

# suiteHEART<sup>®</sup>-Software

cMRI-Analyse-Software

Bedienungsanleitung

**NeoSoft, LLC**

**NEO**SOFT

NS-03-039-0005 Rev. 2  
Copyright 2020 NeoSoft, LLC  
Alle Rechte vorbehalten

# Revisionsverlauf

Revision	Datum	Änderungsbeschreibung	Sicherheitsspezifisches Update (Ja/Nein)
1	23APR2019	Für Produktversion 5.0.0 aktualisiert. Vorheriges Handbuch NS-03-008-0009, Rev. 15	Nein
2	30NOV2019	Für Produktversion 5.0.1 aktualisiert.	Nein

## Hersteller



NeoSoft, LLC  
N27 W23910A Paul Road  
Pewaukee, WI 53072, USA

Telefon: 001 262 522 6120  
Web: [www.neosoftllc.com](http://www.neosoftllc.com)

Vertrieb: [orders@neosoftmedical.com](mailto:orders@neosoftmedical.com)  
Service: [service@neosoftmedical.com](mailto:service@neosoftmedical.com)

Die Bedienungsanleitung für dieses Gerät wird elektronisch im PDF-Format bereitgestellt. Für die Anzeige der Bedienungsanleitung ist ein PDF-Viewer erforderlich. Auf Anfrage kann eine Hardcopy der Bedienungsanleitung kostenlos innerhalb von 7 Kalendertagen per E-Mail an [service@neosoftmedical.com](mailto:service@neosoftmedical.com) bereitgestellt werden.

Die Bedienungsanleitung kann wie folgt aufgerufen werden:

1. Klicken Sie nach dem Start der Anwendung auf „Hilfe“ oder „Infos“ auf dem Hauptbildschirm. Wählen Sie die Option „Bedienungsanleitung“ aus. Die Bedienungsanleitung wird im PDF-Viewer geöffnet.
2. Wenn das ursprüngliche Installationspaket von NeoSoft verfügbar ist, öffnen Sie die ZIP-Datei, navigieren Sie zum Ordner „Dokumentation“ und anschließend zum Ordner „Bedienungsanleitung“. Klicken Sie auf die Datei Use.pdf in Ihrer Sprache (EN für Englisch, FR für Französisch, DE für Deutsch, EL für Griechisch, IT für Italienisch, LT - Litauisch, ES - Spanisch, SV - Schwedisch, TR - Türkisch, RO - Rumänisch und NL - Niederländisch).
3. Navigieren Sie zu dem Ordner, der die Anwendung enthält. Machen Sie den Ordner „Dokumentation“ ausfindig, öffnen Sie den Ordner „Bedienungsanleitung“ und klicken Sie auf die Datei Instructions for Use.pdf in Ihrer Sprache (EN für Englisch, FR für Französisch, DE für Deutsch, EL für Griechisch, IT für Italienisch, LT - Litauisch, ES - Spanisch, SV - Schwedisch, TR - Türkisch, RO - Rumänisch und NL - Niederländisch).
4. Elektronische Kopien der Bedienungsanleitung sind für mindestens 15 Jahre nach dem letzten Herstellungsdatum zudem unter [www.neosoftllc.com/neosoft/product\\_manuals/](http://www.neosoftllc.com/neosoft/product_manuals/) erhältlich.

# Richtlinie für Medizinprodukte

Dieses Produkt entspricht den Anforderungen der Richtlinie 93/42/EWG des Rates über Medizinprodukte, wenn es mit der folgenden CE-Konformitätskennzeichnung versehen ist:



Europäische Vertretung:



EMERGO EUROPE  
Prinsessegracht 20  
2514 AP The Hague  
The Netherlands

Kanada:

Health Canada Geräte-Lizenznummer: 99490



**VORSICHT:** *In den USA darf laut Bundesgesetz der Verkauf nur von Ärzten oder auf Anweisung eines Arztes erfolgen.*

# Inhaltsverzeichnis

Richtlinie für Medizinprodukte i

## **Sicherheit 1**

- Einführung 1
- Einsatzgebiete 2
- Verwendungszweck 2
- Unterstützte DICOM-Bildformate 2
- Sicherheitshinweise 3
- Gerätegefahren 3

## **Erste Schritte 4**

- Anwendung starten und beenden 4
  - Die suiteHEART®-Software starten 4
  - Die suiteHEART®-Software beenden 5

## **Übersicht über die Benutzeroberfläche 6**

- Übersicht 6
- Analyse-/Viewer-Modi 7
  - Serien-Navigation 7
- Editor-Fenster und Modus-Ansicht 8
  - Dateimenü-Optionen 8
  - Werkzeugmenü-Optionen 8
  - Hilfemenü-Optionen 9
  - Bildansichts-Bedienelemente 9
- Modus-Ansichten 10
  - Filmmodus 10
  - Matrix-Modus 10
  - Querverweis-Modus 11
  - Bildbearbeitungs-Werkzeuge 12
- Tastenkombinationen 14
- Analyseansicht 16
  - Analyseansichts-Prüfung 17
- Befund-Ansicht 20
- DB durchsuchen 21
  - Funktionen des Fensters „Datenbank durchsuchen“ 21
  - Verfahren zum Durchsuchen der Datenbank 22

## **Bildverwaltungswerkzeuge 23**

- Viewer **23**
  - Viewer-Funktionen **24**
- Vergleichsmodus **27**
  - Beispiel eines Arbeitsablaufs **29**

## **Einstellungen definieren 31**

- Einstellungen festlegen **31**
  - Globale Einstellungen **31**
  - Vorlageneinstellungen **38**
  - Makro-Einstellungen **42**
  - Druckeinstellungen **44**
  - Einstellungen importieren **45**
  - Einstellungen exportieren **45**

## **Virtual Fellow™ 46**

- Vorbereitung mittels Virtual Fellow™ **47**
- Benutzeroberfläche von Virtual Fellow™ **48**
  - Werkzeuge der Benutzeroberfläche von Virtual Fellow™ **48**
  - Ansichtsprotokoll **50**
  - Tastatur-Shortcuts **51**
  - Auswahl einer Serie für Ansichtsprotokolle durch Benutzer **52**
  - Auswahl einer Serie für Querverweis-Längsachsen-Darstellungsfenster durch Benutzer **53**
  - Einstellung der apikalen Langachsen-Richtung für Virtual Fellow™ **53**

## **Bearbeiten von Konturen 54**

- Konturbearbeitungsoptionen **54**
  - Herkömmliche Bearbeitung **54**
  - Bearbeitungswerkzeug **55**
  - Löschen einer Kontur **56**

## **Funktionsanalyse 57**

- Ventrikel **58**
  - Indexmessungen berechnen **58**
  - Automatische LV- und RV-Segmentierung **58**
  - Verfahren zur manuellen LV- und RV-Funktionsanalyse **62**
  - Interpolationsfunktion **66**
  - Ergebnisse der ventrikulären Funktionsanalyse **69**
  - Linksventrikuläre regionale Analyse **71**
  - Dyssynchronie-Analyse **72**
  - Verfahren der schnellen LV-Funktionsanalyse **73**
- Vorhöfe **74**
  - Verfahren zur manuellen LA- und RA-Funktionsanalyse **74**
  - Verfahren zur schnellen LA- oder RA-Funktionsanalyse **75**
  - Atriale Abmessungen und Bereich **75**

- Lineare Messungen **76**
  - Einrichtung der linearen Messung **76**
- Analyse der Klappenebene **78**

## **Flussanalyse 80**

- Komponenten des Fensters „Fluss“ **81**
- Flussanalyse **82**
  - Flussergebnisse erstellen **82**
  - Konturen bearbeiten **87**
  - Optionen für die Grundlinienkorrektur **88**
  - Flusskurvenoptionen **91**
  - Benutzerdefinierte Spitzengeschwindigkeit **92**
  - Anzeigemodi **93**
  - Flussergebnisse überprüfen **96**
- Registerkarte Qp/Qs **97**
  - Qp/Qs berechnen **98**
- Bezeichnungen auf Registerkarten ändern **99**

## **Myokardiale Beurteilung 100**

- ME-Verfahren zur quantitativen Analyse **101**
  - Late Enhancement **101**
- Polardiagramm-Anzeigeformate **103**
  - T2-Analyse **104**
- Kombinationsanalyse **107**
  - Late Enhancement und T2 **107**
  - Signaldifferenzial-Ergebnisse **111**

## **T1-Mapping-Analyse 112**

- T1-Mapping-Analyse starten **112**
  - T1-Analyse-Verfahren **113**
  - Post-enhancement T1-Analyseverfahren **113**
  - Parametrische Farbdarstellung **114**
  - ECV-Quantifizierung **114**
  - Erstellung einer 16-Segment-Polar-Darstellung **114**
  - Löschen von Konturen **115**
  - T1-Kurven überprüfen **115**

## **T2-Mapping-Analyse 116**

- T2-Mapping-Analyse starten **116**
  - T2-Analyse-Verfahren **117**
  - Parametrische Farbdarstellung **117**
  - Erstellung einer 16-Segment-Polar-Darstellung **117**
  - Löschen von Konturen **118**
  - T2-Kurven überprüfen **118**

## **Zeitverlaufsanalyse 119**

- Durchführen einer Zeitverlaufsanalyse **121**
  - Konturen bearbeiten **122**
  - Ergebnisse überprüfen: Polardiagramm mit 16 Segmenten **122**
  - Grafische/tabellarische Ergebnisse überprüfen **122**
  - Relativen Anstieg (RU) und Reserveindex (RI) berechnen **123**
  - Definition der Parameter, die aus der Zeitverlaufskurve berechnet werden **124**

## **Analyse eines persistierenden Foramen ovale (PFO) 125**

- PFO starten **125**
  - Atriale Anatomie auswählen **126**
  - LA-Intensitätskurve (Linkes Atrium) generieren **126**
  - RA-Intensitätskurve (Rechtes Atrium) generieren **126**
  - Kurvendaten überprüfen und Phasenbereich auswählen **127**
  - Bearbeiten von Konturen **128**
  - Löschen von Konturen **128**
  - Endgültige Kurvenergebnisse überprüfen **128**

## **T2Star 129**

- Verfahren zur Herzanalyse **130**
  - Farbdarstellung des Myokards erstellen **131**
  - Anpassen der Parameter **132**
  - T2Star-Ergebnisse überprüfen **132**
  - T2Star-Kurve überprüfen und aktualisieren **132**

## **3D-/4D-Viewer 134**

- 3D-/4D-Viewer-Komponenten **135**
- 3D-/4D-Viewer-Layout und Serienerstellungsergebnisse **140**

## **Strukturierte Befunderstellung 148**

- Befundinhalt definieren **148**
- Strukturierte Befundansicht **148**
  - Registerkarte „Anamnese“ **148**
  - Registerkarte „Erkenntnis“ **150**
  - Registerkarte „Bilder“ **151**
  - Register „Polardiagramme“ **153**
  - Befundvorschau **155**
  - Untersuchung genehmigen **155**
  - Exportoptionen **157**
  - Genehmigte Untersuchung überprüfen **158**

## **Befunddatenbank 159**

- Verfahren für das Werkzeug Befunddatenbank **160**
  - Fenster „Datenbankwerkzeuge öffnen“ **160**
  - Suchkriterien auswählen **160**

- Abfrage erstellen **160**
- Die Suche aktivieren **161**
- Ergebnisse anzeigen **162**
- Abfrage speichern **163**
- Favoriten löschen **164**
- Suchergebnisse in eine HTML-Datei exportieren **165**
- Datenbank exportieren **165**
- Datenbank importieren **166**

## **Tablet-Modus 167**

- Tablet-Modus aktivieren **167**
- Bildbearbeitungs-Werkzeuge **168**

## **Anhang**

- Technische Referenz **169**
  - Anhang A – Referenzartikel **169**
  - Anhang B – Beispiel für Funktionsanalyse der Scanebene **170**
  - Anhang C – Unterstützte Hersteller **172**

## **Ziffern 173**

# Sicherheit

## Einführung

Bevor die Software eingesetzt wird, ist es unabdingbar, diesen Abschnitt über die Sicherheit und alle dazugehörigen Themen zu lesen, um den sicheren und effizienten Einsatz zu gewährleisten. Es ist wichtig, dass Sie den Inhalt dieser Bedienungsanleitung lesen und verstehen, bevor Sie dieses Produkt einsetzen. Die Verfahren und Sicherheitsvorkehrungen sollten in regelmäßigen Abständen überprüft werden.

Die Software darf nur von ausgebildetem und qualifiziertem Personal eingesetzt werden.

Die Nutzungsdauer der suiteDXT-/suiteHEART®-Software liegt erwartungsgemäß bei 7 Jahren ab dem ursprünglichen Veröffentlichungsdatum.



**VORSICHT:** In den USA darf laut Bundesgesetz der Verkauf, der Vertrieb und die Anwendung nur durch Ärzte oder auf Anweisung eines Arztes erfolgen.

Die Begriffe Gefahr, Warnung und Achtung weisen im gesamten Handbuch auf Risiken hin und geben deren Schweregrad an. Risiko wird als mögliche Quelle für eine Personenverletzung definiert. Machen Sie sich mit der Beschreibung der Terminologie in der folgenden Tabelle vertraut:

Tabelle 1: Sicherheitsterminologie

Grafik	Definition
 <b>GEFAHR:</b>	„Gefahr“ wird verwendet, um auf Bedingungen oder Handlungen hinzuweisen, bei denen ein spezifisches Risiko besteht, das zu schweren Verletzungen, zum Tod oder zu schwerwiegenden Sachschäden führen <u>wird</u> , wenn die Anleitungen missachtet werden.
 <b>WARNUNG:</b>	„Warnung“ wird verwendet, um Bedingungen oder Handlungen zu identifizieren, für die eine bestimmte Gefahr bekannt ist.
 <b>VORSICHT:</b>	„Vorsicht“ wird verwendet, um Bedingungen oder Handlungen zu identifizieren, für die eine potenzielle Gefahr bekannt ist.

## Einsatzgebiete

Die suiteHEART®-Software ist ein analytisches Software-Werkzeug, das reproduzierbare Werkzeuge für das Auswerten und Erstellen von Befunden basierend auf medizinischen Bildern bereitstellt. Die suiteHEART®-Software kann medizinische Bilder von einem MR-System importieren und im Ansichtsbereich des Computer-Bildschirms anzeigen. Der Ansichtsbereich gestattet den Zugriff auf mehrere Studien und Serien von mehrschichtigen, mehrphasigen Bildern. Mehrphasige Bildsequenzen können zur besseren Veranschaulichung im Filmmodus angezeigt werden.

Außerdem steht eine Benutzeroberfläche für die Befundeingabe zur Verfügung. Für eine bildgebende Untersuchung kann mit den Messwerkzeugen der Befundoberfläche schnell und zuverlässig ein kompletter klinischer Befund erstellt werden. Zu den verfügbaren Werkzeugen gehören: Messwerkzeuge für Punkt, Abstand, Fläche und Volumen sowie Messung von Auswurfraction, Herzleistung, enddiastolischem Volumen, endsystolischem Volumen und Volumenfluss.

Für die linksventrikuläre Konturenerfassung, für die Bestimmung der Klappenebene, für die Gefäßkonturerfassung zur Flussanalyse, für die Analyse der Signalintensitäten für das Myokard, für die Bestimmung der Größe eines Infarkts und die T2 Star-Analyse sind halbautomatische Werkzeuge verfügbar.

Der Arzt wertet die mit den Messwerkzeugen ermittelten Ergebnisse aus und teilt sie ggf. dem überweisenden Arzt mit.

Wenn die Messergebnisse von einem erfahrenen Arzt interpretiert werden, können diese Werkzeuge für die Erstellung einer Diagnose nützlich sein.

## Verwendungszweck

Die suiteHEART®-Software wurde zur Unterstützung von klinischem Fachpersonal bei der Qualifizierung und Quantifizierung der Herzfunktion konzipiert. Die Software bietet Werkzeuge, um die Parameter der DICOM-Bilder anzupassen, und stellt zudem Darstellungsmöglichkeiten verschiedener MRT-Bilder des Herzens und der Blutgefäße im Zeitverlauf bereit, die für den Anwender sehr nützlich sind. Zusätzlich bietet die Software Werkzeuge zur Messung linearer Abstände, Flächen und Volumen, die für die Quantifizierung der Herzfunktion eingesetzt werden können. Und abschließend stellt die Software Werkzeuge für Volumenstrommessungen bereit und ermöglicht die Berechnung der Flusswerte.

## Unterstützte DICOM-Bildformate

Die suiteHEART®-Software unterstützt die folgenden DICOM-Formate: MR und Enhanced MR. Weitere Hinweise zu unterstützten Formaten finden Sie im DICOM-Konformitätserklärungshandbuch der suiteHEART®-Software.



**VORSICHT:** Als DICOM-Bilder gespeicherte Daten, die von einem externen PACS-System importiert wurden, werden möglicherweise von der suiteHEART®-Software nicht erkannt.

## Sicherheitshinweise



**WARNUNG:** Die Anwendung unterstützt den Anwender nur in der Analyse der Bilder. Sie liefert nicht automatisch quantifizierbare Ergebnisse. Die Verwendung und Beurteilung der quantitativen Messergebnisse bleiben dem Anwender überlassen. Falls die Messungen ungenau sind, kann es zu Fehldiagnosen kommen. Messungen sollten nur von entsprechend ausgebildeten und qualifizierten Benutzern vorgenommen werden.



**WARNUNG:** Artefakte in Bildern können falsch interpretiert werden, woraus Fehldiagnosen folgen. Verwenden Sie für die Diagnose keine Bilder, die Artefakte enthalten. Analysen sollten nur von entsprechend ausgebildeten und qualifizierten Benutzern durchgeführt werden.



**WARNUNG:** Falls Bilder nicht den Namen des Patienten oder die Patienten-ID enthalten, kann eine Diagnose einem falschen Patienten zugeordnet werden. Verwenden Sie für eine Diagnose keine Bilder, die nicht den Patientennamen und die Patienten-ID enthalten. Bestätigen Sie vor der Analyse durch Sichtkontrolle die Patienteninformationen.



**VORSICHT:** Die Verwendung von Bildern, auf welche ein Bildfilter angewandt wurde, kann zu veränderten Ergebnissen führen. Der Anwender muss beurteilen, ob in der Pixelintensität korrigierte Bilder analysiert werden dürfen. Wenn Bilder, welche gefiltert wurden, geladen werden, wird von der Software eine Warnmeldung angezeigt.

## Gerätegefahren



**VORSICHT:** Die Verwendung von beschädigter oder beeinträchtigter Ausrüstung setzt den Patienten durch Verzögerung der Diagnose einem Risiko aus. Stellen Sie sicher, dass sich die Ausrüstung in einwandfreiem Zustand befindet.



**VORSICHT:** Die Anwendungen werden möglicherweise auf Geräten ausgeführt, die über ein oder mehrere Festplattenlaufwerke verfügen, die medizinische Daten von Patienten enthalten können. In manchen Ländern unterliegen solche Geräte Vorschriften bezüglich der Verarbeitung von personenbezogenen Daten und der freien Verbreitung solcher Daten. Abhängig von der zuständigen Aufsichtsbehörde kann die Weitergabe von personenbezogenen Daten zu gerichtlichen Schritten führen. Es wird dringend empfohlen, den Zugriff auf Patientendateien abzusichern. Der Anwender ist für die Anwendung der Datenschutzbestimmungen für Patienten verantwortlich.

# Erste Schritte

## Anwendung starten und beenden

Die suiteHEART®-Software ist eine Anwendung, mit der Studien für MRT-Herzuntersuchungen (Magnetresonanztomografie) ausgewertet und analysiert und Befunde erstellt werden können. Diese Bedienungsanleitung enthält eine ausführliche Beschreibung der Benutzeroberfläche der suiteHEART®-Software und des Arbeitsablaufs für die quantitative Analyse von MRT-Herzbildern.

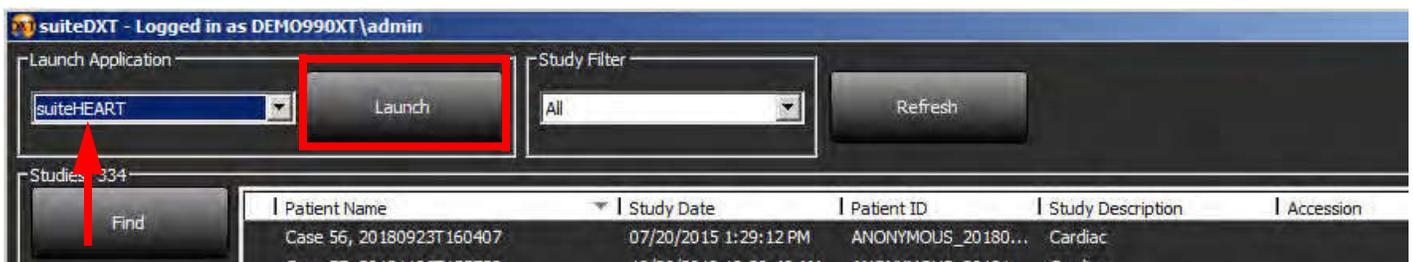
### Die suiteHEART®-Software starten

1. Starten Sie suiteDXT über den Desktop-Shortcut.

**HINWEIS:** Beide Software-Anwendungen, suiteDXT und suiteHEART®, müssen gleichzeitig ausgeführt werden, um den erforderlichen Dateitransfer zwischen beiden Anwendungen zu gewährleisten.

2. Wählen Sie die suiteHEART®-Software im Dropdown-Menü Anwendung starten auf dem Hauptbildschirm aus.

ABBILDUNG 1. Anwendung starten



3. Wählen Sie eine Studie aus der Liste aus und führen Sie einen der folgenden Schritte durch:

- Klicken Sie auf die Schaltfläche Start.
- Klicken Sie mit der rechten Maustaste und wählen Sie Start mit <ausgewählte Anwendung> aus.
- Doppelklicken Sie auf die Studie.

4. Untersuchungen, die Bilder mit Pixelintensitätsfiltern enthalten, werden vor dem Öffnen der Untersuchung in einem Meldungsfeld angezeigt.

**HINWEIS:** Die Bildschirmauflösung muss auf 1920x1080 oder höher eingestellt sein, sonst startet die Software nicht.

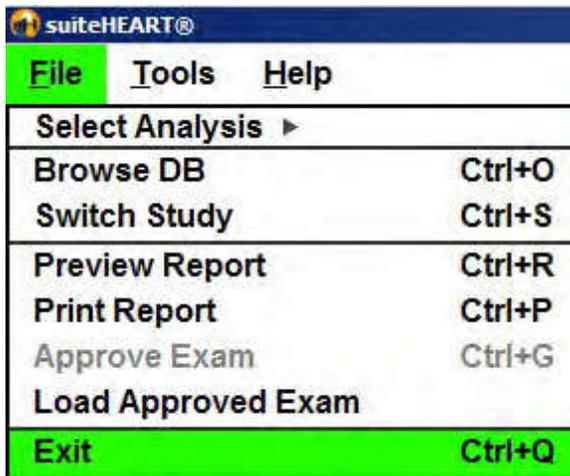


**WARNUNG:** Bei der Verwendung von Bildern, auf die Pixelintensitätsfilter für die Analyse angewandt wurden, kann es zu ungenauen Ergebnissen kommen.

# Die suiteHEART®-Software beenden

Um die Anwendung zu beenden, wählen Sie **Datei > Beenden** aus.

ABBILDUNG 2. Die suiteHEART®-Software schließen



# Übersicht über die Benutzeroberfläche

## Übersicht

Die Benutzeroberfläche der suiteHEART®-Software ist in drei Hauptbereiche unterteilt (siehe Abbildung 1).

- Analyseansicht: Stellt Analysewerkzeuge für jeden Analysemodus bereit.
- Bildansicht: Bietet schnellen Zugriff auf Bildanalyse- und Überprüfungsfunktionen.
  - Enthält Miniaturansichten, Editor-Fenster und Modus-Ansicht.
- Befundansicht: Stellt die Werkzeuge für die strukturierte Befunderstellung bereit.

**ABBILDUNG 1. Drei Hauptbereiche: Analyseansicht, Bildansicht, Befundansicht**



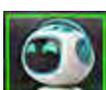
# Analyse-/Viewer-Modi

Tabelle 1: Analyse-Modi

						
Funktionsanalyse	Flussanalyse	Myokardiale Beurteilung	T1 Mapping	T2 Mapping	Zeitverlaufsanalyse	T2 Star-Analyse

**HINWEIS:** Die Patent Foramen Ovale(PFO)-Analyse kann aus dem Datei-Pulldown-Menü oder mit Strg+5 auf der Tastatur ausgewählt werden.

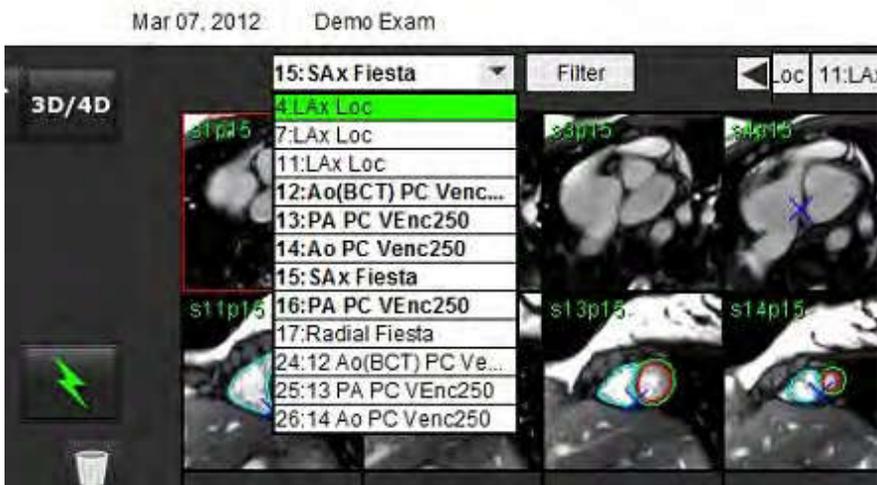
Tabelle 2: Viewer-Modi

		
Viewer	Virtual Fellow™	3D-/4D-Viewer

## Serien-Navigation

Verwenden Sie die linken und rechten Pfeiltasten im oberen Bereich der Bildansicht, um Bilder anzuzeigen oder zwischen Serien innerhalb der ausgewählten Studie zu wechseln. Das Pulldown-Menü für Seriendateien links neben der Schaltfläche „Filter“ kann auch für die Auswahl von Serien verwendet werden. Serien, für die Analysen oder Untersuchungsgebiete vorhanden sind, erscheinen in Fettdruck (siehe Abbildung 2).

ABBILDUNG 2. Serien-Navigation



# Editor-Fenster und Modus-Ansicht

Wenn Sie mit der rechten Maustaste auf ein Bild in der Bildansicht klicken, werden die Bildbearbeitungs-Werkzeuge aktiviert.

Tabelle 3: Bildbearbeitungs-Werkzeuge

	Fenster/Ebene
	Schwenken
	Zoom
	Drehen
	Spiegeln
	Zum Befund senden
	Scan-Parameter
	Zurücksetzen

## Dateimenü-Optionen

**Analyse auswählen** – Wählt den Analysemodus (Funktion, Fluss, Myokardiale Beurteilung, Zeitverlauf, PFO, T2Star, T1-Mapping, T2-Mapping und 3D/4D) aus.

**DB durchsuchen** – Öffnet die lokale Datenbank.

**Studie auswechseln** – Listet alle verfügbaren Studien für den schnellen Zugriff auf.

**Befundvorschau** – Voransicht des formatierten Befunds.

**Befund drucken** – Druckt den Befund.

**Untersuchung genehmigen** – Genehmigt und sperrt einen abschließenden Befund mit einer Unterschrift.

**Genehmigte Untersuchung laden** – Stellt einen zuvor geöffneten Befund wieder her.

**Beenden** – Schließt die Anwendung, wobei die Ergebnisse der gegenwärtigen Analyse in einer Serie der sekundären Erfassung (SCPT - Secondary Capture) gespeichert werden.

## Werkzeugmenü-Optionen

### Einstellungen >

**Einstellungen bearbeiten** – Öffnet den Editor der Einstellungen, um die Einstellungen des Systems und der Vorlagen festzulegen.

**Einstellungen importieren** – Stellt die Benutzereinstellungen und Makros wieder her.

**Einstellungen exportieren** – Exportiert alle Benutzereinstellungen.

### Exportieren >

**Befund exportieren** – Erstellt einen Befund basierend auf aktuellen Analysen und speichert ihn als Serie der sekundären Erfassung (SCPT).

**Befund in Excel exportieren** – Erstellt eine Excel-Kalkulationstabelle mit Analyseergebnissen.

**Film-DICOM exportieren** – Speichert einen DICOM-Film der aktuell ausgewählten Serie als SCPT-Datei.

**Filmdateien exportieren** – Exportiert aktuell ausgewählte Serienbilder in eines der ausgewählten Dateiformate. Verfügbare Formate: komprimiertes QuickTime-Movie, JPEG, TIFF, GIF, PNG oder unkomprimiertes AVI-Movie.

**Nach Matlab exportieren** – Exportiert eine Mat-Datei in binärer Form (nur mit Lizenz verfügbar).

**Befund in XML exportieren** – Exportiert den Befund als eine XML-Datei.

### Befunddatenbank

**Beschriftung umschalten** – Schaltet die Anzeige der Beschriftungen im Untersuchungsbereich ein oder aus.

**Linienstärke umschalten** – schaltet die Linienstärke von Beschriftungen um.

**Querverweis-Referenzlinien umschalten** - schaltet die Querverweis-Referenzlinien auf Bildern um.  
**FOV umschalten** – Schaltet das Sichtfeld um.  
**Fenster/Ebene umkehren** – Kehrt die Ansicht des Fensters/der Ebene um.

## Hilfemenü-Optionen

**Bedienungsanleitung** – suiteHEART®-Software – Bedienungsanleitung  
**DICOM-Konformitätserklärung** – suiteHEART®-Software – DICOM-Konformitätserklärung  
**Über suiteHEART®** – Versionsinformationen zur Anwendung  
**Tastenkombinationen** – Tastaturfunktionen

## Bildansichts-Bedienelemente

Der Phasen-Schieberegler  steuert die Filmphasenauswahl.

Die Symbole der Bildschritte  ermöglichen eine schichtweise Navigation, wenn die Miniaturansicht in Schichten oder Phasen angezeigt wird.

Auf der Tastatur steuern die linken und rechten Pfeiltasten die Navigation zwischen den Schichten und die Aufwärts- und Abwärtspfeiltasten die Navigation zwischen den Phasen (je nachdem, was in den Einstellungen gewählt wurde).

**HINWEIS:** Die x-(Schicht) und y-(Phase) Achse kann getauscht werden. Weitere Hinweise finden Sie in [Abbildung 4](#), „Bereich „Verschiedenes““, auf Seite 35. Wenn die Achsen getauscht werden, sollte die Anwendung neu gestartet werden.

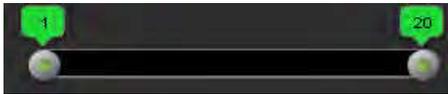
# Modus-Ansichten

Die Modus-Ansicht wird in drei verfügbaren Formaten bereitgestellt:

## Filmmodus



– Film: Steuert, wie ein Filmbild im Movie-Modus angezeigt wird.



– Filmmodus-Leiste: Definiert den Start- und End-Frame des Cine-Movie.



– Frames pro Sekunde (FPS): Klicken Sie auf den Pfeil, oder geben Sie einen Wert in das Textfeld ein, um die Filmgeschwindigkeit zu ändern.



– Symbol für Abspielen: Befindet sich neben der Filmmodus-Leiste.



– Symbol für Anhalten: Befindet sich neben der Filmmodus-Leiste.

## Matrix-Modus



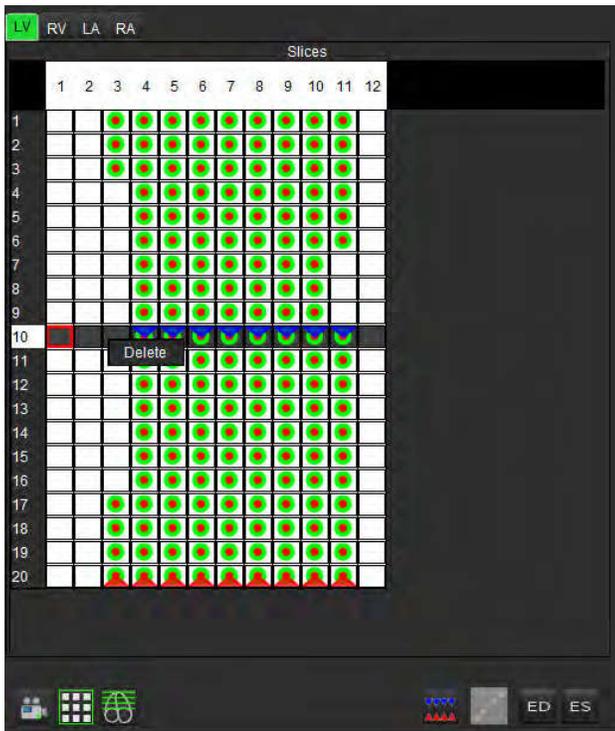
Symbol für Matrix-Modus: Zeigt ein Raster von Bildern in Schichten/Phasen an.

Die für die Analyse ausgewählten Bilder sind hervorgehoben. Die endokardialen und epikardialen Konturen sind sichtbar gemacht. Der Matrix-Modus kann für die Phasen-Navigation eingesetzt werden. Die Schaltflächen **ED** und **ES** können verwendet werden, um die entsprechenden Phasen in der Matrix auszuwählen. Wenn in einer Matrix-Zelle geklickt wird, wird dadurch die Schicht in die Bildbearbeitung geladen.

Der Matrix-Modus unterstützt die Löschung von Konturen auf einer Schichtposition innerhalb einer Zeile oder Spalte. Er wird durch Auswahl der Schicht- oder Phasennummer, Durchführung eines rechten Mausklicks und Auswahl von „Löschen“ ausgelöst. Konturen aus Einzelphasen oder Phasen-/Schichtgruppen lassen sich auch durch direktes Auswählen der gewünschten Phasen- und Schichtpositionen, Durchführung eines rechten Mausklicks und Auswahl von „Löschen“ durchführen.

**HINWEIS:** Die x-(Schicht) und y-(Phase) Achse kann getauscht werden. Weitere Hinweise finden Sie in [Abbildung 4](#), „Bereich „Verschiedenes““, auf Seite 35. Wenn die Achsen getauscht werden, sollte die Anwendung neu gestartet werden.

ABBILDUNG 3. Matrix-Modus



Der Matrix-Modus wird zur Prüfung und Zuweisung der endsystolischen und enddiastolischen Phasen verwendet. Der Modus kann für „Einzelner ED/ES“ verwendet werden, wenn sich die Herzfrequenz während der Aufnahme verändert, um eine genaue Messung der enddiastolischen und endsystolischen Volumina zu ermöglichen. Wählen Sie die Schaltfläche „ES“ aus und klicken Sie im Matrix-Modus auf die Zellen, um diese spezifische Schicht/Phase als endsystolisch zu kennzeichnen. Wählen Sie die Schaltfläche „ED“ aus, und klicken Sie im Matrix-Modus auf die Zellen, um diese bestimmte Schicht/Phase als enddiastolisch zu kennzeichnen. Wenn die endsystolischen und enddiastolischen Bilder ausgewählt werden, werden die Volumen automatisch neu berechnet.

## Querverweis-Modus

Wenn im Fenster „Bildbearbeitung“ derzeit die Kurzachsenansicht eines Bildes angezeigt wird, zeigt der Modus **Querverweis** die Langachsenansicht an. Die Langachsenansicht ist eine orthogonale Schicht in einem Winkel des im Editor-Fenster angezeigten Bildes. Es stehen ein Dropdown-Menü aller verfügbaren orthogonalen Schichten und eine Schaltfläche zur Verfügung, um die Anzeige der Querverweis-Schichtkennzeichnung umzuschalten. Navigieren Sie mit dem Minus- und Pluszeichen zwischen den Schichtpositionen.

ABBILDUNG 4. Bedienelemente der Querverweise



ABBILDUNG 5. Symbol für Querverweis-Modus

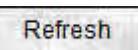
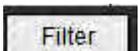


# Bildbearbeitungs-Werkzeuge

Tabelle 4: Symbole und Namen

	Umschaltfläche Schicht/Phase prüfen.
	Fenster/Ebene – Auswählen und unter Verwendung der mittleren Maustaste Anpassungen vornehmen.
	Schwenken – Auswählen und unter Verwendung der mittleren Maustaste Anpassungen vornehmen.
	Zoom – Auswählen und unter Verwendung der mittleren Maustaste Anpassungen vornehmen.
	Drehen – Auswählen und unter Verwendung der mittleren Maustaste Anpassungen vornehmen.
	Horizontal spiegeln – Spiegelt das Bild horizontal.
	Geltungsbereich „Alle“ – Wendet die Bildbearbeitung auf alle Schichten an.
	Geltungsbereich „Gegenwärtig bis Ende“ – Wendet die Bildbearbeitung von der aktuellen Schicht bis zur letzten Schicht an.
	Geltungsbereich „Nur Gegenwärtig“ – Wendet die Bildbearbeitung nur auf die aktuelle Schicht an.
	Darstellungsfenster-Layout – Viewer-Layout ändern.
	Vergleichsmodus – In Vergleichsmodus ändern.
	Überprüfungsmodus – In Überprüfungsmodus ändern.
	Querverweis-Referenzlinien anzeigen – Schaltet die Querverweis-Referenzlinien ein/aus.

Tabelle 4: Symbole und Namen

	Farbdarstellungsüberlagerung – Schaltet die Farbdarstellung der Schichtklassifizierung ein/aus.
	Zurücksetzen – Setzt die Einstellungen für Fenster/Ebene, Schwenken, Zoom und Drehen basierend auf der Geltungsbereichseinstellung auf den Standardwert zurück.
	Untersuchungsbereich (ROI) – Bietet Bereichs- und Umfangsmessungen.
	Fadenkreuz – Bietet eine Abtastung von Einzelpixeln.
	Linear – Stellt die Messung der direkten Entfernung bereit.
	Bezeichnung – Bietet die Möglichkeit, im Editor-Fenster vom Benutzer definierte Beschriftungen hinzuzufügen.
	Winkel – Stellt eine Winkelmessung bereit.
	Find Feature – Cross reference tool that automatically identifies and displays images that contain the same location
	Rückgängig – Für die Bearbeitung des Untersuchungsbereichs steht die Funktion „Rückgängig“ zur Verfügung.
	Aktualisieren – Klicken Sie auf diese Schaltfläche, um die Bildansicht mit neu vernetzten Bildern zu aktualisieren.
	Filter – Sortiert Serien nach Pulssequenzart gemäß dem Analysemodus. Kann durch Auswahl von ALLE abgewählt werden. Die Filter können unter „Einstellungen“ eingestellt werden. Die Schaltfläche „Filter“ ist grün, wenn ein Filter verwendet wird.

# Tastenkombinationen

Tabelle 5: Tastenkombinationen

Funktion	Maßnahme
Bild zoomen	Strg+Mittlere Maustaste
Bild drehen	Strg+Umsch+Mittlere Maustaste
Bild schwenken	Umsch+Mittlere Maustaste
Fenster/Ebene	Mittlere Maustaste
Film abspielen/anhalten	Leertaste
Befunddatenbank	Strg+D
Einstellungen bearbeiten	Strg+E
Sichtfeld umschalten	Strg+F
Untersuchung genehmigen	Strg+G
Fenster/Ebene umkehren	Strg+I
Dicklinige Beschriftung anzeigen	Strg+L
„DB durchsuchen“ öffnen	Strg+O
Befund drucken	Strg+P
Anwendung verlassen oder Beenden	Strg+Q
Befundvorschau öffnen	Strg+R
Studie auswechseln	Strg+S
Beschriftung umschalten	Strg+T
Querverweis-Referenzlinien umschalten	Strg+X
Rückgängig	Strg+Z
Funktion	Strg+1
Fluss	Strg+2
Myokardiale Beurteilung	Strg+3
Zeitverlauf	Strg+4
PFO	Strg+5
T2 Star	Strg+6
T1-Mapping	Strg+7
T2-Mapping	Strg+8

Tabelle 5: Tastenkombinationen

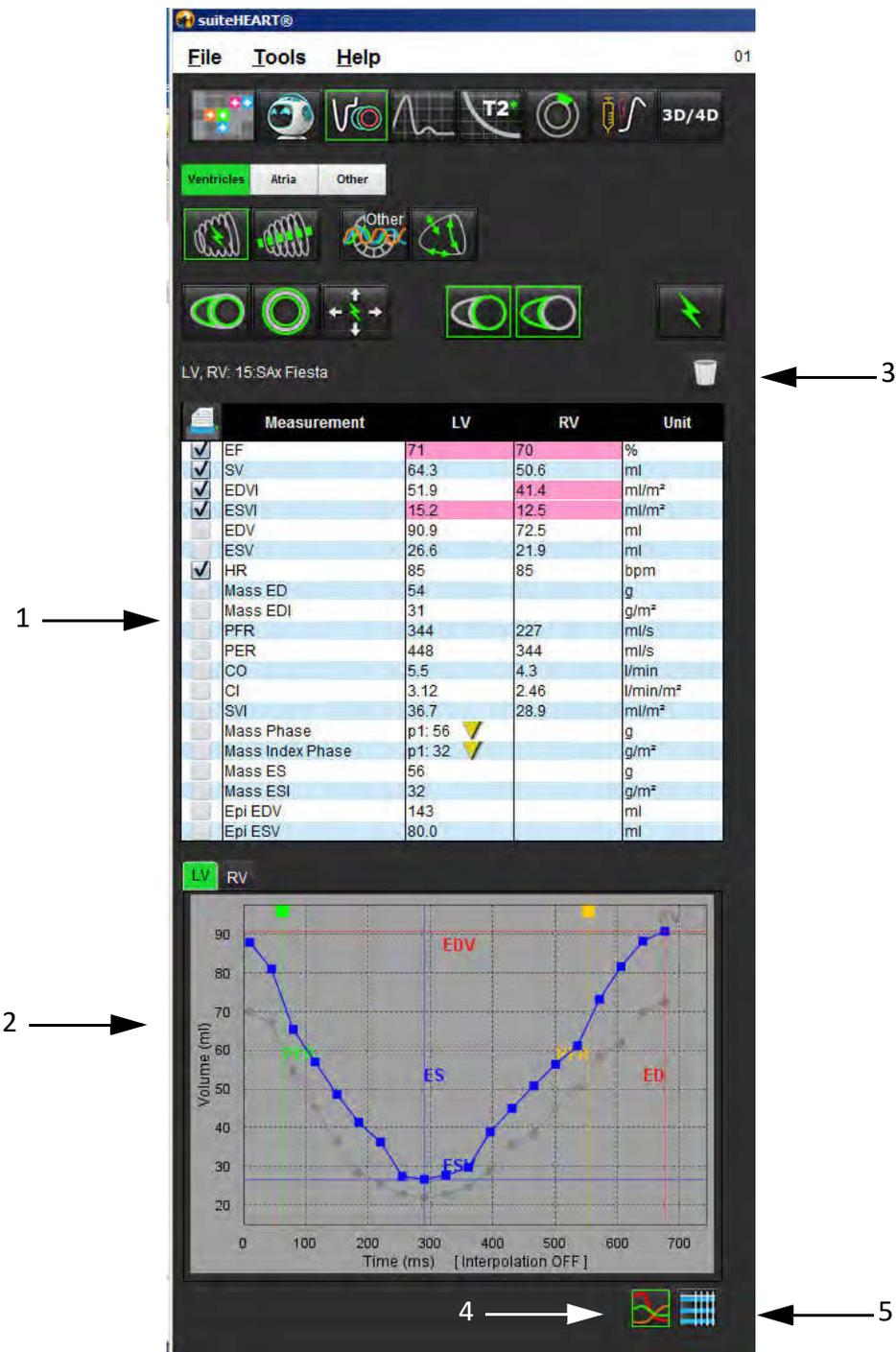
Funktion	Maßnahme
3D/4D	Strg+9
Zwischen Schichten navigieren*	Linke und rechte Pfeiltasten
Zwischen Phasen navigieren*	Aufwärts- und Abwärtspfeile

\*Die aktive Einstellung hängt davon ab, was in den Einstellungen gewählt wurde.

# Analyseansicht

Die Analyseansicht steht für jeden Analysemodus zur Verfügung.

ABBILDUNG 6. Analyseansichts-Funktionen



1. Messergebnistabelle, 2. Kurvenergebnisse, 3. Löschen, 4. Grafiken, 5. Tabellen

# Analyseansichts-Prüfung

## Messerggebnistabelle

ABBILDUNG 7. Ergebnisparameter: Klicken Sie auf das Feld neben dem Parameter, um die Aufnahme in den Befund aus- oder abzuwählen.

	Measurement	LV	RV	Unit
<input checked="" type="checkbox"/>	EF	57	57	%
<input checked="" type="checkbox"/>	SV	85.5	83.8	ml
<input checked="" type="checkbox"/>	EDVI	94.4	92.1	ml/m <sup>2</sup>
<input checked="" type="checkbox"/>	ESVI	40.8	39.6	ml/m <sup>2</sup>
<input type="checkbox"/>	EDV	150	147	ml
<input type="checkbox"/>	ESV	65.0	63.1	ml
<input checked="" type="checkbox"/>	HR	62	62	bpm
<input checked="" type="checkbox"/>	Mass ED	74		g
<input checked="" type="checkbox"/>	Mass EDI	46		g/m <sup>2</sup>
<input checked="" type="checkbox"/>	PFR	342	322	ml/s
<input checked="" type="checkbox"/>	PER	414	687	ml/s
<input checked="" type="checkbox"/>	CO	5.3	5.2	l/min
<input type="checkbox"/>	CI	3.32	3.26	l/min/m <sup>2</sup>
<input type="checkbox"/>	SVI	53.6	52.6	ml/m <sup>2</sup>
<input checked="" type="checkbox"/>	Mass Phase	p1: 75		g
<input checked="" type="checkbox"/>	Mass Index Phase	p1: 47		g/m <sup>2</sup>
<input checked="" type="checkbox"/>	Mass ES	79		g
<input checked="" type="checkbox"/>	Mass ESI	49		g/m <sup>2</sup>
<input checked="" type="checkbox"/>	Epi EDV	221		ml
<input checked="" type="checkbox"/>	Epi ESV	140		ml

**HINWEIS:** Klicken Sie direkt auf die Tabelle in der Spalte, um die Herzfrequenz einzugeben oder zu bearbeiten.

## Grafische und tabellarische Ergebnisse

Ergebnisse können als Grafik oder im Tabellenformat angezeigt werden, indem Sie auf das jeweilige Symbol in der unteren rechten Ecke der Analyseansicht klicken.

ABBILDUNG 8. Symbole Grafik (links) und Tabelle (rechts): Zeigt die Kurvenergebnisse an.



Tabelle 6: Analysewerkzeuge

 <p>Linksventrikulärer endokardialer Untersuchungsbereich</p>	 <p>Linksventrikulärer lokaler Untersuchungsbereich</p>
 <p>Linksventrikulärer epikardialer Untersuchungsbereich</p>	 <p>Linksventrikulärer Untersuchungsbereich, Blutpool</p>

Tabelle 6: Analysewerkzeuge

	Rechtsventrikulärer endokardialer Untersuchungsbereich
	Rechtsventrikulärer epikardialer Untersuchungsbereich
	Annulus der Mitralklappe
	Annulus der Triskupid-Klappe
	Rechtsventrikulärer Einfügapunkt
	Untersuchungsbereich, linksventrikulärer Papillarmuskel
	Untersuchungsbereich, rechtsventrikulärer Papillarmuskel
	Linksatrialer Untersuchungsbereich
	Rechtsatrialer Untersuchungsbereich
	Langachse, linksventrikulärer endokardialer Untersuchungsbereich
	Langachse, linksventrikulärer epikardialer Untersuchungsbereich
	Linksventrikulärer Septum-Untersuchungsbereich

# Befund-Ansicht

Die suiteHEART®-Software verfügt über vier Befundansichten für eine strukturierte Befunderstellung. Weitere Hinweise hierzu finden Sie unter „Strukturierte Befunderstellung“ auf Seite 148.

ABBILDUNG 9. Befund-Registerkarten

The screenshot displays a patient record form with the following data:

Name	Value
Study Date	Sep 14, 2017
Institution	
Referred By	
Copies To	
Description	Cardiac
Name	01 ALL MODES, 20171113T162436
ID	ANONYMOUS_20171113T162436_ID
Accession	
Age(years)	72
Sex	Female
Height(in)	63
Weight(lb)	139
BSA	1.66 [DuBois and DuBois]

Below the table are sections for HISTORY and NOTES, both currently empty. At the bottom right of the form, there are two icons: a magnifying glass and a checkmark.



– Befundvorschau: Wird für die Voransicht eines Befunds verwendet.

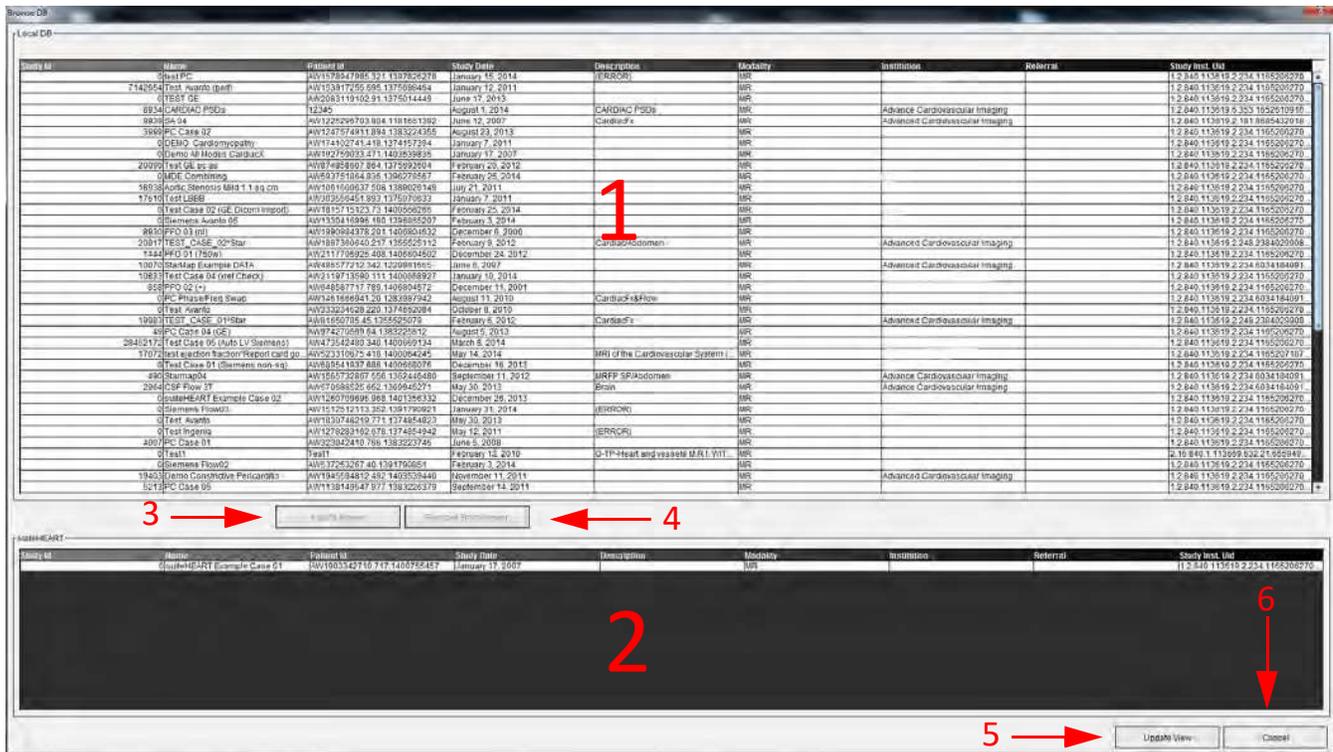


– Untersuchung genehmigen: Wird für die Unterzeichnung des Befunds verwendet.

# DB durchsuchen

Das Fenster „Datenbank durchsuchen“ zeigt eine Ansicht des aktuellen Inhaltes der lokalen Datenbank. Darin ist eine Ansicht der Untersuchungen in der lokalen Datenbank zusammen mit Bedienelementen enthalten, mit denen Sie auswählen können, welche Untersuchungen angezeigt oder der Liste mit den auswechselbaren Studien hinzugefügt werden sollen.

ABBILDUNG 10. Fenster DB durchsuchen



1. Lokale Datenbankliste, 2. suiteHEART®-Software-Datenbankbetrachter, 3. Schaltfläche Im Betrachter hinzufügen, 4. Schaltfläche Aus Betrachter entfernen 5. Schaltfläche Ansicht aktualisieren, 6. Schaltfläche Abbrechen

## Funktionen des Fensters „Datenbank durchsuchen“

Die Standardeinstellung für die Option **Datenbank durchsuchen** ist die lokale Datenbank.

1. **Lokale Datenbankliste** – Zeigt die in der lokalen Datenbank gespeicherten Untersuchungen an.
2. **suiteHEART®-Software-Datenbankbetrachter** – Zeigt Untersuchungen an, die sich in der aktuellen suiteHEART®-Software-Datenbank befinden.
3. **Zum Betrachter hinzufügen** – Fügt die ausgewählte Untersuchung aus der lokalen Datenbank (wird im oberen Teil des Fensters angezeigt) dem Ansichtsfeld der suiteHEART®-Software-Datenbank hinzu.
4. **Aus Betrachter entfernen** – Entfernt die Untersuchung aus dem Datenbank-Ansichtsfeld der suiteHEART®-Software.
5. **Ansicht aktualisieren** – Schließt das Fenster „Datenbank durchsuchen“ und bringt die im anzeigbaren Listenbereich befindlichen Untersuchungen in den Anwendungsbetrachter. Wird verwendet, um Untersuchungen in das Fenster **Studien auswechseln** einzufügen.
6. **Abbrechen** – Schließt das Fenster „Datenbank durchsuchen“, ohne den Inhalt zu ändern.

# Verfahren zum Durchsuchen der Datenbank

Untersuchungen können durch Auswahl aus der lokalen Datenbank, durch Hinzufügen zur suiteHEART®-Software-Datenbankbetrachter-Liste und durch Klicken auf **Ansicht aktualisieren** angezeigt werden.

## So werden Untersuchungen der Liste „Studie auswechseln“ der suiteHEART®-Software hinzugefügt

1. Klicken Sie auf **Datei > DB durchsuchen**.
2. Machen Sie die Untersuchung im Datenbankbetrachter ausfindig und klicken Sie darauf, um sie hervorzuheben.
3. Klicken Sie auf **Zum Betrachter hinzufügen**.
4. Klicken Sie auf **Ansicht aktualisieren**.
5. Die Untersuchung wird jetzt in der Liste **Studie auswechseln** der suiteHEART®-Software angezeigt.

## So werden Untersuchungen aus der Liste „Studie auswechseln“ der suiteHEART®-Software entfernt

1. Klicken Sie auf **Datei > DB durchsuchen**.
2. Suchen Sie die Untersuchung und klicken Sie dann auf **Aus Betrachter entfernen**.
3. Klicken Sie auf **Betrachter aktualisieren**.



**VORSICHT:** Löschen Sie nicht die Studie, die derzeit in der suiteHEART®-Software geöffnet ist.

Bevor Untersuchungen im Betrachter angezeigt werden können, müssen Sie in die suiteHEART®-Software geladen werden. Um zu lernen, wie Einträge in die Liste **Studie auswechseln** erfolgen, siehe „Verfahren zum Durchsuchen der Datenbank“.

## Studien innerhalb der suiteHEART®-Software auswechseln

1. Klicken Sie auf **Datei > Studie auswechseln**.  
Das Fenster **Verfügbare Studien** zeigt eine Liste aller Untersuchungen an, die zuvor mittels des Verfahrens **Datenbank durchsuchen** geladen wurden.
2. Wählen Sie die Untersuchung aus.  
Falls Sie nach dem Öffnen des Fensters **Studie auswechseln** doch nicht die Studie auswechseln wollen, klicken Sie auf eine beliebige Stelle außerhalb des Fensters, um zu der Anwendung zurückzukehren.

# Bildverwaltungswerkzeuge

## Viewer

Der Viewer ermöglicht eine schnelle Überprüfung der Studie mit Querverweisen. Die Viewer-Schnittstelle zeigt die Auflistung der Serien an, die für die ausgewählte Studie aufgenommen wurden, wobei jede Serie in einem Darstellungsfenster angezeigt wird. Neue Serientypen können zwecks Analyse und Überprüfung innerhalb der Viewer-Schnittstelle erstellt werden. Zudem lassen sich benutzerdefinierte Ansichtsprotokolle für routinemäßig aufgenommene Serien erstellen, um die Studienüberprüfung zu beschleunigen.

