

# suiteHEART<sup>®</sup>-Software

cMRI-Analyse-Software

Bedienungsanleitung

**NeoSoft, LLC**

**NEO**SOFT

NS-03-043-0003-DE Rev. 3  
Copyright 2024 NeoSoft, LLC  
Alle Rechte vorbehalten

# Revisionsverlauf

Revision	Datum	Änderungsbeschreibung	Sicherheitsbedingte Aktualisierung (Ja/Nein)
1	22. AUGUST 2022	Für Produktversion 5.1.0 aktualisiert. Diese Bedienungsanleitung (IFU) ersetzt die vorherigen Sprach-/Revisions-/Teilenummern: suiteHEART® Software IFU - NS-03-039-0003, EN-Rev. 6 suiteHEART® Software IFU - NS-03-039-0004, FR-Rev. 5 suiteHEART® Software IFU - NS-03-039-0005, DE-Rev. 5 suiteHEART® Software IFU - NS-03-039-0006, IT-Rev. 5 suiteHEART® Software IFU - NS-03-039-0007, EL-Rev. 5 suiteHEART® Software IFU - NS-03-040-0003, LT-Rev. 4 suiteHEART® Software IFU - NS-03-040-0004, ES-Rev. 4 suiteHEART® Software IFU - NS-03-040-0005, SV-Rev. 4 suiteHEART® Software IFU - NS-03-040-0006, TR-Rev. 4 suiteHEART® Software IFU - NS-03-040-0007, RO-Rev. 4 suiteHEART® Software IFU - NS-03-040-0008, NL-Rev. 4 suiteHEART® Software IFU - NS-03-041-0005, ZH-CN-Rev. 2 suiteHEART® Software IFU - NS-03-040-0030, PT-PT-Rev. 4 suiteHEART® Software IFU - NS-03-041-0007, HU-Rev. 3 suiteHEART® Software IFU - NS-03-042-0006, JA-Rev. 1 suiteHEART® Software IFU - NS-03-042-0007, VI-Rev. 1	Nein
2	31. MAI 2023	Für Produktversion 5.1.1 aktualisiert. Estnisch hinzugefügt. Die regulatorischen Informationen wurden in das Nachtragsdokument Regulatorische Informationen verschoben.	Nein
3	30. DEZEMBER 2024	Für Produktversion 5.1.2 aktualisiert. Aktualisierte Sicherheitsinformationen.	Ja

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

Telefon: 262-522-6120  
Website: [www.neosoftllc.com](http://www.neosoftllc.com)

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

Um nach dem Start der Anwendung Compliance-Informationen (Bevollmächtigter, Importeur, Registrierungsinformationen) anzuzeigen, klicken Sie auf dem Hauptbildschirm auf „Hilfe“ oder „Über“. Wählen Sie die Option „Regulatorische Informationen“. Das Dokument wird in einem PDF-Viewer geöffnet.

# Inhaltsverzeichnis

## **Sicherheit 1**

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

## **Cybersicherheit 4**

## **Erste Schritte 6**

- Anwendung starten und beenden 6
- Die suiteHEART®-Software starten 6
- Die suiteHEART®-Software beenden 7

## **Übersicht über die Benutzeroberfläche 8**

- Übersicht 8
- Analyse-/Viewer-Modi 9
  - Reihen-Navigation 9
- Editor-Fenster und Modus-Ansicht 10
  - Dateimenü-Optionen 10
  - Werkzeugmenü-Optionen 10
  - Hilfemenü-Optionen 11
  - Bedienelemente der Editoransicht 11
  - Film-Ansicht-Bedienelemente 11
  - Querverweis-Ansichtsfenster 12
  - Bildbearbeitungs-Werkzeuge 12
- Tastenkombinationen 14
- Ergebnisbereich 15
- Befunderstellung 18
- DB durchsuchen 19
  - Funktionen des Fensters „Datenbank durchsuchen“ 19
  - Verfahren zum Durchsuchen der Datenbank 20

## **Bildverwaltungswerkzeuge 21**

- Viewer 21
  - Bild-/Reihen-Navigation 22
  - Reihenvergleichsmodus 22
  - Reihe erweitern/zusammenklappen 23
  - Viewer-Funktionen 23
  - Composer exportieren 24
- Vergleichsmodus 26
  - Beispiel eines Workflows 28

## **Präferenz-Einstellungen definieren 29**

Präferenz-Einstellungen festlegen	29
Registerkarte Allgemein	30
Registerkarte „Vorlage“	37
Makro-Registerkarte	40
Registerkarte „Drucken“	42
Registerkarte „Virtual Fellow®“	43
Registerkarte „Funktion“	44
Registerkarte T1/T2/T2*	45
Registerkarte Befunderstellung	46
Präferenz-Einstellungen importieren	49
Präferenz-Einstellungen exportieren	49

## **Virtual Fellow® 50**

Vorbearbeitung mittels Virtual Fellow®	51
Benutzeroberfläche von Virtual Fellow®	52
Auswahloptionen von Virtual Fellow®	52
Ansichtsprotokolle	54
Tastenkombinationen - Ansichtsfenster für Langachse	55
Auswahl einer Reihe für Ansichtsprotokolle durch Benutzer	56
Auswahl einer Reihe für Querverweis-Langachsen-Ansichtsfenster durch Benutzer	57

## **Automatisches Update 58**

Workflow	58
----------	----

## **Bearbeiten von Konturen 60**

ROI-Punkt-Spline	60
Bearbeitungs werkzeug	61
Konturen ziehwerkzeug	62
Löschen einer Kontur	64
ROI-Schwellenwert-Werkzeug	64
Zusätzliches Bearbeitungswerkzeug	65

## **Funktionsanalyse 66**

Ventrikel	67
Index-Messungen berechnen	67
Automatische LV- und RV-Segmentierung	68
Verfahren zur manuellen LV- und RV-Funktionsanalyse	70
Basale Interpolation	72
Bewegungskorrektur zwischen Reihen	74
Matrix-Ansicht	75
Ergebnisse der ventrikulären Funktionsanalyse	78
Linksventrikuläre regionale Analyse	80
Dyssynchronie-Analyse	81
Automatische Langachsen-Segmentierung	82
Vorhöfe	84
Manuelle LA- und RA-Analyse	84
Automatische LA- oder RA-Analyse	85
Atriale Messungen	86
Benutzerdefinierte Messungen	87
Messung durchführen	87



Analyse der Aortenklappenebene	89
Aortenklappenebene-Analyseverfahren	89
MAPSE/TAPSE	92
Analyse-Verfahren	93
Real-Time-Analyse	94
Analyse-Verfahren	95

## **Flow-Analyse 97**

Flow-Analyse mithilfe der automatischen Segmentierung	99
Bearbeiten von Konturen	102
Optionen für die Grundlinienkorrektur	104
Flusswerkzeuge	106
Farbüberlagerung	107
Autom. Geschwindigkeits-Aliasing-Korrektur	108
Benutzerdefinierte Spitzengeschwindigkeit	110
Kurvenmodus-Auswahloptionen	110
Flow-Ergebnisse anzeigen	113
Kategorie ändern Bezeichnung für Flow	113
Integrierte Analyse	115

## **Myokardiale Beurteilung 124**

Ergebnis-Messwertbezeichnungen definieren	125
Late-Enhancement-Analyseverfahren	126
T2-Analyse	130
Kombinationsanalyse	132
Late-Enhancement und T2	132
Signaldifferenzial-Ergebnisse	136
Early-Enhancement-Analyse	137
Werkzeug „Lokaler ROI“	139

## **T1-Mapping-Analyse 140**

Analyse durchführen	141
16-Segment-Polar-Darstellung	143
Löschen von Konturen	144
T1-Kurven überprüfen	144
Inversionskorrekturfaktor (ICF) für Siemens MyoMaps	145

## **T2-Mapping-Analyse 146**

Analyse durchführen	148
16-Segment-Polar-Darstellung	149
Löschen von Konturen	150
T2-Kurven überprüfen	150

## **Myokardiale Perfusion 151**

Analyse der myokardialen Perfusion durchführen	153
Bearbeiten von Konturen	154
Ergebnisse überprüfen	154
Grafische/tabellarische Ergebnisse überprüfen	154
Relativen Anstieg (RU) und Reserveindex (RI) berechnen	155
Definition der Parameter, die aus der Kurve für die myokardiale Perfusion berechnet werden	156

## **Analyse eines persistierenden Foramen ovale (PFO) 157**

### **T2\* 161**

- Verfahren zur Herzanalyse 162
  - Farbdarstellung des Myokards erstellen 163
  - Anpassen der Parameter 163
  - T2\*-Ergebnisse überprüfen 164

### **3D-/4D-Flow-Viewer 165**

- Registerkarte „Anzeige“ 166
- Registerkarte „Gefäße“ 171
  - 3D Segmentierung mit Messungen 171
- Oberflächenmodus 179

### **Befunderstellung 190**

- Demografische Daten des Patienten 191
- Befunderstellungsverfahren 192
  - Bilder, Diagramme und Tabellen zum Befund hinzufügen 193
  - Polardiagramme 194
  - Vorschau und Freigabe des Befunds 196
  - Untersuchung abnehmen 197
  - Export-Optionen 198
  - Abgenommene Untersuchung überprüfen 198

### **Befunddatenbank 199**

- Verwendung der „Befunddatenbank“ 199
  - Eine Abfrage durchführen 200
  - Studien abrufen 201
  - Ergebnisse anzeigen 202
  - Abfrage speichern 203
- Favoriten löschen 204
- Suchergebnisse in eine HTML-Datei exportieren 205
- Datenbank exportieren 206
- Datenbank importieren 206

### **Anhänge 207**

- Anhang A: Präferenz-Einstellungen auf Benutzerebene 207
  - Verwaltungsfunktionen 208
  - Benutzerfunktionen 210
- Anhang B: Beispiel für eine Funktionsanalyse der Scan-Ebene 212
- Anhang C: GE 2D-Film-Phasenkontrast-Parameter 213
- Anhang D: Methoden der Funktionsvolumenanalyse 213

### **Index 214**

# 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.

NeoSoft bietet keine regelmäßigen Wartungsdienste für seine Produkte an. Bitte wenden Sie sich bei Fragen und Problemen an den Support.



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

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

**Tabelle 1: Sicherheitsterminologie**

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

# Einsatzgebiete

Die suiteHEART®-Software ist ein analytisches Software-Werkzeug, das reproduzierbare Werkzeuge für das Auswerten und Erstellen von Befunden basierend auf medizinischen Bildern bereitstellt. Die suiteHEART®-Software kann medizinische Bilder von einem MR-System importieren und im Ansichtsbereich des Computer-Bildschirms anzeigen. Der Ansichtsbereich gestattet den Zugriff auf mehrere Studien und Reihen 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 Flow-Analyse, für die Analyse der Signalintensitäten für das Myokard, für die Bestimmung der Größe eines Infarkts und die T2\*-Analyse sind halbautomatische Werkzeuge verfügbar.

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



**ACHTUNG:** 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 auf einem Bild können fehlinterpretiert werden und zu ungenauen Ergebnissen führen. Verwenden Sie für die Diagnose keine Bilder, die Artefakte enthalten. Die Analyse sollte nur von einem entsprechend geschulten und qualifizierten Benutzer 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 oder die Patienten-ID enthalten. Bestätigen Sie vor der Analyse durch Sichtkontrolle die Patienteninformationen.



**ACHTUNG:** Die Verwendung von Bildern, auf denen ein Bildfilter angewendet wurde, führt möglicherweise zu ungenauen Ergebnissen. 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



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



**ACHTUNG:** 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 rechtlichen Schritten führen. Es wird dringend empfohlen, den Zugriff auf Patientendateien abzusichern. Der Anwender ist für die Anwendung der Datenschutzbestimmungen für Patienten verantwortlich.

---

# Cybersicherheit

NeoSoft ergreift die folgenden Vorsichtsmaßnahmen zur Cybersicherheit bei der Entwicklung und Implementierung seiner Software:

- Die Verwaltung bestimmter Funktionen der NeoSoft-Software (Benutzerberechtigungen, Wiederherstellung der Datenbank usw.) darf nur von geschulten Administratoren durchgeführt werden.
- Die NeoSoft-Software wird regelmäßig auf bekannte Schwachstellen, die in der NIST-Datenbank aufgeführt sind, analysiert und bei Bedarf durch Patches ergänzt.
- Die NeoSoft-Software verwendet zur Speicherung von Patientendaten und zur Übertragung von Patientendaten über das Netzwerk über einen benutzerkonfigurierten Port den DICOM-Standard.
- Die Integrität der NeoSoft-Software wird vor der Installation anhand der MD5-Prüfsumme verifiziert, um sicherzustellen, dass die Software vollständig intakt geliefert wurde.
- Die NeoSoft-Software wurde für die Verwendung auf Hardware mit aktivierter Verschlüsselung verifiziert.
- NeoSoft minimiert Cybersicherheitsrisiken durch Einhaltung des ISO 14971-Standards.
- Die Mitarbeiter von NeoSoft werden in Cybersicherheit und Schutz von Gesundheitsdaten geschult.
- NeoSoft erhält oder verwaltet keine geschützten Gesundheitsdaten, es sei denn, ein Kunde gewährt ausdrücklich Zugang zum Zweck der Fehlerbehebung.
- Die NeoSoft Software wurde einem Penetrationstest unterzogen.
- Automatische Abmeldung (ALOF) - suiteHEART kann so konfiguriert werden, dass es nach einer bestimmten Zeit der Nichtbenutzung geschlossen wird. Das suiteDXT bleibt geöffnet, bis es von einem Benutzer geschlossen oder das System neu gestartet wird.
- Audit-Kontrollen (AUDT) - suiteHEART und suiteDXT erstellen Protokolle mit Zeitstempel, die Softwareereignisse und Benutzerinformationen enthalten.
- Autorisierung (AUTH) - In suiteDXT kann ein Administrator die Zugriffskontrolle für andere Benutzer einsehen und konfigurieren. Je nachdem, wie der Zugriff konfiguriert ist, können Benutzer nur bestimmte Studien in suiteDXT und suiteHEART einsehen. Zum Beispiel kann Benutzer A nur auf Studieninformationen von Standort A zugreifen und Benutzer B kann auf Studieninformationen von Standort A und B zugreifen.
- Knotenauthentifizierung (NAUT) - suiteDXT kann so konfiguriert werden, dass es mit anderen DICOM-Geräten kommuniziert, indem der AE-Titel, die IP-Adresse und der DICOM-Port konfiguriert werden. suiteHEART nutzt standardmäßig kein Netzwerk, kann aber durch eine Konfigurationsänderung so konfiguriert werden, dass es Daten an andere Systeme sendet, indem das andere System bzw. die anderen Systeme über AE-Titel, IP-Adresse und Port identifiziert werden. Beide Produkte können ohne Netzwerk verwendet werden, indem lokale Studiendaten aus dem Dateisystem importiert werden, anstatt Studiendaten über ein Netzwerk zu senden oder zu empfangen.
- Personenauthentifizierung (PAUT) - suiteHEART und suiteDXT können so konfiguriert werden, dass eine Benutzerauthentifizierung, Benutzerpasswort-Steuerelemente und eine Konfiguration der verfügbaren Patientendaten speziell für den angemeldeten Benutzer möglich sind. Die Benutzerinformationen werden protokolliert.
- Verbindungsmöglichkeiten (CONN) - suiteDXT kann eine Verbindung zu anderen konfigurierten DICOM-Partnern herstellen, um Daten zu übertragen. suiteHEART kann so konfiguriert werden, dass es über eine Konfigurationsänderung Daten an andere Systeme sendet, wobei das/die andere(n) System(e) über AE-Titel, IP-Adresse und Port identifiziert werden.
- Physikalische Sperren (PLOK) - Nicht zutreffend. NeoSoft empfiehlt die Verwendung von Netzwerksicherheitsprodukten zum Schutz.
- System- und Anwendungshärtung (SAHD) - Nicht zutreffend. NeoSoft empfiehlt die Verwendung von Netzwerksicherheitsprodukten zum Schutz.

- De-Identifizierung von Gesundheitsdaten (DIDT) - suiteDXT enthält eine Funktion „Anonymisieren“ zur De-Identifizierung von Patientenstudien.
- Integrität und Authentizität von Gesundheitsdaten (IGAU) - suiteDXT enthält Statusmeldungen für den Import/die Übertragung von Studieninformationen, die eine Bestätigung des erfolgreichen Imports oder der Übertragung und des Auftretens von Fehlern enthalten. suiteHEART warnt den Benutzer über ein Popup, wenn erwartete Eingabedaten fehlen oder beschädigt sind.
- Datensicherung und Notfallwiederherstellung (DTBK) - Es wird empfohlen, die von suiteHEART erzeugten Daten zur langfristigen Speicherung/Sicherung an das PACS zu senden. suiteDXT enthält ein Tool zur Wiederherstellung der Datenbank, falls die lokale Software beschädigt wird.
- Vertraulichkeit der Speicherung von Gesundheitsdaten (STCF) - suiteHEART und suiteDXT sind für die Verwendung durch qualifiziertes Personal vorgesehen und können nach dem Ermessen des Benutzers durch einen Benutzernamen und ein Passwort geschützt werden.
- Vertrauliche Datenübermittlung (TXCF) - Jegliche Übertragung von Daten erfolgt im DICOM-Format.
- Übertragungsintegrität (TXIG) - Jegliche Übertragung von Daten erfolgt im DICOM-Format.
- Cybersicherheits-Produkt-Upgrades (CSUP) - Jegliche Installationen oder Upgrades sind neue Softwareversionen und werden nach dem Ermessen des Kunden zugelassen und verwendet.
- Softwarestückliste (SBoM) - Die suiteHEART Maske „Infos“ listet Software von Drittanbietern auf. suiteDXT-Informationen über Software von Drittanbietern finden Sie im suiteDXT-Installationsverzeichnis im Ordner „3pInfo“.
- Roadmap für Komponenten von Drittanbietern im Lebenszyklus des Geräts (RDMP) - NeoSoft bewertet die Software von Drittanbietern regelmäßig und kann suiteHEART und/oder suiteDXT bei Bedarf aktualisieren.
- Sicherheitsrichtlinien (SGUD) - NeoSoft empfiehlt die Verwendung von Antiviren-Software.
- Konfiguration von Netzwerksicherheitsfunktionen (CNFS) - Das Produkt kann Netzwerksicherheitsfunktionen nach den Bedürfnissen des Benutzers konfigurieren - Sowohl suiteHEART als auch suiteDXT können ohne Netzwerkverbindung verwendet werden. Bei einer Konfiguration für die Übertragung über das Netzwerk konfiguriert werden jedoch nur AE-Titel, IP-Adresse und Port-Informationen benötigt. Weitere Sicherheitsmaßnahmen sind nicht erforderlich/empfohlen.
- Notfallzugriff (EMRG) - Nicht zutreffend. suiteHEART und suiteDXT werden in Notfallsituationen nicht verwendet.
- Fernwartung (RMOT) - Der Service kann über die vom Kunden vorgeschriebene Fernzugriffsmethode (z. B. Remote-Desktop) durchgeführt werden. suiteHEART und suiteDXT beinhalten selbst keinen Fernzugriff.
- Malware-Erkennung/-Schutz (MLDP) - Nicht zutreffend. suiteHEART und suiteDXT enthalten keine Malware-Erkennung und keinen Malware-Schutz. NeoSoft empfiehlt die Verwendung von Netzwerksicherheitsprodukten zum Schutz.

# Erste Schritte

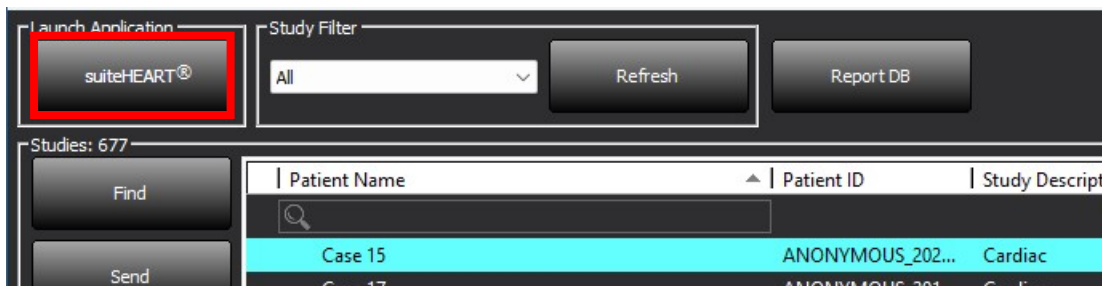
## Anwendung starten und beenden

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 Workflows für die quantitative Analyse von MRT-Herzbildern.

### Die suiteHEART®-Software starten

1. Starten Sie suiteDXT über den Desktop-Shortcut.

**ABBILDUNG 1. Anwendung starten**



2. Wählen Sie eine Studie aus der Studienliste aus und führen Sie einen der folgenden Schritte durch:
  - Wählen Sie suiteHEART®.
  - Doppelklicken Sie auf die Studie.
3. Wählen Sie eine Gruppe von Studien und wählen Sie suiteHEART®.

Verwenden Sie Datei > Studie wechseln, um andere Studien anzuzeigen.

**HINWEIS:** Die Bildschirmauflösung muss auf 1920x1080 oder höher (Querformat) bzw. 2160x3840 oder höher (Hochformat) eingestellt sein, andernfalls lässt sich die Software nicht starten.



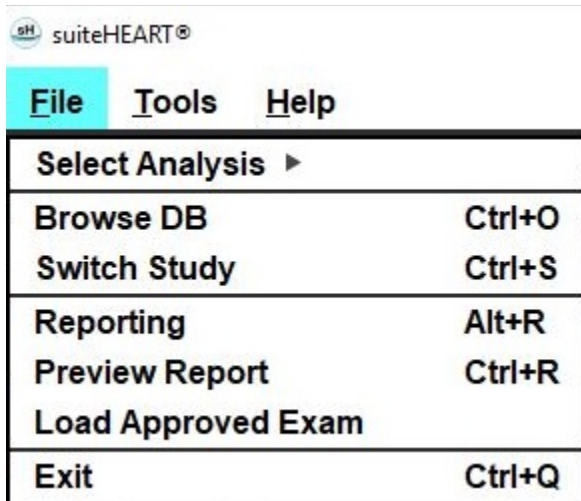
**WARNUNG:** Bei der Verwendung von Bildern, auf die Pixelintensitätsfilter für die Analyse angewandt wurden, kann es zu ungenauen Ergebnissen kommen.



# 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



Eine Untersuchung gilt als „verbraucht“ oder wird auf das Limit pro Fallpaket angerechnet, wenn eine der folgenden Handlungen durchgeführt wird:

- a.) Starten eines Analysemodus durch Platzierung eines beliebigen Untersuchungsbereichs auf ein Bild.
- b.) Erstellen einer benutzerdefinierten Reihe.
- c.) Abzeichnen eines Befunds.
- d.) Export eines Film-DICOM.
- e.) Export eines Befunds.
- f.) Erstellen einer DICOM-Reihe.
- g.) Vorbearbeitete Studie.
- h.) Vorbearbeitung durch Virtual Fellow®.
- i.) Automatische Reihenzusammenstellung.

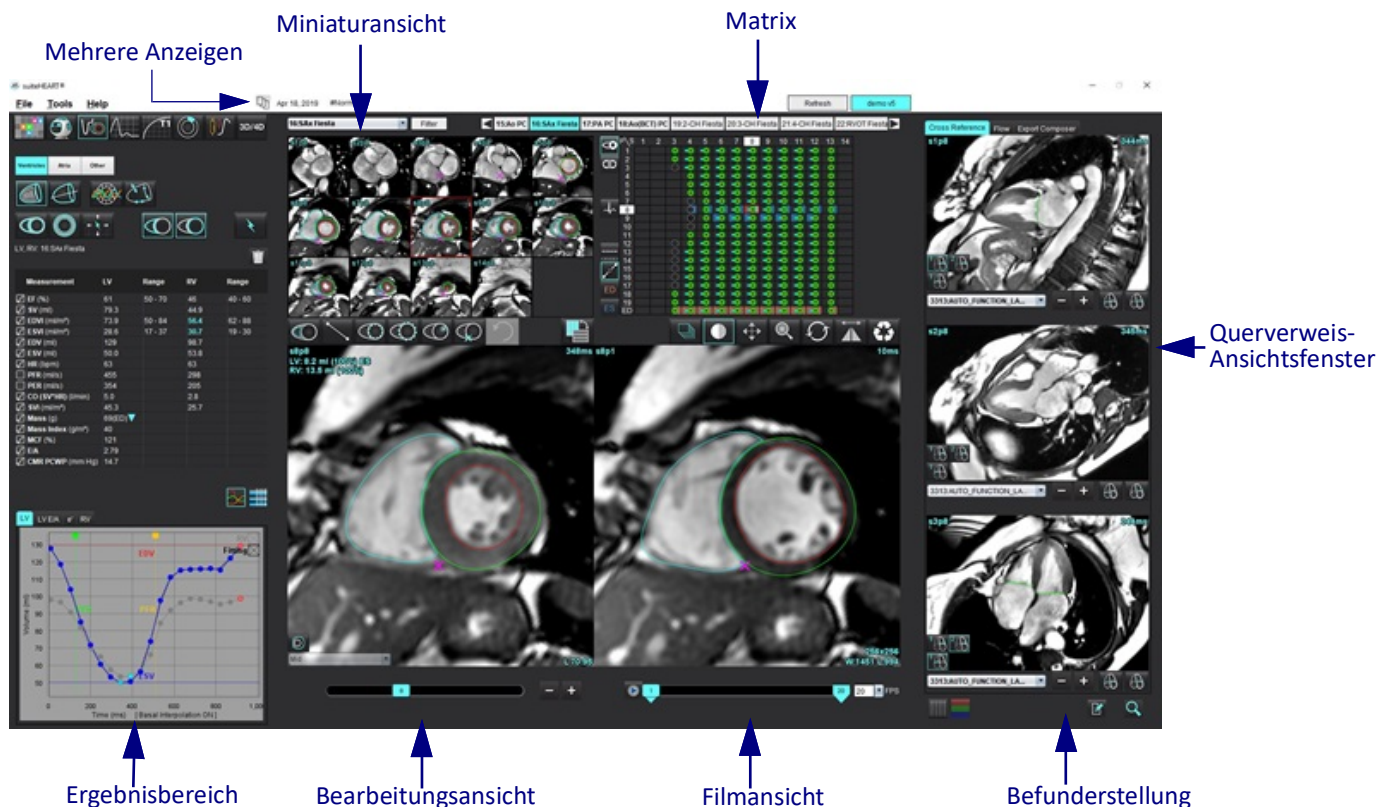
# Übersicht über die Benutzeroberfläche


## Übersicht


Die Schnittstellen der suiteHEART®-Software für die Analysemodi sind wie folgt aufgebaut:

- **Ergebnisbereich** - Zugriff auf Analysewerkzeuge für jeden Analysemodus und die Ergebnistabelle
- **Miniaturansicht** - Ansicht aller Schichtpositionen
- **Bearbeitungsansicht** - Bearbeiten und Überprüfen der Segmentierung
- **Matrix** - Verfügbar für Funktions- und Myokardperfusionsanalyse
- **Filmansicht** - Betrachten des Bildes als Film
- **Querverweis** - 3 Ansichtsfenster
- **Befunderstellung** (Alt + R): Zugriff auf Befunderstellung

ABBILDUNG 1. Benutzeroberfläche für den Analysemodus (der Funktionsanalysemodus ist abgebildet.)










 Teilt die Oberfläche in mehrere Anzeigen auf.

 Stellt die Einzelanzeige wieder her.




## Analyse-/Viewer-Modi

**Tabelle 1: Analyse-Modi**

						
Funktionsanalyse	Fluss Analyse	Myokardiale Beurteilung	T1 Mapping	T2 Mapping	Analyse der myokardialen Perfusion	T2*-Analyse

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

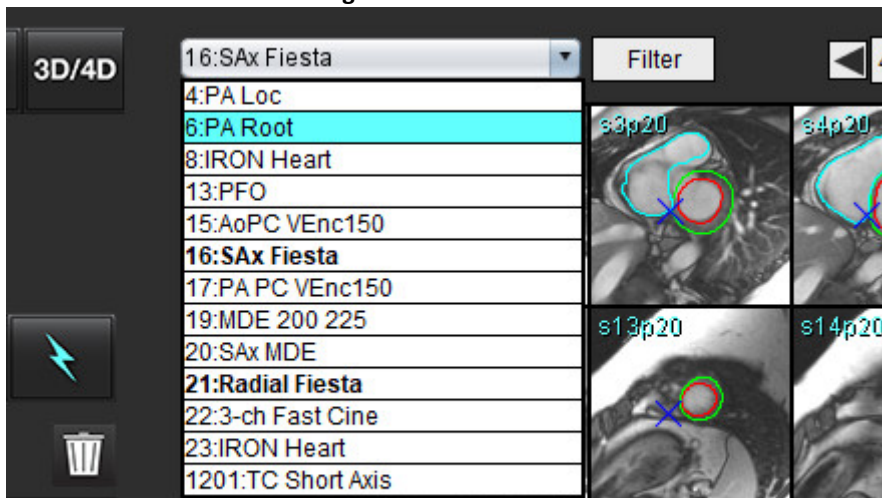
**Tabelle 2: Viewer-Modi**

		
Viewer	Virtual Fellow®	3D-/4D-Flow-Viewer

## Reihen-Navigation

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







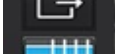


**ABBILDUNG 2. Reihen-Navigation**



## 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
	Composer exportieren
	Scan-Parameter
	Zurücksetzen

### Dateimenü-Optionen

**Analyse auswählen** – Wählt den Analysemodus (Funktion, Flow, Myokardiale Beurteilung, Myokardiale Perfusion, PFO, T2\*, T1-Mapping, T2-Mapping, 3D/4D und DENSE) aus.

**DB durchsuchen** – Öffnet die lokale Datenbank

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

**Befunderstellung** – Öffnet die Benutzeroberfläche für Befunderstellung

**Vorschau des Befunds** – Anzeige des Befunds

**Abgenommene Untersuchung laden** – Stellt einen zuvor geöffneten Befund wieder her

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

### Werkzeugmenü-Optionen

Präferenz-Einstellungen >

**Benutzerebene bearbeiten** – Ausgegraute Optionen können nur vom Administrator geändert werden

**System bearbeiten** – Nur für Administratoren

**Importieren** – Nur für Administratoren

**Kopieren** – Präferenz-Einstellungen von anderen Benutzern kopieren

**Export** – Exportiert alle Benutzer-Präferenz-Einstellungen und Vorlagen

Informationen zu den oben genannten Optionen finden Sie unter [Anhang A: Präferenz-Einstellungen auf Benutzerebene auf Seite 207](#).

Exportieren >

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

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

**Daten zu Matlab** – Exportiert eine Mat-Datei in binärer Form (erfordert eine Forschungsvereinbarung)

**Strain-Daten in Matlab** – Exportiert eine Mat-Datei in binärer Form (Strain-Analyse erfordert eine Forschungsvereinbarung)

**Segmentierung nach NRRD** – Speichert die Segmentierungsmaske zur weiteren Analyse in 3D Slicer oder anderen internen Tools

**Isosurface to STL** – Kodiert das Oberflächennetz des Gefäßes für den 3D-Druck oder CAD

**HINWEIS:** Der Export des Befunds als DICOM oder der Export der Ergebnisse in ein Befundsystem eines Drittanbieters kann nur über den Bildschirm Befundvorschau (Strg + R) erfolgen.

- Befunddatenbank – Öffnet die Benutzeroberfläche für Datenbanksuchen.
- Beschriftung umschalten – Schaltet die Anzeige der ROI-Beschriftungen ein oder aus.
- Linienstärke umschalten – Schaltet die Liniendicke von Beschriftungen ein oder aus.
- Querverweis-Referenzlinien umschalten – Schaltet Querverweislينien auf Bildern ein oder aus.
- FOV umschalten – Schaltet zwischen den Sichtfeldern um.
- Fenster/Ebene umkehren – Kehrt die Fenster/Ebene-Ansicht um.

### Hilfemenü-Optionen

- Bedienungsanleitung** – suiteHEART®-Software – Bedienungsanleitung
- Tastenkombinationen** – Tastaturfunktionen
- DICOM-Konformitätserklärung** – suiteHEART®-Software – DICOM-Konformitätserklärung
- Über suiteHEART®** – Versionsinformationen zur Anwendung
- Informationen zu Rechtsvorschriften** – Informationen zur Einhaltung von Rechtsvorschriften

### Bedienelemente der Editoransicht



Der Phasen-Schiebereglер steuert die Filmphasenauswahl.

Scrollen Sie durch die Phasen, indem Sie gleichzeitig die Strg-Taste und die mittlere Maustaste drücken.



Die Bildschritt-Symbole ermöglichen eine schichtweise Navigation, wenn die Miniaturansicht in Schichten oder Phasen angezeigt wird. Die Schichtnavigation kann auch mit dem mittleren Mausrad durchgeführt werden.

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 Präferenz-Einstellungen gewählt wurde).

**HINWEIS:** Die x-(Schicht)- und y-(Phase)- Achse können getauscht werden. Weitere Hinweise finden Sie unter [Registerrkarte „Funktion“ auf Seite 44](#). Wenn die Achsen getauscht werden, sollte die Anwendung neu gestartet werden.

### Film-Ansicht-Bedienelemente



- Steuerungsleiste für Filmmodus: Definiert den Start- und End-Frame des Films.



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



- Symbol für Abspielen: Befindet sich neben der Steuerungsleiste für Filmmodus



- Symbol für Anhalten: Befindet sich neben der Steuerungsleiste für Filmmodus

## Querverweis-Ansichtsfenster

Die drei Querverweis-Ansichtsfenster zeigen die Ansicht der langen Achse eines Bildes an, wenn die Ansicht der kurzen Achse gerade im Bildeditor-Ansichtsfenster angezeigt wird. Die Langachsenansicht ist eine orthogonale Schicht innerhalb eines Winkels des angezeigten Bildes im Editorfenster. A Es stehen ein Dropdown-Menü aller verfügbaren orthogonalen Schichten und eine Schaltfläche zur Verfügung, um die Anzeige der Querverweis-Schichtkennzeichnung ein- und ausschalten. Navigieren Sie mit dem Minus- und Pluszeichen oder mit dem mittleren Mausrad zwischen den Schichtpositionen.

**ABBILDUNG 3. Dropdown-Selektor „Reihen“**













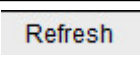
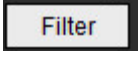


## Bildbearbeitungs-Werkzeuge

**Tabelle 4: Werkzeugbeschreibungen**

	Umschaltfläche „Schicht/Phase prüfen“
	Fenster/Ebene – Auswählen und unter Verwendung der mittleren Maustaste Anpassungen vornehmen
	Farbskala - Auswählen und unter Verwendung der mittleren Maustaste Anpassungen vornehmen
	Schwenken – Auswählen und unter Verwendung der mittleren Maustaste Anpassungen vornehmen
	Zoom – Auswählen und unter Verwendung der mittleren Maustaste Anpassungen vornehmen
	Drehen – Auswählen und unter Verwendung der mittleren Maustaste Anpassungen vornehmen
	Horizontal spiegeln – Spiegelt das Bild horizontal
	Geltungsbereich „Alle“ – Wendet die Bildbearbeitung auf alle Schichten an
	Geltungsbereich „Aktuell bis Ende“ – Wendet die Bildbearbeitung von der aktuellen Schicht bis zur letzten Schicht an
	Geltungsbereich „Nur aktuell“ – Wendet die Bildbearbeitung nur auf die aktuelle Schicht an
	Ansichtsfenster-Layout – Viewer-Layout ändern

**Tabelle 4: Werkzeugbeschreibungen**

	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
	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 oder um die Analysemodi zu aktualisieren
	Filter – Sortiert Reihen nach Pulssequenzart gemäß dem Analysemodus Kann durch Auswahl von ALLE abgewählt werden. Die Filter können unter „Präferenz-Einstellungen“ eingestellt werden. Die Schaltfläche „Filter“ ist grün, wenn ein Filter verwendet wird.



## Tastenkombinationen

Aktion	Tastenkombination	Aktion	Tastenkombination
Bild zoomen	Strg + Mittlere Maustaste	<b>Generische Beschriftungen</b>	
Bild drehen	Strg + Umsch + Mittlere Maustaste	Linear	Alt+1
Bild schwenken	Umsch + Mittlere Maustaste	Fadenkreuz	Alt+2
Fenster/Ebene	Alt + Mittlere Maustaste	Untersuchungsbereich	Alt+3
Film abspielen/anhalten	Leertaste	Bezeichnung	Alt+4
Phasen scrollen	Strg + Mittleres Mausrad	Winkel	Alt+5
Schicht scrollen	Mittleres Mausrad	<b>Untersuchungsbereich-Bearbeitungswerkzeuge</b>	
Befunderstellung	Alt + R	Untersuchungsbereich kopieren	Strg + C
Alle Bilder erneut für Anzeige auswählen	Strg + A	Untersuchungsbereich einfügen	Strg + V
Befunddatenbank	Strg + D	Untersuchungsbereich glätten	Strg + S
Präferenz-Einstellungen bearbeiten	Strg + E	Untersuchungsbereich horizontal verschieben	A- und D-Tasten
Sichtfeld (FOV) umschalten	Strg + F	Untersuchungsbereich vertikal verschieben	W- und S-Tasten
Fenster/Ebene umkehren	Strg + I	Punkt-Spline-Ecke erstellen	Alt + Linke Maustaste
Dicklinige Beschriftung	Strg + L	Punkt löschen (Punkt-Spline)	LÖSCHEN + Cursor auf einem Punkt
„DB durchsuchen“ öffnen	Strg + O	Schwellenwert-Tool	Alt + Linke Maustaste ziehen
Anwendung verlassen oder Beenden	Strg + Q	<b>3D/4D-Bearbeitungswerkzeuge</b>	
Befundvorschau	Strg + R	3D-Drehung	Strg + Alt + Mittlere Maustaste
Studie wechseln	Strg + S	Bild zoomen	Strg + Mittlere Maustaste
Beschriftung ein- und ausschalten	Strg + T	Fenster/Ebene	Alt + Mittlere Maustaste
Querverweis-Referenzlinien umschalten	Strg + X	Fadenkreuz-Cursor bewegen	Umschalt
Rückgängig	Strg + Z	Pinself	Alt+A
DENSE	Strg + +0	Löschen	Alt+E
Funktion	Strg + +1	Kurve	Alt+T
Fluss	Strg + +2	Ausschneiden	Alt+C
Myokardiale Beurteilung	Strg + +3	Glätten	Alt+S
Myokardiale Perfusion	Strg + +4	Pinselfgröße	Alt + Mausrad
PFO	Strg + +5	Bearbeitung beenden	Alt+Q
T2*	Strg + 6	Anzeigemodus umschalten	Alt+D
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		

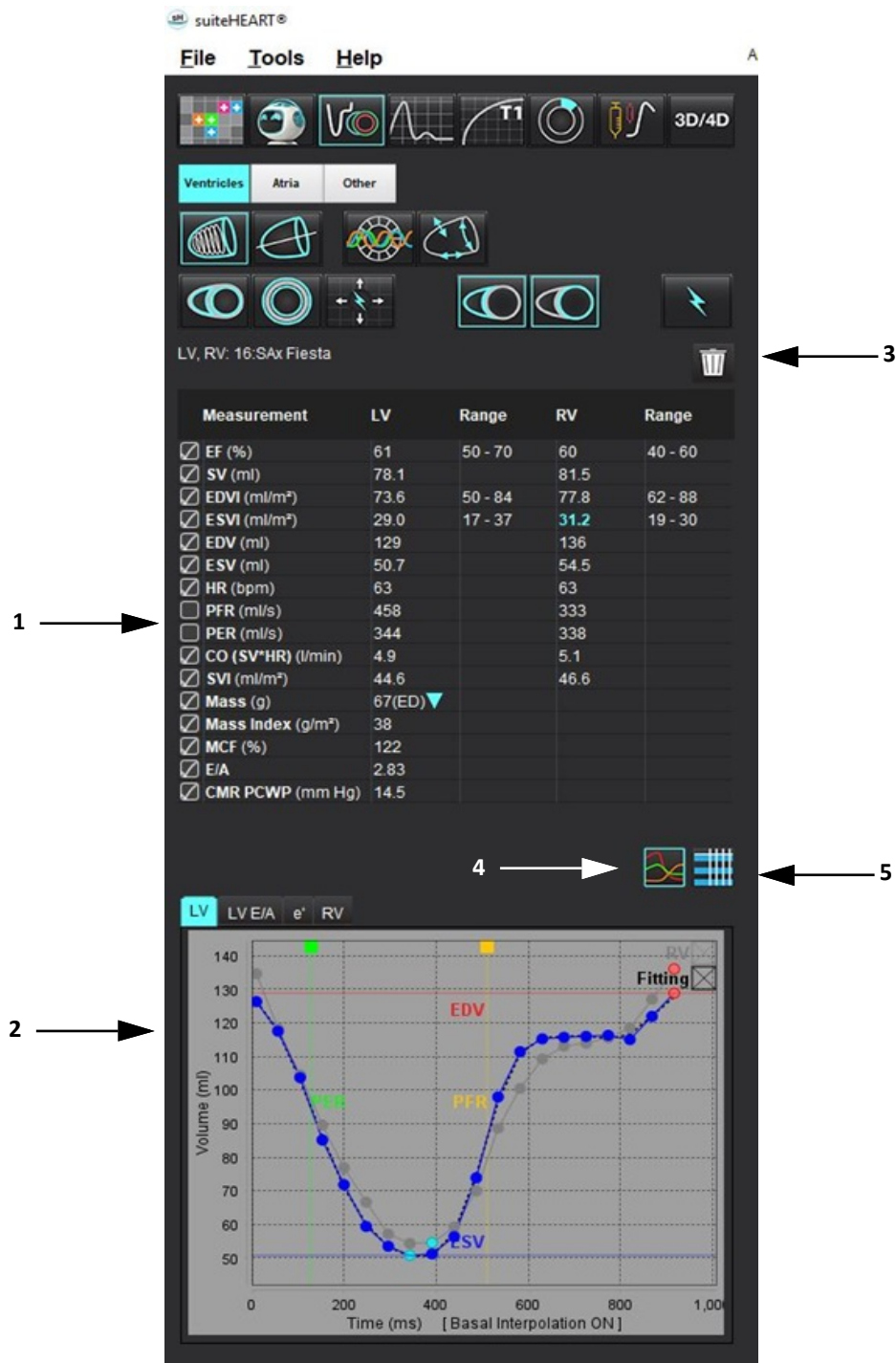
\*Welche Tasten aktiv sind, hängt von der Präferenz-Einstellung ab.



## Ergebnisbereich

Der Ergebnisbereich ist für jeden Analysemodus verfügbar.

ABBILDUNG 4. Ergebnisbereich



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

## Ergebnistabelle

Die Messergebnisse können in den Präferenz-Einstellungen neu sortiert und konfiguriert werden (siehe [Registerkarte „Drucken“ auf Seite 42](#)). Die Messergebnistabelle 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 Präferenz-Einstellungen für alle neuen Studien. Klicken Sie auf das Feld neben der Messung, um diese in den Befund aufzunehmen oder nicht aufzunehmen.

**ABBILDUNG 5. Ergebnistabelle**

Measurement	LV	Range	RV	Range
<input checked="" type="checkbox"/> EF (%)	61	50 - 70	60	40 - 60
<input checked="" type="checkbox"/> SV (ml)	78.1		81.5	
<input checked="" type="checkbox"/> EDVI (ml/m <sup>2</sup> )	73.6	50 - 84	77.8	62 - 88
<input checked="" type="checkbox"/> ESVI (ml/m <sup>2</sup> )	29.0	17 - 37	31.2	19 - 30
<input checked="" type="checkbox"/> EDV (ml)	129		136	
<input checked="" type="checkbox"/> ESV (ml)	50.7		54.5	
<input checked="" type="checkbox"/> HR (bpm)	63		63	
<input type="checkbox"/> PFR (ml/s)	458		333	
<input type="checkbox"/> PER (ml/s)	344		338	
<input checked="" type="checkbox"/> CO (SV*HR) (l/min)	4.9		5.1	
<input checked="" type="checkbox"/> SVI (ml/m <sup>2</sup> )	44.6		46.6	
<input checked="" type="checkbox"/> Mass (g)	67(ED) ▼			
<input checked="" type="checkbox"/> Mass Index (g/m <sup>2</sup> )	38			
<input checked="" type="checkbox"/> MCF (%)	122			
<input checked="" type="checkbox"/> E/A	2.83			
<input checked="" type="checkbox"/> CMR PCWP (mm Hg)	14.5			

**HINWEIS:** Um die Herzfrequenz zu bearbeiten oder einzugeben, klicken Sie direkt auf die Tabelle.




## 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.











**ABBILDUNG 6. Grafik (links) und Tabelle (rechts)**



**Tabelle 5: Analysewerkzeuge**

 <p>Linksventrikulärer endokardialer Untersuchungsbereich</p>	 <p>Langachse, linksventrikulärer endokardialer Untersuchungsbereich</p>
 <p>Linksventrikulärer epikardialer Untersuchungsbereich</p>	 <p>Langachse, linksventrikulärer epikardialer Untersuchungsbereich</p>

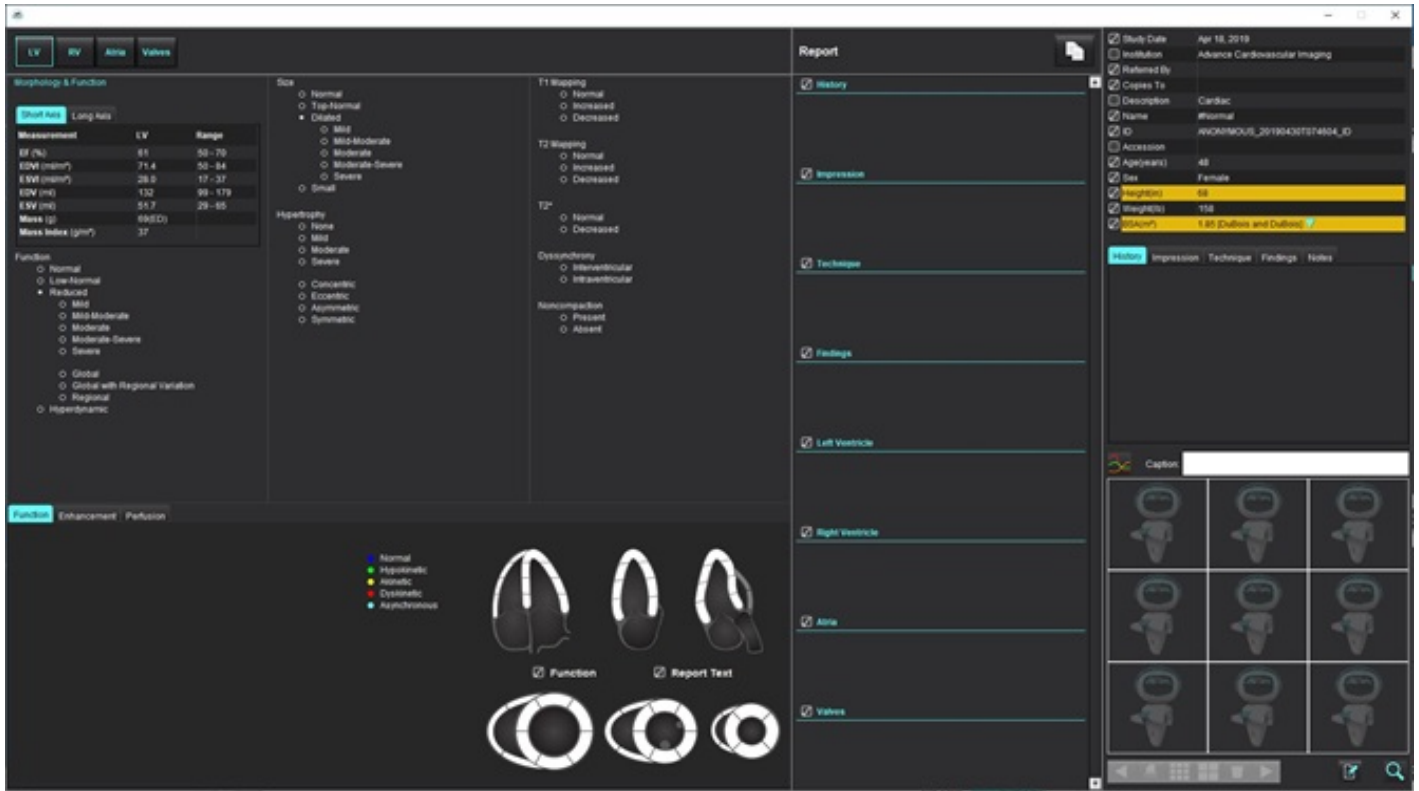
**Tabelle 5: Analysewerkzeuge**

 <p>Rechtsventrikulärer endokardialer Untersuchungsbereich</p>	 <p>Linksventrikulärer Septum-Untersuchungsbereich</p>
 <p>Rechtsventrikulärer epikardialer Untersuchungsbereich</p>	 <p>Linksventrikulärer lokaler Untersuchungsbereich</p>
 <p>Annulus der Mitralklappe</p>	 <p>Linksventrikulärer Untersuchungsbereich, Blutpool</p>
 <p>Annulus der Trikuspidalklappe</p>	
 <p>Rechtsventrikulärer Einfüangepunkt</p>	
 <p>Linksventrikulärer Untersuchungsbereich, Papillarmuskel</p>	
 <p>Rechtsventrikulärer Untersuchungsbereich, Papillarmuskel</p>	
 <p>Linksatrialer Untersuchungsbereich</p>	
 <p>Rechtsatrialer Untersuchungsbereich</p>	
 <p>Langachse, rechtsventrikulärer endokardialer Untersuchungsbereich</p>	
 <p>Langachse, rechtsventrikulärer epikardialer Untersuchungsbereich</p>	

## Befunderstellung

Drücken Sie gleichzeitig Alt + R, um die Benutzeroberfläche für Befunderstellung zu öffnen. Weitere Hinweise hierzu finden Sie unter [Befunderstellung auf Seite 190](#).

ABBILDUNG 7. Benutzeroberfläche für Befunderstellung



- Befunderstellung: Dient zum Öffnen der Benutzeroberfläche für Befunderstellung oder des Analysemodus

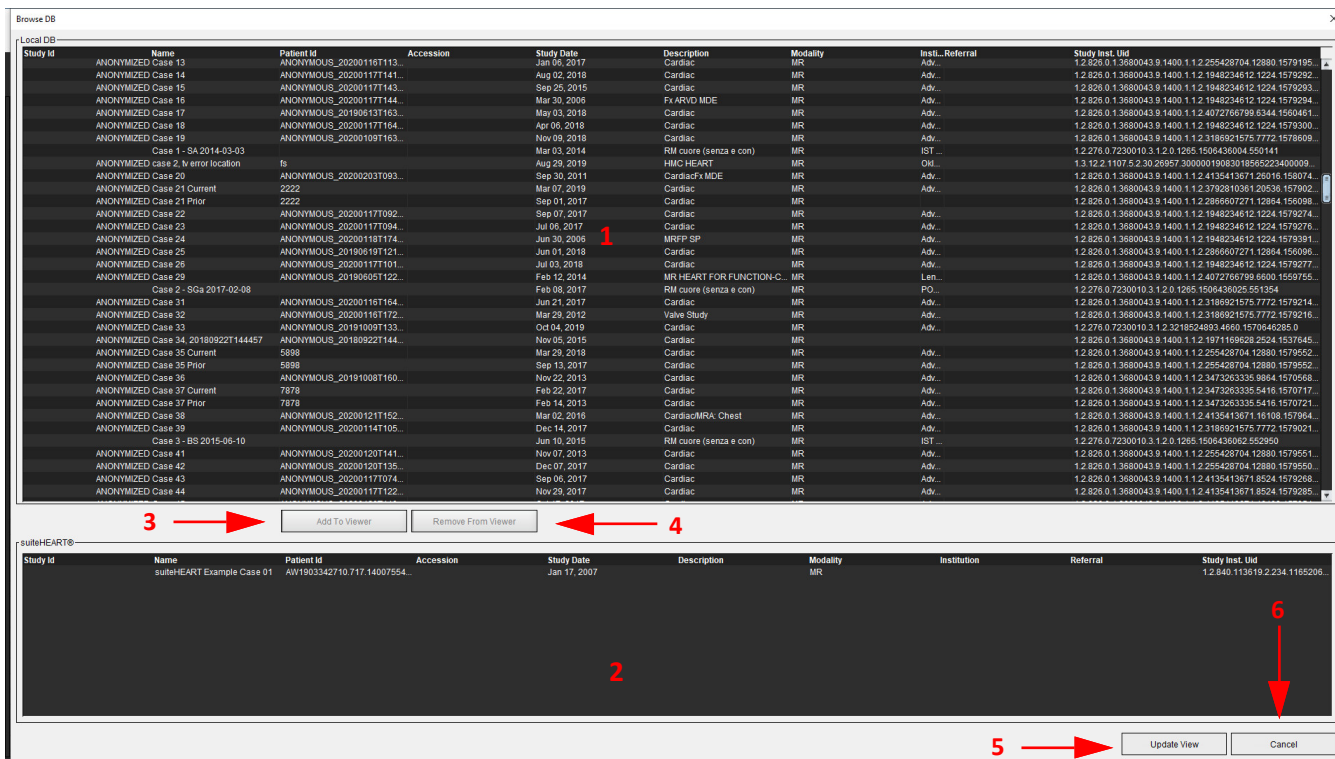


- Befundvorschau: Wird für die Voransicht eines Befunds verwendet

## 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 wechseln“ aufgenommen werden sollen.

ABBILDUNG 8. DB durchsuchen



1. Lokale Datenbankliste, 2. suiteHEART®-Software-Datenbankbetrachter, 3. Schaltfläche **Zum Viewer hinzufügen**, 4. Aus Viewer 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-Datenbank-Viewer– zeigt Untersuchungen an, die sich in der aktuellen suiteHEART®-Software-Datenbank befinden.
3. Zum Viewer 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 Viewer 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 Anwendungs-Viewer. Wird verwendet, um Untersuchungen in das Fenster „Studien wechseln“ 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-Datenbank-Viewerliste und durch Klicken auf **Ansicht aktualisieren** angezeigt werden.

### So werden Studien der Liste „Studie wechseln“ 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 Viewer hinzufügen**.
4. Klicken Sie auf **Ansicht aktualisieren**.
5. Die Studie wird jetzt in der Liste „Studie wechseln“ der suiteHEART®-Software angezeigt.

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

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



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

Bevor Studien im Viewer angezeigt werden können, müssen sie in die suiteHEART®-Software geladen werden. Informationen zum Füllen der Liste „Studie wechseln“ finden Sie unter [Verfahren zum Durchsuchen der Datenbank auf Seite 20](#).

### So wechseln Sie Studien innerhalb der suiteHEART®-Software

1. Klicken Sie auf **Datei > Studie wechseln**.  
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 wechseln“ doch nicht die Studie wechseln wollen, klicken Sie auf eine beliebige Stelle außerhalb des Fensters, um zu der Anwendung zurückzukehren.

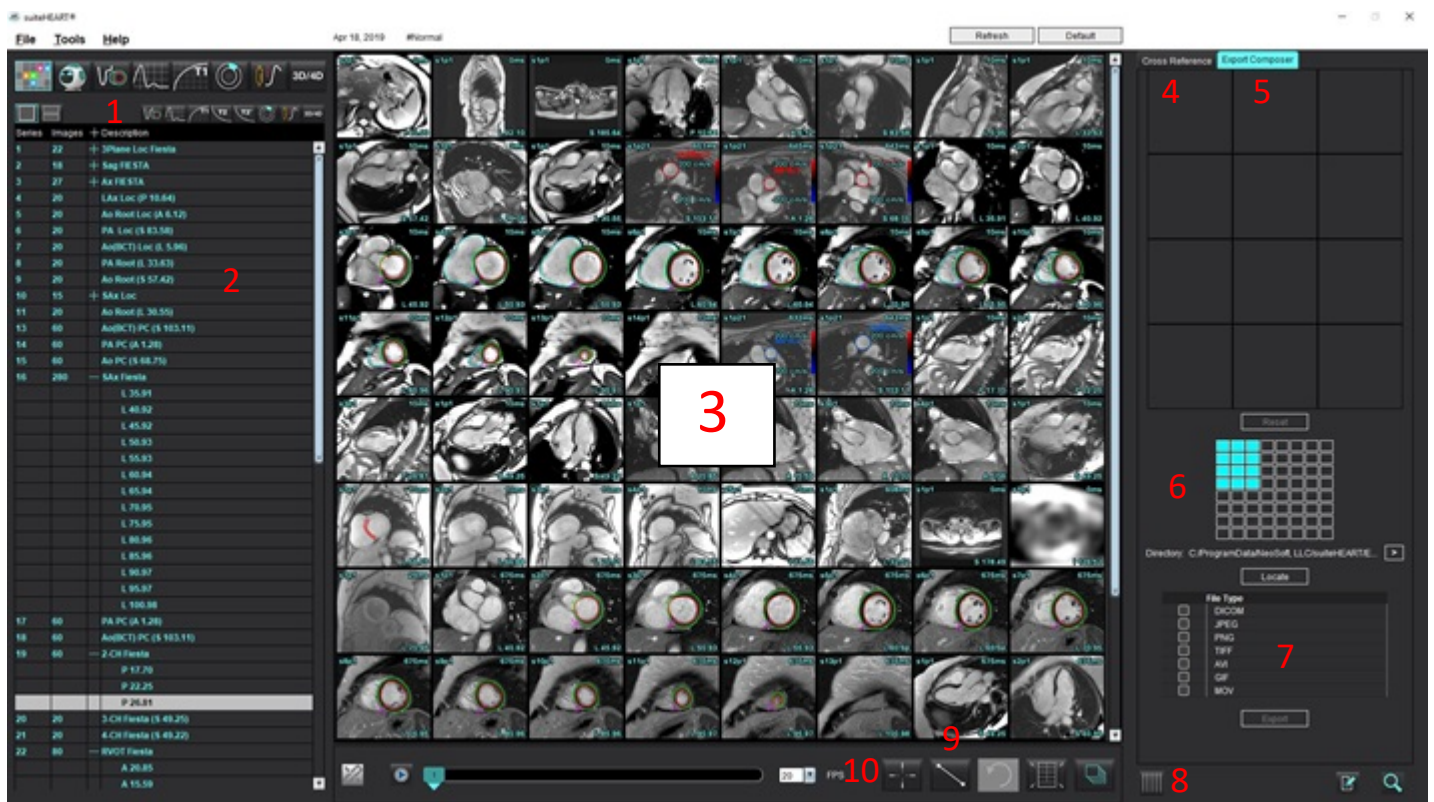


# Bildverwaltungswerkzeuge

## Viewer

Der Viewer ermöglicht eine schnelle Überprüfung der Studie mit Querverweisen. Die Benutzeroberfläche des Viewers zeigt eine Liste der für die ausgewählte Studie erfassten Reihen an. Jede Reihe wird in einem Ansichtsfenster oder im Vergleichsmodus angezeigt. Neue Reihentypen können zwecks Analyse und Überprüfung innerhalb der Viewer-Schnittstelle erstellt werden.

ABBILDUNG 1. Viewer



1. Bildfilter
2. Reihen/Bilderliste
3. Bildansichtsfenster
4. Querverweismodus
5. Export Composer
6. Export Matrix
7. Reihe speichern
8. Querverweis
9. Messwerkzeuge
10. Komponentensuche

# Bild-/Reihen-Navigation

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


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

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

Die Navigation mit dem Scrollrad der Ansichtsfenster-Maus wird unterstützt. Doppelklick direkt auf ein Ansichtsfenster in einem 1x1-Ansichtsfenster. Ein erneuter Doppelklick bringt das Ansichtsfenster wieder auf alle Bilder zurück.

## 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 Ansichtsfenstern 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 Ansichtsfenstern mit **parallelen** Bildern und an Punkten, die sich entsprechend der Berechnung innerhalb von 5 mm 3D-Abstand zum primären violetten Cursor befanden.


\*Provisorische US-Patentanmeldung Nr. 62/923.061

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

Erfinder: Wolff et al.

## Reihenvergleichsmodus



Um zwei verschiedene Reihen mit der Studie zu vergleichen, wählen Sie . Um in den Vollmodus zurückzukehren,

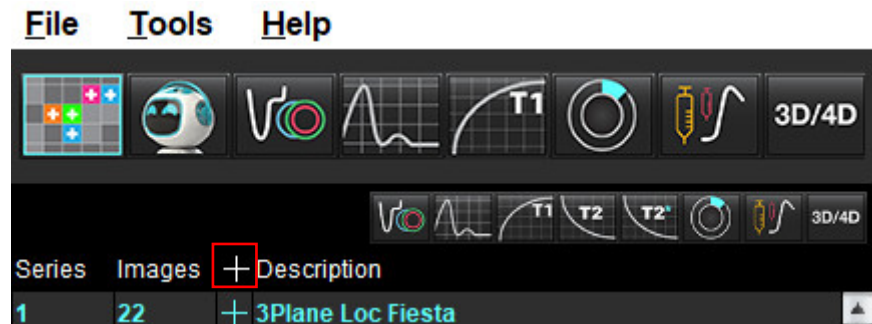
klicken Sie auf .



