

Manual of Procedures FLADEX Project

MOP Chapter 7.4.: Instructions for MRI acquisition (Spanish Version)









Anexo 7.4. Instrucciones para la adquisición de RM

Instrucciones durante el escáner de RM

El siguiente documento proporciona una breve descripción de los eventos que ocurren mientras el participante está en el examen de RM. Esto incluye tanto los avisos que se le dan al participante como las pantallas que deben aparecer al mismo tiempo que se realiza la secuencia. Consulte el Capítulo 7. Sesión de RM para los parámetros de RMN de cada secuencia.

¡La sesión de RM tendrá <u>TRES ESCENARIOS DIFERENTES</u>! dependiendo de las ejecuciones pre / post condición y el número de visitas / sesiones (1, 2, 3).

Escenario 1: Primera visita en condición previa. Imágenes ponderadas MPRAGE T1, TOF-T0 y pCASL-T0.

Escenario 2: Segunda y tercera visita en condición previa. TOF-T0 y pCASL-T0.

Escenario 3: Condición posterior para la primera, segunda y tercera visitas. TOF, pCASL-T1, pCASL-T2, pCASL-T3.

Por favor, observe atentamente las siguientes imágenes del protocolo de adquisición visual para comprender mejor cómo superar cada ejecución de las condiciones pre / post y cada visita / sesión (Figura 1).

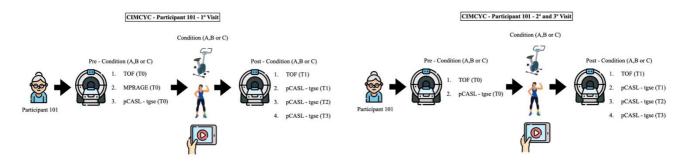


Figura 1. Protocolo para cada sesión/visita.

Antes de adquirir cada una de las secuencias:

El evaluador abrirá el archivo 'Cruz_MRI.jpeg' desde la ruta fladex_project/ o desde el escritorio de la computadora y lo colocará en la pantalla de la RMN en modo de pantalla completa.

El técnico dirá a los participantes que se mantengan lo más relajados e inmóviles posible durante los próximos minutos, que mantengan los ojos abiertos y miren la cruz en la pantalla, y que escucharán un ruido fuerte, pero no deben entrar en pánico.

1. Secuencia MPRAGE (7min) → Adquirida una vez en la 1ª sesión de RM

Esta secuencia adquiere una imagen estructural 3D de todo el cerebro del participante.

El técnico





Al final de la adquisición: Verifica que la imagen adquirida se haya tomado correctamente. Esto se puede hacer rápidamente siguiendo los pasos a continuación:

- Paso 1. Verifica que el participante haya mantenido una posición correcta durante toda la exploración (por ejemplo, sin partes del cuerpo desalineadas, sin inclinación de la cabeza, etc.).
- Paso 2. Verifica que la imagen tenga buena resolución y que no haya brillo extraño ni superposiciones.
- Paso 3. Si se tuvo que repetir la adquisición, guarda solo una adquisición por secuencia.
- 2. Secuencia Time-Of-Flight (TOF) (46 segundos) → Se adquiere dos veces por visita (TOF-T0 pre-condición; TOF-T1 post-condición)

Esta secuencia nos permite identificar las arterias carótidas. Resalta la sangre en movimiento mientras suprime las señales de los tejidos estacionarios.

El técnico

Es crucial seguir los siguientes pasos para una adquisición exitosa:

- Paso 1. Abre la exploración ASL y coloca el campo de visión (FOV) para cubrir el cerebro y el cerebelo si es posible. El FOV debe ser perpendicular a las arterias carótidas internas. Anota el valor H de la posición (en la pestaña Secuencia > Rutina) → HASL Pista: H = positivo (dirección cabeza)
 Pista: H = negativo (dirección pies)
- Paso 2. Abre la exploración TOF y coloca el FOV cerca del círculo de Willis (Figura 2) (se crean 4 imágenes con TOF)





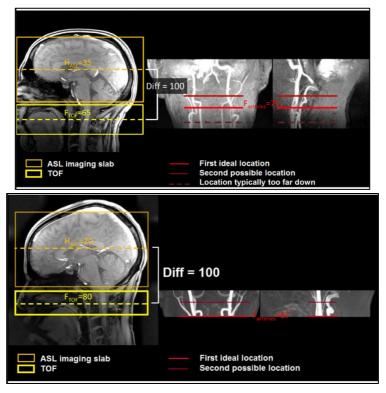


Figura 2. Posición del marco de vision para identificar las arterias carótidas.

