 : Analyse LAX

5.2 Chargement des séries

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

QStrain est compatible avec les séries RM et TDM.

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

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

Ou

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

Choisissez QStrain.

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

Pour charger des séries depuis QMass

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

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

U QStrain charge uniquement des séries RM et TDM DICOM.

5.3 Sélection d'analyse

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

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



Figure 3 : Sélection de série et d'analyse

Sélection de série.

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



Coupler une série avec une orientation d'image.

Figure 4 : Coupler une série avec une orientation

Choisir le type d'analyse.

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



Figure 5 : Sélectionner le type d'analyse QStrain

🛈 Un seul type d'analyse peut être sélectionné.

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

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

Pour coupler une série avec une analyse SAX.

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

correspondant, icônes valve mitrale





Pour coupler une série avec une analyse LAX.

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



Pour coupler une série avec une analyse d'atrium.

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

Pour coupler une série avec une analyse RV.

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

Pour supprimer une série d'une analyse

• Cliquez sur l'icône 🛄 à côté de la série que vous souhaitez supprimer

5.4 Gestion des contours

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

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

5.4.1 Création de contours

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

5.4.1.1 Activer la fenêtre de création de contour.

• Après avoir effectué la sélection et l'analyse de série dans la fenêtre de sélection de série,

cliquez sur 🗾 dans la barre d'outils verticale.

Ou

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

Ou

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

5.4.1.2 Pour créer un contour.

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

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

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

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

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

5.4.2 Création de contours avec des indicateurs

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

5.4.2.1 Indicateurs de point de contour (SAX)

SAX



suivis de

LAX





Atrium



et de

Les indicateurs de placement de l'atrium sont comme suit,



RV





suivis de

et de

Les indicateurs de placement RV sont comme suit,



5.4.3 Modification de contours

5.4.3.1 Pour modifier des contours

Pour modifier un contour existant.

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

5.4.3.2 Pour supprimer tous les points de contour.

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

5.4.3.3 Pour supprimer un point de contour.

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

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

5.4.4 Terminer la modification de contour

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

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

• Sélectionnez la 🔽 dans la barre d'outils verticale.

Ou

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

5.5 Accessoire d'analyse

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

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

Des points de référence améliorent la précision des résultats.

Pour fixer un point de référence dans une analyse SAX.

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



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

Uanalyse de déformation SAX nécessite un placement de points de référence sur le septum antérieur de chaque coupe.

5.5.2 Gestion ED ES

5.5.2.1 Vérification et modification contour ED ES

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

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

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

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

• Dans la fenêtre d'analyse, cliquez sur Mars la barre d'outils verticale.

5.5.2.2 Vérification de phase ED ES : Séquence M-Mode

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

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

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



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

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



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

Pour dessiner la ligne M-Mode.

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

Pour mettre à jour la phase ED ou ES.

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

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

Dans la fenêtre d'analyse.

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

5.5.3 Analyse du temps pour arriver au pic

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

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



Pour lancer une analyse Temps pour arriver au pic.

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

Pour sélectionner une région.

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

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

Ou

• Passez votre souris au-dessus des graphiques.

Pour activer/désactiver une région.



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

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

• Cliquer sur le segment pour activer ou désactiver.

Pour activer / désactiver toutes les régions.

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

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



Figure 9 : Activer/désactiver une



Pour changer le type d'analyse régionale.

Figure 10 : sélectionner le type de résultats de déformation

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

 Sélectionnez « Vélocité », « Déplacement », « Déformation » ou « Vitesse de déformation ». Pour basculer entre les résultats régionaux de l'endocarde, de l'épicarde ou du myocarde.

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

- Cliquez sur Mans la barre d'outils verticale pour les résultats régionaux endocardiques.
- Cliquez sur Mans la barre d'outils verticale pour les résultats régionaux épicardiques.
- Cliquez sur NW dans la barre d'outils verticale pour les résultat régionaux myocardiques.



5.5.4 Film en 3D

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



Figure 11 : Vue de la déformation en 3D

Pour activer la vue en 3D

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

dans la barre d'outils verticale.

Résultats

6 QStrain QStrain

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

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

Les principaux résultats de la déformation sont les suivants.

- Déformation radiale globale
- Déformation circonférence globale
- Déformation longitudinale globale

(GRS - Glocal Radial Strain) (GCS - Global Circumference Strain)

(GLS - Global longitudinal Strain)

Référez-vous à

Aperçu des résultats pour plus de détails sur les résultats



Figure 12 : Aperçu des sections de résultats

6.1 Graphiques de résultats de déformation globale

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



Figure 13 : Graphiques de déformation de l'analyse

Pour activer la courbe de vitesse de déformation

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

ULes résultats de déformation myocardique sont disponibles lorsque les contours Endo et Epi sont tous deux disponibles.

ULa déformation de rotation dépend de la coupe et reflète par conséquent la déformation de la coupe sélectionnée.

6.2 Résultats numériques de déformation globale

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



Figure 14 : Résultats numériques LAX



Figure 15 : Résultats numériques SAX

6.3 Résultats de déformation régionale standard

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



Figure 16 : Résultats régionaux standard

6.4 Résultats régionaux détaillés (Temps pour arriver au pic)

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



Figure 17 : Résultats régionaux détaillés. TTP

7 Aperçu des résultats

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

7.1 Résultats axe long LV (apical)

QStrain fournit la liste de résultats suivante :

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

7.2 Résultats axe court (SAX)

QStrain fournit la liste de résultats suivante :

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

• SD-Ph%-RS (seulement lorsque la vue Phase AHA est sélectionnée, et que le contour EPI est segmenté)

7.3 Résultats atrium

QStrain fournit la liste de résultats suivante :

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

7.4 Axe long RV (ventricule droit)

QStrain fournit la liste de résultats suivante :

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

8 Création de rapport

Les résultats de QStrain sont mis à disposition dans le volet Résultats de Medis Suite et dans le rapport Medis Suite.



Figure 18 Rapport Medis Suite avec résultats QStrain

•

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

• Appuyez sur F1.



Sélectionnez le bouton de menu principal Medis Suite dans le coin en haut à droite
 Aide > Documents de l'utilisateur

•

9 Sessions

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

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

• Appuyez sur F1.



Sélectionnez le bouton menu principal de Medis Suite dans le coin en haut à droite
 Aide > Documents de l'utilisateur

Référence

10 Raccourcis

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

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

11 Paramètres / Mesures

11.1 Paramètres de déformation

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

11.2 Paramètres de vélocité

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

11.3 Paramètres de déplacement

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

11.4 Paramètres de vitesse de déformation

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

11.5 Paramètres généraux

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