# Reihe erweitern/zusammenklappen

Zum Erweitern aller Reihen klicken Sie auf ( + ), zum Einklappen auf (-).

ABBILDUNG 2. Reihe erweitern



## Tastenkombination

Funktion	Aktion
Alle Bilder erneut für Anzeige auswählen	Strg + A

# Viewer-Funktionen


## Neue Reihe erstellen

Der Viewer ermöglicht die Erstellung von Reihentypen, die für Funktion, myokardiale Beurteilung, myokardiale Perfusion, T2\*, T1-Mapping, T2-Mapping und nur für die Überprüfung (benutzerdefiniert) verwendet werden können. Reihen, die erstellt werden, werden der Reihenaufistung für die jeweilige Studie hinzugefügt und können in der suiteHEART®-Software-Anwendung angezeigt und analysiert werden.

**HINWEIS:** Damit eine Reihe 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 Reihe für eine Analyse dafür verantwortlich, dass die richtigen Bilder dafür enthalten sind. Falsch erstellte Reihen 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 Reihe kopierten Schichtpositionen achten. Löschen Sie keine Originalbilder, die für den DICOM-Import verwendet wurden.

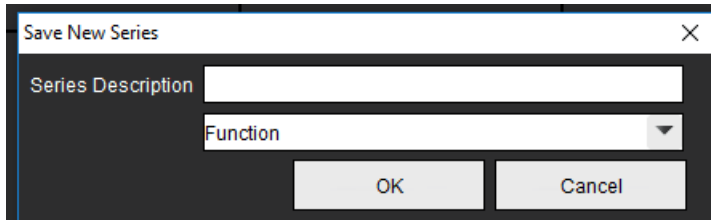
1. Wählen Sie die gewünschten Reihen oder Schichtpositionen aus der Reihenaufistung aus.
2. Wählen Sie eine Gruppe von Reihen oder Schichtpositionen mit Umschalt-Klick, oder fügen Sie mit Strg-Klick eine einzelne Reihe oder Schichtposition hinzu.
3. Mit Klicken und Ziehen können Sie die Anordnung der Bilder innerhalb des Ansichtsfensters ändern.
4. Um ein Bild aus dem Ansichtsfenster zu löschen, wählen Sie das Ansichtsfenster aus, und drücken Sie die Taste „Entf“.
5. Wählen Sie  im Feld „Reihe speichern“ aus (Abbildung 3).

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



6. Geben Sie den Namen für die Reihenanwendungsbeschreibung ein.
7. Wählen Sie den entsprechenden Reihenanwendungstyp aus dem Datei-Pulldown-Menü aus (Abbildung 4). Bei Auswahl von **Benutzerdefiniert** können Bilder mit unterschiedlichen Scanebenen und Sequenzarten als eine Reihe gespeichert werden.

**ABBILDUNG 4. Neue Reihe speichern**



## Ansichtsprotokolle

Ist nur auf Anfrage von NeoSoft verfügbar.

## Befunderstellung

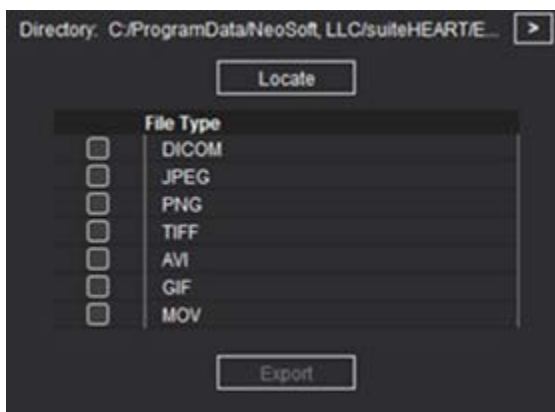
Um auf die Befunderstellung zuzugreifen oder zur Viewer-Funktionalität zurückzukehren, klicken Sie auf .

## Composer exportieren

Die Registerkarte Export Composer ermöglicht den Export von Film-/Bilddateitypen für Bilder, Diagramme und Polardiagramme. Es können auch DICOM-Dateien erstellt werden, die archiviert und im PACS angezeigt werden können.

1. Wählen Sie die Registerkarte **Export-Composer**.
2. Wählen Sie die Anzahl der Ansichtsfenster in der Matrix.
3. Wählen Sie die zu exportierenden Dateitypen aus. (Abbildung 5)

**ABBILDUNG 5. Composer-Auswahlen exportieren**






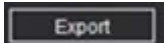
**HINWEIS:** Wenn Sie „DICOM“ auswählen, wird eine sekundäre Erfassungsdatei erstellt, die sich unter der Reihenliste für diese Studie befindet.

4. Um Filme oder Dateiformate zu speichern, klicken Sie auf  und wählen Sie das Verzeichnis aus.



**HINWEIS:** Beim Export von Bildern 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.

**WICHTIG:** Beim Export von Film-Bildern muss die Anzahl der Phasen übereinstimmen.

5. Um die Datei zu finden, wählen Sie .
6. Wählen Sie die gewünschten Reihen oder Schichtpositionen aus der Reihenaufstellung aus.
7. Um ein einzelnes Bild in die Matrix zu verschieben, klicken Sie im Bildfenster mit der linken Maustaste direkt auf das Bildfenster und ziehen Sie es in die Matrix oder klicken Sie mit der rechten Maustaste und wählen Sie .
8. Um eine Gruppe von Reihen oder Schichtpositionen in die Matrix zu verschieben, klicken Sie mit gedrückter Umschalttaste direkt auf das Bildfenster und ziehen Sie die Gruppe von Bildern in die Matrix oder klicken Sie mit der rechten Maustaste und wählen Sie .
9. Um Diagramme, Polardiagramme aus anderen Analysemodi zu exportieren, klicken Sie mit der rechten Maustaste und wählen Sie .
10. Um ein Bild, eine Grafik oder ein Polardiagramm aus der Matrix zu entfernen, klicken Sie auf das Bildansichtsfenster und drücken Sie die Entf-Taste auf der Tastatur oder klicken Sie auf **Zurücksetzen**.
11. Um die Bilder, Diagramme oder Polardiagramme so zu exportieren, wie sie in der Matrix erscheinen, klicken Sie auf .

# Vergleichsmodus

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

**HINWEIS:** Bilder, die im Vergleichsmodus an einen Befund von einer früheren Untersuchung 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 Reihen innerhalb einer Untersuchung durch Sichtkontrolle alle Patienten-Untersuchungskennzeichnungsdaten für beide Viewer.

ABBILDUNG 6. Vergleichsmodus-Viewer



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

# Beispiel eines Workflows

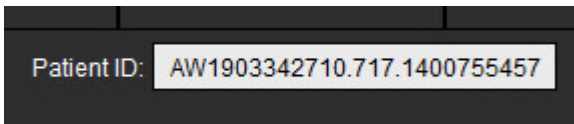
1. Doppelklicken Sie in einem beliebigen Analysemodus auf das Editor-Fenster.
2. Wählen Sie  aus, um die Benutzeroberfläche in zwei Viewer aufzuteilen, wie in Abbildung 6 gezeigt.
3. Ändern Sie die Reihe im Viewer 1 mithilfe des Pulldown-Menüs „Reihenauswahl“ oder mit den Rechts-/Linkspfeilen.
  - Der obere Viewer zeigt immer die aktuelle Studie an, die zuvor gestartet wurde.
4. Wählen Sie im Viewer 2 eine andere Reihe im Pulldown-Menü „Reihe“ in der gleichen Untersuchung für einen Vergleich mit der im Viewer 1 gezeigten Reihe aus.
  - Wenn ein Ansichtsfenster in einem Viewer ausgewählt ist und die Schicht parallel wie z. B. bei einer Kurzachsenreihe verläuft, wird die zugehörige Schicht basierend auf der Schichtposition hervorgehoben.

**ABBILDUNG 7. Pulldown-Menü „Reihe“, Viewer 2**



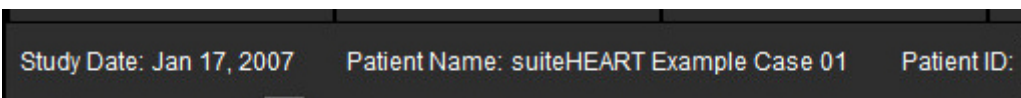
5. Verwenden Sie den Untersuchungs-Selektor, um eine Untersuchung im Viewer 2 mit der aktuellen Untersuchung im Viewer 1 zu vergleichen.

**ABBILDUNG 8. Untersuchungs-Selektor, Viewer 2**



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

**ABBILDUNG 9. Untersuchungskennzeichnungsdaten**



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 Filmreihe in beiden Viewern ausgewählt wird und wenn beide Reihen über die gleiche Anzahl

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

---

# Präferenz-Einstellungen definieren

Weitere Hinweise finden Sie unter [Anhang A: Präferenz-Einstellungen auf Benutzerebene auf Seite 207](#).

Wenn Sie in der SuiteHEART® Software-Oberfläche in der Menüleiste **Werkzeuge > Präferenz-Einstellungen** wählen, werden vier Optionen angezeigt:

- Bearbeiten
- System bearbeiten (**nur für Administratoren**)
- Importieren (**nur für Administratoren**)
- Kopieren
- Exportieren

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

**HINWEIS:** Im Einzelbenutzermodus können die ausgegrauten Optionen nur vom Administrator geändert werden.

## Präferenz-Einstellungen festlegen

**Registerkarte Allgemein** - Die Präferenz-Einstellungen können für die folgenden Funktionen angepasst werden:

- Befund
- Viewer
- Virtual Fellow®
- Autorisierte Befundabnehmer
- Allgemein
- Myokardiale Beurteilung
- Leerlauf-Timer
- Fluss
- Reihenfilter

**Registerkarte „Vorlage“** - Erstellen Sie Vorlagen für Ergebnisparameterbereiche, die für die Befunderstellung verwendet werden.

**Makro-Registerkarte** - Erstellen Sie vordefinierte Texte für Befundsabschnitte für Erkenntnis, Methoden, Anamnese und Befunde.

**Registerkarte „Drucken“** - Reihenfolge und Auswahl der Ergebnisparameter für den Befund.

**Registerkarte „Virtual Fellow®“** - Wählen Sie die Anzeige-Präferenz-Einstellungen.

**Registerkarte „Funktion“** - Wählen Sie die Anzeige- und Analyse-Präferenz-Einstellungen.

**Registerkarte T1/T2/T2\*** - Wählen Sie die Anzeige- und Analyse-Präferenz-Einstellungen.

**Registerkarte Befunderstellung** - Bearbeiten Sie menügesteuerte Textauswahlen und konfigurieren Sie kategorische Bereiche für die automatische Ausfüllfunktion.

Automatische Reihenzusammenstellung - T1- und T2-Mapping.

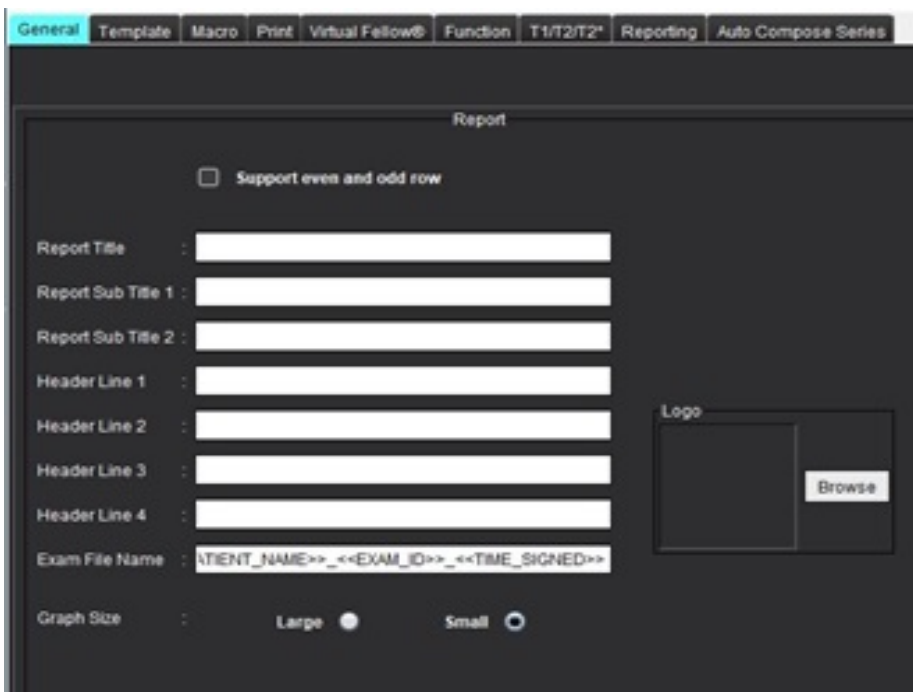
## Registerkarte Allgemein

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

### Befund

Befundkopfdaten konfigurieren.

**ABBILDUNG 1. Befund-Präferenz-Einstellungen**



### Auswahloptionen für Befund-Präferenz-Einstellungen

**Admin erforderlich** für diese Schritte.

1. Wählen Sie in der Menüleiste **„Werkzeuge > Präferenz-Einstellungen > System bearbeiten“**.
2. Wählen Sie die Registerkarte **Allgemein**.
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 Befund hervorgehoben.

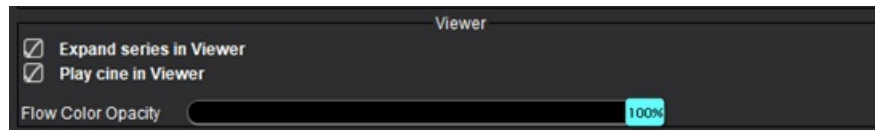


- Um das Logo einer Institution in den Befund aufzunehmen, bereiten Sie die Datei im Format jpeg, png oder gif vor, und speichern Sie sie auf der Festplatte oder einer CD-ROM ab. Klicken Sie im Bereich „Logo“ auf die Schaltfläche **Durchsuchen**, und suchen Sie die Datei im Fenster des System-Browsers.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

Das Logo sollte nun im Bereich der Befund-Präferenz-Einstellungen erscheinen.

- Klicken Sie auf den **Namen der Untersuchungsdatei**, um den Namen der Befundexportdatei zu konfigurieren.
- Wählen Sie **Speichern und Beenden** aus.  
Klicken Sie auf **Abbrechen**, um den Vorgang zu beenden, ohne zu speichern oder Änderungen zu übernehmen.

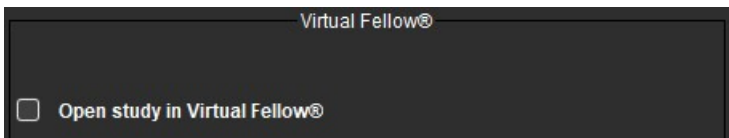
## Viewer



- Wählen Sie in der Menüleiste **Werkzeuge > Präferenz-Einstellungen > Bearbeiten**.
- Wählen Sie die Registerkarte **Allgemein**.
- Aktivieren Sie das Kontrollkästchen, um **Reihen im Viewer zu erweitern**.
- Aktivieren Sie diese Option, um **den Film beim Start im Viewer abzuspielen**.
- Verwenden Sie den Schieberegler, um die Geschwindigkeits-Farbüberlagerungen auf Phasenkontrastbildern einzustellen.  
Um die Farbüberlagerung zu entfernen, stellen Sie die Opazität auf 0 % ein.

## Virtual Fellow®

### ABBILDUNG 2. Virtual Fellow®-Präferenz-Einstellungen



- Wählen Sie in der Menüleiste **Werkzeuge > Präferenz-Einstellungen > Bearbeiten**.
- Wählen Sie die Registerkarte **Allgemein**.
- Markieren Sie **Studie in Virtual Fellow® öffnen**, um die Studie direkt mit der Anwendung Virtual Fellow® zu öffnen.
- Wählen Sie **Speichern und Beenden** aus.  
Klicken Sie auf **Abbrechen**, um den Vorgang zu beenden, ohne zu speichern oder Änderungen zu übernehmen.

## Autorisierte Befundabnehmer

Die Anwendung verfügt über eine Funktion zur Genehmigung des Befundes, welche den endgültigen Befund sperrt. Wenn der Befund abgenommen wurde, kann er nicht mehr geändert werden. Für die Befundabnahme berechnigte Personen können hinzugefügt, geändert und gelöscht werden.

ABBILDUNG 3. Autorisierte Befundabnehmer

Authorized Report Approvers

Add Modify Delete

Name :

Password :

Confirm Password :

Auto Export Destinations:  CardioDI  PowerScribe®  Precession  CMR Coop  Epic

Add

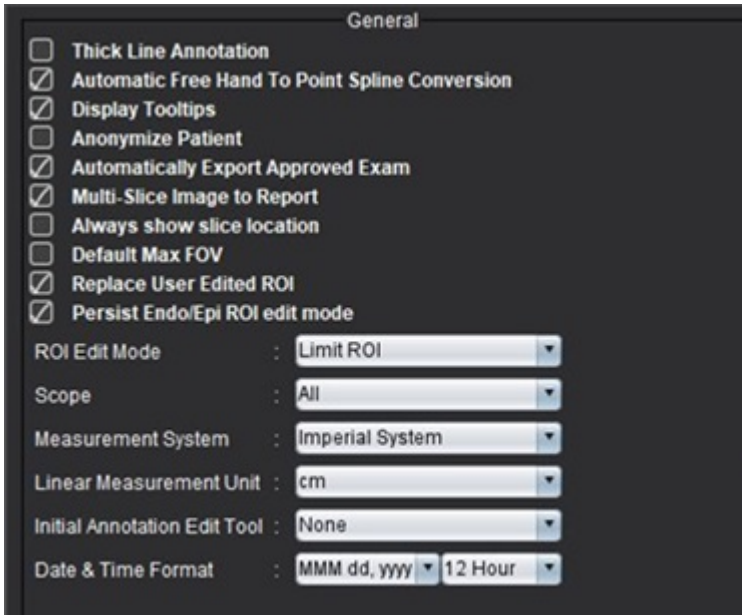
## Befundabnehmer verwalten

**Admin erforderlich** zum Hinzufügen oder Löschen von Befundabnehmern.

1. Wählen Sie in der Menüleiste **„Werkzeuge > Präferenz-Einstellungen > System bearbeiten“**.
2. Wählen Sie die Registerkarte **Allgemein** aus und setzen Sie den Cursor in den Bereich **Autorisierte Befundabnehmer**.
3. Wählen Sie die Registerkarte **Hinzufügen** aus, um den Namen eines Benutzers der Liste der autorisierten Befundabnehmer hinzuzufügen.
  - Geben Sie den Benutzernamen ein.
  - Geben Sie das Passwort zweimal ein.
  - Wählen Sie die entsprechenden „Autom. Exportziele“ aus.
    - Der Exportvorgang wird automatisch ausgeführt, wenn eine „abgenommene Untersuchung“ durchgeführt wird.
  - Klicken Sie auf **Hinzufügen**.
4. Wählen Sie die Registerkarte **Abändern** aus, um das Passwort eines Benutzers in der Liste der Befundabnehmer zu ändern.
  - Wählen Sie den Anwender aus, dessen Kennwort geändert werden soll.
  - Geben Sie das alte Passwort ein.
  - Geben Sie neue Passwort zweimal ein.
  - Klicken Sie auf **Anwenden**.
5. Wählen Sie die Registerkarte **Löschen** aus, um einen Benutzer aus der Liste der Befundabnehmer 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 4. Allgemeine Präferenz-Einstellungen



### Auswahloptionen für allgemeine Präferenz-Einstellungen

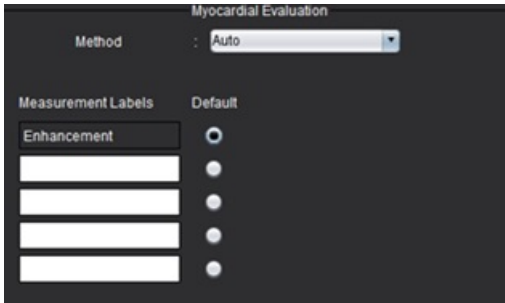
1. Wählen Sie in der Menüleiste **Werkzeuge > Präferenz-Einstellungen > Bearbeiten**.
2. Wählen Sie die Registerkarte **Allgemein**.
3. Markieren Sie das Kästchen **Dicklinige Beschriftung**, um Beschriftungen als dicke Linien anzuzeigen.
4. Markieren Sie **Automatische Konvertierung von Freihand zu Punkt-Spline**, um einen Freihand-Untersuchungsbereich automatisch in das Punkt-Spline-Format zu konvertieren.
5. Markieren Sie **QuickInfo anzeigen**, um Benutzeroberflächen-QuickInfos anzuzeigen.
6. 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.
7. Markieren Sie **Abgenommene Untersuchung automatisch exportieren**, um den Befund nach der Abnahme als DICOM-Datei zu exportieren. (**nur für Administratoren**)
8. Markieren Sie **Mehrschichtiges Bild an Befund**, um eine Rechtsklickoption zum Hinzufügen einer Gruppe von Multi-Frame-Kurzachsenbildern hinzuzufügen.
9. Markieren Sie **Schichtposition immer anzeigen**, um die Schichtposition anzuzeigen, wenn Beschriftungen ausgeschaltet sind.
10. Markieren Sie **Standard Max FOV** für das Standard-FOV.
11. Markieren Sie **Von Benutzer bearbeiteten ROI ersetzen**, um von Benutzern bearbeitete Untersuchungsbereiche zu ersetzen, wenn die Übertragung durchgeführt wird.
12. Aktivieren Sie die Option **Endo/Epi ROI-Bearbeitungsmodus beibehalten**, um die ROI-Bearbeitung durchzuführen.
13. Stellen Sie den **ROI-Bearbeitungsmodus** ein.
14. Wählen Sie den **Geltungsbereich** für die Bildbearbeitung aus dem Pulldown-Menü aus.

15. Wählen Sie das **System der Messwerte** (imperial oder metrisch) aus dem Pulldown-Menü aus.
16. Stellen Sie die **Einheit für lineare Messungen** entweder auf cm oder mm ein.
17. Wählen Sie den **Bearbeitungsmodus für erste Beschriftung** aus dem Pulldown-Menü aus.  
Sie können zwischen „Keine“, „Stupswerkzeug“ oder „Ziehwerkzeug“ wählen.
18. Wählen Sie das **Datums- und Zeitformat** aus dem Pulldown-Menü aus.

## Myokardiale Beurteilung

**ABBILDUNG 5. Präferenz-Einstellungen für die myokardiale Beurteilung**



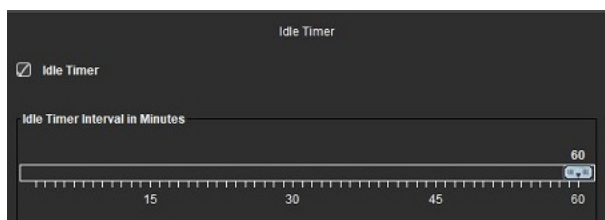
**Admin erforderlich** für diese Schritte.

1. Wählen Sie in der Menüleiste **„Werkzeuge > Präferenz-Einstellungen > System bearbeiten“**.
2. Wählen Sie die **Registerkarte Allgemein**.
3. Wählen Sie die **Analysemethode: Auto, Volle Breite Halb Max, Standardabweichung**.
4. Angaben zur Definition der Messwertbezeichnungen finden Sie unter [Ergebnis-Messwertbezeichnungen definieren auf Seite 125](#).
5. 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 6. Leerlauf-Timer-Einstellungen**



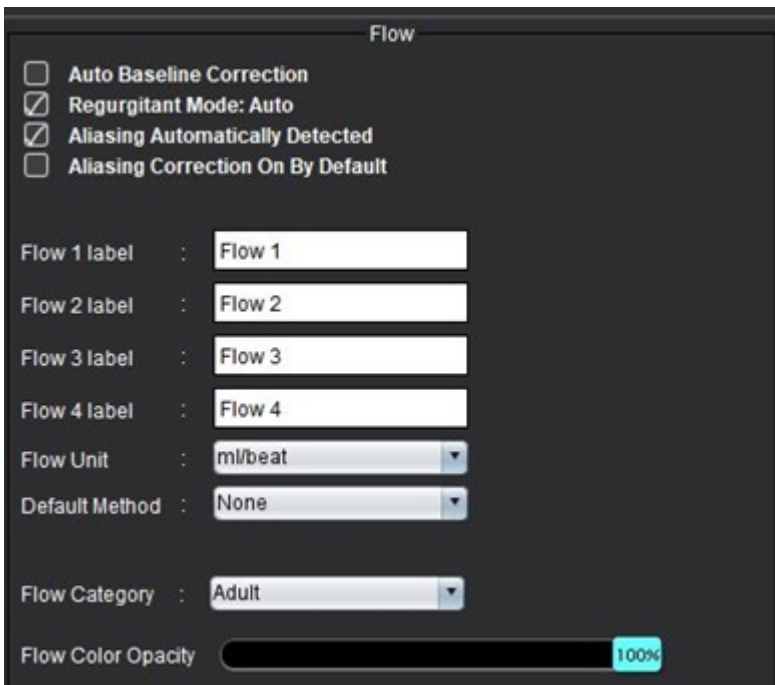
## Auswahloptionen für Leerlauf-Timer

**Admin erforderlich** für diese Schritte.

1. Wählen Sie in der Menüleiste **„Werkzeuge > Präferenz-Einstellungen > System bearbeiten“**.
2. Wählen Sie die Registerkarte **Allgemein** 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.

## Fluss

**ABBILDUNG 7. Flow-Präferenz-Einstellungen**



## Auswahloptionen für Flow-Präferenz-Einstellungen

1. Wählen Sie in der Menüleiste **Werkzeuge > Präferenz-Einstellungen > Bearbeiten**.
2. Wählen Sie die Registerkarte **Allgemein**.
3. Markieren Sie das Kästchen **Automatische Grundlinienkorrektur**, um die automatische Phasen-Fehlerkorrektur für 2D- und 4D-Phasenkontrast durchzuführen. **(nur für Administratoren)**
4. Markieren Sie **Regurgitationsmodus: Automatisch**, um den Nettowert des negativen Flusses (unter der X-Achse) automatisch zu berechnen. **(nur für Administratoren)**
5. Aktivieren Sie die Option **Aliasing-Korrektur standardmäßig**, um die Korrektur automatisch anzuwenden. **(nur für Administratoren)**
6. Definieren Sie Kategoriebezeichnungen für **Flow 1**, **Flow 2**, **Flow 3** oder **Flow 4**, indem Sie eine neue Bezeichnung eingeben.

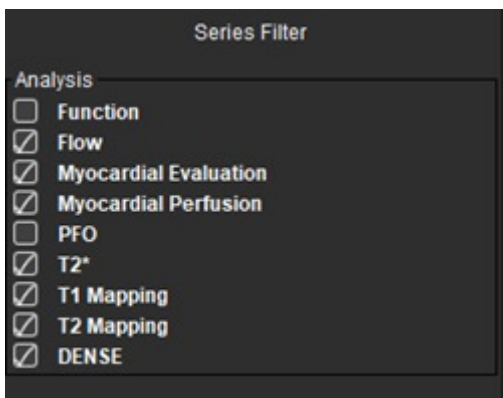
Diese Bezeichnungen werden als QuickInfo in der Fluss-Benutzeroberfläche angezeigt.

7. Wählen Sie die richtige **Flusseinheit** aus dem Pulldown-Menü aus (entweder ml/Herzschlag oder l/min oder keine).  
(**nur für Administratoren**)
8. Wählen Sie die **Standardmethode** für die Persistenz der Berechnungsmethode für den Bereich „Integrierter Fluss“ aus. (**nur für Administratoren**)
9. Verwenden Sie den Schieberegler, um die **Farbopazität für den Fluss** einzustellen.  
Um die Farbüberlagerung zu entfernen, stellen Sie die Opazität auf 0 % ein.
10. Wählen Sie **Speichern und Beenden** aus.  
Klicken Sie auf **Abbrechen**, um den Vorgang zu beenden, ohne zu speichern oder Änderungen zu übernehmen.

## Reihenfilter

Basierend auf verschiedenen Arten von Analysemodi kann ein Reihenfilter angewendet werden, um die Auswahl der entsprechenden Reihen für die Analyse zu erleichtern. Die Filter-Präferenz-Einstellungen können auch bei der Analyse gewählt werden, indem die Schaltfläche „Filter“ im Hauptbereich unter der Miniaturansicht angeklickt wird.

**ABBILDUNG 8. Filter-Präferenz-Einstellungen**



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

## Filter-Präferenz-Einstellungen festlegen

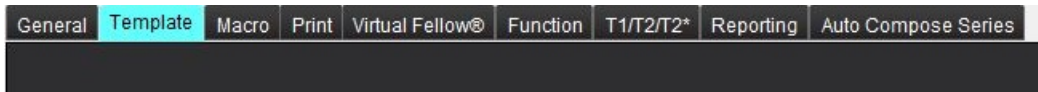
1. Wählen Sie in der Menüleiste **Werkzeuge > Präferenz-Einstellungen > Bearbeiten**.
2. Wählen Sie die Registerkarte **Allgemein**.
3. Wählen Sie durch Klicken die entsprechende Auswahl für jeden Analysetyp an/ab.
4. Wählen Sie **Speichern und Beenden** aus.
  - Klicken Sie auf **Abbrechen**, um den Vorgang zu beenden, ohne zu speichern oder Änderungen zu übernehmen.

# Registerkarte „Vorlage“

Weitere Funktionen, die dem Administrator zur Verfügung stehen, finden Sie unter [Anhang A: Präferenz-Einstellungen auf Benutzerebene auf Seite 207](#).

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

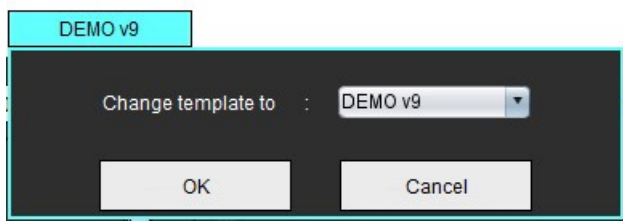
**ABBILDUNG 9. Registerkarte „Vorlage“**



## 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 Normbereich und/oder Z-Score angewendet.

**ABBILDUNG 10. 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 Datei der Vorlagen-Präferenz-Einstellungen auf dem ersten System zu erstellen und sie dann in das zweite System zu importieren. Datei der Vorlagen-Präferenz-Einstellungen, die von einem anderen System importiert werden, überschreiben die Vorlagen-Präferenz-Einstellungen, wenn sie auf diesem System bereits erstellt wurden.

## Vorlage erstellen



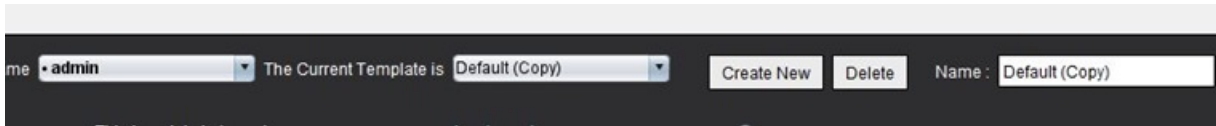
**WARNUNG:** Für die Gültigkeit der für Normbereiche und Z-Score-Parameter eingegebenen Werte ist allein der Anwender verantwortlich. Bestätigen Sie vor der Analyse alle Eingaben. Falsche Werte könnten zu einer Fehldiagnose führen.

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

1. Wählen Sie **Werkzeuge > Präferenz-Einstellungen > Bearbeiten aus**.
2. Wählen Sie die Registerkarte **Vorlage** aus.

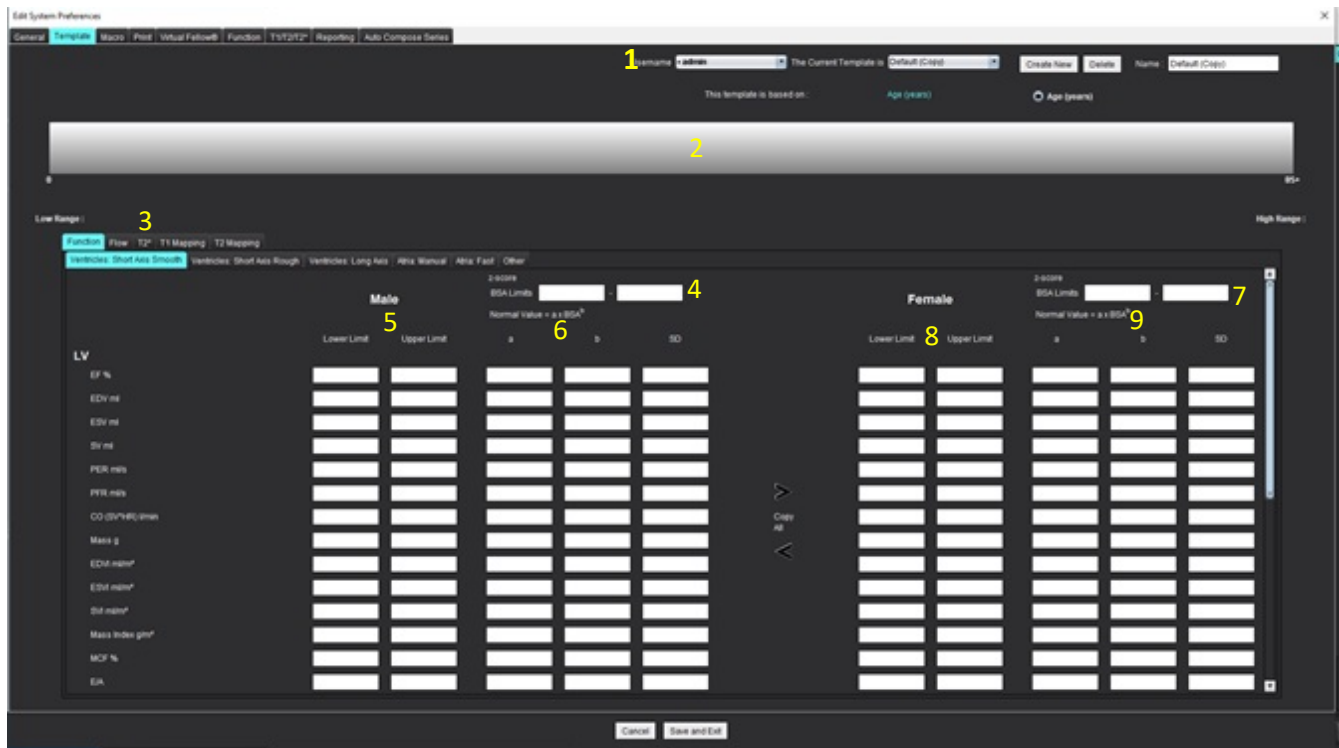
3. Klicken Sie auf **Neu erstellen**, um eine Vorlage zu erstellen oder zu duplizieren.  
Das Alter ist die Standardeinstellung.

**ABBILDUNG 11. Auswahloptionen zum Erstellen einer Vorlage**



4. Geben Sie für die Vorlage eine neue Bezeichnung ein.  
Wenn ein neuer Name eingegeben wird, wird die aktuelle Vorlage, die Sie im Pulldown-Menü finden, aktualisiert.

**ABBILDUNG 12. Beispiel-Registerkarte „Vorlage“ – Kurzachsenfunktion 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 Normbereichswerte 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 **SD** sowie die **KÖF-Grenzwerte** vom Anwender eingegeben werden.

Die Befundpriorität wird in der nachstehenden Tabelle umrissen. Je nach Bedingung wird entweder der Normbereich 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.
Normbereich gemeldet	Wenn Z-Score und Normbereich eingegeben sind und KÖF außerhalb der Grenzwerte liegt.
Normbereich gemeldet	Nur wenn ein Normbereich eingegeben wurde.
Weder Normbereich noch Z-Score berechnet	Wenn die Z-Score-Parameter eingegeben sind. Kein Normalbereich eingegeben und KÖF außerhalb der Grenzwerte.
Weder Normbereich noch Z-Score berechnet	Weder Z-Score-Parameter noch Normbereich eingegeben.



**WARNUNG:** Für die Gültigkeit der für Normbereiche 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 sowohl den oberen und als auch den unteren Werten eingegeben werden. Wenn Inkonsistenzen in den Werten auftreten, erscheint die Meldung „Ungültiger Normabereich 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 „Flow“ eingegebene Normbereiche wirken sich auf die Ergebnisse sowohl der 2D- als auch der 4D-Flow-Analyse 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. 2009 Jun 21;11(1):19. doi: 10.1186/1532-429X-11-19. PMID: 19545393; PMCID: PMC2718870.

Kawel-Boehm, N., Hetzel, S.J., Ambale-Venkatesh, B. et al. Referenzbereiche („Normalwerte“) für die kardiovaskuläre Magnetresonanztomographie (CMR) bei Erwachsenen und Kindern: Update 2020. J Cardiovasc Magn Reson 22, 87 (2020). <https://doi.org/10.1186/s12968-020-00683-3>

# Makro-Registerkarte

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:

- Erkenntnis
- Methode
- Anamnese
- Befunde

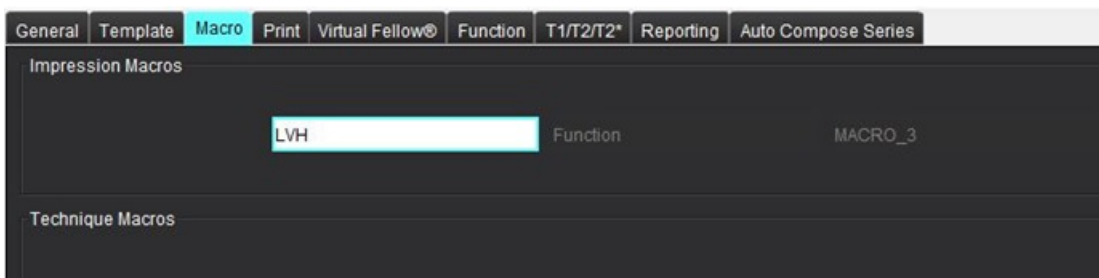
## Erkenntnis-Makro hinzufügen

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

1. Wählen Sie **Werkzeuge > Präferenz-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 13. Fenster „Erkenntnis-Makros“



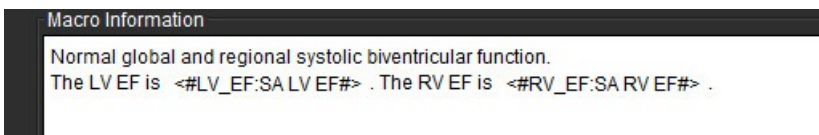
4. Setzen Sie den Cursor in das neue Textfeld und bearbeiten Sie den Namen nach Wunsch.

**HINWEIS:** Die erstellten Makros 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 14. Makro-Informationen



**ABBILDUNG 15. Makro-Parameterergebnis-Auswahloptionen**

Measurement	z-score	Range
SAx LV EF %	SAx LV EF	SAx LV EF %
SAx RV EF %	SAx RV EF	SAx RV EF %
SAx LV SV ml	SAx LV SV	SAx LV SV ml
SAx RV SV ml	SAx RV SV	SAx RV SV ml
SAx LV EDVI ml/m <sup>2</sup>	SAx LV EDVI	SAx LV EDVI ml/m <sup>2</sup>
SAx RV EDVI ml/m <sup>2</sup>	SAx RV EDVI	SAx RV EDVI ml/m <sup>2</sup>
SAx LV ESVI ml/m <sup>2</sup>	SAx LV ESVI	SAx LV ESVI ml/m <sup>2</sup>
SAx RV ESVI ml/m <sup>2</sup>	SAx RV ESVI	SAx RV ESVI ml/m <sup>2</sup>
SAx LV EDV ml	SAx LV EDV	SAx LV EDV ml
SAx RV EDV ml	SAx RV EDV	SAx RV EDV ml
SAx LV ESV ml	SAx LV ESV	SAx LV ESV ml
SAx RV ESV ml	SAx RV ESV	SAx RV ESV ml
SAx LV HR bpm	SAx LV HR	SAx LV HR bpm

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.

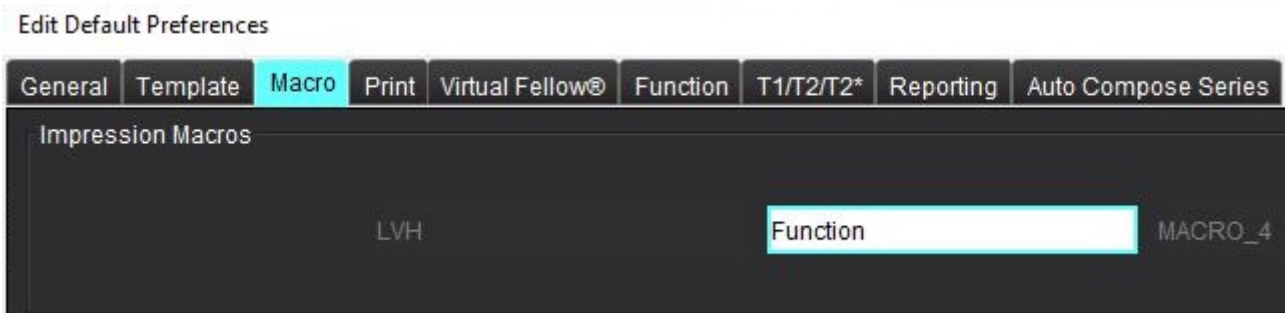
**HINWEIS:** Wenn ein Makro ein Parameterergebnis enthält, das im Analysemodus geändert wurde, muss das Makro neu ausgewählt werden, um das aktualisierte Ergebnis wiederzugeben.

### Makro löschen

1. Wählen Sie **Werkzeuge > Präferenz-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 „Function“ für das Löschen ausgewählt.

**ABBILDUNG 16. Makro-Auswahlliste**

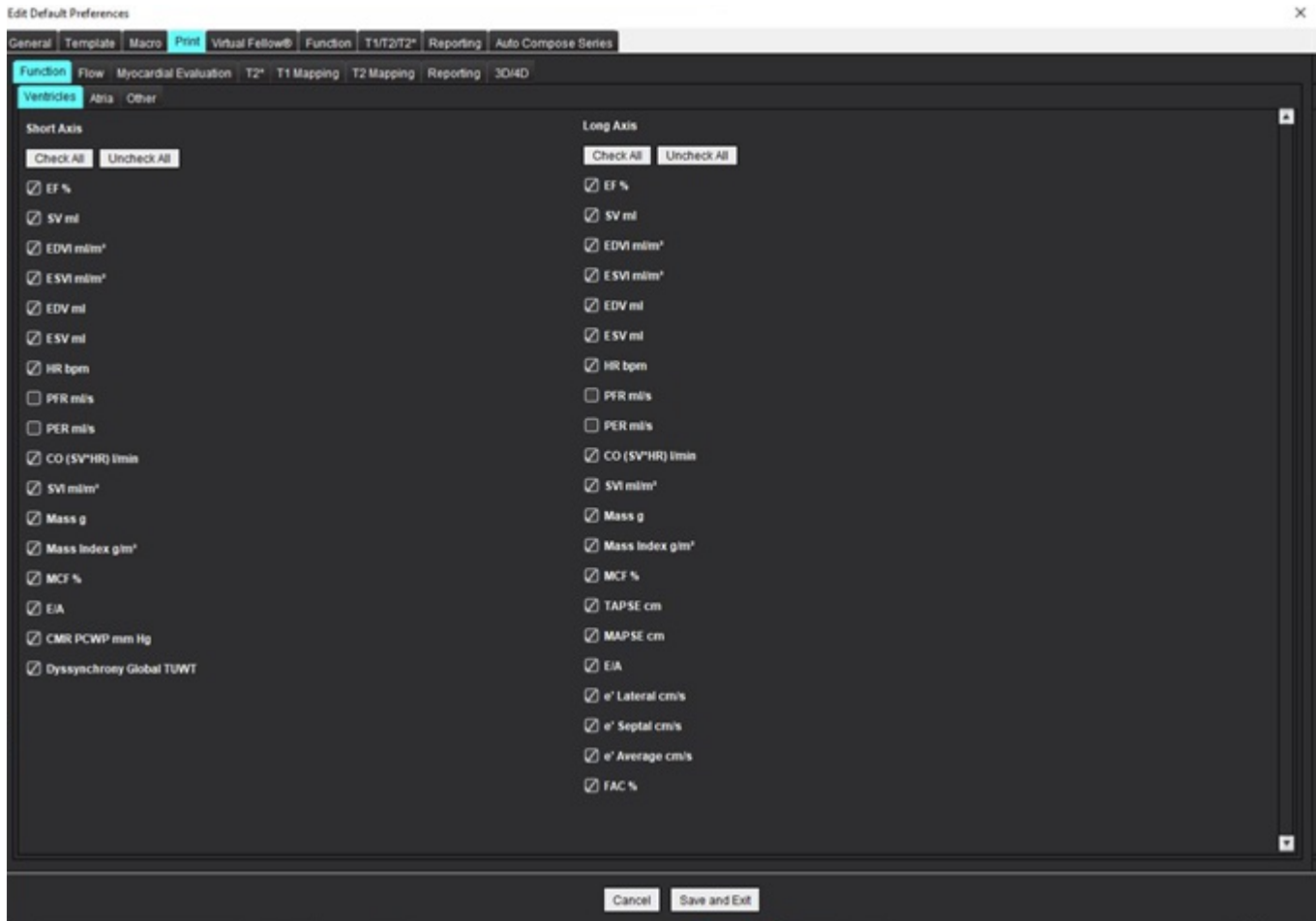


4. Wählen Sie **Ausgewählte(s) Makro(s) löschen** aus.

# 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 17. Druck-Präferenz-Einstellungen



1. Wählen Sie im Menü **Werkzeuge > Präferenz-Einstellungen > Drucken** aus.
2. Wählen Sie die entsprechende Analyse-Registerkarte aus und markieren 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.

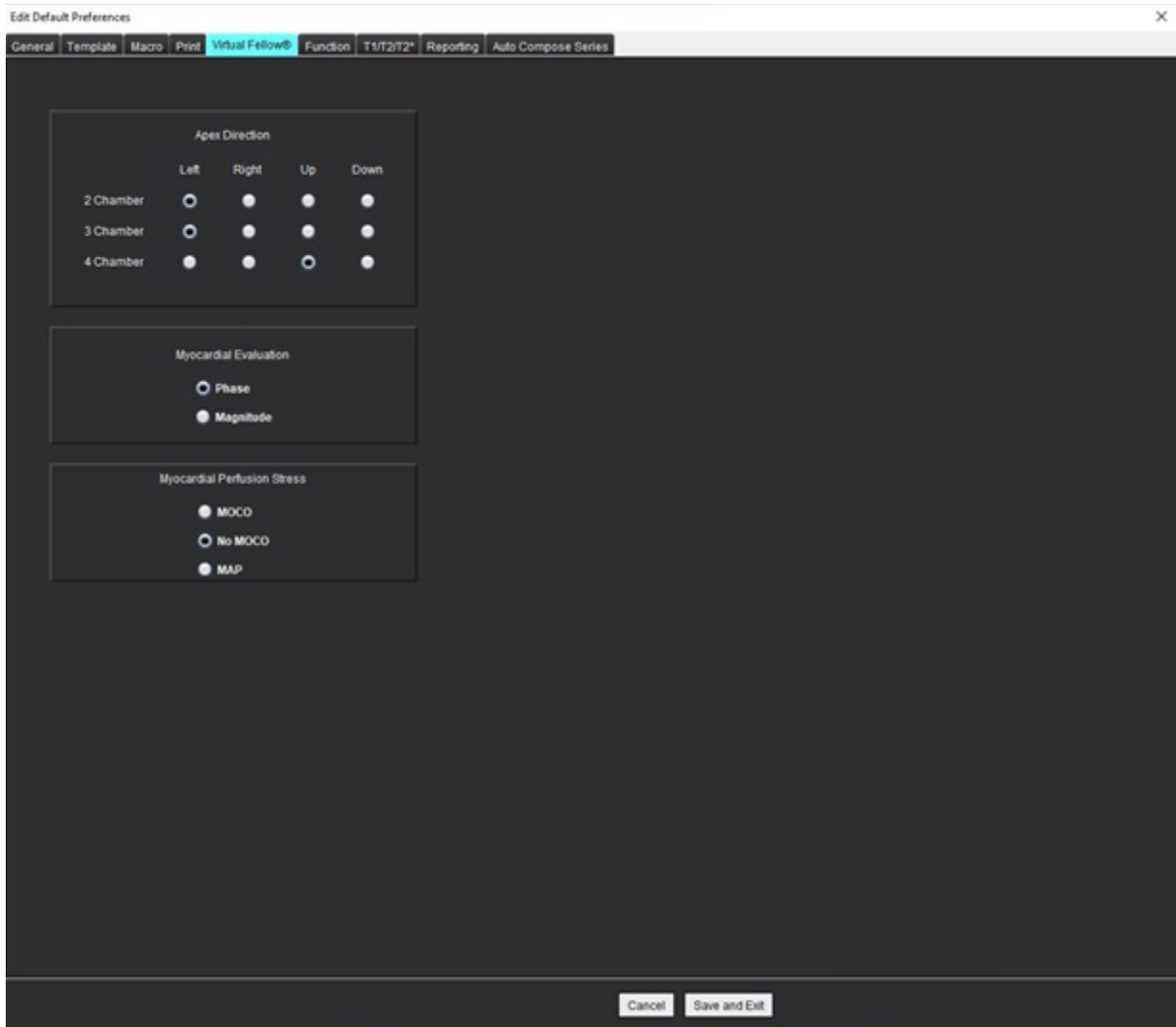
**HINWEIS:** Druckeinstellungen, die direkt auf der Benutzeroberfläche der Anwendung ausgewählt werden, werden nicht mit der Vorlage gespeichert.

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

**HINWEIS:** Benutzerdefinierte Messungen, die unter „Sonstige“ in der Funktionsanalyse erstellt wurden, erscheinen auf der Registerkarte „Druck-Präferenz-Einstellungen Sonstige“. Diese Messungen können erneut angefordert werden.

## Registerkarte „Virtual Fellow®“

ABBILDUNG 18. Virtual Fellow®-Präferenz-Einstellungen

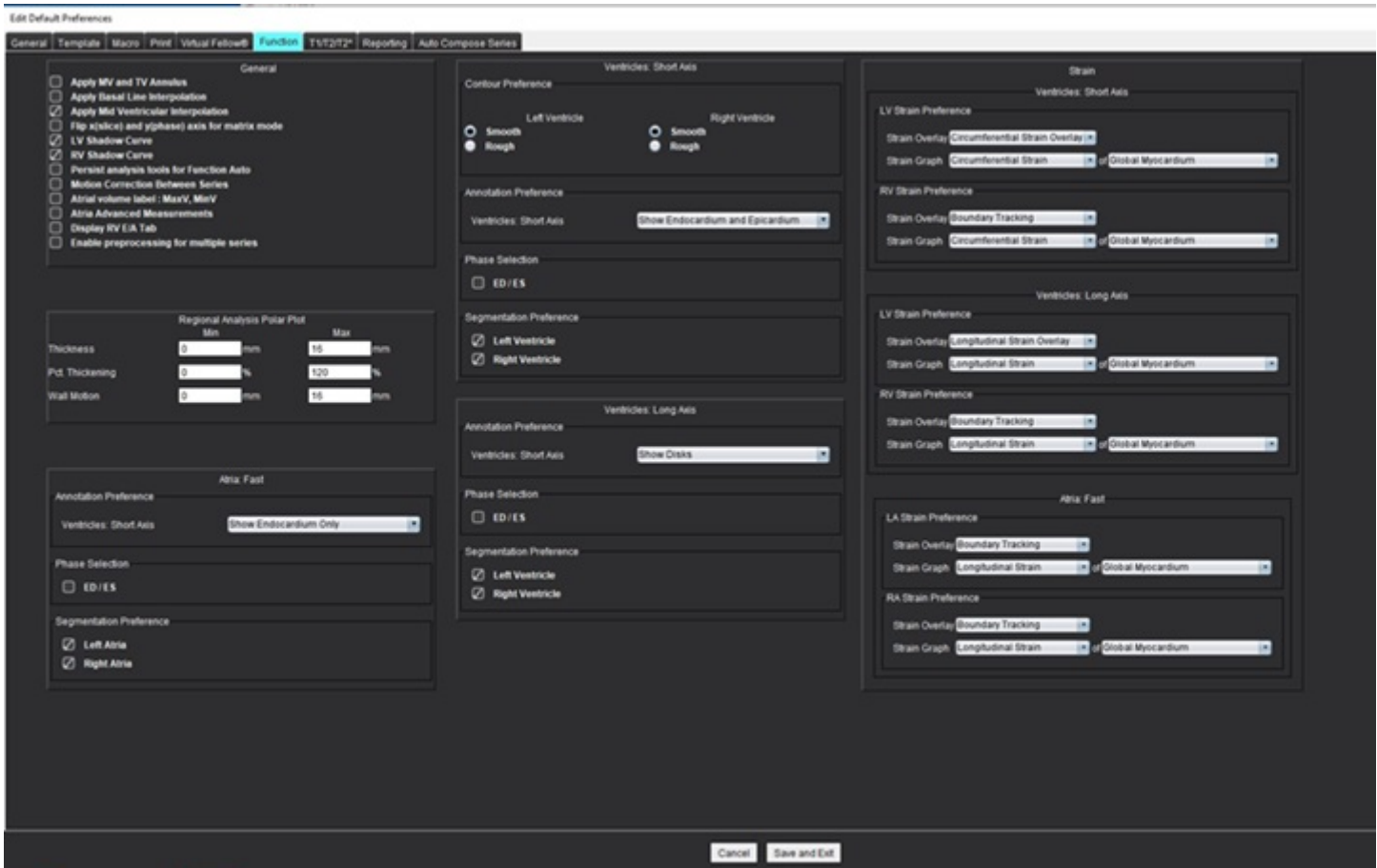


1. Wählen Sie **Werkzeuge > Präferenz-Einstellungen > Bearbeiten** aus.
2. Wählen Sie die Registerkarte **Virtual Fellow®** aus.
3. Wählen Sie die apikale Richtung für die Langachsenansichten aus. (**nur für Administratoren**)
4. Wählen Sie die Reihe für die Anzeige von entweder **Phase** oder **Vergrößerung** für die myokardiale Beurteilung aus.
5. Wählen Sie die Reihen **MOCO**, **Keine MOCO** oder **MAP** für die Anzeige der myokardialen Perfusion.
6. Wählen Sie **Speichern und Beenden** aus.

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

# Registerkarte „Funktion“

ABBILDUNG 19. Funktions-Präferenz-Einstellungen



1. Klicken Sie in der Menüleiste des Bildbetrachters auf **Werkzeuge > Präferenz-Einstellungen > Bearbeiten**.
2. Wählen Sie die Registerkarte **Funktion**.
3. Um nur MAPSE und TAPSE zu berechnen, markieren Sie **MK und TK Annulus anwenden**. (nur für Administratoren)
4. Für die automatische Einfügung von Annulus für die Basalinterpolation aktivieren Sie **MK Annulus und TK Annulus anwenden** und **Basallinieninterpolation anwenden**. (nur für Administratoren)
5. Prüfen Sie die **mittelventrikuläre Interpolation** für die Funktionsanalyse. (nur für Administratoren)
6. Markieren Sie **x-(Schicht) und y-(Phase) Achse für Matrix-Modus spiegeln**, um die Achsen zu tauschen.
7. Markieren Sie entweder **LV aktivieren** oder **RV-Schattenkurve**, um beide Kurven anzuzeigen.
8. Markieren Sie **Analysewerkzeuge für Funktion „Auto“ beibehalten**, um die Funktionssegmentierung durchzuführen.
9. Markieren Sie den Bearbeitungsmodus **Endo/Epi-ROI beibehalten**, um die Bearbeitung durchzuführen.
10. Markieren Sie **Bewegungskorrektur zwischen Schichten**, um auf diese Funktion in der Funktionsanalyse zuzugreifen, siehe [Bewegungskorrektur zwischen Reihen auf Seite 74](#). (nur für Administratoren)
11. Markieren Sie **„Vorhofvolumenbezeichnung“: MaxV, MinV** zum Ändern der volumetrischen Bezeichnungen.
12. Aktivieren Sie die Option **Erweiterte Messungen der Vorhöfe**, um alle Ergebnisse der Vorhöfe anzuzeigen.
13. Prüfen Sie die Registerkarte **RV E/A anzeigen** für die Funktionsanalyse.

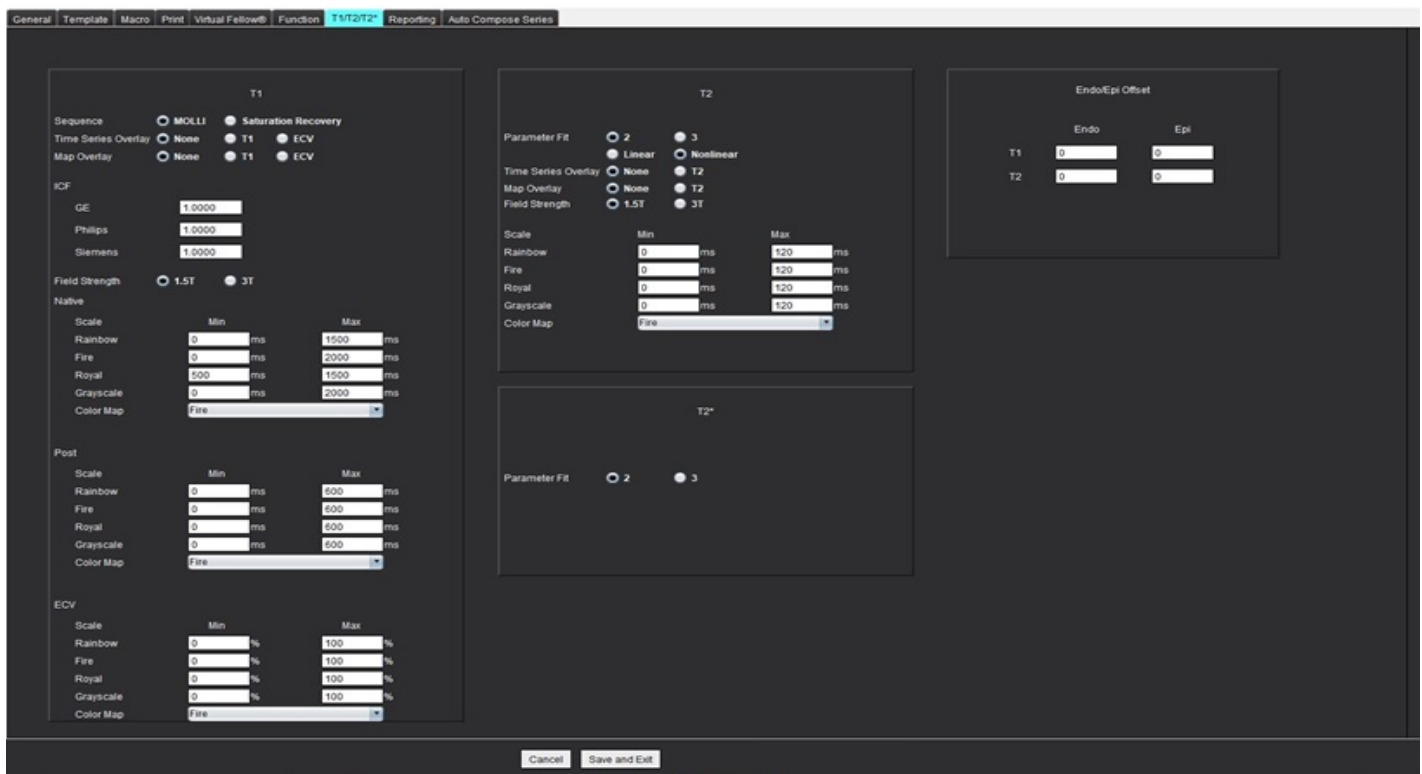
14. Markieren Sie **Vorverarbeitung für mehrere Reihen aktivieren**, um mehrere Funktionsreihen vorzuverarbeiten. (**nur für Administratoren**)
15. Legen Sie Ober- und Untergrenzen für **Polardiagramme für regionale Analyse** fest.
16. Legen Sie die Präferenz-Einstellungen für die **Atria-Schnellanalyse** fest.
17. Legen Sie die Präferenz-Präferenz-Einstellungen für **Ventrikel fest: Kurzachse**.
18. Legen Sie die Präferenz-Präferenz-Einstellungen für **Ventrikel fest: Längsachse**.
19. 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.

**Strain-Präferenz-Präferenz-Einstellungen erfordern eine Forschungsvereinbarung.**

## Registerkarte T1/T2/T2\*

ABBILDUNG 20. T1/T2 T2\* Präferenz-Präferenz-Einstellungen



1. Wählen Sie in der Menüleiste **Werkzeuge > Präferenz-Einstellungen > Bearbeiten**.
2. Wählen Sie die Registerkarte **T1/T2/T2\***.
3. Um eine gültige Reihe für die Analyse zu erstellen, wählen Sie die richtige Option für den Verkäufertyp aus und wählen dann die Registerkarte **Automatische Reihenzusammenstellung**. (**nur für Administratoren**)
4. **Endo/Epi-Offset** ist auf 1 und -1 eingestellt, wobei 1 einem Wert von 0,25 Pixeln entspricht. (**nur für Administratoren**)
5. Wählen Sie **Speichern und Beenden** aus.