**HINWEIS:** Exportfunktionen können nur in suiteHEART-Analysenmodi durchgeführt werden.

FIGURE 1. Viewer-Übersicht

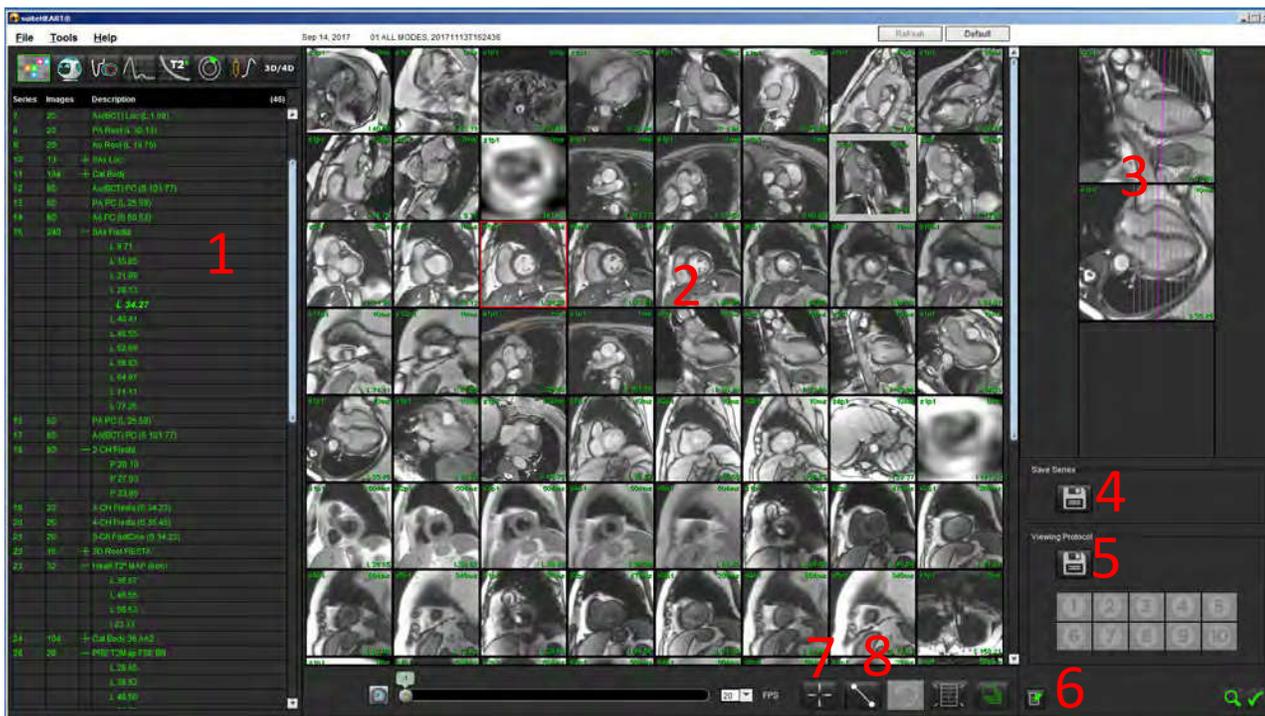


ABBILDUNG 2. 1. Studien-Serienliste, 2. Darstellungsfenster Serien/Schicht, 3. Querverweismodus, 4. Serie speichern, 5. Ansichtsprotokolle, 6. Zu Befund-Registerkarten wechseln, 7. Komponentensuche, 8. Messwerkzeuge

# Viewer-Funktionen

## Neue Serie erstellen

Der Viewer ermöglicht die Erstellung von Serientypen, die für Funktions-, Myokardiale Beurteilung- und Zeitverlaufsanalysen oder nur für die Überprüfung verwendet werden. Serien, die erstellt werden, werden der Serienauflistung für die jeweilige Studie hinzugefügt und können in der suiteHEART®-Software-Anwendung angezeigt und analysiert werden.

**HINWEIS:** Jede Schicht der neuen Serie, die für die Analysemodi Funktion, Myokardiale Beurteilung oder Zeitverlauf verwendet wird, muss die gleiche Anzahl Phasen und die gleiche Akquisitionsplanung aufweisen und parallel sein.



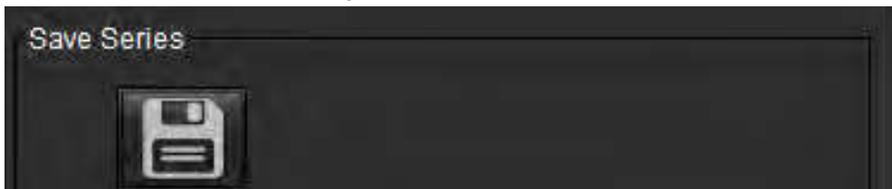
**WARNUNG:** Der Anwender ist bei der Erstellung einer neuen Serie für eine Analyse dafür verantwortlich, dass die richtigen Bilder dafür enthalten sind. Falsch erstellte Serien können zwar analysiert werden, können aber zu falschen Ergebnisse führen. Der Anwender muss für die Herzanalyse entsprechend ausgebildet sein und auf die in die neue Serie kopierten Positionen der Schichtbilder achten. Löschen Sie keine Originalbilder, die für den DICOM-Import verwendet wurden.

1. Wählen Sie die gewünschten Serien oder Bilder aus der Serienauflistung aus.
2. Wählen Sie eine Gruppe von Serien mit Umschalt-Klick, oder fügen Sie mit Strg-Klick eine einzelne Serie hinzu.
3. Mit Klicken und Ziehen können Sie die Anordnung der Bilder innerhalb des Darstellungsfensters ändern.
4. Um ein Bild aus dem Darstellungsfenster zu löschen, wählen Sie das Darstellungsfenster aus, und drücken Sie die Taste „Entf“.



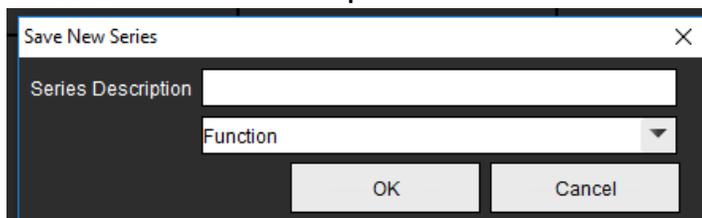
5. Wählen Sie im Feld „Serie speichern“ aus Abbildung 3.

**ABBILDUNG 3.** Feld „Serie speichern“



6. Geben Sie den Namen für die Serienbeschreibung ein.
7. Wählen Sie den geeigneten Serientyp aus dem Pull-down-Menü „Funktion“, „ME“ oder „Zeitverlauf“ (Abbildung 4) aus. Bei Auswahl von **Benutzerdefiniert** können Bilder mit unterschiedlichen Scanebenen und Sequenzarten als eine Serie gespeichert werden.

**ABBILDUNG 4.** Neue Serie speichern



## Tastenkombination

Funktion	Maßnahme
Wählen Sie alle Bilder erneut für die Anzeige aus	Strg+A

## Ansichtsprotokoll erstellen

Beschleunigen Sie den Prüfprozess, indem Sie ein Ansichtsprotokoll erstellen, das das benutzerdefinierte Darstellungsfenster-Layout basierend auf der Serienbezeichnung speichert.

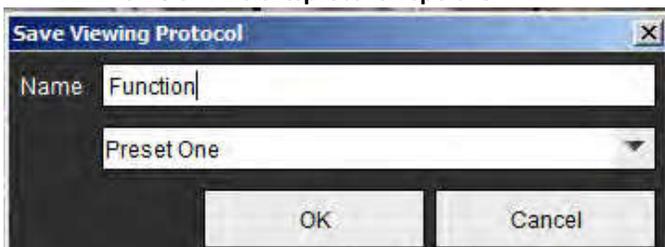
**HINWEIS:** Ansichtsprotokolle erfordern die gleichen Serienbezeichnungen für jede Studie. Wenn die Serienbezeichnungen geändert wurden, werden die Bilder im Darstellungsfenster nicht angezeigt.



**WARNUNG:** Der Benutzer ist für die Erstellung von Ansichtsprotokollen verantwortlich, die für die Prüfung verwendet werden und die richtigen Serienarten enthalten. Wenn die Serienbezeichnungen in einer Studie geändert werden, muss das Ansichtsprotokoll erneut gespeichert werden. Sie sollten die Serienauflistung stets überprüfen, um sicherzustellen, dass die richtigen Serienarten für die Überprüfung verwendet werden.

1. Wählen Sie die gewünschten Serien oder Bilder aus der Serienauflistung aus.
2. Wählen Sie eine Gruppe von Serien mit Umschalt-Klick, oder fügen Sie mit Strg-Klick eine einzelne Serie hinzu.
3. Mit Klicken und Ziehen können Sie die Anordnung der Bilder innerhalb des Darstellungsfensters ändern.
4. Um ein Bild aus dem Darstellungsfenster zu löschen, wählen Sie das Darstellungsfenster aus, und drücken Sie die Taste „Entf“.
5. Wählen Sie  im Bereich „Ansichtsprotokoll“ aus.
6. Geben Sie den Bezeichnungsnamen ein, und wählen Sie eine vorgegebene Nummer aus dem Pulldown-Menü aus (Abbildung 5).
7. Klicken Sie zum Speichern auf OK.

**ABBILDUNG 5. Ansichtsprotokoll speichern**



## Zugriff auf die Befundansichts-Registerkarten

Um auf die Befundansichts-Registerkarten zuzugreifen, klicken Sie auf



Um zu den Viewer-Funktionen zurückzukehren, klicken Sie auf



## Komponentensuche\*



1. Wählen Sie  aus, um das Querverweis-Werkzeug zu verwenden.

Der violette Cursor ist der primäre Cursor, der auf dem Bild positioniert werden kann.

2. Wenn der primäre Cursor aktiviert und positioniert wird, werden alle in der Nähe liegenden Schichtpositionen automatisch angezeigt; drücken Sie die <Strg>-Taste und geben Sie den violetten Cursor mit der linken Maustaste frei.

Dadurch werden nur die Schichten in der Hauptansicht dargestellt, die sich entsprechend der Berechnung des sekundären grünen Cursors in der Nähe des primären violetten Cursors befanden.

**HINWEIS:** Die grünen sekundären Querverweis-Beschriftungen erscheinen auf Darstellungsfenstern mit nicht-parallelen Bildern und an Punkten, die sich entsprechend der Berechnung innerhalb von 10 mm 3D-Abstand zum primären Cursor befanden.

**HINWEIS:** Die grünen sekundären Querverweis-Beschriftungen erscheinen auf Darstellungsfenstern mit parallelen Bildern und an Punkten, die sich entsprechend der Berechnung innerhalb von 5 mm 3D-Abstand zum primären violetten Cursor befanden.

\*Provisorische US-Patentanmeldung Nr. 62/923.061

Titel: Method and System for Identifying and Displaying Medical Images (Verfahren und System für die Erkennung und Anzeige von medizinischen Bildern)  
Erfinder: Wolff et al.

# Vergleichsmodus

Der Vergleichsmodus ermöglicht die Überprüfung von Bildern/Serien in einer aktuellen Untersuchung oder einer früheren Untersuchung innerhalb der gleichen Benutzeroberfläche.

**HINWEIS:** Bilder, die im Vergleichsmodus an einen Bericht gesendet werden, liegen im Bitmap-Format vor. Eine Bildbearbeitung ist auf diesen Bildern nicht möglich.



**WARNUNG:** Bestätigen Sie vor der Überprüfung oder dem Vergleich von Untersuchungen bzw. von Serien innerhalb einer Untersuchung durch Sichtkontrolle alle Patienten-Untersuchungsanzeigeformen für beide Viewer.

ABBILDUNG 6. Vergleichsmodus-Viewer



Viewer	Legende	Beschreibung
<b>Viewer 1</b>	1	Serien-Pulldown-Menü
	2	Serien-Selektor
	3	Aktuell angezeigte Patienten- Untersuchungsanzeigezeile
	4	Bild-Bedienelemente
	5	Viewport-Layout-Optionen
<b>Viewer 2</b>	6	Aktuell angezeigte Patienten- Untersuchungsanzeigezeile
	7	Untersuchungs-Selektor
	8	Serien-Selektor
	9	Viewport-Layout-Optionen
<b>Beide Viewer</b>	10	Geltungsbereichseinstellungen ändern
	11	Umschaltfläche für Überprüfungsmodus
	12	Synchronisierten Film aktivieren/deaktivieren

# Beispiel eines Arbeitsablaufs

1. Doppelklicken Sie in einem beliebigen Analysemodus auf das Editor-Fenster.
2. Wählen Sie  aus, um die Benutzeroberfläche in zwei Viewer aufzuteilen, wie in Abbildung 7 gezeigt.

**ABBILDUNG 7. Im Vergleichsmodus anzeigen**



3. Ändern Sie die Serie im Viewer 1 mithilfe des Pulldown-Menüs „Serienauswahl“ oder mit den Rechts-/Linkspfeilen.
  - Der obere Viewer zeigt immer die aktuelle Studie an, die zuvor gestartet wurde.
4. Wählen Sie im Viewer 2 eine andere Serie im Pulldown-Menü „Serie“ in der gleichen Untersuchung für einen Vergleich mit der im Viewer 1 gezeigten Serie aus.
  - Wenn ein Viewport in einem Viewer ausgewählt ist und die Schicht parallel wie z. B. bei einer Kurzachsenserie verläuft, wird die zugehörige Schicht basierend auf der Schichtposition hervorgehoben.

**ABBILDUNG 8. Pulldown-Menü „Serie“, Viewer 2**



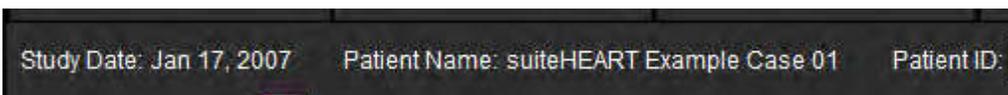
5. Verwenden Sie den Untersuchungs-Selektor, um eine Untersuchung im Viewer 2 mit der aktuellen Untersuchung im Viewer 1 zu vergleichen.

**ABBILDUNG 9. Untersuchungs-Selektor, Viewer 2**



6. Bestätigen Sie die richtige Untersuchungsauswahl, indem Sie die Untersuchungsanzeigeeinformationen für beide Viewer überprüfen.

**ABBILDUNG 10. Untersuchungsanzeigeeinformationen**



7. Führen Sie einen rechten Mausklick auf einem der Viewer aus, worauf die Bildbearbeitungs-Werkzeuge angezeigt werden.
  - Die Geltungsbereichsauswahl gilt für beide Viewer.

**HINWEIS:** Das Lokalisieren eines Bildes auf der Registerkarte „Bilder“ funktioniert nicht, wenn das Bild aus einer anderen Studie stammt.

**HINWEIS:** Wenn eine Filmserie in beiden Viewern ausgewählt wird und wenn beide Serien über die gleiche Anzahl von

Phasen verfügen, klicken Sie auf , um die Filmansichten zu synchronisieren.

---

# Einstellungen definieren

Durch Auswahl des Menüpunktes **Einstellungen** im Menü **Werkzeuge** in der Menüleiste der suiteHEART®-Software-Benutzeroberfläche werden drei Optionen angezeigt:

- Einstellungen bearbeiten
- Einstellungen importieren
- Einstellungen exportieren

**WICHTIG:** Es wird empfohlen, die Benutzereinstellungen vor der Analyse des ersten auszuwertenden Falls vorzunehmen. Änderungen der Benutzereinstellungen wirken sich erst aus, wenn eine neue Untersuchung begonnen wird.

## Einstellungen festlegen

Mit der Funktion „Einstellungen bearbeiten“ kann die Befunderstellung benutzerspezifisch angepasst werden. Die globalen Einstellungen umfassen:

- Befundeinstellungen
- Autorisierte Befund-Genehmiger
- Serienfilter
- Verschiedenes
- Leerlauf-Timer-Einstellungen
- Exporteinstellungen

Anwenderdefinierte Ergebnisparameterbereiche können auf der Registerkarte **Vorlageneinstellung** erstellt werden. Makros für die strukturierte Befunderstellung können auf der Registerkarte „Makro-Einstellungen“ erstellt werden.

## Globale Einstellungen

### Befundeinstellungen

Konfiguriert die in allen Befunden angezeigten Kopfzeileninformationen.

## ABBILDUNG 1. Registerkarte Befundlayout

### Verfahren zu Befundeinstellungen

1. Klicken Sie in der Menüleiste der Bildansicht auf **Werkzeuge > Einstellungen > Einstellungen bearbeiten**.
2. Wählen Sie die Registerkarte **Globale Einstellungen**.
3. Setzen Sie den Cursor in das gewünschte Feld des Bereichs **Befundeinstellungen**, und geben Sie die Informationen ein.

Auf einem Befund mit dem angegebenen Papierformat erscheinen dann Überschriften, Kopfzeilen und das Logo. Sollen diese Informationen in einem Befund nicht erscheinen, deaktivieren Sie das Kontrollkästchen „Nachfolgende Feldwerte im Befund verwenden“. Diese Einstellung ist für alle Befunde gültig, die gedruckt werden.

Durch Markieren von „Gerade und ungerade Zeile unterstützen“ werden Ergebniszeilen im Bericht hervorgehoben.

4. Um das Logo einer Institution in den Befund aufzunehmen, bereiten Sie die Datei im Format jpeg, png oder gif vor, und speichern Sie sie auf der Festplatte oder einer CD-ROM ab. Klicken Sie im Bereich Logo auf die Schaltfläche **Durchsuchen**, und suchen Sie die Datei im Fenster des System-Browsers. Wählen Sie die richtige Datei für das Logo aus, und klicken Sie auf **Öffnen**.

Das Logo sollte nun im Bereich der Befundeinstellungen erscheinen.

5. Klicken Sie mit der rechten Maustaste auf **Name der Untersuchungsdatei**, um den Namen der Exportbefunddatei zu konfigurieren (nur für genehmigte Untersuchungen).
6. Klicken Sie auf **Speichern und beenden**, um Ihre Eingaben zu speichern und „Einstellungen bearbeiten“ zu schließen.
  - Klicken Sie auf **Abbrechen**, um das Fenster zu schließen, ohne die Änderungen zu übernehmen.
  - Klicken Sie auf **Zurücksetzen**, um alle Werte auf der Registerkarte „Globale Einstellungen“ zurückzusetzen, ohne das Fenster zu schließen.

## Autorisierte Befund-Genehmiger

Die Anwendung verfügt über eine Funktion zur Genehmigung des Befundes, welche den endgültigen Befund sperrt. Wenn der Befund einmal gesperrt wurde, kann er nicht mehr verändert werden. Die Anmeldeinformationen der Genehmiger können wie nachstehend beschrieben hinzugefügt, geändert und gelöscht werden.

**ABBILDUNG 2. Autorisierte Befund-Genehmiger**

The screenshot shows a window titled "Authorized Report Approvers". At the top left, there are three buttons: "Add" (highlighted in green), "Modify", and "Delete". The main area of the window contains three input fields with labels: "Name", "Password", and "Confirm Password". Each label is followed by a small downward arrow icon. Below these fields, centered at the bottom, is a single "Add" button.

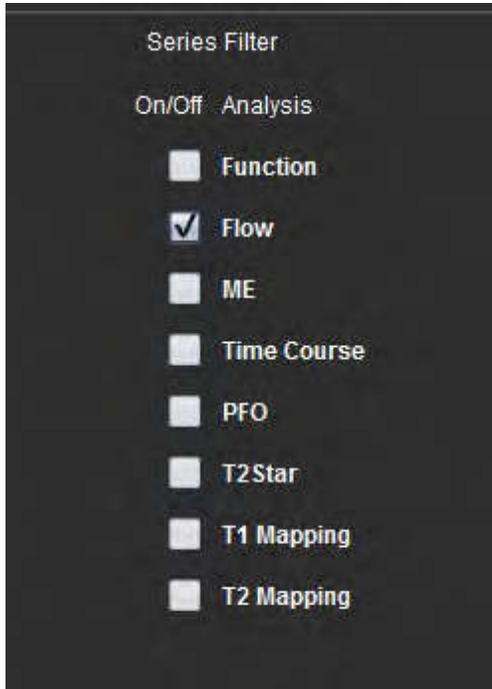
## Verfahren zur Verwaltung der autorisierten Befund-Genehmiger

1. Klicken Sie in der Menüleiste der Bildansicht auf **Werkzeuge > Einstellungen > Einstellungen bearbeiten**.
2. Wählen Sie die Registerkarte **Globale Einstellungen** aus, und setzen Sie den Cursor in den Bereich **Autorisierte Befund-Genehmiger**.
3. Wählen Sie die Registerkarte **Hinzufügen** aus, um den Namen eines Benutzers der Liste der autorisierten Genehmiger hinzuzufügen.
  - Geben Sie den Benutzernamen ein.
  - Geben Sie das Kennwort zweimal ein.
  - Klicken Sie auf **Hinzufügen**.
4. Wählen Sie die Registerkarte **Abändern** aus, um das Kennwort eines Benutzers in der Liste der Genehmiger zu ändern.
  - Wählen Sie den Anwender aus, dessen Kennwort geändert werden soll.
  - Geben Sie das alte Kennwort ein.
  - Geben Sie neue Kennwort zweimal ein.
  - Klicken Sie auf **Anwenden**.
5. Wählen Sie die Registerkarte **Löschen** aus, um einen Benutzer aus der Liste der Genehmiger zu löschen.
  - Wählen Sie den/die zu löschenden Benutzer aus.
  - Wählen Sie **Löschen** aus.

## Serienfilter

Basierend auf verschiedenen Arten von Analysemodi kann ein Serienfilter angewendet werden, um die Auswahl der geeigneten Serien für die Analyse zu erleichtern. Die Filtereinstellungen können auch bei der Analyse gewählt werden, indem die Schaltfläche „Filter“ im Hauptbereich unter der Miniaturansicht angeklickt wird.

**ABBILDUNG 3. Filtereinstellungen**



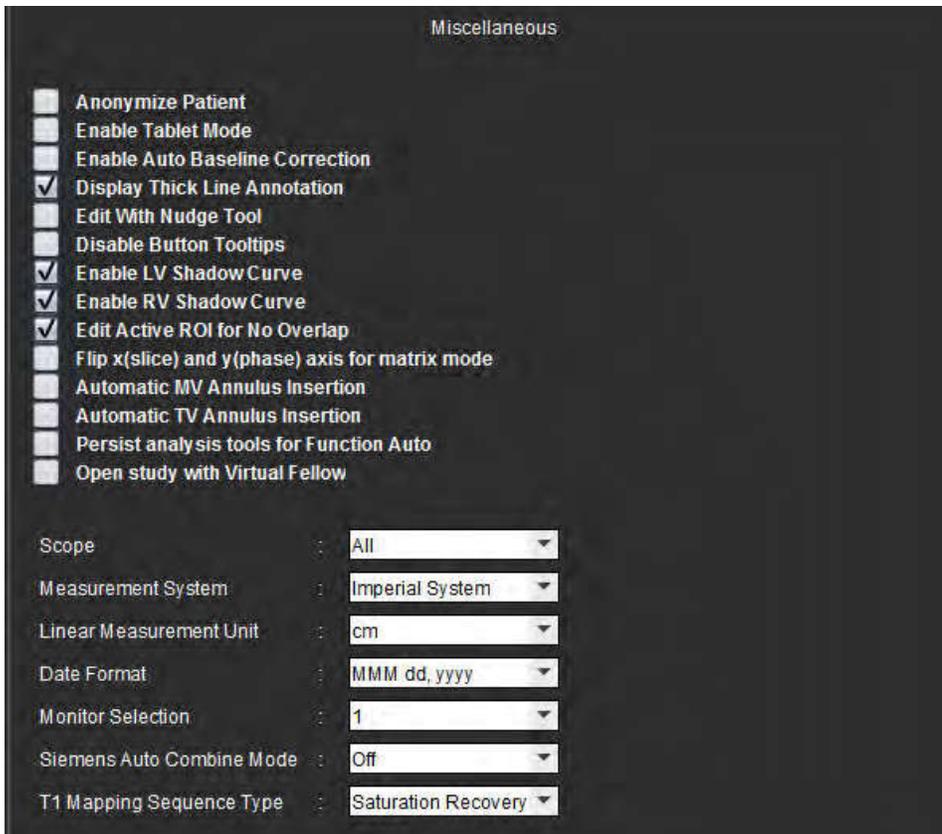
### Filtereinstellung wählen

1. Wählen Sie in der Menüleiste der Bildansicht **Werkzeuge > Einstellungen > Einstellungen bearbeiten**.
2. Wählen Sie die Registerkarte **Globale Einstellungen**.
3. Klicken Sie auf die entsprechende Auswahl ein/aus für jeden Analysentyp.
4. Klicken Sie auf **Speichern und beenden**, um Ihre Eingaben zu speichern und „Einstellungen bearbeiten“ zu schließen.
  - Klicken Sie auf **Abbrechen**, um das Fenster zu schließen, ohne die Änderungen zu übernehmen.
  - Klicken Sie auf **Zurücksetzen**, um alle Werte auf der Registerkarte „Globale Einstellungen“ zurückzusetzen, ohne das Fenster zu schließen.

**HINWEIS:** Bei Verwendung eines Serienfilters wird folgende Meldung angezeigt, wenn die erforderliche Serie nicht vorhanden ist: „Es ist keine Serie für den ausgewählten Analysentyp vorhanden.“ Durch Klicken auf OK wird der Filter deaktiviert und es werden alle Serien in der Studie angezeigt.

## Verschiedenes

ABBILDUNG 4. Bereich „Verschiedenes“



### Verfahren für die Bearbeitung der Parameter im Bereich „Verschiedenes“

1. Klicken Sie in der Menüleiste der Bildansicht auf **Werkzeuge > Einstellungen > Einstellungen bearbeiten**.
2. Wählen Sie die Registerkarte **Globale Einstellungen** aus, und setzen Sie den Cursor in den Bereich **Verschiedenes**.
3. Klicken Sie auf das Kontrollkästchen **Patienten anonymisieren**, um den Namen und die ID des Patienten nicht in den Befund aufzunehmen.

Alle Patientennamen werden mit „Anonym“ und die ID-Nummern leer angezeigt. Diese Änderungen beziehen sich nur auf den Befund und die Bildansicht.

4. Markieren Sie das Kästchen **Tablet-Modus aktivieren**, um die Anwendung auf einem Tablet auszuführen.
5. Markieren Sie das Kästchen **Automatische Grundlinienkorrektur aktivieren**, um die automatische Phasenfehlerkorrektur für 2D- und 4D-Phasenkontrast durchzuführen.
6. Markieren Sie das Kästchen **Dicklinige Beschriftung anzeigen**, um Beschriftungen als dicke Linien anzuzeigen.
7. Markieren Sie das Kästchen **Mit Bearbeitungswerkzeug bearbeiten**, um das Bearbeitungswerkzeug für alle

Analysesitzungen zu aktivieren.

8. Markieren Sie das Kästchen **Schaltflächen-QuickInfo deaktivieren**, um die QuickInfo zu deaktivieren.
9. Markieren Sie entweder **LV aktivieren** oder **RV-Schattenkurve**, um beide Kurven anzuzeigen.
10. Markieren Sie **Aktiven Untersuchungsbereich bearbeiten (keine Überlappung)**, um die Überlappung zu deaktivieren.  
Wenn „Aktiven Untersuchungsbereich bearbeiten (keine Überlappung)“ aktiviert ist, sind die Untersuchungsbereiche, die gegenwärtig nicht ausgewählt sind, dominant. Wenn diese Option nicht markiert ist, dann ist der bearbeitete Untersuchungsbereich dominant.
11. Markieren Sie **x-(Schicht) und y-(Phase) Achse für Matrix-Modus spiegeln**, um die Achsen zu tauschen.
12. Zur automatischen Platzierung der Basallinie für die Funktionsanalyse markieren Sie entweder **Automatische Einfügung der MK- oder TK-Annulus-Linie**.
13. Markieren Sie **Analyse-Tools für Funktion „Auto“ speichern** zur Durchführung der Bearbeitung bei Verwendung der automatischen Segmentierung.
14. Klicken Sie auf **Studie mit Virtual Fellow öffnen**, um den Fall direkt mit Virtual Fellow™ zu öffnen.
15. Wählen Sie für **Automatischer Kombinationsmodus von Siemens** „Neuesten“, „Ältesten“ oder „Aufforderung“ aus dem Datei-Pulldown-Menü aus.

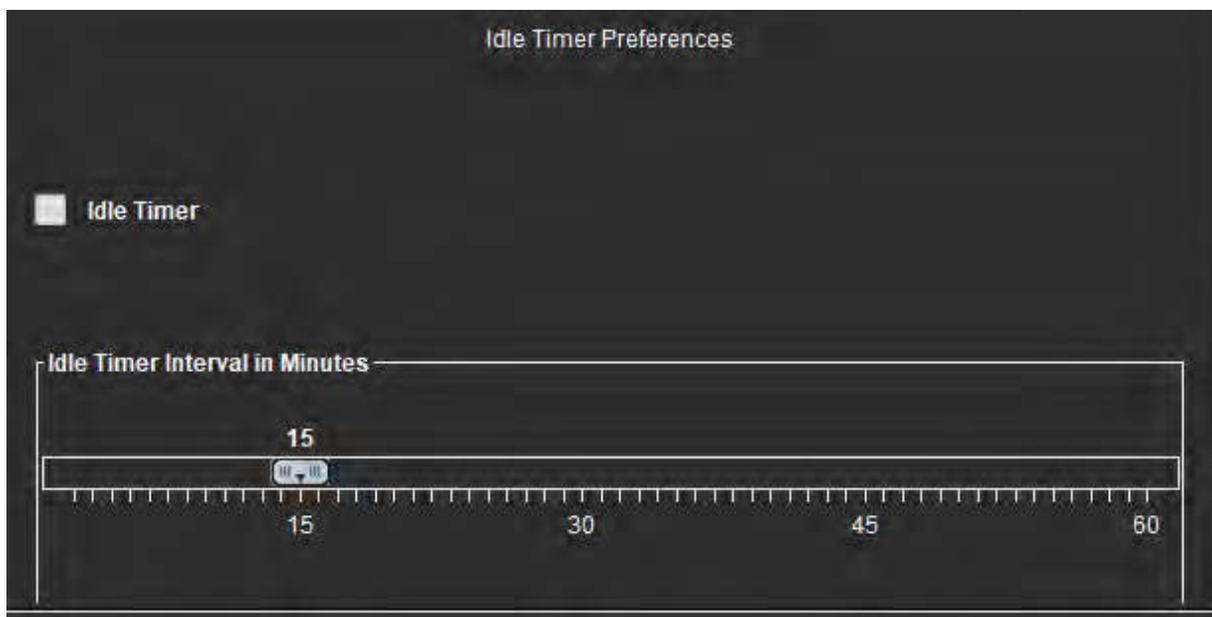
**HINWEIS:** Serien mit der Bezeichnung „Null“ werden ignoriert.

16. Wählen Sie "Sättigungserholung" oder "MOLLI" aus dem Pulldown-Menü **Art der T1 Mapping-Sequenz** aus.
17. Klicken Sie auf **Speichern und beenden**, um Ihre Eingaben zu speichern und „Einstellungen bearbeiten“ zu schließen.
  - Klicken Sie auf **Abbrechen**, um das Fenster zu schließen, ohne die Änderungen zu übernehmen.
  - Klicken Sie auf **Zurücksetzen**, um alle Werte auf der Registerkarte „Globale Einstellungen“ zurückzusetzen, ohne das Fenster zu schließen.

## Leerlauf-Timer-Einstellungen

Im Bereich „Leerlauf-Timer-Einstellungen“ wird das Zeitintervall in Minuten eingestellt, nach dem die Anwendung nach einer festgelegten Zeit ohne Aktivität beendet wird.

**ABBILDUNG 5.** Fenster „Leerlauf-Timer-Einstellungen“



## Verfahren zum Bearbeiten der Leerlauf-Timer-Einstellungen

1. Klicken Sie in der Menüleiste der Bildansicht auf **Werkzeuge > Einstellungen > Einstellungen bearbeiten**.
2. Wählen Sie die Registerkarte **Globale Einstellungen** aus und setzen Sie den Cursor in den Bereich **Leerlauf-Timer-Einstellungen**.
3. Um die Leerlauf-Timer-Funktion zu aktivieren, wählen Sie das Kontrollkästchen „Leerlauf-Timer“ aus.
4. Ziehen Sie die Markierung für das Intervall für den Leerlauf-Timer auf den gewünschten Minutenwert.
5. Klicken Sie auf **Speichern und beenden**, um Ihre Eingaben zu speichern und „Einstellungen bearbeiten“ zu schließen.
  - Klicken Sie auf **Abbrechen**, um das Fenster zu schließen, ohne die Änderungen zu übernehmen.
  - Klicken Sie auf **Zurücksetzen**, um alle Werte auf der Registerkarte „Globale Einstellungen“ zurückzusetzen, ohne das Fenster zu schließen.

## Einstellungen exportieren

Der Bereich „Einstellungen exportieren“ ermöglicht die Auswahl der Bildformate für den Export von Bild- und Video-Daten. Mithilfe der Exportfunktion können Sie unkomprimierte AVI-Filme, komprimierte Quick Time-Filme oder GIF-, JPEG-, TIFF- und PNG-Dateien aus den Bilddateien erstellen.

ABBILDUNG 6. Fenster „Einstellungen exportieren“



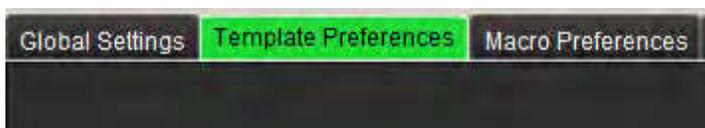
## Verfahren zum Exportieren von Einstellungen

1. Klicken Sie in der Menüleiste der Bildansicht auf **Werkzeuge > Einstellungen > Einstellungen bearbeiten**.
2. Wählen Sie die Registerkarte **Globale Einstellungen** aus, und setzen Sie den Cursor in den Bereich **Einstellungen exportieren**.
3. Wählen Sie die entsprechenden Formate der Bilddaten aus.
4. Klicken Sie auf **Speichern und beenden**, um Ihre Eingaben zu speichern und „Einstellungen bearbeiten“ zu schließen.
  - Klicken Sie auf **Abbrechen**, um das Fenster zu schließen, ohne die Änderungen zu übernehmen.
  - Klicken Sie auf **Zurücksetzen**, um alle Werte auf der Registerkarte „Globale Einstellungen“ zurückzusetzen, ohne das Fenster zu schließen.

## Vorlageneinstellungen

Die Anwendung stellt ein Werkzeug für die Erstellung benutzerdefinierter Vorlagen zur Verfügung, die auf Alter, KÖF und Gewicht basieren und einen strukturierten Arbeitsablauf für das Messen und die Befunderstellung für bestimmte quantitative Parameter ermöglichen.

ABBILDUNG 7. Registerkarte „Vorlagen-Einstellungen“



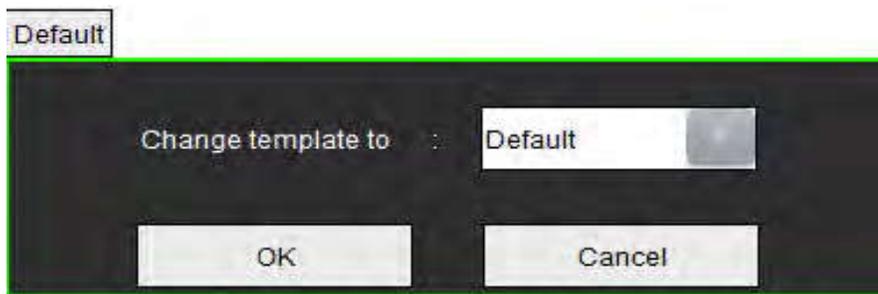
## Überlegungen

Vor Beginn der Analyse muss die benutzerdefinierte Vorlage auf der Hauptbenutzeroberfläche ausgewählt werden. Klicken Sie auf die Schaltfläche **Standard** oben rechts und wählen Sie die zu verwendende Vorlage aus. Wenn die Vorlage nach Abschluss der Analyse geändert wird, wird der Einstellungsbereich auf die Vorlage angewandt.

**HINWEIS:** Importierte Studien mit zuvor durchgeführten suiteHEART-Analysen können den Namen der für diese Studie verwendeten Vorlage anzeigen. Diese Vorlage ist in der aktuellen Software eventuell nicht verfügbar.

Wenn zur Analyse zwei Systeme verwendet werden, wird empfohlen, die Vorlageneinstellungsdatei auf dem ersten System zu erstellen und sie dann in das zweite System zu importieren. Vorlageneinstellungsdateien, die von einem anderen System importiert werden, überschreiben die Vorlageneinstellungen, wenn sie auf diesem System bereits erstellt wurden.

**ABBILDUNG 8. Vorlage ändern**



## Verfahren zum Erstellen einer Vorlage

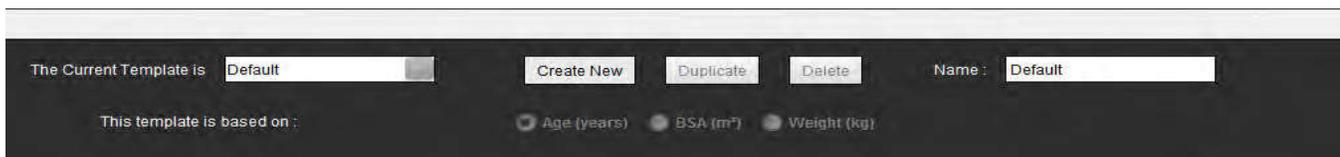
Im Folgenden finden Sie eine Anleitung, wie Sie eine benutzerdefinierte Vorlage erstellen können. Es liegt im Ermessen des Arztes, die Gültigkeit des verwendeten Parameterbereichs zu prüfen.

### Eine Vorlage erstellen

Alle neuen Vorlagen werden zunächst durch das Duplizieren einer bereits bestehenden Vorlage erstellt. Im Beispiel wird die Standardvorlage verwendet, da diese mit dem Produkt mitgeliefert wird und daher immer verfügbar ist. Die Standardvorlage kann nicht bearbeitet werden. So erstellen Sie eine benutzerdefinierte Vorlage:

1. Wählen Sie **Werkzeuge > Einstellungen > Einstellungen bearbeiten** aus.
2. Wählen Sie die Registerkarte **Vorlageneinstellungen** aus.
3. Klicken Sie auf die Schaltfläche **Neue erstellen**.
4. Wählen Sie den Einstellungsbereich entweder nach Alter, KÖF oder Gewicht aus.

**ABBILDUNG 9. Fenster „Vorlage ändern“**



5. Geben Sie für die Vorlage eine neue Bezeichnung ein.  
Wenn Sie die Vorlage neu benannt haben, wird das Pulldown-Menü **Die aktuelle Vorlage ist** aktualisiert.

6. Geben Sie die Bereichseinstellungen für die gewünschten Parameter ein.
7. Wählen Sie **Speichern und Beenden** aus.
  - Wählen Sie **Abbrechen** aus, um das Fenster zu schließen, ohne die Änderungen zu übernehmen.

### **Vorlagen duplizieren**

1. Wählen Sie **Werkzeuge > Einstellungen > Einstellungen bearbeiten** aus.
2. Wählen Sie die Registerkarte **Vorlageneinstellungen** aus.
3. Wählen Sie die Vorlage aus dem Pulldown-Menü **Die aktuelle Vorlage ist** aus.
4. Klicken Sie auf die Schaltfläche **Duplizieren**.

### **Vorlage löschen**

1. Wählen Sie **Werkzeuge > Einstellungen > Einstellungen bearbeiten** aus.
2. Wählen Sie die Registerkarte **Vorlageneinstellungen** aus.
3. Wählen Sie die Vorlage aus dem Pulldown-Menü **Die aktuelle Vorlage ist** aus.
4. Klicken Sie auf die Schaltfläche **Löschen**.

### **Einstellungsbereiche bearbeiten**

1. Wählen Sie **Werkzeuge > Einstellungen > Einstellungen bearbeiten** aus.
2. Wählen Sie die Registerkarte **Vorlageneinstellungen** aus.
3. Wählen Sie eine Vorlage, jedoch nicht die Standardvorlage, aus.

### **ABBILDUNG 10. Vorlageneinstellungen**



1. Aktuelle Vorlage, 2. Kategorienauswahl, 3. Parametermessungen pro Analyse, 4. Ober- und Untergrenze für Männer, 5. Ober- und Untergrenze für Frauen, 6. Bereichsbalken

4. Wählen Sie die gewünschte Vorlagenkategorie aus. Auswahloptionen sind Alter, KÖF und Gewicht.

**HINWEIS:** Die ausgewählte Vorlage ist die Vorlage, die auf die Sitzung angewendet wird.

5. Klicken Sie mit der linken Maustaste auf den Bereichsbalken, um ihn zu aktivieren.

Bei Aktivierung färbt sich der Balken grün.

6. Klicken Sie mit der rechten Maustaste auf den Bereichsbalken, um in der Mitte des Bereichsbalkens eine Aufteilung des Referenzbereichs vorzunehmen.

- Die Trennbalken können zur Veränderung des Werts gezogen werden.
- Es können mehrere Trennbalken erstellt werden.
- Durch Platzieren des Cursors in der Nähe dieser Markierung und durch die Auswahl von **Bereich löschen** im Kontextmenü können Trennbalken gelöscht werden.

7. Geben Sie die Parameter-Bereichswerte für den geeigneten Analysemodus ein. Geben Sie sowohl den unteren als auch den oberen Grenzwert ein. Falls erforderlich, geben Sie für Männer und Frauen unterschiedliche Werte ein. Verwenden Sie die Pfeile **Alle kopieren**, um die Werte zwischen den Geschlechtern zu kopieren. Mit Hilfe der Bildlaufleiste navigieren Sie zu allen Messungen für alle Analysearten.



**WARNUNG:** Für Parameterbereiche eingegebene Werte liegen in der alleinigen Verantwortung des Benutzers. Bestätigen Sie vor der Analyse alle Parameterbereiche. Falsche Parameterwerte könnten zu einer Fehldiagnose führen.

8. Klicken Sie auf **Speichern und beenden**, um Ihre Eingaben zu speichern und **Einstellungen** zu schließen.

- Klicken Sie auf **Abbrechen**, um das Fenster zu schließen, ohne die Änderungen zu übernehmen.

**HINWEIS:** Damit eine Vorlage gültig ist, müssen die Parameterwerte als numerische Zahlen mit oberen und unteren Werten eingegeben werden. Wenn Inkonsistenzen in den Werten auftreten, erscheint die Meldung „Ungültiger Normalbereich ausgewählt. Bitte korrigieren und erneut speichern.“ Die zu korrigierenden Parameter werden rot hervorgehoben. Das Speichern einer leeren Vorlage ist nicht zulässig und führt zur Anzeige der folgenden Meldung: „Vorlage(n) konnte(n) nicht gespeichert werden.“

**HINWEIS:** Für den Fluss eingegebene Werte wirken sich auf die Ergebnisse sowohl der 2D- als auch der 4D-Flussanalyse aus.

**HINWEIS:** Weitere Hinweise finden Sie in Anhang A.

## Makro-Einstellungen

Die für die Erstellung eines Befundes einer MRT-Herzuntersuchung erforderliche Zeit kann durch Makros erheblich reduziert werden. Alle Makros können unabhängig von den Vorlagen eingesetzt werden. Die durch Makros optimierte Benutzeroberfläche automatisiert u. a. folgende Aufgaben:

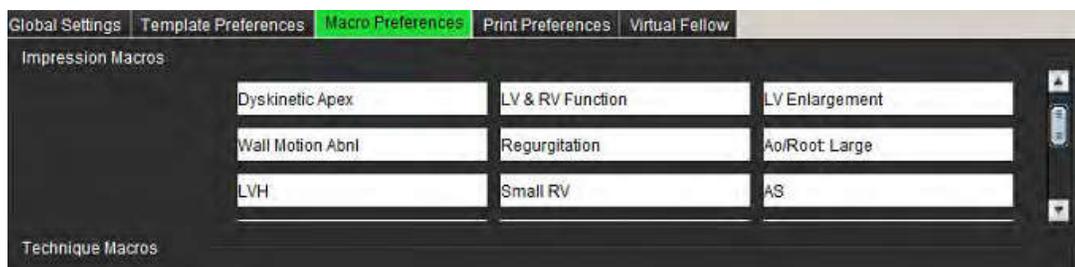
- Vordefinierte klinische Erkenntnisse und Methoden erstellen, welche dann automatisch in den Befund eingefügt werden können.
- Quantitative Ergebnisse aus den Analyseberichtsfenstern automatisch einfügen.

### Erkenntnis-Makro hinzufügen

**HINWEIS:** Anamnese- oder Methoden-Makros werden genauso erstellt wie Erkenntnis-Makros.

1. Wählen Sie **Werkzeuge > Einstellungen > Einstellungen bearbeiten** aus.
2. Wählen Sie die Registerkarte **Makro-Einstellungen** aus.
3. Wählen Sie **Erkenntnis-Makro hinzufügen** aus. Im Bereich „Erkenntnis-Makros“ erscheint eine neue Schaltfläche.

**ABBILDUNG 11. Fenster „Erkenntnis-Makros“**



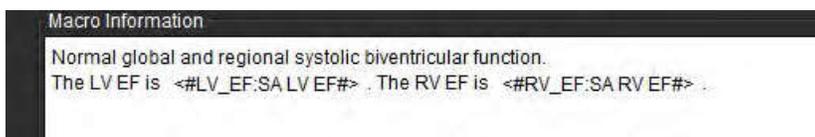
4. Setzen Sie den Cursor in das neue Schaltflächenfeld und bearbeiten Sie den Namen nach Wunsch.

**HINWEIS:** Die erstellten Makro-Schaltflächen können neu angeordnet werden. Klicken Sie auf die gewünschte Schaltfläche und ziehen Sie sie in eine neue Position innerhalb der Liste.

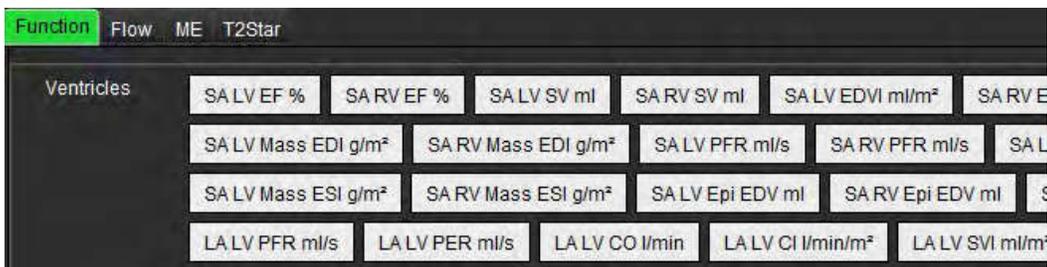
### Makro-Text eingeben

1. Platzieren Sie den Cursor im Textfeld „Makro-Informationen“ und geben Sie den relevanten Text ein.
2. Um eine Berechnung einzugeben, wählen Sie eine der Analyse-Registerkarten unten aus, und klicken Sie auf die Schaltfläche des gewünschten Parameters, der dann automatisch in die Makro-Informationen übertragen wird. In diesem Beispiel wurde der Parameter LV-Ejektionsfraktion ausgewählt und an das Ende des Textfeldes gestellt.

## ABBILDUNG 12. Makro-Informationen



## ABBILDUNG 13. Fenster „Makro-Informationen“



3. Wählen Sie **Speichern und Beenden** aus, um die Änderungen im neuen Makro zu speichern und den Makro-Editor zu verlassen.
  - Wählen Sie **Abbrechen** aus, um den Makro-Editor zu schließen, ohne die Änderungen zu übernehmen.

## Makro ausführen

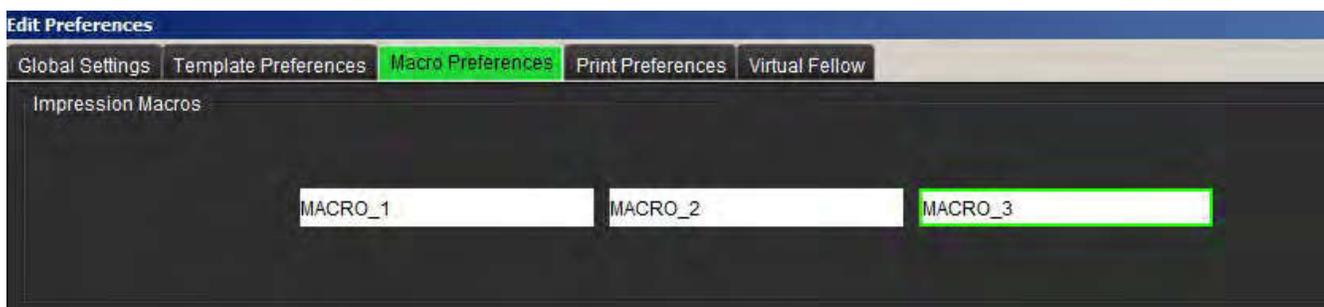
Vor der Ausführung von Makros, die numerische Berechnungen enthalten, müssen alle Analyseergebnisse vorliegen. Methoden- und Erkenntnis-Makros können für die automatische Befunderstellung generiert werden.

## Makro löschen

1. Wählen Sie **Werkzeuge > Einstellungen > Einstellungen bearbeiten** aus.
2. Wählen Sie die Registerkarte **Makro-Einstellungen** aus.
3. Wählen Sie das Makro aus der Liste aus.

Im gezeigten Beispiel wird das Makro mit der Bezeichnung MACRO\_3 für das Löschen ausgewählt.

## ABBILDUNG 14. Makro-Auswahlliste



4. Wählen Sie **Ausgewählte(s) Makro(s) löschen** aus.

# Druckeinstellungen

Aus jedem Analysemodus berechnete Ergebnisse können für die Aufnahme in den Befund auf der Registerkarte **Druckeinstellungen** konfiguriert werden.

ABBILDUNG 15. Fenster „Druckeinstellungen“



1. Wählen Sie in der Bildansicht **Werkzeuge > Einstellungen > Druckeinstellungen** aus.
2. Wählen Sie die entsprechende Analyse-Registerkarte aus und prüfen Sie das gewünschte Ergebnis, das im Befund enthalten sein soll.
3. Wiederholen Sie dies für jede Registerkarte „Analyse-Modus“.
4. Wählen Sie **Speichern und Beenden** aus.

**HINWEIS:** Druckeinstellungen, die direkt auf der Anwendungsschnittstelle ausgewählt werden, werden nicht mit der Vorlage gespeichert.

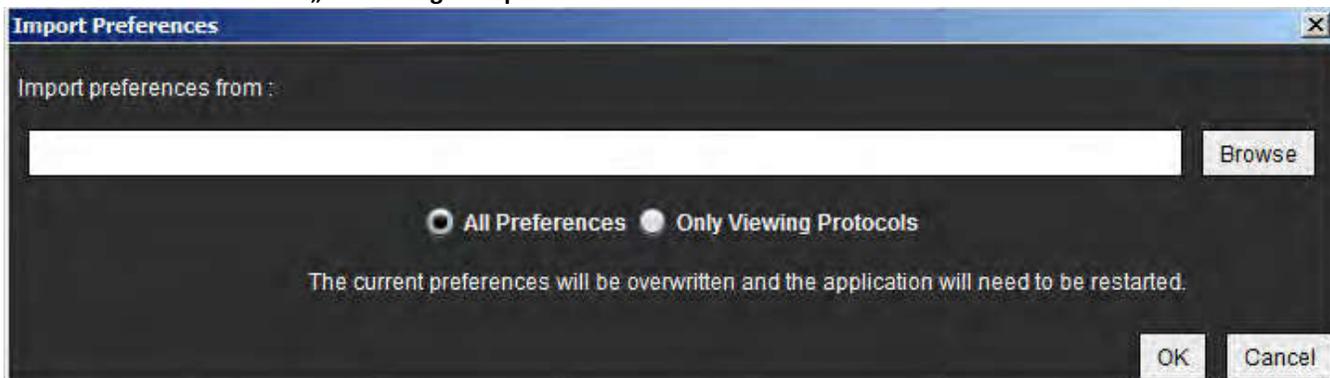
# Einstellungen importieren

Vorlagen können aus dem Dateisystem importiert werden

## Verfahren zum Importieren der Einstellungen

1. Wählen Sie **Werkzeuge > Einstellungen > Einstellungen importieren** aus.

ABBILDUNG 16. Fenster „Einstellungen importieren“



2. Klicken Sie auf die Schaltfläche **Durchsuchen**, navigieren Sie zur Datei mit den Einstellungen und klicken Sie dann auf **Öffnen**.
3. Um Ansichtsprotokolle zu importieren, wählen Sie die Optionsschaltfläche für **Nur Ansichtsprotokolle** aus.
4. Klicken Sie auf **OK**, um den Import wie definiert durchzuführen.
  - Klicken Sie auf **Abbrechen**, um das Fenster zu schließen, ohne die Vorlage zu importieren.

**HINWEIS:** Der Import von Einstellungen aus früheren suiteHEART™-Softwareversionen (4.0.4 oder früher) wird nicht unterstützt. Wenden Sie sich bitte an den NeoSoft-Support unter [service@neosoftmedical.com](mailto:service@neosoftmedical.com), wenn Sie Hilfe beim Import von Einstellungen aus früheren Versionen benötigen.

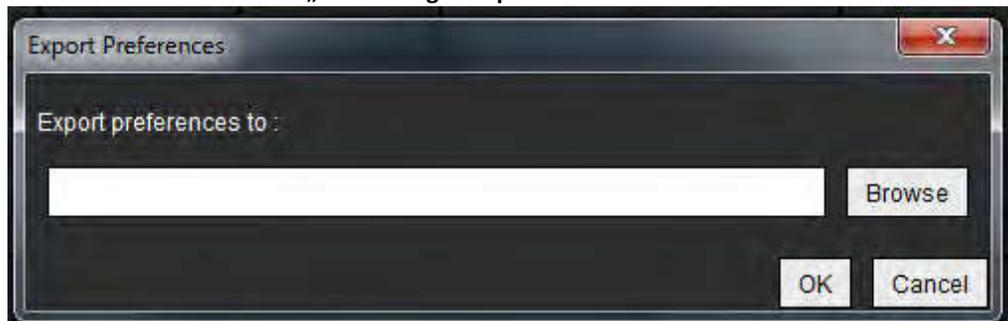
# Einstellungen exportieren

Vorlagen können in das Dateisystem exportiert werden.

## Verfahren zum Exportieren von Einstellungen

1. Wählen Sie **Werkzeuge > Einstellungen > Einstellungen exportieren** aus.

ABBILDUNG 17. Fenster „Einstellungen exportieren“



2. Klicken Sie auf **Durchsuchen**, wählen Sie den Ordner für die Einstellungsdatei aus und klicken Sie dann auf **Speichern**.
3. Klicken Sie auf **OK**, um den Export wie definiert durchzuführen.
  - Klicken Sie auf **Abbrechen**, um das Fenster zu schließen, ohne die Vorlage zu exportieren.

---

# Virtual Fellow™

Virtual Fellow™ (Virtueller Partner) ist eine standardisierte Funktion zur Bildbetrachtung bei MRT-Herzuntersuchungsstudien. Die Funktion verbessert den Arbeitsablauf bei der Visualisierung durch Erleichterung der Auswertung von MRT-Herzuntersuchungsstudien durch Ärzte. Bildbearbeitungs-Werkzeuge wie Fenster/Ebene, Zoom, Schwenkung und Drehung werden bei Verwendung dieser Funktion automatisch angewandt. Aktuelle und vorherige MRT-Herzuntersuchungsstudien können mithilfe von Virtual Fellow™ auf einfache Weise ausgewertet werden.

**HINWEIS:** Anweisungen zur Aktivierung von Virtual Fellow™ im Rahmen der Vorbearbeitung sind in der suiteDXT-Bedienungsanleitung (NS-03-039-0010) zu finden.

**HINWEIS:** Die Patienten-ID der aktuellen und der älteren Untersuchung, die in Virtual Fellow™ angezeigt werden sollen, muss übereinstimmen.

**HINWEIS:** Die Bearbeitung von Analyseergebnissen kann nicht in Virtual Fellow™ durchgeführt werden. Hierfür muss der entsprechende Analysemodus ausgewählt werden.



**WARNUNG:** Der Benutzer muss bestätigen, dass für die von Virtual Fellow™ erstellten Ansichtsprotokolle die richtigen Bilder ausgewählt wurden. Für aktuelle/vorherige Ansichtsprotokolle fehlerhaft identifizierte Bilder können manuell ausgewählt werden. Der Benutzer muss angemessen in bildgebenden Verfahren für die Kardiologie geschult sein, um sicherzustellen, dass die richtigen Bilder ausgewertet werden. Zur Auswertung aller für die Studie erfassten Bilder verwenden Sie den Viewer-Modus unter „Bildverwaltungswerkzeuge“ auf Seite 23.

