

suiteHEART[®]-Software

cMRI-Analyse-Software

Bedienungsanleitung

NeoSoft, LLC

NEOSOFT

NS-03-039-0005 Rev. 4
Copyright 2021 NeoSoft, LLC
Alle Rechte vorbehalten

Revisionsverlauf

Revision	Datum	Änderungsbeschreibung	Sicherheitsspezifisches Update (Ja/Nein)
1	23APR2019	Für Produktversion 5.0.0 aktualisiert. Vorheriges Handbuch NS-03-008-0001, Rev. 15	Nein
2	30NOV2019	Für Produktversion 5.0.1 aktualisiert.	Nein
3	23NOV2020	Für Produktversion 5.0.2 aktualisiert.	Nein
4	14JUNI2021	Symbol für Medizinprodukt, Angabe des EU-Importeurs, Informationen zur Meldung von Vorfällen hinzugefügt.	Nein

Hersteller



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

Telefon: 001 262 522 6120
Web: www.neosoftllc.com

Vertrieb: orders@neosoftmedical.com
Service: 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 per E-Mail an service@neosoftmedical.com kann innerhalb von 7 Kalendertagen eine kostenlose Hardcopy der Bedienungsanleitung 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 für Litauisch, ES für Spanisch, SV für Schwedisch, TR für Türkisch, RO für Rumänisch, NL für Niederländisch, PT-PT für Portugiesisch, HU für Ungarisch).
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 für Litauisch, ES für Spanisch, SV für Schwedisch, TR für Türkisch, RO für Rumänisch, NL für Niederländisch, PT-PT für Portugiesisch, HU für Ungarisch).
4. Elektronische Kopien der Bedienungsanleitung sind für mindestens 15 Jahre nach dem letzten Herstellungsdatum zudem unter 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:



Dieses Produkt ist ein Medizinprodukt:



Europäische Vertretung:
EMERGO EUROPE
Prinsessegracht 20
2514 AP The Hague
The Netherlands

EU-Importeur:

MedEnvoy Global B.V.
Pr. Margrietplantsoen 33, Suite 123,
2595 AM The Haag,
The Netherlands

Kanada:

Health Canada Geräte-Lizenznummer: 99490

Malaysische Medizinprodukte-Registrierungsnummer: GB10979720-50888

Malaysia Authorized Representative:
Emergo Malaysia Sdn. Bhd.
Level 16, 1 Sentral Jalan Stesen Sentral 5 KL Sentral, 50470
Kuala Lumpur MALAYSIA



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

Jeder schwerwiegende Vorfall, der sich im Zusammenhang mit diesem Produkt ereignet, muss NeoSoft und der zuständigen Behörde Ihres Mitgliedslandes gemeldet werden.

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 9
 - Filmmodus 9
 - Matrix-Modus 10
 - Querverweis-Modus 11
 - Bildbearbeitungs-Werkzeuge 11
- Tastenkombinationen 13
- Analyseansicht 15
 - Analyseansichts-Prüfung 16
- Befund-Ansicht 18
- DB durchsuchen 19
 - Funktionen des Fensters „Datenbank durchsuchen“ 19
 - Verfahren zum Durchsuchen der Datenbank 20

Bildverwaltungswerkzeuge 21

- Viewer 21
 - Bild-/Serien-Navigation 22
 - Viewer-Funktionen 23
- Vergleichsmodus 25
 - Beispiel eines Arbeitsablaufs 27

Einstellungen definieren 29

- Einstellungen festlegen 29
 - Registerkarte „Global“ 29
 - Vorlageneinstellungen 37
 - Registerkarte „Makro“ 41
 - Registerkarte „Drucken“ 43
 - Registerkarte „Virtual Fellow®“ 44
 - Registerkarte „T1/T2-Mapping“ 45
 - Import-Einstellungen 46
 - Export-Einstellungen 46

Virtual Fellow® 47

- Vorbereitung mittels Virtual Fellow® 48
- Benutzeroberfläche von Virtual Fellow® 49
 - Auswahloptionen von Virtual Fellow® 49
 - Ansichtsprotokolle 51
 - Tastatur-Shortcuts 52
 - Auswahl einer Serie für Ansichtsprotokolle durch Benutzer 53
 - Auswahl einer Serie für Querverweis-Langachsen-Darstellungsfenster durch Benutzer 54

Bearbeiten von Konturen 55

- Herkömmliche Bearbeitung 55
- Bearbeitungswerkzeug 56
- Konturen-Pull-Tool 57
- Löschen einer Kontur 59

Funktionsanalyse 60

- Ventrikel 61
 - Indexmessungen berechnen 61
 - Automatische LV- und RV-Segmentierung 61
 - Verfahren zur manuellen LV- und RV-Funktionsanalyse 65
 - Basale Interpolation 66
 - Bewegungskorrektur zwischen Serien 68
 - Interpolationsfunktion 70
 - Ergebnisse der ventrikulären Funktionsanalyse 72
 - Linksventrikuläre regionale Analyse 75
 - Dyssynchronie-Analyse 76
 - Verfahren der schnellen LV-Funktionsanalyse 77
- Vorhöfe 78
 - Verfahren zur manuellen LA- und RA-Funktionsanalyse 78
 - Verfahren zur schnellen LA- oder RA-Funktionsanalyse 79
 - Atriale Abmessungen und Bereich 79
- Standardmessungen 80
 - Messung durchführen 80
- Analyse der Klappenebene 82

Flussanalyse 84

- Flussanalyse mithilfe der automatischen Segmentierung 86
 - Konturen bearbeiten 89
 - Optionen für die Grundlinienkorrektur 92
 - Flusswerkzeuge 94

Farbüberlagerung	95
Benutzerdefinierte Spitzengeschwindigkeit	96
Kurvenmodus-Auswahloptionen	96
Flussergebnisse anzeigen	100
Kategoriebezeichnung für Fluss 1, Fluss 2 ändern	100
Integrierte Analyse	102

Myokardiale Beurteilung 110

Ergebnis-Messwertbezeichnungen definieren	111
Late-Enhancement-Analyseverfahren	112
T2-Analyse	115
Kombinationsanalyse	117
Late Enhancement und T2	117
Signaldifferenzial-Ergebnisse	121
Early-Enhancement-Analyse	122
Werkzeug „Lokaler ROI“	123

T1-Mapping-Analyse 125

Analyse durchführen	126
16-Segment-Polar-Darstellung	128
Löschen von Konturen	129
T1-Kurven überprüfen	129

T2-Mapping-Analyse 130

Analyse durchführen	131
16-Segment-Polar-Darstellung	132
Löschen von Konturen	133
T2-Kurven überprüfen	133

Myokardiale Perfusion 135

Analyse der myokardialen Perfusion durchführen	137
Konturen bearbeiten	138
Ergebnisse überprüfen: Polardiagramm mit 16 Segmenten	138
Grafische/tabellarische Ergebnisse überprüfen	138
Relativen Anstieg (RU) und Reserveindex (RI) berechnen	139
Definition der Parameter, die aus der Kurve für die myokardiale Perfusion berechnet werden	140

Analyse eines persistierenden Foramen ovale (PFO) 141

T2Star 145

Verfahren zur Herzanalyse	146
Farbdarstellung des Myokards erstellen	147
Anpassen der Parameter	147
T2Star-Ergebnisse überprüfen	148

3D-/4D-Flow-Viewer 149

Strukturierte Befunderstellung 162

Befundinhalt definieren	162
-------------------------	-----

Strukturierte Befundansicht	162
Registerkarte „Anamnese“	162
Registerkarte „Erkenntnis“	164
Registerkarte „Bilder“	165
Register „Polardiagramme“	167
Befundvorschau	169
Untersuchung genehmigen	170
Exportoptionen	171
Genehmigte Untersuchung überprüfen	172

Befunddatenbank 173

Verfahren für das Werkzeug „Befunddatenbank“	173
Abfrage erstellen	173
Suche aktivieren	175
Ergebnisse anzeigen	175
Abfrage speichern	177
Favoriten löschen	178
Suchergebnisse in eine HTML-Datei exportieren	179
Datenbank exportieren	179
Datenbank importieren	180

Tablet-Modus 181

Anhang 183

Anhang A – Referenzartikel	183
Anhang B – Beispiel für Funktionsanalyse der Scanebene	184

Index 186

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 durchgesehen 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 Vorsicht weisen im gesamten Handbuch auf Risiken hin und geben deren Schweregrad an. Ein 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
 GEFAHR:	„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.
 WARNUNG:	„Warnung“ wird verwendet, um Bedingungen oder Handlungen zu identifizieren, für die eine bestimmte Gefahr bekannt ist.
 VORSICHT:	„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 Untersuchungen 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 bei der Analyse der Bilder. Sie liefert nicht automatisch eine klinische Interpretation der 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. Je nach zuständiger 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.

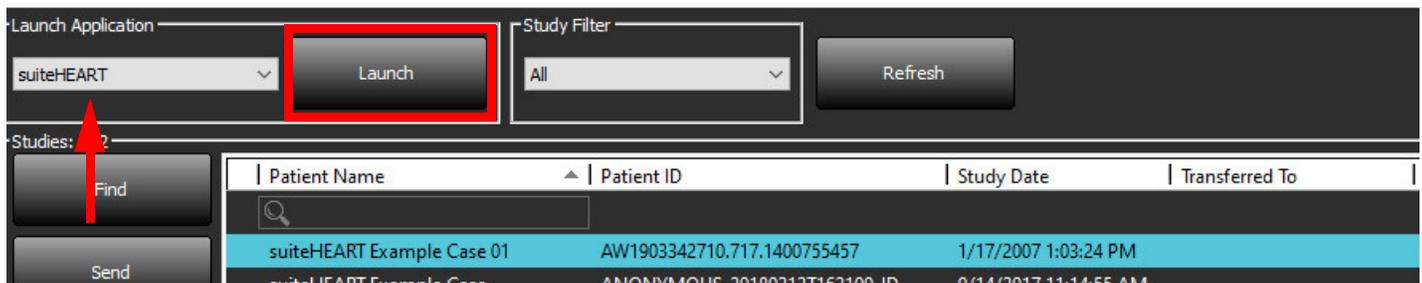
Die suiteHEART®-Software starten

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:

- Wählen Sie „Starten“ aus.
- Doppelklicken Sie auf die Studie.

4. Wählen Sie eine Gruppe von Studien und dann „Starten“ aus.

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

HINWEIS: Die Bildschirmauflösung muss auf mindestens 1920 x 1080 eingestellt werden, weil die Software anderenfalls nicht startet.



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 oder klicken Sie auf das X oben rechts auf der Benutzeroberfläche.

ABBILDUNG 2. Die suiteHEART®-Software schließen

 suiteHEART®

File	Tools	Help
Select Analysis ▶		
Browse DB		Ctrl+O
Switch Study		Ctrl+S
Preview Report		Ctrl+R
Print Report		Ctrl+P
Approve Exam		Ctrl+G
Load Approved Exam		
Exit		Ctrl+Q

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

The screenshot displays the suiteHEART software interface, divided into three main sections highlighted by yellow boxes and labels:

- Analyseansicht (Analysis View):** Located on the left, it features a menu bar (File, Tools, Help) and a toolbar with various analysis tools. Below the toolbar is a 'Measurement' table with columns for 'Range' and '[z-score]'. A line graph at the bottom shows 'Volume (ml)' vs 'Time (ms)'.

Measurement	Range	[z-score]
EF (%)	55	71.0
ESV (ml)	73	73
HR (bpm)	73	73
PER (ml/s)	638	304
PER (ml/s)	548	379
CO (l/min)	7.1	5.4
CI (l/min/m ²)	3.71	2.90
SVI (ml/m ²)	50.9	38.4
Mass (g)	87 (ED)	
Mass Index (g/m ²)	46 (ED)	
- Bildansicht (Image View):** The central area displays a grid of 'Miniaturansicht' (Thumbnail) images at the top. Below is a large 'Editor-Fenster' (Editor Window) showing a detailed cardiac MRI slice with colored contours. A 'Modus-Ansicht' (Mode View) is also visible. The interface includes various navigation and zooming tools.
- Befundansicht (Report View):** Located on the right, it shows a 'HISTORY' panel with patient information: Name, ID, Accession, Age (years), Sex, Height (cm), Weight (kg), and BSA (m²). The BSA value is 1.91 (DuBois and DuBois).

Analyse-/Viewer-Modi

Tabelle 1: Analyse-Modi

						
Funktionsanalyse	Flussanalyse	Myokardiale Beurteilung	T1-Mapping	T2-Mapping	Analyse der myokardialen Perfusion	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.

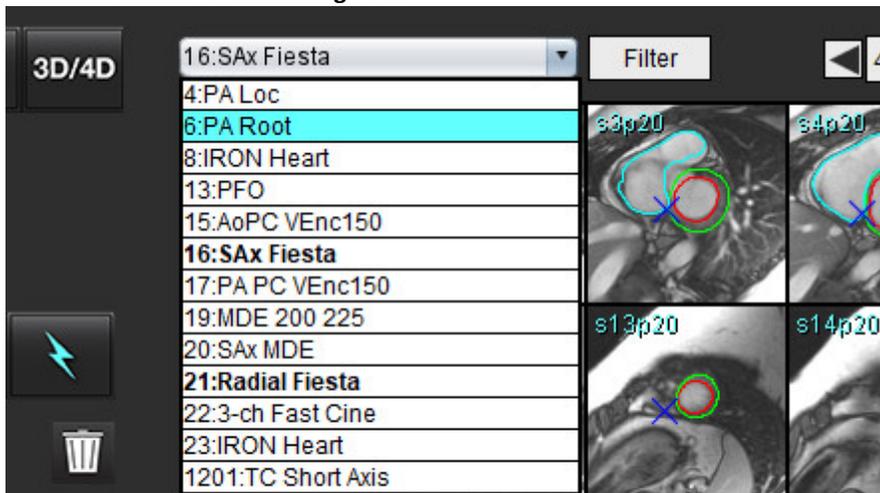
Tabelle 2: Viewer-Modi

		
Viewer	Virtual Fellow®	3D-/4D-Flow-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 Pull-down-Menü für Seriendateien links neben der Schaltfläche „Filter“ kann auch für die Auswahl von Serien verwendet werden. Serien, für die Analysen oder Untersuchungsbereiche vorhanden sind, erscheinen in Fettdruck (siehe Abbildung 2).

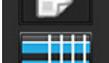
ABBILDUNG 2. Serien-Navigation



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, Myokardiale Perfusion, PFO, T2Star, T1-Mapping, T2-Mapping, 3D-/4D-Flow-Viewer und DENSE*) 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.

*Forschungsvereinbarung erforderlich

Werkzeugmenü-Optionen

Einstellungen >

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

Importieren – Stellt die Benutzereinstellungen und Makros wieder her.

Exportieren – Exportiert alle Benutzereinstellungen.

Exportieren >

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

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

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

Bilder in DICOM – Speichert einen DICOM-Film der aktuell ausgewählten Serie als SCPT-Datei.

Befund in ... – Exportiert die Ergebnisse in ein Drittanbieter-Befundsystem.

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

Daten in Matlab – Exportiert eine Mat-Datei in binärer Form. (Nur mit Lizenz verfügbar)

Belastungsdaten in Matlab – Exportiert eine Mat-Datei in binärer Form. (Für Strain-Analyse ist eine Forschungsvereinbarung erforderlich)

- Befunddatenbank – Öffnet die Benutzeroberfläche für Datenbanksuchen.
- 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-Schiebereglern  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 [Funktion auf Seite 34](#). 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.

 – Bilder pro Sekunde: 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



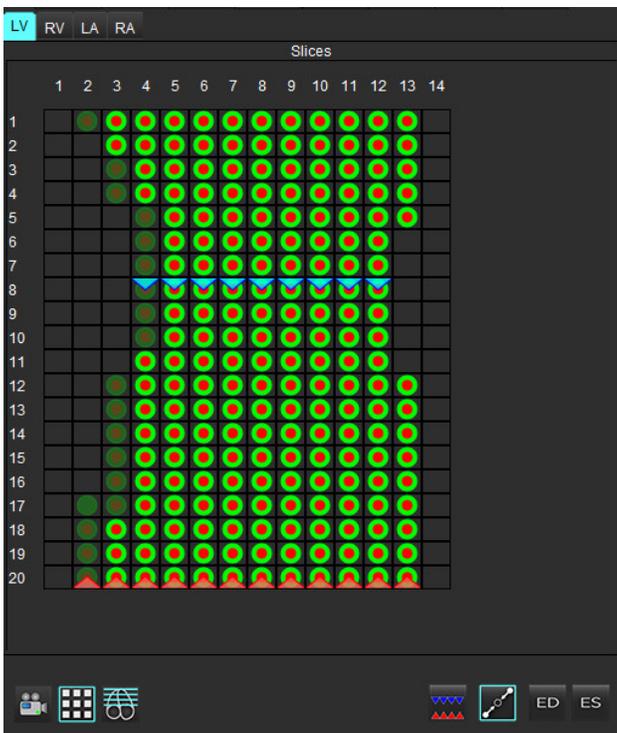
Symbol für Matrix-Modus: Zeigt ein Raster von Bildern in Schichten/Phasen an.

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 eine Matrix-Zelle geklickt wird, wird dadurch die Schicht in der Bildbearbeitung angezeigt.

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 des Papierkorbsymbols ausgelöst. Konturen aus Einzelphasen oder Phasen-/Schichtgruppen lassen sich auch durch direktes Auswählen der gewünschten Phasen- und Schichtpositionen, Durchführung eines rechten Mausklicks und Auswahl des Papierkorbsymbols durchführen.

HINWEIS: Die x-(Schicht) und y-(Phase) Achse kann getauscht werden. Weitere Hinweise finden Sie unter [Funktion auf Seite 34](#). Wenn die Einstellung geändert wird, 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. Querverweis-Bedienelemente

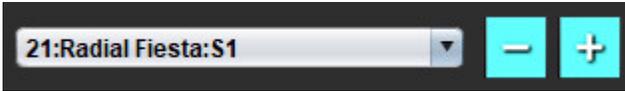


ABBILDUNG 5. Symbol für Querverweis-Modus



Bildbearbeitungs-Werkzeuge

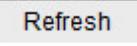
Tabelle 4: Werkzeugbeschreibungen

	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.

Tabelle 4: Werkzeugbeschreibungen

	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.
	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.

Tabelle 4: Werkzeugbeschreibungen

	Komponentensuche – Querverweis-Werkzeug zur automatischen Erkennung und Anzeige von Bildern, die die gleiche Stelle zeigen.
	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	Alt + Mittlere Maustaste
Film abspielen/anhalten	Leertaste
Alle Bilder erneut für Anzeige auswählen	Strg+A
Befunddatenbank	Strg+D
Bearbeiten	Strg+E
Sichtfeld (FOV) umschalten	Strg+F
Untersuchung genehmigen	Strg+G
Fenster/Ebene umkehren	Strg+I
Dicklinige Beschriftung	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

Tabelle 5: Tastenkombinationen

Funktion	Maßnahme
DENSE	Strg+0
Funktion	Strg+1
Fluss	Strg+2
Myokardiale Beurteilung	Strg+3
Myokardiale Perfusion	Strg+4
PFO	Strg+5
T2Star	Strg+6
T1-Mapping	Strg+7
T2-Mapping	Strg+8
3D-/4D-Flow-Viewer	Strg+9
Zwischen Schichten navigieren*	Linke und rechte Pfeiltasten
Zwischen Phasen navigieren*	Aufwärts- und Abwärtspfeile
Virtual Fellow®-Schicht navigieren	Tasten Z und A für nächste und vorherige Schicht
Untersuchungsbereich-Bearbeitungswerkzeuge	
Untersuchungsbereich kopieren	Strg+C
Untersuchungsbereich einfügen	Strg+V
Untersuchungsbereich glätten	Strg+S
Untersuchungsbereich horizontal verschieben	W- und S-Tasten
Untersuchungsbereich vertikal verschieben	A- und D-Tasten
Punkt-Spline-Ecke erstellen	Alt + Linke Maustaste
Punkt löschen (Punkt-Spline)	LÖSCHEN + Cursor auf einem Punkt
3D/4D-Flow-Viewer-Bearbeitungswerkzeuge	
3D-Drehung	Strg + Alt + Mittlere Maustaste
Bild zoomen	Strg + Mittlere Maustaste
Fenster/Ebene	Alt + Mittlere Maustaste

*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

suiteHEART®

File Tools Help Ja

Ventricles Atria Other

LV, RV: 16:SAx Fiesta

Measurement	LV	Range/ [z-score]	RV	Range/ [z-score]
<input checked="" type="checkbox"/> EF (%)	57	50 - 70	51	
<input checked="" type="checkbox"/> SV (ml)	94.9		73.4	
<input checked="" type="checkbox"/> EDVI (ml/m ²)	86.8		75.5	
<input checked="" type="checkbox"/> ESVI (ml/m ²)	37.2		37.1	
<input checked="" type="checkbox"/> EDV (ml)	166		144	
<input checked="" type="checkbox"/> ESV (ml)	71.2		71.0	
<input checked="" type="checkbox"/> HR (bpm)	73		73	
<input checked="" type="checkbox"/> PFR (ml/s)	542		304	
<input checked="" type="checkbox"/> PER (ml/s)	547		379	
<input checked="" type="checkbox"/> CO (l/min)	6.9		5.4	
<input checked="" type="checkbox"/> CI (l/min/m ²)	3.62		2.80	
<input checked="" type="checkbox"/> SVI (ml/m ²)	49.6		38.4	
<input checked="" type="checkbox"/> Mass (g)	88 (ED) ▼			
<input checked="" type="checkbox"/> Mass Index (g/m ²)	46 (ED) ▼			

LV RV

Volume (ml)

Time (ms) [Interpolation ON]

1 →

2 →

3 →

4 →

5 →

1. Ergebnistabelle, 2. Grafik anzeigen, 3. Löschen, 4. Grafiken, 5. Tabellen

Analyseansichts-Prüfung

Ergebnistabelle

Die Messergebnisse können in den Einstellungen neu sortiert und konfiguriert werden (siehe Registerkarte „Drucken“ auf Seite 43). Die Messerggebnistabelle kann neu sortiert werden. Dazu wählen Sie eine Zeile aus und ziehen sie auf eine neue Position. Die Reihenfolge der Tabelle ist standardmäßig stets die Reihenfolge in den Einstellungen für alle neuen Studien. Klicken Sie auf das Feld neben der Messung, um diese in den Befund aufzunehmen oder nicht aufzunehmen.

ABBILDUNG 7. Ergebnistabelle

Measurement	LV	Range/ [z-score]	RV	Range/ [z-score]
<input checked="" type="checkbox"/> EF (%)	57	50 - 70	51	
<input checked="" type="checkbox"/> SV (ml)	94.9		73.4	
<input checked="" type="checkbox"/> EDVI (ml/m ²)	86.8		75.5	
<input checked="" type="checkbox"/> ESVI (ml/m ²)	37.2		37.1	
<input checked="" type="checkbox"/> EDV (ml)	166		144	
<input checked="" type="checkbox"/> ESV (ml)	71.2		71.0	
<input checked="" type="checkbox"/> HR (bpm)	73		73	
<input checked="" type="checkbox"/> PFR (ml/s)	542		304	
<input checked="" type="checkbox"/> PER (ml/s)	547		379	
<input checked="" type="checkbox"/> CO (l/min)	6.9		5.4	
<input checked="" type="checkbox"/> CI (l/min/m ²)	3.62		2.80	
<input checked="" type="checkbox"/> SVI (ml/m ²)	49.6		38.4	
<input checked="" type="checkbox"/> Mass (g)	88 (ED) ▼			
<input checked="" type="checkbox"/> Mass Index (g/m ²)	46 (ED) ▼			

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. Grafik (links) und Tabelle (rechts)



Tabelle 6: Analysewerkzeuge

 Linksventrikulärer endokardialer Untersuchungsbereich	 Linksventrikulärer lokaler Untersuchungsbereich
 Linksventrikulärer epikardialer Untersuchungsbereich	 Linksventrikulärer Untersuchungsbereich, Blutpool
 Rechtsventrikulärer endokardialer Untersuchungsbereich	
 Rechtsventrikulärer epikardialer Untersuchungsbereich	
 Annulus der Mitralklappe	
 Annulus der Trikuspidalklappe	
 Rechtsventrikulärer Einfügpunkt	
 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 162](#).

ABBILDUNG 9. Befund-Registerkarten

The screenshot displays a patient record card with the following elements:

- Tabs:** HISTORY (selected), IMPRESSION, IMAGES, POLAR PLOTS, FLOW.
- Table:** A table with columns 'Name' and 'Value'.

Name	Value
<input checked="" type="checkbox"/> Study Date	Jan 17, 2007
<input type="checkbox"/> Institution	
<input checked="" type="checkbox"/> Referred By	
<input checked="" type="checkbox"/> Copies To	
<input type="checkbox"/> Description	
<input checked="" type="checkbox"/> Name	suiteHEART Example Case 01
<input checked="" type="checkbox"/> ID	AW1903342710.717.1400755457
<input type="checkbox"/> Accession	
<input checked="" type="checkbox"/> Age(years)	38
<input checked="" type="checkbox"/> Sex	Female
<input checked="" type="checkbox"/> Height(in)	63
<input checked="" type="checkbox"/> Weight(lb)	195
<input checked="" type="checkbox"/> BSA(m ²)	1.91 [DuBois and DuBois]
- HISTORY:** A section with a checked checkbox and a label 'HISTORY', followed by a large empty text area.
- NOTES:** A section with a label 'NOTES' and a large empty text area.
- Bottom Right:** 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 „DB durchsuchen“ zeigt eine Ansicht der aktuellen Studien in der lokalen Datenbank an. Mithilfe von Bedienelementen können Sie wählen, welche Studien angezeigt werden oder welche in die Liste „Studie auswechseln“ aufgenommen werden sollen.

ABBILDUNG 10. DB durchsuchen

The screenshot shows the 'DB durchsuchen' window. The top section is a table with columns: Study Id, Name, Patient Id, Accession, Study Date, Description, Modality, Instl., Referral, and Study Inst. Lid. The table lists various studies, with 'ANONYMIZED Case 24' highlighted. Below the table are two buttons: 'Add To Viewer' and 'Remove From Viewer'. The bottom section shows a detailed view of the selected study, 'suiteHEART® Example Case 01', with columns: Study Id, Name, Patient Id, Accession, Study Date, Description, Modality, Institution, Referral, and Study Inst. Lid. The detailed view shows 'suiteHEART® Example Case 01' with Patient Id 'AN1903342710.717.14007554...'. Red arrows and numbers 1 through 6 point to specific elements: 1 points to the table, 2 points to the detailed view, 3 points to the 'Add To Viewer' button, 4 points to the 'Remove From Viewer' button, 5 points to the 'Update View' button, and 6 points to the 'Cancel' button.

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

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

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

1. Klicken Sie auf **Datei > DB durchsuchen**.
2. Machen Sie die Studie 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 Studie 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 Studie 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 Studien im Betrachter angezeigt werden können, müssen sie in die suiteHEART®-Software geladen werden. Informationen zum Ausfüllen der Liste „Studie auswechseln“ finden Sie unter [Verfahren zum Durchsuchen der Datenbank auf Seite 20](#).

So wechseln Sie Studien innerhalb der suiteHEART®-Software aus

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 Studie 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.

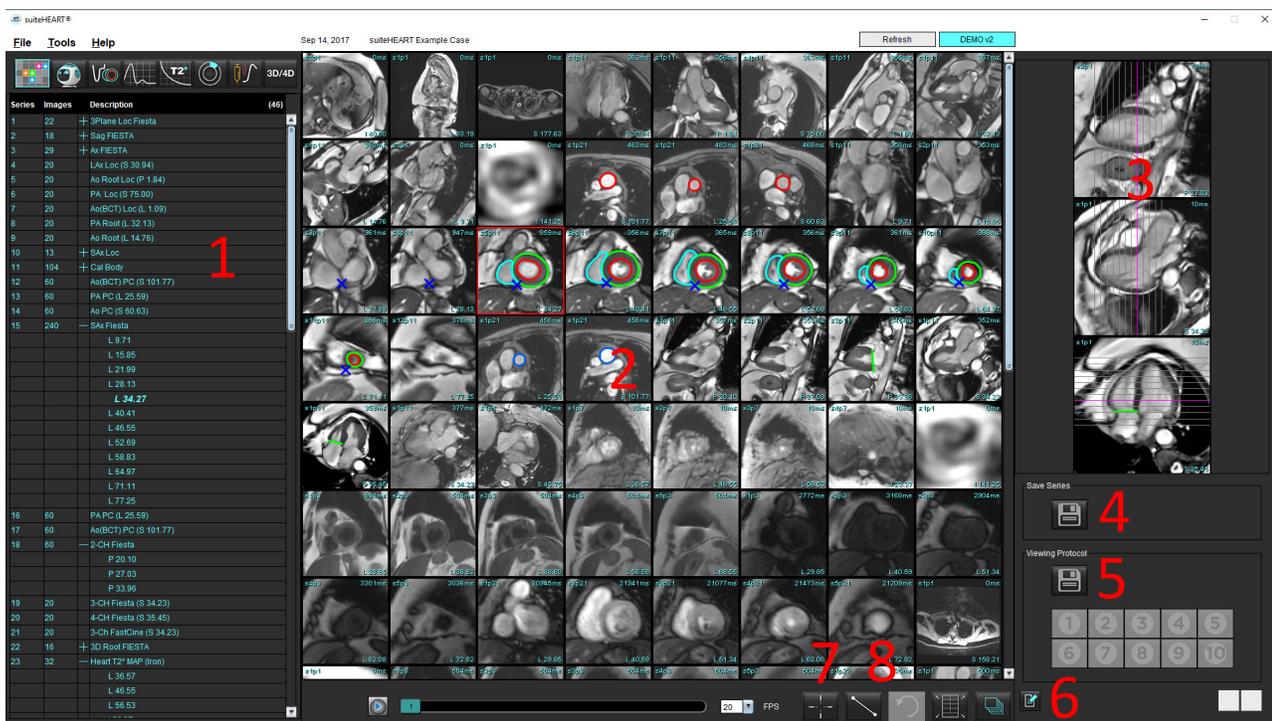
Bildverwaltungswerkzeuge

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: Bildexport kann nur in den Analysemodi durchgeführt werden.

ABBILDUNG 1. Viewer



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

Bild-/Serien-Navigation

Klicken Sie auf eine Serie und verwenden Sie die Bild-auf-/Bild-ab-Tasten auf der Tastatur, um durch die Schichtpositionen in der Serie zu navigieren.

Navigieren Sie zur nächsten Serie, indem Sie die rechte Pfeiltaste auf der Tastatur drücken, bzw. zur vorherigen Serie, indem Sie die linke Pfeiltaste drücken.

Beim Navigieren zu einer mehrphasigen Serie wird diese in einem automatischen Layout angezeigt, wobei eine einphasige Serie in einem 1x1-Layout angezeigt wird.

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. Drücken Sie die Strg-Taste und wählen Sie das Querverweis-Werkzeug aus, um den primären Cursor zu aktivieren. Alle in der Nähe liegenden Schichtpositionen werden automatisch angezeigt.

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.

Tastenkombination

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

*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.

Viewer-Funktionen

Neue Serie erstellen

Der Viewer ermöglicht die Erstellung von Serientypen, die für die Analyse der Funktion, myokardialen Beurteilung, myokardialen Perfusion sowie für T2Star-, T1-Mapping- und T2-Mapping-Analysen nur für die Überprüfung (benutzerdefiniert) verwendet werden. Serien, die erstellt werden, werden der Serienuflistung für die jeweilige Studie hinzugefügt und können in der suiteHEART®-Software-Anwendung angezeigt und analysiert werden.

HINWEIS: Damit eine Serie für die Analyse gültig ist, muss jede Schichtposition die gleiche Anzahl von Phasen, die gleichen Erfassungsparameter und den gleichen Scan-Ebenen-Plan aufweisen.



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 Schichtpositionen achten. Löschen Sie keine Originalbilder, die für den DICOM-Import verwendet wurden.

1. Wählen Sie die gewünschten Serien oder Schichtpositionen aus der Serienuflistung aus.
2. Wählen Sie eine Gruppe von Serien oder Schichtpositionen mit Umschalt-Klick, oder fügen Sie mit Strg-Klick eine einzelne Serie oder Schichtposition 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“.



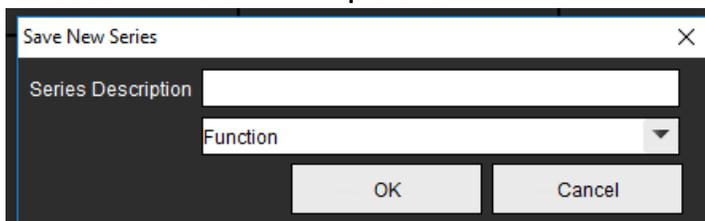
5. Wählen Sie  im Feld „Serie speichern“ aus (Abbildung 2).

ABBILDUNG 2. Feld „Serie speichern“



6. Geben Sie den Namen für die Anwendungs-Serienbeschreibung ein.
7. Wählen Sie den entsprechenden Serienanwendungstyp aus dem Datei-Pulldown-Menü aus (Abbildung 3). Bei Auswahl von **Benutzerdefiniert** können Bilder mit unterschiedlichen Scanebenen und Sequenzarten als eine Serie gespeichert werden.

ABBILDUNG 3. Neue Serie speichern



Ansichtsprotokoll erstellen

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

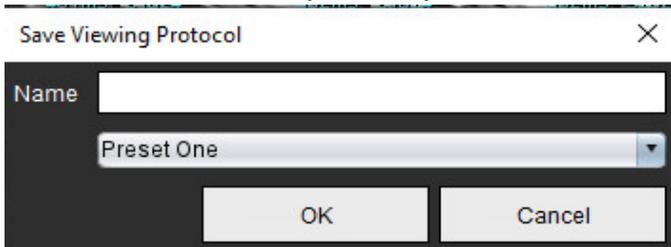
HINWEIS: Ansichtsprotokolle erfordern die gleichen Serienbezeichnungen für jede Studie. Wenn die Serienbezeichnungen geändert wurden, werden die Bilder im Darstellungsfenster nicht angezeigt.



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 Schichtpositionen aus der Serienauflistung aus.
2. Wählen Sie eine Gruppe von Serien oder Schichtpositionen mit Umschalt-Klick, oder fügen Sie mit Strg-Klick eine einzelne Serie oder Schichtposition 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 4).
7. Klicken Sie zum Speichern auf OK.

ABBILDUNG 4. 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 .

Vergleichsmodus

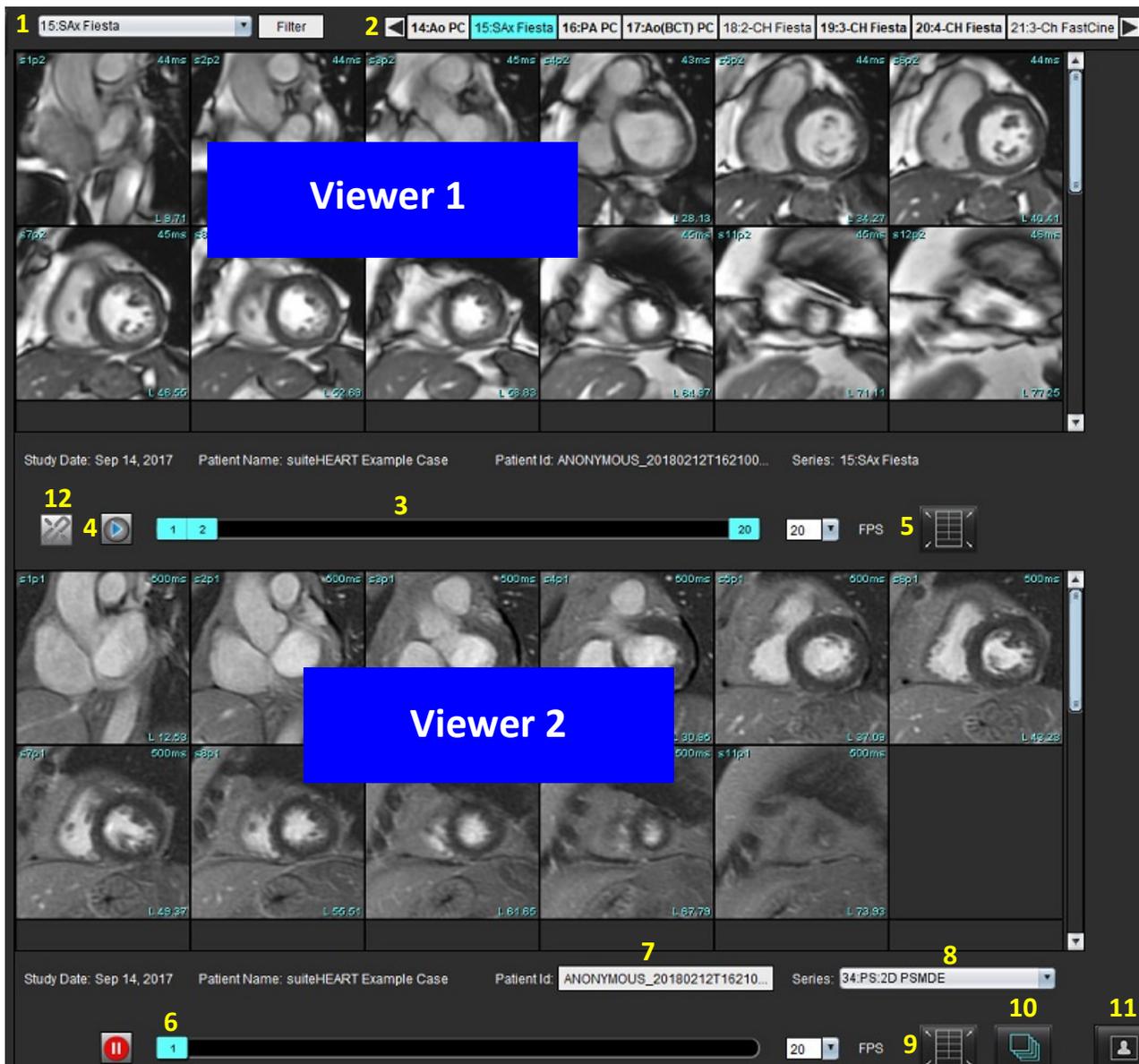
Der Vergleichsmodus ermöglicht die Überprüfung von Bildern/Serien in einer aktuellen Untersuchung oder einer früheren Untersuchung innerhalb der gleichen Benutzeroberfläche.

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-Untersuchungsanzeigeeinformationen für beide Viewer.

ABBILDUNG 5. Vergleichsmodus-Viewer

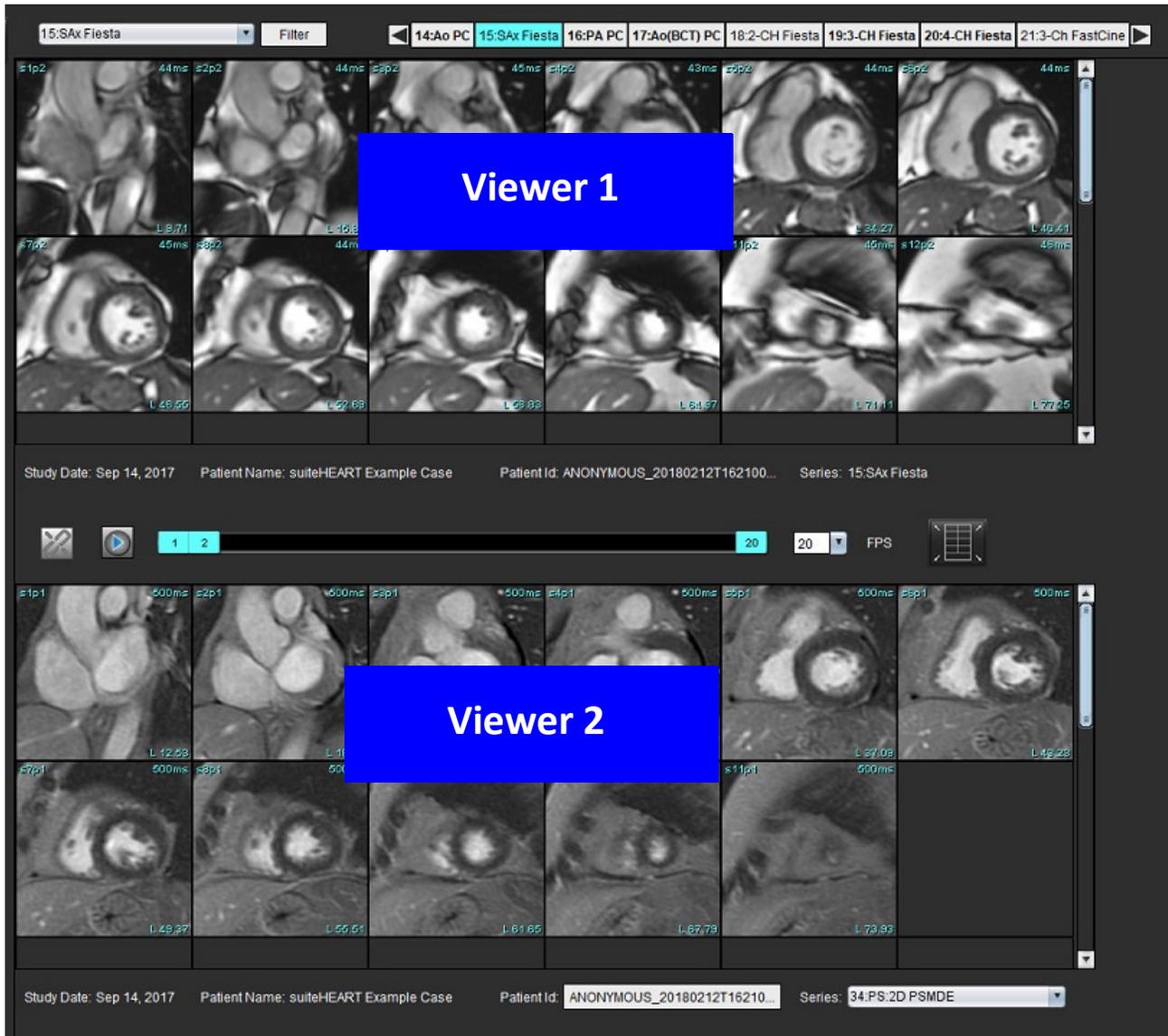


Viewer	Legende	Beschreibung
Viewer 1	1	Serien-Pulldown-Menü
	2	Serien-Selektor
	3	Aktuell angezeigte Patienten-Untersuchungsanzeigezeile
	4	Bild-Bedienelemente
	5	Viewport-Layout-Optionen
Viewer 2	6	Aktuell angezeigte Patienten-Untersuchungsanzeigezeile
	7	Untersuchungs-Selektor
	8	Serien-Selektor
	9	Viewport-Layout-Optionen
Beide Viewer	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 6 gezeigt.

ABBILDUNG 6. Im Vergleichsmodus anzeigen



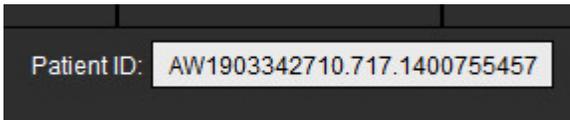
3. Ändern Sie die Serie im Viewer 1 mithilfe des Pulldown-Menüs „Serienauswahl“ oder mit den Rechts-/Linkspfeilen.
 - Der obere Viewer zeigt immer die aktuelle Studie an, die zuvor gestartet wurde.
4. Wählen Sie im Viewer 2 eine andere Serie im Pulldown-Menü „Serie“ in der gleichen Untersuchung für einen 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 7. Pulldown-Menü „Serie“, Viewer 2



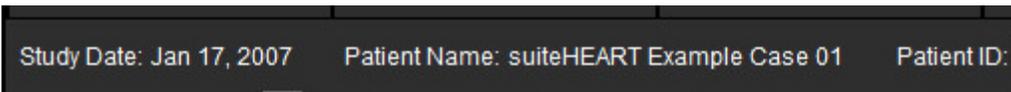
5. Verwenden Sie den Untersuchungs-Selektor, um eine Untersuchung im Viewer 2 mit der aktuellen Untersuchung im Viewer 1 zu vergleichen.

ABBILDUNG 8. Untersuchungs-Selektor, Viewer 2



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

ABBILDUNG 9. Untersuchungsanzeigeinformationen



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:

- Bearbeiten
- Importieren
- Exportieren

WICHTIG: Es wird empfohlen, die Benutzereinstellungen vor der Analyse des ersten auszuwertenden Falls vorzunehmen. Damit die Änderungen an den Einstellungen wirksam werden, müssen Sie die aktuelle Untersuchung schließen und dann suiteDXT schließen und wieder neu starten.

Einstellungen festlegen

Einstellungen für die folgenden Funktionen können auf der Registerkarte „Global“ angepasst werden.

- Befund
- Autorisierte Befund-Genehmiger
- Allgemein
- Fluss
- Leerlauf-Timer
- Funktion
- Virtual Fellow®
- Myokardiale Beurteilung
- Serienfilter
- Export (Bild/Video)

Anwenderdefinierte Ergebnisparameterbereiche können auf der Registerkarte „Vorlage“ erstellt werden. Makros für die strukturierte Befunderstellung können auf der Registerkarte „Makro“ erstellt werden.

Registerkarte „Global“

Wenn Sie oben links auf der Registerkarte „Rücksetzen“ auswählen, werden alle Anwenderauswahloptionen gelöscht.

Befund

Konfiguriert die in allen Befunden angezeigten Kopfzeileninformationen.

ABBILDUNG 1. Befundeinstellungen

Global | Template | Macro | Print | Virtual Fellow® | T1/T2 Mapping

Report

Use the field values below in Report

Support even and odd row

Report Title :

Report Sub Title 1 :

Report Sub Title 2 :

Header Line 1 :

Header Line 2 :

Header Line 3 :

Header Line 4 :

Exam File Name :

Paper Size : A4 LETTER

Graph Size : Large Small

Logo

Auswahloptionen für Befundeinstellungen

1. Klicken Sie in der Menüleiste der Bildansicht auf **Werkzeuge > Einstellungen > Bearbeiten**.
2. Wählen Sie die Registerkarte **Global** aus.
3. Setzen Sie den Cursor in das gewünschte Feld des Bereichs **Befund** 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 auf der Benutzeroberfläche und 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**.