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



## T1-Mapping

1. Für die Analyse der Zeitreihe wählen Sie **MOLLI** oder **Sättigungserholung** als Sequenztyp für T1 Mapping. **(nur für Administratoren)**
2. Zur automatischen Anzeige der farbigen Darstellung wählen Sie entweder **Zeitreihen-Überlagerung** oder **Farbüberlagerung**.
3. Geben Sie den ICF ein, siehe [T1-Mapping-Analyse auf Seite 140](#). **(nur für Administratoren)**
4. Wählen Sie die **Feldstärke** und legen Sie die Art der Farbdarstellung und die Skalenwerte für 1,5 T oder 3 T fest.
5. Wählen Sie **Speichern und Beenden** aus.  
Klicken Sie auf **Abbrechen**, um den Vorgang zu beenden, ohne zu speichern oder Änderungen zu übernehmen.

## T2-Mapping

1. Für die Analyse der Zeitreihen wählen Sie die entsprechende Berechnung für die **Parameteranpassung**. **(nur für Administratoren)**
2. Zur automatischen Anzeige der farbigen Darstellung wählen Sie entweder **Zeitreihen-Überlagerung** oder **Farbüberlagerung**.
3. Wählen Sie die **Feldstärke** und legen Sie die Art der Farbdarstellung und die Skalenwerte für 1,5 T oder 3 T fest.
4. Wählen Sie **Speichern und Beenden** aus.  
Klicken Sie auf **Abbrechen**, um den Vorgang zu beenden, ohne zu speichern oder Änderungen zu übernehmen.

## T2\*

Wählen Sie **Parameter anpassen**. **(nur für Administratoren)**

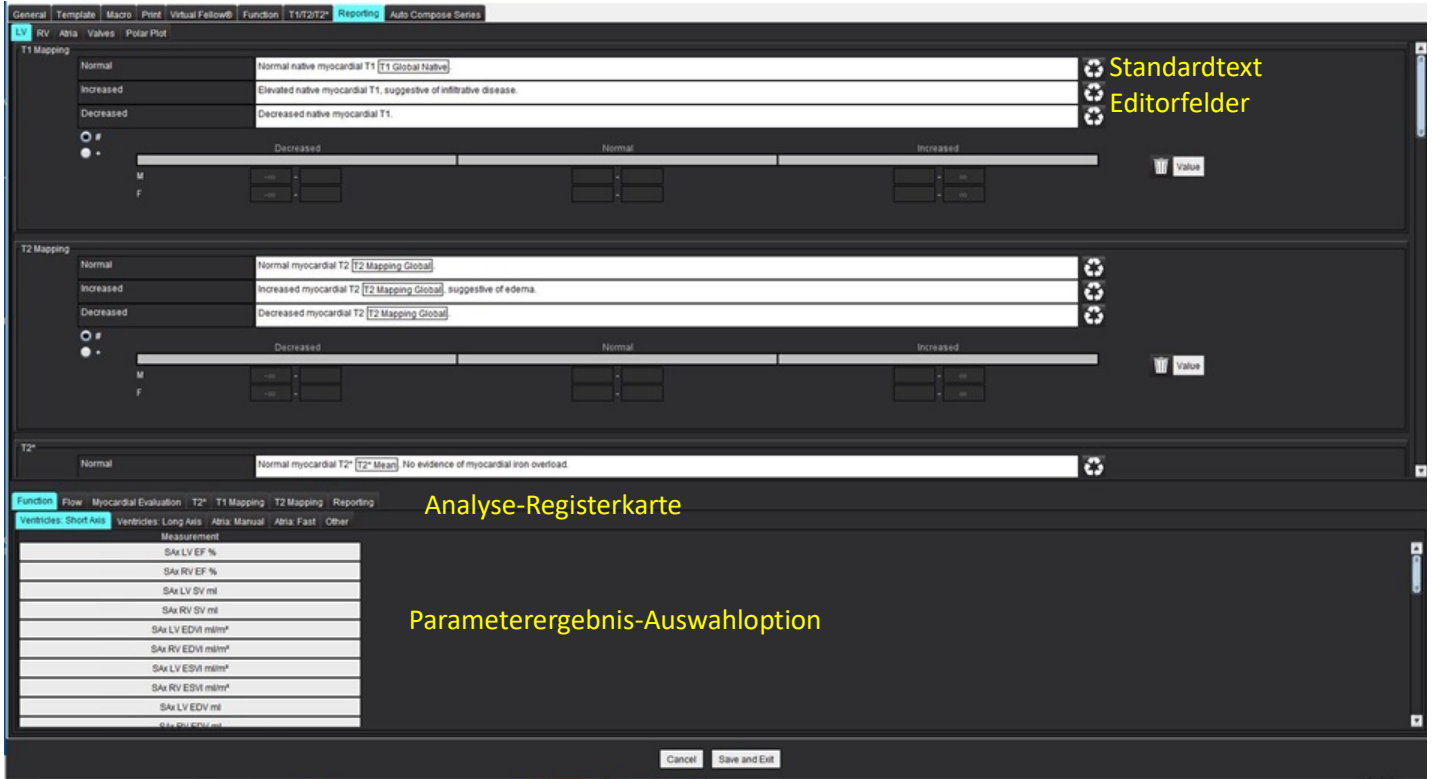
# Registerkarte Befunderstellung


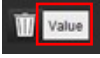

**Admin erforderlich** für diese Schritte.

1. Wählen Sie in der Menüleiste **Werkzeuge > Präferenz-Einstellungen > System bearbeiten**.
2. Wählen Sie die Registerkarte **Befunderstellung** aus.
3. Klicken Sie in das entsprechende Feld, um den Standardtext für die Menübeschreibungen zu bearbeiten, wie in Abbildung 21 gezeigt.
4. Fügen Sie ein Parameterergebnis mit dem Text hinzu, indem Sie die entsprechende Analyse-Registerkarte auswählen und auf den gewünschten Parameter klicken, wie in Abbildung 21 gezeigt.
5. Entfernen Sie ein Parameterergebnis, indem Sie den Cursor hinter das eingefügte Ergebnis setzen und die Löschtaste drücken.



**ABBILDUNG 21. Präferenz-Einstellungen für Befunderstellung**

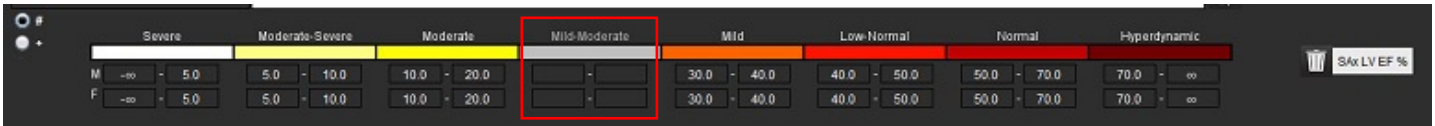


6. Klicken Sie auf , um den Standardtext wiederherzustellen.
7. Definieren Sie kategorische Befundbereiche für ein mit der Menüauswahl verbundenes Parameterergebnis, indem Sie auf  klicken.
8. Wählen Sie das entsprechende Parameterergebnis auf der zugehörigen Analyse-Registerkarte aus.
9. Wählen Sie entweder Absolut oder Versatz .

Auswahl	Beschreibung
Absolut	Bereiche basierend auf absoluten Werten für das Geschlecht, unabhängig vom Alter.
Versatz	Bereiche basierend auf der Höhe des Versatzes von dem in einer Vorlage festgelegten normalen Bereich und dem Alter.

10. Geben Sie die entsprechenden Werte für die Kategoriebereiche ein. Um eine Befundskategorie zu eliminieren, klicken Sie auf die Farbleiste. Die Leiste wird grau und die Werte werden entfernt. Abbildung 22.

**ABBILDUNG 22. Entfernen einer Befundkategorie**



**HINWEIS:** Wenn Sie kategorische Bereiche eintragen, wird die automatische Ausfüllfunktion für den Befund aktiviert. Der Text wird entsprechend den benutzerdefinierten Werten vorausgefüllt. Wenn während des Meldevorgangs eine Auswahl aus der Menüoberfläche getroffen wird, ist die vorausgefüllte Funktionalität nicht mehr aktiviert.

**HINWEIS:** Der vorausgefüllte Text für die folgenden Parameterergebnisse erfordert, dass der Benutzer die entsprechende Analyse ausführt: Vorhofvolumen, Hypertrophie: Maximale Wanddicke, T2\*, Klappenstenose, Klappenregurgitation.

11. Zum Zurücksetzen der Befundbereiche und der ausgewählten Werte klicken Sie auf die Schaltfläche .

## Definieren der Hypertrophie-Kategorie

Die Befunderstellung für Hypertrophie kann weiter als konzentrische oder exzentrische Hypertrophie definiert werden. Für die kategorischen Bereiche müssen Werte eingegeben werden, und die Konzentritätswerte für Männer und Frauen müssen eingetragen werden. Siehe Abbildung 23.

**ABBILDUNG 23. Hypertrophie-Kategoriebereiche und Konzentrität**



## Empfohlene Literatur

Petersen SE, Khanji MY, Plein S, Lancellotti P, Bucciarelli-Ducci C. European Association of Cardiovascular Imaging expert consensus paper: a comprehensive review of cardiovascular magnetic resonance normal values of cardiac chamber size and aortic root in adults and recommendations for grading severity. *Eur Heart J Cardiovasc Imaging*. 2019 Dec 1;20(12):1321-1331. doi: 10.1093/ehjci/jez232. Erratum in: *Eur Heart J Cardiovasc Imaging*. 2019 Dec 1;20(12):1331. PMID: 31544926.

Petersen, S.E., Aung, N., Sanghvi, M.M. et al. Reference ranges for cardiac structure and function using cardiovascular magnetic resonance (CMR) in Caucasians from the UK Biobank population cohort. *J Cardiovasc Magn Reson* 19, 18 (2017). <https://doi.org/10.1186/s12968-017-0327-9>

## Literaturnachweis für Konzentrität

Khoury MG, Peshock RM, Ayers CR, de Lemos JA, Drazner MH. A 4-tiered classification of left ventricular hypertrophy based on left ventricular geometry: the Dallas heart study. *Circ Cardiovasc Imaging*. 2010 Mar;3(2):164-71. doi: 10.1161/CIRCIMAGING.109.883652. Epub 2010 Jan 8. PMID: 20061518.

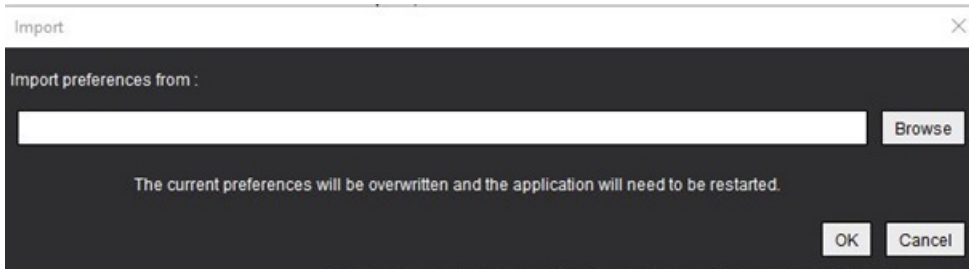
# Präferenz-Einstellungen importieren

Admin erforderlich für diese Schritte.

**HINWEIS:** Beim Import werden alle aktuellen Präferenz-Einstellungen gelöscht.

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

**ABBILDUNG 24. Präferenz-Einstellungen importieren**



2. Klicken Sie auf die Schaltfläche **Durchsuchen**, navigieren Sie zur Datei mit den Präferenz-Einstellungen und klicken Sie dann auf **Öffnen**.
3. Klicken Sie auf **OK**, um den Import wie definiert durchzuführen.

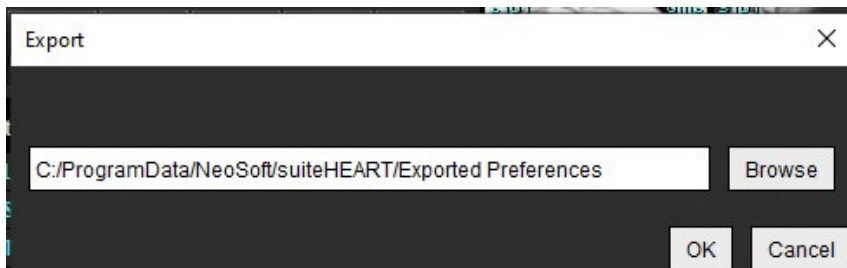
Wählen Sie **Abbrechen** aus, um den Vorgang ohne Importieren zu beenden.

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

# Präferenz-Einstellungen exportieren

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

**ABBILDUNG 25. Präferenz-Einstellungen exportieren**



2. Klicken Sie auf **Durchsuchen**, wählen Sie den Ordner für die Präferenz-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 Workflow bei der Visualisierung durch Erleichterung der Auswertung von MRT-Herzuntersuchungsstudien durch Ärzte. Bildbearbeitungs-Werkzeuge wie Fensterebene, 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 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](#).

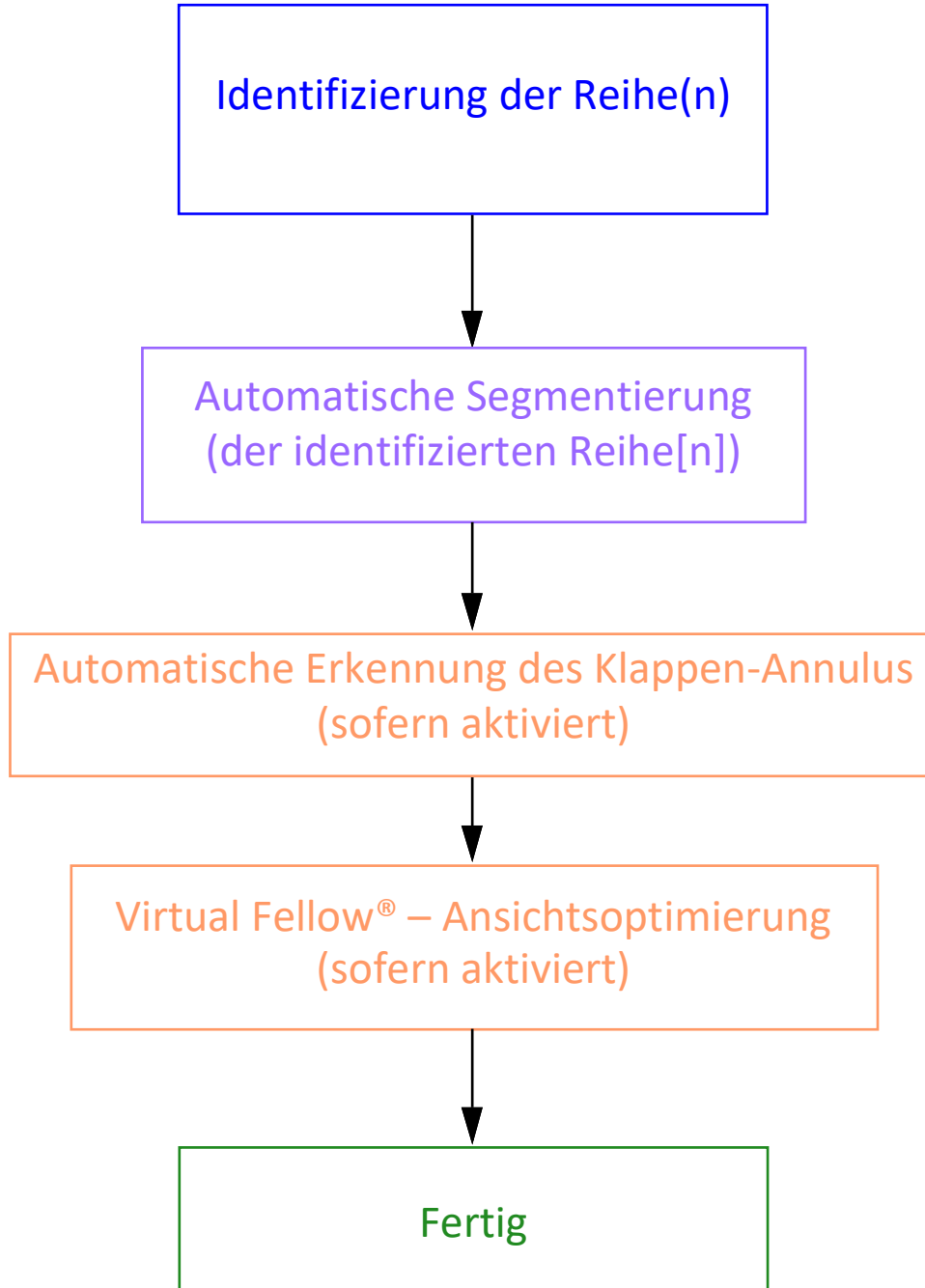


**WARNUNG:** Bestätigen Sie durch Sichtkontrolle vor der Auswertung oder dem Vergleich von Studien alle Patienten-Untersuchungskennzeichnungsdaten im oberen Teil der Benutzeroberfläche. #1 zeigt die aktuelle Studie und #2 die vorherige Studie an.

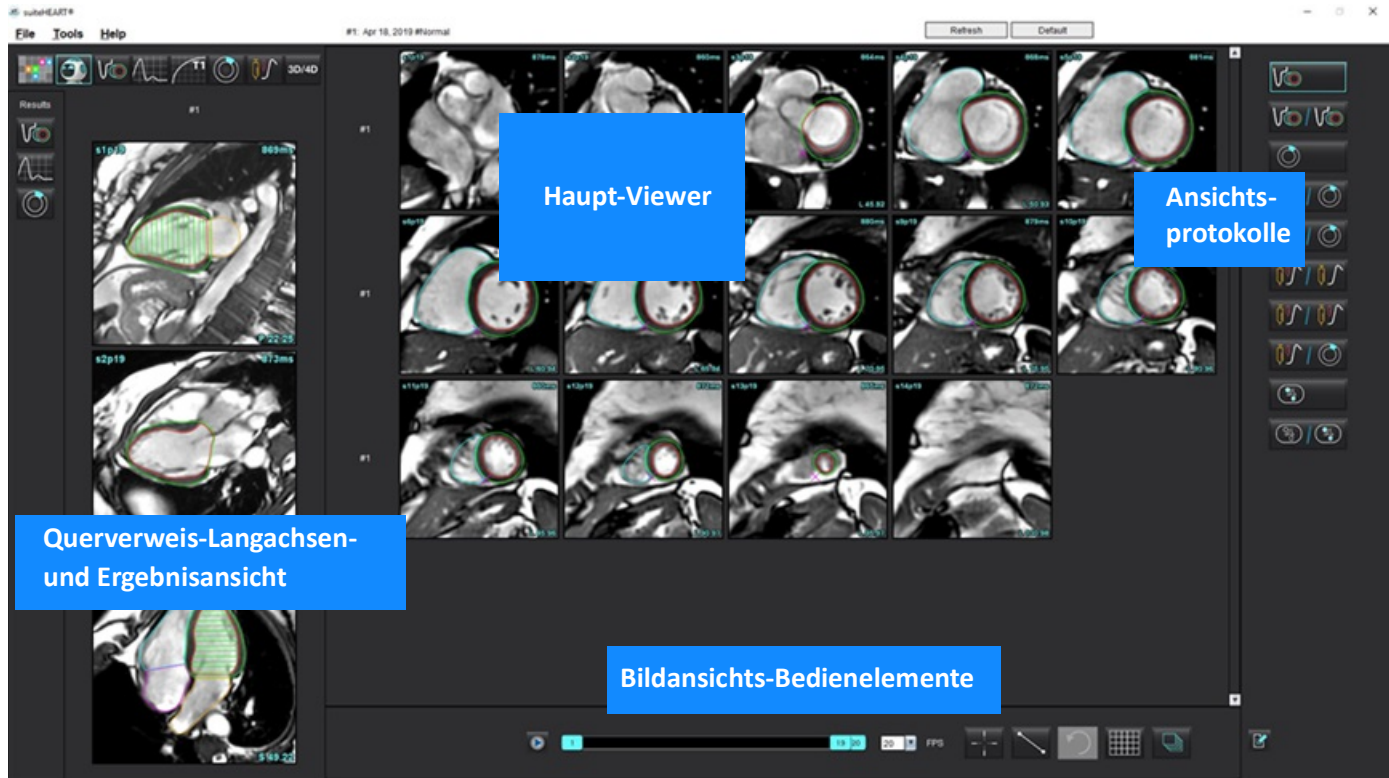


**WARNUNG:** Die Bildbearbeitung mittels WW/WL, Schwenken, Zoom, Drehen und Spiegeln in Virtual Fellow® kann das Erscheinungsbild verschiedener Pathologien und die Differenzierung anderer anatomischer Strukturen beeinflussen. Überprüfen Sie jedes einzelne Ansichtsprotokoll und nehmen Sie falls erforderlich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




# Vorbereitung mittels Virtual Fellow®

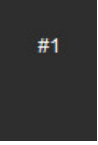






# Benutzeroberfläche von Virtual Fellow®



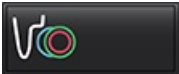




## Auswahloptionen von Virtual Fellow®

Auswahl	Beschreibung
	Virtual Fellow®
	Funktionsergebnisse anzeigen
	Flow-Ergebnisse anzeigen
	Ergebnisse der myokardialen Beurteilung anzeigen






Auswahl	Beschreibung
 	<p>Verbundenes Umschalten zur Durchführung von WW/WL, Schwenken, Drehen und Spiegeln sowohl für die aktuelle als auch die vorherige Reihe.</p> <p>Nicht verbundenes Umschalten zur Durchführung von WW/WL, Schwenken, Drehen und Spiegeln für eine einzelne Reihe.</p> <p>Hinweis: Zoom wird stets sowohl auf die aktuelle als auch vorherige Reihe angewandt.</p> <p>Um dies zu aktivieren, kontaktieren Sie den NeoSoft Support unter <a href="mailto:service@neosoftmedical.com">service@neosoftmedical.com</a></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: Bewegungskorrektur Myokardperforationsreihe anzeigen.</p> <p>KEINE MOCO: Myokardperforationsreihe ohne Bewegungskorrektur anzeigen.</p> <p>Karte: Karten von Drittanbietern anzeigen.</p>
	<p>#1 ist der Indikator der Reihe, die für die aktuelle Studie angezeigt wird. Klicken Sie mit der linken Maustaste direkt auf #1, um die Reihe zu ändern.</p>
	<p>#2 ist der Indikator der Reihe, die für die vorherige Studienreihe angezeigt wird. Klicken Sie mit der linken Maustaste direkt auf #2, um die Reihe zu ändern.</p>
	<p>Film-Bedienelemente werden verwendet, um den Film abzuspielen, anzuhalten, die Frames pro Sekunde auszuwählen sowie den Start- und End-Frame zu definieren.</p>
	<p>Querverweis-Werkzeug zur automatischen Erkennung und Anzeige von Bildern, die die gleiche Stelle zeigen. Hinweise zur Verwendung dieser Funktion finden Sie unter <a href="#">Komponentensuche*</a> auf Seite 22.</p>

Auswahl	Beschreibung
	Messwerkzeuge können im Haupt-Viewer und auf Langachsenansichten verwendet werden.
	Generische Bearbeitungen von Messungen rückgängig machen.
	Ansichtsfenster-Layout-Optionen*: 1x1, 1x2, 4x4 und 5x4. *Abhängig vom ausgewählten Protokoll.
	Geltungsbereich hat die gleiche Funktion wie unter <a href="#">Bildbearbeitungs-Werkzeuge auf Seite 12</a> 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

	Reihentyp
	Kurzachsen-Filmfunktionsreihe.
	Aktuelle Kurzachsen-Filmfunktion mit vorheriger.
	Myokardiale Beurteilung.
	Aktuelle myokardiale Beurteilung mit vorheriger.
	Kurzachsen-Filmfunktion mit myokardialer Beurteilung.



	Reihentyp
	Myokardiale Perfusionsreihe Belastung/Ruhe.
	Aktuelle myokardiale Perfusionsreihe Belastung mit vorheriger.
	Aktuelle myokardiale Perfusion Belastung mit myokardialer Beurteilung.
	T1-Axial-Reihe. (Verwenden Sie die Pfeiltasten nach links und rechts, um zur nächsten Reihe zu navigieren.*)
	SSFP mit T1-Axial-Reihe.

\*Welche Tasten aktiv sind, hängt von der Präferenz-Einstellung ab.

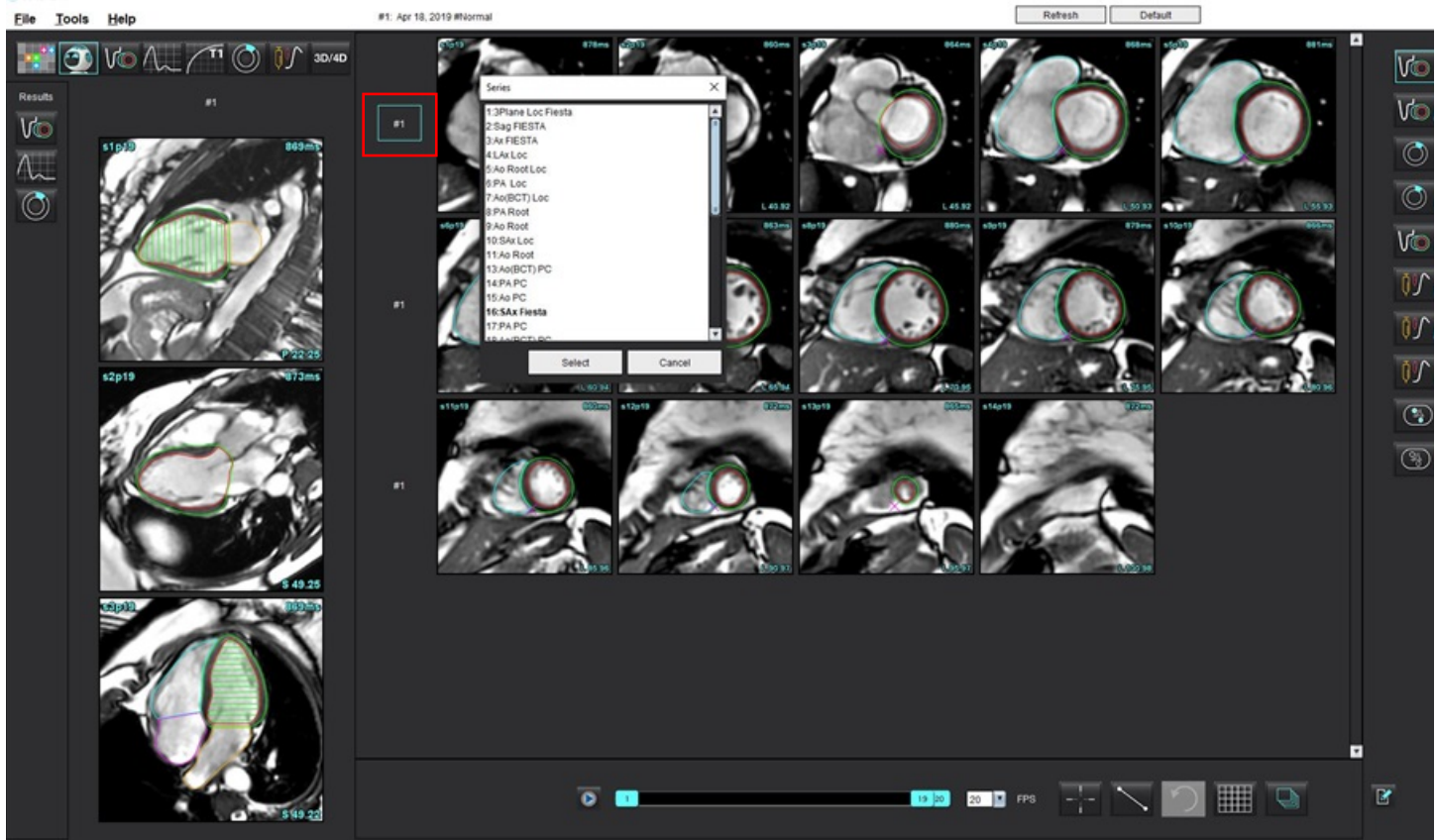
## Tastenkombinationen - Ansichtsfenster für Langachse

Funktion	Aktion
Schichtnavigation vorwärts.	Z
Schichtnavigation rückwärts.	A
Schichtnavigation.	Mittleres Mausrad

# Auswahl einer Reihe 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 Reihe 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 Reihe aus den für die aktuelle Studie (#1) aufgelisteten Reihen aus.

ABBILDUNG 1. Benutzeroberfläche von Virtual Fellow®

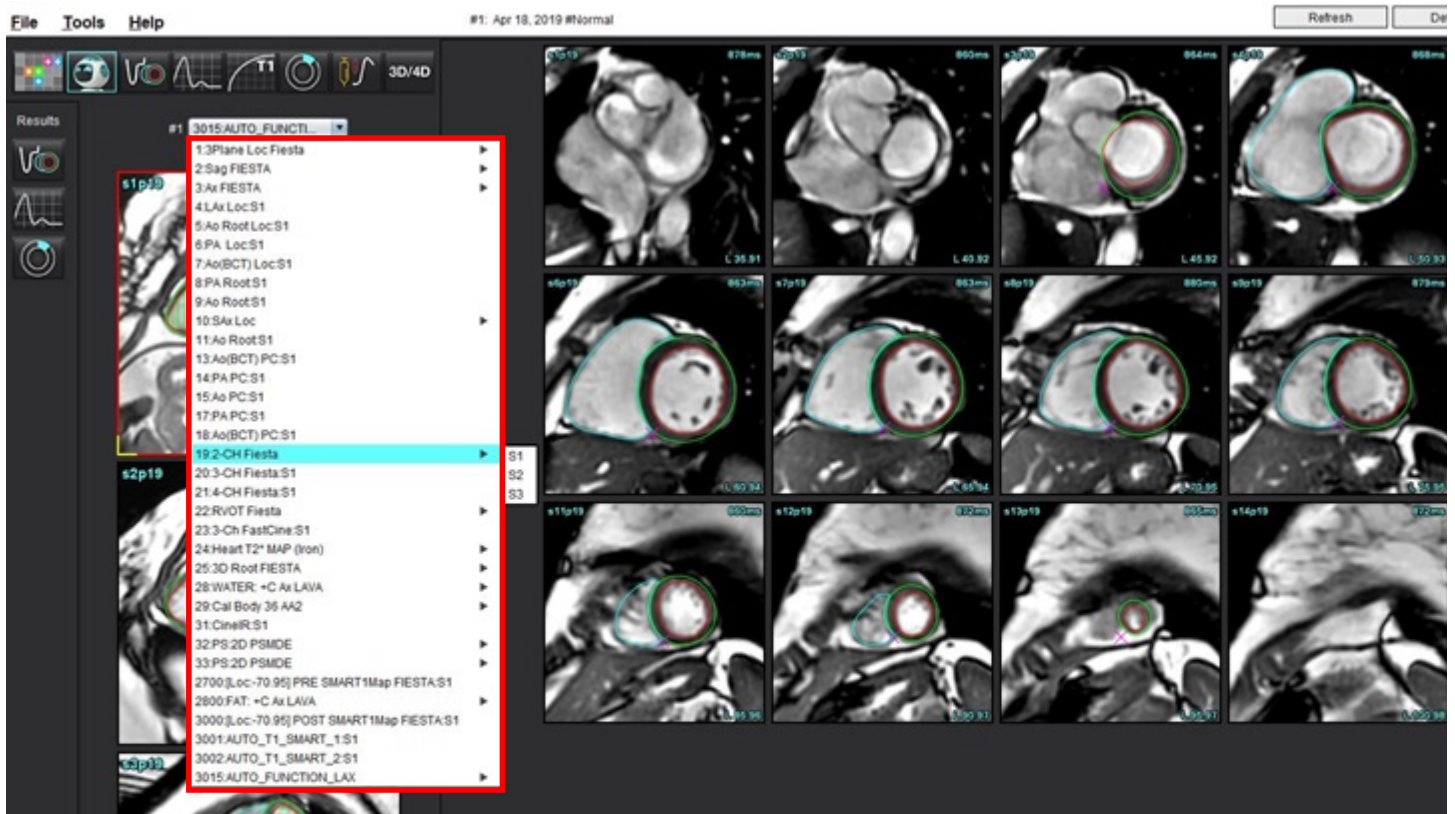


# Auswahl einer Reihe für Querverweis-Langachsen-Ansichtsfenster durch Benutzer

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

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

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



# Automatisches Update

Die Funktion „Automatisches Update“ ermöglicht das Starten einer Studie mit Verarbeitung im Hintergrund. Wenn Bilder nach dem Starten der Studie über das Netzwerk übertragen werden, wird die Analyse (und Virtual Fellow® bei Aktivierung) im Hintergrund ausgeführt, wenn ein gültiger Reihentyp vom Algorithmus identifiziert wird. Zu den unterstützten Analysemodi gehören:

- Funktion
- Fluss
- Myokardiale Beurteilung (nur Kurzachsen-Late-Enhancement)
- T1-Mapping
- T2-Mapping
- T2\*
- Myokardiale Perfusion
- 3D/4D

Anweisungen zur Konfiguration der Funktion für automatische Updates finden Sie in der suiteDXT-Bedienungsanleitung.



**WARNUNG:** Nach der Vorbearbeitung ist der Benutzer dafür verantwortlich, die Genauigkeit der gesamten Analyse zu beurteilen und ggf. erforderliche Korrekturen vorzunehmen.

## Workflow

1. Wenn eine Studie über ein Netzwerk verbunden wurde oder wenn die Studie gerade durchgeführt wird und über ein Netzwerk verbunden ist und ein hellblauer Kreis in der DXT-Studienliste erscheint (siehe Abbildung 1), kann die Studie gestartet werden.

**HINWEIS:** Wenn eine Analyse vor dem automatischen Update manuell durchgeführt wird, werden die Ergebnisse nicht überschrieben.

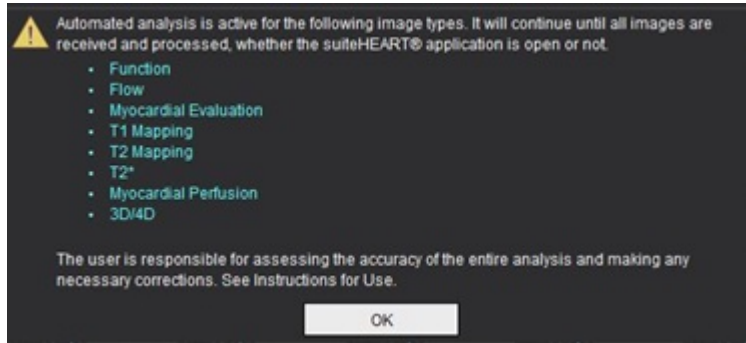
**HINWEIS:** Wenn die Studie geschlossen ist, gibt ein grüner Kreis die abgeschlossene Bearbeitung an.

**ABBILDUNG 1. DXT-Studienliste**

SH NL 04, 20151013T140553	ANONYMOUS_201...	MRFP SP
SH NL 05, 20151013T140903	ANONYMOUS_201...	MRFP SP
Siemens 11, 20190114T164821	ANONYMOUS_201...	Scan 1
<b>● suiteHEART Example Case</b>	ANONYMOUS_201...	Cardiac
suiteHEART Example Case 01	AW1903342710.717...	
suiteHEART Example Case 4D Flow	ANONYMOUS_201...	Cardiac

2. Wenn die Studie öffnet, erscheint die in Abbildung 2 dargestellte Meldung.

**ABBILDUNG 2. Start der Studie**



3. Wenn die Analyse einer Reihe abgeschlossen wurde, erscheint die Schaltfläche „Aktualisieren“ gelb (siehe Abbildung 3). Klicken Sie auf diese Schaltfläche, um die Analysemodi zu aktualisieren.

Je nach der Anzahl der zu analysierenden Reihentypen müssen Sie ggf. mehrmals auf die Schaltfläche „Aktualisieren“ klicken.

**ABBILDUNG 3. Schaltfläche „Aktualisieren“**



**HINWEIS:** Wenn nach dem Schließen der Studie weitere Reihentypen über ein Netzwerk verbunden werden, kann die Bearbeitung stattfinden.

# 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.

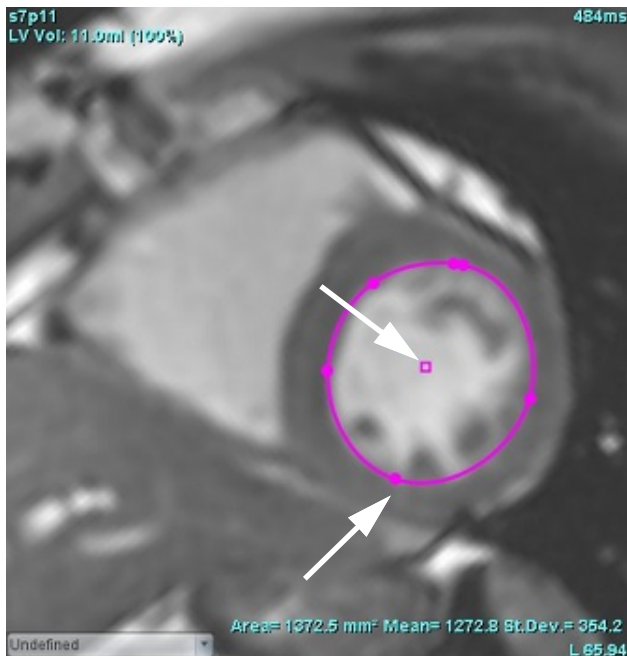
## ROI-Punkt-Spline

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.

Zusätzliche Funktionalität:

- Alt + Linke Maustaste erzeugt einen Eckpunkt.
- Durch Klicken auf den ersten Punkt wird die Kontur geschlossen.
- Durch Klicken direkt auf eine Kontur wird ein Punkt erzeugt.
- Entf + Cursor auf einem Punkt entfernt den Punkt.
- Ziehen eines Punkts in die Nähe eines benachbarten Punkts entfernt den benachbarten Punkt.
- Wenn weniger als drei Punkte verbleiben, wird der Untersuchungsbereich gelöscht.

**ABBILDUNG 1. Konventionelle Konturbearbeitung**

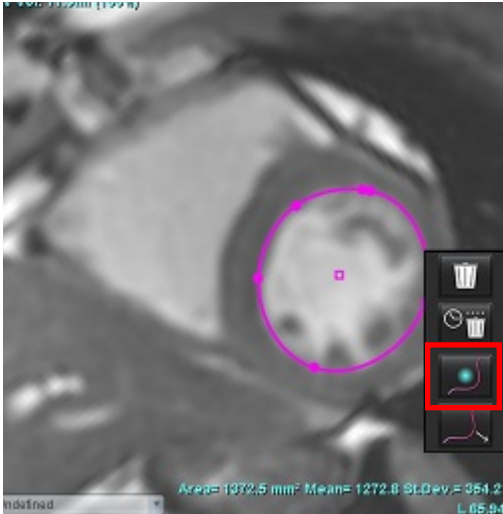




# Bearbeitungs werkzeug

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 Präferenz-Einstellungen festlegen.

## Konturen ziehwerkzeug

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

**ABBILDUNG 5. Aktivierung des Ziehwerkzeugs**





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 Mausekzes gesteuert werden. Die Position des Mauszeigers von der schwarz gestrichelten Linie bestimmt die Änderung der Bearbeitung für dieses Segment der Kontur.

**ABBILDUNG 6. Ziehwerkzeug**



3. Um das Ziehwerkzeug zu deaktivieren, klicken Sie mit der linken Maustaste auf die Kontur, dann mit der rechten Maustaste und wählen Sie das Ziehwerkzeug aus dem Popup-Menü aus, wie in der Abbildung 7 gezeigt.

**ABBILDUNG 7. Deaktivierung des Ziehwerkzeugs**





# 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**




**HINWEIS:** Die Punkt-Spline-Funktionalität wird auf alle Analysen außer 3D-/4D-Flow-Viewer angewandt.

Die folgende Kopieren/Einfügen- und Translationsfunktionalität ist in allen Analysemodi mit Ausnahme der PFO-Analyse verfügbar.

- Strg + C = Untersuchungsbereich kopieren
- Strg + V = Untersuchungsbereich einfügen
- Strg + S = Untersuchungsbereich glätten

## ROI-Schwellenwert-Werkzeug




Um eine ROI mit Hilfe von Schwellenwerten zu erstellen, wählen Sie , halten Sie die Alt-Taste gedrückt, klicken Sie mit der linken Maustaste auf das Bild und ziehen Sie die Maus.

**HINWEIS:** Der Status des Schwellenwertwerkzeugs basiert auf dem groben oder glatten Modus für die Funktionssegmentierung.

**HINWEIS:** Das Schwellenwert-Tool ist für funktionale SSFP-Techniken optimiert.

## Zusätzliches Bearbeitungswerkzeug

Im Bearbeitungsfenster werden die Auswahloptionen zum Umschalten zwischen den drei Bearbeitungsmodi angezeigt.

Werkzeug	Beschreibung
	Untersuchungsbereich mit Beschränkung
	Untersuchungsbereich ohne Beschränkung
	Überlappung

---

# Funktionsanalyse

Der Benutzer ist für die genaue und vollständige Positionierung (und korrekte Zuordnung) 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 (und korrekten Zuordnung) dieser Untersuchungsbereiche ab.

Die Funktion „Studienvorbereitung“ ermöglicht die Vorbereitung der Funktionsanalyse. Siehe suiteDXT-Bedienungsanleitung.

Dieser Abschnitt beschreibt die typischen Schritte, die zu einer Herzfunktionsanalyse gehören. Die Beispiels-Workflows 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 auf [Seite 212](#).

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

**HINWEIS:** Die Funktionsanalyse wird für mehrere Reihen unterstützt. Die in dem Befund enthaltenen Ergebnisse spiegeln die aktuelle, im Rahmen der Funktionsanalyse ausgewählte Reihe wider.

Wählen Sie  Es gibt drei Kategorien für die Analyse:

**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.

## Index-Messungen berechnen

1. Klicken Sie auf .

2. Geben Sie die **Größe** und das **Gewicht** des Patienten ein.

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


**HINWEIS:** Die KÖF-Berechnungsmethode kann in der Benutzeroberfläche für Befunderstellung ausgewählt werden.

# Automatische LV- und RV-Segmentierung

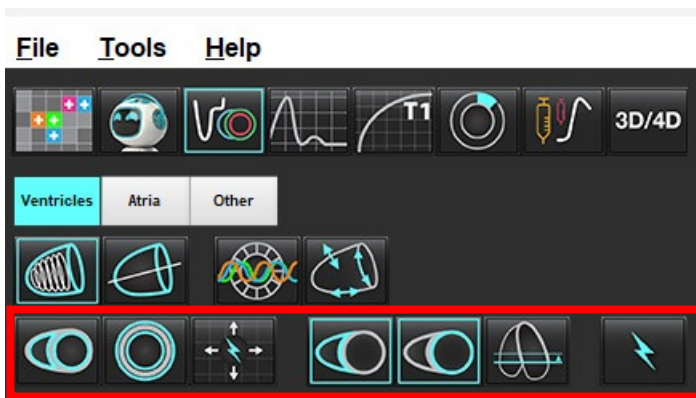
Die automatische Segmentierungsfunktion berechnet Standardparameter der Herzfunktion ohne anatomische Eingabe. Nach der Generierung der Segmentierungsergebnisse können Untersuchungsbereichsarten für die Anzeige aus- oder abgewählt werden. Die Segmentierungsbearbeitung kann zudem über Benutzereingaben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




**HINWEIS:** Für die regionale Analyse sollten die Segmentierung der Dyssynchronie und die Analyse der Ventilebene für alle Schichten und alle Phasen durchgeführt werden.

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

1. Wählen Sie die Kurzachsenreihe, 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 ).

**ABBILDUNG 1. Segmentierungs-Symbolleiste**



5. Klicken Sie auf , um sowohl LV als auch RV automatisch zu segmentieren. Verwenden Sie  nur für LV und  nur für RV.

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

## Segmentierungsgenauigkeit prüfen und Bearbeitung

1. Spielen Sie die Kurzachsenreihen im Filmmodus ab, und prüfen Sie die Genauigkeit der Konturen.
2. Bearbeiten Sie alle ungenauen Konturen.


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

Zur erneuten Zuordnung von ED oder ES klicken Sie auf die Schaltfläche „ED“ oder „ES“ und wählen Sie entweder die linke oder rechte Seite der Matrixzelle aus. Weitere Hinweise finden Sie unter [Matrix-Ansicht auf Seite 75](#).





**HINWEIS:** Die Phasenzuordnungen von ED und ES werden durch die Segmentierung bestimmt. Das größte berechnete Volumen wird ED und das kleinste berechnete Volumen wird ES zugeordnet.

3. Überprüfen Sie die Platzierung des inferioren RV-Einführungspunktes auf jeder Schicht. Bei Bedarf für jede Schicht anpassen.
4. Prüfen Sie den Matrix-Modus und bestätigen Sie die ED- und ES-Zuordnungen.

**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.	LV rau, RV glatt.	LV glatt, RV rau.	Endokardiale und epikardiale Konturen anzeigen.	Endokardiale Konturen anzeigen.	Sehnenfäden anzeigen.

**Tabelle 2: Automatische Segmentierung\* – Übertragungstypen**









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

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

**Tabelle 3: Segmentierungsanzeige**

	
Rechter Ventrikel	Linker Ventrikel

## Automatische Segmentierung für alle Schichten in einer Einzelphase durchführen



1. Wählen Sie die Kurzachsenreihe, und stellen Sie Fenster/Ebene ein.
2. Klicken Sie auf **Ventricles** .
3. Klicken Sie auf  .
4. Wählen Sie entweder den Glättungsmodus  oder den Rau-Modus  aus der Segmentierungs-Symboleiste aus.
5. Wählen Sie  aus, um die Ergebnisse der Myokardmasse zu generieren.
6. Prüfen Sie die Kurzachsenbilder und wählen Sie die enddiastolische Phase aus.
7. Wählen Sie  für alle Schichten in einer Einzelphase aus.
8. Klicken Sie auf  , um sowohl LV als auch RV automatisch zu segmentieren. Verwenden Sie  nur für LV und  nur für RV.
9. Überprüfen Sie die Bilder der kurzen Achse und wählen Sie die end-systolische Phase aus. Wiederholen Sie Schritt 9, um zu segmentieren.

## Segmentierungsgenauigkeit/-bearbeitung prüfen

1. Spielen Sie die Kurzachsenreihen im Filmmodus ab, und prüfen Sie die Genauigkeit der Konturen.
2. Bearbeiten Sie alle ungenauen Konturen.
3. Prüfen Sie die Matrix 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 Workflow der Analyse verläuft normalerweise von der Herzbasis zur Herzspitze.

1. Wählen Sie  aus.
2. Wählen Sie in der Bildansicht die entsprechende Kurzachsenreihe aus.
3. Klicken Sie auf **Ventricles** .
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. Mit , der linken und rechten Pfeiltaste, dem Mausrad oder durch Auswahl der Miniaturansicht können Sie zur nächsten Schicht wechseln.
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 prüfen und Bearbeitung

1. Spielen Sie die Kurzachsenreihen im Filmmodus ab, und prüfen Sie die Genauigkeit der Konturen.
2. Bearbeiten Sie alle ungenauen Konturen.
3. Prüfen Sie die Matrix 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 Kurzachsenreihen 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

Um die Interpolation für die Basalschnitte durchzuführen, identifizieren Sie entweder den Mitral- oder den Trikuspidalklappenannulus in einer Langachsenansicht.

**HINWEIS:** Die automatische Basalinterpolation ist ausgeschaltet, es sei denn, die Optionen **MK und TK Annulus anwenden** und **Basallinieninterpolation anwenden** sind in den Präferenz-Einstellungen aktiviert.  
Wählen Sie **Werkzeuge > Präferenz-Einstellungen > System bearbeiten**. (nur für Administratoren)

1. Zur basalen Interpolation des linken Ventrikels wählen Sie eine 2-Kammern-Ansicht im Querweismodus 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:** Die 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.



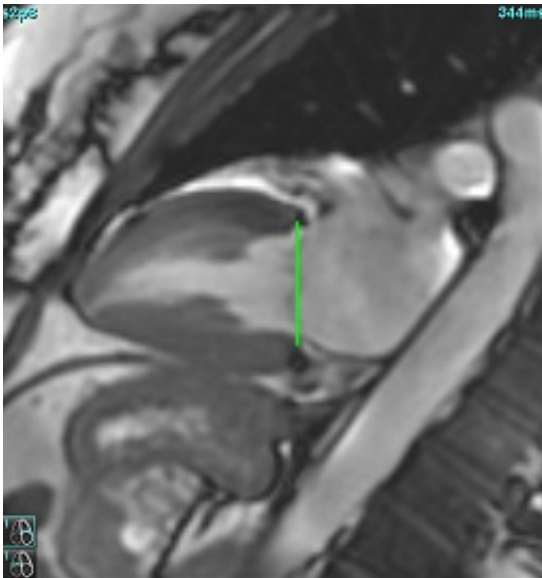
**HINWEIS:** Machen Sie die Reihe der MK- oder TK-Annulus-Positionierung durch Klicken auf  oder  unten links im Ansichtsfenster ausfindig.

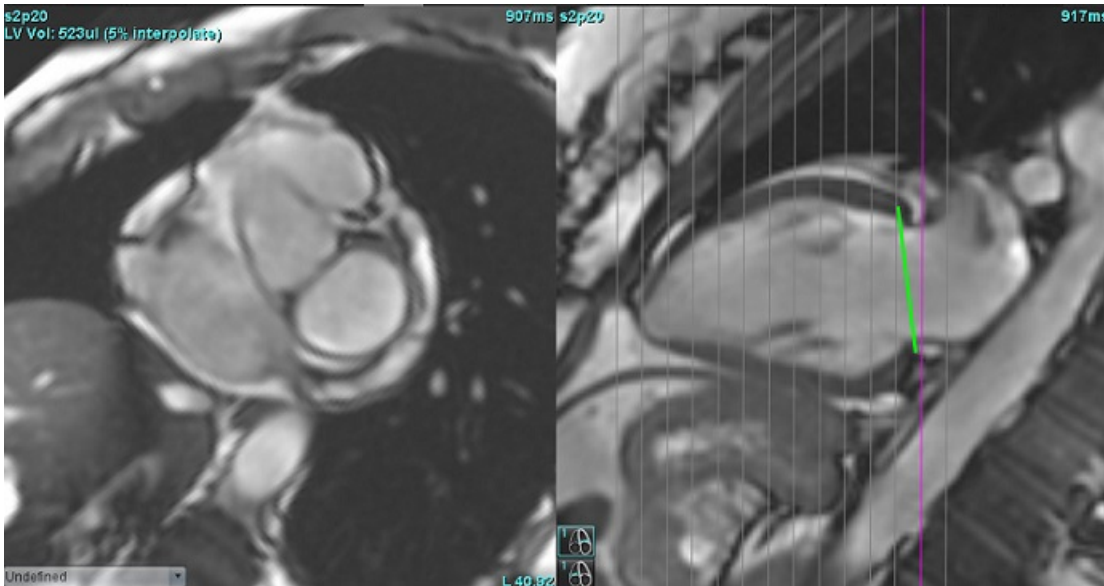
ABBILDUNG 2. MK-Annulus




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

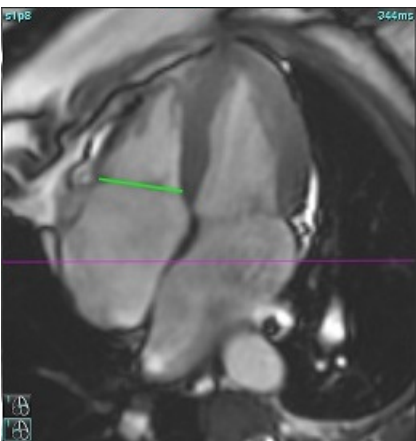
Wie in Abbildung 3 dargestellt basiert die interpolierte Volumenberechnung auf der Beziehung des Linienschnittpunkts mit der Schicht (rosa Linie). Dieses Volumen ist jetzt in den Volumenergebnissen enthalten. Der eigentliche Untersuchungsbereich wird nicht angezeigt. Für interpolierte Schichten wird 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 endsystolischen 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 in der Matrixansicht.
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 Langachsenreihen 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 Reihenauswahl und Linienplatzierung. Wenn die Platzierung nicht korrekt ist, klicken Sie mit der rechten Maustaste auf die Linie und löschen Sie diese.

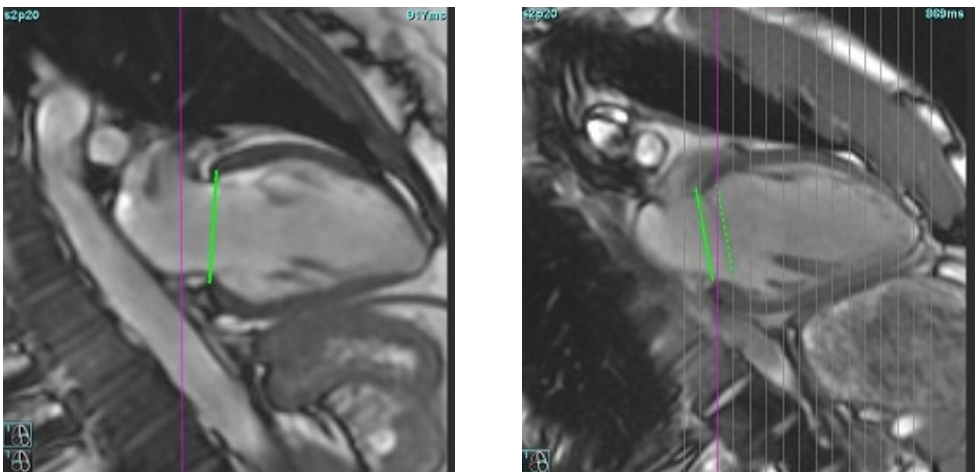
## Bewegungskorrektur zwischen Reihen

Die Bewegungskorrektur zwischen Reihen 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 Reihen** 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 Mitte 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 > Präferenz-Einstellungen > System bearbeiten. (nur für Administratoren)** Wählen Sie unter „Funktion“ **Bewegungskorrektur zwischen Reihen** 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)**



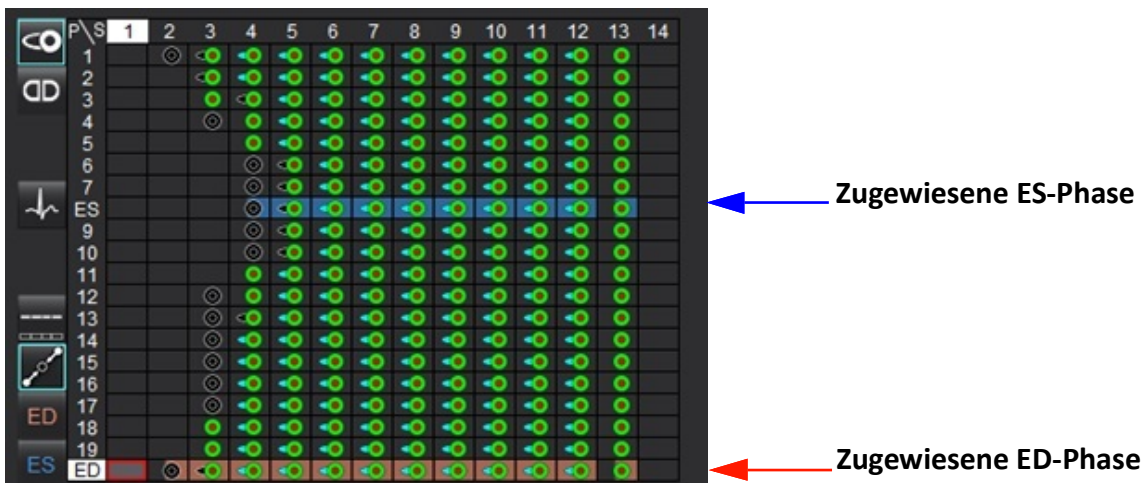
5. Abbildung 5 (rechts) zeigt eine Lücke zwischen der durchgehenden und der gestrichelten Annulus-Linie.
  6. Die durchgehende Linie stellt die Annulus-Ebene dar, die auf dem Langachsenbild gezeichnet wird. Die gestrichelte Linie stellt die übersetzte Annulus-Ebene basierend auf der Position der basalsten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

## Matrix-Ansicht

HINWEIS: Die x-(Schicht)- und y-(Phase)- Achse können getauscht werden. Wählen Sie **Werkzeuge > Präferenz-Einstellungen > Bearbeiten** aus. Wählen Sie unter Funktion **X- (Schicht) und Y- (Phase) Achse für den Matrixmodus spiegeln**. Wenn die Präferenz-Einstellung geändert wird, sollte die Anwendung neu gestartet werden.

Die Matrix wird zur Überprüfung und Zuordnung der endsystolischen und enddiastolischen Phasen und zur Navigation zwischen Phasen und Schichten verwendet. Zugewiesene ED- und ES-Phasen werden als einfarbige Blöcke in Rot für ED oder Blau für ES angezeigt (siehe Abbildung 6).

**ABBILDUNG 6. Matrix-Ansicht für LV und RV**



## Ventrikuläre Zuordnung

Die Zuordnung ED (Abbildung 7) oder ES (Abbildung 8) für den linken Ventrikel erfolgt durch Auswahl der rechten Seite einer einzelnen Matrixzelle.

ABBILDUNG 7.



ABBILDUNG 8.



Die Zuordnung ED (Abbildung 9) oder ES (Abbildung 10) für den rechten Ventrikel erfolgt durch Auswahl der linken Seite einer einzelnen Matrixzelle.

ABBILDUNG 9.



ABBILDUNG 10.



## Atriale Zuordnung

Die Zuordnung ED (Abbildung 11) oder ES (Abbildung 12) für das linke Atrium erfolgt durch Auswahl der rechten Seite einer einzelnen Matrixzelle.

ABBILDUNG 11.



ABBILDUNG 12.



Die Zuordnung ED (Abbildung 13) oder ES (Abbildung 14) für das rechte Atrium erfolgt durch Auswahl der linken Seite einer einzelnen Matrixzelle.

ABBILDUNG 13.



ABBILDUNG 14.



## Matrix-Funktionalität

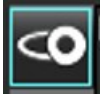
Das Löschen von Konturen kann durch Auswahl einer Phase oder Schichtreihe oder einer einzelnen Matrixzelle und Klicken mit der rechten Maustaste erfolgen.

Eine Interpolation ist an den nicht gefärbten Indikatoren zu erkennen. Die Interpolation kann unter folgenden Bedingungen angewendet werden:

- Wenn die gleiche Herzphase in mehreren Schichten entweder für die Endsystole oder die Enddiastole gezeichnet wird und dabei eine Schicht ausgelassen wurde.
- Wenn die gleiche Herzphase über Schichten für die Endsystole oder die Enddiastole gezeichnet und/oder dabei eine Schicht ausgelassen wird, kann die basale Interpolation angewendet werden.

**HINWEIS:** Um die Schichtinterpolation anzuwenden, wählen Sie Werkzeuge > Präferenz-Einstellungen > Bearbeiten. Markieren Sie **Anwenden der mittelventrikulären Interpolation.**

## Anzeige-Optionen



Anzeige LV/RV-Matrix

Anzeige RA/LA-Matrix

## Auswahl

Ein Herzschlag pro Schicht		Analysemodus für Erfassungen ohne mehrere Herzschläge.
Mehrere Herzschläge pro Schicht		Analysemodus für die Erfassung mehrerer Herzschläge.
Globaler ED/ES		Bei Auswahl von „Global“ basiert das kombinierte Volumen auf den ED- und ES-Zuordnungen, die dieselbe Phase haben.
Einzelner ED/ES		Bei Auswahl von „Einzel“ 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. Die basale Interpolation wird in diesem Modus nicht unterstützt.
Basale Interpolation		Wählen Sie „Ein“ der „Aus“. Wird direkt in der Volumenkurve angezeigt.
ED		Klicken Sie direkt auf die linke Seite der Matrixzelle für das RV oder die rechte Seite der Zelle für das LV, um die enddiastolische Phase zuzuweisen.  Klicken Sie direkt auf die linke Seite der Matrixzelle für das RA oder die rechte Seite der Zelle für das LA, um die enddiastolische Phase zuzuweisen.
ES		Klicken Sie direkt auf die linke Seite der Matrixzelle für den RV oder die rechte Seite der Zelle für den LV, um die enddiastolische Phase zuzuweisen.  Klicken Sie direkt auf die linke Seite der Matrixzelle für den RA oder die rechte Seite der Zelle für den LA, um die enddiastolische Phase zuzuweisen.
Max.		Auswahl für maximales Atriumvolumen*
Min.		Auswahl für minimales Atriumvolumen*

\*Siehe den Hinweis unter [Vorhöfe auf Seite 84](#).