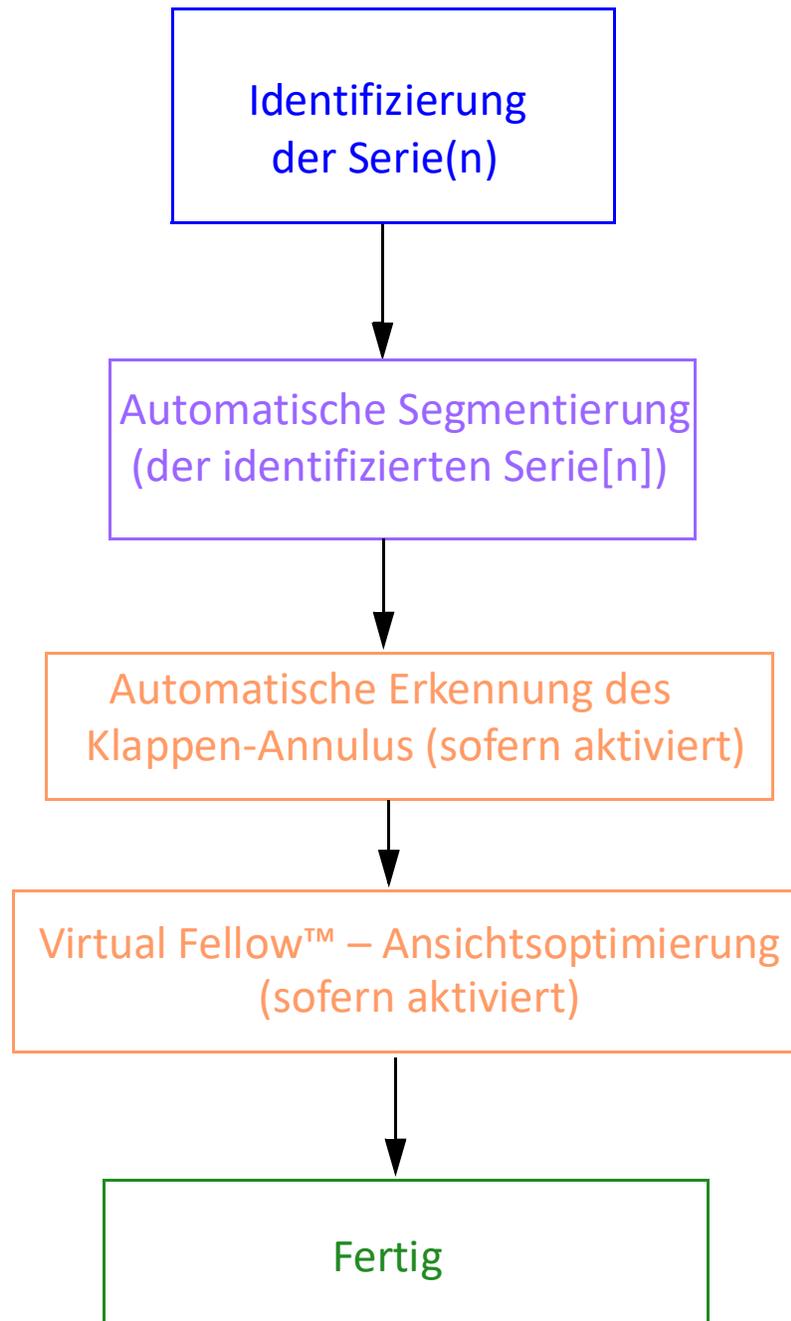


**WARNUNG:** Bestätigen Sie vor der Auswertung oder dem Vergleich von Studien alle Patienten-Untersuchungsanzeigeeinformationen durch Sichtkontrolle im oberen Teil der Benutzeroberfläche. #1 zeigt die aktuelle Studie und #2 die vorherige Studie an.



**WARNUNG:** Die Bildbearbeitung mittels WW/WL, Schwenken, Zoom, Drehen und Spiegeln in Virtual Fellow™ kann das Erscheinungsbild verschiedener Pathologien und die Fähigkeit, andere anatomische Strukturen zu erkennen, beeinflussen. Überprüfen Sie jedes einzelne Ansichtsprotokoll und nehmen Sie falls erforderlich die entsprechenden Anpassungen vor.

# Vorbereitung mittels Virtual Fellow™

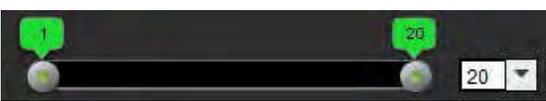


# Benutzeroberfläche von Virtual Fellow™



## Werkzeuge der Benutzeroberfläche von Virtual Fellow™

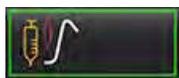
Auswahl	Beschreibung
	Virtual Fellow™
	Funktionsergebnisse anzeigen
	Flussergebnisse anzeigen
	Ergebnisse der Myokardbeurteilung anzeigen

Auswahl	Beschreibung
 	<p>Verbundenes Umschalten zur Durchführung von WW/WL, Schwenken, Drehen und Spiegeln sowohl für die aktuelle als auch die vorherige Serie.</p> <p>Nicht verbundenes Umschalten zur Durchführung von WW/WL, Schwenken, Drehen und Spiegeln für eine einzelne Serie. Hinweis: Zoom wird stets sowohl auf die aktuelle als auch vorherige Serie angewandt.</p>
	<p>Phase wird verwendet, um eine phasensensitive Late-Enhancement-Analyse anzuzeigen.</p> <p>Vergrößerung wird verwendet, um eine vergrößerungsbasierte Late Enhancement-Analyse anzuzeigen.</p>
	<p>MOCO wird verwendet, um bewegungskorrigierte Zeitverlaufsserien anzuzeigen.</p> <p>NO MOCO wird verwendet, um Zeitverlaufsserien ohne Bewegungskorrektur anzuzeigen.</p>
	<p>#1 ist der Indikator der Serie, die für die aktuelle Studie angezeigt wird. Klicken Sie mit der linken Maustaste direkt auf #1, um die Serie zu ändern.</p>
	<p>#2 ist der Indikator der Serie, die für die vorherige Studienserie angezeigt wird. Klicken Sie mit der linken Maustaste direkt auf #2, um die Serie zu ändern.</p>
	<p>Film-Bedienelemente werden verwendet, um das Cine-Movie abzuspielen, anzuhalten, die Frames pro Sekunde auszuwählen sowie den Start- und End-Frame zu definieren.</p>
	<p>Querverweis-Werkzeug zur automatischen Erkennung und Anzeige von Bildern, die die gleiche Stelle zeigen. Hinweise zur Verwendung dieser Funktion finden Sie unter <a href="#">„Komponentensuche“</a> auf Seite 26.</p>

Auswahl	Beschreibung
	Messwerkzeuge
	Generische Bearbeitungen von Messungen rückgängig machen.
	Viewport-Layout-Optionen*: 1x1, 1x2, 4x4 und 5x4. *Abhängig vom ausgewählten Protokoll.
	Geltungsbereich hat die gleiche Funktion wie unter „Bildbearbeitungs-Werkzeuge“ auf Seite 12 beschrieben.
Linke Pfeiltaste auf der Tastatur	Zum Verschieben der Schichtposition in Vorwärtsrichtung in einem aktuellen/ vorherigen Ansichtsprotokoll.
Rechte Pfeiltaste	Zum Verschieben der Schichtposition in Rückwärtsrichtung in einem aktuellen/ vorherigen Ansichtsprotokoll.

## Ansichtsprotokoll

	Serientyp
	Kurzachsen-Filmfunktionsserie
	Aktuelle Kurzachsen-Filmfunktion mit vorheriger
	Myokardiale Beurteilung
	Aktuelle myokardiale Beurteilung mit vorheriger.
	Kurzachsen-Filmfunktion mit myokardialer Beurteilung.

	Serientyp
	Zeitverlaufsserie Belastung
	Aktuelle Zeitverlaufsserie Belastung mit vorheriger.
	Aktuelle Zeitverlaufsserie Belastung mit myokardialer Beurteilung.
	Zeitverlaufsserie Belastung/Ruhe.
	T1-Axial-Serie
	SSFP mit T1-Axial-Serie

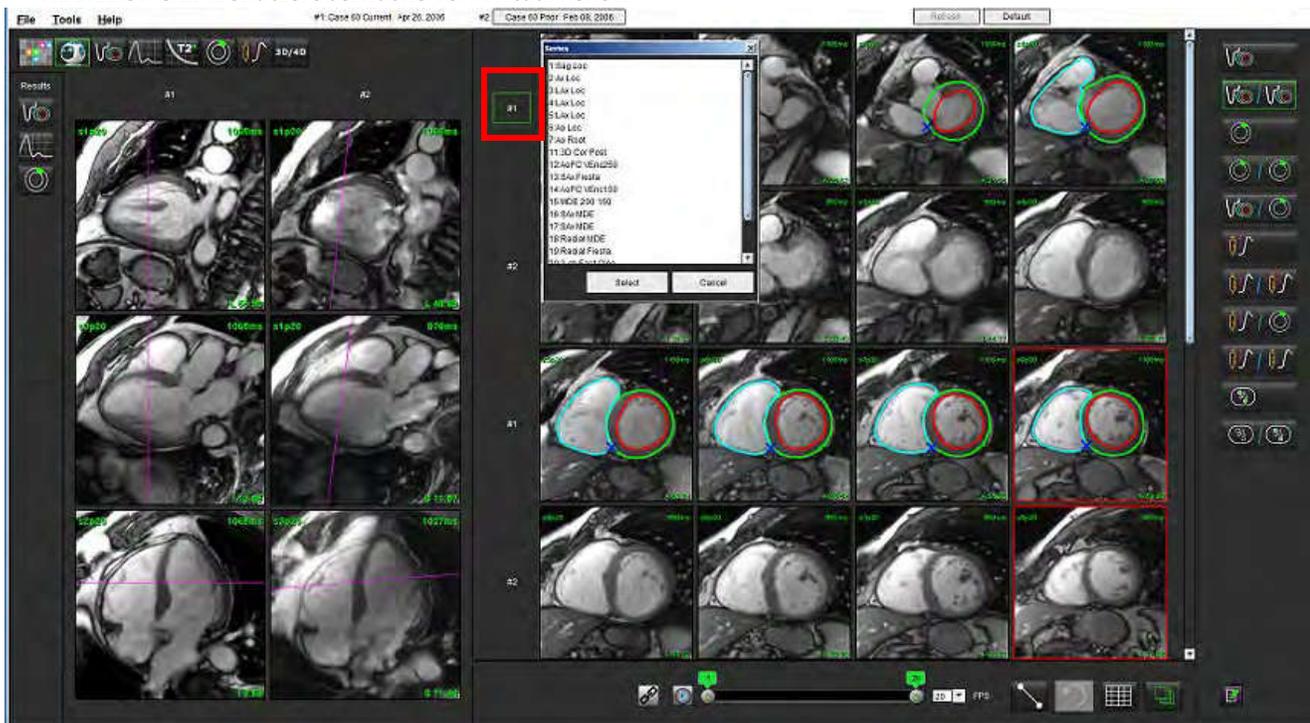
## Tastatur-Shortcuts

Funktion	Taste
In der Langachsenansicht vorwärts blättern, wenn der gelbe Indikator in der Ecke des Bildfensters vorhanden ist.	Z
In der Langachsenansicht rückwärts blättern, wenn der gelbe Indikator in der Ecke des Bildfensters vorhanden ist.	A

# Auswahl einer Serie für Ansichtsprotokolle durch Benutzer

Ansichtsprotokolle werden konfiguriert, um Bilder aus der aktuellen Studie oder aus der aktuellen und vorherigen Studie anzuzeigen. Wenn die angezeigten Bilder nicht den für die Auswertung erwarteten Bildern entsprechen, wählen Sie die richtige Serie erneut aus, indem Sie wie in Abbildung 1 dargestellt mit der linken Maustaste direkt auf die gewünschte Nummer auf der Benutzeroberfläche von Virtual Fellow™ klicken (#1 für die aktuelle Studie oder #2 für die vorherige Studie). Wählen Sie die entsprechende Serie aus den für die aktuelle Studie (#1) aufgelisteten Serien aus.

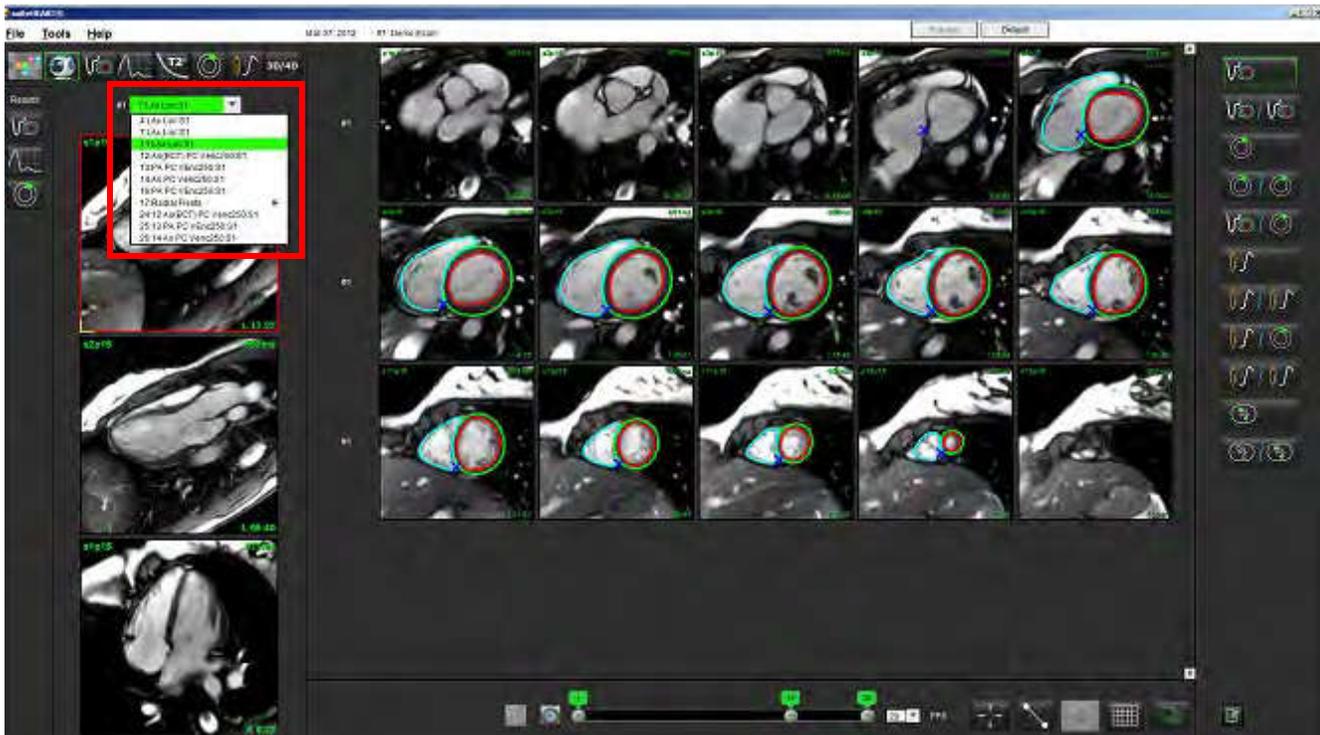
ABBILDUNG 1. Benutzeroberfläche von Virtual Fellow



# Auswahl einer Serie für Querverweis-Längsachsen-Darstellungsfenster durch Benutzer

Wenn die dargestellten Bilder nicht in den erwarteten Ansichten angezeigt werden, können die entsprechenden Serien ausgewählt werden, indem Sie direkt auf ein Längsachsen-Darstellungsfenster klicken und das Bild dann wie in der nachstehenden Abbildung gezeigt aus dem Datei-Pulldown-Menü auswählen.

**HINWEIS:** Bei Verwendung der Tastaturtasten Z oder A wird das vom Benutzer ausgewählte Bild nicht mehr im Darstellungsfenster angezeigt.



## Einstellung der apikalen Langachsen-Richtung für Virtual Fellow™

1. Klicken Sie in der Menüleiste der Bildansicht auf **Werkzeuge > Einstellungen > Einstellungen bearbeiten**.
2. Wählen Sie die Registerkarte **Virtual Fellow™** aus.
3. Wählen Sie die gewünschte apikale Richtung für die Langachsenansichten wie unten dargestellt aus.

**ABBILDUNG 2.** Einstellung der apikalen Langachsen-Richtung



# Bearbeiten von Konturen

Die Konturbearbeitung, die in diesem Abschnitt beschrieben wird, steht in allen Analysemodi zur Verfügung. Diese Funktion ist im Editor-Fenster und im Überprüfungsmodus verfügbar.

## Konturbearbeitungsoptionen

### Herkömmliche Bearbeitung

1. Klicken Sie im Editor-Fenster mit der linken Maustaste auf die Kontur. Die Kontur färbt sich bei der Auswahl lila.
2. Klicken Sie mit der linken Maustaste auf den Mittelpunkt der Kontur, um sie wie in Abbildung 1 gezeigt zu ziehen.
  - Falls die ausgewählte Kontur mit Hilfe der Punkt-Spline-Methode erstellt wurde, werden die Punkte zur Bearbeitung angezeigt. Klicken Sie mit der linken Maustaste und ziehen Sie einen der Punkte, um die Größe und Form der Kontur wie in Abbildung 1 gezeigt zu verändern.
  - Falls die ausgewählte Kontur mit dem Freihandwerkzeug frei gezeichnet wurde, kann sie durch Drücken und Halten der linken Maustaste aktualisiert werden.

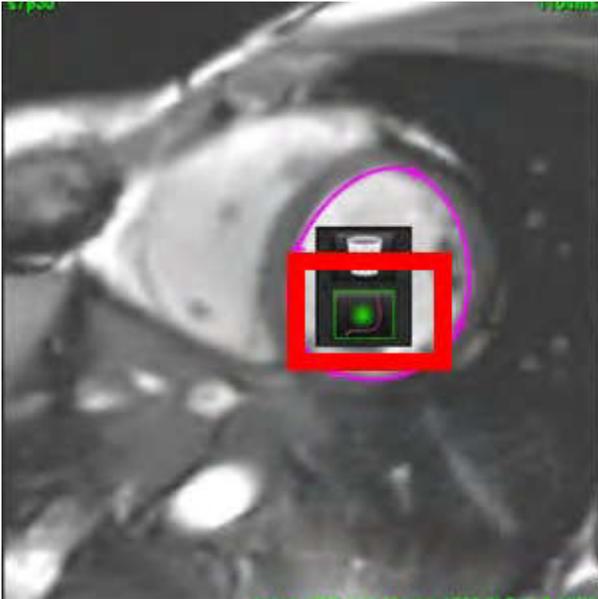
ABBILDUNG 1. Herkömmliche Konturbearbeitung



# Bearbeitungswerkzeug

1. Aktivieren Sie das Bearbeitungswerkzeug, indem Sie mit der linken Maustaste auf die Kontur klicken, um sie auszuwählen. Klicken Sie dann mit der rechten Maustaste und wählen Sie das Bearbeitungswerkzeug wie in Abbildung 2 gezeigt aus dem Popup-Menü aus.
  - Bei Verwendung des Bearbeitungswerkzeugs wird der ausgewählte Punkt-Spine-Untersuchungsbereich automatisch zu einem Freihand-Untersuchungsbereich.

**ABBILDUNG 2. Aktivierung des Bearbeitungswerkzeugs**



2. Der Cursor wird als Quadrat angezeigt. Positionieren Sie den Cursor weg vom Untersuchungsbereich und halten Sie die linke Maustaste gedrückt. Das Bearbeitungswerkzeug wird eingeblendet (siehe Abbildung 3).

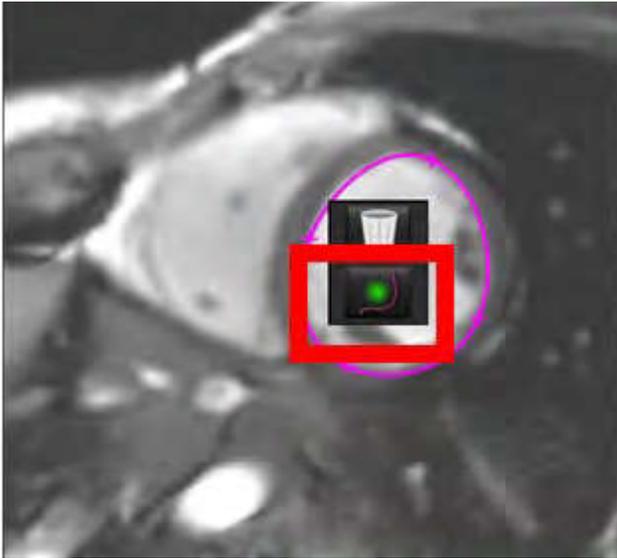
**HINWEIS:** Die Größe des Bearbeitungskreises wird standardmäßig auf eine Größe festgelegt, die der gleichen Entfernung vom Mauszeiger zum ausgewählten Untersuchungsbereich entspricht. Positionieren Sie den Cursor erneut, um die Größe zu ändern.

**ABBILDUNG 3. Bearbeitungswerkzeug**



- Um das Bearbeitungswerkzeug zu deaktivieren, klicken Sie mit der linken Maustaste auf die Kontur, klicken dann mit der rechten Maustaste und wählen das Bearbeitungswerkzeug aus dem Popup-Menü aus (siehe Abbildung 4).

**ABBILDUNG 4. Deaktivierung des Bearbeitungswerkzeugs**



**HINWEIS:** Der standardmäßige Aktivierungs-/Deaktivierungsstatus des Bearbeitungswerkzeugs lässt sich in den Einstellungen festlegen.

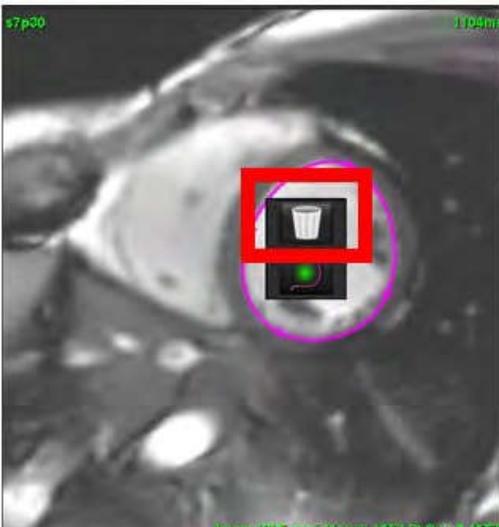
## Löschen einer Kontur

- Klicken Sie mit der linken Maustaste auf die Kontur, um sie auszuwählen, und drücken Sie dann die Löschtaste auf der Tastatur.

oder

- Klicken Sie mit der linken Maustaste auf die Kontur, um sie auszuwählen. Klicken Sie dann mit der rechten Maustaste und wählen die Mülltonne aus dem Popup-Menü aus (siehe Abbildung 5).

**ABBILDUNG 5. Konturlöschung**



# Funktionsanalyse

Der Benutzer ist für die genaue und vollständige Positionierung (und korrekte Zuordnung) aller Untersuchungsbereiche verantwortlich, einschließlich solcher Untersuchungsbereiche, die anhand automatischer Segmentierungsalgorithmen erzeugt oder modifiziert wurden. Die von der Software erzeugten quantitativen Werte hängen von der genauen und vollständigen Positionierung (und korrekten Zuordnung) dieser Untersuchungsbereiche ab.

Die Funktion „Studienvorbereitung“ ermöglicht die Vorbereitung der Funktionsanalyse. Siehe suiteDXT-Bedienungsanleitung, NS-03-039-0010.

Dieser Abschnitt beschreibt die typischen Schritte, die zu einer Herzfunktionsanalyse gehören. Die Beispiels-Arbeitsabläufe liefern eine Übersicht über die Schritte, welche die Anwendung bei einer Herzfunktionsanalyse durchführt. Die Verfahren zeigen, wie quantitative Analysen durchgeführt werden.

**WICHTIG:** Es wird empfohlen, dass Sie für die Durchführung von kardiologischen Analysen qualifiziert sind, wenn die Analyseergebnisse für das Erstellen einer Diagnose verwendet werden sollen.



**WARNUNG:** Die Anwendung unterstützt ausschließlich die Analyse der Bilder. Sie liefert nicht automatisch quantifizierbare Ergebnisse. Die Verwendung und Beurteilung der quantitativen Messergebnisse bleiben dem Anwender überlassen. Falls die Messungen ungenau sind, kann es zu Fehldiagnosen kommen. Messungen sollten nur von entsprechend ausgebildeten und qualifizierten Benutzern vorgenommen werden.



**WARNUNG:** Eine falsche Scanebene kann zu ungenauen Analyseergebnissen führen. Siehe Anhang B.

**HINWEIS:** Nachträgliche 2D-Serien, die aus 4D-Flussbildern erstellt werden, erfordern möglicherweise eine manuelle Segmentierung.

Die Analyse gliedert sich in drei Kategorien:

Ventricles

- Beinhaltet Volumenanalyse für den linken Ventrikel (LV) und rechten Ventrikel (RV).

Atria

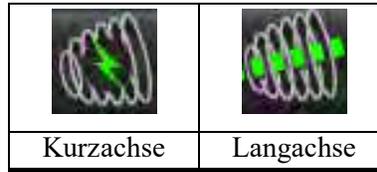
- Beinhaltet Volumenanalyse für das linke (LA) und rechte Atrium (RA).

Other

- Beinhaltet vordefinierte lineare Messungen und benutzerdefinierte Messungen, die hinzugefügt werden können.

# Ventrikel

Wählen Sie den entsprechenden Analysetyp aus:



Klicken Sie auf , um Konturen zu löschen.

**HINWEIS:** Der Matrixmodus unterstützt das Löschen von Konturen.

## Indexmessungen berechnen

1. Wählen Sie die **Registerkarte Anamnese** aus.
2. Geben Sie die **Größe** und das **Gewicht** des Patienten ein.

Die Messungen des enddiastolischen Volumenindex, des endsystolischen Volumenindex, des enddiastolischen Massenindex, des endsystolischen Massenindex, der Massenindexphase, des Herzleistungsindex und des Schlagvolumenindex werden anhand der Messergbnistabelle berechnet.

**HINWEIS:** Unter der Registerkarte „Anamnese“ in der Befundansicht kann die KÖF-Berechnungsmethode gewählt werden.

## Automatische LV- und RV-Segmentierung

Die automatische Segmentierungsfunktion berechnet Standardparameter der Herzfunktion ohne anatomische Eingabe. Nach Generierung der Segmentierungsergebnisse können Untersuchungsbereichsarten für die Anzeige aus- oder abgewählt werden. Die Segmentierungsbearbeitung kann zudem über Benutzereingaben erfolgen.

**HINWEIS:** Wenn die LV- und RV-Schaltflächen der Kurzachsenfunktion beide abgewählt sind oder wenn die Kammerauswahl-Schaltfläche auf der Langachse abgewählt ist, wird die Schaltfläche „Automatische Übertragung starten“ deaktiviert.

Gehen Sie wie folgt vor, um die LV- und RV-Segmentierung zu starten:

1. Wählen Sie die Kurzachsenserie, und stellen Sie Fenster/Ebene ein.
2. Klicken Sie auf .
3. Klicken Sie auf  für die automatische Segmentierung.
4. Wählen Sie die entsprechenden Optionen aus der Segmentierungs-Symbolleiste aus (siehe Abbildung 1).
5. Wählen Sie  aus, um die automatische Segmentierung zu starten.

ABBILDUNG 1. Segmentierungs-Symboleiste

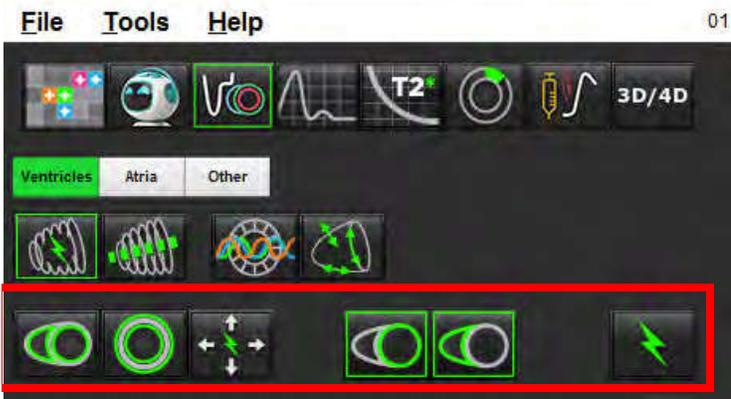


Tabelle 1: Automatische Segmentierung – Konturtypen

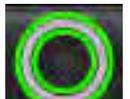
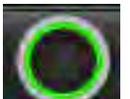
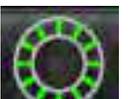
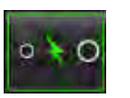
				
Glättungsmodus – Schließt die papillaren Muskeln im ventrikulären Volumen ein.	Papillarmodus – Schließt die papillaren Muskeln aus dem ventrikulären Volumen aus.	Endokardiale und epikardiale Konturen anzeigen.	Endokardiale Konturen anzeigen.	Sehnenfäden anzeigen.

Tabelle 2: Automatische Segmentierung\* – Übertragungstypen

			
Alle Schichten, alle Phasen übertragen oder alle Schichten, alle Phasen zeigen	Alle Schichten übertragen; Einzelphase	Alle Phasen übertragen; Einzelschicht	Übertragung zeigt ausschließlich Konturen für ED-/ES-Phasen

\*Die Übertragungsfunktion wird getauscht, wenn die Einstellung „x-(Schicht) und y-(Phase) Achse für Matrix-Modus spiegeln“ aktiviert ist.

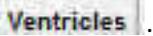
Tabelle 3: Ventrikuläre Auswahl

	
Linker Ventrikel – Segmentierung oder Display generieren	Rechter Ventrikel – Segmentierung oder Display generieren

## Automatische Segmentierung für alle Schichten und alle Phasen durchführen

Diese Option ist für das Generieren der Ergebnisse regionaler Analysen sowie von Dyssynchronie- und Klappenebenenanalysen erforderlich.

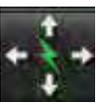
1. Wählen Sie die Kurzsachsenserie, und stellen Sie Fenster/Ebene ein.

2. Klicken Sie auf .

3. Klicken Sie auf  für die automatische Segmentierung.

4. Wählen Sie entweder den Glättungsmodus  oder den Papillarmodus  aus der Segmentierungs-Symbolleiste aus.

5. Wählen Sie  aus, um die Ergebnisse der Myokardmasse zu generieren.

6. Wählen Sie  für alle Phasen und Schichten aus.

7. Wählen Sie entweder  oder  oder beides aus.

**HINWEIS:** Für eine optimale RV-Segmentierung müssen sowohl die epikardiale als auch die endokardiale Kurve ausgewählt werden.

8. Wählen Sie  aus, um die automatische Segmentierung zu starten.

**HINWEIS:** Die Schaltfläche „Automatische Übertragung starten“ wird deaktiviert, wenn sowohl die LV- als auch RV-Auswahl abgewählt sind.

## Segmentierungsgenauigkeit/-bearbeitung prüfen

1. Spielen Sie die Kurzsachsenserien im Filmmodus ab, und prüfen Sie die Genauigkeit der Konturen.

2. Bearbeiten Sie alle ungenauen Konturen.

Die Phasenzuordnungen für ED und ES sind gesperrt. Zur erneuten Zuordnung von ED oder ES klicken Sie auf die Schaltfläche „ED“ oder „ES“ und wählen Sie die Phasennummer direkt auf der Matrix. Gesperrte Phasen sind durch eine hellere Farbe des Dreiecks gekennzeichnet.

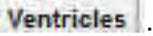
3. Prüfen Sie die Platzierung des RV-Einfügepunktes auf jeder Schicht. Korrigieren Sie den RV-Einfügepunkt für die Basalschichten.

4. Prüfen Sie den Matrix-Modus und bestätigen Sie die ED- und ES-Zuordnungen.

**HINWEIS:** Die Konturbearbeitung wird im Glättungsmodus unterstützt. Führen Sie eine Konturbearbeitung durch und starten Sie die automatische Segmentierung.

## Automatische Segmentierung für alle Schichten in einer Einzelphase durchführen

1. Wählen Sie die Kurzsachsenserie, und stellen Sie Fenster/Ebene ein.

2. Klicken Sie auf .

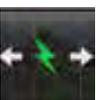
3. Klicken Sie auf .

4. Wählen Sie entweder den Glättungsmodus  oder den Papillarmodus  aus der Segmentierungs-Symboleiste aus.

5. Wählen Sie  aus, um die Ergebnisse der Myokardmasse zu generieren.

6. Prüfen Sie die Kurzsachsenbilder und wählen Sie die enddiastolische Phase aus.

7. Wählen Sie entweder  oder  oder beides aus.

8. Wählen Sie  für alle Schichten in einer Einzelphase aus.

9. Wählen Sie  aus, um die automatische Segmentierung zu starten.

10. Überprüfen Sie die Kurzsachsenbilder und wählen Sie die enddiastolische Phase aus.

11. Wählen Sie  aus, um die automatische Segmentierung zu starten.

**HINWEIS:** Die Schaltfläche „Automatische Übertragung starten“ wird deaktiviert, wenn sowohl die LV- als auch RV-Auswahl abgewählt sind.

## Segmentierungsgenauigkeit/-bearbeitung prüfen

1. Spielen Sie die Kurzsachsenserien im Filmmodus ab, und prüfen Sie die Genauigkeit der Konturen.

2. Bearbeiten Sie alle ungenauen Konturen.

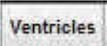
3. Prüfen Sie den Matrix-Modus und bestätigen Sie die ED- und ES-Zuordnungen.

4. Prüfen Sie alle Ergebnisse in der Tabelle mit den Messwerten.

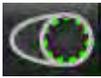
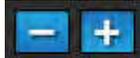
# Verfahren zur manuellen LV- und RV-Funktionsanalyse

**HINWEIS:** Es wird empfohlen, dass jeweils die enddiastolische und endsystolische Herzphase verwendet wird. Die Verarbeitung sollte mit der enddiastolischen Phase beginnen. Der Arbeitsfluss der Analyse verläuft normalerweise von der Herzbasis zur Herzspitze.



1. Wählen Sie  aus.
2. Wählen Sie in der Bildansicht die entsprechende Kurzsachsenserie aus.
3. Klicken Sie auf .
4. Klicken Sie auf die Schaltfläche  für Volumenmessungen.
5. Suchen Sie die enddiastolische Phase.

## Endokard definieren

1. Wählen Sie  für LV (Linker Ventrikel) oder  für RV (Rechter Ventrikel) aus.
2. Zeichnen Sie die endokardiale Kontur.
3. Fahren Sie mit der nächsten Schicht unter Verwendung von  fort oder verwenden Sie <-- und --> oder wählen Sie die Miniaturansicht aus.
4. Wiederholen Sie die Schritte 2 und 3, bis der gesamte linke und/oder rechte Ventrikel segmentiert ist.  
Das endokardiale Konturwerkzeug bleibt ausgewählt, damit die Segmentierung von mehreren Schichten rascher durchgeführt werden kann.
5. Finden Sie die endsystolische Phase.
6. Wiederholen Sie die Schritte 2 und 3 für die endsystolische Phase, bis der gesamte linke und/oder rechte Ventrikel segmentiert ist.

**HINWEIS:** Die Software definiert automatisch die enddiastolische Phase als die Phase mit dem größten Volumen und die endsystolische Phase als die Phase mit dem kleinsten Volumen. Die Zuordnung der enddiastolischen Phase und der endsystolischen Phase wird während der Segmentierung aktualisiert.

## Segmentierungsgenauigkeit/-bearbeitung prüfen

1. Spielen Sie die Kurzsachsenserien im Filmmodus ab, und prüfen Sie die Genauigkeit der Konturen.
2. Bearbeiten Sie alle ungenauen Konturen.
3. Prüfen Sie den Matrix-Modus und bestätigen Sie die ED- und ES-Zuordnungen.
4. Prüfen Sie alle Ergebnisse in der Tabelle mit den Messwerten.

## Manuelles Verfahren zur Darstellung der myokardialen LV- und RV-Masse

1. Wählen Sie die entsprechende Herzphase.



2. Wählen Sie  für LV-Epikard oder  für RV-Epikard aus.

3. Zeichnen Sie die epikardiale Kontur.

4. Fahren Sie mit der nächsten Schicht unter Verwendung von  fort oder verwenden Sie <-- und --> oder wählen Sie die Miniaturansicht aus.

5. Wiederholen Sie die Schritte 3 und 4, bis das gesamte links- und/oder rechtsventrikuläre Epikard segmentiert ist.

Während die epikardialen Konturen definiert werden, werden die Ergebnisse der Masse automatisch aktualisiert.

### Segmentierungsgenauigkeit/-bearbeitung prüfen

1. Spielen Sie die Kurzachsenserien im Filmmodus ab, und prüfen Sie die Genauigkeit der Konturen.
2. Bearbeiten Sie alle ungenauen Konturen.
3. Prüfen Sie den Matrix-Modus und bestätigen Sie die ED- und ES-Zuordnungen.
4. Prüfen Sie alle Ergebnisse in der Tabelle mit den Messwerten.

### Basale Interpolation

Zur Durchführung der Interpolation einer Segmentierung für die Basalschichten identifizieren Sie den Annulus der Mitralklappe oder Trikuspid-Klappe auf einer Langachsenansicht.

**HINWEIS:** Die automatische Einfügung des Annulus der Klappen für LV und RV kann unter „Einstellungen“ gewählt werden; siehe Verfahren für die Bearbeitung der Parameter im Bereich „Verschiedenes“ auf Seite 35.

1. Zur basalen Interpolation des linken Ventrikels wählen Sie eine 2-Kammern-Ansicht im Querverweismodus aus.

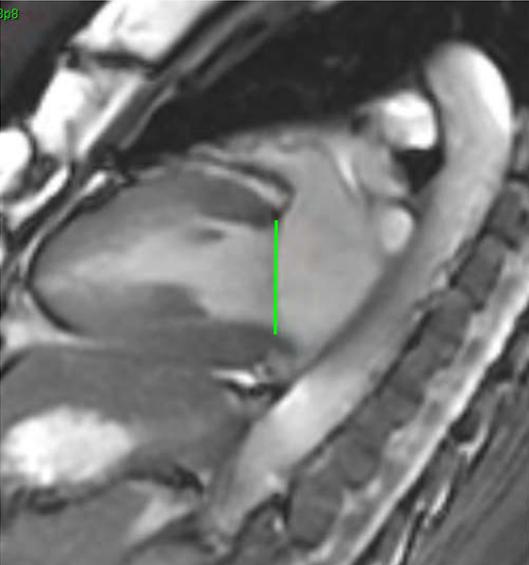


2. Wählen Sie  aus.

3. Definieren Sie den MK-Annulus (siehe Abbildung 2). Prüfen Sie die Platzierung der Linie auf den entsprechenden endsystolischen und enddiastolischen Phasen durch Verwendung der Film-Bedienelemente.

**HINWEIS:** Basale Interpolation mehrerer Ebenen wird unterstützt. Der MK-Annulus kann beispielsweise auf 2-Kammer- und 4-Kammer-Ansichten identifiziert werden; die Anpassung erfolgt zwischen den beiden Ebenen.

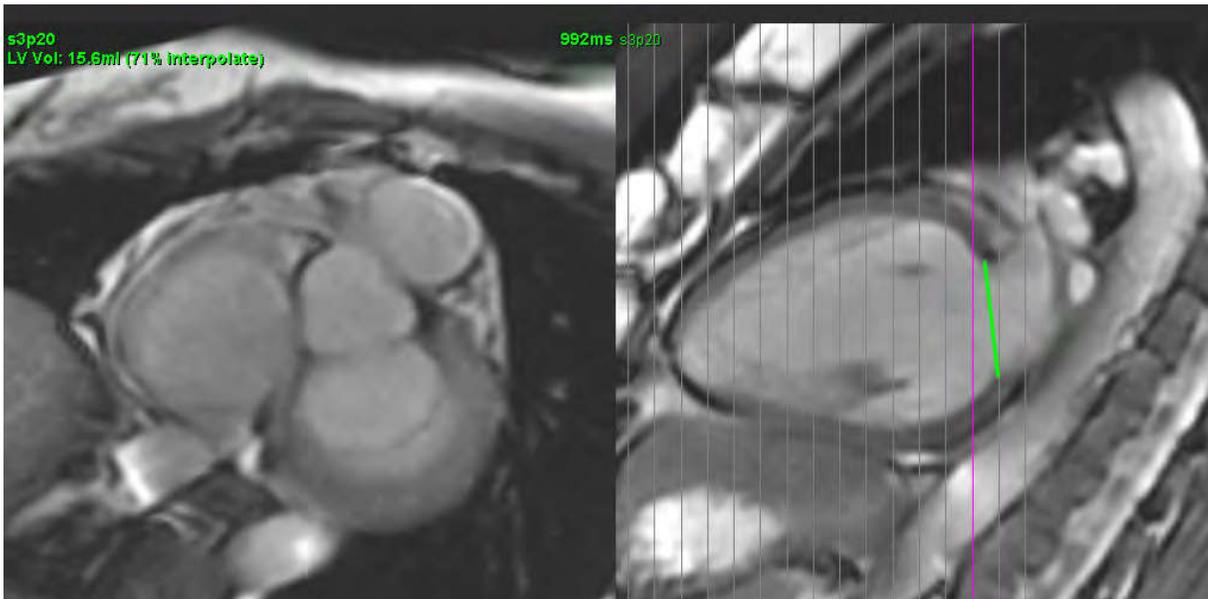
ABBILDUNG 2. MK-Annulus



4. Prüfen Sie die aktualisierte Berechnung durch Überprüfung der Querverweisschichten in Relation zur Linie.

Wie in Abbildung 3 dargestellt basiert die interpolierte Volumenberechnung auf der Beziehung des Linienschnittpunkts mit der Schicht (rosa Linie). Dieses Volumen ist jetzt in den Volumenergebnissen enthalten. Der eigentliche Untersuchungsbereich wird nicht angezeigt. Für interpolierte Schichten wird der Volumenwert mit dem Prozentsatz der Interpolation in der linken Ecke des Bildes angezeigt (siehe Abbildung 3).

ABBILDUNG 3. Volumenberechnung

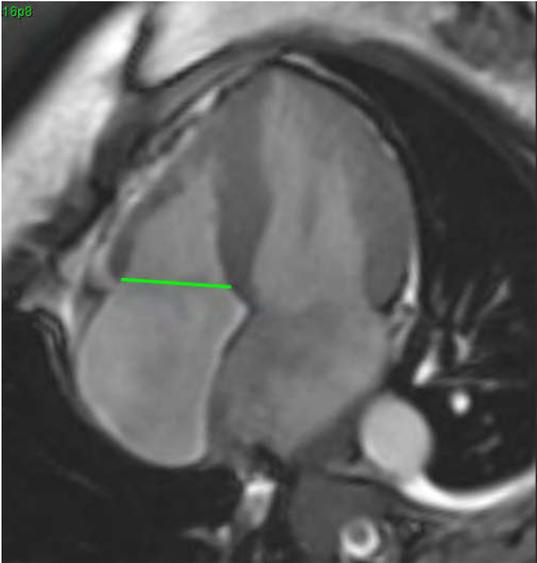


5. Zur basalen Interpolation des rechten Ventrikels wählen Sie eine 4-Kammern-Ansicht im Querverweismodus aus.



6. Wählen Sie  aus.
7. Definieren Sie den TK-Annulus (siehe Abbildung 4). Prüfen Sie die Platzierung der Linie auf den entsprechenden enddiastolischen und enddiastolischen Phasen durch Verwendung des Film-Bedienelements.

**ABBILDUNG 4. TK-Annulus**



8. Prüfen Sie die aktualisierten Berechnungen durch Überprüfung der Querverweisschichten in Relation zur Linie, und überprüfen Sie die ED- und ES-Zuordnungen im Matrix-Modus.
9. Um die Ergebnisse wieder auf den ursprünglichen Wert zurückzusetzen, halten Sie die rechte Maustaste direkt auf der Linie gedrückt, um „Löschen“ auszuwählen, oder klicken Sie mit der linken Maustaste auf die Linie und drücken Sie dann die Löschtaste auf der Tastatur.

### **Genauigkeit prüfen**

1. Spielen Sie die Langachsenserien im Filmmodus ab und prüfen Sie die Genauigkeit der Linie.
2. Passen Sie die Platzierung der Linie nach Bedarf an.
3. Wenn eine automatische Einfügung durchgeführt wurde, prüfen Sie auf korrekte Serienauswahl und Linienplatzierung. Wenn die Platzierung nicht korrekt ist, klicken Sie mit der rechten Maustaste auf die Linie und löschen Sie diese.

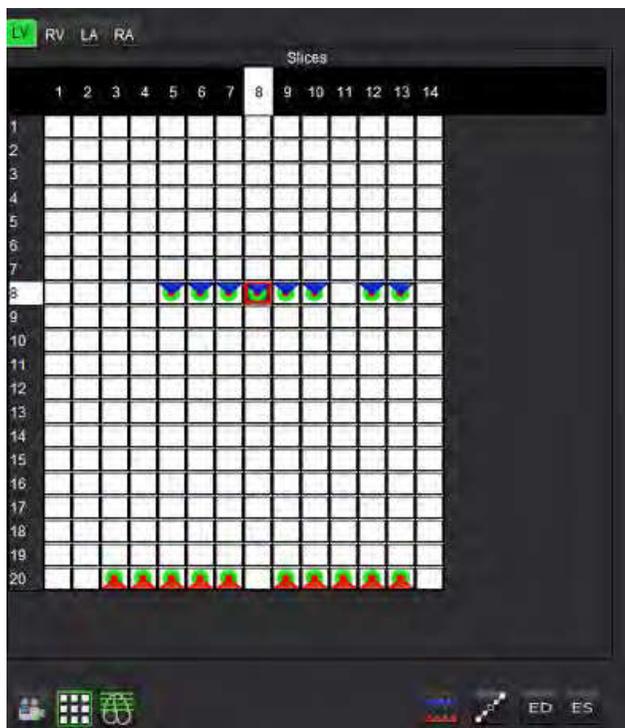
# Interpolationsfunktion

Bei Durchführung der Funktionsanalyse des LV oder RV ist die Interpolationsfunktion deaktiviert.

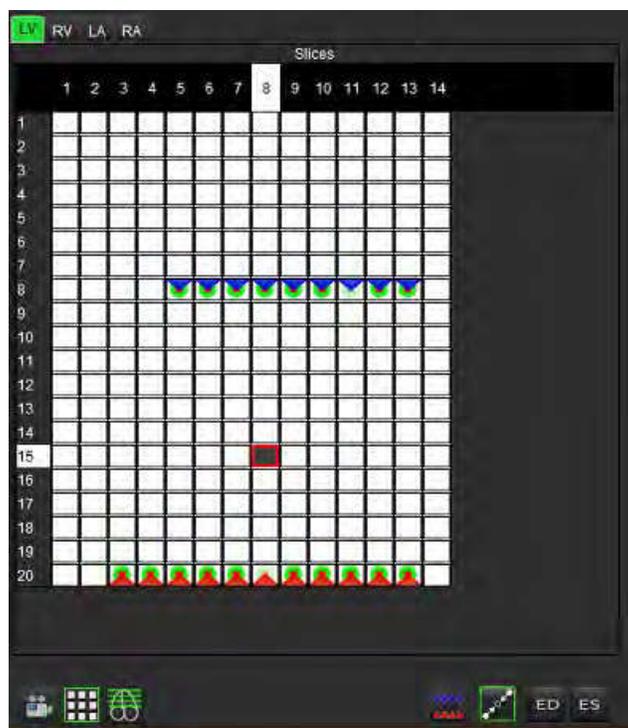
Die Interpolationsfunktion kann unter folgenden Bedingungen angewendet werden:

- Wenn die gleiche Herzphase über Schichten für die Endsystole oder die Enddiastole gezeichnet und dabei eine Schicht ausgelassen wird, kann die Interpolation durch Auswahl von „Ein“ (siehe Abbildung 5) aktiviert werden.
- Wenn die gleiche Herzphase über Schichten für die Endsystole oder die Enddiastole gezeichnet und/oder dabei eine Schicht ausgelassen wird, kann die basale Interpolation automatisch angewendet werden.

ABBILDUNG 5. Interpolation



Interpolation AUS



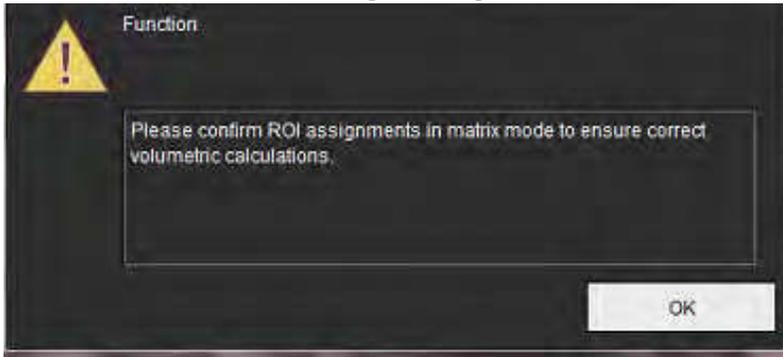
Interpolation EIN

## Prüfung der enddiastolischen (ED) und endsystolischen (ES) Zuordnungen

Nach Abschluss der Segmentierung prüfen Sie den Matrix-Modus und bestätigen Sie die enddiastolischen oder endsystolischen Zuordnungen.

**HINWEIS:** Für den Analysetyp ventrikulärer Volumina wird die folgende Meldung angezeigt, wenn die enddiastolischen (ED) oder die endsystolischen (ES) Kurven manuell an einer anderen Phase durchgeführt werden.

ABBILDUNG 6. ROI-Zuordnungsmeldung



1. Wählen Sie die Schaltfläche „Matrix-Modus“  .
2. Wählen Sie den „schichtweisen“ ED/ES-Modus aus .

Das Ansichtsfenster ändert sich und zeigt eine Matrix an, die alle erfassten Schichtpositionen und Phasen darstellt. In Abbildung 7 wurden alle enddiastolischen LV-Phasen zugeordnet. Dies wird durch die roten Dreiecke dargestellt. Die blauen Dreiecke zeigen die zugeordneten endsystolischen LV-Phasen an. Die roten Punkte stellen Phasen dar, die noch nicht zugeordnet wurden.

ABBILDUNG 7. Zuordnung der enddiastolischen LV-Phasen

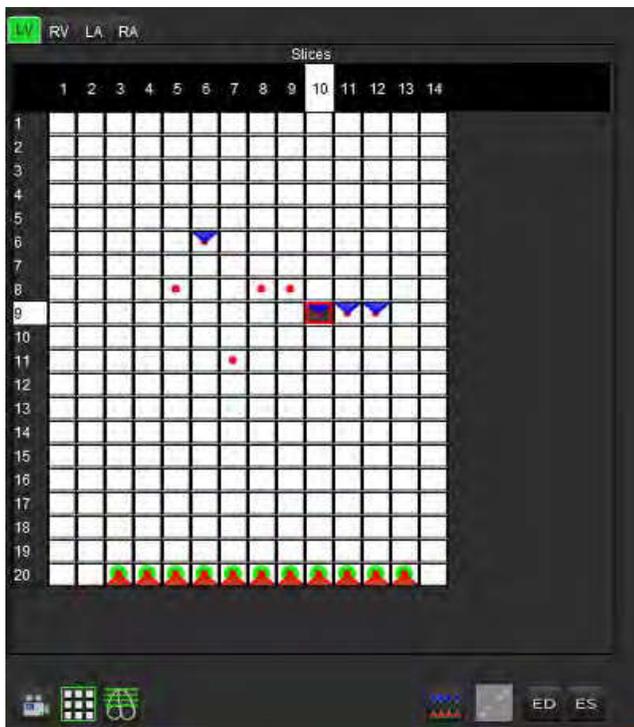
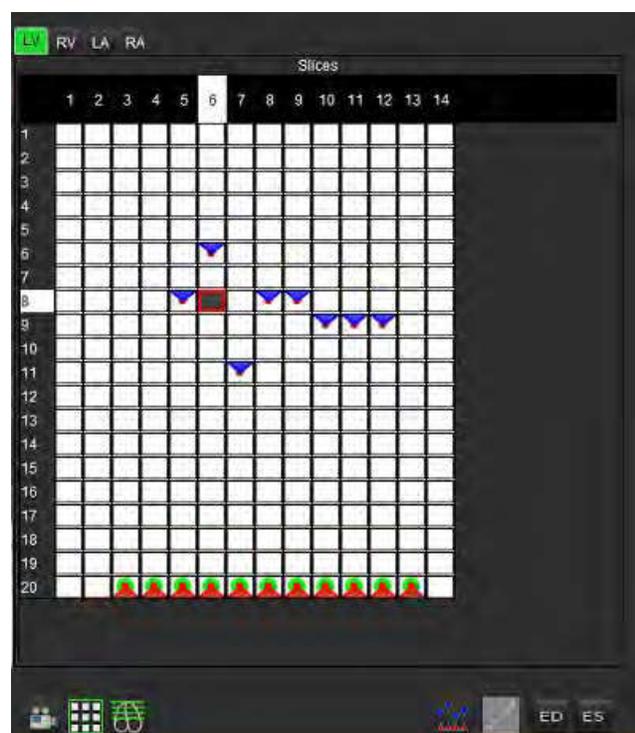


ABBILDUNG 8. Zuordnung der endsystolischen LV-Phasen



3. In diesem Beispiel müssen Sie auf die Schaltfläche  klicken und dann die entsprechende, mit dem roten Punkt gekennzeichnete Phase wählen, um die endsystolischen LV-Phasen zuzuordnen. Nach dem Klicken auf das Matrixfeld erscheint ein blaues Dreieck. Wie in Abbildung 8 dargestellt, sind alle enddiastolischen und/oder endsystolischen Zuordnungen richtig.
4. Wiederholen Sie die obigen Schritte für die RV-Phasen nach Bedarf. Klicken Sie auf die Registerkarte für RV.

## Bestimmung der Volumenmethode

Die Bestimmung der Volumenmethode für ED und ES basiert auf der Auswahl der Umschaltfläche für „Global“ und „Schichtweise“.

Tabelle 4: Umschaltfläche „Bestimmung der Volumenmethode“

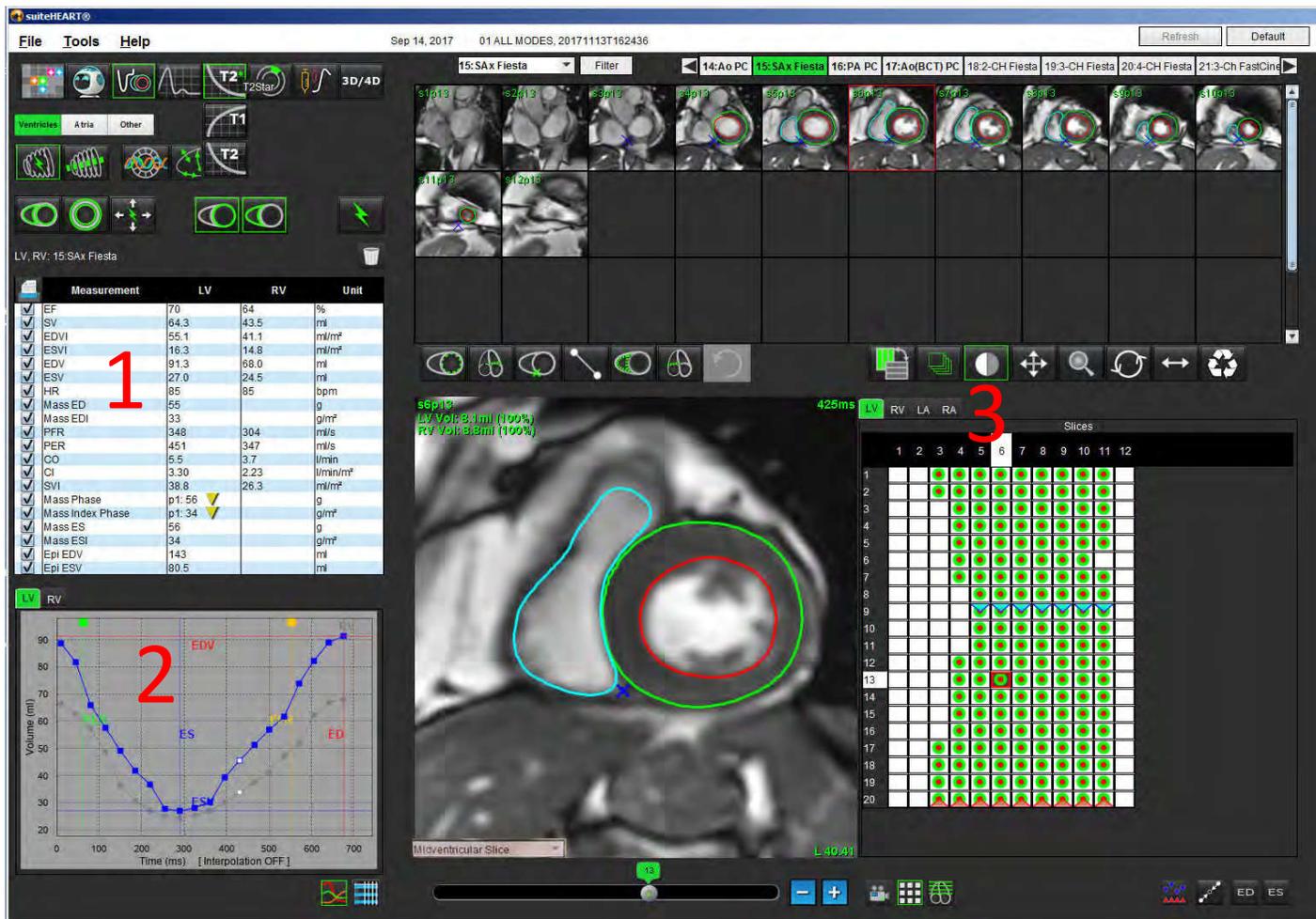
Globaler ED/ES		Bei Auswahl von „Global“ basiert das kombinierte Volumen auf den ED- und ES-Zuordnungen, die wiederum auf derselben Phase basieren.
„Schichtweiser“ ED/ES		Bei Auswahl von „Schichtweise“ basiert das kombinierte Volumen auf dem größten und kleinsten Volumen pro Phase für jede Schicht. Zum Aktivieren muss der Modus „Alle Schichten übertragen, alle Phasen“ ausgewählt werden.