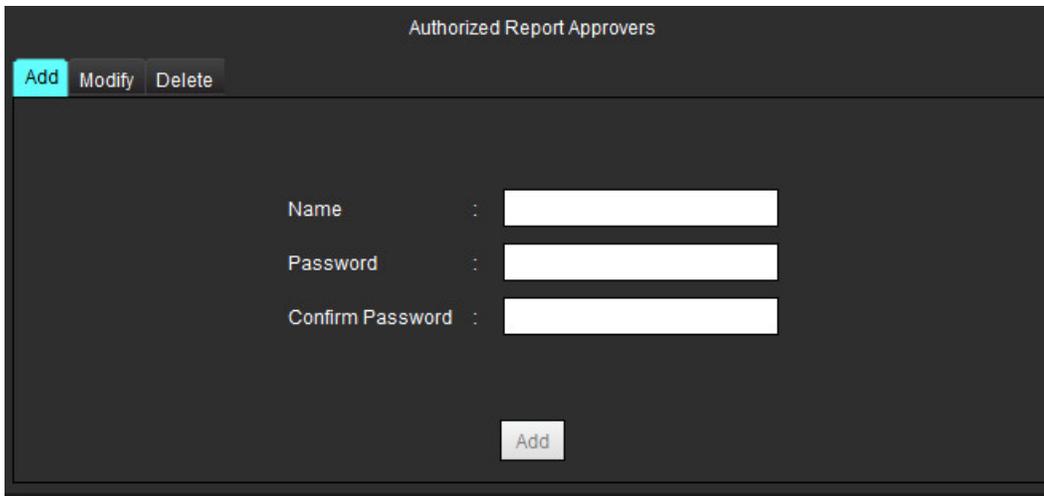
Das Logo sollte nun im Bereich der Befundeinstellungen erscheinen.

5. Klicken Sie mit der rechten Maustaste auf **Name der Untersuchungsdatei**, um den Namen der Exportbefunddatei zu konfigurieren (nur für genehmigte Untersuchungen).
6. Wählen Sie **Speichern und Beenden** aus.
Klicken Sie auf **Abbrechen**, um den Vorgang zu beenden, ohne zu speichern oder Änderungen zu übernehmen.

Autorisierte Befund-Genehmiger

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

ABBILDUNG 2. Autorisierte Befund-Genehmiger

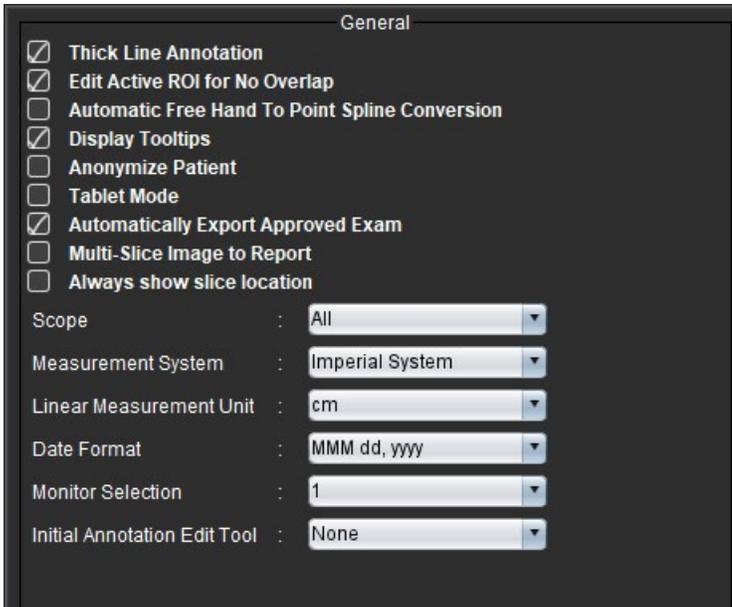


Befund-Genehmiger verwalten

1. Klicken Sie in der Menüleiste der Bildansicht auf **Werkzeuge > Einstellungen > Bearbeiten**.
2. Wählen Sie die Registerkarte **Global** 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.
6. Wählen Sie **Speichern und Beenden** aus.
 - Klicken Sie auf **Abbrechen**, um den Vorgang zu beenden, ohne zu speichern oder Änderungen zu übernehmen.

Allgemein

ABBILDUNG 3. Allgemeine Einstellungen



Auswahloptionen für allgemeine Einstellungen

1. Klicken Sie in der Menüleiste des Bildbetrachters auf **Werkzeuge > Einstellungen > Bearbeiten**.
2. Wählen Sie die Registerkarte **Global** aus.
3. Markieren Sie das Kästchen **Dicklinige Beschriftung**, um Beschriftungen als dicke Linien anzuzeigen.
4. 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.
5. Markieren Sie **Automatische Konvertierung von Freihand zu Punkt-Spline**, um einen Freihand-ROI automatisch in das Punkt-Spline-Format zu konvertieren.
6. Markieren Sie **QuickInfo anzeigen**, um Benutzeroberflächen-QuickInfos anzuzeigen.
7. 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.
8. Markieren Sie **Tablet-Modus**, um die Anwendung auf einem Tablet-Gerät zu verwenden.
9. Markieren Sie **Genehmigte Untersuchung automatisch exportieren**, um den Befund nach der Genehmigung als DICOM-Datei zu exportieren.
10. Markieren Sie **Mehrschichtiges Bild an Befund**, um eine Rechtsklickoption zum Hinzufügen einer Gruppe von Multi-Frame-Kurzachsenbildern hinzuzufügen.
11. Markieren Sie **Schichtposition immer anzeigen**, um die Schichtpositions-Beschriftung im Darstellungsfenster anzuzeigen.
12. Wählen Sie den **Geltungsbereich** für die Bildbearbeitung aus dem Pulldown-Menü aus.

13. Wählen Sie das **System der Messwerte** (zöllisch oder metrisch) aus dem Pulldown-Menü aus.
14. Wählen Sie das **Datumsformat** aus dem Pulldown-Menü aus.
15. Legen Sie im Pulldown-Menü den **ausgewählten Monitor** fest, wenn ein Dual-Monitor verwendet wird.
16. Wählen Sie den **Bearbeitungsmodus für erste Beschriftung** aus dem Pulldown-Menü aus. Die Auswahloptionen sind „Keine“, „Bearbeitungswerkzeug“ oder „Pull-Tool“.

Fluss

ABBILDUNG 4. Flusseinstellungen



Auswahloptionen für Flusseinstellungen

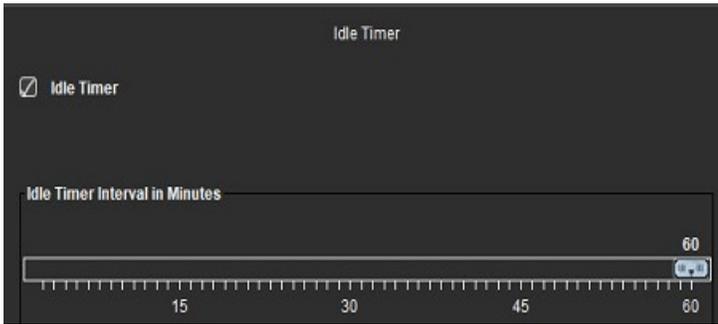
1. Klicken Sie in der Menüleiste des Bildbetrachters auf **Werkzeuge > Einstellungen > Bearbeiten**.
2. Wählen Sie die Registerkarte **Global** aus.
3. Markieren Sie das Kästchen **Automatische Grundlinienkorrektur**, um die automatische Phasen-Fehlerkorrektur für 2D- und 4D-Phasenkontrast durchzuführen.
4. Markieren Sie **Regurgitationsmodus: Automatisch**, um den Nettowert des negativen Flusses (unter der X-Achse) automatisch zu berechnen.
5. Markieren Sie **Von Benutzer bearbeiteten ROI ersetzen**, um von Benutzern bearbeitete ROIs zu ersetzen, wenn die Übertragung durchgeführt wird.
6. Markieren Sie **Bearbeitungswerkzeuge anzeigen**, um Bearbeitungswerkzeuge direkt im Bilddarstellungsfenster anzuzeigen.
7. Markieren Sie **Erweiterte Optionen anzeigen**, um auf positive, negative, Hüllkurven-Spitzen- und absolute Spitzen- und absolute Spitzen-geschwindigkeits-Ergebnisse zuzugreifen.
8. Definieren Sie die Kategoriebezeichnungen für **Fluss 1** oder **Fluss 2**, indem Sie eine neue Bezeichnung eingeben. Diese Bezeichnungen werden als QuickInfo in der Fluss-Benutzeroberfläche angezeigt.
9. Wählen Sie die angemessene **Flusseinheit** aus dem Pulldown-Menü aus (entweder ml/Herzschlag oder l/min).
10. Wählen Sie die **Standardmethode** für die Persistenz der Berechnungsmethode für den Bereich „Integrierter Fluss“ aus.
11. Wählen Sie **Speichern und Beenden** aus.

Klicken Sie auf **Abbrechen**, um den Vorgang zu beenden, ohne zu speichern oder Änderungen zu übernehmen.

Leerlauf-Timer

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

ABBILDUNG 5. Leerlauf-Timer-Einstellungen

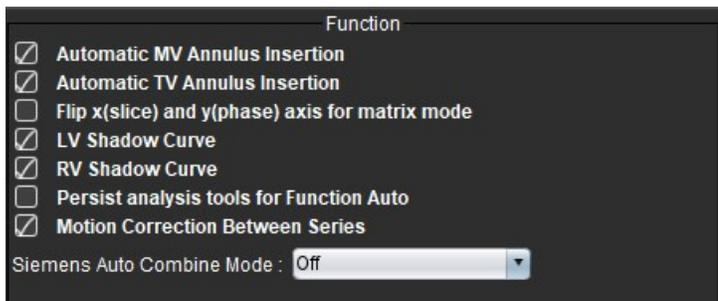


Auswahloptionen für Leerlauf-Timer

1. Klicken Sie in der Menüleiste der Bildansicht auf **Werkzeuge > Einstellungen > Bearbeiten**.
2. Wählen Sie die Registerkarte **Global** aus und setzen Sie den Cursor in den Bereich **Leerlauf-Timer**.
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 Auswahl zu speichern.
Klicken Sie auf **Abbrechen**, um den Vorgang zu beenden, ohne zu speichern oder Änderungen zu übernehmen.

Funktion

ABBILDUNG 6. Funktionseinstellungen



1. Klicken Sie in der Menüleiste des Bildbetrachters auf **Werkzeuge > Einstellungen > Bearbeiten**.
2. Wählen Sie die Registerkarte **Global** aus.
3. Zur automatischen Platzierung der Basallinie für die Funktionsanalyse markieren Sie entweder **Automatische Einfügung der MK- oder TK-Annulus-Linie**.
4. Markieren Sie **x-(Schicht) und y-(Phase) Achse für Matrix-Modus spiegeln**, um die Achsen zu tauschen.
5. Markieren Sie entweder **LV aktivieren** oder **RV-Schattenkurve**, um beide Kurven anzuzeigen.
6. Markieren Sie **Analyse-Tools für Funktion „Auto“ speichern** zur Durchführung der Bearbeitung bei Verwendung der automatischen Segmentierung.
7. Markieren Sie **Bewegungskorrektur zwischen Schichten**, um auf diese Funktion in der Funktionsanalyse zuzugreifen, siehe [Bewegungskorrektur zwischen Serien auf Seite 68](#).
8. Wählen Sie für **Automatischer Kombinationsmodus von Siemens** „Neuesten“, „Ältesten“ oder „Aufforderung“ aus dem Datei-Pulldown-Menü aus.
9. Klicken Sie auf **Speichern und Beenden**, um Ihre Auswahl zu speichern.
Klicken Sie auf **Abbrechen**, um den Vorgang zu beenden, ohne zu speichern oder Änderungen zu übernehmen.

Virtual Fellow®

ABBILDUNG 7. Virtual Fellow®-Einstellungen

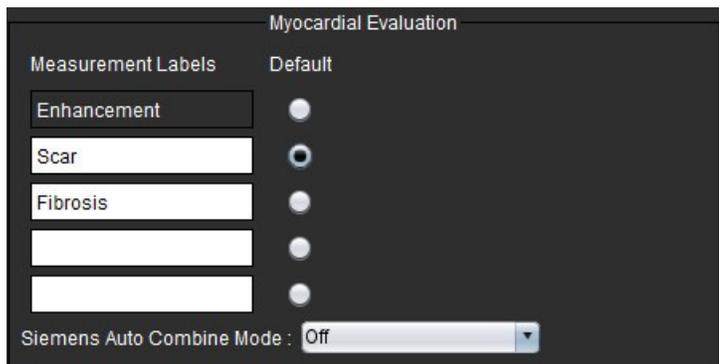


1. Klicken Sie in der Menüleiste des Bildbetrachters auf **Werkzeuge > Einstellungen > Bearbeiten**.
2. Wählen Sie die Registerkarte **Global** aus.
3. Markieren Sie **Studie in Virtual Fellow® öffnen**, um die Studie direkt mit der Anwendung Virtual Fellow® zu öffnen.
4. Wählen Sie **Speichern und Beenden** aus.

Klicken Sie auf **Abbrechen**, um den Vorgang zu beenden, ohne zu speichern oder Änderungen zu übernehmen.

Myokardiale Beurteilung

ABBILDUNG 8. Einstellungen für die myokardiale Beurteilung



1. Klicken Sie in der Menüleiste des Bildbetrachters auf **Werkzeuge > Einstellungen > Bearbeiten**.
2. Wählen Sie die Registerkarte **Global** aus.
3. Angaben zur Definition der Messwertbezeichnungen finden Sie unter [Ergebnis-Messwertbezeichnungen definieren auf Seite 111](#).
4. 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.

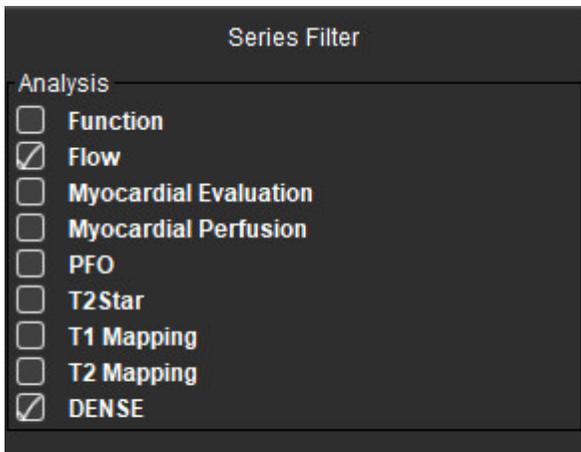
5. Wählen Sie **Speichern und Beenden** aus.

Klicken Sie auf **Abbrechen**, um den Vorgang zu beenden, ohne zu speichern oder Änderungen zu übernehmen.

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 9. Filtereinstellungen



Filtereinstellungen festlegen

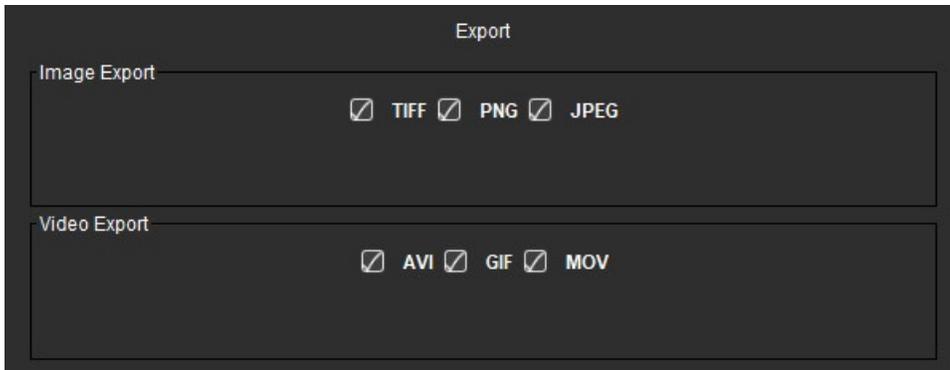
1. Klicken Sie in der Menüleiste des Bildbetrachters auf **Werkzeuge > Einstellungen > Bearbeiten**.
2. Wählen Sie die Registerkarte **Global** aus.
3. Klicken Sie auf die entsprechende Auswahl ein/aus für jeden Analysentyp.
4. Wählen Sie **Speichern und Beenden** aus.
 - Klicken Sie auf **Abbrechen**, um den Vorgang zu beenden, ohne zu speichern oder Änderungen zu übernehmen.

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.

Export (Bild/Video)

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

ABBILDUNG 10. Einstellungen zum Bild/Video-Export



Export-Auswahloptionen

1. Klicken Sie in der Menüleiste der Bildansicht auf **Werkzeuge > Einstellungen > Bearbeiten**.
2. Wählen Sie die Registerkarte **Global** aus und setzen Sie den Cursor in den Bereich **Exportieren**.
3. Wählen Sie die entsprechenden Formate der Bilddaten aus.
4. Klicken Sie auf **Speichern und Beenden**, um die Auswahl zu speichern.
Klicken Sie auf **Abbrechen**, um den Vorgang zu beenden, ohne zu speichern oder Änderungen zu übernehmen.

Vorlageneinstellungen

Die Anwendung stellt ein Werkzeug zur Erstellung von Vorlagen basierend auf benutzerdefinierten Normalbereichen bereit, die nach Alter und Geschlecht spezifiziert sind. Die Berechnung und Meldung von Z-Scores wird je nach dem vom Anwender definierten Modell unterstützt. Weitere Informationen finden Sie in der empfohlenen Literatur.

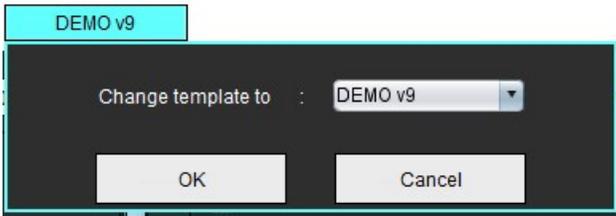
ABBILDUNG 11. Registerkarte „Vorlage“



Überlegungen

Vor Beginn der Analyse muss die benutzerdefinierte Vorlage auf der Hauptbenutzeroberfläche ausgewählt werden. Klicken Sie auf **Standard** oben rechts und wählen Sie die zu verwendende Vorlage aus. Wenn die Vorlage nach Abschluss der Analyse geändert wird, wird der in der Vorlage definierte Normalbereich und/oder Z-Score angewendet.

ABBILDUNG 12. Vorlage ändern



HINWEIS: Importierte Studien mit zuvor durchgeführten suiteHEART-Analysen können den Namen der für diese Studie verwendeten Vorlage anzeigen. Diese Vorlage ist für andere Studien 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.

Vorlage erstellen

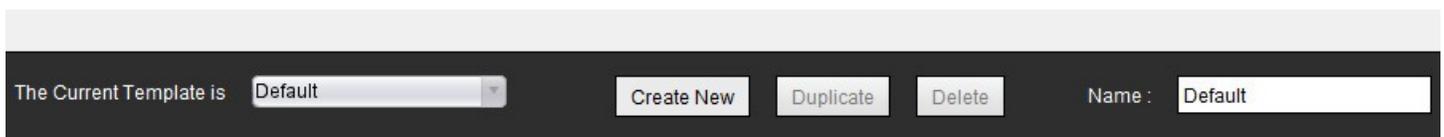


WARNUNG: Für die Gültigkeit der für Normalbereiche und Z-Score-Parameter eingegebenen Werte ist allein der Anwender verantwortlich. Bestätigen Sie vor der Analyse alle Eingaben. Falsche Werte könnten zu einer Fehldiagnose führen.

Alle neuen Vorlagen werden zunächst durch das Duplizieren der Standardvorlage erstellt. Die Standardvorlage kann nicht bearbeitet werden.

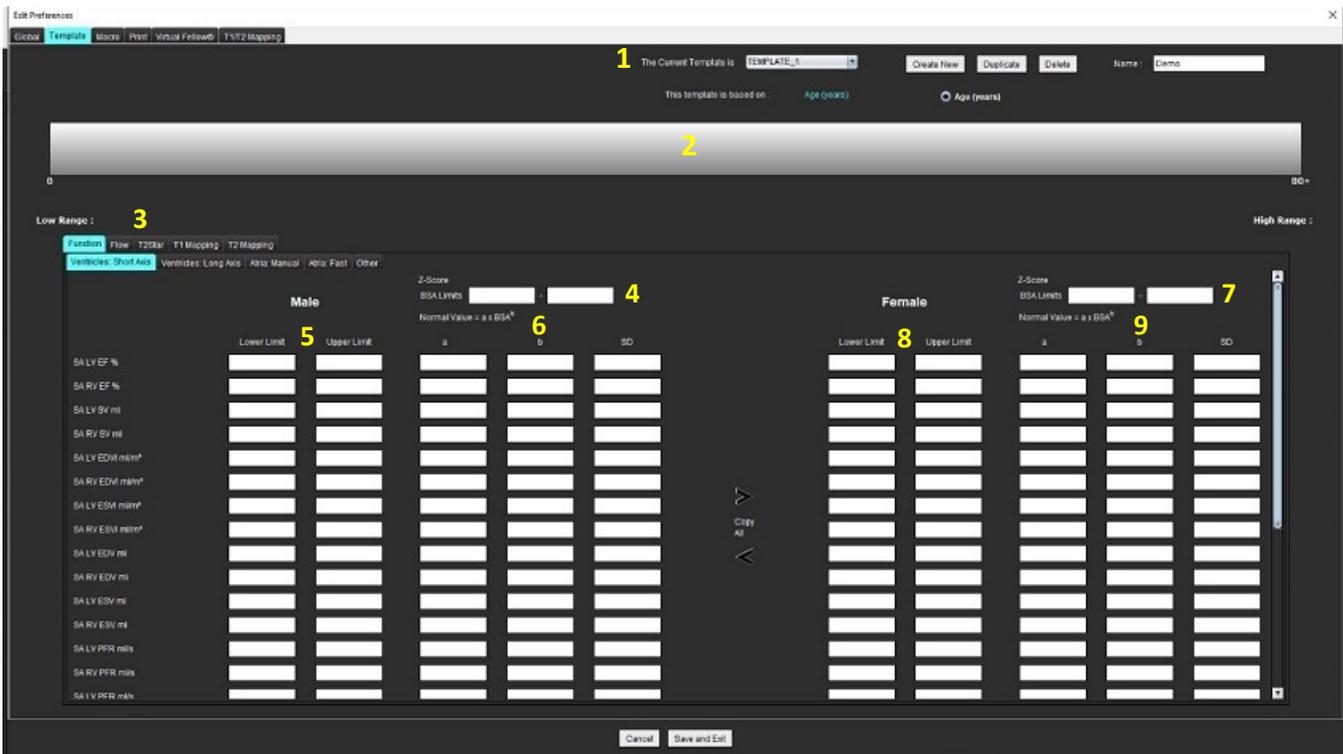
1. Wählen Sie **Werkzeuge > Einstellungen > Bearbeiten** aus.
2. Wählen Sie die Registerkarte **Vorlage** aus.
3. Klicken Sie auf **Neu erstellen** oder zum Duplizieren einer Vorlage auf **Duplizieren**.
Das Alter ist die Standardeinstellung.

ABBILDUNG 13. Auswahloptionen zum Erstellen einer Vorlage



4. 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.

ABBILDUNG 14. Beispiel-Registerkarte „Vorlage“ – Kurzzachsenfunktion dargestellt



1. Aktuelle Vorlage, 2. Altersbereichsbalken, 3. Ergebnisparameter gemäß Analysentyp, 4. Z-Score-KÖF-Grenzwerte für Männer, 5. Ober- und Untergrenze für Männer, 6. Z-Score-Parameter für Männer, 7. Z-Score-KÖF-Grenzwerte für Frauen, 8. Ober- und Untergrenze für Frauen, 9. Z-Score-Parameter für Frauen
5. Wählen Sie den gewünschten Anwendungsanalysentyp aus, für den Sie eine Vorlage erstellen möchten.
6. Werden Altersbereiche verwendet, klicken Sie mit der rechten Maustaste auf den Altersbereichsbalken, um einen Trennbalken für den Altersbereich zu erstellen.

Die Altersbereichs-Trennbalken können gezogen und eingestellt werden, um den gewünschten Altersbereich zu erhalten. Es können mehrere Altersbereichs-Trennbalken erstellt werden.

Durch Platzieren des Cursors in der Nähe dieser Markierung und durch die Auswahl von **Bereich löschen** im Kontextmenü können Altersbereichs-Trennbalken gelöscht werden.
7. Geben Sie die Normalbereichswerte für den jeweiligen Analysemodus sowie die unteren und oberen Grenzen ein.
8. 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. Mithilfe der Bildlaufleiste navigieren Sie zu allen abgeschlossenen Messungslisten für diesen Analysentyp.
9. Sollen Z-Scores berechnet werden, müssen sowohl Werte für **a**, **b** und **SA** sowie die **KÖF-Grenzwerte** vom Anwender eingegeben werden.

Die Befundpriorität wird in der nachstehenden Tabelle umrissen. Je nach Bedingung wird entweder der Normalbereich oder der berechnete Z-Score in den Messergebnistabellen angezeigt.

Gemeldet/Berechnet	Bedingung
Z-Score berechnet	Wenn Z-Score-Parameter eingegeben wurden und KÖF innerhalb der Grenzwerte liegt
Normalbereich gemeldet	Wenn Z-Score und Normalbereich eingegeben werden und KÖF außerhalb der Grenzwerte liegt
Normalbereich gemeldet	Nur wenn ein Normalbereich eingegeben wurde
Weder Normalbereich noch Z-Score berechnet	Wenn die Z-Score-Parameter eingegeben wurden. Kein Normalbereich eingegeben und KÖF außerhalb der Grenzwerte
Weder Normalbereich noch Z-Score berechnet	Weder Z-Score-Parameter noch Normalbereich eingegeben



WARNUNG: Für die Gültigkeit der für Normalbereiche und Z-Score-Parameter eingegebenen Werte ist allein der Anwender verantwortlich. Bestätigen Sie vor der Analyse alle Eingaben. Falsche Werte könnten zu einer Fehldiagnose führen.

10. Klicken Sie auf **Speichern und Beenden**, um alle Eingaben zu speichern.

- Klicken Sie auf **Abbrechen**, um den Vorgang zu beenden, ohne zu speichern oder 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: Auf der Registerkarte „Fluss“ eingegebene Normalbereiche wirken sich auf die Ergebnisse sowohl der 2D- als auch der 4D-Flussanalyse aus.

Empfohlene Literatur

Buechel EV, Kaiser T, Jackson C, Schmitz A, Kellenberger CJ. Normal right- and left ventricular volumes and myocardial mass in children measured by steady state free precession cardiovascular magnetic resonance. J Cardiovasc Magn Reson. Juni 2009 21;11(1):19. doi: 10.1186/1532-429X-11-19. PMID: 19545393; PMCID: PMC2718870.

Kawel-Boehm N, Maceira A, Valsangiacomo-Buechel ER, Vogel-Claussen J, Turkbey EB, Williams R, Plein S, Tee M, Eng J, Bluemke DA. Normal values for cardiovascular magnetic resonance in adults and children. J Cardiovasc Magn Reson. April 2015 18;17(1):29. doi: 10.1186/s12968-015-0111-7. PMID: 25928314; PMCID: PMC4403942.

Maceira AM, Prasad SK, Khan M, Pennell DJ. Normalized left ventricular systolic and diastolic function by steady state free precession cardiovascular magnetic resonance. J Cardiovasc Magn Reson. 2006;8(3):417-26. doi: 10.1080/10976640600572889. PMID: 16755827.

Maceira AM, Prasad SK, Khan M, Pennell DJ. Reference right ventricular systolic and diastolic function normalized to age, gender and body surface area from steady-state free precession cardiovascular magnetic resonance. Eur Heart J. Dez. 2006;27(23):2879-88. doi: 10.1093/eurheartj/ehl336. Epub 2006 6. Nov. PMID: 17088316.

Vorlage löschen

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

Registerkarte „Makro“

Sie können benutzerdefinierte Befundmakros erstellen, die automatisch mit berechneten Werten ausgefüllt werden. Makros sind von Vorlagen unabhängig. Die erstellten Makros stehen allen Anwendern zur Verfügung.

Makros können für die folgenden Befundabschnitte erstellt werden:

- Anamnese
- Erkenntnis
- Methode

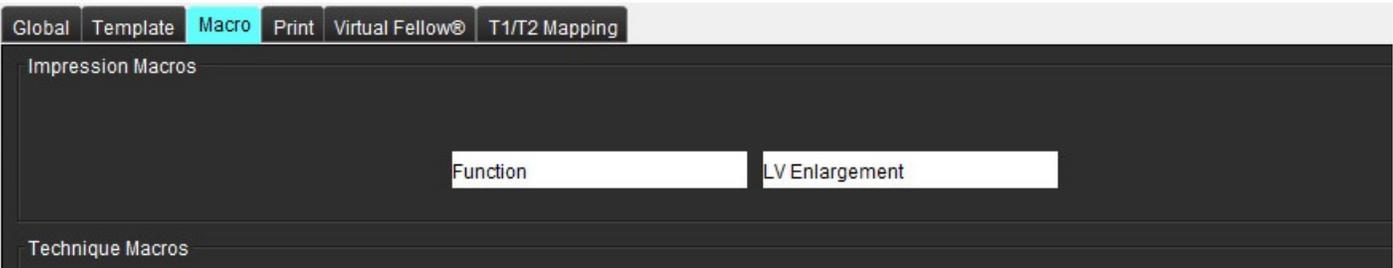
Erkenntnis-Makro hinzufügen

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

1. Wählen Sie **Werkzeuge > Einstellungen > Bearbeiten** aus.
2. Wählen Sie die Registerkarte **Makro** aus.
3. Wählen Sie **Erkenntnis-Makro hinzufügen** aus.
Im Bereich „Erkenntnis-Makros“ erscheint ein neues Textfeld.

ABBILDUNG 15. Fenster „Erkenntnis-Makros“

Edit Preferences



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

HINWEIS: Die erstellten Makro können neu angeordnet werden. Klicken Sie auf das gewünschte Makro und ziehen Sie es auf 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 ein Parameterergebnis 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 16. Makro-Informationen

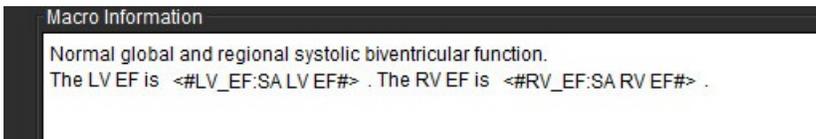
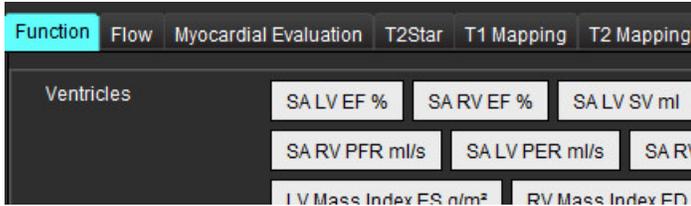


ABBILDUNG 17. Makro-Parameterergebnis-Auswahloptionen



3. Wählen Sie **Speichern und Beenden** aus.

Klicken Sie auf **Abbrechen**, um den Vorgang zu beenden, ohne zu speichern oder Änderungen zu übernehmen.

Makro ausführen

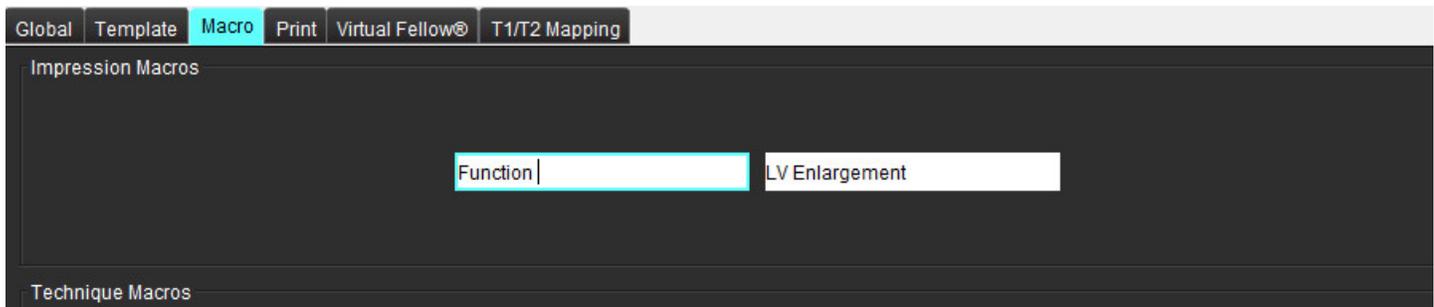
Als Voraussetzung für das Ausführen eines Makros gilt: Vor der Ausführung von Makros, die Ergebnisparameter enthalten, müssen die Analyseergebnisse generiert werden. Methoden- und Erkenntnis-Makros können für die automatische Befunderstellung generiert werden.

Makro löschen

1. Wählen Sie **Werkzeuge > Einstellungen > Bearbeiten** aus.
2. Wählen Sie die Registerkarte **Makro** 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 18. Makro-Auswahlliste

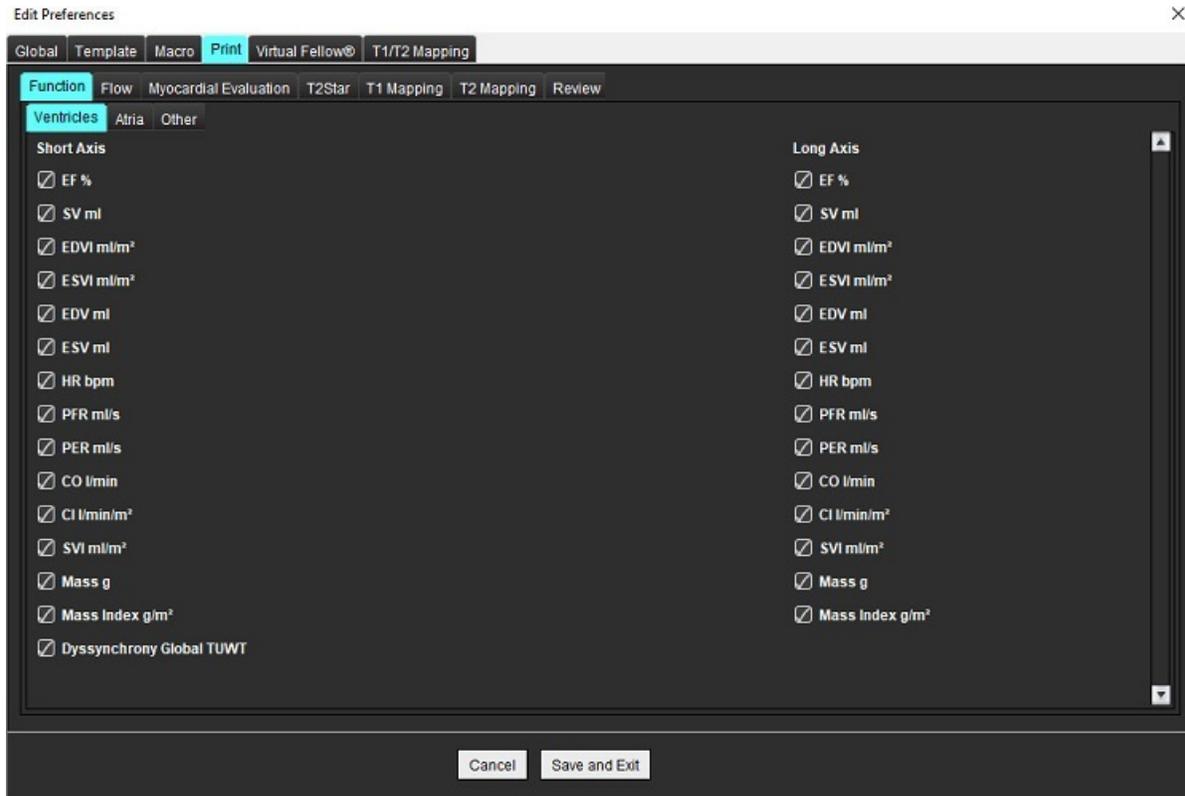


4. Wählen Sie **Ausgewählte(s) Makro(s) löschen** aus.

Registerkarte „Drucken“

Aus jedem Analysemodus berechnete Ergebnisse können für die Aufnahme in den Befund und das Sortieren darin auf der Registerkarte **Drucken** konfiguriert werden.

ABBILDUNG 19. Druckeinstellungen



1. Wählen Sie in der Bildansicht **Werkzeuge > Einstellungen > Drucken** aus.
2. Wählen Sie die entsprechende Analyse-Registerkarte aus und prüfen Sie das gewünschte Ergebnis, das im Befund enthalten sein soll.
3. Die Reihenfolge der aufgelisteten Ergebnisse kann durch einen direkten Klick auf ein Ergebnis und Ziehen des Ergebnisses auf eine neue Position in der Liste geändert werden.
4. Wiederholen Sie dies für jede Registerkarte „Analyse-Modus“.
5. Wählen Sie **Speichern und Beenden** aus.

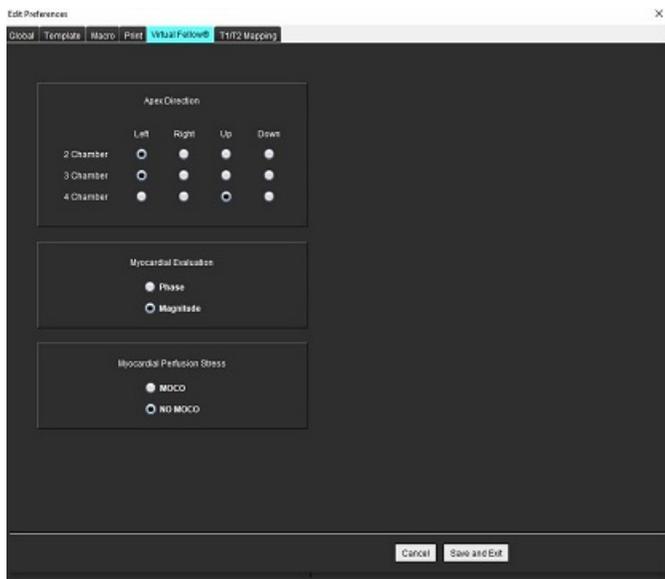
Klicken Sie auf **Abbrechen**, um den Vorgang zu beenden, ohne zu speichern oder Änderungen zu übernehmen.

HINWEIS: Druckeinstellungen, die direkt auf der Benutzeroberfläche der Anwendung ausgewählt werden, werden nicht mit der Vorlage gespeichert.

HINWEIS: Wird die Reihenfolge der Ergebnisse direkt auf der Benutzeroberfläche geändert, wird die Änderung nicht mit der Vorlage gespeichert.

Registerkarte „Virtual Fellow®“

ABBILDUNG 20. Virtual Fellow®-Einstellungen

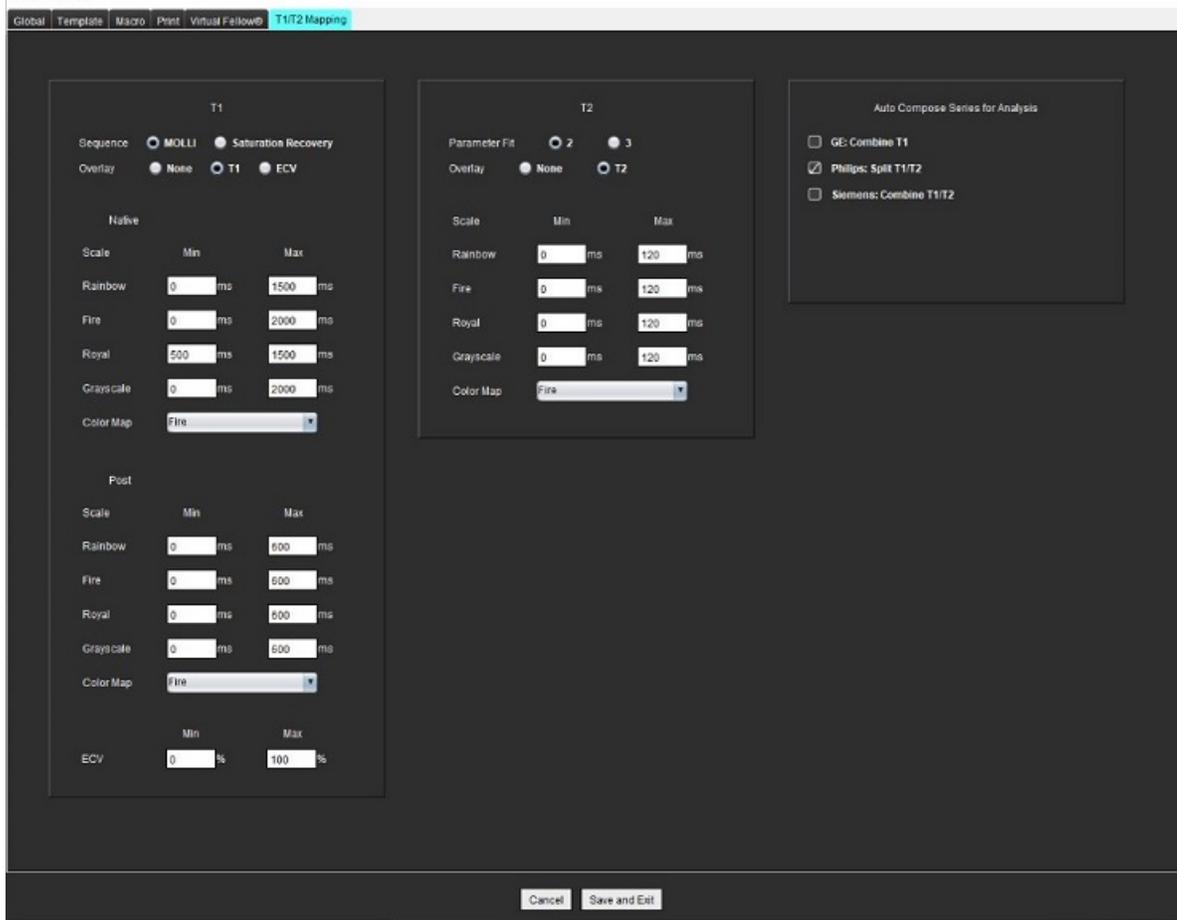


1. Wählen Sie **Werkzeuge > Einstellungen > Bearbeiten** aus.
2. Wählen Sie die Registerkarte **Virtual Fellow®** aus.
3. Wählen Sie die apikale Richtung für die Langachsenansichten aus.
4. Wählen Sie die Serie für die Anzeige von entweder **Phase** oder **Vergrößerung** für die myokardiale Beurteilung aus.
5. Wählen Sie die Serie **MOCO** oder **NO MOCO** für die Anzeige der myokardialen Perfusion aus.
6. Wählen Sie **Speichern und Beenden** aus.

Klicken Sie auf **Abbrechen**, um den Vorgang zu beenden, ohne zu speichern oder Änderungen zu übernehmen.

Registerkarte „T1/T2-Mapping“

ABBILDUNG 21. T1/T2-Mapping-Einstellungen



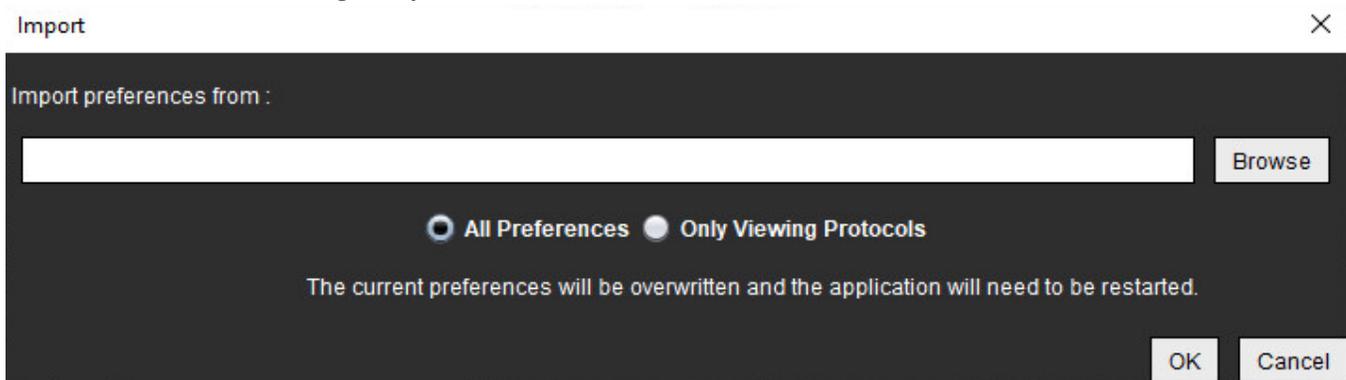
1. Wählen Sie **Werkzeuge > Einstellungen > Bearbeiten** aus.
2. Wählen Sie die Registerkarte **T1/T2-Mapping** aus.
3. Wählen Sie für die Sequenzart für T1-Mapping **MOLLI** oder **Sättigungserholung** aus.
4. Wählen Sie die Standard-**Farbdarstellung** aus dem Datei-Pulldown-Menü und den Farbdarstellungsbereich für T1- oder T2-Mapping aus.
5. Um die Farbdarstellung automatisch anzuzeigen, wählen Sie die Standard-**Überlagerung** für **T1**, **ECV** oder **T2** aus.
6. Um eine gültige Serie für die Analyse zu erstellen, wählen Sie die korrekte Option für den Anbietertyp unter **Serie autom. für Analyse zusammenstellen** aus.
7. Wählen Sie **Speichern und Beenden** aus.

Klicken Sie auf **Abbrechen**, um den Vorgang zu beenden, ohne zu speichern oder Änderungen zu übernehmen.

Import-Einstellungen

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

ABBILDUNG 22. 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.

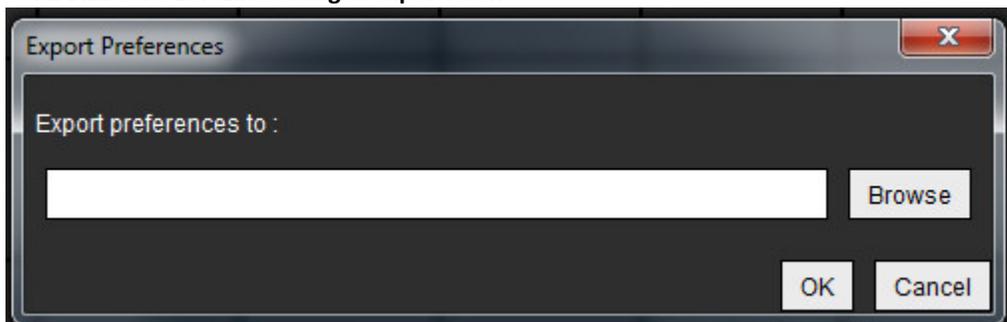
Wählen Sie **Abbrechen** aus, um den Vorgang ohne Importieren zu beenden.

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, wenn Sie Hilfe beim Import von Einstellungen aus früheren Versionen benötigen.

Export-Einstellungen

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

ABBILDUNG 23. Einstellungen exportieren



2. Klicken Sie auf **Durchsuchen**, wählen Sie den Ordner für die Einstellungsdatei aus und klicken Sie dann auf **Speichern**.
3. Wählen Sie **OK** aus.