## Kammer-Indikatoren

### Ventrikuläre Segmentierungsindikatoren

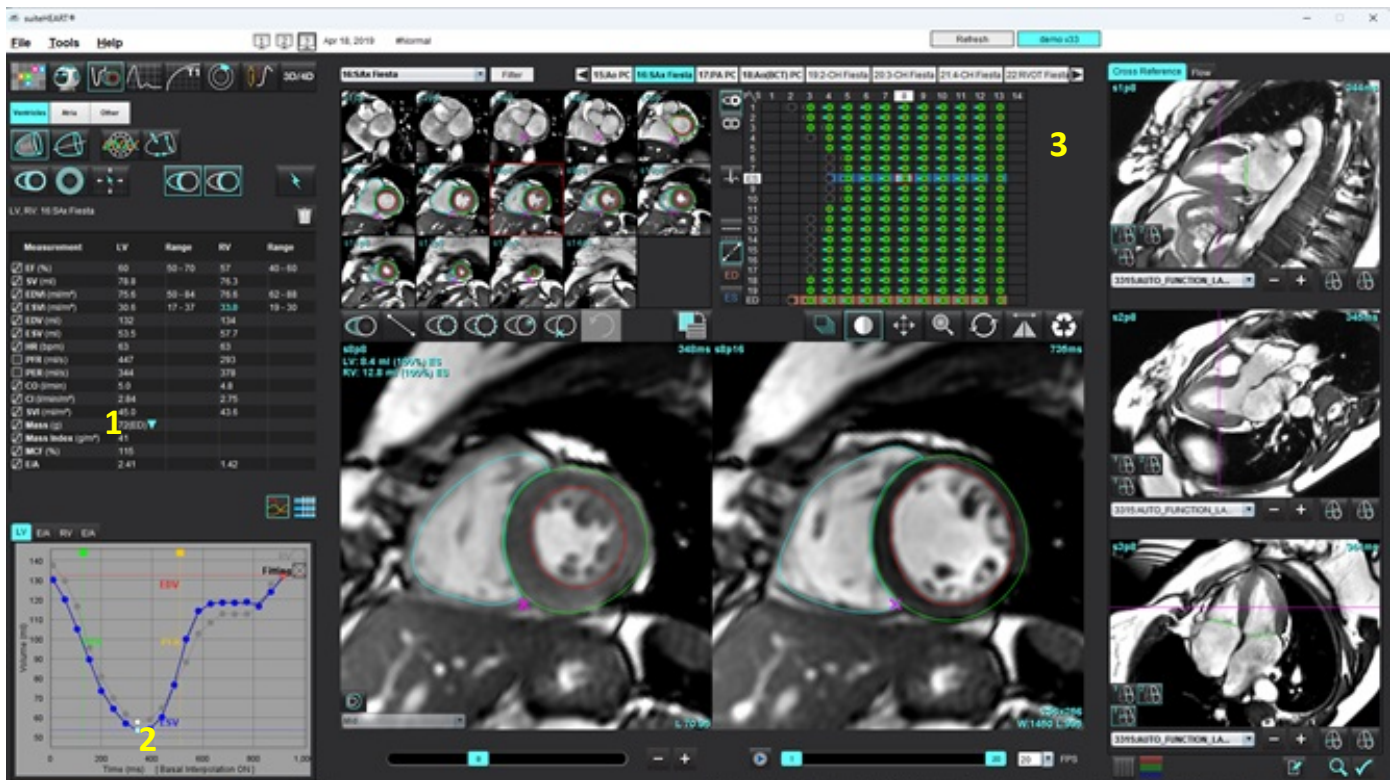
			
LV-Endokard	LV-Epikard	RV-Endokard	RV-Epikard

### Vorhofsegmentierungsindikatoren

	
RA-Endokard	LA-Endokard

## Ergebnisse der ventrikulären Funktionsanalyse

ABBILDUNG 15. Ergebnisse der ventrikulären Auto-Segmentierung



1. Volumetrische Ergebnisse, 2. Volumenkurve, 3. Matrix



## 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 15). Mit der rechten Maustaste klicken, um die Volumenkurve im Befund einzuschließen.

- Der rote Kreis zeigt das enddiastolische Stadium an (im Bildansichtsfenster mit ED gekennzeichnet).
  - Klicken und ziehen Sie den roten Kreis, um ED erneut zuzuordnen.
- Der blaue Kreis zeigt das endsystolische Stadium an (auf dem Bildansichtsfenster mit ES gekennzeichnet).
  - Klicken und ziehen Sie den blauen Kreis, um ES erneut zuzuordnen.
- Der grüne Cursor gibt die Spitzenauswurfrate (Peak Ejection Rate – PER) in ml/s an (interaktiver vertikaler Cursor).
- Der gelbe Cursor gibt die Spitzenfüllrate (Peak Filling Rate – PFR) in ml/s an (interaktiver vertikaler Cursor).
- Die entsprechende Bildphase wird durch die weiße Markierung auf der Volumenkurve angezeigt.
- Zur Anzeige der E/A-Kurve klicken Sie auf die Registerkarte für LV E/A oder RV E/A.

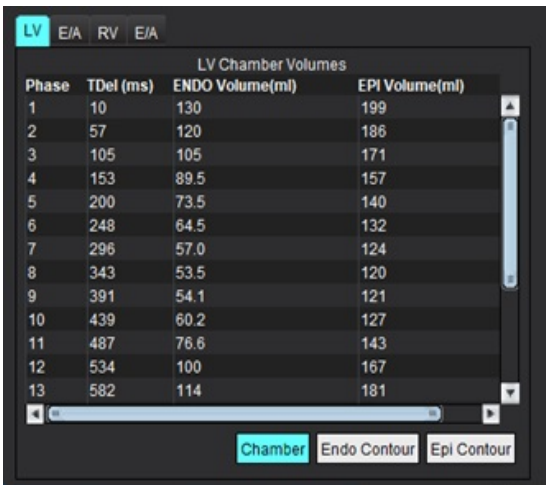
Die volumetrischen Ergebnisse werden in der Messergebnistabelle angezeigt.

- 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.
- Die aus der Phasenliste ausgewählte Phase wird im Befund angeführt. Der Standard ist ED.

**ABBILDUNG 16. Massenergebnisse**

Measurement	LV	Range	RV	Range
<input checked="" type="checkbox"/> EF (%)	60	50 - 70	57	40 - 60
<input checked="" type="checkbox"/> SV (ml)	78.8		76.3	
<input checked="" type="checkbox"/> EDVI (ml/m <sup>2</sup> )	75.6	50 - 84	76.6	62 - 88
<input checked="" type="checkbox"/> ESVI (ml/m <sup>2</sup> )	30.6	17 - 37	33.0	19 - 30
<input checked="" type="checkbox"/> EDV (ml)	132		134	
<input checked="" type="checkbox"/> ESV (ml)	53.5		57.7	
<input checked="" type="checkbox"/> HR (bpm)	63		63	
<input type="checkbox"/> PFR (ml/s)	447		293	
<input type="checkbox"/> PER (ml/s)	344		378	
<input checked="" type="checkbox"/> CO (l/min)	5.0		4.8	
<input checked="" type="checkbox"/> CI (l/min/m <sup>2</sup> )	2.84		2.75	
<input checked="" type="checkbox"/> SVI (ml/m <sup>2</sup> )	45.0		43.6	
<input checked="" type="checkbox"/> Mass (g)	72(ED)	72(ED)		
<input checked="" type="checkbox"/> Mass Index (g/m <sup>2</sup> )	41	69(ES)		
<input checked="" type="checkbox"/> MCF (%)	115	72(p1)		
<input checked="" type="checkbox"/> E/A	2.41	70(p2)	1.42	
		69(p3)		
		71(p4)		
		70(p5)		

ABBILDUNG 17. Tabelle Kammervolumen



Phase	TDel (ms)	ENDO Volume(ml)	EPI Volume(ml)
1	10	130	199
2	57	120	186
3	105	105	171
4	153	89.5	157
5	200	73.5	140
6	248	64.5	132
7	296	57.0	124
8	343	53.5	120
9	391	54.1	121
10	439	60.2	127
11	487	76.6	143
12	534	100	167
13	582	114	181


Die Volumina von LV und RV werden in der Tabelle Kammervolumen angezeigt.

## Linksventrikuläre regionale Analyse

Die linksventrikuläre regionale 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 70](#)).
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.




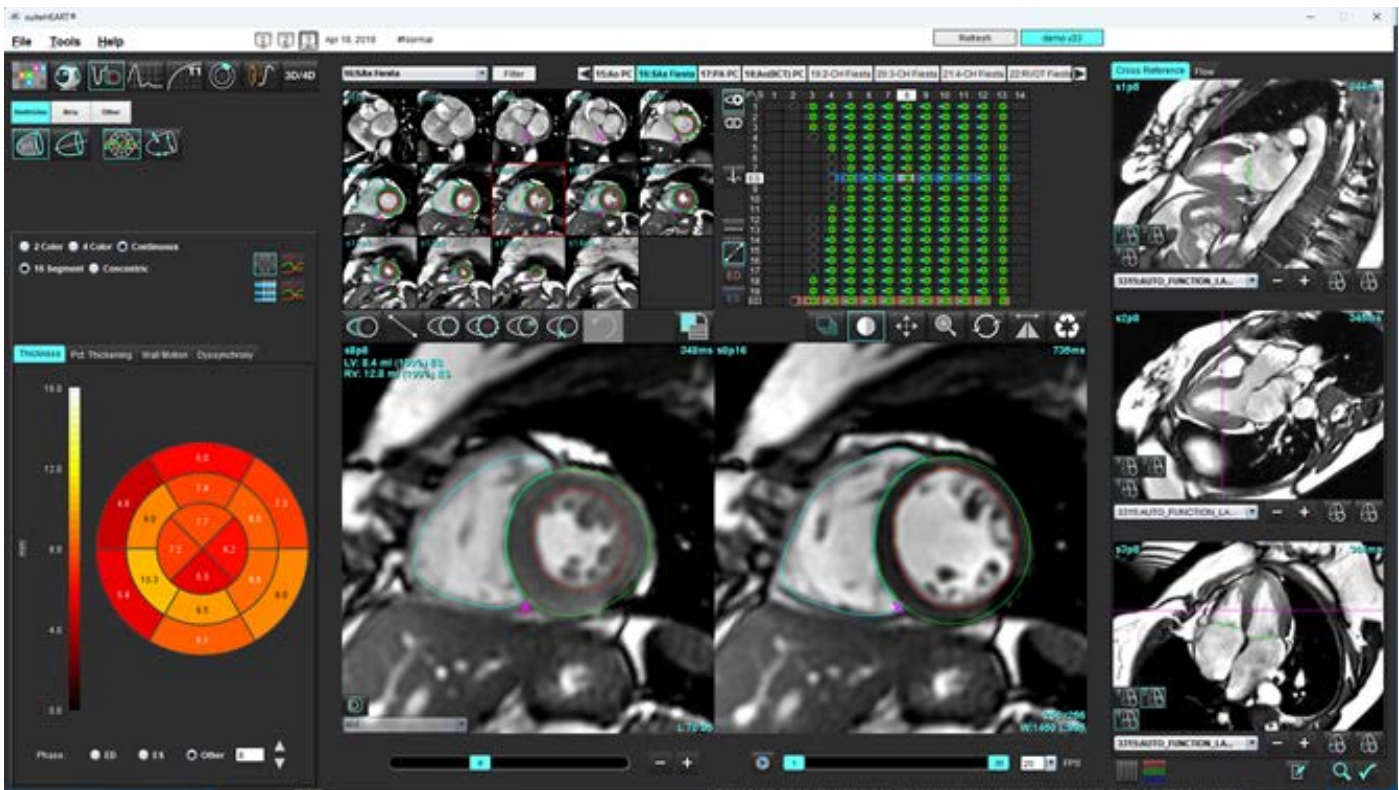
5. Klicken Sie auf „Regionale Analyse“ . Stärke, prozentuale Verdickung und Wandbewegung werden in einer grafischen Darstellung oder im Tabellenformat angezeigt.

ABBILDUNG 18. 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.

### Verfahren zur Dyssynchronie-Analyse


1. Führen Sie eine automatische LV-Segmentierung durch (siehe [Automatische Segmentierung für alle Schichten in einer Einzelpase durchführen auf Seite 70.](#)).
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 19).

ABBILDUNG 19. Globale Ergebnisberechnung

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"/>
S13	0.76	<input checked="" type="checkbox"/>

## Empfohlene Literatur

Bilchick et al, „Cardiac Magnetic Resonance Assessment of Dyssynchrony and Myocardial Scar Predicts Function Class Improvement Following Cardiac Resynchronization Therapy“, JACC, Vol.1:No 5: 2008 S. 561-8

Helm RH, Leclercq C, Faris OP, Ozturk C, McVeigh E, Lardo AC, Kass DA. Cardiac dyssynchrony analysis using circumferential versus longitudinal strain: implications for assessing cardiac resynchronization. Circulation. 2005 May 31;111(21):2760-7. doi: 10.1161/CIRCULATIONAHA.104.508457. Epub 2005 May 23. PMID: 15911694; PMCID: PMC2396330.

## Automatische Langachsen-Segmentierung

1. Wählen Sie  aus.




2. Wählen Sie eine Langachsenreihe aus.

**HINWEIS:** Wurde eine Vorverarbeitung durchgeführt, so wird die AUTO\_FUNCTION\_LAX-Reihe für die Analyse verwendet. Wenn andere Ansichten der langen Achse bevorzugt werden, kann eine neue Reihe im Viewer erstellt werden.




**HINWEIS:** Die Anzahl der Phasen muss für alle Ansichten der langen Achse übereinstimmen. Wenn sie nicht übereinstimmen, wird nur der 4-Kammer segmentiert.

3. Wählen Sie  aus.

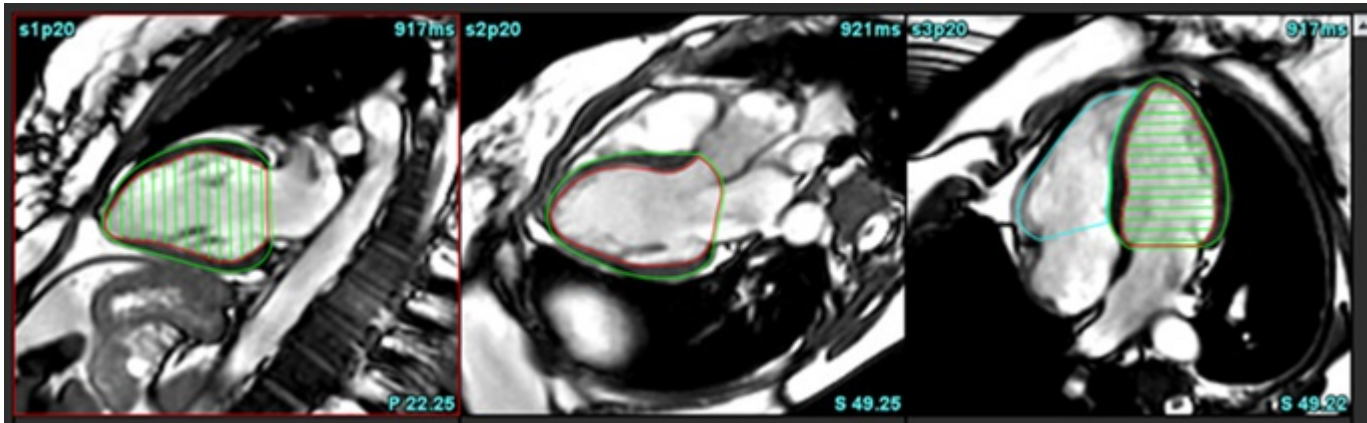
4. Wählen Sie  aus, um alle Schichten und alle Phasen zu übertragen.

5. Klicken Sie auf , um sowohl LV als auch RV automatisch zu segmentieren. Verwenden Sie  nur für LV und  nur für RV.

**HINWEIS:** Lautstärkeergebnisse werden nur von der 2-Kammer- und der 4-Kammer-Version erzielt. Die Segmentierung für 3-Kanal-NV und 4-Kammer-RV wird für die Strain-Analyse verwendet (nur für Forschungszwecke). Die Fractional Area Change (FAC) wird aus dem 4-Kammer-RV ermittelt.

6. Prüfen Sie alle Kurven.
7. Zum manuellen Zeichnen klicken Sie sowohl für die Enddiastole als auch die Endsystole auf , um das linksventrikuläre Endokard nachzuzeichnen bzw. auf , um das rechtsventrikuläre Endokard nachzuzeichnen.
8. Zur Berechnung der Masse wird das Epikard des linken Ventrikels nachgezeichnet .

#### ABBILDUNG 20. Langachsige Segmentierung



Die Ergebnisse werden in der Messergebnistabelle angezeigt.

**HINWEIS:** Die Mittellinie wird nur angezeigt, wenn der Algorithmus die Ringlinie nicht finden kann.


# Vorhöfe

**HINWEIS:** Die Standardmessungsbezeichnungen für Vorhofvoluminen sind EDV, was sich auf das maximale Vorhofvolumen bezieht, und ESV, was sich auf das minimale Vorhofvolumen bezieht. Um die Bezeichnungen als MaxV und MinV einzustellen, wählen Sie **Werkzeuge > Präferenz-Einstellungen > Bearbeiten** aus. Wählen Sie **Vorhofvolumenbezeichnung: MaxV, MinV unter Funktion**.

## Manuelle LA- und RA-Analyse

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



**HINWEIS:** Zur Erzielung optimaler Ergebnisse wird die Verwendung eines 4-Kammer-Stapels zur Analyse empfohlen. Die 4-Kammer-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. Gehen Sie mit  zur nächsten Schicht, verwenden Sie die Pfeiltasten nach links und rechts, das Mausrad oder klicken Sie auf das Vorschaubild.

4. Wiederholen Sie die Schritte 2 und 3, bis das gesamte Atrium segmentiert ist.

5. Finden Sie die endsystolische Phase.


6. Wiederholen Sie die Schritte 2 und 3 mit der endsystolischen Phase, bis das gesamte Atrium 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.



# Automatische LA- oder RA-Analyse




1. Klicken Sie auf .

2. Wählen Sie eine Langachsenreihe aus.

**HINWEIS:** Wurde eine Vorverarbeitung durchgeführt, so wird die AUTO\_FUNCTION\_LAX-Reihe für die Analyse verwendet. Wenn andere Ansichten der langen Achse bevorzugt werden, kann eine neue Reihe im Viewer erstellt werden.



3. Wählen Sie  aus.

4. Wählen Sie , um alle Schichten und alle Phasen zu übertragen.

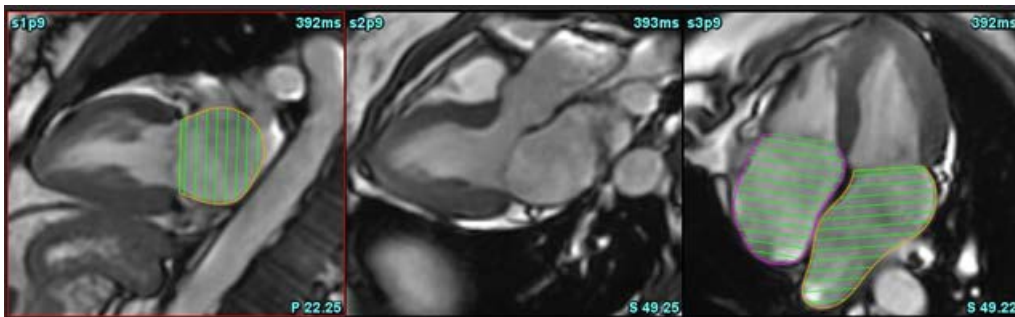
5. Klicken Sie auf , um sowohl LA als auch RA automatisch zu segmentieren. Verwenden Sie  nur für LA und  nur für RA.

6. Prüfen Sie alle Kurven.

**HINWEIS:** Die Mittellinie wird nur angezeigt, wenn der Algorithmus die Ringlinie nicht finden kann.

7. Zum manuellen Abzeichnen klicken Sie auf , um das RA-Endokard abzubilden, und auf , um das LA-Endokard für beide Enden der Diastole und der Systole abzubilden.

**ABBILDUNG 21. Platzierung der Mittellinie**



# Atriale Messungen


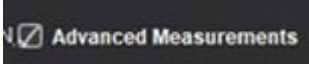
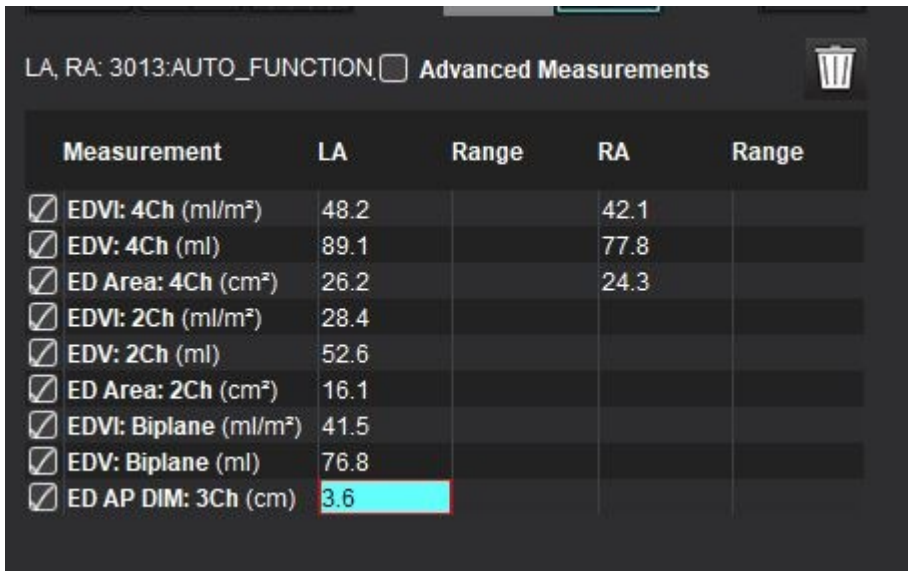
1. Klicken Sie auf .
2. Wählen Sie die entsprechende Reihe aus.
3. Um eine LA-Bemaßung durchzuführen, klicken Sie direkt in der Tabelle in die Spalte für ED AP DIM:3-Kammer und legen dann zwei Punkte ab. Siehe Abbildung 22.
4. Genauere Ergebnisse finden Sie unter .

ABBILDUNG 22. Atriale Messung



Measurement	LA	Range	RA	Range
<input checked="" type="checkbox"/> EDVI: 4Ch (ml/m <sup>2</sup> )	48.2		42.1	
<input checked="" type="checkbox"/> EDV: 4Ch (ml)	89.1		77.8	
<input checked="" type="checkbox"/> ED Area: 4Ch (cm <sup>2</sup> )	26.2		24.3	
<input checked="" type="checkbox"/> EDVI: 2Ch (ml/m <sup>2</sup> )	28.4			
<input checked="" type="checkbox"/> EDV: 2Ch (ml)	52.6			
<input checked="" type="checkbox"/> ED Area: 2Ch (cm <sup>2</sup> )	16.1			
<input checked="" type="checkbox"/> EDVI: Biplane (ml/m <sup>2</sup> )	41.5			
<input checked="" type="checkbox"/> EDV: Biplane (ml)	76.8			
<input checked="" type="checkbox"/> ED AP DIM: 3Ch (cm)	3.6			

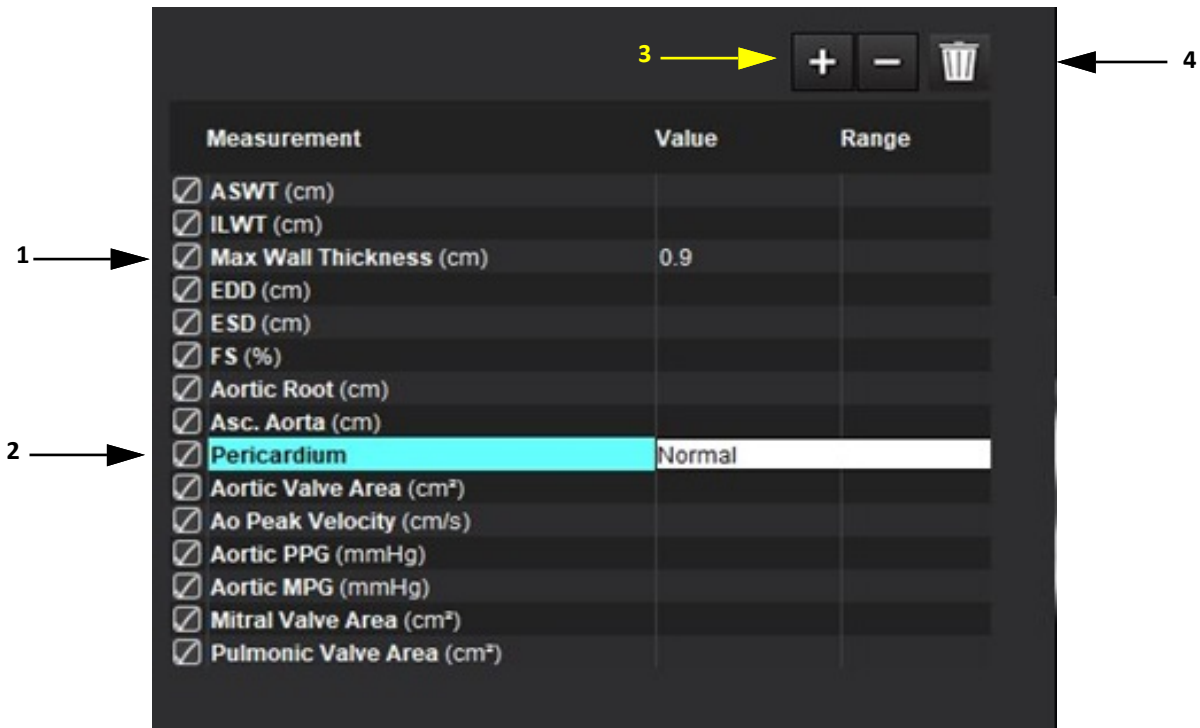
**HINWEIS:** Atriale ED-Bereiche werden automatisch aus der ED-Zuweisung ermittelt. Verwenden Sie die Matrix zum Ändern.



# Benutzerdefinierte Messungen

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

ABBILDUNG 23. Standardmessungen



1. Auto max. Wandstärke, 2. Eingabefeld für Perikard, 3. Benutzerdefinierte Messung hinzufügen/entfernen, 4. Alle Messungen löschen

## Messung durchführen

1. Wählen Sie  aus.

2. Wählen Sie die Reihe aus.

3. Klicken Sie auf die Schaltfläche .

**HINWEIS:** Die maximale Wandstärke wird automatisch gemessen. Klicken Sie direkt auf das Ergebnis, um die Messung zu lokalisieren. Werden Änderungen an Endo oder Epi vorgenommen, wird der Messort aktualisiert.

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.



**ACHTUNG:** Für das Ergebnis ist die präzise Platzierung der Linie von entscheidender Bedeutung. Eine Fehldiagnose kann auftreten, wenn Messungen ungenau sind. Messungen sollten nur von einem entsprechend ausgebildeten und qualifizierten Benutzer durchgeführt 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 Abstandsmessung an eine andere Stelle zu verschieben, setzen Sie den Cursor über die Mittenmarkierung.

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

**HINWEIS:** Benutzerdefinierte Messungen können in den Druckeinstellungen neu sortiert werden. Andere Registerkarte in den Präferenz-Einstellungen, wählen Sie **Werkzeuge > Präferenz-Einstellungen > Bearbeiten** und wählen Sie dann die Registerkarte **Drucken**.


### Löschen von Messungen



Klicken Sie auf , um alle Messungen zu löschen.


### Benutzerdefinierte Messung hinzufügen



1. Klicken Sie auf .
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. Wählen Sie **OK** aus.

### Benutzerdefinierte Messung entfernen



1. Klicken Sie auf .
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 Aortenklappenebene

Die Analysefunktion der Aortenklappenebene ermöglicht die Berechnung der Spitzengeschwindigkeit, des Spitzendruckgradienten und des mittleren Druckgradienten für die Aortenklappe.

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.


## Aortenklappenebene-Analyseverfahren

1. Führen Sie die automatische LV-Segmentierung für alle Schichten in allen Phasen durch (siehe [Seite 70](#)).
2. Wählen Sie eine Reihe aus, die die Anatomie der Klappe zeigt.
3. Wählen Sie „Aortenklappenbereich“ aus der Messtabelle (Abbildung 24) aus und führen Sie eine Planimetrie der Aortenklappe durch, wie in Abbildung 25 gezeigt.

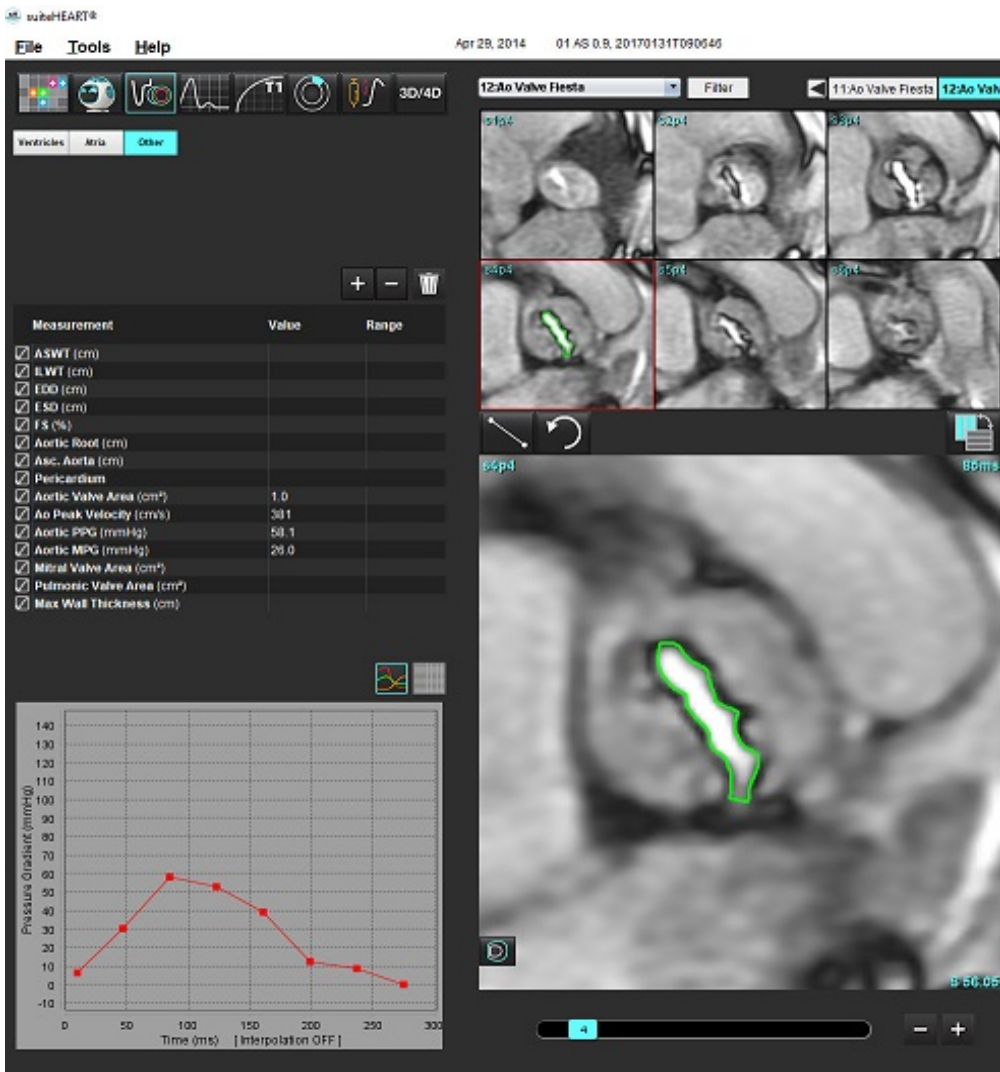
**ABBILDUNG 24. Aortenklappenbereich**

Measurement	Value	Range
<input checked="" type="checkbox"/> ASWT (cm)	0.7	
<input checked="" type="checkbox"/> ILWT (cm)	0.7	
<input checked="" type="checkbox"/> EDD (cm)	4.9	
<input checked="" type="checkbox"/> ESD (cm)	3.1	
<input checked="" type="checkbox"/> FS (%)	36	
<input checked="" type="checkbox"/> Aortic Root (cm)		
<input checked="" type="checkbox"/> Asc. Aorta (cm)		
<input checked="" type="checkbox"/> Pericardium	Normal	
<input checked="" type="checkbox"/> Aortic Valve Area (cm <sup>2</sup> )		
<input checked="" type="checkbox"/> Ao Peak Velocity (cm/s)		

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.

## ABBILDUNG 25. Analyse der Aortenklappenebene



**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 der Spitzengeschwindigkeit, des Spitzendruckgradienten und des mittleren Druckgradienten, die mit der Analyse der Aortenklappenebene ermittelt wurden, sind bei Patienten mit Mitralinsuffizienz oder einem Shunt nicht gültig.

### Empfohlene Literatur

Hakki, A. H. et al. „A Simplified Valve Formula for the Calculation of Stenotic Cardiac Valve Areas.“ *Circulation* 63 (1981): 1050–1055.

Patel, K., Uretsky, S., Penesetti, S. et al. COVA (cardiac output valve area): a reliable method for determining aortic transvalvular pressure gradients that does not use phase contrast imaging. *J Cardiovasc Magn Reson* 16 (Suppl 1), P247 (2014). <https://doi.org/10.1186/1532-429X-16-S1-P247>

## Myokardiale Kontraktionsfraktion

Die myokardiale Kontraktionsfraktion (MCF) erfordert eine vollständige endo- und epi-LV-Segmentierung der kurzen Achse und wird in der Ergebnistabelle der Kurzachsenfunktion angegeben. Es liegt in der Verantwortung des Anwenders, einen eigenen Normbereich für MCF zu bestimmen.

### Empfohlene Literatur

Abdalla M, Akwo EA, Bluemke DA, Lima JAC, Shimbo D, Maurer MS, Bertoni AG. Association between reduced myocardial contraction fraction and cardiovascular disease outcomes: The Multi-Ethnic Study of Atherosclerosis. *Int J Cardiol.* 2019 Oct 15;293:10-16. doi: 10.1016/j.ijcard.2019.07.040. Epub 2019 Jul 11. PMID: 31327521; PMCID: PMC7175692.

Arenja N, Fritz T, Andre F, Riffel JH, Aus dem Siepen F, Ochs M, Paffhausen J, Hegenbart U, Schönland S, Müller-Hennessen M, Giannitsis E, Kristen AV, Katus HA, Friedrich MG, Buss SJ. Myocardial contraction fraction derived from cardiovascular magnetic resonance cine images-reference values and performance in patients with heart failure and left ventricular hypertrophy. *Eur Heart J Cardiovasc Imaging.* 2017 Dec 1;18(12):1414-1422. doi: 10.1093/ehjci/jew324. PMID: 28165128.

Maurer MS, Packer M. How Should Physicians Assess Myocardial Contraction?: Redefining Heart Failure With a Preserved Ejection Fraction. *JACC Cardiovasc Imaging.* 2020 Mar;13(3):873-878. doi: 10.1016/j.jcmg.2019.12.021. PMID: 32139035.

### Geschätzter LVFD (linksventrikulärer Füllungsdruck)

**HINWEIS:** Dieser Parameter gilt nur für bestimmte Arten von Herzinsuffizienz, nicht für hypertrophe Kardiomyopathie oder Mitralinsuffizienz. Es liegt in der Verantwortung des Anwenders, die klinische Interpretation zu bestimmen.

Der geschätzte LVFD erfordert eine vollständige endo- und epi-LV-Segmentierung der kurzen Achse für die linksventrikuläre Masse am Ende der Diastole und das atriale biplane Ergebnis. Das Ergebnis wird in der Funktionsmesstabelle angezeigt. Es liegt in der Verantwortung des Anwenders, die klinische Interpretation zu bestimmen.

$CMR\ PCWP\ (mmHg) = 5,7591 + (0,07505 * LAV) + (0,05289 * LVM) - (1,9927 * Geschlecht)$

Wobei:

geschlecht [weiblich = 0, männlich = 1]

LAV ist das maximale Volumen des linken Vorhofs

LVM ist die linksventrikuläre Masse in der Diastole

### Empfohlene Literatur

Pankaj Garg, Ciaran Grafton-Clarke, Gareth Matthews, Peter Swoboda, Liang Zhong, Nay Aung, Ross Thomson, Samer Alabed, Ahmet Demirkiran, Vassilios S Vassiliou, Andrew J Swift, Sex-specific cardiac magnetic resonance pulmonary capillary wedge pressure, *European Heart Journal Open*, Volume 4, Issue 3, May 2024, oea038, <https://doi.org/10.1093/ehjopen/oea038>

Thomson R. J., Grafton-Clarke C., Matthews G., Swoboda P. P., Swift A. J., Frangi A., Petersen S. E., Aung N., and Garg P. (2024) Risk factors for raised left ventricular filling pressure by cardiovascular magnetic resonance: Prognostic insights, *ESC Heart Failure*, doi: <https://doi.org/10.1002/ehf2.15011>

# MAPSE/TAPSE

Die MAPSE/TAPSE-Analysefunktion ermöglicht die Bewertung der ventrikulären Funktion.

MAPSE verwendet den senkrechten Abstand zwischen dem Mittelpunkt der endsystolischen Mitralringebene und der enddiastolischen Ebene. TAPSE verwendet den senkrechten Abstand der endsystolischen lateralen Trikuspidal-Annularebene zur enddiastolischen Ebene

Die E'-Ergebnisse werden aus der ventrikulären Volumenkurve zusammen mit der Platzierung der Ringlinie in der 4-Kammer-SSFP-Film-Ansicht abgeleitet.

**HINWEIS:** Um MAPSE/TAPSE-Ergebnisse während der Vorverarbeitung zu erhalten, wählen Sie **Werkzeuge > Präferenz-Einstellungen > System bearbeiten. (Nur für Administratoren)** Aktivieren Sie **MK und TK Annulus anwenden** unter Funktion. Um die automatische Basalinterpolation für die Funktion der kurzen Achse anzuwenden, markieren Sie **Basallinieninterpolation anwenden**.

**Tabelle 4: Terminologie**

Parameter	
MAPSE	Systolische Exkursion der Mitralannularebene
TAPSE	Trikuspidale Annularebene Systolische Exkursion
E/A (LV & RV)	Verhältnis zwischen der E-Welle und der A-Welle aus der Ableitung der LV-Volumenkurve (Abbildung 26)
e' Seitlich	Negativste Geschwindigkeit in der Nähe des enddiastolischen Zeitintervalls unter Verwendung des lateralen Endes der Mitralannuluslinie (Abbildung 27)
e' Septal	Die negativste Geschwindigkeit in der Nähe des enddiastolischen Zeitintervalls unter Verwendung des septalen Endes der Mitralannuluslinie (Abbildung 27)
e' Prime Durchschnitt	Durchschnitt von e' Seitlich und e' Septal (Abbildung 27)

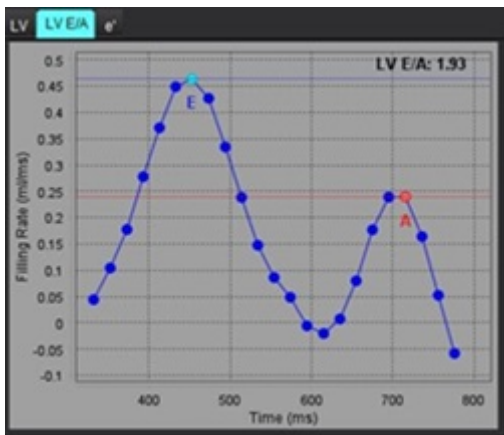
# Analyse-Verfahren

1. Führen Sie die automatische LV-Segmentierung für alle Schichten in allen Phasen für die 4-Kammer-Ansicht durch ([Automatische LV- und RV-Segmentierung auf Seite 68](#)).

**HINWEIS:** Um MAPSE/TAPSE-Ergebnisse automatisch zu erhalten, wählen Sie **Werkzeuge > Präferenz-Einstellungen > System bearbeiten. (Nur für Administratoren)**. Markieren Sie **MK und TK Annulus anwenden** unter Funktion. (siehe [Basale Interpolation auf Seite 72](#))

2. Um die Bezeichnung E (blau) zu ändern, klicken Sie direkt auf den blauen Punkt und gehen Sie zu einem anderen Phasenpunkt im Diagramm. (Abb. 26)
3. Um die Bezeichnung A (rot) zu ändern, klicken Sie direkt auf den roten Punkt und gehen Sie zu einem anderen Phasenpunkt im Diagramm. (Abb. 26)

**ABBILDUNG 26. LV Lange Achse E/A-Kurve**



4. Wählen Sie die Registerkarte e', klicken Sie direkt auf den blauen Punkt für **Seitlich** oder den roten Punkt für **Septal** und ziehen Sie zur gewünschten Phase, um sie ggf. neu zuzuordnen (siehe Abbildung 27).

e' wird als die positivste Geschwindigkeit bezeichnet. Die Werte werden in der Ergebnistabelle der langen Achse angezeigt, wie in Abbildung 28 dargestellt.

**ABBILDUNG 27. e' Kurve**

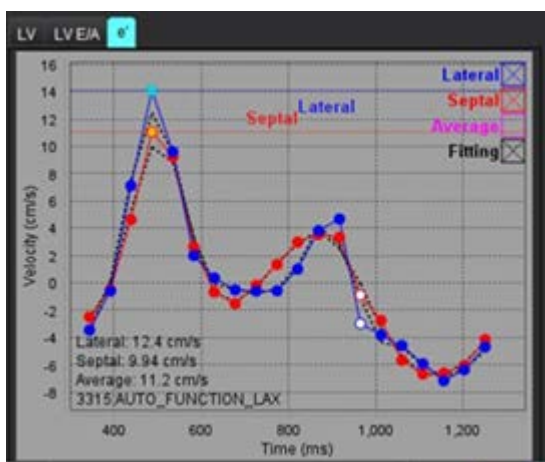


ABBILDUNG 28. Ergebnistabelle für lange Achsen

Measurement	LV	Range	RV	Range
<input type="checkbox"/> E SVI (ml/m <sup>2</sup> )				
<input type="checkbox"/> EDV (ml)	115			
<input type="checkbox"/> ESV (ml)	39.1			
<input type="checkbox"/> HR (bpm)	62		62	
<input type="checkbox"/> PFR (ml/s)	427			
<input type="checkbox"/> PER (ml/s)	328			
<input type="checkbox"/> CO (SV*HR) (l/min)	4.7			
<input type="checkbox"/> SVI (ml/m <sup>2</sup> )				
<input type="checkbox"/> Mass (g)	73(ED) ▼			
<input type="checkbox"/> Mass Index (g/m <sup>2</sup> )				
<input type="checkbox"/> MCF (%)	109			
<input checked="" type="checkbox"/> TAPSE (cm)			2.7	
<input checked="" type="checkbox"/> MAPSE (cm)	1.4			
<input type="checkbox"/> E/A	2.55			
<input checked="" type="checkbox"/> e' Lateral (cm/s)	12.4			
<input checked="" type="checkbox"/> e' Septal (cm/s)	9.94			
<input type="checkbox"/> e' Average (cm/s)	11.2			
<input checked="" type="checkbox"/> FAC (%)			51	

### Empfohlene Literatur

Bulluck, H., Ngamkasem, H., Sado, D. et al. A simple technique to measure TAPSE and MAPSE on CMR and normal values. J Cardiovasc Magn Reson 16 (Suppl 1), P22 (2014). <https://doi.org/10.1186/1532-429X-16-S1-P22>

## Real-Time-Analyse

Erforderliche Bilder: SSFP-Aufnahmen auf der kurzen Achse mit mehreren Herzschlägen pro Schicht ohne kardiales oder respiratorisches Gating.

Es wird empfohlen, jede Schicht so lange abzubilden, dass mindestens ein vollständiger Inspirations-Atmungs-Atmungszyklus abgedeckt wird. Die zeitliche Auflösung sollte ausreichen, um Herzbewegungen sichtbar zu machen.

Die Software erkennt automatisch eine Echtzeit-Mehrherzschlag-Erfassung anhand der Anzahl der Phasen.

**HINWEIS:** Lange Achse, Strain, Dyssynchronie, Analyse der Aortenklappenebene, Basale Interpolation und Autom. Maximale Wanddicke werden für Echtzeitaufnahmen nicht unterstützt.

**HINWEIS:** Regionale Analysen für Pkt. Verdickung und Wandbewegung werden nur für den endsystolischen Bereich unterstützt.



# Analyse-Verfahren

1. Führen Sie die automatische Segmentierung der kurzen Achsen für alle Schichten durch. Alle Phasen finden Sie unter [Seite 68](#).



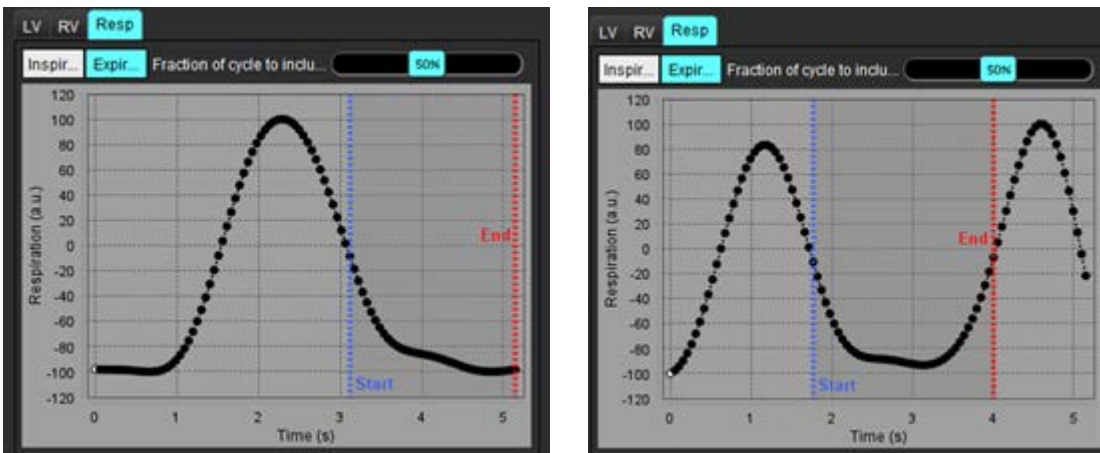
2. Wenn eine Echtzeit-Erfassung erkannt wird, wird die  auf der Matrix angezeigt, wie in Abbildung 29 dargestellt.



ABBILDUNG 29.



3. Überprüfen Sie die Registerkarte „Resp“, eine Analyse der End-Ausatmung wird empfohlen, wie in Abbildung 30 dargestellt.
4. Die Atmungskurve kann für jede Schichtposition überprüft werden, indem die Schicht gewechselt wird. Wenn das Atmungsfenster geändert wird, kann die Zuordnung von ED und ES ebenfalls geändert werden, so dass sie innerhalb dieses neuen Fensters liegen. Durch Klicken und Ziehen an den vertikalen Linien im Diagramm wird das Atmungsfenster nur für die aktuelle Schicht geändert und setzt die globalen Atmungseinstellungen außer Kraft.
5. Der Anteil des Atemzyklus, der einbezogen werden soll, kann für alle Schichten gleichzeitig mit dem Schieberegler geändert werden (Standardwert 50 %), mit Ausnahme der Schichten, die manuell angepasst wurden.

ABBILDUNG 30. Beispiele für Atemkurven aus zwei verschiedenen Schichten

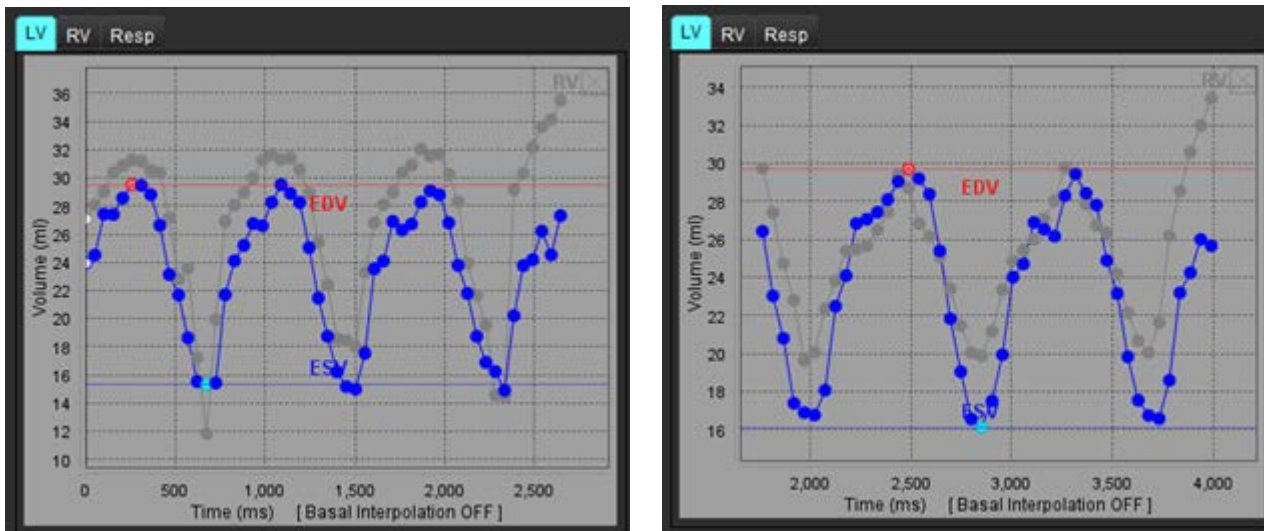


6. In der Matrixansicht werden die verwendeten Grenzwerte angezeigt.  ist der Beginn und der rote Pfeil  das Ende des für die Analyse verwendeten Teils des Atemzyklus.

- Klicken Sie auf die Registerkarte LV oder RV, um die ED- und ES-Zuweisungen für jede Schicht zu überprüfen (Abbildung 31).

Die ED- und ES-Phasen werden für jede Schicht automatisch erkannt. ED- oder ES-Phasenzuordnungen können durch Klicken oder Ziehen des Kreises für ED oder ES geändert werden. (Die RV-Zuordnung basiert auf den LV-Phasenzuordnungen)

**ABBILDUNG 31. Beispiele für LV-Volumenkurven aus zwei verschiedenen Schichten. Roter Punkt = ED; blauer Punkt = ES**



**HINWEIS:** Jeder kurze Achsenschnitt hat seine eigene Volumenkurve, die überprüft werden muss.

- Zur Berechnung des Herzzeitvolumens geben Sie die Herzfrequenz ein und klicken dann direkt auf die Ergebnistabelle.

### Empfohlene Literatur

Chen C, Chandrasekaran P, Liu Y, Simonetti OP, Tong M, Ahmad R. Ensuring respiratory phase consistency to improve cardiac function quantification in real-time CMR. *Magn Reson Med*. 2022 Mar;87(3):1595-1604. doi: 10.1002/mrm.29064. Epub 2021 Oct 31. PMID: 34719067; PMCID: PMC8776600.

# Flow-Analyse

Der Flow-Analyse-Modus unterstützt sowohl 2D- als auch 4D-Flusserfassungen. Sowohl manuelle als auch vollautomatische Segmentierung mit Quantifizierung von Flussvolumen, Geschwindigkeit, Regurgitationsvolumen, Druckgradient, Druckhalbzeit 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 Flow-Ergebnisse 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-Flow-Analyse durchgeführt wurden, sind alle Ergebnisse im Flow-Analyse-Modus verfügbar.

Die Vorverarbeitungsfunktion unterstützt die Identifizierung von Gefäßtypen für den 2D-Phasenkontrast, wie in Tabelle 1 aufgeführt, sowie die automatische Aliasing-Erkennung und -Korrektur. Siehe suiteDXT-Bedienungsanleitung.



**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
- Automatische Aliasing-Korrektur und -Erkennung

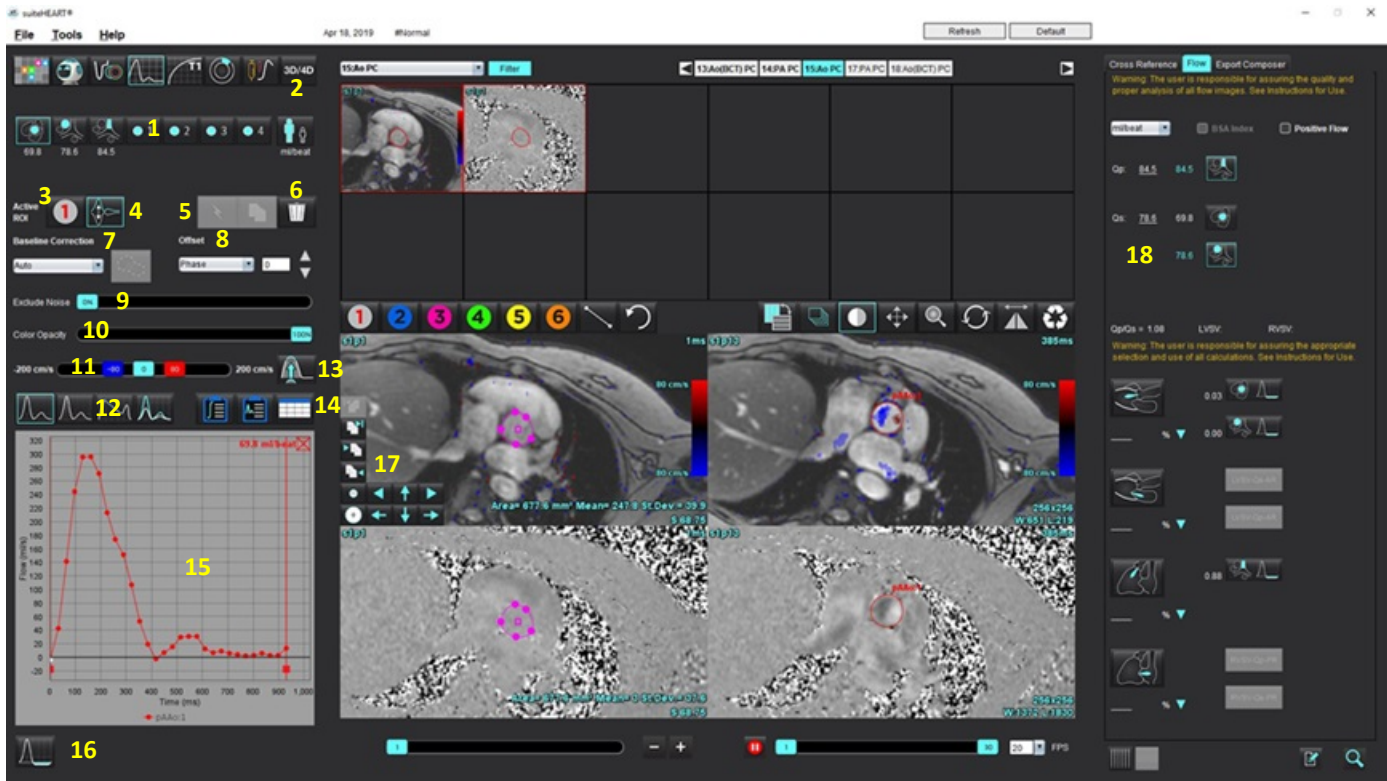


**WARNUNG:** Der Benutzer ist für die genaue Positionierung und korrekte Kategoriezuordnung aller Untersuchungsbereiche (ROIs) verantwortlich, einschließlich solcher Untersuchungsbereiche, die anhand automatischer Segmentierungsalgorithmen erzeugt oder modifiziert wurden. Die von der Software erzeugten 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. Flow-Analyse-Benutzeroberfläche: Übersicht



1. Gefäßkategorien, 2. Auswahl Erwachsene/Kinder, 3. Auswahl aktiver Untersuchungsbereich, 4. Graphen invertieren,
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. Automatisches Aliasing,
14. Ergebnistabellen-Auswahloptionen, 15. Kurvenergebnis/Anzeige, 16. Regurgitationsmodus, 17. Bearbeitungswerkzeuge, 18. Integrierte Analyse

**HINWEIS:** Die Flow-Analyse 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 Flow-Ergebnis in der Kurvenanzeige abgerufen werden.

# Flow-Analyse mithilfe der automatischen Segmentierung

Wurde die Vorbearbeitung basierend auf der 2D-Phasenkontrastreihe in der Studie abgeschlossen, wird die Segmentierung automatisch an der 2D-Phasenkontrastreihe 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 Reihe zur Anzeige dieses Gefäßes aus. Wird keine Vorbearbeitung 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 Untersuchungsbereiche (Regions of Interest, ROI) verantwortlich, einschließlich solcher, die durch Vorbearbeitung erzeugt wurden.









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

**HINWEIS:** Das Netto-Flow-Ergebnis 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 > Präferenz-Einstellungen > System bearbeiten (nur für Administratoren)** und setzen Sie die Flow-Einheit unter Flow 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	Obere Hohlvene (Kinder)
	MPA	Hauptlungenarterie

**Tabelle 1: Gefäßkategorien**

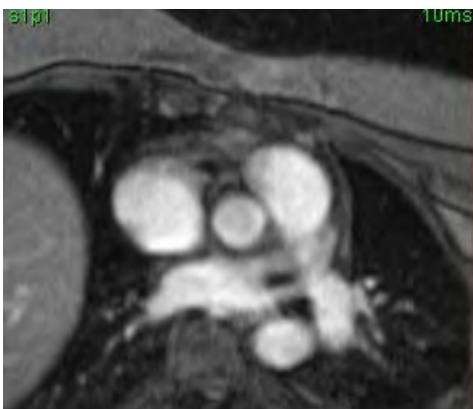
Gefäßkategorie	QuickInfo	Bezeichnung
	RPA	Rechte Lungenarterie (Kinder)
	LPA	Linke Lungenarterie (Kinder)
	IVC	Inferiore Vena Cava (Kinder)
	dDAo	Distale Aorta descendens (Kinder)
   	<p>Fluss 1, Fluss 2</p> <p>Fluss 3, Fluss 4</p>	Benutzerdefinierte Kategorien. Klicken Sie mit der rechten Maustaste 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 geeignete Phasenkontrastreihe aus, die die proximale aufsteigende Aorta zeigt, wie in Abbildung 2 dargestellt.

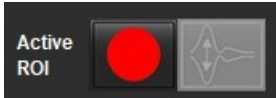
**ABBILDUNG 2. Proximale Aorta ascendens**








4. Wählen Sie die Farbe der aktiven ROI, wie in Abbildung 3 gezeigt.

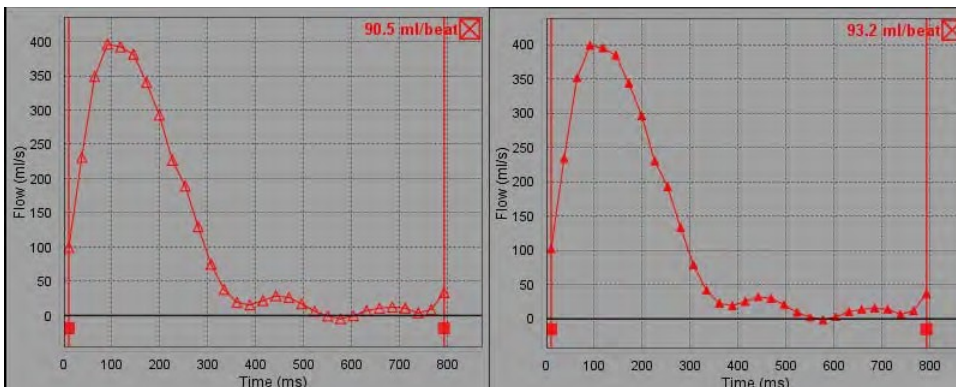
### ABBILDUNG 3. Auswahl des aktiven Untersuchungsbereichs



Es sind 6 aktive Untersuchungsbereiche verfügbar, die mit 1 bis 6 nummeriert sind. Die Farbkodierung ist in der Analysenansicht und in den Bilder-Ansichtsfenstern 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 [Bearbeiten von Konturen auf Seite 102](#).
10. Die Flow-Ergebnisse werden in der Grafik und in den Ergebnistabellen angezeigt. Klicken Sie auf das Kontrollkästchen neben dem Flow-Ergebnis, um die entsprechende Kurve aus der Grafik zu entfernen.
11. Wählen Sie die Option „Grundlinienkorrektur“ aus dem Datei-Pulldown-Menü aus.  
Kurven mit angewandter Grundlinienkorrektur zeigen feste Phasen-Datenpunkte (siehe Abbildung 4). Weitere Hinweise finden Sie unter [Optionen für die Grundlinienkorrektur auf Seite 104](#).

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



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

## Gefäßkategorie verschieben

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

Klicken Sie mit der linken Maustaste auf die Kontur, klicken Sie mit der rechten Maustaste und lassen Sie die Taste wieder los, positionieren Sie dann den Cursor über dem Gefäßtyp und wählen Sie die entsprechende Gefäßkategorie aus (siehe Abbildung 5). (Kategorien für Kinder werden dargestellt.) Das Flow-Ergebnis wird jetzt in dieser Kategorie angezeigt.

**ABBILDUNG 5. Auswahl zum Verschieben der Gefäßkategorie**








## Bearbeiten von Konturen


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 Ansichtsfenster-Bearbeitungswerkzeuge wie in Tabelle 3 beschrieben.



**Tabelle 2: Kontextmenü-Optionen**

Werkzeug	Beschreibung
	Einzelnen ROI in der aktuellen Phase löschen
	Alle ROIs in allen Phasen löschen
	Bearbeitungswerkzeug-Auswahl
	Auswahl des Ziehwerkzeugs
 Aktuelle Gefäßkategorie wird angezeigt.	Flow-Ergebnisse 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: Ansichtsfenster-Bearbeitungswerkzeuge**










Werkzeug	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: Ansichtsfenster-Bearbeitungswerkzeuge

Werkzeug	Beschreibung
	Untersuchungsbereich in die nächste Phase kopieren
	Untersuchungsbereich verkleinern
	Untersuchungsbereich vergrößern
	Zu vorheriger und nächster Phase navigieren
	Untersuchungsbereich nach rechts oder links verschieben
	Untersuchungsbereich 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.