# Ergebnisse der ventrikulären Funktionsanalyse

## Volumenkurve

Wenn die automatische Segmentierung für alle Phasen und alle Schichten entweder für LV oder RV durchgeführt wird, wird eine Kurve zum Vergleich von ventrikulärem Volumen im Zeitverlauf generiert (siehe Abbildung 9). Diese Kurve kann im Befund eingeschlossen werden. Markierungen mit Ziehpunkten können verschoben werden.

ABBILDUNG 9. Ergebnisse der ventrikulären Auto-Segmentierung



### 1. Volumetrische Ergebnisse, 2. Volumenkurve, 3. Matrix-Modus

- Der rote Cursor markiert das enddiastolische Volumen.
- Der blaue Cursor markiert das endsystolische Volumen.
- Der grüne Cursor markiert die Spitzenauswurfrate (Peak Ejection Rate – PER) in ml/s (interaktiver vertikaler Cursor).
- Der gelbe Cursor markiert die Spitzenfüllrate (Peak Filling Rate – PFR) in ml/s (interaktiver vertikaler Cursor).
- Die entsprechende Bildphase wird durch die weiße Markierung auf der Volumenkurve angezeigt

Die volumetrischen Ergebnisse werden in der Messergebnistabelle angezeigt.

- Klicken Sie auf das umgekehrte gelbe Dreieck für LV oder RV, um die Ergebnisse der ventrikulären Massenphase oder die Massenindexphase zu überprüfen.
- Nur die aus der Tabelle ausgewählte Phase wird im Befund angeführt.

ABBILDUNG 10. Pulldown-Menü „Massenphase“

The screenshot shows a table with columns: Measurement, LV, RV, and Unit. A pull-down menu is open for the 'Mass Phase' row, showing a list of phases from Phase\_01 to Phase\_12. Below the table, there are buttons for 'LV' and 'RV', and a small graph showing a blue line with a red 'ED' label.

Measurement	LV	RV	Unit
EF	57	57	%
SV	85.5	83.8	ml
EDVI	94.4	92.1	ml/m <sup>2</sup>
ESVI	40.8	39.6	ml/m <sup>2</sup>
EDV	150	147	ml
ESV	65.0	63.1	ml
HR	62	62	bpm
Mass ED	74		g
Mass EDI	46		g/m <sup>2</sup>
PFR	342	322	ml/s
PER	414	687	ml/s
CO	5.3	5.2	l/min
CI	3.32	3.28	l/min/m <sup>2</sup>
SVI	53.6		ml/m <sup>2</sup>
Mass Phase	p1: 75		
Mass Index Phase	p1: 47		
Mass ES	79		
Mass ESI	49		
Epi EDV	221		
Epi ESV	140		

Mass Phase Pull-down Menu:

- LV Mass Phase Phase\_01 75
- LV Mass Phase Phase\_02 75
- LV Mass Phase Phase\_03 73
- LV Mass Phase Phase\_04 82
- LV Mass Phase Phase\_05 86
- LV Mass Phase Phase\_06 86
- LV Mass Phase Phase\_07 79
- LV Mass Phase Phase\_08 79
- LV Mass Phase Phase\_09 78
- LV Mass Phase Phase\_10 82
- LV Mass Phase Phase\_11 79
- LV Mass Phase Phase\_12 70

ABBILDUNG 11. Tabelle Kammervolumen

Phase	TDel (ms)	ENDO Volume(ml)	EPI Volume(ml)
1	10	106	242
2	56	94.7	213
3	103	76.6	205
4	150	59.3	196
5	197	47.4	168
6	244	37.5	140
7	291	32.0	136
8	338	30.4	135
9	385	32.1	136
10	431	38.6	139
11	478	58.0	187
12	525	76.6	196
13	572	92.2	227
14	619	96.8	235
15	666	98.3	240
16	713	99.0	242

Buttons: Chamber, Endo Contour, Epi Contour

Die vollständigen volumetrischen LV- und RV-Ergebnisse werden in der Tabelle Kammervolumen angezeigt.

# Linksventrikuläre regionale Analyse

Die linksventrikuläre Analyse erlaubt die Prüfung der Ergebnisse für Wandbewegung, Wanddicke und Wandstärke.

**HINWEIS:** Wenn die LV- und RV-Schaltflächen der Kurzachsenfunktion beide abgewählt sind oder wenn die Kammerauswahl-Schaltfläche auf der Langachse abgewählt ist, wird die Schaltfläche „Automatische Übertragung starten“ deaktiviert.

1. Führen Sie die automatische LV-Segmentierung für alle Schichten in allen Phasen durch (siehe Seite 60).
2. Prüfen Sie die Platzierung des RV-Einfügepunktes auf jeder Schicht, und passen Sie den RV-Einfügepunkt den Basalschichten an.



3. Klicken Sie auf den RV-Einfügepunkt, wählen Sie eine automatisch segmentierte Schicht aus und legen Sie den RV-Einfügepunkt ab, um der Schichtposition einen RV-Einfügepunkt hinzuzufügen.

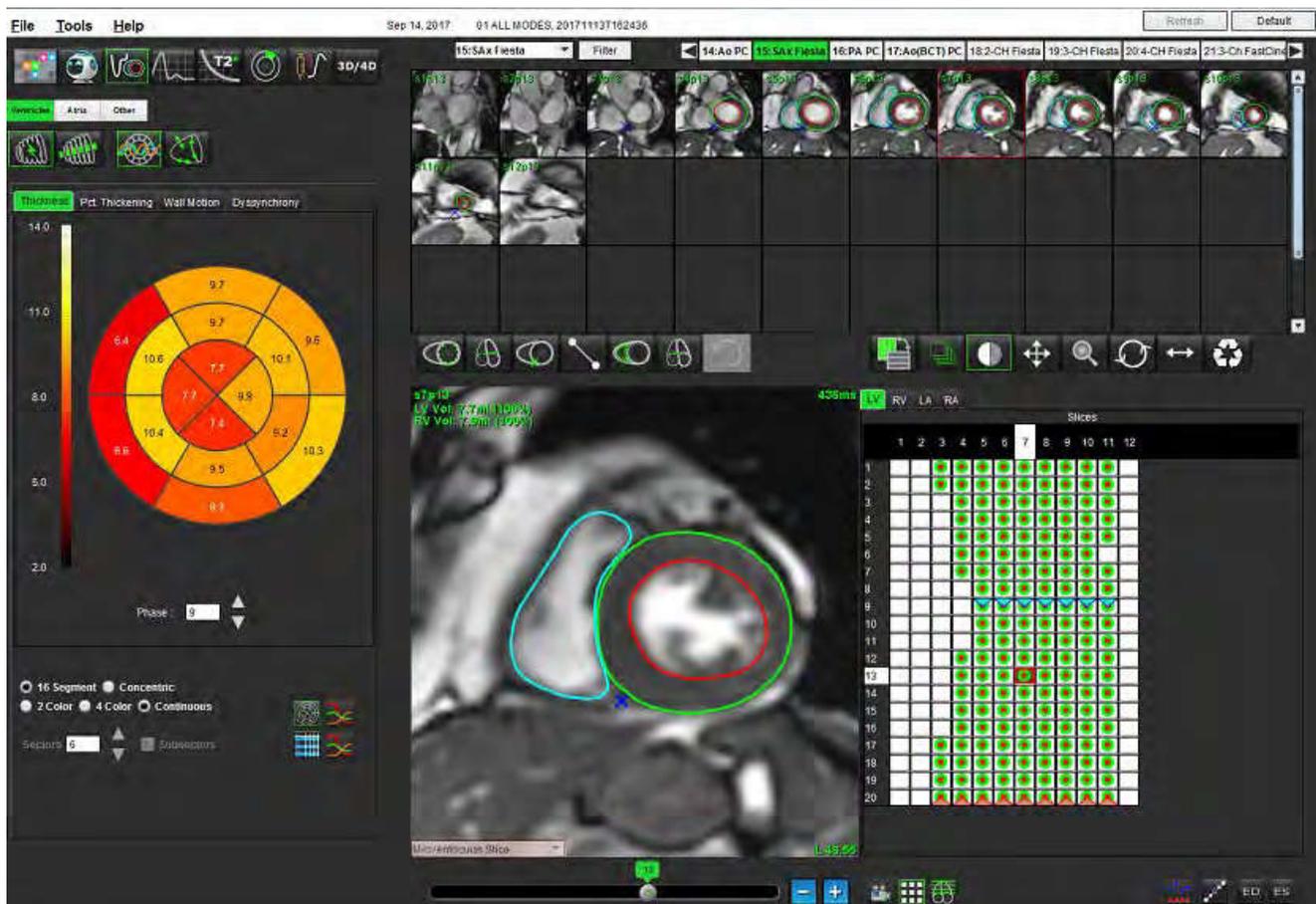
4. Bestätigen Sie die basale, mittlere und apikale Klassifizierung.



5. Klicken Sie auf „Regionale Analyse“. Stärke, prozentuale Verdickung und Wandbewegung werden in einer grafischen Darstellung oder im Tabellenformat angezeigt.



ABBILDUNG 12. Regionale Analyse



# Dyssynchronie-Analyse

Dyssynchronie ist eine Erweiterung der Ergebnisse der regionalen Analyse, die eine Berechnung der Temporal Uniformity of Wall Thickness (Zeitliche Gleichförmigkeit der Wandstärke; TUWT) ermöglicht und auf den Daten zum Umfang basiert, die in der regionalen Analyse ermittelt wurden. Die Quellennachweise sind in [Tabelle 5](#) aufgeführt.

## Verfahren zur Dyssynchronie-Analyse

1. Führen Sie eine automatische LV-Segmentierung durch (Siehe „Automatische Segmentierung für alle Schichten und alle Phasen durchführen“ auf Seite 60.).



2. Wählen Sie „Regionale Analyse“.
3. Wählen Sie die Registerkarte **Dyssynchronie** aus.
4. In der Messergebnistabelle werden die Ergebnisse für jede Schicht sowie das mittlere globale Ergebnis angezeigt.
5. Die globale Ergebnisberechnung ist optimal, wenn nur mittventrikuläre LV-Schichten aufgenommen werden. Um ein Schichtergebnis aus der globalen Ergebnisberechnung auszuschließen, klicken Sie direkt auf das Feld mit dem Häkchen in der Spalte ganz rechts (Abbildung 13).

ABBILDUNG 13. Globale Ergebnisberechnung

Measurement	TUWT	
Global	0.67	
Measurement	TUWT	+
S4	0.62	
S5	0.32	
S6	0.63	<input checked="" type="checkbox"/>
S7	0.64	<input checked="" type="checkbox"/>
S8	0.73	<input checked="" type="checkbox"/>
S9	0.63	<input checked="" type="checkbox"/>
S10	0.60	<input checked="" type="checkbox"/>
S11	0.65	<input checked="" type="checkbox"/>
S12	0.82	<input checked="" type="checkbox"/>
S13	0.85	
S14	0.73	

Tabelle 5:

Ergebnis	Literaturnachweis
Temporal Uniformity of Wall Thickness (TUWT)	*Bilchick et al., „Cardiac Magnetic Resonance Assessment of Dyssynchrony and Myocardial Scar Predicts Function Class Improvement Following Cardiac Resynchronization Therapy“, JACC, Bd. 1:Nr. 5: 2008 S. 561-8

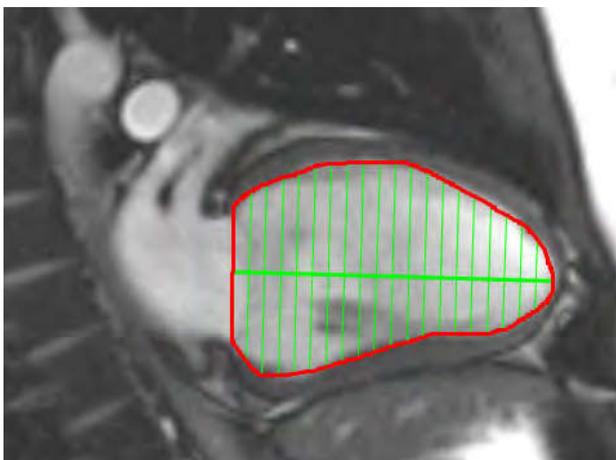
# Verfahren der schnellen LV-Funktionsanalyse

1. Wählen Sie  aus.
2. Wählen Sie eine Langachsenserie aus.
3. Wählen Sie  aus.
4. Wählen Sie  aus, um alle Schichten, alle Phasen zu übertragen.
5. Klicken Sie auf .

**HINWEIS:** Die Schaltfläche „Automatische Übertragung starten“ wird deaktiviert, wenn die Auswahl der Langachsenansicht abgewählt ist.

6. Prüfen Sie alle Kurven. Passen Sie die Mittellinie so an, dass sie der Langachse des linken Ventrikels von der Basis bis zur Spitze entspricht.
7. Manuelles Verfolgen kann durchgeführt werden. Klicken Sie auf , um das linksventrikuläre Endokard sowohl für die Enddiastole als auch für die Endsystole zu verfolgen.
8. Für die Berechnung der linksventrikulären Masse zeichnen Sie das linksventrikuläre Epikard nach .

**ABBILDUNG 14. Platzierung der Mittellinie**



Die Ergebnisse werden in der Messergebnistabelle angezeigt.

# Vorhöfe

## Verfahren zur manuellen LA- und RA-Funktionsanalyse

1. Wählen Sie in der Bildansicht die entsprechende Serie aus.

**HINWEIS:** Zur Erzielung optimaler Ergebnisse wird die Verwendung eines 4-Kammern-Stapels zur Analyse empfohlen. Die 4-Kammern-Ansicht stellt die atriale Anatomie besser dar.

2. Klicken Sie auf .

3. Wählen Sie die Schaltfläche  aus.

4. Suchen Sie die enddiastolische Phase.

### Endokard definieren

1. Wählen Sie  für LA-Endokard oder  für RA-Endokard aus.

2. Zeichnen Sie die endokardiale Kontur.

3. Fahren Sie mit der nächsten Schicht unter Verwendung von  fort, oder verwenden Sie <-- und --> bzw. klicken Sie auf die Miniaturansicht.

4. Wiederholen Sie die Schritte 2 und 3, bis der gesamte Vorhof segmentiert ist.

5. Finden Sie die endsystolische Phase.

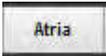
6. Wiederholen Sie die Schritte 2 und 3 mit der endsystolischen Phase, bis der gesamte Vorhof segmentiert ist.

**HINWEIS:** Die Software definiert automatisch die enddiastolische Phase als die Phase mit dem größten Volumen und die endsystolische Phase als die Phase mit dem kleinsten Volumen. Die Zuordnung der enddiastolischen Phase und der endsystolischen Phase wird während der Segmentierung aktualisiert.

7. Wenn eine Kurzachsenansicht verwendet wurde, identifizieren Sie den MK- und/oder TK-Annulus.

# Verfahren zur schnellen LA- oder RA-Funktionsanalyse

Diese Methode wird mit einer Langachsenserie durchgeführt.

1. Klicken Sie auf .
2. Wählen Sie eine Langachsenserie aus.
3. Wählen Sie die enddiastolische Phase aus.
4. Wählen Sie die Schaltfläche  aus.
5. Wählen Sie  für LA-Endokard oder  für RA-Endokard aus.
6. Zeichnen Sie das Vorhof-Endokard nach. Es wird automatisch eine Drehachse gezeichnet.
7. Passen Sie die Mitte der Drehachse so an, dass sie der Langachse des Vorhofs entspricht.
8. Wiederholen Sie die Schritte 5–7 für die Endsystole.

## Atriale Abmessungen und Bereich

1. Klicken Sie auf .
2. Wählen Sie die entsprechende Serie aus.
3. Zur Durchführung einer atrialen Dimensionsmessung klicken Sie direkt auf die Tabelle in der Spalte für LA oder RA, und legen Sie zwei Punkte ab. Siehe Abbildung 15.
4. Zur Durchführung einer atrialen Bereichsmessung klicken Sie direkt auf die Tabelle in der Spalte für LA oder RA, und zeichnen Sie einen Untersuchungsbereich. Siehe Abbildung 15.

ABBILDUNG 15. Atriale Messung

	Measurement	LA	RA	Unit
<input checked="" type="checkbox"/>	EF			%
<input checked="" type="checkbox"/>	EDVI			ml/m <sup>2</sup>
<input checked="" type="checkbox"/>	ESVI			ml/m <sup>2</sup>
<input checked="" type="checkbox"/>	EDV			ml
<input checked="" type="checkbox"/>	ESV			ml
<input checked="" type="checkbox"/>	Atrial Dimension			cm
<input checked="" type="checkbox"/>	Atrial Area			cm <sup>2</sup>

# Lineare Messungen

Die Anwendung ermöglicht das Erstellen eines Berichts der linearen Messungen. QuickInfos werden angezeigt, wenn der Cursor über die Messwerte in der Tabelle gesetzt wird.

ABBILDUNG 16. Lineare Messungen



1. Option **Drucken**, 2. Eingabefeld für Perikard, 3. Benutzerdefinierte Messung hinzufügen/entfernen, 4. Alle Messungen löschen

## Einrichtung der linearen Messung



1. Wählen Sie  aus.
2. Wählen Sie die Serie aus.



3. Klicken Sie auf die Schaltfläche .
4. Suchen Sie das Bild, welches die zu messende Anatomie zeigt.
5. Klicken Sie auf den gewünschten Messwert in der Messergebnistabelle, in der die Messwerte grün angezeigt werden, wenn die Auswahl aktiv ist.



**VORSICHT:** Für das Ergebnis ist die präzise Platzierung der Linie von entscheidender Bedeutung. Falls die Messungen ungenau sind, kann es zu Fehldiagnosen kommen. Messungen sollten nur von entsprechend ausgebildeten und qualifizierten Benutzern vorgenommen werden.

6. Klicken Sie zur Bearbeitung auf eine Beschriftung. Wenn die Farbe von Grün auf Lila wechselt, ist die Beschriftung aktiviert. Platzieren Sie den Cursor über einen der Endpunkte, und verändern Sie dessen Position.

Wenn Sie den Cursor aus dem Fenster zur Bildbearbeitung verschieben, wird in der Messergebnistabelle der Messwert für den Abstand entsprechend aktualisiert.

Um die gesamte Linie zur Abstandsmessung an eine andere Stelle zu verschieben, setzen Sie den Cursor über die Mittenmarkierung.

**HINWEIS:** Um die Messung zurückzusetzen, wählen Sie die Linie zur Abstandsmessung, greifen auf das Kontextmenü zu und wählen **Löschen**. Alternativ können Sie auch die Löschaste auf der Tastatur verwenden.

## Messungen löschen



Klicken Sie auf , um alle Messungen zu löschen.

## Benutzerdefinierte Messung hinzufügen



1. Wählen Sie  aus.
2. Im Popup-Fenster **Benutzerdefinierten Messwert hinzufügen** geben Sie eine eindeutige Bezeichnung ein.
3. Wählen Sie den **Messtyp** entweder als **Linear** oder **Fläche** aus.
4. Wählen Sie **OK** aus.

## Benutzerdefinierte Messung entfernen



1. Wählen Sie  aus.
2. Wählen Sie die benutzerdefinierte(n) Messung(en) aus, welche aus der Liste entfernt werden soll(en).
3. Wählen Sie **Auswählen** aus.

**HINWEIS:** Benutzerdefinierte Messungen sind für alle zukünftigen Analysen vorhanden, bis sie aus der Liste entfernt werden.

# Analyse der Klappenebene

Die Analyse der Klappenebene ermöglicht die Berechnung der Klappen-Spitzen­geschwindigkeit, des Spitzen­druck­gradienten und des mittleren Druck­gradienten für die Klappe.<sup>1</sup>

Der Druck­gradient wird anhand der Herzleistung unter Berücksichtigung der Ergebnisse der automatischen LV-Segmentierung berechnet, und zwar basierend auf den Bild-um-Bild-Änderungen im linksventrikulären systolischen Volumen.

## Analyseverfahren der Klappenebene

1. Führen Sie die automatische LV-Segmentierung für alle Schichten in allen Phasen durch (siehe Seite 60).
2. Wählen Sie eine Serie aus, die die Anatomie der Klappe zeigt.
3. Wählen Sie **Klappenbereich** aus der Messergebnistabelle (Abbildung 17) aus und führen Sie eine Planimetrie der Klappe durch (siehe Abbildung 18).

ABBILDUNG 17. Klappenbereich

	Measurement	Value	Unit
<input checked="" type="checkbox"/>	ASWT		cm
<input checked="" type="checkbox"/>	ILWT		cm
<input checked="" type="checkbox"/>	EDD		cm
<input checked="" type="checkbox"/>	ESD		cm
<input checked="" type="checkbox"/>	FS		%
<input checked="" type="checkbox"/>	Valve Area		cm <sup>2</sup>
<input checked="" type="checkbox"/>	Aortic Root		cm
<input checked="" type="checkbox"/>	Asc. Aorta		cm

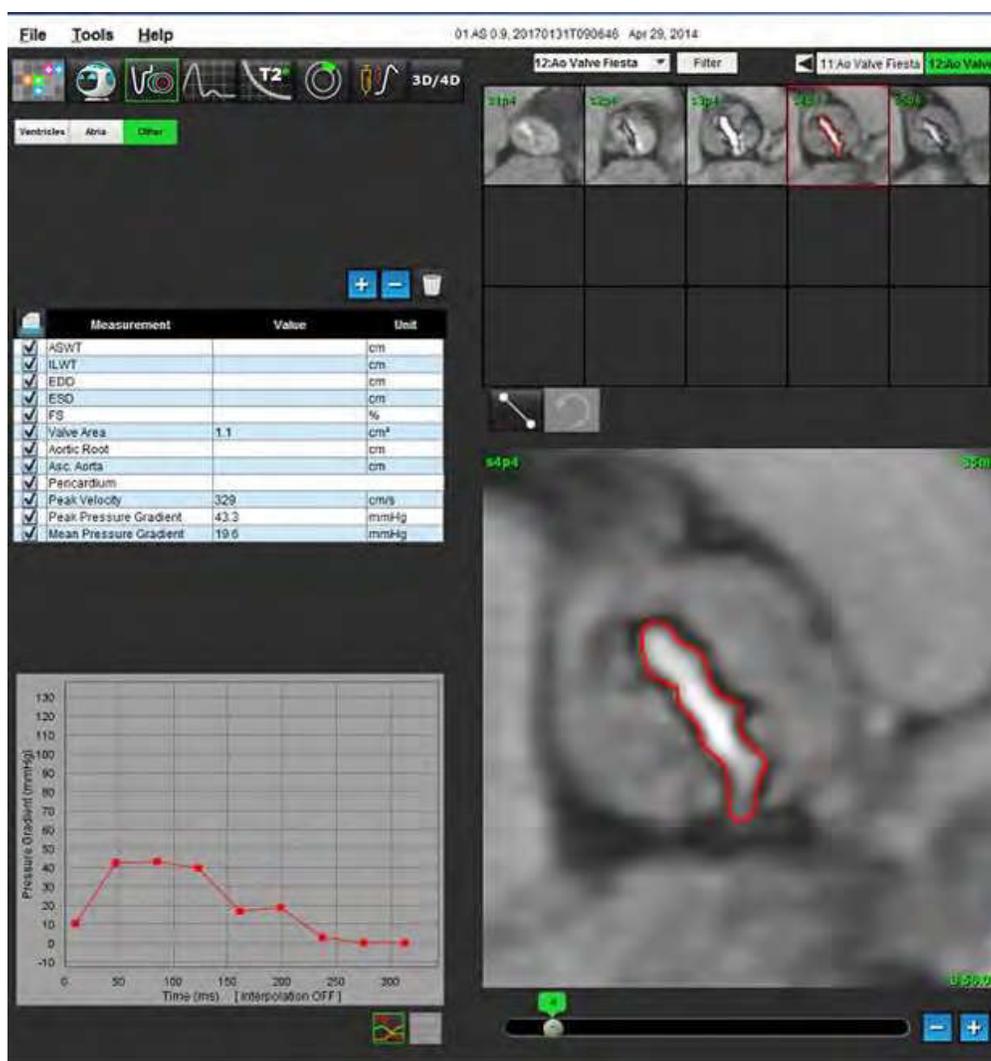
4. Nach Vervollständigung des Untersuchungsbereichs wird die Tabelle mit den Ergebnissen aktualisiert, und die angezeigte Grafik zeigt den Druck­gradienten im Verlauf der Zeit.



Klicken Sie auf , um **alle** Messungen zu löschen.

1. Wolff, Steven D., M.D., Ph.D. Noninvasive methods for determining the pressure gradient across a heart valve without using velocity data at the valve orifice. US-Patent 9,585,568, 7. März 2017.

ABBILDUNG 18. Analyse der Klappenebene



**WICHTIG:** Es wird empfohlen, dass Sie für die Durchführung von kardiologischen Analysen qualifiziert sind, wenn die Analyseergebnisse für das Erstellen einer Diagnose verwendet werden sollen.

Die Anwendung unterstützt ausschließlich die Analyse der Bilder. Sie liefert nicht automatisch quantifizierbare Ergebnisse. Die Verwendung und Beurteilung der quantitativen Messergebnisse bleiben dem Anwender überlassen. Falls die Messungen ungenau sind, kann es zu Fehldiagnosen kommen. Messungen sollten nur von entsprechend ausgebildeten und qualifizierten Benutzern vorgenommen werden.

**HINWEIS:** Spitzengeschwindigkeit, Spitzendruckgradient und mittlerer Druckgradient haben für Patienten mit Mitralklappeninsuffizienz oder einem Shunt keine Gültigkeit.

---

# Flussanalyse

Der Benutzer ist für die genaue und vollständige Positionierung (und korrekte Zuordnung) aller Untersuchungsbereiche verantwortlich, einschließlich solcher Untersuchungsbereiche, die anhand automatischer Segmentierungsalgorithmen erzeugt oder modifiziert wurden. Die von der Software erzeugten quantitativen Werte hängen von der genauen und vollständigen Positionierung (und korrekten Zuordnung) dieser Untersuchungsbereiche ab.

Die Funktion „Studienvorbereitung“ ermöglicht die Vorbereitung der Flussanalyse. Siehe suiteDXT-Bedienungsanleitung, NS-03-039-0010.

Das Werkzeug „Flussanalyse“ berechnet Fluss- und Geschwindigkeitsinformationen an verschiedenen Stellen im Herzzyklus aus 2D-Phasenkontrastbildern (PC) mit einer die Ebene durchlaufenden Durchflusskodierung.

Es sind zwei Methoden zur Erstellung von Flussergebnissen verfügbar: Verbesserte und konventionelle Flussergebnisse. Die verbesserte automatische Segmentierung erfordert nicht, dass ein anfänglicher Untersuchungsbereich auf das interessierende Gefäß platziert wird; bei der konventionellen automatischen Segmentierung ist das hingegen der Fall.

**HINWEIS:** Nachträgliche 2D-Phasenkontrastserien, die aus 4D-Flussbildern erstellt werden, erfordern möglicherweise die konventionelle automatische Segmentierung.



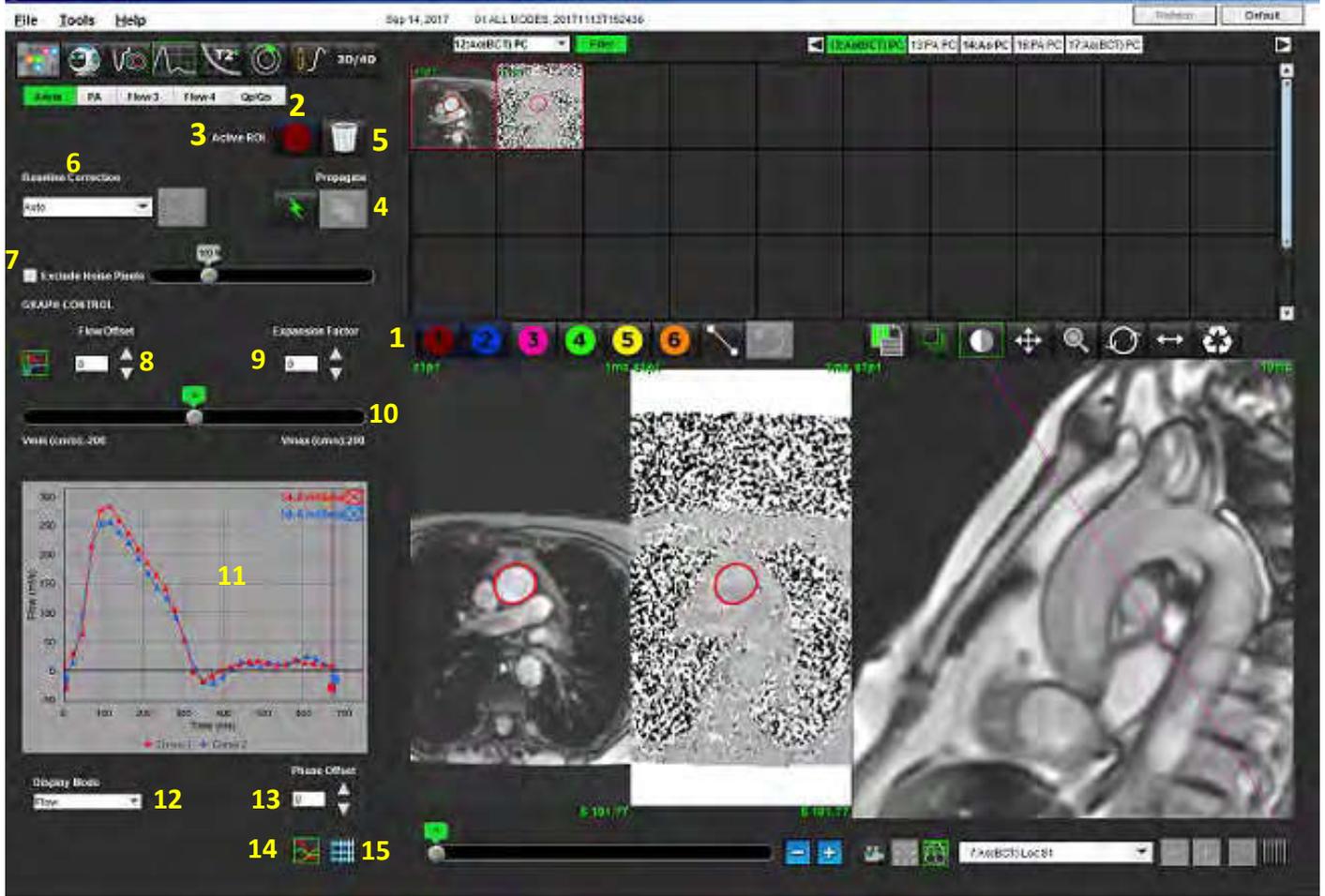
**WARNUNG:** Die Anwendung unterstützt ausschließlich die Analyse der Bilder. Sie liefert nicht automatisch quantifizierbare Ergebnisse. Die Verwendung und Beurteilung der quantitativen Messergebnisse bleiben dem Anwender überlassen. Falls die Messungen ungenau sind, kann es zu Fehldiagnosen kommen. Messungen sollten nur von entsprechend ausgebildeten und qualifizierten Benutzern vorgenommen werden.



**WARNUNG:** Die Verwendung der automatischen verbesserten Segmentierung setzt die sorgfältige Überprüfung aller Ergebnisse voraus. Bei einer nicht optimalen Gefäßidentifizierung sollten Sie für das Gefäß die konventionelle automatische Segmentierung durchführen.

# Komponenten des Fensters „Fluss“

ABBILDUNG 1. Fenster „Fluss“



1. Flussanalyse-Untersuchungsbereiche, 2. Registerkarte Fluss, 3. Aktiver ROI/Verbesserte automatische Segmentierung, Auswahl, 4. Schaltflächen Übertragen, 5. Schaltfläche Untersuchungsbereich löschen, 6. Dropdown-Menü für die Grundlinienkorrektur, 7. Rauschpixel ausschließen, 8. Flussversatz, 9. Expansionsfaktor, 10. Geschwindigkeitskodierungs-Schieberegler, 11. Flusskurvenenergebnisse, 12. Anzeigemodi, 13. Phasenversatz, 14. Zur Grafikanzeige umschalten, 15. Zur Zusammenfassungstabelle umschalten

**HINWEIS:** Die Flussanalyse zeigt die Vergrößerungs- und Phasenbilder nebeneinander. Andere Arten von Bildern, die an der gleichen Stelle erfasst wurden, werden nicht angezeigt und sollten in einem separaten DICOM-Viewer betrachtet werden.

**HINWEIS:** Wenn frühere Untersuchungen mit einer Flussanalyse überprüft werden, stimmen die Farben zwischen der Grafik und dem Symbol für den Flussanalyse-Untersuchungsbereich Nummer 2 (blau) nicht überein.

# Flussanalyse

## Flussergebnisse erstellen

### Verwendung der verbesserten automatischen Segmentierung

Die verbesserte automatische Segmentierung erfordert nicht, dass ein anfänglicher ROI auf das Gefäß platziert wird. Es ist wichtig, die passende Registerkarte „Durchfluss“ zu wählen, die mit der erfassten Gefäßanatomie korreliert. Es werden nur Aorten- und Lungenanatomie unterstützt.

**HINWEIS:** Wenn mehr als sechs Gefäße pro Registerkarte für den Phasenkontrast erfasst werden, speichert die Vorbearbeitungsfunktion lediglich die sechs letzten Ergebnisse.

### Aorten-Flusskurve erstellen

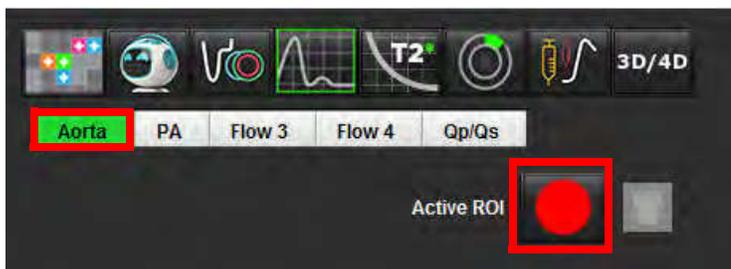
1. Wählen Sie die passende Serie aus, die das Aortengefäß zeigt (siehe Abbildung 2).

ABBILDUNG 2. Aortengefäß



2. Wählen Sie die Registerkarte „Aorta“ und die Farbe des aktiven Untersuchungsbereichs aus (siehe Abbildung 3).

ABBILDUNG 3. Registerkarte „Aorta“



3. Wählen Sie  aus, um eine Flusskurve zu generieren.
4. Prüfen Sie die Segmentierung auf dem Gefäß. Wenn das falsche Gefäß segmentiert ist, führen Sie die konventionelle automatische Segmentierung durch. Weitere Hinweise finden Sie unter „Verwendung der konventionellen automatischen Segmentierung“ auf Seite 85.
5. Klicken Sie für die Bearbeitung auf eine Kontur, führen Sie die Bearbeitung durch und klicken Sie auf .

### Pulmonale Flusskurve erstellen

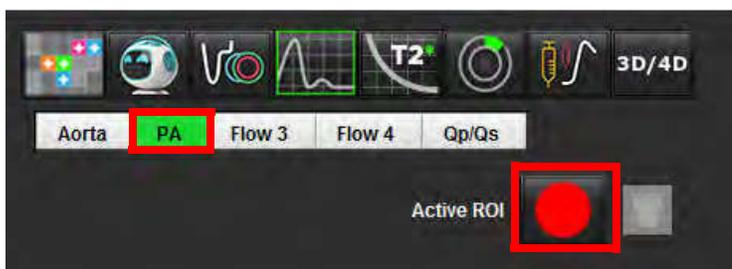
1. Wählen Sie die passende Serie aus, die das pulmonale Gefäß zeigt (siehe Abbildung 4).

**ABBILDUNG 4. Pulmonales Gefäß**



2. Wählen Sie die Registerkarte „PA“ und die Farbe des aktiven Untersuchungsbereichs aus (siehe Abbildung 5).

**ABBILDUNG 5. Registerkarte „PA“**

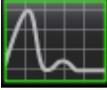


3. Wählen Sie  aus, um eine Flusskurve zu generieren.
4. Prüfen Sie die Segmentierung auf dem Gefäß. Wenn das falsche Gefäß segmentiert ist, führen Sie die konventionelle automatische Segmentierung durch. Weitere Hinweise finden Sie unter „Verwendung der konventionellen automatischen Segmentierung“ auf Seite 85.
5. Klicken Sie für die Bearbeitung auf eine Kontur, führen Sie die Bearbeitung durch und klicken Sie auf .



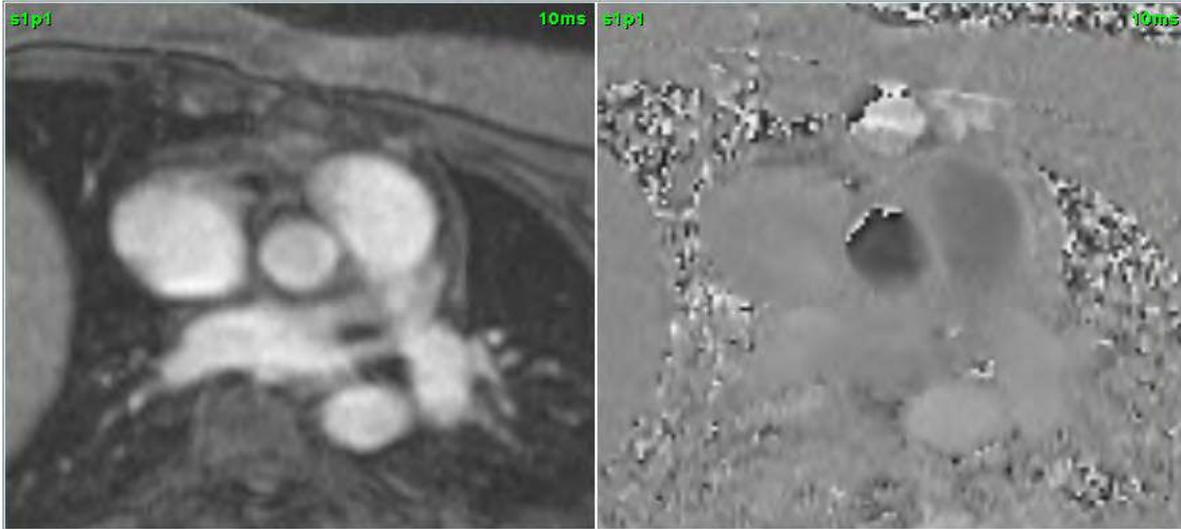
**WARNUNG:** Die Verwendung der automatischen verbesserten Segmentierung setzt die sorgfältige Überprüfung aller Ergebnisse voraus. Bei einer nicht optimalen Gefäßidentifizierung sollten Sie für das Gefäß die konventionelle automatische Segmentierung durchführen.

## Verwendung der konventionellen automatischen Segmentierung

1. Wählen Sie den **Flussanalyse-Modus**  aus.
2. Wählen Sie eine Phasenkontrastserie aus.

Das Vergrößerungsbild wird links und das Phasenbild rechts angezeigt.

**ABBILDUNG 6. Vergrößerungs- und Phasenbilder**



3. Wählen Sie eine **Registerkarte Durchfluss** aus.  
Es sind fünf Registerkarten für den Durchfluss verfügbar: eine für Aorta, eine für Lungenarterie (Pulmonary Artery – PA), zwei benutzerdefinierte Registerkarten mit den Standard-Bezeichnungen Fluss 3 und Fluss 4. Die Registerkarte „Qp/Qs“ ermöglicht die Meldung des Qp/Qs-Verhältnisses.

4. Wählen Sie  Kurve 1 aus.

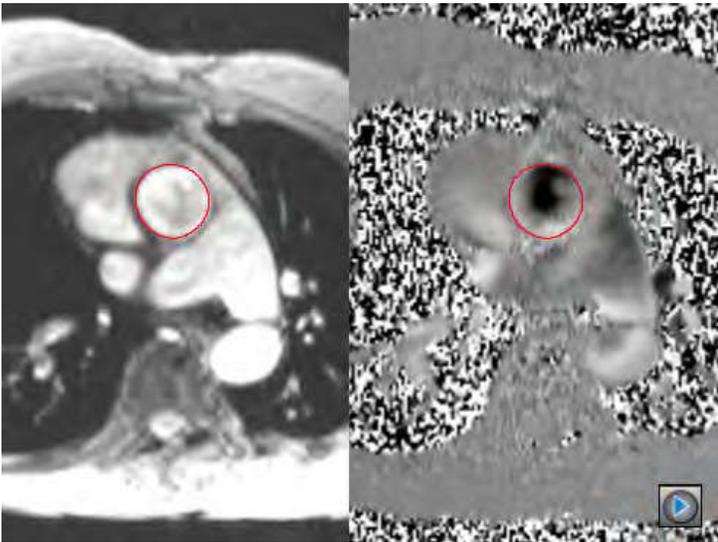
Es sind sechs aktive Untersuchungsbereiche verfügbar, die mit 1 bis 6 nummeriert sind. Die Farbkodierung ist in der Analysenansicht und in den Bilder-Darstellungsfenstern und den Grafiken dieselbe.

5. Zeichnen Sie eine Kontur um ein Gefäß, indem Sie 4 Punkte rund um das interessierende Gefäß anordnen und auf den letzten Punkt doppelklicken, um den Untersuchungsbereich zu schließen. Oder verschieben Sie den Cursor aus dem Editor-Fenster, um den Untersuchungsbereich zu schließen.

Es kann auch eine manuelle Kurve um das Gefäß gezeichnet werden.

Die Kontur wird sowohl auf das Vergrößerungs- als auch das Phasenbild angewandt (siehe Abbildung 7).

## ABBILDUNG 7. Fluss-Untersuchungsbereiche



6. Zur Durchführung einer automatischen Segmentierung in allen Phasen der Schicht wählen Sie eine der folgenden Methoden:

- Wählen Sie  für die automatische Segmentierung in allen Phasen der Schicht.

oder

- Wählen Sie  um die gleiche Kontur auf alle Phasen der Schicht zu übertragen. Das ist bei der Analyse von kleinen, stationären Blutgefäßen nützlich.

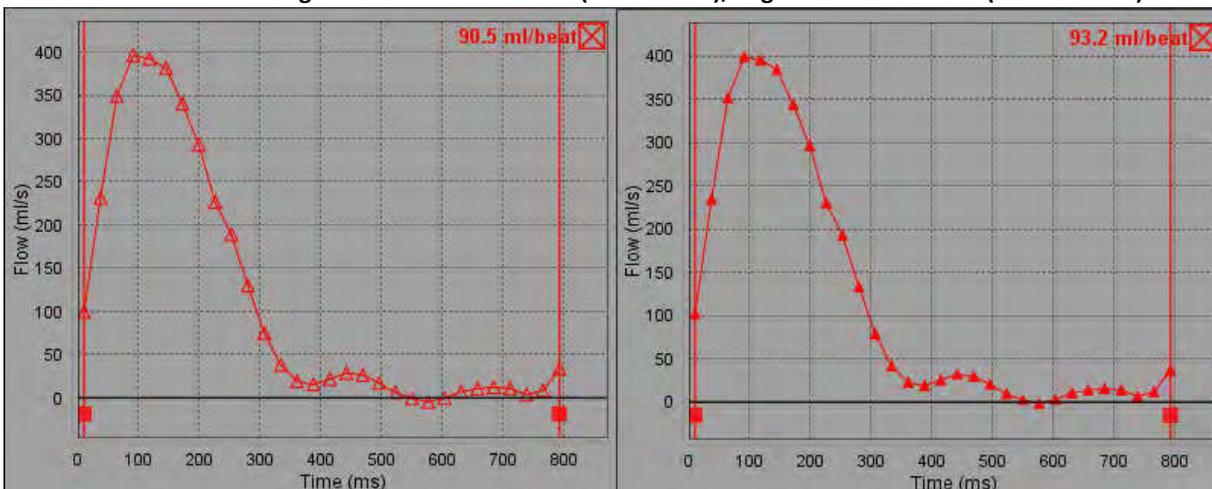
7. Die Flussergebnisse werden in der Grafik und in den Zusammenfassungstabellen angezeigt.

- Klicken Sie auf das Kontrollkästchen neben dem Wert für ml/beat (ml/Herzschlag), um die entsprechende Kurve aus der Grafik zu entfernen. Dadurch werden die Berechnungen nicht geändert. Nur die Kurve wird aus der Grafik entfernt.

8. Wählen Sie die Option "Grundlinienkorrektur" aus dem Datei-Pulldown-Menü aus.

- Kurven mit Grundlinienkorrektur zeigen feste Phasen-Datenpunkte (siehe Abbildung 8). Die für die „Optionen für die Grundlinienkorrektur“ auf Seite 88.

ABBILDUNG 8. Flussdiagramm – Keine Korrektur (linke Grafik); angewandte Korrektur (rechte Grafik)



9. Wählen Sie  aus, um die Kurve umzukehren.

**HINWEIS:** Alle Flusskurven werden in einer positiven Richtung generiert. Umgekehrte Kurven sind an der aktivierten Umkehrungsschaltfläche erkennbar.

10. Wählen Sie einen Phasenversatz aus, um die Ordinate der Flusskurve zu ändern.  
11. Um das entsprechende Phasenbild aufzufinden, wählen Sie einen beliebigen Punkt in der Grafik aus.  
12. Passen Sie den vertikalen Cursor für die Start- und Endpunkte nach Bedarf an.  
13. Überprüfen Sie die Genauigkeit der Konturen.

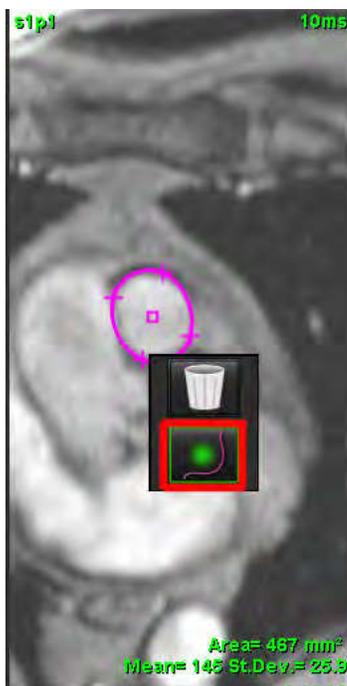
## Konturen bearbeiten

Für einen Phasenbereich können die Konturen immer jeweils einer Phase bearbeitet werden.

### Bearbeiten einer einzelnen Phase

1. Wählen Sie die für die Bearbeitung gewünschte Phase aus.
2. Klicken Sie auf die Kontur, die Sie für die Bearbeitung aktivieren möchten.  
Die Kontur färbt sich lila und zeigt damit an, dass sie bearbeitet werden kann.
3. Die Kontur kann bearbeitet werden, indem die einzelnen Punkte der Punkt-Spline-Kontur nacheinander verschoben werden oder indem man mit Freihand-Zeichnen die Kontur im Bild mit gedrückter linker Maustaste zeichnet bzw. indem man die vom Computer erstellten Konturen verwendet.
4. Aktivieren Sie das Bearbeitungswerkzeug, indem Sie mit der linken Maustaste auf die Kontur klicken, um es auszuwählen. Klicken Sie dann mit der rechten Maustaste und wählen Sie das Bearbeitungswerkzeug aus dem Pop-up-Menü aus (siehe Abbildung 9). Weitere Hinweise finden Sie unter „Bearbeiten von Konturen“ auf Seite 54.

**ABBILDUNG 9. Bearbeitungswerkzeug**



## Bearbeiten von Phasenbereichen

1. Wählen Sie die gewünschte Schicht aus.



2. Wählen Sie  aus, um die Miniaturansichten aller Phasen einer bestimmten Schicht anzuzeigen.
3. Wählen Sie im Bereich der zu bearbeitenden Phasen die erste Phase aus.
4. Drücken und halten Sie die Umschalttaste gedrückt. Wählen Sie die letzte Phase des zu bearbeitenden Bereichs aus.
5. Bearbeiten Sie die Kontur im Bildeditor-Fenster.
6. Die Kontur wird entweder durch Anklicken des Bildes außerhalb der ausgewählten Kontur oder durch Verschieben des Cursors aus dem Editor-Fenster abgewählt.

## Optionen für die Grundlinienkorrektur

Es gibt drei Fluss-Basislinienkorrekturmethoden für den 2D-Phasenkontrast. Flusskurven, auf die eine Korrekturmethode angewandt wurde, zeigen feste Phasen-Datenpunkte.

**HINWEIS:** Phasen-Kontrastbilder, die für Analysezwecke verwendet werden, dürfen keine Bildphasenüberfaltung aufweisen. Eine im Bild vorhandene Phasenüberfaltung verursacht ungenaue Flussergebnisse.

### Automatische Grundlinienkorrektur

Die automatische Basislinien-Phasenfehlerkorrektur korrigiert Phasenfehler, die während der Bildakquisition auftreten, indem sie den Phasenfehler in entfernten stillstehenden Organen (z. B. in der Brustwand, Leber usw.) untersucht und die Daten mithilfe einer linearen Interpolation oder Interpolation höherer Ordnung räumlich einpasst.

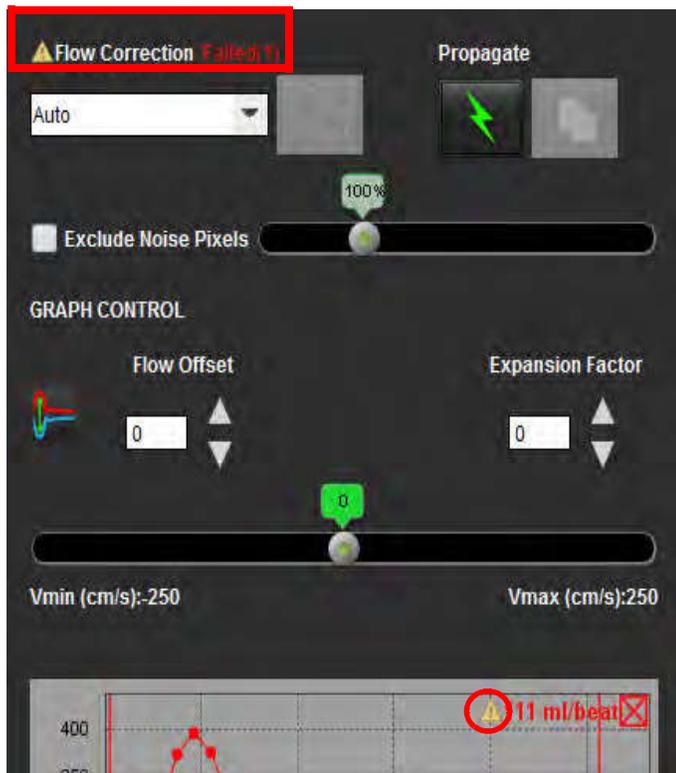
**HINWEIS:** Beim Erstellen einer 2D-Vergrößerungs- und Phasenserie mithilfe eines 3D/4D-Viewers erstellt die Anwendung eine unkorrigierte Serie und eine zweite Serie, auf die die Phasen-Fehlerkorrektur angewandt wurde. Vermeiden Sie es „Auto“ aus dem Grundlinienkorrektur-Pulldown-Menü auf Serien anzuwenden, die mit „Korrigiert“ beschriftet sind.

1. Generieren Sie eine Flusskurve unter Verwendung einer geeigneten Phasenkontrastserie.
2. Wählen Sie **Auto** aus dem Grundlinienkorrektur-Pulldown-Menü aus.

**HINWEIS:** Die automatische Grundlinienkorrektur wird automatisch angewendet, wenn die Option "Automatische Grundlinienkorrektur aktivieren" in den Einstellungen aktiviert ist.

3. Die Korrektur wird mit den aktualisierten Ergebnissen durchgeführt, die direkt in der Flussgrafik angezeigt werden.
4. Serien mit einer fehlgeschlagenen Einpassungsanalyse sind an einem Warnsymbol erkennbar (siehe Abbildung 10).

ABBILDUNG 10. Fehlgeschlagene Grundlinienkorrektur



**Fehlertypen:**

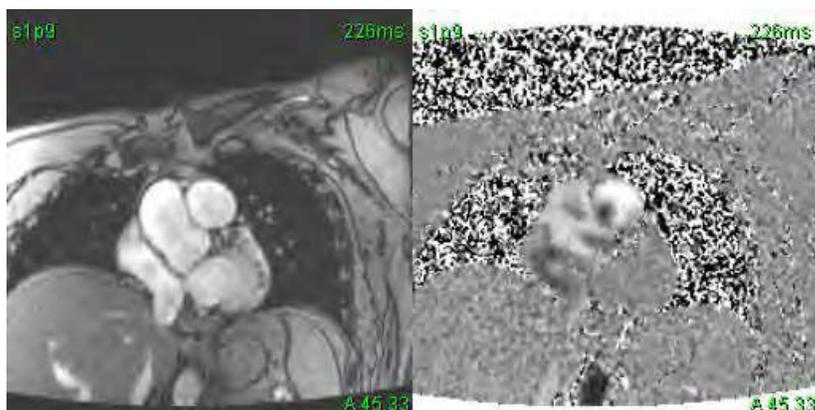
- 1 - Zu viel Rauschen im Bild.
- 2 - Anpassungsfehler ist zu groß.
- 3 - Eingabedaten sind ungültig.

**HINWEIS:** Eine im Bild vorhandene Phasenüberfaltung verursacht ungenaue Flussergebnisse (siehe Abbildung 11). 2D-Filmphasen-Kontrastbilder, die für Flussanalysen verwendet werden, dürfen keine Bildphasenüberfaltung aufweisen (siehe Abbildung 12).

ABBILDUNG 11. Beispielbilder für Phasenüberfaltung (weiße Pfeile)



ABBILDUNG 12. Beispielbilder ohne Phasenüberfaltung



### Phantom-Korrektur

Um die Genauigkeit der Phasenkontrastergebnisse zu verbessern und Basislinien-Phasenverschiebungsfehler zu korrigieren, kann eine Phantom-Akquisition zur Berechnung dieses Fehlers verwendet werden.

**HINWEIS:** Die Phantom-Korrekturserie muss mit derselben Scan-Planung und denselben Parametern wie die Original-Phasenkontrastserie erfasst worden sein. Es muss ein Signal eines stillstehenden Objekts geben, welches die gesamte Kontur in der Phantomserie ausfüllt.

1. Generieren Sie eine Flusskurve unter Verwendung einer geeigneten Phasenkontrastserie.
2. Wählen Sie die entsprechende Phantomserie aus dem Pulldown-Menü "Grundlinienkorrektur" aus.
3. Die Korrektur wird mit den aktualisierten Ergebnissen durchgeführt, die direkt in der Flussgrafik angezeigt werden.

### Hintergrund-Konturkorrektur

Diese Korrekturmethode ist für Gefäße vorgesehen, die von statischem Gewebe umgeben sind.

**HINWEIS:** Für eine optimale Korrektur muss die Hintergrundkontur in das statische Gewebe direkt neben dem Fluss und um den Flussbereich herum gesetzt werden.

1. Generieren Sie eine Flusskurve unter Verwendung einer geeigneten Phasenkontrastserie.
2. Wählen Sie den entsprechenden **Hintergrund-Untersuchungsbereich** aus dem Pulldown-Menü „Grundlinienkorrektur“ aus.

3. Klicken Sie auf  um eine Kontur zu zeichnen.
4. Die Korrektur wird mit den aktualisierten Ergebnissen durchgeführt, die direkt in der Flussgrafik angezeigt werden.

# Flusskurvenoptionen

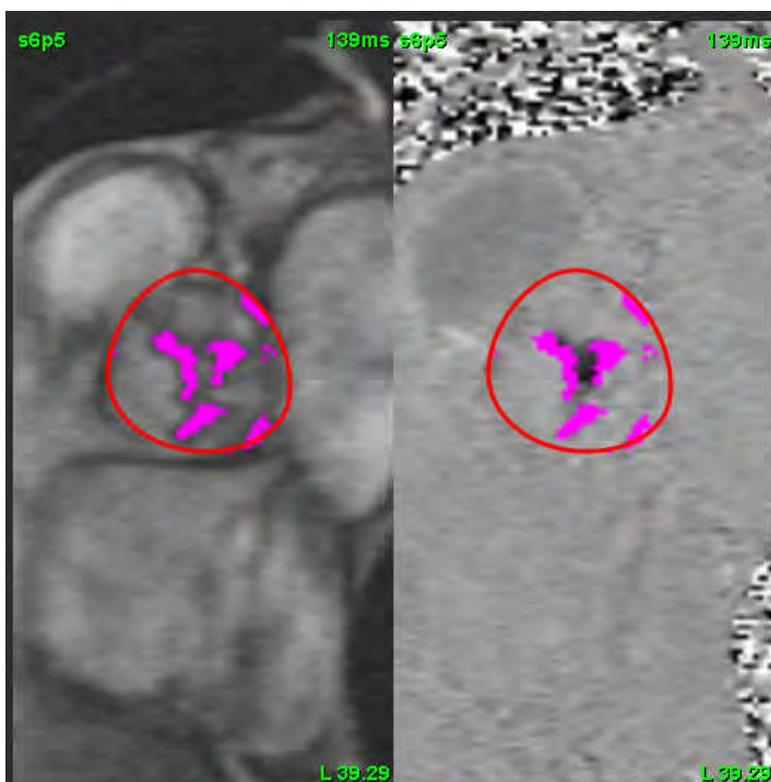
## Rauschpixel ausschließen

Die Option identifiziert Pixel geringer Intensität (hohe Fluktuation der Geschwindigkeiten), die sich innerhalb des Untersuchungsbereichs befinden. Sie ist an der rosa Überlagerung (siehe Abbildung 14) erkennbar und schließt die Pixel aus der Flussberechnung aus. Klicken Sie zur Auswahl dieser Option auf das Kästchen. Der Prozentanteil der Rauschpixel lässt sich mit dem Schieberegler einstellen.

