



# **Cedars-Sinai- Herzsoftware- paket**

## **Bedienungsanleitung**

**CSI, QGS + QPS, QBS, Moco und AutoRecon**

**Version 2017 Rev. C**

Dieses Dokument und die hier beschriebene Technologie sind Eigentum von Cedars-Sinai Medical Center und dürfen nicht ohne Genehmigung von einem autorisierten Unternehmensvertreter vervielfältigt, verteilt oder verwendet werden. Dies ist ein unveröffentlichtes Werk, das dem Betriebsgeheimnis und Urheberschutz unterliegt.

## **Garantie und Copyright-Erklärung**

Cedars-Sinai Medical Center hat sich um die Sicherstellung der Genauigkeit dieses Dokuments bemüht. Cedars-Sinai Medical Center übernimmt jedoch keine Haftung für Fehler oder Auslassungen und behält sich das Recht vor, ohne vorherige Ankündigung Änderungen an irgendwelchen hier aufgeführten Produkten vorzunehmen, um deren Zuverlässigkeit, Funktion oder Design zu verbessern. Cedars-Sinai Medical Center stellt dieses Handbuch ohne jegliche Gewähr, weder ausdrücklich noch stillschweigend, einschließlich, aber nicht eingeschränkt auf stillschweigende Gewährleistungen der Handelsüblichkeit und Eignung für einen bestimmten Zweck zur Verfügung. Cedars-Sinai Medical Center kann an dem(den) in diesem Handbuch beschriebenen Produkt(en) und/oder Programm(en) jederzeit Verbesserungen oder Änderungen vornehmen.

Dieses Dokument enthält proprietäre Informationen, die urheberrechtlich geschützt sind. Alle Rechte vorbehalten. Kein Teil dieses Handbuchs darf ohne die schriftliche Genehmigung von Cedars-Sinai Medical Center fotokopiert, vervielfältigt oder in eine andere Sprache übersetzt werden.

Cedars-Sinai Medical Center behält sich das Recht vor, diese Veröffentlichung zu überarbeiten und von Zeit zu Zeit inhaltliche Änderungen vorzunehmen, ohne dass Cedars-Sinai Medical Center dazu verpflichtet ist, eine derartige Revision oder Änderung bekanntzugeben.

Copyright © 2019 Cedars-Sinai Medical Center  
Artificial Intelligence in Medicine (AIM) Program  
8700 Beverly Blvd  
Los Angeles, CA, 90048, USA  
Eigentum von Cedars-Sinai Medical Center

## **Erklärung zu verschreibungspflichtigen Medizinprodukten**

Vorsicht. Nach US-Bundesgesetz ist der Verkauf dieses Geräts auf Ärzte oder auf Anweisung eines Arztes (oder eines entsprechend zugelassenen Praktikers) beschränkt.

## **Haftungsausschluss**

Weder das Cedars-Sinai Medical Center noch seine Muttergesellschaft noch eine seiner weltweiten Tochtergesellschaften haftet oder verpflichtet sich in irgendeiner Weise für Personen- und/oder Sachschäden, die durch Verwendung des Systems/der Software entstehen, wenn diese/s nicht streng die Anweisungen und Vorsichtsmaßnahmen in den jeweiligen Bedienungsanleitungen und in sämtlichen Anhängen/Nachträgen, auf allen Produktetiketten sowie sämtliche Bedingungen der Garantie und des Verkaufsvertrags des Systems erfüllt(en), oder wenn eine nicht vom Cedars-Sinai Medical Center genehmigte Modifikation an der Betriebssoftware des Systems vorgenommen wird.

## **Warenzeichen**

Cedars-Sinai, QGS und QPS sind Warenzeichen von Cedars-Sinai Medical Center.

Adobe, das Adobe-Logo, Acrobat, das Acrobat-Logo und PostScript sind Warenzeichen von Adobe Systems Incorporated oder seinen Tochtergesellschaften und können in bestimmten Gerichtsbarkeiten registriert sein.

UNIX® ist ein eingetragenes Warenzeichen von The Open Group.

Linux ist ein Warenzeichen von Linus Torvalds und kann in bestimmten Gerichtsbarkeiten eingetragen sein.

Microsoft und Windows sind entweder eingetragene Warenzeichen oder Warenzeichen der Microsoft Corporation in den Vereinigten Staaten und/oder anderen Ländern.

Andere Marken- oder Produktnamen sind Warenzeichen oder eingetragene Warenzeichen ihrer jeweiligen Inhaber.



#### **CE-Zeichen**

Das Cedars-Sinai-Herzsoftwarepaket trägt das CE-Zeichen gemäß der Medizinprodukte-Richtlinie 93/42/EWG.



#### **Cedars-Sinai Medical Center : AIM Program**

8700 Beverly Blvd

NT LL A047

Los Angeles, CA 90048

USA

Tel: +1 (844) 276-2246

E-Mail: [support@csaim.com](mailto:support@csaim.com)



#### **MediMark® Europe Sarl**

11, rue Emile Zola – BP 2332,

38033 Grenoble Cedex 2, FRANKREICH

Tel: +33 (0) 4 76 17 19 82

Fax: +33 (0) 4 76 17 19 82

E-Mail: [info@medimark-europe.com](mailto:info@medimark-europe.com)



#### **Erklärung zu verschreibungspflichtigen Medizinprodukten**

Vorsicht. Nach US-Bundesgesetz ist der Verkauf dieses Geräts auf Ärzte oder auf Anweisung eines Arztes (oder eines entsprechend zugelassenen Praktikers) beschränkt.



## Informationen zur Benutzerhilfe

Bei Fragen zu Service oder Support wenden Sie sich bitte an die Kundendienst-Hotline Ihres Anbieters.

### **WARNUNG**

Installieren Sie keine Softwareanwendungen, die nicht direkt von Ihrem Workstation-Hersteller zugelassen sind. Gewährleistung und Unterstützung für das System werden nur im konfigurierten und gelieferten Zustand gewährt. Detaillierte Systemvoraussetzungen finden Sie in der Dokumentation des Herstellers.

Die Installation des Cedars-Sinai-Herzsoftwarepakets darf nur von einem autorisierten Service-Techniker oder Anwendungsspezialisten durchgeführt werden.

## Inhalt

Informationen zur Benutzerhilfe .....	4
1. Einleitung .....	8
1.1. Indikationen für den Gebrauch .....	8
1.2. Produktbeschreibung .....	8
1.3. Neue Funktionen .....	13
2017 .....	13
2015 .....	13
2013 .....	14
1.4. Konventionen des Handbuchs .....	15
1.5. Allgemeine Warnhinweise und Vorsichtsmaßnahmen .....	15
2. Setup-Anweisungen .....	16
3. Bedienungsanweisungen .....	17
3.1. CSImport .....	17
3.1.1. Ersteinrichtung .....	18
3.1.2. Starten einer Anwendung .....	19
3.1.3. Importieren von Daten .....	20
3.1.4. Importieren von Daten von einem lokalen Datenträger .....	20
3.1.5. Importieren von Daten von einem Remote-System .....	23
4. Quantitative SPECT/PET-Anwendungen - QGS (Funktion) + QPS (Perfusion) .....	31
4.1. Sprachauswahl .....	32
4.2. Dateiauswahl (anhand eines Patientenbeispiels) .....	32
4.3. Starten .....	32
4.4. Beurteilung der Bildqualität .....	34
4.5. Überprüfen der rotierenden Projektionsbilder .....	35
4.6. Bildauswertung .....	38
4.6.1. Gruppenauswertung .....	39
4.6.2. Prüfen der Konturen .....	39
4.7. Ändern der Konturen (Seite „Manual“ (Manuell) .....	41

4.8.	Überprüfen der getriggerten SPECT-Bilder auf der Seite „Slice“ (Schnitt) .....	43
4.9.	Überprüfen der getriggerten oder summierten (ungetriggerten) SPECT-Bilder auf der Seite „Splash“ .....	44
4.10.	Überprüfen der SPECT-Bilder auf der Seite „Surface“ (Oberfläche) .....	50
4.11.	Überprüfen der getriggerten SPECT-Bilder auf der Seite „Views“ (Ansichten) .....	52
4.12.	Gesamtüberblick: die Seite „QPS Results“ (QPS-Ergebnisse) .....	53
4.13.	Gesamtüberblick: die Seite „QGS Results“ (QGS-Ergebnisse) .....	55
4.13.1.	Beurteilung der Zeitvolumenkurve .....	56
4.13.2.	Beurteilung der Polardiagramme .....	57
4.13.3.	Pixel(Voxel)-Größe .....	58
4.14.	Phasenanalyse .....	58
4.15.	Kinetische Analyse - Koronare Flussreserve .....	59
4.16.	Quantifizierung des rechten Ventrikels (RV) .....	63
4.17.	Calcium Scoring .....	64
4.18.	Speichern Ihrer Ergebnisse .....	64
4.19.	Beenden .....	65
5.	Anwendung QBS (Quantitative Blood Pool - Quantitative Blutpool) .....	66
5.1.	Starten von QBS .....	67
5.2.	Überprüfen der rotierenden Projektionsbilder .....	68
5.3.	Bildauswertung .....	69
5.4.	Überprüfen der QBS-Konturen .....	69
5.5.	Ändern der Konturen (Seite „Manual“ (Manuell) .....	70
5.6.	Überprüfen der getriggerten SPECT-Blutpool-Bilder auf der Seite „Slice“ (Schnitt) .....	75
5.7.	Überprüfen der getriggerten SPECT-Blutpool-Bilder auf der Seite „Splash“ .....	76
5.8.	Überprüfen der getriggerten SPECT-Blutpool-Bilder auf der Seite „Surface“ (Oberfläche) .....	78
5.9.	Überprüfen der getriggerten SPECT-Blutpool-Bilder auf der Seite „Views“ (Ansichten) .....	79
5.10.	Gesamtüberblick: Die Seite „Results“ (Ergebnisse) .....	79
5.10.1.	Beurteilung der Zeitvolumenkurve .....	80

5.10.2.	Beurteilung der Polardiagramme.....	81
5.10.3.	Diastolische Funktion .....	82
5.11.	Phasenanalyse .....	83
5.12.	Muga page .....	84
5.12.1.	Pixelgröße.....	84
5.13.	Speichern Ihrer Ergebnisse .....	85
6.	Anwendung „AutoRecon“ (AutoRekon - Automatisierte Rekonstruktion).....	86
6.1.	Starten von AutoRecon .....	86
6.1.1.	Bedienelemente des oberen Fensterausschnitts .....	87
6.2.	Workflow .....	88
7.	Anwendung MoCo (Motion Correction - Bewegungskorrektur).....	92
7.1.	Ansichtsfenster-Display.....	93
7.2.	Farb-Bedienelement.....	94
7.3.	Datensatz-Auswahlhilfe .....	95
7.4.	Ansichtsfenster-Bedienelement.....	95
7.5.	MoCo-Bedienelement .....	95
8.	Fehlersuche.....	97
	Index.....	98

# **1. Einleitung**

## **1.1. Indikationen für den Gebrauch**

Die Anwendungsprogramme des Cedars-Sinai Medical Center (CSMC)-Herzsoftwarepakets dienen zur automatischen Darstellung, Begutachtung und Quantifizierung von medizinischen Aufnahmen und Datensätzen der nuklearmedizinischen Kardiologie. Das CSMC-Herzsoftwarepaket kann in verschiedenen Umgebungen eingesetzt werden, u.a. im Krankenhaus, in einer Klinik, Arztpraxis oder entfernt. Die gelieferten Ergebnisse sollten von qualifiziertem medizinischem Fachpersonal (z.B. Radiologen, Kardiologen oder allgemeinen Nuklearmedizinern), die im Gebrauch von medizinischen Bildgebungsgeräten geschult sind, überprüft werden.

## **1.2. Produktbeschreibung**

Das Cedars-Sinai-Herzsoftwarepaket ist eine unabhängige Softwarelösung für die Auswertung und Begutachtung von Herz-SPECT- und -PET-Aufnahmen. Zu den Mindestvoraussetzungen des Cedars-Sinai-Herzsoftwarepakets (ohne Viewer) zählen ein Computer mit mindestens 2 GB RAM, 200 MB Festplattenspeicher für die Softwareinstallation, eine Display-Auflösung von mindestens 1024x768 mit 16-Bit Farbe, ein Netzwerkadapter, eine Maus (oder andere Zeigevorrichtung; Touchpad, Rollkugel, etc.) und eines der unterstützten Betriebssysteme. Das CSMC-Herzsoftwarepaket wird auf kameraunabhängige rekonstruierte SPECT- und/oder PET- und Herz-CT-Angiogramm(CTA)-Bilddateien angewandt.

Das CSMC-Herzsoftwarepaket wird als umfassendes Anwendungspaket vermarktet, das die Anwendungsprogramme QGS+QPS (Quantitative Getriggerte SPECT + Quantitative Perfusions-SPECT) in einer Einzelanwendung (AutoQUANT) sowie CSImport-Anwendungen umfasst. Es ermöglicht die automatische Verarbeitung und Überprüfung von quantitativen und qualitativen Informationen, die von Nuklearmedizinischen Studien erzeugt werden. Käufliche Optionen umfassen Quantitative Blood Pool SPECT (QBS - Quantitative Blutpool-SPECT), QARG (für Berichtszwecke), Fusion (SPECT/CT/CTA und/oder PET/CT/CTA), AutoRecon (AutoRekon), Motion Correction (MOCO - Bewegungskorrektur) und QPET. QPET umfasst auch Viabilitätsquantifizierung und zwei weitere Datenbanken (Rubidium und Ammoniak) für die Verarbeitung von PET-Studien.

QGS+QPS ist eine Anwendung, die Quantitative Perfusion SPECT (QPS - Quantitative Perfusions-SPECT) und Quantitative Gated SPECT (QGS - Quantitative Getriggerte SPECT) zu einer gemeinsamen Anwendung kombiniert. Quantitative Perfusion SPECT (QPS - Quantitative Perfusions-SPECT) ist eine Anwendung, die für die Extraktion und Analyse von Daten des LV (linken Ventrikels) und RV (rechten Ventrikels) konzipiert ist.

QPS bietet ein Tool für die Überprüfung und Quantifizierung von SPECT- und PET-Herzperfusions-Datensätzen, um die Position, Ausrichtung und das anatomische Ausmaß des linken Herzventrikels zu bestimmen, 3D-Konturdiagramme des Herzens zu erstellen und das Herzvolumen zu berechnen.



Ärzte nutzen diese Informationen zur Beurteilung der anatomischen und physiologischen Funktion des Herzens und analysieren anhand von umfassenden Bildgebungsmodalitäten das Vorliegen von Myokarddefekten. Die Belastungs-/Ruhe-Registrierung ist eine direkte Methode für die Erkennung von Änderungen zwischen Belastungs- und Ruhebildern. Es ist ein praktischer und vollautomatisierter Algorithmus für die Quantifizierung von belastungsinduzierten Änderungen von gepaarten Belastungs- und Ruhescans und verwendet keine protokollspezifischen Datenbanken. Pronierte/supinierte Quantifizierung ermöglicht die Quantifizierung der Perfusion bei Aufnahmen in Bauchlage sowie die kombinierte Quantifizierung von in Bauchlage-/Rückenlage erfassten Datensätzen durch Anwendung heuristischer Regeln, die zur automatischen Eliminierung von Bildartefakten basierend auf den relativen Defektpositionen auf Bauch-/Rückenlagenaufnahmen dienen. Der Formindex-Parameter definiert die von den LV-Konturen in den Endsystole- und Enddiastole-Phasen abgeleitete linksventrikuläre (LV) 3D-Geometrie. QPS umfasst einen Algorithmus für die Quantifizierung der Myokardperfusion anhand der Normalwerte, die aus Studien an Normalpatienten mit geringer Wahrscheinlichkeit stammen. Der Algorithmus wurde an einer großen Gruppe von Patienten validiert und zeigte eine äquivalente diagnostische Leistung trotz der Verwendung vereinfachter Normalwerte. Die folgenden Datenbanken werden bereitgestellt (für männliche und weibliche Patienten): Prone Stress MIBI, Rest MIBI, Rest MIBI AC (schwächungskorrigiert), Rest Thallium, Stress MIBI, Stress MIBI AC, Stress Thallium. Zu den wahlweise angebotenen Normalwert-Datenbanken zählen Rubidium für PET, Ammoniak für PET. QPS bietet Benutzern die Möglichkeit, generierte Normalwertdateien anhand einer vereinfachten Methode zu erstellen. QPS umfasst auch eine Variable, Total Perfusion Deficit (TPD - Gesamtperfusionsdefizit), die die Werte für Defektausmaß und Schweregrad kombiniert. Die neue Qualitätskontrolle (QC) erkennt automatisch quantitative Segmentierungsfehler. Im Falle eines Fehlers wird ein anderer Algorithmus angewandt. Quantitative Gated SPECT (QGS - Quantitative Getriggerte SPECT) ist eine Anwendung, die für die Extraktion und Analyse von Daten des LV (linken Ventrikels) und RV (rechten Ventrikels) konzipiert ist. QGS bietet ein Tool für die Überprüfung und Quantifizierung von SPECT- und PET-Herzfunktions-Datensätzen, um die Position, Ausrichtung und das anatomische Ausmaß des linken Herzventrikels zu bestimmen, 3D-Konturdiagramme des Herzens zu erstellen und das Herzvolumen (für die linksventrikuläre Wand) zu berechnen. Ärzte nutzen diese Informationen zur Beurteilung der anatomischen und physiologischen Funktion des Herzens und analysieren anhand von umfassenden Bildgebungsmodalitäten das Vorliegen von Myokarddefekten. Eine auf der Seite QGS neu enthaltene Phase-Seite bietet Zugang zu Phaseninformationen für getriggerte Datensätze. Es wurde ein neues Verfahren zur Erstellung von „bewegungsstarren“ Herz-Perfusions- oder -Viabilitätsbildern hinzugefügt, bei dem EKG-getriggerte Bilder auf die enddiastolische Position verwunden werden. Solche „bewegungsstarren“ Perfusions- und -Viabilitätsbilder haben die Auflösung und den Kontrast durch Entfernung des durch Herzbewegung verursachten Verschwommenheitseffekts verbessert. Die neue Qualitätskontrolle (QC) erkennt automatisch quantitative Segmentierungsfehler. Im Falle eines Fehlers wird ein anderer Algorithmus angewandt. QGS+QPS kann auch TID (Transient Ischemic Dilation - Transiente ischämische Dilatation) und LHR (Lungen-/Herzquotient) erstellen und anzeigen. Es wurde ein neuer

Gruppenauswertungsalgorithmus hinzugefügt, der für alle verfügbaren Datensätze die simultane Lösung der linksventrikulären Geometrie erlaubt. Er ermöglicht Algorithmen in Bereichen, in denen sich die Struktur für ein oder mehrere Datensätze nicht definitiv bestimmen lässt, Entscheidungen zu treffen, aufgrund welcher alle verfügbaren Informationen genutzt und keine willkürlichen Inkonsistenzen zwischen Studien eingeführt werden.

Quantitative Blood Pool SPECT (QBS - Quantitative Blutpool-SPECT) ist eine optionale Anwendung. QBS ist eine interaktive unabhängige Softwareanwendung für die automatische Segmentierung und Quantifizierung von getriggertem Kurzachsen-Blutpool-SPECT (rote Blutzellen, Erythrozyten). Die Anwendung dient zur automatischen Erstellung von links- und rechtsventrikulären Endokardoberflächen und Ventilebenen von dreidimensionalen (3D) getriggerten Kurzachsen-Blutpool-Bildern; zur automatischen Berechnung von links- und rechtsventrikulären Volumina und Ejektionsfraktionen; zur Berechnung und Darstellung von Polardiagrammen, die die Wandbewegung und parametrischen Werte (FFH-Amplitude und -Phase) wiedergeben; zur zweidimensionalen (2D) Bilddarstellung anhand der Herz-SPECT-Konventionen des American College of Cardiology (ACC); und zur 3D-Bilddarstellung. Sie bietet außerdem die folgenden Funktionen: Möglichkeit, die aus den Daten extrahierten Isooberflächen mit den berechneten endokardialen Oberflächen auf verschiedene Arten zu kombinieren (endokardiale Ränder als Drahtgittermodell, schattierte Oberflächen, beides oder parametrisch dargestellt); Möglichkeit, parametrische Werte aufzuzeichnen (First Fourier Harmonic(FFH)-Amplitude und -Phase) auf den Oberflächen; Möglichkeit, parametrische Bilder (FFH-Amplitude und -Phase) für getriggert planare, getriggerte Rohprojektionen und getriggerte Kurzachsenbilder darzustellen; Möglichkeit, Cine-Schleifen der ursprünglichen Bilder darzustellen; Möglichkeit, impulsbasierte quantitative Werte anhand der automatisch und semiautomatisch berechneten Oberflächen als ROIs und vom Benutzer wählbare Schwellenwerte zu erzeugen; Möglichkeit, Phasenhistogramme für FFH-Phasenbilder zu erzeugen und darzustellen und die mittlere und Standardabweichung der Peaks entsprechend den Vorhof- und Ventrikel-Voxeln darzustellen. Nach der ventrikulären Segmentierung wird außerdem ein Phasenhistogramm für jeden Ventrikel berechnet und angezeigt; und es besteht die Möglichkeit, normierte Bilder für alle getriggerten Bilder anzuzeigen (d.h. Bilder, die keinen Impulsabfall aufgrund von Arrhythmie aufweisen). Darüber hinaus unterstützt QBS die manuelle Identifikation der linksventrikulären (LV)-ROI, um sie in Fällen, in denen der automatische Algorithmus fehlschlägt oder unzureichende Ergebnisse liefert, vom rechten Ventrikel (RV) zu unterscheiden; Möglichkeit, Füllraten aus interpolierten Zeit-Volumenkurven zu erstellen; und die Möglichkeit, Oberflächen zu drehen, zu vergrößern und im Cine-Modus anzuzeigen.

Ein nuklearmedizinisches Bildfusionspaket ist sowohl für SPECT/CT- als auch PET/CT-Hybridanwendungen als QGS+QPS-Option erhältlich. Die Fusionsoption umfasst eine Seite für die Darstellung von segmentierten und markierten Koronargefäßen mit PET 3D-Daten.

Zu den Funktionen zählen u.a. orthogonale Ebenen mit Alpha-Mischung, Gleitfenster und synchronisierter Cursor. Benutzer können damit eine Qualitätskontrolle der SPECT/CT/CTA- oder

PET/CT/CTA-Ausrichtung durchführen und haben allgemeine Multimodalitäts-Fusionsfunktionen. Diese Funktion bietet die Anzeige von Fusionsbildern in einem visuellen Format. Für die PET-Analyse ist außerdem die Funktion „Hibernating Myocardium Assessment“ zur Beurteilung des ruhenden Myokards (Fehlübereinstimmung und Viabilität) inbegriffen; dieses Modul erlaubt die quantitative Beurteilung des „ruhenden Myokards“ durch Quantifizierung der Änderungen zwischen PET-Perfusions- und -Viabilitätsbildern im unterperfundierten Bereich. Narben- und Fehlübereinstimmungsparameter werden als Prozentsatz des linken Ventrikels berichtet und in Polarkoordinaten oder als ein 3D-Oberflächen-Display angezeigt. Es wurde ein neuer Registrierungsalgorithmus hinzugefügt, der SPECT/PET automatisch mit den CTA/CT-Datensätzen registriert.

Quantitative PET (QPET) ist ein optionales Modul, das die automatische Segmentierung, Quantifizierung und Analyse von statischen und getriggerten Myokard-Perfusions-PET-Daten hinzufügt, wobei sowohl Kurzachsen- als auch transversale Datensätze unterstützt werden. Das QPET-Modul umfasst dynamische PET-Funktionen, wie z.B. die Berechnung des absoluten Blutflusses im Myokard.

CSImport ist eine Anwendung, die für den Import von Datensätzen aus einer Reihe von Quellen, deren Speicherung in einer lokalen Bilddatenbank und das Starten einer beliebigen Anzahl von Anwendungen, die diese Daten für ihre Auswertungszwecke verwendet, konzipiert ist. CSI bietet außerdem eine Vielzahl von Datenmanagementtools und umfasst einen DICOM Store Service Class Provider (SCP)-Service, der DICOM-konformen Systemen zu Auswertungs- und Begutachtungszwecken das Verschieben von Bildern auf Ihren PC ermöglicht.

AutoRecon (AutoRekon) ist eine aus einem Schritt bestehende Anwendung zur automatischen Rekonstruktion und Neuausrichtung von tomographischen Rohdaten (Rohprojektionen) mit Konzentration auf Herzbildern. Die Anwendung bietet eine Auswahl an Filterungs- und Rekonstruktionsoptionen (u.a. iterative Rekonstruktion) und automatische Neuausrichtung (>95%). AutoRecon bietet mehrere automatische Auswertemodule für Einzelphotonen-Emissions-Computertomographie (SPECT)-Studien. Obwohl es hauptsächlich für Herzdaten konzipiert ist, können viele seiner Funktionen auf andere Arten von SPECT-Studien angewandt werden. AutoRecon bietet die automatische Neuausrichtung von dreidimensionalen, transaxialen SPECT-Myokardperfusionsbildern. AutoRecon umfasst vier Module: Rekonstruktion, Neuausrichtung, Bewegungskorrektur und Filterung. Jedes Modul verfügt über zugehörige Seiten, auf denen je nach Design-Zweck der jeweiligen Seite die zur Durchführung einer bestimmten Aufgabe notwendigen Daten und Bedienelemente dargestellt werden. Das Programm kann interaktiv an einem oder mehreren Datensätzen bzw. zur Auswertung von Daten ohne weitere Benutzerintervention im Batch-Modus angewandt werden. Falls übereinstimmende Ruhe- und Belastungsdatensätze bereitgestellt werden, läuft AutoRecon automatisch im Doppelmodus ab.