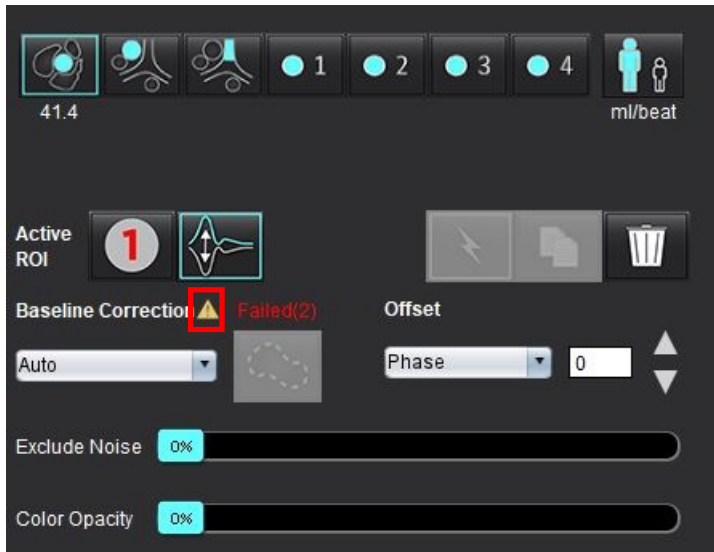
**HINWEIS:** Beim Erstellen einer 2D-Vergrößerungs- und Phasenreihe mithilfe des 3D-/4D-Flow-Viewers erstellt die Anwendung eine nicht korrigierte Reihe und eine zweite Reihe, auf die die Phasenfehlerkorrektur angewendet wurde. Wenden Sie die automatische Grundlinienkorrektur nicht aus dem Grundlinienkorrektur-Pulldown-Menü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

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

**HINWEIS:** Die automatische Grundlinienkorrektur wird automatisch für 2D und 4D angewendet, wenn die **automatische Grundlinienkorrektur** in den Präferenz-Einstellungen aktiviert ist. (nur für Administratoren)

- Die Korrektur wird mit den aktualisierten Ergebnissen durchgeführt, die direkt in der Flussgrafik angezeigt werden.
- Reihen mit einer fehlgeschlagenen Einpassungsanalyse sind an einem Warnsymbol erkennbar (siehe Abbildung 6).

**ABBILDUNG 6. Fehlgeschlagene Grundlinienkorrektur**



**Fehlertypen:**

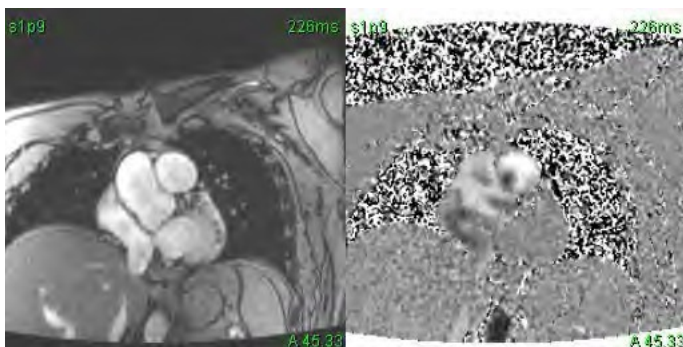
- Überfaltung im Bild
- Rauschen im Bild
- Bild ist ungenügend

**HINWEIS:** Eine im Bild vorhandene Phasenüberfaltung verursacht ungenaue Flow-Ergebnisse (siehe Abbildung 7). 2D-Film-Phasenkontrastbilder, die für Flow-Analysen 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-Erfassung zur Berechnung dieses Fehlers verwendet werden.


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

1. Generieren Sie eine Flusskurve unter Verwendung einer entsprechenden Phasenkontrastreihe.
2. Wählen Sie die entsprechende Phantomreihe 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 entsprechenden Phasenkontrastreihe.
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: Versatzoptionen

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

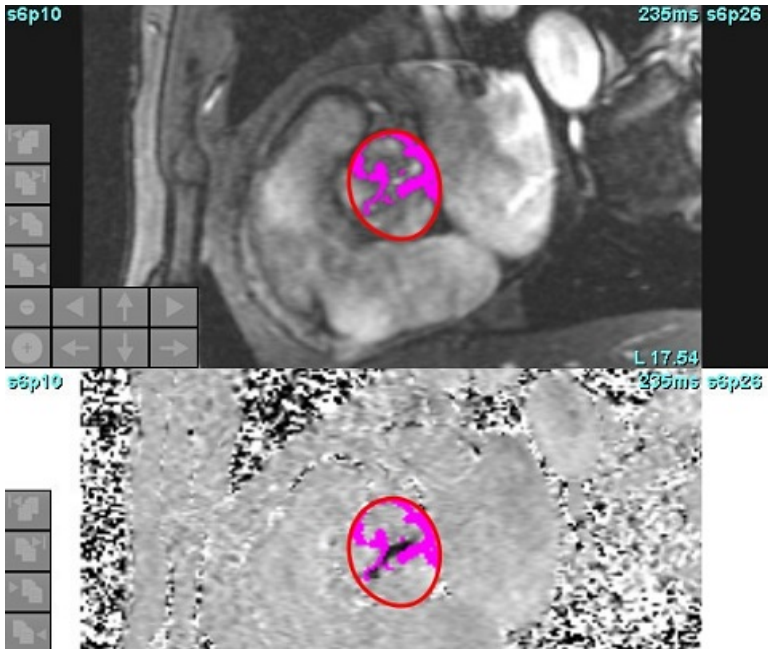
## Ausschließen von Rauschpixeln

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. Stellen Sie den Geschwindigkeitsbereich ein, indem Sie die blauen oder roten Markierungen wie in Abbildung 11 gezeigt setzen. Wählen Sie **Werkzeuge > Präferenz-Einstellungen > Bearbeiten** auf der allgemeinen Registerkarte unter Ablauf, um die Farbdeckkraft anzupassen. Um die Farbüberlagerung zu entfernen, stellen Sie die Opazität auf 0 % ein.

ABBILDUNG 11. Farbüberlagerungs-Bedienelemente



# Autom. Geschwindigkeits-Aliasing-Korrektur

Die Aliasing-Korrektur kann durchgeführt werden, ohne dass ein Untersuchungsbereich im Bild vorhanden ist. Wenn in der Reihe mehr als eine Schichtposition vorhanden ist, wirkt sich die automatische oder manuelle Einstellung auf alle Schichtpositionen aus. Wenn Sie eine manuelle Korrektur durchführen, um eine einzelne Schichtposition in einem Stapel zu ändern, verwenden Sie die Strg- oder Alt-Taste auf der Tastatur, wenn Sie die Schiebereglersteuerung ändern.

**ABBILDUNG 12. Manuelle Berichtigung**



**HINWEIS:** Die manuelle Korrektur kann mit dem Schieberegler durchgeführt werden. Bei der automatischen Einstellung ist die manuelle Korrektur deaktiviert.

## Konfigurieren der automatischen Aliasing-Erkennung/Korrektur

**HINWEIS:** Der Benutzer ist dafür verantwortlich, das Phasenbild visuell zu überprüfen, um die Aliasing-Korrektur zu bestätigen. Es kann vorkommen, dass Rauschpixel entlang des Randes eines Gefäßes erkannt werden, die kein echtes Aliasing darstellen.

**HINWEIS:** Es kann vorkommen, dass Aliasing nicht korrigiert werden kann, weshalb die Erfassung mit einer höheren VENC erfolgen sollte.

Wenn während der Vorverarbeitung oder der automatischen Segmentierung Aliasing erkannt wird, wird dies durch ein gelbes Dreieck angezeigt (siehe Abbildung 13).

1. Wählen Sie **Werkzeuge > Präferenz-Einstellungen > System bearbeiten. (nur für Administratoren)**

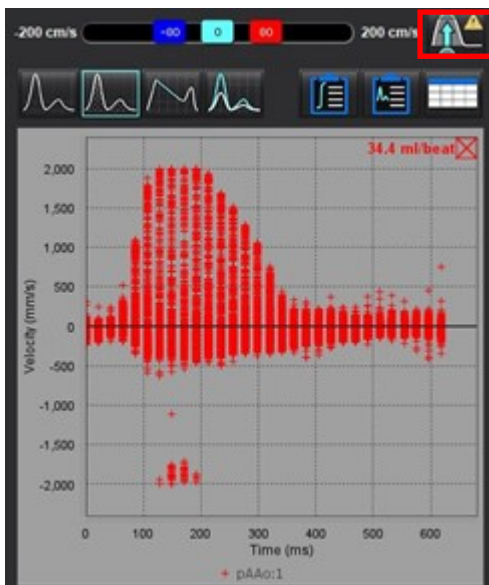
2. Aktivieren Sie unter „Flow“ die Option **Aliasing automatisch erkannt**.

Nach der Vorverarbeitung wird jede 2D-Phasenkontrastreihe und jeder 4D-Flow auf Aliasing untersucht.

Wenn Aliasing erkannt wird, wird dies durch ein gelbes Dreieck angezeigt:



**ABBILDUNG 13. Aliasing erkannt (einzelnes gelbes Dreieck)**



3. Wählen Sie **Werkzeuge > Präferenz-Einstellungen > System bearbeiten. (nur für Administratoren)**

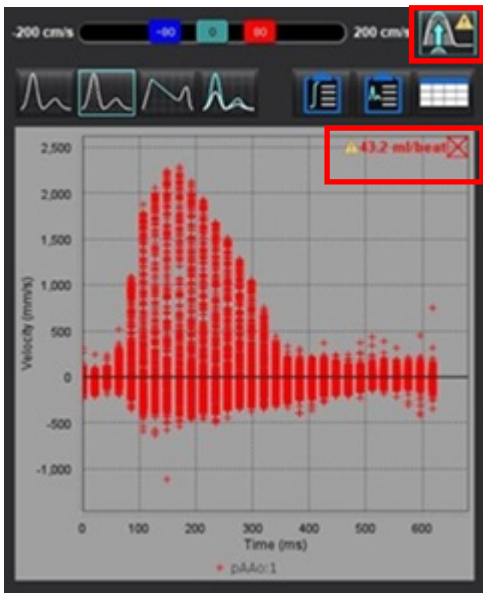
4. Aktivieren Sie unter „Flow“ die Option **Aliasing-Korrektur standardmäßig aktiviert.**


Bei der Vorverarbeitung werden die erkannten Aliasing-Effekte automatisch korrigiert.


Wenn eine Korrektur vorgenommen wurde, wird ein gelbes Dreieck neben dem Flow-Ergebnis angezeigt.



**ABBILDUNG 14.** Aliasing wurde erkannt und korrigiert (gelbes Dreieck mit Flow-Ergebnis und hervorgehobenem Symbol)



**HINWEIS:** Wenn die Korrektur-Präferenz-Einstellung nicht aktiviert ist, klicken Sie auf , um die Korrektur

anzuwenden. Ist das Symbol ausgewählt, wird es durch den blauen Umriss hervorgehoben. .


### Empfohlene Literatur

[Phase unwrapping in 4D MR flow with a 4D single-step laplacian algorithm - Loecher - 2016 - Journal of Magnetic Resonance Imaging - Wiley Online Library.](#)



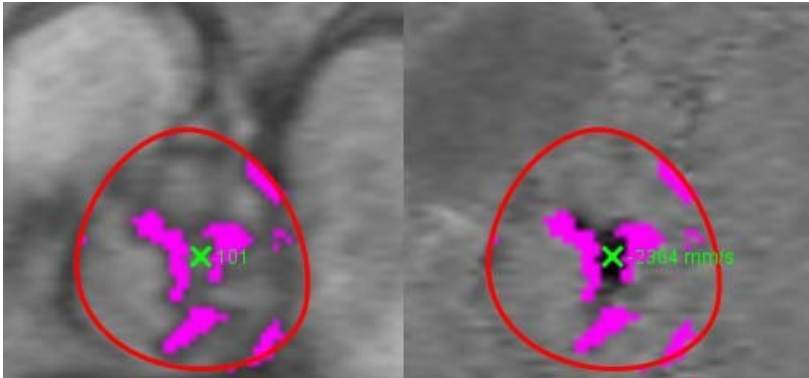
# Benutzerdefinierte Spitzengeschwindigkeit

1. Wählen Sie die entsprechende Phase des Herzzyklus aus.

2. Verwenden Sie , um den Cursor auf dem Phasenbild zu positionieren.






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

ABBILDUNG 15. Pixel-Flussgeschwindigkeit



## Kurvenmodus-Auswahloptionen


Tabelle 5: Auswahl der Kurvenmodelle

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 Netto-Flow-Ergebnis 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 (MVA) zu berechnen.
	Vergleichen	Ermöglicht die Anzeige von Kurven aus zwei verschiedenen Kategorien.
	Regurgitation	Berechnet den Nettowert des negativen Flusses (unter der X-Achse).



## Histogramm-Modus

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

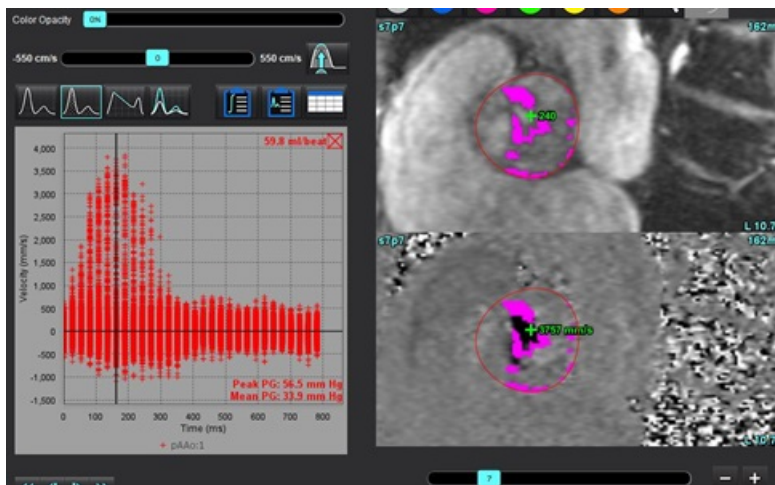
1. Generieren Sie eine Flusskurve unter Verwendung einer entsprechenden Phasenkontrastreihe.
2. Wählen Sie  aus.
3. Klicken Sie direkt auf die Grafik, um den Fadenkreuz-Cursor auf dem Phasenbild zu aktivieren, der die entsprechende Position des Pixels angibt.
4. Verwenden Sie die Doppelpfeil-Bedienelemente im unteren Grafikbereich, um den höchsten oder niedrigsten Geschwindigkeitswert zu lokalisieren (Abbildung 16).
5. Verwenden Sie die Einzelpfeile, um die Geschwindigkeitswerte einzeln zu durchlaufen (siehe Abbildung 16).

**HINWEIS:** Im Histogramm-Modus ist die Funktion für das Lokalisieren von Reihen 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 16. Histogramm-Modus**



## Druckhalbzeit

Die Druckhalbzeit (PHT) 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 entsprechenden Phasenkontrastreihe 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 den Endpunkt, um die Steilheit der Kurve zu berechnen (siehe Abbildung 17).
6. Um die Berechnung zurückzusetzen, platzieren Sie den Cursor auf einen Endpunkt, klicken mit der rechten Maustaste und wählen den Papierkorb aus.

**ABBILDUNG 17. 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 Reihen beim direkten Klicken auf die Flusskurve deaktiviert. Wechseln Sie in den Flussmodus, um diese Funktion zu aktivieren.




## Empfohlene Literatur

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

# Flow-Ergebnisse anzeigen

Wählen Sie eine der folgenden Optionen aus, um Flow-Ergebnisse 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 <a href="#">Integrierte Analyse auf Seite 115</a> .
	Flow-Analyse	Zusammenfassung der Ergebnisse pro Flusskurve.
	Datentabelle	Führt detaillierte Flussparameter für jede Phase pro Flusskurve auf.


## Kategorie ändern Bezeichnung für Flow

Nur die Bezeichnungen für die Kategorien von Flow 1 - Flow 4 können geändert werden.

ABBILDUNG 18. Flow 1 - Flow 4

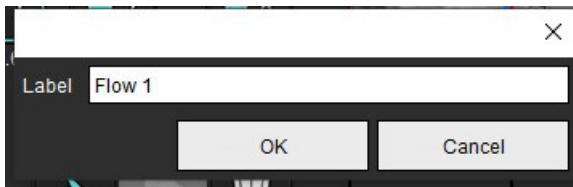


### Bezeichnung ändern

1. Klicken Sie mit der rechten Maustaste auf  (wie in Abbildung 18 dargestellt).
2. Geben Sie die neue Bezeichnung ein (Abbildung 19).
3. Die neuen Bezeichnungen werden als QuickInfo angezeigt.

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

## ABBILDUNG 19. Kategoriebezeichnung bearbeiten



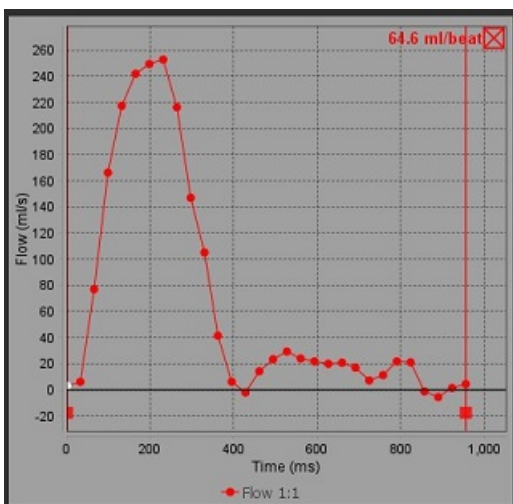
**HINWEIS:** Durch Ändern der Bezeichnungen der Flusskategorien wird die Bezeichnung der Flussüberschrift für den Befund geändert.

## Kurvenlegenden bearbeiten

1. Klicken Sie mit der rechten Maustaste auf Flow 1:1 am unteren Rand des Flow-Diagramms (Abbildung 20).

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

## ABBILDUNG 20. Kurvenlegenden bearbeiten



2. Geben Sie die neue Bezeichnung ein.

## ABBILDUNG 21. 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-Regurgitationsvoluminen 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-Regurgitationsvoluminen sowie Regurgitationsfraktionen verantwortlich.



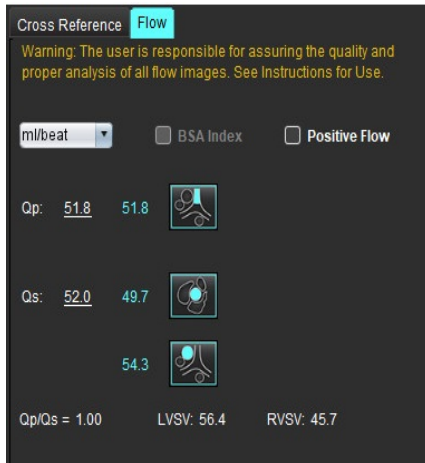
**WARNUNG:** Evtl. sind manche oder alle Methoden je nach Patientenpathologie nicht angemessen. Der Anwender ist dafür verantwortlich, zu bestimmen, welche Methode ggf. für die Interpretation gültig ist.



**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 > Präferenz-Einstellungen > Bearbeiten“ aus dem Datei-Pulldown-Menü festlegen. Die Standardmethoden-Auswahloptionen lauten: Keine, Alle oder Letzte.

## Übersicht über die integrierte Analyse (Erwachsene dargestellt)

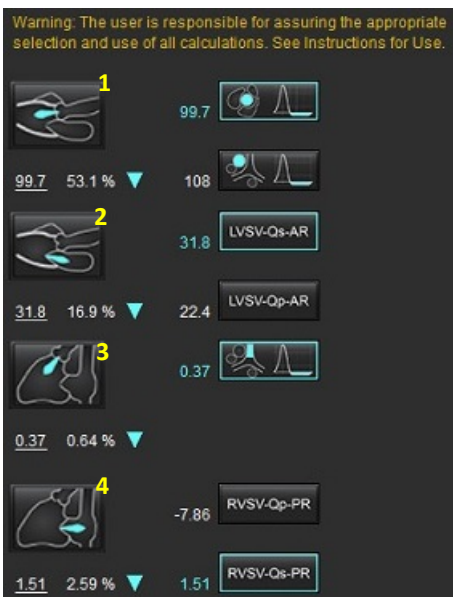


- Auswahl der Einheit (ml/Herzschlag oder l/min)
- Auswahl „Index an KÖF“ (Größe und Gewicht müssen auf der Benutzeroberfläche für Befunderstellung eingegeben werden)
- Auswahl positiver Flow-Ergebnisse

### 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.



Die 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.

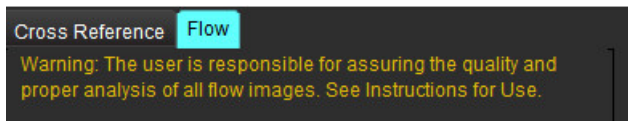
**HINWEIS:** Für Qp oder Qs kann der Wert mit einer einzelnen oder einer Kombination der in der Tabelle beschriebenen Auswahloptionen abgerufen werden.


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

**Qp/Qs berechnen**

- Um die Funktion Integrierte Analyse zu verwenden, wählen Sie oben rechts FLOW, wie in Abbildung 22 gezeigt.




**ABBILDUNG 22. Registerkarte Flow**



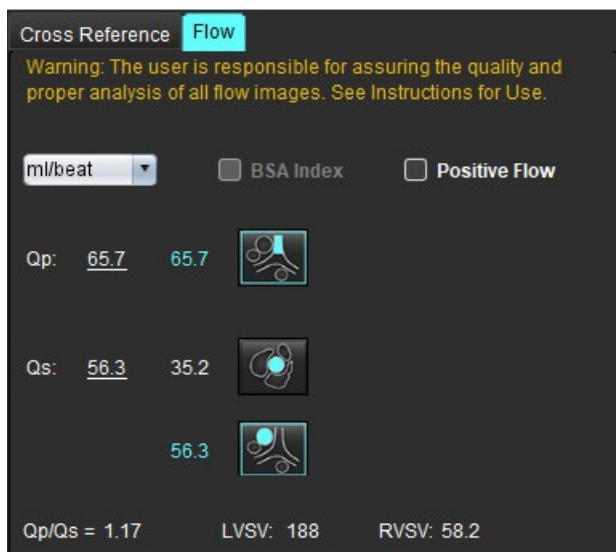
2. Vor der Verwendung der integrierten Analyse bestätigen Sie alle Gefäßzuordnungen und die Präzision der Konturen in allen Kategorien.
  - Befindet sich das segmentierte Gefäß in der falschen Kategorie, klicken Sie mit der rechten Maustaste und verschieben Sie es in die korrekte Kategorie.
  - Ist das 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 100](#).



**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 unter Abbildung 23 dargestellt berechnet.

**ABBILDUNG 23. Qp/Qs-Ergebnisse (für Erwachsene dargestellt)**





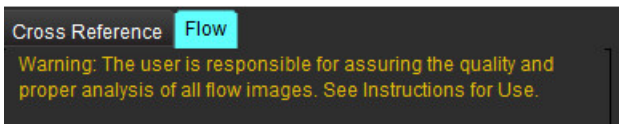
**Tabelle 8: Berechnungsmethoden für das Regurgitationsvolumen**

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

**Regurgitationsvolumen und Regurgitationsfraktion (RF%) berechnen**


- Um die Funktion Integrierte Analyse zu verwenden, wählen Sie oben rechts FLOW, wie in Abbildung 24 gezeigt.

**ABBILDUNG 24. Registerkarte Flow**



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 100](#).



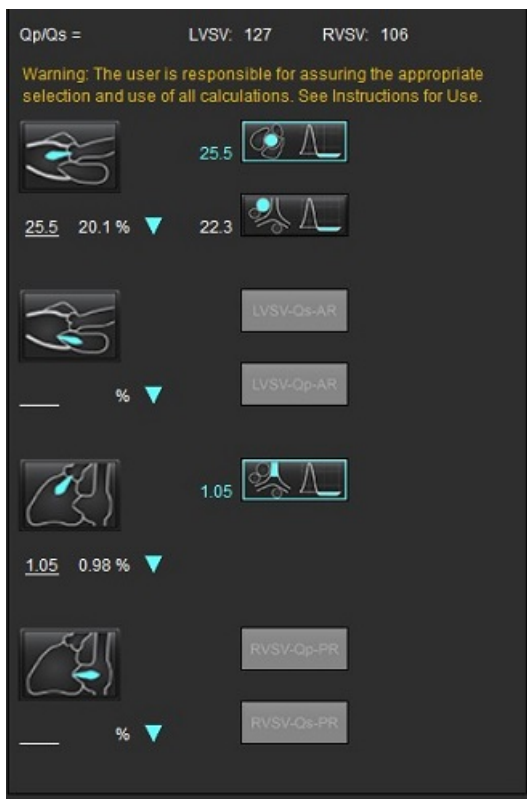
**WARNUNG:** Der Benutzer ist für die genaue Positionierung und korrekte Kategoriezuordnung aller Untersuchungsbereiche (Regions of Interest, ROI) verantwortlich, einschließlich solcher, die durch Vorbearbeitung erzeugt wurden.

3. Wählen Sie den Berechnungsmodus aus. Wie in Abbildung 25 dargestellt, werden die aortale Regurgitation

und Regurgitationsfraktion durch Auswählen von  und die Lungengefäß-Regurgitation und -

Regurgitationsfraktion durch Auswählen von  berechnet.

**ABBILDUNG 25. Methodenauswahl für aortale und Lungengefäß-Regurgitation (für Erwachsene dargestellt)**



- Das Regurgitant-Volumen und der RF% werden wie in Abbildung 26 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 den ursprünglichen Wert wiederherzustellen, löschen Sie einfach das Feld und drücken Sie die Eingabetaste auf der Tastatur, wie in Abbildung 26 gezeigt.

**ABBILDUNG 26. RF-Nenner**



- Falls mehr als eine Berechnungsmethode ausgewählt wird, wird der Durchschnitt der Werte für das Regurgitationsvolumen-Ergebnis gebildet.
- Für die Berechnung der mitralen Regurgitation und RF% müssen Qp, Qs und eine aortale Regurgitationsmethode ausgewählt sein (siehe Abbildung 27).
- Für die Berechnung der Trikuspidalklappen-Regurgitation und RF% müssen Qp, Qs und eine Lungengefäß-Regurgitationsmethode ausgewählt sein (siehe Abbildung 27).
- Jedes negative Ergebnis wird als ungültig betrachtet und mit einem gelben Dreieck gekennzeichnet (siehe Abbildung 27).

ABBILDUNG 27. Methoden-Auswahloptionen (für Erwachsene angezeigt)

Cross Reference **Flow**

Warning: The user is responsible for assuring the quality and proper analysis of all flow images. See Instructions for Use.

milbeat  BSA Index  Positive Flow

Cp: 51.8 51.8 

Qs: 52.0 49.7 

54.3 

Qp/Qs = 1.00 LSVV: 56.4 RVSV: 45.7

Warning: The user is responsible for assuring the appropriate selection and use of all calculations. See Instructions for Use.

 1.29 

1.29 2.29% ▼ 0.80 

 3.13 **LSVV-Qs-AR**

3.13 5.55% ▼ 3.31 **LSVV-Qp-AR**

 0.00 

0.00 0.00% ▼

 -6.13 **RVSV-Qp-PR**

-6.13 -13.4% ▼ -6.31 **RVSV-Qs-PR**

## 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 28. 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.

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



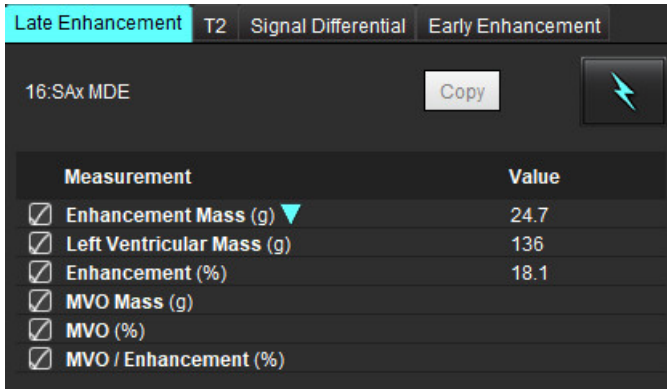
**WARNUNG:** Nach der Vorbereitung ist der Benutzer dafür verantwortlich, die Genauigkeit der gesamten Analyse zu beurteilen und ggf. erforderliche Korrekturen vorzunehmen. Eine umfassende Überprüfung sollte Folgendes umfassen:


- 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



16:SAx MDE Copy 

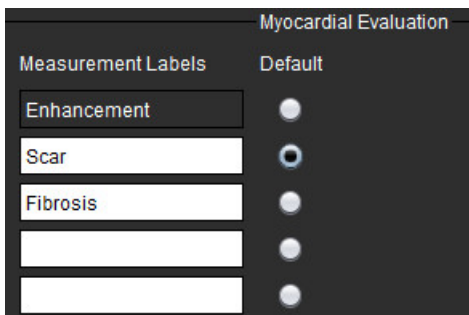
Measurement	Value
<input checked="" type="checkbox"/> Enhancement Mass (g) ▼	24.7
<input checked="" type="checkbox"/> Left Ventricular Mass (g)	136
<input checked="" type="checkbox"/> Enhancement (%)	18.1
<input checked="" type="checkbox"/> MVO Mass (g)	
<input checked="" type="checkbox"/> MVO (%)	
<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 > Präferenz-Einstellungen > System bearbeiten. (nur für Administratoren)**
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

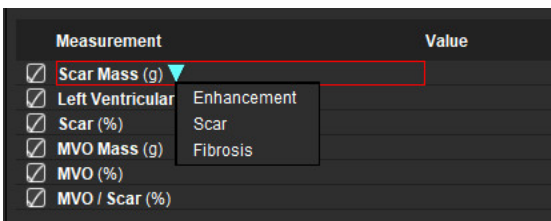


Myocardial Evaluation

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



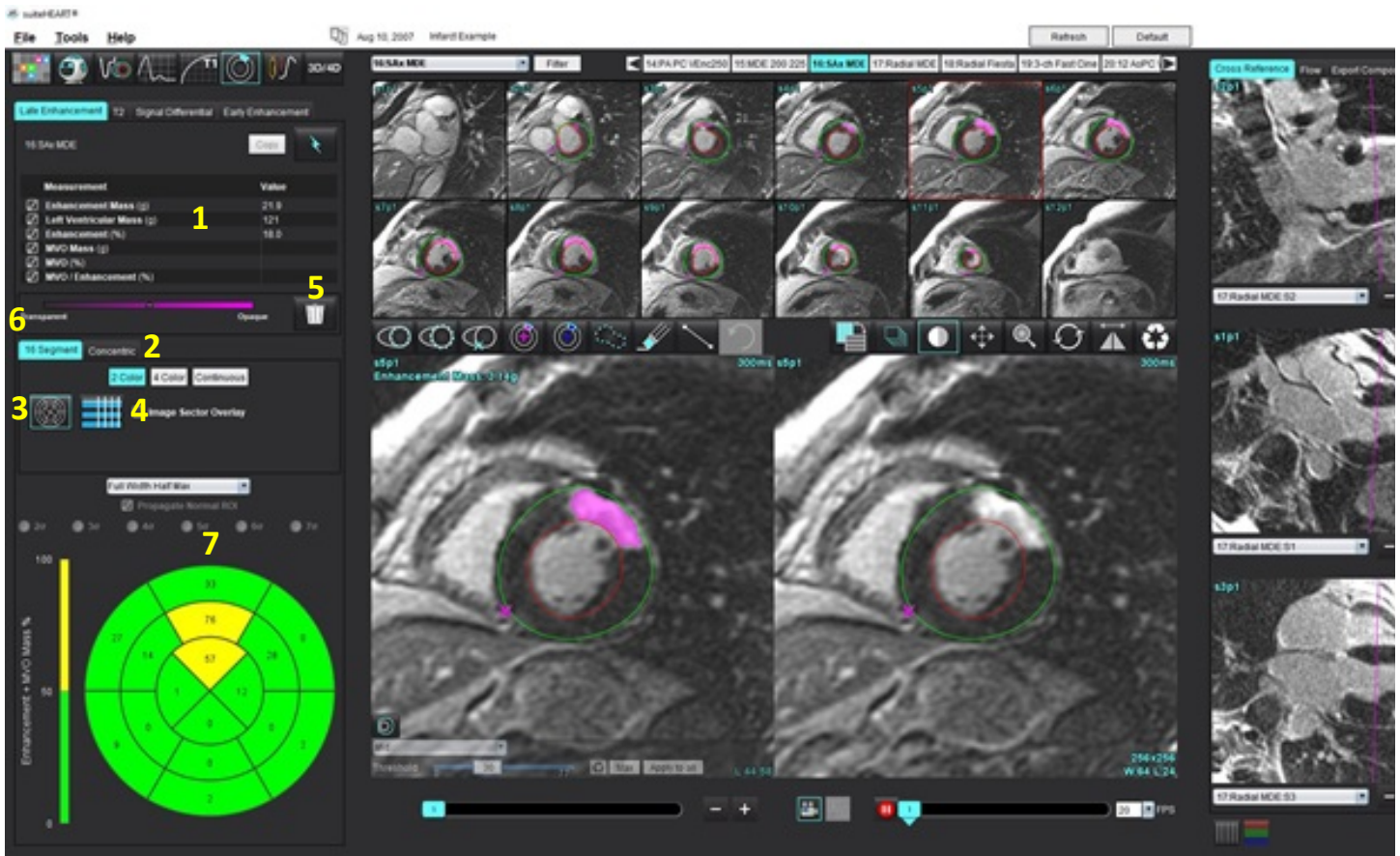


1. Wählen Sie  aus.
2. Wählen Sie die Registerkarte **Late-Enhancement** aus.
3. Wählen Sie die entsprechende Kurzachsenreihe aus.
4. Wählen Sie  aus, um die automatische Segmentierung durchzuführen.
5. Überprüfen Sie alle endokardialen und epikardialen Kurven, den RV-Einfügemarkepunkt und die Schwellenwerte für jede Schicht.  
Bearbeiten Sie die Schwellenwerte nach Bedarf.

ABBILDUNG 3. Analyse der myokardialen Beurteilung




1. Ergebnistabelle, 2. Polardiagrammauswahl, 3. Polardiagrammanzeige, 4. Ergebnistabellenanzeige, 5. Löschen, 6. Opazität, 7. 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.

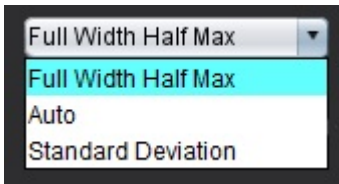



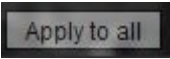



8. Platzieren Sie den unteren RV-Einfügekpunkt, indem Sie  auswählen.
9. Verschieben Sie den Cursor aus dem Editor-Fenster, um den Untersuchungsbereich abzuschließen.
10. Wiederholen Sie die Schritte 6 bis 9, bis das gesamte Ventrikel segmentiert ist.
11. Bestätigen Sie die basale, mittlere und apikale Klassifizierung.

## Auswahl des Algorithmus





1. Wählen Sie den entsprechenden Algorithmus aus dem Datei-Pulldown-Menü (Abbildung 4).

**ABBILDUNG 4. Auswahl des Algorithmus**



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. Klicken Sie auf , um den Schwellenwert zurückzusetzen.
3. Für die Standardabweichung wählen Sie .
4. Platzieren Sie eine normale ROI  in ein normales Myokardsegment. Dieser Untersuchungsbereich wird in alle Schichten kopiert, wenn „Normalen ROI übertragen“ ausgewählt ist.
5. Bei „Auto“ ergibt die Anpassung des Schwellenwerts die Wahrscheinlichkeit einer Anhebung.

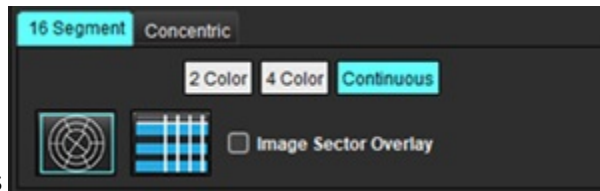
## Schwellenwertbearbeitung

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 ME-Analysewerkzeug stellt zwei Polardiagrammformate zur Verfügung: 16-Segmentär und konzentrisch.

## Möglichkeit 1: Polardiagramm mit 16 Segmenten



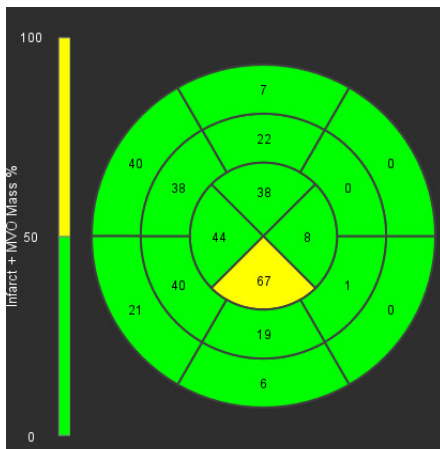
1. Wählen Sie die Registerkarte **16 Segmente** aus
2. Wählen Sie **2 Farben**, **4 Farben** oder **Kontinuierlich** aus.

Farbzuordnungen werden durch Klicken auf die Farbskala definiert.

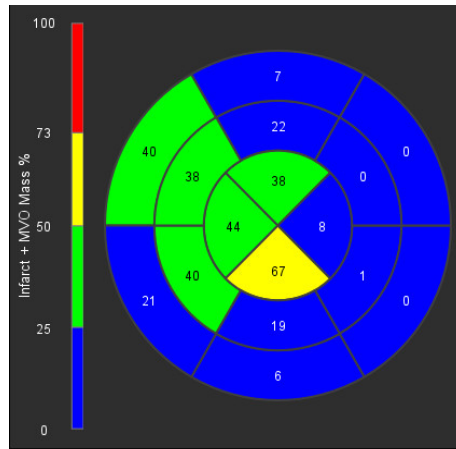
Zum Ändern der Prozentwerte klicken Sie direkt auf den Farbtrennbalken und verschieben Sie den Balken.

ABBILDUNG 5. Polardiagramme

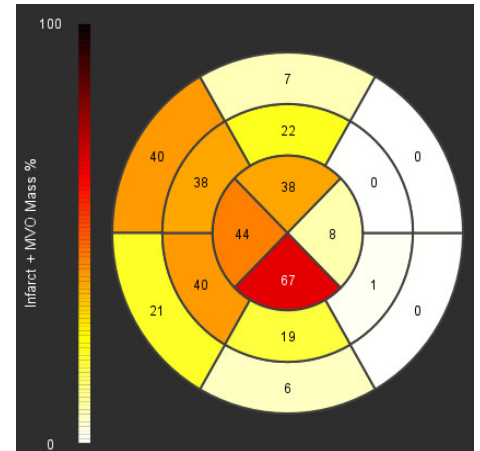
### Polardiagramm mit 2 Farben



### Polardiagramm mit 4 Farben



### Polardiagramm mit ineinander übergehenden Farben

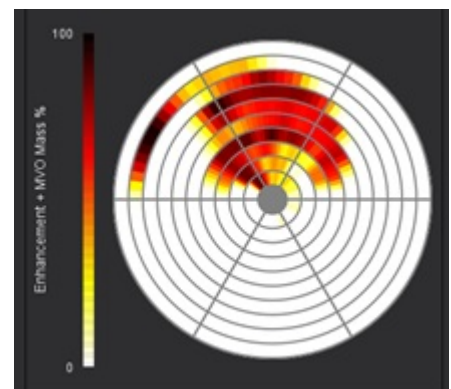


3. Wählen Sie  aus, um die Polardiagramm-Zusammenfassungstabelle anzuzeigen.

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

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

ABBILDUNG 6. Registerkarte „Konzentrisch“




In der Registerkarte „Konzentrisch“ stehen die Präferenz-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.

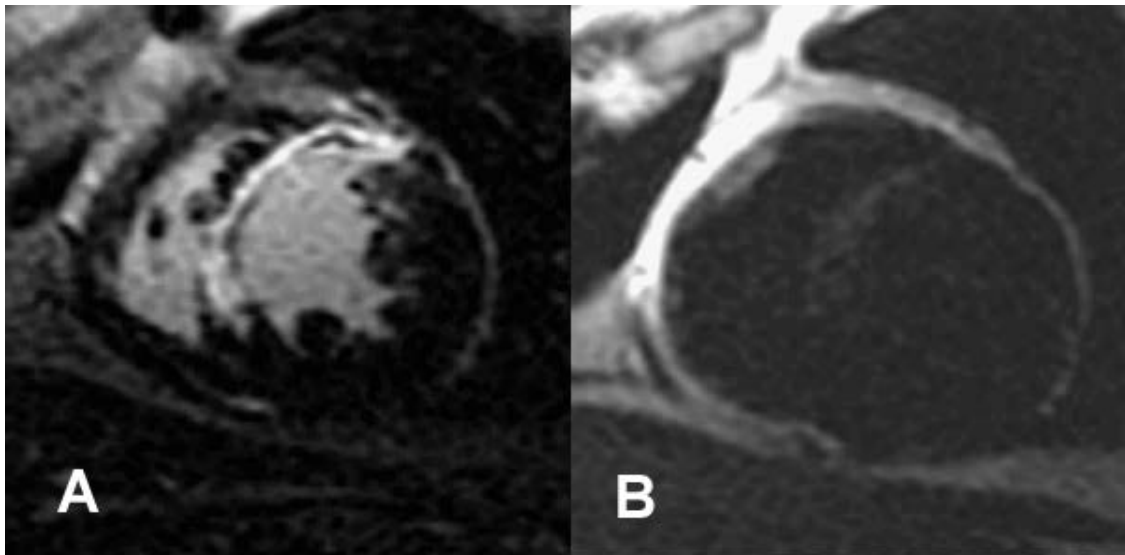
4. Durch Klicken auf das Kontrollkästchen **Kontinuierlich** wird das Polardiagramm auf prozentuale Signalintensität geändert. Die Werte werden mit Farben in einem kontinuierlichen Spektrum von 0 % bis 100 % kodiert.



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**

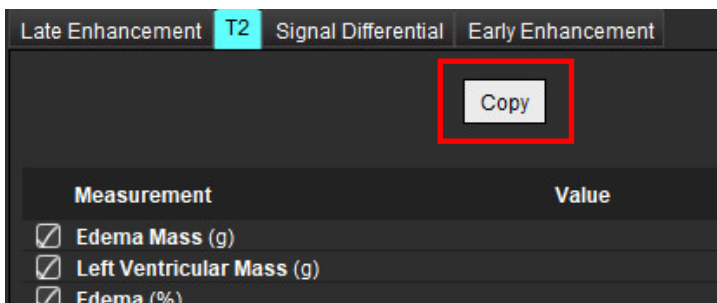






# T2-Analyse

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

**HINWEIS:** Für das Kopieren der Untersuchungsbereiche ist es erforderlich, dass die Anzahl der Schichten für jede Reihe 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 Reihe mit der gleichen Anzahl Schichten zu erstellen. Erfassungsparameter, wie beispielsweise Matrix und FOV, sollten für jede Reihe gleich sein, um beste Ergebnisse zu erzielen. Nach dem Erstellen einer Kopie sollten Sie die Untersuchungsbereiche an allen Schichtpositionen sorgfältig überprüfen und entsprechende Änderungen vornehmen.

**ABBILDUNG 8.** Schaltfläche „Kopieren“




3. Wenn keine vorherige Late-Enhancement-Analyse vorhanden ist, können Untersuchungsbereiche 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 Untersuchungsbereich 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 Untersuchungsbereich wird in alle Schichten kopiert, wenn „Normalen ROI übertragen“ ausgewählt ist. Überprüfen Sie jede Schichtposition und passen Sie den Untersuchungsbereich 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 + AVG 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 Untersuchungsbereich wird dann in alle Bilder kopiert. Überprüfen Sie jede Schichtposition und passen Sie den Untersuchungsbereich 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

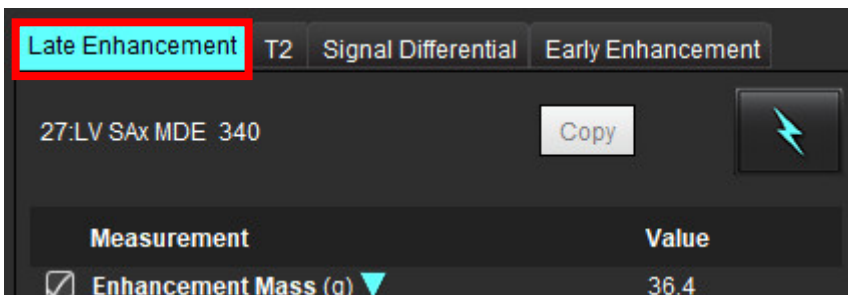
## Late-Enhancement und T2

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

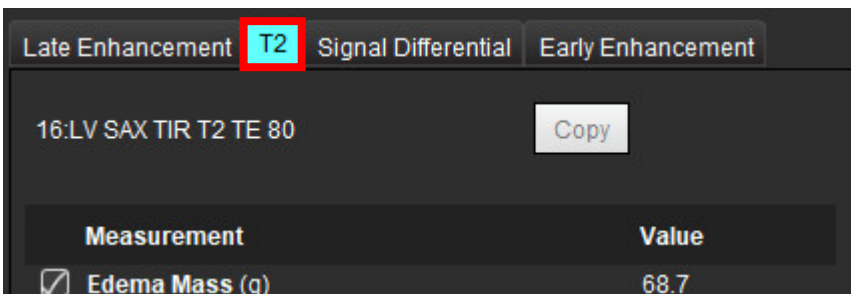
**HINWEIS:** Zur Aktivierung des Kombinationsanalysemodus muss zunächst die Analyse einer Kurzachsen-Late-Enhancement-Reihe mithilfe der Registerkarte „Late-Enhancement“ abgeschlossen werden. T2-(Ödem)-Bilder müssen in der gleichen Studie präsent sein.

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

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



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




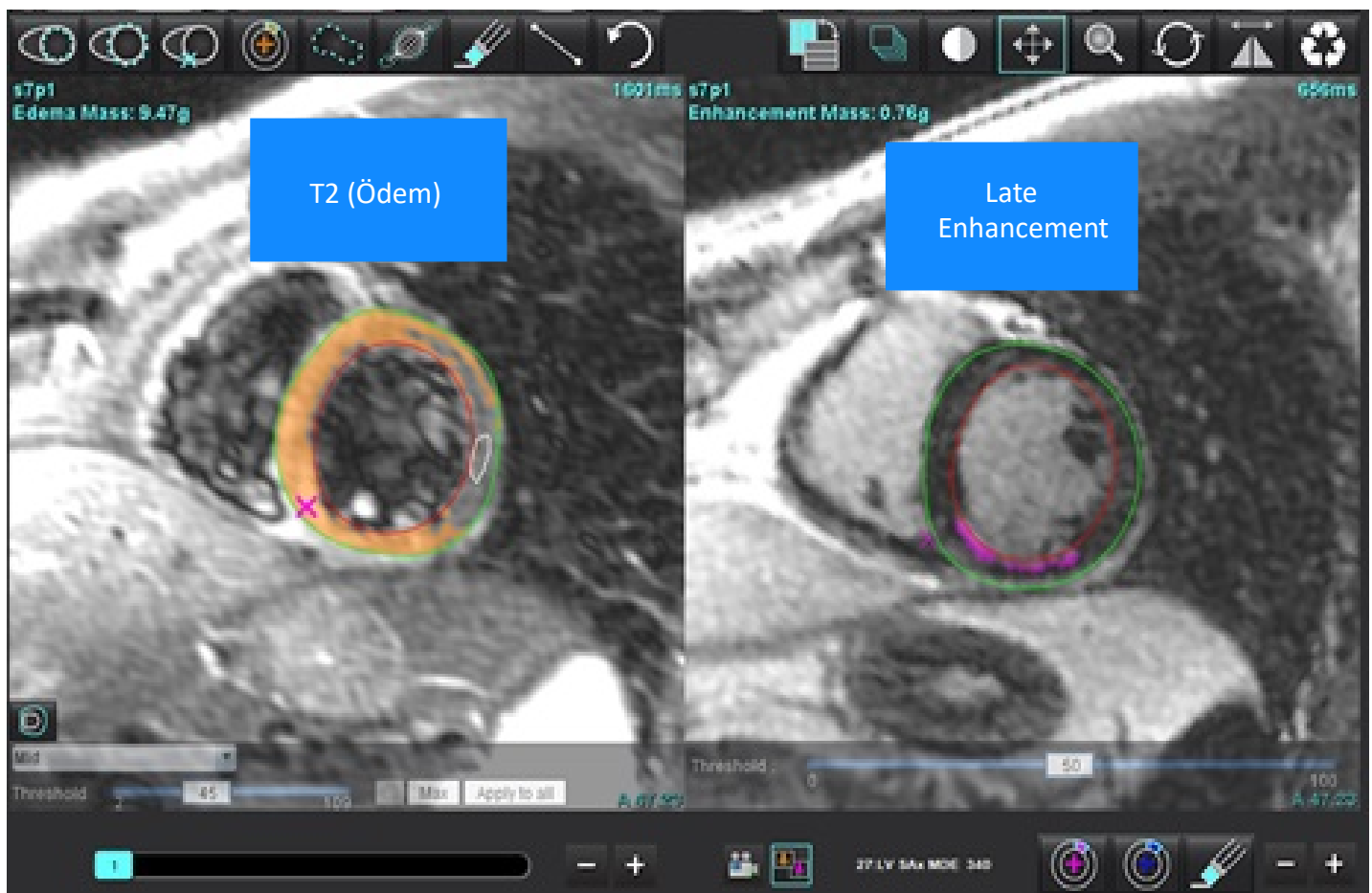
4. Um die Kombinationsanalyse zu starten, wählen Sie  aus (siehe Abbildung 9).

ABBILDUNG 9. Kombinationsanalysemodus



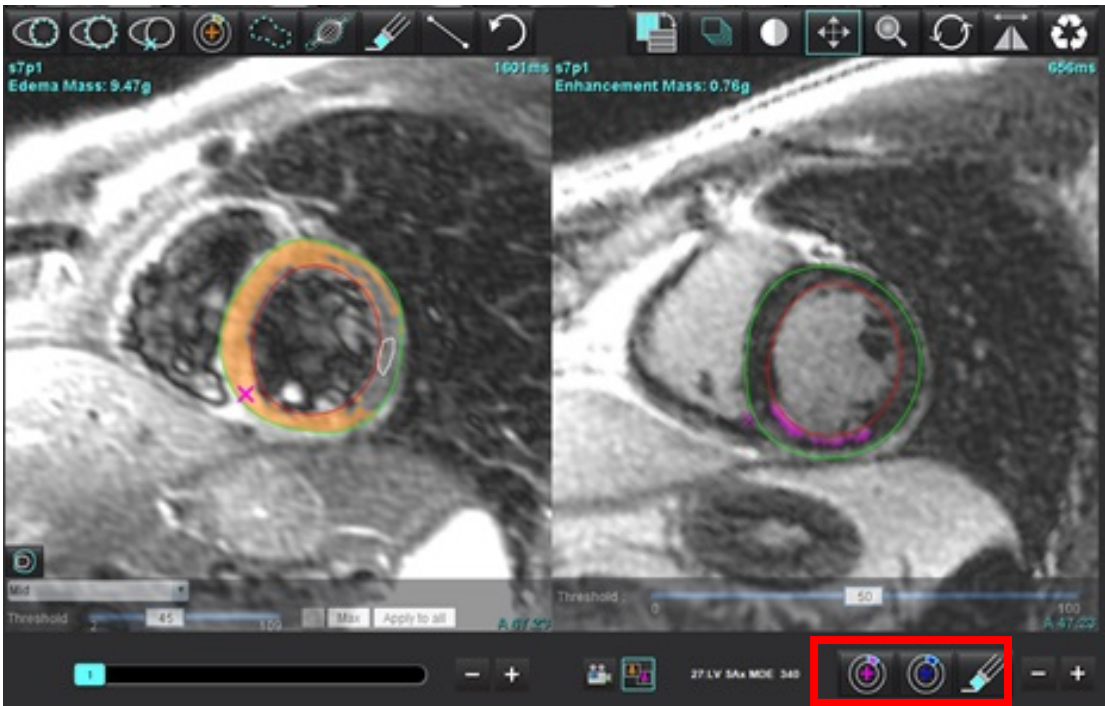
5. Bei der Auswahl erscheint die zuvor analysierte Late-Enhancement-Reihe im Fenster „Modusansicht“. Dieses Fenster wird dann zum Editor-Fenster für die Late-Enhancement-Bilder.
6. Verwenden Sie für die Bearbeitung der Late-Enhancement-Bilder die Bearbeitungswerkzeuge unter dem Bild-Ansichtsfenster (siehe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

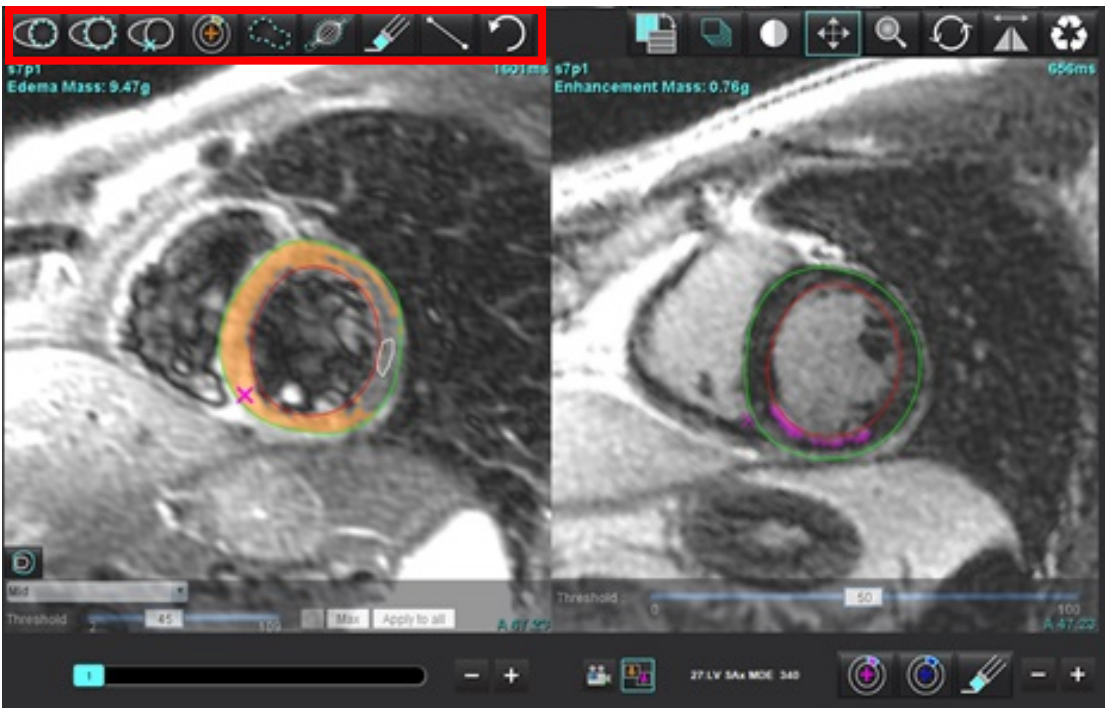


ABBILDUNG 10. Late-Enhancement-Bearbeitungswerkzeuge



- 7. Verwenden Sie für die Bearbeitung der T2 (Ödem)-Reihe links die Bearbeitungswerkzeuge über dem Bild-Ansichtsfenster (siehe Abbildung 11).

ABBILDUNG 11. T2 (Ödem)-Analysewerkzeuge

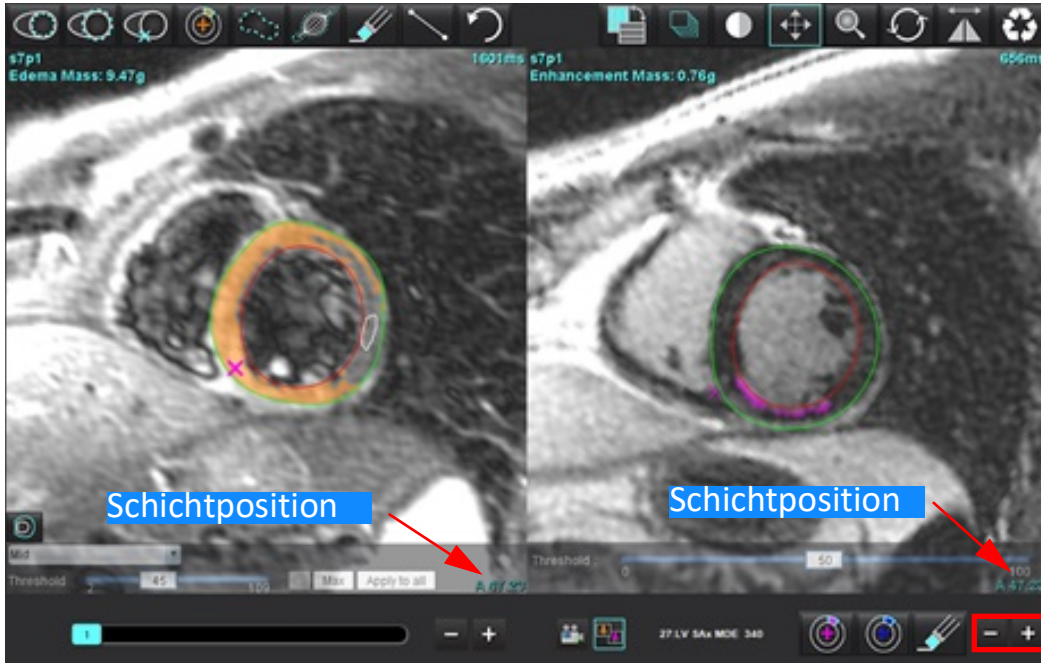


8. Navigieren Sie mit den Minus- und Plus-Schaltflächen zu einer anderen Schichtebene für die Late-Enhancement-Reihe (siehe Abbildung 12).

- Informationen zur Schichtposition sind in der unteren rechten Ecke jedes Ansichtsfensters 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.

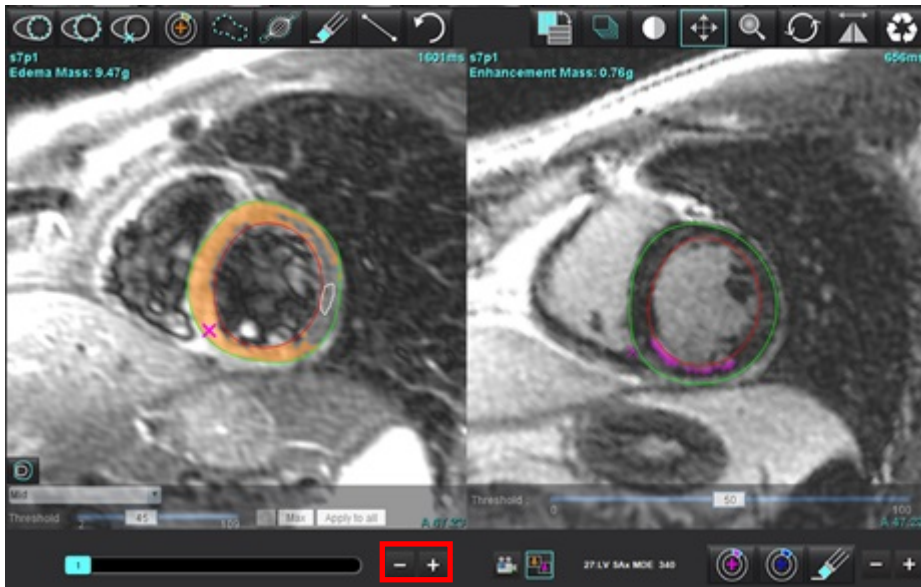
**ABBILDUNG 12. Schichtnavigation für Late-Enhancement**



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)-Reihen (siehe Abbildung 13).