Wählen Sie **Abbrechen** aus, um den Vorgang ohne Exportieren zu beenden.

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 21](#).

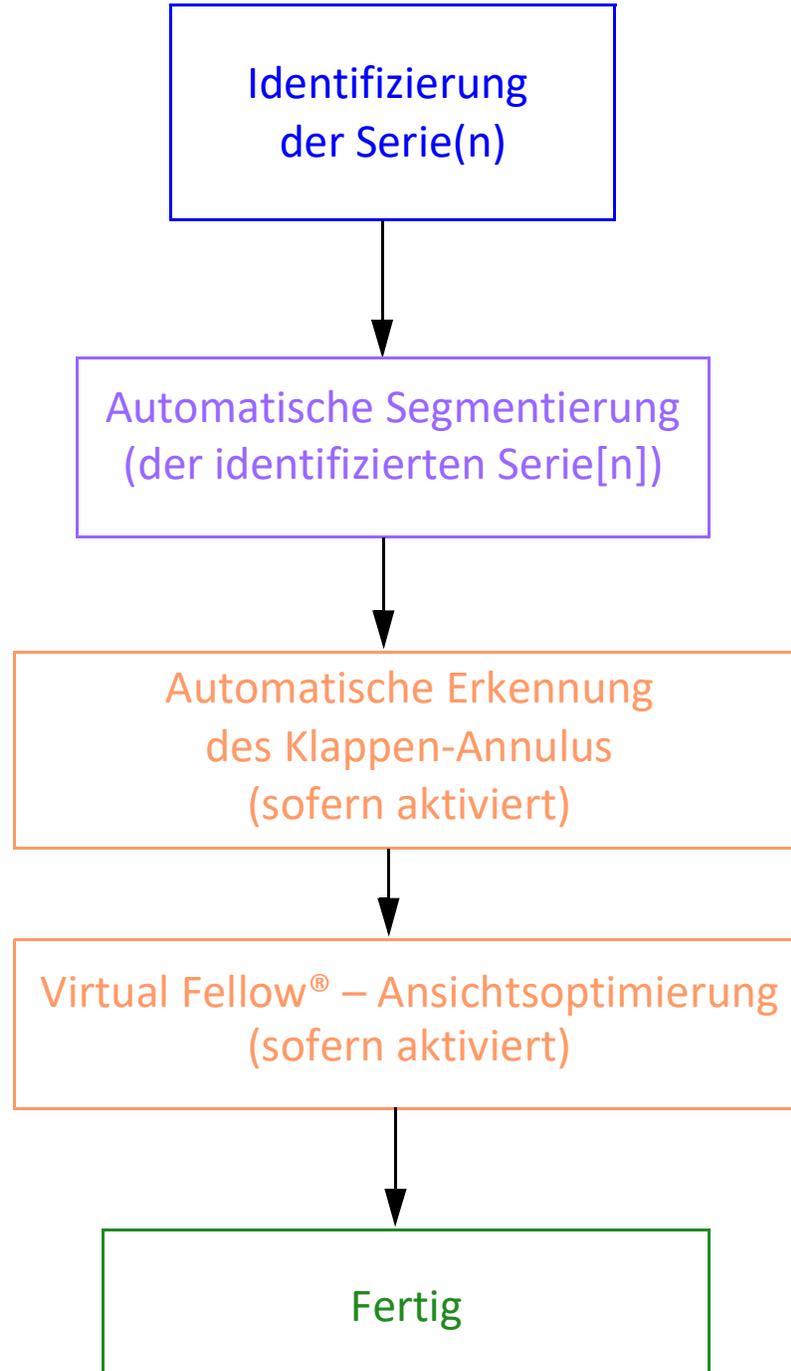


WARNUNG: Bestätigen Sie vor der Auswertung oder dem Vergleich von Studien alle Patienten-Untersuchungsanzeigeeinformationen durch Sichtkontrolle im oberen Teil der Benutzeroberfläche. #1 zeigt die aktuelle Studie und #2 die vorherige Studie an.

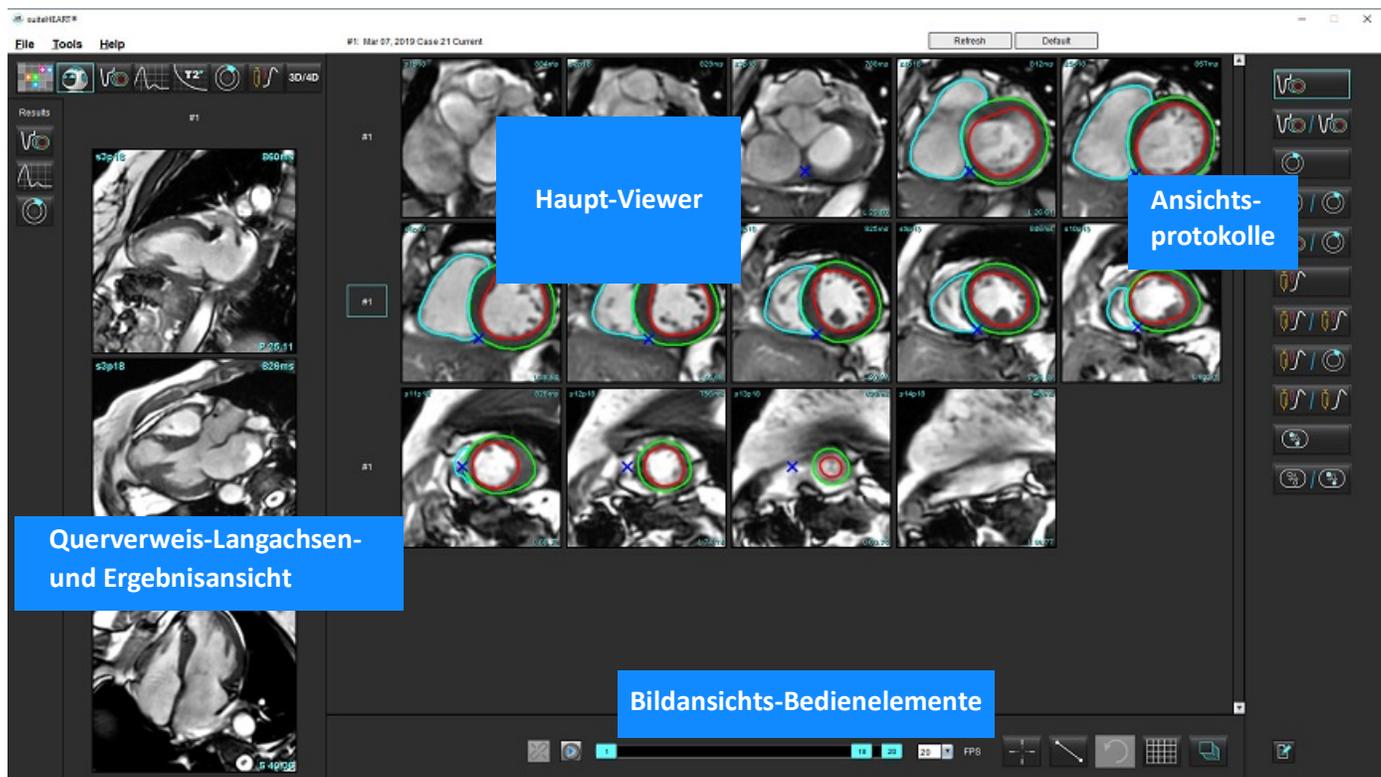


WARNUNG: Die Bildbearbeitung mittels WW/WL, Schwenken, Zoom, Drehen und Spiegeln in Virtual Fellow® kann das Erscheinungsbild verschiedener Pathologien und die Fähigkeit, andere anatomische Strukturen zu erkennen, beeinflussen. Überprüfen Sie jedes einzelne Ansichtsprotokoll und nehmen Sie falls erforderlich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

Vorbereitung mittels Virtual Fellow®

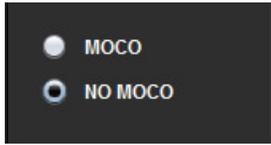
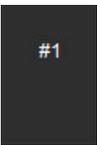
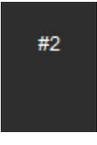
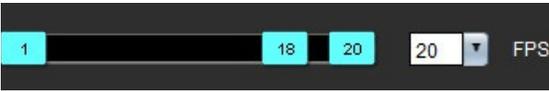


Benutzeroberfläche von Virtual Fellow®



Auswahloptionen 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 myokardiale Perfusionsserien anzuzeigen.</p> <p>NO MOCO wird verwendet, um myokardiale Perfusionsserien 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 Komponentensuche* auf Seite 22.</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 11 beschrieben.
Linke Pfeiltaste auf der Tastatur	Zum Verschieben der Schichtposition in Vorwärtsrichtung in einem aktuellen/ vorherigen Ansichtsprotokoll.
Rechte Pfeiltaste auf der Tastatur	Zum Verschieben der Schichtposition in Rückwärtsrichtung in einem aktuellen/ vorherigen Ansichtsprotokoll.

Ansichtsprotokolle

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

	Serientyp
	Myokardiale Perfusionsserie Belastung.
	Aktuelle myokardiale Perfusionsserie Belastung mit vorheriger.
	Aktuelle myokardiale Perfusion Belastung mit myokardialer Beurteilung.
	Myokardiale Perfusionsserie Belastung/Ruhe.
	T1-Axial-Serie.
	SSFP mit T1-Axial-Serie.

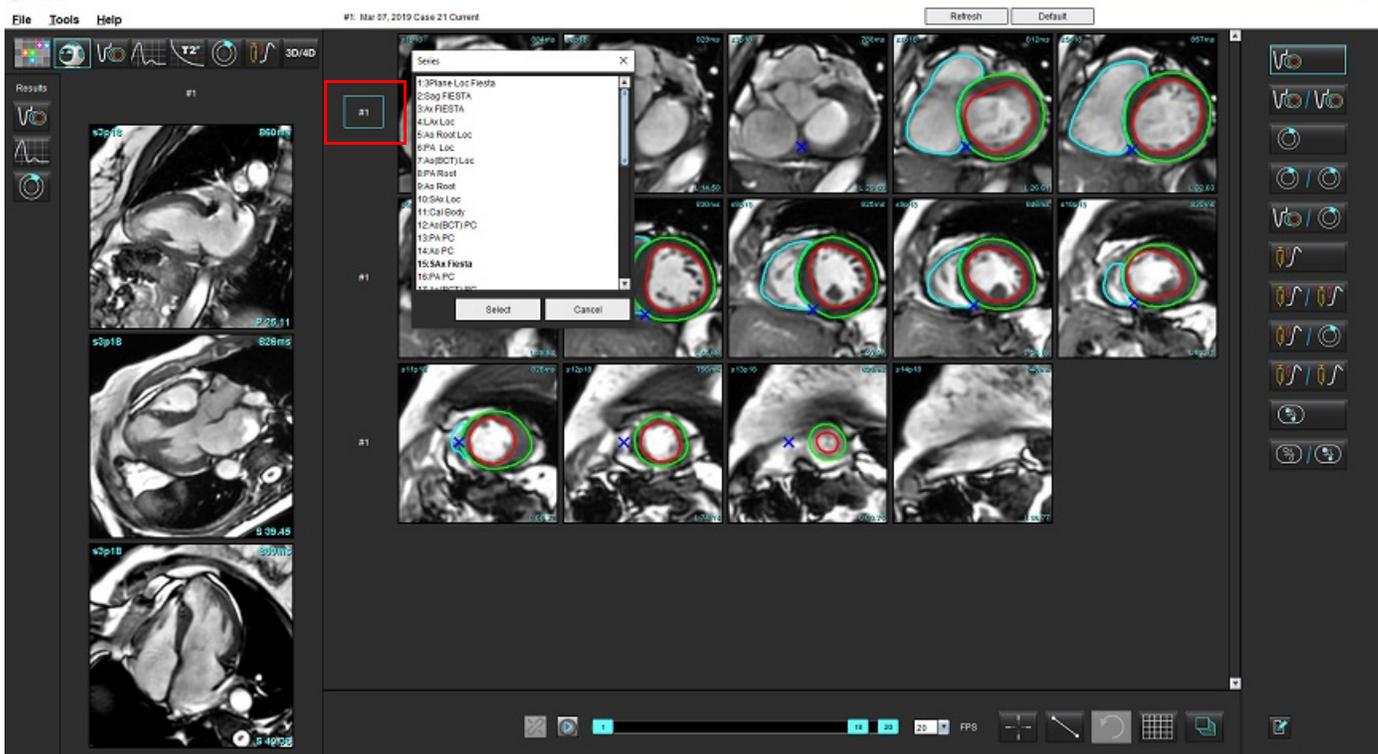
Tastatur-Shortcuts

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

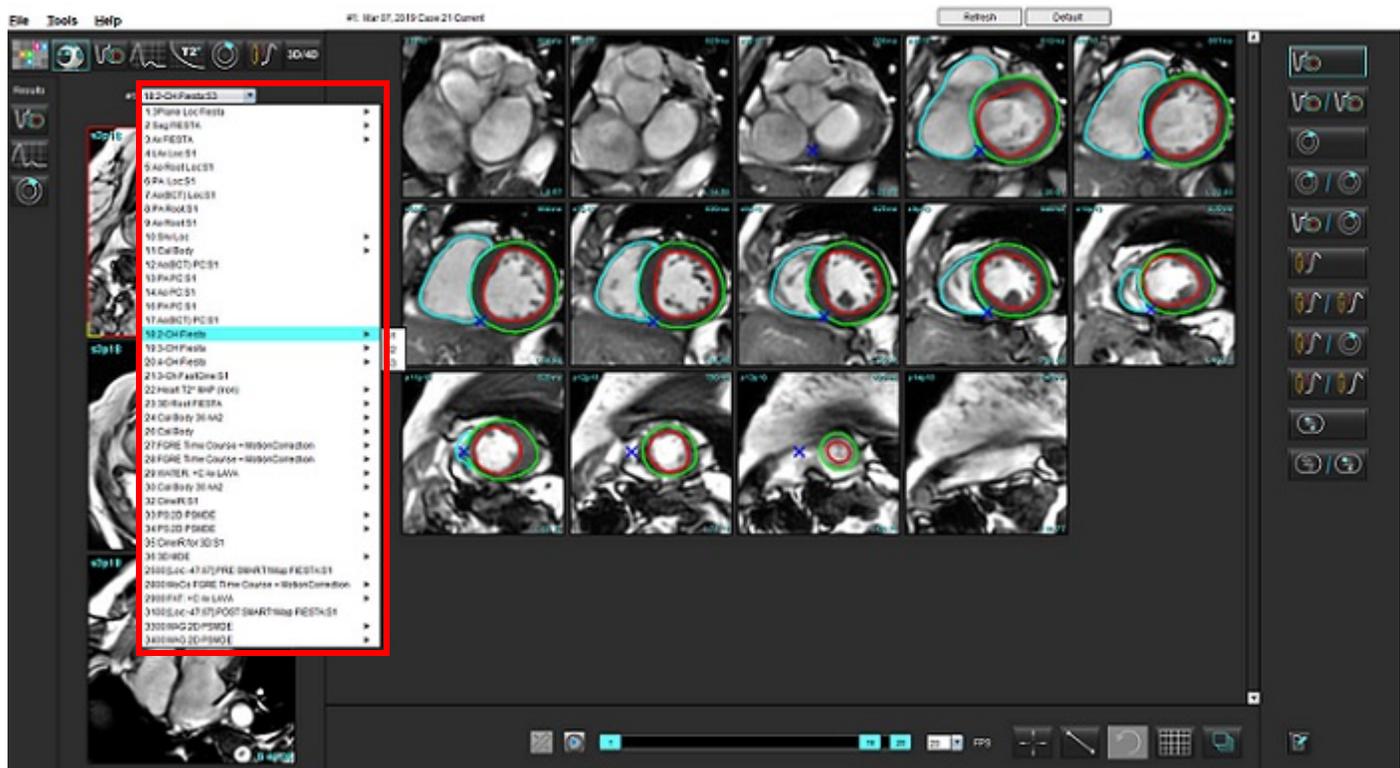


Auswahl einer Serie für Querverweis-Langachsen-Darstellungsfenster durch Benutzer

Wenn die dargestellten Bilder nicht in den erwarteten Ansichten angezeigt werden, können die entsprechenden Serien ausgewählt werden, indem Sie direkt auf ein Langachsen-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.

HINWEIS: Um die gewünschte apikale Richtung im Menü des Bildbetrachters festzulegen, wählen Sie „Werkzeuge > Einstellungen > Bearbeiten“ und dann die Registerkarte „Virtual Fellow®“ aus.



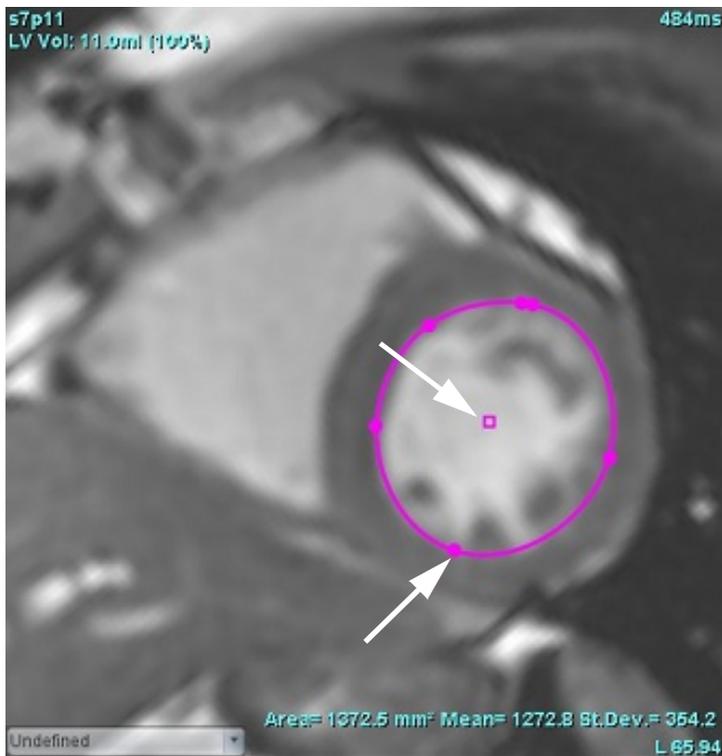
Bearbeiten von Konturen

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

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 der linken Maustaste und Verwendung der Freihandbearbeitung aktualisiert werden.

ABBILDUNG 1. Herkömmliche Konturbearbeitung



Bearbeitungswerkzeug

1. 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 wie in Abbildung 2 gezeigt aus dem Popup-Menü aus.
 - Bei Verwendung des Bearbeitungswerkzeugs wird der ausgewählte Punkt-Spline-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.

Konturen-Pull-Tool

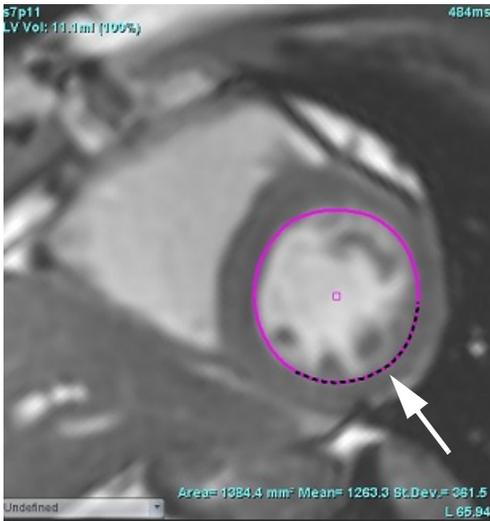
- Aktivieren Sie das Pull-Tool, indem Sie mit der linken Maustaste auf die Kontur klicken, um sie auszuwählen. Klicken Sie dann mit der rechten Maustaste und wählen Sie das Pull-Tool wie in Abbildung 5 gezeigt aus dem Popup-Menü aus. Dies ermöglicht das Anpassen eines Kontursegments durch Ziehen von Teilen der Kontur, um geringfügige Anpassungen vorzunehmen.

ABBILDUNG 5. Pull-Tool-Aktivierung



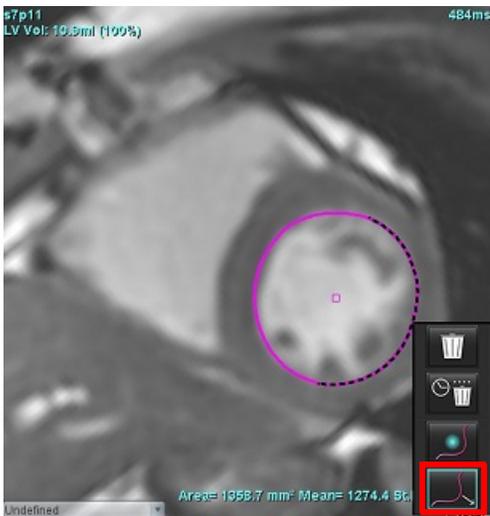
2. Klicken Sie mit der linken Maustaste direkt auf das Segment der Kontur, das bearbeitet werden soll. Die Länge des schwarz gestrichelten Segments kann mithilfe des mittleren Maus-Scroll-Rads gesteuert werden. Die Position des Mausursors von der schwarz gestrichelten Linie bestimmt die Änderung der Bearbeitung für dieses Segment der Kontur.

ABBILDUNG 6. Pull-Tool



3. Um das Pull-Tool 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 7).

ABBILDUNG 7. Pull-Tool-Deaktivierung



Löschen einer Kontur

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

oder

2. Klicken Sie mit der linken Maustaste auf die Kontur, um sie auszuwählen, und dann mit der rechten Maustaste.

Wählen Sie entweder  , um eine einzelne Kontur zu löschen, oder  , um Konturen aus allen Phasen oder Zeitpunkten zu löschen, wie in Abbildung 8 dargestellt.

ABBILDUNG 8. 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: Nach der Vorbereitung ist der Benutzer dafür verantwortlich, die Genauigkeit der gesamten Analyse zu beurteilen und ggf. erforderliche Korrekturen vorzunehmen. Eine umfassende Überprüfung sollte Folgendes umfassen:

- Positionierung/Identifizierung des Untersuchungsbereichs
- ED/ES-Zuordnungen
- MK/TK-Annulus-Positionierung
- RV-Einfügungspositionierung



WARNUNG: Die Anwendung unterstützt den Anwender nur bei der Analyse der Bilder. Sie liefert nicht automatisch eine klinische Interpretation der 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

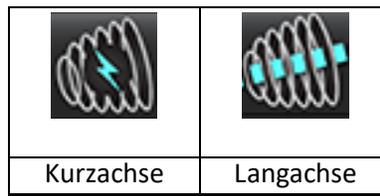
– Beinhaltet Volumenanalyse für das linke (LA) und rechte Atrium (RA).

Other

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

Ventrikel

Wählen Sie den entsprechenden Analysentyp aus:



Klicken Sie auf , um Konturen zu löschen.

HINWEIS: Der Matrix-Modus 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 Messergebnistabelle 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 **Ventricles** .
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-Symbolleiste

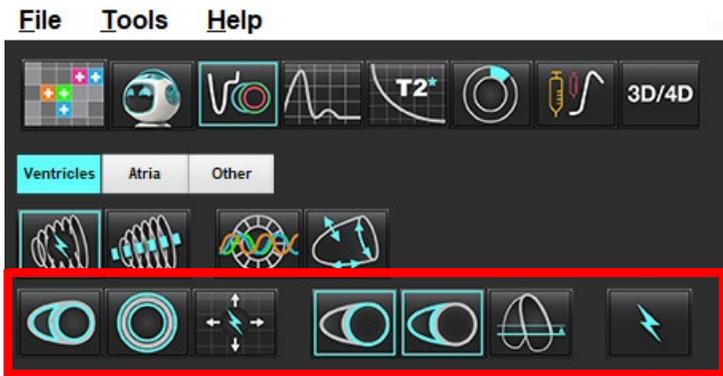


Tabelle 1: Automatische Segmentierung – Konturtypen

						
Glättungsmodus – Schließt die papillaren Muskeln im ventrikulären Volumen ein.	Rau-Modus – Schließt die papillaren Muskeln aus dem ventrikulären Volumen aus.	Endokardiale und epikardiale Konturen anzeigen.	Endokardiale Konturen anzeigen.	Sehnenfäden anzeigen.	LV rau, RV glatt.	LV glatt, RV rau.

Tabelle 2: Automatische Segmentierung* – Übertragungstypen

			
Alle Schichten, alle Phasen übertragen oder alle Schichten, alle Phasen zeigen	Alle Schichten übertragen; einphasig	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 **Ventricles**.
3. Klicken Sie auf  für die automatische Segmentierung.
4. Wählen Sie entweder den Glättungsmodus  oder den Rau-Modus  aus der Segmentierungssymboleiste 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.

- 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

- Spiele Sie die Kurzachsenserien im Filmmodus ab, und prüfen Sie die Genauigkeit der Konturen.
- 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.
- Prüfen Sie die Platzierung des RV-Einfügapunktes auf jeder Schicht. Korrigieren Sie den RV-Einfügapunkt für die Basalschichten.
- 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

- Wählen Sie die Kurzachsenserie, und stellen Sie Fenster/Ebene ein.
- Klicken Sie auf **Ventricles** .
- Klicken Sie auf .
- Wählen Sie entweder den Glättungsmodus  oder den Rau-Modus  aus der Segmentierungs-Symboleiste aus.
- Wählen Sie  aus, um die Ergebnisse der Myokardmasse zu generieren.
- Prüfen Sie die Kurzachsenbilder und wählen Sie die enddiastolische Phase aus.
- Wählen Sie entweder  oder  oder beides aus.
- Wählen Sie  für alle Schichten in einer Einzelphase aus.
- Wählen Sie  aus, um die automatische Segmentierung zu starten.
- Überprüfen Sie die Kurzachsenbilder und wählen Sie die enddiastolische Phase aus.
- 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 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.

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 Kurzachsenserie 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 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.

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 Mitral- oder Trikuspidalklappe auf einer Langachsenansicht.

HINWEIS: Die automatische Einfügung des Annulus der Klappen für LV und RV kann unter „Einstellungen“ gewählt werden. Wählen Sie **Werkzeuge > Einstellungen > Bearbeiten** aus. Wählen Sie unter „Funktion“ **Automatische Einfügung des MK- oder TK-Annulus** aus.

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



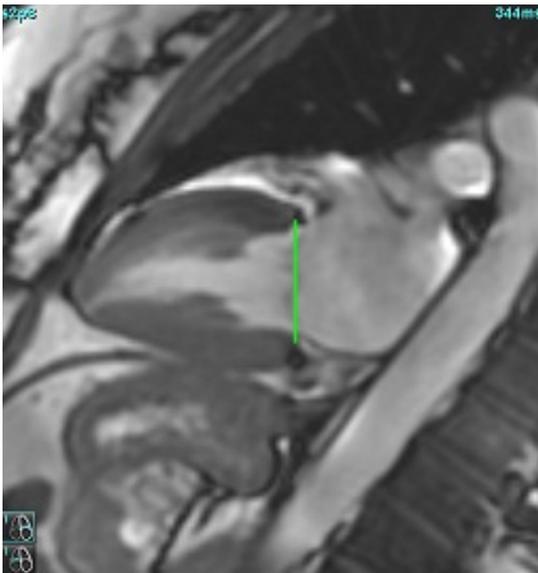
2. Wählen Sie  aus.

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.

HINWEIS: Machen Sie die Serie der MK- oder TK-Annulus-Positionierung durch Klicken auf  oder  unten links im Darstellungsfenster ausfindig.

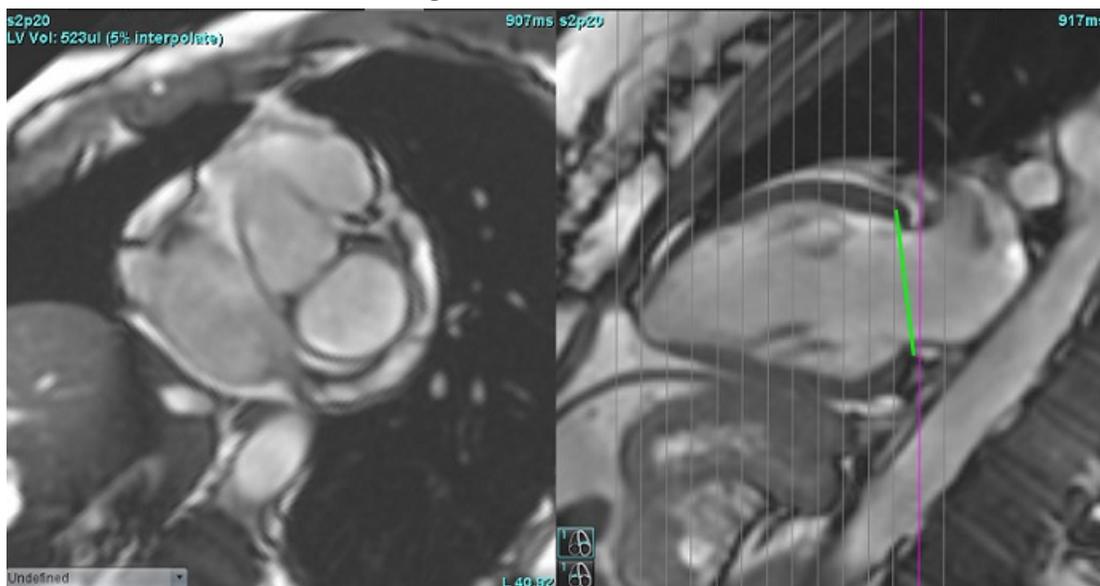
ABBILDUNG 2. MK-Annulus



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).

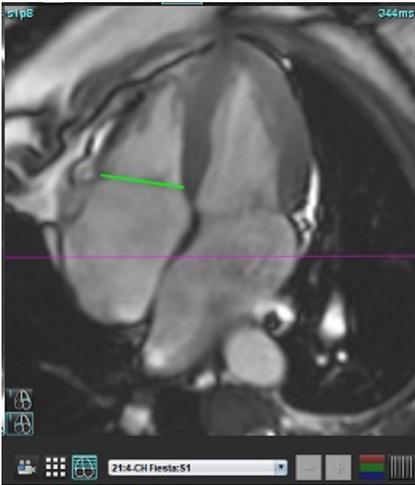
ABBILDUNG 3. Volumenberechnung



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.

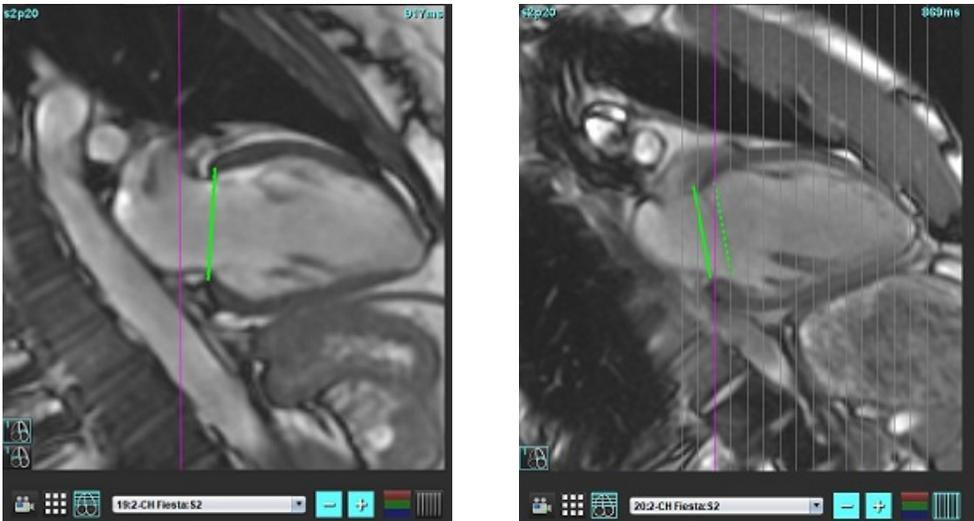
Bewegungskorrektur zwischen Serien

Die Bewegungskorrektur zwischen Serien kompensiert die kardiale Translation (Positionsveränderung des Patienten), die zwischen der Erfassung von Lang- und Kurzachsenbildern auftreten kann. Fehler bei den Kammervolumen können auftreten, wenn Annulusebenen aus Langachsenbildern abgeleitet werden, die nicht räumlich mit Kurzachsenbildern registriert sind, welche die endokardialen Konturen enthalten, die für die Volumenanalyse verwendet werden. Der Fehler kann auftreten, wenn die Kurz- und Langachsenbilder in verschiedenen Phasen des Atmungszyklus aufgenommen wurden oder der Patient zwischen der Aufnahme der Lang- und Kurzachsenbilder die Position ändert (Translation). Wird **Bewegungskorrektur zwischen Serien** ausgewählt, wird die enddiastolische Mitte der atrioventrikulären Klappenebene durch die basalste enddiastolische ventrikuläre endokardiale Kontur definiert. Die Angulation der Annulus-Klappenebene und die relative Position deren Mittel in anderen kardialen Phasen wird durch die Angulation der Annulus-Linien sowie die relative Position der Annulus-Mittel per Definition auf dem Langachsenbild bestimmt.

HINWEIS: So wird im Funktionsanalyse-Modus auf die Komponente zugegriffen: Wählen Sie **Werkzeuge > Einstellungen > Bearbeiten** aus. Wählen Sie unter „Funktion“ **Bewegungskorrektur zwischen Schichten** aus.

1. Führen Sie die automatische LV- und RV-Segmentierung für alle Phasen und alle Schichten durch.
2. Führen Sie die basale Interpolation für LV und RV durch.
3. Wählen Sie  aus.
4. Die Übereinstimmung kann bestätigt werden, wenn die gestrichelte Linie über der Positionierung der MK-Annulus-Linie gelegt wird, wie in Abbildung 5 (links) dargestellt.

ABBILDUNG 5. Bestätigte Übereinstimmung (links) Kardiale Translation (rechts)



5. Abbildung 5 (rechts) zeigt eine Lücke zwischen der durchgehenden und der gestrichelten Annulus-Linie.
6. Die durchgehende Linie stellt die Annulus-Ebene dar, die auf dem Langachsenbild gezeichnet wird. Die gestrichelte Linie stellt die übersetzte Annulus-Ebene basierend auf der Position der basalsten endokardialen Kontur dar.

HINWEIS: Der Anwender ist dafür verantwortlich, den Grund für die Lücke zwischen der durchgehenden und der gestrichelten Linie zu bestimmen und die Analyse ggf. zu korrigieren. Mögliche Ursachen für eine Lücke sind u. a.:

- Die basalste endokardiale Kontur auf dem Kurzachsenbild wird nicht auf der korrekten Schicht gezeichnet. Wird dies nicht korrigiert, kompensiert die Software die Translation nicht korrekt.
- Die Annulus-Linie stellt nicht die Position des Annulus dar. Wird dies nicht korrigiert, kompensiert die Software die Translation nicht korrekt.
- Kardiale Translation zwischen der Langachsenaufnahme und der Kurzachsenaufnahme.

Werden die basalste endokardiale Kontur auf der korrekten Schicht und die Annulus-Linie korrekt auf dem Langachsenbild gezeichnet, stellt die Lücke zwischen der durchgehenden und gestrichelten Linie die tatsächliche kardiale Translation dar und die Software korrigiert dieser Translation entsprechend.

7. Prüfen Sie die Translation, wenn die RV-Segmentierung durchgeführt und der TK-Annulus positioniert wurde.

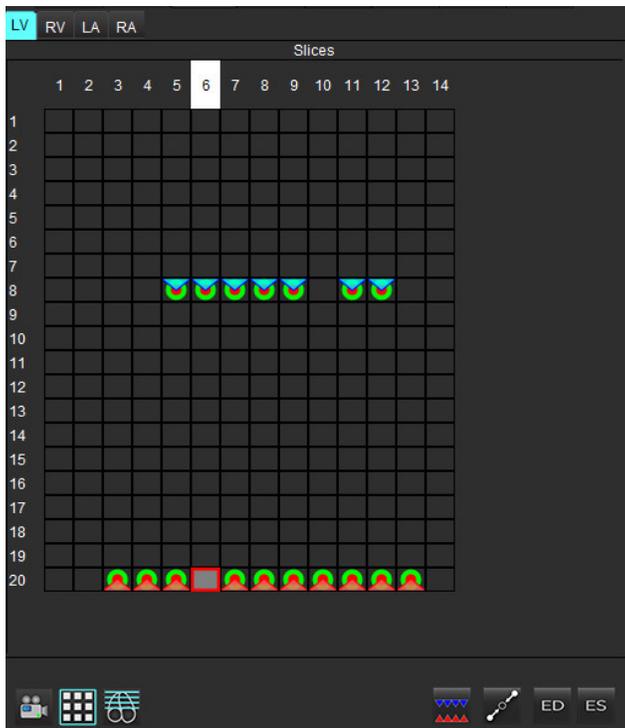
Interpolationsfunktion

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

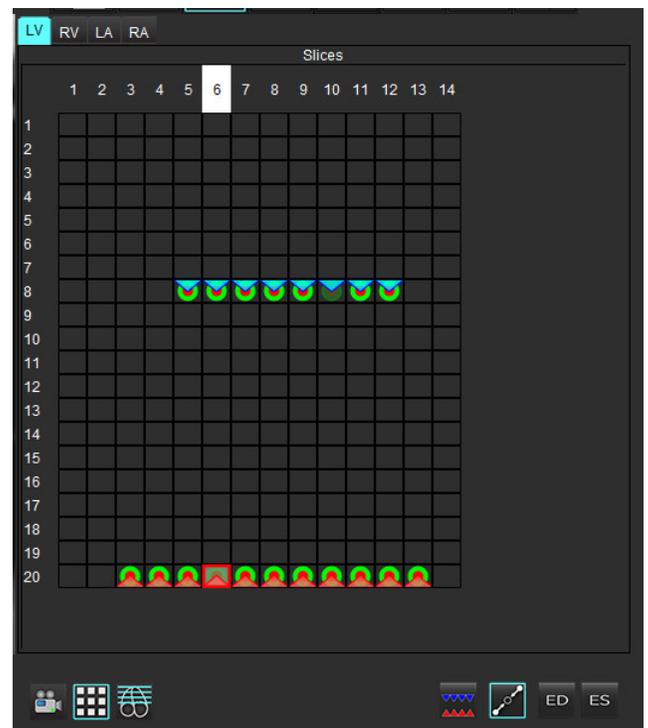
Die Interpolationsfunktion kann unter folgenden Bedingungen angewendet werden:

- 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 6) 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 6. Interpolation



Interpolation AUS



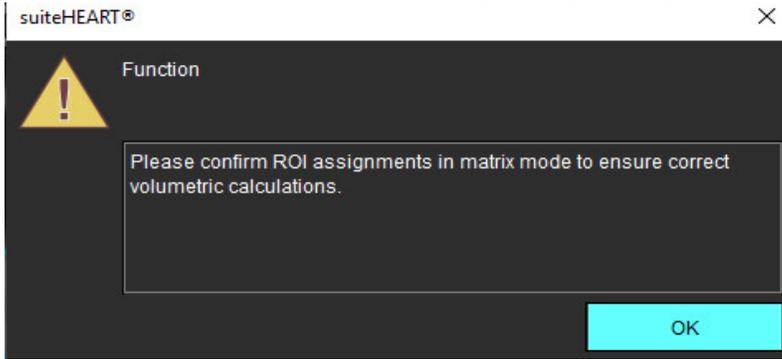
Interpolation EIN

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 7. 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 8 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 8. Zuordnung der enddiastolischen LV-Phasen

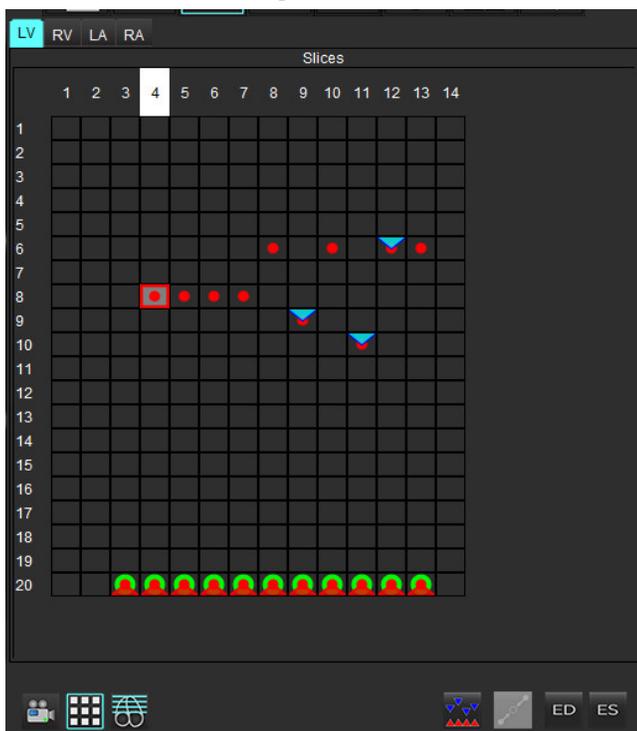
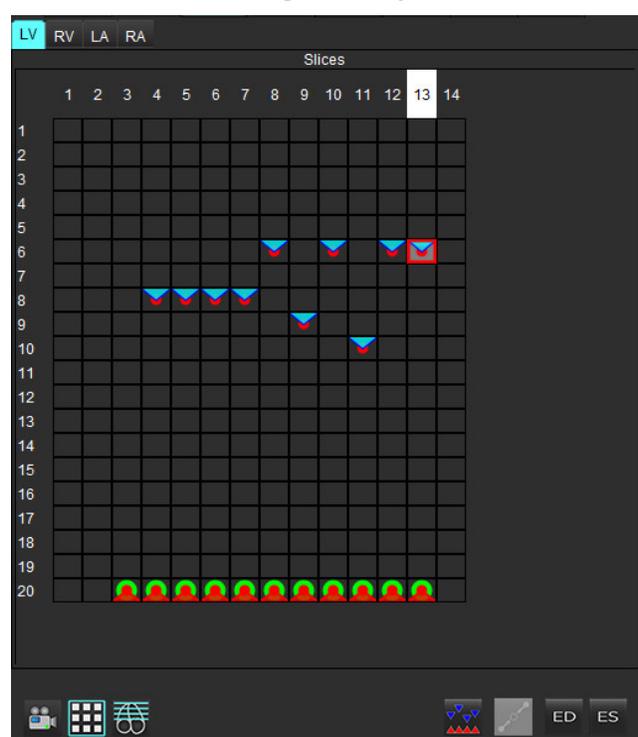


ABBILDUNG 9. Zuordnung der endsystolischen LV-Phasen



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 9 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“

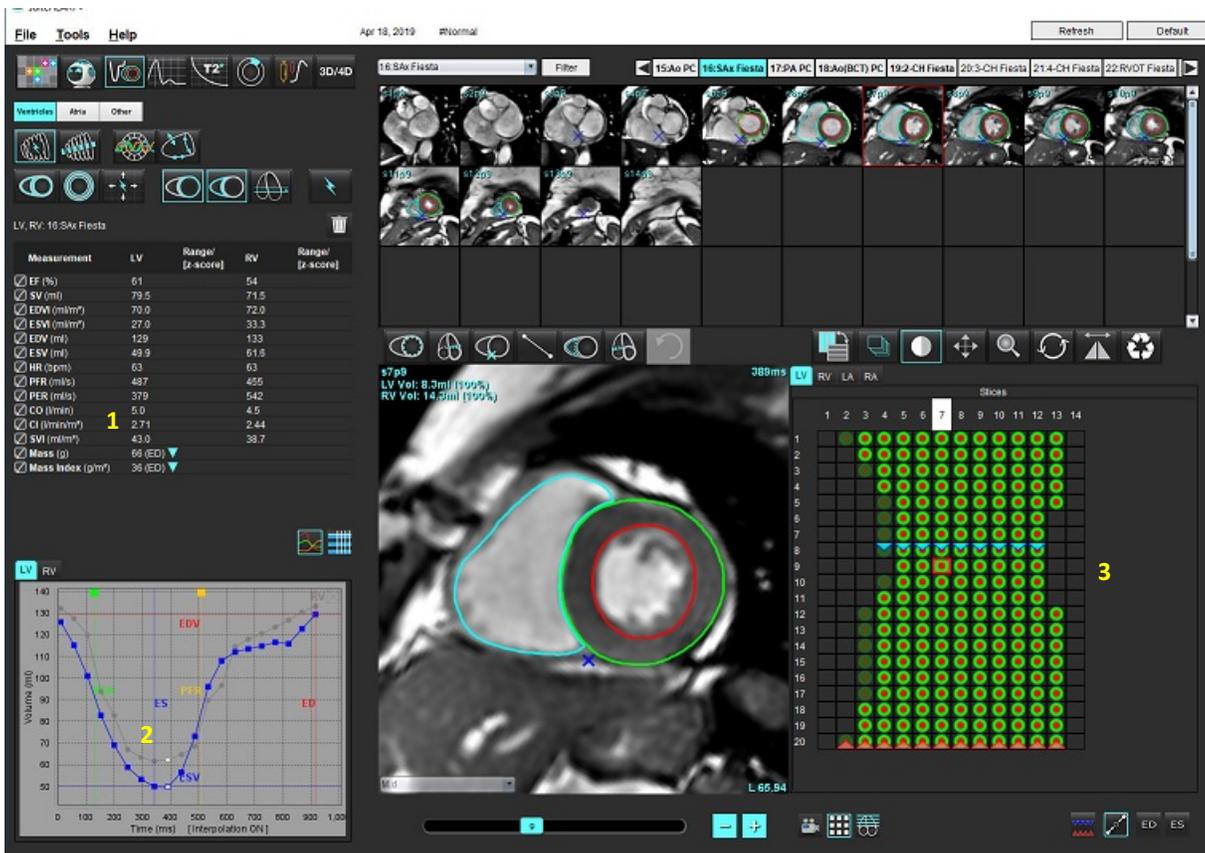
Globaler ED/ES		Bei Auswahl von „Global“ basiert das kombinierte Volumen auf den ED- und ES-Zuordnungen, die wiederum auf derselben Phase basieren.
„Schichtweiser“ ED/ES		Bei Auswahl von „Schichtweise“ basiert das kombinierte Volumen auf dem größten und kleinsten Volumen pro Phase für jede Schicht. Zum 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 10). Diese Kurve kann im Befund eingeschlossen werden. Markierungen mit Ziehpunkten können verschoben werden.

ABBILDUNG 10. 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 Spitzenauswurftrate (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 mit der linken Maustaste auf das umgekehrte Dreieck für LV oder RV, um die Ergebnisse der ventrikulären Masse oder den Massenindex zu überprüfen.
- Nur die aus der Tabelle ausgewählte Phase wird im Befund angeführt. Der Standard ist ED.