MoCo (Motion Correction - Bewegungskorrektur) ist eine optionale Anwendung für die automatische und manuelle Korrektur von Bewegungsartefakten bei der SPECT-Akquisition. Musterübereinstimmungs- und Segmentierungsalgorithmen werden in Kombination verwendet, um die Bewegungsfehlerrate über den Satz der erfassten Projektionen zu minimieren; die resultierenden bewegungskorrigierten Projektionen werden dem Bediener dann zur Validierung oder Modifizierung präsentiert.

ARG/QARG (Cedars-Sinai-Berichterstellung) ist ein Tool, das umfassende kardiologische Berichte für die Nuklearmedizin erstellt. QARG umfasst Dienstprogramme für Datenerfassung, Prüfmechanismen für Datenkonsequenz, Berichterstellung, Suchprogramme und mehrere administrative Tools. Während des Datenerfassungsprozesses werden Benutzer automatisch aufgefordert, potenzielle Inkonsistenzen zu lösen. Wenn die Datenakquisition beendet ist, werden die Berichte erstellt. Berichte enthalten nicht nur abgeleitete Werte, sondern geben klare Sätze aus, die für das Senden an den überweisenden Arzt vorgesehen sind. QARG legt die Daten aller 3 Quellen zusammen, um einen umfassenden Gesamtbericht zu erstellen.

CSView (Cedars-Sinai Viewer) ist ein allgemeines Bildbetrachtungsprogramm für medizinische Anwendungen mit Schwerpunkt auf planaren Nuklearmedizin (NM)-Studien. CSView enthält anpassbare Display-Layouts, Bedienelemente zur Bildbearbeitung; Helligkeits-/Kontrasteinstellungen, Farbskalen, Zoomen und Verschieben, Drehen und Kippen. CSView enthält auch ein Tool für die Analyse von Homogenitätskalibrierungen.

Die gelieferten Ergebnisse sollten von qualifiziertem medizinischem Fachpersonal (z. B. Radiologen, Kardiologen oder allgemeinen Nuklearmedizinern), die im Gebrauch von medizinischen Bildgebungsgeräten geschult sind, überprüft werden.

### 1.3. Neue Funktionen

Diese Version des CSMC-Herzsoftwarepakets umfasst viele neue Funktionen. Hier einige der wichtigsten.

#### 2017

- QGS+QPS, QPET, QBS
  - Quantifizierung von **Koronarkalzifizierungs-Scores**.
  - **SPECT CFR/MBF**-Quantifizierung.
  - **Bewegungskorrektur für dynamische PET/SPECT-Datensätze**, die bei der CFR/MBF-Quantifizierung verwendet werden.
  - Quantifizierung **planarer Bloodpool (Muga)**-Scans.
  - **Iterativer 3D-Algorithmus** für die Auswertung impulsreduzierter Bilder.
  - **Rohdaten-Projektionen (MIPS)** für PET.
  - **LV-Impulszahl**, anhand der Myokardkontur berechnet.
  - **Aktualisierte Splash-Seite**.
- Cedars-Bericht
  - **Vereinfachtes Berichterstattungstool** zur Erstellung konformer und strukturierter Berichte.

#### 2015

- QGS+QPS, QPET, QBS
  - Die Quantifizierungsfunktion **Right Ventricle (RV) (Rechter Ventrikel)** für getriggerte Datensätze ist jetzt in QGS+QPS verfügbar.
  - Auf der neuen Seite **'Quality' (Qualität)** für QGS+QPS und QBS können Benutzer die Integrität von Rohdatensätzen einfach überprüfen und jegliche Akquisitionsfehler mühelos feststellen.
  - Der neue **Smart Defect Editor (Intelligenter Defekt-Editor)** für QGS+QPS bietet Benutzern die Möglichkeit, Defekte auf den Polardiagrammen der Perfusion zu bearbeiten.
  - Die neue Funktion **Fast Dataset Selector (Schnelle Datenwahlhilfe)** für QGS+QPS ermöglicht Benutzern das einfache Umschalten zwischen verschiedenen Datensatzkombinationen und -layouts.
  - Der neue **Color Scale Manager (Farbskala-Manager)** für QGS+QPS, QPET und QBS bietet Benutzern die Möglichkeit, Farbskalapaletten-Dateien zu importieren/exportieren.
  - Der **Phasenanalyse**-Algorithmus wurde für QGS+QPS modifiziert, um basale Impulsabweichungen, die der tatsächlichen Myokardverdickung nicht entsprechen, jedoch statt dessen durch Bewegung der Herzklappenebene zwischen Diastole und Systole verursacht werden, auszuschließen.
  - Option **Group processing / Reproducibility** (Gruppenauswertung/Reproduzierbarkeit) für QGS+QPS und QPET, die für alle verfügbaren Datensätze die simultane Lösung der linksventrikulären Geometrie erlaubt.

- QARG
  - **HL7-Unterstützung** für strukturierte Datensätze, die mit dem Automated Report Generator, ARG (Automatische Berichterstellung) erzeugt wurden.
  - **Advanced Distribution Server (Intelligenter Berichtverteilungsserver)** bietet mehrere Möglichkeiten für die Verteilung von fertigen Berichten.
  - **MIBG**-Berichterstellung wird nun unterstützt.

## 2013

- CSImport wurde vollständig überarbeitet und bietet eine verbesserte Benutzeroberfläche und höhere Leistung. Zu einigen der neuen Funktionen zählen u.a.:
  - Unterstützung für SQL-Datenbank-Backend.
  - Auf den Benutzer und Standort fixierte Zugriffskontrolle, ähnlich wie QARG.
  - Benutzerspezifische Optionen für die private oder öffentliche Speicherung von Daten.
  - Optimiertes Task-Managementsystem.
  - Management-Dienstprogramm für gelöschte Elemente zur Wiederherstellung gelöschter Elemente.
  - Optimierte Anmeldung für Vorgänge wie Importieren, Ersetzen, Löschen usw.
  - Optionen für die Abstimmung oder Verknüpfung von Studien.
  - Erweiterte Filterungsoptionen, die Optionen wie Patientenpositionierung (Bauchlage/Rückenlage/...), Triggerung (statisch/getriggert/dynamisch), Patientenzustand (Ruhe/Belastung/...) usw. umfassen.
- QARG umfasst eine wesentliche Anzahl von Verbesserungen und neuen Funktionen. Zu einigen der neuen Funktionen zählen u.a.:
  - Unterstützung für Blutpool-Studien (umfasst integrierte Unterstützung für QBS), Pyrophosphat- und CTA-Studien.
  - Intelligente Engine für bestimmungsgemäße Verwendungskriterien basierend auf den ASNC-Richtlinien.
  - Automatisierte Optionen für die Erstellung detaillierter administrativer Berichte.
  - Intelligente Berichtverteilungs-Engine.
  - Vereinfachte Benutzeroberfläche und Berichtsvorlagen.
  - Standard, IAC (ehemals ICANL)-konform, 1-seitige Berichtsvorlagen.
  - Unterstützung für das Öffnen mehrerer Studien oder Berichte.
- Mehrfach-Monitor-Display-Modus (unbegrenzt) für QGS+QPS und QBS.

## 1.4. Konventionen des Handbuchs

Im gesamten Handbuch werden die folgenden typographischen Konventionen befolgt:

- **Benutzeroberflächen(UI)-Elemente** (Menübefehle, Schaltflächen, etc...) werden in **diesem Schriftstil** (fette, hellfarbige Serif-Schrift) abgebildet.  
Die Pfade zu den Menübefehlen und Unterelementen werden abgekürzt mit **Menü > Element** oder **Menü > Untermenü > Element**.  
Entsprechend wird auf eine **Registerkarte** eines Dialogfelds, die durch Auswahl einer Menüoption **Option** geöffnet wird, u.U. mit **Menü > Option > Registerkarte** verwiesen.
- **Benutzereingaben**, u.a. Einzeltasten wie Tastaturkürzel werden mit **diesem Stil** (fette, hellfarbige serifenlose Schrift) abgebildet.
- **In Konfigurationsdateien enthaltene(r) Code oder Informationen** wird/werden mit **diesem Stil** (fette, farbige Schrift mit fixer Breite) abgebildet.
- **Andere Elemente von Interesse**, wie z.B. Verweise auf andere Abschnitte werden mit **diesem Stil** (fette, kursive, farbige serifenlose Schrift) abgebildet.

Die folgenden Symbole dienen auch dazu, Aufmerksamkeit auf bestimmte Informationen zu lenken:



**Informationen.** Der Hinweis beschreibt etwas, das sich auf das Verhalten der Anwendung auswirken kann, wobei damit jedoch kein Risiko verbunden ist.



**Vorsicht.** Lesen Sie diese Informationen sorgfältig durch. Missbrauch einer Funktion kann unerwünschte Folgen haben und eventuell zu Datenverlust führen.

## 1.5. Allgemeine Warnhinweise und Vorsichtsmaßnahmen



Die Software ist zur Verwaltung und Analyse von Daten konzipiert, die vertrauliche Patientendaten enthalten. Erfüllen Sie alle HIPAA-Standards in Bezug auf den Schutz aller Patientendaten und gewähren Sie nur autorisierten Benutzern Zugang. Es wird empfohlen, einen Kennwortschutz einzurichten, wo dies im Programm oder auf dem Gerät mit der installierten Software angeboten wird.



Das Programm ist für die automatische Datenverarbeitung und die Erzeugung von Quantifizierungsergebnissen konzipiert, es bietet keine unabhängige Diagnosestellung. Die Ergebnisse müssen von einem qualifizierten Arzt beurteilt werden.

Obwohl alles unternommen wurde, die Genauigkeit der Informationen in diesem Handbuch sicherzustellen, werden Sie gelegentlich leichte Unterschiede zwischen den Abbildungen und der tatsächlichen Software feststellen.

## 2. Setup-Anweisungen

In diesem Abschnitt werden die Installationsanweisungen zusammengefasst und es wird vorausgesetzt, dass Sie mit den verschiedenen Konzepten, wie z.B. der Anwendung einer CD und der Installation von Programmen vertraut sind. Zwecks genauerer Anweisungen (inkl. Bildschirmaufnahmen) lesen Sie den Abschnitt „Installation“ im CSI-Referenzhandbuch.

Sie benötigen Folgendes:

- Einen Computer, der eines der von Microsoft Windows unterstützten Betriebssysteme oder Macintosh OS X ausführt.
- Die Installations-CD-ROM oder -Datei (falls die Software elektronisch bezogen wurde).

Gehen Sie wie folgt vor:

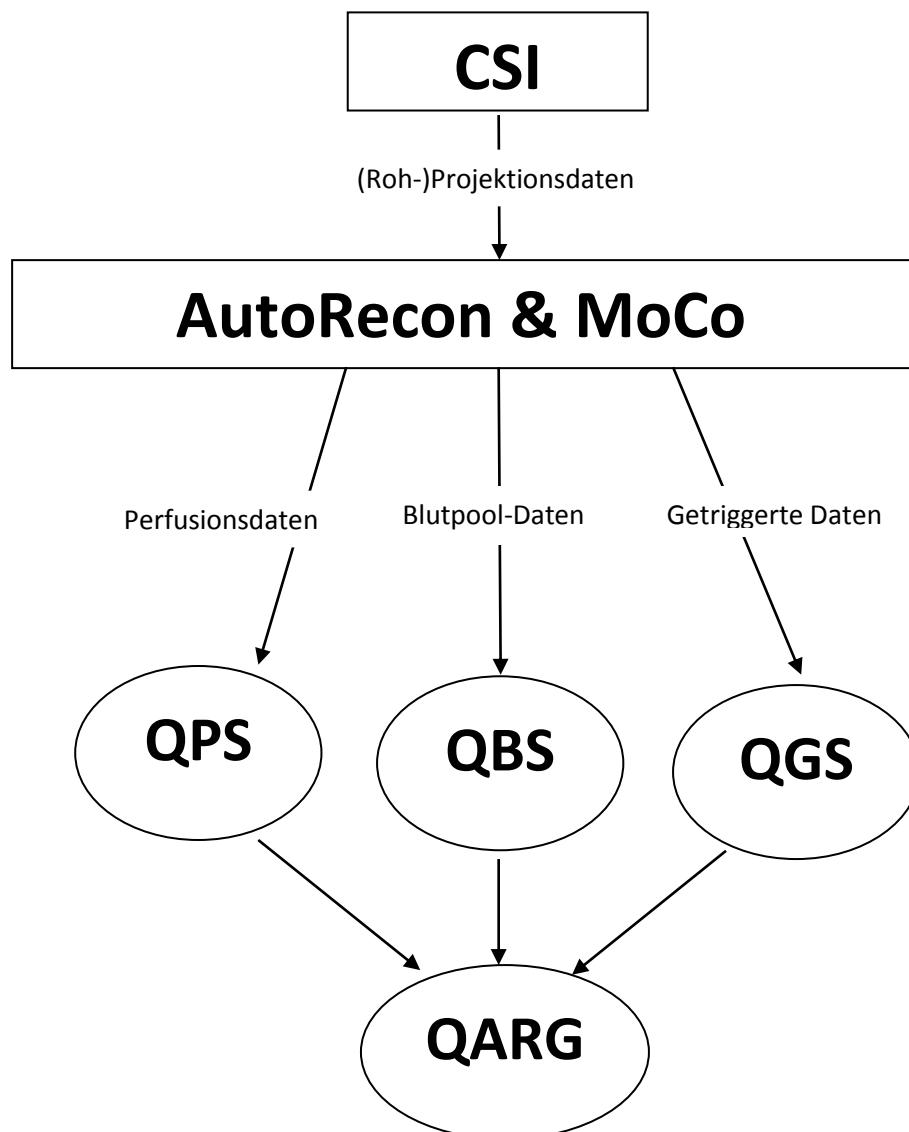
1. Melden Sie sich beim System mit „Administrator“-Berechtigungen an.
2. Legen Sie die CD-ROM ein oder doppelklicken Sie auf **CSMC\_Setup.exe**.
3. Warten Sie darauf, dass die Autoplay-Anwendung startet.
4. Wenn das Setup-Programm startet, gehen Sie alle Schritte durch, indem Sie die Standardwerte annehmen oder die Kästchen für bestimmte erworbene Softwareoptionen markieren.
5. Wenn Sie über Administratorberechtigungen verfügen, wird das Setup-Programm automatisch die notwendigen Registrierungsschlüssel aktualisieren.
6. Wenn das Setup-Programm abgeschlossen ist, starten Sie den Computer bei Bedarf neu (wie vom Setup-Programm vorgeschlagen).
7. Doppelklicken Sie auf Ihrem Desktop auf das Schnellzugriffssymbol "CSImport".
8. Senden Sie Ihrem CSMC-Kundendienstvertreter die Systemkennung, um einen Lizenz-Registrierungsschlüssel zu erhalten.
9. Geben Sie den Registrierungsschlüssel im Dialogfeld für die Lizenzierung ein.
10. Fertig! Der Daten-Browser CSI startet nun und bringt Sie zum Browser-Bildschirm mit den Hauptdaten.



### 3. Bedienungsanweisungen

#### 3.1. CSImport

Cedars-Sinai Import (CSI) ist in erster Linie ein Bild-Datenbank-Frontend, das auch häufig für das Starten externer Anwendungen verwendet wird. Es ist dafür konzipiert, dem Benutzer das Abrufen von Datensätzen von einer Reihe von Quellen wie Philips Pegasys-, Jet Stream- und EBW-Workstations, FTP-Servern und DICOM Query/Retrieve-Servern zu ermöglichen. CSI bietet außerdem eine Vielzahl von Datenmanagementtools und umfasst einen DICOM Store Service Class Provider (SCP)-Service, der DICOM-konformen Systemen zu Auswertungs- und Überprüfungszwecken das Verschieben von Bildern auf Ihren PC ermöglicht. Die Details der DICOM-Interaktion finden Sie in der DICOM-Konformitätserklärung.



### 3.1.1. Ersteinrichtung

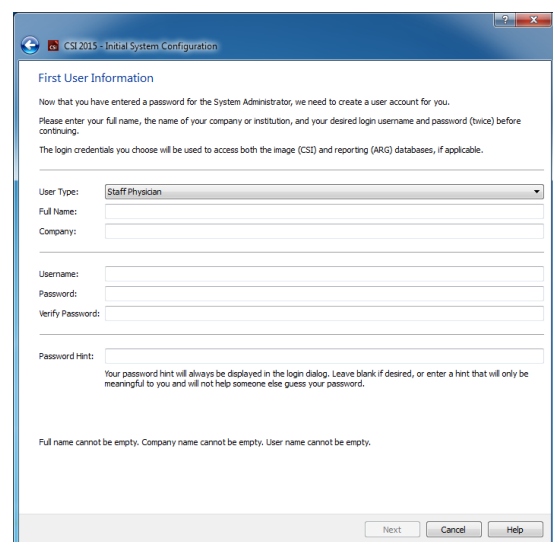
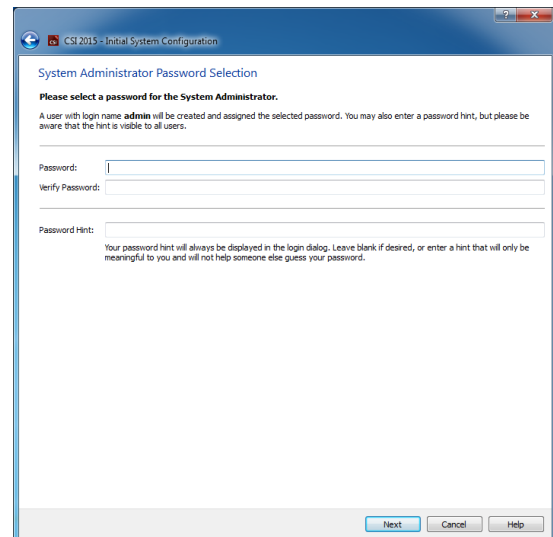
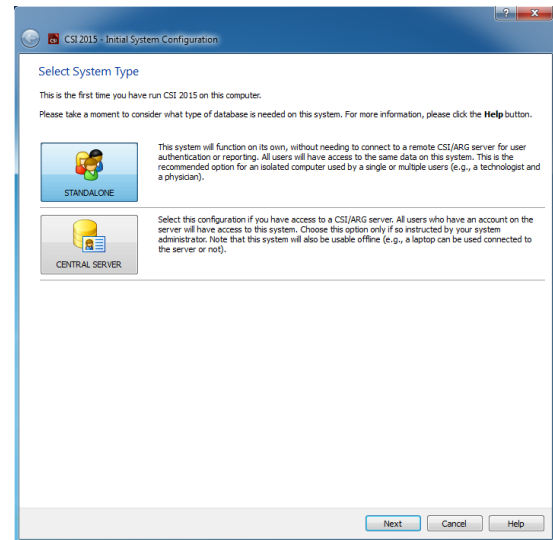
CSImport steuert den Datenzugang mit Benutzer-Anmeldedaten. Die Bilddatenbank kann als Standalone- oder Zentralserver eingerichtet werden. Wenn CSI zum ersten Mal ausgeführt wird, bietet es die Möglichkeit, den gewünschten Systemtyp auszuwählen.

**STANDALONE** ist die Standardauswahl, es sei denn mehrere Computer führen dieselbe Version von CSImport aus und Sie möchten eine Verbindung zu einer auf SQL-Server basierenden CSImport/ARG

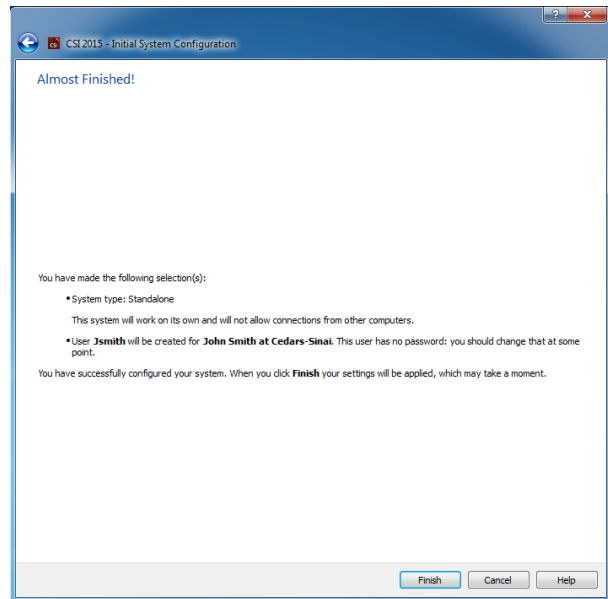
Datenbank herstellen.

Sobald die Datenbankauswahl **STANDALONE** oder **CENTRAL SERVER (ZENTRALSERVER)** erfolgt ist, besteht der nächste Schritt im Einrichten des Benutzerkontos des Systemadministrators. Der Benutzername für die Anmeldung beim Administratorkonto lautet *admin*. Geben Sie die Kennwortdaten in diesem Dialogfeld ein und klicken Sie auf **Next (Weiter)**.

Der letzte Schritt besteht in der Einrichtung der Daten des Erstbenutzers. Wählen Sie den gewünschten Benutzertyp und geben Sie die entsprechenden Daten in dieses Dialogfeld ein. Klicken Sie dann auf **Next (Weiter)**.



Eine Bestätigungsmeldung am Ende gibt an, dass der Prozess der Ersteinrichtung abgeschlossen ist. Überprüfen Sie die Daten auf Genauigkeit und klicken Sie auf **Finish (Beenden)**. Um an beliebigen Daten Änderungen vorzunehmen, klicken Sie auf den Zurück-Pfeil links oben im Bestätigungsdialogfeld.

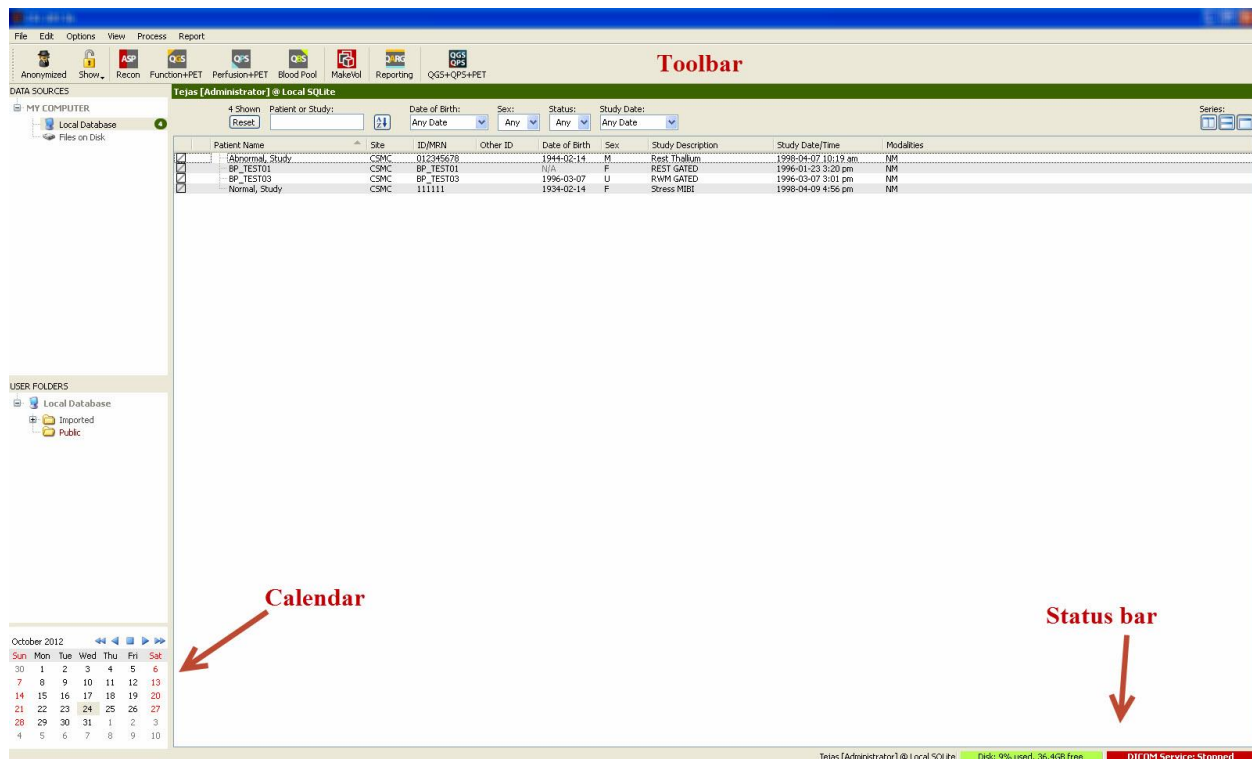


### 3.1.2. Starten einer Anwendung

Sie können einen oder mehrere Ordner auswählen, die die DICOM-Serie, Studien oder Patienten oder jede andere Art von Datenorganisation repräsentieren (z.B. einen Ordner, der Studien für mehrere Patienten enthält, die an derselben Pathologie leiden), und Sie können die Anwendung mit allen in den gewählten Ordnern enthaltenen Datensätzen starten, indem Sie auf die Symbolleistenschaltfläche für diese Anwendung klicken (z.B. QGS+QPS, QBS, Arecon, etc).