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

**ABBILDUNG 13. Kombinierte Schichtnavigation-Bedienelemente**



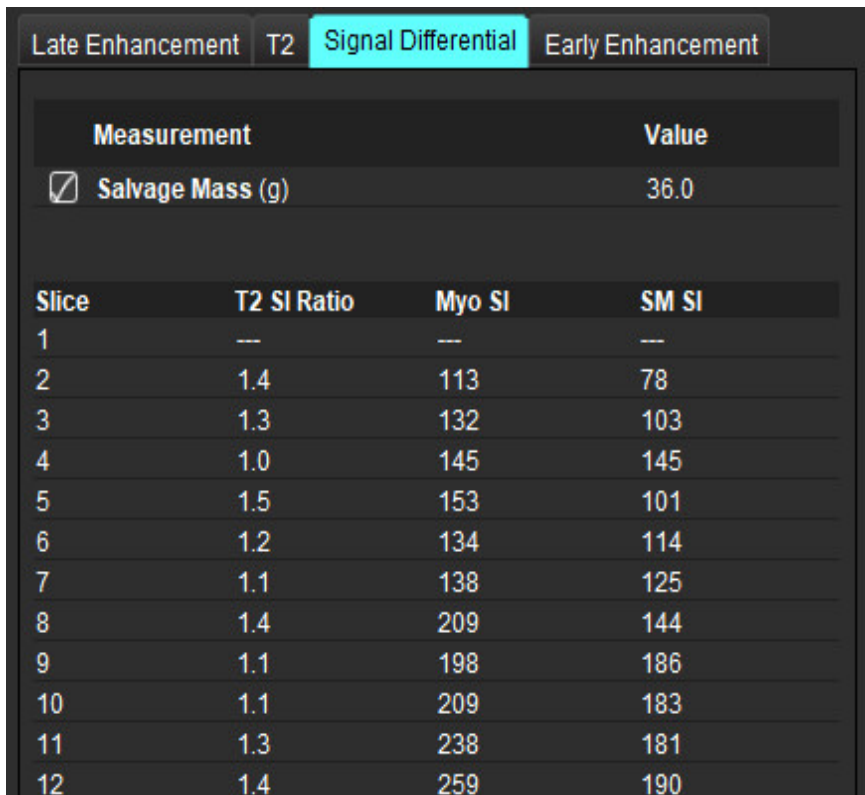
# Signaldifferenzial-Ergebnisse

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

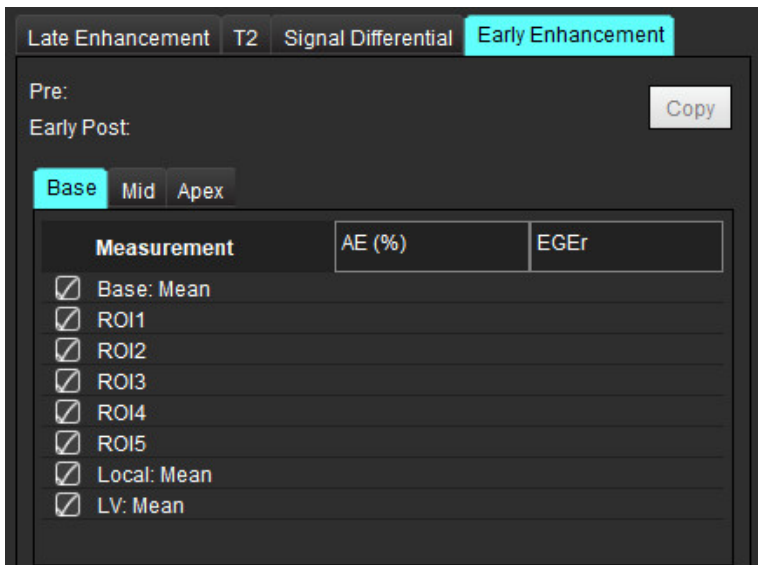
Slice	T2 SI Ratio	Myo SI	SM SI
1	---	---	---
2	1.4	113	78
3	1.3	132	103
4	1.0	145	145
5	1.5	153	101
6	1.2	134	114
7	1.1	138	125
8	1.4	209	144
9	1.1	198	186
10	1.1	209	183
11	1.3	238	181
12	1.4	259	190





# 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 von Epikard und Endokard auf der Ausgangsreihe mit einer Kopierfunktion für die Berechnung von Absolute Enhancement % (AE) und Early-Gd-Enhancement-Ratio (EGEr). Ein lokaler Untersuchungsbereich 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 Kurzachsenreihe aus.

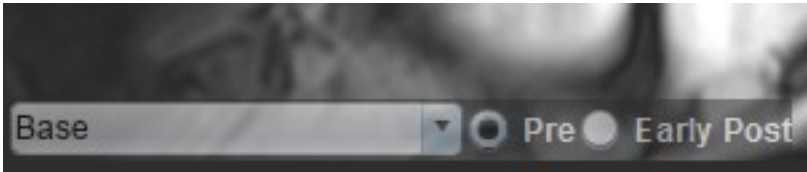



3. Zeichnen Sie das LV-Endokard auf der basalsten Schicht nach, indem Sie  auswählen.
4. Zeichnen Sie das LV-Epikard nach, indem Sie  auswählen.
5. Markieren Sie den unteren RV-Einfügapunkt, indem Sie  auswählen.
6. Verschieben Sie den Cursor aus dem Editor-Fenster, um den Untersuchungsbereich abzuschließen.
7. Wiederholen Sie die Schritte 3 bis 6, bis der gesamte Ventrikel segmentiert ist.
8. Fügen Sie einen Untersuchungsbereich 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.



- Um einen spezifischen Myokardbereich zu analysieren, wählen Sie  aus zeichnen Sie einen Untersuchungsbereich im Myokard.



#### ABBILDUNG 15. Schichtklassifizierungs- und Reihentyp-Auswahl



- Wählen Sie den Reihentyp „Vor-“ aus.  
Wurde die Reihe „Unmittelbar nach“ zuerst segmentiert, wählen Sie „Unmittelbar nach“ aus.
  - Wählen Sie den entsprechenden T1-gewichteten „Unmittelbar nach“-Reihentyp aus.  
Wurde die Reihe „Unmittelbar nach“ zuerst segmentiert, wählen Sie die Reihe „Vor-“ aus.
  - Wählen Sie „Kopieren“ aus.
  - Überprüfen Sie alle endokardialen und epikardialen Kurven, den RV-Einfügapunkt und die Skelettmuskel-Positionierungen und bearbeiten Sie diese nach Bedarf.
  - Untersuchungsbereiche können nur kopiert werden, wenn alle Untersuchungsbereiche, die RV-Einfügung, Schichtklassifizierung und der Reihentyp (Schritte 3-12) für die ausgewählte Reihe abgeschlossen wurden.  
**HINWEIS:** Wird eine endokardiale oder epikardiale Kurve gelöscht, verwenden Sie den Befehl „Rückgängig“.  
**HINWEIS:** Der Skelett-Untersuchungsbereich kann auf jeder Schichtposition angepasst werden. Wurde er gelöscht, muss die Analyse wiederholt werden.
- Klicken Sie auf  und wählen Sie **ALLE: Early Enhancement** aus, um alle Analysen zu entfernen.  
**HINWEIS:** Für das Kopieren der Untersuchungsbereiche ist es erforderlich, dass die Anzahl der Schichten für jede Reihe 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 Reihe mit der gleichen Anzahl Schichten zu erstellen.  
**HINWEIS:** Erfassungsparameter wie beispielsweise Matrix und FOV sollten für jede Reihe gleich sein, um optimale Ergebnisse zu erzielen. Nach dem Erstellen einer Kopie sollten Sie die Untersuchungsbereiche an allen Schichtpositionen sorgfältig überprüfen und entsprechende Änderungen vornehmen.




## Werkzeug „Lokaler ROI“

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

**ABBILDUNG 16. Schichtklassifizierungs- und Reihentyp-Auswahl**



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

### Empfohlene Literatur

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.* 2004 Dec 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 2010 Jul 14. 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.* 2017 Oct;95:89-95. doi: 10.1016/j.ejrad.2017.07.008. Epub 2017 Jul 27. 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. Für die Analyse werden Reihen mit angewandter Bewegungskorrektur empfohlen. Es werden repräsentative Schichtpositionen für die linksventrikuläre Basis, Mitte und Herzspitze empfohlen.

Weitere Hinweise zur Durchführung von T1-Mapping finden Sie im folgenden Artikel:

Messroghli, D.R., Moon, J.C., Ferreira, V.M. et al. Clinical recommendations for cardiovascular magnetic resonance mapping of T1, T2, T2\* and extracellular volume: A consensus statement by the Society for Cardiovascular Magnetic Resonance (SCMR) endorsed by the European Association for Cardiovascular Imaging (EACVI). J Cardiovasc Magn Reson 19, 75 (2017). <https://doi.org/10.1186/s12968-017-0389-8>



**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/Identifizierung des Untersuchungsbereichs
- RV-Einfügungspositionierung



**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.



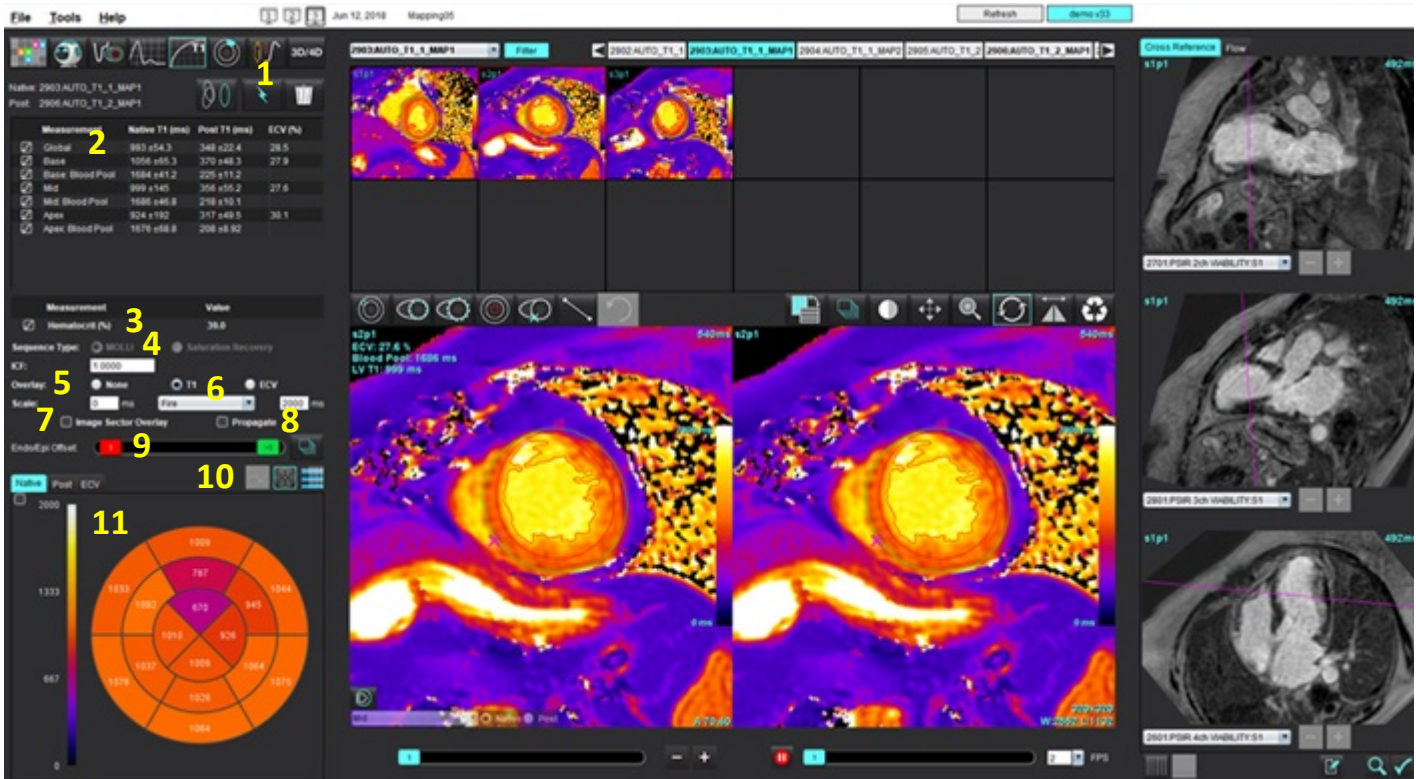
**WARNUNG:** Der Benutzer ist für die genaue Positionierung aller Untersuchungsbereiche (ROIs) verantwortlich, einschließlich solcher Untersuchungsbereiche, die mittels automatischer Segmentierung erzeugt wurden.

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

**HINWEIS:** Es wird empfohlen, in den Präferenz-Einstellungen **Automatische Reihenzusammenstellung für Analyse** für Ihren Scannertyp festzulegen. Die Analyse setzt voraus, dass alle Schichtpositionen in einer einzigen Reihe liegen. Wählen Sie **Werkzeuge > Präferenz-Einstellungen > Bearbeiten** aus. Wählen Sie die Registerkarte **Automatische Reihenzusammenstellung**.





## ABBILDUNG 1. T1-Mapping-Benutzeroberfläche




1. Automatische Segmentierung, 2. T1-Ergebnisse, 3. Hämatokrit-Eingabe, 4. Auswahl der Sequenzart, 5. Auswahlmöglichkeiten für die Farbdarstellungsüberlagerung, 6. Farbdarstellungsoptionen, 7. Sektorüberlagerung anzeigen, 8. Übertragung bearbeiten, 9. Endo/Epi-Offset, 10. Kurven-, 16-Segment-Polardiagramm oder Tabelle, 11. T1-Kurven, Polardiagramme, Tabellen

## Analyse durchführen

1. Wählen Sie  aus.
2. Wählen Sie die entsprechende Zeit- oder Darstellungsreihe aus.
3. Klicken Sie auf , um eine Bewegungskorrektur durchzuführen, falls erforderlich. Es wird eine neue Reihe mit der Bezeichnung MOCO erstellt. Diese Reihe kann für die Analyse verwendet werden.

**HINWEIS:** Die Bewegungskorrektur kann für die Vorverarbeitung konfiguriert werden.

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

9. Verwenden Sie den Endo- (rot) oder Epi-Offset (grün), um die Konturen anzupassen.



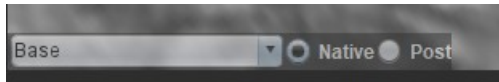
Versatz (Offset) an alle Schichten weitergeben.



Einzelne Schicht versetzen.

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

11. Bestätigen Sie die Schichtklassifizierung für jede Schichtposition und jeden Reihentyp.




**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.

12. Für die ECV-Berechnung führen Sie eine automatische Segmentierung sowohl an der Non-Enhancement- als auch der Post-Enhancement-Reihe durch.
13. Überprüfen Sie alle endokardialen und epikardialen Kurven, den RV-Einfügapunkt und die Blutpool-Platzierung in beiden Reihen.

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

**HINWEIS:** Verwenden Sie Kopieren/Einfügen, um einen lokalen Untersuchungsbereich (ROI) aus dem nativen Bild in das Post-Image zu kopieren, wenn der ECV berechnet werden soll.

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

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

16. Geben sie den Hämatokrit (HKT)-Wert ein.
17. Das ECV-Ergebnis (%) wird in der Ergebnistabelle angezeigt.
18. 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 Reihentyp.

## Empfohlene Literatur

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

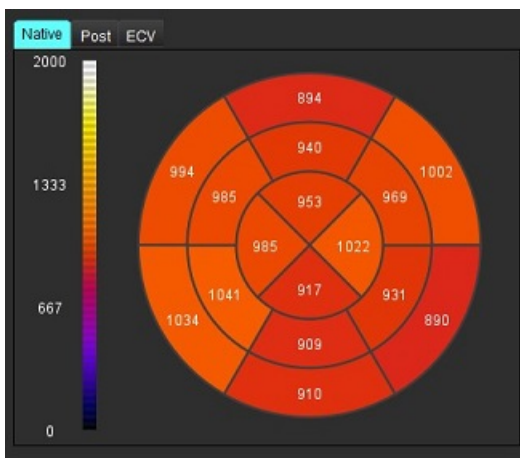
## 16-Segment-Polar-Darstellung

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

1. Führen Sie die Global T1-Analyse für „Basis“, „Mitte“ und „Herzspitze“ durch.
2. Bestätigen Sie den RV-Einfügepunkt für jede Schichtposition.
3. Bestätigen Sie die Schichtklassifizierung und den Reihentyp.



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, wenn die Zeitreihe analysiert wurde.


## Format der T1-Ergebniswerte

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

**HINWEIS:** Das Gesamtergebnis ist ein Durchschnitt der T1-Werte pro Pixel.

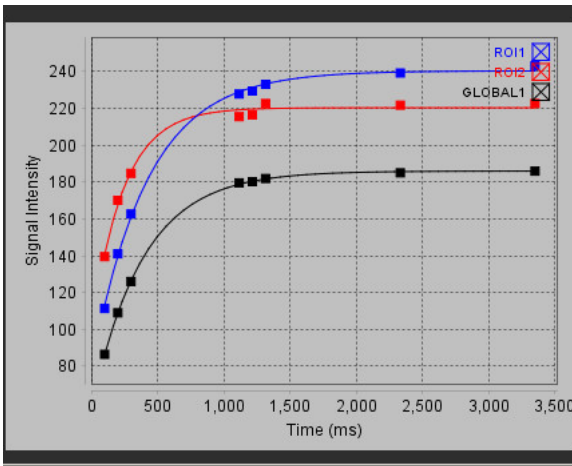
# Löschen von Konturen

Klicken Sie auf , um **ALLE** Konturen in der ausgewählten Reihe 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 Kurvenanpassungsergebnisse zeigen das Signalverhalten der Bilddaten. Bei Artefakten infolge von Fehlregistrierung, atmungsbedingten Artefakten oder Arrhythmien ist die Kurvenanpassung 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.



**HINWEIS:** Die Kurvenanzeige wird nur unter Verwendung der Zeitreihe für die Analyse generiert.



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

Ergebnis	Gleichungsreferenz	Anpassungstyp
T1 Look-Locker (MOLLI)	$y = A - B \exp(-t/T1^*)$	Nichtlineare Kurvenanpassung anhand eines Levenberg-Marquardt-Algorithmus*

### Empfohlene Literatur

\*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.

# Inversionskorrekturfaktor (ICF) für Siemens MyoMaps

Um bei der Analyse der Zeitreihe-Bilder T1-Ergebnisse zu erhalten, die der vom Scanner erzeugten T1-Mapping ähneln, bestätigen Sie den für MyoMaps MOLLI-Protokolle verwendeten Effizienz-Umkehrpuls. Wenn dieser auf der Registerkarte „Contrast/Common“ (Kontrast/Gemeinsam) und „Magn Preparation“ (Magnetvorbereitung) am Scanner als „Non-sel IR T1 Map“ (Nicht ausgewählte IR T1-Mapping) angegeben ist, beträgt der empfohlene Inversionskorrekturfaktor (ICF) 1,0365. Detaillierte Informationen hierzu erhalten Sie bei Ihrem Spezialisten vom Siemens Anwendungssupport.

Bei der Analyse der Zeitreihe-Bilder geben Sie den entsprechenden ICF in die in Abbildung 2 dargestellten Präferenz-Einstellungen ein.

1. Wählen Sie **Werkzeuge > Präferenz-Einstellungen > System bearbeiten. (nur für Administratoren)**
2. Wählen Sie die Registerkarte **T1/T2-Mapping** aus.
3. Geben Sie den ICF entsprechend des Anbietertyps ein.

**ABBILDUNG 2. Präferenz-Einstellungen für T1-Mapping**

T1

Sequence  MOLLI  Saturation Recovery

DICOM Overlay  None  T1  ECV

Map Overlay  None  T1  ECV

ICF

GE

Philips

Siemens

Native

## Empfohlene Literatur

Kellman, P., Hansen, M.S. T1-mapping in the heart: accuracy and precision (T1-Mapping im Herzen: Genauigkeit und Präzision). J Cardiovasc Magn Reson 16, 2 (2014). <https://doi.org/10.1186/1532-429X-16-2>

# 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-Free-Precession-Ausgabe mit unterschiedlichen Echozeiten (TE) oder Inline-Darstellungen. Für die Analyse werden Reihen mit angewandter Bewegungskorrektur empfohlen. Es werden repräsentative Schichtpositionen für die linksventrikuläre Basis, Mitte und Herzspitze empfohlen.

Für nichtlineare 2-Punkt-Anpassung ist die Gleichung  $y = a * \exp(-TE/T2)$ , wobei TE je nach Sequenz die Echozeit bzw. T2-Vorbereitungsdauer ist.

Für die nichtlineare 3-Punkt-Methode lautet die Gleichung  $y = a * \exp(-TE/T2) + c$ , wobei a, T2 und c Koeffizienten sind (Parameter, die bei der Anpassung berechnet werden).

Für nichtlineare 2-Punkt-Anpassung ist die Gleichung  $Y = A - TE/T2$ , wobei  $Y = \log(y)$  und  $A = \log(a)$  ist.

**HINWEIS:** Sowohl für lineare als auch für nichtlineare 2-Punkt-Anpassung wird keine Hintergrundsubtraktion durchgeführt.

Weitere Hinweise zur Durchführung von T2-Mapping finden Sie im folgenden Artikel:

Messroghli, D.R., Moon, J.C., Ferreira, V.M. et al. Clinical recommendations for cardiovascular magnetic resonance mapping of T1, T2, T2\* and extracellular volume: A consensus statement by the Society for Cardiovascular Magnetic Resonance (SCMR) endorsed by the European Association for Cardiovascular Imaging (EACVI). J Cardiovasc Magn Reson 19, 75 (2017). <https://doi.org/10.1186/s12968-017-0389-8>



**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/Identifizierung des Untersuchungsbereichs
- RV-Einfügungspositionierung



**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.



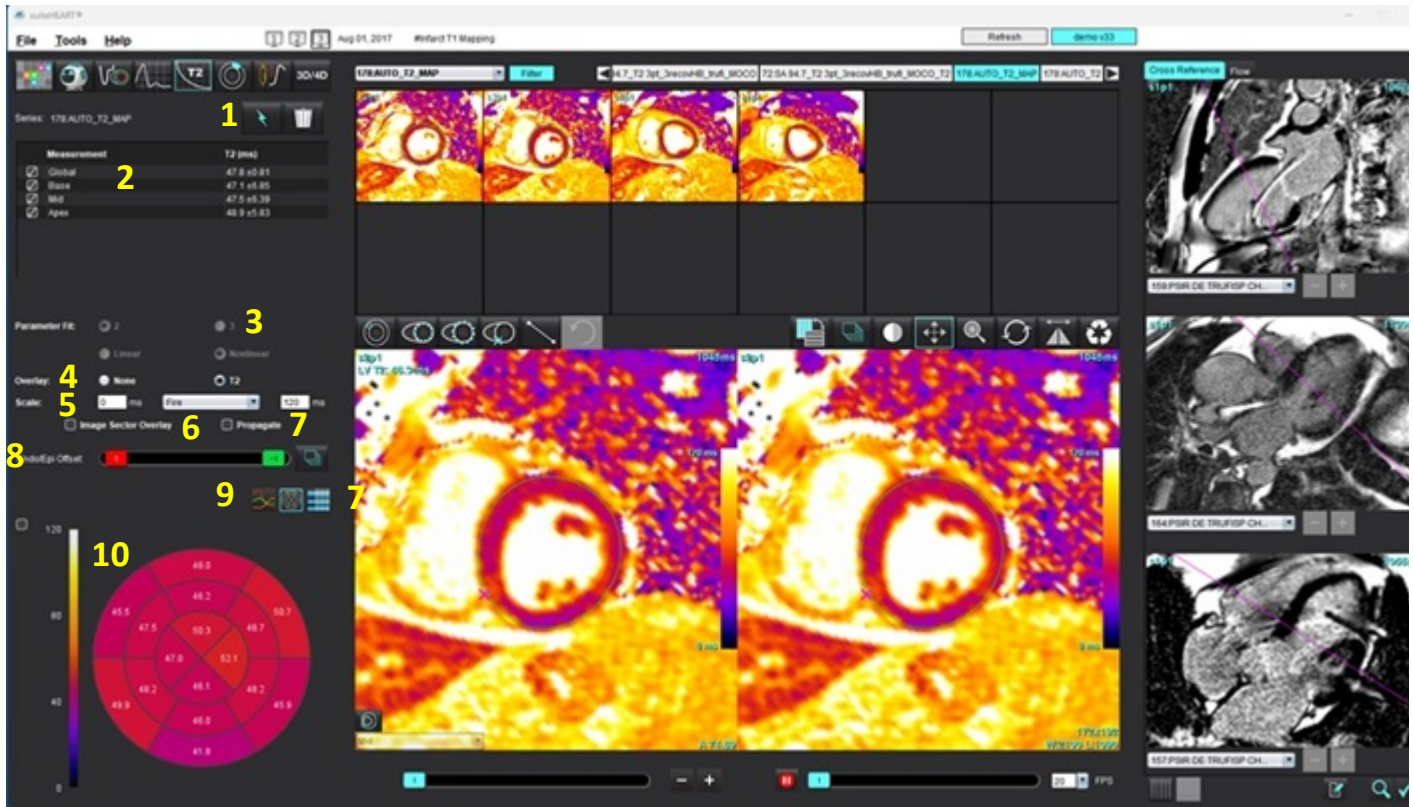
**WARNUNG:** Der Benutzer ist für die genaue Positionierung aller Untersuchungsbereiche (ROIs) verantwortlich, einschließlich solcher Untersuchungsbereiche, die mittels automatischer Segmentierung erzeugt wurden.



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

**HINWEIS:** Es wird empfohlen, in den Präferenz-Einstellungen **Automatische Reihenzusammenstellung für Analyse** für Ihren Scannertyp festzulegen. Die Analyse setzt voraus, dass alle Schichtpositionen in einer einzigen Reihe liegen. Wählen Sie **Werkzeuge > Präferenz-Einstellungen > Bearbeiten** aus. Wählen Sie die Registerkarte **Automatische Reihenzusammenstellung**.

**ABBILDUNG 1. T2-Mapping-Benutzeroberfläche**




1. Automatische Segmentierung, 2. T2-Ergebnisse, 3. Auswahloptionen für die Parameteranpassung, 4. Auswahloptionen für die Farbdarstellungsüberlagerung, 5. Farbdarstellungsoptionen, 6. Sektorüberlagerung anzeigen, 7. Übertragung bearbeiten,
8. Endo/Epi-Offset, 9. Kurven-, 16-Segment-Polardiagramm oder Tabelle, 10. T2-Kurven, Polardiagramme, Tabellen



# Analyse durchführen




1. Wählen Sie  aus.
2. Wählen Sie die entsprechende Zeit- oder Darstellungsreihe aus.
3. Bei der Analyse der Zeitreihe wählen Sie die Anpassungsmethode aus.

**HINWEIS:** Der Algorithmus für nicht lineare Anpassung führt keine Schätzung des Hintergrundrauschens durch.

**HINWEIS:** Um bei der Analyse originaler Siemens DICOM-Bilder T2-Ergebnisse zu erhalten, die der vom Siemens Scanner erzeugten T2-Mapping ähneln, wählen Sie „Lineare Anpassung“ aus.

4. Legen Sie die Überlagerungs-Präferenz-Einstellung 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-Einfügapunkt.
8. Bearbeiten Sie alle ungenauen Konturen.
9. Verwenden Sie den Endo- (rot) oder Epi-Offset (grün), um die Konturen anzupassen



Versatz (Offset) an alle Schichten weitergeben.



Einzelne Schicht versetzen.

10. Um eine einzelne Echozeit zu bearbeiten, deaktivieren Sie  Propagate .
11. Bestätigen Sie die Schichtklassifizierung für jede Schichtposition und jeden Reihentyp.






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


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

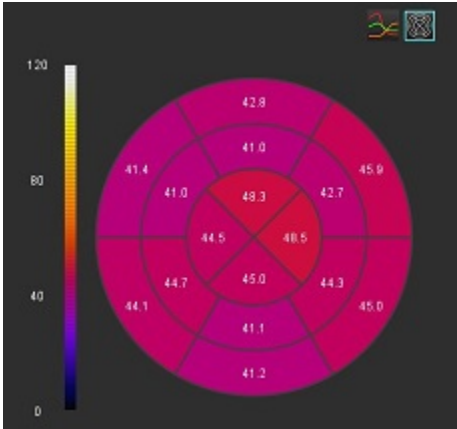
**HINWEIS:** Es können bis zu fünf lokale ROI-Messungen auf einem Bild für Basis, Mitte und Herzspitze erstellt werden.


13. 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 **Image Sector Overlay** aus, um die Sektorüberlagerung direkt auf dem Bild anzuzeigen.
6. Wählen Sie „Grafiken“  aus, um zu den T2-Kurven zurückzukehren, wenn die Zeitreihe analysiert wurde.


## Format der T2-Ergebniswerte

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

# Löschen von Konturen

Klicken Sie auf , um **ALLE** Konturen in der ausgewählten Reihe 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.

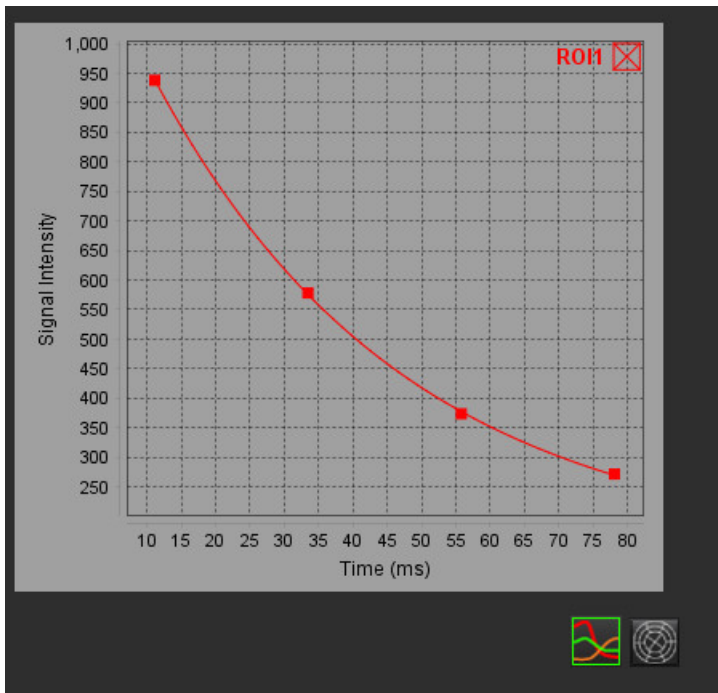
## T2-Kurven überprüfen

1. Die Kurvenanpassungsergebnisse 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.

**HINWEIS:** Die Kurvenanzeige wird nur unter Verwendung der Zeitreihe für die Analyse generiert.



**WARNUNG:** Die Ergebnisse der T2-Kurvenanpassung 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. Für die Analyse werden Reihen mit angewandter Bewegungskorrektur empfohlen.

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

**HINWEIS:** Es wird empfohlen, eine einzelne Reihe mit den bewegungskorrigierten Bildern der Perfusion bei Belastung und eine im Ruhezustand zu erstellen.

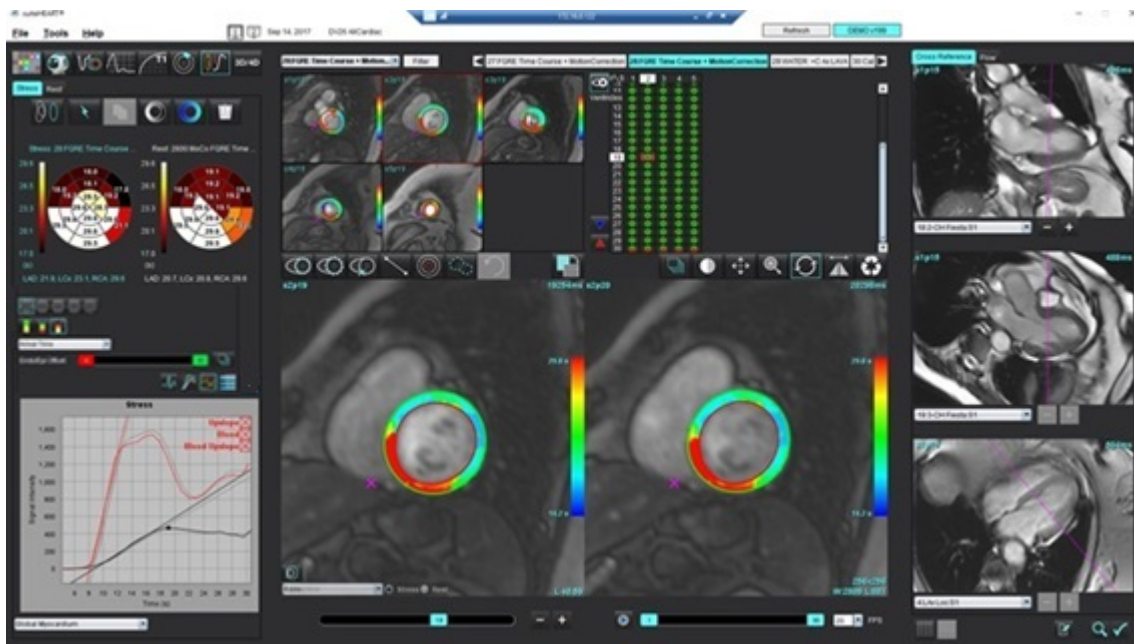


**ACHTUNG:** Die Parameter für Anstieg und relativer Anstieg sind möglicherweise für Bilder ungenau, für die keine Schattierungskorrektur durchgeführt wurde.



**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**



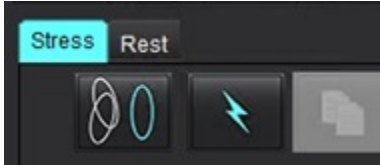
**Tabelle 1: Analysewerkzeuge**

	Bewegungskorrektur durchführen.
	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.
	Farbüberlagerung für Segment anzeigen.
	Keine Überlagerung anzeigen.
	Pixelweise Farbüberlagerung für berechnete Parameter anzeigen.
	Anzeige des Intervalls R bis R.
	Grafiken zu Belastung und Ruhe anzeigen.
	Grafische Anzeige.
	Parameterergebnistabelle anzeigen.
	16-, 32-, 48-, 96-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 Perfusionsreihe aus.


4. Klicken Sie auf , um eine Bewegungskorrektur durchzuführen, falls erforderlich. Es wird eine neue Reihe mit der Bezeichnung MOCO erstellt. Diese Reihe kann für die Analyse verwendet werden.


**HINWEIS:** Die Bewegungskorrektur kann für die Vorverarbeitung konfiguriert werden.

5. Wählen Sie  aus, um die automatische Segmentierung und Analyseberechnungen durchzuführen.


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

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

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

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


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


11. Platzieren Sie den unteren RV-Einfügepunkt, indem Sie  auswählen.


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

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

14. Die für die Analyse verwendeten Start- und End-Frames werden automatisch durch die Ankunftszeit und die

Spitzenzeit bestimmt. Zum Anpassen dieser Zeitpunkte wählen Sie  aus.

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

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

## Bearbeiten von Konturen

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




1. Zum Überprüfen der berechneten Parameter in einem Polardiagramm wählen Sie die gewünschte Option 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. Klicken Sie auf , um das RR-Intervalldiagramm zu überprüfen.
2. Klicken Sie auf , um sowohl die Belastungskurve als auch die Ruhekurve anzuzeigen.
3. 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.


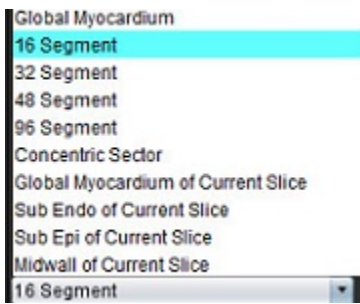






4. Klicken Sie auf , um die Parameterergebnisse anzuzeigen.
5. Wählen Sie die grafischen Parameter, die überprüft werden sollen, aus dem in Abbildung 3 dargestellten Datei-Pulldown-Menü aus, das unten links unter der grafischen Anzeige zu finden ist.



ABBILDUNG 3. Grafische Ergebnisse



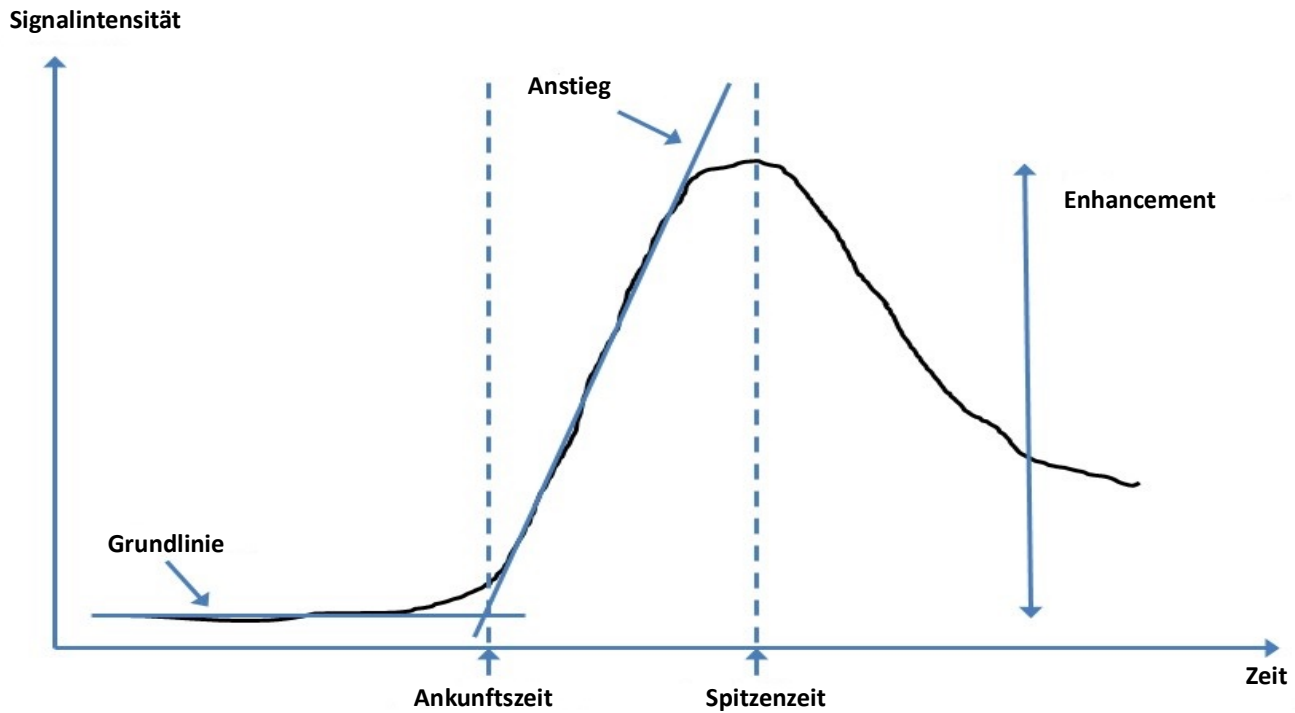
## Relativen Anstieg (RU) und Reserveindex (RI) berechnen

1. Der Blutpool-ROI wird automatisch während der automatischen Segmentierung platziert.
  2. Zum Ändern der Schichtposition des Blutpools verwenden Sie die Miniaturansicht, um eine andere Schichtposition auszuwählen. Zum automatischen Erstellen eines neuen Blutpool-Untersuchungsbereichs wählen Sie  oder  aus.
  3. Zum manuellen Platzieren eines Blutpool-Untersuchungsbereichs wählen Sie  aus, zeichnen Sie einen Untersuchungsbereich und wählen Sie dann  oder  aus.  
Es wird die Basalschichtebene empfohlen.
  4. 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.



**ACHTUNG:** 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
Spitzzeit	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 Spitzzeit berechnet.
Relativer Anstieg	$RU = \frac{\text{myokardialer Anstieg}}{\text{Blutpool-Anstieg}}$
Reserveindex	Der myokardiale Reserveindex (RU) ist wie folgt definiert: $RI = \frac{RU \text{ STRESS}}{RU \text{ REST}}$

# Analyse eines persistierenden Foramen ovale (PFO)

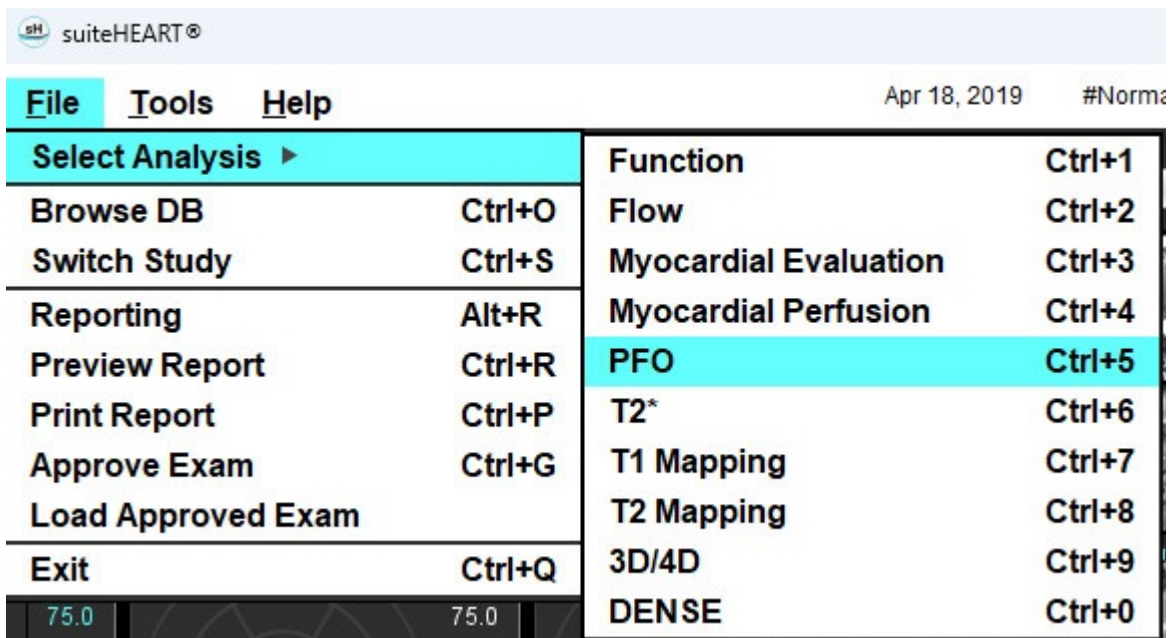
Das Analysewerkzeug PFO ermöglicht die Erstellung von Signalkurven im Verhältnis zu Zeitkurven, um eine frühe Spitze zur Erkennung eines PFO darzustellen.



**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.

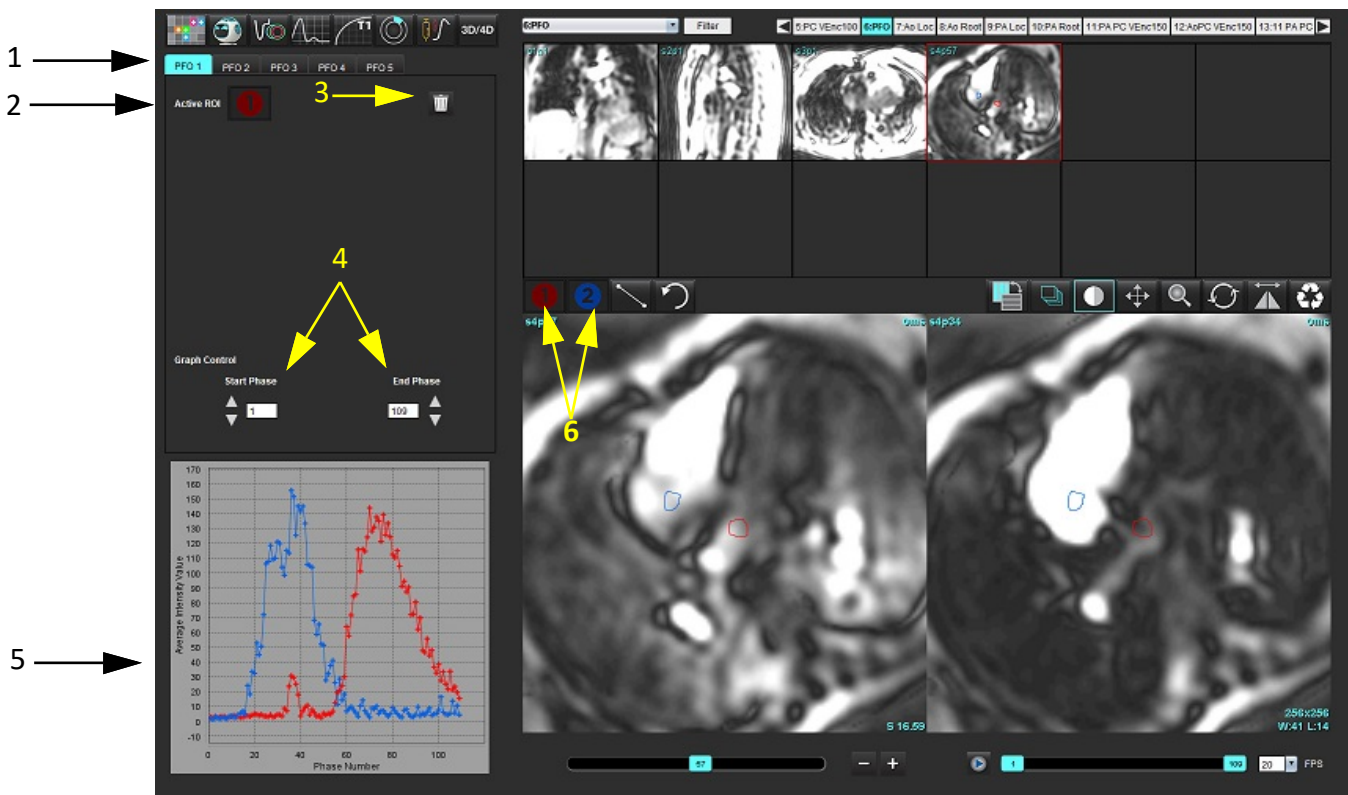
## PFO starten

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



2. Wählen Sie eine Echtzeitreihe 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.

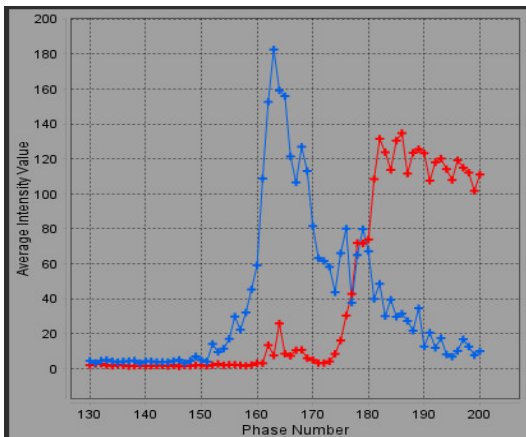
## RA-Intensitätskurve (Rechtes Atrium) generieren

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 Untersuchungsbereich beispielsweise auf die Phase 1 platziert wurde und sich die Startphase geändert hat, ist der vom Benutzer gezeichnete Untersuchungsbereich nach wie vor auf dem Originalbild vorhanden, auf dem die Untersuchungsbereiche 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 Reihe zwei Erfassungen vorhanden sind, können Sie die Start- und Endphase für die erste Erfassung festlegen und den Untersuchungsbereich für LA und RA zeichnen (ergibt die automatische Erstellung der Kurven). Der Vorgang wird für eine andere PFO-Registerkarte mit dem zweiten Satz von Bildern wiederholt. Alle Bezeichnungen der PFO-Registerkarten können bearbeitet werden.

## Bearbeiten von Konturen

Mehrere Phasen an einer einzelnen Schichtposition bearbeiten:

1. Wählen Sie die Schichtposition aus.



2. Wählen Sie

3. Wählen Sie im Bereich der zu bearbeitenden Phasen die erste Phase aus.

4. Drücken und halten Sie die Umschalttaste gedrückt. Wählen Sie die letzte Phase des zu bearbeitenden Bereichs aus.  
Die ausgewählten Miniaturansichten werden mit einem roten Rahmen hervorgehoben.

5. Bearbeiten Sie die Kontur im Bildeditor-Fenster.

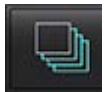
6. Die Auswahl der Kontur wird entweder durch Anklicken des Bildes außerhalb der ausgewählten Kontur oder durch Verschieben des Cursors aus dem Bearbeitungsfenster aufgehoben.

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

Wählen Sie in der Bildansicht die entsprechende Geltungsbereichsfunktion aus.



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




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



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

## Löschen von Konturen

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 Kurvenergebnisse überprüfen

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

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

# T2\*

Das T2\*-Analysewerkzeug 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 Hintergrundrauschen ist

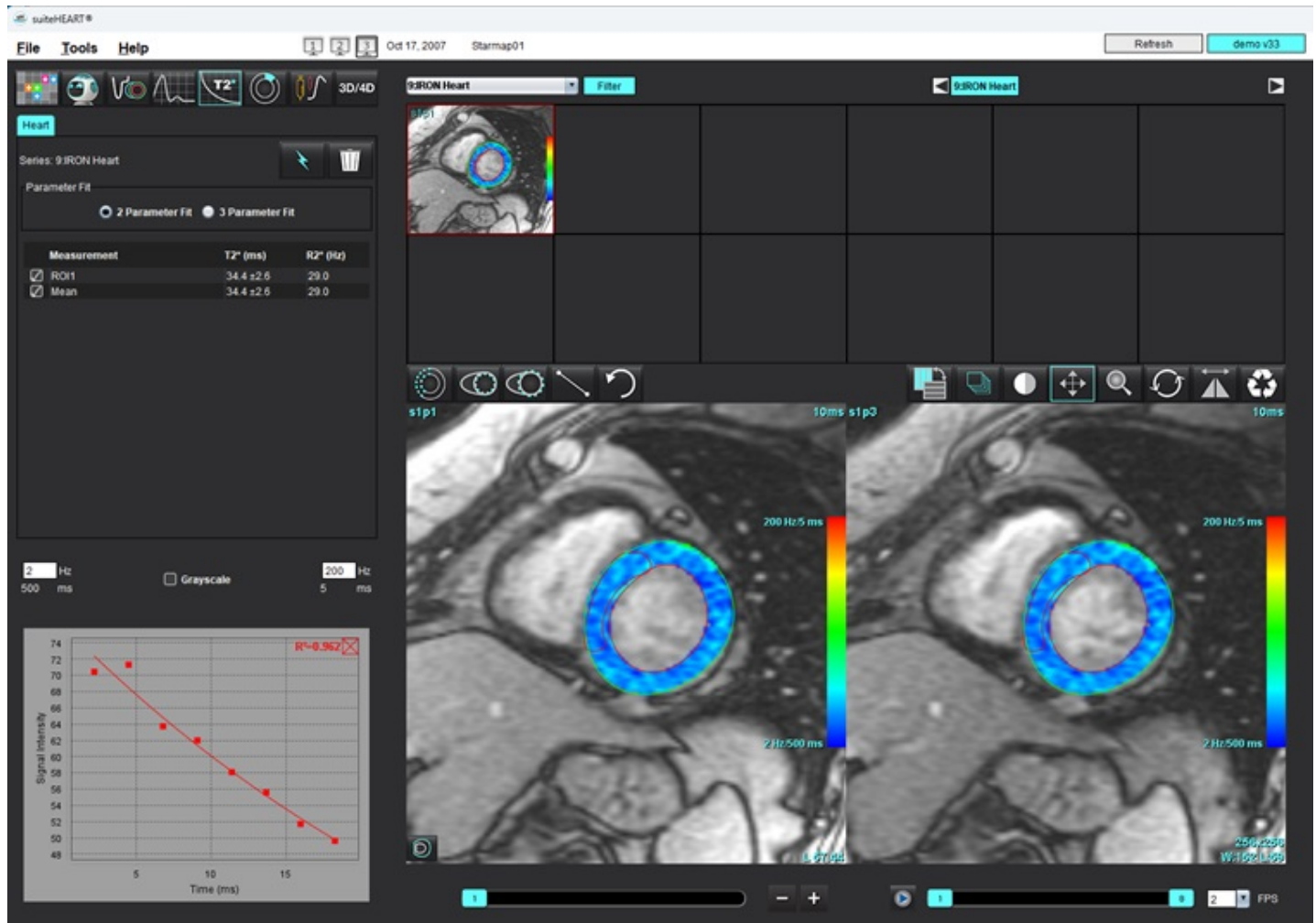





**WARNUNG:** Die Anwendung unterstützt den Anwender nur bei der Analyse der Bilder. Sie liefert nicht automatisch eine klinische Interpretation der Ergebnisse. Die Verwendung und Beurteilung der quantitativen Messergebnisse bleiben dem Anwender überlassen. Falls die Messungen ungenau sind, kann es zu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



# Verfahren zur Herzanalyse

ABBILDUNG 1. T2\*-Analyse-Benutzeroberfläche







1. Wählen Sie  aus.
2. Wählen Sie die entsprechende Reihe aus.
3. Wählen Sie  aus, um die automatische Segmentierung durchzuführen.
4. Überprüfen Sie die Platzierung des septalen ROI.
5. Um eine manuelle Segmentierung durchzuführen, zeichnen Sie mit  eine Kontur, die das Interventrikularseptum umfasst.

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

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

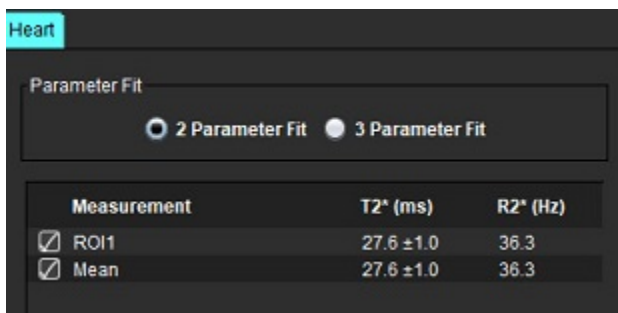
# Farbdarstellung des Myokards erstellen

1. Zeichnen Sie das LV-Endokard nach, indem Sie  auswählen.
2. Zeichnen Sie das LV-Epikard nach, indem Sie  auswählen.  
Die Farbdarstellung von T2\*/R2\* wird auf dem Bild überlagert.
3. Der R2\*-Farbdarstellungswert kann geändert werden.  
**HINWEIS:** Der Standardbereich für 1,5-T-Bilder ist 5 ms - 500 ms für T2\*. Der Standardbereich für 3,0-T-Bilder liegt bei 2,5 ms - 1000 ms für T2\*.
4. Klicken Sie mit der rechten Maustaste und wählen Sie , um den dynamischen Farbbereich für die Farbkarte anzupassen.  
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 Hintergrundrauschen  $c$  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 T2\*-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.

## T2\*-Ergebnisse überprüfen

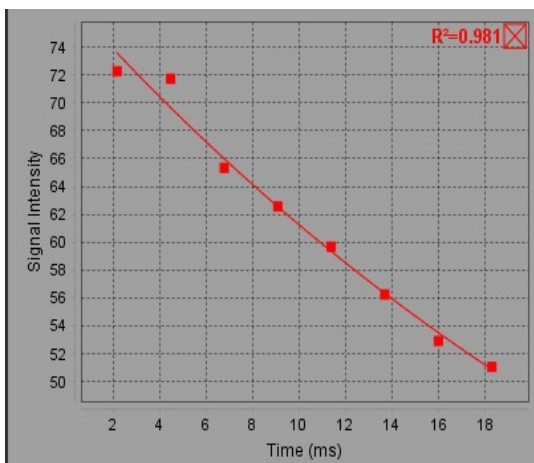
1. Überprüfen Sie die Position der Konturen in allen Bildern.
2. In der Tabelle werden die einzelnen T2\*/R2\*-Messergebnisse aufgelistet, und es wird auch der Mittelwert ausgerechnet.

**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 Kurvenanpassung 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 Kurvenanpassung neu berechnet.

**ABBILDUNG 3. T2\*-Kurve**



**WARNUNG:** Die Ergebnisse der T2\*-Kurvenanpassung 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<sup>-1</sup>) angegeben sind.

# 3D-/4D-Flow-Viewer

Bietet die interaktive schräge Umformatierung von 3D- und 4D-Flussbildern. Die Registerkarte „Gefäße“ ermöglicht die automatische Segmentierung der thorakalen Aorta zusammen mit Werkzeugen für die Bearbeitung und Befunderstellung von Messungen. Es stehen Werkzeuge zur Verfügung, um 2D-Phasenkontrast und 2D-Funktionsbilder aus 4D zu erstellen, die dann analysiert werden können. Die Inline-Flow-Analyse kann mit automatischer Segmentierung der Gefäße durchgeführt werden.

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

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

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



**ACHTUNG:** 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:** 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

**Tabelle 1: 3D/4D-Registerkarten (siehe Abbildung 1)**

Registerkarte	Beschreibung
Anzeige	Werkzeuge zur Visualisierung von Bildansichten und zum Speichern von DICOM-Bildern.
Gefäß	Automatische Segmentierung und Bearbeitungswerkzeuge.
Analyse	Inline 4D-Flow-Analyse.

## ABBILDUNG 1. 3D/4D-Registerkarten



## Registerkarte „Anzeige“

Tabelle 2: Registerkarte „Anzeige“





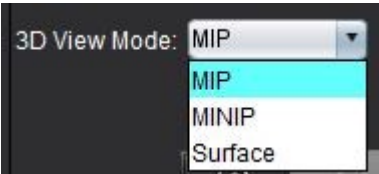
Werkzeug	Beschreibung
	<p><b>Fadenkreuz-Cursor</b> – synchronisiert die Navigation zwischen allen Ansichtsfenstern. Als Startpunkt für Pfadlinien verwenden.</p>
	<p><b>Orientierungsschaltflächen</b> – ändern die Bildebene in den 3D- und schrägen Ansichtsfenstern.</p> <p><b>S = Superior</b>  <b>I = Inferior</b>  <b>A = Anterior</b>  <b>P = Posterior</b>  <b>L = Links</b>  <b>R = Rechts</b></p>
	<p><b>Neigungsmodus</b> – zeigt die Ebene der schrägen Umformatierung und des senkrechten Schnittpunkts, um die gewünschte Anatomie anzuzeigen.</p>
	<p><b>Doppelter Neigungsmodus</b> – zeigt drei schräge Ebenen an, die durch drei einstellbare Farbachsen – blau, gelb, grün – definiert werden. Durch Anpassung einer Achse werden die beiden anderen schrägen Ebenen aktualisiert.</p>
	<p><b>3D-Anzeigemodus</b> – stellt Bild-Render-Modi im 3D-Ansichtsfenster bereit.</p> <p><b>MIP</b> – Maximumintensitätsprojektion (Standard).  <b>MINIP</b> – Minimumintensitätsprojektion.  <b>Oberfläche</b> – Siehe <a href="#">Oberflächenmodus auf Seite 179</a>.</p>

Tabelle 2: Registerkarte „Anzeige“









Werkzeug	Beschreibung
	<p><b>Anzeigemodus</b> – zeigt die Visualisierungswerkzeuge für die Segmentierung an (siehe Tabelle 6, „Visualisierungswerkzeuge (Registerkarte „Anzeige“ oder „Gefäße“),“ auf Seite 176).</p>
	<p><b>Strömungslinien</b> – Globale Visualisierung von 3D-Geschwindigkeitsfeldern in einer bestimmten zeitlichen Phase.</p> <p>Einstellungen:  <b>Strömungsfiter</b> – Passt die Intensität der Strömungslinien an.</p>
	<p><b>Pfadlinien</b> – Die Flugbahnen einzelner Blutpartikel, die sich im Laufe der Zeit durch das Herz-Kreislauf-System bewegen.</p> <p><b>Pfadfilter</b> – Passt den Schwellenwert für die Blutgeschwindigkeit an.</p>
	<p><b>Vektoren</b> - Pfeile, die Geschwindigkeit und Richtung des Blutstroms darstellen.</p> <p>Einstellungen:  <b>Vektorfilter</b> – Passt den Schwellenwert für die Blutgeschwindigkeit an.  <b>Abstand</b> – Passt die Dichte der Pfeile an.  <b>Größe</b> – Passt die Pfeilskala an die lokale Geschwindigkeit an.</p>
	<p><b>1 Farbige Geschwindigkeitsüberlagerung*</b> (Deaktiviert, wenn Strömungslinien und Vektoren ausgewählt sind.)  <b>2 Entfernen von farbigen Geschwindigkeitsüberlagerungen*</b>  <b>3 Phasen-Visualisierung*</b>  <b>4 Angiogramm*</b>          *Nur für 4D-Flussbilder verfügbar.</p>
	<p><b>Geschwindigkeitsbereich</b> – passt die Farbzuordnung der Flussrichtung an.          Nur für 4D-Flussbilder verfügbar.          Die Legende der Geschwindigkeitsbereichs-Farbleiste ist auf der rechten Seite jedes Ansichtsfensters zu finden. Bei dem Wert handelt es sich um eine Schätzung.</p>
	<p><b>Opazität</b> – steuert die Farbopazität des Bildes, um die Visualisierung der zugrunde liegenden Anatomie zu verbessern. Nur für 4D-Flussbilder verfügbar.</p>
	<p><b>4D-Farbglättung</b> – Grad der Glättung für das Farbgeschwindigkeits-Overlay.</p>

Tabelle 2: Registerkarte „Anzeige“


Werkzeug	Beschreibung
	<p><b>Film</b> – Steuert die Anzahl der Frames pro Sekunde und definiert den Start- bzw. End-Frame des Films. Nur verfügbar für zeitaufgelöste 3D-Vergrößerungs- und 4D-Flussbilder. Verwenden Sie die Leertaste auf der Tastatur, um den Film abzuspielen oder anzuhalten.</p>
	<p><b>DICOM-Reihe speichern – Screenshot</b> – speichert die Bilder des Ansichtsfensters wie angezeigt, einschließlich der Visualisierungen.</p> <p>1 – Aktives Ansichtsfenster 2 – Alle Ansichtsfenster</p> <p><b>HINWEIS:</b> Der Bildtyp wird durch die Auswahl des 3D-Ansichtsmodus bestimmt.</p>
	<p><b>DICOM-Reihenbild speichern – Rotations-Cine</b> – speichert das aktive Ansichtsfensterbild als Rotations-Cine.</p> <p>1 – Wipp-Modus – Wählen Sie diese Option, um Bilder in Wipp-Cine zu speichern. 2 – Wählen Sie den Pfeil für die Drehrichtung.</p>
	<p><b>DICOM-Reihen speichern – Weitere Analyse</b> – Bei 3D-Aufnahmen werden die Bilder als MIP gespeichert. Bei 4D-Aufnahmen werden die Bilder als konventionelle Filme mit Magnitude und/oder Phase gespeichert. Die erstellten Reihen können für zukünftige Analysen verwendet werden.</p> <p>1 – Mehrschicht-Rx-Werkzeug</p> <p><b>HINWEIS:</b> Für jede Magnituden- und Phasenreihe wird eine grundlinienkorrigierte Reihe erstellt.</p>



Tabelle 2: Registerkarte „Anzeige“


Werkzeug	Beschreibung
	<p><b>Speichern</b> – speichert alle Bildreihentypen, die über die Reihendefinition erstellt wurden, in der lokalen Datenbank.</p>

Tabelle 3: Ansichtsfenster-Werkzeuge

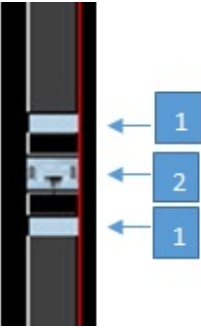







Werkzeug	Beschreibung
	<p><b>Blättern und Verdicken</b> – ändert die Dicke des MIP-Bildes und blättert seitenweise durch den gesamten Bildsatz.</p> <p>1= Klicken und ziehen Sie die Schaltflächen auf einer Seite, um die Dicke des MIP-Bildes zu ändern.                  2= Klicken und ziehen Sie den Schieberegler, um die Seiten im Bildset zu durchlaufen, oder nutzen Sie das Mausrad.</p> <p>Die Bedienelemente sind auf der rechten Seite des ausgewählten Ansichtsfensters zu finden.</p>
	<p><b>Linear</b> – Stellt die Messung der direkten Entfernung bereit. Klicken Sie direkt auf den jeweiligen Messwert und verwenden Sie dann die rechte Maustaste zum Löschen, Suchen oder Kennzeichnen. (Tastenkombination Alt + 1)</p>
	<p><b>3D-Drehen</b> – kippt oder dreht die Bilder im 3D-Ansichtsfenster. Ziehen Sie mit der mittleren Maus direkt in das Ansichtsfenster, um es zu kippen oder zu drehen.</p>
	<p><b>Flow-Richtung</b> – zeigt die senkrechte Ebene in schrägen Ansichtsfenstern an. Klicken Sie mit der rechten Maustaste in das Ansichtsfenster und wählen Sie mit der linken Maustaste „Flow-Richtung“. Klicken Sie mit der linken Maustaste direkt auf die Anatomie, die Sie interessiert. Nur für 4D-Flow verfügbar.</p>
	<p><b>Fenster/Ebene</b> – rechter Mausklick im Ansichtsfenster.</p>
	<p><b>Schwenken</b> – rechter Mausklick im Ansichtsfenster.</p>
	<p><b>Zoom</b> – rechter Mausklick im Ansichtsfenster.</p>
	<p><b>Drehen</b> – verfügbar für das 3D-Ansichtsfenster und schräge Ansichtsfenster.</p>

Tabelle 3: Ansichtsfenster-Werkzeuge

Werkzeug	Beschreibung
	<b>Rückgängig</b> – macht die letzte Aktion im Ansichtsfenster rückgängig
	<b>Zurücksetzen</b>
	<b>3D-Bild ausblenden</b> – klicken Sie darauf, um die volumetrischen Bilddaten in der 3D-Ansicht auszublenden und nur die ISO-Oberfläche anzuzeigen.
	<b>Bild an Befund senden</b> – rechter Mausklick im Ansichtsfenster.
	<b>Scan-Parameter</b> – Klicken Sie mit der rechten Maustaste in das Ansichtsfenster.

