

Segment CMR
Bruksanvisning - Svenska



14 december 2017

Software platform v2.1 R6065

MEDVISO AB
<http://www.medviso.com>
Griffelvägen 3
SE-224 67 Lund
Sweden
Tel: +46-76-183 6442

Innehåll

1	Regler och villkor	1
1.1	Regulatorisk status	1
1.2	Villkor för användning	1
1.3	Avsedd användning	1
2	Konventioner och förkortningar	3
2.1	Typografiska konventioner	3
2.2	Varumärken	3
2.3	Förkortningar	3
3	Komma igång	5
3.1	Systemkrav	5
3.2	Installera programmet	5
3.2.1	Installera Matlab Compiler Runtime	5
3.2.2	Installera Segment CMR	5
3.3	Starta Segment CMR	7
3.4	Avinstallera programmet	7
3.5	Programöversikt	8
3.6	Första gången Segment CMR körs	8
3.6.1	Ange programinställningar	8
3.6.2	Ange position för gränssnittet	10
3.6.3	Patientdatabas	10
3.6.4	PACS anslutning	10
4	Ladda och lagra data - Steg för steg	11
4.1	Inladdning av data	11
4.1.1	Ladda data från databas	11
4.1.2	Ladda data från PACS	12

INNEHÅLL

4.1.3	Ladda data från nätverk	13
4.2	Spara data	13
5	Inställningar för bildvisning	15
5.1	Visningsalternativ	15
5.2	Beskär bildstack	15
5.3	Zooma	15
5.4	Justera kontrasten	15
5.4.1	Manuell justering	15
5.4.2	Automatisk justering	16
5.5	Mät avstånd	16
6	Bildinställningar	17
6.1	Ange bildbeskrivning manuellt	17
6.2	Bildbeskrivning vid inladdning	17
6.3	Patientuppgifter	17
7	LV segmentering - Steg för steg	19
7.1	Automatisk LV segmentering [1]	19
7.2	Manuell LV segmentering	20
7.3	Radera LV segmentering	20
7.4	Kopiera LV segmentering	21
7.5	Validering av LV segmentering	21
8	RV segmentering - Steg för steg	23
8.1	Automatisk RV segmentering [1]	23
8.2	Manuell RV segmentering	23
8.3	Radera RV segmentering	23
8.4	Validering av RV segmentering	23
9	ROI analys - Steg för steg	25
9.1	Manuell ROI analys	25
9.2	Radera ROI segmentering	25
10	Flödesanalys - Steg för steg	27
10.1	Automatisk flödesanalys [1]	27
10.2	Qp/Qs analys [2]	28
10.3	Shunt- och valvanalys [3]	28
10.4	Radera flödessegmentering	29

10.5	Virvelströmskompensation	29
10.6	Vikningskorrigering	30
10.7	Pulsvåghastighetanalys [4]	31
10.8	Validering av flödesanalys	32
11	Bullseye analys - Steg för steg	33
12	Generera rapport - Steg för steg	35
12.1	Referensevärden som används i rapporten	35
13	Relaxometrianalys - Steg för steg	37
13.1	T2*-analys	37
13.1.1	Validering av T2*-analys	38
13.2	T1-analys	38
13.3	T2-analys	39
13.3.1	Validering av T1/T2-analys	40
14	Strainanalys - Steg för steg	41
14.1	Strainanalys i cine eller taggade bilder	41
14.1.1	Automatisk strainanalys i kort-axel bildstackar [1-3] .	41
14.1.2	Automatisk strainanalys i lång-axel bildstackar [1-3] .	44
14.1.3	Radera straindata	46
14.1.4	Validering av strainanalys	47
14.2	Strainanalys i hastighetskodade bilder	48
14.2.1	Automatisk strainanalys [1]	48
14.2.2	Radera straindata	49
14.2.3	Validering av strainanalys	49
15	Scaranalys - Steg för steg	51
15.1	Automatisk scaranalys [1]	51
15.2	Gråzoneanalys	52
15.3	Radera scarsegmentering	52
15.4	Validering av scaranalys	52
16	Riskvolym (MaR) analys - Steg för steg	53
16.1	Automatisk MaR-analys [1]	53
16.2	Radera MaR segmentering	54
16.3	Validering av MaR-analys	54

INNEHÅLL

17 Perfusionsanalys - Steg för steg	55
17.1 Automatisk perfusionsanalys [1]	55
17.2 Validering av perfusionsanalys	57
18 ECV analys - Steg för steg	59
18.1 Automatisk ECV-analys	59
19 Short Commands / Hot keys	61

1 Regler och villkor

Denna manual innehåller bruksanvisning för att säkert kunna använda Segment CMR.

1.1 Regulatorisk status

Segment CMR är CE märkt and is certifierad enligt ISO standard 13485. Segment och SegmentCMR är godkända av FDA med FDA 510(k) nummer K090833 och K163076. Observera att det finns funktioner som inte är FDA certifierade. Dessa funktioner är markerade instruktions- och referensmanu-alen med att de endast är för forskningssyfte.

Användare förväntas veta, för dem gällande regulatoriska krav innan de använder Segment CMR. Det är användarnas ansvar att följa dessa förordningar.

1.2 Villkor för användning

- Denna programvara får endast användas av personal utbildad i Hjärt-MR.
- Programmet är ett verktyg för att tillhandahålla relevant klinisk data. Kliniker eller läkaren är ensam ansvarig för tolkning av den kliniska datan och fatta beslut hur man ska behandla patienten.
- Programvaran kan användas för att läsa bilder från MR-kameror från Philips, Siemens och General Electric. Bilder kan laddas in i programmet antingen från CD, eller genom att använda DICOM-standarden för att överföra bilder direkt från kameran eller PACS-systemet.

1.3 Avsedd användning

Segment CMR är en programvara som visar och analyserar medicinska bilder i DICOM-format genom att använda 3-dimensionella, tidsupplösta och hastighetskodade MR-bilder. Segment CMR har funktioner för analys av kardiovaskulära funktioner, såsom hjärtats pumpning och blodflöde. Analysen av hjärtats kammar är tillgänglig för användning i både barn (från nyfödd) och vuxna. Bilder och tillhörande dataanalys kan lagras, kommuniceras, renderas

KAPITEL 1. REGLER OCH VILLKOR

och visas inom systemet och över PACS system. Datan som produceras av Segment CMR är avsedd för att användas för att stödja kvalificerade kardiologer, radiologer och andra licencierade professionella vårdgivare för kliniskt beslutfattande. **Segment CMR är ett stödverktyg som tar fram relevant klinisk data som en resurs för kliniker och är inte avsedd för att vara en källa för medicinska råd eller för att bestämma eller rekommendera åtgärder eller behandling för en patient.**

2 Konventioner och förkortningar

Detta kapitel beskriver de typografiska konventionerna i denna manual och i programvaran.

2.1 Typografiska konventioner

A	Tangenten A på tangentbordet.
Ctrl-A	Ctrl-tangenten. Håll ner Ctrl och A samtidigt.
	Ikon i verktygsfältet
*.mat	Filnamnstillägg.
C:/Program	Mapp.
File	Meny, tex File meny.
File→Save As	Undermeny, tex under menyen File finns menyalternativet Save As.
	Knapp i användargränssnittet.
<input checked="" type="radio"/> Endocardium	Alternativknapp i användargränssnittet.
<input type="checkbox"/> Single frame	Kryssruta i användargränssnittet.

2.2 Varumärken

Nedan anges de varumärken som används i denna manual.

- Segment CMR är ett varumärke tillhörande Medviso AB.
- Segment DICOM Server är ett varumärke tillhörande Medviso AB.
- Sectra PACS är ett varumärke tillhörande Sectra Imtec AB, (<http://www.sectra.se>).
- Matlab är ett varumärke tillhörande Mathworks Inc, (<http://www.mathworks.com>).

2.3 Förkortningar

CMR	Kardiovaskulär magnetresonans
LV	Vänster kammare
MaR	Riskvolym
PWV	Pulsvåghastighet
RV	Höger kammare

3 Komma igång

3.1 Systemkrav

- Operativsystem: Windows 2000, Windows XP (32 bit och 64 bit), Windows Vista (32 bit), Windows 7 (32 bit och 64 bit), Windows 8 eller Windows 10.
- Dator med minst 4 GB minne.
- Hårddisk med minst 500 MB tillgängligt utrymme.
- Grafikkort som stödjer både DirectX och OpenGL.

3.2 Installera programmet

För förstagångsinstallation, börja med att installera Matlab Compiler Runtime (avsnitt 3.2.1) och därefter Segment CMR (avsnitt 3.2.2). För upgradering, behövs endast Segment CMR installeras (avsnitt 3.2.2). För att kunna utföra installationen behöver du ha administrationsrättigheter på datorn.

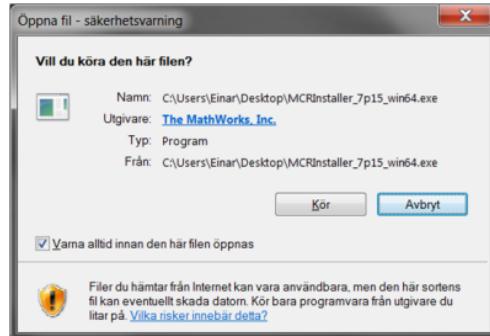
3.2.1 Installera Matlab Compiler Runtime

1. Ladda ner filen MCR-filen och dubbelklicka på den. Filen kan laddas ner från Medviso AB hemsida (<http://medviso.com/download2/>).
2. Följ instruktionerna i figurerna 1-4.
3. Starta om datorn.

3.2.2 Installera Segment CMR

1. Den senaste versionen av Segment CMR kan laddas ner från Medviso AB hemsida (<http://medviso.com/download2/>). Ladda ner filen `install_Segment_CMR_2px_Ryyyy.exe`, dubbelklicka på den och följ instruktionerna. Du behöver ett lösenord för att kunna ladda ner programvaran. Du borde ha fått ett vid köptillfället. Om du har förlorat lösenordet, kontakta `sales@medviso.com`.

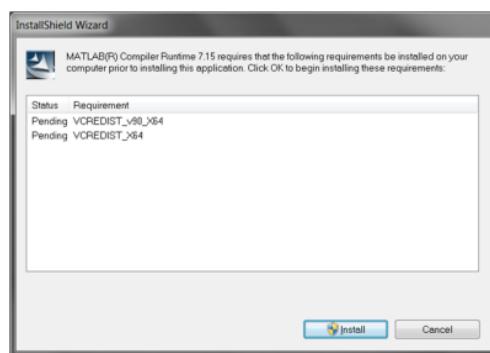
KAPITEL 3. KOMMA IGÅNG



Figur 1: Klicka på Run.

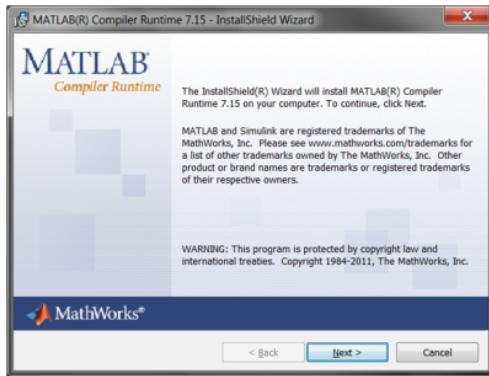


Figur 2: Klicka på OK.



Figur 3: Klicka på Install.

3.3. STARTA SEGMENT CMR



Figur 4: Klicka på **Next**.

2. För nya installationer behöver du lägga till din licenskod för Segment CMR. Lägg till din licens genom att skriva in din licenskod under installationsprocessen. Du kan också lägga till din licenskod efter installation genom att starta Segment CMR och välja **Generate License** under **Help** menyn i Segment CMR. Notera att du måste köra programmet som Administratör för att kunna lägga till licenskoden i Segment CMR. Ett tredje sätt att lägga till din licens är att lägga till en licensfil (som heter `code.lic`) i samma mapp som Segment CMR är installerat. Om du inte har någon licenskod, vänligen kontakta sales@medviso.com.

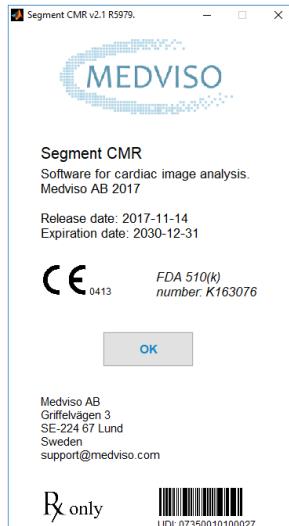
3.3 Starta Segment CMR

För att starta programmet, dubbelklicka på filen `C:/Program Files/Segment CMR/Segment CMR.exe`, eller din genväg till den. När programmet startas ska bilden enligt figur 5 visas. Om den inte visas är programmet inte korrekt installerat.