ABBILDUNG 11. Massenergebnisse

Measurement	LV	Range/ [z-score]	RV	Range/ [z-score]
<input checked="" type="checkbox"/> EF (%)	61		54	
<input checked="" type="checkbox"/> SV (ml)	79.5		71.5	
<input checked="" type="checkbox"/> EDVI (ml/m ²)	70.0		72.0	
<input checked="" type="checkbox"/> ESVI (ml/m ²)	27.0		33.3	
<input checked="" type="checkbox"/> EDV (ml)	129		133	
<input checked="" type="checkbox"/> ESV (ml)	49.9		61.6	
<input checked="" type="checkbox"/> HR (bpm)	63		63	
<input checked="" type="checkbox"/> PFR (ml/s)	487		455	
<input checked="" type="checkbox"/> PER (ml/s)	379		542	
<input checked="" type="checkbox"/> CO (l/min)	5.0		4.5	
<input checked="" type="checkbox"/> CI (l/min/m ²)	2.71		2.44	
<input checked="" type="checkbox"/> SVI (ml/m ²)	43.0		38.7	
<input checked="" type="checkbox"/> Mass (g)	66 (ED)			
<input checked="" type="checkbox"/> Mass Index (g/m ²)	36 (ED)			

66 (ED)

66 (ES)

66 (p1)

67 (p2)

68 (p3)

68 (p4)

70 (p5)

66 (p6)

LV RV

ABBILDUNG 12. Tabelle Kammervolumen

Chamber Volumes			
Phase	TDel (ms)	ENDO Volume(ml)	EPI Volume(ml)
1	10	126	189
2	57	115	179
3	105	101	166
4	153	82.8	148
5	200	69.0	136
6	248	58.8	122
7	296	53.2	116
8	343	49.9	113
9	391	49.7	112
10	439	56.4	119
11	487	73.1	135
12	534	95.9	160
13	582	108	171

Chamber Endo Contour Epi Contour

Die volumetrischen LV- und RV-Werte 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 63).
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.

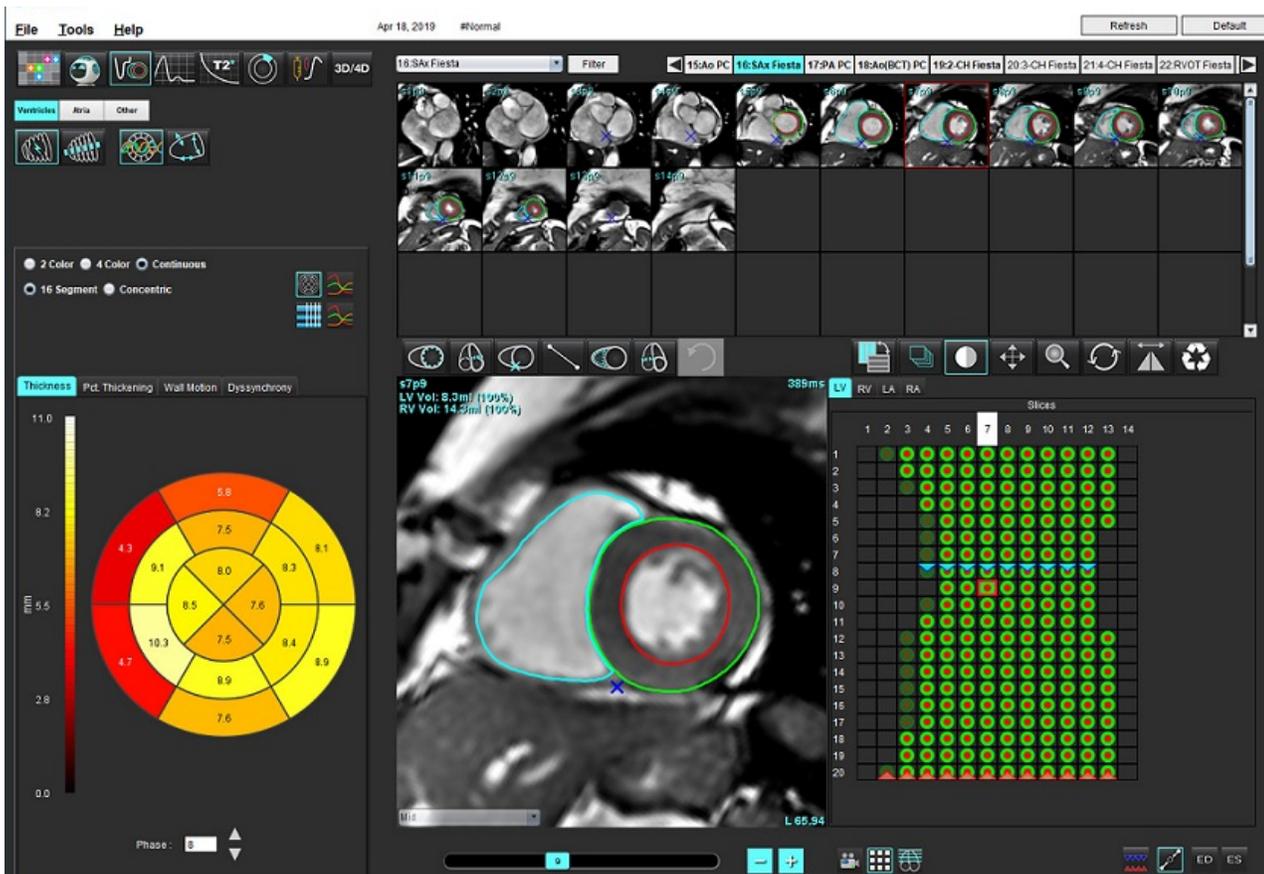


4. Bestätigen Sie die basale, mittlere und apikale Klassifizierung.



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

ABBILDUNG 13. 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 63.](#)).
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 14).

ABBILDUNG 14. Globale Ergebnisberechnung

Thickness Pct. Thickening Wall Motion Dyssynchrony			
Measurement	TUWT		
<input checked="" type="checkbox"/> Global	0.73		
Measurement	TUWT	+	
S3	0.43	<input checked="" type="checkbox"/>	
S4	0.40	<input checked="" type="checkbox"/>	
S5	0.52	<input checked="" type="checkbox"/>	
S6	0.82	<input checked="" type="checkbox"/>	
S7	0.82	<input checked="" type="checkbox"/>	
S8	0.89	<input checked="" type="checkbox"/>	
S9	0.89	<input checked="" type="checkbox"/>	
S10	0.84	<input checked="" type="checkbox"/>	
S11	0.78	<input checked="" type="checkbox"/>	
S12	0.89	<input checked="" type="checkbox"/>	

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

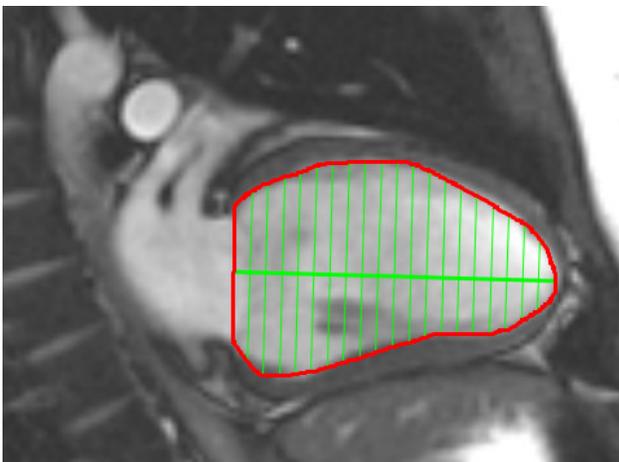
Verfahren der schnellen LV-Funktionsanalyse

1. Wählen Sie  aus.
2. Wählen Sie eine Langachsenserie aus.
3. Wählen Sie  aus.
4. Wählen Sie  aus, um alle Schichten und 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 15. Platzierung der Mittellinie



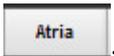
Die Ergebnisse werden in der Messergebnistabelle angezeigt.

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

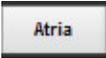
1. Klicken Sie auf .
2. Wählen Sie die entsprechende Serie aus.
3. Zur Durchführung einer atrialen Dimensionsmessung klicken Sie direkt auf die Tabelle in der Spalte für LA oder RA, und legen Sie zwei Punkte ab. Siehe Abbildung 16.
4. Zur Durchführung einer atrialen Bereichsmessung klicken Sie direkt auf die Tabelle in der Spalte für LA oder RA, und zeichnen Sie einen Untersuchungsbereich. Siehe Abbildung 16.

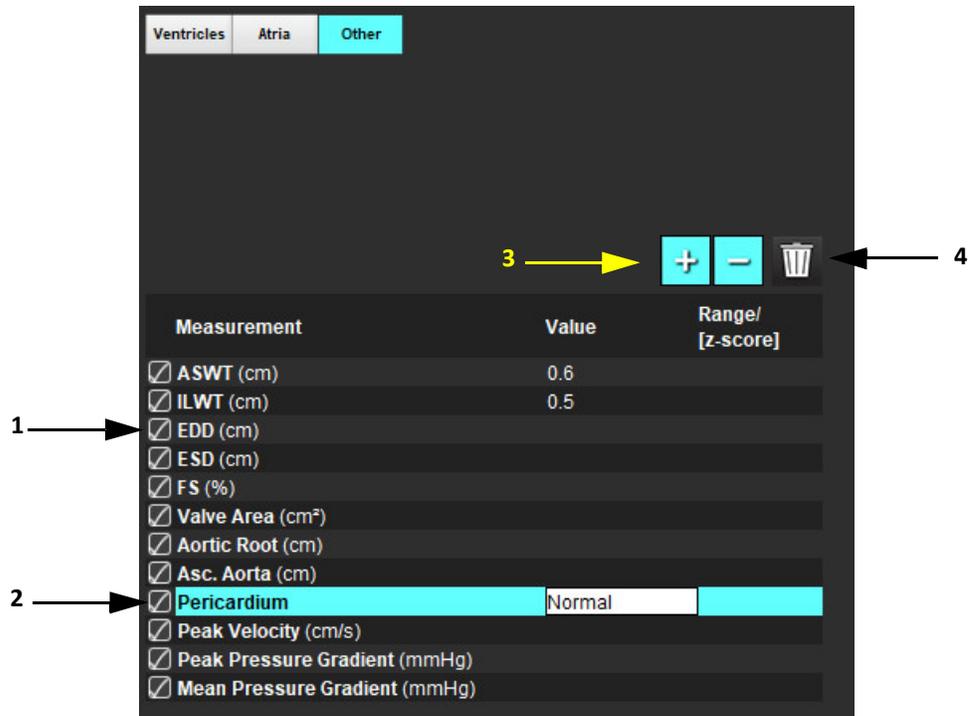
ABBILDUNG 16. Atriale Messung

Measurement	LA	Range/ [z-score]	RA	Range/ [z-score]
<input checked="" type="checkbox"/> EF (%)				
<input checked="" type="checkbox"/> EDVI (ml/m ²)				
<input checked="" type="checkbox"/> ESVI (ml/m ²)				
<input checked="" type="checkbox"/> EDV (ml)				
<input checked="" type="checkbox"/> ESV (ml)				
<input checked="" type="checkbox"/> Dimension (cm)				
<input checked="" type="checkbox"/> Area (cm ²)				

Standardmessungen

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

ABBILDUNG 17. Standardmessungen



1. In Befund einschließen, 2. Eingabefeld für Perikard, 3. Benutzerdefinierte Messung hinzufügen/entfernen, 4. Alle Messungen löschen

Messung durchführen

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 die gewünschte Messung. Sie wird hervorgehoben, was anzeigt, dass 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 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 Messerggebnistabelle der Messwert für den Abstand entsprechend aktualisiert.

Um die gesamte Linie zur Abstandmessung 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 das Papierkorbsymbol. Alternativ können Sie auch die Löschtaaste auf der Tastatur verwenden.

Messungen löschen



Klicken Sie auf , um alle Messungen zu löschen.

Benutzerdefinierte Messung hinzufügen



1. Wählen Sie  aus.
2. Geben Sie im Popup-Fenster „Benutzerdefinierten Messwert hinzufügen“ eine eindeutige Bezeichnung ein.
3. Wählen Sie den Messtyp entweder als „Linear“ oder „Fläche“ aus.
4. Klicken Sie auf „OK“.

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

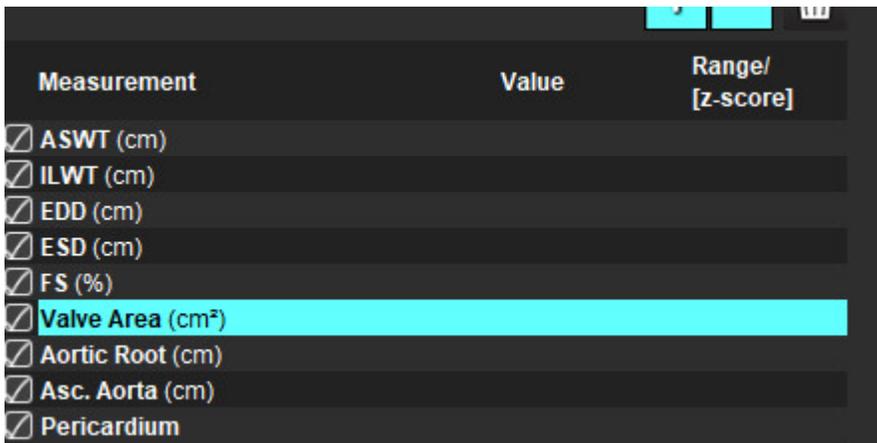
Die Analyse der Klappenebene ermöglicht die Berechnung der Klappen-Spitzengeschwindigkeit, des Spitzendruckgradienten und des mittleren Druckgradienten für die Klappe.¹

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 63](#)).
2. Wählen Sie eine Serie aus, die die Anatomie der Klappe zeigt.
3. Wählen Sie „Klappenbereich“ aus der Messergebnistabelle (Abbildung 18) aus und führen Sie eine Planimetrie der Klappe durch (siehe Abbildung 19).

ABBILDUNG 18. Klappenbereich



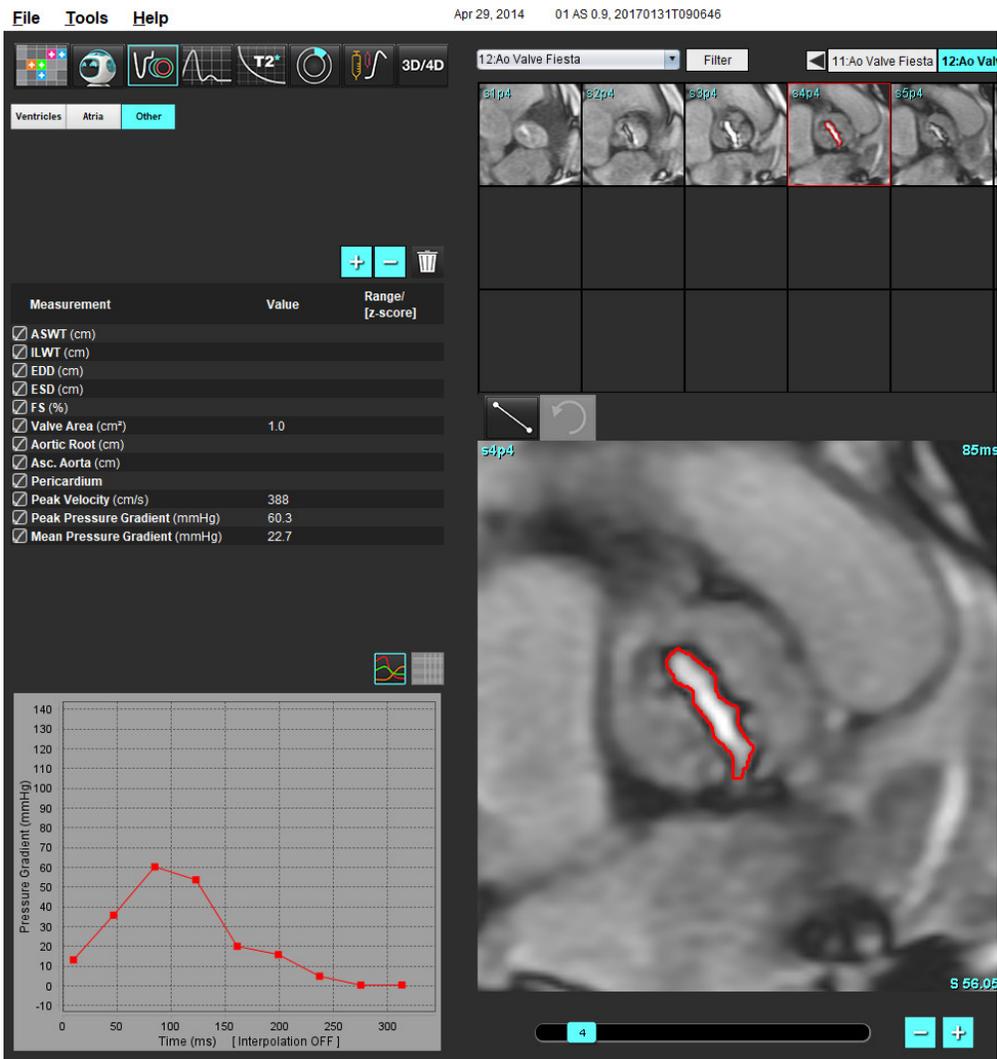
Measurement	Value	Range/ [z-score]
<input checked="" type="checkbox"/> ASWT (cm)		
<input checked="" type="checkbox"/> ILWT (cm)		
<input checked="" type="checkbox"/> EDD (cm)		
<input checked="" type="checkbox"/> ESD (cm)		
<input checked="" type="checkbox"/> FS (%)		
<input checked="" type="checkbox"/> Valve Area (cm²)		
<input checked="" type="checkbox"/> Aortic Root (cm)		
<input checked="" type="checkbox"/> Asc. Aorta (cm)		
<input checked="" type="checkbox"/> Pericardium		

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 19. Analyse der Klappenebene



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

HINWEIS: Die Ergebnisse von Spitzengeschwindigkeit, Spitzendruckgradient und mittlerer Druckgradient, die durch die Analyse der Klappenebene ermittelt werden, haben für Patienten mit Mitralklappeninsuffizienz oder einem Shunt keine Gültigkeit.

Flussanalyse

Der Flussanalyse-Modus unterstützt sowohl 2D- als auch 4D-Flusserfassungen. Sowohl manuelle als auch vollautomatische Segmentierung mit Quantifizierung von Flussvolumen, Geschwindigkeit, Regurgitationsvolumen, Druckgradient, Druckhalbezeit und Qp/Qs werden unterstützt. Basierend auf der/den vom Anwender ausgewählten Methode(n) können automatische Berechnungen der aortalen, mitralen, Lungengefäß- und Trikuspidalklappen-Regurgitation durchgeführt werden. Präzise Flussergebnisse hängen davon ab, dass die Bilder mit der korrekten Scanebene, den angemessenen Aufnahmeparametern und mit einer die Ebene durchlaufenden Durchflusskodierung aufgenommen werden.

HINWEIS: Die automatische Segmentierung ist in Fällen mit mangelnder Bildqualität evtl. weniger präzise. In diesen Fällen ist der Anwender dafür verantwortlich, die Konturen zu bearbeiten oder eine manuelle Segmentierung durchzuführen.

HINWEIS: Wenn sowohl 2D-Phasenkontrast als auch Inline-4D-Flussanalyse durchgeführt wurden, sind alle Ergebnisse im Flussanalyse-Modus verfügbar.

Die Vorbearbeitungs-Funktion unterstützt die Erkennung der Gefäßtypen für 2D-Phasenkontrast gemäß Tabelle 1. Siehe suiteDXT-Bedienungsanleitung, NS-03-039-0010.



WARNUNG: Nach der Vorbearbeitung ist der Benutzer dafür verantwortlich, die Genauigkeit der gesamten Analyse zu beurteilen und ggf. erforderliche Korrekturen vorzunehmen. Eine umfassende Überprüfung sollte Folgendes umfassen:

- Positionierung des Untersuchungsbereichs (ROI)
- Korrekte Gefäßerkennung für jede Kategorie
- Grundlinienkorrektur

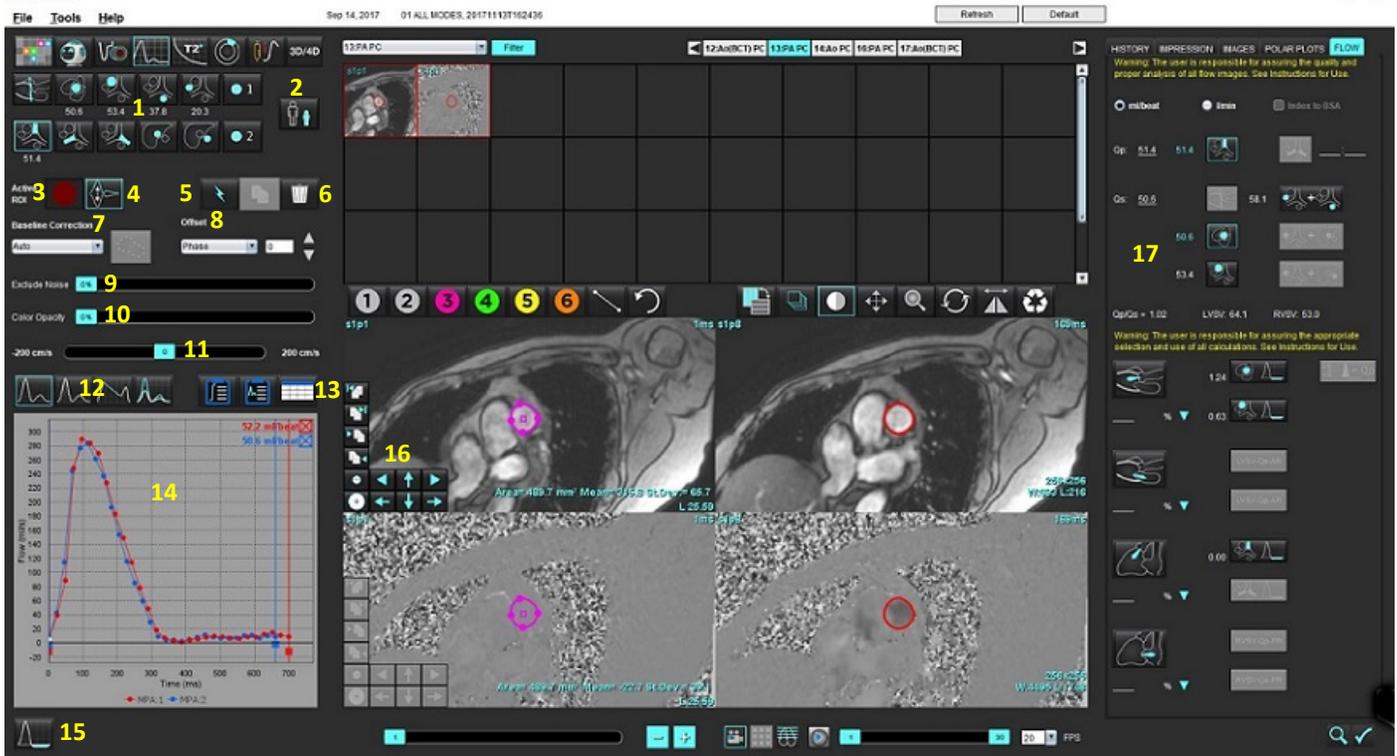


WARNUNG: Der Benutzer ist für die genaue Positionierung und korrekte Kategoriezuordnung aller Untersuchungsbereiche (ROIs) verantwortlich, einschließlich solcher Untersuchungsbereiche, die anhand automatischer Segmentierungsalgorithmen erzeugt oder modifiziert wurden. Die von der Software erzeugten quantitativen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



WARNUNG: Die Anwendung unterstützt den Anwender nur bei der Analyse der Bilder. Sie liefert nicht automatisch eine klinische Interpretation der 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. Flussanalyse-Benutzeroberfläche: Übersicht



1. Gefäßkategorien, 2. Auswahl Erwachsene/Kinder, 3. Auswahl aktiver Untersuchungsbereich, 4. Grafik umkehren, 5. Auswahl übertragen, 6. Optionen löschen, 7. Grundlinie, Korrektur, Dropdown-Menü, 8. Versatz: Phase, Dilatation, Fluss, 9. Rauschpixel ausschließen, 10. Farbopazitätssteuerung, 11. Aliasing-Korrektur, 12. Kurvenmodus-Auswahloptionen, 13. Ergebnistabellen-Auswahloptionen, 14. Kurvergebnis/Anzeige, 15. Regurgitationsmodus, 16. Bearbeitungswerkzeuge, 17. Integrierte Analyse

HINWEIS: Die Flussanalyse zeigt die Vergrößerungs- und Phasenbilder nebeneinander. Andere an der gleichen Scanposition aufgenommene Bildtypen werden nicht angezeigt und sollten im Viewer überprüft werden.

HINWEIS: Die Herzfrequenz kann durch Setzen des Mauszeigers auf das Flussergebnis in der Kurvenanzeige abgerufen werden.

Flussanalyse mithilfe der automatischen Segmentierung

Wurde die Vorbereitung basierend auf der 2D-Phasenkontrastserie in der Studie abgeschlossen, wird die Segmentierung automatisch an der 2D-Phasenkontrastserie durchgeführt und der jeweiligen Gefäßkategorie zugeordnet (Tabelle 1). Die automatische Segmentierung erfordert nicht, dass zunächst ein ROI auf dem Gefäß positioniert wird. Wählen Sie lediglich die jeweilige Gefäßkategorie und die entsprechende Serie zur Anzeige dieses Gefäßes aus. Wird keine Vorbereitung durchgeführt, ist es wichtig, die passende Kategorie zu wählen, die mit der erfassten Gefäßanatomie korreliert.



WARNUNG: Der Benutzer ist für die genaue Positionierung und korrekte Kategoriezuordnung aller Untersuchungsgebiete (Regions of Interest, ROI) verantwortlich, einschließlich solcher, die durch Vorbereitung erzeugt wurden.

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

HINWEIS: Das Nettoflussergebnis wird unter jeder Gefäßkategorie angezeigt. Findet mehr als eine Flussmessung in einer Gefäßkategorie statt, wird das Durchschnittsergebnis angezeigt. Um diesen Wert auszublenden, wählen Sie **Werkzeuge > Einstellungen > Bearbeiten** aus und setzen Sie die Flusseinheit unter „Fluss“ auf **KEINE**.

Tabelle 1: Gefäßkategorien

Gefäßkategorie	QuickInfo	Bezeichnung
	LVOT	Linksventrikulärer Ausflusstrakt (Kinder)
	pAAo	Proximale Aorta ascendens
	mAAo	Mittlere Aorta ascendens
	pDAo	Proximale Aorta descendens (Kinder)
	SVC	Vena cava superior (Kinder)
	MPA	Hauptlungenarterie
	RPA	Rechte Lungenarterie (Kinder)

Tabelle 1: Gefäßkategorien

Gefäßkategorie	QuickInfo	Bezeichnung
	LPA	Linke Lungenarterie (Kinder)
	IVC	Vena cava inferior (Kinder)
	dDAo	Distale Aorta descendens (Kinder)
	Fluss 1, Fluss 2	Benutzerdefinierte Kategorien. Klicken Sie mit der rechten Maustaste und geben Sie eine neue Bezeichnung für die Kategorie ein. Die Bezeichnung wird als QuickInfo angezeigt.

Automatische oder manuelle Segmentierung durchführen

(Beispiel für Segmentierung der proximalen Aorta ascendens)

1. Wählen Sie entweder „Erwachsene“ oder „Kinder“  aus.
2. Wählen Sie die -Kategorie aus.
3. Wählen Sie die jeweilige Phasenkontrastserie aus, die die proximale Aorta ascendens zeigt (siehe Abbildung 2).

ABBILDUNG 2. Proximale Aorta ascendens



4. Wählen Sie die Farbe für den aktiven Untersuchungsbereich aus (siehe Abbildung 3).

ABBILDUNG 3. Auswahl des aktiven Untersuchungsbereichs

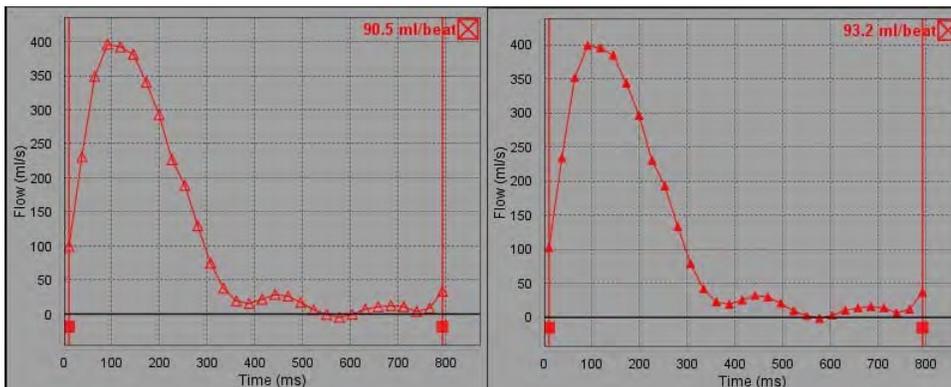


Es sind 6 aktive Untersuchungsbereiche verfügbar, die mit 1 bis 6 nummeriert sind. Die Farbkodierung ist in der Analysenansicht und in den Bilder-Darstellungsfenstern und den Grafiken dieselbe.

5. Wählen Sie  aus.
6. Prüfen Sie die Segmentierung auf dem Gefäß. Bestätigen Sie, dass das korrekte Gefäß segmentiert wurde. Wenn das falsche Gefäß segmentiert wurde, führen Sie eine manuelle Segmentierung durch.
7. Um eine manuelle Segmentierung durchzuführen, wählen Sie  aus.
8. Zeichnen Sie eine Kontur um ein Gefäß, indem Sie 4 Punkte rund um das interessierende Gefäß anordnen. Bewegen Sie den Cursor aus dem Bearbeitungsfenster, um den Untersuchungsbereich zu schließen.
 - 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.
9. Klicken Sie für die Bearbeitung auf eine Kontur, führen Sie die Bearbeitung durch und klicken Sie auf . Weitere Hinweise finden Sie unter [Konturen bearbeiten auf Seite 89](#).
10. Die Flussergebnisse werden in der Grafik und in den Ergebnistabellen angezeigt. Klicken Sie auf das Kontrollkästchen neben dem Flussergebnis, um die entsprechende Kurve aus der Grafik zu entfernen.
11. Wählen Sie die Option „Grundlinienkorrektur“ aus dem Datei-Pulldown-Menü aus.

Kurven mit Grundlinienkorrektur weisen feste Phasen-Datenpunkte (siehe Abbildung 8) auf. Weitere Hinweise finden Sie unter [Optionen für die Grundlinienkorrektur auf Seite 92](#).

ABBILDUNG 4. Flussdiagramm – Keine Korrektur (linke Grafik); angewandte Korrektur (rechte Grafik)



Alle Flusskurven werden in einer positiven Richtung generiert. Umgekehrte Kurven werden durch  gekennzeichnet.

Gefäßkategorie verschieben

Befindet sich bei der Überprüfung ein abgeschlossenes Flussergebnis nicht in der korrekten Gefäßkategorie, kann es in die jeweilige Kategorie verschoben werden.

Klicken Sie zunächst mit der linken Maustaste auf die Kontur, dann mit der rechten Maustaste, und ziehen Sie den Cursor auf den Gefäßtyp und wählen Sie die entsprechende Flusskategorie aus (siehe Abbildung 5). (Kategorien für Kinder werden dargestellt.) Das Flussergebnis wird jetzt in dieser Kategorie angezeigt.

ABBILDUNG 5. Auswahl zum Verschieben der Gefäßkategorie



Konturen bearbeiten

1. Wählen Sie die für die Bearbeitung gewünschte Phase aus.
2. Klicken Sie mit der linken Maustaste 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. Falls diese angezeigt werden, bearbeiten Sie die Kontur durch Verschieben der Punkte für Punkt-Spline-Konturen.
4. Bearbeiten Sie frei Hand durch Klicken und Zeichnen.
5. Klicken Sie mit der linken Maustaste auf die auszuwählende Kontur und dann mit der rechten Maustaste, um die Werkzeuge wie in Tabelle 2 beschrieben zu verwenden.
6. Verwenden Sie die Darstellungsfenster-Bearbeitungswerkzeuge wie in Tabelle 3 beschrieben.

Tabelle 2: Kontextmenü-Optionen

Tool	Beschreibung
	Einzelnen ROI in der aktuellen Phase löschen
	Alle ROIs in allen Phasen löschen
	Bearbeitungswerkzeug-Auswahl
	Pull-Tool-Auswahl
 Aktuelle Gefäßkategorie wird angezeigt.	Flussergebnisse in eine andere Kategorie verschieben

Phasenbereich bearbeiten

1. Wählen Sie die gewünschte Schicht aus.
2. Wählen Sie  aus, um Miniaturansichten aller Phasen einer bestimmten Schichtposition 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.

Tabelle 3: Darstellungsfenster-Bearbeitungswerkzeuge

Tool	Beschreibung
	Bearbeiteten Inhalt an das Ende von Phasen kopieren
	Bearbeiteten Inhalt an den Anfang von Phasen kopieren
	Untersuchungsbereich aus der vorherigen Phase kopieren

Tabelle 3: Darstellungsfenster-Bearbeitungswerkzeuge

Tool	Beschreibung
	Untersuchungsbereich in die nächste Phase kopieren
	Untersuchungsbereich verkleinern
	Untersuchungsbereich vergrößern
	Zu vorheriger und nächster Phase navigieren
	ROI nach rechts oder links verschieben
	ROI nach oben oder unten verschieben

Optionen für die Grundlinienkorrektur

Es gibt drei Methoden zur Fluss-Grundlinienkorrektur 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 Phasenüberfaltung im Bild macht die automatische Grundlinienkorrektur ungültig.

Automatische Grundlinienkorrektur

Die automatische Grundlinienkorrektur 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.

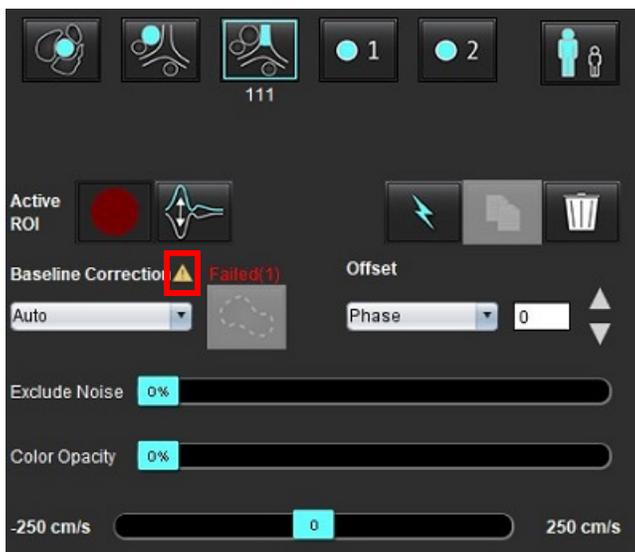
HINWEIS: Beim Erstellen einer 2D-Vergrößerungs- und Phasenserie mithilfe des 3D-/4D-Flow-Viewers erstellt die Anwendung eine nicht korrigierte Serie und eine zweite Serie, auf die die Phasenfehlerkorrektur angewendet wurde. Wenden Sie die automatische Grundlinienkorrektur nicht aus dem Grundlinienkorrektur-Pulldown-Menü auf Serien an, die mit „Korrigiert“ gekennzeichnet 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** 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 6).

ABBILDUNG 6. Fehlgeschlagene Grundlinienkorrektur



Fehlertypen:

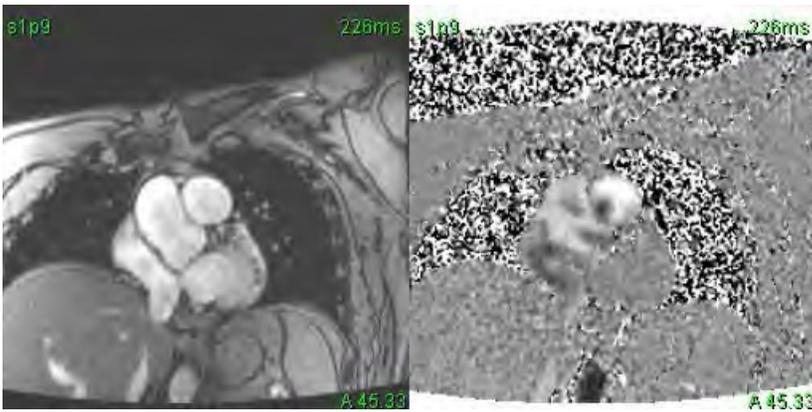
- 1 – Überfaltung im Bild
- 2 – Rauschen im Bild
- 3 – Bild ist ungültig

HINWEIS: Eine im Bild vorhandene Phasenüberfaltung verursacht ungenaue Flussergebnisse (siehe Abbildung 7). 2D-Film-Phasenkontrastbilder, die für Flussanalysen verwendet werden, dürfen keine Bildphasenüberfaltung aufweisen (siehe Abbildung 8).

ABBILDUNG 7. Beispielbilder für Phasenüberfaltung (weiße Pfeile)



ABBILDUNG 8. Beispielbilder ohne Phasenüberfaltung



Phantom-Korrektur

Um die Genauigkeit der Phasenkontrastergebnisse zu verbessern und Grundlinien-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 die optimale Korrektur muss die Hintergrund-Kontur 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.

Flusswerkzeuge

Versatzoptionen

Das Datei-Pulldown-Menü weist drei Optionen auf: Phase, Fluss und Dilatation

Tabelle 4:

Auswahl	Beschreibung
Phase	Ändert die Ordinate der Flusskurve.
Fluss	Ändert den Abszissenwert der Flusskurve, der wiederum zu Änderungen der Grundlinienwerte des Flussergebnisses führt.
Dilatation	Ändert gleichförmig den Radius des segmentierten Gefäßes für alle Phasen um einen angegebenen Pixelwert, um gültige Flusspixel einzuschließen.

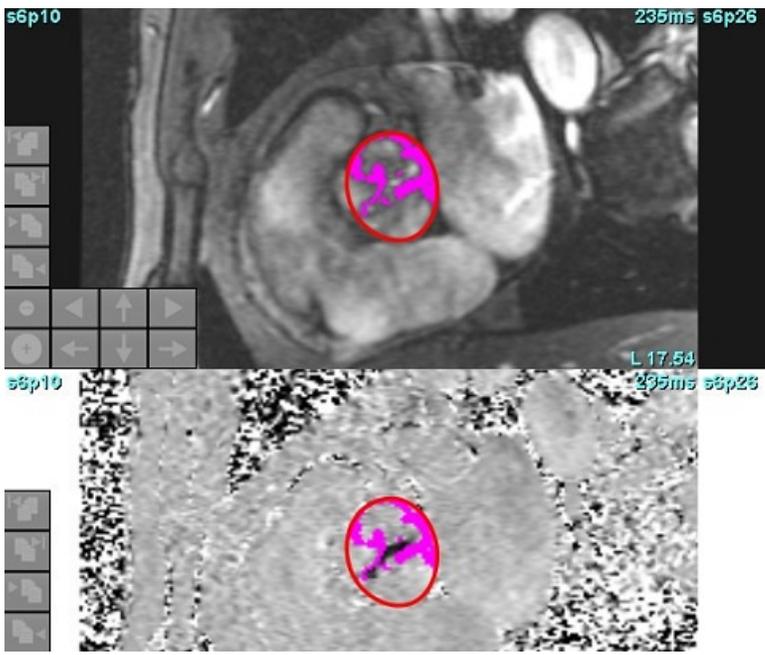
Rauschpixel ausschließen

Die Option identifiziert Pixel geringer Intensität (hohe Fluktuation der Geschwindigkeiten), die sich innerhalb des Untersuchungsbereichs befinden. Sie ist an der rosa Überlagerung (siehe Abbildung 10) erkennbar und schließt die Pixel aus der Flussberechnung aus. Der Prozentanteil der Rauschpixel lässt sich mit dem Schieberegler einstellen.

ABBILDUNG 9. Rauschpixel



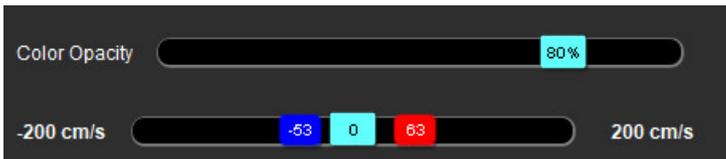
ABBILDUNG 10. Rauschpixel sind an der rosa Überlagerung erkennbar



Farbüberlagerung

Um eine rot/blau Farbüberlagerung, die die Geschwindigkeiten darstellt, auf dem Vergrößerungsbild anzuzeigen, klicken und ziehen Sie den Farbopazitäts-Schieberegler. Passen Sie den Geschwindigkeitsbereich durch Einstellen der blauen oder roten Markierungen an (siehe Abbildung 11).

ABBILDUNG 11. Farbüberlagerungs-Bedienelemente



Geschwindigkeits-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 Flussgrafik wird aktualisiert. Die Aliasing-Korrektur kann durchgeführt werden, ohne dass ein Untersuchungsbereich im Bild vorhanden ist. Falls in der Serie mehr als eine Schichtposition vorhanden ist, wirkt sich das Ändern der Einstellung auf alle Schichtpositionen aus. Um eine einzelne Schichtposition zu ändern, verwenden Sie die Strg- oder Alt-Taste auf der Tastatur, während Sie das Schieberegler-Bedienelement ändern.



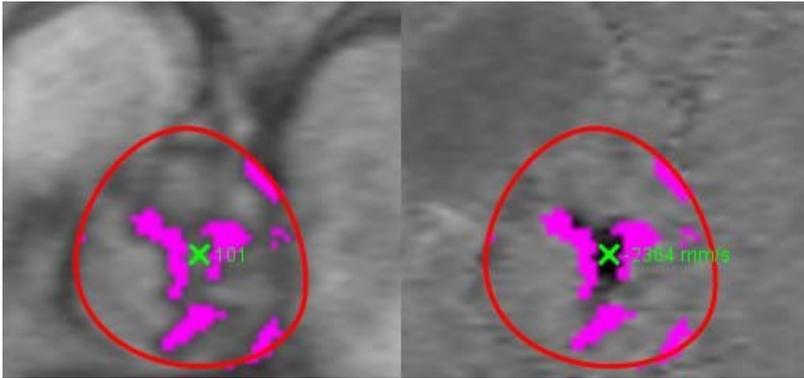
Benutzerdefinierte Spitzengeschwindigkeit

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 12. Pixel-Flussgeschwindigkeit



Kurvenmodus-Auswahloptionen

Tabelle 5:

Auswahl	Modus	Beschreibung
	Fluss	Die Kurve zeigt das Flussvolumen jeder Phase im gesamten Herzzyklus (Standard). Jeder Punkt auf der Kurve stellt den Fluss für die jeweilige Phase dar. Das Nettoflussergebnis wird angezeigt.
	Histogramm	Zeigt ein Diagramm der Geschwindigkeit für jedes Pixel in jedem Untersuchungsbereich für jede Phase des Herzzyklus an. Es werden Spitzen- und mittlere Druckgradientenergebnisse angezeigt.
	Druckhalbzeit (PHT)	Die Zeit, die erforderlich ist, um den transmitralen Spitzendruckgradienten um die Hälfte zu reduzieren. Ermöglicht es, die Steilheit auf der Grafik zu identifizieren, um den Druckhalbwert und die Mitralöffnungsfläche zu berechnen.
	Vergleichen	Ermöglicht die Anzeige von Kurven aus zwei verschiedenen Kategorien.

Tabelle 5:

Auswahl	Modus	Beschreibung
	Regurgitation	Berechnet den Nettowert des negativen Flusses (unter der X-Achse).
	Positiv*	Zeigt die Summe des positiven Flussbereichs im gesamten Herzzyklus an.
	Negativ*	Zeigt die Summe des negativen Flussbereichs im gesamten Herzzyklus an.
	Hüllkurven-Spitzengeschwindigkeit*	Zeigt ein Diagramm der positiven und negativen Spitzengeschwindigkeiten für jede Phase des Herzzyklus an.
	Absolute Spitzengeschwindigkeit*	Zeigt ein Diagramm der absoluten Spitzengeschwindigkeit für jede Phase an.

*Diese Auswahloptionen sind nur verfügbar, wenn die jeweilige Einstellung ausgewählt wurde. Wählen Sie **Werkzeuge > Einstellungen > Bearbeiten** aus. Wählen Sie unter „Fluss“ **Erweiterte Optionen anzeigen** aus.

Histogramm-Modus

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

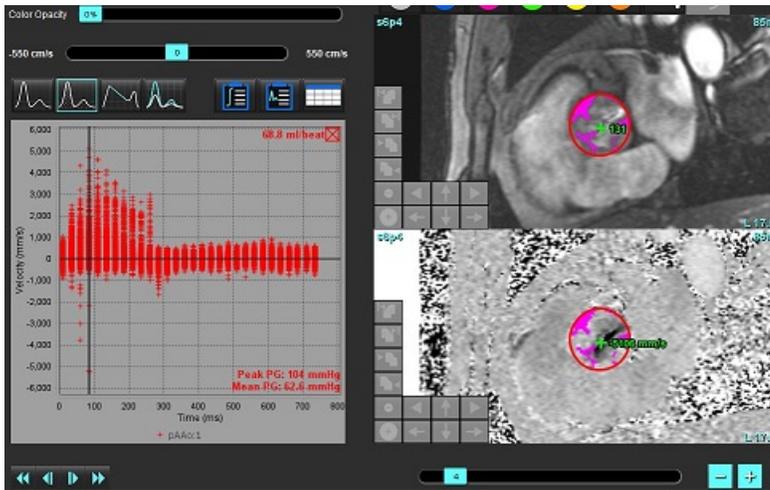
1. Generieren Sie eine Flusskurve unter Verwendung einer geeigneten Phasenkontrastserie.
2. Wählen Sie  aus.
3. Klicken Sie direkt auf die Grafik, um den Fadenkreuz-Cursor auf dem Phasenbild zu aktivieren, der die entsprechende Position des Pixels angibt.
4. Verwenden Sie die Doppelpfeil-Bedienelemente im unteren Grafikbereich, um den höchsten oder niedrigsten Geschwindigkeitswert zu lokalisieren (Abbildung 13).
5. Verwenden Sie die Einzelpfeile, um die Geschwindigkeitswerte einzeln zu durchlaufen (siehe Abbildung 13).

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 evtl. erneut analysiert werden.