Tabelle 4: Tastenkombination

Funktion	Aktion
Zielcursor	Setzen Sie den Cursor auf die gewünschte Anatomie und drücken Sie die Umschalttaste.
1 x 1 Layout	Durch Doppelklicken auf ein 2 x 2 Ansichtsfenster wird das Layout auf 1 x 1 und wieder zurück auf 2 x 2 gesetzt.
Lineare Messung	Klicken Sie auf die Tasten Umschalt + 1.

ABBILDUNG 2. Tastenkombinationen

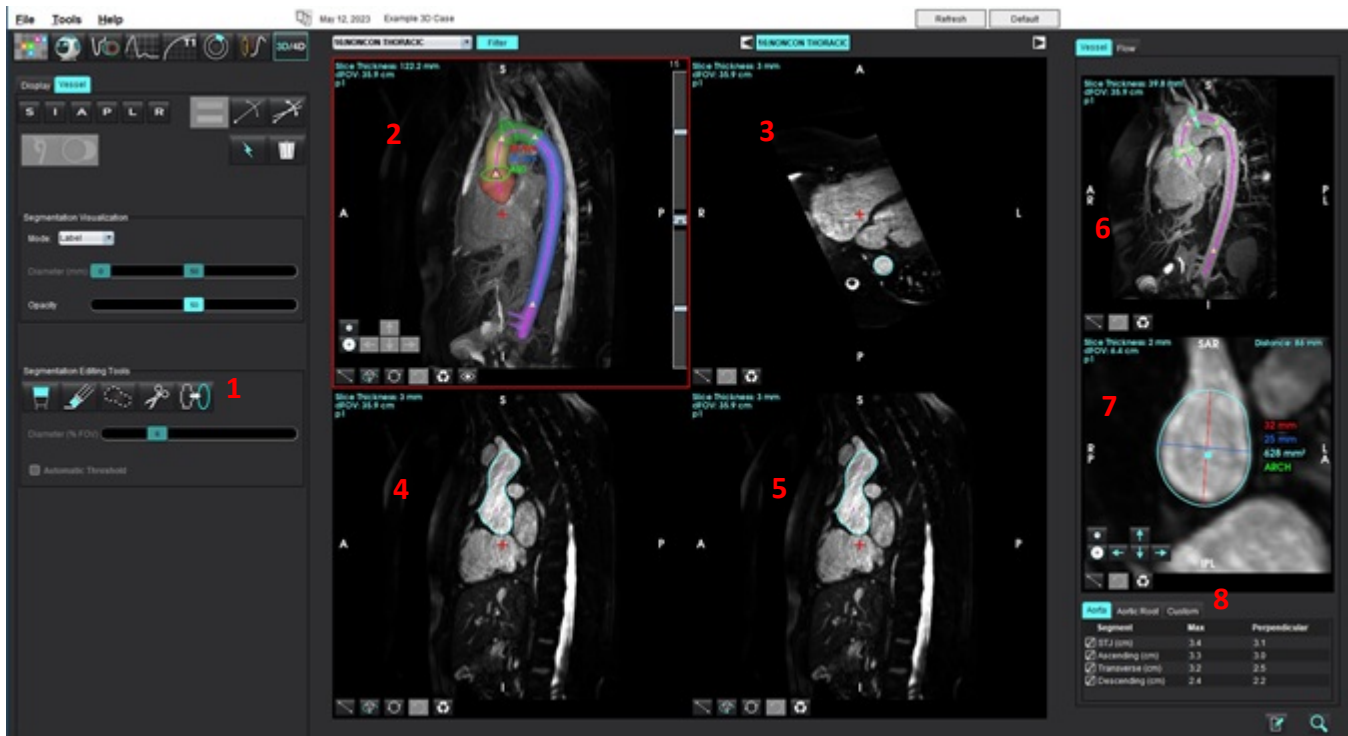
3D/4D Editing Tools	
3D Rotate	Ctrl + Alt + Middle Mouse Button
Image Zoom	Ctrl + Middle Mouse Button
Window/Level	Alt + Middle Mouse Button
Move Crosshair Cursor	Shift
Brush	Alt+A
Erase	Alt+E
Trace	Alt+T
Cut	Alt+C
Smooth	Alt+S
Brush Size	Alt + Mouse Wheel
Quit Editing	Alt+Q
Toggle Display Mode	Alt+D

# Registerkarte „Gefäße“

Die Registerkarte „Gefäße“ ermöglicht die automatische Segmentierung der thorakalen Aorta zusammen mit Werkzeugen für die Bearbeitung und Befunderstellung von Messungen.


Erforderliche Bilder: Die automatische 3D-Gefäßsegmentierung ist für bSSFP-Sequenzen optimiert, unterstützt aber auch kontrastverstärkte 3D-MRA- und kontrastverstärkte Dual-Echo-Wasserrekonstruktionsbilder.

ABBILDUNG 3. Schnittstelle zur Gefäßanalyse (3D)



1. Bearbeitungswerkzeuge, 2. 3D-Ansichtsfenster, 3. Axiales Ansichtsfenster, 4. Schräges Ansichtsfenster, 5. Schräges Ansichtsfenster, 6. Mittellinienansicht, 7. Orthogonale Ansicht, 8. Messergebnistabellen

## 3D Segmentierung mit Messungen

1. Wählen Sie **3D/4D** aus.
2. Wählen Sie die Registerkarte „**Gefäß**“.
3. Wählen Sie die entsprechende 3D-Reihe aus dem Pulldown-Menü „Reihennavigation“ aus.  
Der ausgewählte Bildtyp wird auf der Schaltfläche angezeigt.
4. Klicken Sie auf , um die automatische Segmentierung durchzuführen, die Mittellinie zu berechnen, Aortenmarker als gelbe Dreiecke zu platzieren und die Messungen des maximalen Durchmessers in den grün markierten Segmenten aufzuzeichnen. Siehe Abbildung 4.

**HINWEIS:** Die Gefäßsegmentierung kann für die Vorverarbeitung konfiguriert werden.

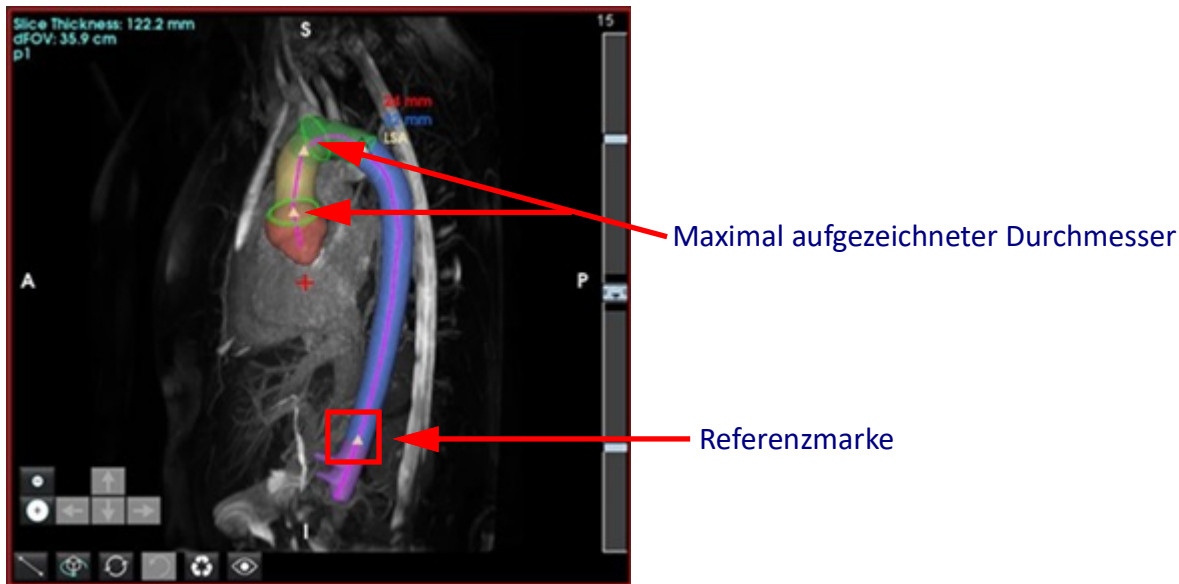
**HINWEIS:** Referenzmarken: Sinotubuläre Verzweigung (STJ), Arteria brachiocephalica (BCA), Arteria subclavia links (LSA) Truncus coeliacus (CA).

Maximale Durchmesser und eine senkrechte Messung, die durch den Mittelpunkt des maximalen Durchmessers geht, werden automatisch entlang der Mittellinie berechnet.

Wenn Sie in der orthogonalen Ansicht mit dem Mausekranz scrollen, wird die Ansicht entlang der Mittellinie vorwärts/rückwärts verschoben.


**HINWEIS:** Es ist möglich, über das Ende der Mittellinie hinaus zu scrollen - die orthogonale Ansicht zeigt extrapolierte Schichten in Richtung des letzten Mittellinienpunktes an. Dies kann nützlich sein, um über die Endpunkte der Mittellinie hinaus zu navigieren, insbesondere in der Nähe der Wurzel.

**ABBILDUNG 4. 3D-Segmentierungsansicht**



5. Überprüfen Sie die Messergebnisse auf der Registerkarte Aorta unten rechts. Wenn Sie direkt auf die Tabelle mit den Messergebnissen klicken, wird die Platzierung der Messung in den Ansichtsfenstern angezeigt. Siehe Abbildung 5.

**HINWEIS:** Die in den Präferenz-Einstellungen gewählte Maßeinheit ist die Einheit für den Befund.

**HINWEIS:** Klicken Sie auf die Registerkarte Benutzerdefiniert und dann auf , um eine benutzerdefinierte Messung hinzuzufügen.

**ABBILDUNG 5. Messergebnistabellen**

Das Bild zeigt die Registerkarte 'Aorta' mit den Unterregisterkarten 'Aortic Root' und 'Custom'. Die Tabelle enthält die folgenden Messergebnisse:

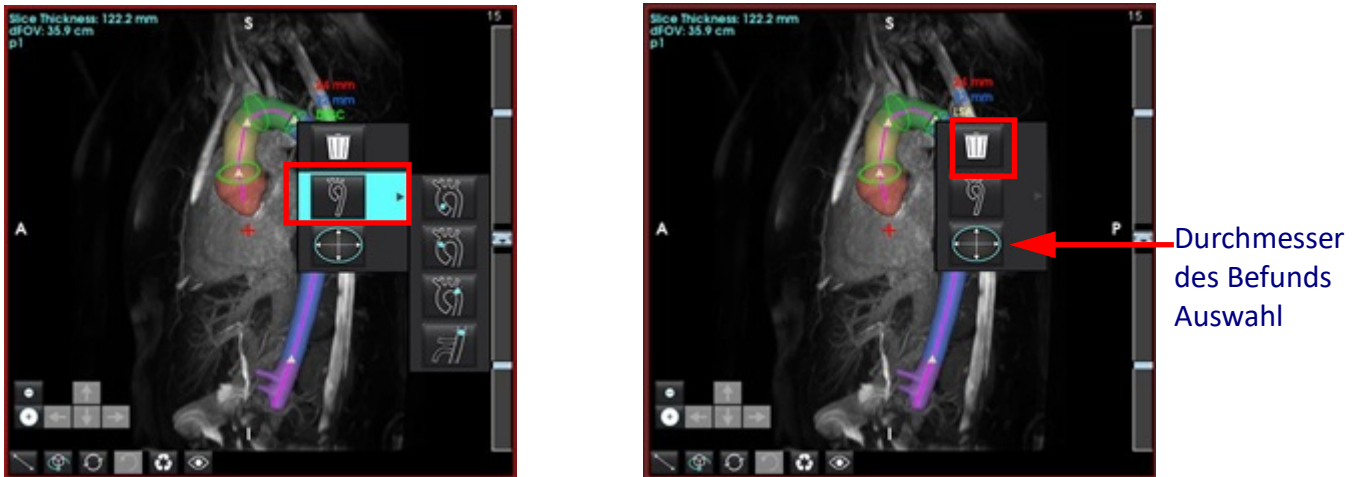
Segment	Max	Perpendicular
<input checked="" type="checkbox"/> STJ (cm)	3.7	3.2
<input checked="" type="checkbox"/> Ascending (cm)	3.6	3.1
<input checked="" type="checkbox"/> Transverse (cm)	3.1	2.5
<input checked="" type="checkbox"/> Descending (cm)	2.4	2.2

- Überprüfen Sie die Referenzmarken-Segmente. Zum Ändern klicken Sie auf das gelbe Dreieck und ziehen Sie es entlang der Mittellinie oder klicken Sie mit der rechten Maustaste auf die Mittellinie und platzieren Sie einen Orientierungspunkt an dem ausgewählten Mittellinienpunkt.



Referenzmarken können gelöscht werden, indem Sie mit der rechten Maustaste auf die Referenzmarke klicken und das Müllimersymbol auswählen. Siehe Abbildung 6.

**HINWEIS:** Die automatischen Messungen am Höchstwert werden neu berechnet.

**ABBILDUNG 6. Rechter Mausklick „Referenzmarke ändern“ (links) Rechter Mausklick „Löschen“ (rechts)**



**HINWEIS:** Die STJ-Messung ist eine Referenzmarke. Durch Verschieben der Referenzmarke wird die aufgezeichnete Messung aktualisiert.

- Die maximal aufgezeichnete Messposition kann manuell geändert werden, indem Sie mit der rechten Maustaste entlang der Aorta innerhalb eines Segments klicken und  wählen, um die Messposition zu ändern.
- Die aufgezeichneten Messungen können in der Orthogonalansicht manuell überschrieben werden, indem Sie auf die lineare Anmerkung klicken und eines der Enden ziehen (siehe Abbildung 7). Lineare Messungen können zurückgesetzt werden, indem Sie mit der rechten Maustaste auf die BBezeichnung klicken und  wählen.

**ABBILDUNG 7. Orthogonale Ansicht**



- Die Registerkarte „Aortenwurzel“ enthält sechs vordefinierte Messungen. Lokalisieren Sie die Aortenwurzel und klicken Sie direkt auf die Messung in der Tabelle und dann auf die orthogonale Ansicht, um lineare Messungen zu erstellen. Siehe Abbildung 8.

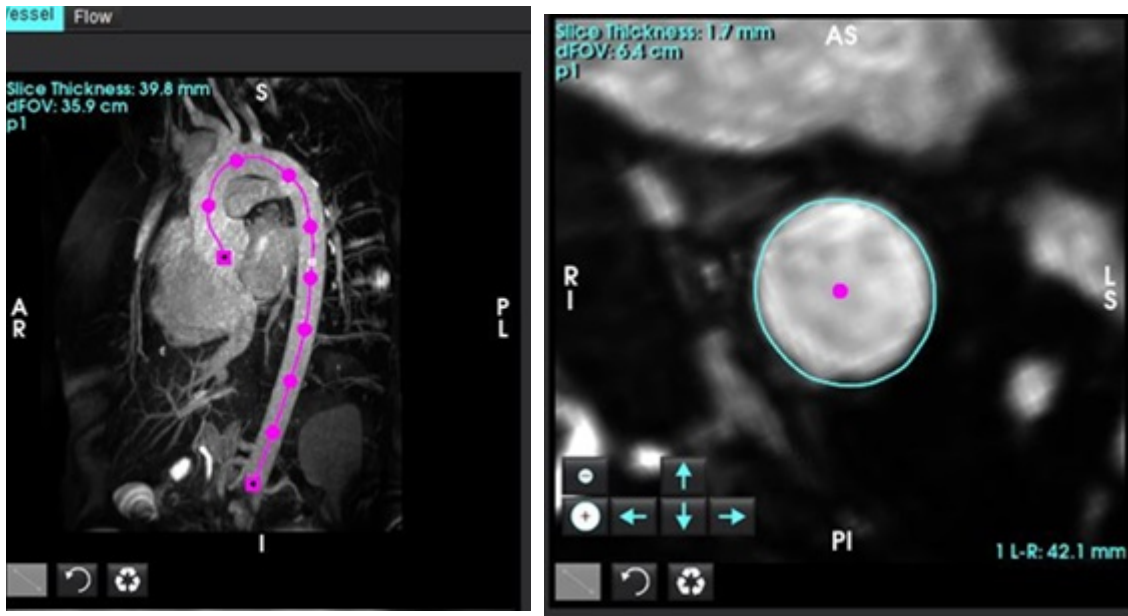
**ABBILDUNG 8. Registerkarte „Aortenwurzel“ mit orthogonaler Ansicht**



- Wenn Sie in der Mittellinienansicht auf die Mittellinie klicken, wird sie in einen Spline umgewandelt; zum Bearbeiten klicken und ziehen Sie auf einen Punkt. Doppelklicken Sie auf eines der Enden der Mittellinie, um sie zu verlängern. Siehe Abbildung 9.

**WICHTIG:** Ein direktes Überschreiben der Mittellinie verhindert eine zukünftige Aktualisierung der Mittellinie aufgrund von Änderungen der Segmentierung!

**ABBILDUNG 9. Mittellinien-Ansichtsfenster und Orthogonal-Ansichtsfenster**





11. Überprüfen Sie die Segmentierung und nehmen Sie kleinere Änderungen mit Dilatieren, Erodieren, Verschieben der vorhandenen Kontur (Tabelle 7) oder größere Änderungen mit Pinseln, Lassos, Glätten (Tabelle 8) vor.

**HINWEIS:** Vor einer größeren Segmentierungsbearbeitung wird empfohlen, zunächst die Messungen zu überprüfen, da die Mittellinie möglicherweise genau ist und nur geringfügige Messanpassungen erforderlich sind.

Tabelle 5: Steuerelemente für die Segmentierung (Registerkarte „Gefäße“)



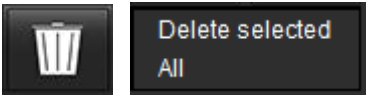

Auswahl	Beschreibung
	<p>Gefäßauswahl-Dropdown: Wählen Sie das aktive Gefäß für die Segmentierungsbearbeitung aus.</p> <p><b>HINWEIS:</b> Bei der automatischen Segmentierung werden alle Gefäße unabhängig vom ausgewählten Gefäß segmentiert.</p> <p><b>HINWEIS:</b> Die Optionen für PA, SVC, IVC werden nur in 4D angezeigt.</p>
	<p>Automatische Gefäß-Segmentierung</p> <p><b>3D:</b> Aorta Thoracica</p> <p><b>4D:</b> Aorta Thoracica, PA, SVC und IVC</p>
	<p>Aktive, ausgewählte oder alle Segmentierung(en) löschen.</p> <p><b>HINWEIS:</b> Bei 3D erscheint kein Dropdown und es wird nur die Aorta gelöscht.</p>
	<p>Untersuchungsbereich mit Beschränkung/Untersuchungsbereich ohne Beschränkung. Schaltet die Möglichkeit um, dass das aktiv ausgewählte Gefäß andere Gefäßsegmentierungen außer Kraft setzt (Voxel von anderen Segmentierungen beansprucht).</p> <p><b>HINWEIS:</b> Nur für 4D verfügbar.</p>



Tabelle 6: Visualisierungswerkzeuge (Registerkarte „Anzeige“ oder „Gefäße“)

Auswahl	Beschreibung
	<p>Öffnen Sie das Panel „Segmentierungsvisualisierung“ auf der Registerkarte „Anzeige“.</p>
	<p>Schalten Sie die Sichtbarkeit jeder Gefäß-Isofläche um (nur Registerkarte „Anzeige“).</p>
	<p><b>Bezeichnung</b> – färbt das aktive Gefäß in blaugrün, inaktive Gefäße in grau.</p> <p><b>Gefäße</b> – alle Gefäße sind mit verschiedenen Farben hell gefärbt.</p> <p><b>Durchmesser (nur 3D)</b> – das aktive Gefäß wird entsprechend seinem Querschnittsdurchmesser eingefärbt.</p> <p><b>Fläche (nur 3D)</b> – das aktive Gefäß wird entsprechend seiner Querschnittsfläche eingefärbt.</p>
	<p>Im Durchmesser- und Flächenmodus kann der Schieberegler zur Skalierung der Farbleiste eingestellt werden.</p>
	<p>Passt die Deckkraft für alle Segmentierungen an (%).</p>

Tabelle 7: Ansichtsfenster-Bearbeitungswerkzeuge

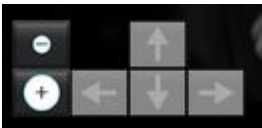

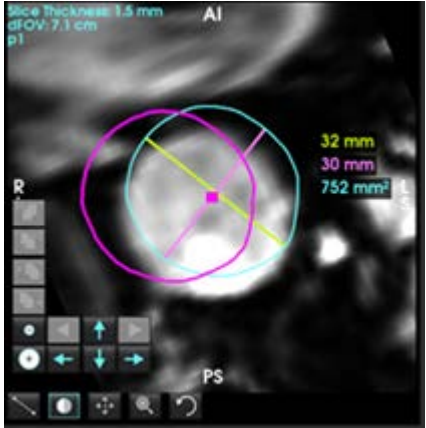



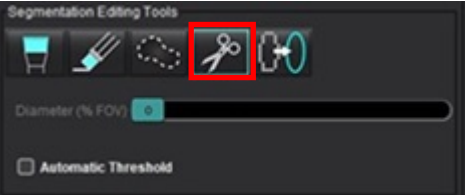
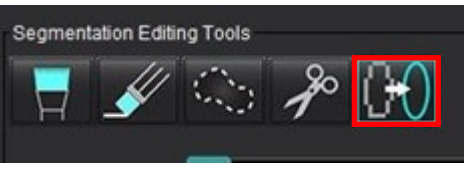
 <p>A control panel for 3D view editing. It features a central cross of four grey arrow keys (up, down, left, right). To the left of the cross are two circular buttons: the top one contains a minus sign (-) and the bottom one contains a plus sign (+).</p>	<p><b>3D-Ansicht</b> – Globale Erosion und Dilatation.</p>
 <p>A control panel for orthogonal view editing. It features a central cross of four cyan arrow keys (up, down, left, right). To the left of the cross are two circular buttons: the top one contains a minus sign (-) and the bottom one contains a plus sign (+).</p>	<p><b>Orthogonale Ansicht</b></p> <p>Mit den Pfeiltasten kann die Kontur um ein einzelnes Voxel verschoben werden. Die Schaltflächen „Erodieren“ und „Dilatieren“ werden auf die Kontur angewendet.</p> <p>„Erodieren“, „Dilatieren“ und „Verschieben“ werden alle auf Schichten oberhalb und unterhalb der aktuellen Schicht proportional zum Betrag der angewendeten Verschiebung übertragen.</p>
 <p>A screenshot of the software interface showing an orthogonal view of a heart cross-section. A blue square is positioned at the center of a contour. Two overlapping circles, one cyan and one magenta, are drawn around the contour. Text in the top left corner reads: "Slice thickness: 1.5 mm", "dFOV: 7.1 cm", and "p1". Text in the top right corner reads: "32 mm", "30 mm", and "752 mm²". The letters "AI" and "PS" are visible in the top right and bottom right corners, respectively. A vertical toolbar is on the left side of the image.</p>	<p>Klicken und ziehen Sie die Kontur in der orthogonalen Ansicht (beginnend mit dem blauen Quadrat), um kombinierte Verschiebungen anzuwenden, anstatt mehrfach auf die Pfeiltasten zu klicken.</p>

Tabelle 8: 3D-Bearbeitungswerkzeuge

Auswahl der Werkzeuge	Beschreibung
	<p><b>Pinsel hinzufügen</b> Zeichnet eine 3D-Kugel. Die Größe des Pinsels ist ein Prozentsatz des FOV. (Der Durchmesser beträgt standardmäßig 6 % des FOV. (30 cm FOV ~ 1,8 cm Durchmesser).</p>
	<p><b>Pinsel löschen</b> Der Durchmesser beträgt standardmäßig 6 % des FOV. (30 cm FOV ~ 1,8 cm Durchmesser).</p>
	<p><b>Kurve hinzufügen</b> Die Dicke ist standardmäßig 10 mm durch die Ebene Es handelt sich um einen Stapel und nicht um ein gekrümmtes Volumen.</p>
	<p><b>Ausschneiden</b> Kann in der 3D-Ansicht verwendet werden, gilt für die gesamte Schichtdicke.</p>
	<p><b>Glätten</b> Als Pinsel direkt auf die Iso-Oberfläche aufgetragen Ohne ROI zu zeichnen, drücken Sie ALT+S, nachdem Sie das Werkzeug ausgewählt haben, um die globale Glättung anzuwenden. Nach dem Zeichnen der ROI drücken Sie wiederholt ALT+S, um die Glättung iterativ zu verstärken. Verwandelt sich in einen sphärischen Glättungspinsel für die Interaktion mit dem 3D-Oberflächenmodell.</p>

**HINWEIS:** Diese Werkzeuge wirken sich auf den Stapel durch die Ebene aus. Pinsel und Radiergummi wirken sich auf die aktuelle Schicht und die Schichten innerhalb des Radius oberhalb/unterhalb aus. Die Standarddicke für die Kurve ist 10 mm. Die effektive Dicke von Schneide- und Glättungsoperationen entspricht der Schichtdicke der aktiven Ansicht.

**HINWEIS:** Bei Auswahl der Option **Automatischer Schwellenwert** wird der optimale Schwellenwert zur Trennung von Hintergrund und Gefäß innerhalb der Interaktion berechnet. Dieses Werkzeug erfordert, dass der Benutzer entlang/neben der Gefäßgrenze zeichnet und berechnet den optimalen Schwellenwert für das Hinzufügen oder Löschen. Die besten Ergebnisse erzielen Sie in Regionen, in denen das Gefäß nicht von Gewebe mit ähnlicher Helligkeit umgeben ist.

# Oberflächenmodus

Erforderliche Bilder: Kontrastverstärkte 3D-Aufnahmen oder andere angiografische Sequenzen, bei denen das intravaskuläre Signal deutlich höher ist als das Hintergrundgewebe. Siehe Abbildung 10.

1. Wählen Sie die Registerkarte **Anzeige**.
2. Wählen Sie **Oberfläche** (nur 3D) aus dem Dropdown-Menü.

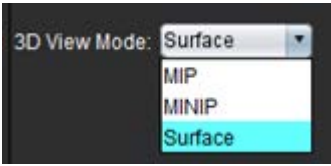



ABBILDUNG 10. Oberflächenmodus



3. Verwenden Sie den Schieberegler für die Deckkraft auf der linken Seite, um die Tiefe der sichtbaren Oberfläche zu ändern.

Durch eine Verringerung der Opazität werden innere anatomische Strukturen mit höherer Signalintensität sichtbar, während eine Erhöhung der Opazität mehr umgebendes Hintergrundgewebe mit niedrigeren Bildintensitäten einschließt.



4. Klicken Sie mit der rechten Maustaste, um die Farbzurordnung zu ändern und wählen Sie . Mit der Fensterbreite wird der Farbbereich eingestellt, während der Fensterebene die Helligkeit bestimmt.

## Beispiel eines Workflows: Erstellen von MIP-Bildern aus einer 3D-Bildreihe

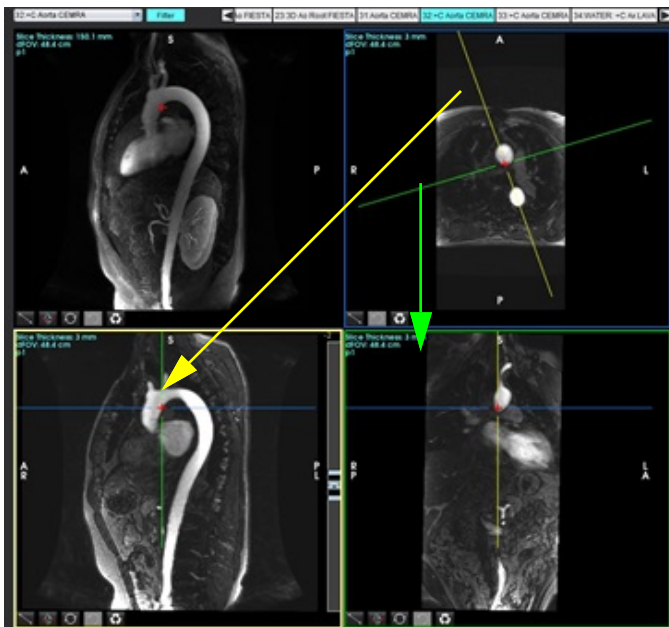
1. Wählen Sie die entsprechende Studie aus und starten Sie die suiteHEART®-Software.
2. Wählen Sie **3D/4D** aus.
3. Wählen Sie die entsprechende 3D-Reihe aus dem Pulldown-Menü „Reihennavigation“ aus. Der ausgewählte Bildtyp wird auf der Schaltfläche angezeigt (siehe Abbildung 11).

ABBILDUNG 11. Reihen-Navigation



4. Wählen Sie  aus und klicken Sie auf das gewünschte Ansichtsfenster. Es erscheinen Umformatierungslinien, wie in Abbildung 12 dargestellt.

ABBILDUNG 12. 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 das gewünschte Ansichtsfenster.
  - b.) Stellen Sie die MIP-Dicke mit den Bedienelementen auf der rechten Seite des Ansichtsfensters ein.
  - c.) Vervollständigen Sie die Reihendefinitionseinträge (siehe Abbildung 13).
  - d.) Klicken Sie auf die Schaltfläche „Speichern“, um das MIP-Bild in der lokalen Datenbank zu speichern.

ABBILDUNG 13. Für weitere Analysen speichern




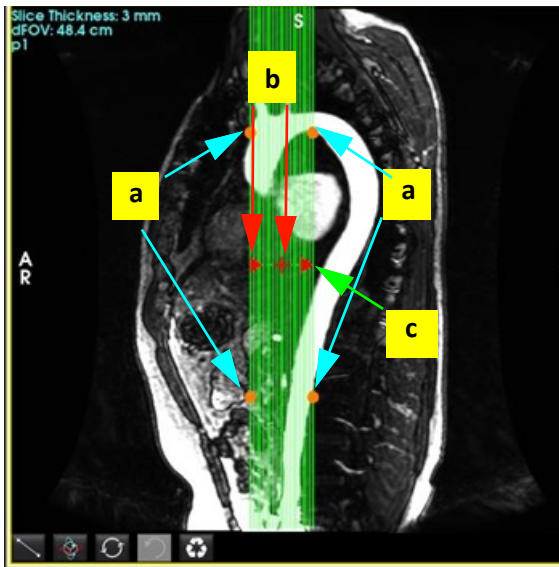

6. Erstellen Sie einen Stapel mit MIP-Bildern, indem Sie  auswählen.
- HINWEIS:** Maximal können 512 nachbearbeitete MIP-Bilder erstellt werden.
7. Klicken Sie auf das als Referenzbild zu verwendende Ansichtsfenster und definieren Sie einen Stapel Bilder (siehe Abbildung 14).
- Erweitern Sie den Schichtenerfassungsbereich.
  - Passen Sie die Winkel an; die Pfeile geben die Richtung der Schicht vor.
  - Verschieben Sie die Rx-Planung.

ABBILDUNG 14. Rx-Planung



8. Wählen Sie die Reihendefinitionsoptionen 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 Reihen anzuzeigen.

## Beispiel eines Workflows: Erstellen einer 2D-Reihe für die Analyse

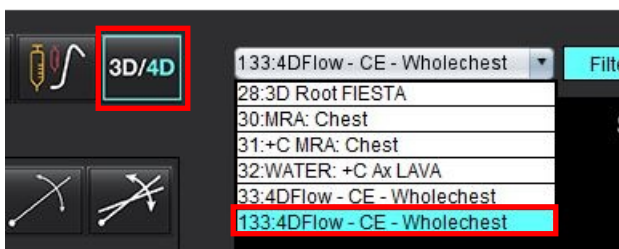
Die Erstellung von konventionellen 2D-Phasenkontrast- oder 2D-Funktionsbildern erfordert eine 4D-Flussreihe, die über beides verfügt: zeitaufgelöste Vergrößerungs- und Flusskonventionen von R/L, A/P und S/I.

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

Reihen, die als Nachbearbeitung aus 4D-Flussbildern erstellt werden, sind an einer Farbüberlagerung erkennbar.

1. Wählen Sie die entsprechende Studie aus und starten Sie die suiteHEART®-Software.
2. Wählen Sie **3D/4D** aus.
3. Wählen Sie die entsprechende 4D-Reihe aus dem Pulldown-Menü „Reihennavigation“ aus (siehe Abbildung 15). Der ausgewählte Bildtyp wird auf der Schaltfläche angezeigt (siehe Abbildung 15).

ABBILDUNG 15. Reihen-Navigation




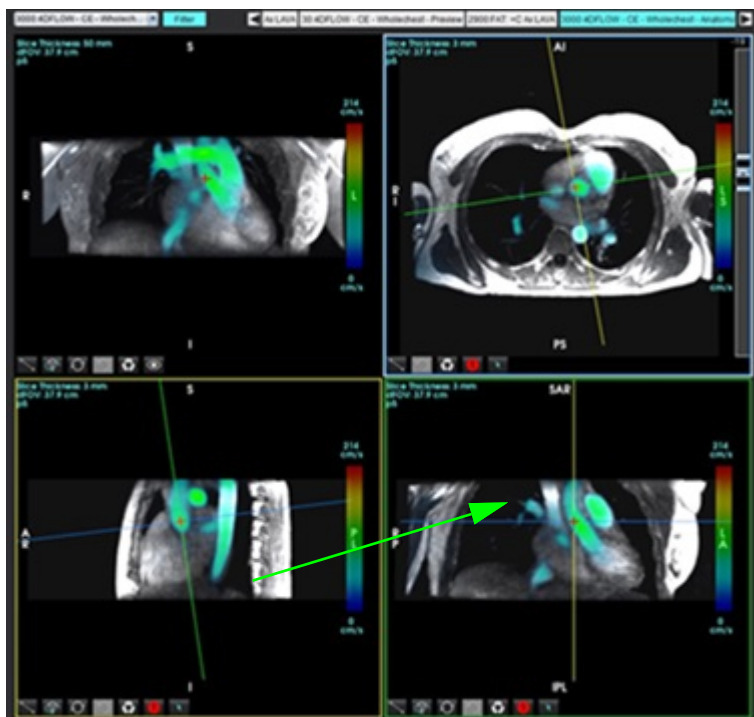
4. Wählen Sie  aus und klicken Sie auf das gewünschte Ansichtsfenster. Es erscheinen Umformatierungslinien, wie in Abbildung 16 dargestellt.

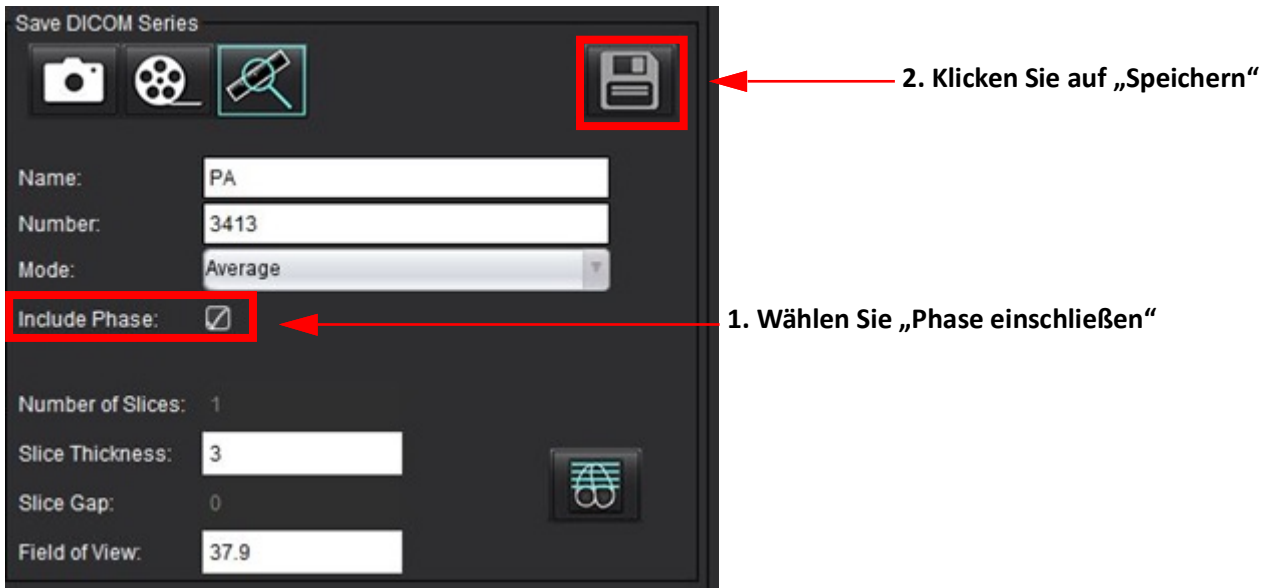
ABBILDUNG 16. Doppelter Neigungsmodus





5. Klicken Sie auf eine durchgehende Linie. Klicken Sie mit der linken Maustaste und ziehen bzw. neigen Sie die Linie, um die gewünschte Anatomie anzuzeigen.
  - a.) Klicken Sie auf das gewünschte Ansichtsfenster, um es zu speichern, und wählen Sie den Vergrößerungs- und Phasenmodus aus, um eine 2D-Phasenkontrastreihe zu erstellen, oder wählen Sie „Vergrößerung“ aus, um eine Funktionsreihe zu erstellen.
  - b.) Passen Sie die Schichtdicke mit den Bedienelementen rechts neben dem Ansichtsfenster an.
  - c.) Schließen Sie die Reihendefinitionseinträge ab (siehe Abbildung 17), und klicken Sie auf die Schaltfläche „Speichern“, um die Reihe in der lokalen Datenbank zu speichern.

**ABBILDUNG 17. Reihendefinition und Speichern**

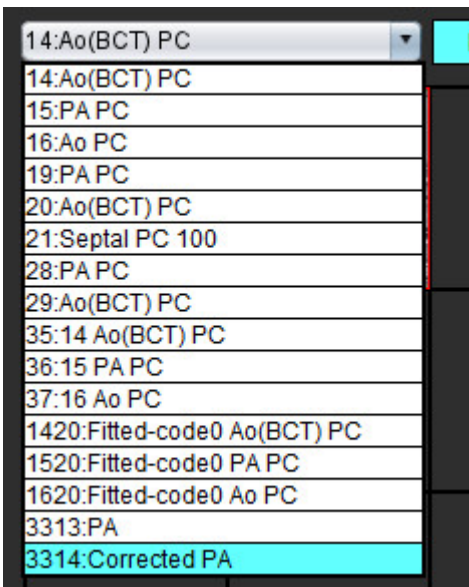


6. Um einen Stapel aus mehrschichtigen Mehrphasenbildern zu erstellen, wählen Sie  aus.

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

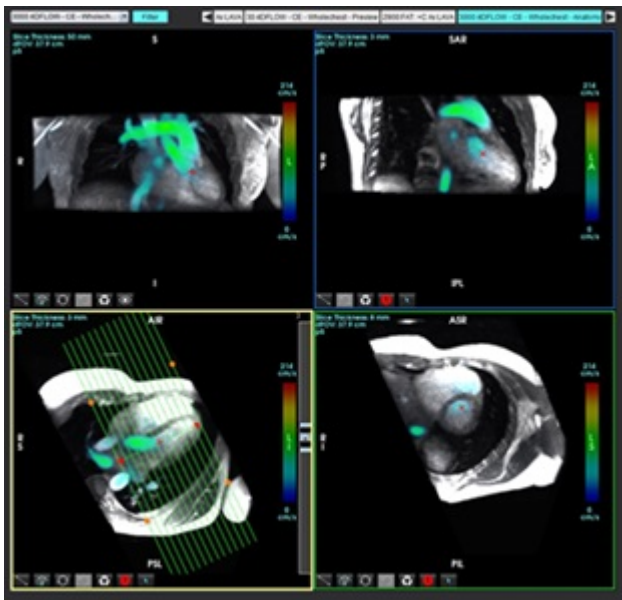
**HINWEIS:** Wenn Reihen im Modus „Vergrößerung und Phase“ gespeichert werden, wird auf die zweite Reihe die automatische Grundlinienkorrektur angewendet. Die Reihe wird mit „korrigiert“ gekennzeichnet (siehe Abbildung 18).


**ABBILDUNG 18. Beispiel für auf automatischen Phasenversatz-Fehler korrigierte Reihe**




7. Klicken Sie auf das als Referenzbild zu verwendende Ansichtsfenster und definieren Sie einen Stapel Bilder, wie in Abbildung 19 gezeigt.


**ABBILDUNG 19. Rx-Planung**




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

## Beispiel eines Workflows: 4D Flow-Segmentierung mit Flow-Analyse

1. Wählen Sie  aus.
2. Wählen Sie die entsprechende 4D Flow Reihe aus dem Pull-Down-Menü der Reihe.

Der ausgewählte Bildtyp wird auf der Schaltfläche  angezeigt.

3. Wählen Sie die Registerkarte „Gefäß“.

4. Klicken Sie auf , um die automatische Segmentierung durchzuführen.

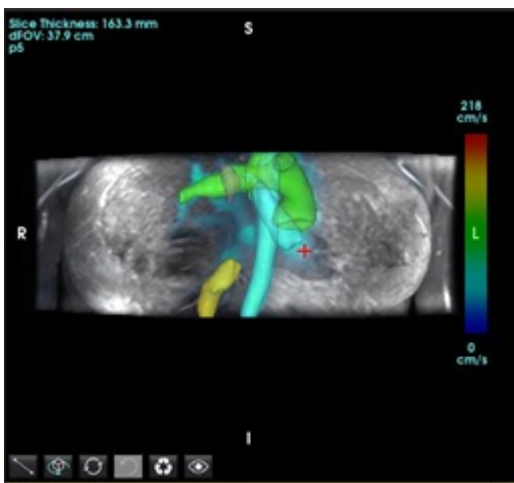
Dadurch werden 2D-Flow-Ebenen für die Aorta, PA, IVC und SVC segmentiert, markiert und platziert. Wählen Sie die Registerkarte „Anzeige“. Siehe Abbildung 20.


**HINWEIS:** Die Gefäßsegmentierung kann für die Vorverarbeitung konfiguriert werden.

**HINWEIS:** Siehe [Siehe Tabelle 1 auf Seite 99](#) für Definitionen der Gefäßkategorien.

**HINWEIS:** Die Segmentierung erfolgt anhand der geschätzten Systolenphase.

**ABBILDUNG 20. 4D-Flow-Segmentierung**

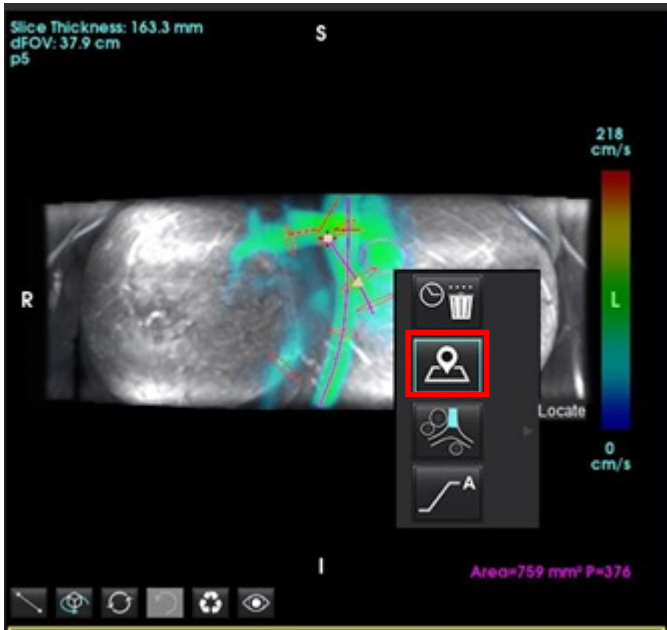


5. Wählen Sie das entsprechende Gefäß zur Bearbeitung aus. Die Registerkarte „Gefäße“ ermöglicht die Bearbeitung von Segmenten wie im 3D-Modus. Weitere Hinweise finden Sie unter [Tabelle 8 auf Seite 178](#).
6. Überprüfen Sie die Segmentierung und bearbeiten Sie sie bei Bedarf.  
Das Ziel der Segmentierung ist die Platzierung der auf der Analyse-Registerkarte angezeigten Flow-Ebenen.
7. Auf der Analyse-Registerkarte werden die Flow-Ergebnisse angezeigt; überprüfen Sie jede Kategorie und die Flow-Konturen in der orthogonalen Ansicht.
8. Drücken Sie Strg + mittlere Maustaste, um die Konturen in allen Phasen zu überprüfen.
9. Um die Platzierung einer ROI in einem Gefäß zu lokalisieren, klicken Sie mit der linken Maustaste auf die ROI, dann mit der rechten Maustaste und wählen Sie .



**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.

**ABBILDUNG 21. ROI-Platzierung auf dem Gefäß lokalisieren**



10. Scrollen Sie in der orthogonalen Ansicht entlang der Mittellinie und klicken Sie auf den Blitz, um die Position der Flow-Ebene schnell anzupassen. Bestätigen Sie die Gefäßkategorie auf der Analyse-Registerkarte. Abbildung 22

**ABBILDUNG 22. Orthogonale Ansicht**



11. Klicken Sie mit der linken Maustaste auf die Kontur, um die Spline-Punkte zu ziehen, wobei Sie von benachbarten Phasen kopieren, und verschieben/erodieren/dilatieren Sie. Abbildung 23

**ABBILDUNG 23. Werkzeuge bearbeiten**



In der Analyse-Registerkarte werden Strömungslinien von der ausgewählten Strömungskontur ausgegeben. Für die globale Strömungslinienemission wechseln Sie auf die Registerkarte „Anzeige“.

### Beispiel eines Workflows: Manuelle Flow-Messung

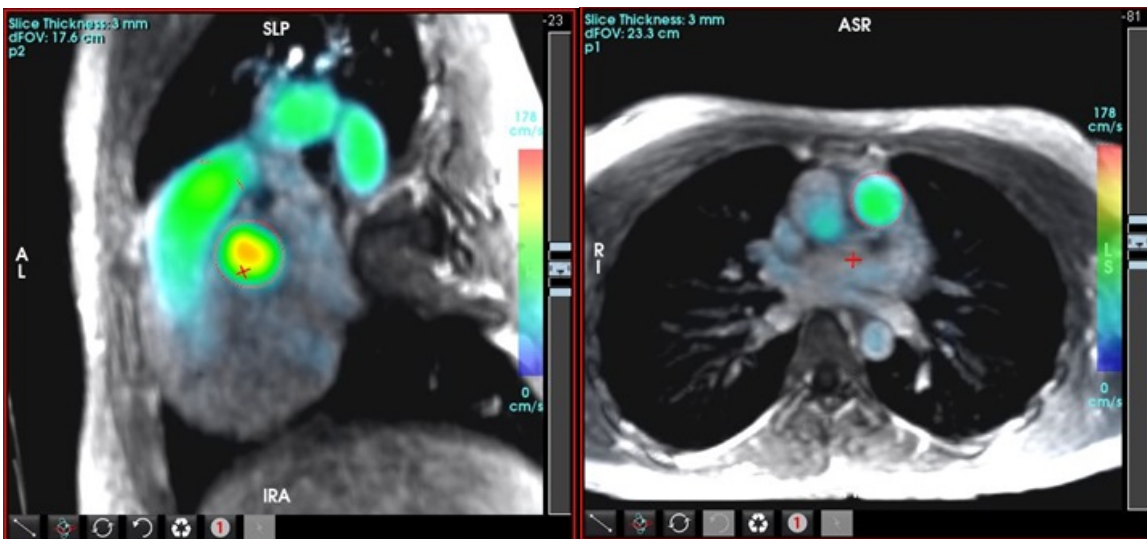
Detaillierte Informationen über die Werkzeuge auf der Flow-Analyse-Benutzeroberfläche finden Sie unter [Flow-Analyse auf Seite 97](#).

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




2. Lokalisieren Sie das Gefäß von Interesse. Klicken Sie auf , um eine Flusskurve zu generieren.

ABBILDUNG 24. 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.

- Bei der manuellen Segmentierung lokalisieren Sie das Gefäß von Interesse und klicken Sie auf  (siehe Abbildung 25).

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


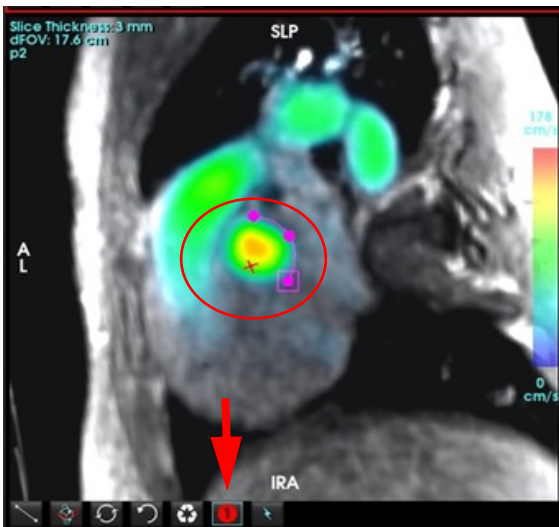
- Erstellen Sie eine Kontur um das Gefäß. Dazu setzen Sie vier Punkte um das Gefäß von Interesse ab.
- Klicken Sie für die automatische Segmentierung in allen Phasen auf .

ABBILDUNG 25. Manuelle Positionierung des Untersuchungsbereichs



## Durchführen einer Geschwindigkeit-Aliasing-Korrektur

Für [Autom. Geschwindigkeits-Aliasing-Korrektur](#) siehe [Seite 108](#).

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.

**ABBILDUNG 26.**







# Befunderstellung



**WARNUNG:** Der Befund sollte vor der Abnahme und der Weitergabe 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.

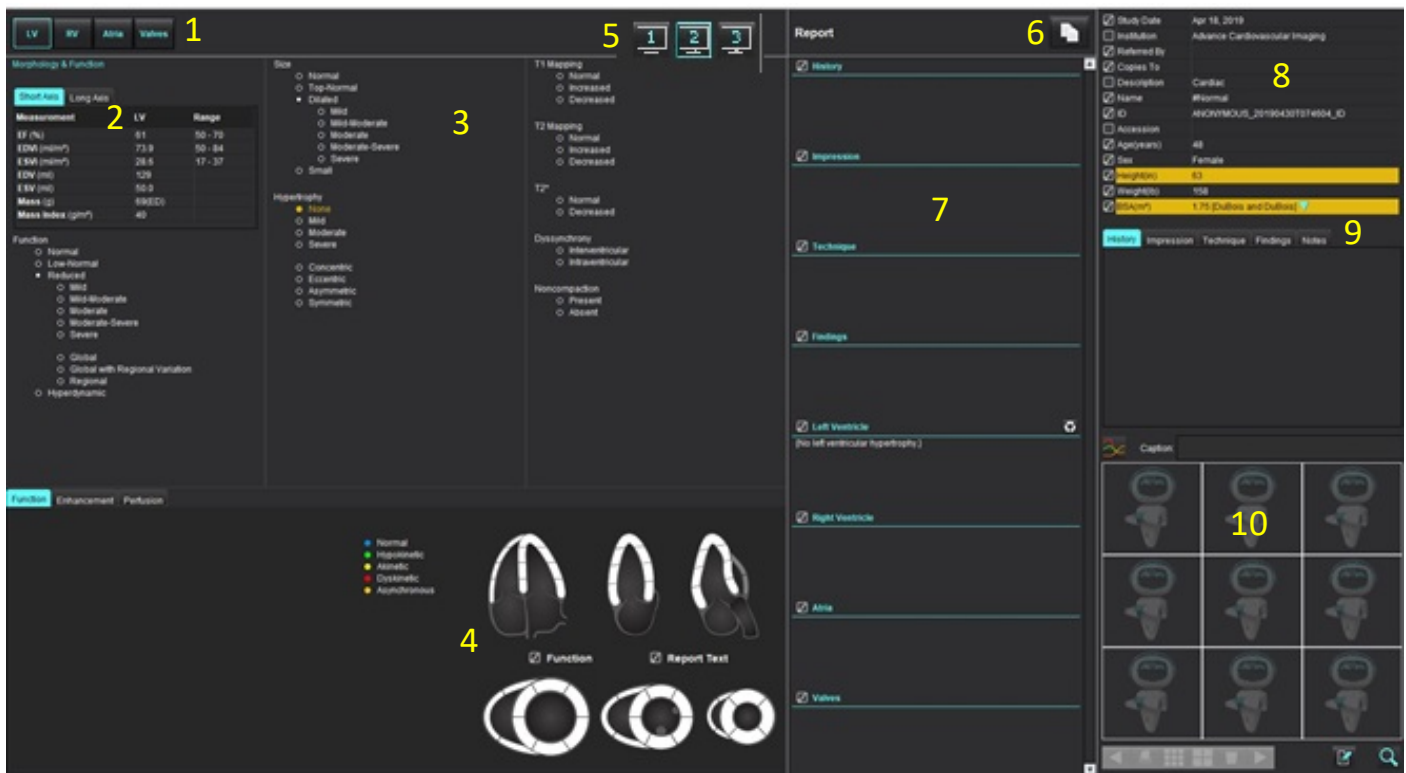
**HINWEIS:** Die Funktionsanalyse wird für mehrere Reihen unterstützt. Die in dem Befund enthaltenen Ergebnisse spiegeln die aktuelle, im Rahmen der Funktionsanalyse ausgewählte Reihe wider.

Die Benutzeroberfläche für Befunderstellung kann durch Klicken auf  in der unteren rechten Ecke der Benutzeroberfläche oder durch Drücken von Alt + R aufgerufen werden. Es wird empfohlen, zwei Monitore zu verwenden, um die Erstellung von Befunden über kardiale Bilder zu erleichtern.

Wenn mehrere Monitore vorhanden sind, wählen Sie den Monitor  in der oberen Mitte rechts auf der Oberfläche aus.

Die Benutzeroberfläche für Befunderstellung (Abbildung 1) bietet eine menügesteuerte Auswahl. Die Auswahl kann direkt auf der Oberfläche erfolgen, wobei der entsprechende Befundabschnitt mit Text gefüllt wird. Der Befundtext und die kategorischen Bereiche für die Parameterergebnisse können vom Benutzer unter Präferenz-Einstellungen definiert werden. Wählen Sie **Werkzeuge > Präferenz-Einstellungen > System bearbeiten (nur für Administratoren)** und wählen Sie die Registerkarte **Befunderstellung**.

ABBILDUNG 1. Benutzeroberfläche für Befunderstellung



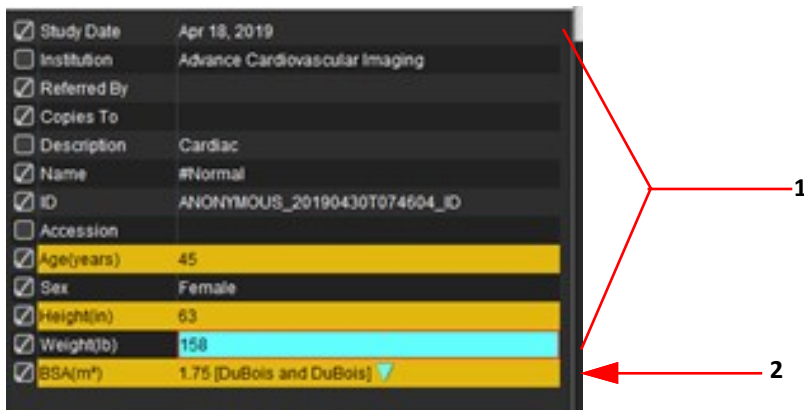
1. Auswahl der kardialen Anatomie, 2. Ergebnisse, 3. Menü-Auswahl, 4. Schemata für Polardiagramme, 5. Monitorauswahl,
6. Befund als HTML kopieren, 7. Befundinhalt, 8. Demografische Daten des Patienten, 9. Makro-Registerkarten,
10. Bilder, Diagramme und Tabellen zum Befund hinzufügen

## Demografische Daten des Patienten

Der demografische Abschnitt enthält Patienteninformationen aus dem DICOM-Header. Die Felder können bearbeitet werden (hervorgehoben), wie in Abbildung 2 gezeigt.

**HINWEIS:** Durch die Bearbeitung wird der DICOM-Header nicht verändert.

ABBILDUNG 2. Demografische Daten



1. DICOM-Headerinformationen, 2. KÖF-Auswahl

Durch Klicken mit der linken 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	$KÖF (m^2) = \text{SQRT}([Größe (cm) \times Gewicht(kg)]/3600)$ $KÖF (m^2) = \text{SQRT}([Größe (cm) \times Gewicht(lbs)]/3131)$
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/>

Die entsprechende Herzanatomie, die befundet werden soll, kann oben links auf der Benutzeroberfläche ausgewählt werden (siehe Abbildung Abbildung 3).

- LV: Linksventrikulär
- RV: Rechtsventrikulär
- Vorhöfe
- Klappen

**ABBILDUNG 3. Auswahl der kardialen Anatomie**

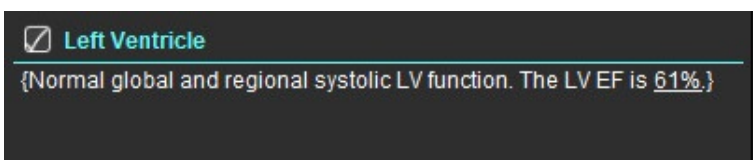


## Befunderstellungsverfahren

**HINWEIS:** Wenn Sie kategorische Bereiche eintragen, wird die automatische Ausfüllfunktion für den Befund aktiviert. Der Text wird entsprechend den benutzerdefinierten Werten vorausgefüllt. Wird während des Befunderstellungsprozesses eine Auswahl über die Menüschnittstelle getroffen, ist die Funktion zum automatischen Ausfüllen nicht mehr aktiviert.