3.4 Avinstallera programmet

För att avinstallera Segment CMR, radera alla filer i katalogen `C:/Program/Segment CMR` eller `C:/Program Files/Segment CMR`. Användarinställningar sparas i `Application Data` och i undermappen `Segment CMR` under varje användarkonto. För att avinstallera Matlab Compiler Runtime, använd Windowsfunktionen **Install or Remove Programs** i kontrollpanelen.

KAPITEL 3. KOMMA IGÅNG



Figur 5: Uppstartsfönster för Segment CMR.

3.5 Programöversikt

En översikt av Segment CMR ges i figur 6. Bokstäverna (a-p) kommer användas som referencer genomgående i manualen.

För att lära dig mer om varje verktygs funktion, håll musen över ikonen i programmet så visas en hjälptext.

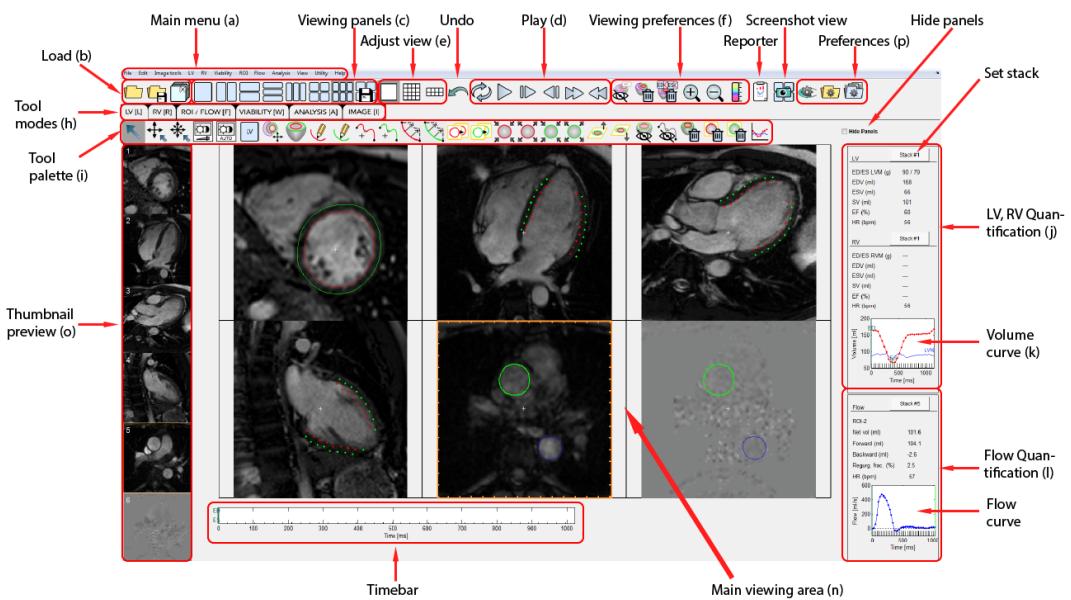
3.6 Första gången Segment CMR körs

Första gången Segment CMR startas körs en initialiseringsprocess, vilket kan ta en stund, så var tålmodig. För att slutföra initialiseringen, ange programinställningar och position för gränssnittet, vilket beskrivs i avsnitten 3.6.1 och 3.6.2.

3.6.1 Ange programinställningar

Det rekommenderas att göra programinställningar för vilka mappar man vill använda för att undvika att behöva bläddra varje gång du laddar och sparar en fil. icon (p) och ange **Data**, **Export** och **CD** mappar.

3.6. FÖRSTA GÅNGEN SEGMENT CMR KÖRS



Figur 6: Huvudgränsnittet. Bokstäverna (a-p) kommer användas som referenser genomgående i manualen.

3.6.2 Ange position för gränssnittet

Placeringen av huvudfönstret för Segment CMR kan ställas in genom att dra fönstret till en valfri position och storlek. Storleken och positionen kommer att sparas, så nästa gång Segment CMR startas kommer samma positioner att användas. Om man har bytt till en annan skärm kan Segment CMR flyttats utanför skärmen. I så fall kan du trycka på **Shift-Ctrl-R** för att återställa positionen för fönstret. Detta är också tillgängligt under File menyn (a).

3.6.3 Patientdatabas

Vi rekommenderar att starta med vår exempel patientdatabas. Ladda ner filen **Patientdatabase.zip** från Medviso AB hemsida (<http://medviso.com/download2/>). Filen är ganska stor (1.4 GB). Packa upp filen och lägg dess innehåll i en mapp. Det rekommenderas att placera den i en undermapp till programvaran. I Segment CMR Måste du ange destinationen till databasen. Klicka på  (p) och sedan på **Advanced System and DICOM Settings**. Ett nytt användargränssnitt visar sig, väl där tryck på **Database Folder** välj sedan den mapp där **patientdatabase.mat** befinner sig. För att rekonstruera databasen tryck på rekonstruera databas knappen i databasgränssnittet, se Figur 7.

3.6.4 PACS anslutning

Att konfigurera PACS-anslutning och Segment Server kräver oftast hjälp från din lokala PACS support. Vi rekommenderar att kontakt oss för att sätta upp en webbaserad videokonferens för att göra processen så smidig som möjligt. Manual för databas och PACS-anslutning och för Sectra PACS plugin finns på Medvisos hemsida (<http://medviso.com/products/cmr/resources/>). Sectra PACS plugin kan kräva ytterligare Microsoft Visual C++ komponenter, de kan laddas ner från Medvisos hemsida (<http://medviso.com/download2/>).

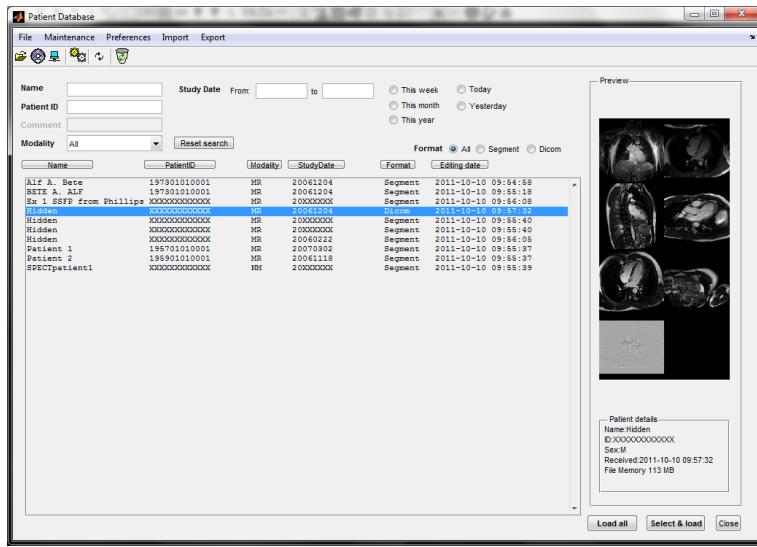
4 Ladda och lagra data - Steg för steg

4.1 Inladdning av data

För att ladda patientdata från databasen, följ avsnitt 4.1.1. För att ladda patientdata från PACS, följ avsnitt 4.1.2. För att ladda patientdata från nätverk, följ avsnitt 4.1.3.

4.1.1 Ladda data från databas

1. Klicka på verktyget (a), figur 7 visas.



Figur 7: Grafisk patientväljare

2. Välj patient.
3. Patientdata kan sparas i två format; DICOM, eller Segment CMR format. För bilder i DICOM-format, klicka på **Select & Load**, figur 8 visas. För bilder i Segment CMR format klicka på **Load all**.

KAPITEL 4. LADDA OCH LAGRA DATA - STEG FÖR STEG



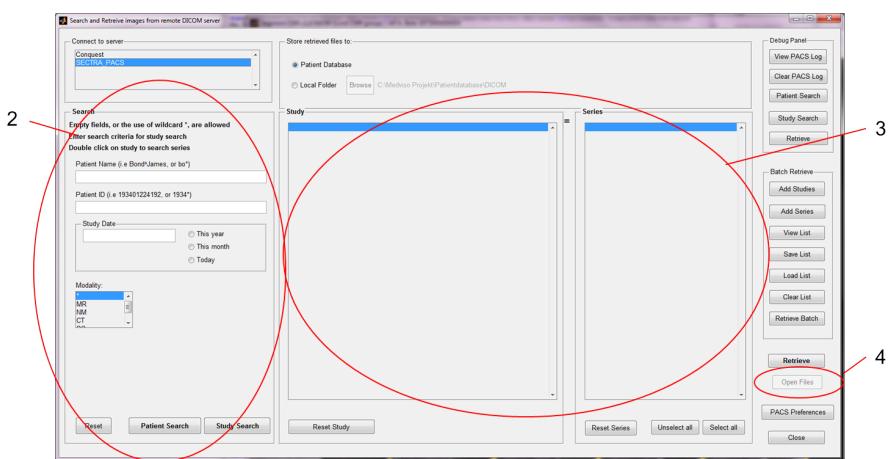
Figur 8: Grafisk bildserieväljare.

4. Välj bildserier att ladda i figur 8.

5. Klicka på **Load**.

4.1.2 Ladda data från PACS

1. Välj **Import from PACS** i File menyn, figur 9 visas.



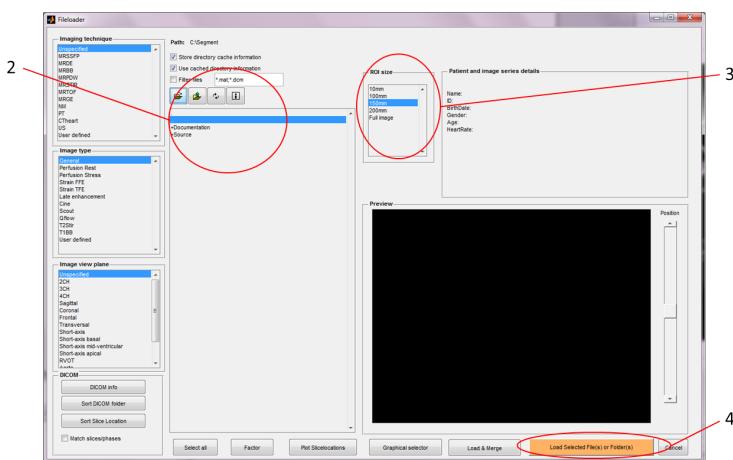
Figur 9: Gränssnitt för att importera bildstackar från PACS.

4.2. SPARA DATA

2. Ange patient- eller studieinformation och genomför sökning.
3. Välj studie och serier för inladdning.
4. Ladda in studien i Segment CMR genom att välja **[Open files]**.

4.1.3 Ladda data från nätverk

1. Välj Open from Disc i File menyn, figur 10 visas.



Figur 10: Val av bildstack för inladdning.

2. Välj bildstack att ladda.
3. För DICOM-filer, välj beskärningsstorlek för bildstacken och beskär bildstacken.
4. Klicka på **[Load Selected File(s) or Folder(s)]**.

4.2 Spara data

1. För att spara bilder med tillhörande utlinjeringar till patientdatabasen, klicka på verktyget (b).
2. För att spara bilder med tillhörande utlinjeringar till nätverksdisk, välj Save As ... i File menyn (a).

KAPITEL 4. LADDA OCH LAGRA DATA - STEG FÖR STEG

3. För att spara bilder och segmentering till PACS välj **Save to PACS** i **File** menyn (a).

5 Inställningar för bildvisning

5.1 Visningsalternativ

- Välj panelvisningsläge genom att använda (c).
- För att spela en film av bildstackarna, använd verktygen (d), (e) och (f).

5.2 Beskär bildstack

1. Klicka på läge (h).
2. Välj verktyget (i).
3. Beskär en bildstack genom att markera regionen i bildstacken.

5.3 Zooma

1. Välj bildstack.
2. Använd verktygen och (f) för att zooma in och zooma ut i bildstacken.

5.4 Justera kontrasten

5.4.1 Manuell justering

1. Välj bildstack.
2. Välj verktyget (i) under läge (h).
3. Justera kontrasten och ljusstyrkan genom att högerklicka och dra med musen i bildstacken (höger-vänster för kontrast och upp-ner för ljusstyrka)

5.4.2 Automatisk justering

- Den automatiska justeringen av kontrast och ljusstyrka baseras på intensitetsvärdena inom LV segmenteringen. Om ingen LV segmentering finns används standardvärdet i justeringen.
- För att automatisk justera kontrast och ljusstyrka i den valda bildstaken, välj  (i) under  läge (h).