ABBILDUNG 13. Histogramm-Modus

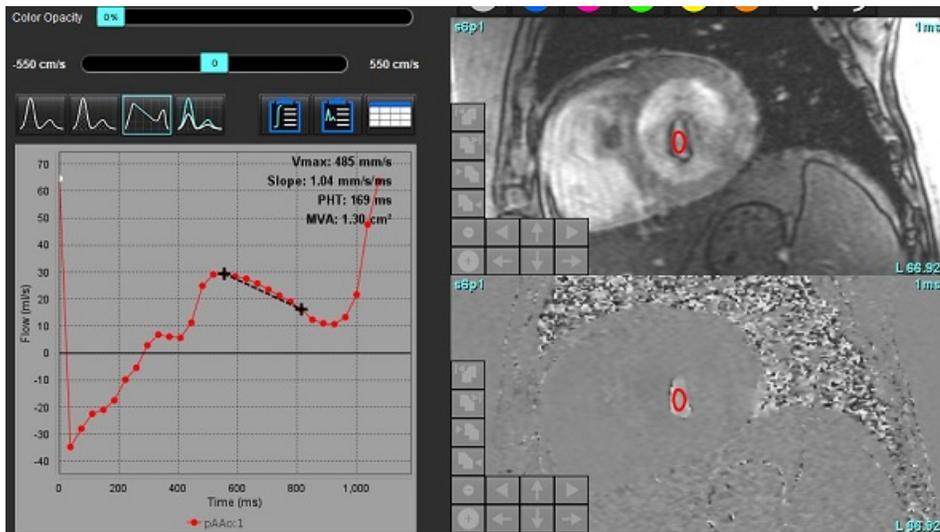


Druckhalbzeit

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  aus.
4. Klicken Sie direkt auf das Diagramm, um die höchste Geschwindigkeit des abfallenden Teils der Kurve anzugeben.
5. Klicken Sie auf einen Endpunkt, um die Steilheit der Kurve zu berechnen (siehe Abbildung 14).
6. Um die Berechnung zurückzusetzen, platzieren Sie den Cursor auf einen Endpunkt, klicken mit der rechten Maustaste und wählen den Papierkorb aus.

ABBILDUNG 14. Druckhalbzeit-Ergebnisse



HINWEIS: Die Ergebnisse für die Mitralöffnungsfläche und die Druckhalbzeit (PHT) gelten nicht für Patienten mit Aorteninsuffizienz, 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=mvaph>

Flussergebnisse anzeigen

Wählen Sie eine der folgenden Optionen aus, um Flussergebnisse in einem Tabellenformat zu überprüfen.

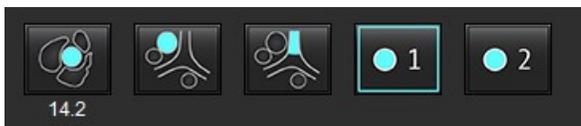
Tabelle 6: Ergebnistabellen-Optionen

Auswahl	Bezeichnung	Beschreibung
	Integrierte Analyse	Zeigt die Analyseergebnisse aus dem Bereich „Fluss“ an. Enthält Ergebnisse für aortale, mitrale, Lungengefäß- und Trikuspidalklappen-Regurgitation sowie Qp/Qs. Weitere Hinweise finden Sie unter Integrierte Analyse auf Seite 102 .
	Flussanalyse	Zusammenfassung der Ergebnisse pro Flusskurve.
	Datentabelle	Führt detaillierte Flussparameter für jede Phase pro Flusskurve auf.

Kategoriebezeichnung für Fluss 1, Fluss 2 ändern

Nur die Bezeichnungen für die Kategorien von Fluss 1 oder Fluss 2 können geändert werden.

ABBILDUNG 15. Fluss 1, Fluss 2

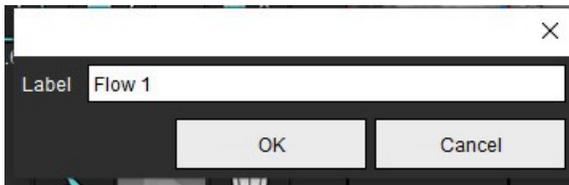


Bezeichnung ändern

1. Klicken Sie mit der rechten Maustaste auf Fluss 1 oder Fluss 2 (Abbildung 15).
2. Geben Sie die neue Bezeichnung ein (Abbildung 16).
3. Die neuen Bezeichnungen werden als QuickInfo angezeigt.

HINWEIS: Der Kurvenlegenden-Bezeichnung wird die gleiche Bezeichnung zugeordnet.

ABBILDUNG 16. Kategoriebezeichnung bearbeiten



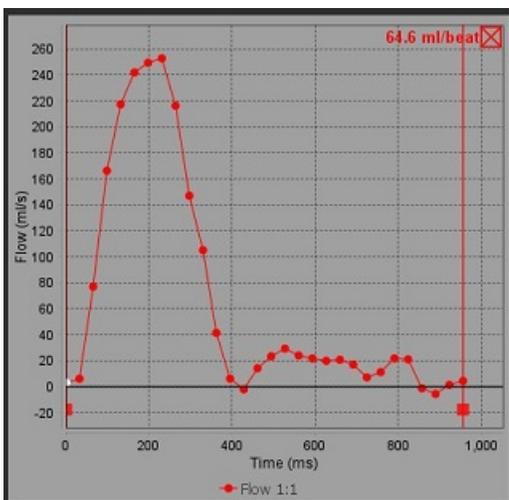
HINWEIS: Durch Ändern der Bezeichnungen der Flusskategorien wird die Bezeichnung der Flussüberschrift für den Befund geändert.

Kurvenlegenden bearbeiten

1. Klicken Sie mit der rechten Maustaste auf Fluss 1:1 am unteren Rand der Flussgrafik (Abbildung 17).

HINWEIS: Wurde die Kategoriebezeichnung geändert, so wird diese Bezeichnung angezeigt.

ABBILDUNG 17. Kurvenlegenden bearbeiten



2. Geben Sie die neue Bezeichnung ein.

ABBILDUNG 18. Bezeichnung der Legenden von Flusskurven ändern



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

Integrierte Analyse

Anhand der vom Anwender ausgewählten Methode berechnet die integrierte Analyse Q_p , Q_s , Q_p/Q_s , aortale, mitrale, Lungengefäß- und Trikuspidalklappen-Regurgitationsvolumina sowie Regurgitationsfraktionen (RF%).



WARNUNG: Der Anwender ist für die Auswahl der Methode zur Bestimmung von Q_p , Q_s und aortalen, mitralen, Lungengefäß- und Trikuspidalklappen-Regurgitationsvolumina sowie Regurgitationsfraktionen verantwortlich.



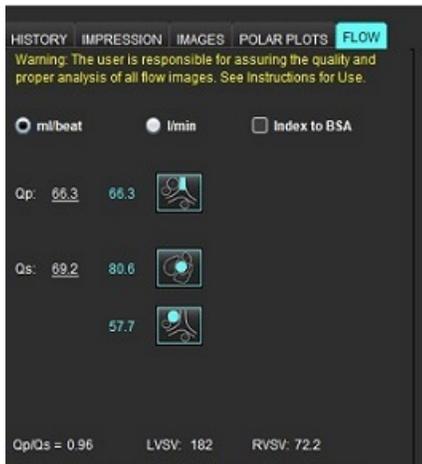
WARNUNG: Evtl. sind manche oder alle Methoden je nach Patientenpathologie nicht angemessen. Der Anwender ist dafür verantwortlich, zu bestimmen, welche Methode ggf. für die Interpretation gültig ist.



WARNUNG: Der Benutzer ist für die genaue Positionierung und korrekte Kategoriezuordnung aller Untersuchungsbereiche (Regions of Interest, ROI) verantwortlich, einschließlich solcher, die durch Vorbearbeitung erzeugt wurden.

HINWEIS: Der Anwender kann die Standardberechnungsmethode für die integrierte Analyse durch Auswählen von „Werkzeuge > Einstellungen > Bearbeiten“ aus dem Datei-Pulldown-Menü festlegen. Die Standardmethoden-Auswahloptionen lauten: Keine, Alle oder Letzte.

Übersicht über die integrierte Analyse (Erwachsene dargestellt)



- Auswahl der Einheit (ml/Herzschlag oder l/min)
- Auswahl „Index an KÖF“ (Größe und Gewicht müssen auf der Registerkarte „Anamnese“ eingegeben werden)

Auswahloptionen für Qp und Qs

- Qp: Zeigt die Flusswerte aus der Kategorie MPA an
- Qs: Zeigt die Flusswerte aus den Kategorien pAAo oder mAAo an
- Qp/Qs-Ergebnis
- LV- und RV-Schlagvolumen-Ergebnisse aus der Kurzachsen-Funktionsanalyse werden angezeigt

Unterstrichene Qp- oder Qs-Werte können manuell eingegeben werden.

Zum Zurücksetzen löschen Sie den Wert und drücken die Eingabetaste auf der Tastatur.



Berechnungsmethode kann für Folgendes ausgewählt werden:

- 1- Aortale Regurgitation und RF%
- 2- Mitrale Regurgitation und RF%
- 3- Lungengefäß-Regurgitation und RF%
- 4- Trikuspidalklappen-Regurgitation und RF%

Unterstrichene Regurgitationswerte können manuell eingegeben werden.

Zum Zurücksetzen löschen Sie den Wert und drücken die Eingabetaste auf der Tastatur.

Tabelle 7: Qp/Qs-Auswahloptionen

HINWEIS: Weist eine Gefäßkategorie mehr als einen Messwert auf, wird der Durchschnitt verwendet.

HINWEIS: Für Qp oder Qs kann der Wert mit einer einzelnen oder einer Kombination der in der Tabelle beschriebenen Auswahloptionen abgerufen werden.

Ergebnis	Auswahl	Beschreibung
Qp		Flussergebnis aus der Kategorie MPA.
Qp (Kinder)		Flussergebnis aus LPA + RPA
Qs		Flussergebnis aus der Kategorie pAAo oder mAAo. Wählen Sie beide Gefäßtypen aus, um den Qs-Ergebnisdurchschnitt zu bilden.
Qs		Flussergebnis aus der Kategorie LVOT.
Qs (Kinder)		Flussergebnis SVC + pDAo
Qs (Kinder)		Flussergebnis SVC + IVC
Qs (Kinder)		Flussergebnis SVC + dDAo
Qp/Qs=		Ergebnis basiert auf der oben vorgenommenen Auswahl.

Qp/Qs berechnen

- Um die integrierte Analyse zu verwenden, wählen Sie aus den in Abbildung 19 dargestellten Befund-Registerkarten FLUSS aus.

ABBILDUNG 19. Befund-Registerkarten



2. Vor der Verwendung der integrierten Analyse bestätigen Sie alle Gefäßzuordnungen und die Präzision der Konturen in allen Kategorien.
 - Befindet sich das segmentierte Gefäß in der falschen Kategorie, klicken Sie mit der rechten Maustaste und verschieben Sie es in die korrekte Kategorie.
 - Ist das segmentierte Gefäß das falsche Gefäß für diese Kategorie, löschen Sie den aktiven Untersuchungsbereich und klicken Sie auf .
 - Wird das Gefäß nach der automatischen Segmentierung nicht korrekt erkannt, führen Sie eine manuelle Segmentierung durch. Weitere Hinweise finden Sie unter [Automatische oder manuelle Segmentierung durchführen auf Seite 87](#).



WARNUNG: Der Benutzer ist für die genaue Positionierung und korrekte Kategoriezuordnung aller Untersuchungsbereiche (Regions of Interest, ROI) verantwortlich, einschließlich solcher, die durch Vorbearbeitung erzeugt wurden.

3. Für Qp wählen Sie .
4. Für Qs wählen Sie  oder  oder beide Gefäßkategorien (es wird der Durchschnitt der Werte aus den beiden Kategorien gebildet).
5. Das Qp/Qs-Ergebnis wird wie in Abbildung 20 dargestellt berechnet.

ABBILDUNG 20. Qp/Qs-Ergebnisse (für Erwachsene dargestellt)

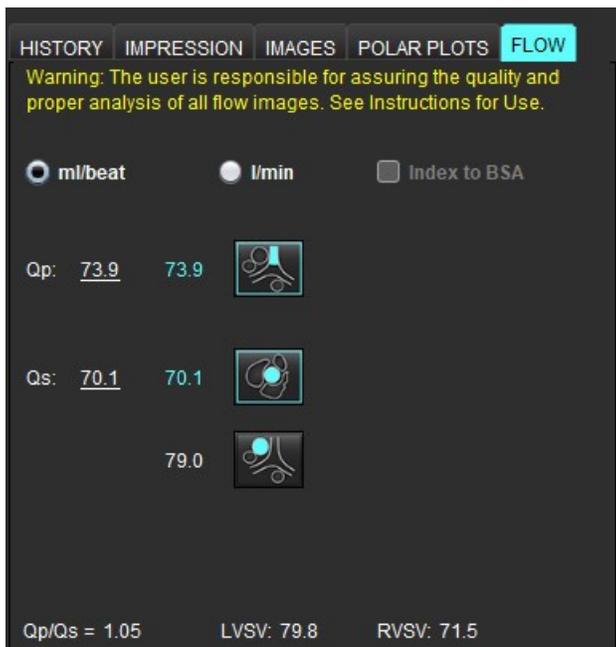


Tabelle 8: Berechnungsmethoden für das Regurgitationsvolumen

Auswahl	Klappentyp	Methodenbeschreibung
	Aortal	Direkt aus Flusskurve (proximal)
	Aortal	Direkt aus Flusskurve (Mitte)
	Aortal (Kinder)	LVOT positive Fließrate – Qp
	Mitral	Indirekt (Verwendetes LVSV wird aus Ergebnissen der Kurzachsenfunktionen abgerufen)
	Mitral	Indirekt (Verwendeter LVSV-Wert wird aus Ergebnissen der Kurzachsenfunktionen abgerufen)
	Lungengefäß	Direkt aus Flusskurve (MPA)
	Lungengefäß (Kinder)	Direkt aus Flusskurve LPA + RPA negativer Fluss
	Trikuspidalklappe	Indirekt (Verwendetes RVSV wird aus Ergebnissen der Kurzachsenfunktionen abgerufen)
	Trikuspidalklappe	Indirekt (Verwendetes RVSV wird aus Ergebnissen der Kurzachsenfunktionen abgerufen)

Regurgitationsvolumen und Regurgitationsfraktion (RF%) berechnen

- Um die integrierte Analyse zu verwenden, wählen Sie aus den in Abbildung 21 dargestellten Befund-Registerkarten FLUSS aus.

ABBILDUNG 21. Befund-Registerkarten



- Vor der Verwendung der integrierten Analyse bestätigen Sie alle Gefäßzuordnungen und die Präzision der Konturen in allen Kategorien.
 - Befindet sich das segmentierte Gefäß in der falschen Kategorie, klicken Sie mit der rechten Maustaste und verschieben Sie es in die korrekte Kategorie.
 - Ist das segmentierte Gefäß das falsche Gefäß für diese Kategorie, löschen Sie den aktiven Untersuchungsbereich und klicken Sie auf .
 - Wird das Gefäß nach der automatischen Segmentierung nicht korrekt erkannt, führen Sie eine manuelle Segmentierung durch. Weitere Hinweise finden Sie unter [Automatische oder manuelle Segmentierung durchführen auf Seite 87](#).



WARNUNG: Der Benutzer ist für die genaue Positionierung und korrekte Kategoriezuordnung aller Untersuchungsbereiche (Regions of Interest, ROI) verantwortlich, einschließlich solcher, die durch Vorbearbeitung erzeugt wurden.

3. Wählen Sie den Berechnungsmodus aus. Wie in Abbildung 22 dargestellt, werden die aortale Regurgitation und Regurgitationsfraktion durch Auswählen von  und die Lungengefäß-Regurgitation und Regurgitationsfraktion durch Auswählen von  berechnet.

ABBILDUNG 22. Methodenauswahl für aortale und Lungengefäß-Regurgitation (für Erwachsene dargestellt)



4. Das Regurgitationsvolumen und die RF% werden wie in Abbildung 22 dargestellt berechnet. Der verwendete Wert für den Nenner ist das LVSv für aortal und mitral sowie das RVSv für Trikuspidalklappe und Lungengefäße. Um einen anderen Wert einzugeben, klicken Sie mit der linken Maustaste auf das Dreieck und geben Sie einen neuen Wert in das Feld ein. Um auf den Originalwert zurückzusetzen, löschen Sie einfach den Feldinhalt und drücken Sie Eingabetaste auf der Tastatur (siehe Abbildung 23).

HINWEIS: Sind LVSv und RVSv nicht verfügbar, wird die RF% nicht automatisch berechnet.

ABBILDUNG 23. RF-Nenner



5. Falls mehr als eine Berechnungsmethode ausgewählt wird, wird der Durchschnitt der Werte für das Regurgitationsvolumen-Ergebnis gebildet.
6. Für die Berechnung der mitralen Regurgitation und RF% müssen Qp, Qs und eine aortale Regurgitationsmethode ausgewählt sein (siehe Abbildung 24).
7. Für die Berechnung der Trikuspidalklappen-Regurgitation und RF% müssen Qp, Qs und eine Lungengefäß-Regurgitationsmethode ausgewählt sein (siehe Abbildung 24).
8. Jedes negative Ergebnis wird als ungültig betrachtet und mit einem gelben Dreieck gekennzeichnet (siehe Abbildung 24).

ABBILDUNG 24. Methoden-Auswahloptionen (für Erwachsene angezeigt)



Überprüfung der Ergebnisse der integrierten Analyse

Um alle Ergebnisse zu prüfen, wählen Sie  aus.

HINWEIS: Die Auswahl der Flusseinheiten erfolgt oben im Bereich „Integrierte Analyse“. Wählen Sie ml/Herzschlag oder l/min aus.

HINWEIS: Die Ergebnisse können nach KÖF indiziert werden, indem oben im Bereich „Integrierte Analyse“ die Option „Index an KÖF“ ausgewählt wird. Sowohl Größe als auch Gewicht müssen auf der Registerkarte „Anamnese“ eingegeben werden.

ABBILDUNG 25. Integrierte Ergebnisse

Measurement	Value
<input checked="" type="checkbox"/> Qp (ml/beat)	60.0
<input checked="" type="checkbox"/> Qs (ml/beat)	71.4
<input checked="" type="checkbox"/> Qp/Qs	0.84
<input checked="" type="checkbox"/> Aortic Regurgitant Volume (ml/beat)	0.70
<input checked="" type="checkbox"/> Aortic Regurgitant Fraction (%)	0.97
<input checked="" type="checkbox"/> Mitral Regurgitant Volume (ml/beat)	-0.17
<input checked="" type="checkbox"/> Mitral Regurgitant Fraction (%)	-0.23
<input checked="" type="checkbox"/> Pulmonic Regurgitant Volume (ml/beat)	1.02
<input checked="" type="checkbox"/> Pulmonic Regurgitant Fraction (%)	0.67
<input checked="" type="checkbox"/> Tricuspid Regurgitant Volume (ml/beat)	92.3
<input checked="" type="checkbox"/> Tricuspid Regurgitant Fraction (%)	60.2

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.

Vier 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.
- **Early Enhancement** – Bestimmt das Verhältnis der Signalintensität des Myokards und den Prozentsatz des myokardialen Enhancements aus T1-gewichteten Bildern.



WARNUNG: Nach der Vorbereitung ist der Benutzer dafür verantwortlich, die Genauigkeit der gesamten Analyse zu beurteilen und ggf. erforderliche Korrekturen vorzunehmen. Eine umfassende Überprüfung sollte Folgendes umfassen:

- Positionierung/Identifizierung des Untersuchungsbereichs
- RV-Einfügungspositionierung
- Schwellenwert der Signalintensität



WARNUNG: Die Anwendung unterstützt den Anwender nur bei der Analyse der Bilder. Sie liefert nicht automatisch eine klinische Interpretation der 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.

Analyse-Registerkarten

Measurement	Value
<input checked="" type="checkbox"/> Enhancement Mass (g) ▼	24.7
<input checked="" type="checkbox"/> Left Ventricular Mass (g)	136
<input checked="" type="checkbox"/> Enhancement (%)	18.1
<input checked="" type="checkbox"/> MVO Mass (g)	
<input checked="" type="checkbox"/> MVO (%)	
<input checked="" type="checkbox"/> MVO / Enhancement (%)	

Ergebnis-Messwertbezeichnungen definieren

Die Ergebnis-Messwertbezeichnungen können vom Anwender definiert werden. Die Standardbezeichnung lautet „Enhancement“.

1. Wählen Sie „Werkzeuge > Einstellungen > Bearbeiten“ aus.
2. Geben Sie weitere Bezeichnungen in die leeren Felder ein, wie in Abbildung 1 dargestellt.
3. Wählen Sie die Standardbezeichnung aus.
Diese Bezeichnung wird für alle neuen Analysen verwendet.
4. Klicken Sie auf „Speichern und Beenden“.

ABBILDUNG 1. Bezeichnungen definieren

Measurement Labels	Default
Enhancement	<input type="radio"/>
Scar	<input checked="" type="radio"/>
Fibrosis	<input type="radio"/>
	<input type="radio"/>
	<input type="radio"/>

Um die Bezeichnung auf der Messergebnistabelle zu ändern, klicken Sie mit der linken Maustaste auf den Pfeil, um eine neue Bezeichnung auszuwählen.

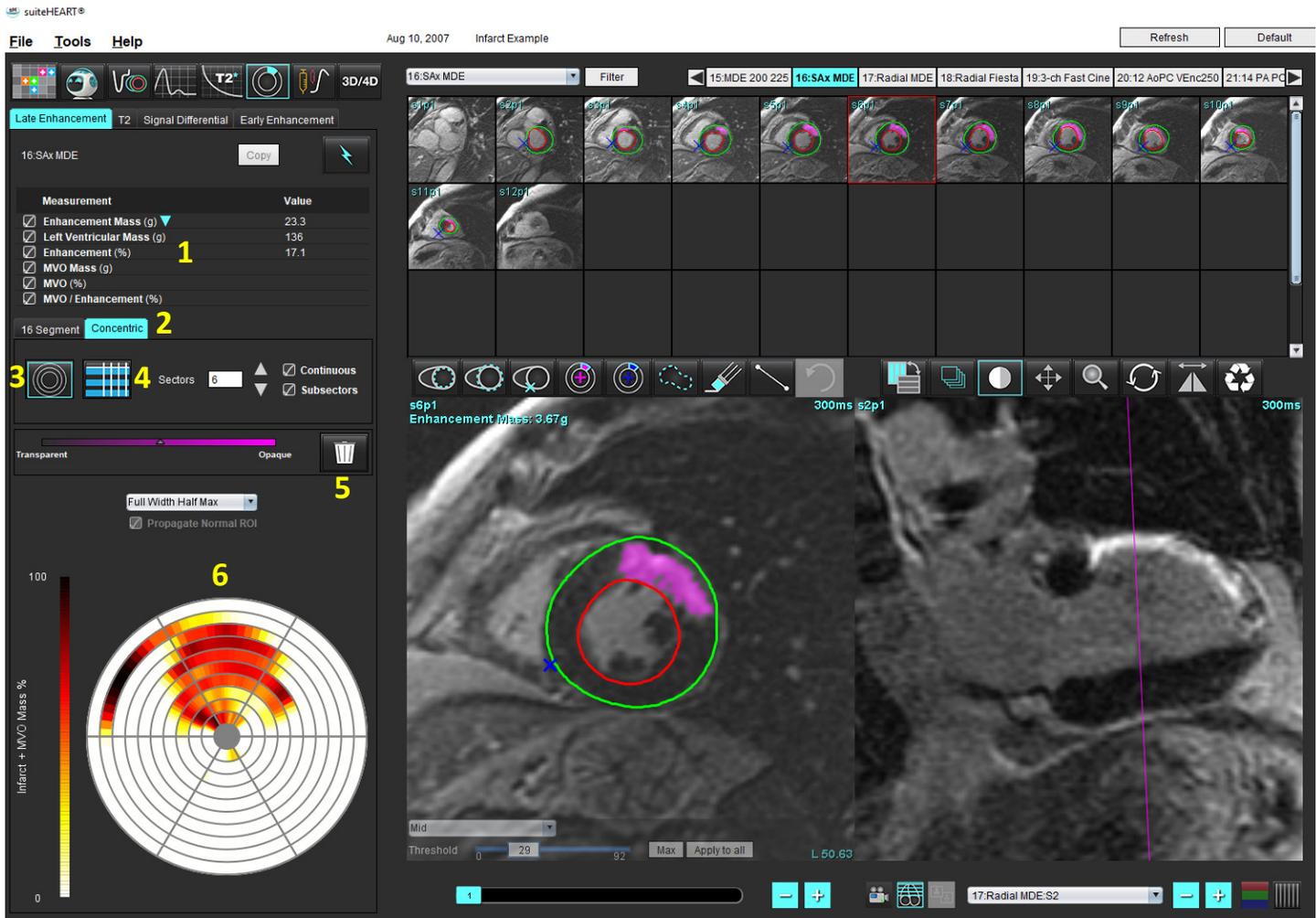
ABBILDUNG 2. ME-Messwertbezeichnungen

Measurement	Value
<input checked="" type="checkbox"/> Scar Mass (g) ▼	
<input checked="" type="checkbox"/> Left Ventricular	Enhancement
<input checked="" type="checkbox"/> Scar (%)	Scar
<input checked="" type="checkbox"/> MVO Mass (g)	Fibrosis
<input checked="" type="checkbox"/> MVO (%)	
<input checked="" type="checkbox"/> MVO / Scar (%)	

Late-Enhancement-Analyseverfahren

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 3. Analyse der Myokardbeurteilung



Measurement	Value
<input checked="" type="checkbox"/> Enhancement Mass (g)	23.3
<input checked="" type="checkbox"/> Left Ventricular Mass (g)	136
<input checked="" type="checkbox"/> Enhancement (%)	17.1
<input checked="" type="checkbox"/> MVO Mass (g)	
<input checked="" type="checkbox"/> MVO (%)	
<input checked="" type="checkbox"/> MVO / Enhancement (%)	

1. Ergebnistabelle, 2. Polardiagrammauswahl, 3. Polardiagrammanzeige, 4. Ergebnistabellenanzeige, 5. Löschen, 6. 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-Einfügapunkt, 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 4).

ABBILDUNG 4. Schwellenwert-Algorithmus-Auswahl



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.

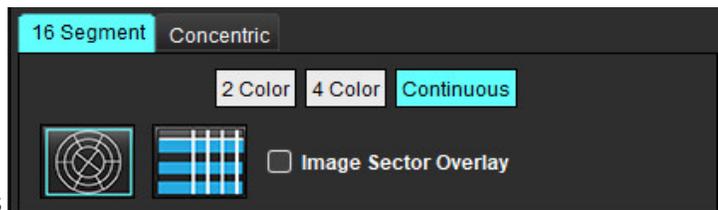
Schwellenwertbearbeitung

1. Um Bereiche mit hoher Intensität hinzuzufügen, wählen Sie  aus.
2. Um Bereiche mit niedriger Intensität hinzuzufügen, wählen Sie  aus.
3. Um beide Signalintensitätsbereiche zu löschen, wählen Sie den kleinen Radierer  oder den großen Radierer  aus.

Polardiagramm-Anzeigeformate

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

Möglichkeit 1: Polardiagramm mit 16 Segmenten



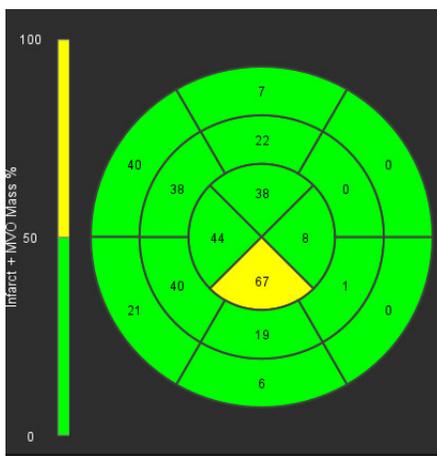
1. Wählen Sie die Registerkarte **16 Segmente** aus.
2. Wählen Sie **2 Farben**, **4 Farben** oder **Kontinuierlich** aus.

Farbzuordnungen werden durch Klicken auf die Farbskala definiert.

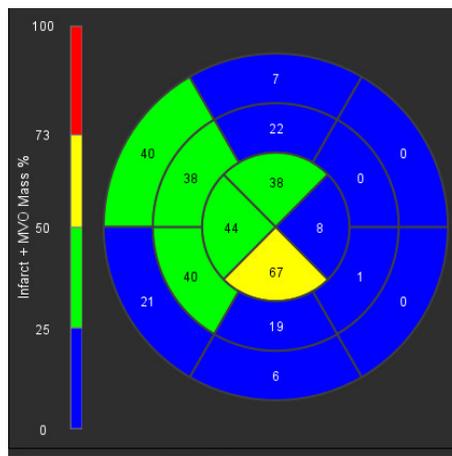
Zum Ändern der Prozentwerte klicken Sie direkt auf den Farbtrennbalken und verschieben Sie den Balken.

ABBILDUNG 5. Polardiagramme

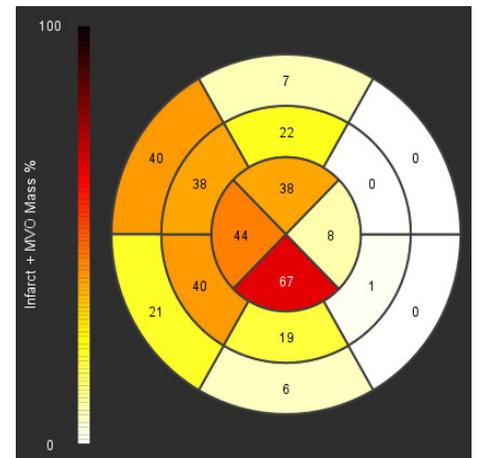
Polardiagramm mit 2 Farben



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 6. 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.

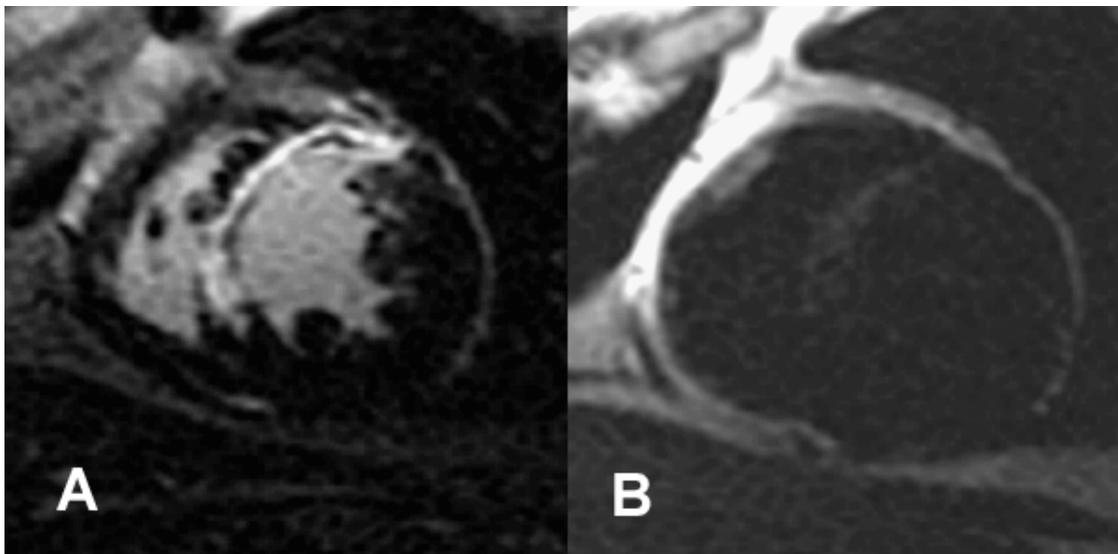
4. Durch Klicken auf das Kontrollkästchen **Kontinuierlich** wird das Polardiagramm auf prozentuale Signalintensität geändert. Die Werte werden mit Farben in einem kontinuierlichen Spektrum von 0 % bis 100 % kodiert.



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 7. Myokardiale Late-Enhancement-Bilder



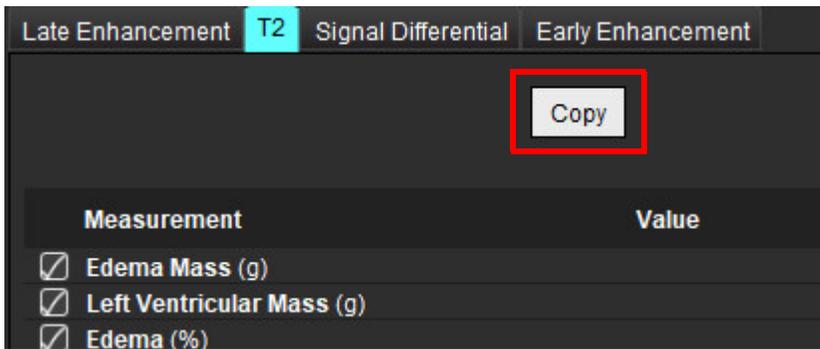
T2-Analyse

1. Wählen Sie die Registerkarte „T2“ aus.
2. Wenn die Late Enhancement-Serie zuvor analysiert wurde, können die ROIs durch auswählen von „Kopieren“ in die T2-Serie kopiert werden (siehe Abbildung 8).

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 8. 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-Einfügapunkt, 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. Wählen Sie die erste basale Schicht aus und verwenden Sie das Schichtklassifizierungs-Pulldown-Menü, um „Basis“ auszuwählen. Bestätigen Sie die Klassifizierungen für die restlichen Schichten. 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. Eine unzureichende Flussunterdrückung kann zu einer hohen Signalintensität führen, was mit einem Myokardödem verwechselt werden könnte. Artefakte aufgrund niedriger Signalintensität können ein fälschlicherweise niedriges Ergebnis verursachen.

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

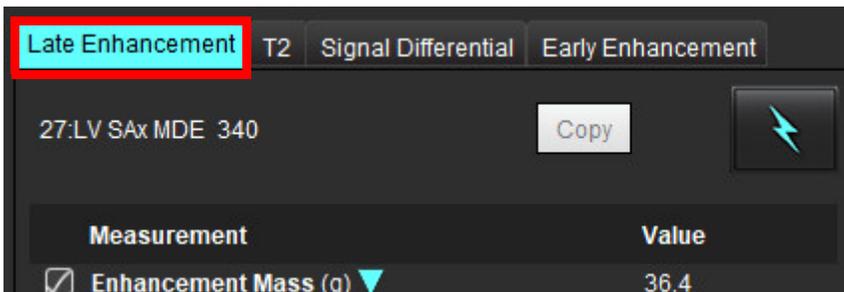
Late Enhancement und T2

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

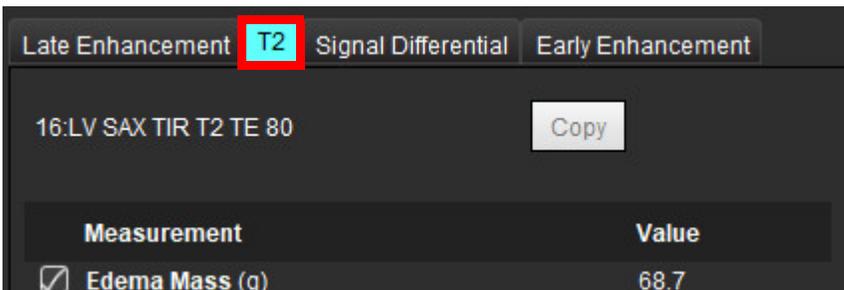
HINWEIS: Zur Aktivierung des Kombinationsanalysemodus muss zunächst die Analyse einer Kurzachsen-Late-Enhancement-Serie mithilfe des Registers „Late Enhancement“ abgeschlossen werden. T2-(Ödem)-Bilder müssen in der gleichen Studie präsent sein.

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 Kurzachsenschicht auf dem Register „Late Enhancement“, bevor Sie den Kombinationsanalysemodus auswählen.

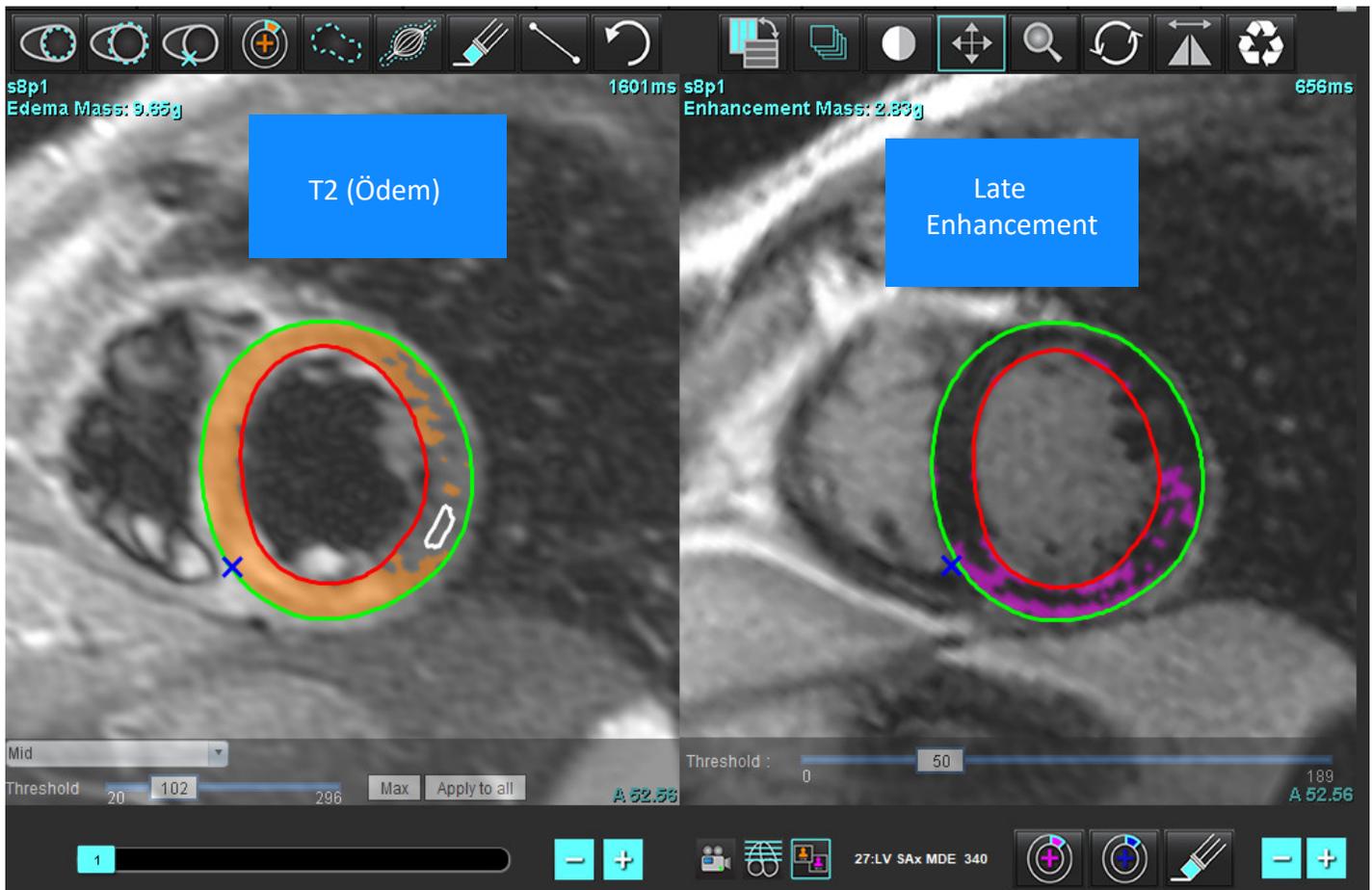


3. Wählen Sie die Registerkarte „T2“ aus und führen Sie das Analyseverfahren für die T2-Serie durch.



4. Um die Kombinationsanalyse zu starten, wählen Sie  aus (siehe Abbildung 9).

ABBILDUNG 9. Kombinationsanalysemodus

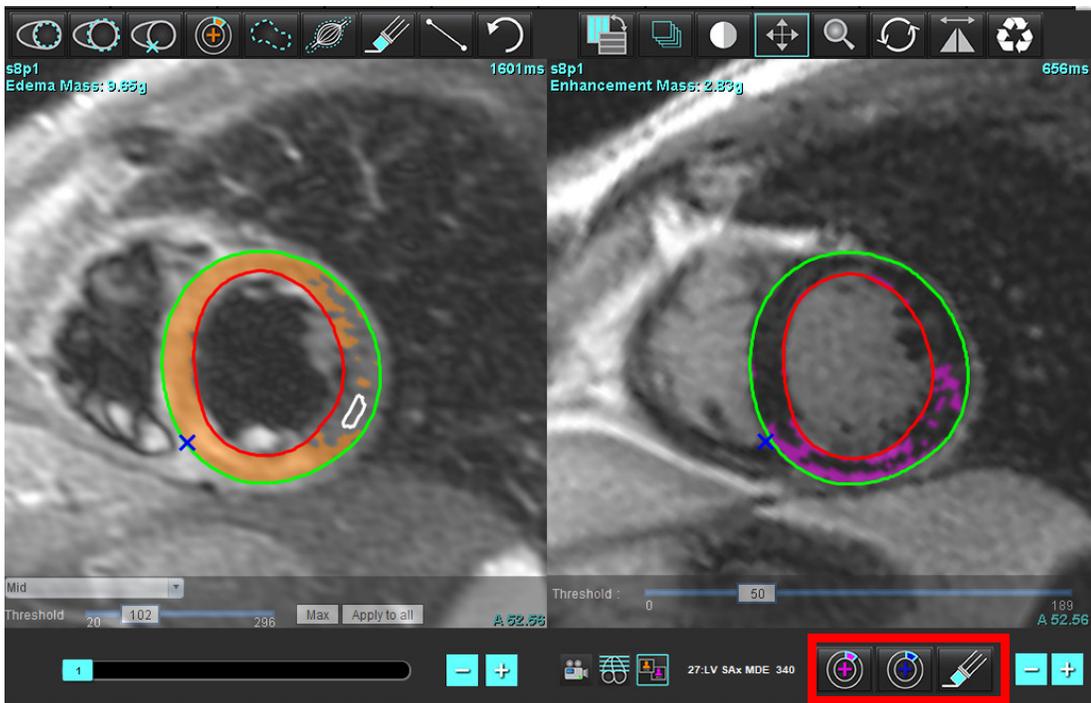


5. Bei der Auswahl erscheint die zuvor analysierte Late-Enhancement-Serie im Fenster „Modusansicht“. Dieses Fenster wird dann zum Editor-Fenster für die Late-Enhancement-Bilder.
6. Verwenden Sie für die Bearbeitung der Late-Enhancement-Bilder die Bearbeitungswerkzeuge unter dem Bild-Darstellungsfenster (siehe Abbildung 10).

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

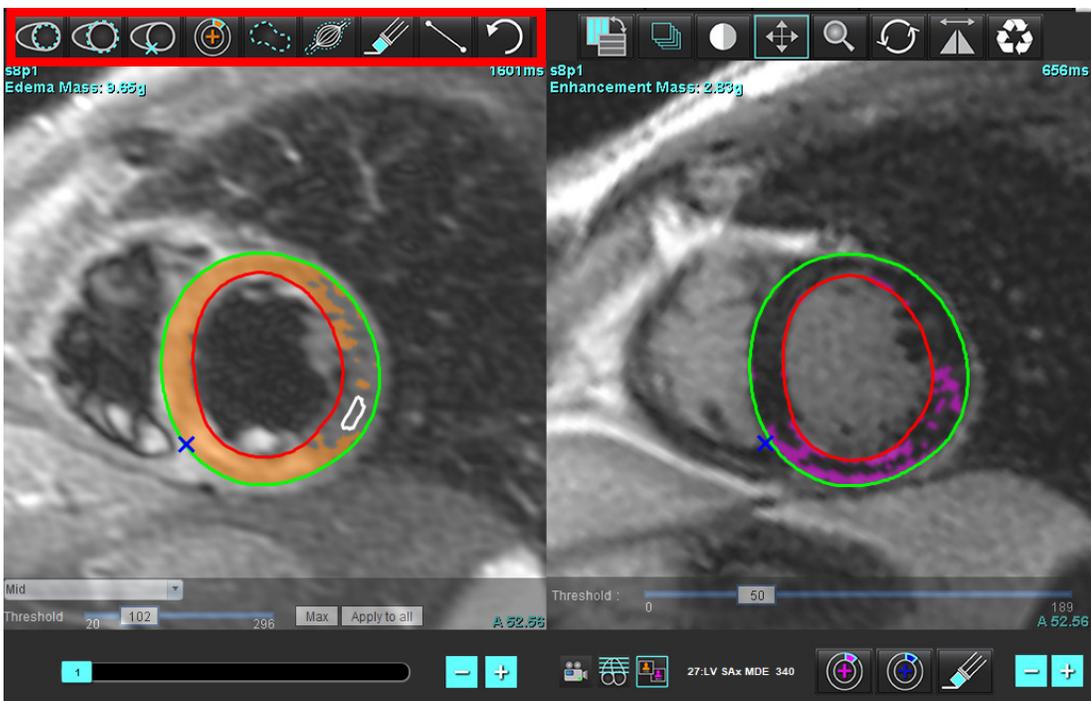
HINWEIS: Wenn die Untersuchungsbereiche des LV-Endokards oder des LV-Epikards gelöscht werden, gehen Sie zwecks Rückverfolgung zur Registerkarte „Late Enhancement“ zurück.

ABBILDUNG 10. Late Enhancement-Bearbeitungswerkzeuge



7. Verwenden Sie für die Bearbeitung der T2 (Ödem)-Serie links die Bearbeitungswerkzeuge unter dem Bild-Darstellungsfenster (siehe Abbildung 11).

ABBILDUNG 11. T2 (Ödem)-Analyse-Tools

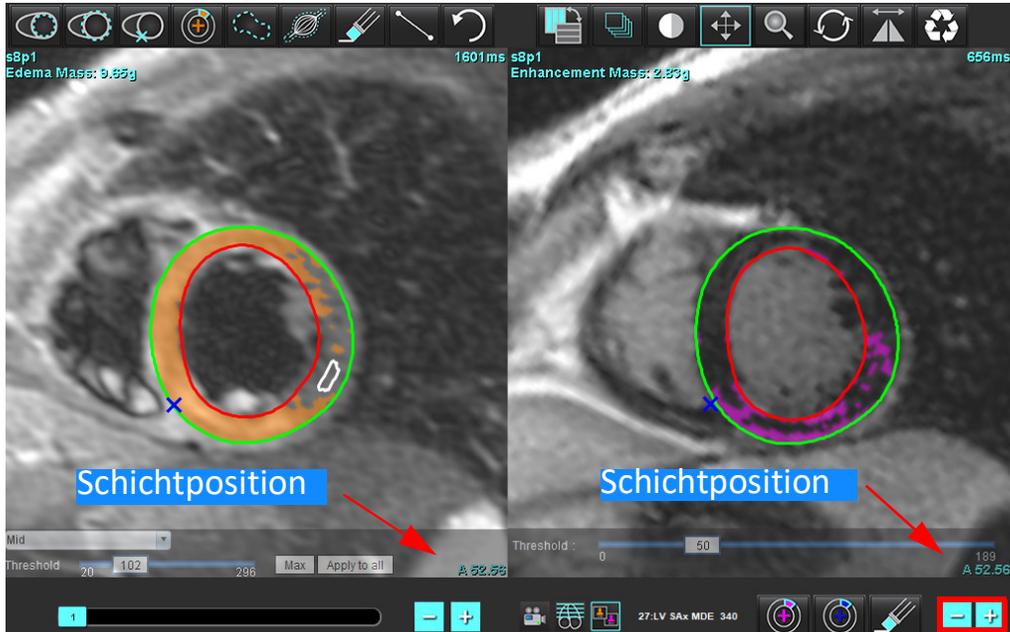


8. Navigieren Sie mit den Minus- und Plus-Schaltflächen zu einer anderen Schichtebene für die Late-Enhancement-Serie (siehe Abbildung 12).