- Paso 3. Abre las imágenes 2ª y 3ª de TOF en la consola junto al localizador sagital para visualizar arterias vistas las sus sagitales y coronales. Pista: Encuentra la ubicación transversal en la que las arterias vertebrales e internas carótidas estén lo más rectas posible. Pista: Puedes hacer esto abriendo la exploración ASL de nuevo y moviendo el cuadro del FOV mientras observas el parámetro de Posición. Una vez que hayas terminado los cálculos, recuerda volver a configurar el FOV de ASL en HASL (Paso 1). Pista: Recuerda que el plano de etiquetado tiene un ancho de ~1 cm, así que evita estar demasiado de curvas. Anota el valor F elegido → F_{arteries}
- Paso 4. Abre la exploración ASL y ve a la pestaña Secuencia > Especial para localizar:
 [5] El parámetro de desplazamiento del plano de etiquetado (por defecto configurado a 105 mm)

Fijar el valor correcto = $\mathbf{H}_{ASL} + \mathbf{F}_{arterias}$

3. Secuencia pCASL (6 min) → Se adquiere 4 veces por visita (pCASL-T0 precondición; pCASL -T1,2,3 post-condición)

Esta secuencia es un tipo de técnica de RMN utilizada para medir el flujo sanguíneo cerebral de manera no invasiva. Está particularmente enfocada en el estudio de la perfusión en el cerebro.





El técnico

La secuencia pCASL-tgse básicamente requiere tres tipos de imágenes tomadas con un ángulo de inclinación de 120 grados. La primera será la imagen de calibración (M0), que será seguida por una imagen ficticia y un par de imágenes de control de etiquetado. La adquisición de la imagen M0, la imagen mejorada de densidad de protones, es necesaria para el cálculo del balance de magnetización de la sangre arterial (parámetro individual). Para la adquisición de las imágenes de etiquetado, es necesario marcar previamente un plano en el cuello para marcar la sangre que luego pasará al cerebro, como se explicó en la técnica Time-Of-Flight (TOF) (Figura 3). En el caso de las imágenes de control, la sangre no se marcará, pero se mantendrán el resto de los parámetros.

cASL: Continuous ASL pcASL: psuedo-continous ASL

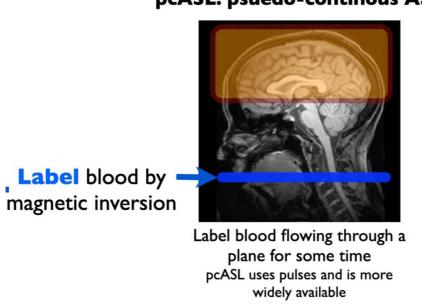


Figure 3. Proceso de etiquetado de la sangre

Con el objetivo de mantener el mismo parámetro de desplazamiento del plano de etiquetado establecido en la pCASL-tgse_T0 con la secuencia TOF en las siguientes secuencias pCASL-tgse adquiridas en las siguientes ejecuciones/sesiones/visitas, el técnico siempre cargará la pCASL-tgse_T0 en la pestaña de ejecución correspondiente y la copiará y pegará (una vez en la condición previa y tres veces en la condición posterior). El técnico cambiará el nombre de las secuencias copiadas y pegadas a pCASL-tgse-T0, pCASL-tgse-T1, pCASL-tgse-T2 o pCASL-tgse-T3 dependiendo de en qué escenario nos encontremos. De esta manera, las secuencias mantienen el mismo parámetro de desplazamiento del plano de etiquetado aunque los valores de HASL y Farteries se ajusten a la nueva ubicación del participante en la exploración de RMN,





ya que el participante ha salido de la exploración para la condición y ha vuelto a entrar para la condición posterior.

