|  |  |  |
| --- | --- | --- |
| **CHECKS MRS** | | |
| **INSTALLATION Salle contrôle** | | |
| **éteindre l'ordinateur du scanner** | Eteindre sur l’ordinateur du scanner : **System – End Session – Shutdown System** (onglet en haut) | |
| Eteindre avec **bouton « system off »** une fois l’ordinateur éteint (message “ok to turn off your computer now”) | |
| Check **niveau d’hélium de l’IRM** dans la salle concomitante (doit être **> 2600L**) | | |
| **redémarrer** **l'ordinateur du scanner** après quelques minutes | Appuyer sur **bouton** **System on** | |
| Attendre **3 bips**. Si les 3 bips n’ont pas eu lieu, répéter la procédure au moins 2 fois. Si tjr pas de bip, bug du scanner => appeler Lijing Xin 076-308-19-84 | |
| **ctrl+esc**=> ouvrir une session **Advanced User** meduser pour pouvoir accéder à certains dossiers (mot de passe : meduser1) | | |
| vérifier que le scanner n'a pas de **message d'erreur** (après installation de l’antenne) | => si scanner pas ok/message d’erreur : 1) débrancher-rebrancher les plugs 2) si tjr pas ok redémarrer l’ordinateur du scanner | |
| Demander si le sujet a besoin d’aller aux **toilettes** | | |
| Enregistrer sujet sur la console | | 1. Rentrer identifiant étude **CIDXXX\_LGCMotivation\_SXXX** |
| 1. demander **âge + poids du sujet** (si sait pas son poids demander de se peser sur la balance) et rentrer dans **age** (pas date of birth pour pas l’identifier) et **weight** |
| 1. rentrer genre du sujet (homme/femme) |
| 1. rentrer le chemin de l’étude: **study => Research => LGC\_Lab** |
| 1. **patient position: head first supine** |
| 1. cliquer sur **Exam** à la fin |
| **INSTALLATION Salle du scanner** | | |
| vérifier que tout le monde n'a rien de **métallique** avant de rentrer dans le scanner (si pas fait avant) | | |
| installer l'**antenne NOVA 2** | Débrancher l’antenne **NOVA 1** retirer **poire d’arrêt urgence** + **miroir de NOVA1** | |
| Installer **l’antenne NOVA 2** | |
| Installer le **miroir** sur NOVA 2 | |
| Brancher la **poire d’arrêt d’urgence** et vérifier qu’elle fonctionne bien (montrer au sujet si besoin de le rassurer) | |
| brancher les **plugs** dans l'ordre (1 à 4) => vérifier qu’il n’y a pas de message d’erreur sur la console après branchement | |
| préparer l'installation du sujet dans le scanner | **tapis** sous sujet **+pad pour les jambes**  **+pad pour lombaires** | |
| Vérifier que le sujet a **retiré tout objet métallique** + **chaussures**  + **toilettes** ok ? | |
| donner **boules quiès** au sujet | |
| placer le **pad et la charlotte sur la tête du sujet** (attention à bien choper l'insula et dmPFC) | |
| Installer le sujet dans le scanner | installer le sujet dans l'antenne à l'aide des **pads sur les côtés de la tête** | |
| donner **poire d'arrêt d'urgence** dans la main | |
| introduire le sujet dans le scanner doucement et vérifier que tout va bien | |

|  |  |  |
| --- | --- | --- |
|  | | |
| **scan anatomique** | | |
| **localizer** | | |
| **scan anatomique**  **mp2rage 1mm** | Adjust field of view | |
| Automatic shimming  OR  Manual shimming :   1. Options – Adjustments – 3D Shim – Measure – Calculate – Apply 2. Frequency – Go – until convergence 3. Transmitter – Go – until convergence 4. Apply 5. System: Adjustment 220V | |
| **MRS** | | |
| **Calibration** obtenir **voltage** à utiliser pour la suite dans le voxel d'intérêt **5 étapes** (préparer aussi **terminal** pour le shimming pendant que ça tourne) | 1. définir **ref amplitude 200V** (dans System - Adjustments) | |
| 1. **3D image** (droite écran) : drag&drop fichier anatomique (**UNI-DEN**) **reslice** le cerveau pour placer le voxel d'intérêt (jouer sur nombre d’images et distance inter-slices) (à faire **2 fois : 1) horizontalement et 2) verticalement**)   Attention à bien fermer et **sauvegarder** le cerveau resliced | |
| 1. **Exam** (droite écran): retourner dans l'écran principal et **loader anat** 1) mp2rage issu de l'anat (**UNI-DEN**) 2) image resliced 1 (**MPR RANGE**) 3) image resliced 2 (**MPR RANGE 1**) (réutiliser la même image pour les 2 voxels d’intérêt si possible | |
| 1. **Routine** : définir **taille du voxel** de shimming (25mm iso) | |
| 1. **placer voxel** pour 1ère zone d'intérêt | |
| **Fastmap**  Shimming dans le voxel d’intérêt  **2 étapes** | 1. clic droit Cal - "**copy parameter - Adjust volume**" | |
| 1. **ctrl+esc** => **Windows Explorer**=> ouvrir **SimMeasData** => ouvrir **New\_voltage.txt** avec **Wordpad** récupérer le **voltage** issu de la calibration (une des 2 valeurs en bas : « new voltage » ou « fit new voltage »)   **System-Adjustments**(onglet en bas)**:** modifier le voltage  **Ne PAS dépasser 230V de préférence** (désincrémenter par tranches de 10V jusqu’à trouver une valeur qui marche) | |