- 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.

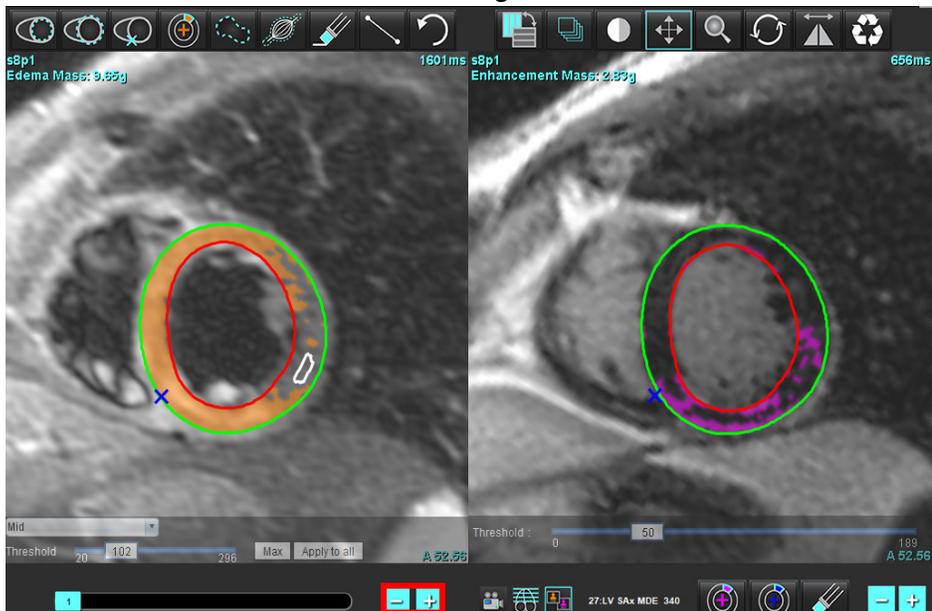
ABBILDUNG 12. Schichtnavigation für Late Enhancement



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 13).

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

ABBILDUNG 13. 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 14. Registerkarte „Signaldifferenzial“

Measurement	Value
<input checked="" type="checkbox"/> Salvage Mass (g)	36.0

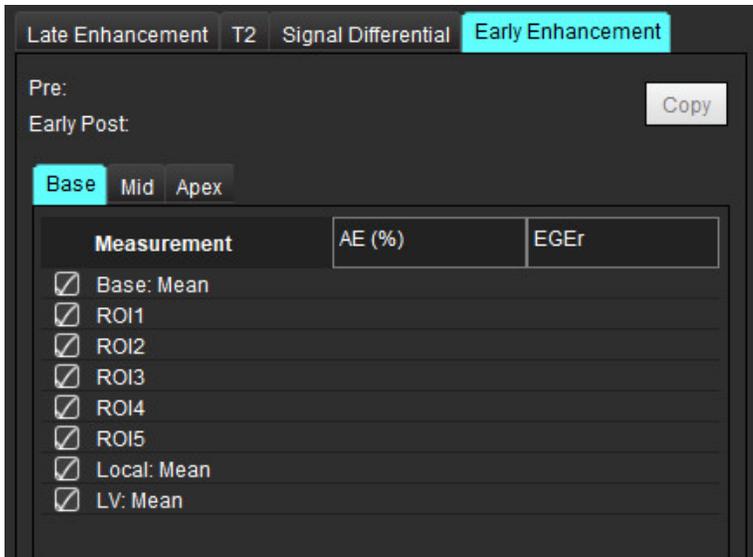
Slice	T2 SI Ratio	Myo SI	SM SI
1	---	---	---
2	1.4	113	78
3	1.3	132	103
4	1.0	145	145
5	1.5	153	101
6	1.2	134	114
7	1.1	138	125
8	1.4	209	144
9	1.1	198	186
10	1.1	209	183
11	1.3	238	181
12	1.4	259	190

Early-Enhancement-Analyse

Für die Analyse erfasste Bilder sind ein Kurzachsen-Stapel unter Verwendung einer gegateten Spin-Echo-T1-Sequenz, Vor- und Nach-Enhancement. Die Analyse ermöglicht die manuelle Segmentierung des Epikards und Endokards in der anfänglichen Serie mittels Kopierfunktion. Ein lokaler ROI kann zur Analyse der Myokardbereiche verwendet werden.

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

1. Wählen Sie die Registerkarte „Early Enhancement“ aus.
2. Wählen Sie die entsprechende T1-gewichtete Kurzachsenserie aus.



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

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

5. Markieren Sie den unteren RV-Einfügapunkt, indem Sie  auswählen.

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

7. Wiederholen Sie die Schritte 3 bis 6, bis der gesamte Ventrikel segmentiert ist.

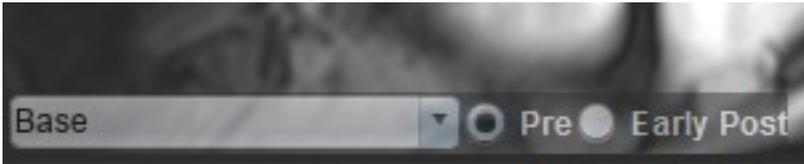
8. Fügen Sie einen ROI im Skelettmuskel hinzu, indem Sie  auswählen.

9. Wählen Sie eine basale Schichtposition aus. Klicken Sie auf das Pulldown-Menü „Schichtklassifizierung“ und wählen Sie „Basis“ aus.

10. Bestätigen Sie die basalen, mittleren und apikalen Klassifizierungen für jede Schicht.

11. Um einen spezifischen Myokardbereich zu analysieren, wählen Sie  aus zeichnen Sie einen ROI im Myokard.

ABBILDUNG 15. Schichtklassifizierungs- und Serientyp-Auswahl



12. Wählen Sie den Serientyp „Prä“ aus.
Wurde die Serie „Unmittelbar nach“ zuerst segmentiert, wählen Sie „Unmittelbar nach“ aus.
13. Wählen Sie den entsprechenden T1-gewichteten „Unmittelbar nach“-Serientyp aus.
Wurde die Serie „Unmittelbar nach“ zuerst segmentiert, wählen Sie die Serie „Prä“ aus.
14. Wählen Sie „Kopieren“ aus.
15. Überprüfen Sie alle endokardialen und epikardialen Kurven, den RV-Einfügapunkt und die Skelettmuskel-Positionierungen und bearbeiten Sie diese nach Bedarf.
16. ROIs können nur kopiert werden, wenn alle ROIs, die RV-Einfügung, Schichtklassifizierung und der Serientyp (Schritte 3-12) für die ausgewählte Serie abgeschlossen wurden.

HINWEIS: Wird eine endokardiale oder epikardiale Kurve gelöscht, verwenden Sie den Befehl „Rückgängig“.

HINWEIS: Der Skelett-ROI kann auf jeder Schichtposition angepasst werden. Wurde er gelöscht, muss die Analyse wiederholt werden.

17. Klicken Sie auf  und wählen Sie **ALLE: Early Enhancement** aus, um alle Analysen zu entfernen.

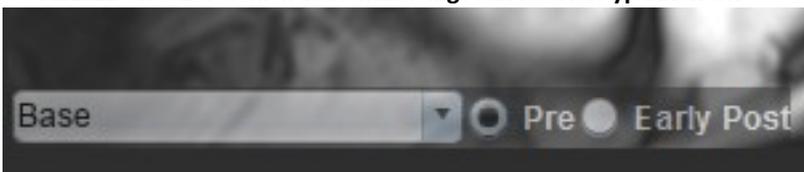
HINWEIS: Für das Kopieren der ROIs ist es erforderlich, dass die Anzahl der Schichten für jede Serie übereinstimmt, um genaue Ergebnisse zu erhalten. Wenn die Anzahl der Schichten nicht übereinstimmt, ist die Schaltfläche Kopieren nicht verfügbar. Der DICOM-Importprozess kann verwendet werden, um eine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

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

Werkzeug „Lokaler ROI“

1. Wählen Sie die entsprechende T1-gewichtete Vor-Enhancement-Kurzachsenserie aus.
2. Zeichnen Sie einen lokalen ROI im spezifischen Myokardbereich. Dazu wählen Sie  aus.
3. Fügen Sie einen ROI im Skelettmuskel hinzu, indem Sie  auswählen.
4. Wählen Sie die angemessene Schichtklassifizierung und den Serientyp aus, wie in Abbildung 16 dargestellt.

ABBILDUNG 16. Schichtklassifizierungs- und Serientyp-Auswahl



5. Wählen Sie den entsprechenden T1-gewichteten „Unmittelbar nach“-Serientyp aus.
6. Wählen Sie „Kopieren“ aus.
7. Klicken Sie auf  und wählen Sie **ALLE: Early Enhancement** aus, um alle Analysen zu entfernen.

Literaturnachweise zur myokardialen Beurteilung

Abdel-Aty H, Boyé P, Zagrosek A, Wassmuth R, Kumar A, Messroghli D, Bock P, Dietz R, Friedrich MG, Schulz-Menger J. Diagnostic performance of cardiovascular magnetic resonance in patients with suspected acute myocarditis: comparison of different approaches. *J Am Coll Cardiol.* 2005 Jun 7;45(11):1815-22. doi: 10.1016/j.jacc.2004.11.069. PMID: 15936612.

Amado LC, Gerber BL, Gupta SN, Rettmann DW, Szarf G, Schock R, Nasir K, Kraitichman DL, Lima JA. Accurate and objective infarct sizing by contrast-enhanced magnetic resonance imaging in a canine myocardial infarction model. *J Am Coll Cardiol.* Dez. 2004 21;44(12):2383-9. doi: 10.1016/j.jacc.2004.09.020. PMID: 15607402.

Berry C, Kellman P, Mancini C, Chen MY, Bandettini WP, Lowrey T, Hsu LY, Aletras AH, Arai AE. Magnetic resonance imaging delineates the ischemic area at risk and myocardial salvage in patients with acute myocardial infarction. *Circ Cardiovasc Imaging.* Sept. 2010;3(5):527-35. doi: 10.1161/CIRCIMAGING.109.900761. Epub 14. Juli 2010. PMID: 20631034; PMCID: PMC2966468.

Ferreira VM, Schulz-Menger J, Holmvang G, et al. Cardiovascular Magnetic Resonance in Nonischemic Myocardial Inflammation: Expert Recommendations. *J Am Coll Cardiol.* 2018;72(24):3158-3176. doi:10.1016/j.jacc.2018.09.072.

Galea N, Francone M, Fiorelli A, Noce V, Giannetta E, Chimenti C, Frustaci A, Catalano C, Carbone I. Early myocardial gadolinium enhancement in patients with myocarditis: Validation of “Lake Louise consensus” criteria using a single bolus of 0.1mmol/Kg of a high relaxivity gadolinium-based contrast agent. *Eur J Radiol.* Okt. 2017;95:89-95. doi: 10.1016/j.ejrad.2017.07.008. Epub 27. Jul. 2017. PMID: 28987703.

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) oder Inline-Darstellungen. 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.

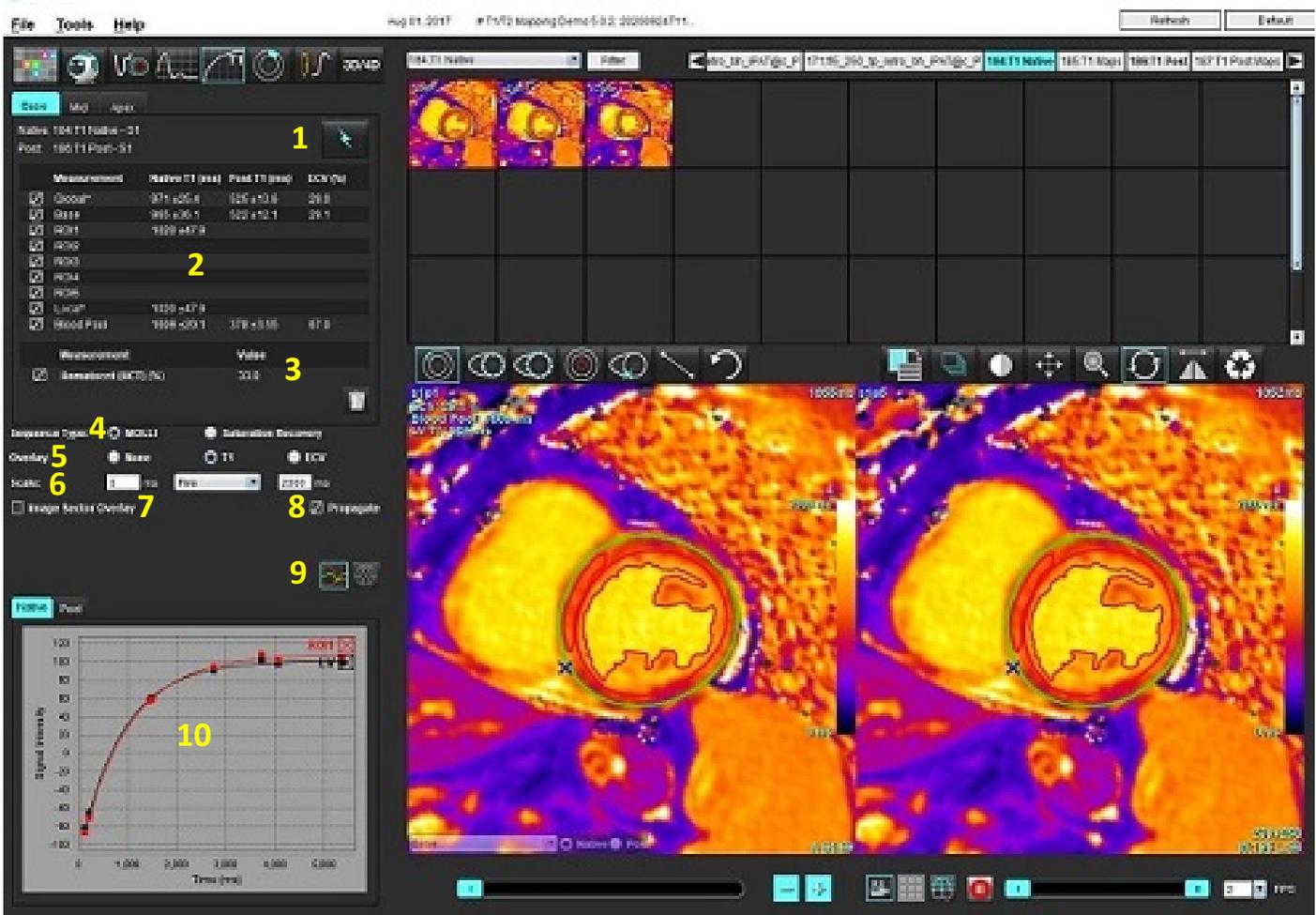


WARNUNG: Der Benutzer ist für die genaue Positionierung aller Untersuchungsbereiche (ROIs) verantwortlich, einschließlich solcher Untersuchungsbereiche, die mittels automatischer Segmentierung erzeugt wurden.

HINWEIS: Um die T1-Mapping-Einstellungen festzulegen, wählen Sie **Werkzeuge > Einstellungen > Bearbeiten** aus. Wählen Sie die Registerkarte „T1/T2-Mapping“ aus.

HINWEIS: Es wird empfohlen, in den Einstellungen **Serie autom. für Analyse zusammenstellen** für Ihren Scannertyp festzulegen. Die Analyse erfordert, dass alle Schichtpositionen in der Serie vorhanden sind. Wählen Sie **Werkzeuge > Einstellungen > Bearbeiten** aus. Wählen Sie die Registerkarte „T1/T2-Mapping“ aus.

ABBILDUNG 1. T1-Mapping-Benutzeroberfläche



1. Automatische Segmentierung, 2. T1-Ergebnisse, 3. Hämatokrit-Eingabe, 4. Auswahl der Sequenzart,
5. Auswahloptionen für die Farbdarstellungsüberlagerung, 6. Farbdarstellungsoptionen, 7. Sektorüberlagerung anzeigen,
8. Übertragung bearbeiten, 9. Kurven- oder 16-Segment-Polar-Diagramm, 10. T1-Kurven

Analyse durchführen

1. Wählen Sie  aus.
2. Wählen Sie die geeignete T1-Mapping-Serie aus.
3. Die Farbdarstellung wird automatisch angezeigt, wenn die Überlagerungs-Einstellung ausgewählt wurde.
4. Um eine andere Farbabstufung auszuwählen, verwenden Sie das Datei-Pulldown-Menü.
5. Wählen Sie  aus, um ein Global T1-Ergebnis zu erstellen.
6. Überprüfen Sie alle endokardialen und epikardialen Kurven, den RV-Einfügepunkt und die Blutpool-Platzierung.
7. Bearbeiten Sie alle ungenauen Konturen.

8. Um eine einzelne Inversionszeit zu bearbeiten, deaktivieren Sie Propagate .

9. Bestätigen Sie die Schichtklassifizierung für jede Schichtposition und jeden Serientyp.



HINWEIS: Wird ein Stapel Kurzachsenbilder segmentiert, wird für das T1-Ergebnis für Basis, Mitte oder Herzspitze und 16-Segment-Polardiagramm-Sektoren anhand der Schichtklassifizierung der Durchschnitt gebildet. Für das Blutpool-T1-Ergebnis wird nicht der Durchschnitt gebildet.

10. Für die ECV-Berechnung führen Sie eine automatische Segmentierung sowohl an der Non-Enhancement- als auch der Post-Enhancement-Serie durch.

11. Überprüfen Sie alle endokardialen und epikardialen Kurven, den RV-Einfügapunkt und die Blutpool-Platzierung in beiden Serien.

12. Wählen Sie  aus, um ein Segment des Myokards zu messen.

HINWEIS: Wird ein lokaler ROI zur ECV-Berechnung verwendet, muss ein lokaler ROI und ein Blutpool-ROI sowohl für Non Enhancement als auch Post Enhancement vorhanden sein.

HINWEIS: Es können bis zu fünf lokale ROI-Messungen auf einem Bild für Basis, Mitte und Herzspitze erstellt werden.

13. Wählen Sie  aus, um ggf. einen Blutpool-ROI zu positionieren.

14. Geben sie den Hämatokrit (HCT)-Wert ein.

15. Das ECV-Ergebnis (%) wird in der Ergebnistabelle angezeigt.

16. Manuelle Segmentierung kann durchgeführt werden.

- Zeichnen Sie das LV-Endokard nach, indem Sie  auswählen.
- Zeichnen Sie das LV-Epikard nach, indem Sie  auswählen.
- Markieren Sie den RV-Einfügapunkt, indem Sie  auswählen.
- Soll die ECV berechnet werden, positionieren Sie den Blutpool-ROI, indem Sie  auswählen.
- Bestätigen Sie die Schichtklassifizierung für jede Schichtposition und jeden Serientyp.

Literaturnachweis: Wong. et al., „Association Between Extracellular Matrix Expansion Quantified by Cardiovascular Magnetic Resonance and Short-Term Mortality.“ *Circulation* (2012):126:1206-1216.

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. Bestätigen Sie den RV-Einfügepunkt für jede Schichtposition.
3. Bestätigen Sie die Schichtklassifizierung und den Serientyp.



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

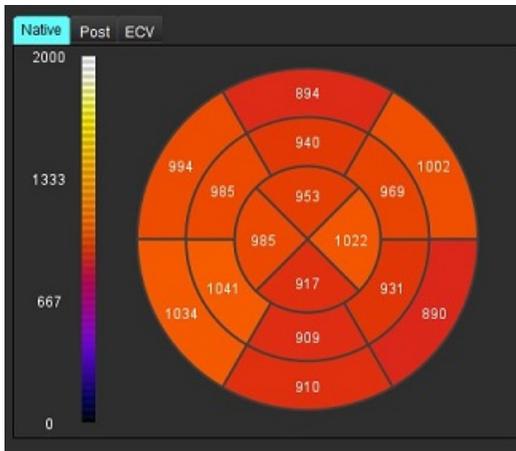


Image Sector Overlay

5. Wählen Sie **Image Sector Overlay** aus, um die Sektorüberlagerung direkt auf dem Bild anzuzeigen.



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

Format der T1-Ergebniswerte

Ergebnis	DICOM-Bilder		Darstellungsbilder
Global	Mittelwert +/- Std.		Mittelwert +/- Std.
Basis/Mitte/Herzspitze	Wert +/- Fehler		Mittelwert +/- Std.
Lokale ROIs	Wert +/- Fehler		Mittelwert +/- Std.
Lokal	Mittelwert +/- Std.		Mittelwert +/- Std.
Blutpool	Wert +/- Fehler		Mittelwert +/- Std.

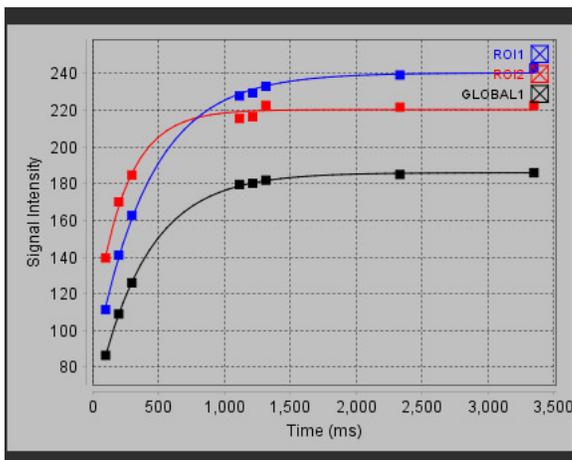
Löschen von Konturen

Klicken Sie auf , um **ALLE** Konturen in der ausgewählten Serie zu löschen.

Klicken Sie mit der linken Maustaste auf eine Kontur und dann mit der rechten Maustaste, um eine einzelne Kontur zu löschen, oder wählen Sie  aus, um Konturen auf allen Zeitpunkten 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 Löschtaste auf der Tastatur.



WARNUNG: Die Ergebnisse der T1-Kurvenpassung sollten nur von entsprechend ausgebildeten und qualifizierten Benutzern überprüft werden.

Ergebnis	Gleichungsreferenz	Passungstyp
T1 Look-Locker (MOLLI)	$y = A - B \exp(-t/T1^*)$	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) oder Inline-Darstellungen. 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 Einpassungskorrekturmethode: 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. Die 3-Parameter-Einpassung verwendet einen nicht linearen Ansatz.

HINWEIS: Eine starke Bildüberfaltung kann dazu führen, dass die Rauschberechnung für die 2-Parameter-Einpassung fehlschlägt. Es ist wichtig, dass Bilder ohne Phasenüberfaltung analysiert werden.



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.

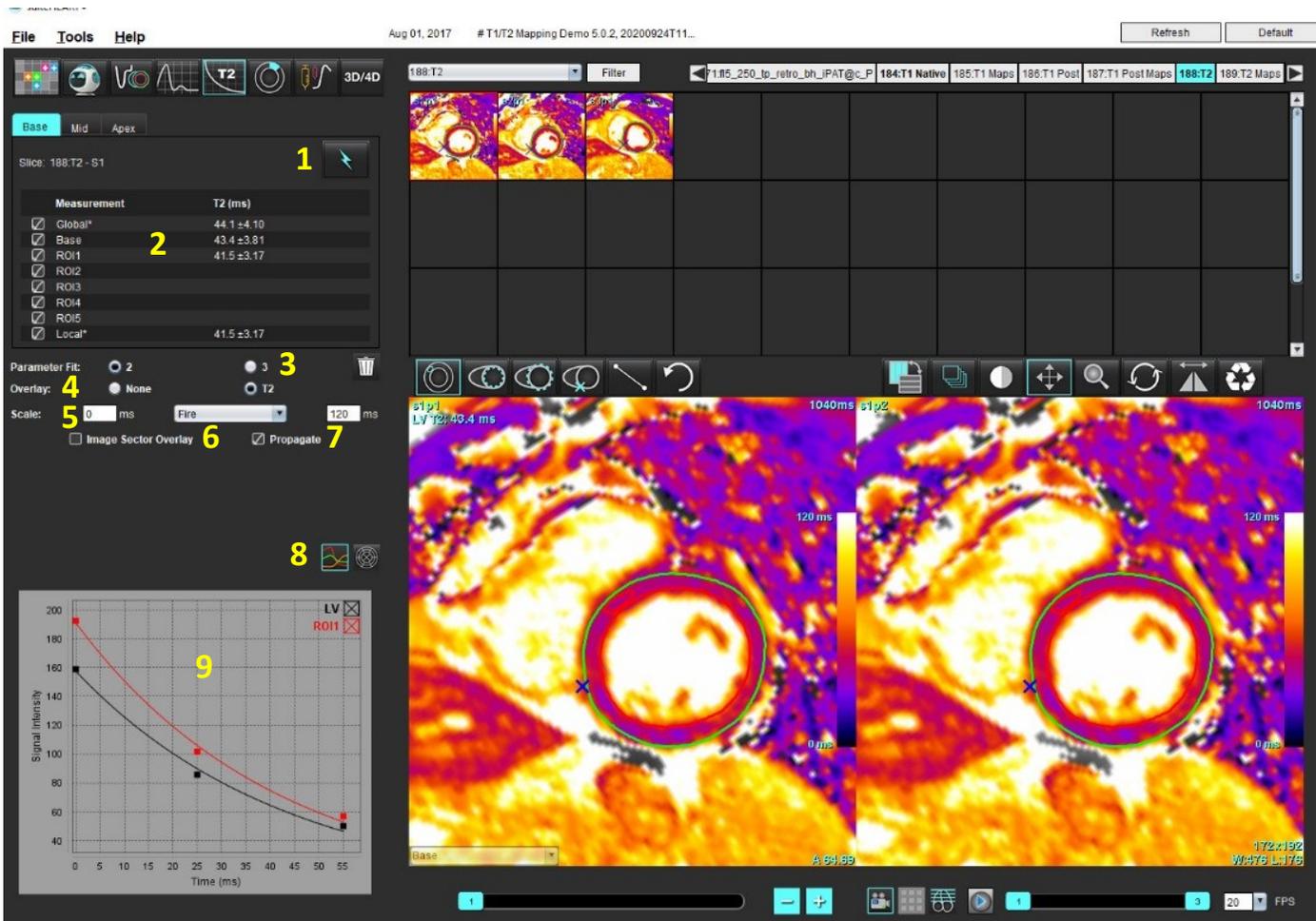


WARNUNG: Der Benutzer ist für die genaue Positionierung aller Untersuchungsbereiche (ROIs) verantwortlich, einschließlich solcher Untersuchungsbereiche, die mittels automatischer Segmentierung erzeugt wurden.

HINWEIS: Um die T2-Mapping-Einstellungen festzulegen, wählen Sie **Werkzeuge > Einstellungen > Bearbeiten** aus. Wählen Sie die Registerkarte „T1/T2-Mapping“ aus.

HINWEIS: Es wird empfohlen, in den Einstellungen **Serie autom. für Analyse zusammenstellen** für Ihren Scannertyp festzulegen. Die Analyse erfordert, dass alle Schichtpositionen in der Serie vorhanden sind. Wählen Sie **Werkzeuge > Einstellungen > Bearbeiten** aus. Wählen Sie die Registerkarte „T1/T2-Mapping“ aus.

ABBILDUNG 1. T2-Mapping-Benutzeroberfläche



1. Automatische Segmentierung, 2. T2-Ergebnisse, 3. Auswahl der Parameteranpassung, 4. Auswahloptionen für die Farbdarstellungsüberlagerung, 5. Farbdarstellungsoptionen, 6. Sektorüberlagerung anzeigen, 7. Übertragung bearbeiten, 8. Kurven- oder 16-Segment-Polar-Diagramm, 9. T2-Kurven

Analyse durchführen

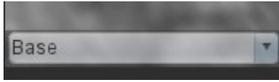


1. Wählen Sie  aus.
2. Wählen Sie die entsprechende T2-Mapping-Serie aus.
3. Wählen Sie für die Einpassungskorrektur entweder die 2- Parameter- oder die 3-Parameter-Einpassung aus.
4. Legen Sie die Überlagerungseinstellung ggf. so fest, dass die Farbdarstellung automatisch angezeigt wird.
5. Im Datei-Pulldown-Menü können Sie eine andere Farbabstufung auswählen.



6. Wählen Sie  aus, um ein Global T2-Ergebnis zu erstellen.
7. Prüfen Sie alle endokardialen und epikardialen Kurven sowie die RV-Einfügekpunkt.

8. Bearbeiten Sie alle ungenauen Konturen.
9. Um eine einzelne Echozeit zu bearbeiten, deaktivieren Sie Propagate .
10. Bestätigen Sie die Schichtklassifizierung für jede Schichtposition und jeden Serientyp.



HINWEIS: Wird ein Stapel Kurzachsenbilder segmentiert, wird für das T2-Ergebnis für Basis, Mitte oder Herzspitze und 16-Segment-Polar-Diagramm-Sektoren anhand der Schichtklassifizierung der Durchschnitt gebildet.

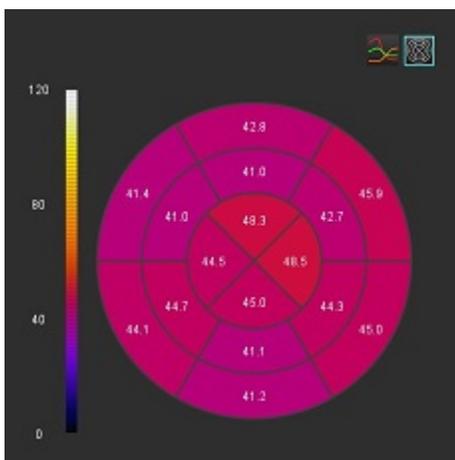
11. Wählen Sie  aus, um ein Segment des Myokards zu messen.

HINWEIS: Es können bis zu fünf lokale ROI-Messungen auf einem Bild für Basis, Mitte und Herzspitze erstellt werden.

12. Manuelle Segmentierung kann durchgeführt werden.
 - Zeichnen Sie das LV-Endokard nach, indem Sie  auswählen.
 - Zeichnen Sie das LV-Epikard nach, indem Sie  auswählen.
 - Markieren Sie den RV-Einfügapunkt, indem Sie  auswählen.
 - Bestätigen Sie die Schichtklassifizierung für jede Schichtposition.

16-Segment-Polar-Darstellung

1. Führen Sie die Global T2-Analyse für „Basis“, „Mitte“ und „Herzspitze“ durch.
2. Bestätigen Sie den RV-Einfügapunkt für jede Schichtposition.
3. Bestätigen Sie, dass die Schichtklassifizierung korrekt ist.
4. Wählen Sie das 16-Segment-Polar-Diagramm  aus.



5. Wählen Sie  aus, um die Sektorüberlagerung direkt auf dem Bild anzuzeigen.

6. Wählen Sie „Grafiken“  aus, um zu den T2-Kurven zurückzukehren.

Format der T2-Ergebniswerte

Ergebnis	DICOM-Bilder		Darstellungsbilder
Global	Mittelwert +/- Std.		Mittelwert +/- Std.
Basis/Mitte/Herzspitze	Wert +/- Fehler		Mittelwert +/- Std.
Lokale ROIs	Wert +/- Fehler		Mittelwert +/- Std.
Lokal	Mittelwert +/- Std.		Mittelwert +/- Std.

Löschen von Konturen

Klicken Sie auf , um **ALLE** Konturen in der ausgewählten Serie zu löschen.

Klicken Sie mit der linken Maustaste auf eine Kontur und dann mit der rechten Maustaste, um eine einzelne Kontur zu

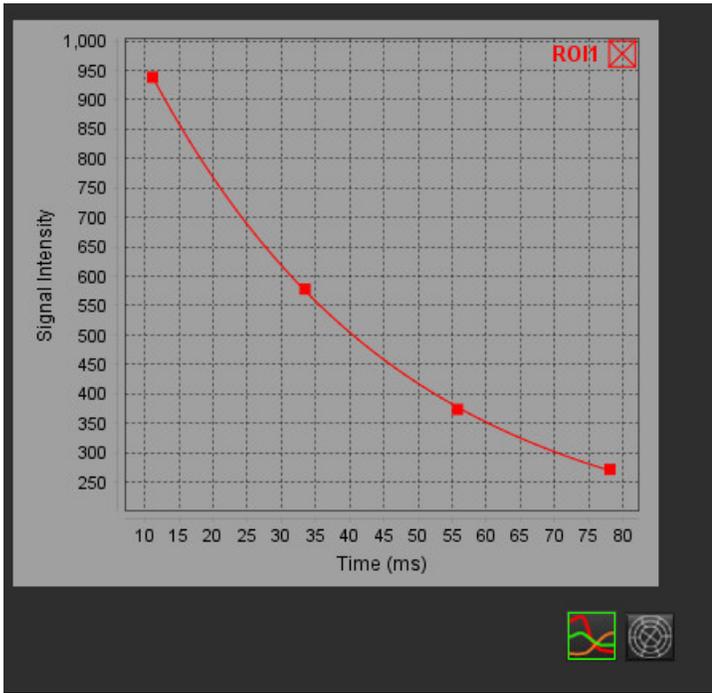
löschen, oder wählen Sie  aus, um Konturen auf allen Zeitpunkten zu löschen.

T2-Kurven überprüfen

1. Die Kurvoneinpassungsergebnisse zeigen das Signalverhalten der Bilddaten. Bei Artefakten infolge von Überfaltung, 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.



WARNUNG: Die Ergebnisse der T2-Kurvenpassung sollten nur von entsprechend ausgebildeten und qualifizierten Benutzern überprüft werden.



Myokardiale Perfusion

Der Modus zur Analyse der myokardialen Perfusion 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 Parameter für Anstieg und relativer Anstieg sind möglicherweise für Bilder ungenau, für die keine Schattierungskorrektur durchgeführt wurde.



WARNUNG: Die Anwendung unterstützt den Anwender nur bei der Analyse der Bilder. Sie liefert nicht automatisch eine klinische Interpretation der 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 zur Analyse der myokardialen Perfusion

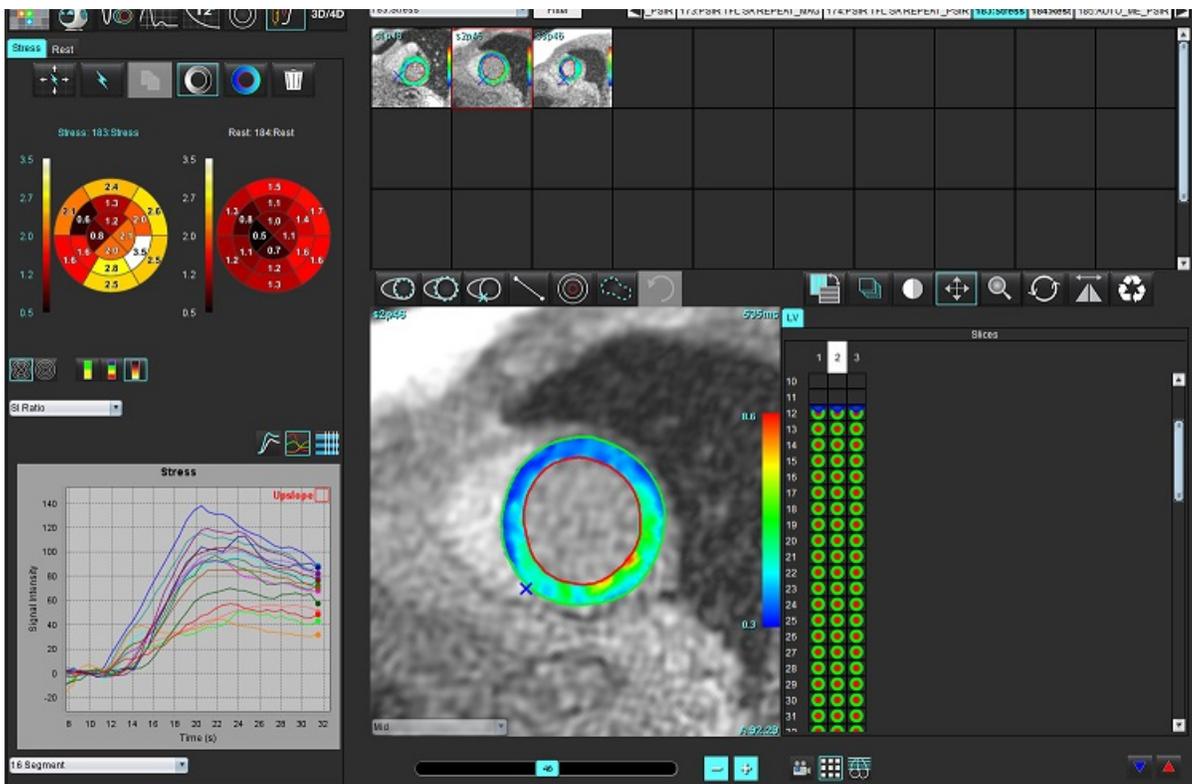


Tabelle 1: Analysewerkzeuge

	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.
	Grafiken zu Belastung und Ruhe anzeigen.
	Parameterergebnistabelle anzeigen.
	16-Segment- oder konzentrisches Polardiagramm auswählen.
	2-Farben-, 4-Farben oder kontinuierliches Polardiagramm auswählen.
	Konzentrisches Polardiagramm auswählen.

Analyse der myokardialen Perfusion durchführen

1. Wählen Sie  aus.

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



3. Wählen Sie die myokardiale Perfusionsserie aus.

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

5. Überprüfen Sie alle endokardialen und epikardialen Kurven sowie den RV-Einfügapunkt 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-Einfügapunkt, indem Sie  auswählen.

11. Überprüfen Sie alle endokardialen und epikardialen Kurven sowie den RV-Einfügapunkt 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.

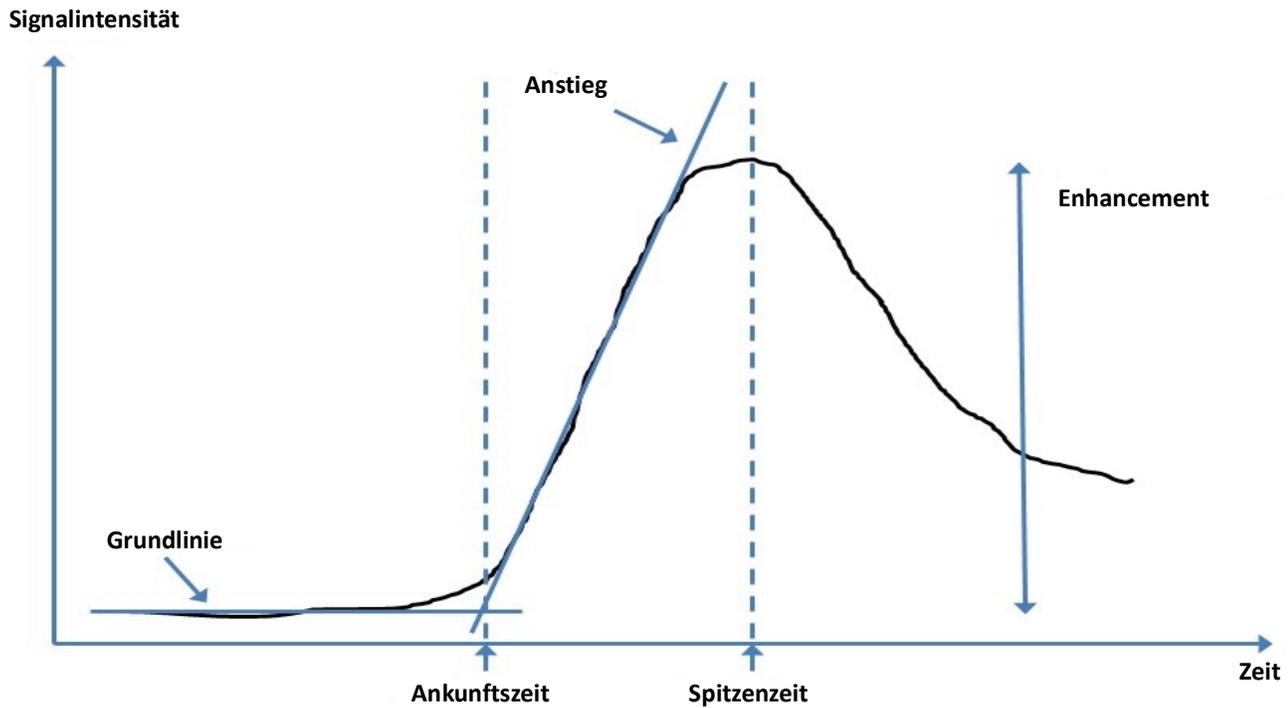
2. Zum Löschen des Blutpool-Untersuchungsbereichs klicken Sie mit der rechten Maustaste und wählen Sie .

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



VORSICHT: Die Ergebnisparameter der myokardialen Perfusion für Anstieg und relativer Anstieg sind möglicherweise für Bilder ungenau, für die keine Schattierungskorrektur durchgeführt wurde.

Definition der Parameter, die aus der Kurve für die myokardiale Perfusion 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 den Anwender nur bei der Analyse der Bilder. Sie liefert nicht automatisch eine klinische Interpretation der 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

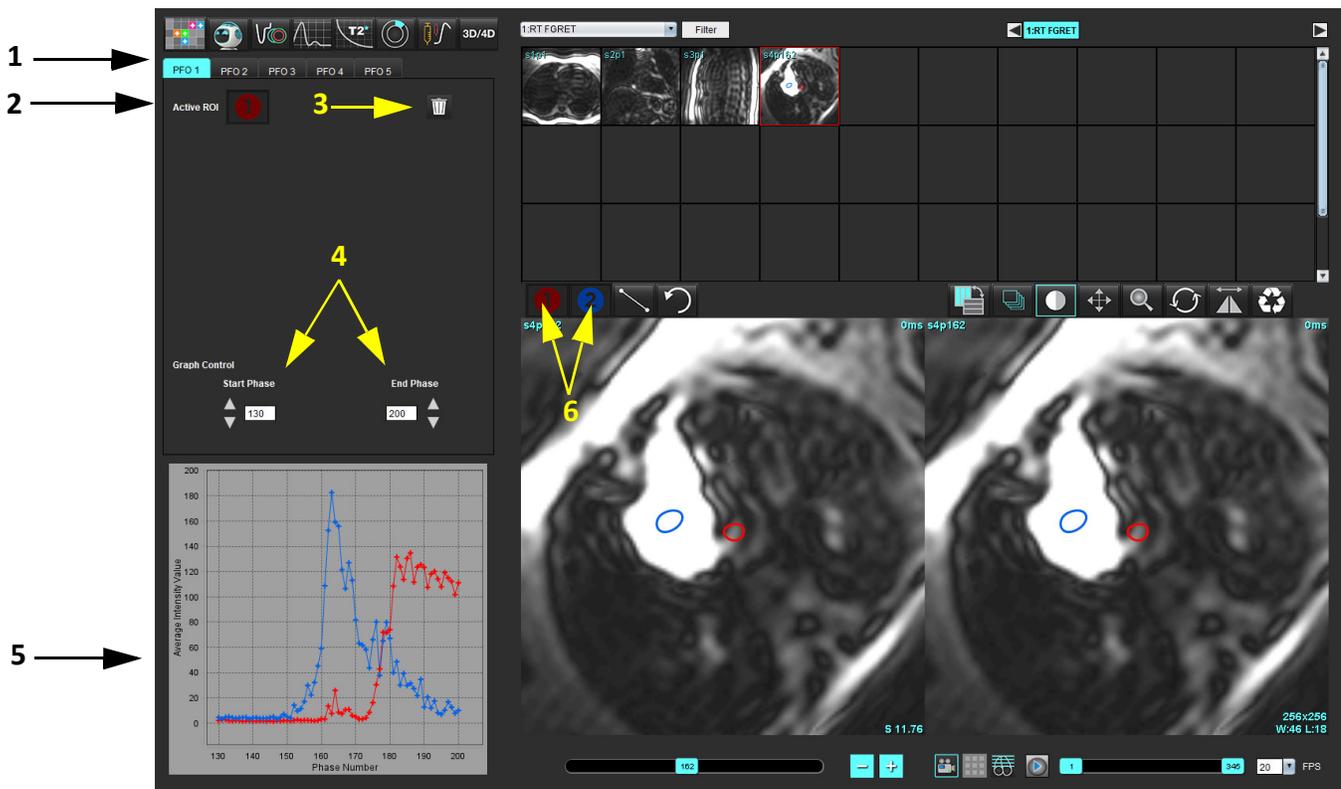
1. Wählen Sie **Datei > Analyse auswählen > PFO** aus.

 suiteHEART®

File	Tools	Help	Dec 11, 2001	PFO (
Select Analysis ▶				
Browse DB	Ctrl+O	Function	Ctrl+1	
Switch Study	Ctrl+S	Flow	Ctrl+2	
Preview Report	Ctrl+R	Myocardial Evaluation	Ctrl+3	
Print Report	Ctrl+P	Myocardial Perfusion	Ctrl+4	
Approve Exam	Ctrl+G	PFO	Ctrl+5	
Load Approved Exam		T2Star	Ctrl+6	
		T1 Mapping	Ctrl+7	

2. Wählen Sie eine Echtzeitserie aus.

ABBILDUNG 1. PFO Analysefenster



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

Atriale Anatomie auswählen

Wählen Sie ein Bild aus, in dem 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.

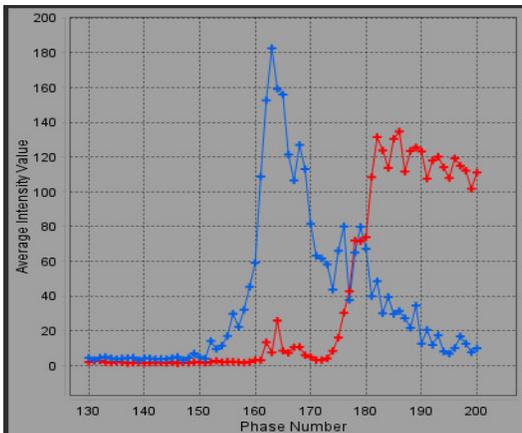
RA-Intensitätskurve (Rechtes Atrium) generieren

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.