Beachten Sie, dass das Starten einer Anwendung Sie nicht daran hindert, zum Datenbrowser zurückzugehen und eine weitere Anwendung zu starten, entweder für dieselben Daten oder eine andere Auswahl.

Die Datenauswahl erfolgt nach denselben Konventionen wie im Windows Explorer: ein Element wird durch Anklicken ausgewählt, durch Anklicken eines weiteren Elements wird dieses gewählt anstatt das vorherige, und Tasten wie Umschalt und Strg können in Verbindung mit Mausklicks gedrückt werden, um die Auswahl jeweils zu erweitern oder zu ändern.



### 3.1.3. Importieren von Daten

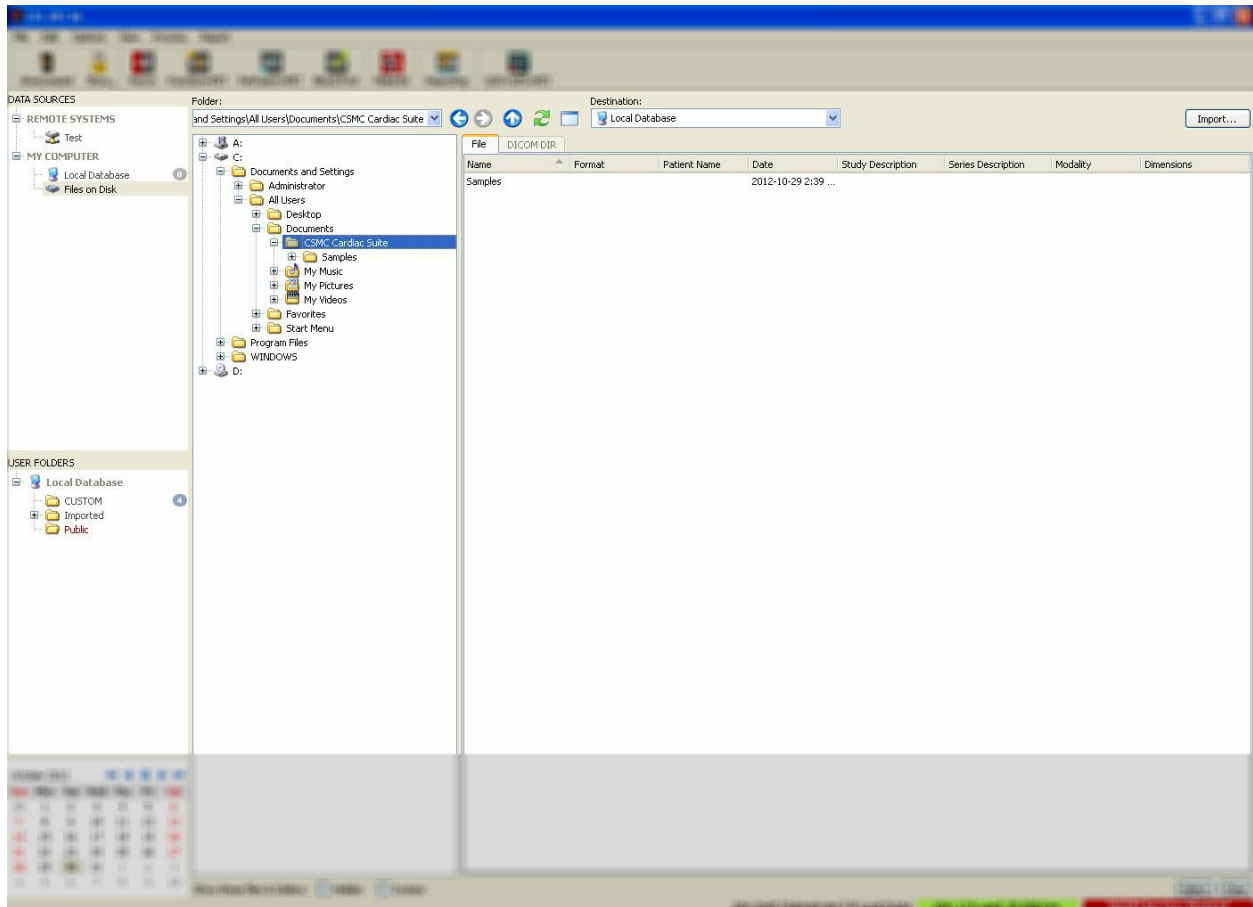
Je nach Speicherort der Daten gibt es mehrere Optionen für das Importieren von Bildern. Zum Zweck dieses Beispiels gehen wir einmal davon aus, dass sich die Daten auf einer örtlich zugänglichen Festplatte (d.h. einer lokalen Festplatte, einem von einem anderen Computer zugeordneten Laufwerk, einer CD oder DVD, einem tragbaren USB-Laufwerk usw.) befinden.

### 3.1.4. Importieren von Daten von einem lokalen Datenträger

Diese Option sollte zum Importieren von Daten verwendet werden, die sich auf einem Datenträger befinden, auf den über das Dateisystem des Computers zugegriffen wird. Hierzu zählen u.a. Daten auf:

- Festplatten;
- CDs oder DVDs;
- USB-Sticks;
- Remote-Datenträger, auf die durch Zuordnung eines Laufwerksbuchstabens zu einem Remote-Ordner zugegriffen wird.

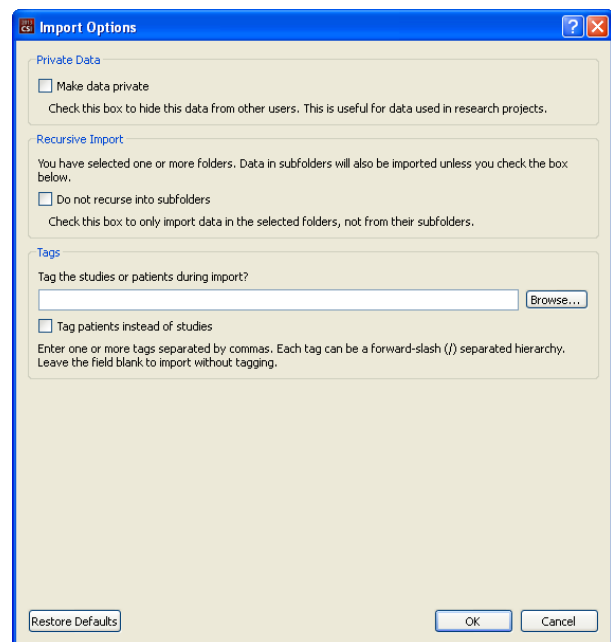
Die nachstehende Abbildung zeigt ein typisches Display, wenn ein Ordner geöffnet und sein Inhalt angezeigt wird. Die Dateien einer lokalen Festplatte können durch Klicken auf **Files on Disk** (Dateien auf Festplatte) im Abschnitt „Data Sources“ (Datenquellen) durchsucht werden, und man kann über eine dem Windows Explorer ähnliche Anzeige zum Speicherort der Dateien navigieren.



Beachten Sie links das Feld zur Ordnerauswahl (es kann auch ein Pfad direkt in das Textfeld oben eingegeben werden). Rechts werden die als Bilder erkannten Dateien angezeigt. Für jede Datei werden genügend Informationen angezeigt, um die Auswahl des(r) entsprechenden Bildes(Bilder) zu ermöglichen.

Es gibt zwei Verfahren zum Importieren von Dateien: durch Auswahl von einzelnen Dateien oder Importieren der gesamten Ordner.

Um gewählte Dateien zu importieren, klicken, klicken-ziehen oder Strg-klicken Sie (auf) Dateien. Wählen Sie die entsprechenden Importoptionen und klicken Sie dann auf **Import (Importieren)**.



Nach Abschließen des Importverfahrens navigieren Sie zum Importieren von mehr Dateien entweder zu einem anderen Ordner oder klicken Sie unter „Data Sources“ (Datenquellen) auf eine lokale Datenbankoption, um zur Ausgangsansicht zurückzukehren.

Um gesamte Ordner zu importieren, wählen Sie den Ordner und klicken Sie auf „import“ (Importieren). Falls **Do not recurse into sub-folders (Keine Rekursion in Unterordner)** im Dialogfeld „Import Options“ (Importoptionen) markiert ist, werden nur die Dateien in den gewählten Ordnern importiert. Ist es nicht markiert und die gewählten Ordner enthalten Unterordner, werden alle Datensätze in sämtlichen Unterordnern ebenfalls importiert.

Die folgenden Importoptionen stehen zur Verfügung:

Make data private (Daten privat machen) – diese Option kann markiert werden, um die importierten Daten vor anderen Benutzern zu verbergen.

Recursive Import (Rekursiver Import) – diese Option kann markiert werden, wenn nur Daten in den gewählten Ordnern, nicht die aus ihren Unterordnern, importiert werden sollen.

Tags – Optionen zum Hinzufügen von benutzerspezifischen Tags zu den importierten Daten auf Patienten- oder Studienebene.

### 3.1.5. Importieren von Daten von einem Remote-System

Die vier Arten von unterstützten Remote-Systemen sind:

- Philips (ADAC) Pegasys
- Philips (Marconi) Odyssey
- FTP-Server
- DICOM Query/Retrieve-Server/Store Server

#### Erstellen von Remote-Systemkonfigurationen

Jedes Remote-System muss in CSI konfiguriert werden, bevor es zum Importieren/Exportieren von Daten kontaktiert werden kann. DICOM Q/R-Server benötigen häufig auch eine serverseitige Konfiguration. Dies muss in der Regel (für Bildarchivierungs- und -kommunikationssysteme (PACS)) vom PACS-Administrator oder (für nicht-PACS-Bildgebungsworkstations wie Akquisitionssysteme) vom technischen Kundendienstpersonal durchgeführt werden.

Der Beginn des Verfahrens zur Erstellung einer neuen Konfiguration für ein Remote-System ist bei allen Systemtypen derselbe:

- Wählen Sie **Options > Manage Remote Systems... (Optionen > Remote-Systeme verwalten...)**
- Klicken Sie im Fenster „Remote Computer Systems“ (Remote-Computersysteme) auf **Add... (Hinzufügen...)**

Der nächste Schritt ist das Einrichten grundlegender Informationen für das System im Fenster „Remote Computer Systems“ (Remote-Computersysteme):

- Wählen Sie den „Remote Computer Type“ (Remote-Computertyp)
- Geben Sie einen „Display Name“ (Display-Namen) ein, der im gesamten Programm zur Identifizierung des Systems verwendet wird
- Geben Sie die IP-Adresse des Remote-Systems ein. Es empfiehlt sich, IP-Adressen anstatt Namen zu verwenden, es sei denn, die Adresse des Remote-Systems ändert sich wahrscheinlich aufgrund von dynamischer Adressenzuweisung



Identification

Remote Computer Type: **Philips / Adac Pegasys**

Display Name:  (for display purposes, must be unique)

Host Address:  (DNS name or IP address)

Wenn der Remote-Computertyp einmal festgelegt worden ist, wird der untere Bereich des Dialogfeldes aktualisiert und zeigt die jeweils von diesem Systemtyp geforderten Parameter an.

Allgemein gilt:

- Für Pegasys-Systeme sind keine Änderungen erforderlich;

Field	Value
Login	Credentials for system login
Username	pegasys
Use password?	<input type="checkbox"/>
Password	[Double-click to edit]
Password (verify)	[Double-click to edit]
Port	23
FTP	Credentials for data transfers
Username	rt11
Password	[Double-click to edit]
Password (verify)	[Double-click to edit]
Port	21

This is the network port used to make an FTP connection to this system.  
The default value is 21.

- Für Odyssey-Systeme müssen nur die Datenverzeichnisse aktualisiert werden (in der Regel eines oder mehrere der Form „/imgX“, wobei „X“ eine Zahl ist);

Field	Value
Login	Credentials for system login
Username	prism
Use password?	<input type="checkbox"/>
Password	[Double-click to edit]
Password (verify)	[Double-click to edit]
Port	23
FTP	Credentials for data transfers
Username	pcsnnet
Password	[Double-click to edit]
Password (verify)	[Double-click to edit]
Port	21
Data Directories	/img0

A single directory where data is located, such as  
/img0  
or a list of comma-separated directories such as  
/img0, /img3 (spaces are OK as well)  
Do not include the data directories of removable drives!

- Für FTP-Server muss die entsprechende Kontoinformation (Benutzername und Kennwort) eingegeben werden. Für „Port“ und „Initial Directory“ (Ausgangsverzeichnis) können oft die Standardwerte gelassen werden.

Field	Value
FTP	Credentials for server login and data transfers
Username	
Password	[Double-click to edit]
Password (verify)	[Double-click to edit]
Port	21
Initial Download Directory	
Default Upload Directory	



- Für DICOM Query/Retrieve/Store-Server müssen AE-Titel, Port-Nummer und die Stammverzeichnisebene der Abfrage auf die vom Administrator des Remote-Systems vorgegebenen Werte eingestellt werden. Das Festlegen des „Vendor“(Hersteller)-Typs des Systems wird es CSI in manchen Fällen ermöglichen, sich auf Operationen zu beschränken, die für diese Systeme bekanntermaßen funktionieren (nicht alle DICOM-Systeme bieten dasselbe Funktionalitätsniveau).

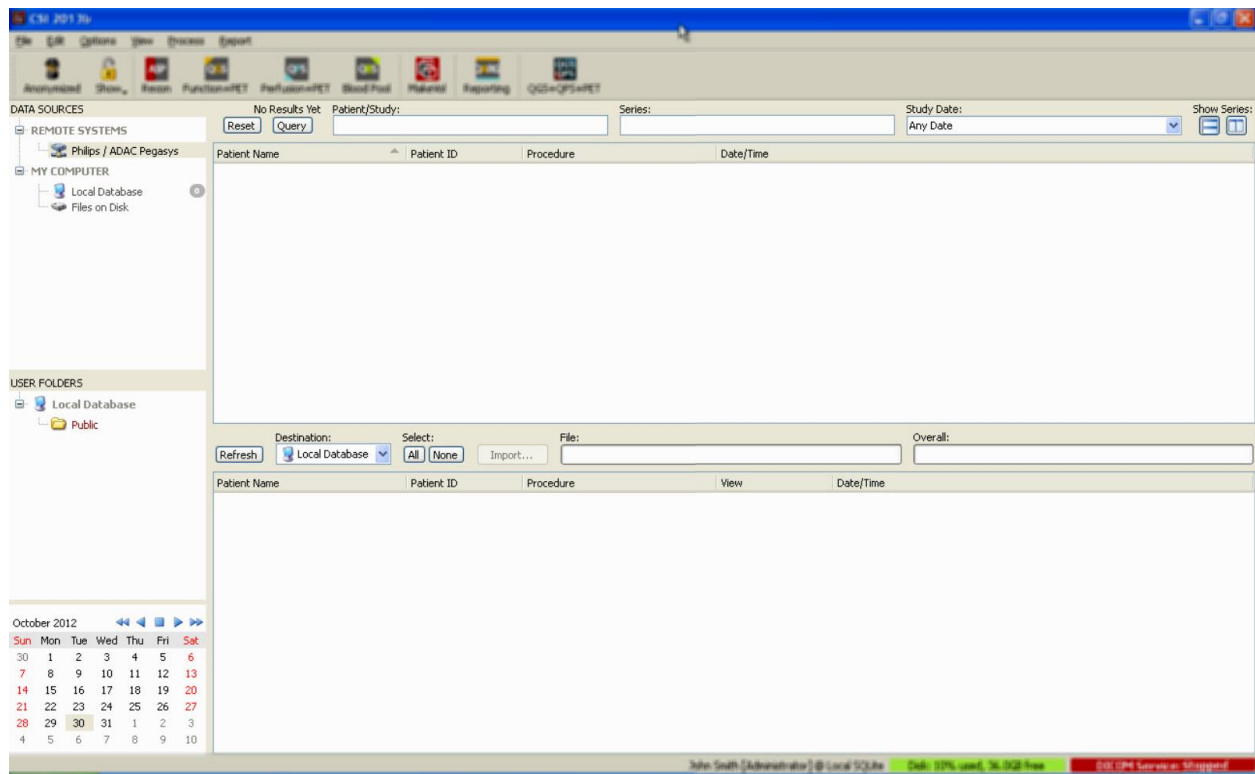
Configuration Parameters	
Field	Value
General	
General characteristics of the system	
Vendor / Type	Philips / Jetstream
Vendor Comment	Study Root Q/R Only
Local AE Title	STORESCP
Associated Site	CSMC @ Local SQLite: CSMC
Query/Retrieve	
<input checked="" type="checkbox"/> Get data from this system	
Remote AE Title	FINDSCP
Port	104
Max PDU	16384
Root Level	Study Root
Push	
<input checked="" type="checkbox"/> Send data to this system	
Remote AE Title	STORESCP
Port	104
Max PDU	16384

Standardwerte können durch Klicken auf **Reset (Zurücksetzen)** zurückgesetzt und grundlegende Verbindungstests durch Klicken auf **Test** durchgeführt werden.

Klicken Sie zum Annehmen der Parameter auf **OK**, wenn die Konfigurationsdaten des neuen Remote-Systems zufriedenstellend sind. Das neue System erscheint in der Remote-Computerliste, wo es zum Abrufen von Daten verwendet werden kann.

### **Philips Pegasys**

Zum Importieren von Daten von einem Pegasys-System klicken Sie auf den Namen in der Remote-Systemliste. Dadurch wird das Pegasys-Dialogfeld eingeblendet und die Verbindung zum Abrufen der Studienliste gestartet.



Um gesamte Studien zu importieren, wählen Sie eine oder mehrere gewünschte Studien (durch Klicken, Klicken-Ziehen oder mit Strg-Klick in der Liste) aus, legen Sie die Importoptionen fest und klicken Sie auf **Import... (Importieren...)**.

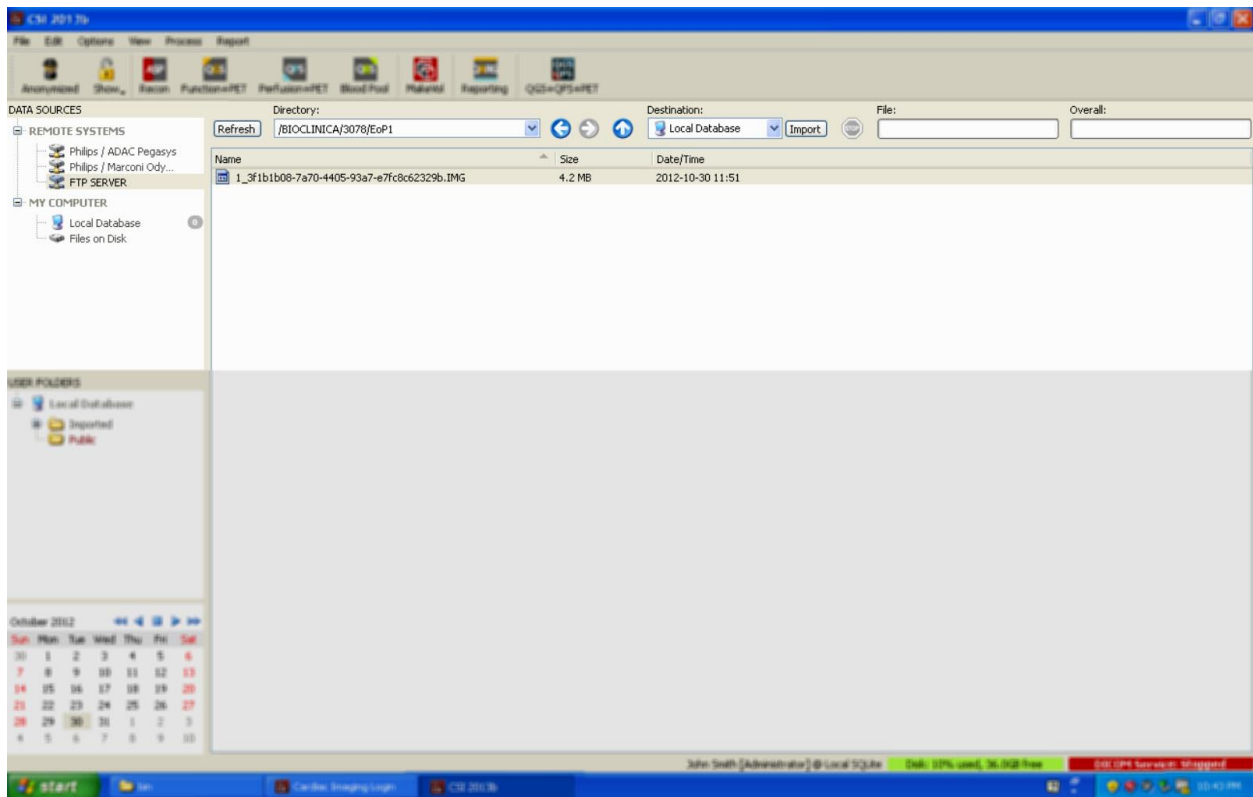
Wenn der Import beendet ist, wählen Sie entweder mehr Datensätze aus, kehren Sie zur Seite für die Studiauswahl zurück, indem Sie auf „Local Database“ (Lokale Datenbank) klicken.

### **Philips Odyssey**

Die Odyssey-Verbindung ist der Pegasys-Verbindung sehr ähnlich. Die Informationen werden lediglich etwas anders dargestellt, wobei die bei Philips Odyssey-Systemen verfügbaren Namenskonventionen und Felder wiedergegeben werden.

### **FTP-Server**

Der größte Nachteil bei der Verwendung eines FTP-Servers für das Abrufen von Daten ist, dass Bilder nur nach Dateinamen gewählt werden können, ohne Zusatzinformationen wie z.B. Patientennamen, Studienbeschreibung usw. In der nachstehenden Abbildung wird eine typische Dateiliste gezeigt.

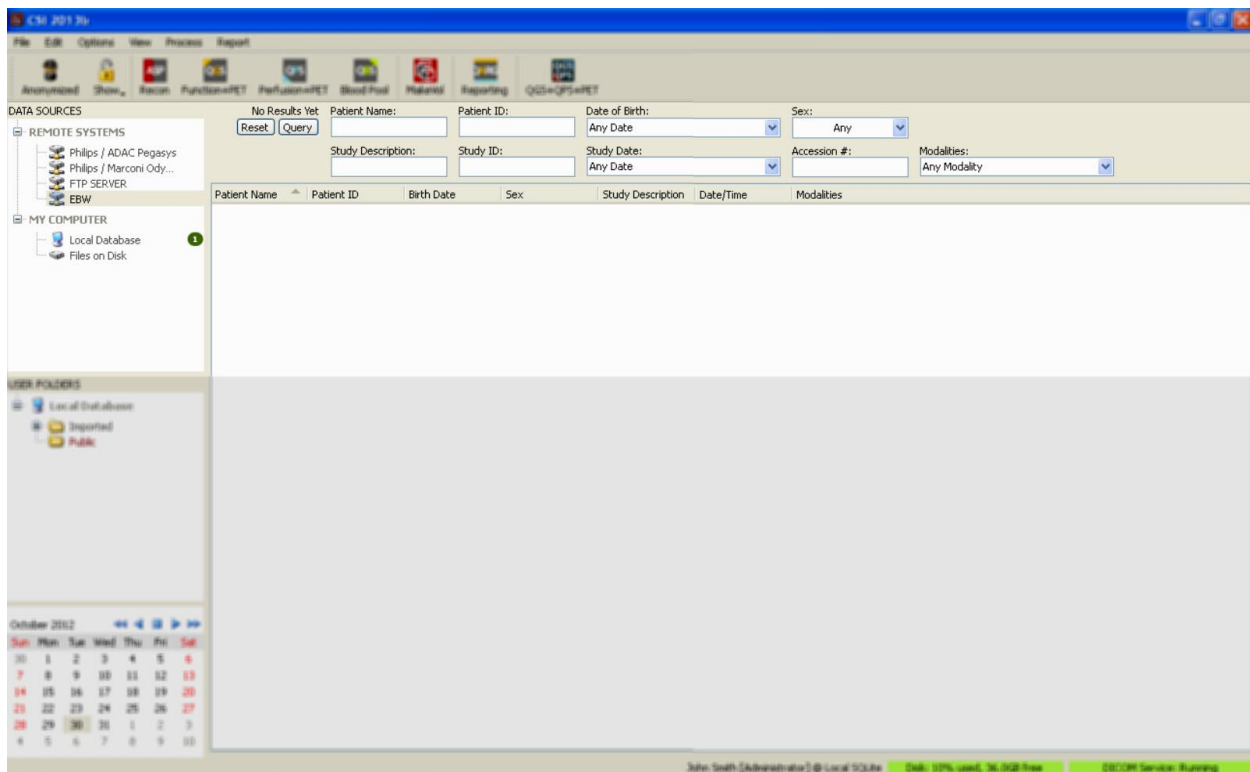


Um zu einem anderen Ordner zu navigieren, geben Sie entweder den Pfad in das Feld „Directory“ (Verzeichnis) ein oder doppelklicken Sie auf Ordnernamen in der Liste (u.a. den speziellen „<UP>-Ordner, um zum übergeordneten Verzeichnis zu navigieren).