5.5 Mät avstånd

1. Klicka på  läge (h).
2. Välj verktyget  (i).
3. Mät avstånd genom att dra musen från start- till slutpunkt i bildstaken.

6 Bildinställningar

6.1 Ange bildbeskrivning manuellt

1. Högerklicka i miniatyrbilden för bildstacken.
2. Välj Select Image Description i snabbmenyn.

6.2 Bildbeskrivning vid inladdning

Bildbeskrivningen sätts automatiskt i inladdningen genom att jämföra information från DICOM taggarna med informationen i textfilen `imagedescription.txt`.

1. Textfilen ligger i mappen där Segment CMR är installerat.
2. Uppdatera textfilen manuellt enligt strukturen definierad i den första raden i textfilen.

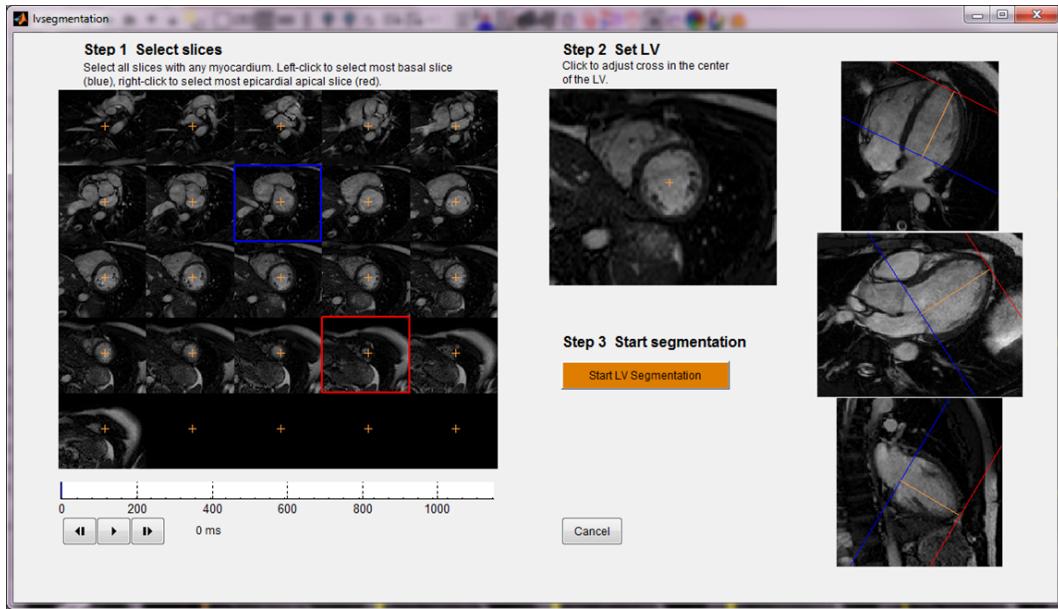
6.3 Patientuppgifter

Ändra patient information genom att välja  under `[IMAGE[]]`.

7 LV segmentering - Steg för steg

7.1 Automatisk LV segmentering [1]

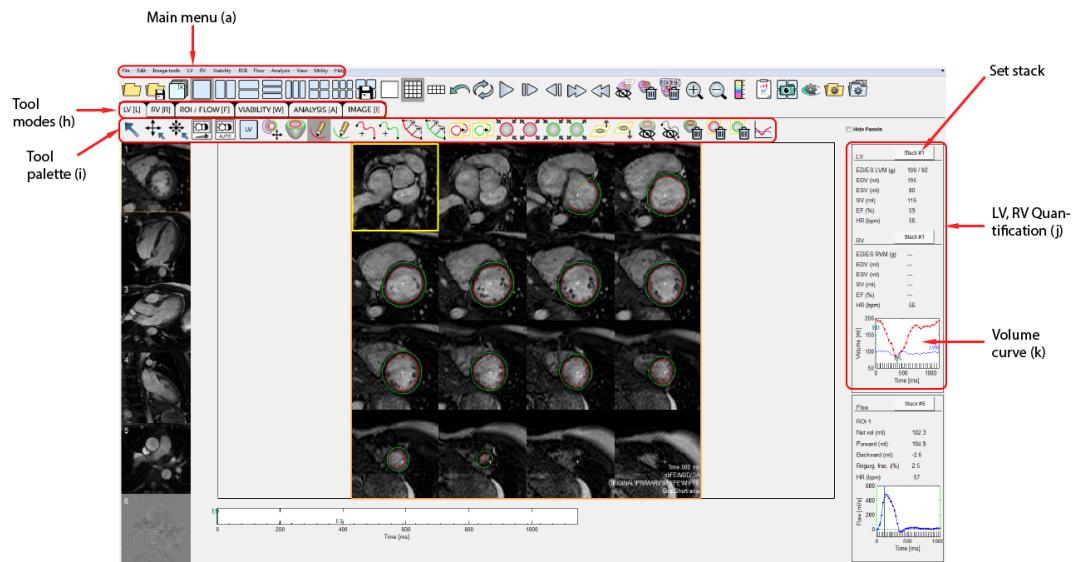
1. Starta analysen av LV genom att välja läge (h) och välj (i). Ett nytt gränssnitt öppnas, enligt figur 11.



Figur 11: Gränssnitt för LV-analys.

2. Välj snitten som representerar vänster kammare genom att vänsterklicka för att ange mest basala snittet och högerklicka för att ange mest epi-kardiella apikala snittet.
3. Granska snittvalet i långaxel vyerna.
4. Säkerställ att centerkrysset är i mitten av LV.
5. Starta den automatiska segmenteringen av LV.

6. Segmenteringsresultatet presenteras i huvudgränssnittet där volymskivor kan granskas (k) och de uppmätta LV volymerna presenteras, enligt figur 12 (j).



Figur 12: Resultat från LV-analysen.

7. Vid behov kan korrigering av LV segmenteringen utfärsas med följande verktyg: , , , , och (i).

7.2 Manuell LV segmentering

För manuell utlinjering av LV, kan följande verktyg användas: , , , , (i).

7.3 Radera LV segmentering

För att radera segmenteringen av vänster kammare, välj (i) från läge (h).

7.4 Kopiera LV segmentering

För att kopiera segmenteringen till en annan bildstack, välj Import Segmentation From Another Image Stack från LV menyn (a).

7.5 Validering av LV segmentering

1. J. Tufvesson, E. Hedstrom, K. Steding-Ehrenborg, M. Carlsson, H. Arheden, E. Heiberg, Validation and development of a new automatic algorithm for time resolved segmentation of the left ventricle in magnetic resonance. Biomed Res Int, 2015:970357.

8 RV segmentering - Steg för steg

8.1 Automatisk RV segmentering [1]

1. Sätt det vita krysset i mitten av höger kammare.
2. Välj de snitt som omfattar höger kammare. Valda snitt markeras med gult, enligt figur 12.
3. Klicka på  läge (h).
4. Klicka på  (i).
5. Välj Clear All RV Segmentation Except Enddiastole/Endsystole från RV menyn (a).
6. De uppmätta volymerna för höger kammare presenteras (j).

8.2 Manuell RV segmentering

För manuell utlinjering och korrigering av automatisk segmentering, kan följande verktyg användas: , , ,  (i).

8.3 Radera RV segmentering

För att radera segmenteringen av höger kammare, välj  (i) från  läge (h).

8.4 Validering av RV segmentering

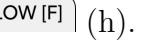
1. M. A. Aneq, E. Nylander, T. Ebbers, and J. Engvall, Determination of right ventricular volume and function using multiple axially rotated MRI slices, Clin Physiol Funct Imaging 31(3) pp. 233-9, 2011.

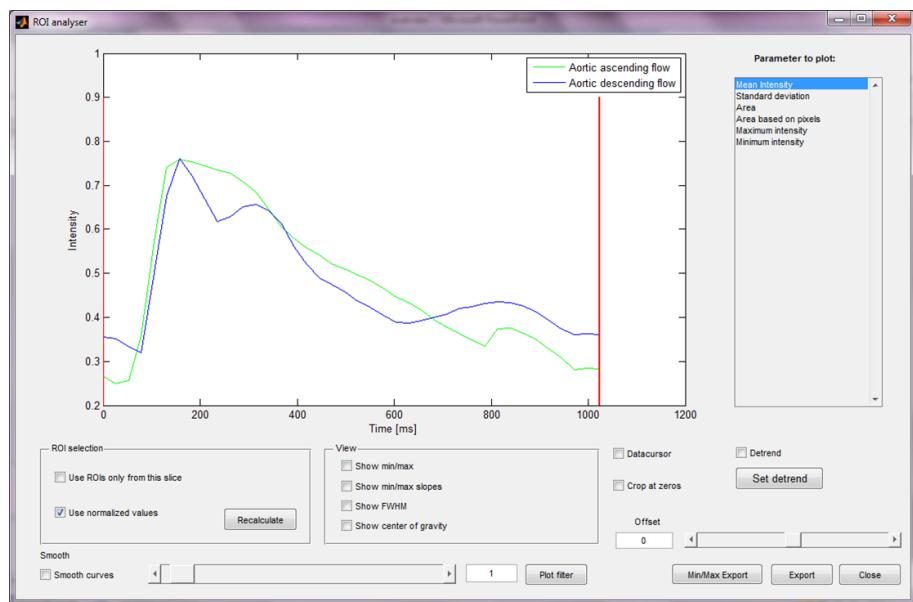
9 ROI analys - Steg för steg

9.1 Manuell ROI analys

1. Klicka på  läge (h).
2. För att placera en ROI, använd ett av följande verktyg  eller  (i).
3. Skala ROIen med verktyget  (i).
4. Flytta ROIen med verktyget  (i).
5. Ändra ROI-segmenteringen genom att använda korrektionsverktyget  (i).
6. Välj ROIar med Shift-klick med verktyget  (i).
7. Ange etiketten för valda ROIar med verktyget  (i).
8. Ange färgen för valda ROIar med verktyget  (i).
9. Välj  (i) från  läge för att utföra ROI analys enligt figur 13 (h).

9.2 Radera ROI segmentering

Ta bort valda ROIar genom att välja , och alla ROIarna genom att välja  under  (h).

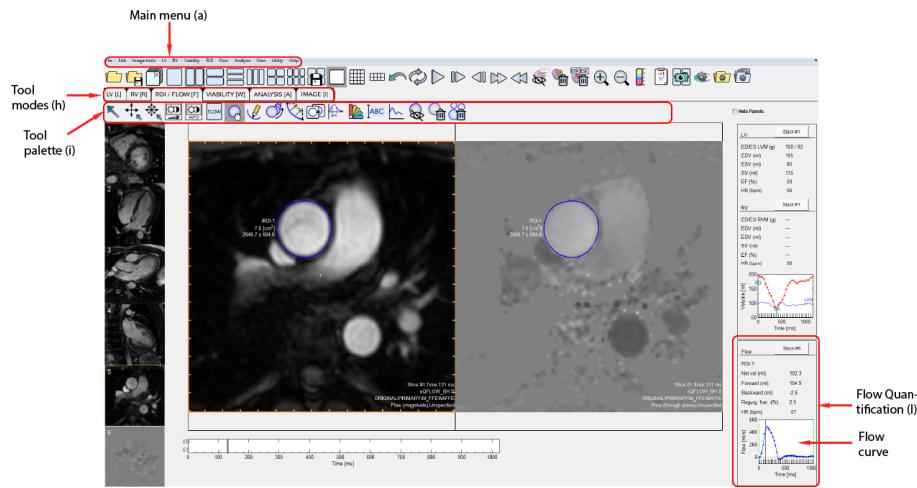


Figur 13: Gränssnitt för ROI-analys.