Konturen bearbeiten

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 nur auf die aktuelle Phase angewendet.

Konturen löschen

Klicken Sie auf , um **ALLE** Konturen zu löschen.

Klicken Sie mit der linken Maustaste auf ein Bild und wählen Sie dann mit der rechten Maustaste  aus, um Konturen auf allen Zeitpunkten zu löschen.

Endgültige Kurvenenergebnisse überprüfen

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

mit der rechten Maustaste auf , 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:

Tabelle 1:

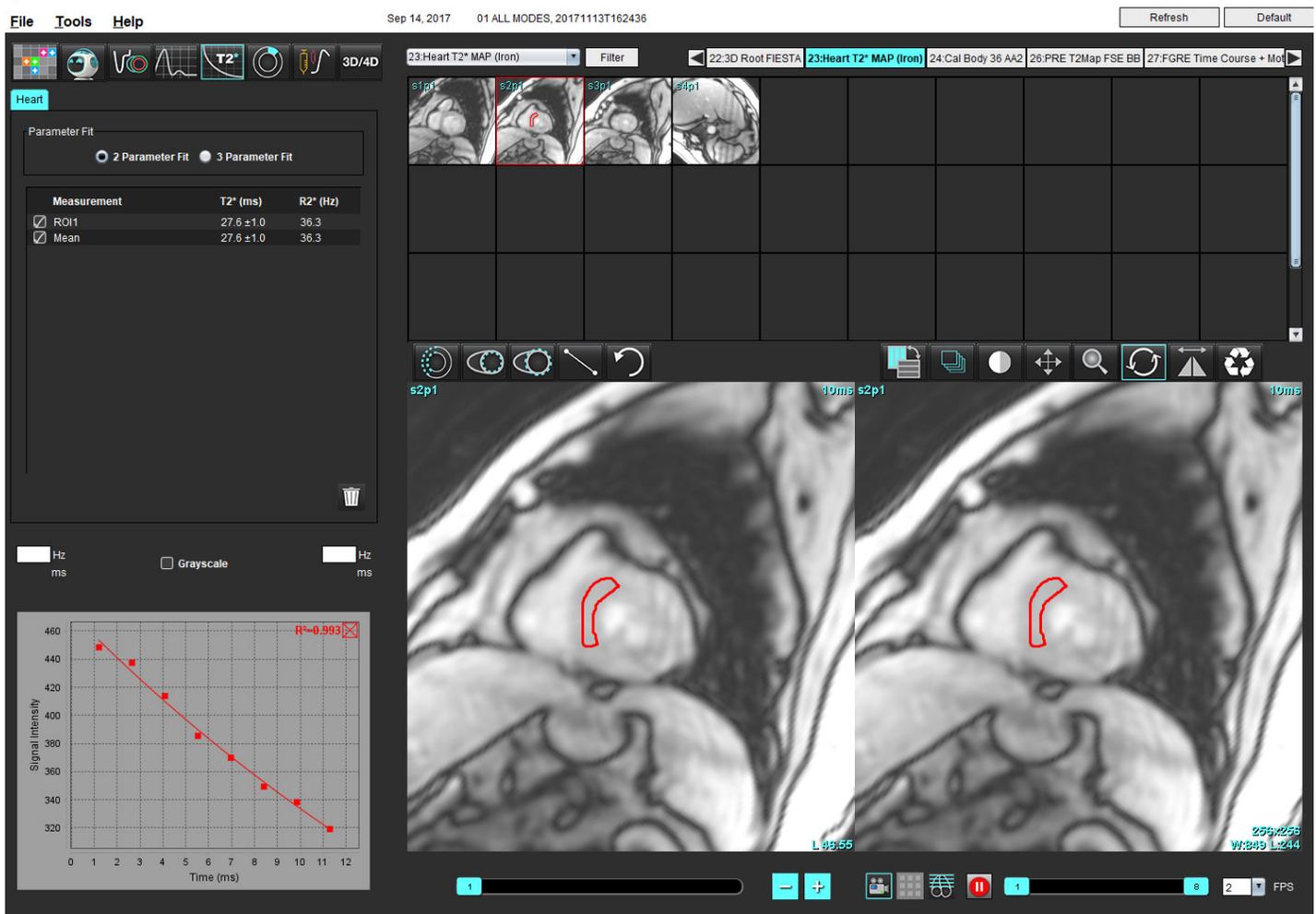
y	die Signalintensität zur Zeit TE (Echozeit) ist
a	die transversale Magnetisierung zum Zeitpunkt 0 (Null) ist
TE	die Echozeit ist
T2*	die Verfallskonstante und
c	das Hintergrundgeräusch ist



WARNUNG: Die Anwendung unterstützt den Anwender nur bei der Analyse der Bilder. Sie liefert nicht automatisch eine klinische Interpretation der 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-Analyse-Benutzeroberfläche



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 R2-Wert wird berechnet und in der Grafik angezeigt.

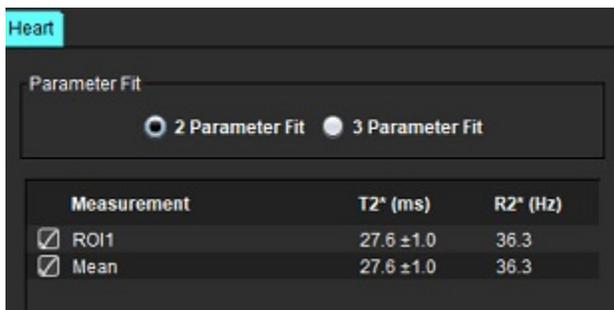
Farbdarstellung des Myokards erstellen

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-Parameter-Anpassung 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

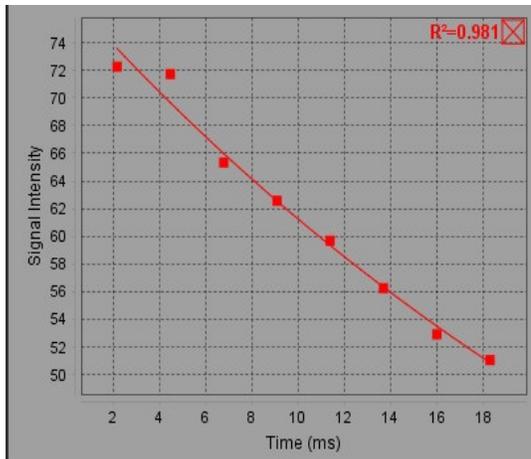
1. Überprüfen Sie die Position der Konturen in allen Bildern.
2. In der Tabelle werden die einzelnen T2*/R2*-Messergebnisse aufgelistet, und es wird auch der Mittelwert ausgerechnet.

HINWEIS: Die T2*-Kurve ist eine Grafik der Signalintensität gegenüber der Echozeit, für welche eine exponentielle Zerfallsformel verwendet wird. Gelegentlich kann es erforderlich sein, für eine bessere Kurvenpassung spätere Echopunkte aus der Zerfallskurve zu entfernen. Dies kann in extremen Fällen einer Eisenüberladung vorkommen, wenn die Signalintensität sehr niedrig sein kann.

So wird eine einzelne Kontur aus einem Bild entfernt:

1. Wählen Sie mit der linken Maustaste die Kontur aus, die sich dann lila färbt.
2. Wählen Sie mit der rechten Maustaste das Papierkorbsymbol aus oder verwenden Sie die ENTF-Taste auf der Tastatur, um eine Kontur zu entfernen.
 - Die Kontur wird gelöscht und die Kurvenpassung neu berechnet.

ABBILDUNG 3. T2Star-Kurve



WARNUNG: Die Ergebnisse der T2Star-Kurvenpassung sollten nur von entsprechend ausgebildeten und qualifizierten Benutzern überprüft werden.

Tabelle 2: R2*- und T2*-Konvertierungen

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⁻¹) angegeben sind.

3D-/4D-Flow-Viewer

Bietet die interaktive schräge Umformatierung von 3D- und 4D-Flussbildern. Es stehen Werkzeuge zur Verfügung, um 2D-Phasenkontrast und 2D-Funktionsbilder aus 4D zu erstellen, die dann analysiert werden können. Es kann auch eine Inline-Flussanalyse vorgenommen werden.

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

HINWEIS: Der 3D-/4D-Flow-Viewer zeigt nur dann eine 4D-Serie an, wenn 4D lizenziert ist.

HINWEIS: Wenn sowohl 2D-Phasenkontrast als auch Inline-4D-Flussanalyse durchgeführt wurden, sind alle Ergebnisse im Flussanalyse-Modus verfügbar.



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.

Komponenten der 3D-/4D-Flow-Viewer-Benutzeroberfläche

ABBILDUNG 1. Anzeigesteuerungswerkzeuge und Darstellungsfenster

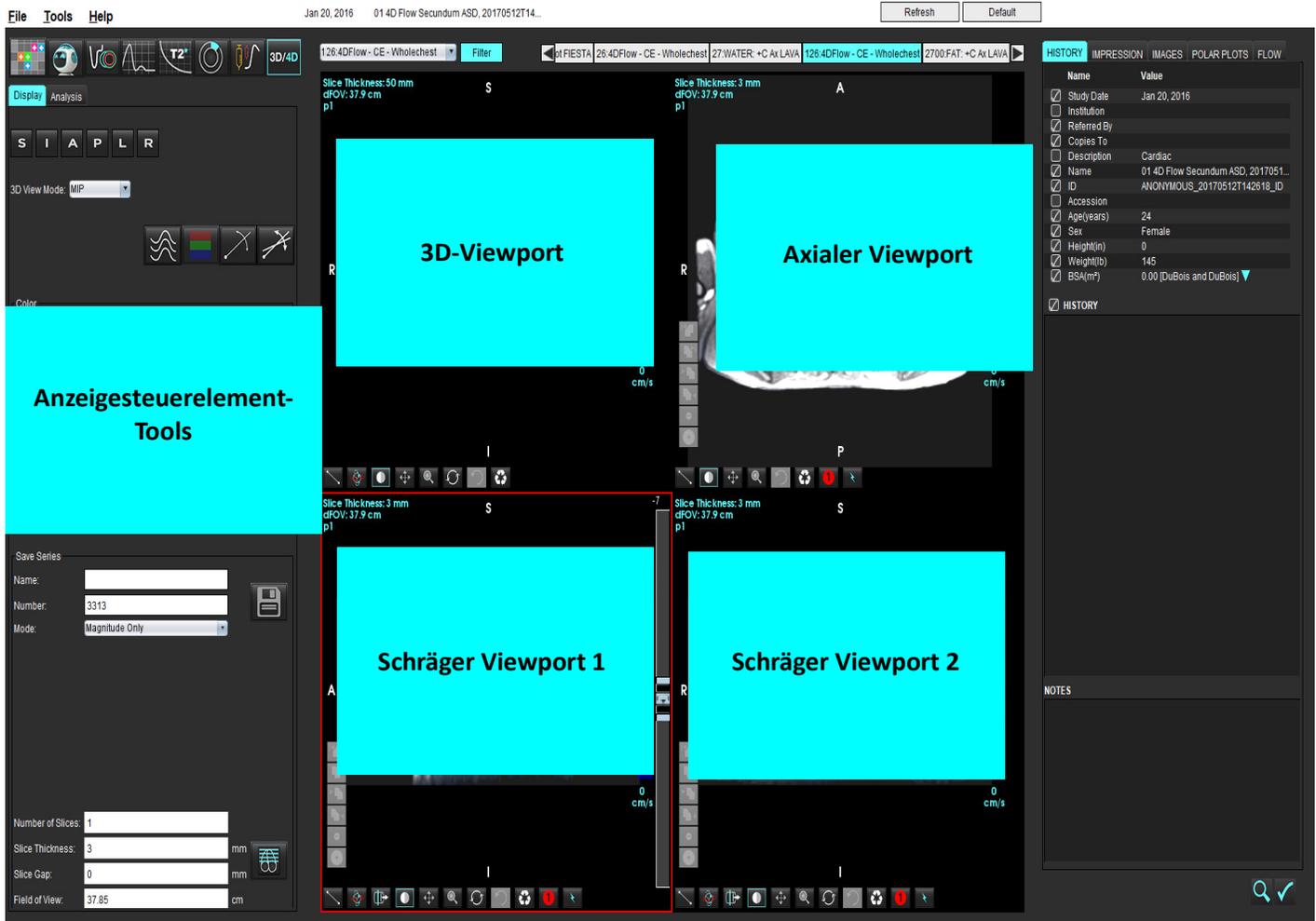


Tabelle 1: Anzeigesteuerelement-Tools

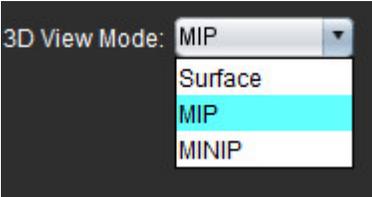
Tool	Beschreibung
	<p>Fadenkreuz-Cursor – synchronisiert die Navigation zwischen allen Viewports.</p>
	<p>Orientierungsschaltflächen – ändern die Bildebene in den 3D- und schrägen Viewports.</p> <p>S = Superior I = Inferior A = Anterior P = Posterior L = Links R = Rechts</p>
	<p>Schrägmodus – zeigt die Ebene der schrägen Umformatierung und des senkrechten Schnittpunkts, um die gewünschte Anatomie anzuzeigen.</p>
	<p>Doppelter Neigungsmodus – 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>3D-Anzeigemodus – stellt Bild-Render-Modi im 3D-Viewport bereit:</p> <p>Oberfläche MIP = Maximumintensitätsprojektion (Standard) MINIP = Minimumintensitätsprojektion</p>
	<p>Strömungslinien – stellen 3D-Geschwindigkeitsfelder bei einer bestimmten Zeitphase bildlich dar.</p>
	<p>Farbüberlagerung – aktiviert/deaktiviert die Farbüberlagerung. Nur für 4D-Flussbilder verfügbar.</p>
	<p>Phase – schaltet die Bildansicht zwischen Vergrößerungs- und Phasenbild um.</p>

Tabelle 1: Anzeigesteuerelement-Tools

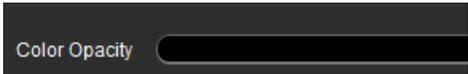
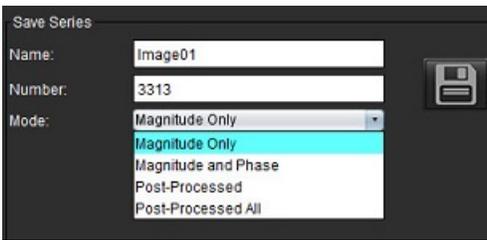
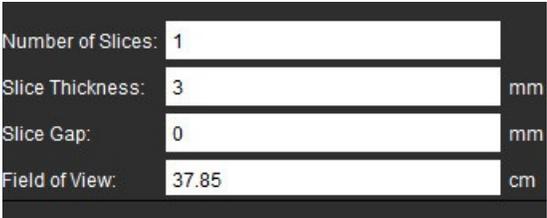
Tool	Beschreibung
	<p>Geschwindigkeitsbereich – passt die Farbzuoordnung der Flussrichtung an. Nur für 4D-Flussbilder verfügbar. Die Geschwindigkeitsbereichs-Farbskala-Legende ist auf der rechten Seite jedes Darstellungsfensters zu finden. Bei dem Wert handelt es sich um eine Schätzung.</p>
	<p>Opazität – steuert die Farbopazität des Bildes, um die Visualisierung der zugrunde liegenden Anatomie zu verbessern. Nur für 4D-Flussbilder verfügbar.</p>
	<p>Film – steuert die Anzahl der Frames pro Sekunde und definiert den Start- bzw. End-Frame des Cine-Movie. Nur verfügbar für zeitaufgelöste 3D-Vergrößerungs- und 4D-Flussbilder. Verwenden Sie die Leertaste auf der Tastatur, um den Cine-Film abzuspielen oder anzuhalten.</p>
 	<p>Serie speichern – 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>Nur Vergrößerung – erstellt eine ein- oder mehrschichtige Mehrphasen-Vergrößerungsserie aus den Originalbildern zur Verwendung in der Funktionsanalyse.</p> <p>Vergrößerung und Phase – 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-Flussreihe ausgewählt wurde. (Eine doppelte Serie mit automatischer Phasenkorrektur wird ebenfalls erstellt.)</p> <p>Nachbearbeitet – 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> <p>Alle nachbearbeitet – speichert alle formatierten Bilder aus jedem Darstellungsfenster.</p>
	<p>Speichern – speichert alle Bildserientypen, die über die Seriendefinition erstellt wurden, in der lokalen Datenbank.</p>

Tabelle 1: Anzeigesteuerelement-Tools

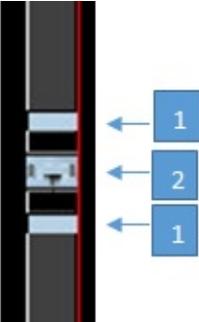
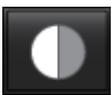
Tool	Beschreibung
	<p>Rx-Planung – definiert die gewünschte Scanebenenachse, die von der Seriendefinition erstellt wurde.</p>
	<p>Paginierung und Verdickung – ändert die Dicke des MIP-Bildes und blättert seitenweise durch den gesamten Bildsatz.</p> <p>1= Klicken und ziehen Sie die Schaltflächen auf einer 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>Linear – 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="711 804 820 898" style="border: 1px solid black; padding: 2px;"> Delete Locate Label </div>
	<p>3D-Drehung – 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>Flussrichtung – 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>Fenster/Ebene – in allen Viewports verfügbar</p>
	<p>Schwenken – in allen Viewports verfügbar</p>
	<p>Zoomen – in allen Viewports verfügbar</p>

Tabelle 1: Anzeigesteuerelement-Tools

Tool	Beschreibung
	Drehen – verfügbar für den 3D-Viewport und Viewport 1/Viewport 2
	Zurücksetzen – in allen Viewports verfügbar
	Scan-Parameter – 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-Flow-Viewer-Layout und Serienerstellungsergebnisse

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

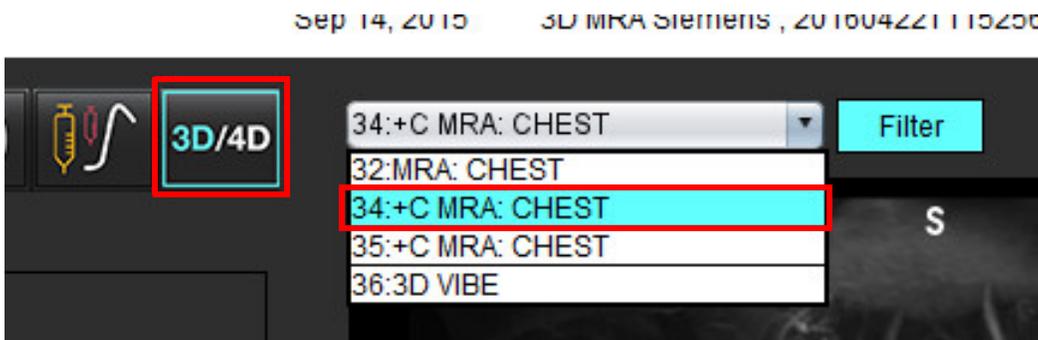
Tabelle 3: 3D-/4D-Flow-Viewer-Layouts und Ergebnis

3D-/4D-Flow-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)*
*Dieser Serientyp eignet sich für die konventionelle Analyse mit der suiteHEART®-Software.		
Für jede Vergrößerungs- und Phasenserie wird eine doppelte Serie (mit automatischer Phasenkorrektur) erstellt.		

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

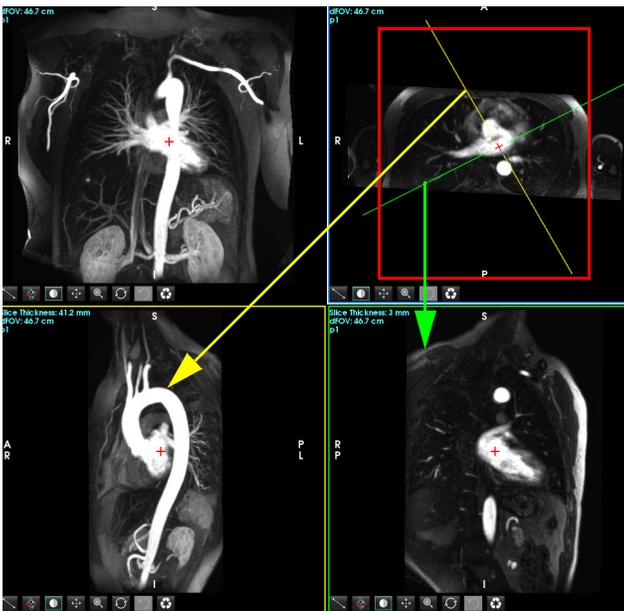
1. Wählen Sie die geeignete Studie aus und starten Sie die suiteHEART®-Software.
2. Wählen Sie **3D/4D** aus.
3. Wählen Sie die geeignete 3D-Serie aus dem Pulldown-Menü „Seriennavigation“ aus. Der ausgewählte Bildtyp wird auf der Schaltfläche angezeigt (siehe Abbildung 2).

ABBILDUNG 2. Serien-Navigation



4. Wählen Sie  aus und klicken Sie auf das gewünschte Darstellungsfenster. Das aktive Darstellungsfenster wird rot hervorgehoben. Es erscheinen Umformatierungslinien, wie in Abbildung 3 dargestellt.

ABBILDUNG 3. Doppelter Neigungsmodus



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

ABBILDUNG 4. Seriendefinition

Save Series

Name: Arch

Number: 113

Mode: Post-Processed

Number of Slices: 1

Slice Thickness: 46.63 mm

Slice Gap: 0 mm

Field of View: 46.70 cm

1. Wählen Sie „Nachbearbeitet“ aus

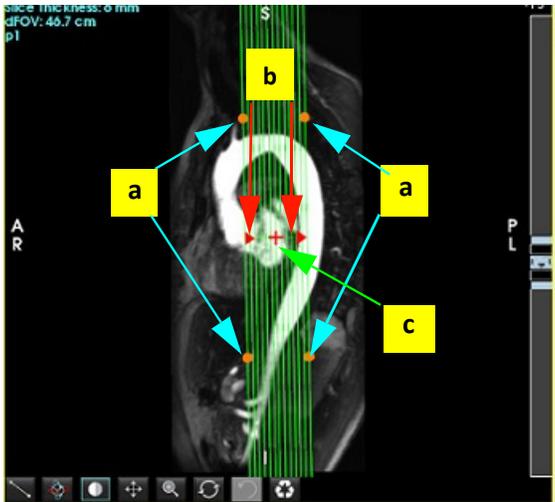
2. Klicken Sie auf Speichern

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

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

7. 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



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

Beispiel eines Arbeitsablaufs: Erstellen einer 2D-Serie für die Analyse

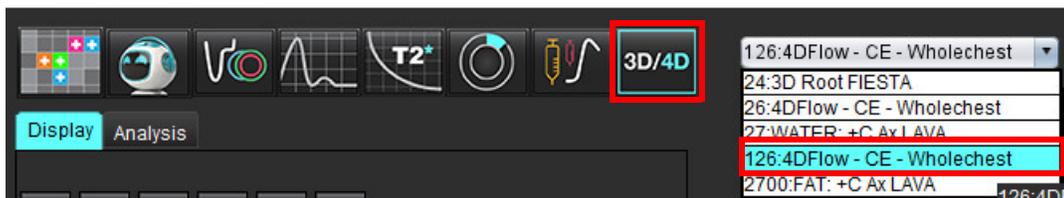
Die Erstellung von konventionellen 2D-Phasenkontrast- oder 2D-Funktionsbildern erfordert eine 4D-Flussserie, die über beides verfügt: zeitaufgelöste Vergrößerungs- und Flusskonventionen von R/L, A/P und S/I.

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.

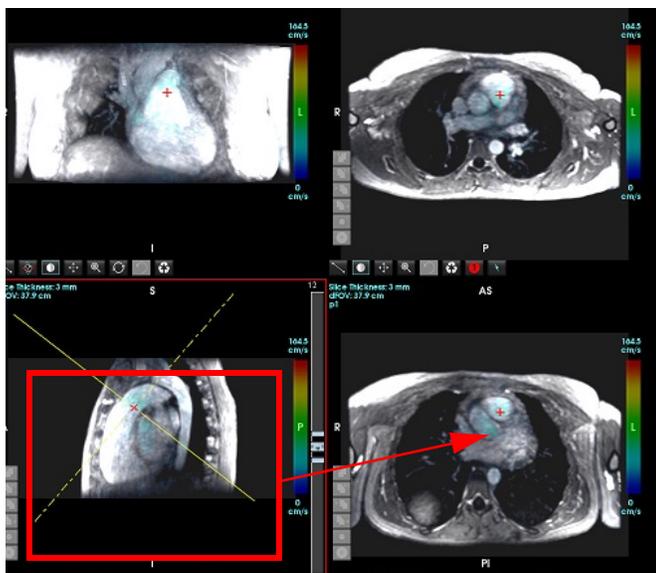
1. Wählen Sie die geeignete Studie aus und starten Sie die suiteHEART®-Software.
2. Wählen Sie **3D/4D** aus.
3. Wählen Sie die geeignete 4D-Serie aus dem Pulldown-Menü „Serienavigation“ aus (siehe Abbildung 6). Der ausgewählte Bildtyp wird auf der Schaltfläche angezeigt (siehe Abbildung 6).

ABBILDUNG 6. Serien-Navigation



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

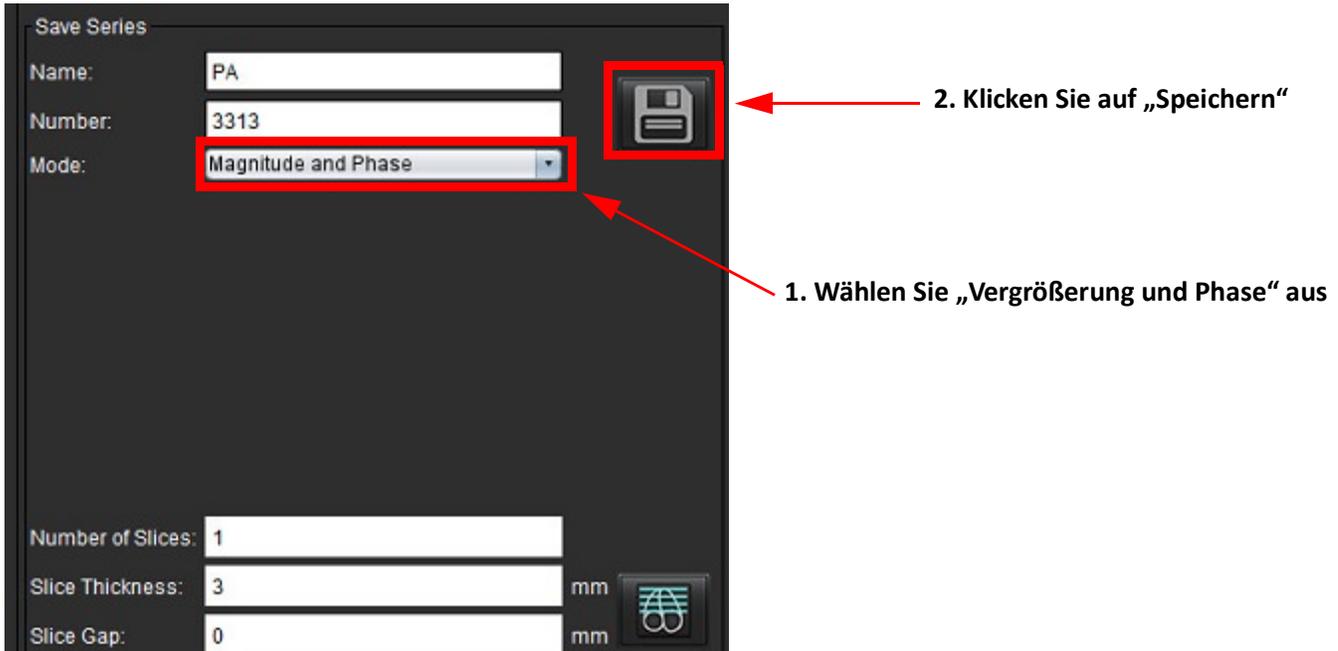
ABBILDUNG 7. 4D-Bilder im schrägen Modus umformatieren



5. Klicken Sie auf die ununterbrochene gelbe Linie. Klicken Sie mit der linken Maustaste und ziehen bzw. neigen Sie 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

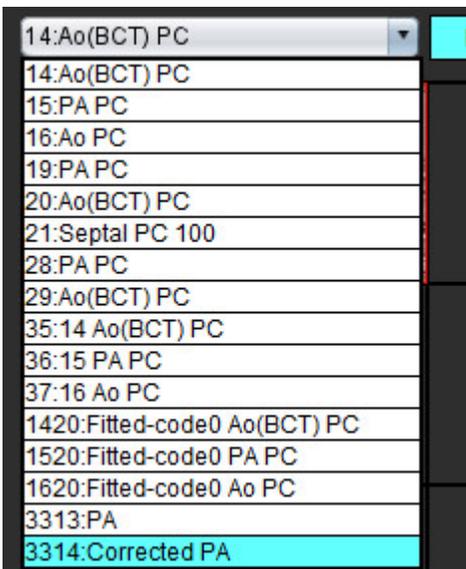


- 6. Um einen Stapel aus mehrschichtigen Mehrphasenbildern zu erstellen, wählen Sie  aus.

HINWEIS: Maximal können 32 Mehrphasenbilder erstellt werden.

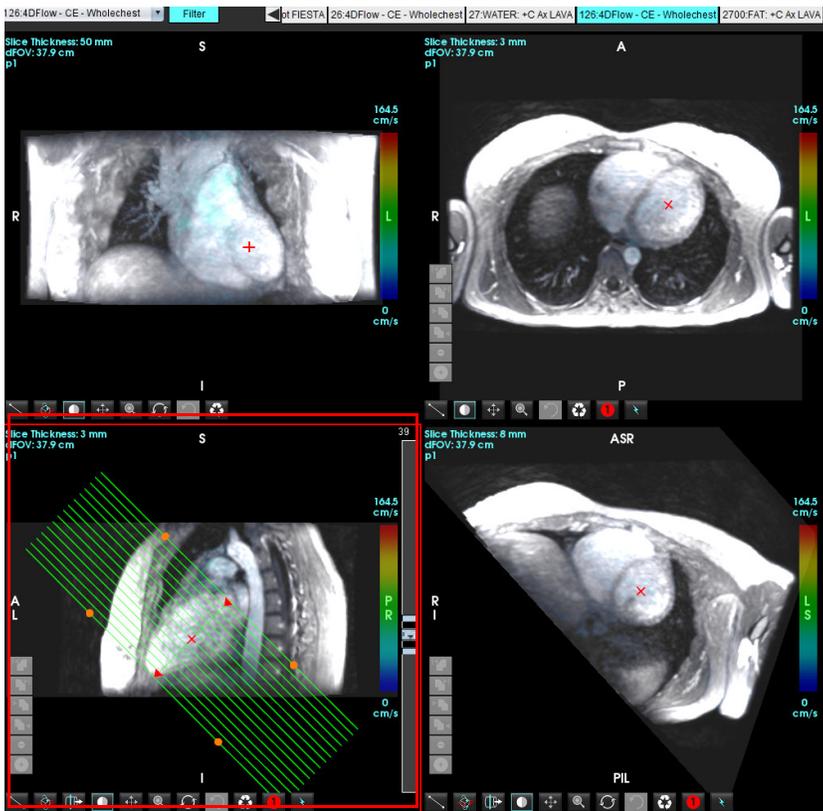
HINWEIS: Wenn Vergrößerung-und-Phase-Serien gespeichert werden, wird auf die zweite Serie die automatische Grundlinienkorrektur angewendet. Die Serie wird mit „korrigiert“ gekennzeichnet (siehe Abbildung 9).

ABBILDUNG 9. Beispiel für auf automatischen Phasenversatz-Fehler korrigierte Serie



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

ABBILDUNG 10. Rx-Planung



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

Beispiel eines Arbeitsablaufs: Erstellen einer Flussmessung

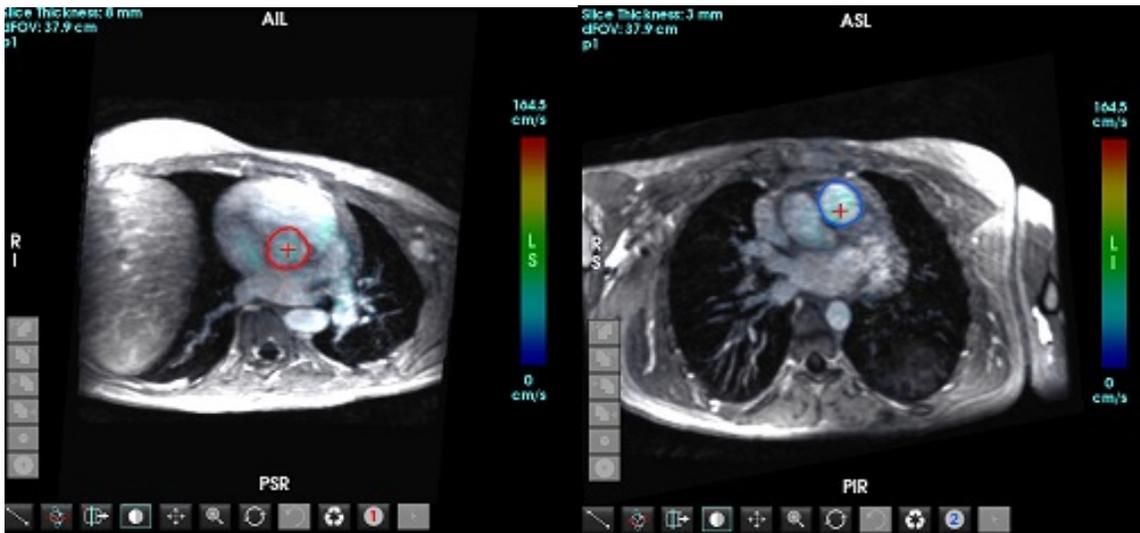
Detaillierte Informationen über die Werkzeuge auf der Flussanalyse-Benutzeroberfläche finden Sie unter [Flussanalyse auf Seite 84](#).

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



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

ABBILDUNG 11. Beispiel für Aorten- und Lungengefäße



WARNUNG: Der Benutzer ist für die genaue Positionierung und korrekten Kategoriezuordnungen aller Untersuchungsbereiche (Regions of Interest, ROI) verantwortlich, einschließlich solcher, die durch Vorbearbeitung erzeugt wurden.

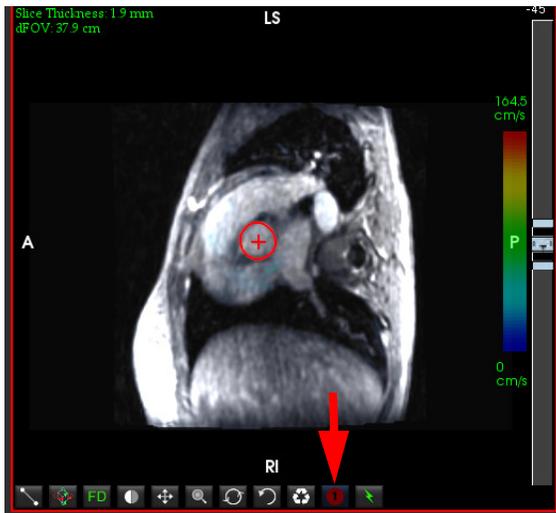
3. Bei der manuellen Segmentierung lokalisieren Sie das interessierende Gefäß und klicken Sie auf  (siehe Abbildung 12).

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.

4. Erstellen Sie eine Kontur um das Gefäß. Dazu setzen Sie vier Punkte um das Gefäß von Interesse ab.

5. Klicken Sie für die automatische Segmentierung in allen Phasen 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 jedes der drei geschwindigkeitscodierten Bilder entlang der drei orthogonalen (x,y,z) Richtungen nehmen Sie die Auswahl aus dem Pulldown-Menü entsprechend der Darstellung in Abbildung 13 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“ auf Seite 164](#). In „Befundeinstellungen“ können Institutionsdaten eingegeben werden, die im Befund in den Kopfzeilen erscheinen.

Strukturierte Befundansicht

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

- Anamnese
- Erkenntnis
- Bilder
- Polardiagramme

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

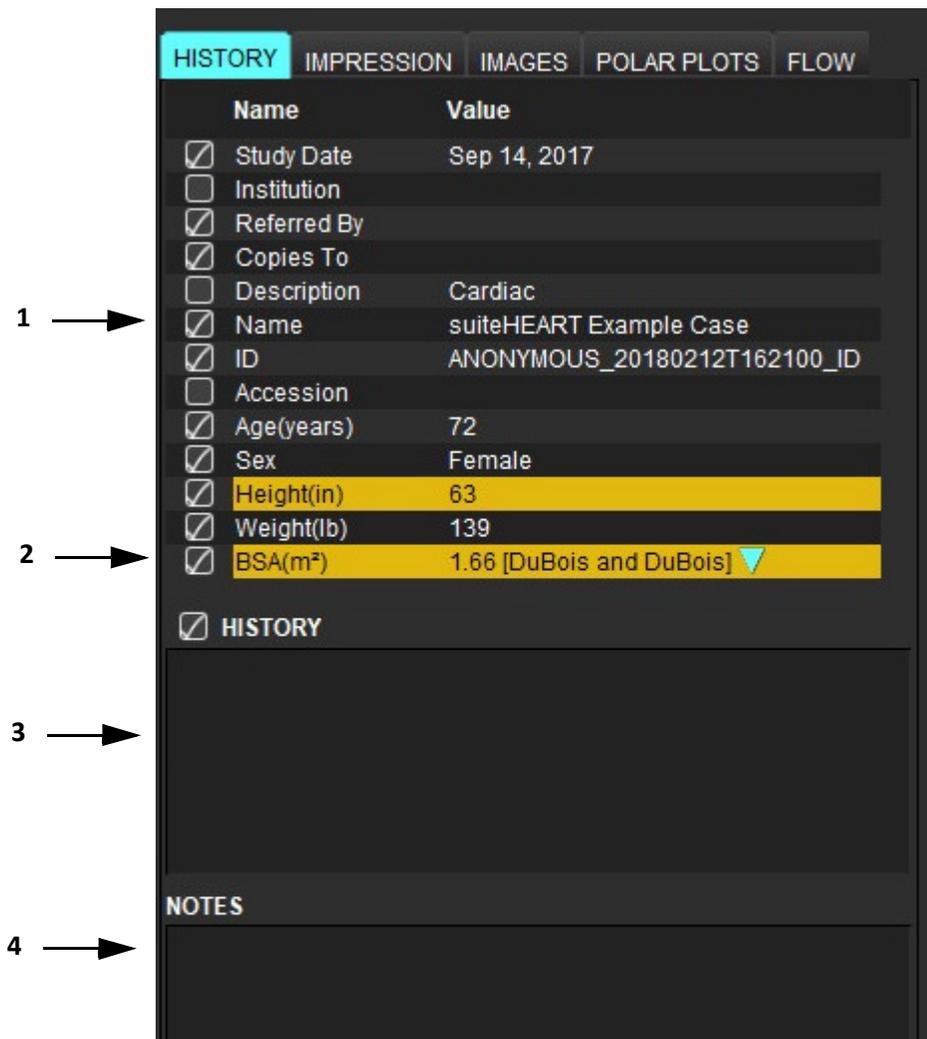
HINWEIS: Druckoptionen können auf der Registerkarte „Druckeinstellungen“ unter „Werkzeuge > Einstellungen > Druckeinstellungen bearbeiten“ konfiguriert werden.

Registerkarte „Anamnese“

Die Registerkarte „Anamnese“ enthält Patienteninformationen aus den DICOM-Kopfzeilendaten. Durch die Bearbeitung von Informationen wird das Feld hervorgehoben.

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 Dreieck kann die Art der KÖF-Berechnung ausgewählt werden.

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

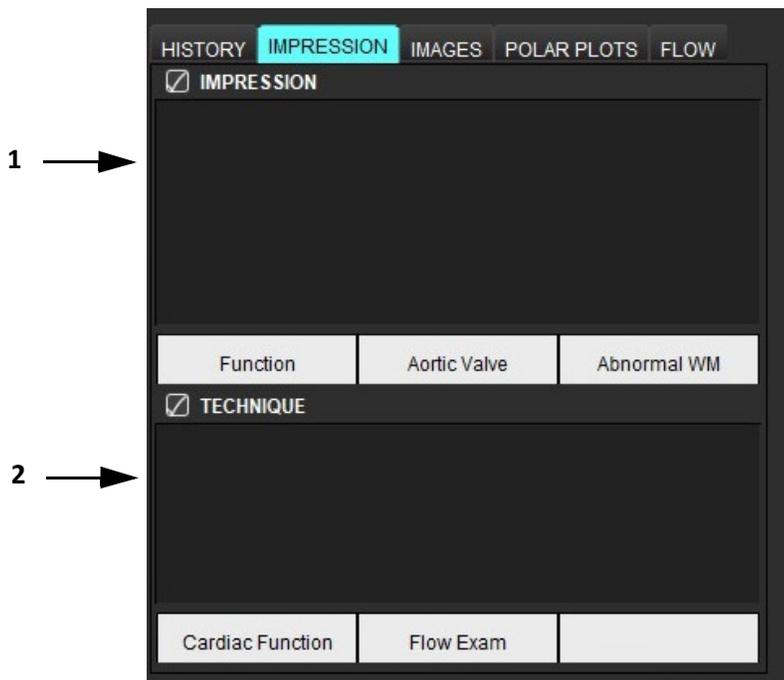
Quelle: <http://halls.md/formula-body-surface-area-bsa/>

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

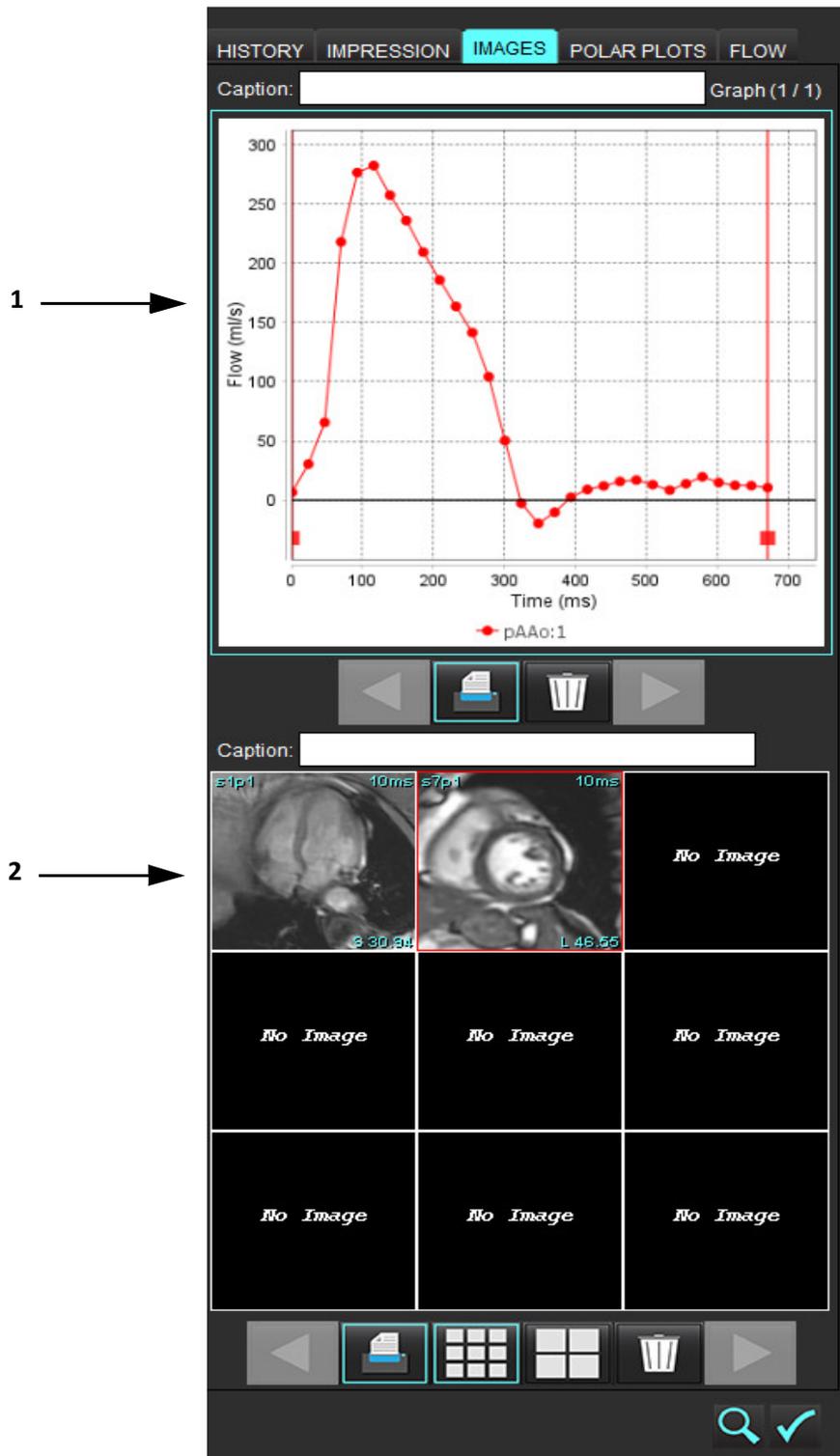
Durch Eingabe in das Feld und/oder Anklicken der Schaltfläche eines Methoden-Makros werden die Informationen zur Methode eingegeben.

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.

HINWEIS: Mehrschichtige Bilder können zum Befund gesendet werden. Klicken Sie in der Menüleiste des Bildbetrachters auf **Werkzeuge > Einstellungen > Bearbeiten**. Aktivieren Sie die Option **Mehrschichtige**

Bilder an Befund. Wählen Sie im Überprüfungsmodus mit der rechten Maustaste  aus. Der Filmmodus muss angehalten sein.