Es werden standardmäßig alle Datensätze gewählt. Entfernen Sie mit Strg-Klick einzelne Elemente von der Auswahl. Wenn Sie bereit sind, klicken Sie zum Importieren der gewählten Datensätze auf **Import (Importieren)**.

### ***DICOM Query/Retrieve-Server***

Das Importieren von Daten von einem DICOM Q/R/S-Server erfordert mehr Konfiguration als jede andere Art von Remote-System, es ist jedoch die einzige Methode, um Zugriff auf PACS- und andere DICOM-basierte Systeme zu erhalten. Wenn das System einmal konfiguriert und eine Verbindung hergestellt worden ist, wird das folgende Dialogfeld eingeblendet:



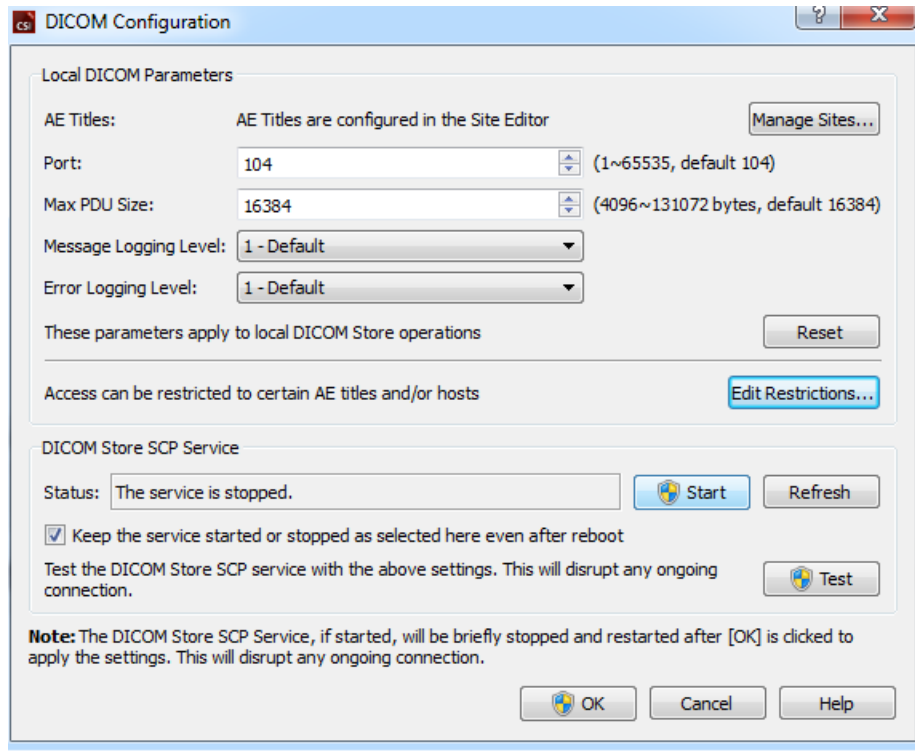
Da PACS-Systeme oft sehr große Datenmengen speichern, wird erst eine Abfrage an den Server gesandt, wenn man auf **Query (Abfragen)** klickt. Dies erlaubt die Auswahl eines Studienfilters zur Einschränkung der Anzahl von Ergebnissen.

Eine detailliertere Erläuterung der anderen Funktionen des DICOM Import-Dialogfeldes finden Sie im Referenzhandbuch.

### Verschieben von DICOM-Datensätzen von einem Remote-System

Neben der Fähigkeit, Daten von einer Vielzahl von Quellen zu beziehen, können auch Bilder von anderen DICOM-konformen Systemen auf das System mit CSI verschoben werden. CSI umfasst einen Windows-Service namens "Cedars-Sinai DICOM Store SCP", der eingehende Verbindungen abhört. Die modernsten Bildgebungsplattformen können sich mit diesem Service verbinden und Bilder senden, die dann auf Ihrem lokalen PC gespeichert und in die lokale Bilddatenbank eingebracht werden.

Zur Nutzung dieses Mechanismus müssen Sie den DICOM Store SCP-Service mit den entsprechenden Parametern konfigurieren. Das unten gezeigte Konfigurationsdialogfeld kann über **Options > DICOM Configuration (Optionen > DICOM-Vernetzung)** gestartet werden.



Gehen Sie zur Konfiguration von DICOM Store SCP wie folgt vor:

1. Gehen Sie zu **Options > DICOM Networking (Optionen > DICOM-Vernetzung)**
2. Wählen Sie einen Anwendungseinheitstitel (AE Title) für Ihren Computer. AE-Titel werden vom Site-Manager verwaltet und können durch Klicken auf **Manage Sites... (Sites verwalten...)** aufgerufen werden.
3. Wählen Sie eine Port-Nummer, auf der Quellsysteme Ihren Computer kontaktieren werden (Standard: 104).
4. Um den Zugriff auf bestimmte Remote-Systeme einzuschränken, klicken Sie auf **Edit Restrictions... (Einschränkungen bearbeiten...)** und geben Sie akzeptable Daten für den AE-Titel ein. Das System nimmt standardmäßig Verbindungen von allen Remote-Systemen an.
5. Lassen Sie den Rest der Optionen unverändert.
6. Klicken Sie auf **Start, um den DICOM Store SCP-Service zu starten.**
7. Klicken Sie auf **OK**, um die Änderungen zu übernehmen und den Service neu zu starten.

Sie müssen nun jedes Quellsystem mit den entsprechenden Parametern konfigurieren, um Daten senden zu können. Im Allgemeinen setzt die Konfiguration der Quellsysteme die folgenden Informationen voraus:

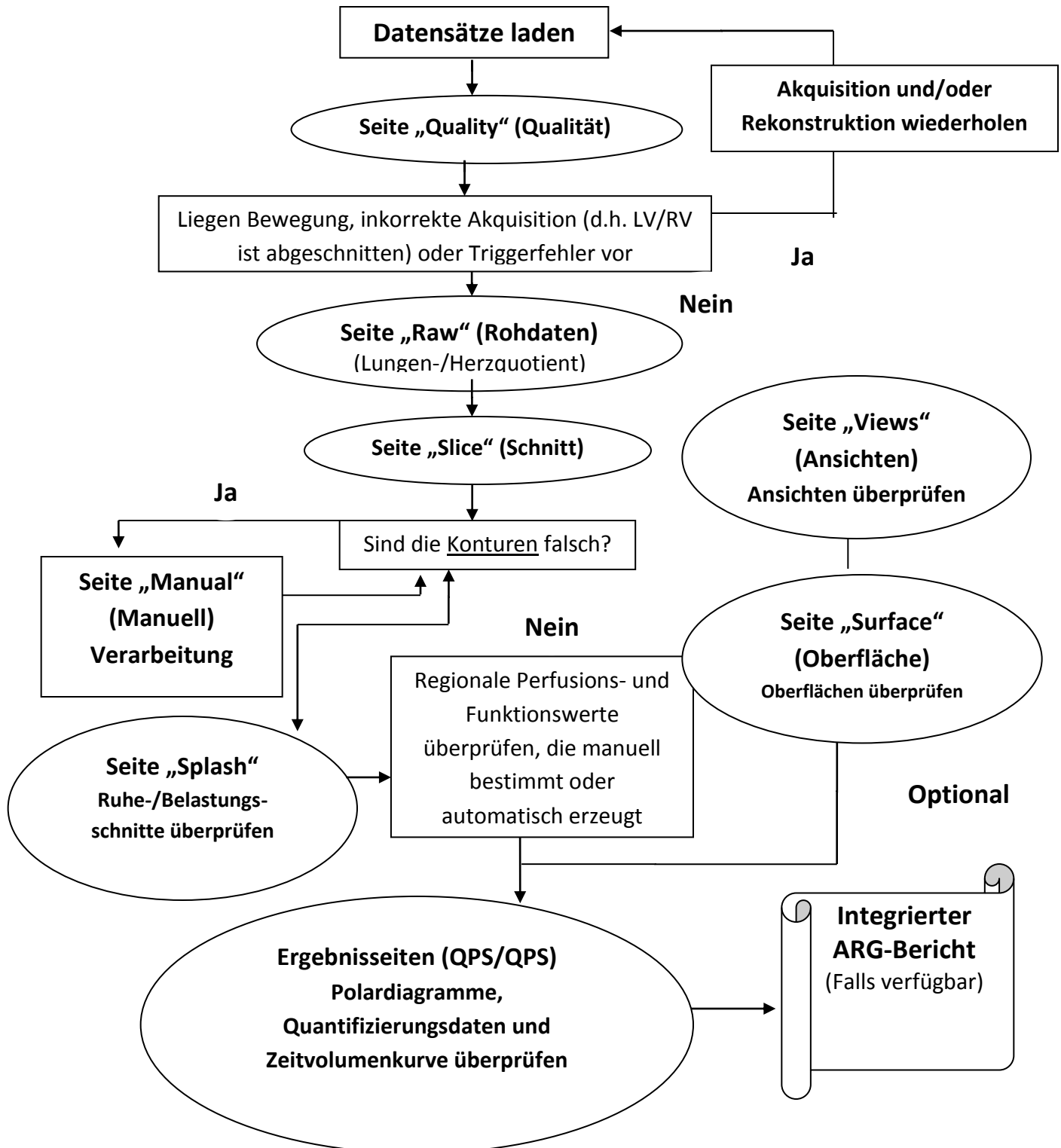
- Die IP-Adresse Ihres Computers
- Den oben unter Schritt 2 gewählten AE-Titel
- Die oben unter Schritt 3 gewählte Port-Nummer

DICOM-Systeme sind in der Regel in der Lage, einige Verbindungstests durchzuführen (in Bezug auf die DICOM C-ECHO-Nachricht oft als „echo“ bezeichnet), um die richtige Konfiguration der Parameter sicherzustellen. Diese Tests sollten erfolgreich verlaufen, wenn der DICOM Store SCP Service auf Ihrem System ausgeführt wird.

Benutzer auf den Remote-Systemen können dann Daten auswählen und an Ihren PC senden. Die Daten sollten an der gewählten Stelle erscheinen. Eventuell ist ein Aktualisieren der Liste und/oder Ändern der Datenfilter notwendig, um die Daten zu sehen. Wenn Sie beispielsweise gewählt haben, nur die Studien von heute anzuzeigen, und die vom Quellsystem gesandte Studie wurde gestern erfasst, wird sie erst in der Liste erscheinen, wenn Sie den Datumsfilter entfernen.

#### 4. Quantitative SPECT/PET-Anwendungen - QGS (Funktion) + QPS (Perfusion)

Der Workflow hat absichtlich keinen Modus. Somit wird dem Benutzer keine bestimmte Verarbeitungsabfolge vorgeschrieben. Ein typischer Ablauf wäre folgender:



## 4.1. Sprachauswahl

Das CSMC-Herzsoftwarepaket unterstützt die Lokalisierung der Benutzeroberfläche. Einige Sprachen sind eventuell nicht auf allen Plattformen verfügbar. Öffnen Sie zur Auswahl einer Sprache das Dialogfeld **Defaults (Standards)**, klicken Sie auf die Registerkarte **Language (Sprache)** und wählen Sie die gewünschte Sprache im Dropdown-Menü aus.

Die neue Spracheinstellung wird bei Neustarten des Programms wirksam. Beachten Sie, dass sich diese Einstellung auf alle Anwendungen des CSMC-Herzsoftwarepakets auswirkt.

Das Ändern der Spracheinstellung im CSMC-Herzsoftwarepaket wirkt sich nicht auf die Spracheinstellungen des Betriebssystems oder auf andere Anwendungen aus, die nicht zum Softwarepaket gehören.

## 4.2. Dateiauswahl (anhand eines Patientenbeispiels)

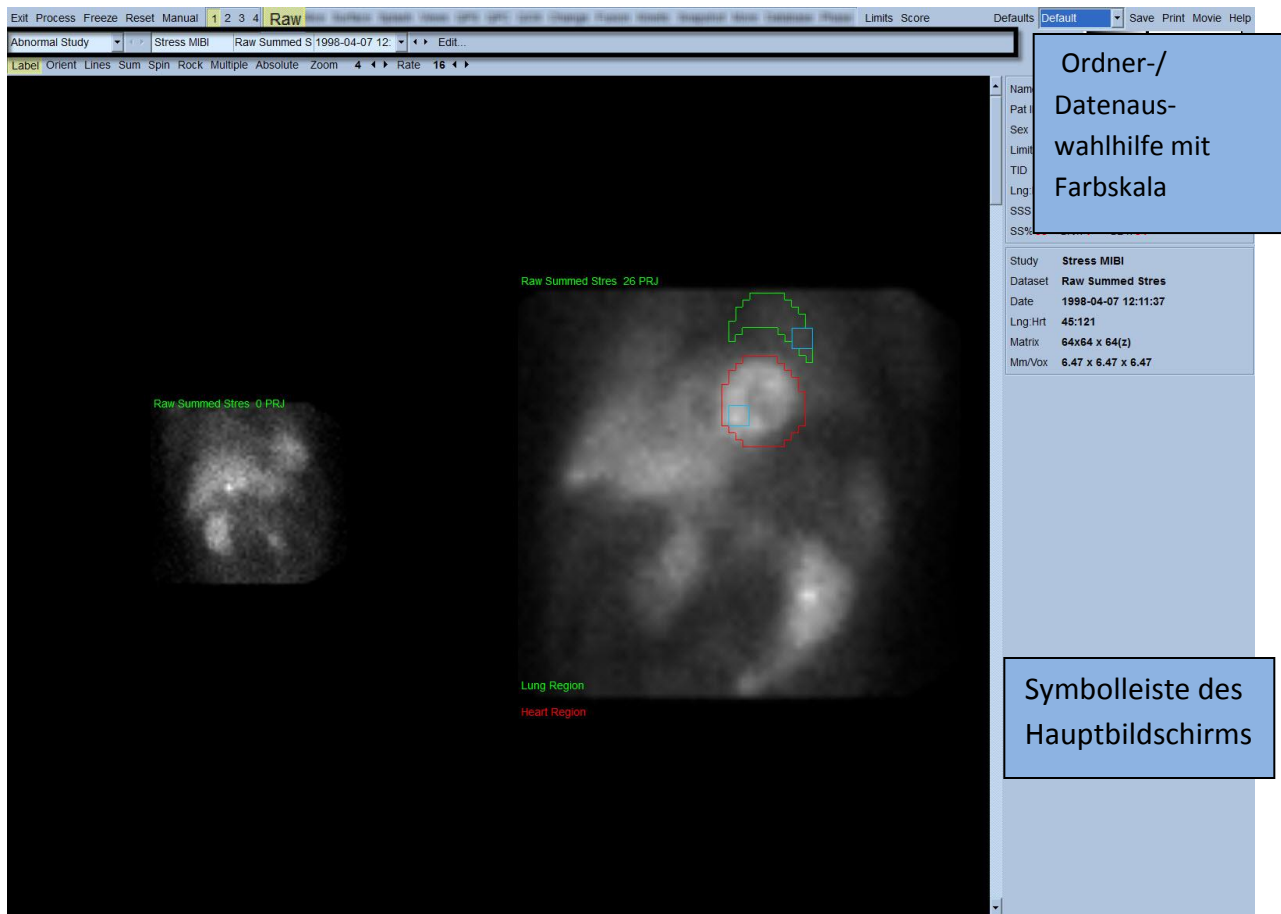
QGS+QPS kann Parameter der globalen und regionalen Perfusion und Funktion anhand von einem oder mehreren getriggerten oder summierten Kurzachsendatensätzen quantifizieren. Für die Perfusionsanalyse werden in der Regel zwei Datensätze - Belastung/Ruhe, Belastung/Redistribution, Ruhe/Redistribution, etc. verwendet. Falls möglich, ist es auch ratsam, den(die) bezogenen Projektionsdatensatz(sätze) auszuwählen, um die Akquisitionsartefakte im frühestmöglichen Stadium der Auswerte-/Analysekette beurteilen zu können. Für die Zwecke dieses Beispiels nehmen wir an, dass für den Patienten ABNORMAL STUDY die folgenden Dateien gewählt wurden.

Studie	Datensatz	Beschreibung
STRESS MIBI	Raw Summed Stress	(Summierter Projektionsbildsatz/Belastung)
STRESS MIBI	Raw Gated Stress	(Getriggert Projektionsbildsatz/Belastung)
STRESS MIBI	SA Gated Stress	(Getriggert Kurzachsenbildsatz/Belastung)
STRESS MIBI	SA Summed Stress	(Summierter Kurzachsenbildsatz/Belastung)
REST THALLIUM	Raw Summed Rest	(Summierter Projektionsbildsatz/Ruhe)
REST THALLIUM	Raw Gated Rest	(Getriggert Projektionsbildsatz/Ruhe)
REST THALLIUM	SA Gated Rest	(Getriggert Kurzachsenbildsatz/Ruhe)
REST THALLIUM	SA Summed Rest	(Summierter Kurzachsenbildsatz/Ruhe)

## 4.3. Starten

Durch Starten von QGS+QPS in der Standardkonfiguration wird der Hauptbildschirm wie unten gezeigt mit der Seitenanzeige **Raw (Rohdaten)** und hervorgehobenem Umschaltfeld **Label (Beschriftung)** eingeblendet. Es wird ein repräsentatives Projektionsbild aus dem Datensatz **Raw Summed Stress** gezeigt, wobei die Zahl links davon seine Reihenfolge im Datensatz zeigt. Durch Linksklicken auf **Label (Beschriftung)** wird die Zahl umgeschaltet. Durch Linksklicken auf und Ziehen des vertikalen schwarzen Streifens ganz rechts auf der Skala wird die Skala „gesättigt“ und der LV in Fällen mit starker extrakardialer Aktivität sichtbar gemacht.





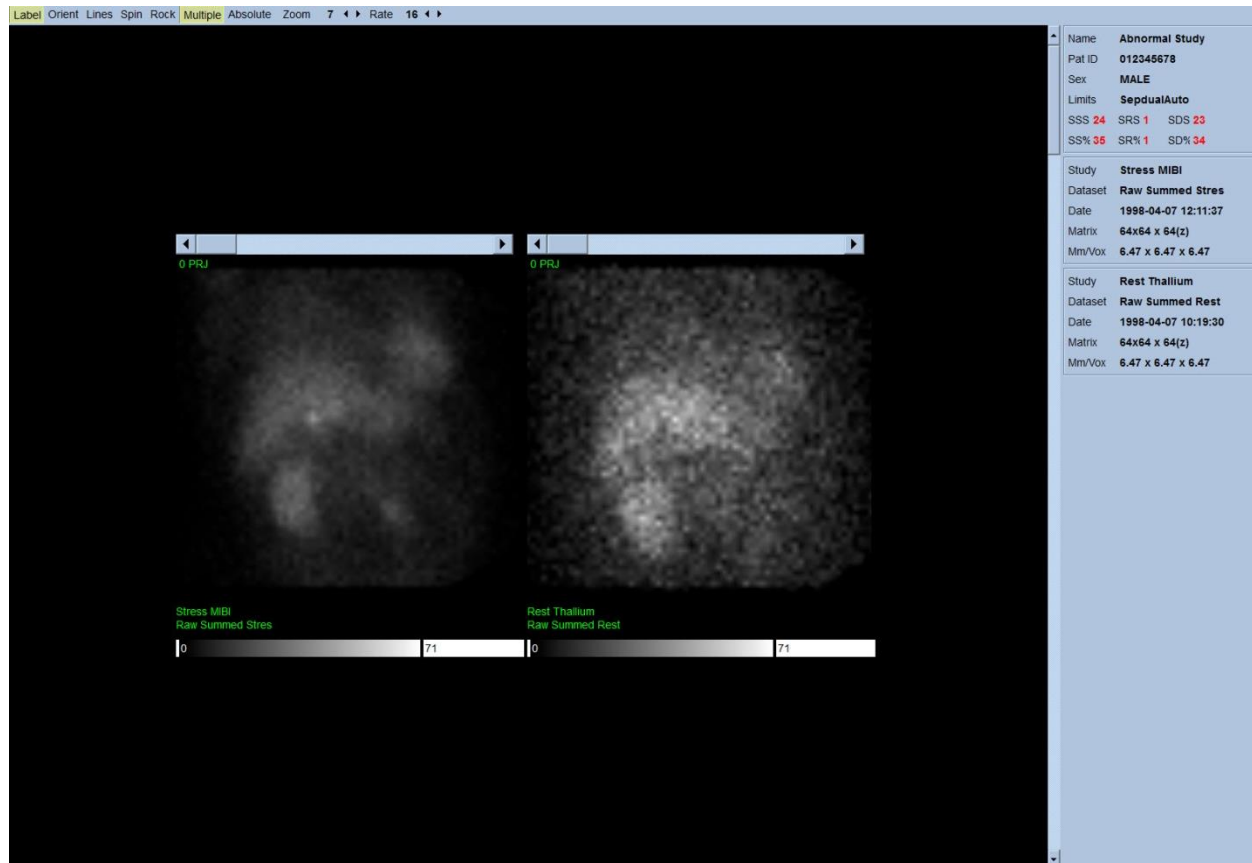
Der Name des Ordners (im Allgemeinen ein Patientenname) sowie der Name des Projektionsdatensatzes werden im horizontalen Abschnitt angezeigt, der auch die Datensatz-Auswahlhilfe, den Datensatz-Editor und die Farbskala enthält.



Durch Linksklicken auf die Datensatz-Auswahlhilfe (Dataset Selector) wird ein Pulldown-Menü eingeblendet, das alle gewählten Datensätze (siehe unten) auflistet, aus denen ein beliebiger Projektionsdatensatz ausgewählt und angezeigt werden kann.

Study	Dataset	Date	Projection	Mode	Stress	Supine	LHR
Stress MIBI	Raw Summed Stres	1998-04-07 12:11:37	Raw / NM / EM	Static	Stress	Supine	LHR
Rest Thallium	Raw Summed Rest	1998-04-07 10:19:30	Raw / NM / EM	Static	Rest	Supine	
Stress MIBI	Raw Gated Stress	1998-04-07 12:11:37	Raw / NM / EM	Gated	Stress	Supine	
Rest Thallium	Raw Gated Rest	1998-04-07 10:19:30	Raw / NM / EM	Gated	Rest	Supine	

Letztlich können beide Projektionsdatensätze (oder mehr, falls zutreffend) nebeneinander angezeigt werden, indem auf der Steuerleiste der Seite auf **Multiple (Mehrere)** linksgeklickt wird. Obwohl die Farbskala weiterhin auf beide Bilder wirkt, wird eine einzelne Farbskala unter jedem Bild bereitgestellt. Die Anzahl der Steuerelemente auf der Steuerleiste der Seite ist für die auf der Symbolleiste des Hauptbildschirms gewählte Seite spezifisch.

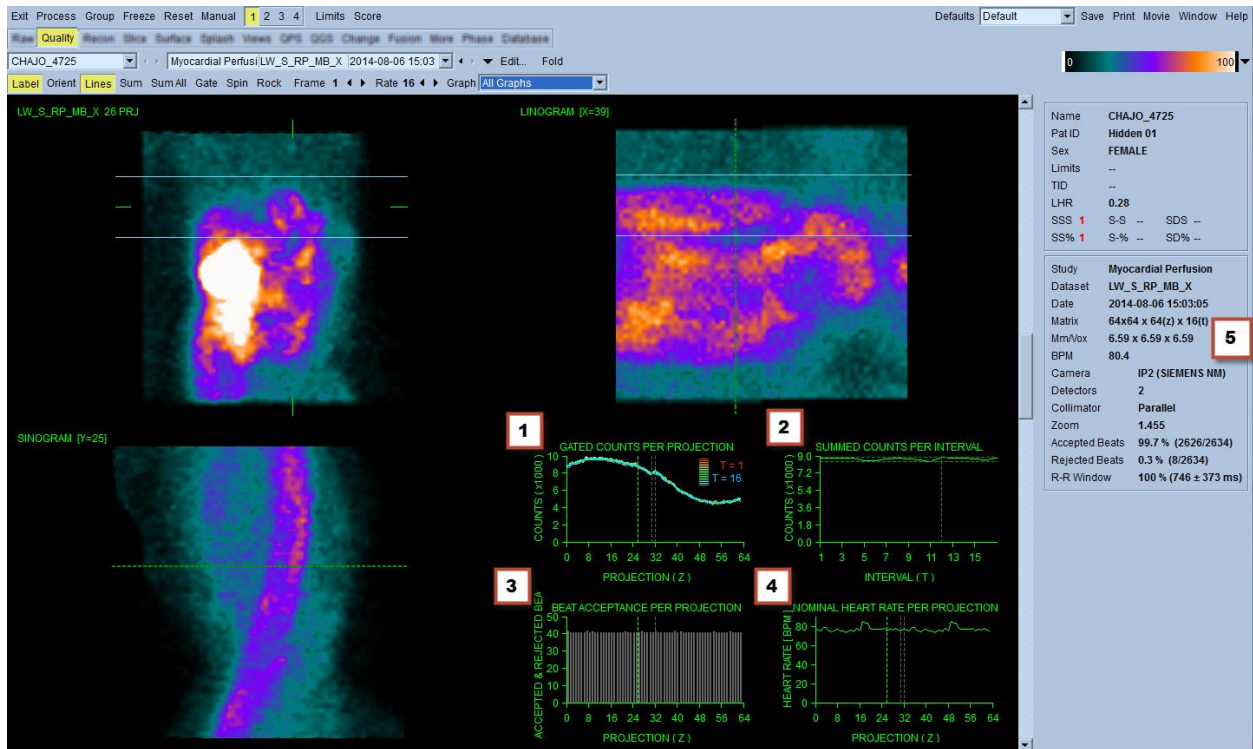


#### 4.4. Beurteilung der Bildqualität

Die Seite „Quality“ (Qualität) zeigt Projektionsbilder an und enthält Qualitätskontroll-Tools, die Benutzern das Erkennen potenzieller Probleme (z.B. Bewegungsartefakte, schlechte Impulsdichte, Triggerfehler usw...) zur Beurteilung der insgesamten Qualität der geladenen Studie erleichtern. Die QK-Daten sind nur dann auf der Seite „Quality“ (Qualität) verfügbar, wenn sie vom Anbieter in die Datensatz-Header einbezogen wurden.