10 Flödesanalys - Steg för steg

10.1 Automatisk flödesanalys [1]

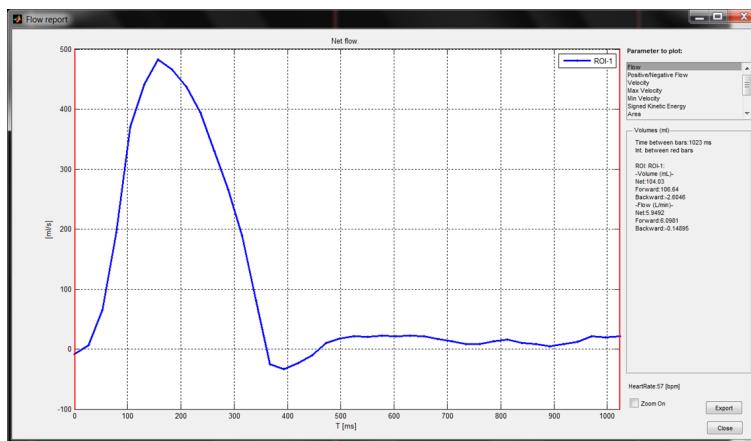
1. Visa magnitudbilden av faskontrast bildparet, enligt figur 14.



Figur 14: Flödesbildstack

2. Klicka på **ROI / FLOW [F]** läge (h).
3. Använd verktyget (i), för att lägga en ROI i mitten av kärlet.
4. Skala ROIen med verktyget (i).
5. Flytta ROIen med verktyget (i).
6. Ange etiketten för ROIen med verktyget (i).
7. Ange färgen för ROIen med verktyget (i).
8. För att följa och segmentera kärlen, klicka på (i).

9. Granska segmenteringen. Vid behov, använd korrigeringsverktyget  (i).
10. Klicka på  (i), för att visa flödeskurva, enligt figur 15.
11. Flödesvärden enligt set stack är också presenterade i huvud gränssnittet, se Figur 14 (l).



Figur 15: Gränssnitt för födesrapport

10.2 Qp/Qs analys [2]

1. Börja med kärlsegmentering av lungartären och aortan, enligt föregående avsnitt. Kontrollera att etiketterna för segmenteringarna är korrekt (Pulmonary artery och Aortic ascending flow). Annars, ange korrekta etiketter med verktyget  (i).
2. Välj Qp/Qs Analysis från Flow menyn (a).
3. Qp/Qs-förhållandet presenteras i en ny meddelanderuta.

10.3 Shunt- och valvanalys [3]

1. Börja med kärlsegmentering av lungartären och/eller aortan, enligt avsnitt 10.1. Kontrollera att etiketterna för segmenteringarna är korrekt

10.4. RADERA FLÖDESSEGMENTERING

(Pulmonary artery och Aortic ascending flow). Annars, ange korrekta etiketter med verktyget (i).

2. Välj Shunt and Valve Analysis från Flow menyn (a).
3. Regurgitant fraktionen presenteras i en ny meddelanderuta.

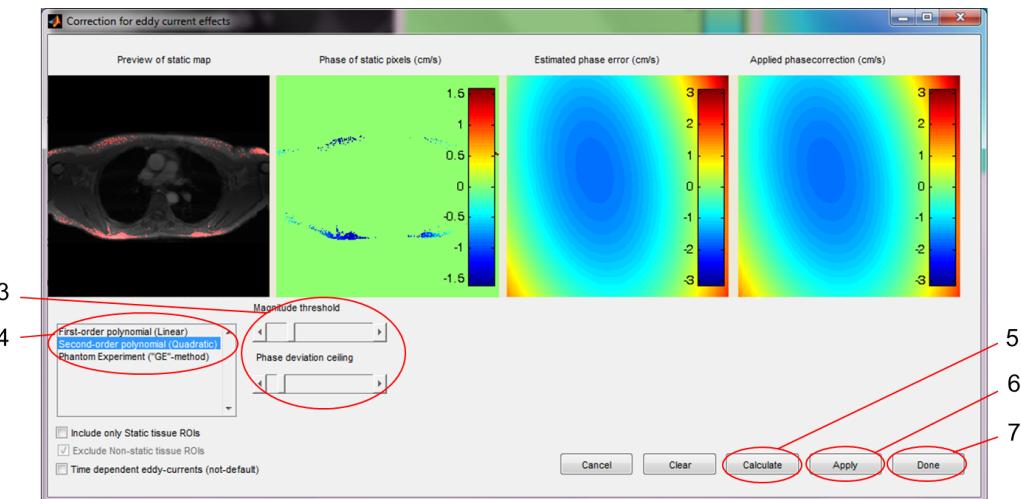
10.4 Radera flödessegmentering

Ta bort nuvarande ROI genom att välja och alla ROIarna genom att välja under (h).

10.5 Virvelströmskompensation

Algoritmen för virvelströmskompensation är en metod för att reducera bakgrundsfasfel i MR faskontrastbilder. Notera att det är viktigt att vid användning av virvelströmskompensation så får inte bilden vara beskuren, eftersom algoritmen använder fasinformation från hela bilden.

1. Välj Eddy Current Compensation från Flow menyn (a), för att öppna gränssnittet för kompensering av virvelströmseffekter, enligt figur 16.



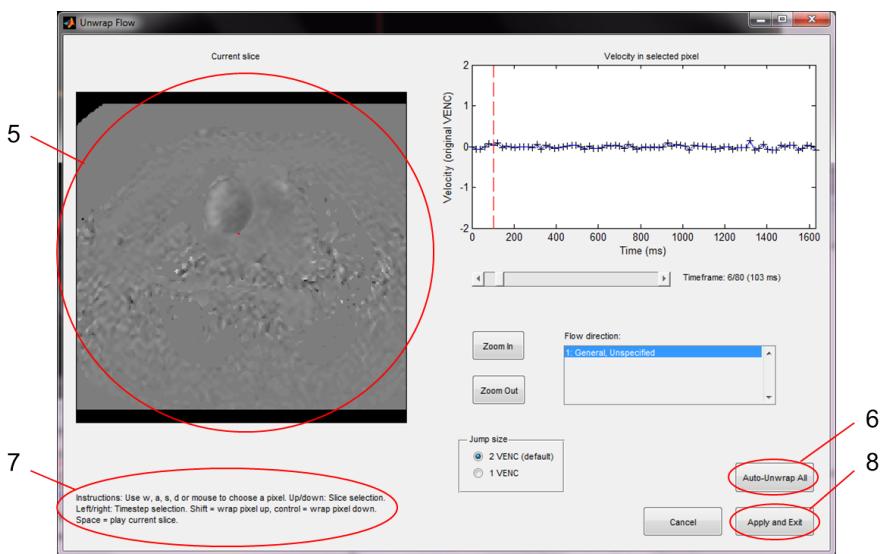
Figur 16: Gränssnitt för virvelströmskompensation

2. Vid behov, justera tröskelparametrarna till att endast inkludera statistiska vävnadsområden.
3. Välj kompensationsmetod.
4. Klicka på **Calculate**.
5. Klicka på **Apply** för att tillämpa kompensationen på hela bildstacken.
6. Klicka på **Done** för att stänga gränssnittet

10.6 Vikningskorrigering

Algoritmen för vikningskorrigering är en metod för att korrigera invikta fasvärden i MR faskontrastbilder.

1. Välj  från **ROI / FLOW [F]** läge (h).
2. Ange ursprungliga VENC för datasetet.
3. Gränssnittet för vikningskorrigering visas enligt figur 17.



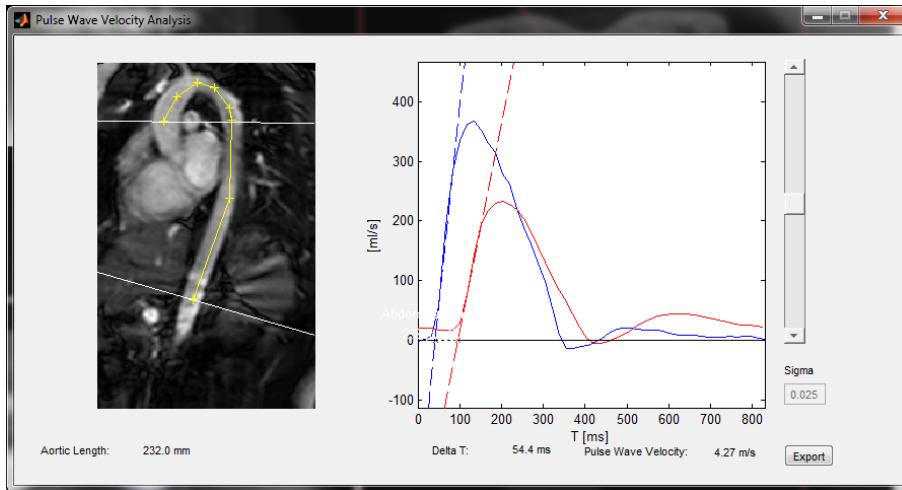
Figur 17: Gränssnitt för vikningskorrigering

10.7. PULSVÅGHASTIGHETANALYS [4]

4. Välj en pixel (representeras av en röd punkt i bilden).
5. Klicka på **Auto-Unwrap All**, för att tillämpa den automatiska vikningskorrigeringen på hela bildstacken.
6. Vid behov, använd det manuella verktyget för att korrigera enstaka pixlar.
7. Klicka på **Apply and Exit**, för att spara vikningskorrigeringen i datasetet och gå tillbaka till huvudgränssnittet.

10.7 Pulsvåghastighetanalys [4]

1. Börja med ett mätvärde med etiketten **Aortic Length** och två ROIar med etiketterna **Aortic ascending flow** och **Abdominal aorta**. Detta görs genom att använda mätverktyget, enligt avsnitt 5.5 och flödes ROI verktyget, enligt kapitel 10.
2. Välj **Pulse Wave Velocity Analysis** under **Analysis** (a), för att starta analysen av pulsvågshastighet.



Figur 18: Gränssnitt för analys av pulsvågshastighet

3. Till vänster visas mätningen i gult och skärningspunkterna med bilder som innehåller flöde visas som vita linjer. Till höger visas en bild av

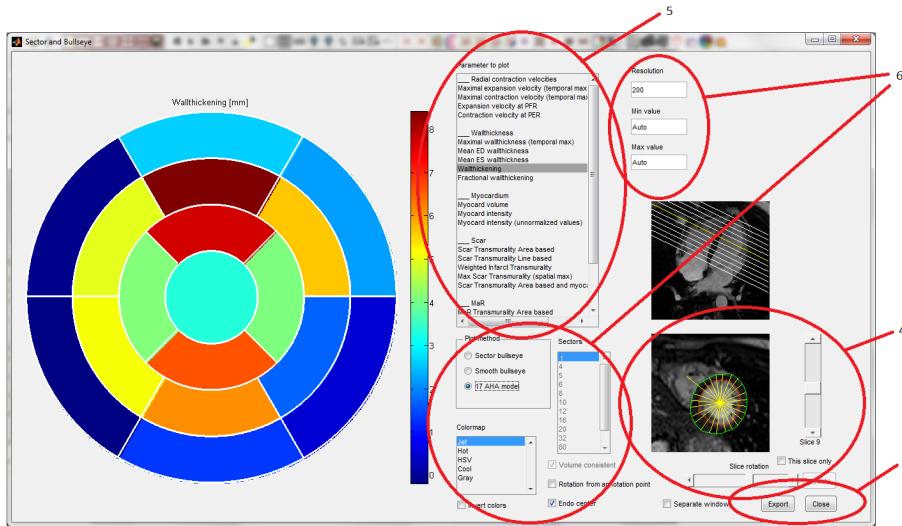
flödeskurvorna tillsammans med deras respektive beräknade tangentter. Sigma parametern som används i beräkningen kan justeras med reglaget till höger.

10.8 Validering av flödesanalys

1. S. Bidhult, M. Carlsson, K. Steding-Ehrenborg, H. Arheden, and E. Heiberg, A new method for vessel segmentation based on a priori input from medical expertise in cine phase-contrast Magnetic Resonance Imaging. In Proceedings of Seventeenth Annual SCMR Scientific Sessions, New Orleans, USA, 2014.
2. P. Munkhammar, M. Carlsson, H. Arheden, and E. Pesonen, Restrictive right ventricular physiology after Tetralogy of Fallot repair is associated with fibrosis of the right ventricular outflow tract visualized on cardiac magnetic resonance imaging, Eur Heart J Cardiovasc Imaging 14(10) pp. 978-85, 2013.
3. G. Barone-Rochette, S. Pierard, S. Seldrum, C. de Meester de Ravenstein, J. Melchior, F. Maes, A. C. Pouleur, D. Vancraeynest, A. Pasquet, J. L. Vanoverschelde, and B. L. Gerber, Aortic Valve Area, Stroke Volume, Left Ventricular Hypertrophy, Remodeling and Fibrosis in Aortic Stenosis Assessed by Cardiac MRI: Comparison Between High and Low Gradient, and Normal and Low Flow Aortic Stenosis, Circ Cardiovasc Imaging, 2013.
4. K. Dorniak, E. Heiberg, M. Hellmann, D. Rawicz-Zegrzda, M. Wesierska, R. Galaska, A. Sabisz, E. Szurowska, M. Didziak and E. Hedstrom, Required temporal resolution for accurate thoracic aortic pulse wave velocity measurement by phase-contrast magnetic resonance imaging and comparison with clinical standards applanation tonometry. BMC Cardiovasc Disord, 16(1):110, 2016.