| **Linewidth 4 étapes** | 1. ouvrir linewidth puis clic droit sur fastmap :  "**copy parameter - Adjust volume**" | |
| 1. modifier **position du voxel d'intérêt (carré vert) dans "Routine"** en fonction des coordonnées du carré jaune utilisé en calibration (visible en double-cliquant sur la séquence utilisée en calibration) **Attention R/L**, **A/P** et **F/H** bien inverser le signe | |
| 1. **même voltage que pour fastmap** ctrl+esc => Windows Explorer=> ouvrir SimMeasData => ouvrir New\_voltage.txt avec Wordpad récupérer le voltage issu de la calibration (en bas)   System-Adjustments (onglet en bas): modifier le voltage  **Ne PAS dépasser 230V de préférence** | |
| 1. **ctrl+esc => Run => cmd.exe** (**alt+tab** pour retrouver si déjà ouvert)aller dans le dossier avec la commande **cd C:\MedCom\MriCustomer\Research\ShimSettingsUpdateFB\_VB17\Release**  lancer **ShimSettingsUpdateFB.exe** pour remplacer les valeurs de shim | |
| 1. vérifier que le shim a été « **updated successfully** » sinon appeler Lijing | |
| **special**: acquisition des "averages" sur la première zone d'intérêt (dACC) pour vérifier la **qualité du spectre**  **5 étapes** | 1. **Spectroscopy** (onglet à droite) a) ouvrir **linewidth\_Florent** b) **Protocol** (onglet en haut) – Open Protocol : ouvrir **linewidth** c) clic-droit spectre => **Interactive** => **Phase correction**: **ajuster valeurs Amplitude avec la molette de la souris** (en cliquant dans le cadre gris foncé) pour améliorer la qualité du spectre si pas ok : aller dans **curve fitting – edit** et modifier manuellement les valeurs  note : si bug dans le display (à cause d’un zoom), faire clic droit sur le spectre « display parameters » => cliquer sur « full » le spectre réapparaîtra en entier | |
| 1. Retour à **Exam** (onglet droite de l’écran) : clic droit sur la séquence linewidth - "**copy parameter - Adjust volume**" | |
| 1. modifier **position du voxel d'intérêt (carré vert) dans "Routine"** en fonction des coordonnées du carré jaune utilisé avec linewidth (visible en double-cliquant sur la séquence utilisée en calibration) Attention R/L, A/P et F/H bien inverser le signe | |
| 1. **System-Adjustments** : régler **voltage = même voltage que pour linewidth** | |
| 1. placer **bandes OVS** (Outer Volume Suppression = suppression des lipides) autour du voxel d'intérêt à placer à environ 1mm du voxel d’intérêt | |
| 1. **ctrl+esc** => **Windows Explorer** => **SimMeasData** => ouvrir **fastmapFB.log** **ouvrir System-Adjustments-3D Shim**: copier Shim values de fastmapFB.log (dernière ligne, colonne **NewShimSetting\_uT\_m**) en démarrant par **A11** | |
| **special bis vraie mesure** sur la première zone d'intérêt **4 étapes** | 1. **Spectroscopy** (onglet droite) : a) drag&drop résultat **Special 1\_1** du special (2e image, celle la plus haut) pour voir la qualité des images b) Open – Protocol (onglet haut) – **load shortTE\_SVS** c) Faire **correction de phase**   **Si qualité des images pas ok (contamination lipidique, baseline) : refaire un shim et répéter special précédent, si tjr pas ok,** | |
| 1. **copier-coller la ligne précédente** (special) via drag&drop (pour garder les mêmes paramètres) | |
| 1. **Sequence – Common : preparation scans = 4** (preparation scans = 0 précédemment normalement) | |
| 1. **Contrast-Measurement : augmenter le nombre d'averages** pour la mesure principale (**n = 50**) | |
| **special ter water suppression: mesurer le signal parasite lié à l'eau** pour le supprimer des données **5 étapes** | **copier-coller la séquence précédente** pour garder les mêmes valeurs | |
| 5 modifications à faire : | |
| 1) retirer "**water suppression**" (dans **Contrast**: Water suppr.) | |
| 2) **measurement = 1** (dans **Contrast**) | |
| 3) **delta frequency = 0** (dans **Sequence - Common**) | |
| 4) **décocher With Additional WS** (dans **Sequence - Special**) | |
| 5) **retirer toutes les bandes OVS** (dans **Geometry - Sat.region** appuyer sur - jusqu'à ce qu'il n'y en ait plus) | |
| Possible **checker qualité du signal obtenu à la fin de special ter** ici | | |
| **répéter les étapes précédentes sur la 2e zone d'intérêt** (insula antérieure) | | |
| Sortir le participant | | Prévenir le participant qu’on va le sortir |
| Sortir doucement le participant de l’antenne |
| Redonner son **masque** au participant |
| Proposer un **verre d’eau** |
| Proposer **toilettes** |
| **Prélèvement salivaire** |
| **Laver** le **pad** + la **charlotte** et les ranger | | |
|  |  | |
| **récupérer les données MRS depuis le serveur** | | **Ctrl+esc** => **Windows Explorer** => **CDR\_OFFLINE**=>**dossier du sujet couper-coller** dans **temp\_external\_on** |