Neben den Rohdaten-Projektionsbildern, Sinogrammen und Linogrammen kann auf der Seite **Quality (Qualität)** auch Folgendes angezeigt werden:

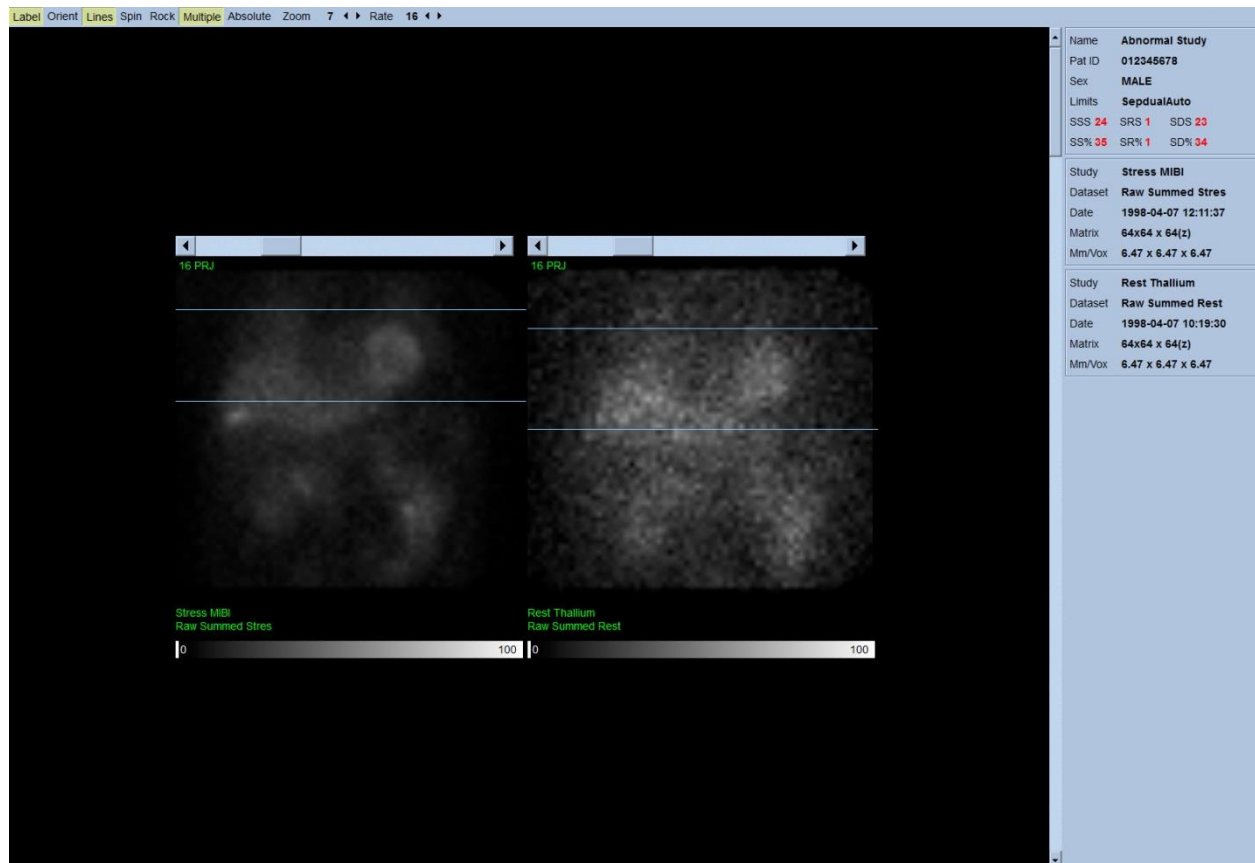
1. Getriggerte Impulse pro Projektion
2. Summierte Impulse pro getriggertem Intervall
3. Angenommene/verworfenne Herzschläge
4. Nominale Herzfrequenz pro Projektion
5. Zusätzliche Daten – durchschnittliche Herzfrequenz, Kamera, Kollimator, Zoom, angenommener/verworfenher Herzschlag-Prozentsatz und R-R-Fenster.



#### 4.5. Überprüfen der rotierenden Projektionsbilder

Durch Klicken auf die Umschaltfläche **Lines (Linien)** werden zwei horizontale Linien eingeblendet, die manuell positioniert werden sollten, so dass sie den unten gezeigten LV eng eingrenzen. Das Cine-Display der Projektionsdatensätze kann dann im kontinuierlichen Schleifenmodus gestartet werden, indem auf **Spin (Drehen)** (0 bis 360 Grad kontinuierliche Drehung) geklickt wird. Durch Klicken auf die Umschaltfläche **Rock (Schaukeln)** (zusätzlich zur Umschaltfläche **Spin (Drehen)**) wird ein alternierendes Cine (0 bis 180 Grad und 180 bis 0 Grad Rotation angezeigt). Die Cine-Geschwindigkeit kann durch Klicken auf die Symbole ◀ ▶ rechts von der Beschriftung **Rate (Geschwindigkeit)** angepasst werden. Jede plötzliche Bewegung der erkannten LV-Grenzen zu den Linien hin bzw. davon weg sollte vermerkt werden sowie eine einheitliche Aufwärtstendenz (Aufwärtskriechen des Herzens, was oft mit der plötzlichen Rückkehr des Diaphragma auf seine normale Position unmittelbar nach Belastung zu tun hat).

Mit Doppeldetektorkameras in der 90-Grad-Konfiguration kann das Aufwärtskriechen einen plötzlichen „Sprung“ mitten im Projektionsdatensatz verursachen, was auch durch Detektorfehlausrichtung passieren kann. Größere Bewegungen können sich auf die quantitativen Parameter auswirken; wird eine derartige Bewegung erkannt, wäre es ratsam, die Akquisition zu wiederholen.



Neben Patienten- oder Organbewegung kann Flackern (plötzliche Abweichungen in Helligkeit zwischen benachbarten Projektionen) durch Überprüfung des Cine-Displays der Projektionen beurteilt werden. Flackern ist oft ein Anzeichen von Triggerungsfehlern, die sich auf ungetriggerten Projektionsbildern zeigen, wenn letztere durch Summierung der getriggerten Projektionsdatensätze erstellt werden.

Um eine „Cine“-Datei der Rohdaten zu erstellen, klicken Sie auf die Schaltfläche **Movie (Cine)** auf der allgemeinen Leiste rechts oben auf der Seite, um das Dialogfeld „Movie“ (Cine) einzublenden. Geben Sie unter der Registerkarte **File (Datei)** einen entsprechenden Pfad und Dateinamen für die neu erstellte Cine (AVI)-Datei ein. Klicken Sie auf **OK**.

Database File

Filename: ers/parekht/Documents/Abnormal\_Study\_Raw.avi Browse...

Format: AVI

Format Options:

Labeling Information

Series Description: QGS+QPS: Raw

Comment:

Datasets \*

	1	2	3	4
A	Stress MIBI	Raw Summed S	1998-04-07 12	
B				
C				
D				

\* "Operator" and "Institution" can be edited if necessary

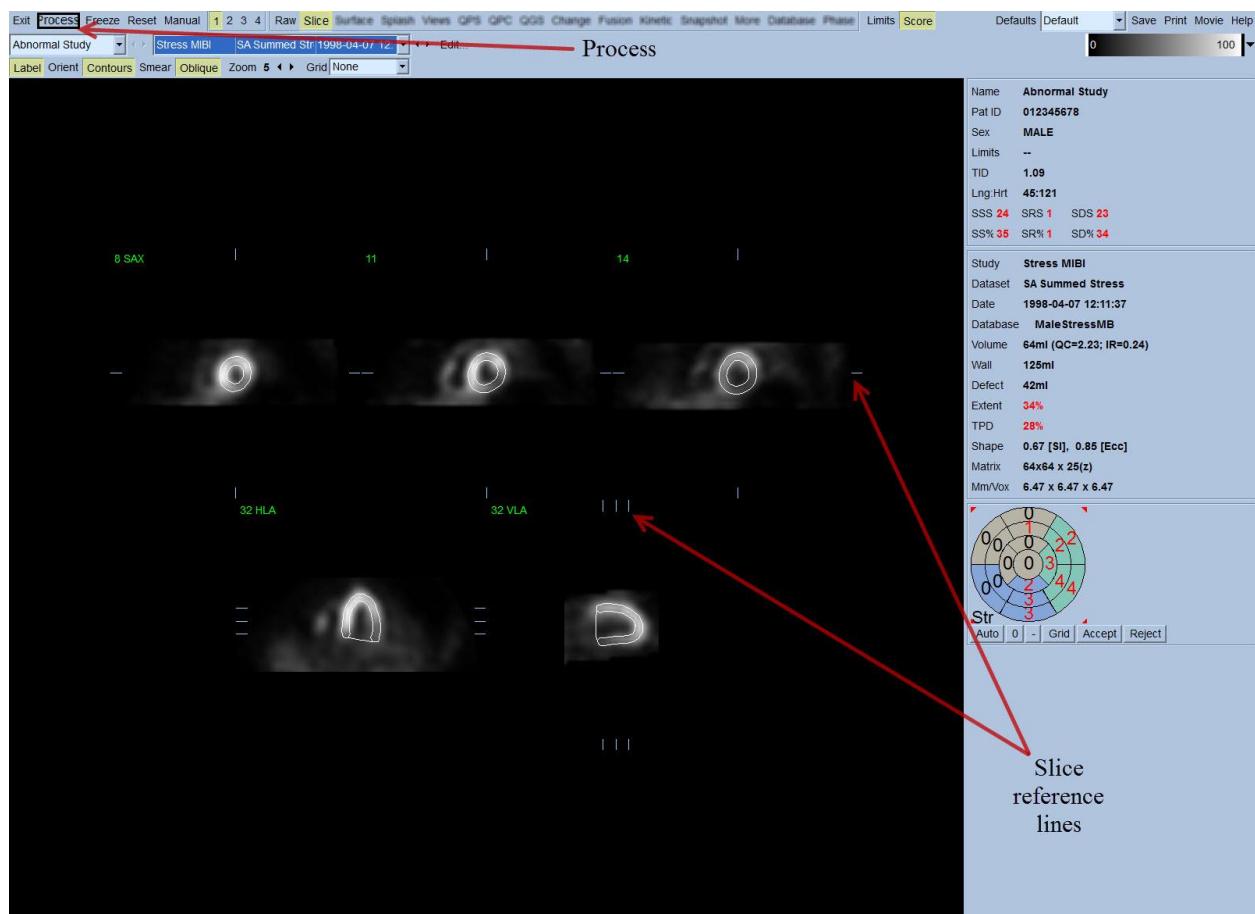
☐ Include a dataset legend

OK Cancel

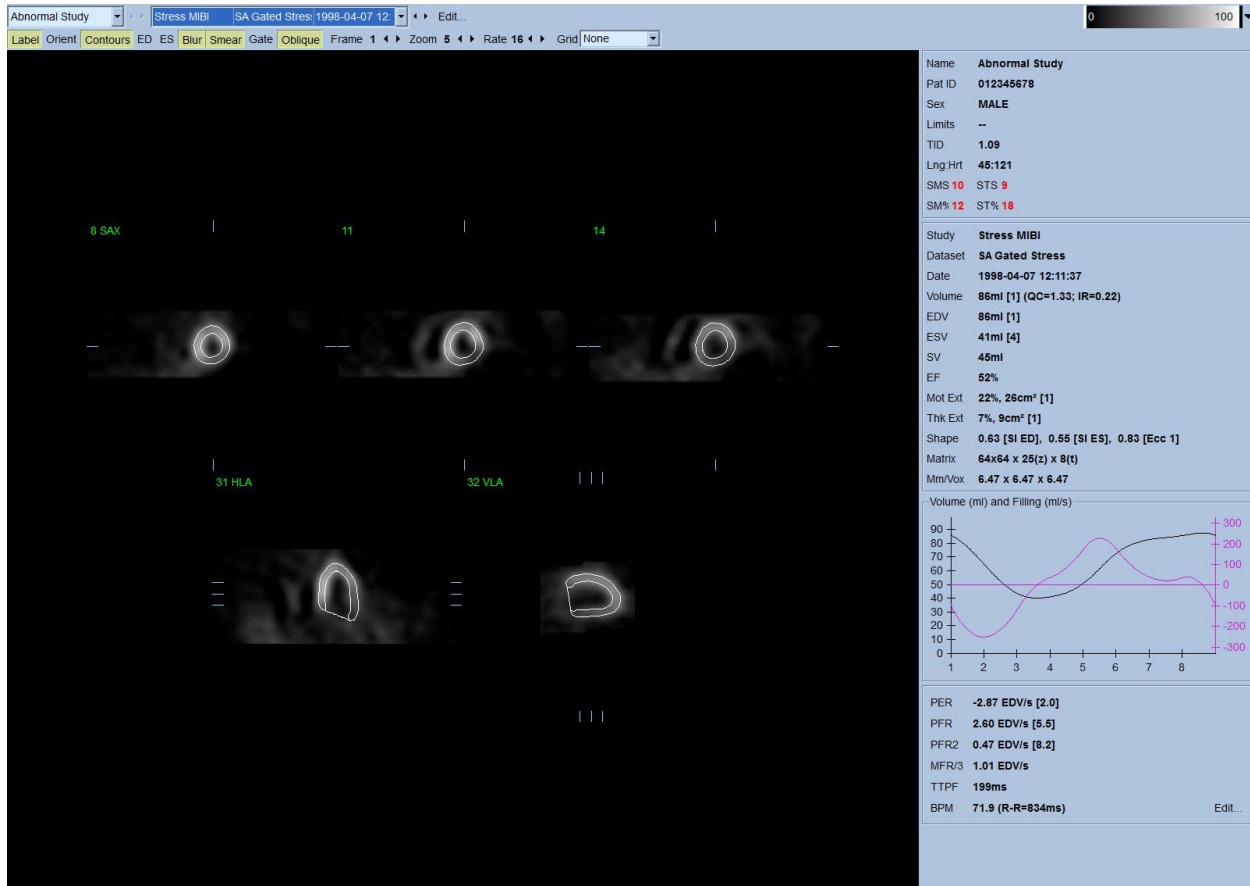
## 4.6. Bildauswertung

Durch Klicken auf die Seitenanzeige **Slice (Schnitt)** wird diese hervorgehoben und QGS+QPS in die unten gezeigte Seitenansicht **Slice (Schnitt)** gebracht. Der Datensatz SA Stress Gated bzw. Short Axis (SA) wird automatisch gewählt und angezeigt. Fünf 2D-Bilder oder „Schnitte“ werden in der Standard-ACC-Ausrichtung, d.h. von links nach rechts = Apex zu Basis für drei Kurzachsenbilder (obere Reihe) dargestellt, wobei die untere Reihe aus einem horizontalen und einem vertikalen Längsachsenbild besteht.

Durch Klicken auf die Schaltfläche **Process (Verarbeiten)** werden automatisch die passenden Algorithmen zur Segmentierung des LV, zur Berechnung der endokardialen und epikardialen 3D-Oberflächen und der Ventilebene und zur Bestimmung aller globalen und regionalen quantitativen Herzparameter auf die Daten angewandt. Die Schnittfläche der 3D-Oberflächen und der Ventilebene in den 2D-Schnittebenen wird als den fünf Schnitten überlagerte „Konturen“ angezeigt, die nun die abstandsgleichen (Kurzachsenbilder) oder mittventrikulären (Längsachsenbilder) Teile des LV darstellen.



Des Weiteren sollten neben der Erstellung von Zeitvolumen- und Füllkurven (für getriggerte Kurzachsendsätze) alle quantitativen Parameterfelder im rechten Bereich des Bildschirms nun mit numerischen Werten ausgefüllt sein. Wir werden die quantitativen Messungen später noch genauer untersuchen und besprechen.



#### 4.6.1. Gruppenauswertung

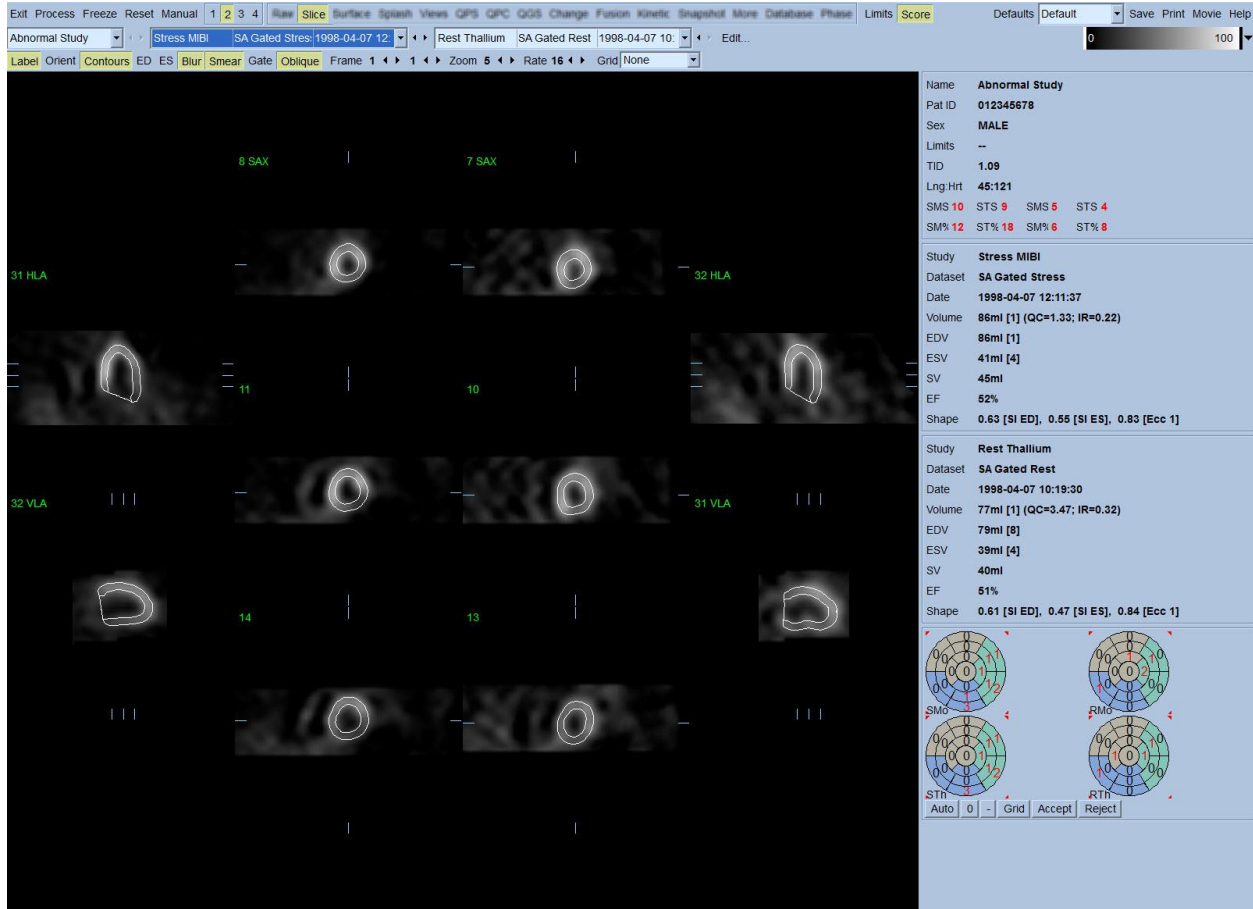
Gruppenauswertung ermöglicht die simultane Lösung der linksventrikulären Geometrie bei allen verfügbaren Datensätzen. Er ermöglicht Algorithmen in Bereichen, in denen sich die Struktur für ein oder mehrere Datensätze nicht definitiv bestimmen lässt, Entscheidungen zu treffen, aufgrund welcher alle verfügbaren Informationen genutzt und keine willkürlichen Inkonsistenzen zwischen Studien eingeführt werden. Wenn **Group (Gruppe)** aktiviert ist, werden zum selben Patienten gehörende Datensätze als „Paar“ (oder wenn mehr als zwei Studien beteiligt sind als „Gruppe“) ausgewertet.

#### 4.6.2. Prüfen der Konturen

Die Position der fünf angezeigten Schnitte kann interaktiv angepasst werden, indem ihre entsprechenden Schnitt-Referenzlinien in orthogonale Ansichten verschoben werden.



Bei den meisten Patientenstudien ist dies jedoch nicht notwendig. Sowohl die Belastungs- als auch die Ruhe-Kurzachsensdatensätze lassen sich durch Klicken auf die Schaltflächen **2** (Doppel) darstellen, welche das Display auch wie unten gezeigt halbieren. Die Belastungsbilder werden auf der linken Hälfte und die Ruhebilder auf der rechten Hälfte des Displays angezeigt.

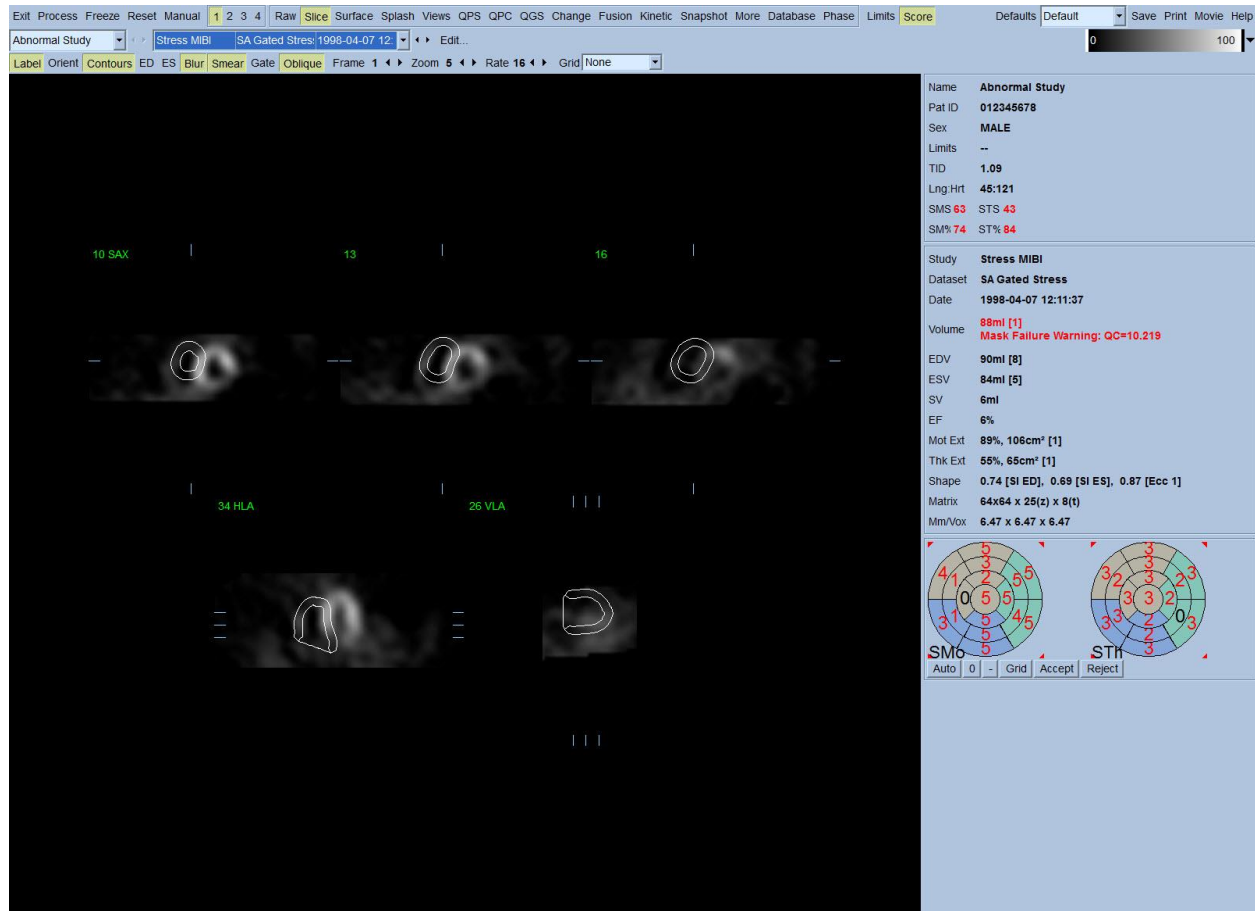


An dieser Stelle muss visuell geprüft werden, ob offensichtliche Ungenauigkeiten in der Art und Weise, in der die Konturen dem LV folgen, existieren. Dies umfasst u.U. das Aktivieren und Deaktivieren der Umschaltfläche **Contour (Konturen)** durch Anklicken sowie das Inbewegungsetzen der Bilder (Cine) durch Klicken auf die Umschaltfläche **Gate (Trigger)**. Die größten Ungenauigkeiten entstehen durch extrakardiale Aktivität und dies wird wie unten gezeigt auf dem Display sofort offensichtlich sein. Insbesondere wäre zu erwarten, dass die Konturen auf einer anderen Struktur als dem LV zentriert sind oder dass sich die Konturen vom LV „weg bewegen“ und benachbarter Aktivität folgen, vor allem in der inferioren Wandregion. Beide Fälle treten extrem selten auf (0-5% laut veröffentlichter Literatur) und können einfach mit der Option „Manual“ (Manuell) behoben werden.