11 Bullseye analys - Steg för steg

1. Börja med manuell eller automatisk segmentering av vänster kammare, som beskrivs i kapitlet 7.
2. Ange bildstacken bullseyeanalysen ska appliceras på.
3. tryck på (i) under **ANALYSIS [A]** (h) för att öppna bullseye analys fönstret, som visas i Figur 19.



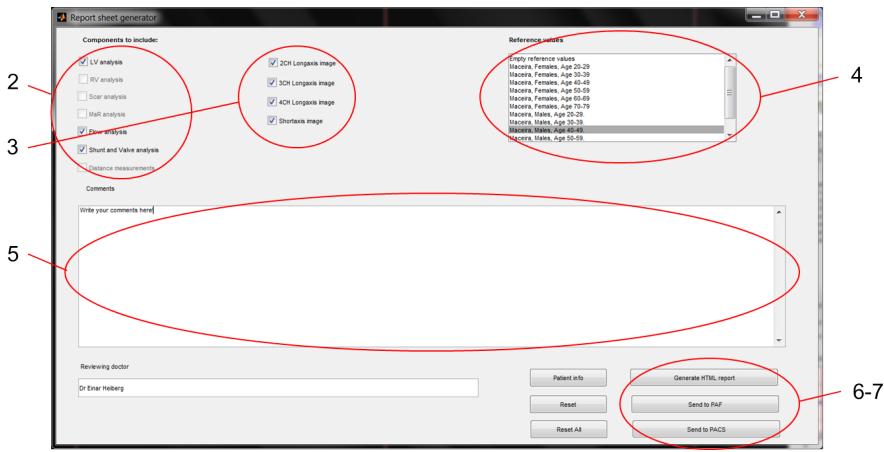
Figur 19: Gränssnittet för bullseye analys

4. Ange rotation för den aktuella bildstacken genom att dra reglaget så att den gula linjen är i mitten av septum. Klicka på **Update**. Detta steg är nödvändigt för att resultatet ska bli korrekt.
5. Välj vilken parameter som ska ritas upp.
6. Ange visningsparametrar.

7. Klicka på **Export**, för att exportera data till kalkylblad.

12 Generera rapport - Steg för steg

1. När du har mätvärden tryck påreporter  för att visa rapport gränsnittet.



Figur 20: Rapportgenerator.

2. Välj avlistat som ska inkluderas i rapporten. Avsnitt som är nedtonade är inte tillgängliga då mätningar eller bilder saknas.
3. Ange vilka bilder som ska inkluderas i rapporten.
4. Säkerställ att lämpliga referensvärden är valda.
5. Skriv din uppfattning om patienten.
6. Klicka på **Generate HTML report**, för att generera en HTML rapport.
7. Klicka på **Send to PACS**, för att skicka rapporten till PACS.

12.1 Referensvärdet som används i rapporten

1. A. M. Maceira, S. K. Prasad, M. Khan, and D. J. Pennell, Normalized Left Ventricular Systolic and Diastolic Function by Steady State Free

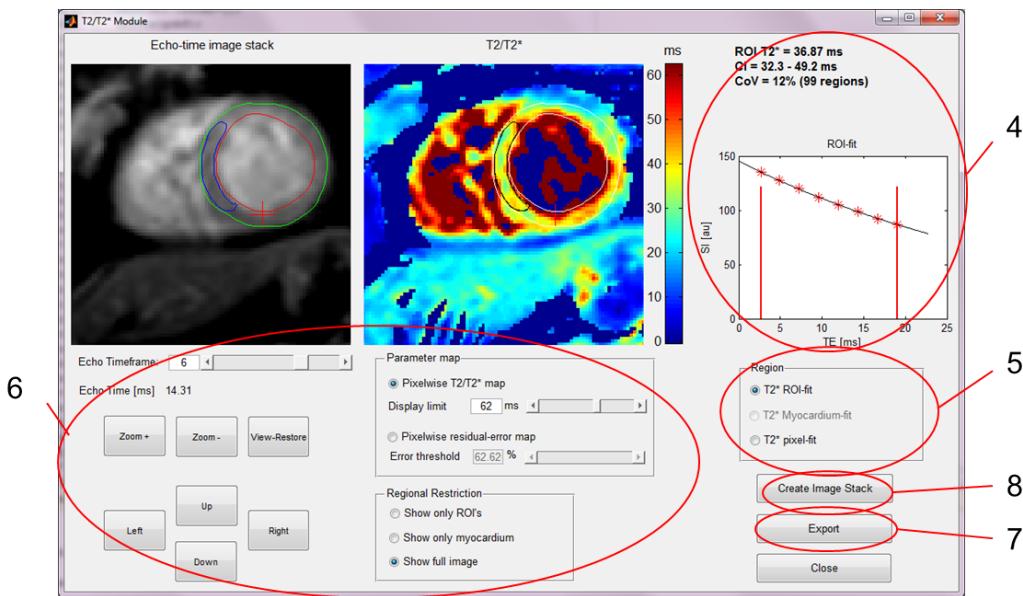
KAPITEL 12. GENERERA RAPPORT - STEG FÖR STEG

Precession Cardiovascular Magnetic Resonance. J Cardiovasc Magn Reson. 2006;8(3).

13 Relaxometrianalys - Steg för steg

13.1 T2*-analys

1. Börja med manuell eller automatisk segmentering av vänster kammare i alla tidsfaser, som beskrivs i kapitlet 7.
2. Placera en ROI i bildstacken för att definiera regionen för att applicera T2* beräkningar, enligt kapitel 9.
3. Starta T2* modulen genom att välja  (i) under **ANALYSIS [A]** menyn (h).



Figur 21: Gränssnitt för T2* analys.

4. Det regionala medelvärdet av T2* redovisas ovanför diagrammet. Det regionala medelvärdet av T2* har visats korrelera bra mot järnkonzcentration [2, 3].

5. Pixelvis T2*-värde fås genom att välja **T2* pixel-fit** och flytta det röda krysset i den insamlade bilden, eller i T2* kartan.
6. Bildvisningparametrar definieras med hjälp av reglagen och kryssrutor i den nedre västra delen av panelen.
7. Klicka på **Export** för att exportera resultat till kalkylblad.
8. Klicka på **Generate Image Stacks** för att lägga till T2* kartan till huvudgränssnittet för Segment CMR.

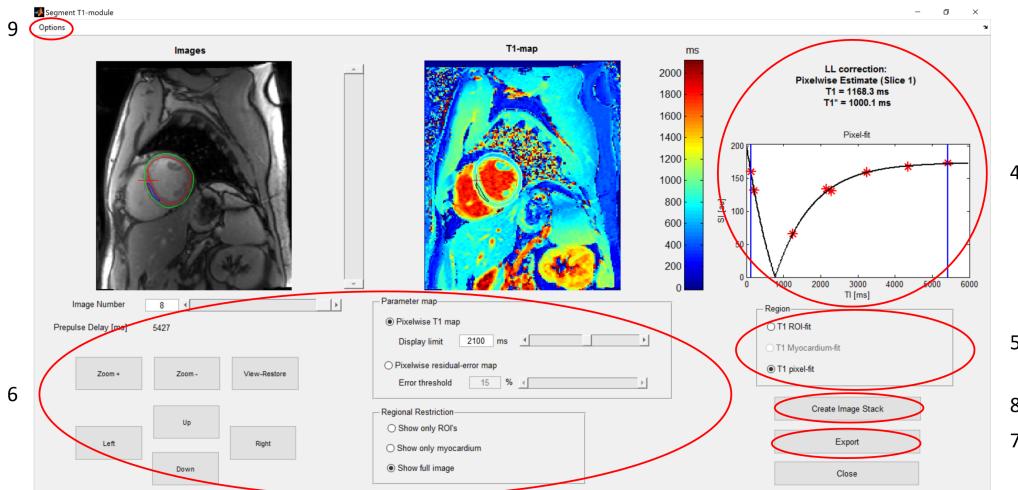
13.1.1 Validering av T2*-analys

1. S. Bidhult, C. G. Xanthis, L. L. Liljeqvist, G. Greil, E. Nagel, A. H. Aletras, E. Heiberg, E. Hedstrom, Validation of a New T2* Algorithm and Its Uncertainty Value for Cardiac and Liver Iron Load Determination from MRI Magnitude Images. *Magn Reson Med*, May 22, 2015.

13.2 T1-analys

1. Placera en ROI i bildstacken för att definiera regionen för att applicera T1 beräkningar, enligt kapitel 9.
2. Starta T1 modulen genom att välja **T₁** (i) under **ANALYSIS [A]** menyn (h).
3. Det regionala medelvärdet av T1 redovisas ovanför diagrammet.
4. Pixelvis T1-värde fås genom att välja **T1 pixel-fit** och flytta det röda krysset i den insamlade bilden, eller i T1 kartan.
5. Bildvisningparametrar definieras med hjälp av reglagen och kryssrutor i den nedre västra delen av panelen.
6. Klicka på **Export** för att exportera resultat till kalkylblad.
7. Klicka på **Generate Image Stacks** för att lägga till T1 kartan till huvudgränssnittet för Segment CMR.
8. Klicka på **options** för att ändra antalet parameterar i T1-anpassningsmodellen, för att ändra ROI för analysen och för att rita upp T1-histogram med valda begränsningar.

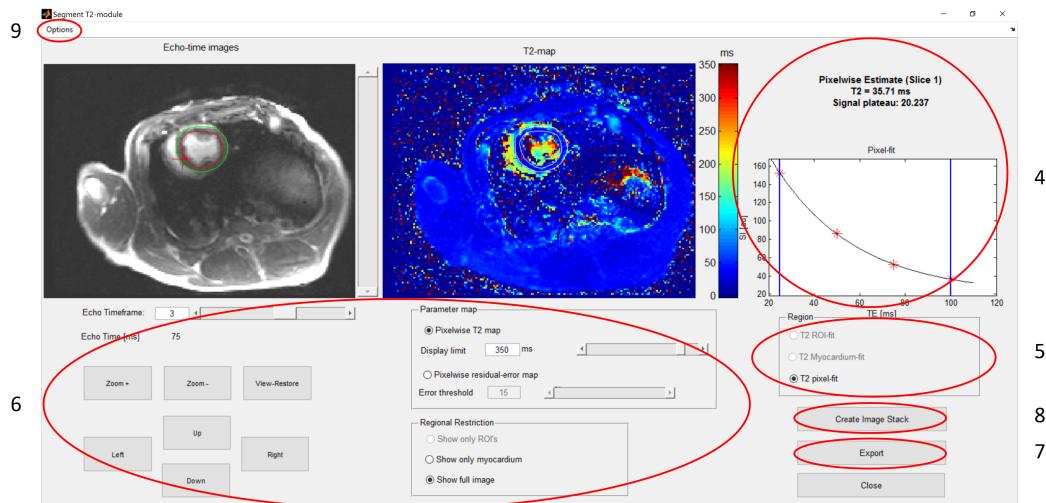
13.3. T2-ANALYS



Figur 22: Gränssnitt för T1 analys.

13.3 T2-analys

1. Placera en ROI i bildstacken för att definiera regionen för att applicera T2 beräkningar, enligt kapitel 9.
2. Starta T2 modulen genom att välja (i) under **ANALYSIS [A]** menyn (h).
3. Det regionala medelvärdet av T2 redovisas ovanför diagrammet.
4. Pixelvis T2-värde fås genom att välja **T2 pixel-fit** och flytta det röda a krysset i den insamlade bilden, eller i T2 kartan.
5. Bildvisningparametrar definieras med hjälp av reglagen och kryssrutor i den nedre västra delen av panelen.
6. Klicka på **Export** för att exportera resultat till kalkylblad.
7. Klicka på **Generate Image Stacks** för att lägga till T2 kartan till huvudgränssnittet för Segment CMR.



Figur 23: Gränssnitt för T2 analys.