ABBILDUNG 13. Rauschpixel



ABBILDUNG 14. Rauschpixel sind an der rosa Überlagerung erkennbar



## Flussversatz

Der Flussversatz ändert den Abszissenwert der Flusskurve, der wiederum zu Änderungen der Basislinienwerte des Flussergebnisses führt.



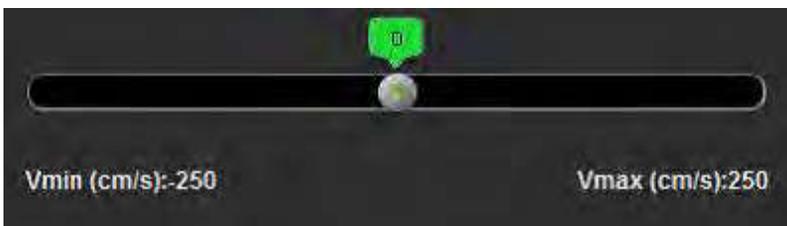
## Expansionsfaktor

Der Expansionsfaktor bewirkt eine einheitliche Veränderung des Radius des segmentierten Blutgefäßes um einen bestimmten Pixelwert, damit gültige Flusspixel berücksichtigt werden.



## Geschwindigkeit-Aliasing-Korrektur

Zur Korrektur des Geschwindigkeits-Aliasing ziehen Sie das Schieberegler-Bedienelement, um die Phasenfaltung durchzuführen. Die Auswirkung der Änderung wird direkt im Phasenbild aktualisiert, und die Ergebnisse werden direkt in der Flussgrafik angezeigt.

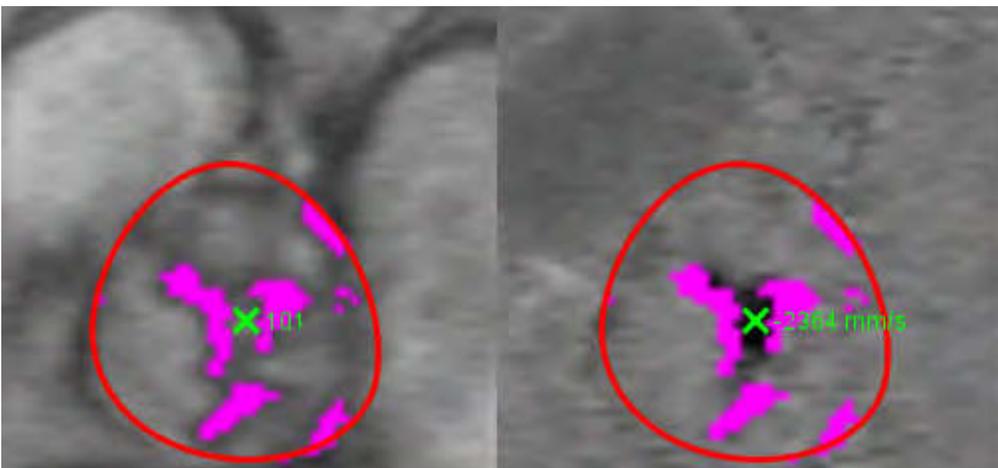


## Benutzerdefinierte Spitzengeschwindigkeit

1. Wählen Sie die entsprechende Phase des Herzzyklus aus.
2. Verwenden Sie , um den Cursor auf dem Phasenbild zu positionieren.

Der Cursor wird sowohl mit dem Vergrößerungs- als auch mit dem Phasenbild synchronisiert. Das Geschwindigkeitsergebnis erscheint in mm/s auf dem Phasenbild neben dem Cursor.

ABBILDUNG 15. Pixel-Flussgeschwindigkeit



# Anzeigemodi

Wählen Sie im Dropdown-Menü den gewünschten **Anzeigemodus** aus (Abbildung 16).

ABBILDUNG 16. Menü „Anzeigemodus“



## Fluss-Anzeigemodus – Definitionen:

**Fluss:** Diese Grafik zeigt das Flussvolumen jeder Phase im gesamten Herzzyklus (Standard). Jeder Punkt auf der Kurve stellt den Fluss für die jeweilige Phase dar.

**Positiv:** Diese Grafik zeigt die Summe des positiven Flussbereichs im gesamten Herzzyklus.

**Negativ:** Diese Grafik zeigt die Summe des negativen Flussbereichs im gesamten Herzzyklus.

**Hüllkurven-Spitzengeschwindigkeit:** Diese Grafik zeigt positive und negative Spitzengeschwindigkeiten für jede Phase des Herzzyklus.

**Absolute Spitzengeschwindigkeit:** Diese Grafik zeigt die absolute Spitzengeschwindigkeit für jede Phase.

**Histogramm:** Diese Grafik zeigt die Geschwindigkeit für jeden Pixel in jedem Untersuchungsbereich für jede Phase des Herzzyklus.

**Regurgitation:** Die Regurgitationsfraktion (%) ist der Quotient aus dem negativen Fluss dividiert durch den gesamten positiven Fluss.

**Druckhalbezeit:** Die Zeit, die erforderlich ist, um den transmitralen Spitzendruckgradienten um die Hälfte zu reduzieren.

## Histogramm-Modus

Wählen Sie den Histogramm-Modus aus, um ein Geschwindigkeits-Diagramm pro Pixel und die Berechnung des Spitzendruckgradienten und des mittleren Druckgradienten anzuzeigen.

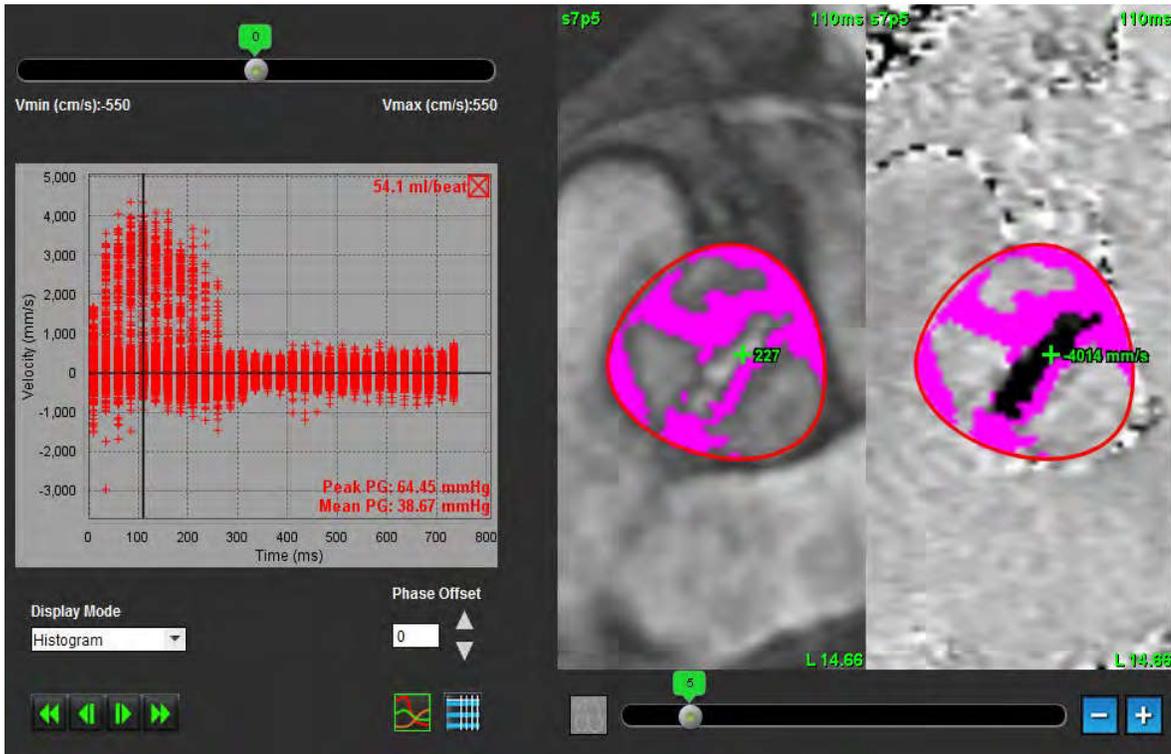
1. Generieren Sie eine Flusskurve unter Verwendung einer geeigneten Phasenkontrastserie.
2. Wählen Sie im Pulldown-Menü „Anzeigemodus“ die Option **Histogramm** aus.
3. Klicken Sie direkt auf die Grafik, um den Fadenkreuz-Cursor auf dem Phasenbild zu aktivieren, der die entsprechende Position des Pixels angibt.
4. Verwenden Sie die Doppelpfeil-Bedienelemente im unteren Grafikbereich, um den höchsten oder niedrigsten Geschwindigkeitswert zu lokalisieren (Abbildung 17).
5. Verwenden Sie die Einzelpfeile, um die Geschwindigkeitswerte einzeln zu durchlaufen (siehe Abbildung 17).

**HINWEIS:** Im Histogramm-Modus ist die Funktion für das Lokalisieren von Serien durch direktes Klicken auf die Flusskurve deaktiviert. Wechseln Sie in den Flussmodus, um diese Funktion zu aktivieren.

**HINWEIS:** Um die Anzeige der zugehörigen Vergrößerungs- und Phasenbilder sicherzustellen, arbeiten Sie jeweils nur mit einer Flusskurve und deaktivieren die anderen Histogramm-Kurven in der Grafik.

**HINWEIS:** Studien, die im Histogramm-Modus unter Verwendung einer früheren Version der suiteHEART®-Software analysiert wurden, müssen erneut analysiert werden.

ABBILDUNG 17. Histogramm-Modus



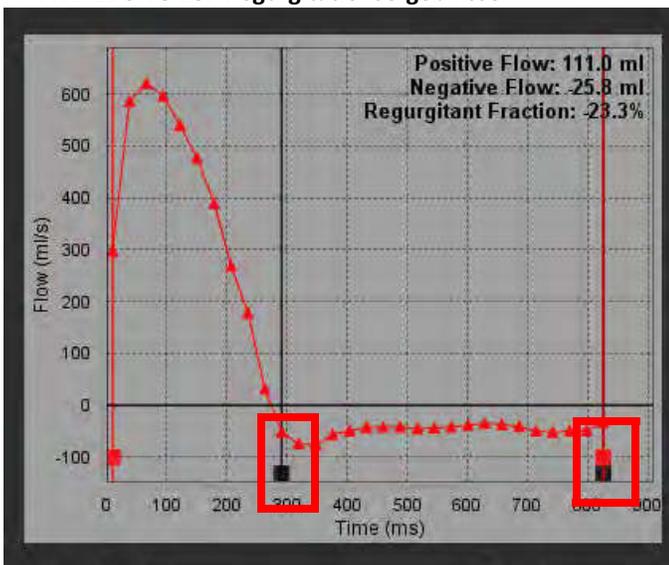
### Regurgitationsmodus

Wählen Sie den Regurgitationsmodus aus, um den negativen Fluss und die Regurgitationsfraktion zu berechnen.

1. Generieren Sie eine Flusskurve unter Verwendung einer geeigneten Phasenkontrastserie.
2. Wählen Sie im Pulldown-Menü Anzeigemodus die Option **Regurgitation** aus.
3. Prüfen Sie die Platzierung der schwarzen vertikalen Cursors. Die Cursors sollten am Beginn und am Ende des retrograden Flusses platziert sein (siehe Abbildung 18).

Die Ergebnisse werden in der oberen rechten Ecke des Flussdiagramms und in der Zusammenfassungstabelle angezeigt.

ABBILDUNG 18. Regurgitationsergebnisse

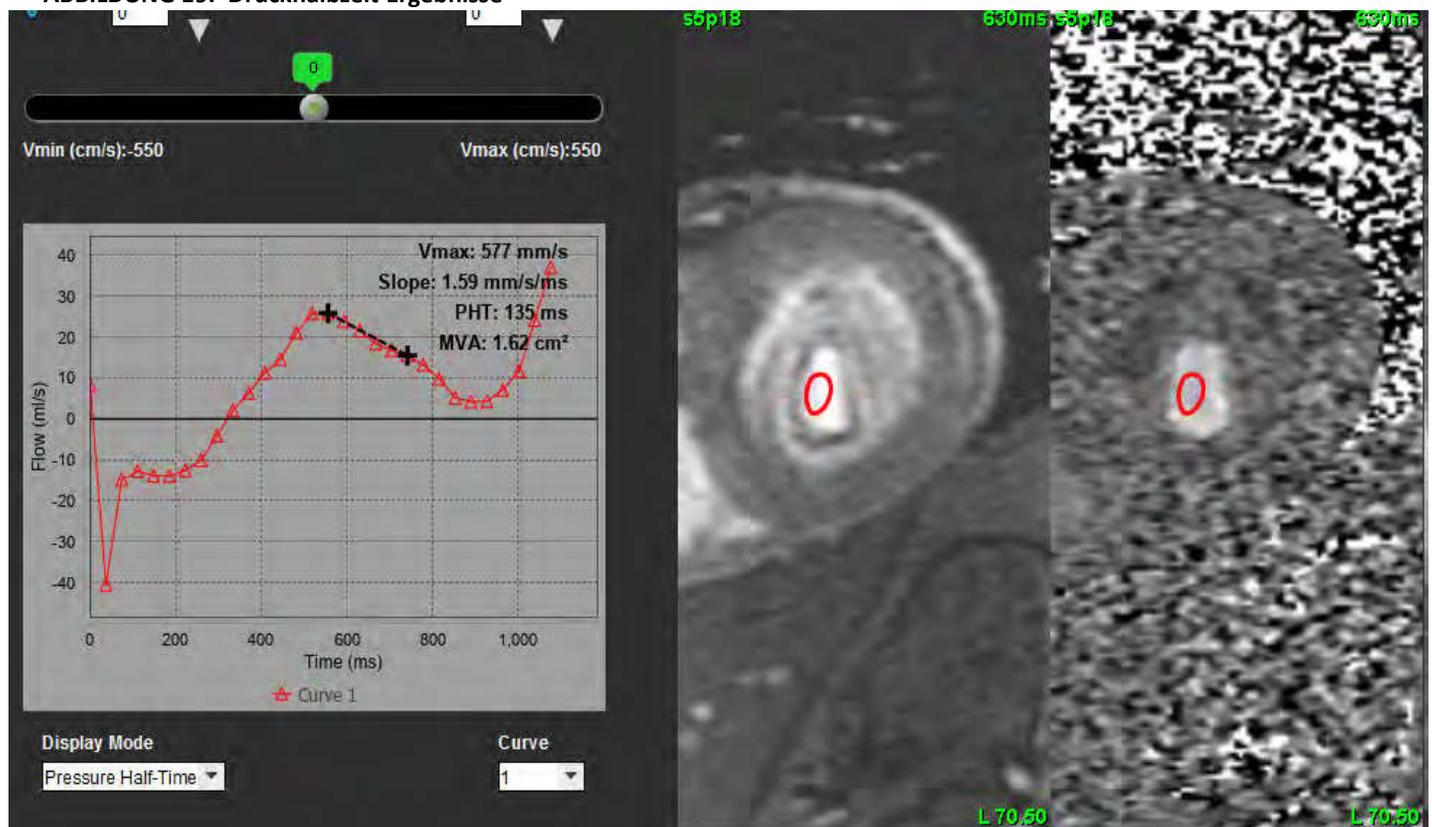


## Druckhalbzeit

Die Druckhalbzeit kann durch Messen der Abfallssteilheit der E-Welle auf den Phasenkontrastbildern der Mitralklappe erfasst werden. Dieser Modus ermöglicht es, die Steilheit auf der Grafik zu identifizieren, um den Druckhalbwert und die Mitralöffnungsfläche zu berechnen.

1. Generieren Sie eine Flusskurve unter Verwendung einer geeigneten Phasenkontrastserie der Mitralklappe.
2. Verwenden Sie die Kopieren/Einfügen-Funktion für die Untersuchungsbereichsübertragung.
3. Wählen Sie im Pulldown-Menü „Anzeigemodus“ die Option **Druckhalbzeit** aus.
4. Klicken Sie direkt auf das Diagramm, um die höchste Geschwindigkeit des abfallenden Teils der Kurve anzugeben.
5. Klicken Sie auf den Endpunkt, um die Steilheit der Kurve zu berechnen (siehe Abbildung 19).
6. Um die Berechnung zurückzusetzen, platzieren Sie den Cursor auf einen Endpunkt, klicken mit der rechten Maustaste und wählen den Papierkorb aus.

ABBILDUNG 19. Druckhalbzeit-Ergebnisse



**HINWEIS:** Die Ergebnisse für die Mitralöffnungsfläche und die Druckhalbzeit (PHT) gelten nicht für Patienten mit Aortinsuffizienz, Herz-Shunt oder verminderter ventrikulärer Compliance.

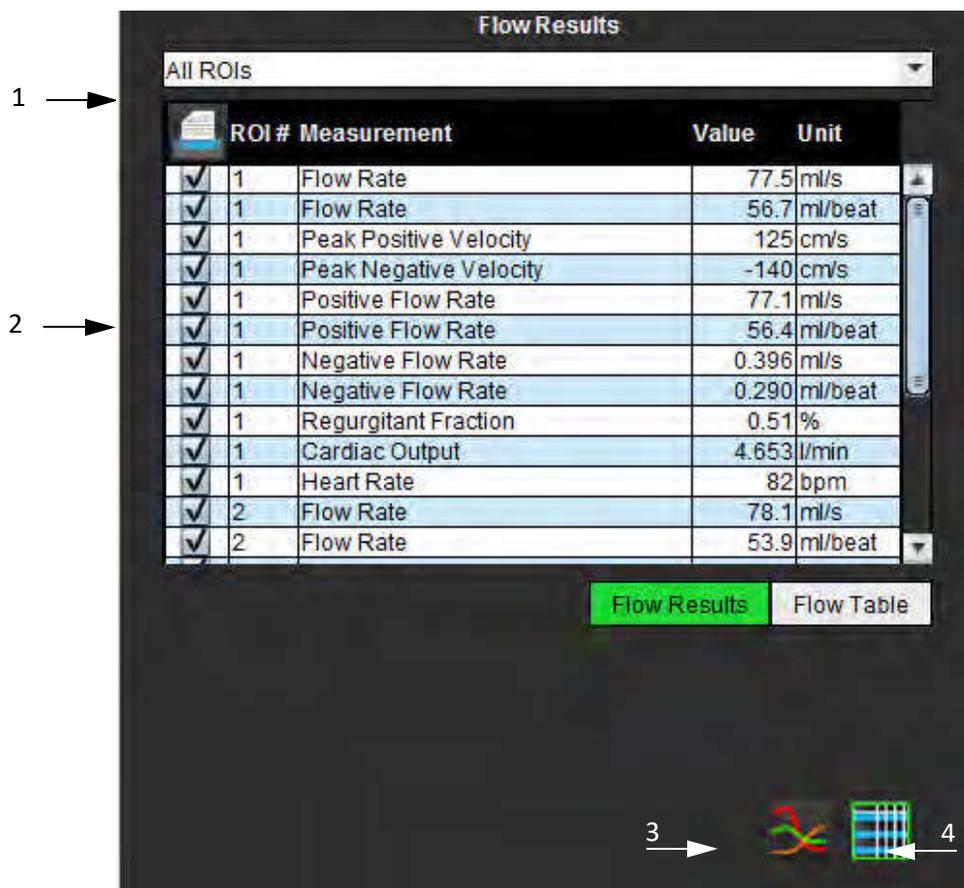
**HINWEIS:** Im Druckhalbzeit-Modus ist die Funktion für das Lokalisieren von Serien beim direkten Klicken auf die Flusskurve deaktiviert. Wechseln Sie in den Flussmodus, um diese Funktion zu aktivieren.

Literaturnachweis:

<http://www.csecho.ca/mdmath/?tag=mvapht>

# Flussergebnisse überprüfen

ABBILDUNG 20. Flussergebnisse



1. Dropdown-Menü „Untersuchungsbereich“, 2. Flussergebnisse, 3. Symbol für Grafik, 4. Symbol für Flussergebnisse/Flusstabelle.

1. Wählen Sie im Dropdown-Menü **All ROIs (Alle Untersuchungsbereiche)** aus, um die Ergebnisse aller Kurven zu überprüfen.

2. Wählen Sie  aus, um die Flussergebnisse oder -tabelle anzuzeigen.

3. Aktivieren Sie das Kontrollkästchen, um das Ergebnis in den Befund aufzunehmen bzw. aus dem Befund

auszuschließen. 

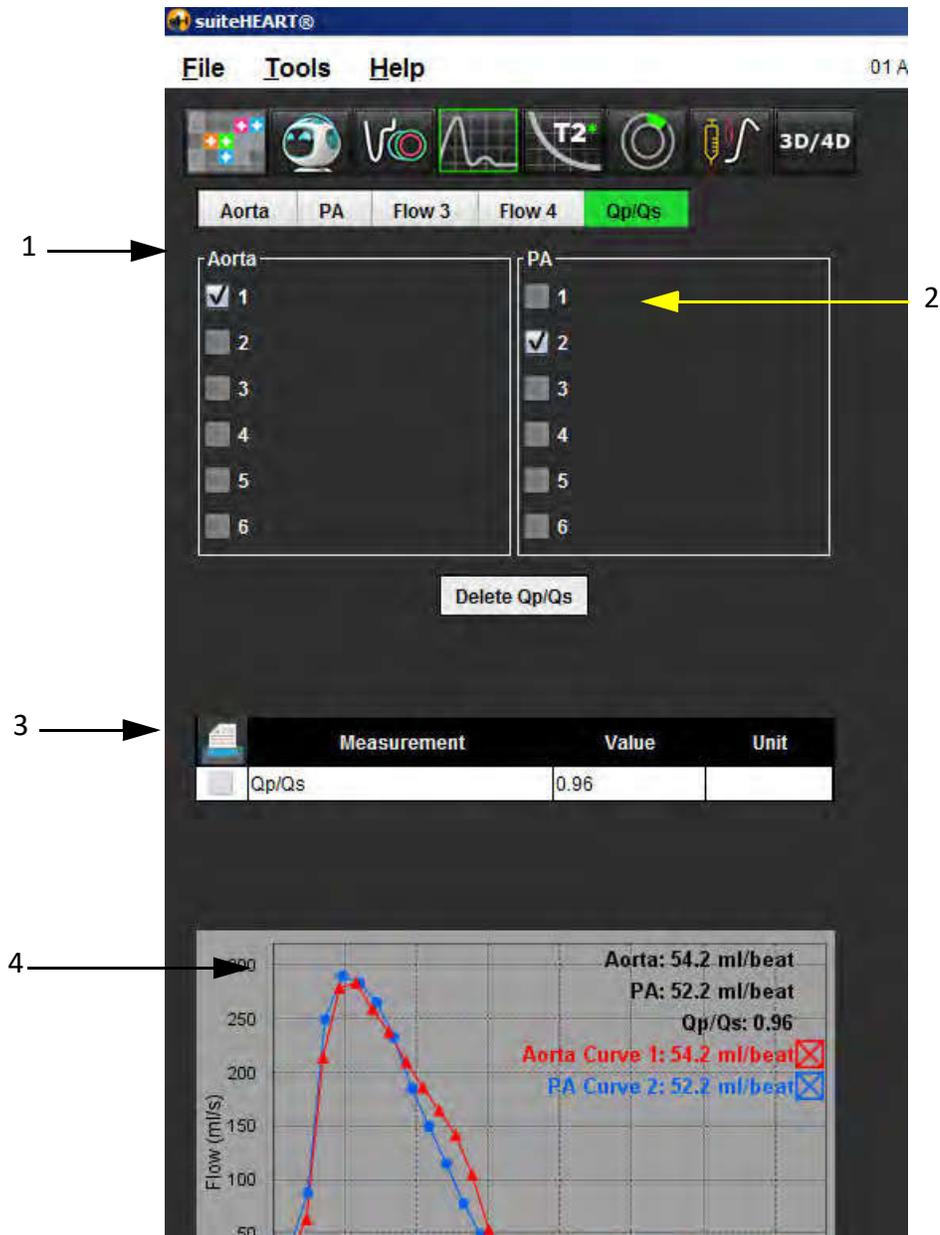
4. Wählen Sie  , um zwischen der Zusammenfassungs- und Geschwindigkeitstabelle umzuschalten.

5. Wählen Sie  aus, um die Flusskurven anzuzeigen.

# Registerkarte Qp/Qs

Das Befundsfenster Qp/Qs unterscheidet sich vom Layout der Befundsfenster der Registerkarten für die Gefäßdurchflüsse.

ABBILDUNG 21. Befundsfenster Qp/Qs



1. Aorta-Kurve, 2. Lungenarterien-Kurve, 3. Qp-/Qs-Messung, 4. Flusskurven

## Qp/Qs berechnen

**HINWEIS:** Vor den Qp/Qs-Berechnungen müssen Flusskurven auf den entsprechenden Serien für die Aorta- und Lungenarterie erstellt werden.

1. Wählen Sie wenigstens eine Aorta-Kurve aus.
2. Wählen Sie wenigstens eine Lungenarterien-Kurve aus.

Wenn sowohl die Konturen der Aorta als auch der Lungenarterie ausgewählt wurden, werden die Qp-/Qs-Messungen automatisch berechnet. Die Berechnungen beruhen auf allen ausgewählten Konturen. In der Grafik werden alle Flusskurven angezeigt. Kurven können jederzeit ausgewählt oder abgewählt werden.

Das Abwählen der Anzeige einer Kurve in der Grafik hat keine Auswirkungen auf die Berechnungen.

Falls mehr als eine Aorta oder Lungenarterie ausgewählt wurde, werden die Werte durch das System gemittelt.

3. Falls Sie alle Grafiken und alle Berechnungen in dieser Registerkarte löschen wollen, wählen Sie **Qp/Qs löschen** aus.

# Bezeichnungen auf Registerkarten ändern

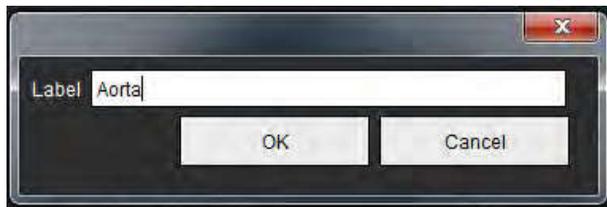
ABBILDUNG 22. Flussanalyse-Registerkarten



## Bezeichnung auf Registerkarten ändern:

1. Klicken Sie mit der rechten Maustaste auf die Registerkarte (Abbildung 22).
2. Geben Sie die neue Bezeichnung ein (Abbildung 23).

ABBILDUNG 23. Popup-Fenster zur Bearbeitung der Bezeichnung auf Registerkarten

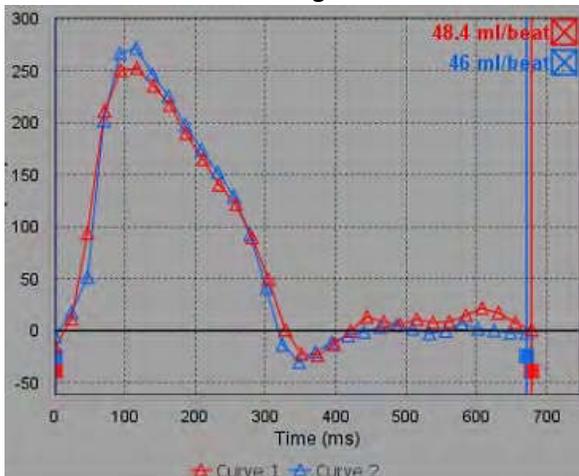


**HINWEIS:** Durch Ändern der Bezeichnungen auf der Registerkarte „Durchfluss“ wird nur die Bezeichnung der Durchfluss-Überschrift für den Befund geändert.

## Bezeichnungen der Legenden von Flusskurven ändern

1. Klicken Sie mit der rechten Maustaste auf **Kurve 1** am unteren Rand der Flussgrafik (Abbildung 24).

ABBILDUNG 24. Fluss-Legenden



2. Geben Sie die neue Bezeichnung ein.

ABBILDUNG 25. Fenster zum Ändern von Bezeichnungen der Legenden von Flusskurven



**HINWEIS:** Die neuen Flusskurven-Legenden werden mit der aktuellen Vorlage gespeichert.

# Myokardiale Beurteilung

Der Benutzer ist für die genaue und vollständige Positionierung aller Untersuchungsbereiche (ROIs) verantwortlich, einschließlich solcher Untersuchungsbereiche, die anhand automatischer Segmentierungsalgorithmen erzeugt oder modifiziert wurden. Die von der Software erzeugten quantitativen Werte hängen von der genauen und vollständigen Positionierung dieser Untersuchungsbereiche und den angewandten Schwellenwerten ab.

Die Funktion „Studienvorbereitung“ ermöglicht die Vorbereitung von Late Enhancement. Siehe suiteDXT-Bedienungsanleitung, NS-03-039-0010.

Das Analysewerkzeug „Myokardiale Beurteilung“ (Myocardial Evaluation – ME) ermöglicht die quantitative Bestimmung von Bereichen im Herzmuskel mit verschiedener Signalintensität.

Drei Analyse-Registerkarten stehen zur Verfügung:

- Late Enhancement – Ermittelt myokardiale Segmente mit gesteigerter und niedriger Signalintensität.
- T2 – Ermittelt myokardiale Segmente mit gesteigerter Signalintensität aus Schwarzblut-Imaging-Verfahren.
- Signaldifferenzial – Zeigt die Salvage Mass-Ergebnisse anhand der Late Enhancement und T2-Analyse und über das T2-Signalintensitätsverhältnis (SI) an.

ABBILDUNG 1. Analyse-Registerkarten



	Measurement	Value	Unit
<input checked="" type="checkbox"/>	Infarct Mass	17.9	g
<input checked="" type="checkbox"/>	Left Ventricular Mass	128	g
<input checked="" type="checkbox"/>	Infarct	14.1	%
<input checked="" type="checkbox"/>	MVO Mass	0.33	g
<input checked="" type="checkbox"/>	MVO	0.26	%
<input checked="" type="checkbox"/>	MVO / Infarct	1.84	%



**WARNUNG:** Die Anwendung unterstützt ausschließlich die Analyse der Bilder. Sie liefert nicht automatisch quantifizierbare Ergebnisse. Die Verwendung und Beurteilung der quantitativen Messergebnisse bleiben dem Anwender überlassen. Falls die Messungen ungenau sind, kann es zu Fehldiagnosen kommen. Messungen sollten nur von entsprechend ausgebildeten und qualifizierten Benutzern vorgenommen werden.

# ME-Verfahren zur quantitativen Analyse

## Late Enhancement

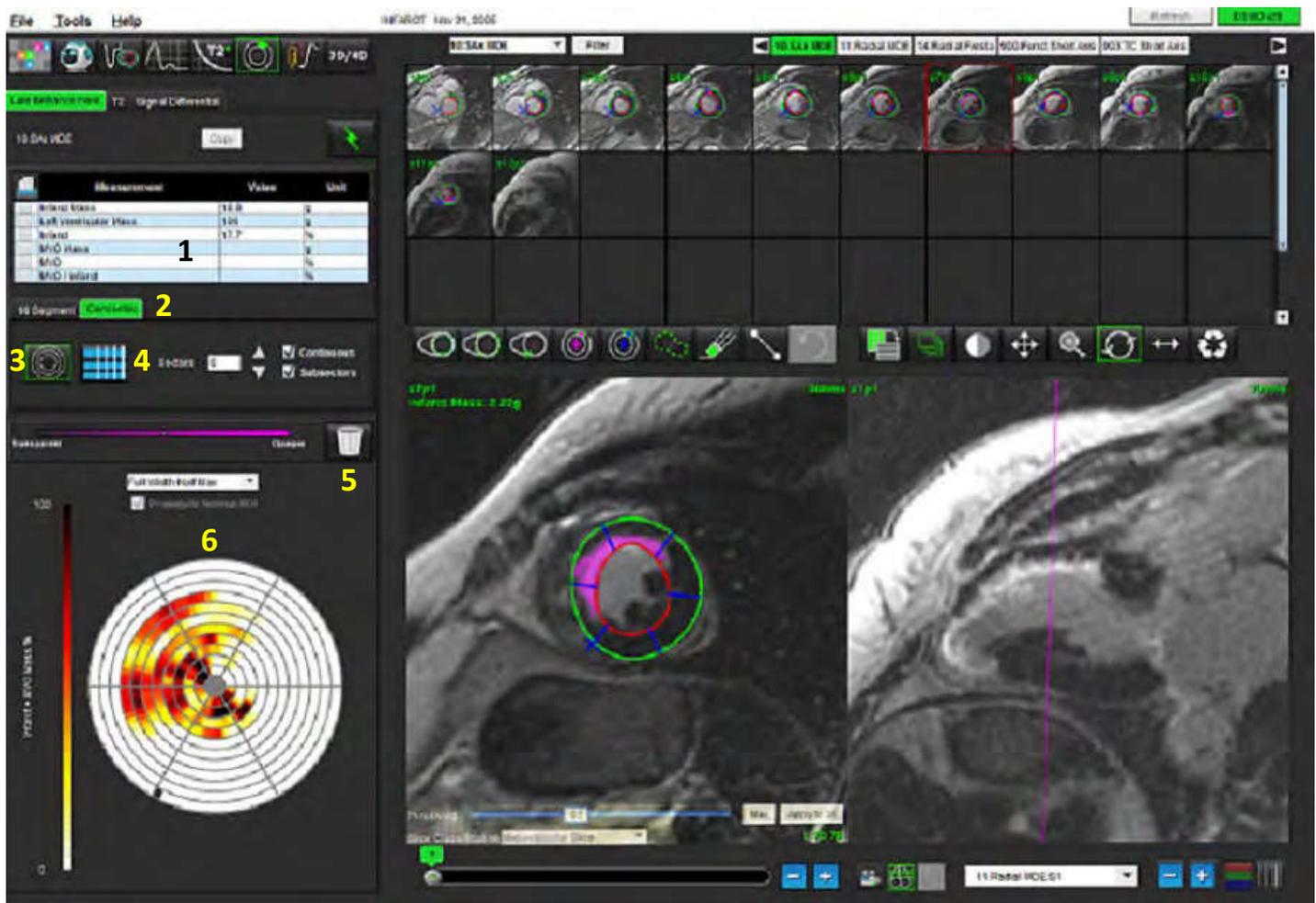


1. Wählen Sie  aus.
2. Wählen Sie die Registerkarte **Late Enhancement** aus.
3. Wählen Sie die entsprechende Kurzachsenserie aus.



4. Wählen Sie  aus, um die automatische Segmentierung zu starten.
5. Überprüfen Sie alle endokardialen und epikardialen Kurven, den RV-Einfügapunkt und die Schwellenwerte für jede Schicht. Bearbeiten Sie die Schwellenwerte nach Bedarf.

ABBILDUNG 2. Berichtsfenster ME Quantitative Analyse



1. Ergebnistabelle, 2. Polardiagrammtyp, 3. Polardiagrammabschnitt, 4. Tabellenabschnitt, 5. Löschen, 6. Quantitatives Polardiagramm

6. Für die manuelle Segmentierung zeichnen Sie das LV-Endokard auf der basalsten Schicht nach, indem Sie  auswählen.

7. Zeichnen Sie das LV-Epikard nach, indem Sie  auswählen.

8. Platzieren Sie den unteren RV-Einfügpunkt, indem Sie  auswählen.

9. Verschieben Sie den Cursor aus dem Editor-Fenster, um den ROI abzuschließen.

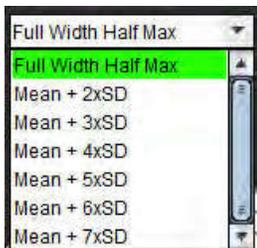
10. Wiederholen Sie die Schritte 6 bis 9, bis das gesamte Ventrikel segmentiert ist.

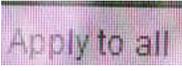
11. Bestätigen Sie die basale, mittlere und apikale Klassifizierung.

### Auswahl des Schwellenwerts

1. Wählen Sie den entsprechenden Schwellenwert-Algorithmus aus dem Datei-Pulldown-Menü aus (Abbildung 3).

ABBILDUNG 3. Schwellenwert-Algorithmus-Menü



2. Falls erforderlich, klicken Sie auf , um den Schwellenwert für die jeweilige Schicht zu maximieren. Klicken Sie auf , um diesen Wert auf alle Schichten anzuwenden. Verwenden Sie, falls erforderlich, den Schieberegler, um den Schwellenwert-Algorithmus für jede Schicht anzupassen.

3. Für Ergebnisse mit einer mittleren Standardabweichung zwischen +2 und +7 platzieren Sie einen normalen ROI



in ein normales Myokardsegment. Dieser ROI wird in alle Schichten kopiert, wenn „Normalen ROI übertragen“ ausgewählt ist.

### Schwellenwertbearbeitung

1. Um Bereiche mit hoher Intensität hinzuzufügen, wählen Sie  aus.

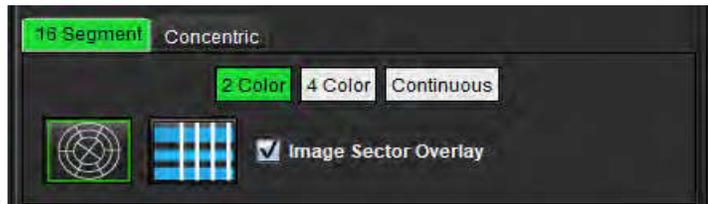
2. Um Bereiche mit niedriger Intensität hinzuzufügen, wählen Sie  aus.

3. Um Signalintensitätsbereiche zu löschen, wählen Sie den  kleinen Radierer oder den  großen Radierer.

# Polardiagramm-Anzeigeformate

Das Analysewerkzeug ME stellt zwei Polardiagrammformate zur Verfügung: 16 Segmente und konzentrisch

## Möglichkeit 1: 16-Segment-Verfahren



1. Wählen Sie die Registerkarte **16 Segmente** aus

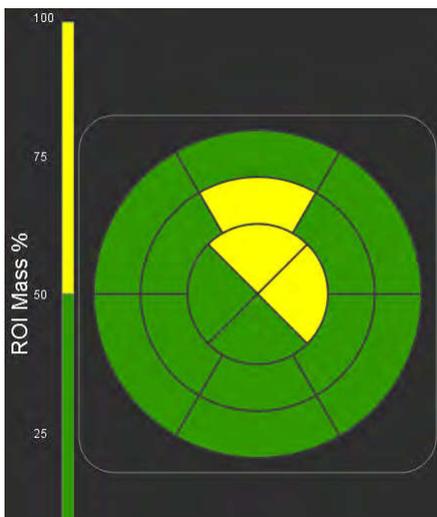
2. Wählen Sie **2 Farben**, **4 Farben** oder **Kontinuierlich** aus.

Farbzuordnungen werden durch Klicken auf die Farbskala definiert.

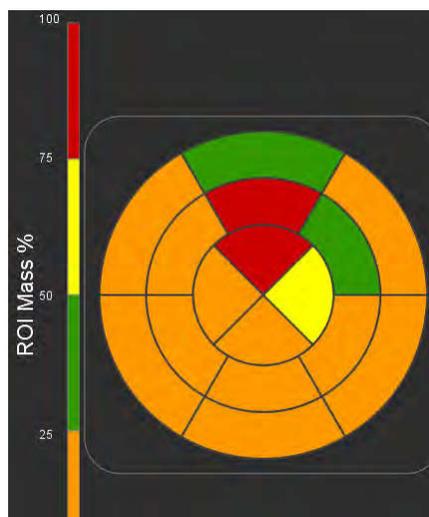
Zum Ändern der Prozentwerte klicken Sie direkt auf den Farbtrennbalken und verschieben Sie den Balken.

ABBILDUNG 4. Polardiagramme

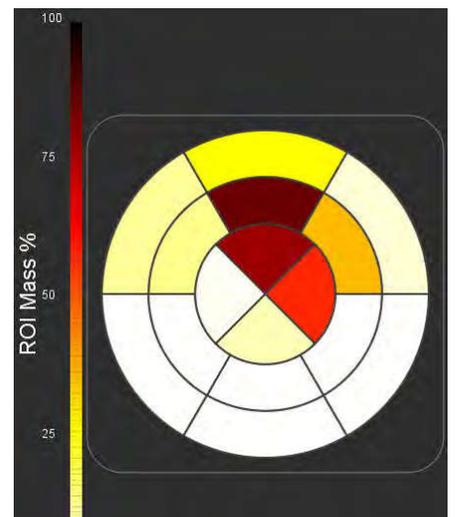
Polardiagramm mit 2 Farben



Polardiagramm mit 4 Farben



Polardiagramm mit ineinander übergehenden Farben



3. Wählen Sie  aus, um die Polardiagramm-Zusammenfassungstabelle anzuzeigen.

## Möglichkeit 2: Schicht-für-Schicht-Format

1. Wählen Sie die Registerkarte **Konzentrisch** aus.

ABBILDUNG 5. Registerkarte „Konzentrisch“



In der Registerkarte „Konzentrisch“ stehen die Einstellungen zur Verfügung, mit denen das Format des Polardiagramms in ein schichtweises Format geändert wird, wobei jeder Ring eine Schicht repräsentiert. Die Anzahl der Ringe wird durch die Anzahl der analysierten Schichten vorgegeben.

2. Wählen Sie die Anzahl der Sektoren aus.
3. Klicken Sie auf das Kontrollkästchen „Untersektoren“, um die Änderungen der Untersuchungsbereich-Massenprozentwerte innerhalb des Sektors anzuzeigen.

Wenn das Kontrollkästchen **Untersektoren** ausgewählt wurde, wird eine Glättungsfunktion angewandt.

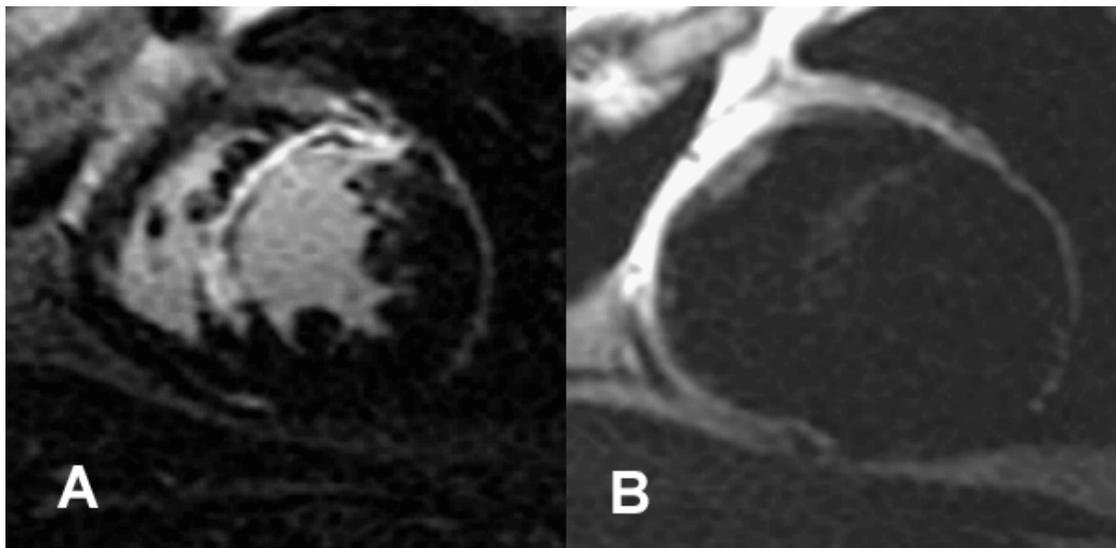
4. Durch Klicken auf das Kontrollkästchen **Kontinuierlich** wird das Polardiagramm auf prozentuale Signalintensität geändert. Die Werte werden mit Farben in einem kontinuierlichen Spektrum von 0 % bis 100 % kodiert.



Klicken Sie auf , um Konturen zu löschen.

**HINWEIS:** Die halbautomatische Schwellenwertbildung für Late Enhancement-Analysen funktioniert optimal für myokardiale Beurteilungsbilder hoher Qualität, wie unten dargestellt (Bild A). Wenn Bilder ohne Signal aus dem Blutpool (Bild B) erfasst werden oder wenn die Inversionszeit nicht stimmt, muss der Schwellenwert subjektiv vom Anwender eingestellt werden.

**ABBILDUNG 6. Myokardiale Beurteilungsbilder**



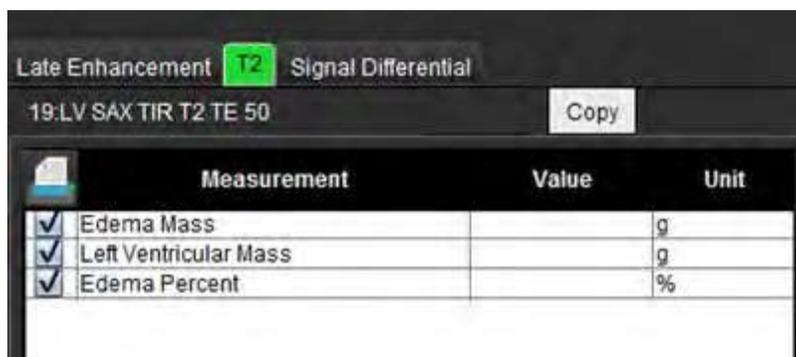
## T2-Analyse

1. Wählen Sie die Registerkarte „T2“ aus.
2. Wenn die Late Enhancement-Serie zuvor analysiert wurde, können die ROIs in die T2-Serie durch Klicken auf die Schaltfläche **Kopieren** kopiert werden (siehe Abbildung 7).

**HINWEIS:** Für das Kopieren der ROIs ist es erforderlich, dass die Anzahl der Schichten für jede Serie übereinstimmt, um genaue Ergebnisse zu erhalten. Wenn die Anzahl der Schichten nicht übereinstimmt, ist die Schaltfläche **Kopieren** nicht verfügbar. Der DICOM-Importprozess kann verwendet werden, um eine Serie mit der gleichen Anzahl Schichten zu erstellen.

Erfassungsparameter, wie beispielsweise Matrix und FOV, sollten für jede Serie gleich sein, um beste Ergebnisse zu erzielen. Nach dem Erstellen einer Kopie sollten Sie die ROIs an allen Schichtpositionen sorgfältig überprüfen und entsprechende Änderungen vornehmen.

ABBILDUNG 7. Position der Schaltfläche „Kopieren“



3. Wenn keine vorherige Late Enhancement-Analyse vorhanden ist, können ROIs auch manuell erstellt werden.

4. Zeichnen Sie das LV-Endokard auf der basalsten Schicht nach, indem Sie  auswählen.

5. Zeichnen Sie das LV-Epikard nach, indem Sie  auswählen.

6. Markieren Sie den unteren RV-Einfügekpunkt, indem Sie  auswählen.

7. Verschieben Sie den Cursor aus dem Editor-Fenster, um den ROI abzuschließen.

8. Wiederholen Sie die Schritte 4 bis 7, bis der gesamte Ventrikel segmentiert ist.

9. Für eine Schwellenwertbildung mit Standardabweichung 2 wählen Sie Normalen ROI hinzufügen  aus und platzieren einen ROI in ein normales Myokardsegment. Dieser ROI wird in alle Schichten kopiert, wenn „Normalen ROI übertragen“ ausgewählt ist. Überprüfen Sie jede Schichtposition und passen Sie den ROI nach Bedarf an.

**HINWEIS:** Wenn der Skelettmuskel-ROI und der normale ROI bereitgestellt werden, führt die Software die folgende Berechnung aus:

Normalisiertes myokardiales T2 SI = SI Myokard / SI Skelettmuskel;

Schwellenwertberechnung: Schwellenwert = 2 \* STD NORMAL + Durchschnitt NORMAL

10. Bestätigen Sie die basalen, mittleren und apikalen Klassifizierungen. Verwenden Sie, falls erforderlich, den Schieberegler, um den Schwellenwert-Algorithmus für jede Schicht anzupassen.

11. Um eine T2-Signalintensitätsanalyse durchzuführen, wählen Sie Skelettmuskel-ROI hinzufügen  aus und platzieren den ROI in den Skelettmuskel. Dieser ROI wird dann in alle Bilder kopiert. Überprüfen Sie jede Schichtposition und passen Sie den ROI nach Bedarf an.

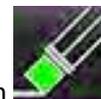
**HINWEIS:** Schwarzblutbilder zeigen möglicherweise eine unzureichende Flussunterdrückung, was zu einer ungenauen Signalintensitätsanalyse und Schwellenwertbildung führen kann.

## Bearbeiten



Um Bereiche mit hoher T2-Signalintensität hinzuzufügen, wählen Sie  aus.



Um Bereiche mit hoher T2-Signalintensität zu entfernen, wählen Sie den  kleinen Radierer oder den  großen Radierer.



Klicken Sie auf , um Konturen zu löschen.

# Kombinationsanalyse

## Late Enhancement und T2

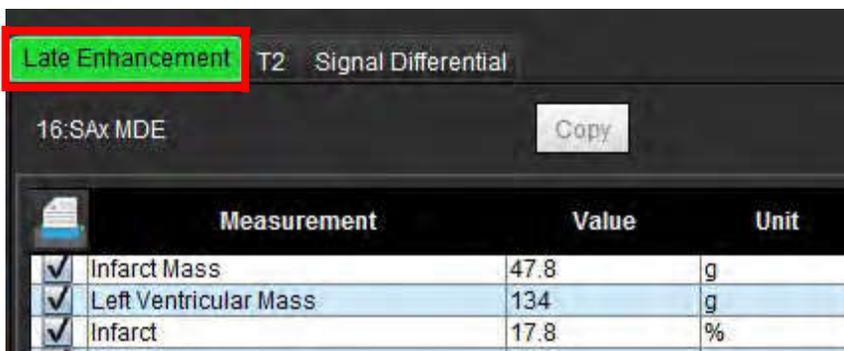
Der Kombinationsanalysemodus ermöglicht eine parallele Analyse mit Bearbeitungswerkzeugen für Late Enhancement- und T2 (Ödem)-Bilder.

**HINWEIS:** Zur Aktivierung des Kombinationsanalysemodus muss zunächst die Analyse einer Kurzachsen-Late-Enhancement-Serie mithilfe des Registers „Late Enhancement“ abgeschlossen werden. T2 (Ödem)-Bilder müssen in der gleichen Studie präsent sein.



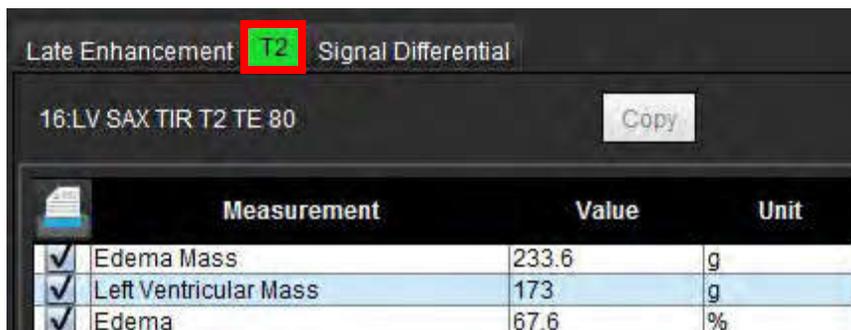
1. Wählen Sie  aus.
2. Wählen Sie die entsprechende Studie mit sowohl Late Enhancement- als auch T2 (Ödem)-Bildern aus. Schließen Sie das Analyseverfahren für Late Enhancement ab.

**HINWEIS:** Prüfen Sie den Schwellenwert für jede Kurzachsen-schicht auf dem Register „Late Enhancement“, bevor Sie den Kombinationsanalysemodus auswählen.



Measurement	Value	Unit
<input checked="" type="checkbox"/> Infarct Mass	47.8	g
<input checked="" type="checkbox"/> Left Ventricular Mass	134	g
<input checked="" type="checkbox"/> Infarct	17.8	%

3. Wählen Sie die Registerkarte „T2“ aus und führen Sie das Analyseverfahren für die T2-Serie durch.



Measurement	Value	Unit
<input checked="" type="checkbox"/> Edema Mass	233.6	g
<input checked="" type="checkbox"/> Left Ventricular Mass	173	g
<input checked="" type="checkbox"/> Edema	67.6	%

4. Um die Kombinationsanalyse zu starten, wählen Sie  aus (siehe Abbildung 8).

**ABBILDUNG 8. Kombinationsanalysemodus**

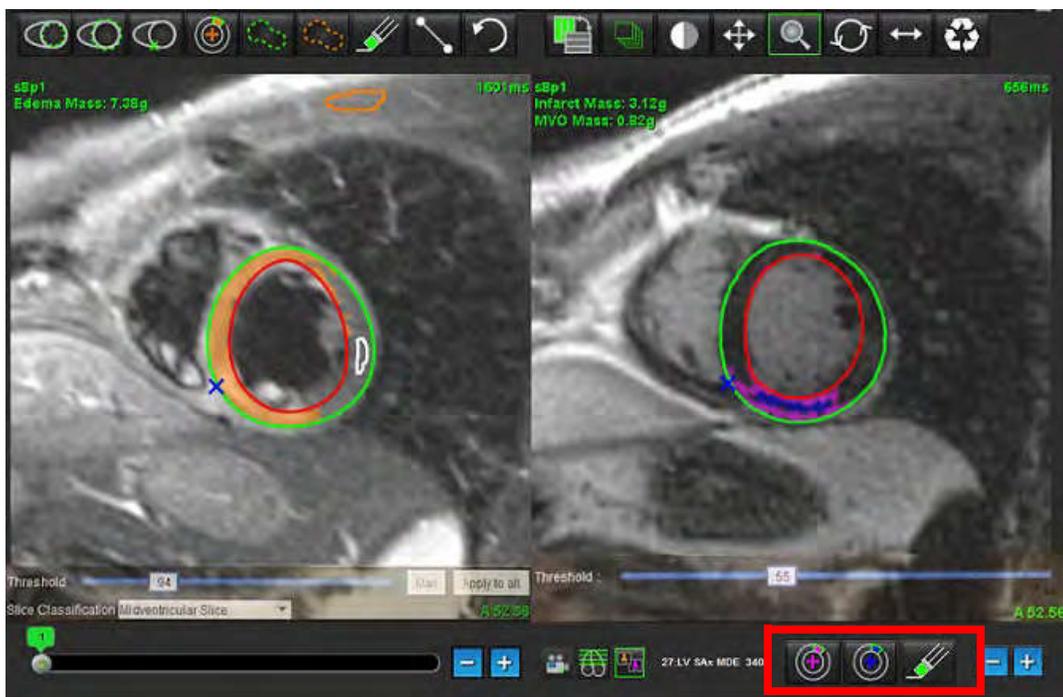


5. Bei der Auswahl erscheint die zuvor analysierte Late Enhancement-Serie im Fenster „Modusansicht“. Dieses Fenster wird dann zum Editor-Fenster für die Late Enhancement-Bilder.
6. Verwenden Sie für die Bearbeitung der Late Enhancement-Bilder die Bearbeitungswerkzeuge unter dem Bild-Darstellungsfenster (siehe Abbildung 9).