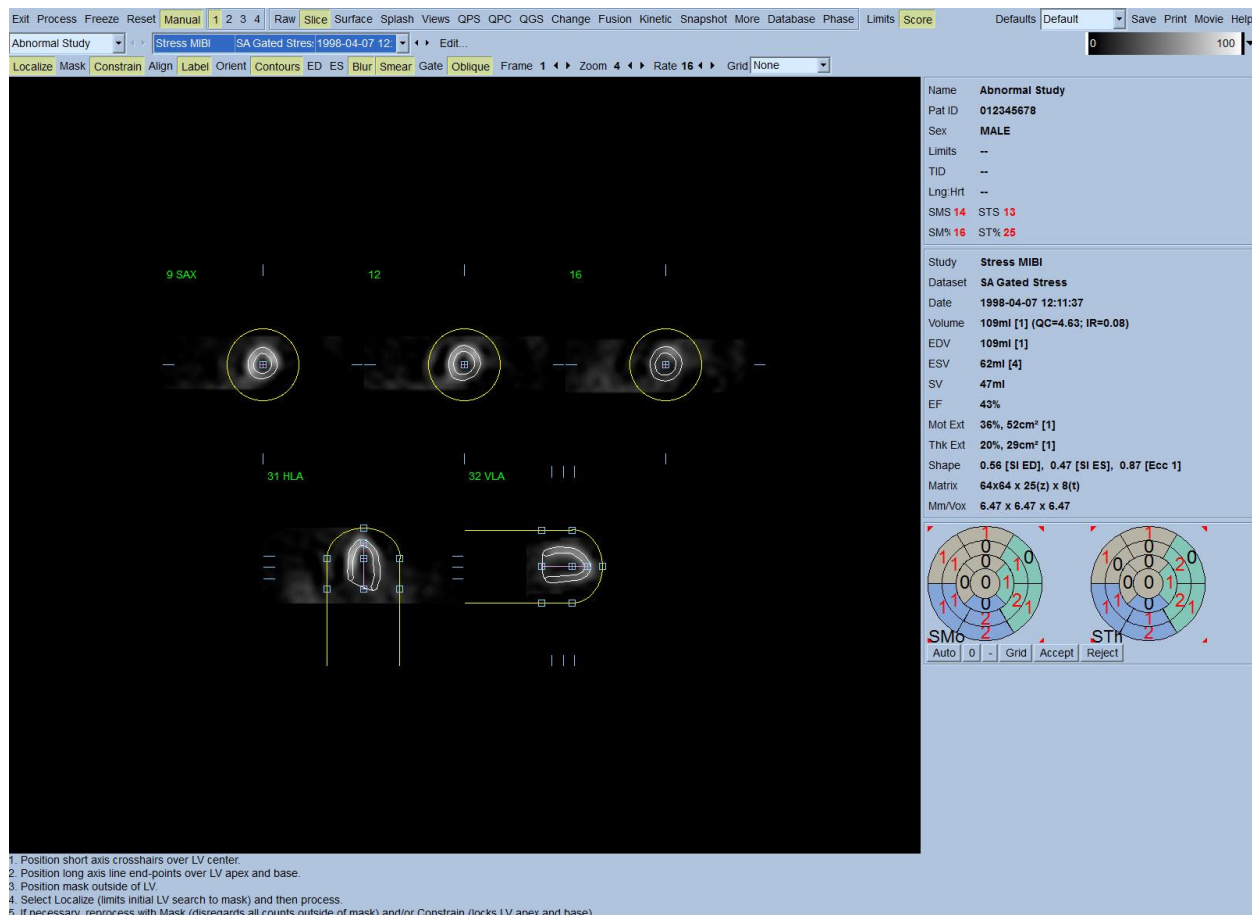


**VORSICHT:** Tritt durchweg eine Fehlerrate über 10% auf, können ein systematisches Problem in Bezug auf Daten-Akquisitionsverfahren, Patientenpositionierung (zu hoch/zuniedrig) oder andere Fehler vorliegen



#### 4.7. Ändern der Konturen (Seite „Manual“ (Manuell))

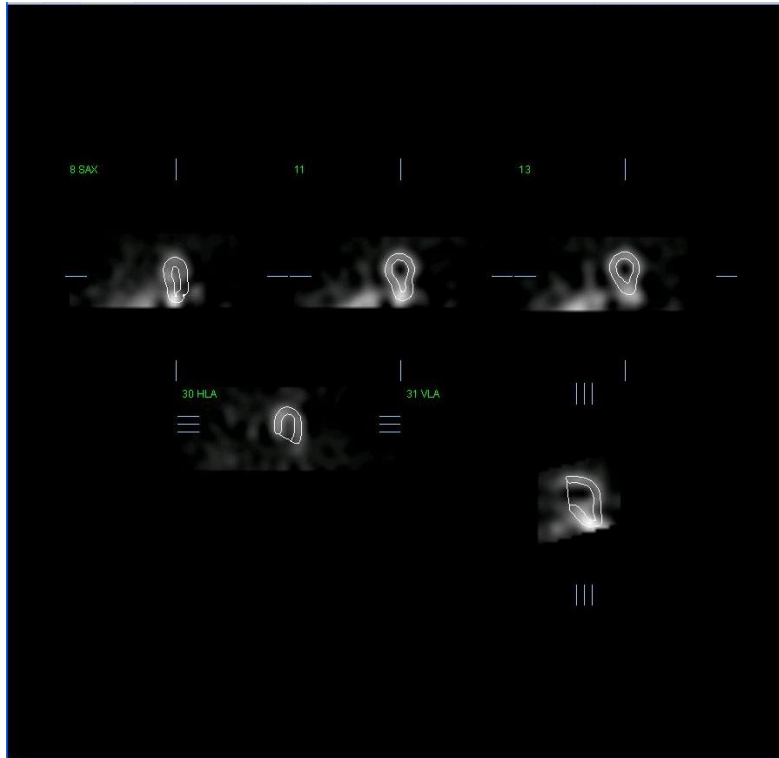
Durch Klicken auf die Umschaltfläche **Manual (Manuell)** wird eine veränderte Version der Seite Slice (Schnitt) eingeblendet, bei der den Schnitten Maskierungsgrafiken überlagert sind. Die Form und Position der Maskierungsgrafiken kann durch Linksklicken und Ziehen der Ziehpunkte der Maskierungsgrafik geändert werden, wobei wie unten gezeigt kleine Quadrate an verschiedenen Stellen auf der Maskierungsgrafik platziert werden. Die Maske sollte so geformt und positioniert sein, dass sie den LV umgibt und sämtliche extrakardiale Aktivität ausschließt. Bevor dies erfolgt, empfiehlt es sich u.U. die inkorrekten Konturen durch Klicken auf die Schaltfläche **Contours (Konturen)** auszublenden. Klicken auf die Umschaltfläche **Mask (Maske)** und auf die Schaltfläche **Process (Verarbeiten)** zwingt den automatischen Algorithmus zur Bearbeitung des innerhalb der Maske befindlichen Teils des 3D-Bildes. Es werden neue Konturen sowie neue quantitative Messungen erstellt und angezeigt.



Beachten Sie, dass das auf der Längsachse des LV positionierte Segment nur als Referenz dient. In Fällen, in denen eine einfache Maskierung wie unten gezeigt keine zufriedenstellenden Konturen erzeugt, hat man die Möglichkeit, zwei exakte Stellen festzulegen, die der apikale und basale Teil der Konturen durchlaufen muss; hierzu wird die Umschaltfläche **Constrain (Beschränken)** durch Klicken hervorgehoben und dann wieder auf die Schaltfläche **Process (Verarbeiten)** geklickt.



**VORSICHT:** Die Option „Constrain (Beschränken)“ sollte nur im absoluten Bedarfsfall verwendet werden, da sie sich stark auf die Reproduzierbarkeit der quantitativen Messungen auswirken kann. Stellen Sie sicher, dass die Schaltfläche **Constrain (Beschränken)** NICHT hervorgehoben ist, wenn Sie den Maskierungsprozess auf der Seite **Manual (Manuell)** beginnen. Ein Fall, in dem **Constrain (Beschränken)** verwendet wird, ist, wenn die Ventilebene falsch identifiziert wurde und die Belastungs- und/oder Ruhekonturen ihre Position eindeutig überschreiten. Dies führt in der Regel zu einem „Ring“ artefaktischer Hypoperfusion an der Peripherie des(r) Perfusions-Polardiagramms(e), die nicht mit einem Standard-Koronarbereich in Verbindung steht.



#### 4.8. Überprüfen der getriggerten SPECT-Bilder auf der Seite „Slice“ (Schnitt)

Eine erste visuelle Beurteilung der LV-Funktion erfolgt durch Linksklicken auf die Umschalttaste „Gate“ (Trigger) zur Anzeige des Cine-Displays der fünf Schnitte und gleichzeitiges Klicken auf **Contours (Konturen)**, um diese ein-/auszublenden. Die Cine-Geschwindigkeit kann durch Klicken auf die Symbole ◀ ▶ rechts von **Rate (Geschwindigkeit)** angepasst werden. Des Weiteren kann ein Zeit- und Ortsfilter für die Bildglättung angewandt werden, indem mit der linken Maustaste jeweils auf die Umschaltflächen **Blur (Verzerren)** und **Smear (Schnittweise glätten)** geklickt wird.

Dies ist bei der visuellen Beurteilung von Bildern mit geringer Impulszahl vor allem zur Reduzierung von statistischem Rauschen nützlich und wirkt sich nicht auf die quantitativen Ergebnisse aus.

*Hinweis: Die Funktionen „Blur“ (Verzerren) und „Smear“ (Schnittweise glätten) wirken sich nur auf die Bilddarstellung aus. Die QGS-Algorithmen bearbeiten die ursprünglichen, ungeglätteten Daten unabhängig von den Einstellungen der Blur- und Smear-Funktionen.*



**INFORMATIONEN:** Im Cedars-Sinai Medical Center (CSMC) wird in der Regel eine Grau- oder Wärmeskala zur Beurteilung der Bewegung verwendet bzw. eine 10-Punkt-Skala (Step10) zur Beurteilung der Verdickung. Eine eingehende Beschreibung der CSMC-Segmentbewertungsmethode finden Sie in „*Berman D, Germano G. An approach to the interpretation and reporting of gated myocardial perfusion SPECT. In: G Germano and D Berman, eds. Clinical gated cardiac SPECT. Futura Publishing Company, Armonk; 1999:147-182.*“ Im Grunde werden Bilder basierend auf einem 20- oder 17-Segment-Modell und einer kategorischen Skala von 0-5 (Bewegung) oder 0-3 (Verdickung) bewertet.

#### 4.9. Überprüfen der getriggerten oder summierten (ungetriggerten) SPECT-Bilder auf der Seite „Splash“

Obwohl die Seite **Slice (Schnitt)** sich für eine rasche erstmalige Bestimmung des Vorhandenseins und der Position von Perfusionsanomalien eignet, muss vorher eine genaue Perfusionsbeurteilung abgeleitet vom gesamten Kurzachsendatensatz durchgeführt werden. Durch Klicken auf die Seitenanzeige **Splash** werden alle verfügbaren Kurzachsenbilder eingeblendet, die (falls die Schaltfläche **2** aktiviert ist) für die unten gezeigten Belastungs- und Ruhestudien im abwechselnden Modus angezeigt werden. Im Wesentlichen entspricht der erste Datensatz im Feld **Info** den Reihen 1, 3, 5 und 7 des Displays, der zweite Datensatz den Reihen 2, 4, 6 und 8. Belastungs- und Ruhebilder werden automatisch gewählt und sollten gut ausgerichtet werden; die manuelle Verschiebung eines Datensatzes um ein oder mehrere Schnitte kann durch Klicken und Ziehen der entsprechenden Bildlaufleisten rechts neben den Bildern erfolgen. Die Bilder (nur getriggerte) können durch Klicken auf **Gate (Trigger)** simultan im Cine-Modus angezeigt werden.

Durch Aktivieren der Umschaltfläche **Smear (Schnittweise glätten)** auf der Steuerleiste der Seite kann ein Ortsfilter zur Glättung auf die Bilder angewandt werden. Dies ist bei der visuellen Beurteilung von Bildern mit geringer Impulszahl vor allem zur Reduzierung von statistischem Rauschen nützlich und wirkt sich nicht auf die quantitativen Ergebnisse aus.

Durch Klicken auf die Datensatz-Auswahlhilfe auf der Seite **Splash** werden alle verfügbaren Kurzachsenbilder eingeblendet. Durch Klicken auf die Umschaltflächen **Smear (Schnittweise glätten)** und **Blur (Verzerren)** kann (nur bei getriggerten Datensätzen) jeweils ein Orts- und/oder Zeitfilter zur Glättung angewandt werden.

Dies ist bei der visuellen Beurteilung von Bildern mit geringer Impulszahl vor allem zur Reduzierung von statistischem Rauschen nützlich und wirkt sich nicht auf die quantitativen Ergebnisse aus.





**i INFORMATIONEN:** Im Cedars-Sinai Medical Center (CSMC) wird in der Regel eine Grau- oder Wärmeskala zur Beurteilung der Perfusion verwendet. Eine eingehende Beschreibung der CSMC-Segmentbewertungsmethode finden Sie in „*Berman D, Germano G. An approach to the interpretation and reporting of gated myocardial perfusion SPECT. In: G Germano and D Berman, eds. Clinical gated cardiac SPECT. Futura Publishing Company, Armonk; 1999:147-182.*“. Im Grunde werden Bilder basierend auf einem 20- oder 17-Segment-Modell und einer kategorischen Skala von 0-4 (0=normal bis 4=keine Perfusion) bewertet.

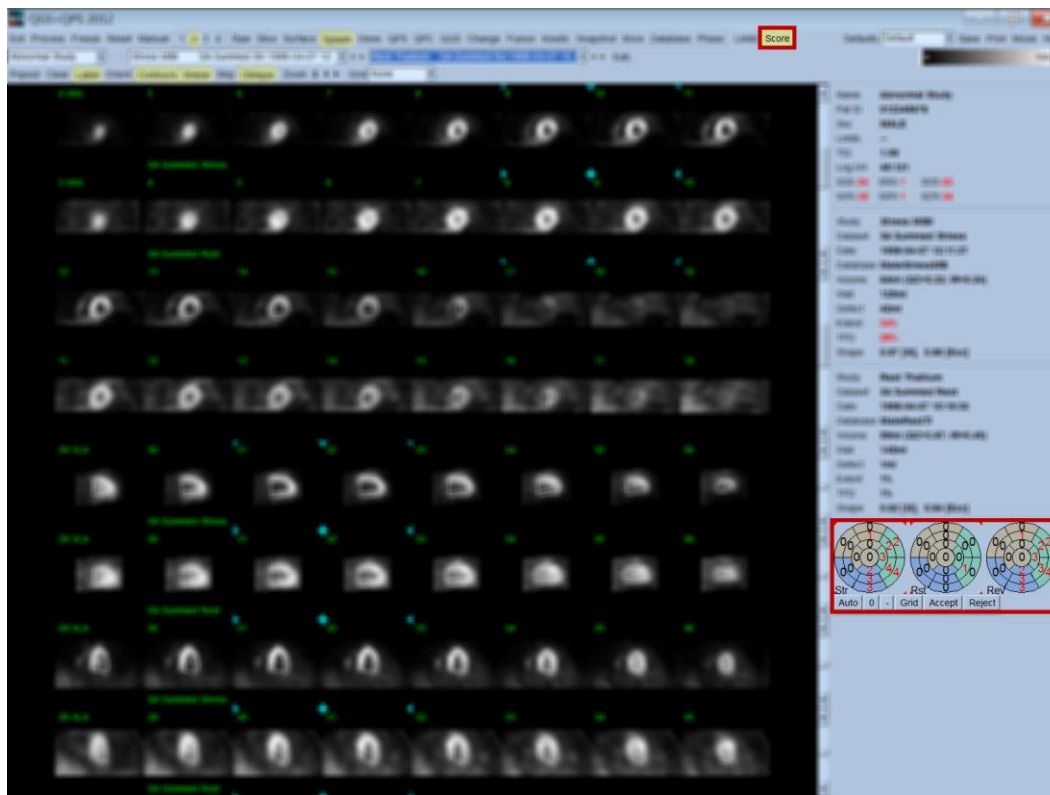
#### 4.9.1. Verwenden des Bewertungsfeldes

Durch Klicken auf die Umschaltfläche **Score (Bewertung)** wird das **Score Box (Bewertungsfeld)** mit seinen 20- oder 17-Segment-Polardiagrammen mit Segment-Grenzlinien für den Belastungs-, Ruhe- und Differenzteil der Studie eingeblendet. Weiter unten ist ein Beispiel einer 20-Segment-Bewertung zu sehen. Jeder Ring in diesen „kategorischen Polardiagrammen“ bezieht sich wie folgt auf die angezeigten Bilder: Apex zu Basis = innere zu äußeren Ringen.

Das Anzeigeschema soll dem Arzt das Identifizieren der 20 (oder 17) Segmente, bei denen die Perfusion bewertet werden soll, erleichtern. Durch Auswahl der Option **Segments (Segmente)** im Pulldown-Menü **Grid (Raster)** auf der Steuerleiste der Seite werden den Belastungs- und Ruhebildern Grenzlinien überlagert, die erläutern, welcher Teil eines Schnitts zu welchem Segment gehört. Durch Alternieren zwischen den Optionen **Segments (Segmente)** und **None (Keine)** des Pulldown-Menüs **Grid (Raster)** wird die visuelle Beurteilung der Segmentbewertungen erleichtert, die dann im Bewertungsfeld eingegeben werden kann, um die automatische Bewertung, falls gewünscht, außer Kraft zu setzen.

Zur automatischen Berechnung der Bewegungs- und Verdickungswerte für alle Segmente sowie der summierten Bewegungs- und Verdickungswerte (SMS und STS), der prozentualen summierten Bewegungs- und Verdickungswerte (SM% und ST%) sowie des Ausmaßes der Bewegungs- und Verdickungsanomalität (Mot Ext und Th Ext), die sowohl als Fläche in  $\text{cm}^2$  als auch als Prozentsatz des mittmyokardialen Oberflächenbereichs ausgedrückt werden, wird ein universeller Satz an Normalwerten auf alle getriggerten Kurzachsendatensätze angewandt. Falls irgendwelche Segmentwerte vom auswertenden Kliniker als ungenau erachtet werden, kann er sie erhöhen bzw. reduzieren, indem er im Feld auf den numerischen Wert links- oder rechtsklickt. SMS, STS, SM% und ST% werden automatisch angepasst.

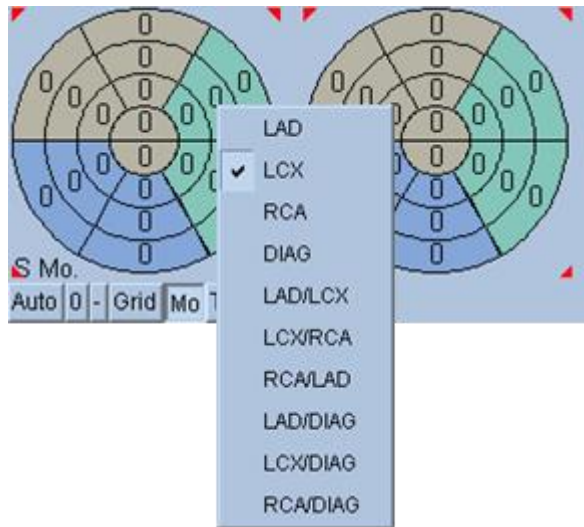




Wenn die entsprechenden Normalgrenzen für diesen Patienten voreingestellt wurden, berechnet das Programm automatisch die Perfusionswerte für alle Segmente sowie die summierten Belastungs-, Ruhe- und Differenzwerte (SSS, SRS und SDS), die entsprechenden summierten Prozentwerte (SS%, SR% und SD%) und das Ausmaß der Perfusionsanomalie. Andernfalls muss die auf den Datensatz anzuwendende Normalwert-Datenbank durch Klicken auf die Schaltfläche **Edit... (Bearbeiten...)**, die sich neben der Datensatz-Auswahlhilfe befindet, gewählt und die entsprechende Normalwertdatei im Dropdown-Menü ausgewählt werden. Der Benutzer wählt eine der angezeigten Normalwertoptionen im Dialogfeld und klickt auf **OK**. Falls irgendwelche Segmentwerte vom auswertenden Kliniker als ungenau erachtet werden, kann er sie erhöhen bzw. reduzieren, indem er auf dem entsprechenden Bewertungs-Polardiagramm auf den numerischen Wert links- oder rechtsklickt. SSS, SRS, SDS, SS%, SR% und SD% werden automatisch angepasst.

*Hinweis: Die summierten Prozentwerte repräsentieren die auf die schlechtmöglichste Bewertung normierten summierten Werte des gewählten Modells (z.B. 80 für das 5-Punkt-, 20-Segment-Modell und 68 für das 5-Punkt-, 17-Segment-Modell), wie in Berman et al., JACC 2003;41(6):445A beschrieben.*

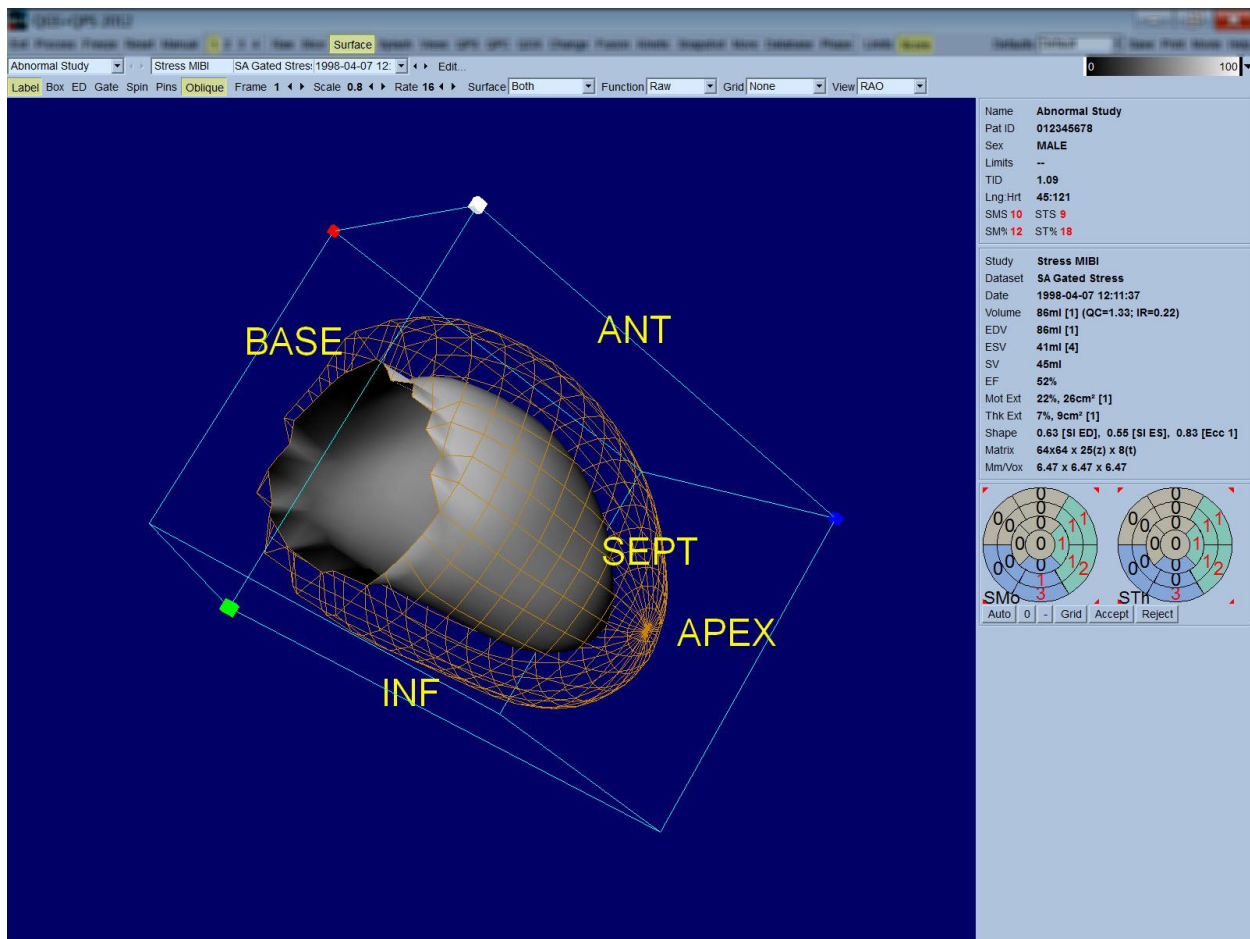




Die Bewertung wird weiter durch Farbcodierung der Segmente optimiert, basierend auf den Koronargefäßen, die dieses Segment versorgen. Die hellbraunfarbigen Segmente werden der LAD, die grünen der LCX und die blauen der RCA zugewiesen. Die Anwendung versucht standardmäßig die Koronargefäße basierend auf den visuellen Werten auszuwählen. Dies kann durch Rechtsklicken auf ein Segment und durch Auswahl des entsprechenden Gefäßes aus der Liste der Gefäße überschrieben werden. In einigen Fällen ist es unklar, zu welchem Gefäß der Defekt gehört. Wenn dies auftritt, wählen Sie das fragliche abnormale Segment und wählen Sie eine Kombination von Gefäßen aus. Die Schaltfläche **Auto (Autom.)** lädt die automatisch erzeugten Bewertungen.