8. Klicka på **options** för att ändra parameterar i T2-anpassningsmodellen, för att ändra ROI för analysen eller för att rita upp T2-histogram med valda restriktioner.

13.3.1 Validering av T1/T2-analys

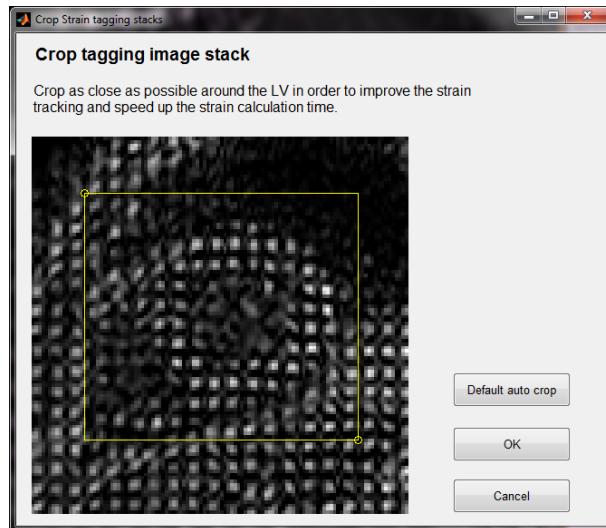
1. S. Bidhult, G. Kantasis, A. H. Aletras, H. Arheden, E. Heiberg, E. Hedstrom, Validation of T1 and T2 algorithms for quantitative MRI: performance by a vendor-independent software. BMC Medical Imaging, August 8, 2016.

14 Strainanalys - Steg för steg

14.1 Strainanalys i cine eller taggade bilder

14.1.1 Automatisk strainanalys i kort-axel bildstackar [1-3]

1. **Tagging:** Den automatiska strainanalysen startar vid inladdning av en taggad bildstack. Segment CMR identifierar en taggad bildstack enligt DICOM taggen Series Description. Det tillhörande Series Description namnet kan skräddasys av användaren enligt avsnitt 6. Starta strainanalysen manuellt genom att välja Tagging Strain Short-axis under Strain menyn.
- Cine:** Utför först LV segmentering. LV segmenteringen ska utföras i första tidsfasen för cines stackar, enligt kapitel 7. Starta strainanalysen genom att välja Feature Tracking Strain Short-axis under Strain menyn.
2. Första steget i strainanalysen är beskärning och upsampling av bildstacken, vid behov, enligt figur 24.

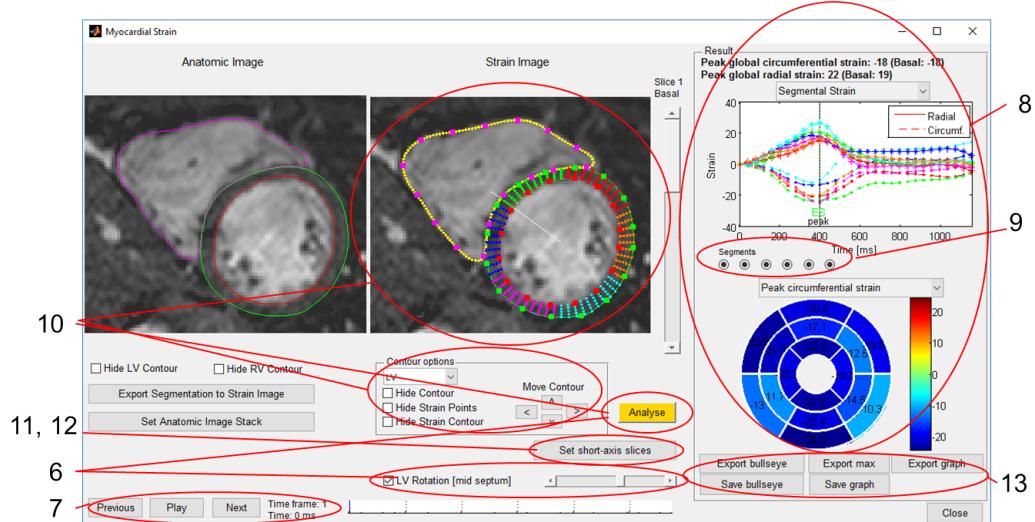


Figur 24: Gränssnitt för att beskära strain bildstacken.

3. Den automatiska strainregistreringen utförs sedan i bakgrunden. Förloppet visas i nederkanten i huvudgränssnittet av Segment CMR. Under tiden

kan användaren göra LV segmentering. LV-segmenteringen ska göras i en av de sju första tidsfaserna i den taggade bildstacken, eller i eventuell cine bildstack, enligt kapitel 7. Denna tidsfas är den initiala tidsfasen för straintrackingen.

4. Säkerställ att end-diastole (ED) tidsfasen är i den första tidsfasen (eller nära). Eftersom den första tidsfasen kommer att vara basen för strainberäkningen och strain kommer att definieras som 0 i denna tidsfas. Du kan korrigera detta genom att i Segment CMR gå till den tidsfas som representerar end-diastole, välj sedan Set First Timeframe for Selected Slices at Current Timeframe från menyn Edit.
5. **Tagging:** Starta strainmodulen genom att välja Tagging Strain Short-axis under Strain menyn (a). Gränssnittet för strainanalys visas (Figur 25).
Cine: Starta strainmodulen genom att välja Feature Tracking Strain Short-axis under Strain menyn (a). Gränssnittet för strainanalys visas (Figur 25).



Figur 25: Gränssnitt för strainanalys.

6. Definiera LV-rotation genom att placera den vita linjen i mitten av

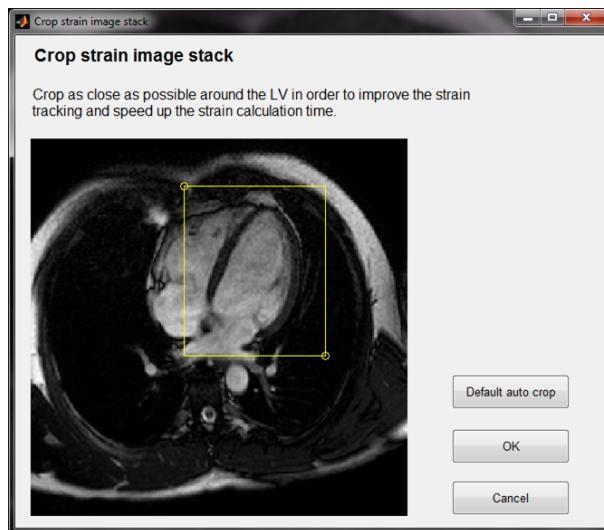
14.1. STRAINANALYS I CINE ELLER TAGGADE BILDER

RV lumen, genom att använda reglaget och klicka på **Analyse** för att beräkna Strain i myokardiet.

7. Kontrollera strainberäkningen genom att använda filmverktygen.
8. Strain över tid och maximal strain visas i figurerna till höger enligt de valda parametrarna.
9. De olika kurvorna i grafen kan gömmas med radioknapparna under grafen.
10. Vid behov kan manuell korringering göras genom att använda pilarna för **Move Contour**, eller genom att flytta interpoleringspunkterna för segmenteringen i den initiala tidsfasen i bildstacken. Kör sedan strain beräkningen igen genom att välja **Analyse**.
11. Manuell definition av kort-axel snitt för bullseye görs genom att välja **Set short-axis slices**.
12. Ändra den initiala tidsfasen genom att välja **Set initial time frame**.
13. Klicka på exportknapparna för att exportera resultat till kalkylblad.

14.1.2 Automatisk strainanalys i lång-axel bildstackar [1-3]

1. **Tagging:** Den automatiska strainanalysen startar vid inladdning av en taggad bildstack. Segment CMR identifierar en taggad bildstack enligt DICOM taggen Series Description. Det tillhörande Series Description namnet kan skräddas av användaren enligt avsnitt 6. Starta strainanalysen manuellt genom att välja Tagging Strain Long-axis under Strain menyn.
Cine: Starta strainanalysen genom att välja Feature Tracking Strain Long-axis under Strain menyn.
2. Säkerställ att Image View Plane är korrekt (2CH, 3CH och 4CH), respektive. Annars, ange det enligt avsnitt 6.
3. Första steget i strainanalysen är beskärning och upsampling av bildstacken, vid behov, enligt figur 26.

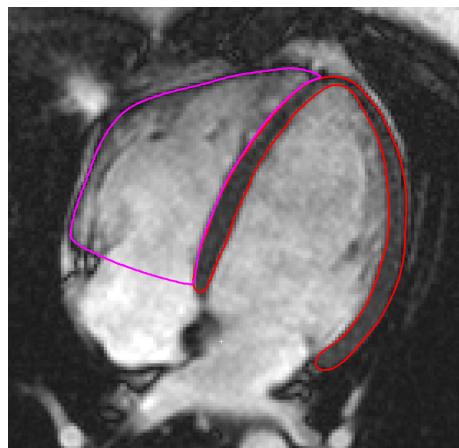


Figur 26: Gränssnitt för att beskära strain bildstacken.

4. Den automatiska strainregistreringen utförs sedan i bakgrunden. Förloppet visas i nederkanten i huvudgränssnittet av Segment CMR. Under tiden kan användaren göra LV segmentering.

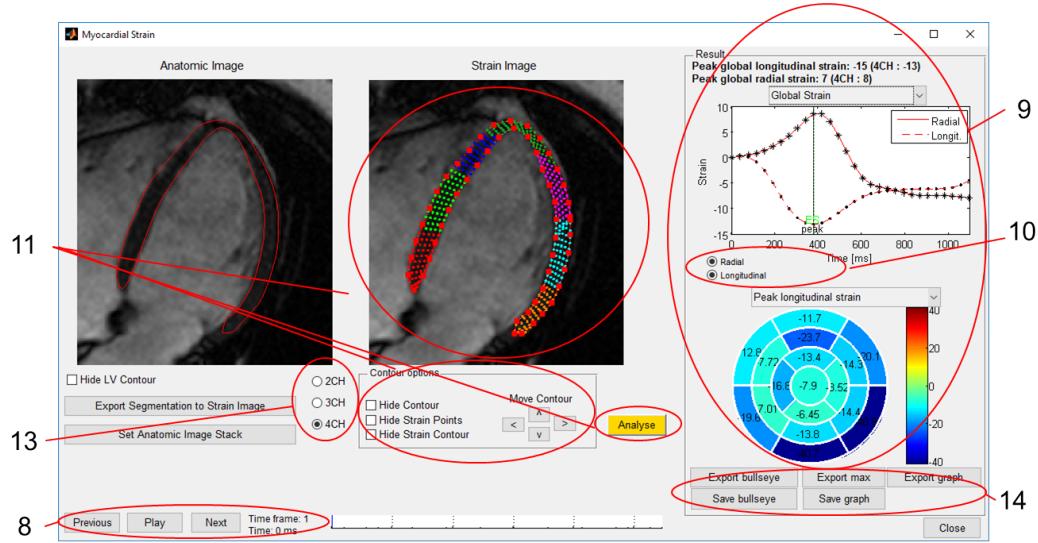
14.1. STRAINANALYS I CINE ELLER TAGGADE BILDER

5. Innan du utför LV segmentering försäkra dig om att **Number of points along contour** inställningar  (p) är 160, för en slät segmentering. LV-segmenteringen ska göras i en av de sju första tidsfaserna i den taggade bildstacken, eller i eventuell cine bildstack, genom att använda verktygen för endo-segmentering  eller , enligt figur 27. Denna tidsfas är den initiale tidsfasen för straintrackingen.



Figur 27: LV segmentering i långaxel stack

6. Säkerställ att end-diastole (ED) tidsfasen är i den första tidsfasen (eller nära). Eftersom den första tidsfasen kommer att vara basen för strainberäkningen och strain kommer att definieras som 0 i denna tidsfas. Du kan korrigera detta genom att i Segment CMR gå till den tidsfas som representerar end-diastole, välj sedan **Set First Timeframe for Selected Slices at Current Timeframe** från menyn **Edit**.
7. **Tagging:** Starta strainmodulen genom att välja **Tagging Strain Long-axis** under **Strain** menyn (a). Gränssnittet för strainanalys visas (Figur 25).
Cine: Starta strainmodulen genom att välja **Feature Tracking Strain Long-axis** under **Strain** menyn (a). Gränssnittet för strainanalys visas (Figur 25).
8. Kontrollera strainberäkningen genom att använda filmverktygen.



Figur 28: Gränssnitt för strainanalys.