**HINWEIS:** Bestätigen Sie alle Aktualisierungen der Ergebnisse direkt auf der Registerkarte „Late Enhancement“.

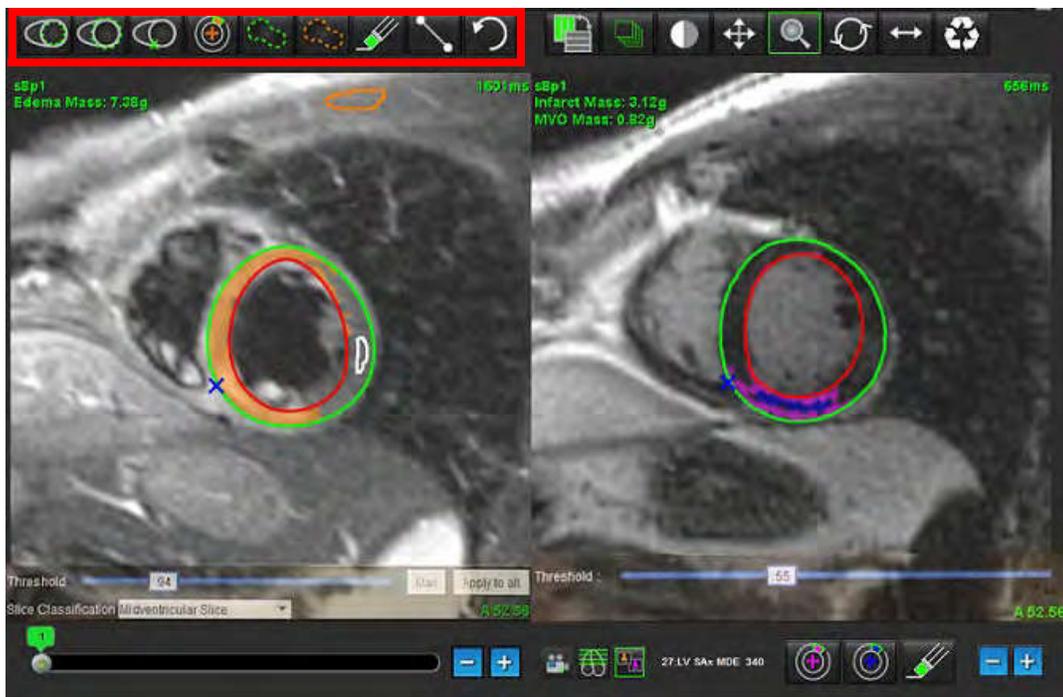
**HINWEIS:** Wenn die Untersuchungsbereiche des LV-Endokards oder des LV-Epikards gelöscht werden, gehen Sie zwecks Rückverfolgung zur Registerkarte „Late Enhancement“ zurück.

ABBILDUNG 9. Late Enhancement-Bearbeitungswerkzeuge



7. Verwenden Sie für die Bearbeitung der T2 (Ödem)-Serie links die Bearbeitungswerkzeuge unter dem Bild-Darstellungsfenster (siehe Abbildung 10).

ABBILDUNG 10. T2 (Ödem)-Analyse-Tools

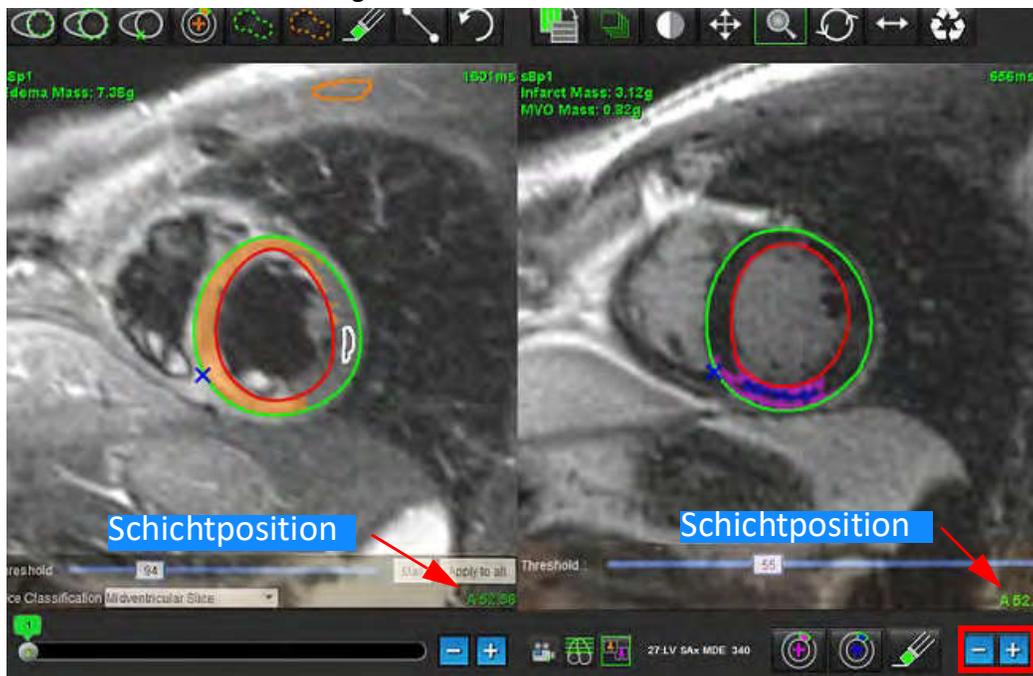


8. Navigieren Sie mit den Minus- und Plus-Schaltflächen zu einer anderen Schichtebene für die Late Enhancement-Serie (siehe Abbildung 11).

- Informationen zur Schichtposition sind in der unteren rechten Ecke jedes Darstellungsfensters zu finden.

**HINWEIS:** Die für Late Enhancement angezeigte Schichtposition wird über die Schichtposition im T2 (Ödem)-Editor-Fenster festgelegt. Verwenden Sie die Minus-/Plus-Schaltflächen, um diese Auswahl zu überschreiben.

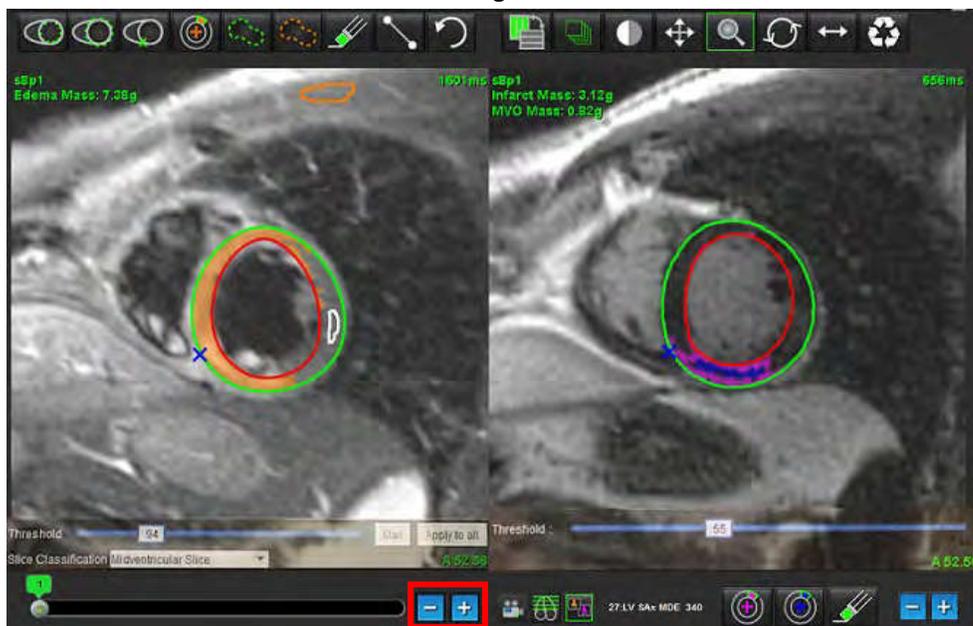
**ABBILDUNG 11. Schichtnavigation für Late Enhancement**



9. Navigieren Sie mit den Minus- und Plus-Schaltflächen unter dem T2 (Ödem)-Bearbeitungsfenster zu einer anderen Schichtebene sowohl für Late Enhancement als auch für T2 (Ödem)-Serien (siehe Abbildung 12).

**HINWEIS:** Im Kombinationsanalysemodus verknüpfen die Plus- und Minus-Schaltflächen auf der linken Seite die Schichtnavigation für beide Darstellungsfenster.

**ABBILDUNG 12. Kombinierte Schichtnavigation-Bedienelemente**



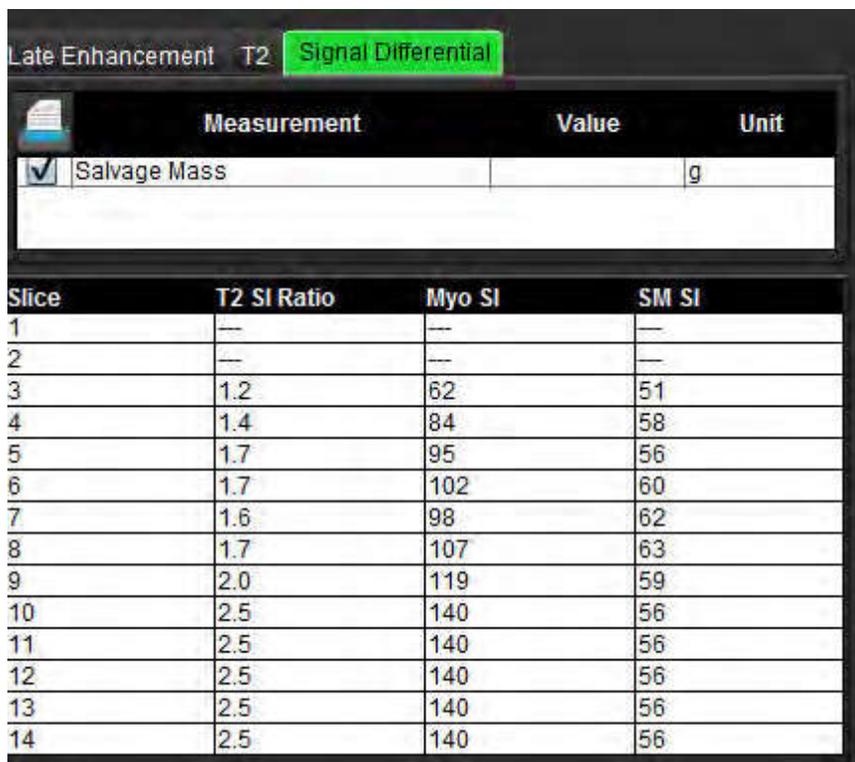
# Signaldifferenzial-Ergebnisse

Wählen Sie die Registerkarte **Signaldifferenzial** aus.

**HINWEIS:** Um die Salvage Mass-Ergebnisse zu erhalten, müssen Late Enhancement und die T2-Analyse abgeschlossen sein. Die T2-Analyse muss mit der Positionierung des Skelettmuskel-ROI für die T2-Signalintensitätsanalyse (SI) abgeschlossen werden.

**HINWEIS:** Wenn das T2-Ergebnis (Ödem) geringer als das Late Enhancement-Ergebnis (Infarkt + MVO) ausfällt, ist das Salvage Mass-Ergebnis leer.

**ABBILDUNG 13.** Registerkarte „Signaldifferenzial“



The screenshot shows the 'Signal Differential' register card. At the top, there are tabs for 'Late Enhancement', 'T2', and 'Signal Differential' (which is highlighted in green). Below the tabs is a table with the following data:

Measurement	Value	Unit
<input checked="" type="checkbox"/> Salvage Mass		g

Below this table is a data table with the following columns: Slice, T2 SI Ratio, Myo SI, and SM SI.

Slice	T2 SI Ratio	Myo SI	SM SI
1	—	—	—
2	—	—	—
3	1.2	62	51
4	1.4	84	58
5	1.7	95	56
6	1.7	102	60
7	1.6	98	62
8	1.7	107	63
9	2.0	119	59
10	2.5	140	56
11	2.5	140	56
12	2.5	140	56
13	2.5	140	56
14	2.5	140	56

# T1-Mapping-Analyse

Die Analyse ermöglicht die Signalquantifizierung der longitudinalen Spin-Gitter-Relaxationszeit (T1). Die Anwendung unterstützt die T1-Analyse für Non-Enhancement- und Post-Enhancement-Bilder und die Berechnung der extrazellulären Volumenfraktion (ECV).

Erforderliche Bilder: Bilder der Inversion- oder Saturation-Recovery (Sättigungserholung) mit unterschiedlichen Inversionszeiten (TI). Serien mit angewandter Bewegungskorrektur werden für die Analyse empfohlen. Repräsentative Schichtpositionen für die linksventrikuläre Basis, Mitte und die Herzspitze werden empfohlen.



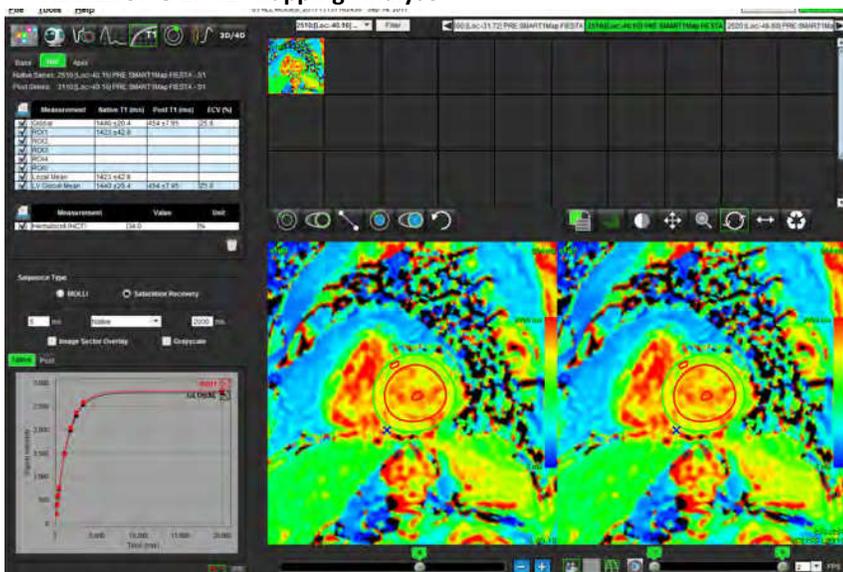
**WARNUNG:** Die Anwendung unterstützt ausschließlich die Analyse der Bilder. Sie liefert nicht automatisch quantifizierbare Ergebnisse. Die Verwendung und Beurteilung der quantitativen Messergebnisse bleiben dem Anwender überlassen. Falls die Messungen ungenau sind, kann es zu Fehldiagnosen kommen. Messungen sollten nur von entsprechend ausgebildeten und qualifizierten Benutzern vorgenommen werden.

## T1-Mapping-Analyse starten



1. Wählen Sie  aus.
2. Wählen Sie die geeignete T1-Mapping-Serie aus.
3. Wählen Sie die geeignete Registerkarte aus: Basis, Mitte oder Herzspitze.
4. Wählen Sie die geeignete Schicht der Kurzachse aus der Serienauffistung oder im Feld „Miniaturansichten“ aus.
5. Wählen Sie MOLLI für die Analyse für Bilder der Inversion- oder Saturation-Recovery (Sättigungserholung) aus.

**ABBILDUNG 1. T1-Mapping-Analyse**



# T1-Analyse-Verfahren

1. Wählen Sie zur Durchführung der regionalen T1-Analyse das Non-enhancement Local ROI-Tool  aus, und erstellen Sie einen Untersuchungsbereich im Myokard.
2. In der Ergebnistabelle entlang der T1-Kurve wird das Non-enhancement Local T1-Ergebnis für den Bereich in Millisekunden (ms) angezeigt. Wenn mehr als 1 Non-enhancement Local ROI auf dem Bild platziert wird, wird das Ergebnis für T1 Local Mean (T1 lokaler Mittelwert) aktualisiert.
3. Es können bis zu 5 Non-enhancement Local ROI-Messungen auf einem Bild pro Registerkarte erstellt werden.
4. Um eine Global T1-Analyse durchzuführen, wählen Sie das Non-enhancement LV-Endokard aus  und zeichnen die Kontur des Endokardrands.
5. Wählen Sie das Non-enhancement LV-Epikard  aus, und zeichnen Sie die Kontur des Epikardrands. Das Global T1-Ergebnis wird in der Ergebnistabelle angezeigt.

# Post-enhancement T1-Analyseverfahren

1. Wählen Sie zur Durchführung der regionalen T1-Analyse das Post-Enhancement Local ROI-Tool  aus, und erstellen Sie einen Untersuchungsbereich im Myokard.
2. Das Post-enhancement Local T1-Ergebnis wird in Millisekunden (ms) in der Ergebnistabelle angezeigt. Die T1-Kurve erscheint ebenfalls in der Ergebnistabelle. Wenn mehr als 1 Post-enhancement Local ROI auf dem Bild platziert wird, wird das Ergebnis für T1 Post Local Mean (T1 Post-enhancement lokaler Mittelwert) aktualisiert.
3. Es können bis zu 5 Post-enhancement Local ROI-Messungen auf einem Bild pro Registerkarte erstellt werden.
4. Um eine Global T1-Analyse durchzuführen, wählen Sie das Post-enhancement LV-Endokard aus  und zeichnen die Kontur des Endokardrands.
5. Wählen Sie das Post-enhancement LV-Epikard  aus, und zeichnen Sie die Kontur des Epikardrands. Das Global T1-Ergebnis wird in der Ergebnistabelle angezeigt.

# Parametrische Farbdarstellung

**HINWEIS:** Ein lokaler oder globaler ROI ist erforderlich, um eine parametrische Farbdarstellungsoption anzuzeigen.

1. Wählen Sie die geeignete Option aus dem Datei-Pulldown-Menü aus (siehe Abbildung 2).
2. Klicken Sie auf „Graustufen“, um die parametrische Farbdarstellungsoptionen als Graustufen anzuzeigen.

**ABBILDUNG 2.** Farbdarstellungsoptionen



## ECV-Quantifizierung

1. Führen Sie entweder eine Local oder Global T1-Analyse für beides, Non-enhancement und Post-enhancement-Bilder, durch.



2. Wählen Sie  für Non-enhancement-Bilder aus, und platzieren Sie einen ROI in den Hohlraum der linken Herzkammer.



3. Wählen Sie  für Post-enhancement-Bilder aus, und platzieren Sie einen ROI in den Hohlraum der linken Herzkammer.
4. Geben sie den Hämatokrit (HCT)-Wert ein.
5. Das ECV-Ergebnis (%) wird in der Ergebnistabelle angezeigt.

**Literaturnachweis:** Wong. et al., „Association Between Extracellular Matrix Expansion Quantified by Cardiovascular Magnetic Resonance and Short-Term Mortality.“ 20121261206-1216

## Erstellung einer 16-Segment-Polar-Darstellung

**HINWEIS:** Das ECV-Polardiagramm erfordert eine abgeschlossene ECV-Analyse.

1. Führen Sie die Global T1-Analyse für die Registerkarten „Basis“, „Mitte“ und „Herzspitze“ durch.



2. Wählen Sie  für Non-enhancement-Bilder aus, und platzieren Sie den RV-Einfügepunkt.



3. Wählen Sie  für Post-enhancement-Bilder aus, und platzieren Sie den RV-Einfügepunkt.



4. Wählen Sie das 16-Segment-Polar-Diagramm  aus.



5. Wählen Sie „Grafiken“  aus, um zu den T1-Kurven zurückzukehren.

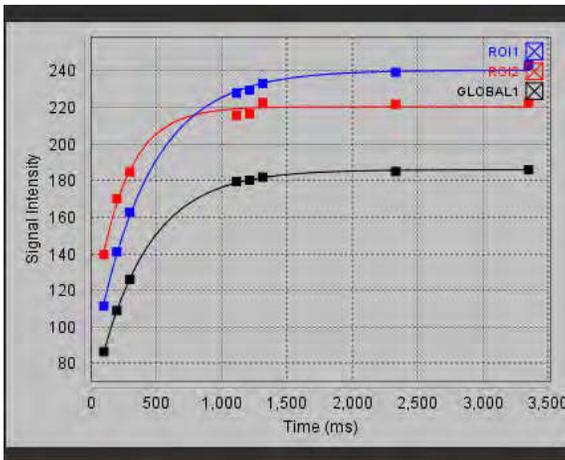
# Löschen von Konturen



Klicken Sie auf , um Konturen zu löschen.

## T1-Kurven überprüfen

1. Die Kurvoneinpassungsergebnisse zeigen das Signalverhalten der Bilddaten. Bei Artefakten infolge von Registerversatz, atmungsbedingten Artefakten oder Arrhythmien ist die Kurvenpassung nicht immer optimal.
2. Ein Signalintensitätspunkt kann aus der Berechnung entfernt werden, indem Sie direkt auf die Kurve klicken und die Kontur auf dem Bild auswählen, die daraufhin violett dargestellt wird.
3. Wählen Sie durch Klicken mit der rechten Maustaste (Klicken und Halten) „Löschen“ oder drücken Sie die Lösch Taste auf der Tastatur.



**WARNUNG:** Überprüfen Sie die Ergebnisse der T1-Kurvenpassung. Ein gut ausgebildeter und qualifizierter Anwender sollte die Analyse und Diagnose durchführen.

Ergebnis	Gleichungsreferenz	Passungstyp
<b>T1 Look-Locker (MOLLI)</b>	$y = A - B \exp(-t/T1^*)$	Nichtlineare Kurvoneinpassung anhand eines Levenberg-Marquardt-Algorithmus*

**Literaturnachweis:** \*Messroghli D. R. et al., „Modified Look-Locker Inversion Recovery (MOLLI) for High Resolution T1 Mapping of the Heart.“ Magnetic Resonance in Medicine (2004) 52: 141-146.

# T2-Mapping-Analyse

Diese Funktion ermöglicht die Signalquantifizierung der T2- Relaxationszeit. T2-Mapping ist eine Technik zur Gewebebeurteilung.

Erforderliche Bilder: T2-Vorbereitungssequenz mit einer Steady State-freien Präzessionsanzeige mit unterschiedlichen Echozeiten (TE). Repräsentative Schichtpositionen für die linksventrikuläre Basis, Mitte und die Herzspitze werden empfohlen.

Die Berechnung der T2\*-Zerfallskurve lautet:  $y = a \exp(-TE/T2^*) + c$

Es gibt zwei Einpassungskorrekturmethoden: eine 2-Parameter-Einpassung, wobei das Hintergrundgeräusch c unter Verwendung eines Histogramm-basierten Algorithmus berechnet und von der Signalintensität subtrahiert wird, wonach eine nichtlineare Einpassung durchgeführt wird. Und die 3-Parameter-Einpassung, die einen nicht linearen Ansatz verwendet.



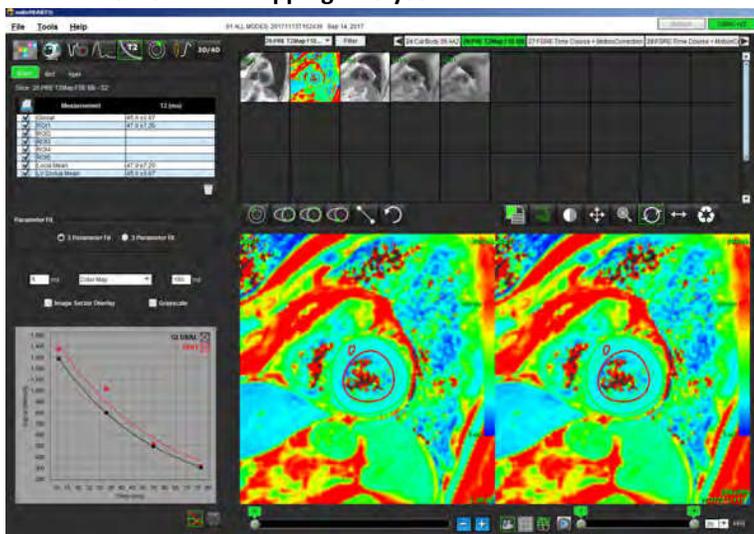
**WARNUNG:** Die Anwendung unterstützt ausschließlich die Analyse der Bilder. Sie liefert nicht automatisch quantifizierbare Ergebnisse. Die Verwendung und Beurteilung der quantitativen Messergebnisse bleiben dem Anwender überlassen. Falls die Messungen ungenau sind, kann es zu Fehldiagnosen kommen. Messungen sollten nur von entsprechend ausgebildeten und qualifizierten Benutzern vorgenommen werden.

## T2-Mapping-Analyse starten



1. Wählen Sie  aus.
2. Wählen Sie die entsprechende T2-Mapping-Serie aus.
3. Wählen Sie das gewünschte Register, entweder „Basis“, „Mitte“ oder „Herzspitze“ aus.
4. Wählen Sie die geeignete Schicht der Kurzachse aus der Serienauflistung oder im Feld „Miniaturansichten“ aus.
5. Wählen Sie für die Einpassungskorrektur entweder die 2- Parameter-Einpassung oder die 3-Parameter-Einpassung aus.

**ABBILDUNG 1. T2-Mapping-Analyse**



## T2-Analyse-Verfahren

1. Wählen Sie zur Durchführung der regionalen T2-Analyse das Local ROI-Tool  aus, und erstellen Sie einen Untersuchungsbereich im Myokard.
2. In der Ergebnistabelle entlang der T2-Kurve wird das Local T2-Ergebnis für den Bereich in Millisekunden (ms) angezeigt. Wenn mehr als 1 Untersuchungsbereich (ROI) auf dem Bild platziert wird, wird das Ergebnis für T2 Local Mean (T2 lokaler Mittelwert) aktualisiert.
3. Es können bis zu 5 lokale ROI-Messungen auf einem Bild pro Registerkarte erstellt werden.
4. Um eine globale T2-Analyse durchzuführen, wählen Sie das LV-Endokard aus  und zeichnen die Kontur des Endokardrands.
5. Wählen Sie das LV-Epikard  aus, und zeichnen Sie die Kontur des Epikardrands. Das Global T2-Ergebnis wird in der Ergebnistabelle angezeigt.

## Parametrische Farbdarstellung

Wählen Sie die geeignete Option aus dem Datei-Pulldown-Menü aus (siehe Abbildung 2).

ABBILDUNG 2. Farbdarstellungsoptionen



## Erstellung einer 16-Segment-Polar-Darstellung

1. Führen Sie die Global T2-Analyse für die Registerkarten „Basis“, „Mitte“ und „Herzspitze“ durch.
2. Wählen Sie  für den RV-Einfügepunkt aus.
3. Wählen Sie das 16-Segment-Polar-Diagramm  aus.
4. Wählen Sie „Grafiken“  aus, um zu den T2-Kurven zurückzukehren.

# Löschen von Konturen



Klicken Sie auf , um Konturen zu löschen.

## T2-Kurven überprüfen

1. Die Kurveneinpassungsergebnisse zeigen das Signalverhalten der Bilddaten. Bei Artefakten infolge von Registerversatz, atmungsbedingten Artefakten oder Arrhythmien ist die Kurvenpassung nicht immer optimal.
2. Ein Signalintensitätspunkt kann aus der Berechnung entfernt werden, indem Sie direkt auf die Kurve klicken und die Kontur auf dem Bild auswählen, die daraufhin violett dargestellt wird.
3. Wählen Sie durch Klicken mit der rechten Maustaste (Klicken und Halten) „Löschen“ oder drücken Sie die Löschtaste auf der Tastatur.



# Zeitverlaufsanalyse

Der Modus zur Zeitverlaufsanalyse erlaubt dem Anwender, Bilder eines myokardialen Zeitverlaufs zu überprüfen und zu analysieren.

**HINWEIS:** Es werden semiquantitative Analysen unterstützt. Wenn eine Zweifach-Sequenz-Serie verfügbar ist, kann eine Funktion zur Schattierungskorrektur angewandt werden.



**VORSICHT:** Die Zeitverlaufparameter für Anstieg und relativer Anstieg sind möglicherweise für Bilder ungenau, für die keine Schattierungskorrektur durchgeführt wurde.



**WARNUNG:** Die Anwendung unterstützt ausschließlich die Analyse der Bilder. Sie liefert nicht automatisch quantifizierbare Ergebnisse. Die Verwendung und Beurteilung der quantitativen Messergebnisse bleiben dem Anwender überlassen. Falls die Messungen ungenau sind, kann es zu Fehldiagnosen kommen. Messungen sollten nur von entsprechend ausgebildeten und qualifizierten Benutzern vorgenommen werden.

**ABBILDUNG 1. Benutzeroberfläche „Zeitverlaufsanalyse“**

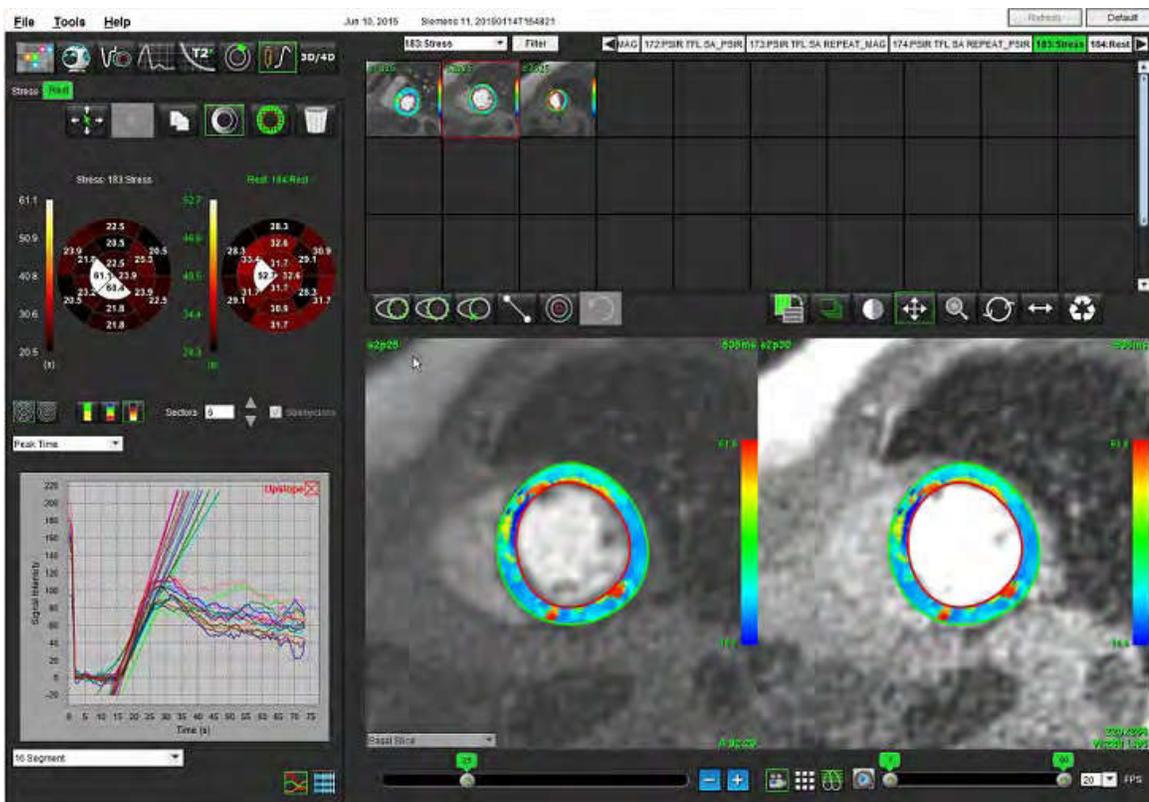


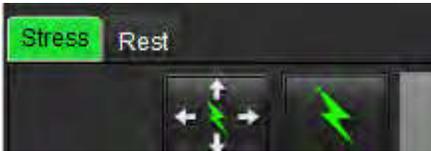
Tabelle 1: Analysewerkzeuge

	Alle Schichten und alle Phasen übertragen.
	Alle Phasen und Einzelschicht übertragen.
	Automatische Segmentierung durchführen.
	Ergebnisse nach Bearbeitung neu berechnen. (Nur wenn automatische Segmentierung durchgeführt wurde.)
	Konturen über alle Phasen kopieren/einfügen.
	Ergebnisse nach Bearbeitung neu berechnen. (Nur wenn Kopieren/Einfügen durchgeführt wurde.)
	Schattierungskorrektur durchgeführt, nur für eine Zweifach-Sequenz-Serie verfügbar.
	Farbüberlagerung für Segment anzeigen.
	Keine Überlagerung anzeigen.
	Pixelweise Farbüberlagerung für berechnete Parameter anzeigen.
	Grafik anzeigen.
	Parameterergebnistabelle anzeigen.
	16-Segment- oder konzentrisches Polardiagramm auswählen.
	2-Farben-, 4-Farben oder kontinuierliches Polardiagramm auswählen.
	Konzentrisches Polardiagramm auswählen.

# Durchführen einer Zeitverlaufsanalyse

1. Wählen Sie  aus.

2. Wählen Sie die Registerkarte für Belastung oder Ruhe aus.



3. Wählen Sie die myokardiale Zeitverlaufsserie aus.

4. Wählen Sie  aus, um automatische Segmentierung und Analyseberechnungen durchzuführen.

5. Überprüfen Sie alle endokardialen und epikardialen Kurven sowie den RV-Einfügekpunkt für jede Schicht und bearbeiten Sie diese nach Bedarf.

6. Bestätigen Sie die basale, mittlere und apikale Klassifizierung.

7. Zur Durchführung einer manuellen Segmentierung wählen Sie  aus, um die endokardiale Kontur auf einer einzelnen Schicht oder auf allen Schichten zu zeichnen.

8. Wählen Sie  aus, um die epikardiale Kontur auf einer einzelnen Schicht oder auf allen Schichten zu zeichnen.

9. Wählen Sie  aus, um die Konturen auf alle Phasen zu kopieren/einzufügen.

10. Platzieren Sie den unteren RV-Einfügekpunkt, indem Sie  auswählen.

11. Überprüfen Sie alle endokardialen und epikardialen Kurven sowie den RV-Einfügekpunkt für jede Schicht und bearbeiten Sie diese nach Bedarf.

12. Bestätigen Sie die basale, mittlere und apikale Klassifizierung.

13. Wählen Sie die Start- und Endphase durch Auswahl von .

14. Klicken Sie auf , um die Startphase zuzuordnen, und klicken Sie dann direkt auf die Zelle in der Matrix.

15. Klicken Sie auf , um die Endphase zuzuordnen, und klicken Sie dann direkt auf die Zelle in der Matrix.

## Konturen bearbeiten

Wenn die Analyse bearbeitet wurde, muss sie neu berechnet werden. Darauf wird durch Anzeige eines entsprechenden

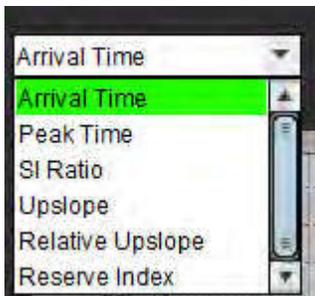
Warnsymbols hingewiesen. Klicken Sie auf , um die Neuberechnung durchzuführen.

## Ergebnisse überprüfen: Polardiagramm mit 16 Segmenten

1. Wählen Sie die berechneten Parameter, die überprüft werden sollen, aus dem Datei-Pulldown-Menü aus. Siehe Abbildung 2.

Wenn Sie den Cursor über einem Segment auf dem Polardiagramm platzieren, wird die diesem Segment entsprechende Grafik hervorgehoben.

**ABBILDUNG 2. Pulldown-Menü mit berechneten Parametern**



## Grafische/tabellarische Ergebnisse überprüfen

1. Wählen Sie die grafischen Parameter, die überprüft werden sollen, aus dem in Abbildung 3 dargestellten Datei-Pulldown-Menü aus, das unten links unter der grafischen Anzeige zu finden ist.

2. Klicken Sie auf , um die Grafiken anzuzeigen.

Bei Anzeige der Farbüberlagerung für Segmente auf dem Bild wird die einem Segment entsprechende Grafik hervorgehoben, wenn Sie den Cursor direkt auf ein farbiges Segment setzen.

3. Klicken Sie auf , um die Parameterergebnisse anzuzeigen.

**ABBILDUNG 3. Grafische Ergebnisse**



## Relativen Anstieg (RU) und Reserveindex (RI) berechnen

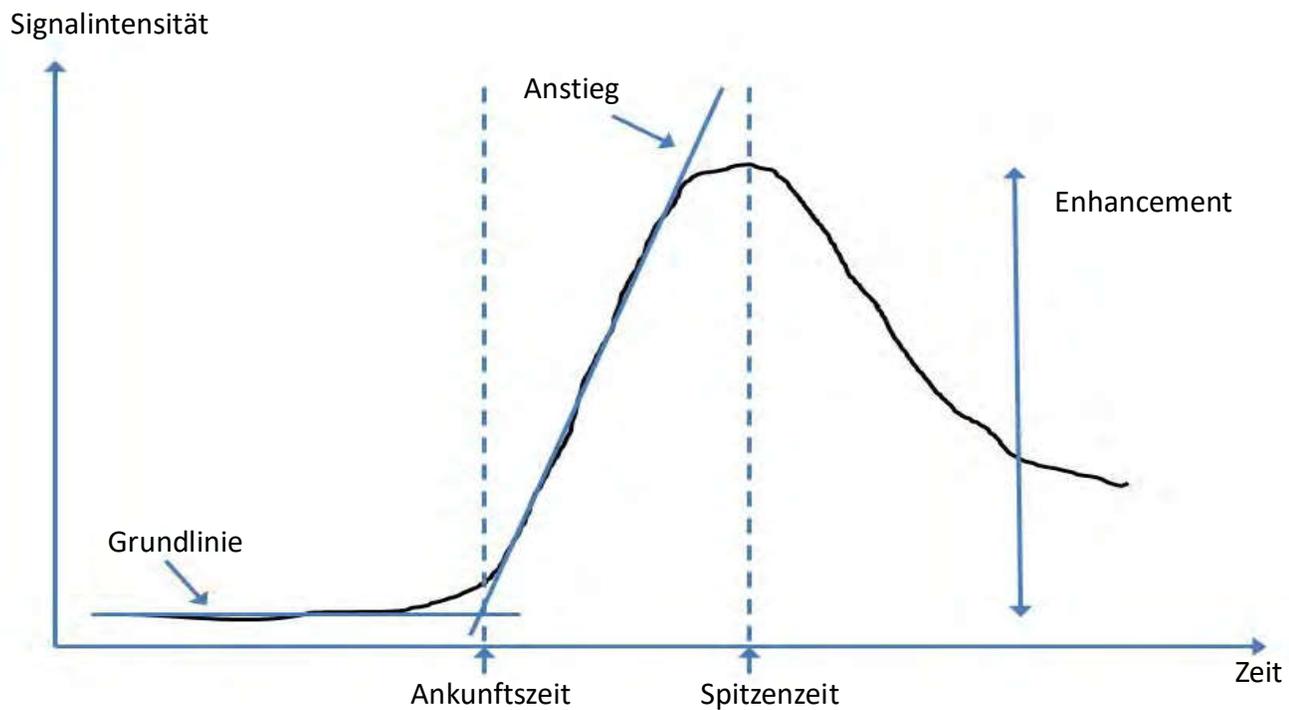
1. Wählen Sie  aus und platzieren Sie einen Untersuchungsbereich im Blutpool auf der Basalschichtebene.
2. Zum Löschen des Blutpool-Untersuchungsbereichs klicken Sie mit der rechten Maustaste und wählen Sie  aus.

**HINWEIS:** Um den Reserveindex berechnen zu können, müssen sowohl die Belastungs- als auch die Ruheanalyse vorhanden sein.



**VORSICHT:** Die Zeitverlaufs-Ergebnisparameter für Anstieg und relativer Anstieg sind möglicherweise für Bilder ungenau, für die keine Schattierungskorrektur durchgeführt wurde.

## Definition der Parameter, die aus der Zeitverlaufskurve berechnet werden



Ankunftszeit	Zeit (in Sekunden) bis zum Schnittpunkt von Grundlinie und Anstieg
Spitzenzeit	Zeit (in Sekunden), in der die Signalintensität den Höchstwert erreicht
SI-Verhältnis	$SI = \frac{\text{Spitzenzeit} - \text{Grundlinie}}{\text{Grundlinie}}$
Anstieg	Der Anstieg wird durch eine gewichtete lineare Anpassung unter Verwendung der Punkte zwischen Ankunftszeit und Spitzenzeit berechnet.
Relativer Anstieg	$RU = \frac{\text{myokardialer Anstieg}}{\text{Blutpool-Anstieg}}$
Reserveindex	Der myokardiale Reserveindex (RU) ist wie folgt definiert: $RI = \frac{RU \text{ BELASTUNG}}{RU \text{ RUHE}}$

# Analyse eines persistierenden Foramen ovale (PFO)

Das Analysewerkzeug PFO ermöglicht die Erstellung von Signalkurven im Verhältnis zu Zeitkurven, um eine frühe Spitze zur Erkennung eines PFO darzustellen.



**WARNUNG:** Die Anwendung unterstützt ausschließlich die Analyse der Bilder. Sie liefert nicht automatisch quantifizierbare Ergebnisse. Die Verwendung und Beurteilung der quantitativen Messergebnisse bleiben dem Anwender überlassen. Falls die Messungen ungenau sind, kann es zu Fehldiagnosen kommen. Messungen sollten nur von entsprechend ausgebildeten und qualifizierten Benutzern vorgenommen werden.

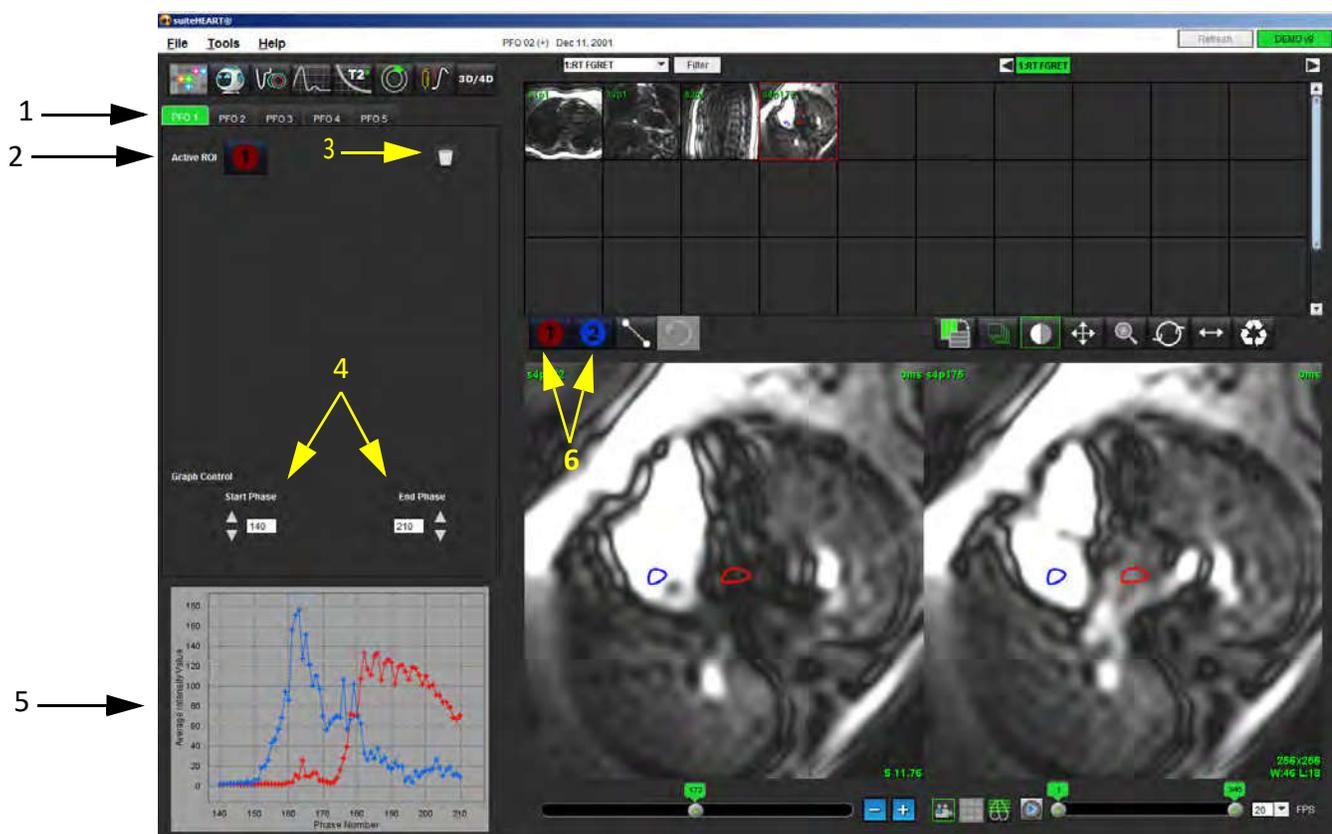
## PFO starten

1. Wählen Sie Datei > Analyse auswählen > PFO aus.

File	Tools	Help		
Select Analysis ▾			Function	Ctrl+1
Browse DB	Ctrl+O		Flow	Ctrl+2
Switch Study	Ctrl+S		Myocardial Evaluation	Ctrl+3
Preview Report	Ctrl+R		Time Course	Ctrl+4
Print Report	Ctrl+P		<b>PFO</b>	<b>Ctrl+5</b>
Approve Exam	Ctrl+G		T2Star	Ctrl+6
Load Approved Exam			T1 Mapping	Ctrl+7
Exit	Ctrl+Q		T2 Mapping	Ctrl+8

2. Wählen Sie eine Echtzeitserie aus.

ABBILDUNG 1. PFO-Analysefenster



1. Bearbeitbare PFO-Registerkarten, 2. Aktive Untersuchungsbereiche, 3. Löschen, 4. Start- und Endphase, 5. Signalintensität im Vergleich zur Phasenkurve, 6. Symbole für die PFO-Analyse

## Atriale Anatomie auswählen

1. Wählen Sie eine PFO-Schicht aus, in der die Anatomie des linken (LA) und rechten Atriums (RA) beurteilt werden kann.

## LA-Intensitätskurve (Linkes Atrium) generieren

1. Zeichnen Sie die Kurve durch Auswahl von .
2. Zeichnen Sie im Fenster **Bildverarbeitung** eine Kontur auf dem LA.
3. Verschieben Sie den Cursor aus dem Fenster zur Bildbearbeitung.
4. Generieren Sie eine LA-Intensitäts-Kurve.

Die Signalintensitätskurve wird für das LA automatisch erstellt.

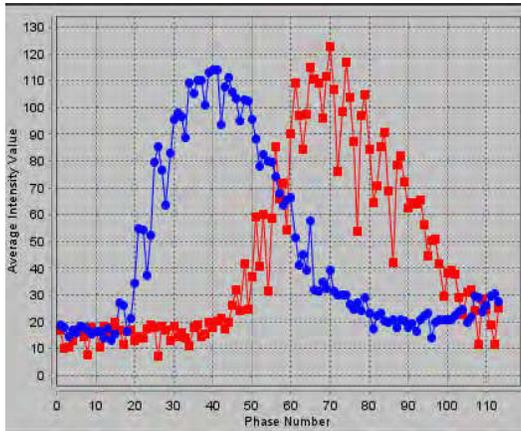
## RA-Intensitätskurve (Rechtes Atrium) generieren

1. Die RA-Intensitätskurve wird durch die zuvor für die Erstellung der LA-Intensitätskurve beschriebenen Schritte erzeugt, indem Sie  verwenden.

Die Kurven werden überlagert und im Fenster zur Anzeige der Ergebnisse als Kurve dargestellt.

**HINWEIS:** Wenn ein ROI beispielsweise auf die Phase 1 platziert wurde und sich die Startphase geändert hat, ist der vom Benutzer gezeichnete ROI nach wie vor auf dem Originalbild vorhanden, auf dem die ROIs platziert wurden.

**ABBILDUNG 2. PFO-Kurvenergebnisse**



## Kurvendaten überprüfen und Phasenbereich auswählen

1. Überprüfen Sie die Kurven im Fenster „Befund“, und passen Sie die **Startphase** und **Endphase** an.
2. Um den Phasenbereich für die Kurvenanzeige einzustellen, wählen Sie mit den Aufwärts- und Abwärts-Pfeiltasten die **Startphase** und die **Endphase** aus.

Die Anzeige der PFO-Kurven wird durch die Anpassung der Start- und der Endphase beeinflusst.

Durch Klicken auf einen Punkt auf der Grafik wird die im Fenster „Bildbearbeitung“ angezeigte Phase aktualisiert.

**ABBILDUNG 3. Fenster zur Auswahl der Start- und Endphase**



**HINWEIS:** Wenn in der gleichen Serie zwei Akquisitionen vorhanden sind, können Sie die Start- und Endphase für die erste Akquisition festlegen und den Untersuchungsbereich für LA und RA zeichnen (ergibt die automatische Erstellung der Kurven). Der Vorgang wird für eine andere PFO-Registerkarte mit dem zweiten Satz von Bildern wiederholt. Alle Bezeichnungen der PFO-Registerkarten können bearbeitet werden.

## Bearbeiten von Konturen

Mehrere Phasen an einer einzelnen Schichtposition bearbeiten:

1. Wählen Sie die Schichtposition aus.
2. Wählen Sie  aus.
3. Wählen Sie im Bereich der zu bearbeitenden Phasen die erste Phase aus.
4. Drücken und halten Sie die Umschalttaste gedrückt. Wählen Sie die letzte Phase des zu bearbeitenden Bereichs aus. Die ausgewählten Miniaturansichten werden mit einem roten Rahmen hervorgehoben.
5. Bearbeiten Sie die Kontur im Bildeditor-Fenster.
6. Die Auswahl der Kontur wird entweder durch Anklicken des Bildes außerhalb der ausgewählten Kontur oder durch Verschieben des Cursors aus dem Bearbeitungsfenster aufgehoben.

Die Bearbeitung von Untersuchungsbereichen kann durch Einstellen des Geltungsbereichs gesteuert werden.

Wählen Sie in der Bildansicht die entsprechende Geltungsbereichsfunktion aus.



Geltungsbereich „Alle“ – Die Bearbeitung der Untersuchungsbereiche wird auf alle Phasen angewendet.



Geltungsbereich „Gegenwärtig bis Ende“ – Die Bearbeitung der Untersuchungsbereiche wird von der aktuellen Phase bis zum Ende angewendet.



Geltungsbereich „Nur gegenwärtig“ – Die Bearbeitung der Untersuchungsbereiche wird auf die aktuelle Phase angewendet.

## Löschen von Konturen

1. Klicken Sie auf , um Konturen zu löschen.

## Endgültige Kurvenergebnisse überprüfen

Auf Grundlage der Konturen wird eine Grafik erzeugt, welche die Pixel-Intensität gegenüber der Zeit darstellt. Klicken Sie

mit der rechten Maustaste auf die Grafik , um den Befund zu senden.

# T2Star

Das Analysewerkzeug T2Star berechnet T2\*-Werte von Gewebe mithilfe einer schnellen Mehrfach-Echo-Gradientenechosequenz.

Die T2\*-Kurve ist eine Grafik der Signalintensität gegenüber der Echozeit, für welche eine exponentielle Zerfallsformel verwendet wird. Der T2\*-Anpassungsalgorithmus basiert auf dem nichtlinearen Least-Square-Algorithmus von Levenberg-Marquardt.

Die Berechnung der T2\*-Zerfallskurve lautet:  $y = a \cdot \exp(-TE/T2^*) + c$

Wobei:

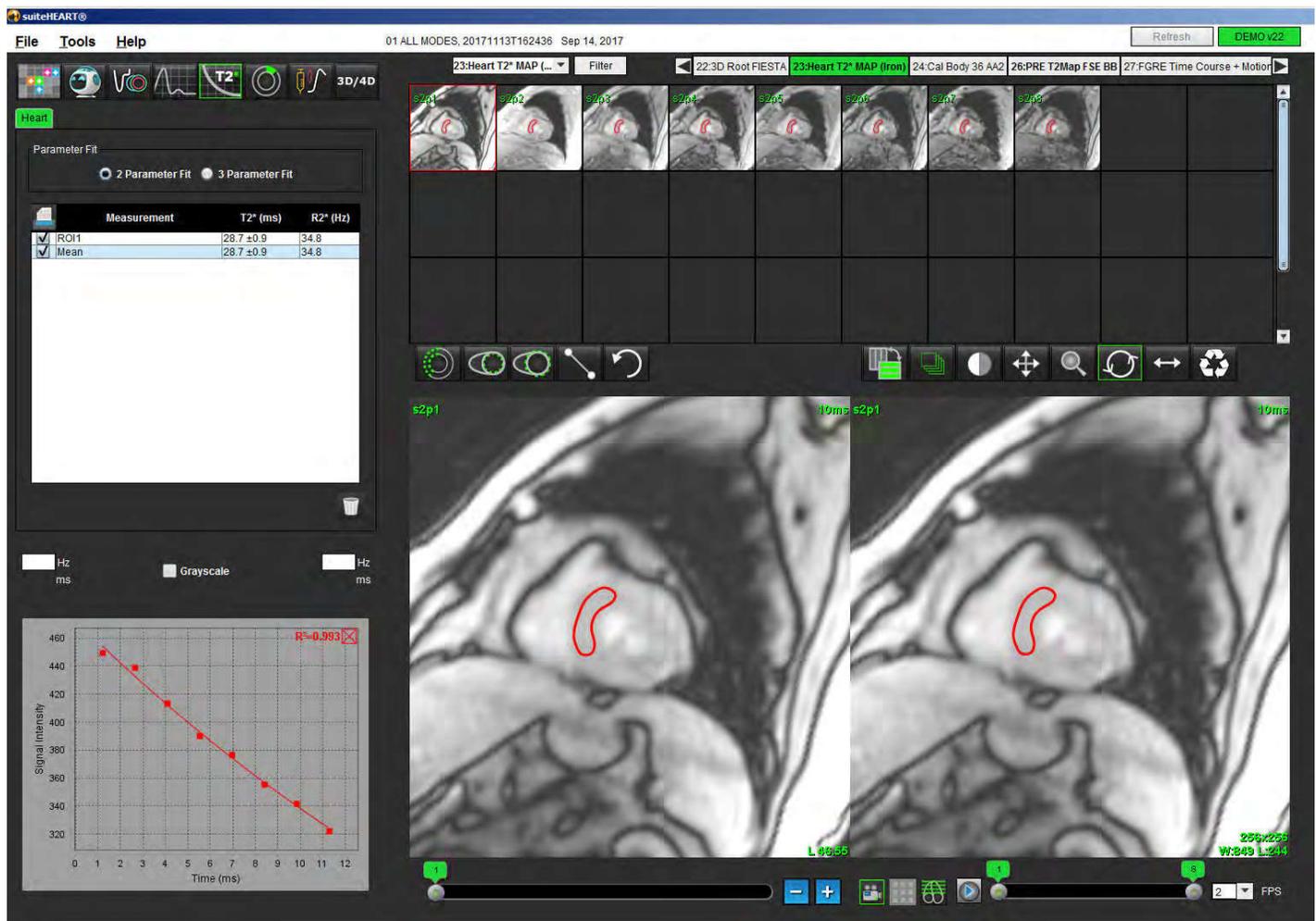
<b>y</b>	die Signalintensität zur Zeit TE (Echozeit) ist
<b>a</b>	die transversale Magnetisierung zum Zeitpunkt 0 (Null) ist
<b>TE</b>	die Echozeit ist
<b>T2*</b>	die Verfallskonstante und
<b>c</b>	das Hintergrundgeräusch ist



**WARNUNG:** Die Anwendung unterstützt ausschließlich die Analyse der Bilder. Sie liefert nicht automatisch quantifizierbare Ergebnisse. Die Verwendung und Beurteilung der quantitativen Messergebnisse bleiben dem Anwender überlassen. Falls die Messungen ungenau sind, kann es zu Fehldiagnosen kommen. Messungen sollten nur von entsprechend ausgebildeten und qualifizierten Benutzern vorgenommen werden.

# Verfahren zur Herzanalyse

ABBILDUNG 1. T2Star-Analysenansicht



1. Wählen Sie  aus.
2. Wählen Sie die entsprechende Serie aus.
3. Wählen Sie im Feld **Miniaturansichten** die Schicht der Kurzachse aus.
4. Zeichnen Sie mithilfe von  eine Kontur, welche das interventrikuläre Septum einschließt.

T2\* und R2\* werden berechnet und in der Messergebnistabelle angezeigt.

Der R<sup>2</sup>-Wert wird berechnet und in der Grafik angezeigt.

# Farbdarstellung des Myokards erstellen

1. Zeichnen Sie mit Hilfe von  eine Kontur der endokardialen Grenze.

2. Zeichnen Sie mit Hilfe von  eine Kontur der epikardialen Grenze.  
Die Farbdarstellung von T2\*/R2\* wird auf dem Bild überlagert.

3. Der R2\*-Farbdarstellungswert kann geändert werden.

**HINWEIS:** Der Standardbereich für 1,5T-Bilder ist 5 ms–500 ms für T2\*. Der Standardbereich für 3,0T-Bilder ist 2,5 ms–1000 ms für T2\*.

4. Um den dynamischen Farbbereich der Farbdarstellung anzupassen, klicken und ziehen Sie die Pfeile aufwärts oder abwärts.

Die Farbüberlagerung in der Bildbearbeitung ändert sich dynamisch.

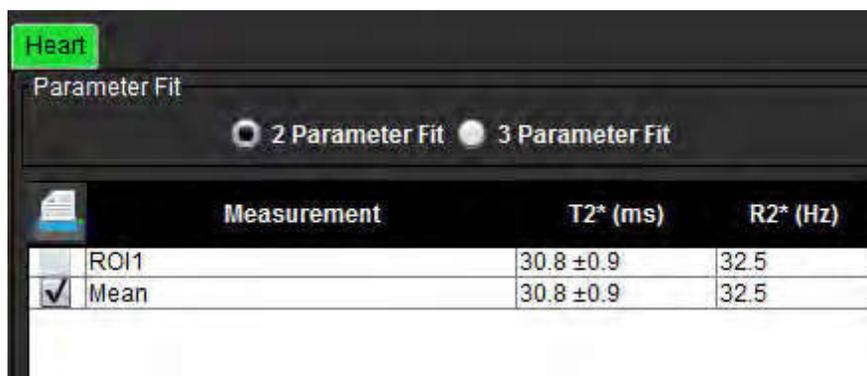
Auch die Frequenz (Hz)- bzw. Zeit (ms)-Werte ändern sich dynamisch.