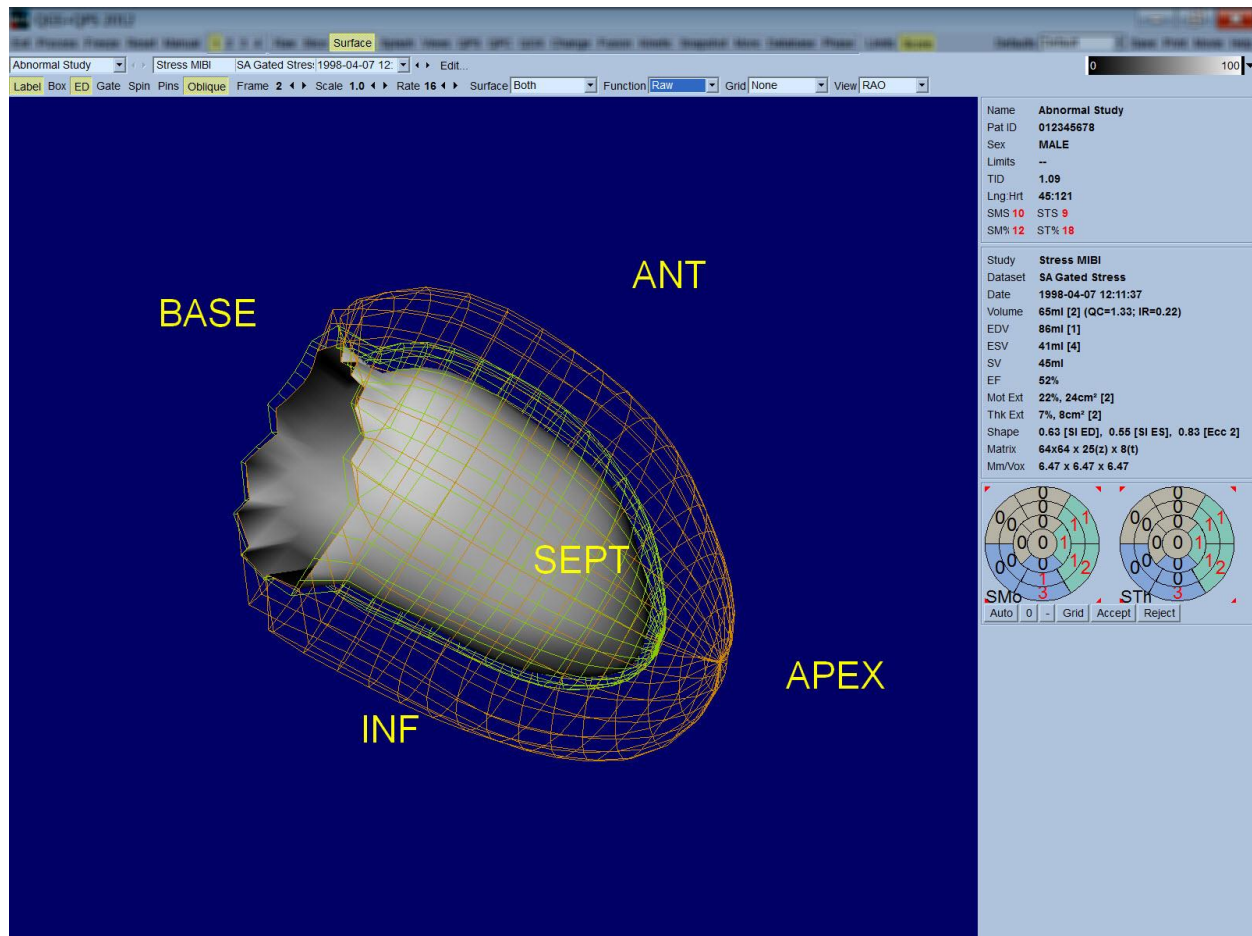
#### 4.10. Überprüfen der SPECT-Bilder auf der Seite „Surface“ (Oberfläche)

Durch Klicken auf die Seitenanzeige **Surface (Oberfläche)** wird die unten gezeigte Seite „Surface“ (Oberfläche), eine parametrische Darstellung des LV, die aus einer Drahtgitteroberfläche (Epikard) und einer schattierten Oberfläche (Endokard) besteht, eingeblendet. Diese Art von Darstellung ist für die Perfusion nicht nützlich, da sie für getriggerte SPECT-Daten gedacht ist, sie kann sich jedoch trotzdem bei der Beurteilung der LV-Größe und -Form hilfreich erweisen. Durch Klicken auf **Gate (Trigger)** kann das Cine-Display die 3D-Bewegung des Endokards und Epikards über den Herzzyklus hinweg nachverfolgen, wobei der Bediener das Bild durch Klicken und Ziehen interaktiv und in Echtzeit beliebig positionieren kann.



Obwohl die Myokardverdickung möglicherweise vom epi-/endokardialen Display beurteilt werden kann, lässt sich die Bewegung einfacher von einem Display beurteilen, welches das Endokard sowie dessen Position bei der Enddiastole enthält. Dies wird durch Auswahl der Option **Inner (Innere)** im Pulldown-Menü „Surface“ (Oberfläche) und durch Klicken auf und Hervorheben von **ED** auf der Steuerleiste der Seite erzielt.

Mit dieser Art von Display und aktivierter Umschalttaste **Gate (Trigger)** ist eine gute Repräsentation der regionalen Bewegung, wie gut sich das Endokard von seiner festen Position in der Enddiastole wegbewegt. Es empfiehlt sich, alle drei Oberflächen durch Auswahl von **Both (Beide)** im Pulldown-Menü „Surface“ (Oberfläche) anzuzeigen.

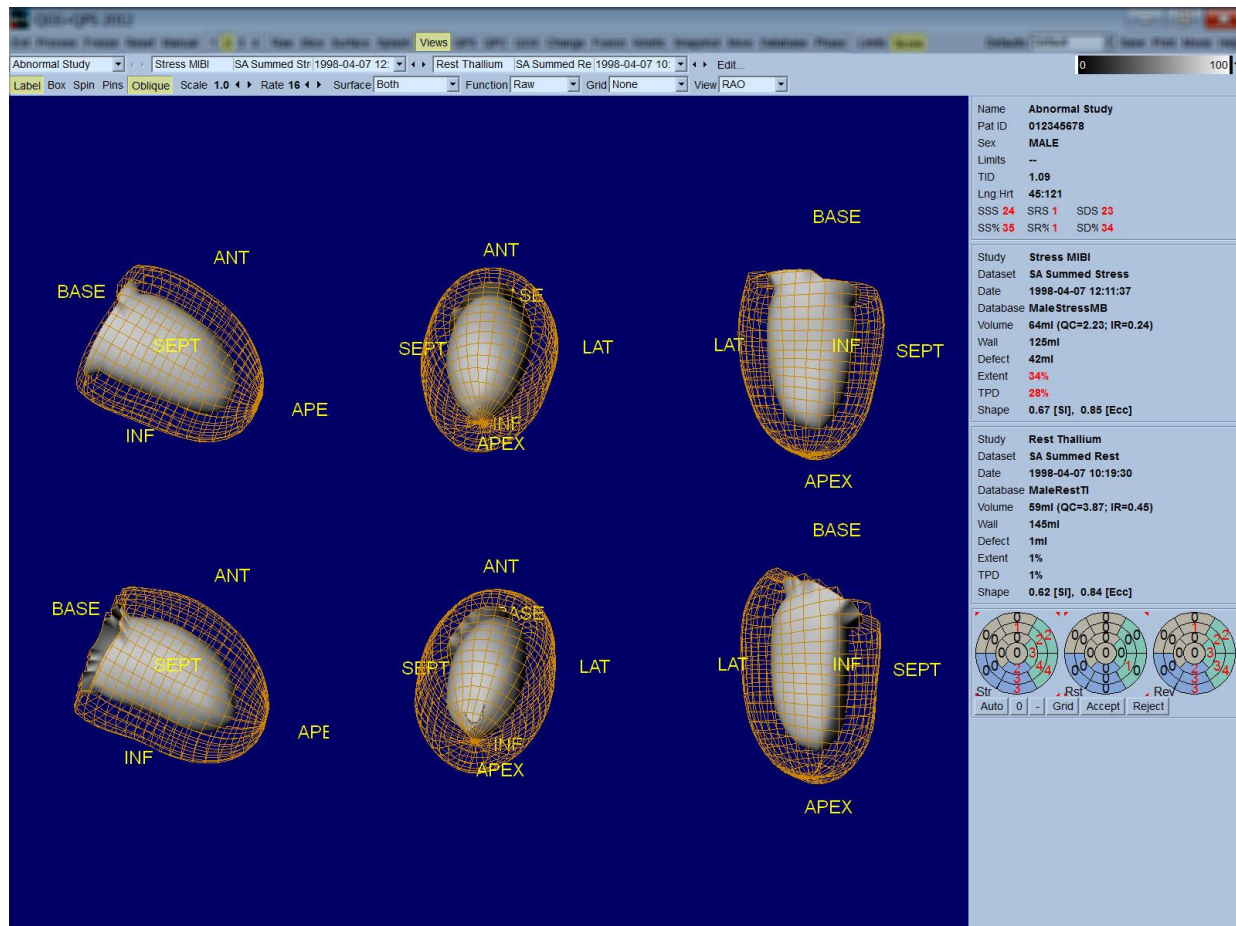


Für die Beurteilung der Funktion sind der Endokardoberfläche keine Impulse zugeordnet, da dies bei Patienten mit großen Perfusionsdefekten die Beurteilung der regionalen Funktion erschweren würde. Um den Verlauf der Perfusion während des Herzzyklus zu veranschaulichen, wählen Sie die Option **Counts (Impulse)** im Pulldown-Menü „Surface“ (Oberfläche) aus. Dadurch wird die mittmyokardiale Oberfläche mit der ihr maximal zugeordneten Impulszahl angezeigt.

Für die Beurteilung der Perfusion sind der Endokardoberfläche keine Impulse zugeordnet, da dies bei Patienten mit großen Perfusionsdefekten die Beurteilung der LV-Größe und -Form erschweren würde. Wenn Sie die 3D-Perfusion darstellen möchten, wählen Sie die Option „Function“ (Funktion) im Pulldown-Menü „Surface“ (Oberfläche) aus. Dadurch wird die mittmyokardiale Oberfläche mit der ihr maximal zugeordneten Impulszahl angezeigt.

#### 4.11. Überprüfen der getriggerten SPECT-Bilder auf der Seite „Views“ (Ansichten)

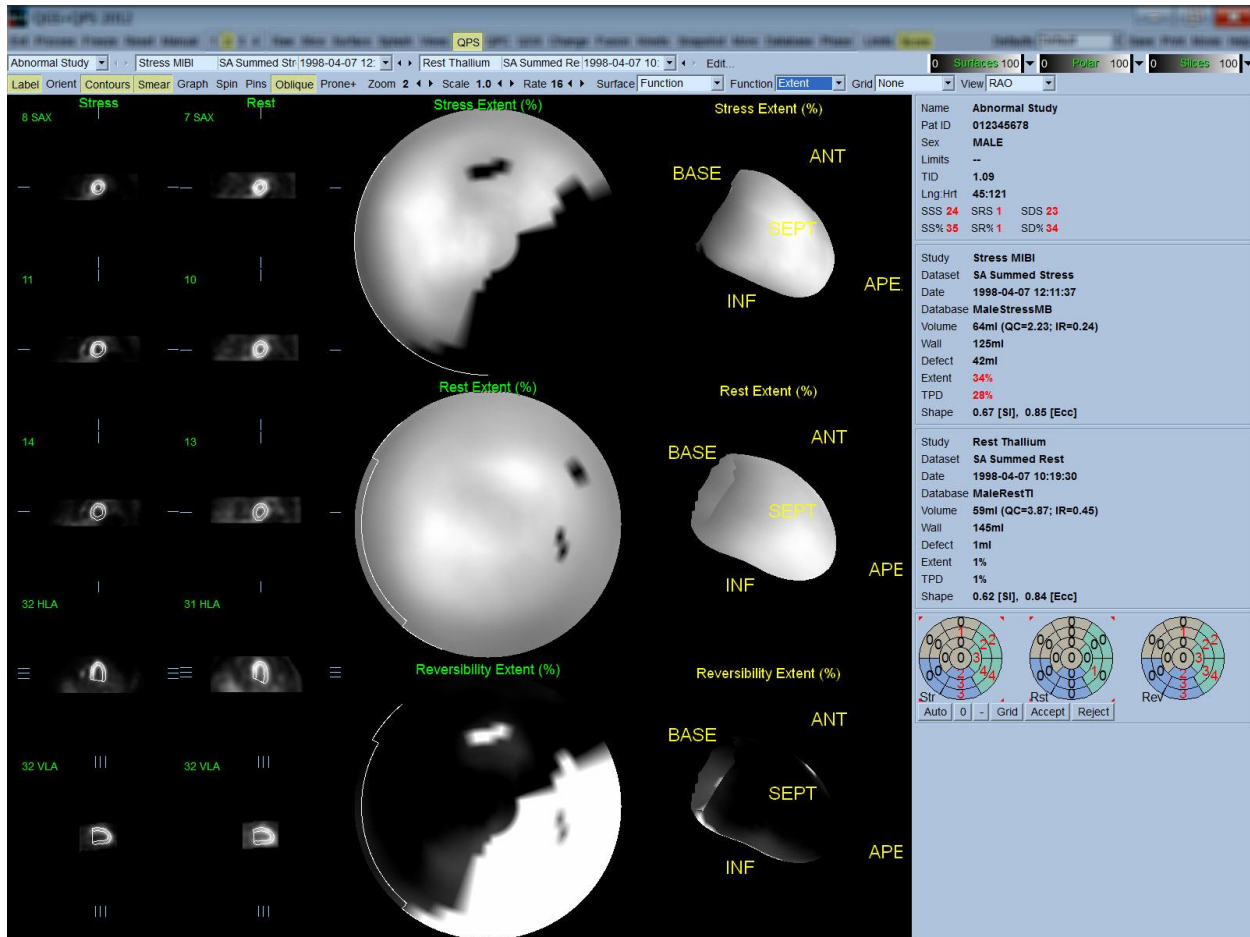
Durch Klicken auf die Seitenanzeige **Views (Ansichten)** wird die Seite „Views“ (Ansichten) mit sechs 3D-Ansichtsfenstern eingeblendet, die denen auf der Seite „Surface“ (Oberfläche) sehr ähnlich sind. Der Hauptzweck dieser Seite besteht in der kompletten Erfassung des LV (wenngleich mit kleineren Bildern als denen auf der Seite „Surface“ (Oberfläche) sowie in der Erleichterung des Vergleichs von Belastungs- und Ruhebildern durch deren Bewegung im Gleichschritt mit Linksklicken und Ziehen. Es empfiehlt sich wiederum die Auswahl der Option **Function (Funktion)** im Pulldown-Menü **Surface (Oberfläche)**, wenn die Perfusion beurteilt werden soll. Für getriggerte KA-Datensätze werden in der oberen Reihe die enddiastolischen Ansichten der RAO-, LAO- und inferioren Ausrichtungen angezeigt. Die untere Reihe zeigt dieselben Ansichten und Oberflächen in der Endsystole an. Die Bilder können als Cine-Display des Herzzyklus angezeigt werden, indem man auf die Umschaltfläche **Gate (Trigger)** klickt. Wird mehr als ein Datensatz gewählt, werden drei Ausrichtungen pro Datensatz angezeigt und im Cine-Modus wiedergegeben, wobei jede Bildspalte im Gleichschritt durch Linksklicken und Ziehen bewegt werden kann.



#### 4.12. Gesamtüberblick: die Seite „QPS Results“ (QPS-Ergebnisse)

Durch Klicken auf die Schaltfläche **QPS** wird die Seite „QPS Results“ (QPS-Ergebnisse) eingeblendet, die alle auf die Perfusions-SPECT-Studie dieses Patienten bezogenen Daten in synthetischem Format darzustellen versucht. Falls verfügbar, werden auf der Seite „Results“ (Ergebnisse) zwei Datensätze angezeigt (**1**, **3** und **4** die Anzeigeeoptionen sind inaktiv). Durch Klicken auf die Umschaltfläche **Score (Bewertung)** wird das Bewertungsfeld entweder durch eine Tabelle, die das Ausmaß des Belastungs- und Ruhedefekts und TPD (Gesamtperfusionsdefizit) sowie die Defektreversibilität (Umschaltfläche **Graph (Diagramm)** deaktiviert) oder ein Balkendiagramm, das Ausmaß und Reversibilität des Belastungsdefekts in Prozent anzeigt (Umschaltfläche **Graph (Diagramm)**) ersetzt. Wenn von dieser Seite eine Momentaufnahme mit deaktivierter Umschaltfläche **Contours (Konturen)**, aktivierter Umschaltfläche **Smear (Schnittweise glätten)** und gewählter Option **Extent (Ausmaß)** im Pulldown-Menü **Function (Funktion)** angefertigt wird, wäre dies ein gutes repräsentatives Bild, das an den überweisenden Arzt gesandt werden kann. Die folgende Regel gilt für alle pixelbasierten Werte (TPD, Ausmaß und Defekt) und segmentbasierten Werte (visuelle Werte): wannimmer Ruhewerte Werte enthalten, die bei Ruhe höher sind als bei Belastung (bei pixelweisem oder segmentweisem Vergleich eines Belastungs-/Ruhe-Paars); in diesen Situationen wird das Ruhesegment oder der Pixel den Belastungswerten zugeordnet.





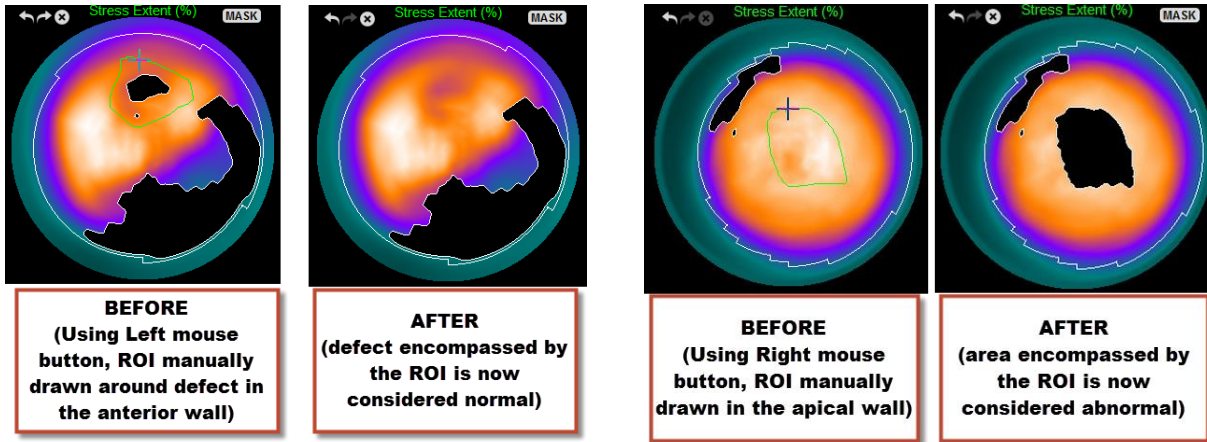
#### 4.12.1. Beurteilung der Polardiagramme

Die Ergebnisseite enthält drei Polardiagramme der Perfusion und drei parametrische 3D-Oberflächen (Belastung, Ruhe und Reversibilität). Das Pulldown-Menü **Function (Funktion)** enthält die Optionen **Raw (Rohdaten)**, **Severity (Schweregrad)** und **Extent (Ausmaß)**, die alle sowohl auf 2D- als auch 3D-Displays anwendbar sind. Ein Raster aus 20 oder 17 Segmenten (**Segments (Segmente)**), 3 Gefäßbereichen (**Vessels (Gefäße)**) oder 5 Regionen (**Walls (Wände)**) kann allen Polardiagrammen und Oberflächen über das Pulldown-Menü **Grid (Raster)** überlagert werden. Für Polardiagramme repräsentieren die auf das Overlay bezogenen Zahlen den Durchschnittswert der Parameter, die von jedem Diagramm innerhalb des Segments, Gebiets oder der Region, in dem/r sie sich befinden, gemessen werden. Sowohl die Belastungs- als auch die Ruhe-Perfusionswerte werden auf 100 normiert.

#### 4.12.2. Intelligenter Defekt-Editor

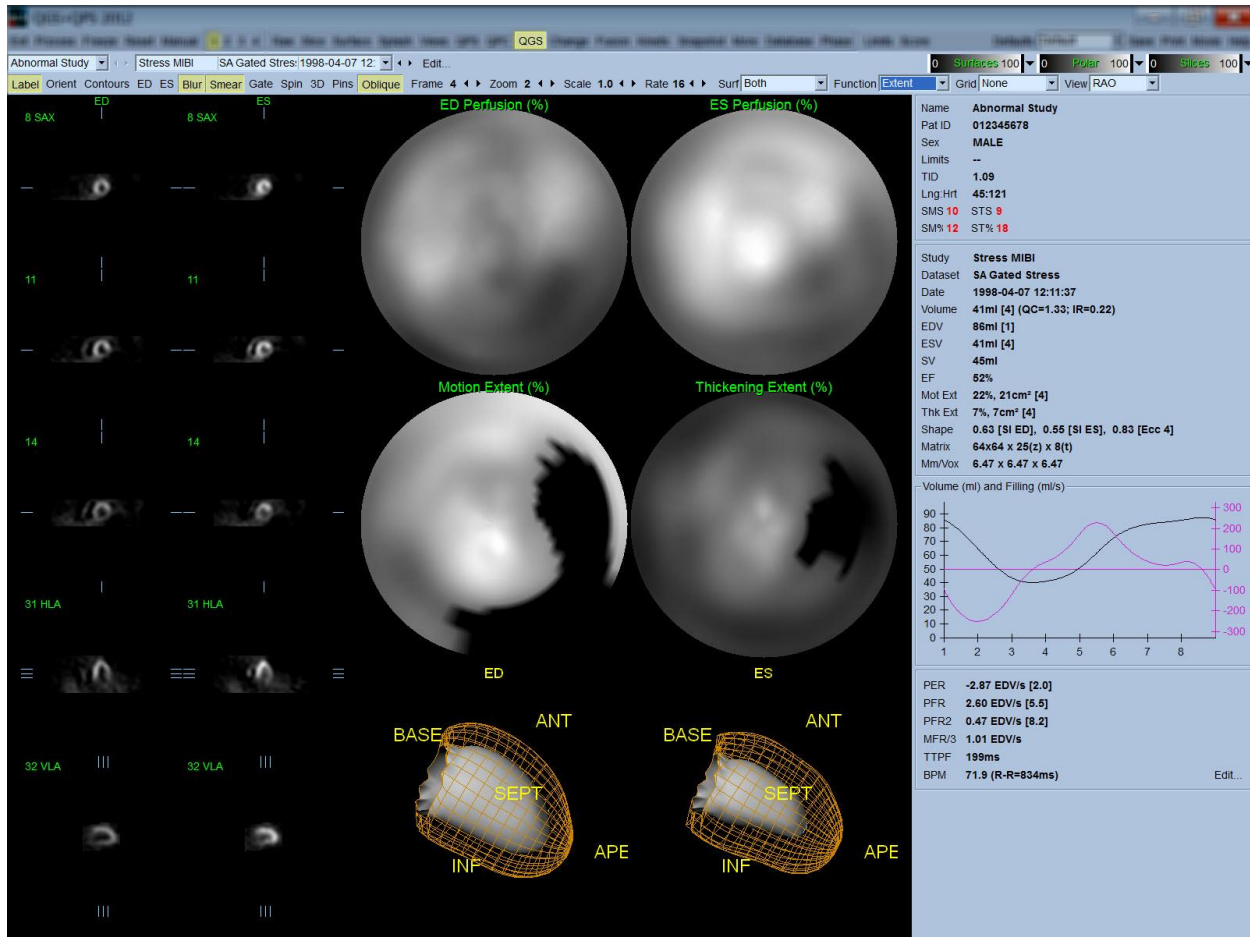
Der intelligente Defekt-Editor kann zur manuellen Bearbeitung der Polardiagramme des Defektausmaßes verwendet werden. Der Benutzer kann mit dem Tool Defekte hinzufügen, entfernen oder ändern. Manuelle Bearbeitungen wirken sich auch auf die quantitativen Ergebnisse, wie z.B. Defekt, Ausmaß, TPD, visuelle Segmentwerte und summierte Werte aus. Zur Verwendung des Defekt-Editors klicken Sie auf die Umschaltfläche **Mask (Maske)** auf der Seite **QPS**.