Ejemplo para una mejor comprensión:

Visita-1

1. El participante entra en la exploración de RMN en la condición previa. Después de ejecutar TOF, los parámetros adquiridos para etiquetar la sangre para la pCASL-tgse T0 son los siguientes:

$$H_{ASL} \rightarrow 45 \text{ mm}$$

 $F_{arteries} \rightarrow 75 \text{ mm}$

Desplazamiento del etiquetado ($H_{ASL} + F_{arteries}$) $\rightarrow 120 \text{ mm}$

2. El participante entra nuevamente en la exploración de RMN en la condición posterior (o en las siguientes condiciones previas). El técnico carga la pCASL-tgse_T0 y la copia y pega tres veces para crear la pCASL-tgse_T1, pCASL-tgse_T2, pCASL-tgse_T3. Los nuevos parámetros son los siguientes:

$$H_{ASL} \rightarrow 35 \ mm$$

 $F_{arteries} \rightarrow 85 \ mm$

Desplazamiento del etiquetado ($H_{ASL} + F_{arteries}$) $\rightarrow 120 \text{ mm}$

Como puedes ver, aunque los valores de H_{ASL} y $F_{arteries}$ han cambiado debido a la nueva ubicación del participante en la exploración de RMN, el desplazamiento del etiquetado sigue sumando 120 mm como en la pCASL-tgse_T0, por lo que mantiene el mismo valor.

4. Exportación de datos:

La transferencia de las imágenes adquiridas durante la sesión de RMN se llevará a cabo inmediatamente después de cada visita. El técnico iniciará sesión en el servidor smb://profith2.ugr.es con el nombre de usuario: xxxx.

- El técnico tendrá acceso a una carpeta llamada MRI_data_raw (/Users/heartybrain/MRI_data_raw), en donde subirá las carpetas con los archivos DICOM correspondientes a cada participante, sesión, ejecución y secuencia (Tabla 1).
- Después de que las imágenes se suban al servidor, serán movidas de /Users/heartybrain/MRI_data_raw a /Users/agueda/neurodesktop-storage/Fladex/DICOM. Además, se debería guardar una copia en /Volumes/profith/fladex/MRI data.
- Los nombres de las secuencias en las carpetas tendrán un número al final como en la Tabla 1. Luego, ACP deberá modificar los nombres según la Tabla 2.





Tabla 1. Estructura de la carpeta Mri_data_raw <u>antes</u> de modificar los nombres.

Folder	Session	Run folder	Sequences folders	DCM files
	folder			
MRI_data_raw	101_visit1	fladex_Protocolo - 1	Localizers_1	139
			MPRAGE_T0_9	224
			Perfusion_Weigthed_11	1
			PhoenixZIPReport_99	7
			t2_tse_tra_448_p2_3mm_5	35
			tgse_pcasl_T0_10	26
			tof_fl3d_tra_p3_2slab_MIP_COR_T0_8	1
			tof_fl3d_tra_p3_2slab_MIP_SAG_T0_7	1
			tof_fl3d_tra_p3_2slab_T0_6	59
		fladex_Protocolo - 2	Localizers_1	139
			Perfusion_Weigthed_9	1
			Perfusion_Weigthed_11	1
			Perfusion_Weigthed_13	1
			PhoenixZIPReport_99	7
			tgse_pcasl_T1_8	26
			tgse_pcasl_T2_10	26
			tgse_pcasl_T_12	26
			tof_fl3d_tra_p3_2slab_MIP_COR_T1_7	1
			tof_fl3d_tra_p3_2slab_MIP_SAG_T1_6	1
			tof_fl3d_tra_p3_2slab_T1	59

Tabla 2. Estructura de la carpeta Mri_data_raw <u>después</u> de modificar los nombres.

Folder	Session	Run folder	Sequences folders	DCM files
	folder			
MRI_data_raw	101_visit1	fladex_Protocolo - 1	Localizers_T0	139
			MPRAGE	224
			Perfusion_Weigthed_T0	1
			PhoenixZIPReport_T0	7
			t2_tse_tra_448_p2_3mm_T0	35
			tgse_pcasl_T0	26
			tof_fl3d_tra_p3_2slab_MIP_COR_T0	1
			tof_fl3d_tra_p3_2slab_MIP_SAG_T0	1
			tof_fl3d_tra_p3_2slab_T0	59
		fladex_Protocolo - 2	Localizers_T1	139
			Perfusion_Weigthed_T1	1
			Perfusion_Weigthed_T2	1
			Perfusion_Weigthed_T3	1
			PhoenixZIPReport_T1	7
			tgse_pcasl_T1	26
			tgse_pcasl_T2	26
			tgse_pcasl_T3	26





tof_fl3d_tra_p3_2slab_MIP_COR_T1	1
tof_fl3d_tra_p3_2slab_MIP_SAG_T1	1
tof_fl3d_tra_p3_2slab_T1	59