5. Die T2\*- und R2\*-Werte können durch Auswahl von  und Platzierung auf der Farbüberlagerung des Bildes bestimmt werden.

# Anpassen der Parameter

Für die T2\*-Zerfallskurve wählen Sie entweder **2-Parameter-**oder **3-Parameteranpassung** aus.

ABBILDUNG 2. Parameteranpassung



Die 2-Parameter-Anpassung wird basierend auf Peer-Review-Literatur [1] weitgehend akzeptiert. In diesem Modell wird das Hintergrundgeräusch  $c$  unter Verwendung eines Histogramm-basierten Algorithmus berechnet und von der Signalintensität subtrahiert, wonach eine nichtlineare Anpassung durchgeführt wird.

Die 3-Parameter-Anpassung ist wie in der Peer-Review-Literatur erwähnt [2] ebenfalls verfügbar. Dieses Modell zeigt einen nicht linearen Ansatz, der direkt am ursprünglichen Eingangssignal ansetzt.

Für beide Modelle wird der anfängliche T2Star-Wert anhand einer linearen Probeanpassung geschätzt.

1. D.J Pennell, et al. „Cardiovascular T2-star (T2Star) magnetic resonance for the early diagnosis of myocardial iron overload,“ Eur Heart J 2001; 22: 2171-2179.
2. Ghugre NR, et al. „Improved R2\* Measurements in Myocardial Iron Overload,“ Journal of Magnetic Resonance Imaging 2006; 23: 9-16.

## T2Star-Ergebnisse überprüfen

1. Überprüfen Sie die Position der Konturen in allen Bildern.
2. In der Tabelle werden die einzelnen T2\*/R2\*-Messergebnisse aufgelistet, und es wird auch der Mittelwert ausgerechnet.



Klicken Sie auf , um Konturen zu löschen.

3. Für jeden Wert in der Messerggebnistabelle kann die Option, ob die Ergebnisse einer Kontur gedruckt werden oder nicht, durch Auswahl der Druckereinstellung getroffen werden.

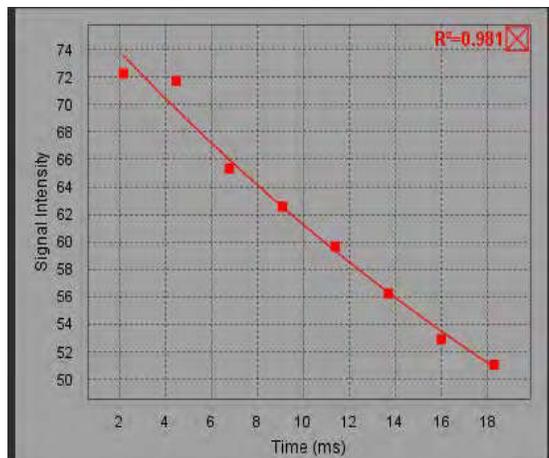
## T2Star-Kurve überprüfen und aktualisieren

Die T2\*-Kurve ist eine Grafik der Signalintensität über der Echozeit, für welche eine exponentielle Zerfallsformel verwendet wird. T2\*-/R2\*-Werte können ungenau sein, wenn nicht alle Bilder ein adäquates Signal-Rausch-Verhältnis haben (d. h. das Signalplateau ist nahe Null).

So wird eine einzelne Kontur aus einem Bild entfernt:

1. Wählen Sie die Kontur aus. Sie erscheint dann lila.
2. Klicken Sie auf **Löschen** im Kontextmenü der rechten Maus oder drücken Sie auf die Löschtaste der Tastatur.
  - Die Kontur wird gelöscht, und der damit verbundene Punkt wird aus der Grafik entfernt.

**ABBILDUNG 3. T2Star-Kurve**



**WARNUNG:** Überprüfen Sie die Ergebnisse der T2Star-Kurvenanpassung. Ein gut ausgebildeter und qualifizierter Anwender sollte die Analyse und Diagnose durchführen.

### R2\*- und T2\*-Konvertierungen

Tabelle 1:

Ergebnis	Einheit	Konvertierung
R2*	Hz	$R2^* = 1000/T2^*$
T2*	ms	$T2^* = 1000/R2^*$

Der Faktor 1000 wird verwendet, da T2 und T2\* in Einheiten von Millisekunden (ms) und R2 und R2\* in Hertz (oder s<sup>-1</sup>) angegeben sind.

---

# 3D-/4D-Viewer

Der 3D-/4D-Viewer ermöglicht die Visualisierung von 3D- und 4D-Fluss-MRT-Bildern. Er stellt Werkzeuge für die Umformatierung bereit und unterstützt die Erstellung von 2D-Phasenkontrast- und 2D-Funktionsbildern aus 4D-Fluss-MRT-Bildern, die konventionell mit der suiteHEART®-Software analysiert werden können.

**HINWEIS:** Eine 3D-Serie mit isometrischen Voxeln und überlappenden Schichten verbessert die Qualität der umformatierten Bilder.

**HINWEIS:** Die 3D/4D-Analyse zeigt nur dann eine 4D-Serie an, wenn 4D lizenziert ist.



**VORSICHT:** 3D- oder Bildumformatierungen stellen lediglich zusätzliche, ergänzende Informationen beim Formulieren einer Diagnose bereit und sollten stets in Verbindung mit konventionellen bildgebenden Verfahren eingesetzt werden.



**WARNUNG:** Korrelieren Sie 3D-Umformatierungen stets mit der Original-Datenerfassung.



**WARNUNG:** WW/WL (Window Width/Window Level)-Einstellungen können die Erscheinung verschiedener Pathologien und die Fähigkeit, anatomische Strukturen zu erkennen, beeinflussen. Falsche WW-/WL-Einstellungen können zudem bewirken, dass die Bilddaten nicht angezeigt werden. Möglicherweise sind verschiedene WW-/WL-Einstellungen erforderlich, um alle Bilddaten zu überprüfen.

# 3D-/4D-Viewer-Komponenten

ABBILDUNG 1. Steuerungswerkzeuge und Viewports anzeigen

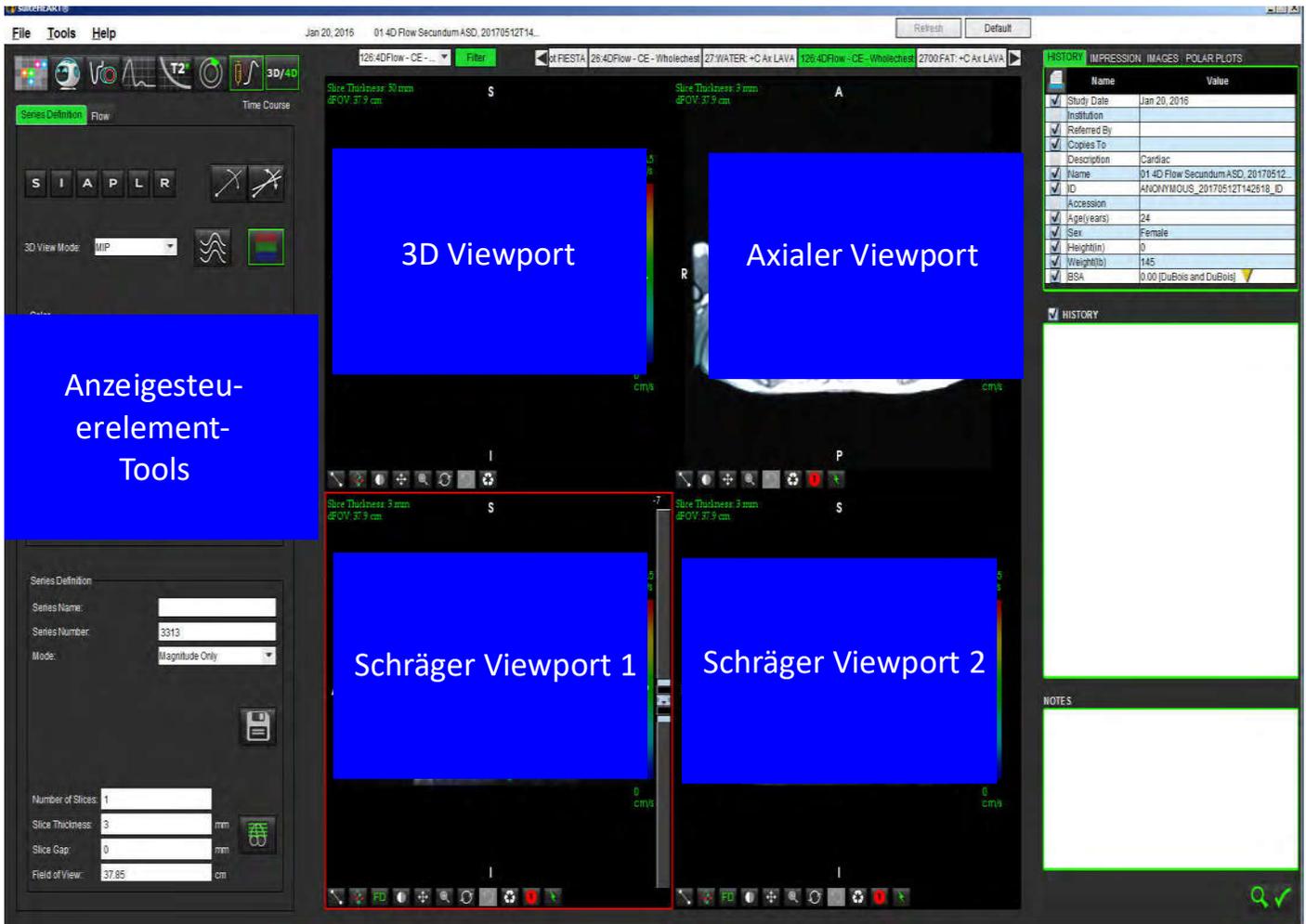


Tabelle 1: Anzeigesteuerelement-Tools

Tool	Beschreibung
	<p><b>Fadenkreuz-Cursor</b> – synchronisiert die Navigation zwischen allen Viewports.</p>
	<p><b>Orientierungsschaltflächen</b> – ändern die Bildebene in den 3D- und schrägen Viewports.</p> <p>S = Superior            I = Inferior            A = Anterior            P = Posterior            L = Links            R = Rechts</p>
	<p><b>Schrägmodus</b> – zeigt die Ebene der schrägenUmformatierung und des senkrechten Schnittpunkts, um die gewünschte Anatomie anzuzeigen.</p>
	<p><b>Doppelter Neigungsmodus</b> - Zeigt drei schräge Ebenen an, die durch drei einstellbare Farbachsen - blau, gelb, grün - definiert werden. Durch Anpassung einer Achse werden die beiden anderen schrägen Ebenen aktualisiert.</p>
	<p><b>3D-Anzeigemodus</b> – stellt Bild-Render-Modi im 3D-Viewport bereit</p> <p>Oberfläche            MIP = Maximumintensitätsprojektion (Standard)            MINIP = Minimumintensitätsprojektion</p>
	<p><b>Strömungslinien</b> - Stellen Sie 3D-Geschwindigkeitsfelder bei einer bestimmten Zeitphase bildlich dar.</p>
	<p><b>Farbüberlagerung</b> – aktiviert/deaktiviert die Farbüberlagerung. Nur für 4D-Flussbilder verfügbar.</p>
	<p><b>Phase</b> - Schaltet die Bildansicht zwischen Vergrößerungs- und Phasenbild um.</p>

Tabelle 1: Anzeigesteuerelement-Tools

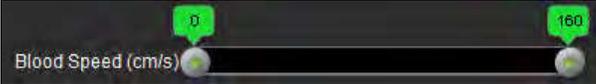
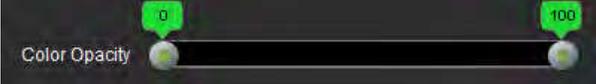
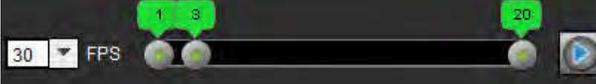
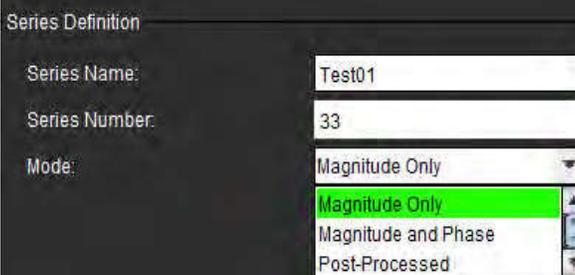
Tool	Beschreibung												
	<p><b>Blutgeschwindigkeit</b> – passt die Farbuordnung der Flussrichtung an. Nur für 4D-Flussbilder verfügbar.</p> <p>Die Blutgeschwindigkeits-Farbskala-Legende ist auf der rechten Seite jedes Darstellungsfensters zu finden. Bei dem Wert handelt es sich um eine Schätzung.</p>												
	<p><b>Farbopazität</b> – steuert die Farbopazität des Bildes, um die Visualisierung der zugrunde liegenden Anatomie zu verbessern. Nur für 4D-Flussbilder verfügbar.</p>												
	<p><b>Film</b> – steuert die Anzahl der Frames pro Sekunde und definiert den Start- bzw. End-Frame des Cine-Movie. Verwenden Sie die Leertaste auf der Tastatur, um den Cine-Movie abzuspielen oder anzuhalten.</p>												
 <table border="1" data-bbox="139 1150 662 1392"> <tr> <td>Number of Slices:</td> <td>1</td> <td></td> </tr> <tr> <td>Slice Thickness:</td> <td>3</td> <td>mm</td> </tr> <tr> <td>Slice Gap:</td> <td>0</td> <td>mm</td> </tr> <tr> <td>Field of View:</td> <td>37.85</td> <td>cm</td> </tr> </table>	Number of Slices:	1		Slice Thickness:	3	mm	Slice Gap:	0	mm	Field of View:	37.85	cm	<p><b>Seriendefinition</b> – erstellt herkömmliche 2D-Funktions- oder Flussbildserien für die Analyse oder Nachbearbeitung von MIP-Bildern. Wird für das Eingeben der Anzahl von Schichten, der Schichtdicke sowie des Schichtabstands und des Sichtfelds verwendet. Diese Parameter sind oben links in jedem Darstellungsfenster mit Anmerkungen versehen. Verwenden Sie Strg + T für deren Aktivierung/Deaktivierung.</p> <p><b>Nur Vergrößerung</b> – erstellt eine ein- oder mehrschichtige Mehrphasen-Vergrößerungsserie aus den Originalbildern zur Verwendung in der Funktionsanalyse.</p> <p><b>Vergrößerung und Phase</b> – erstellt eine ein- oder mehrschichtige Mehrphasenvergrößerung mit einer Phasenserie aus den Originalbildern zur Verwendung in der Flussanalyse. Diese Option ist nur dann verfügbar, wenn eine 4D-Flussserie ausgewählt wurde. (Eine doppelte Serie mit automatischer Phasenkorrektur wird ebenfalls erstellt.)</p> <p><b>Nachbearbeitet</b> – erstellt Maximumintensitätsprojektionsbilder aus 3D-Bildern. Wenn 4D-Flussdaten vorhanden sind, werden ein- oder mehrschichtige Mehrphasenserien mit einer Farbüberlagerung auf Bildern für Überprüfungs-zwecke erstellt.</p>
Number of Slices:	1												
Slice Thickness:	3	mm											
Slice Gap:	0	mm											
Field of View:	37.85	cm											
	<p><b>Speichern</b> – speichert alle Bildserientypen, die über die Seriendefinition erstellt wurden, in der lokalen Datenbank.</p>												
	<p><b>Rx-Planung</b> – definiert die gewünschte Scanebenenachse, die von der Seriendefinition erstellt wurde.</p>												

Tabelle 1: Anzeigesteuerelement-Tools

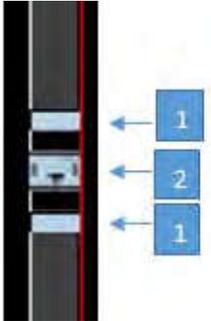
Tool	Beschreibung
	<p><b>Paginierung und Verdickung</b> – ändert die Dicke des MIP-Bildes und blättert seitenweise durch den gesamten Bildsatz.</p> <p>1= Klicken und ziehen Sie die Schaltflächen auf einer Seite, um die Dicke des MIP-Bildes zu ändern.                  2= Klicken und ziehen Sie den Schieberegler, um die Seiten im Bildset zu durchlaufen.</p> <p>Die Bedienelemente sind auf der rechten Seite des ausgewählten Viewports zu finden.</p>
	<p><b>Linear</b> – stellt die Messung der direkten Entfernung bereit. Klicken Sie direkt auf den jeweiligen Messwert und verwenden Sie dann die rechte Maustaste zum Löschen, Suchen oder Kennzeichnen.</p> <div data-bbox="711 695 818 793" style="border: 1px solid black; padding: 2px; width: fit-content;">                 Delete                  Locate                  Label             </div>
	<p><b>3D-Drehung</b> – kippt oder dreht die Bilder im 3D-Viewport und/oder in den schrägen Viewports 1 und 2. Klicken und ziehen Sie mit der linken Maustaste direkt im Viewport, um das Bild zu kippen oder zu drehen.</p>
	<p><b>Flussrichtung</b> – zeigt die senkrechte Ebene in den schrägen Viewports 1 und 2. Klicken Sie mit der linken Maustaste direkt auf die interessierende Anatomie, um diese Funktion zu nutzen. Nur für 4D-Flussbilder verfügbar.</p>
	<p><b>Fenster/Ebene</b> – in allen Viewports verfügbar</p>
	<p><b>Schwenken</b> – in allen Viewports verfügbar</p>
	<p><b>Zoomen</b> – in allen Viewports verfügbar</p>
	<p><b>Drehen</b> – verfügbar für den 3D-Viewport und Viewport 1/Viewport 2</p>

Tabelle 1: Anzeigesteuerelement-Tools

Tool	Beschreibung
	<b>Zurücksetzen</b> – in allen Viewports verfügbar
	<b>Scan-Parameter</b> – in allen Viewports verfügbar

Tabelle 2: Tastenkombination

Funktion	Maßnahme
Zielcursor	Drücken Sie die Umschalttaste und verschieben Sie den Fadenkreuz-Cursor zur gewünschten Anatomie.

# 3D-/4D-Viewer-Layout und Serienerstellungsergebnisse

Je nach Art der für die Umformatierung ausgewählten Bildserie sind die Bilderstellungstypen in der folgenden Tabelle zusammengefasst.

Tabelle 3: 3D-/4D-Layouts und Ergebnis

3D-/4D-Viewer-Layout	3D-Bildserienergebnisse	4D-Flussbildserienergebnisse
3D-Ansicht (Viewport links oben)	Nachbearbeitet	Nachbearbeitet
Axial (Viewport rechts oben)	Nur Vergrößerung Nachbearbeitet (MIP)	Nur Vergrößerung*, Vergrößerung und Phase* sowie Nachbearbeitet (Farbüberlagerung)*
Schräg 1 (Viewport links unten)	Nur Vergrößerung Nachbearbeitet (MIP)	Nur Vergrößerung*, Vergrößerung und Phase* sowie Nachbearbeitet (Farbüberlagerung)*
Schräg 2 (Viewport rechts unten)	Nur Vergrößerung Nachbearbeitet (MIP)	Nur Vergrößerung*, Vergrößerung und Phase* sowie Nachbearbeitet (Farbüberlagerung)*
<b>*Dieser Serientyp eignet sich für die konventionelle Analyse mit der suiteHEART®-Software.</b>		
<b>Für jede Vergrößerungs- und Phasenserie wird eine doppelte Serie (mit automatischer Phasenkorrektur) erstellt.</b>		

## Beispiel eines Arbeitsablaufs: Erstellen von MIP-Bildern aus einer 3D-Bildserie

1. Wählen Sie die geeignete Studie aus und starten Sie die suiteHEART®-Software.



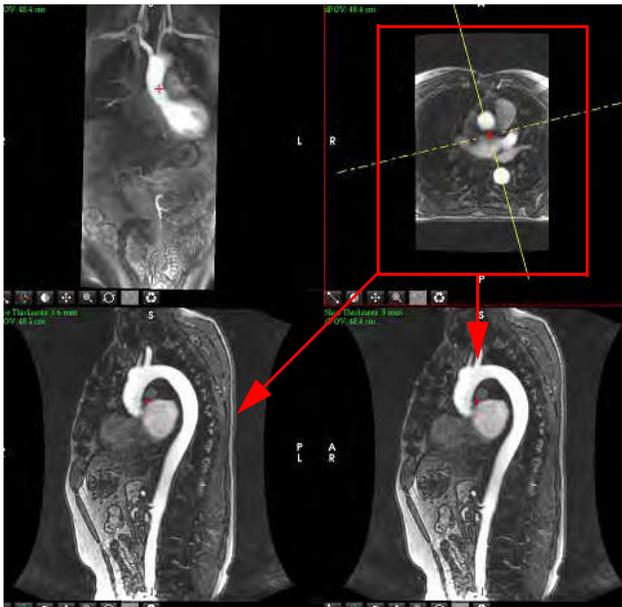
2. Wählen Sie **3D/4D** aus.
3. Wählen Sie die geeignete 3D-Serie aus dem Pulldown-Menü „Seriennavigation“ aus. Der ausgewählte Bildtyp wird auf der Schaltfläche angezeigt (siehe Abbildung 2).

ABBILDUNG 2. Serien-Navigation



4. Wählen Sie  aus und klicken Sie auf den gewünschten Viewport. Der aktive Viewport wird rot hervorgehoben. Die gelben Umformatierungslinien erscheinen wie in Abbildung 3 angezeigt.

**ABBILDUNG 3. Schräger Modus**



5. Klicken Sie auf die ununterbrochene gelbe Linie. Klicken Sie mit der linken Maustaste und ziehen bzw. neigen die Linie, um die gewünschte Anatomie anzuzeigen.
- Klicken Sie zum Speichern auf den gewünschten Viewport.
  - Stellen Sie die MIP-Dicke mit den Bedienelementen auf der rechten Seite des Viewports ein.
  - Vervollständigen Sie die Seriendefinitionseinträge (siehe Abbildung 4).
  - Klicken Sie auf die Schaltfläche „Speichern“, um das MIP-Bild in der lokalen Datenbank zu speichern.

**ABBILDUNG 4. Seriendefinition**

Series Definition

Series Name:

Series Number:

Mode:

Number of Slices:

Slice Thickness:  mm

Slice Gap:  mm

Field of View:  cm

← 1. Wählen Sie „Nachbearbeitet“ aus

← 2. Klicken Sie auf Speichern

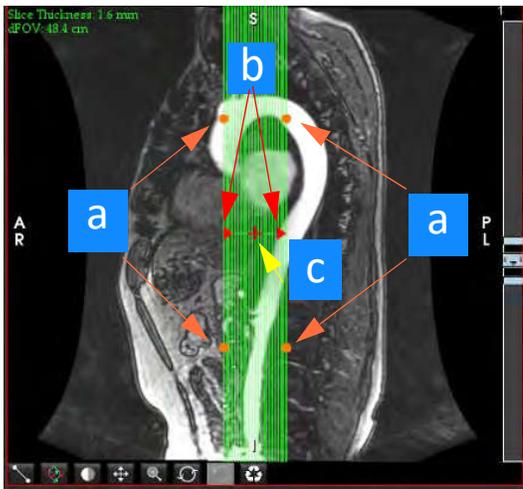


- Erstellen Sie einen Stapel mit MIP-Bildern, indem Sie auswählen.

**HINWEIS:** Maximal können 512 nachbearbeitete MIP-Bilder erstellt werden.

- Klicken Sie auf den als Referenzbild zu verwendenden Viewport und definieren Sie einen Stapel Bilder (siehe Abbildung 5).
  - Erweitern Sie den Schichtenerfassungsbereich.
  - Passen Sie die Winkel an; die Winkel geben die Richtung der Schicht vor.
  - Verschieben Sie die Rx-Planung.

**ABBILDUNG 5. Rx-Planung**



- Wählen Sie die Seriendefinitionsoptionen aus und klicken Sie auf , um den Bildstapel in der lokalen Datenbank zu speichern.
- Wechseln Sie in den Funktionsanalysemodus, wählen Sie den Überprüfungsmodus aus und klicken Sie auf „Aktualisieren“, um die erstellten Serien anzuzeigen.

### **Beispiel eines Arbeitsablaufs: Erstellen Sie eine 2D-Serie für eine konventionelle Analyse**

Die Erstellung von konventionellen 2D-Phasenkontrast- und 2D-Funktionsbildern erfordert eine 4D-Flussserie, die über beides verfügt: zeitaufgelöste Vergrößerungs- und Flusskonventionen von R/L, A/P und S/I.

Serien, die als alleinige Vergrößerung oder als Vergrößerung und Phase aus 4D-Flussbildern erstellt werden, sind gültige konventionelle 2D-Serien, die in der Funktions- oder Flussanalyse einsetzbar sind.

Serien, die als Nachbearbeitung aus 4D-Flussbildern erstellt werden, sind an einer Farbüberlagerung erkennbar. Wenn eine geeignete Scan-Ebene erstellt wird, kann die Serie für die Funktionsanalyse verwendet werden.

1. Wählen Sie die geeignete Studie aus und starten Sie die suiteHEART®-Software.

**3D/4D**

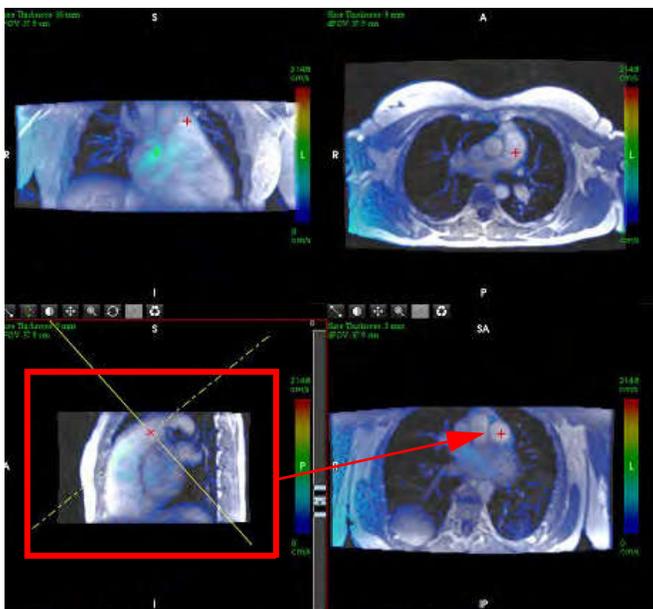
2. Wählen Sie **3D/4D** aus.
3. Wählen Sie die geeignete 4D-Serie aus dem Pulldown-Menü „Serienavigation“ aus (siehe Abbildung 6). Der ausgewählte Bildtyp wird auf der Schaltfläche angezeigt (siehe Abbildung 6).

**ABBILDUNG 6. Serien-Navigation**



4. Wählen Sie  aus und klicken Sie auf den gewünschten Viewport. Der aktive Viewport wird rot hervorgehoben. Die gelben Umformatierungslinien erscheinen wie in Abbildung 7 angezeigt.

**ABBILDUNG 7. 4D-Bilder im schrägen Modus umformatieren**



5. Klicken Sie auf die ununterbrochene gelbe Linie. Klicken Sie mit der linken Maustaste und ziehen bzw. neigen die Linie, um die gewünschte Anatomie anzuzeigen.
  - a.) Klicken Sie auf den gewünschten Viewport, um ihn zu speichern, und wählen Sie den Vergrößerungs- und Phasenmodus aus, um eine 2D-Phasenkontrastserie zu erstellen oder wählen Sie „Vergrößerung“ aus, um eine Funktionsserie zu erstellen.
  - b.) Passen Sie die Schichtdicke mit den Bedienelementen rechts neben dem Viewport an.
  - c.) Schließen Sie die Seriendefinitionseinträge ab (siehe Abbildung 8), und klicken Sie auf die Schaltfläche „Speichern“, um die Serie in der lokalen Datenbank zu speichern.

**ABBILDUNG 8. Seriendefinition und Speichern**

Series Definition

Series Name: PA24

Series Number: 3347

Mode: Magnitude and Phase

Number of Slices: 1

Slice Thickness: 8 mm

Slice Gap: 0 mm

Field of View: 37.85 cm

1. Wählen Sie Vergrößerung und Phase aus

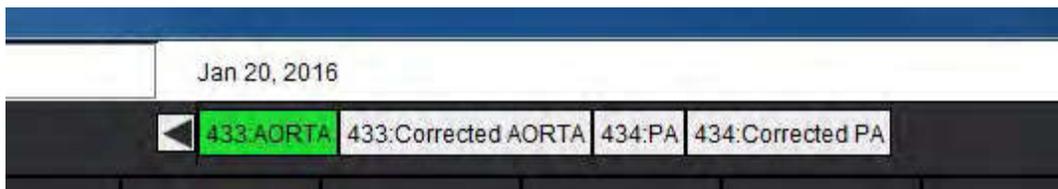
2. Klicken Sie auf Speichern

6. Um einen Stapel aus mehrschichtigen Mehrphasen-Bildern zu erstellen, wählen Sie  aus.

**HINWEIS:** Maximal können 32 Mehrphasenbilder erstellt werden.

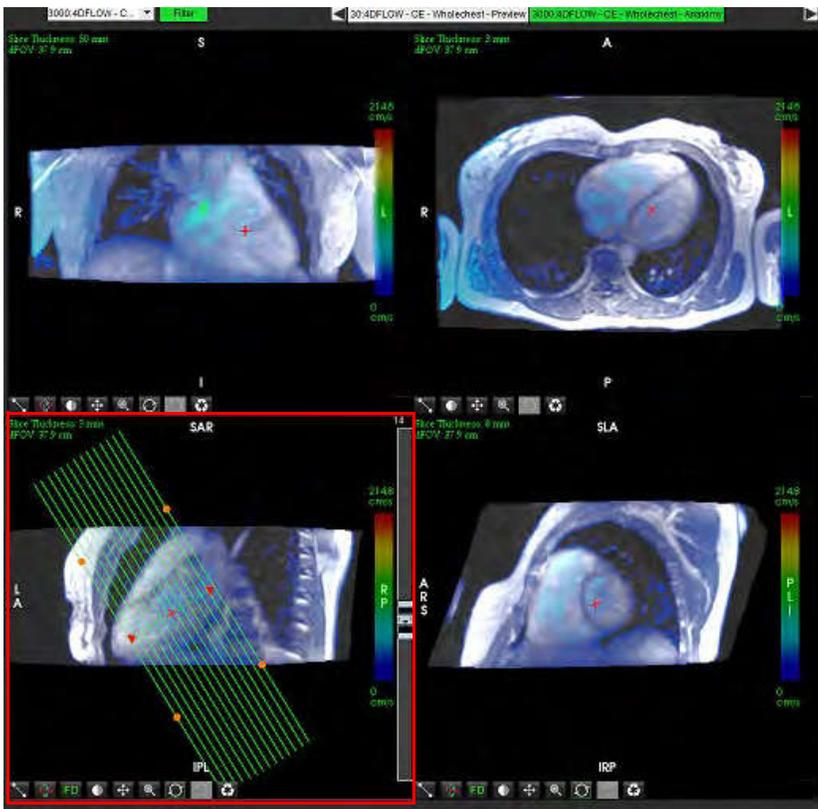
**HINWEIS:** Beim Erstellen einer 2D-Vergrößerungs- und Phasenserie mithilfe des 3D-/4D-Viewers erstellt die Anwendung eine doppelte Serie mit automatischer Phasenkorrektur. Die Serie wird mit „korrigiert“ gekennzeichnet (siehe Abbildung 9).

**ABBILDUNG 9. Beispiel für doppelte Serie mit automatischer Phasenkorrektur**



7. Klicken Sie auf den als Referenzbild zu verwendenden Viewport und definieren Sie einen Stapel Bilder, wie in Abbildung 10 gezeigt.

ABBILDUNG 10. Rx-Planung



8. Wählen Sie die Seriendefinitionsoptionen aus und klicken Sie auf , um den Bildstapel in der lokalen Datenbank zu speichern.
9. Wechseln Sie in den geeigneten Analysemodus und klicken Sie auf „Aktualisieren“, um die erstellte Serie zu analysieren.

**Beispiel eines Arbeitsablaufs: Erstellen einer Flussmessung**

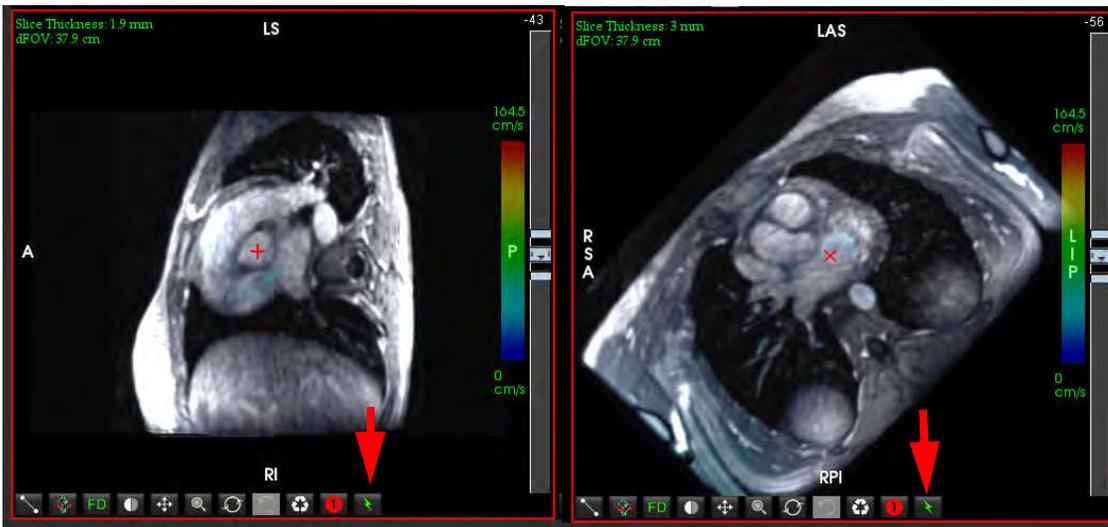
Detaillierte Informationen über die Werkzeuge auf der Flussanalyse-Benutzeroberfläche finden Sie unter Flussanalyse auf Seite 80.

1. Wählen Sie die **Analyse-Registerkarte** aus.



2. Lokalisieren Sie das interessierende Gefäß. Von der abgebildeten automatischen verbesserten Segmentierung werden nur Aorten- und Lungenanatomie unterstützt. Klicken Sie auf , um eine Flusskurve zu generieren.

ABBILDUNG 11. Beispiel für Aorten- und Lungengefäße



**WARNUNG:** Die Verwendung der automatischen verbesserten Segmentierung setzt die sorgfältige Überprüfung aller Ergebnisse voraus. Bei einer nicht optimalen Gefäßidentifizierung sollten Sie für das Gefäß die konventionelle automatische Segmentierung durchführen.

- Bei der konventionellen automatischen Segmentierung lokalisieren Sie das interessierende Gefäß und klicken Sie auf



(siehe Abbildung 12).

Es sind 6 aktive Untersuchungsbereiche verfügbar, die mit 1 bis 6 nummeriert sind. Die Farbkodierung ist in der Analysenansicht, den Bilder-Darstellungsfenstern und den Grafiken dieselbe.

- Zeichnen Sie eine Kontur um ein Gefäß, indem Sie 4 Punkte rund um das interessierende Gefäß anordnen und auf den letzten Punkt doppelklicken, um den Untersuchungsbereich zu schließen.

- Klicken Sie für die automatische Segmentierung in allen Phasen der Schicht auf



ABBILDUNG 12. Manuelle Positionierung des Untersuchungsbereichs



## Durchführen einer Geschwindigkeit-Aliasing-Korrektur

Zur Korrektur des Geschwindigkeits-Aliasing ziehen Sie das Schieberegler-Bedienelement, um die Phasenfaltung durchzuführen. Die Auswirkung der Änderung wird direkt im Phasenbild aktualisiert, und die Ergebnisse werden direkt in der Flussgrafik angezeigt. Zum Prüfen jeder der drei geschwindigkeitscodierten Bilder entlang der drei orthogonalen (x,y,z) Richtungen nehmen Sie die Auswahl entsprechend der Darstellung in Abbildung 13 im Pulldown-Menü vor.

ABBILDUNG 13.



# Strukturierte Befunderstellung

## Befundinhalt definieren

Die in den Befund aufgenommenen Messergebnisse und Grafiken wurden aus den Ergebnissen der Analysemodi übernommen. Jedes einzelne Analyseergebnis kann für die Aufnahme in den Befund markiert werden.

Vordefinierte klinische Erkenntnisse und Methoden beschleunigen das Erstellen eines individuellen Befundes. Einzelheiten des Verfahrens zur Erstellung klinischer Erkenntnisse und Methoden finden Sie in Abschnitt Registerkarte „Erkenntnis“. In „Befundeinstellungen“ können Institutionsdaten eingegeben werden, die im Patientenbefund als Überschriften und Kopfzeilen erscheinen.

## Strukturierte Befundansicht

Die strukturierte Befundansicht soll die Erstellung klinischer Befunde unterstützen. Es gibt vier Registerkarten:

- Anamnese
- Erkenntnis
- Bilder
- Polardiagramme



Jedem druckbaren Feld ist eine Kontrollkästchen-Umschaltfläche zugeordnet. Klicken Sie auf das Kontrollkästchen, um das Feld in den Befund aufzunehmen bzw. aus dem Befund auszuschließen.

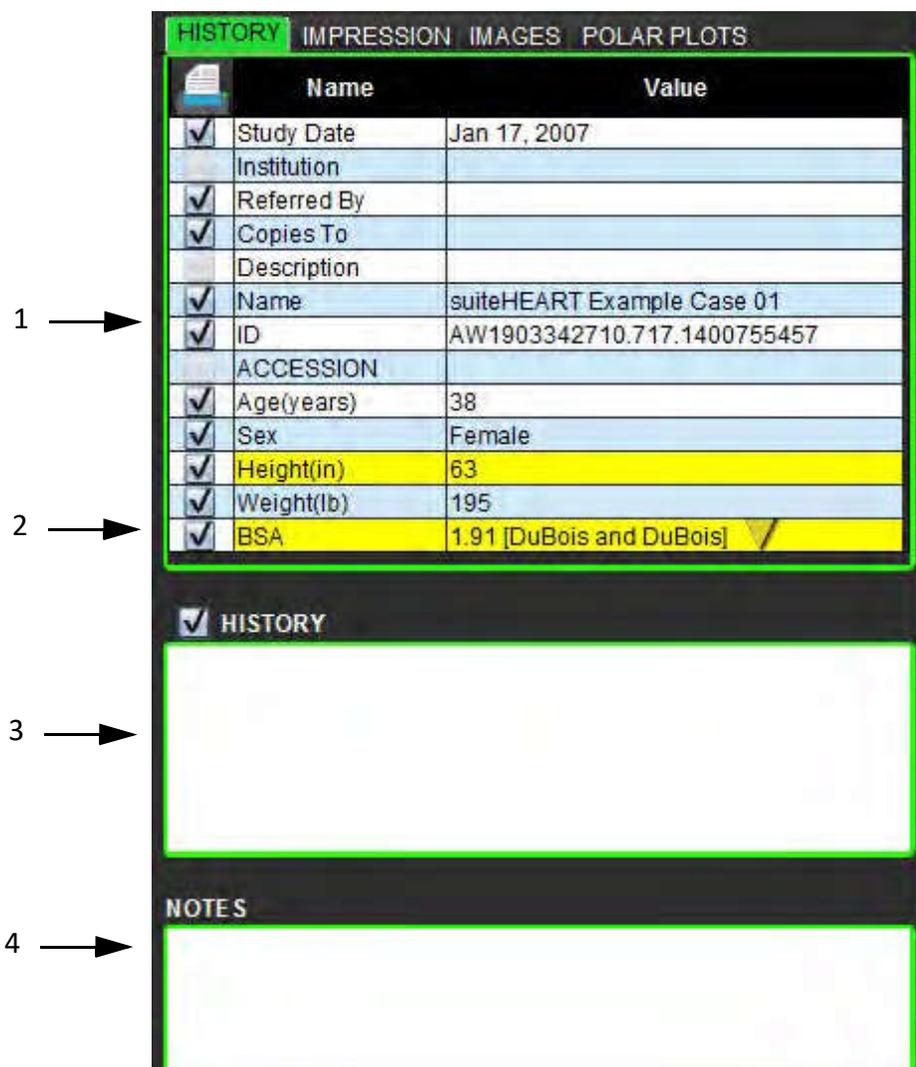
**HINWEIS:** Druckoptionen können auf der Registerkarte „Druckeinstellungen“ unter „Werkzeuge > Einstellungen > Einstellungen bearbeiten“ konfiguriert werden.

## Registerkarte „Anamnese“

Die Registerkarte **Anamnese** enthält Patienteninformationen aus den DICOM-Kopfzeilendaten. Während der Bearbeitung werden die Informationen im Feld gelb angezeigt.

**HINWEIS:** Bearbeitete Patienteninformationen wirken sich nur auf diesen Befund aus. Die DICOM-Kopfzeilendaten werden nicht verändert.

ABBILDUNG 1. Registerkarte „Anamnese“



1. DICOM-Kopfzeileninformationen, 2. KÖF-Auswahl, 3. Patientenanamnese, 4. Anmerkungen

Durch Klicken mit der rechten Maustaste auf das umgekehrte gelbe Dreieck kann die Art der KÖF-Berechnung ausgewählt werden.

KÖF-Berechnungsmethode	Formel
DuBois and DuBois	$KÖF (m^2) = 0,20247 \times \text{Höhe}(m)^{0,725} \times \text{Gewicht}(kg)^{0,425}$
Mosteller	$KÖF (m^2) = \text{SQRT}([Größe (cm) \times \text{Gewicht}(kg)]/3600)$ $KÖF (m^2) = \text{SQRT}([Größe (cm) \times \text{Gewicht}(kg)]/3131)$
Gehan and George	$KÖF (m^2) = 0,0235 \times \text{Höhe}(cm)^{0,42246} \times \text{Gewicht}(kg)^{0,51456}$
Haycock	$KÖF (m^2) = 0,024265 \times \text{Höhe}(cm)^{0,3964} \times \text{Gewicht}(kg)^{0,5378}$
Boyd	$KÖF (m^2) = 0,0003207 \times \text{Höhe}(cm)^{0,3} \times \text{Gewicht}(\text{Gramm})^{(0,7285 - (0,0188 \times \text{LOG}(\text{Gramm}))}$

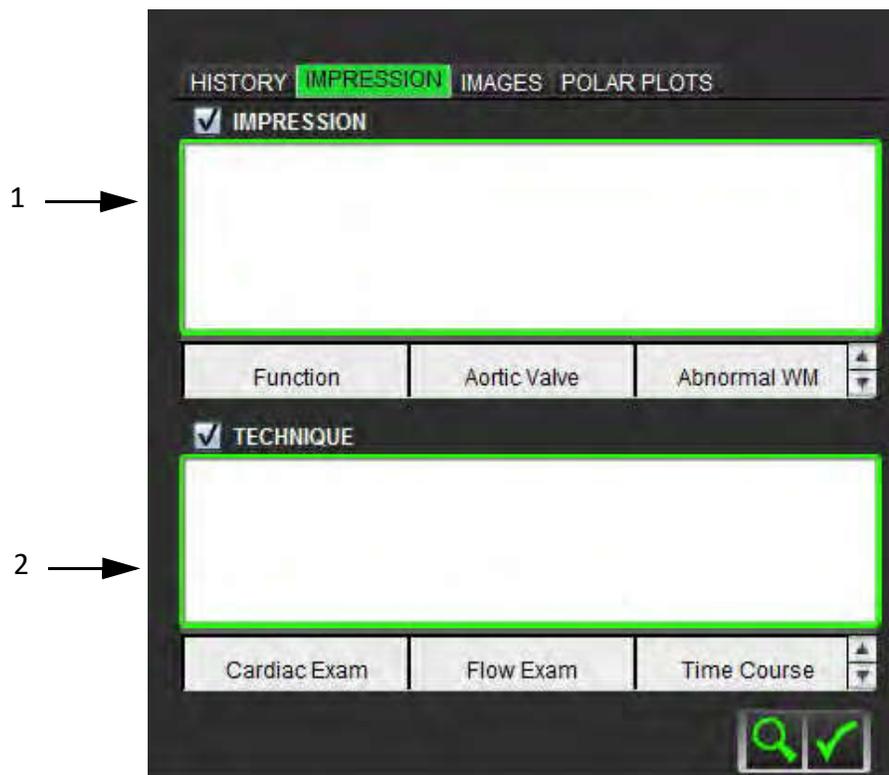
Quelle: <http://halls.md/formula-body-surface-area-bsa/>

## Textfelder für Anamnese und Anmerkungen

Geben Sie alle für die Patientenanamnese relevanten Informationen in das gleichnamige Feld ein oder wählen Sie das entsprechende Makro aus. Im Bereich Anmerkungen werden die Anmerkungen angezeigt, die vom Benutzer während der Analyse eingegeben wurden. Diese Anmerkungen können jedoch nicht in den Befund aufgenommen werden.

## Registerkarte „Erkenntnis“

ABBILDUNG 2. Registerkarte „Erkenntnis“



1. Erkenntnis, 2. Methode

### Erkenntnis

Durch Eingabe in das Feld und/oder Anklicken der Schaltfläche eines Erkenntnis-Makros werden Informationen zu den Erkenntnissen eingegeben.

Die vordefinierten Erkenntnis-Makros werden über Schaltflächen unterhalb des Bereichs „Erkenntnis“ aufgerufen.

**HINWEIS:** Bevor mit Hilfe der Makros Berechnungen durchgeführt werden können, müssen alle dafür notwendigen Analysen durchgeführt werden.

### Methode

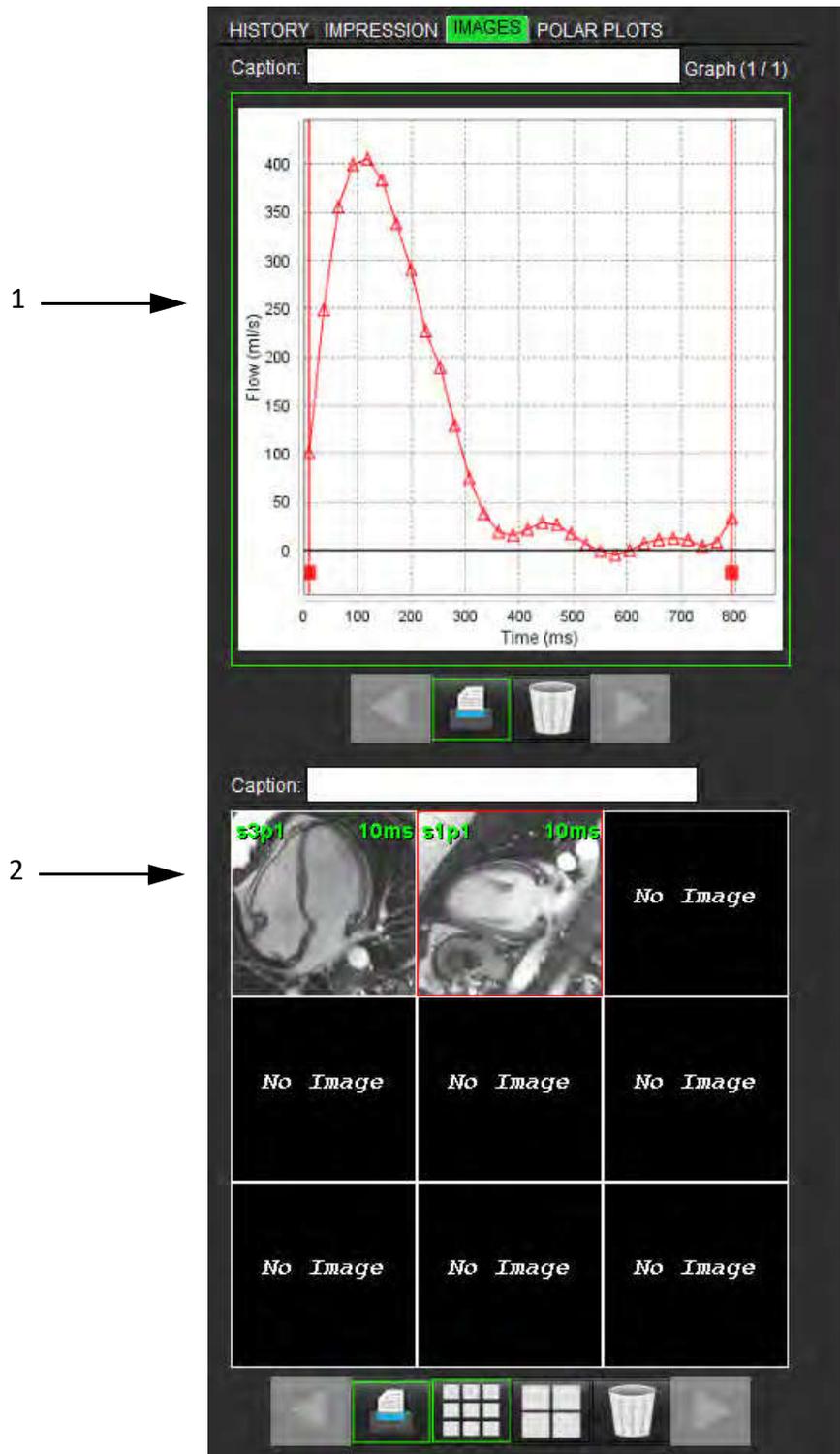
Durch Eingabe in das Feld und/oder Anklicken der Schaltfläche eines Methoden-Makros werden die Informationen zur Methode eingegeben.

Die vordefinierten Methoden-Makros werden über Schaltflächen unterhalb des Bereichs „Methode“ aufgerufen.

**HINWEIS:** Bevor mit Hilfe der Makros Berechnungen durchgeführt werden können, müssen alle dafür notwendigen Analysen durchgeführt werden.

# Registerkarte „Bilder“

ABBILDUNG 3. Registerkarte „Bilder“



1. Grafiken/Tabellen, 2. Bilder für Befund

## Grafiken und Zusammenfassungstabellen des Befundes überprüfen

Der Bereich Grafikanzeige enthält alle Grafiken und Zusammenfassungstabellen der Ergebnisse, welche während der Analyse in den Befund eingeschlossen wurden.

1. Mit Hilfe der Symbole  können Sie durch die einzelnen Grafiken und Zusammenfassungstabellen blättern.
2. Um eine Grafik- oder Zusammenfassungstabellen-Überschrift im gedruckten Befund hinzuzufügen, klicken Sie auf das weiße Textfeld.

3. Wenn  aktiviert ist, werden Grafik und Tabelle in den Befund mit aufgenommen.

4. Klicken Sie auf , um eine Grafik oder Tabelle zu löschen.

## Bilder überprüfen

Der Bereich Bilder enthält alle Bilder, welche während der Analyse zum Befund gesendet wurden.

1. Mit Hilfe der Schaltflächen  können Sie durch die einzelnen Bilder blättern.
2. Um eine Bildunterschrift für den gedruckten Befund hinzuzufügen, klicken Sie auf das weiße Textfeld.
3. Durch Auswahl der Schaltflächen für kleines  oder großes Format  können Sie für jedes Bild die Größe auswählen.
4. Bilder im Bereich Bild können durch Klicken und Ziehen des jeweiligen Bildes in ein anderes Bildfenster neu angeordnet werden.
5. Wenn Sie mit der rechten Maustaste direkt auf ein Bild klicken, werden die Bildbearbeitungs-Werkzeuge aktiviert.
6. Um die Serie ausfindig zu machen, aus der das Bild stammt, klicken Sie mit der rechten Maustaste direkt auf das Bild  
und wählen dann die Schaltfläche **Suchen**  aus.

7. Wenn  aktiviert ist, wird das Bild in den Befund mit aufgenommen.

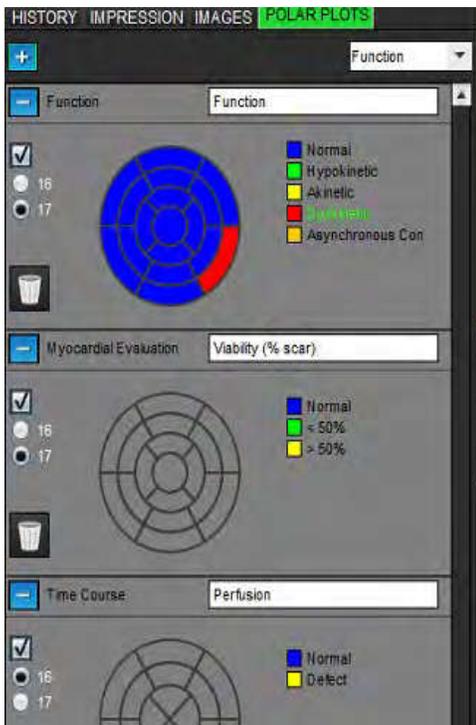
8. Durch Auswahl von  können Sie ein Bild löschen.

**HINWEIS:** Wenn eine Studie geöffnet wird, die mit einer vorherigen Softwareversion (2.1.0 oder darunter) analysiert wurde, können Bilder, die zuvor der Befundansicht hinzugefügt wurden, mit den Bildbearbeitungs-Werkzeugen nicht bearbeitet werden. Neue Bilder lassen sich erwartungsgemäß bearbeiten.

# Register „Polardiagramme“

Diese Tabelle ermöglicht die qualitative Identifizierung von funktionellen myokardialen Beurteilungen und Zeitverlaufs-anomalien im Polardiagramm-Format. Zur Änderung der Farbkodierung der Segmente klicken Sie mit der rechten Maus-taste auf die Segmentfarben-Legenden, um die Farbpalette zu öffnen.

ABBILDUNG 4. Registerkarte Polardiagramme



## Dem Befund Polardiagramme hinzufügen

Um dem Befund weitere Polardiagramme hinzuzufügen, klicken Sie auf  und wählen Sie den Polardiagrammtyp aus



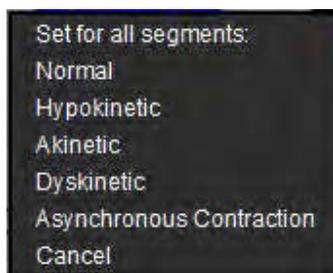
## Farben pro Segment auswählen

Klicken Sie auf das Farbfeld neben der gewünschten Terminologie, um die Anomalie zu beschreiben. Der Cursor verwandelt sich in einen Malpinsel. Klicken Sie dann auf das Segment, das sich direkt auf dem Polardiagramm befindet, um die Farbe festzulegen.

## Farbauswahl für alle Segmente

Klicken Sie mit der rechten Maustaste außerhalb des Polardiagramm-Umrisses in die Ecken und wählen Sie die gewünschte Option aus der Liste aus.

## ABBILDUNG 5. Funktionsspezifische Auswahl



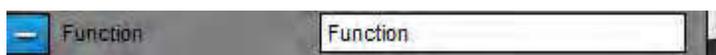
## Diagramme mit 16 oder 17 Segmenten auswählen

Wählen Sie die jeweilige Optionsschaltfläche links neben dem Polardiagramm aus.

## Den Titel des Polardiagramms bearbeiten

Der Titel jedes Polardiagramms kann durch Klicken auf das Eingabefeld bearbeitet werden.

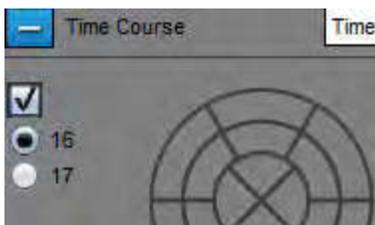
### ABBILDUNG 6. Eingabefeld zur Bearbeitung des Polardiagrammtitels



## Ein Polardiagramm entfernen

Durch Klicken auf die Schaltfläche  kann jedes Diagramm aus der Registerkarte entfernt werden. Deaktivieren Sie das Kontrollkästchen, um das Polardiagramm vom Befund auszuschließen.

### ABBILDUNG 7. Polardiagramm aus dem Befund ausschließen



Um das Polardiagramm auf die Standardeinstellung zurückzusetzen, wählen Sie  aus.

## Befundvorschau

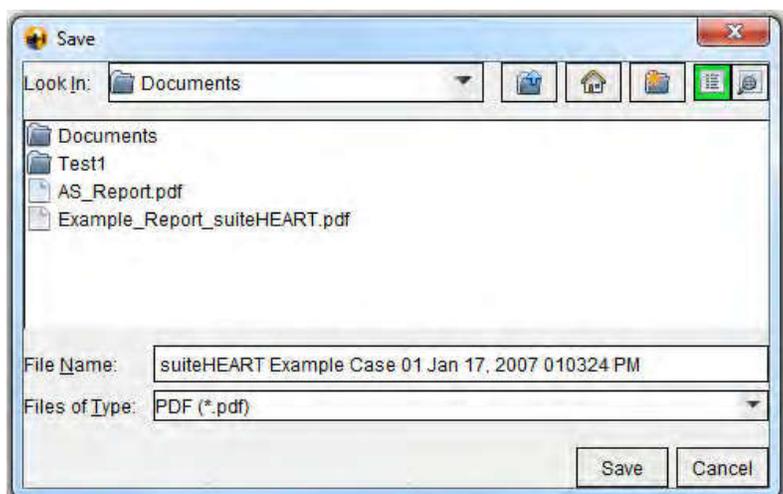
1. Wählen Sie **Datei > Befundvorschau** aus oder wählen Sie unten rechts  aus.
2. Überprüfen Sie den Befund, um sicherzustellen, dass alle gewünschten Analyseergebnisse und strukturierten Informationen enthalten sind.
3. Mit der Schaltfläche  speichern Sie den Befund auf der lokalen Festplatte.