1. Wählen Sie aus den Menüs die für die Studie relevanten Ergebnisse aus. Wenn LV ausgewählt wurde, wird der Befundabschnitt für den linken Ventrikel mit Text gefüllt, wie in Abbildung 4 gezeigt.

**ABBILDUNG 4. Beispiel für die Auswahl des linken Ventrikels**

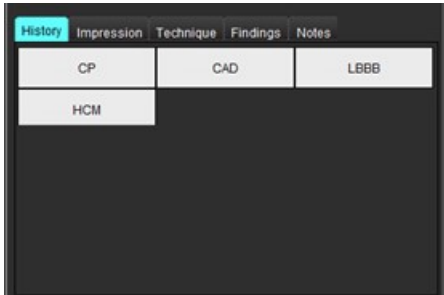


- Platzieren Sie den Cursor außerhalb der Klammer und drücken Sie den Rückwärtspfeil auf der Tastatur, um die gesamte eingeklammerte Zeile zu entfernen, oder platzieren Sie den Cursor innerhalb der Klammer, um manuell Text hinzuzufügen oder zu bearbeiten.

**HINWEIS:** Vor der Erstellung von Ergebnisparametern müssen alle entsprechenden Analysen abgeschlossen sein.

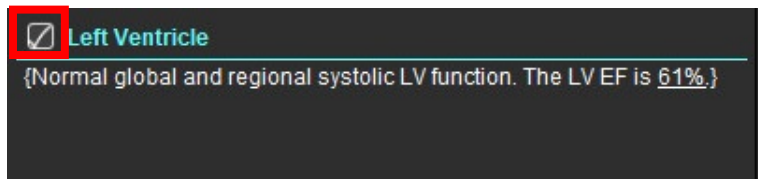
- Alle Befundabschnitte können manuell bearbeitet werden. Für die Befundabschnitte Anamnese, Erkenntnis, Methode und Befunde können Makros erstellt werden. Um Makros zu konfigurieren, wählen Sie **Werkzeuge > Präferenz-Einstellungen > Bearbeiten** und die Registerkarte **Makro** aus.


**ABBILDUNG 5. Anamnese-Registerkarte mit benutzerdefinierten Makros**




- Klicken Sie im Befundabschnitt auf die Kontrollkästchen, um Inhalte in den Befund aufzunehmen oder auszuschließen. Siehe Abbildung 6.

**ABBILDUNG 6. Befundinhalt**



- Klicken Sie auf , um den Befund im HTML-Format zu exportieren.

## Bilder, Diagramme und Tabellen zum Befund hinzufügen

- Klicken Sie mit der rechten Maustaste auf ein beliebiges Bildansichtsfenster, Diagramm oder eine Tabelle und wählen Sie .

- Zeigen Sie Diagramme oder Tabellen an, indem Sie  wählen.

**HINWEIS:** Mehrschichtige Bilder können zum Befund gesendet werden. Wählen Sie **Werkzeuge > Präferenz-Einstellungen > Bearbeiten** aus. Aktivieren Sie unter „Allgemein“ das Kontrollkästchen „Mehrschichtiges Bild an Befund“.







Klicken Sie im Überprüfungsmodus mit der rechten Maustaste auf ; beachten Sie, dass der Film angehalten werden muss.

ABBILDUNG 7. Bildern, Diagrammen, Tabellen



1. Diagramme und Tabellen anzeigen, 2. Beschriftung eintippen, 3. Steuerelemente

### Steuerelemente

	Schritt für Schritt durch jedes Bild, jede Grafik oder Tabelle
	In den Befund einbeziehen, wenn aktiviert
	Bildformat klein oder groß
	Bild, Diagramm oder Tabelle entfernen
	Bild lokalisieren

### Polardiagramme

Polardiagramme können dem Befund durch Vervollständigung des entsprechenden Schemas hinzugefügt werden. Polardiagramme sind für Funktion, Enhancement und Perfusion verfügbar. Um Polardiagramme in den Befund aufzunehmen, klicken Sie auf das Kästchen in Abbildung 8.

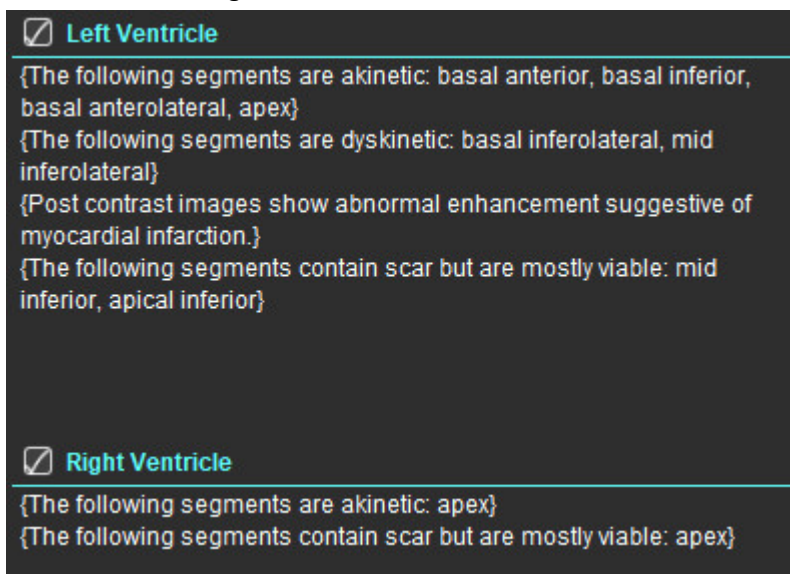
ABBILDUNG 8. Schaubilder





### Segment-Auswahl

1. Klicken Sie mit der linken Maustaste auf einen farbcodierten Deskriptor und klicken Sie mit der linken Maustaste auf das Segment oder  
klicken Sie mit der rechten Maustaste direkt auf ein Segment, um es aus der Liste auszuwählen, oder klicken Sie weg vom Segment, um alle Segmente auszuwählen.
2. Die Auswahl der Segmente für Funktion und Enhancement wird in den entsprechenden Befundsabschnitt für den linken oder rechten Ventrikel mit Textbeschreibungen der Auswahl eingetragen, wie in Abbildung 9 gezeigt.
3. Konfigurieren Sie die Standardbezeichnung Verbesserung, indem Sie **Werkzeuge > Präferenz-Einstellungen > System bearbeiten (nur für Administratoren)** auswählen und die gewünschte Bezeichnung unter Myokarduntersuchung eingeben. Wählen Sie auf der Registerkarte „Analyse der myokardialen Beurteilung“ die entsprechende Bezeichnung aus.  
**HINWEIS:** Wenn das apikale Segment der langen Achse ausgefüllt ist, wird das 17-Segment-Polardiagramm auf dem Befund formatiert.  
**HINWEIS:** Das Enhancement-Schaubild kann bei der Anzeige der Perfusionsschaubilder umgeschaltet werden.
4. Um das Polardiagramm auf 4-farbig einzustellen, wählen Sie **Werkzeuge > Präferenz-Einstellungen > System bearbeiten (nur für Administratoren) > Befunderstellung > Polardiagramm** und wählen Sie **4 Farben**.

ABBILDUNG 9. Segment-Auswahl

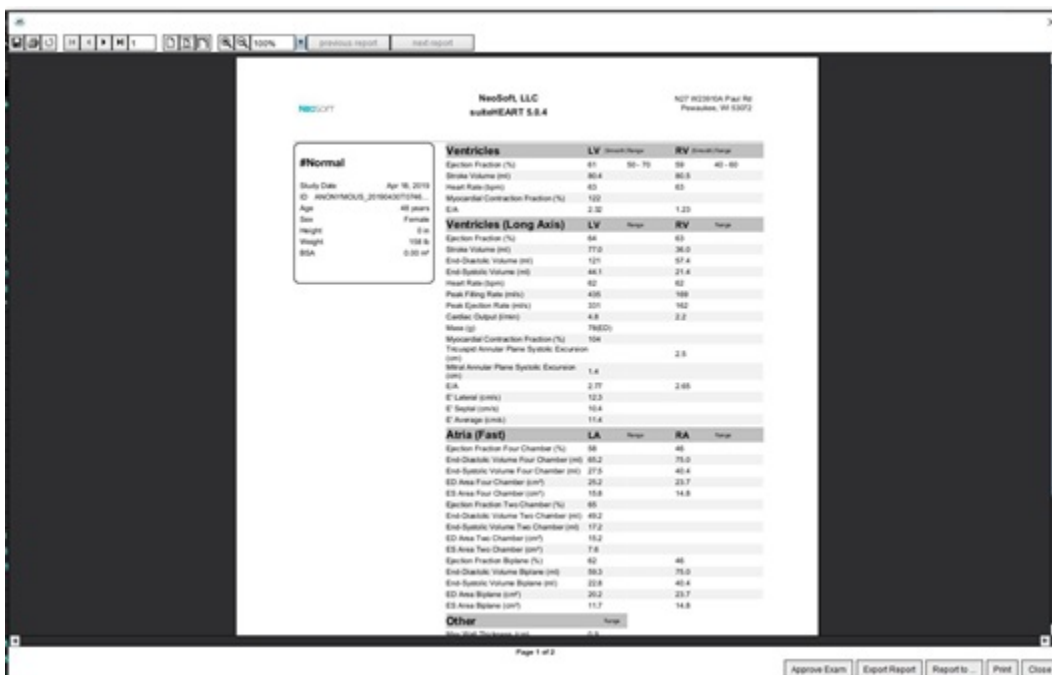


# Vorschau und Freigabe des Befunds

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. Wählen Sie , um den Befund als PDF, RTF, XLS oder TIFF zu speichern.
4. Wählen Sie das Ziel und den Dateityp.

**HINWEIS:** Der Name der Befunddatei kann in den Präferenz-Einstellungen konfiguriert werden. Siehe [Auswahloptionen für Befund-Präferenz-Einstellungen auf Seite 30](#).

**ABBILDUNG 10. Befundvorschau**



**Normal**  
Study Date: Apr 18, 2019  
ID: ANONYMOUS\_201904181046...  
Age: 48 years  
Sex: Female  
Height: 5 ft  
Weight: 108 lb  
BSA: 0.92 m<sup>2</sup>

Ventricles		LV	Mean	RV	Mean
Ejection Fraction (%)		61	50-70	58	40-60
Stroke Volume (ml)		86.4		86.8	
Heart Rate (bpm)		63		63	
Myocardial Contraction Fraction (%)		132		63	
SA		2.32		1.23	

Ventricles (Long Axis)		LV	Mean	RV	Mean
Ejection Fraction (%)		60		60	
Stroke Volume (ml)		77.0		36.0	
End-Diastolic Volume (ml)		121		97.4	
End-Systolic Volume (ml)		48.1		21.4	
Heart Rate (bpm)		62		62	
Peak Filling Rate (ml/s)		436		188	
Peak Ejection Rate (ml/s)		320		162	
Cardiac Output (l/min)		4.8		2.8	
Mass (g)		78620			
Myocardial Contraction Fraction (%)		104			
Tricuspid Annular Plane Systolic Excursion (cm)				2.8	
Mitral Annular Plane Systolic Excursion (cm)				1.6	
SA		2.77		2.68	
E' Lateral (cm/s)		12.3			
E' Septal (cm/s)		10.4			
E' Average (cm/s)		11.4			

Atria (Pass)		LA	Mean	RA	Mean
Ejection Fraction Four Chamber (%)		66		66	
End-Diastolic Volume Four Chamber (ml)		88.2		75.0	
End-Systolic Volume Four Chamber (ml)		27.9		40.4	
ED Area Four Chamber (cm <sup>2</sup> )		29.2		23.7	
ES Area Four Chamber (cm <sup>2</sup> )		19.8		14.8	
Ejection Fraction Two Chamber (%)		65			
End-Diastolic Volume Two Chamber (ml)		49.2			
End-Systolic Volume Two Chamber (ml)		13.2			
ED Area Two Chamber (cm <sup>2</sup> )		15.2			
ES Area Two Chamber (cm <sup>2</sup> )		7.6			
Ejection Fraction Biplane (%)		62		62	
End-Diastolic Volume Biplane (ml)		88.3		75.0	
End-Systolic Volume Biplane (ml)		23.8		40.4	
ED Area Biplane (cm <sup>2</sup> )		29.2		23.7	
ES Area Biplane (cm <sup>2</sup> )		13.7		14.8	

Other		Mean
Stroke Volume (ml)		77.0

Page 1 of 2

Approve Exam | Export Report | Report to... | Print | Close

5. Wählen Sie **Befund exportieren**, um eine DICOM-Sekundärerfassungsreihe zu erstellen.
6. Wählen Sie **Befund an ...**, um die Ergebnisse in ein Befundsystem eines Drittanbieters zu exportieren.



**WARNUNG:** Der Befund sollte vor der Abnahme und der Weitergabe 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 abnehmen

Die Anwendung hat eine Funktion zum Abnehmen und Sperren von Befunden. Der abgenommene Befund wird gespeichert und kann eingesehen, aber nicht geändert werden. Die Genehmigung kann nur auf dem Bildschirm „Befundvorschau“ durchgeführt werden.

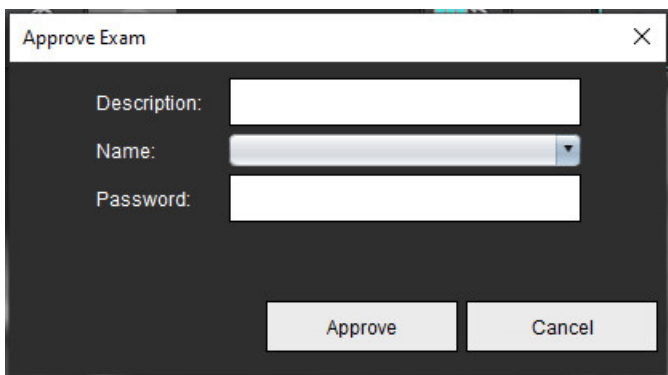
**HINWEIS:** Voraussetzungen: Der Anwender muss für die Befundabnahme autorisiert sein. Siehe [Autorisierte Befundabnehmer auf Seite 32](#). (nur für Administratoren)

**HINWEIS:** Das Ziel des automatischen Exports kann konfiguriert werden, siehe [Befundabnehmer verwalten auf Seite 32](#). (nur für Administratoren)

**HINWEIS:** Zum automatischen Export als DICOM bei der Genehmigung der Untersuchung siehe [Seite 33](#). (nur für Administratoren)

1. Wählen Sie im Fenster „Vorschau“ die Option **Prüfung genehmigen**.

**ABBILDUNG 11.** Fenster „Untersuchung abnehmen“



2. Nach Wunsch fügen Sie eine charakteristische Beschreibung hinzu.
3. Wählen Sie im Pulldown-Menü „**Name**“ Ihren Benutzernamen aus.
4. Geben Sie Ihr Passwort 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 Reihe erstellt.

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

## Export-Optionen

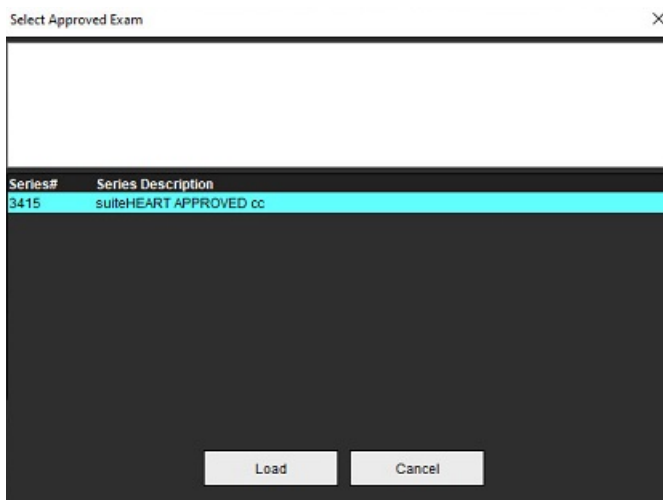
1. Wählen Sie **Werkzeuge > Exportieren > Befund in Excel** aus.  
Exportiert den Befund als eine Excel-Datei.
2. Wählen Sie **Werkzeuge > Exportieren > Befund in XML** aus.  
Exportiert den Befund als eine XML-Datei.
3. Wählen Sie **Werkzeuge > Exportieren > Daten nach Matlab**.  
Exportiert eine Mat-Datei in binärer Form.
4. Wählen Sie **Werkzeuge > Exportieren > Segmentierung in NRRD**.
5. Wählen Sie **Werkzeuge > Exportieren > Isosurface zu STL**.

## Abgenommene Untersuchung überprüfen

1. Wählen Sie **Datei > Abgenommene Untersuchung laden** aus.

Das Fenster **Abgenommene Untersuchung auswählen** wird angezeigt. Alle mit der Untersuchung verbundenen abgenommenen Untersuchungen werden in der Liste angezeigt.

**ABBILDUNG 12.** Fenster „Abgenommene Untersuchung auswählen“



2. Wählen Sie die Reihe aus der Liste aus.
3. Klicken Sie auf „Laden“, um die abgenommene Untersuchung mit den zugehörigen Analysen zu laden und anzuzeigen.
  - Eine abgenommene Untersuchung kann nur angesehen werden.
  - Von einer abgenommenen Untersuchung kann eine neue Untersuchung abgeleitet werden, indem ein abgenommener Befund bearbeitet wird und diese Änderungen in der neuen Untersuchung gespeichert werden. Die neue Untersuchung wird als Sekundärerfassungsreihe gespeichert.

**HINWEIS:** Das Laden einer abgenommenen 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 „Abgenommene Untersuchung laden“ zeigt der Befund weder den Namen des Abnehmers 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 abgenommenen Befunden durchsuchen. Ein Befund wird erst nach der Abnahme in die Befunddatenbank aufgenommen.

## Verwendung der „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 Suchabfrage aus. Die gegenwärtige Abfrageleiste zeigt die von Ihnen ausgewählten Werte an.

**ABBILDUNG 1.** Suchoptionen



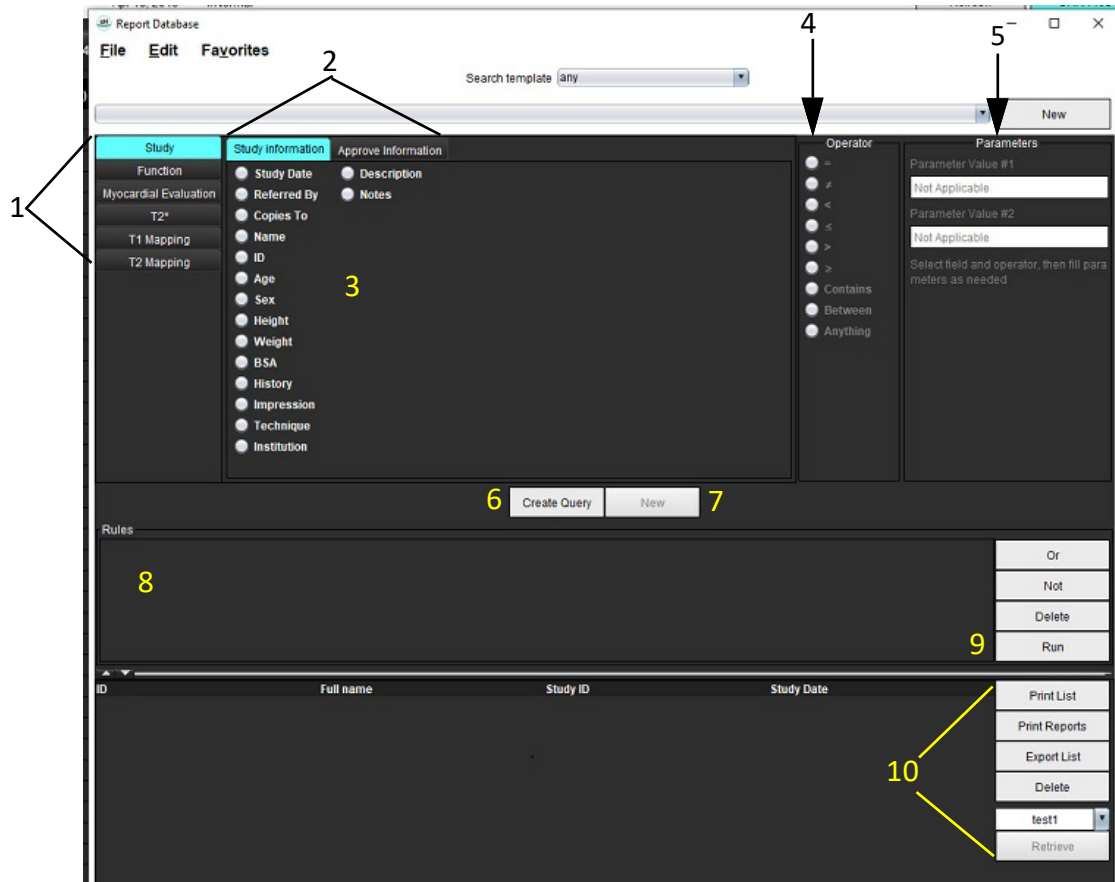
**HINWEIS:** Falls die gewünschte Abfrage noch nicht vorhanden ist, erstellen Sie eine neue Abfrage.

# Eine Abfrage durchführen

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. Registerkarten der Abfrageanalyse, 2. Abfragegruppe, 3. Abfragefelder, 4. Operatoren der Abfrage, 5. Abfragefelder, 6. Abfrage erstellen, 7. Neue Abfrage, 8. Abfragerregeln, 9. Abfrage ausführen, 10. Abfrageoptionen

2. Wählen Sie die Abfragekategorie aus den Registerkarten „Studie“, „Funktion“, „ME“, „T2\*“, „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 Befund-Datenbank kann keine Suche nach benutzerdefinierten Messungen erfolgen.

5. Wählen Sie den Operator aus, um die Suchparameter der Abfrage zu definieren.

6. Geben Sie Parameter ein, um Werte für die Suchkriterien anzugeben.

7. Wählen Sie **Abfrage erstellen** aus, um die Abfrage im Bereich „Regeln“ 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.

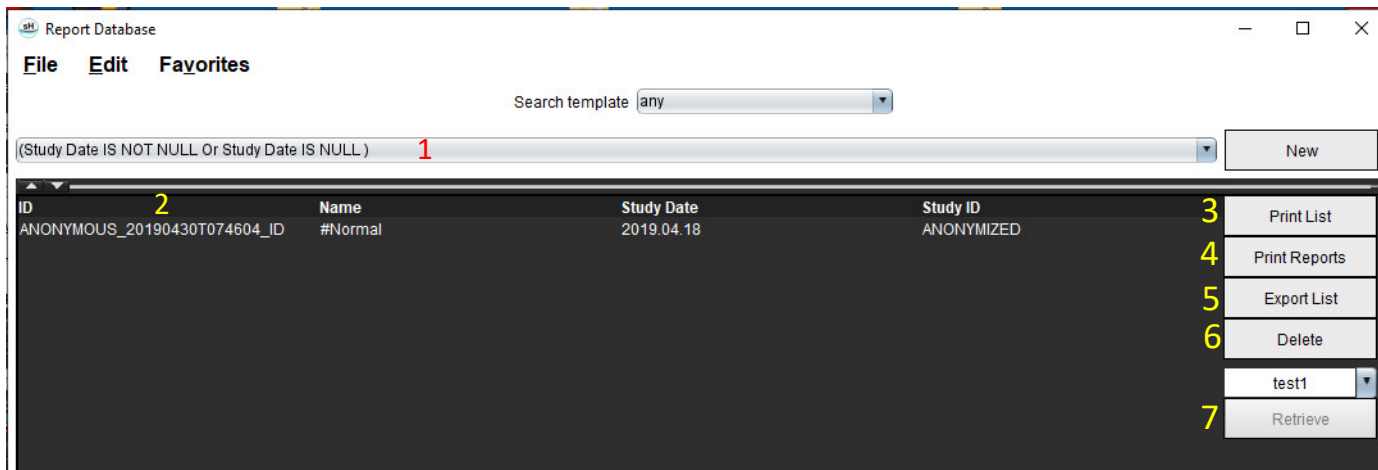
Die Schaltfläche **Oder** führt mehrere Abfragen so zusammen, dass die Suche nur mit einer der Abfragen erfüllt wird. Die Funktion **Oder** wird auf die Abfrageregeln über der Auswahl angewandt.

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

- Um die Datenbank zu durchsuchen, wählen Sie **Ausführen** aus.

Die Suchergebnisse werden im Fenster „Abfrageergebnis“ angezeigt. Die der Suche entsprechenden Abfrageergebnisse werden in der ganz rechts befindlichen Spalte des Fensters „Ergebnis“ angezeigt.

**ABBILDUNG 3. Fenster „Suchergebnis“**



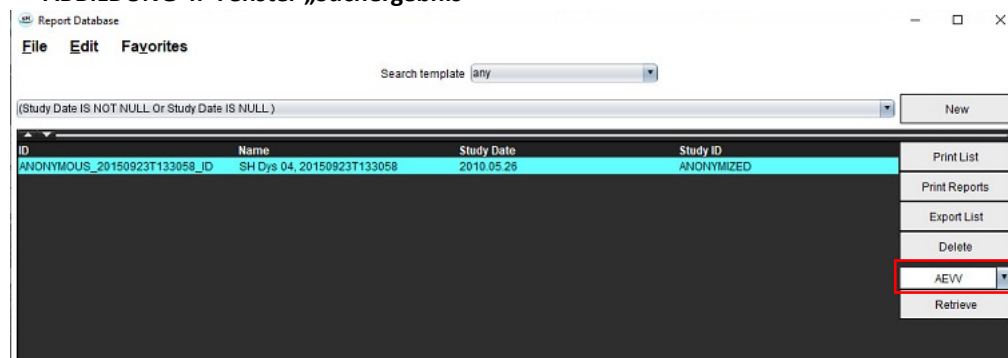
- Leiste „Verlauf“, 2. Suchergebnisse, 3. Liste drucken, 4. Befunde drucken, 5. Liste exportieren, 6. Löschen, 7. Studien abrufen

**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.

## Studien abrufen

- Wählen Sie im Fenster „Suchergebnis“ die **DICOM-Quelle** aus.
- Wählen Sie die **Studien** aus der Ergebnisliste aus.
- Klicken Sie auf **Abrufen**.

**ABBILDUNG 4. Fenster „Suchergebnis“**

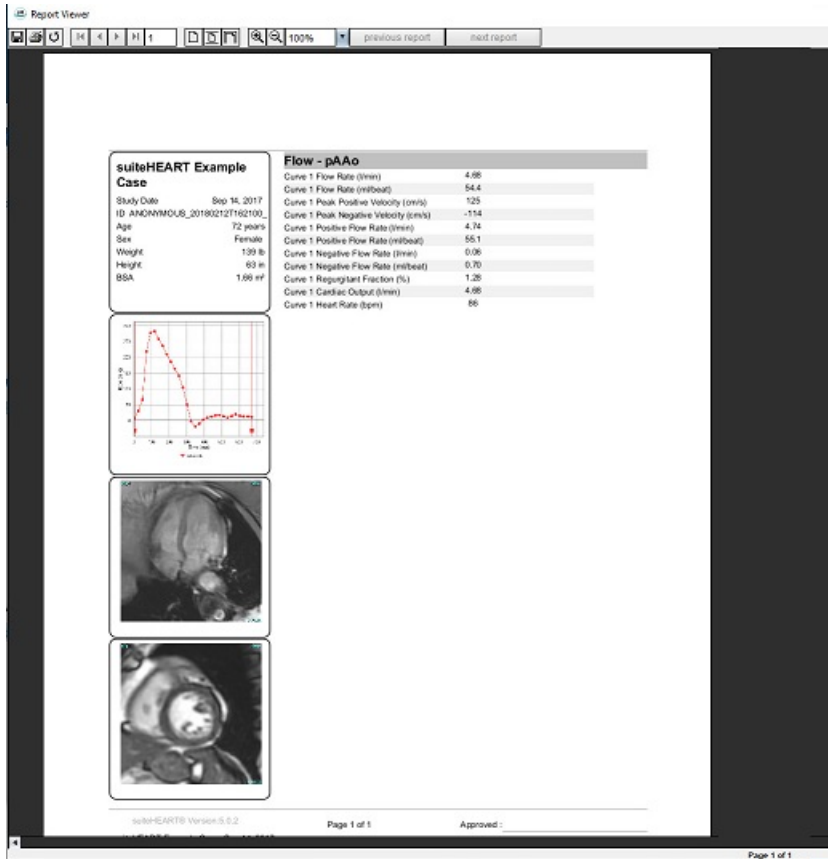


# Ergebnisse anzeigen

1. Um einen Befund anzuzeigen, doppelklicken Sie im Bereich **Suchergebnis** auf den Eintrag.

Der ausgewählte Befund wird in einem neuen Fenster angezeigt. Falls mehr als ein Befund verfügbar ist, verwenden Sie **Nächster Befund** und **Vorhergehender Befund**, um zwischen den Befunden zu blättern. Um das Fenster **Befund überprüfen** zu schließen, klicken Sie auf die Markierung für Fenster schließen **×**.

ABBILDUNG 5. Befundansicht



2. Aus dem Hauptbefund, Datenbankoberfläche:

Mit **Bearbeiten > Alle auswählen** werden alle Suchergebnisse ausgewählt.

Mit **Bearbeiten > Auswahl aufheben** werden alle Ergebnisse abgewählt.

Mit **Bearbeiten > Auswahl umkehren** wird der Auswahlzustand für jedes Ergebnis umgekehrt.

Mit **Bearbeiten > Verlaufsdaten löschen** werden alle Daten früherer Abfragen gelöscht.

3. Wählen Sie **Liste drucken** aus, um die Ergebnisliste der Abfrage an den Drucker zu senden.
4. Wählen Sie **Befunde drucken** aus, um die ausgewählten Befunde an den Drucker zu senden.
5. Wählen Sie **Liste exportieren** aus, um die Liste als html-Datei und den Befund als pdf-Datei zu speichern.
6. Wählen Sie **Löschen** aus, um den/die ausgewählten Befund(e) aus der Befunddatenbank zu löschen.

# Abfrage speichern

1. Wählen Sie **Favoriten > Zu Favoriten hinzufügen** aus.
2. In das Textfeld des Fensters „Zu Favoriten hinzufügen“ geben Sie eine Bezeichnung für die Abfrage ein, und klicken Sie auf **OK**.

ABBILDUNG 6. Menü „Favoriten“

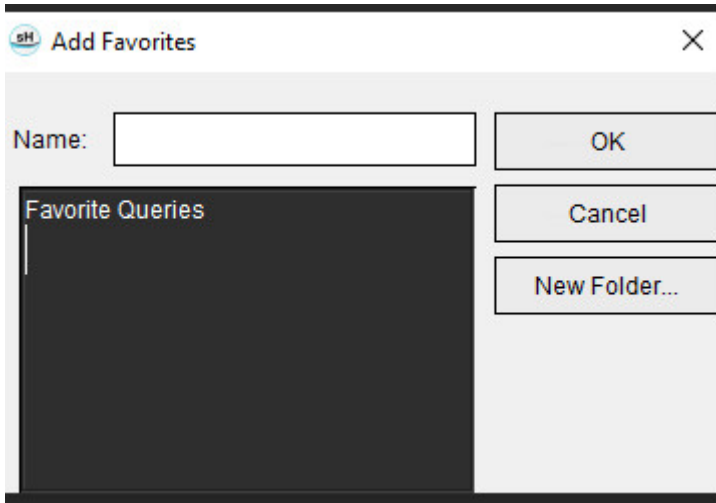
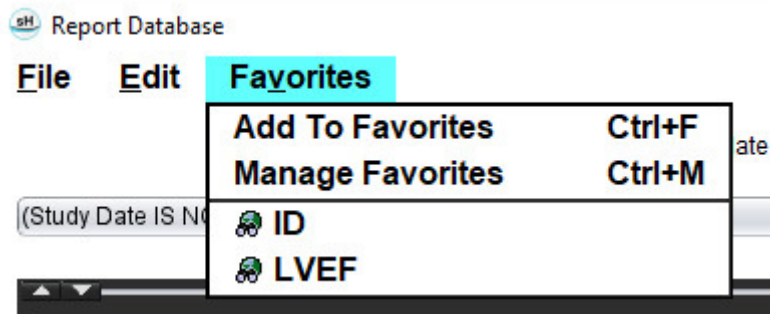


ABBILDUNG 7. Pulldown-Menü „Favoriten“

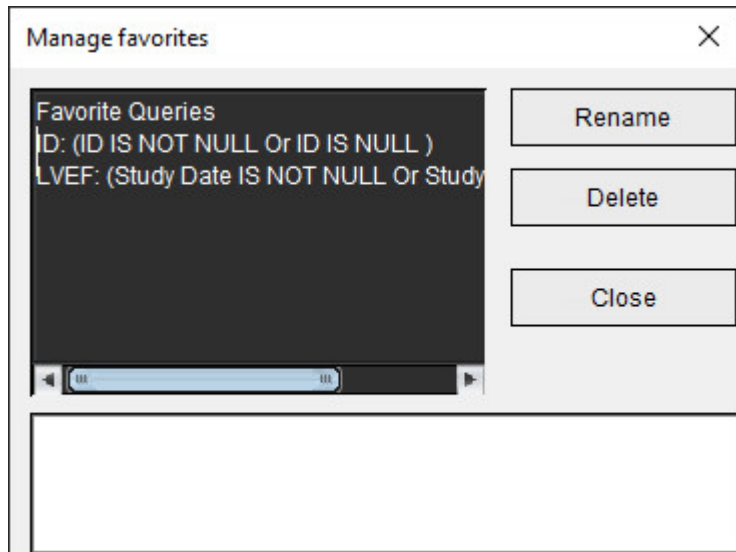




# Favoriten löschen

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

ABBILDUNG 8. Fenster „Favoriten verwalten“

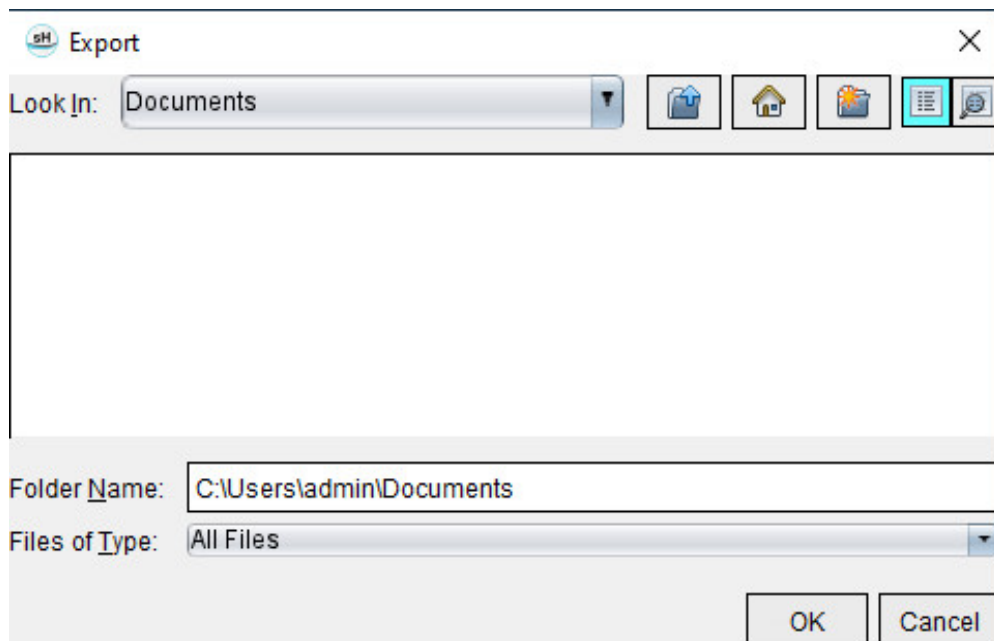


2. Wählen Sie den Eintrag für den Favoriten aus.  
Die gesamte Abfragekombination wird im Fenster **Ergebnis** angezeigt.
3. Klicken Sie auf **Löschen**.  
Ein Popup-Fenster zur Bestätigung erscheint, damit Sie die Löschauswahl bestätigen. Wählen Sie **Ja** aus.
4. Wählen Sie **Schließen** aus.

# Suchergebnisse in eine HTML-Datei exportieren

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

ABBILDUNG 9. Fenster „Exportieren“



2. Wählen Sie das Verzeichnis aus, in das die Liste exportiert werden soll.
3. Wählen Sie **OK** aus.
  - In einem Popup-Fenster wird gefragt, ob die Befunde mitgespeichert werden sollen.
  - Die Liste und die Befunde werden in eine HTML-Datei exportiert.

# Datenbank exportieren

Mit dem Größerwerden der Datenbank ist es ratsam, die Daten zu archivieren.

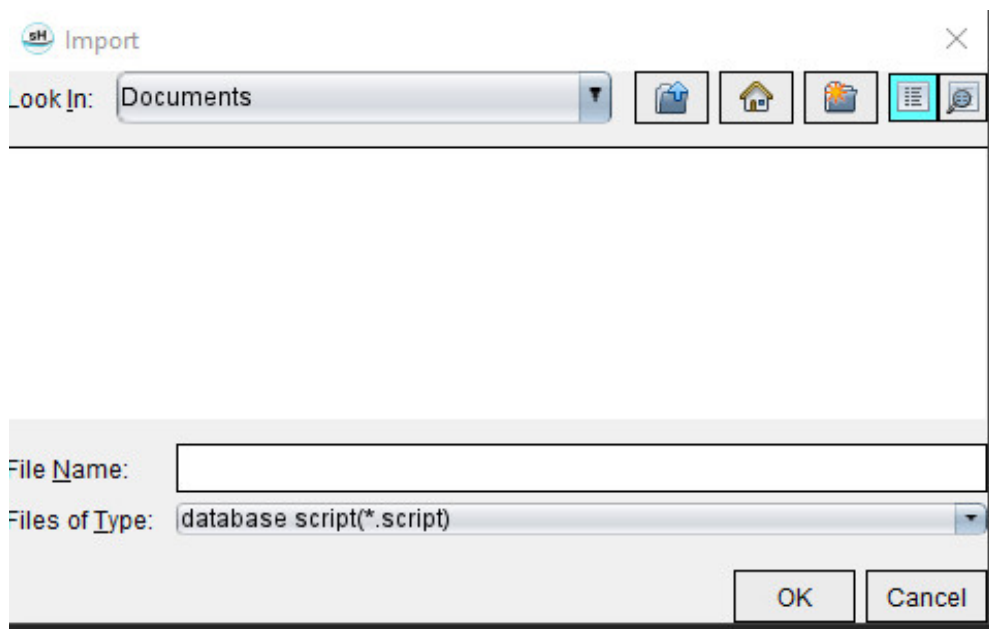
1. Wählen Sie in der Menüleiste „Befunddatenbank“ **Datei > Exportieren** aus.
2. Wählen Sie das Verzeichnis aus, in das die Liste exportiert werden soll.
3. Wählen Sie **OK** aus. Die Datenbank wird auf das externe Speichergerät exportiert.

# Datenbank importieren

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

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

**ABBILDUNG 10. Fenster „Importieren“**



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

# Anhänge

## Anhang A: Präferenz-Einstellungen auf Benutzerebene

Die Anwendung ermöglicht es dem einzelnen Benutzer, eine bestimmte Anzahl von Präferenz-Einstellungen zu konfigurieren.

Die Administratorrechte werden von Ihrer IT-Abteilung festgelegt. Ob Sie sich als Benutzer mit Zugriff auf suiteDXT admin und suiteDXT non-admin einloggen können, hängt von der Installation ab. Ein Admin-Start von suiteDXT ist an den Shortcuts zu erkennen. (Abbildung 1)

**ABBILDUNG 1. Startauswahl**



System-Upgrade: Frühere Präferenz-Einstellungen und Vorlagen sind für alle Benutzer verfügbar, unabhängig davon, ob es sich um eine Einzel- oder Mehrbenutzerumgebung handelt.

**HINWEIS:** Nach jeder Änderung von Präferenz-Einstellungen oder Vorlagen empfiehlt es sich, suiteHEART zu schließen und neu zu starten.

Die in der folgenden Tabelle aufgeführten Menüoptionen sind unter **Werkzeuge > Präferenz-Einstellungen** verfügbar.

**Tabelle 1: Menüauswahlen auf Benutzerebene**

Auswahl	Ebene	Beschreibung
Bearbeiten	Benutzer/Admin	Ermöglicht es einem Benutzer, seine eigenen Präferenz-Einstellungen und Vorlagen zu ändern; ausgegraute Optionen betreffen alle Benutzer und können nur durch die Administratorfunktion System bearbeiten geändert werden.
System bearbeiten	Nur für Administratoren	Ermöglicht die Bearbeitung aller Präferenz-Einstellungen, die für die Standardbearbeitung nicht verfügbar sind. Darüber hinaus können Sie die Präferenz-Einstellungen für die Standardvorverarbeitung bearbeiten.

**Tabelle 1: Menüauswahlen auf Benutzerebene**

Auswahl	Ebene	Beschreibung
Importieren	Nur für Administratoren	Stellt alle Präferenz-Einstellungen und Vorlagen für alle Benutzer aus einer exportierten Datei wieder her. Beim Importieren von Präferenz-Einstellungen aus einer Version vor den Benutzereinstellungen werden die Präferenz-Einstellungen in das System-Set importiert. Beim Import werden alle aktuellen Präferenz-Einstellungen und Vorlagen gelöscht.
Kopieren	Benutzer/Admin	Kopieren Sie die Präferenz-Einstellungen von anderen Benutzern (das Eigentum an der Vorlage wird nicht kopiert).
Exportieren	Benutzer/Admin	Exportiert alle Präferenz-Einstellungen und Vorlagen für alle Benutzer.

## Verwaltungsfunktionen

### Neue Benutzer als autorisierte Befundabnehmer hinzufügen

1. Führen Sie suiteDXT als Admin aus.
2. Starten Sie suiteHEART.
3. Wählen Sie „Werkzeuge -> Präferenz-Einstellungen -> System bearbeiten“.
4. Geben Sie den Benutzer unter Autorisierte Befundabnehmer ein.
5. Vergeben Sie ein Passwort. Benutzer können ihr Passwort ändern.
6. Wählen Sie das entsprechende Ziel für den automatischen Export aus, sofern konfiguriert.
7. Klicken Sie auf Übernehmen.
8. Klicken Sie auf „Speichern und Beenden“.

### Ändern der systemweiten Präferenz-Einstellungen

1. Führen Sie suiteDXT als Admin aus.
2. Starten Sie suiteHEART.
3. Wählen Sie **Werkzeuge > Präferenz-Einstellungen > System bearbeiten**.
4. Nehmen Sie die entsprechenden Änderungen an den Analyse-Präferenz-Einstellungen vor, wie unter [Tabelle 2](#) aufgeführt.

**HINWEIS:** Alle Änderungen an den System-Präferenz-Einstellungen wirken sich auf alle Benutzer aus.

**Tabelle 2: Von der Verwaltung gesteuerte Analyse-Präferenz-Einstellungen**

Registerkarte	Abschnitt	Präferenz-Einstellung
Allgemein	Befund	Alle Präferenz-Einstellungen innerhalb des Abschnitts, bestehend aus Befundüberschriften, Logos usw.
Allgemein	Autorisierte Befundabnehmer	Autorisierte Befundabnehmer (hinzufügen, löschen)
Allgemein	Allgemein	Abgenommene Untersuchung automatisch exportieren
Allgemein	Fluss	Automatische Grundlinienkorrektur
Allgemein	Fluss	Regurgitationsmodus: Automatisch
Allgemein	Fluss	Aliasing wird automatisch erkannt
Allgemein	Fluss	Aliasing-Korrektur standardmäßig aktiviert
Allgemein	Fluss	Flusseinheit
Allgemein	Fluss	Standardmethode
Allgemein	Leerlauf-Timer	Leerlauf-Timer
Allgemein	Myokardiale Beurteilung	Alle Präferenz-Einstellungen im Abschnitt
Virtueller Partner	Richtung der Spitze	2-Kammer-, 3-Kammer-, 4-Kammer-Richtungen
Funktion	Allgemein	Anwenden der MK und des TK Annulus
Funktion	Allgemein	Anwenden der basalen Linieninterpolation
Funktion	Allgemein	Anwenden der mittelventrikulären Interpolation
Funktion	Allgemein	Bewegungskorrektur zwischen Reihen
Funktion	Allgemein	Aktivieren der Vorverarbeitung für mehrere Reihen
T1/T2/T2*	T1	Sequenz, ICF
T1/T2/T2*	T2	Parameteranpassung
T1/T2/T2*	T2*	Parameteranpassung
T1/T2/T2*	Endo/Epi-Versatz	T1, T2 Endo/Epi-Versatz

**Tabelle 2: Von der Verwaltung gesteuerte Analyse-Präferenz-Einstellungen**

Registerkarte	Abschnitt	Präferenz-Einstellung
Befunderstellung	Befunderstellung	Alle Präferenz-Einstellungen auf der Registerkarte „Befunderstellung“, einschließlich aller benutzerdefinierten Texte und Textauswahlkriterien für die Benutzeroberfläche für Befunderstellung
Automatische Reihen-Zusammenstellung	Automatische Reihen-Zusammenstellung	GE Combine T1, Philips T1/T2, Siemens T1/T2

## Vorlagen

Vorlagentitel, die fett gedruckt sind, können nicht bearbeitet werden.

Verwaltung früherer Vorlagen aus 5.1.2.

Der Administrator kann bestehende 5.1.2-Vorlagen bestimmten Benutzern zuweisen. Zum Wechsel des Eigentümers:

1. Führen Sie suiteDXT als Admin aus.
2. Starten Sie suiteHEART.
3. Wählen Sie „Werkzeuge -> Präferenz-Einstellungen -> System bearbeiten“.
4. Wählen Sie die Registerkarte „Vorlage“.
5. Wählen Sie den Namen der Vorlage, die Sie zuweisen möchten.
6. Verwenden Sie die Dropdown-Liste „Benutzername“, um die Vorlage einem bestimmten Benutzer zuzuweisen.
7. Klicken Sie auf „Speichern und Beenden“.

### Vorlagen löschen:

1. Führen Sie suiteDXT als Admin aus.
2. Starten Sie suiteHEART.
3. Wählen Sie „Werkzeuge -> Präferenz-Einstellungen -> System bearbeiten“.
4. Wählen Sie die Registerkarte „Vorlage“.
5. Wählen Sie den Namen der aktuellen Vorlage.
6. Klicken Sie auf „Löschen“.
7. Klicken Sie auf „Speichern und Beenden“.

## Benutzerfunktionen

### Einzelplatzumgebung

In einer Einzelbenutzerkonfiguration ist die Kopierfunktion nicht verfügbar. Nur anwendbar in einer Mehrbenutzerumgebung, in der ein Benutzer eine bestehende Benutzer-Präferenz-Einstellung kopieren möchte.



## Mehrbenutzerumgebung

Benutzer können die Präferenz-Einstellungen anderer Benutzer kopieren.

1. Starten Sie suiteHEART.
2. Wählen Sie **Werkzeuge > Präferenz-Einstellungen > Kopieren**.
3. Das Pull-Down-Menü der Datei zeigt die Benutzernamen an (Vorlagen werden nicht kopiert).
4. Wählen Sie den Benutzer aus.
5. Klicken Sie auf „OK“.

**HINWEIS:** Der Administrator steuert Änderungen an den Analyse-Präferenz-Einstellungen, die unter [Tabelle 2](#) aufgeführt sind.

## Vorlagen

Vorlagen sind für alle Benutzer zur Verwendung in suiteHEART verfügbar, einschließlich früherer Vorlagen und von NeoSoft bereitgestellter Vorlagen (vordefiniert). Benutzer können ihre eigenen Vorlagen bearbeiten/ändern, nicht aber die von anderen Benutzern erstellten Vorlagen.

Benutzer können vorhandene Vorlagen kopieren. Kopierte Vorlagen können von dem Benutzer, der den Kopiervorgang durchführt, bearbeitet werden.

Jeder Benutzer kann nach dem Start der Studie seine eigene Vorlage auswählen. Die vorherige Auswahl der Vorlage wird für zukünftige Fälle übernommen.

Die Benutzer können selbst neue Vorlagen erstellen oder eine vordefinierte Vorlage verwenden.

## Passwort für autorisierte Befundabnehmer ändern

**HINWEIS:** Die Benutzer benötigen ihr ursprüngliches, vom Administrator zugewiesenes Passwort.

1. Starten Sie suiteHEART.
2. Wählen Sie **Werkzeuge > Präferenz-Einstellungen > Bearbeiten** aus.
3. Geben Sie ein altes Passwort ein.
4. Geben Sie ein neues Passwort ein.
5. Geben Sie das neue Passwort erneut unter "Passwort bestätigen" ein.
6. Klicken Sie auf Übernehmen.
7. Klicken Sie auf „Speichern und Beenden“.

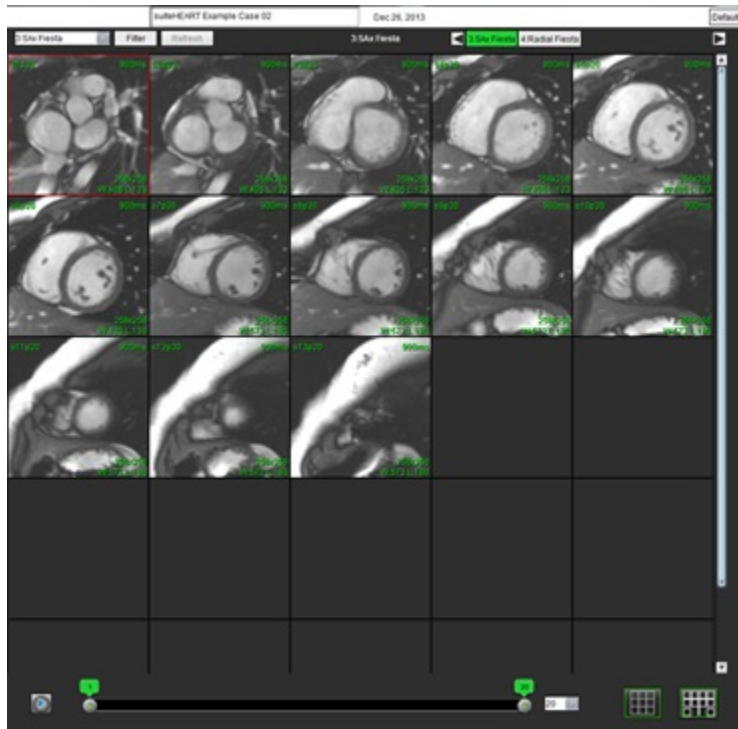
## Ändern der System-Präferenz-Einstellungen

1. Starten Sie suiteHEART.
2. Wählen Sie **Werkzeuge > Präferenz-Einstellungen > Bearbeiten** aus.
3. Nehmen Sie entsprechende Änderungen an den Analyse-Präferenz-Einstellungen vor.

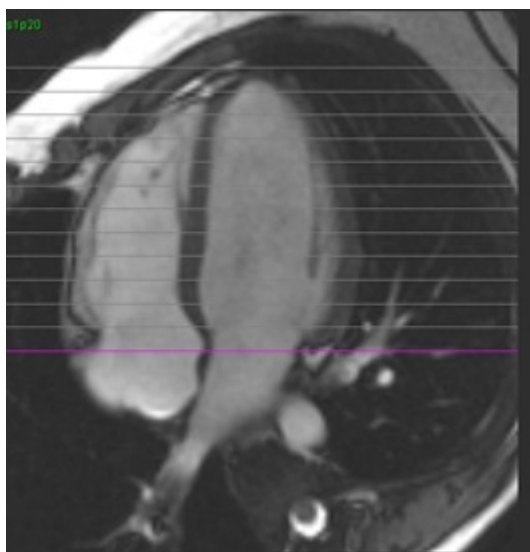
**HINWEIS:** Ausgegraute Optionen können nur vom Administrator geändert werden.

# Anhang B: Beispiel für eine Funktionsanalyse der Scan-Ebene

Für genaue Funktionsergebnisse sollte die Analyse mit einer Kurzachsenansicht (siehe erste Abbildung unten) durchgeführt werden.



Der Scan-Ebenenplan muss für die Erfassung der Kurzachsenansicht 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 Reihe eingeschlossen ist, befinden.



## Anhang C: GE 2D-Film-Phasenkontrast-Parameter

1. Flow-Richtung = **Schicht**
2. Kollabieren = **aus**
3. Flow-Analyse = **ein**
4. Flow-Rekonstruktion = **Phasendifferenz**

## Anhang D: Methoden der Funktionsvolumenanalyse

Siehe	Methode
LV/RV Kurzer Achsenstapel	Simpsonregel
LV Längsachsen-Mehrfachansichten (2-Kammer, 4-Kammer)	Doppeldecker Simpsonregel
RV Lange Achse 4-Kammer-Ansichten	Fractional Area Change (Bruchteilige Flächenänderung, FAC)
LV Lange Achse Einzelansicht	Simpsonregel
LA/RA Kurzer Achsen- oder Axialstapel	Simpsonregel
LA Mehrere Ansichten (2-Kammer- und 4-Kammer)	Doppeldecker Simpsonregel
RA-Ansicht (4-Kammer)	Simpsonregel
LA/RA Lange Achse Einzelansicht	Simpsonregel
LV-Masse	Myokardiale Dichte = 1,05

# Index

---

## Ziffern

- 3D-/4D-Flow-Viewer 165
  - 3D-Segmentierung mit Messungen 171
  - Oberflächenmodus 179
  - Registerkarte „Anzeige“ 166
  - Registerkarte „Gefäße“ 171
  - Viewer-Layout 170

---

## A

- Abfrage speichern, Befunddatenbank 203
- Allgemeine Präferenz-Einstellungen 33
- Analyse der Klappenebene 89
- Analyse eines persistierenden Foramen ovale (PFO) 157
- Ansichtsfenster-Bearbeitungswerkzeuge 103
- Anwendung beenden 6
- Anwendung starten 6
- Ausschließen von Rauschpixeln 107
- Autom. Geschwindigkeits-Aliasing-Korrektur 108
- Automatische LV- und RV-Segmentierung 68
- Automatische Segmentierung 99
  - Alle Schichten, Einzelphase 70
  - Verfahren 100
- Automatisches Update 58

---

## B

- Basale Interpolation 72
- Bearbeiten von Konturen 60
  - Ziehwerkzeug 62
- Bearbeitungswerkzeug 61
- Bearbeitungswerkzeuge, Ansichtsfenster 103
- Befund
  - Abnehmer 32
  - Befundabnehmer, Verwalten 32
  - Hinzufügen von Bildern, Diagrammen und Tabellen 193
  - VPräferenzverfahren zu Präferenz-Präferenz-Einstellungen 30
- Befunddatenbank 199

- Abfrage 200
- Abfrage speichern 203
- Datenbank importieren 206
- Favoriten löschen 204
- Suche in HTML-Datei exportieren 205
- Suchkriterien 199
- Werkzeuganwendung 199
- Befunderstellung 190
  - Abgenommene Untersuchung überprüfen 197, 198
  - Befundvorschau 196
  - Exportieren 198
  - Polardiagramme 194
  - Verfahren 192
- Befundvorschau 196
- Benutzeroberfläche
  - Analyse-Modi 9
  - Bearbeitungsfenster 10
  - Befunderstellung 18
  - Bildbearbeitung 12
  - Dateimenü 10
  - Film 11
  - Hilfemenü 11
  - Modus-Ansicht 10
  - Querverweis-Modus 12
  - Reihen-Navigation 9
  - Übersicht 8
  - Viewerfenster-Bedienelemente 11
  - Werkzeugmenü 10
- Bezeichnung
  - Kategorie 113
- Bildansichts-Bedienelemente 11
- Bildbearbeitungs-Werkzeuge 12
- Bildverwaltungswerkzeuge 21
  - Vergleichsmodus 26

---

## C

- Composer exportieren 24

---

## D

- Dateimenü-Optionen 10
- Datenbank, durchsuchen 19
- DB durchsuchen 19
- Demografische Daten des Patienten 191
- Druckhalbezeit 112

---

**E**

Early-Enhancement-Analyse 137

Einsatzgebiete 2

Erkenntnisse

    Makro, hinzufügen 40

Exportieren

    Präferenz-Einstellungen 49

---

**F**

Farbdarstellung des Myokards 163

Farbüberlagerung 107

Favoriten löschen, Befunddatenbank 204

Filmmodus 11

Flow-Analyse 97

    Automatische Segmentierung 99

    Bezeichnung ändern 113

    Ergebnisse anzeigen 113

    Kurvenlegenden 114

    Qp/Qs-Auswahloptionen 117

    Versatzooptionen 106

    Werkzeuge 106

Fluss 35

Funktionsanalyse 66

    Benutzerdefinierte Messung

        Hinzufügen 88

    Ergebnisse der ventrikulären Funktionsanalyse 78

    Messung

        Entfernen 88

        Hinzufügen 88

        Löschen 88

    Messungseinrichtung 87

    Schnelles LV-Verfahren 82

---

**G**

Gefäßkategorie, verschieben 102

Gefäßkategorien 99

Gerätegefahren 3

Grundlinienkorrektur 104

---

## H

Hilfemenü-Optionen 11  
Histogramm-Modus 111  
HTML, Ergebnisse exportieren 205

---

## I

Importieren  
    Datenbank 206  
    Präferenz-Einstellungen 49  
Index-Messungen berechnen 67  
Index-Messungen, Berechnen 67  
Integrierte Analyse, Ergebnisse 123

---

## K

Kombinationsanalyse 132  
Konturbearbeitung  
    Bearbeitungswerkzeug 61  
    Löschen 64  
    ROI-Punkt-Spline 60  
Konturenziehwerkzeug 62  
Konturlöschung 64  
Kurvenlegenden, bearbeiten 114  
Kurvenmodus-Auswahloptionen 110

---

## L

LA (Linkes Atrium)  
    Automatisch 85  
    Handbuch 84  
Late-Enhancement  
    T2 132  
Late-Enhancement-Analyseverfahren 126  
Leerlauf-Timer-Einstellungen 34  
Lineare Messung  
    Einrichtung 87  
Löschen einer Kontur 64  
Löschen von Messungen 88  
LV (Linker Ventrikel)  
    Manuell 70  
LV-Segmentierung 68



---

## M

### Makro

- Ausführen 41
- Erkenntnisse, hinzufügen 40
- Löschen 41
- Präferenz-Einstellungen 40
- Text 40

### Manuelles Segmentierungsverfahren 100

### Messungen

- Benutzerdefiniert, Entfernen 88
- Benutzerdefiniert, Hinzufügen 88
- Linear 87
- Löschen 88

### Messungen, benutzerdefiniert 87

### Methoden der Funktionsvolumenanalyse 213

### Myokardiale Beurteilung 124

- Polardiagrammformate 127
- T2-Analyse 130

---

## P

### Phantom-Korrektur 106

### Phasenbereich, bearbeiten 103

### Polardiagramme

- Segment-Auswahl 195

### Präferenz-Einstellungen

- Allgemein 33
- Bearbeiten 29
- Befund 30
- Befundabnehmer 32
- Definieren 29
- Exportieren 49
- Fluss 35
- Funktion 44
- Importieren 49
- Leerlauf-Timer 34
- Makro 40
- Registerkarte „Drucken“ 42
- Registerkarte „Virtual Fellow®“ 43
- Registerkarte T1/T2/T2\* 45
- Reihenfilter 36
- Virtual Fellow® 31
- Vorlage 37

---

## Q

### Qp/Qs

Auswahl 117

Berechnen 117

Querverweis-Modus 12

---

## R

### RA (Rechtes Atrium)

Analyse, manuell 84

Automatische Analyse 85

Rauschpixel, ausschließen 107

Regionale Analyse 80

### Registerkarte

Befunderstellung 18

Registerkarte „Drucken“ 42

Registerkarte „Virtual Fellow®“ 43

Registerkarte T1/T2 T2\* 45

Regurgitationsfraktion, berechnen 119

Regurgitationsvolumen, Berechnung 119

Reihen-Navigation 9

ROI-Punkt-Spline 60

RV Manuell 70

RV-Segmentierung 68

---

## S

### Segmentierung

Automatisch 100

Manuell 100

Sicherheitshinweise 3

Signaldifferenzial 136

Ergebnisse 136

Registerkarte 136

Spitzengeschwindigkeit, benutzerdefiniert 110

Suchergebnisse in HTML-Datei exportieren

Befunddatenbank 205

---

## T

T1-Mapping 140

T2-Mapping 146

T2Star 161  
  Analyse-Verfahren 162  
  Ergebnisse 164  
  Myokardiale Farbdarstellung, erstellen 163  
  Parameteranpassung 163  
Tabelle Kammervolumen 80  
Tastenkombinationen 14

---

## **U**

Untersuchung abnehmen, Strukturierte Befunderstellung 197

---

## **V**

Ventrikel 67  
Vergleichsmodus 26  
Versatzoptionen 106  
Verschieben einer Gefäßkategorie 102  
Verwendungszweck 2  
Viewer 21  
Virtual Fellow® 50  
  Ansichtsprotokolle 54  
  Benutzeroberfläche 52  
  Interface-Werkzeuge 52  
Vorhöfe 84  
Vorlage  
  Präferenz-Einstellungen 37

---

## **W**

Werkzeug „Lokaler ROI“ 139  
Werkzeugmenü 10