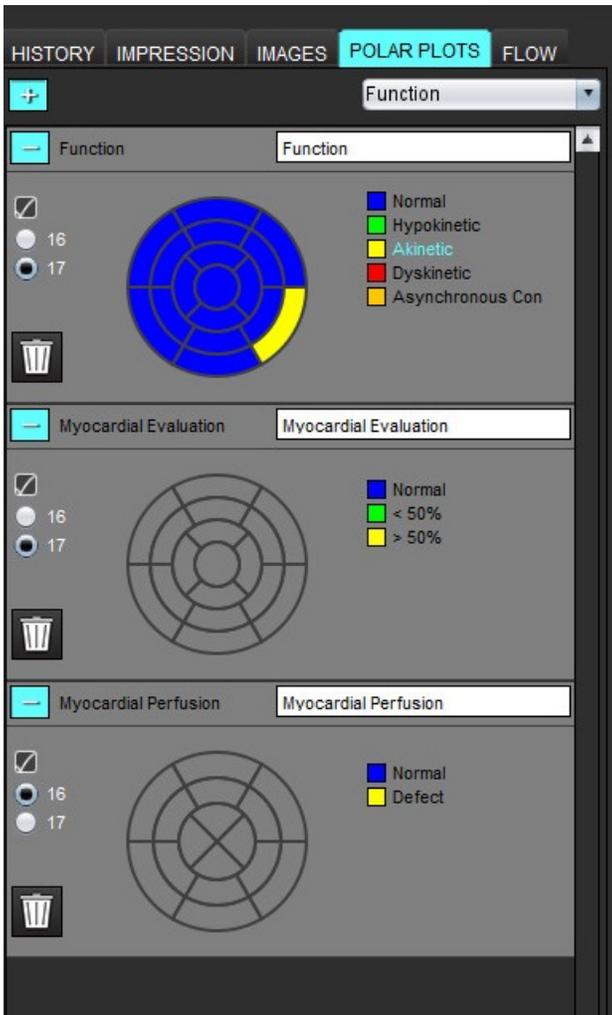
1. Mithilfe der Schaltflächen  können Sie durch die einzelnen Bilder blättern.
2. Um eine Bildunterschrift für den gedruckten Befund hinzuzufügen, klicken Sie auf das weiße Textfeld.
3. Durch Auswahl der Schaltflächen für kleines  oder großes Format  können Sie für jedes Bild die Größe auswählen.
4. 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 Anomalien bei der Analyse der Funktion, myokardialen Beurteilung und myokardialen Perfusion im Polardiagramm-Format. Zur Änderung der Farbkodierung der Segmente klicken Sie mit der rechten Maustaste auf die Segmentfarben-Legenden, um die Farbpalette zu öffnen.

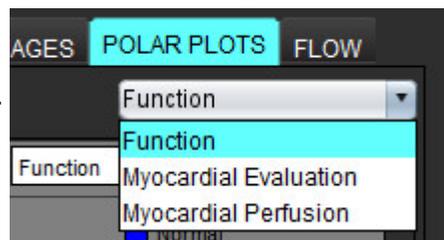
ABBILDUNG 4. Registerkarte „Polardiagramme“



Dem Befund Polardiagramme hinzufügen

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

dem Datei-Pulldown-Menü 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

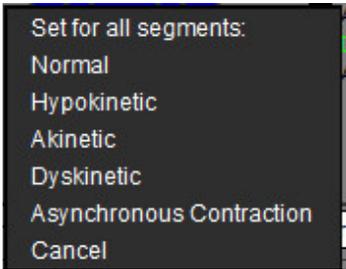


Diagramme mit 16 oder 17 Segmenten auswählen

Wählen Sie die jeweilige Optionsschaltfläche links neben dem Polardiagramm aus.

Titel des Polardiagramms bearbeiten

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

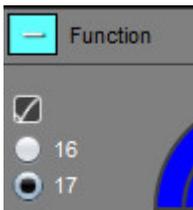
ABBILDUNG 6. Eingabefeld zur Bearbeitung des Polardiagrammtitels



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

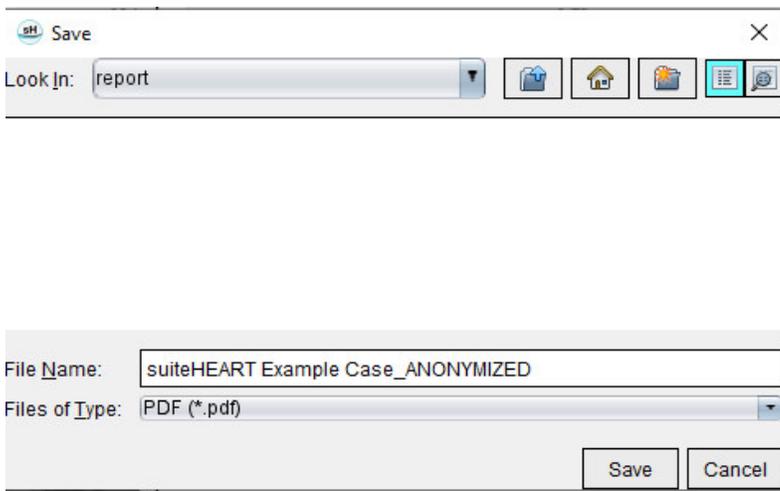
1. Wählen Sie „Datei > Befundvorschau“ aus oder wählen Sie unten rechts  aus.
2. Überprüfen Sie den Befund, um sicherzustellen, dass alle gewünschten Analyseergebnisse und strukturierten Informationen enthalten sind.
3. Mit der Schaltfläche  speichern Sie den Befund auf der lokalen Festplatte.

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 [Auswahloptionen für Befundeinstellungen auf Seite 30](#).

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

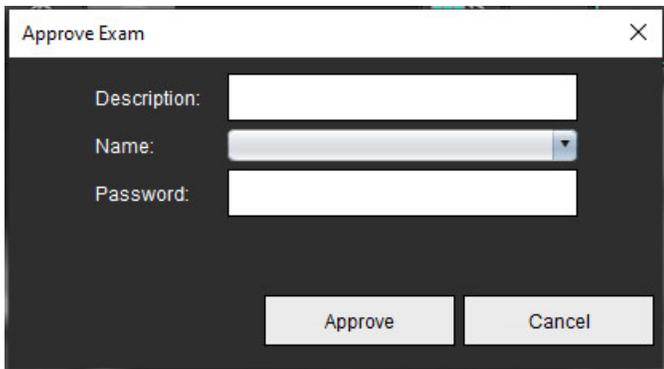
Die Anwendung hat eine Funktion zum Genehmigen und Sperren von Befunden. Der genehmigte Befund wird gespeichert und kann wieder angezeigt, aber nicht abgeändert werden.

HINWEIS: Voraussetzungen: Der Anwender muss für die Genehmigung eines Befundes autorisiert sein. Siehe [Autorisierte Befund-Genehmiger auf Seite 31](#).

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“



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.

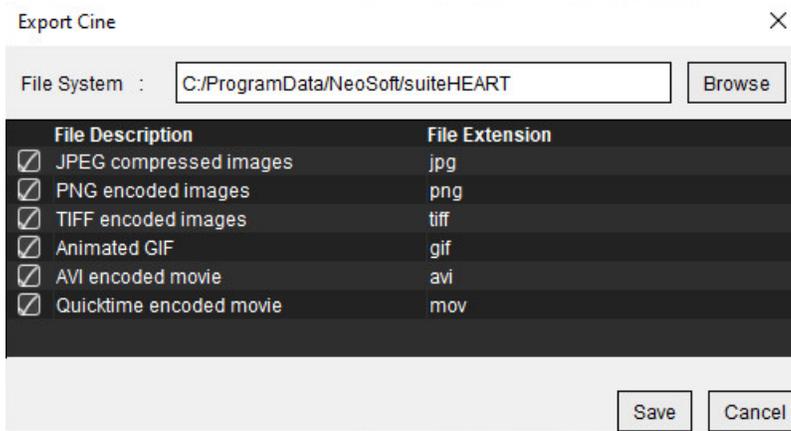
Unter Berücksichtigung der bereitgestellten Beschreibung wird eine Serie erstellt.

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

Exportoptionen

1. Wählen Sie **Werkzeuge > Exportieren > Befund in DICOM** aus.
Eine sekundäre Erfassung (SCPT) wird erstellt und in der Serienliste gespeichert.
2. Wählen Sie **Werkzeuge > Exportieren > Befund in Excel** aus.
Exportiert den Befund als eine Excel-Datei.
3. Wählen Sie **Werkzeuge > Exportieren > Befund in XML** aus.
Exportiert den Befund als eine XML-Datei.
4. Wählen Sie **Werkzeuge > Exportieren > Bilder in DICOM** aus.
Eine sekundäre Erfassung (SCPT) wird erstellt und in der Serie gespeichert.
5. Wählen Sie **Werkzeuge > Exportieren > Befund in ...** aus.
Exportiert die Ergebnisse in ein Drittanbieter-Befundsystem.
6. Wählen Sie **Werkzeuge > Exportieren > Bilder in JPEG, AVI usw.** aus.
Das Popup-Fenster „Film speichern“ erscheint.
7. Wählen Sie **Werkzeuge > Exportieren > Daten in Matlab** (nur Lizenz) aus.
Exportiert eine Mat-Datei in binärer Form.

ABBILDUNG 10. Fenster „Film speichern“



1. Wählen Sie die zu exportierenden Dateiformate 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.

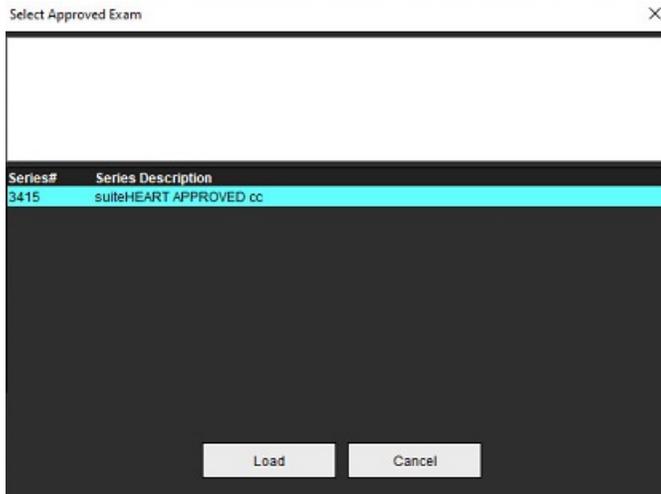
HINWEIS: Beim Export einer benutzerdefinierten Serie mit mehr- oder einphasigen Bildern als .avi- oder .mov-Datei sollten Sie sicherstellen, dass das Darstellungsfenster, welches ein mehrphasiges Bild enthält, vor dem Export ausgewählt wird.

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.

Verfahren für das Werkzeug „Befunddatenbank“

1. Wählen Sie **Werkzeuge > Befunddatenbank** aus.

Suchkriterien auswählen

2. Wählen Sie im Dropdown-Menü „Vorlage suchen“ die richtige Vorlage für die Suche aus.
3. Wählen Sie im Dropdown-Menü „Verlauf“ die Suchanfrage aus. Die gegenwärtige Abfrageleiste zeigt die von Ihnen ausgewählten Werte an.

ABBILDUNG 1. Suchoptionen

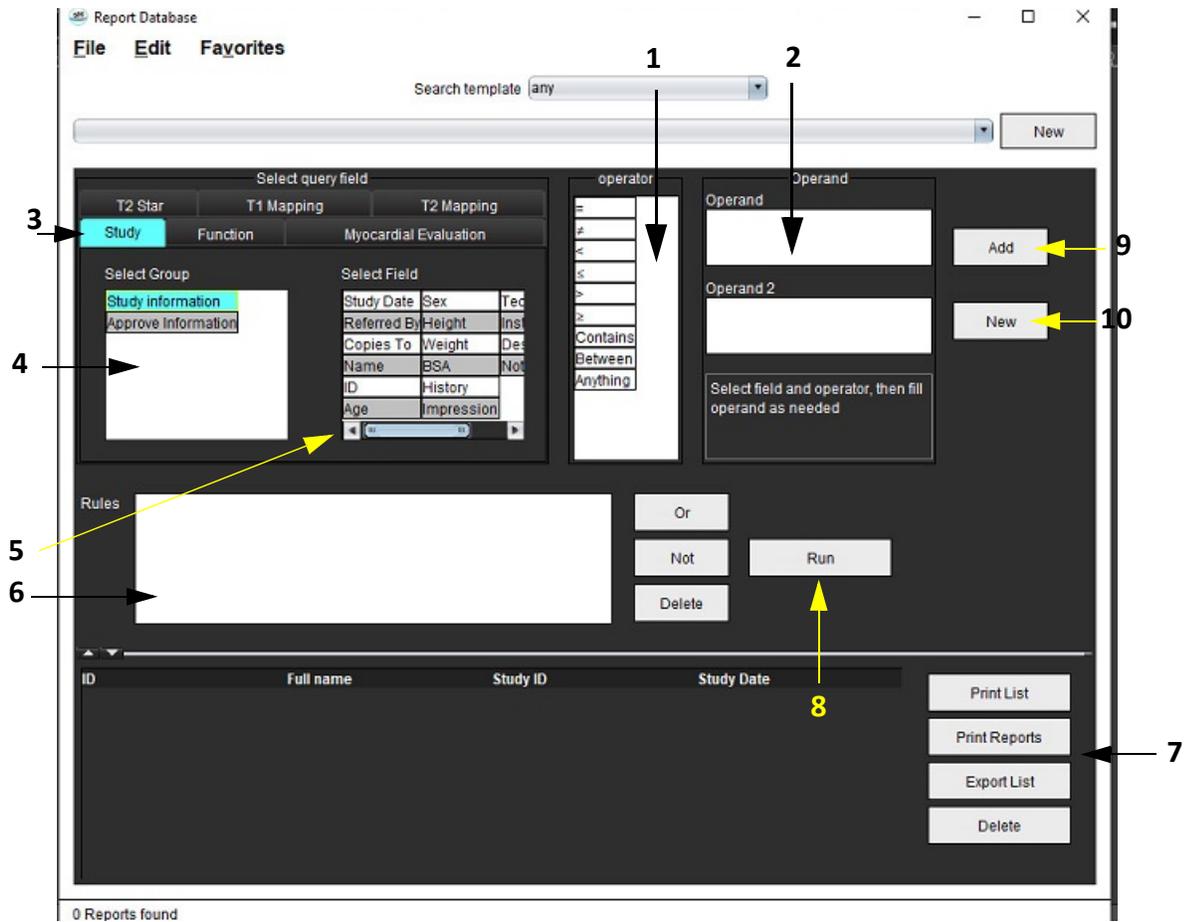


HINWEIS: Falls die gewünschte Abfrage noch nicht vorhanden ist, erstellen Sie eine neue Abfrage.

Abfrage erstellen

1. Wählen Sie rechts neben der Leiste „Verlauf“ **Neu** aus, wie in Abbildung 1 dargestellt.
Im Fenster Befunddatenbank werden die Felder zum Erstellen einer Abfrage angezeigt.

ABBILDUNG 2. Bereich „Datenbankabfrage“



1. Operatoren der Abfrage, 2. Operanden der Abfrage, 3. Registerkarten der Abfrageanalyse, 4. Abfragegruppe, 5. Abfragefelder, 6. Abfrageregeln, 7. Abfrageoptionen, 8. Schaltfläche „Ausführen“, 9. Schaltfläche „Abfrage hinzufügen“, 10. Schaltfläche „Neue Abfrage“

2. Wählen Sie die Abfragekategorie aus den Registerkarten „Studie“, „Funktion“, „ME“, „T2 Star“, „T1-Mapping“ und „T2-Mapping“ 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 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.

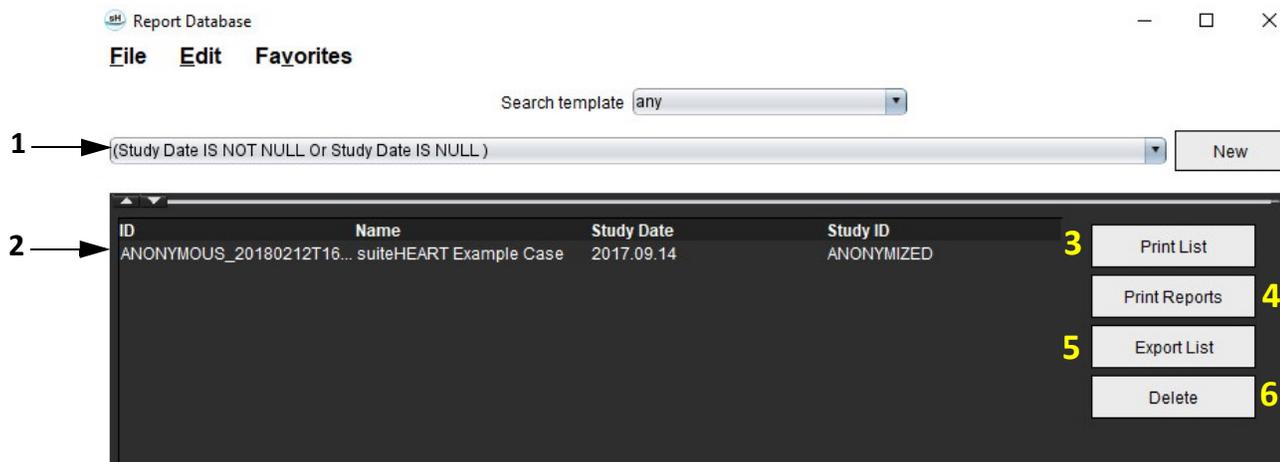
Die Schaltfläche **Löschen** stellt die Möglichkeit zur Verfügung, eine Abfrageregeln auszuwählen und zu löschen.

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 3. 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

1. 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 4. Befundansicht

The screenshot displays the 'suiteHEART Example Case' interface. On the left, a patient summary includes: Study Date (Sep 15, 2017), ID (ANONHYMOUS_2018021217162100), Age (72 years), Sex (Female), Weight (139 lb), Height (63 in), and BSA (1.89 m²). The main area is titled 'Flow - pAaO' and contains a table of hemodynamic data:

Parameter	Value
Curve 1 Flow Rate (l/min)	4.88
Curve 1 Flow Rate (ml/beat)	54.4
Curve 1 Peak Positive Velocity (cm/s)	125
Curve 1 Peak Negative Velocity (cm/s)	-114
Curve 1 Positive Flow Rate (l/min)	4.74
Curve 1 Positive Flow Rate (ml/beat)	53.1
Curve 1 Negative Flow Rate (l/min)	0.06
Curve 1 Negative Flow Rate (ml/beat)	0.70
Curve 1 Regurgitant Fraction (%)	1.28
Curve 1 Cardiac Output (l/min)	4.88
Curve 1 Heart Rate (bpm)	86

Below the table is a line graph showing flow velocity over time. To the right of the graph are two ultrasound images showing cardiac structures. At the bottom of the interface, it indicates 'suiteHEART® Version 5.0.2', 'Page 1 of 1', and 'Approved:'.

- 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.
- Wählen Sie **Liste drucken** aus, um die Ergebnisliste der Abfrage an den Drucker zu senden.
- Wählen Sie **Befunde drucken** aus, um die ausgewählten Befunde an den Drucker zu senden.
- Wählen Sie **Liste exportieren** aus, um die Liste als .html-Datei zu speichern.
- 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 5. Menü „Favoriten“

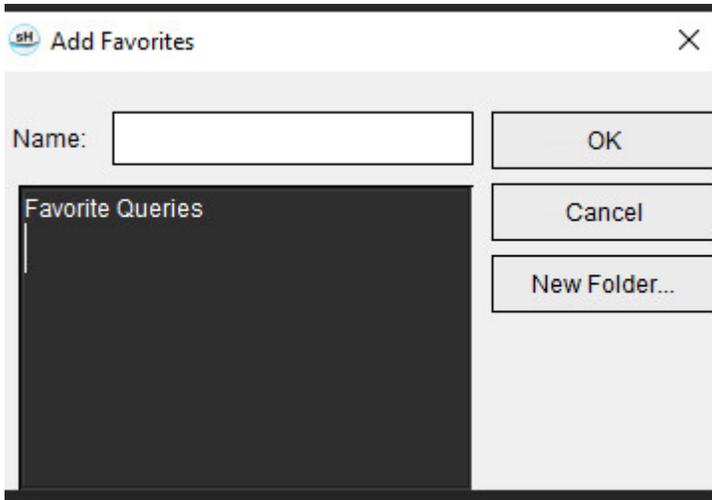
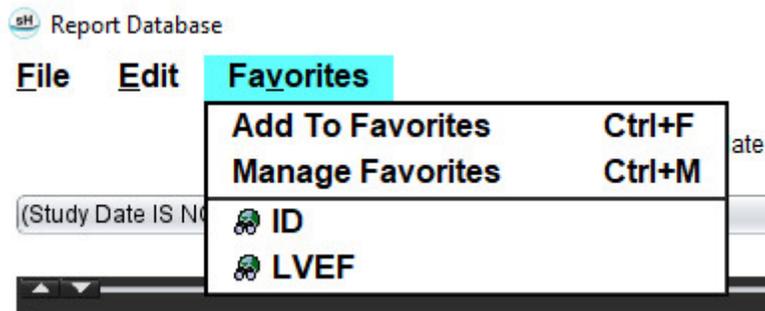


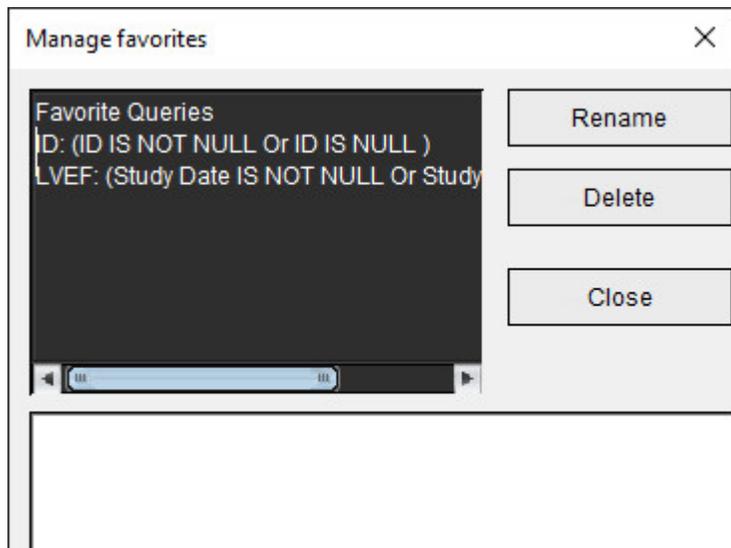
ABBILDUNG 6. Pulldown-Menü „Favoriten“



Favoriten löschen

1. Im Fenster „Befunddatenbank“ wählen Sie **Favoriten > Favoriten verwalten** aus.

ABBILDUNG 7. Fenster „Favoriten verwalten“

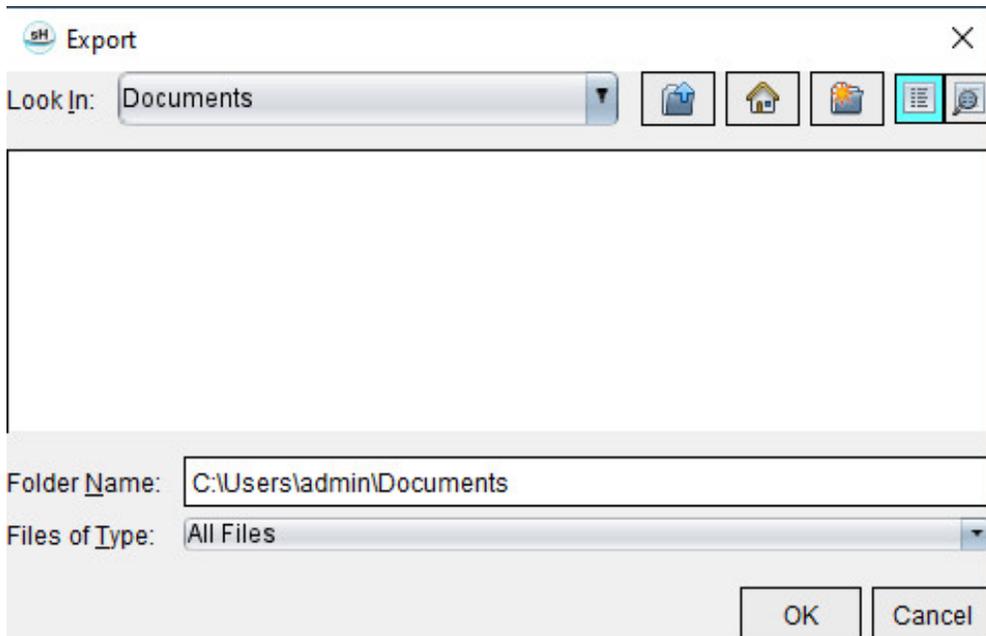


2. Wählen Sie den Eintrag für den Favoriten aus.
Die gesamte Abfragekombination wird im Fenster **Ergebnis** angezeigt.
3. Klicken Sie auf **Löschen**.
Ein Popup-Fenster zur Bestätigung erscheint, damit Sie die Löschauswahl bestätigen. Wählen Sie **Ja** aus.
4. Wählen Sie **Schließen** aus.

Suchergebnisse in eine HTML-Datei exportieren

1. Wählen Sie auf der rechten Seite des Befunddatenbank-Fensters **Liste exportieren** aus.

ABBILDUNG 8. 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.

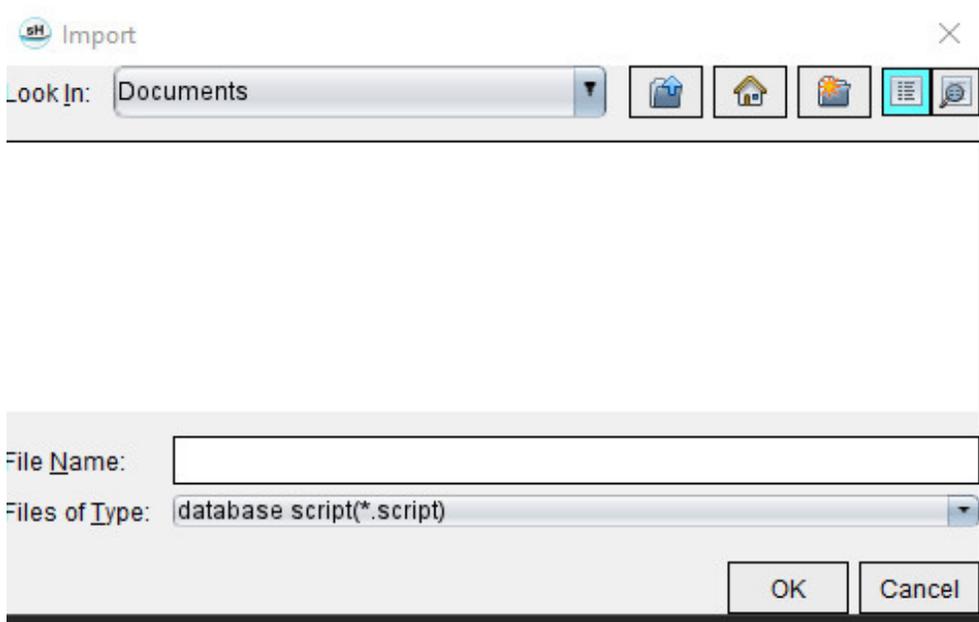
1. Wählen Sie in der Menüleiste „Befunddatenbank“ **Datei > Exportieren** aus.
2. Wählen Sie das Verzeichnis aus, in das die Liste exportiert werden soll.
3. Wählen Sie **OK** aus. Die Datenbank wird auf das externe Speichergerät exportiert.

Datenbank importieren

Die Datenbank kann von einem anderen PC, auf den sie exportiert wurde, wieder importiert werden.

1. Wählen Sie **Datei > Importieren** aus.

ABBILDUNG 9. Fenster „Importieren“

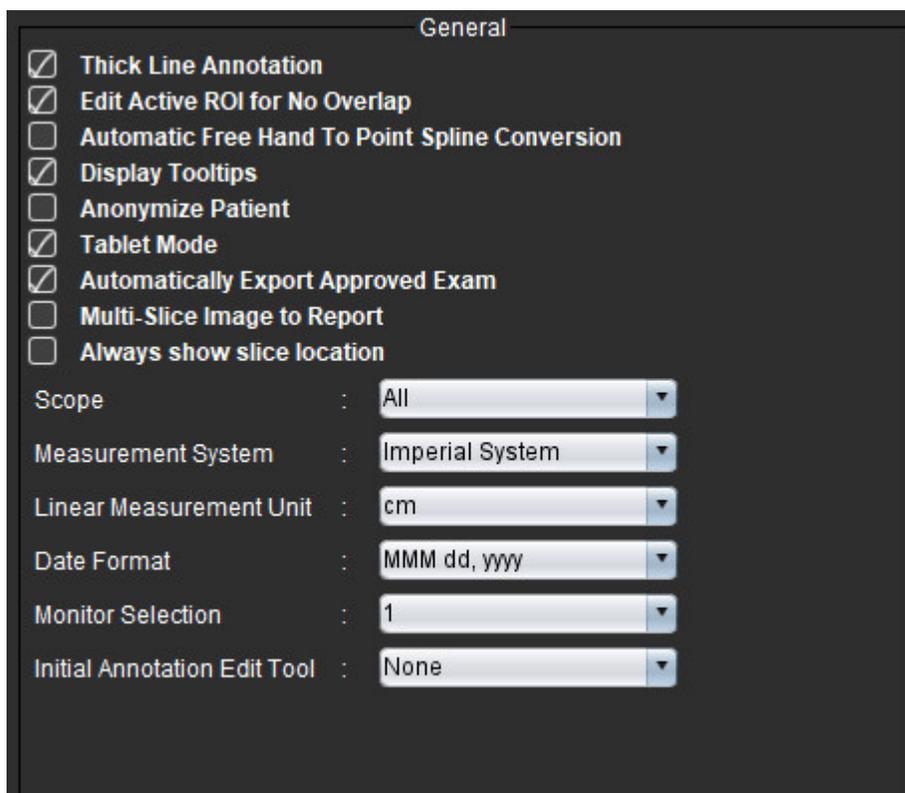


2. Wählen Sie das Verzeichnis aus, aus dem die Liste importiert werden soll.
3. Die importierte Datenbank wird mit der bestehenden Datenbank zusammengeführt.

Tablet-Modus

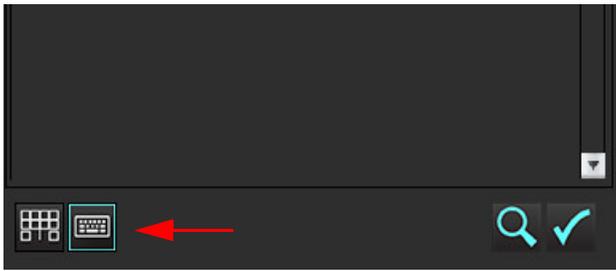
Die suiteHEART®-Software wird auf Tablets mit einem 64-Bit-Prozessor unter Ausführung des Betriebssystems Windows 10 Professional oder Windows 10 Enterprise unterstützt. Lesen Sie den folgenden Abschnitt über die Verwendung der suiteHEART®-Software auf einem Tablet.

Tablet-Modus aktivieren



1. Klicken Sie in der Menüleiste der Bildansicht auf **Werkzeuge > Einstellungen > Bearbeiten**.
2. Wählen Sie die Registerkarte **Global** aus.
3. Aktivieren Sie das Kontrollkästchen **Tablet-Modus** unter „Allgemein“.
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 Registerkarte „Bilder“ neu anzuordnen, klicken Sie mit der rechten Maustaste und wählen das

Symbol „Fallhand“ aus .

Anhang

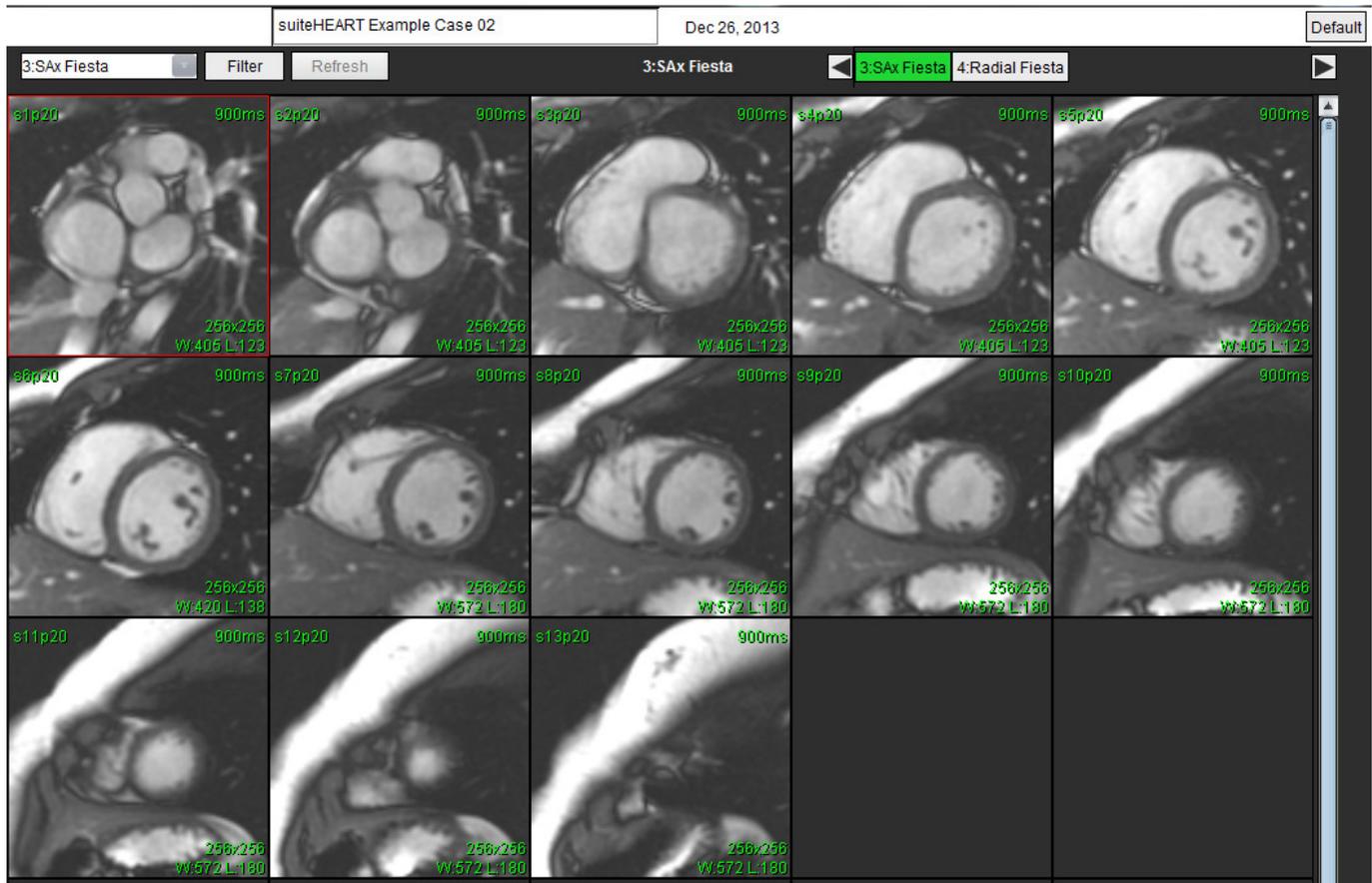
Anhang A – Referenzartikel

Normalbereiche, wie unter [Vorlageneinstellungen auf Seite 37](#) in dieser Anleitung beschrieben, können aus den folgenden Peer-Review-Literaturverweisen abgeleitet werden:

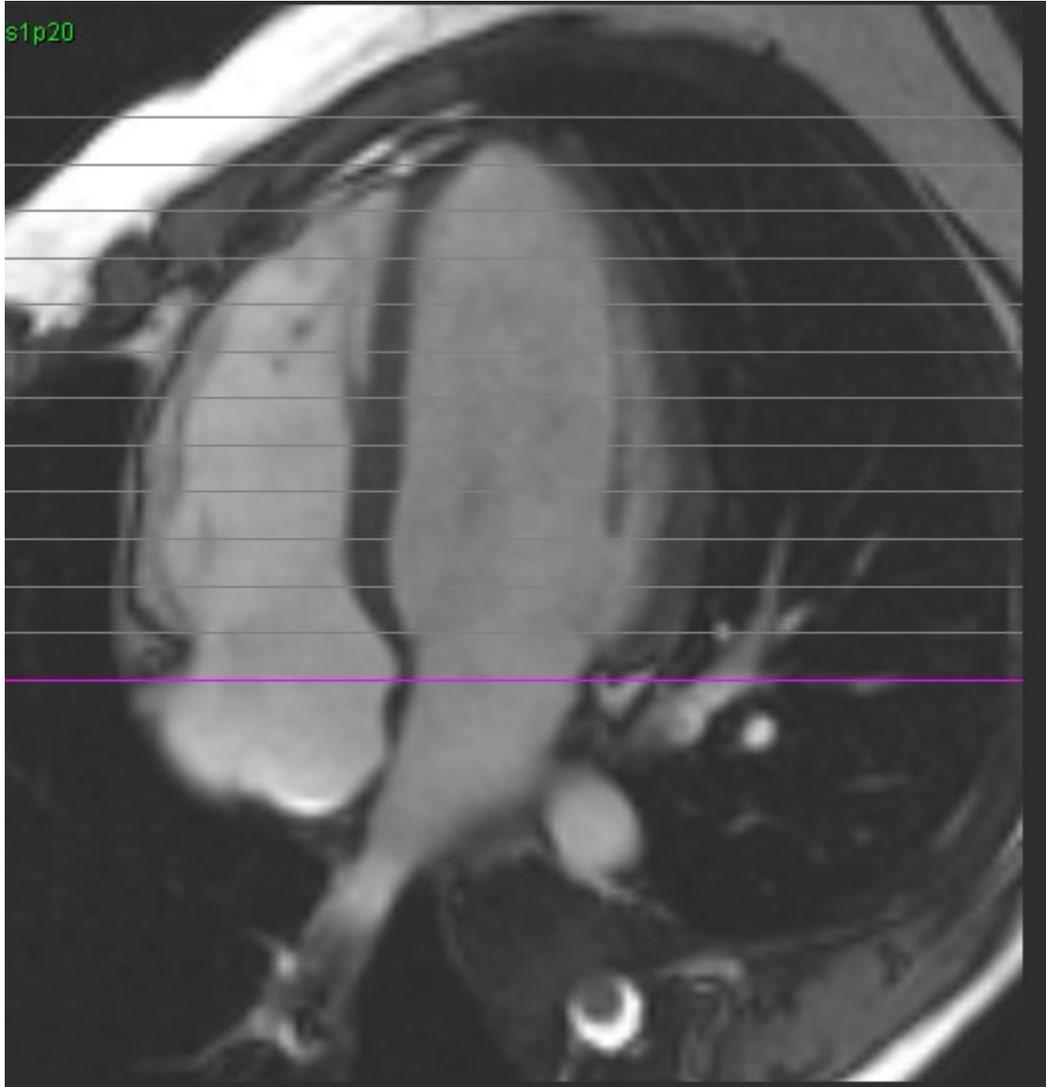
1. Kawel-Boehm et al., „Normal Values for Cardiovascular Magnetic Resonance in Adults and Children.“ Journal of Cardiovascular Magnetic Resonance (2015) 17:29
2. Maceira A.M. et al., „Normalized Left Ventricular Systolic and Diastolic Function by Steady State Free Precession Cardiovascular Magnetic Resonance.“ 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.



Index

Ziffern

- 3D-/4D-Flow-Viewer 149
 - Komponenten der Benutzeroberfläche 150
 - Serienerstellungsergebnisse 154
 - Viewer-Layout 154

A

- Abfrage speichern, Befunddatenbank 177
- Allgemeine Einstellungen 32
- Analyse der Klappenebene 82
- Analyse eines persistierenden Foramen ovale (PFO) 141
- Analyseansicht 15
- Anwendung beenden 4
- Anwendung starten 4
- Ausschließen von Rauschpixeln 94
- Automatische Segmentierung 86
 - Verfahren 87

B

- Bearbeiten von Konturen 55
- Bearbeitungswerkzeug 56
- Bearbeitungswerkzeuge, Darstellungsfenster 90
- Befund
 - Einstellungen, Verfahren 30
 - Genehmiger 31
 - Genehmiger, verwalten 31
- Befunddatenbank 173
 - Abfrage 173
 - Abfrage speichern 177
 - Datenbank importieren 180
 - Favoriten löschen 178
 - Suche aktivieren 175
 - Suchergebnisse in HTML-Datei exportieren 179
 - Suchkriterien 173
 - Verfahren für Werkzeuge 173
- Befund-Registerkarten 18
- Befundvorschau, Strukturierte Befunderstellung 169

Benutzeroberfläche

- Analysebereich 15
- Analyse-Modi 7
- Befund-Registerkarten 18
- Bildbearbeitung 11
- Bildbetrachter-Bedienelemente 9
- Dateimenü 8
- Editor-Fenster 8
- Film 9
- Matrix-Modus 10
- Menü Hilfe 9
- Menü Werkzeuge 8
- Modus-Ansicht 8
- Querverweis-Modus 11
- Serien-Navigation 7
- Übersicht 6

Bezeichnung

- Kategorie 100

Bildansichts-Bedienelemente 9

Bildbearbeitungs-Werkzeuge 11

Bildverwaltungswerkzeuge 21

- Vergleichsmodus 25

D

Darstellungsfenster-Bearbeitungswerkzeuge 90

Dateimenü-Optionen 8

Datenbank, durchsuchen 19

DB durchsuchen 19

Druckhalbzeit 98

E

Early-Enhancement-Analyse 122

Einsatzgebiete 2

Einstellungen

- allgemein 32
- bearbeiten 29
- Befund 30
- Befund-Genehmiger 31
- Bild/Video exportieren 37
- definieren 29
- Export 46
- Export (Bild/Video) 37
- Fluss 33
- Funktion 34

- Import 46
- Leerlauf-Timer 33
- Makro 41
- Registerkarte „Drucken“ 43
- Registerkarte „T1/T2-Mapping“ 45
- Registerkarte „Virtual Fellow®“ 44
- Serienfilter 36
- Virtual Fellow® 35
- Vorlage 37
- Erkenntnisse
 - Makro, hinzufügen 41
- Exportieren
 - Einstellungen 46

F

- Farbdarstellung des Myokards 147
- Farbüberlagerung 95
- Favoriten löschen, Befunddatenbank 178
- Filmmodus 9
- Flussanalyse 84
 - Automatische Segmentierung 86
 - Bezeichnung ändern 100
 - Ergebnisse anzeigen 100
 - Kurvenlegenden 101
 - Qp/Qs-Auswahloptionen 104
 - Versatzoptionen 94
 - Werkzeuge 94
- Funktionsanalyse 60
 - Benutzerdefinierte Messung
 - hinzufügen 81
 - Ergebnisse der ventrikulären Funktionsanalyse 72
 - Messung
 - entfernen 81
 - hinzufügen 81
 - löschen 81
 - Messung, Einrichtung 80
 - Schnelles LV-Verfahren 77

G

- Gefäßkategorie, verschieben 89
- Gefäßkategorien 86
- Gerätegefahren 3
- Geschwindigkeits-Aliasing-Korrektur 95
- Grundlinienkorrektur 92

H

Histogramm-Modus 97

HTML, Ergebnisse exportieren 179

I

Importieren

Datenbank 180

Einstellungen 46

Integrierte Analyse, Ergebnisse 109

K

Kombinationsanalyse 117

Konturbearbeitung

Bearbeitungswerkzeug 56

Herkömmliche Bearbeitung 55

Löschen 59

Konturen bearbeiten 55

Pull-Tool 57

Konturen-Pull-Tool 57

Konturlöschung 59

Kurvenlegenden, bearbeiten 101

Kurvenmodus-Auswahloptionen 96

L

LA

Manuell 78

Schnell 79

Late Enhancement

T2 117

Late-Enhancement-Analyseverfahren 112

Leerlauf-Timer-Einstellungen 33

Lineare Messung

Einrichtung 80

Löschen einer Kontur 59

Löschen von Messungen 81

LV

Ergebnisse 72

Manuell 65

Schnell 77

M

Makro

- ausführen 42
- Einstellungen 41
- Erkenntnisse, hinzufügen 41
- löschen 42
- Text 41

Manuelles Segmentierungsverfahren 87

Matrix-Modus 10

Menü Werkzeuge 8

Messungen

- benutzerdefiniert, entfernen 81
- benutzerdefiniert, hinzufügen 81
- linear 80
- Löschen 81

Methode, Strukturierte Befunderstellung 164

Modus-Ansichten 9

Myokardiale Beurteilung 110

- Literaturnachweise 124
- Polardiagrammformate 113
- T2-Analyse 115

O

Optionen des Menüs „Hilfe“ 9

P

Phantom-Korrektur 93

Phasenbereich, bearbeiten 90

Q

Qp/Qs

- Auswahloptionen 104
- berechnen 104

Querverweis-Modus 11

R

RA

- Funktionsanalyse, manuell 78
- Funktionsanalyse, schnell 79

Rauschpixel, ausschließen 94
Regionale Analyse 75
Registerkarte
 „Bilder“ 165
 „Erkenntnis“ 164
 „Polardiagramme“ 167
 Anamnese 162
 Befund 18
 Strukturierte Befunderstellung, Bilder 165
 Strukturierte Befunderstellung, Erkenntnis 164
Registerkarte „Anamnese“ 162
Registerkarte „Bilder“ 165
Registerkarte „Drucken“ 43
Registerkarte „Erkenntnis“ 164
Registerkarte „Polardiagramme“ 167
Registerkarte „T1/T2-Mapping“ 45
Registerkarte „Virtual Fellow®“ 44
Regurgitationsfraktion, berechnen 106
Regurgitationsvolumen, Berechnung 106

S

Segmentierung
 automatisch 87
 manuell 87
Serien-Navigation 7
Sicherheitshinweise 3
Signaldifferenzial 121
 Ergebnisse 121
 Registerkarte 121
Spitzengeschwindigkeit, benutzerdefiniert 96
Strukturierte Befunderstellung 162
 Befundvorschau 169
 Erkenntnisse 164
 exportieren 171
 Genehmigte Untersuchung 172
 Grafiken 166
 Methode 164
 Registerkarte „Anamnese“ 162
 Registerkarte „Bilder“ 165
 Registerkarte „Polardiagramme“ 167
 Registerkarten 162
 Untersuchung genehmigen 170
 Zusammenfassungstabelle 166

Suche, Befunddatenbank 175

Suchergebnisse in HTML-Datei exportieren

Befunddatenbank 179

T

T1-Mapping 125

T2-Mapping 130

T2Star 145

Analyseverfahren 146

Ergebnisse 148

Farbdarstellung des Myokards, erstellen 147

Parameteranpassung 147

Tabelle Kammervolumen 74

Tastenkombinationen 13

U

Untersuchung genehmigen, Strukturierte Befunderstellung 170

V

Ventrikel 61

Vergleichsmodus 25

Versatzoptionen 94

Verschieben einer Gefäßkategorie 89

Verwendungszweck 2

Viewer 21

Virtual Fellow® 47

Ansichtsprotokolle 51

Benutzeroberfläche 49

Werkzeuge der Benutzeroberfläche 49

Vorhöfe 78

Vorlage

Einstellungen 37

W

Werkzeug „Lokaler ROI“ 123