Das Popup-Fenster „Speichern“ ermöglicht Ihnen, den Speicherort, den Namen und die Formatoptionen des Befundes anzugeben.

**HINWEIS:** Der Name der Befunddatei kann in den Einstellungen konfiguriert werden. Siehe „Verfahren zu Befundeinstellungen“ auf Seite 32.

**WICHTIG:** Rot angezeigte Werte liegen außerhalb des Bereichs, was auf einem Schwarzweiß-Befundausdruck nicht sichtbar ist.

**ABBILDUNG 8.** Fenster „Speichern“



4. Wählen Sie **Drucken** aus, um den Befund zu drucken.



**WARNUNG:** Der Befund sollte vor der Genehmigung und der Verteilung überprüft werden, um sicherzugehen, dass der Inhalt mit der Analyse übereinstimmt. Falls der Inhalt des Befundes fehlerhaft ist, kann daraus eine Verzögerung oder eine Fehldiagnose folgen. Analyse und Auswertung dürfen nur von entsprechend ausgebildeten und qualifizierten Benutzern vorgenommen werden.

## Untersuchung genehmigen

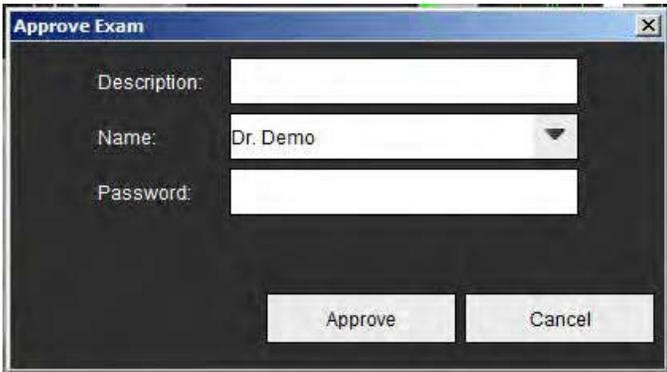
Die Anwendung hat eine Funktion, mit der man Befunde genehmigen und sperren kann. Der genehmigte Befund wird gespeichert und kann wieder angezeigt, aber nicht abgeändert werden.

**HINWEIS:** Voraussetzungen: Der Anwender muss für die Genehmigung eines Befundes autorisiert sein. Siehe „Autorisierte Befund-Genehmiger“ auf Seite 33.

**HINWEIS:** Die Schaltfläche „Genehmigte Untersuchung“ und das gleichnamige Menü werden erst dann aktiviert, wenn eine Aktion auf einem Bild durchgeführt wird.

1. Wählen Sie **Untersuchung genehmigen** oder **Datei > Untersuchung genehmigen** aus.

**ABBILDUNG 9.** Fenster „Untersuchung genehmigen“



The image shows a software dialog box titled "Approve Exam". It features a dark background with white text and input fields. The fields are labeled "Description:", "Name:", and "Password:". The "Name:" field is a dropdown menu currently displaying "Dr. Demo". At the bottom of the dialog, there are two buttons: "Approve" and "Cancel".

2. Nach Wunsch fügen Sie zur Unterschrift eine Beschreibung hinzu.
3. Wählen Sie im Pulldown-Menü Namen Ihren Benutzernamen aus.
4. Geben Sie Ihr Kennwort ein.
5. Zur Bestätigung und zum Schließen des Fensters klicken Sie auf **Genehmigen**. Klicken Sie auf **Abbrechen**, um das Fenster zu schließen, ohne den Abzeichnungsvorgang zu beenden.

Unter Berücksichtigung der bereitgestellten Beschreibung wird eine Serie erstellt.

**HINWEIS:** Wenn eine genehmigte Untersuchung durchgeführt wurde, erscheint der Befund mit Datum und Zeitstempel.

# Exportoptionen

Die Funktion **Exportieren** dient dazu, von den Untersuchungen und den Analyseergebnissen für zukünftige Überprüfungen Sicherungskopien zu erstellen. Mithilfe der Exportfunktion können Sie unkomprimierte AVI-Filme, komprimierte Quick Time-Filme oder GIF-, JPEG-, TIFF- und PNG-Dateien aus den Bildern erstellen. Diese Dateien können in das Dateisystem geschrieben werden.

Wählen Sie **Werkzeuge > Exportieren > Befund exportieren** aus.

Eine sekundäre Erfassung (SCPT) wird erstellt und in der Serienliste gespeichert.

Wählen Sie **Werkzeuge > Exportieren > Befund in Excel exportieren** aus..

Exportiert den Befund als eine Excel-Datei.

Wählen Sie **Werkzeuge > Exportieren > Film-DICOM exportieren** aus.

Eine sekundäre Erfassung (SCPT) wird erstellt und in der Serienliste gespeichert.

Wählen Sie **Werkzeuge > Exportieren > Filmdateien exportieren** aus.

Das Popup-Fenster „Film speichern“ erscheint.

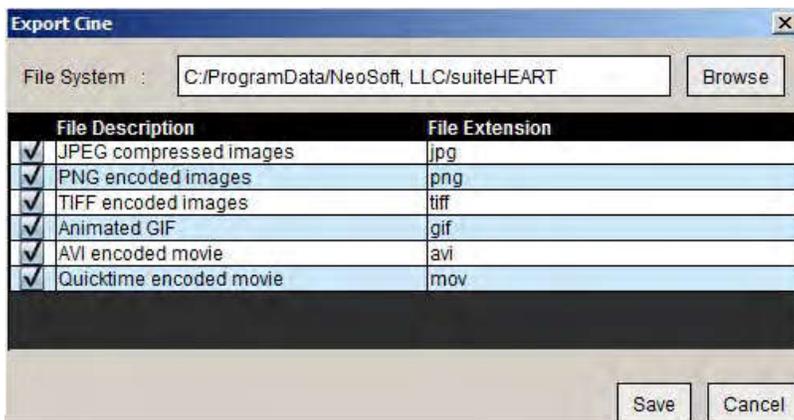
Wählen Sie **Werkzeuge > Exportieren > Befund in XML exportieren** aus.

Exportiert den Befund als eine XML-Datei.

Wählen Sie **Werkzeuge > Exportieren > Nach Matlab exportieren** (nur Lizenz) aus.

Exportiert eine Mat-Datei in binärer Form.

**ABBILDUNG 10. Fenster „Film speichern“**



1. Wählen Sie die zu exportierenden Dateiarnten aus.
2. Navigieren Sie zu der Stelle, an der die Datei(en) gespeichert werden soll(en).
3. Klicken Sie auf **Speichern**, um den Exportvorgang zu starten und das Fenster zu schließen. Es wird ausschließlich die gegenwärtig angezeigte Serie exportiert.

**HINWEIS:** Beim Export von Daten in AVI- oder MOV-Dateien legt die suiteHEART™-Software die maximale Anzahl der Frames pro Sekunde auf 20 fest, unabhängig davon, welche Einstellungen für die Ansicht innerhalb der Anwendung verwendet werden.

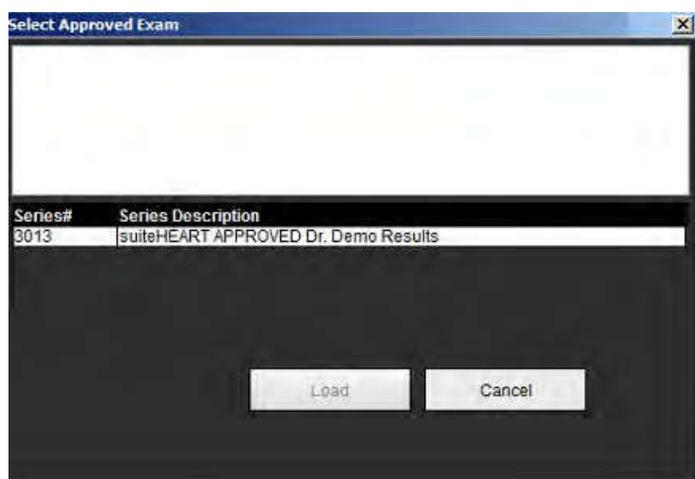
**HINWEIS:** Beim Export einer benutzerdefinierten Serie mit mehr- oder einphasigen Bildern als .avi- oder .mov-Datei sollten Sie sicherstellen, dass der Viewport, der ein mehrphasiges Bild enthält, vor dem Export ausgewählt wird.

## Genehmigte Untersuchung überprüfen

1. Wählen Sie **Datei > Genehmigte Untersuchung laden** aus.

Das Fenster **Genehmigte Untersuchung auswählen** wird angezeigt. Alle mit der Untersuchung verbundenen genehmigten Untersuchungen werden in der Liste angezeigt.

**ABBILDUNG 11.** Fenster „Genehmigte Untersuchung auswählen“



2. Wählen Sie die Serie aus der Liste aus.
3. Klicken Sie auf **Laden**, um die genehmigte Untersuchung mit den zugehörigen Analysen zu laden und anzuzeigen.
  - Eine genehmigte Untersuchung kann nur angezeigt werden.
  - Von einer genehmigten Untersuchung kann eine neue Untersuchung abgeleitet werden, indem ein genehmigter Befund bearbeitet wird und diese Änderungen in der neuen Untersuchung gespeichert werden. Die neue Untersuchung wird als Sekundärerfassungsserie gespeichert.

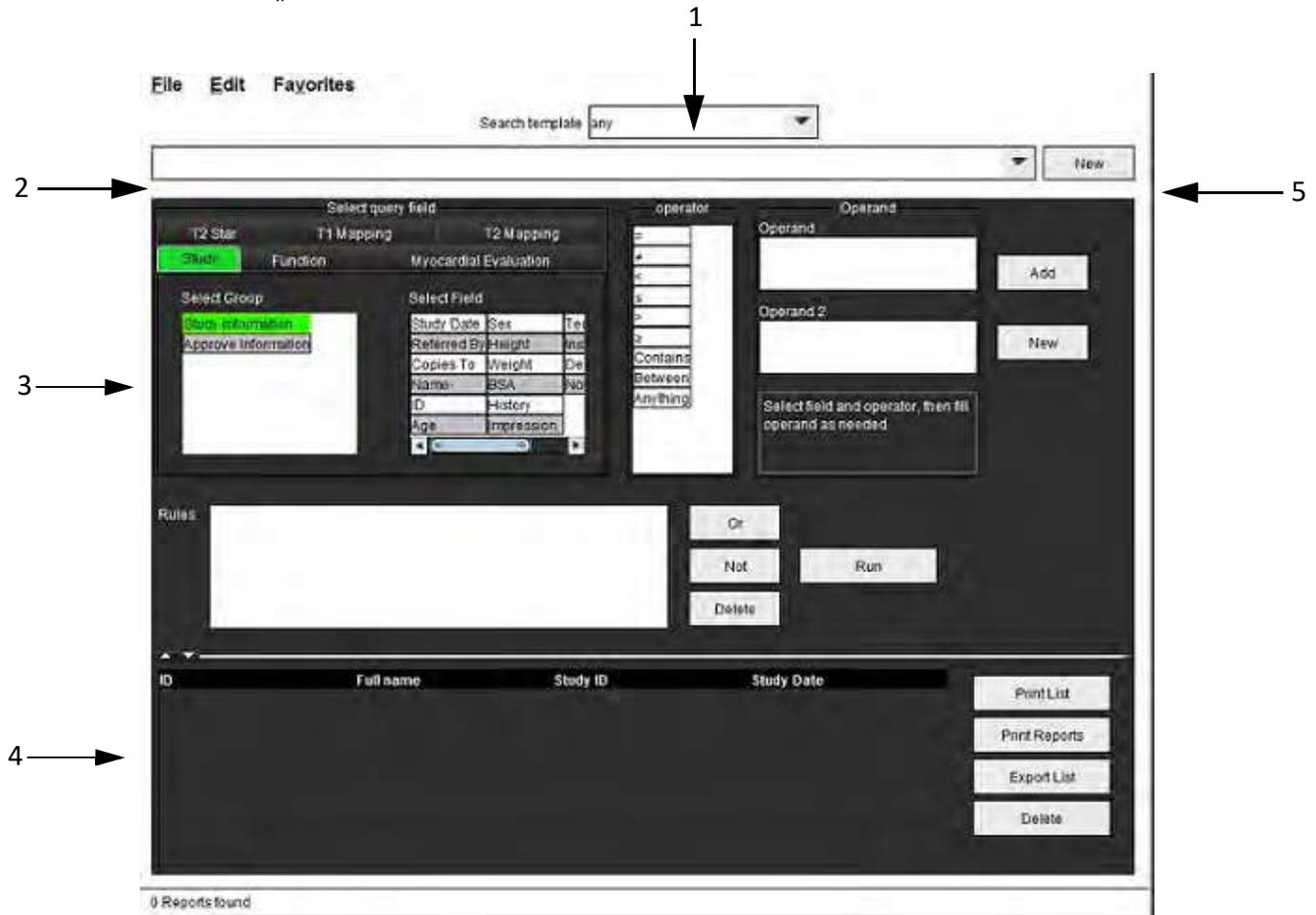
**HINWEIS:** Das Laden einer genehmigten Untersuchung und Analyse überschreibt die Informationen der gegenwärtigen Analysesitzung.

**HINWEIS:** Bei der Wiederherstellung von Untersuchungen, die mit früheren suiteHEART®-Softwareversionen analysiert wurden, und bei der Durchführung von „Genehmigte Untersuchung laden“ zeigt der Befund weder den Namen des Genehmigers noch Datum und Zeitstempel. **Es wird empfohlen, vor der erneuten Ausgabe des Befundes alle Analysen zu überprüfen und alle Ergebnisse zu bestätigen.**

# Befunddatenbank

Mit Hilfe des Werkzeugs Befunddatenbank können Sie die Inhalte von zuvor genehmigten Befunden durchsuchen. Ein Befund wird erst nach der Genehmigung in die Befunddatenbank aufgenommen.

ABBILDUNG 1. Fenster „Befunddatenbank“



1. Dropdown-Menü Suchvorlage, 2. Leiste Verlauf, 3. Abfragefelder erstellen, 4. Abfrageergebnisse, 5. Schaltfläche Neu

# Verfahren für das Werkzeug Befunddatenbank

## Fenster „Datenbankwerkzeuge öffnen“

1. Wählen Sie **Werkzeuge > Befunddatenbank** aus.

## Suchkriterien auswählen

1. Wählen Sie im Dropdown-Menü Vorlage suchen die richtige Vorlage für die Suche aus.
2. Wählen Sie im Dropdown-Menü Verlauf die Suchanfrage aus. Die gegenwärtige Abfrageleiste zeigt die von Ihnen ausgewählten Werte an.

ABBILDUNG 2. Menü Suchvorlagen



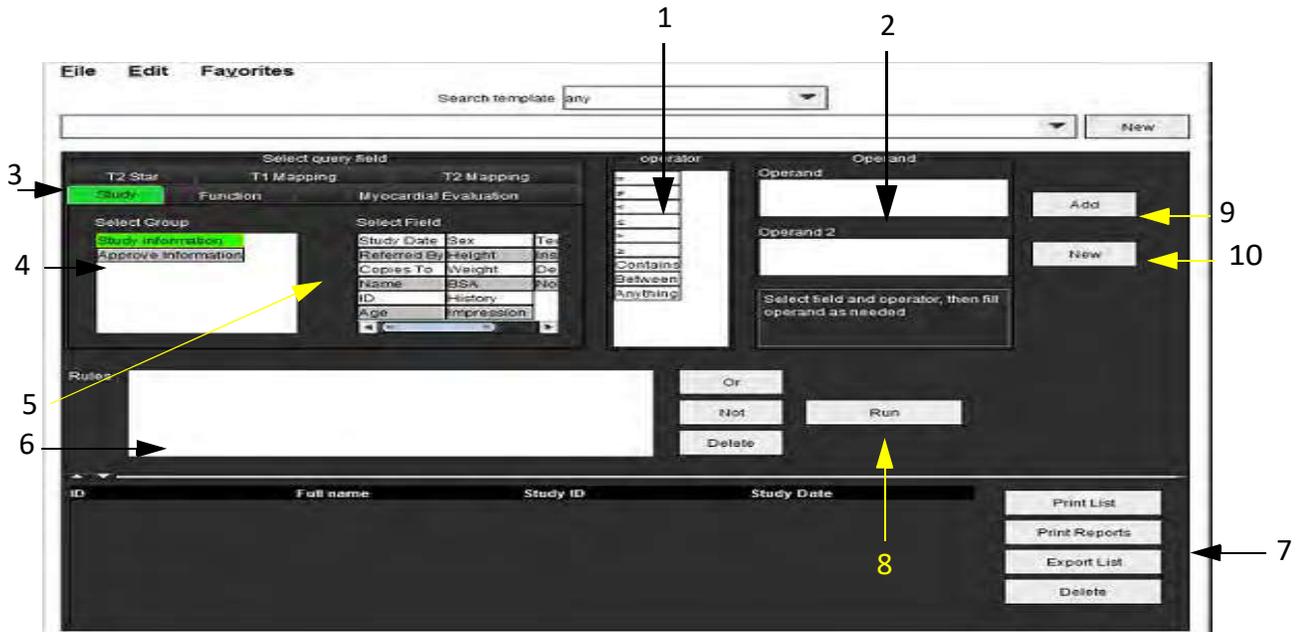
**HINWEIS:** Falls die gewünschte Abfrage noch nicht vorhanden ist, erstellen Sie eine neue Abfrage.

## Abfrage erstellen

1. Wählen Sie rechts neben der Leiste „Verlauf“ **Neu** aus.

Im Fenster Befunddatenbank werden die Felder zum Erstellen einer Abfrage angezeigt.

ABBILDUNG 3. Feld zum Erstellen einer Abfrage



1. Operatoren der Abfrage, 2. Operanden der Abfrage, 3. Registerkarten Abfragekategorie, 4. Abfragegruppe, 5. Abfragefelder, 6. Abfrageregeln, 7. Abfrageoptionen, 8. Schaltfläche Ausführen, 9. Schaltfläche Hinzufügen, 10. Schaltfläche Neu

2. Wählen Sie Abfragekategorie aus den Registerkarten Studie, Funktion, ME und T2 Star aus. Die Abfragegruppen und Felder werden entsprechend aktualisiert.
3. Wählen Sie die Abfragegruppe aus.
4. Wählen Sie das Abfragefeld aus.

**HINWEIS:** In der Befunddatenbank kann keine Suche nach benutzerdefinierten Messungen erfolgen.

5. Wählen Sie den Operator aus, um die Suchparameter der Abfrage zu definieren.
6. Um den Suchparametern Werte zu zuzuordnen, geben Sie den oder die Operand(en) ein.
7. Wählen Sie **Hinzufügen** aus, um im Feld **Regeln** die Abfragewerte anzuzeigen. Während eines einzigen Suchvorgangs können mehrfache Abfragen durchgeführt werden. Wiederholen Sie Schritte 1 bis 7 für jede zusätzliche Regel.

Die Schaltfläche **Nicht** negiert einen Abfragewert.

Die Schaltfläche **Oder** führt mehrere Abfragen so zusammen, dass die Suche nur mit einer der Abfragen erfüllt wird. Die Funktion **Oder** wird auf die Abfrageregeln über der Auswahl angewandt.

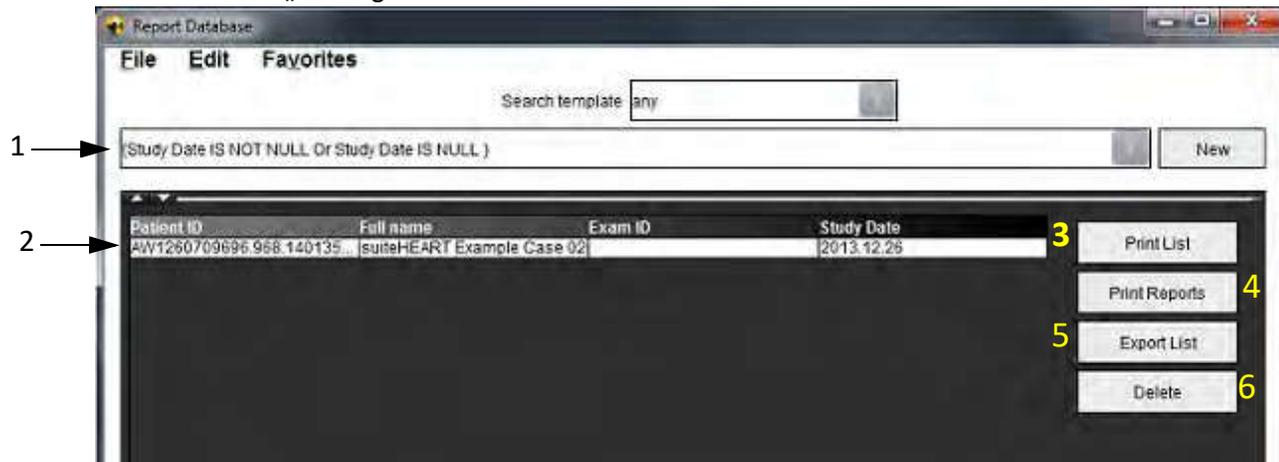
Die Schaltfläche **Löschen** stellt die Möglichkeit zur Verfügung, eine Abfrageregeln auszuwählen und zu löschen.

## Die Suche aktivieren

1. Um die Datenbank zu durchsuchen, wählen Sie **Ausführen** aus.

Die Suchergebnisse werden im Bereich Abfrageergebnis angezeigt. Die der Suche entsprechenden Abfrageergebnisse werden in der ganz rechts befindlichen Spalte des Fensters Ergebnis angezeigt.

ABBILDUNG 4. Fenster „Suchergebnis“



1. Leiste „Verlauf“, 2. Abfrageergebnisse, 3. Schaltfläche Liste drucken, 4. Schaltfläche Befunde drucken, 5. Schaltfläche Liste exportieren, 6. Schaltfläche Löschen

**HINWEIS:** Neue Suchergebnisse werden nur basierend auf einer eindeutigen Kombination von Untersuchungs-ID, Untersuchungsdatum, autorisierter Unterschrift und Befundvorlage erstellt. Falls ein Duplikat dieser Felder erkannt wird, wird der alte Befund durch den neuen Befund ersetzt.

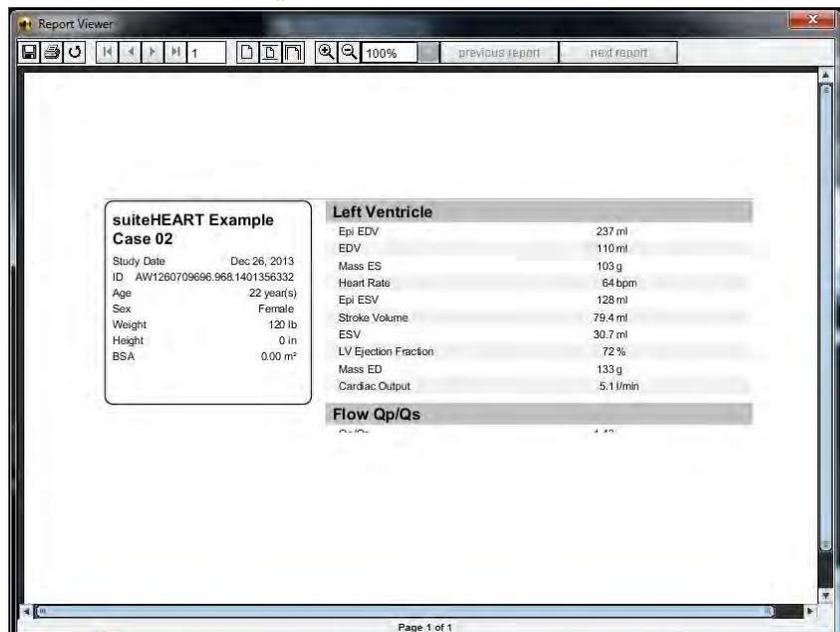
## Ergebnisse anzeigen

- Um einen Befund anzuzeigen, doppelklicken Sie im Bereich Abfrageergebnis auf den Eintrag.

Der ausgewählte Befund wird in einem neuen Fenster angezeigt. Falls mehr als ein Befund verfügbar ist, verwenden Sie Nächster Befund und Vorhergehender Befund, um zwischen den Befunden zu blättern.

Um das Fenster Befund überprüfen zu schließen, klicken Sie auf die Markierung für Fenster schließen .

ABBILDUNG 5. Fenster „Befund“



2. Um die Ergebnisauswahl zu verändern, wenden Sie die Auswahloptionen im Menü Bearbeiten an.  
 Mit **Bearbeiten > Alle auswählen** werden alle Ergebnisse ausgewählt.  
 Mit **Bearbeiten > Auswahl aufheben** werden alle Ergebnisse abgewählt.  
 Mit **Bearbeiten > Auswahl umkehren** wird der Auswahlzustand für jedes Ergebnis umgekehrt.  
 Mit **Bearbeiten > Verlaufsdaten löschen** werden alle Daten früherer Abfragen gelöscht.
3. Wählen Sie **Liste drucken** aus, um die Ergebnisliste der Abfrage an den Drucker zu senden.
4. Wählen Sie **Befunde drucken** aus, um die ausgewählten Befunde an den Drucker zu senden.
5. Wählen Sie **Liste exportieren** aus, um die Liste als .html-Datei zu speichern.
6. Wählen Sie **Löschen** aus, um den/die ausgewählten Befund(e) aus der Befunddatenbank zu löschen.

## Abfrage speichern

1. Wählen Sie **Favoriten > Zu Favoriten hinzufügen** aus.
2. In das Textfeld des Fensters Zu Favoriten hinzufügen geben Sie eine Bezeichnung für die Abfrage ein, und klicken Sie auf **OK**.

ABBILDUNG 6. Menü „Favoriten“

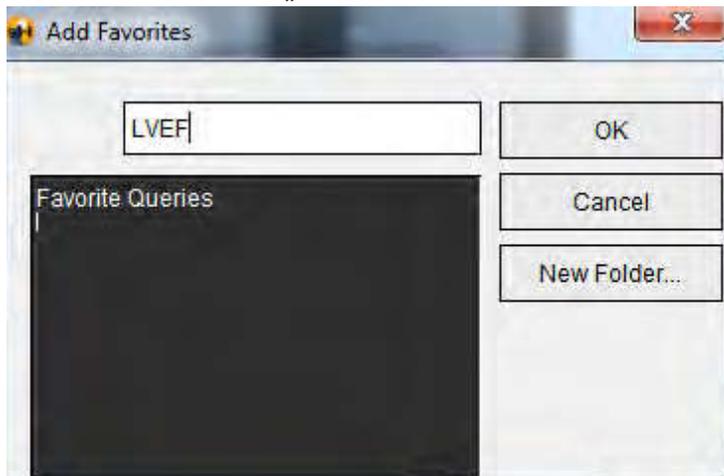


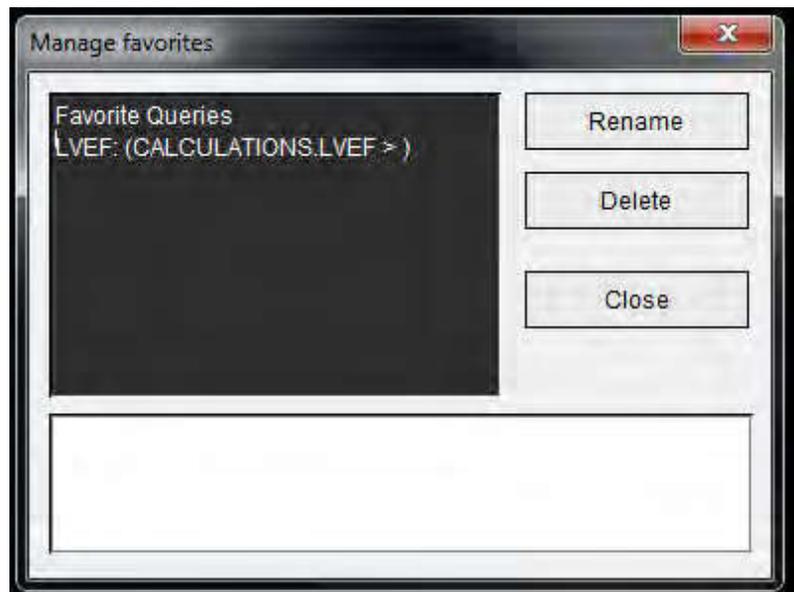
ABBILDUNG 7. Pulldown-Menü „Favoriten“



# Favoriten löschen

1. Im Fenster Befunddatenbank wählen Sie **Favoriten > Favoriten verwalten** aus.

ABBILDUNG 8. Fenster „Favoriten verwalten“

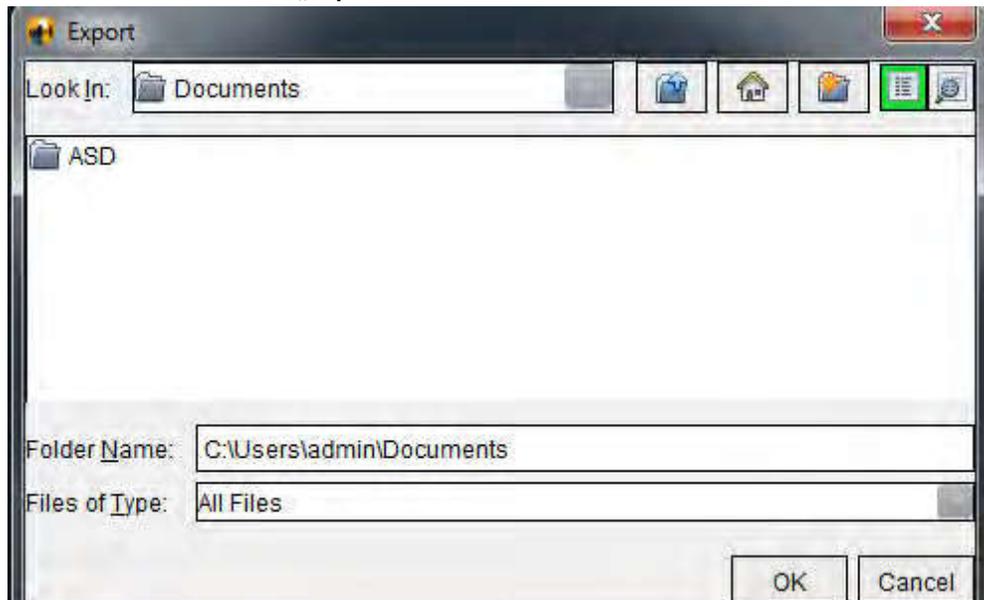


2. Wählen Sie den Eintrag für den Favoriten aus.  
Die gesamte Abfragekombination wird im Fenster Ergebnis angezeigt.
3. Klicken Sie auf **Löschen**.  
Ein Popup-Fenster zur Bestätigung erscheint, damit Sie die Löschauswahl bestätigen. Wählen Sie **Ja** aus.
4. Wählen Sie **Schließen** aus.

# Suchergebnisse in eine HTML-Datei exportieren

1. Wählen Sie auf der rechten Seite des Befunddatenbank-Fensters **Liste exportieren** aus.

ABBILDUNG 9. Fenster „Exportieren“



2. Wählen Sie das Verzeichnis aus, in das die Liste exportiert werden soll.
3. Wählen Sie **OK** aus.
  - In einem Popup-Fenster wird gefragt, ob die Befunde mitgespeichert werden sollen.
  - Die Liste und die Befunde werden in eine HTML-Datei exportiert.

## Datenbank exportieren

Da die Datenbank größer wird, ist es ratsam, die Daten zu archivieren.

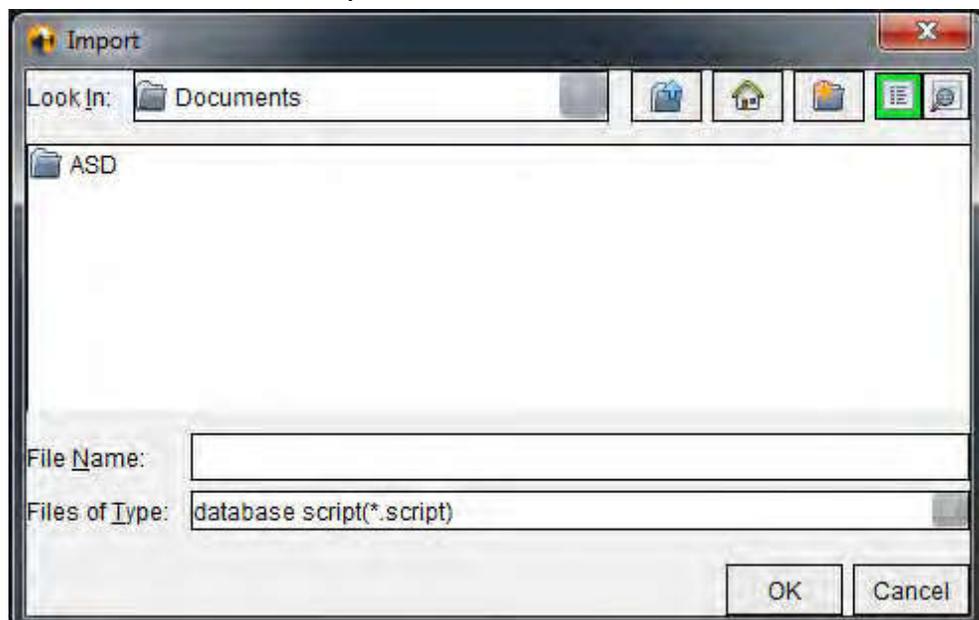
1. Wählen Sie in der Menüleiste **Befunddatenbank Datei > Exportieren** aus.
2. Wählen Sie das Verzeichnis aus, in das die Liste exportiert werden soll.
3. Wählen Sie **OK** aus. Die Datenbank wird in das externe Speichergerät exportiert.

# Datenbank importieren

Die Datenbank kann von einem anderen PC, auf den sie exportiert wurde, wieder importiert werden.

1. Wählen Sie **Datei > Importieren** aus.

ABBILDUNG 10. Fenster „Importieren“

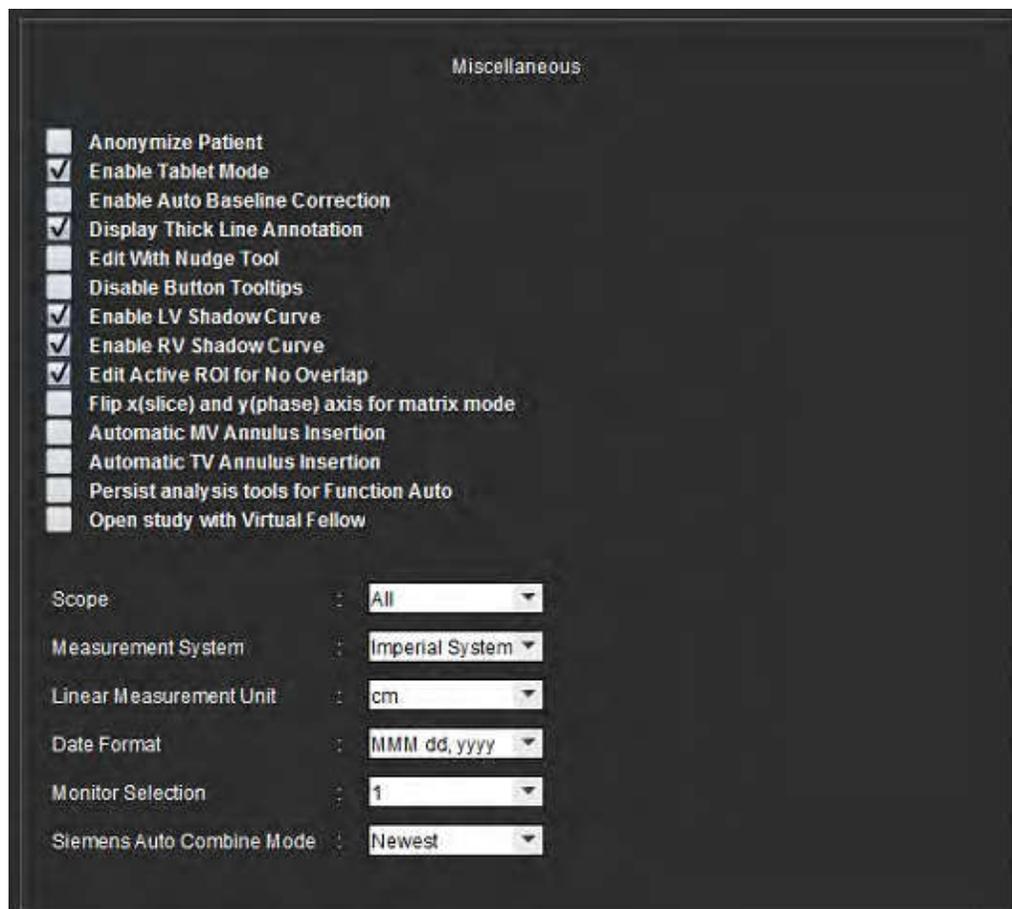


2. Wählen Sie das Verzeichnis aus, aus dem die Liste importiert werden soll.
3. Die importierte Datenbank wird mit der bestehenden Datenbank zusammengeführt.

# Tablet-Modus

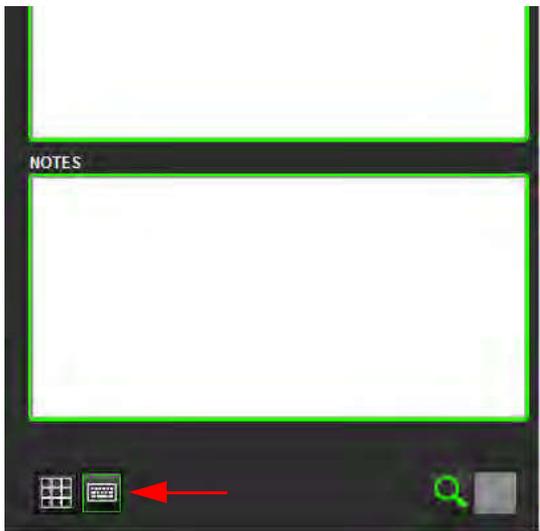
Die suiteHEART®-Software wird auf Tablets mit einem 64-Bit-Prozessor unter Ausführung des Betriebssystems Windows 10 Professional oder Windows 10 Enterprise unterstützt. Lesen Sie den folgenden Abschnitt über die Verwendung der suiteHEART®-Software auf einem Tablet.

## Tablet-Modus aktivieren



1. Klicken Sie in der Menüleiste der Bildansicht auf **Werkzeuge > Einstellungen > Einstellungen bearbeiten**.
2. Wählen Sie die Registerkarte **Globale Einstellungen** aus, und setzen Sie den Cursor in das Feld **Verschiedenes**.
3. Markieren Sie das Kästchen **Tablet-Modus aktivieren**.
4. Im Fenster „Befundansicht“ wird das Tastatursymbol aktiviert, wie in Abbildung 1 gezeigt.

ABBILDUNG 1. Tastatur aktivieren/deaktivieren



- 5. Bei Verwendung eines Textfeldes wird eine virtuelle Tastatur angezeigt.  
Die virtuelle Tastatur lässt sich auf der Benutzeroberfläche verschieben.
- 6. Wenn eine Auswahl in einem Nicht-Textbereich erfolgt, wird die Tastatur geschlossen.

- 7. Um die virtuelle Tastatur manuell zu aktivieren, klicken Sie auf . Um sie zu schließen, klicken Sie auf .

## Bildbearbeitungs-Werkzeuge

Verwenden Sie für die Bildbearbeitungs-Werkzeuge auf einem Tablet einen Stylus, oder klicken Sie bei angeschlossener Maus auf die linke Maustaste und ziehen Sie am Werkzeug.

Um die Bilder auf der Registarkarte „Bilder“ neu anzuordnen, klicken Sie mit der rechten Maustaste und wählen Sie das

Symbol „Fallhand“  aus.

# Anhang

## *Technische Referenz*

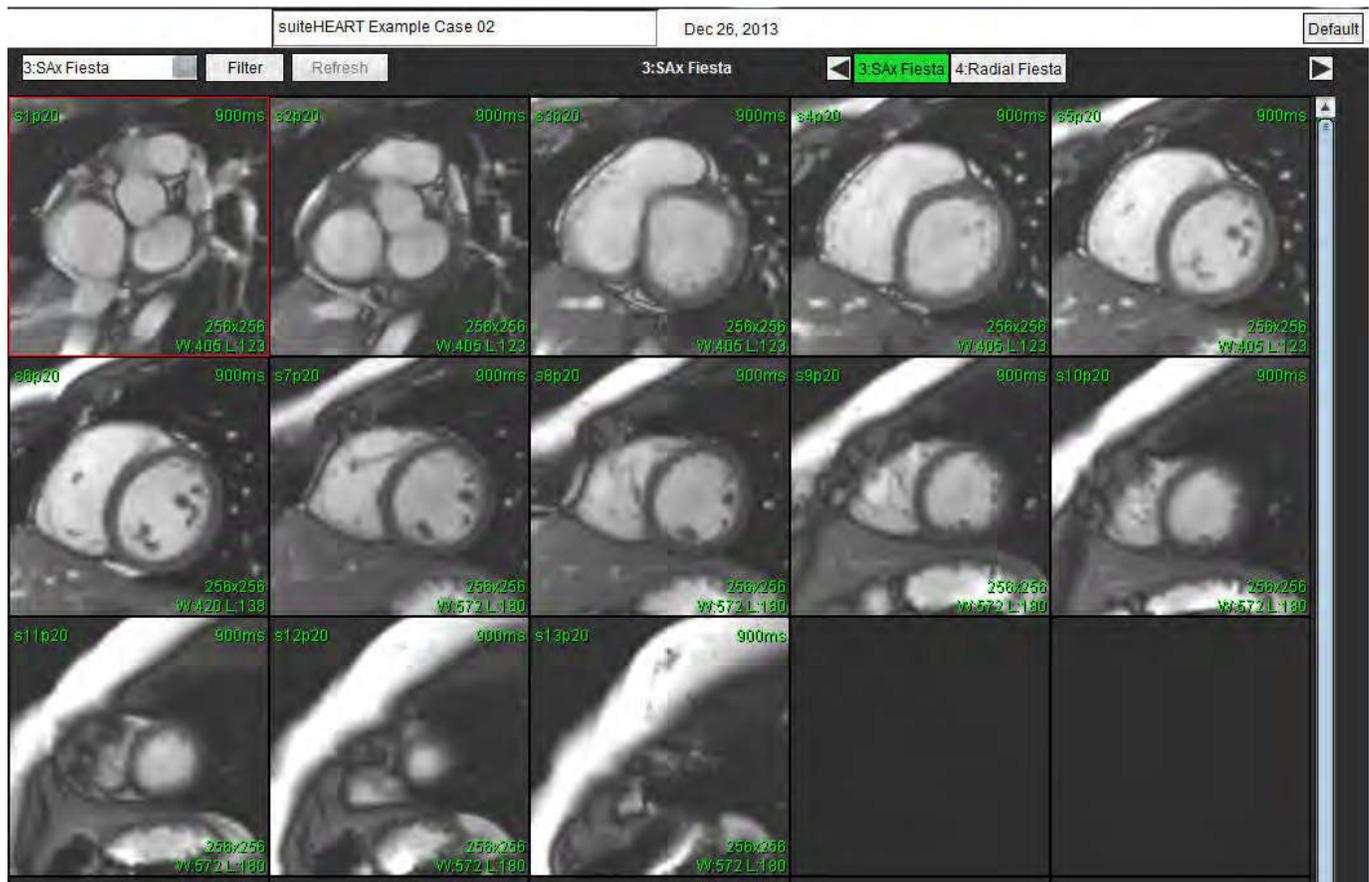
### **Anhang A – Referenzartikel**

Einstellungsbereiche, wie auf Seite 40 in dieser Anleitung beschrieben, können aus den folgenden Peer-Review-Literaturverweisen abgeleitet werden:

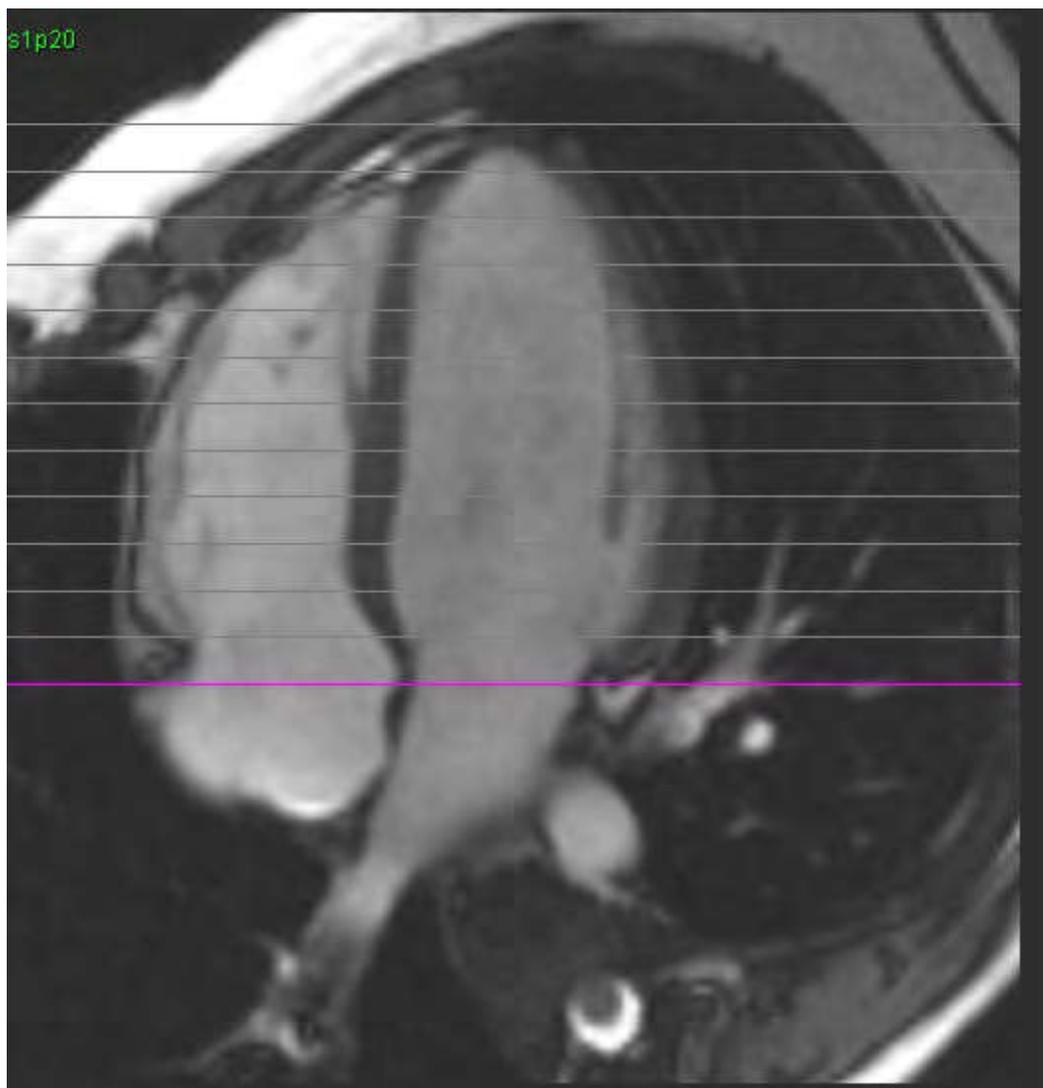
1. Kawel-Boehm et al, „Normal Values for Cardiovascular Magnetic Resonance in Adults and Children.“ *Journal of Cardiovascular Magnetic Resonance* (2015) 17:29
2. Maceira A.M. et al, „Normalized Left Ventricular Systolic and Diastolic Function by Steady State Free Precession Cardiovascular Magnetic Resonance.“ *Journal of Cardiovascular Magnetic Resonance* (2006) 8, 417-426.
3. Lorenz C. et al. „Normal Human Right and Left Ventricular Mass, Systolic Function, and Gender differences by Cine Magnetic Resonance Imaging.“ *Journal of Cardiovascular Magnetic Resonance* 1(1), 7-21, 1999.
4. Sechtem, U. et al. „Regional left ventricular wall thickening by magnetic resonance imaging: evaluation in normal persons and patients with global and regional dysfunction.“ *Am. J. Cardiol.* 1987 Jan 1;59(1):145-51.
5. Storey P, et al. „R2\* Imaging of Transfusional Iron Burden at 3T and Comparison with 1.5T,“ *Journal of Magnetic Resonance Imaging* 25:540–547 (2007)
6. D.J Pennell, et al. „Cardiovascular T2-star (T2Star) magnetic resonance for the early diagnosis of myocardial iron overload“, *Eur Heart J* 2001; 22: 2171-2179.

# Anhang B – Beispiel für Funktionsanalyse der Scanebene

Für genaue Funktionsergebnisse sollte die Analyse mit einer Kurzachsenansicht (siehe erste Abbildung unten) durchgeführt werden.



Der Scan-Ebenenplan muss für die Akquisition der Kurzachse korrigiert werden. Schichten sind senkrecht zur langen Achse des linken Ventrikels anzuordnen, wobei sich mindestens 2 Schichten über der Basis und 1 Schicht hinter dem Scheitelpunkt, der in der Serie eingeschlossen ist, befinden.



## Anhang C – Unterstützte Hersteller

Die suiteHEART®-Software wurde anhand kardialer MR-Bilder von den in der nachstehenden Tabelle aufgelisteten Herstellern evaluiert.

Hersteller	Scannertyp	Analysemodus
GE Healthcare	Discovery MR750 Discovery MR750w Optima MR360 Optima MR450w Optima MR450 Signa HD Signa HDx Signa HDxt	Alle Analysemodi
Philips Healthcare	Achieva Ingenia Intera Intera Achieva	Funktion, Myokardiale Beurteilung, Zeitverlauf, Fluss, T2-Mapping, T1-Mapping, T2Star
SIEMENS	Aera Avanto Espree Skyra Sonata Symphony Verio	Funktion, Myokardiale Beurteilung, Zeitverlauf, Fluss, T2-Mapping, T1-Mapping, T2Star

# Ziffern

---

## Numerics

### 3D/4D

Serienerstellungsergebnisse 140

Viewer-Komponenten 135

Viewer-Layout 140

3D-/4D-Viewer 134, 145

---

## A

Abfrage speichern, Befunddatenbank 163

Analyse der Klappenebene 78

Analyse eines persistierenden Foramen ovale (PFO) 125

Analyseansicht 16

Analyseansichts-Funktionen 17

Anwendung beenden 4

Anwendung starten 4

---

## B

### Bearbeiten

Einstellungsbereiche 40

Registerkarten-Bezeichnungen 99

Bearbeiten von Konturen 54

Bearbeitungswerkzeug 55

### Befund

Einstellungen, Verfahren 32

Genehmiger 33

Genehmiger, verwalten 33

Befunddatenbank 159

Abfrage 160

Abfrage speichern 163

Datenbank importieren 166

Favoriten löschen 164

Fenster 159

- Suche aktivieren 161
- Suchergebnisse in HTML-Datei exportieren 165
- Suchkriterien 160
- Verfahren für Werkzeuge 160
- Befund-Registerkarten 20
- Befundvorschau, Strukturierte Befunderstellung 155
- Benutzerdefinierte Messung
  - entfernen 77
  - hinzufügen 77
- Benutzeroberfläche
  - Analysebereich 16
  - Analyse-Modi 7
  - Befund-Registerkarten 20
  - Betrachterfenster-Bedienelemente 9
  - Bildbearbeitung 12
  - Dateimenü 8
  - Editor-Fenster 8
  - Film 10
  - Matrix-Modus 10
  - Menü Hilfe 9
  - Menü Werkzeuge 8
  - Modus-Ansicht 8
  - Querverweis-Modus 11
  - Serien-Navigation 7
  - Übersicht 6
- Bereich „Verschiedenes“ 35
- Bildansichts-Bedienelemente 9
- Bildbearbeitungs-Werkzeuge 12
- Bildverwaltungswerkzeuge 23
  - Vergleichsmodus 27

---

## D

- Dateimenü-Optionen 8
- Datenbank, durchsuchen 21
- DB durchsuchen 21

---

## E

- Einsatzgebiete 2
- Einstellungen

- bearbeiten 31
- Befund 31
- definieren 31
- exportieren 38, 45
- importieren 45
- Leerlauf-Timer 36
- Makro 42
- Vorlage 38

Erkenntnisse

- Makro, hinzufügen 42

Exportieren

- Einstellungen 45

---

## **F**

- Farbdarstellung des Myokards 131
- Favoriten löschen, Befunddatenbank 164
- Filmmodus 10
- Flussanalyse 80
  - Anzeigemodi 93
  - Fensterkomponenten 81
  - Flusskorrekturoptionen 88
  - Spitzengeschwindigkeit 92
  - Zusammenfassung überprüfen 96
- Funktionsanalyse 57
  - Benutzerdefinierte Messung, entfernen 77
  - Benutzerdefinierte Messung, hinzufügen 77
  - Ergebnisse der ventrikulären Funktionsanalyse 69
  - lineare Messung, Einrichtung 76
  - Messungen löschen 77
  - Verfahren der manuellen LV-Funktionsanalyse 73

---

## **G**

- Gerätegefahren 3

---

## **I**

- Importieren
  - Datenbank 166
  - Einstellungen 45

---

## K

### Konturbearbeitung

- Bearbeitungswerkzeug 55
- Herkömmliche Bearbeitung 54
- Löschen einer Kontur 56
- Optionen 54

Konturlöschung 56

---

## L

### LA

- Funktionsanalyse, manuell 74
- Funktionsanalyse, schnell 75

Leerlauf-Timer-Einstellungen 36

### Lineare Messung

- Einrichtung 76

Löschen einer Kontur 56

### LV

- Funktionsanalyse, Ergebnisse 69
- Funktionsanalyse, manuell 62
- Funktionsanalyse, schnell 73

---

## M

### Makro

- ausführen 43
- Einstellungen 42
- Erkenntnisse, hinzufügen 42
- löschen 43
- Text eingeben 42

Matrix-Modus 10

Menü Werkzeuge 8

### Messungen

- benutzerdefiniert, entfernen 77
- benutzerdefiniert, hinzufügen 77
- linear 76
- Löschen 77

Messungen löschen 77

Methode, Strukturierte Befunderstellung 150

Myokardiale Beurteilung 100

Polardiagrammformate 103  
Verfahren zur quantitativen Analyse 101

---

## O

Optionen des Menüs Hilfe 9

---

## P

### PFO

-Analysefenster 126  
Atriale Anatomie 126  
Konturen 128  
Kurvendaten 127  
Kurvenergebnisse 128  
LA-Intensitätskurve 126  
Phasenbereichsauswahl 127  
RA-Intensitätskurve 126

---

## Q

### Qp/Qs

berechnen 98  
Registerkarte 97

Querverweis-Modus 11

---

## R

### RA

Funktionsanalyse, manuell 74  
Funktionsanalyse, schnell 75

Regionale Analyse 71

### Registerkarte

„Bilder“ 151  
„Erkenntnis“ 150  
„Polardiagramme“ 153  
Anamnese 148  
Befund 20  
Bezeichnungen bearbeiten 99  
Qp/Qs 97  
Strukturierte Befunderstellung, Bilder 151  
Strukturierte Befunderstellung, Erkenntnis 150

Registerkarte „Anamnese“ 148  
Registerkarte „Bilder“ 151  
Registerkarte „Erkenntnis“ 150  
Registerkarte „Polardiagramme“ 153

---

## S

Serien-Navigation 7  
Sicherheitshinweise 3  
Spitzengeschwindigkeit, Flussanalyse 92  
Strukturierte Befunderstellung 148  
    Befundvorschau 155  
    Erkenntnisse 150  
    exportieren 157  
    Genehmigte Untersuchung 158  
    Grafiken 152  
    Methode 150  
    Registerkarte „Bilder“ 151  
    Registerkarte „Polardiagramme“ 153  
    Registerkarte Anamnese 148  
    Registerkarten 148  
    Untersuchung genehmigen 155  
    Zusammenfassungstabelle 152  
Suche, Befunddatenbank 161  
Suchergebnisse in HTML-Datei exportieren  
    Befunddatenbank 165

---

## T

T1-Mapping 112  
T2-Mapping 116  
T2Star 129  
    Analyseverfahren 130  
    Ergebnisse 132  
    Farbdarstellung des Myokards, erstellen 131  
    Kurve überprüfen und aktualisieren 132  
    Parameteranpassung 132  
Tabelle Kammervolumen 70  
Tastenkombinationen 14

---

## U

Untersuchung genehmigen, Strukturierte Befunderstellung 155

---

## V

Ventrikel 58

Vergleichsmodus 27

Verwendungszweck 2

Viewer 23

Virtual Fellow™ 46

Ansichtsprotokolle 50

Benutzeroberfläche 48

Werkzeuge der Benutzeroberfläche 48

Vorlage

duplizieren 40

Einstellungen 38

erstellen 39

löschen 40

---

## Z

Zeitverlauf

Analyse 119