9. Strain över tid och maximal strain visas i figurerna till höger enligt de valda parametrarna.
10. De olika kurvorna i grafen kan gömmas med radioknapparna under grafen.
11. Vid behov kan manuell korrering göras genom att använda pilarna för **Move Contour**, eller genom att flytta interpoleringspunkterna för segmenteringen i den initiale tidsfasen i bildstacken. Kör sedan strain beräkningen igen genom att välja **Analyse**.
12. Ända den initiale tidsfasen genom att välja **Set initial time frame**.
13. Byt mellan de olika längaxelvyerna genom att använda radioknapparna under bilderna.
14. Klicka på exportknapparna för att exportera resultat till kalkylblad.

14.1.3 Radera straindata

Tagging: För att radera straindata, välj **Clear Tagging Data** under **Strain** menyn (a).

14.1. STRAINANALYS I CINE ELLER TAGGADE BILDER

Cine: För att radera straindata, välj **Clear Feature Tracking Data under Strain** menyn (a)

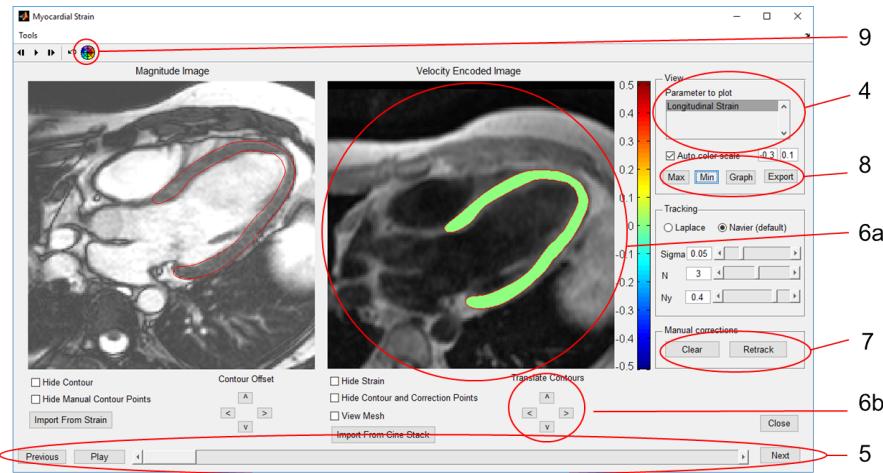
14.1.4 Validering av strainanalys

1. Medviso White Paper, Strain tagging Validation, 2015. [Available through <http://medviso.com/documents/straintagging.pdf>]
2. Medviso White Paper, Strain Feature tracking Validation, 2016. [Available through <http://medviso.com/documents/strainfeaturetracking.pdf>]
3. P. Morais, A. Marchi, JA. Bogaert, T. Dresselaers, B. Heyde, J. D'hooge and J. Bogaert. Cardiovascular magnetic resonance myocardial feature tracking using a non-rigid, elastic imageregistration algorithm: assessment of variability in a real-life clinical setting. *J Cardiovasc Magn Reson* 2017 Feb 17;19(1):24.
4. Medviso White Paper, Strain Feature tracking Validation, 2017. [Available through <http://medviso.com/documents/strainmodule.pdf>]
5. Heyde B, Jasaityte R, Barbosa D, Robesyn V, Bouchez S, Wouters P, Maes F, Claus P, D'hooge J. Elastic image registration versus speckle tracking for 2-D myocardial motion estimation: a direct comparison in vivo. *IEEE Trans Med Imaging*. 2013 Feb;32(2):449-459
6. P. Morais, B. Heyde, D. Barbosa, S. Queiros, P. Claus, and J. D'hooge. Cardiac motion and deformation estimation from tagged MRI sequences using a temporal coherent image registration framework. Proceedings of the meeting on Functional Imaging and Modelling of the Heart (FIMH), Lecture Notes in Computer Science, vol. 7945, pages 316-324, London, 2013.

14.2 Strainanalys i hastighetskodade bilder

14.2.1 Automatisk strainanalys [1]

1. Försäkra dig om att **Number of points along contour** under är lika med 300 (a).
2. Börja med manuell segmentering av vänster kammare längaxelbild i slutdiastole i magnitud bildstacken genom att använda verktyget . Segmenteringen av vänster kammare kan också göras i cinebildstacken och därefter importeras till magnitudbildstacken genom **Import From Cine Stack** under **Strain From Velocity Encoded Imaging** under **Strain** menyn(a).
3. Starta strainmodulen genom att välja **Strain Tool** under menyn **Strain From Velocity Encoded Imaging** under **Strain** menyn (a). Gränssnittet för strain analys öppnas (figur 29).



Figur 29: Gränssnitt för strainanalys.

4. Välj **Parameter to plot**.
5. Kontrollera strainberäkningen genom att använda filmverktygen.
6. Vid behov kan manuella korrigeringar göras på två sätt:

14.2. STRAINANALYS I HASTIGHETSKODADE BILDER

- (a) Använd vänsterklick på musen för att flytta en konturpunkt, och använd högerklick på musen för att radera en manuell konturpunkt.
 - (b) Förflytta konturen manuellt genom att använda pilknapparna i gränssnittet.
7. Använd **Retrack** för att beräkna strain efter manuella korrigeringar. Använd **Clear** för att radera alla manuella korrigeringar.
8. Detta verktyg möjliggör visualisering av maximal strain, minimal strain och strain över tiden, och att exportera data till kalkylblad.
9. Klicka på  för bullseye plot av strain.

14.2.2 Radera straindata

För att radera straindata, välj **Clear Strain Data** från **Strain From Velocity Encoded Imaging** under **Strain** menyn (a).

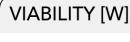
14.2.3 Validering av strainanalys

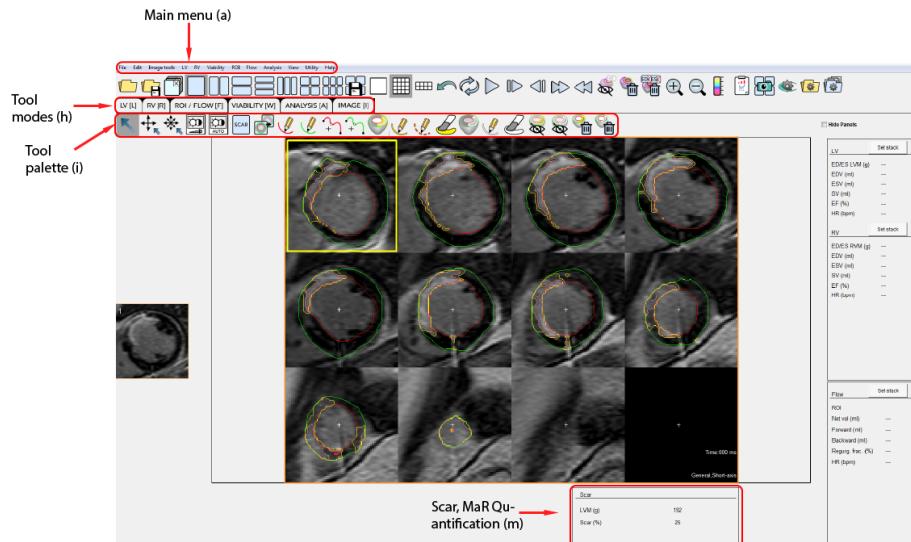
1. E. Heiberg, U. Pahlm-Webb, S. Agarwal, E. Bergvall, H. Fransson, K. Steding-Ehrenborg, M. Carlsson and H. Arheden, Longitudinal strain from velocity encoded cardiovascular magnetic resonance: a validation study. *J Cardiovasc Magn Reson*, 15:15, 2013.

15 Scaranalys - Steg för steg

De funktioner som beskrivs i det här kapitlet får i USA endast användas för forsknings- och utvecklingsarbete.

15.1 Automatisk scaranalys [1]

1. Börja med manuell eller automatisk segmentering av vänster kammare, som beskrivs i kapitlet 7.
2. Klicka på  läge (h).
3. Klicka på  (i).



Figur 30: Scarsegmentering.

4. Vid behov, använd verktyget  (i), för att lägga till scarområde, och  (i), för att radera scarområde.

5. De gula linjerna markerar scarregionen och de rosa linjerna markerar en visuell representation av massan av scar. Det rosa området motsvarar det området som skulle inkluderats om analysverktyget skulle räknat antalet voxlar istället för att använda den automatiska viktade segmenteringsalgoritmen.
6. De uppmätta volymerna för Scar presenteras i (m).

15.2 Gråzoneanalys

1. Börja med manuell eller automatisk segmentering av scar, som beskrivs i avsnittet ovanför.
2. Välj Gray Zone Analysis från Scar menyn (a).

15.3 Radera scarsegmentering

För att radera segmenteringen av scar, välj  från  läge (h).

15.4 Validering av scaranalyse

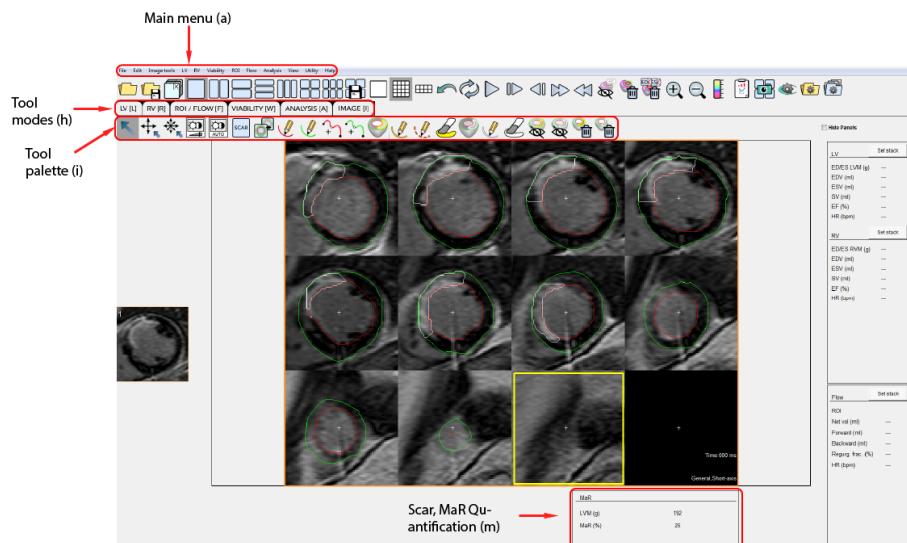
1. E. Heiberg, M. Ugander, H. Engblom, M. Gotberg, G. K. Olivecrona, D. Erlinge, and H. Arheden, Automated quantification of myocardial infarction from MR images by accounting for partial volume effects: animal, phantom, and human study, Radiology 246(2) pp. 581-8, 2008.

16 Riskvolym (MaR) analys - Steg för steg

De funktioner som beskrivs i det här kapitlet får i USA endast användas för forsknings- och utvecklingsarbete.

16.1 Automatisk MaR-analys [1]

1. Börja med manuell eller automatisk segmentering av vänster kammare, som beskrivs i kapitlet 7.
2. Klicka på VIABILITY [W] läge (h).
3. Klicka på (i).



Figur 31: MaR segmentering

4. Använd verktygen (i), för att lägga till riskvolym, och (i), för att radera riskvolym, vid behov.

5. Den vita linjen markerar riskvolymen.
6. De uppmätta volymerna för MaR presenteras i (m).

16.2 Radera MaR segmentering

För att radera segmenteringen av riskvolym, välj  från  läge (h).

16.3 Validering av MaR-analys

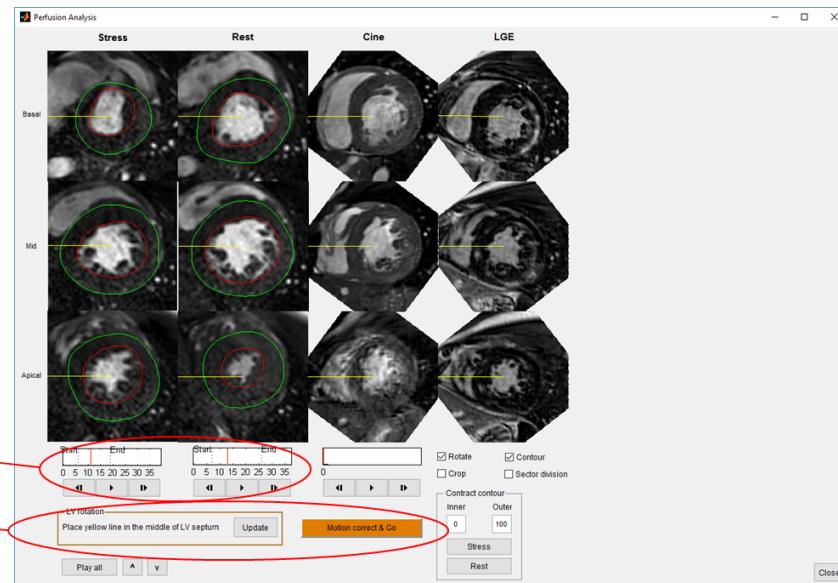
1. J. Sjogren, J. F. Ubachs, H. Engblom, M. Carlsson, H. Arheden, and E. Heiberg, Semi-automatic segmentation of myocardium at risk in T2-weighted cardiovascular magnetic resonance, *J Cardiovasc Magn Reson* 14(1) p 10, 2012.

17 Perfusionssanalys - Steg för steg

De funktioner som beskrivs i det här kapitlet får i USA endast användas för forsknings- och utvecklingsarbete.

17.1 Automatisk perfusionsanalys [1]

1. Börja med en vilobild och en arbetsbild. Båda bildstackarna behöver ha en segmentering av vänster kammare i alla snitt i en tidsfas, enligt kapitel 7. Säkerställ att Image Type är korrekt angivet (Perfusion Rest och Perfusion Stress). Annars, korrigera det enligt avsnitt 6.
2. Starta perfusionmodulen genom att välja  från **ANALYSIS [A]** läge (h).

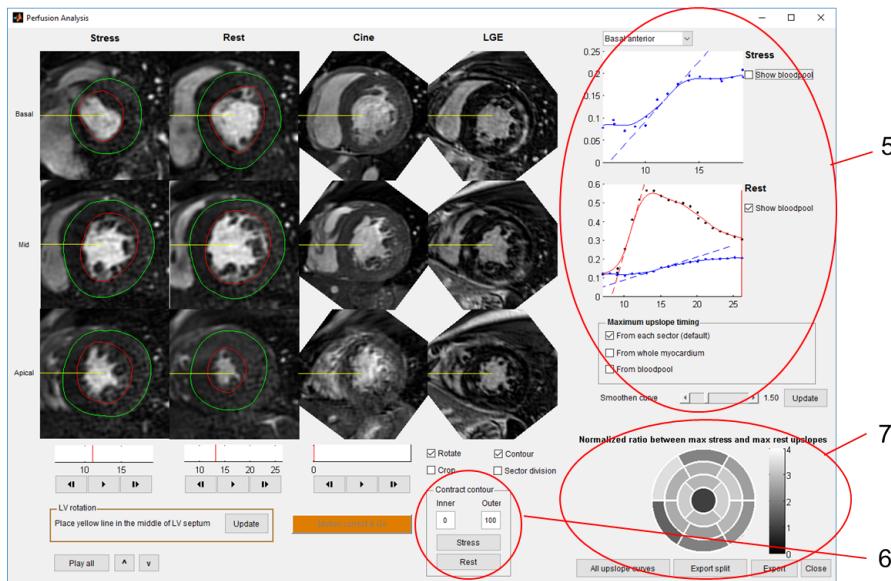


Figur 32: Gränssnitt för perfusionsanalys.

3. Ange start- och slutsnitt för rörelsekorrigering.

KAPITEL 17. PERFUSIONSANALYS - STEG FÖR STEG

4. Ange LV-rotationen genom att dra den gula linjen så den pekar på mitten av septum. Klicka på **[Motion correction & Go]**, för att starta analysen. Detta generera rörelsekorrigrade bildstackar med LV-segmentering i alla valda tidsfaser.



Figur 33: Resultat från perfusionsanalysen.

5. Välj vilken region av vänster kammare som kurvorna ska visas för, och graden av smetning med det Gaussiska filtret som används i kurvapassningen.
6. Om intensitet från områden utanför vänster kammare rinner över in i LV segmenteringen kan LV konturerna korrigeras för de båda bildstacarna genom att ange de inre och yttre värdena ([0 100]) och klicka på **Stress** eller **Rest**
7. Bullseyeplotten visar den sektorvisa kvoten mellan den maximala tangentlutningen för arbetsbilden och vilobilden, normaliserad mot varje sektors respektiva maximala tangentlutning. Klicka på **Export** för att exportera resultat till kalkylblad.

17.2. VALIDERING AV PERFUSIONSANALYS

17.2 Validering av perfusionsanalyse

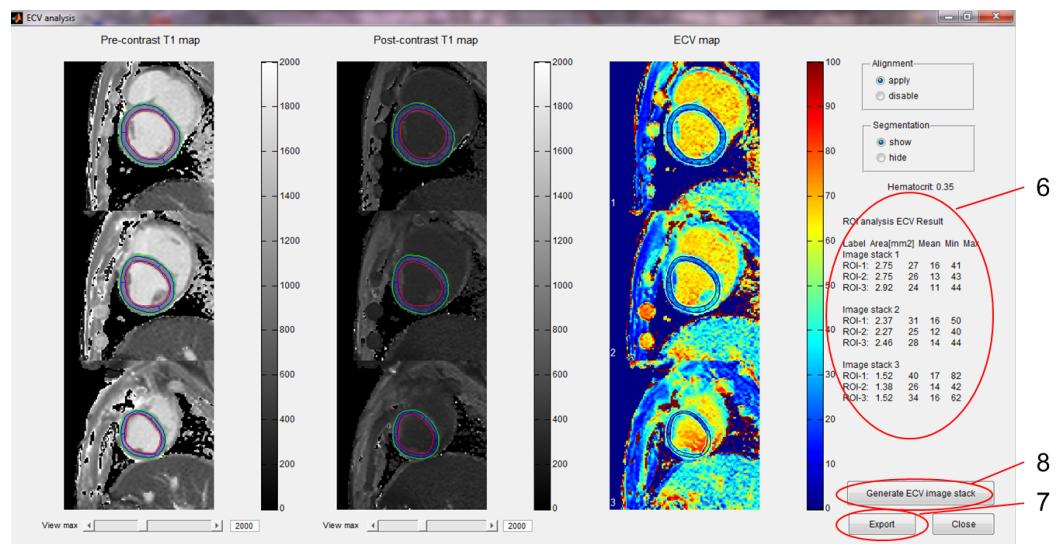
1. M. Saeed, S. W. Hetts, L. Do, and M. W. Wilson, MRI study on volume effects of coronary emboli on myocardial function, perfusion and viability, *Int J Cardiol*, 2011.

18 ECV analys - Steg för steg

De funktioner som beskrivs i det här kapitlet får i USA endast användas för forsknings- och utvecklingsarbete.

18.1 Automatisk ECV-analys

1. Börja med pre T1 karta bildstack(ar) och post T1 karta bildstack(ar). ECV analysen kan appliceras på flera bildstackar eller flera snitt samtidigt. Säkerställ att **Image Type** är korrekt definierat (**T1 map Pre** och **T1 map Post**). Annars, korrigera det enligt avsnitt 6.
2. Utför segmentering av LV i en tidsfas i både pre och post bildstackarna enligt kapitell 7.
3. Placera en ROI som definierar blodpolen i både pre och post bildstackarna och namnge den **Blood** enligt kapitell 9.
4. Definiera regioner för kvantifiering av ECV genom att placera ROIar i pre T1 kartan.
5. Välj **ECV From Registration** under menyn **ECV** från menyn **Analysis**. Post T1 kartan registreras då till pre T1 kartan.
6. Resultatet visas i ett nytt gränssnitt enligt figur 34.
7. Klicka på **Export** för att exportera resultat till kalkylblad.
8. Klicka på **Generate Image Stacks** för att lägga till ECV-kartan till huvudgränssnittet för Segment CMR.



Figur 34: Resultat från ECV-analys.

19 Short Commands / Hot keys

This chapter describes the hot keys that can be used in Segment CMR.

Stack navigation commands

Left arrow	Previous frame or pan left
Right arrow	Next frame or pan right
Up arrow	View next slice in basal direction
Down arrow	View next slice in apical direction
D	Go to end diastole
S	Go to end systole
Shift-D	Go to end diastole all visible image stacks
Shift-S	Go to end systole all visible image stacks
C	Start to play cine thumbnail
P	Start to play movie

Viewing commands

R	Refresh screen
H	Hide/show all contours and markers
V	Shift mode in panel between montage and one slice
Ctrl-A	Selects all slices
Shift-U	Unselect all slices
Shift-A	View all image stacks
Shift-1	View one image panel
Shift-2	View two image panels
Alt-2	View two image panels as rows
Shift-3	View three image panels
Alt-3	View three image panels as rows
Shift-4	View three image panels
Shift-6	View six image panels
Alt-6	View six image panels as rows
Shift-9	View nine image panels
Ctrl-1	One view

KAPITEL 19. SHORT COMMANDS / HOT KEYS

Ctrl-2	M-mode view
Ctrl-3	Montage view
Ctrl-4	Montage row view
Ctrl-5	Montage fit view
Ctrl-plu	Zoom in
Ctrl-minus	Zoom out

Segmentation commands

- LV -

Ctrl-L	Perform fully automatic LV segmentation
Ctrl-M	Segment LV endocardium
Ctrl-Shift-M	Segment LV epicardium
Ctrl-R	Refine LV endocardium
Ctrl-Shift-R	Refine LV epicardium
Ctrl-F	Propagate LV endocardium forward and refine
Ctrl-Shift-F	Propagate LV epicardium forward and refine
Ctrl-U	Copy LV endocardium upwards and refine
Ctrl-Shift-U	Copy LV epicardium upwards and refine
Ctrl-D	Copy LV endocardium downwards and refine
Ctrl-Shift-D	Copy LV epicardium downwards and refine
Ctrl-E	Expand LV Endo
Ctrl-K	Contract LV Endo
Ctrl-Alt-E	Expand LV Epi
Ctrl-Alt-K	Contract LV Epi
Ctrl-V	Exclude papillary muscle from LV endocardium
Shift-Alt-R	Refine LV endocardium for Alternative LV segmentation method

- RV -

Ctrl-Alt-M	Segment RV endocardium
Ctrl-Alt-R	Refine RV endocardium
Ctrl-Alt-F	Propagata RV endocardium forward, do not refine
Ctrl-Alt-U	Copy RV endocardium upwards and refine
Ctrl-Alt-D	Copy RV endocardium downwards and refine

- Flow -

Alt-T	Track tool for Flow ROI
Alt-R	Refine Flow ROI
Alt-F	Propagate Flow ROI forward and refine
Ctrl-T	Plot flow

- General -

O	Smooth current segmentation
Ctrl-Z	Undo segmentation

Analysis commands

Alt-D	Set end diastole at current time frame
Alt-S	Set end systole at current time frame
Ctrl-B	Bullseye plot

Translation commands

Alt-A	Translate contours left (selected slices)
Alt-X	Translate contours right (selected slices)
Alt-W	Translate contours up (selected slices)
Alt-Z	Translate contours down (selected slices)
Shift-Alt-A	Translate contours and image left (selected slices)
Shift-Alt-X	Translate contours and image right (selected slices)
Shift-Alt-W	Translate contours and image up (selected slices)
Shift-Alt-Z	Translate contours and image down (selected slices)

Tool toggling commands

Space	Toggle tool in toolbar menu (depending on tool and mode)
Shift-L	Select LV mode
Shift-R	Select RV mode
Shift-F	Select ROI/Flow mode
Shift-V	Select Scar(Viability) mode
Shift-M	Select MaR mode
Shift-I	Select Misc mode
Shift-N	Select LV Endo pen
Shift-B	Select LV Epi pen
Shift-G	Select LV Endo interp
Shift-H	Select LV Epi interp

File menu commands

Ctrl-N	Load next .mat file
---------------	---------------------

KAPITEL 19. SHORT COMMANDS / HOT KEYS

Ctrl-O	Load image stack
Ctrl-P	Open patient data base
Ctrl-O (zero)	Reset GUI Position
Ctrl-S	Save all image stacks
Ctrl-W	Close current image stack
Ctrl-Shift-W	Close all image stacks
Ctrl-Q	Quit program

Mouse commands

Mouse wheel	Scroll through slices
Shift-Mouse wheel	Scroll through time frames
Ctrl-Mouse wheel	Scroll through visible thumbnails
Alt-Mouse wheel	Zoom
Left+Right mouse button	Pan / Windowing (dependent on selected tool)