Abnormale Bereiche können normalisiert werden, indem die linke Maustaste gedrückt gehalten und eine Region um die abnormalen Pixel eingezeichnet wird. Entsprechend können normale Bereiche als abnormal gekennzeichnet werden, indem die rechte Maustaste gedrückt gehalten und eine Region eingezeichnet wird.



#### 4.13. Gesamtüberblick: die Seite „QGS Results“ (QGS-Ergebnisse)

Durch Klicken auf die Schaltfläche **QGS** wird die unten gezeigte Seite QGS Results (QGS-Ergebnisse) eingeblendet, die alle auf die getriggerte SPECT-Studie dieses Patienten bezogenen Daten in synthetischem Format darzustellen versucht. Die Seite „QGS Results“ (QGS-Ergebnisse) unterstützt nur den Einzeldatensatz-Modus (die Display-Modus-Schaltflächen **2**, **3** und **4** sind inaktiv). Sowohl die repräsentativen Kurzachsenschnitte als auch die 3D-Oberflächen der Enddiastole als auch der Endsystole werden angezeigt und letztere können durch Klicken auf **Gate (Trigger)** im Cine-Modus angezeigt werden. Durch Klicken auf die Umschaltfläche **Score (Bewertung)** wird das Bewertungsfeld durch ein Diagramm ersetzt, das die Zeitvolumenkurve (schwarz) und ihre Ableitungskurve (Füllkurve), von der die diastolischen Parameter berechnet werden, zeigt. Die Zeitvolumenkurve sollte zur Beurteilung des Vorliegens von Triggerungsfehlern dienen. Wenn von dieser Seite eine Momentaufnahme mit deaktivierter Umschaltfläche **Contours (Konturen)**, aktivierten Umschaltflächen **Blur (Verzerren)** und **Smear (Schnittweise glätten)** und gewählter Option **Extent (Ausmaß)** im Pulldown-Menü **Function (Funktion)** angefertigt wird, wäre dies ein gutes repräsentatives Bild, das an den überweisenden Arzt gesandt werden kann.



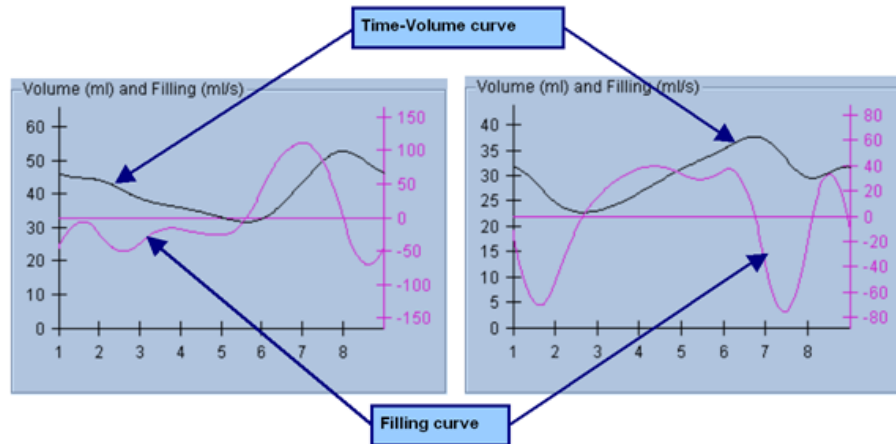
#### 4.13.1. Beurteilung der Zeitvolumenkurve

Von einer gültigen Zeitvolumenkurve wäre zu erwarten, dass ihr Minimum (Endsystole) bei Einzelbild 3 oder 4 und ihr Maximum (Enddiastole) bei Einzelbild 1 oder 8 einer getriggerten Akquisition mit 8 Einzelbildern liegt. Bei einer getriggerten Akquisition mit 16 Einzelbildern wäre zu erwarten, dass ihr Minimum (Endsystole) bei Einzelbild 7 oder 8 und ihr Maximum (Enddiastole) bei Einzelbild 1 oder 16 liegt. Falls grobe Abweichungen von diesem erwarteten Verhalten auftreten, wäre die wohlüberlegte Annahme, dass die Triggerung nicht erfolgreich war und die Studie wiederholt werden muss. Unten werden zwei Beispiele von ungültigen Zeitvolumenkurven gezeigt.

Es sollte angemerkt werden, dass sich jegliche Fehler auf der Zeitvolumenkurve (Triggerungsfehler) auf die Füllkurve verbreiten, da die Füllkurve die erste Ableitung der Zeitvolumenkurve ist.

*Hinweis: Auf dem Diagramm der Zeitvolumenkurve wird der volumetrische Wert für Intervall 1 der Kurve, je nachdem, ob es sich um eine getriggerte Akquisition mit 8 oder 16 Einzelbildern handelt, jeweils nach Intervall 8 oder 16 „angehängt“.*





#### 4.13.2. Beurteilung der Polardiagramme

Die Seite „QGS Results“ umfasst zwei Polardiagramme der Perfusion (bei der Enddiastole und Endsystole) sowie zwei Polardiagramme der Funktion (regionale Bewegung und Verdickung). Das Pulldown-Menü **Function (Funktion)** enthält die Optionen **Raw (Rohdaten)**, **Extent (Ausmaß)** und **Severity (Schweregrad)**, die alle sowohl auf Polardiagramme der Funktion anwendbar sind. Von diesen ist nur **Raw (Rohdaten)** bedeutend für das Fehlen der Bewegungs-/Verdickungsnormwerte. Ein Raster aus 20 oder 17 Segmenten (**Segments (Segmente)**), 3 Gefäßbereichen (**Vessels (Gefäßen)**) oder 4 Regionen (**Walls (Wände)**) kann allen Polardiagrammen über das Pulldown-Menü **Grid (Raster)** überlagert werden: In jedem Fall repräsentieren die auf das Overlay bezogenen Zahlen den Durchschnittswert der Parameter, die von jedem Diagramm innerhalb des Segments, Gebiets oder der Region, in dem/r sie sich befinden, gemessen werden.

Die Zuordnung der Endokardbewegung auf dem Polardiagramm der Bewegung erfolgt nach einem linearen Modell von 0 mm bis 10 mm. Eine Bewegung um mehr als 10 mm wird mit = 10 mm angesetzt (die Skala ist bei 10 mm „gesättigt“), während eine Bewegung <0 mm (Dyskinesie) mit = 0 mm angesetzt wird. Entsprechend wird eine Verdickung um mehr als 100% mit = 100% angesetzt (die Skala ist bei 100% „gesättigt“), während eine Verdickung <0% (paradoxe Verdünnung) auf dem Polardiagramm der Verdickung mit = 0% angesetzt wird. Im Gegensatz zum Polardiagramm der Bewegung, das „absolut“ (Millimeter) ist, ist die Verdickungsmatrix „relativ“ (Dicke erhöht sich von der Enddiastole zur Endsystole hin).



**VORSICHT:** Obwohl sich das Vorhandensein von Perfusionsdefekten auf den Perfusions-Polardiagrammen ziemlich gut nach „Augenmaß“ beurteilen lässt, trifft dies nicht auf die Bewegungs- und Verdickungs-Polardiagramme zu! Es ist wohl bekannt, dass sich das Septum selbst bei normalen Patienten in der Regel weniger bewegt als die laterale Wand (was zu einem „dunklen“ Bereich auf dem Bewegungs-Polardiagramm führt), und der Apex verdickt sich stärker als die Basis (was zu einem „Spiegelei-Aussehen“ der Verdickungsmatrix führt). Die Polardiagramme der Funktion lassen sich am besten durch Auswahl der Option **Extent (Ausmaß)** im Pulldown-Menü **Function (Funktion)** beurteilen, mit der abnormale Bereiche verdunkelt werden.

#### 4.13.3. Pixel(Voxel)-Größe

Bereichs- und Volumenmessungen können durch inkorrekte Auflistung der Pixelgröße in der Bildüberschrift erschwert werden. Dies ist normalerweise kein Problem beim LVEF, der aus einem Volumenquotienten abgeleitet wird. Entsprechend können Perfusionsmessungen, wie z.B. der absolute Bereich der Perfusionsdefekte, (jedoch nicht die Messungen des Defektbereichs als Prozentsatz vom LV!) durch inkorrekte Auflistung der Pixelgröße im Bild erschwert werden. Die Pixelgröße wird in der Regel basierend auf den bekannten Aufnahmefeld- und Zoomdaten automatisch von modernen Kameras berechnet. Ältere Kameras bzw. „Hybrid“-Systeme (bei denen die Kamera eines Herstellers mit dem Computer eines anderen Herstellers vernetzt ist) sind jedoch u.U. nicht darauf eingerichtet, Pixelgrößendaten von der Gantry zu übertragen oder benutzen eventuell eine „Standard“-Größe (z.B. 1 cm) als Standard. In diesen Fällen sollte durch Abbildung eines bekannten Musters ein Korrekturfaktor manuell berechnet (zum Beispiel zwei durch einen exakten Abstand getrennte Linienquellen) und die Anzahl der Pixel zwischen den Schwerpunkten der Linien im rekonstruierten transaxialen Bild gezählt werden. Die Hauptteile einer Bildüberschrift (u.a. die Pixel- oder Voxelabmessungen) können durch Auswahl der Seite **More (Mehr)** angezeigt werden.



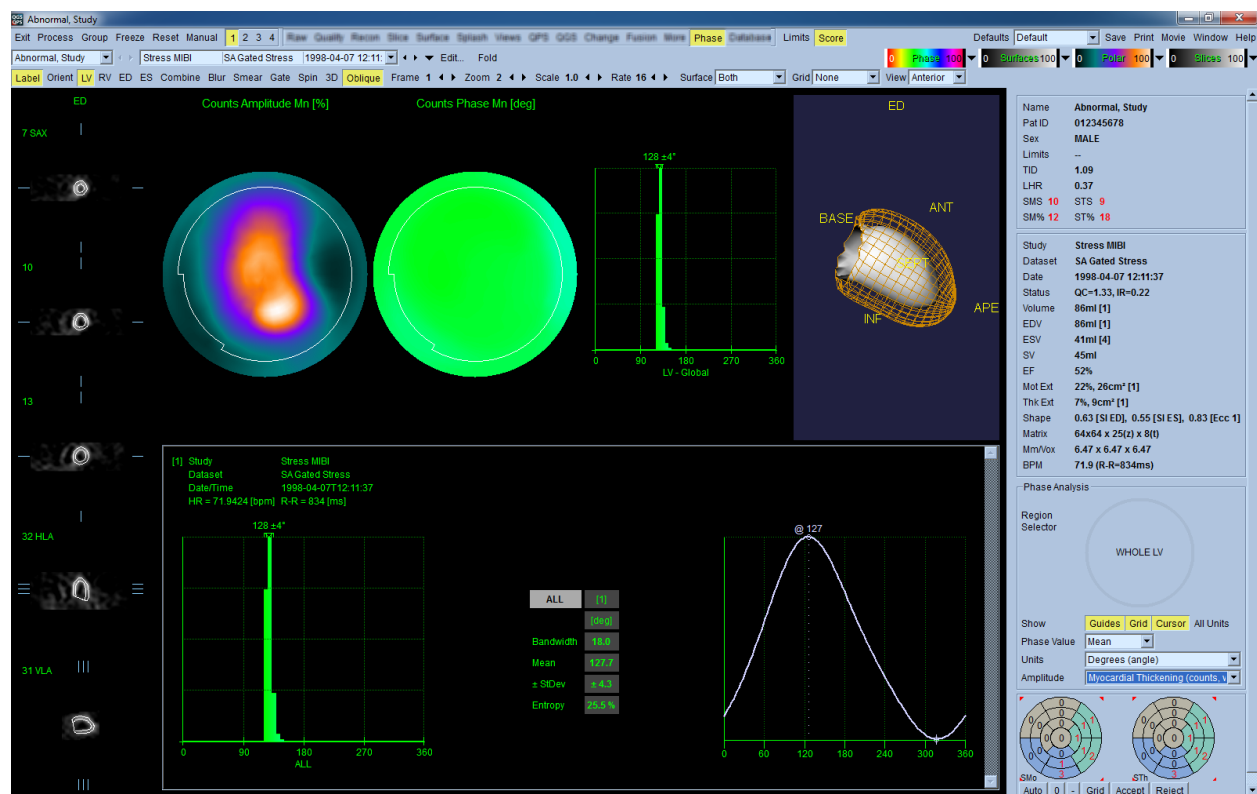
**VORSICHT:** Man sollte sich vor allem bei den auf der Seite **More (Mehr)** als Ganzzahlen (0 und 1 kommen am häufigsten vor) aufgelisteten Pixelgrößen vorsehen, da sie oft auf ein Transferproblem hinweisen.

#### 4.14. Phasenanalyse

Um bei getriggerten Studien die globalen und regionalen Phasendaten anzuzeigen, klicken Sie auf die Schaltfläche der Seite **Phase**. Wenn die Symbolleisteneinstellung **Grid (Raster)** auf **None (Keine)** eingestellt ist, wird eine globale Statistik angezeigt. Falls ein Raster wie **Vessels (Gefäße)** (unten gezeigt) gewählt ist, wird in jeder Region eine Statistik angezeigt. Schalten Sie mit der Symbolleisten-Umschaltfläche **Combine (Kombinieren)** zwischen den separaten und kombinierten Phasen- und Amplituden-Polardiagrammen oder den parametrischen Oberflächen hin und her.

Die im Infocfeld verfügbaren, zusätzlichen Bedienelemente (rechts von der Anwendung) dienen zur Steuerung von Anzeigeeoptionen wie ein Echtzeit-Diagrammcursor oder Anzeigeeinheiten, und mit der Polardiagramm-Umschaltfläche kann das ROI-Display auf bestimmte ROIs beschränkt werden. Im Datensatzmodus 2 sind die Zeitaktivitätskurven ausgeblendet, um Platz für einen weiteren Satz Histogramme zu schaffen, und im Datensatzmodus 3 oder 4 sind die ROI-Displays ganz ausgeblendet. Weitere Informationen finden Sie im **Referenzhandbuch**.

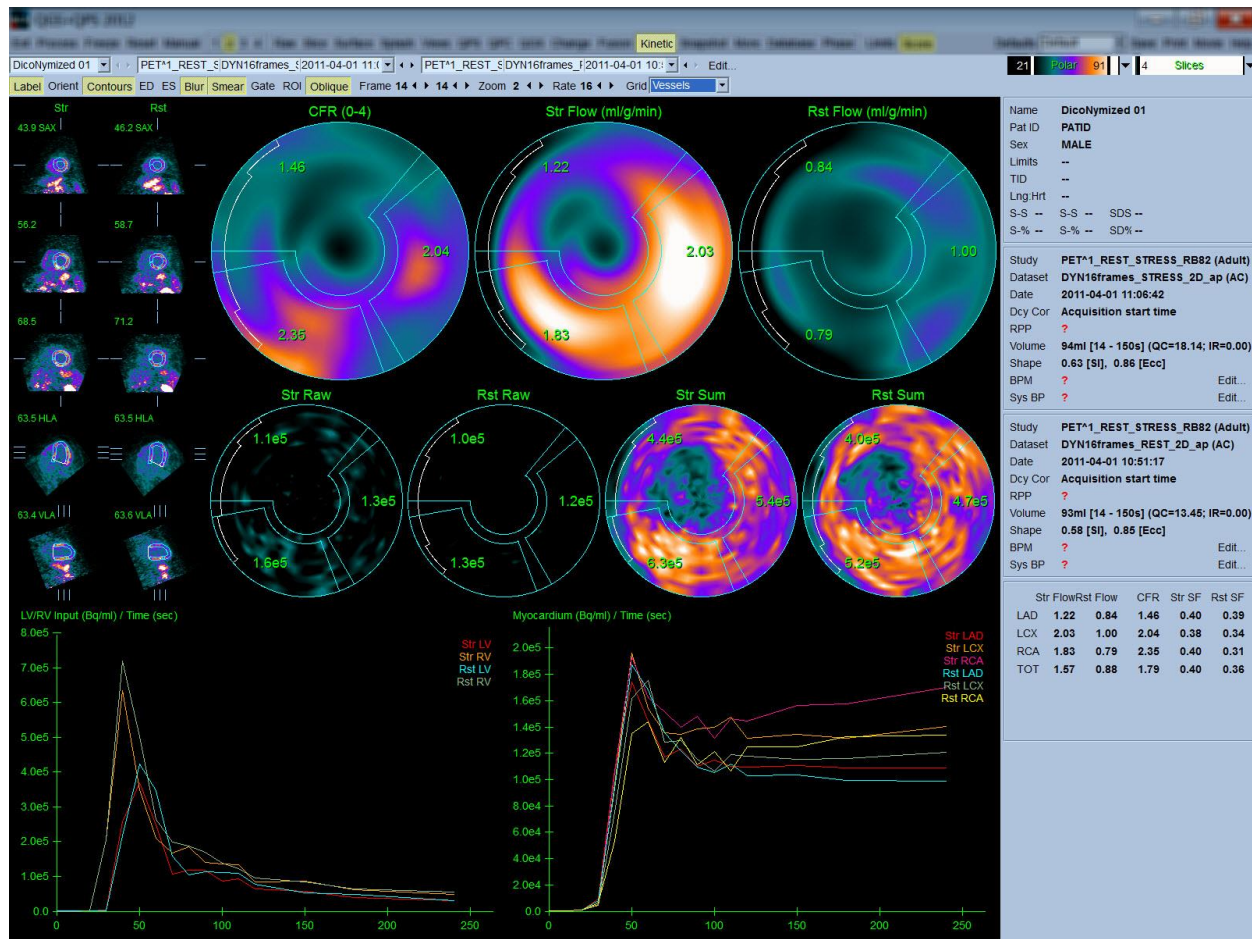
**HINWEIS:** Der Phasenanalyse-Algorithmus wurde bei der Version 2015 und höher modifiziert, um basalen Impulsabweichungen, die der tatsächlichen Myokardverdickung nicht entsprechen, jedoch statt dessen durch Bewegung der Herzklappenebene zwischen Diastole und Systole verursacht werden, auszuschließen.



#### 4.15. Kinetische Analyse - Koronare Flussreserve

Die Funktion für die kinetische Analyse bei dynamischen PET- und SPECT-Studien ermöglicht die automatisierte Quantifizierung des absoluten Belastungs- und Ruhe-Blutflusses im Myokard anhand von Algorithmen, die speziell für PET Rb- und NH<sub>3</sub>- sowie für SPECT-Tc99m-basierte Tracer entwickelt wurden. Sie ermöglicht außerdem die nicht-invasive Bestimmung der absoluten koronaren Flussreserve (CFR). Die Methode für kinetische Modellierung ist bei Rb-82 das 1-Gewebe-Kompartiment-Modell (Lortie et al., EJNM 34:1765-1774, 2007). Dahingegen verwendet die Methode für kinetisches Modellieren bei Stickstoff-13-Ammoniak das vereinfachte 2-Kompartiment-Modell (Choi et al., JNM 34(3):488-497, 1993).

Die Methode für kinetische Modellierung verwendet bei Tc-99m-SPECT-Bildern das 1-Kompartiment-Modell (Leppo et al., Circ Res. 1989;65:632-639).



#### 4.15.1. Voraussetzungen für die Seite „Kinetic“ (Kinetisch)

Die Funktion „Kinetic“ (Kinetisch) setzt mindestens einen verarbeiteten transversalen dynamischen Herz-PET- oder -SPECT-Datensatz voraus. Für die CFR-Ergebnisse sind sowohl von Ruhe als auch von Belastung dynamische Herz-PET-Datensätze im transversalen Format erforderlich. Die kinetische Analyse ist dafür konzipiert, mit einer beliebigen Anzahl von Einzelbildern zu funktionieren, in klinischen Situationen werden jedoch in der Regel 16-26 Einzelbilder verwendet.

#### 4.15.2. Displays der Seite „Kinetic“ (Kinetisch)

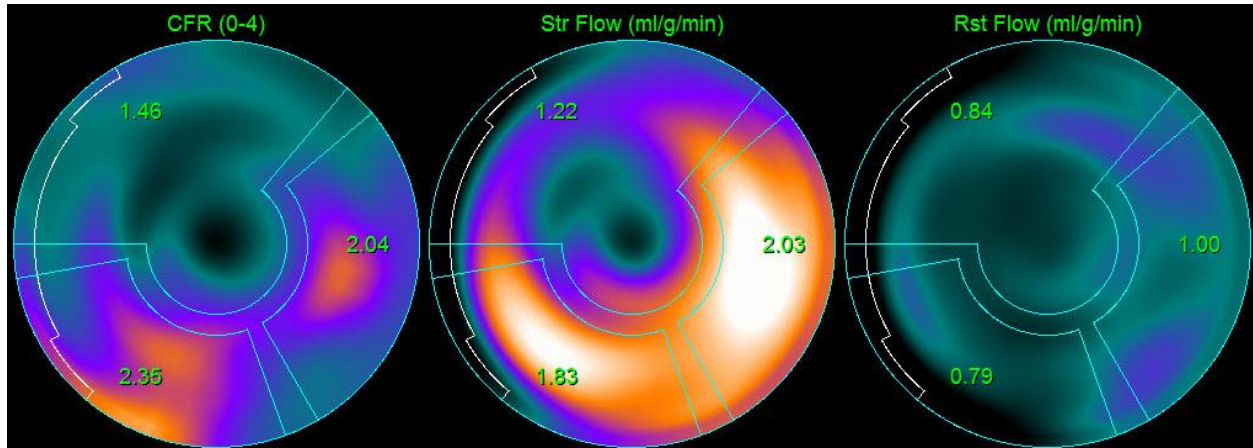
Die Seite „Kinetic“ (Kinetisch) zeigt quantitative Ergebnisse anhand von Polardiagramm-, Zeitaktivitätskurven- und Bewertungstabellenformaten an.

- **Polar Maps**-Es gibt zwei Reihen mit Polardiagrammen, die auf der Seite „Kinetic“ (Kinetisch) angezeigt werden.

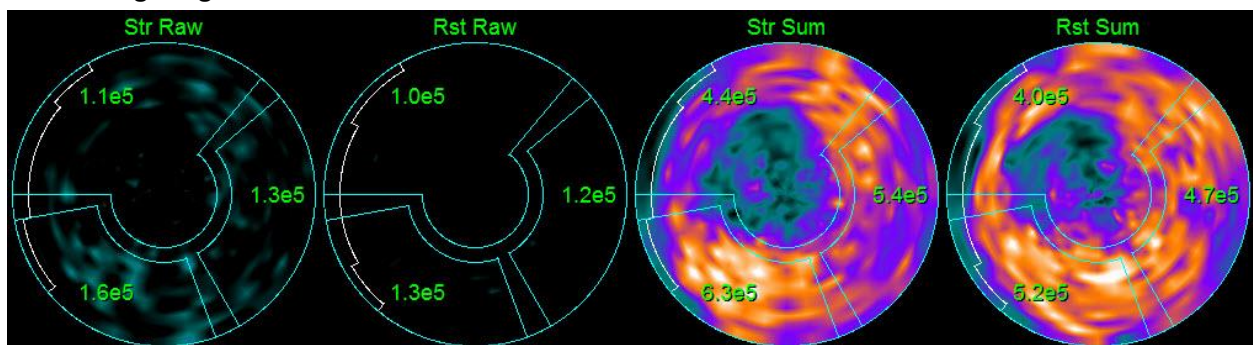
Die im oberen Bereich der Seite angezeigten Polardiagramme zeigen für die jeweils geladenen Datensätze den absoluten Blutfluss im Myokard in ml/g/min bei Ruhe und Belastung an.



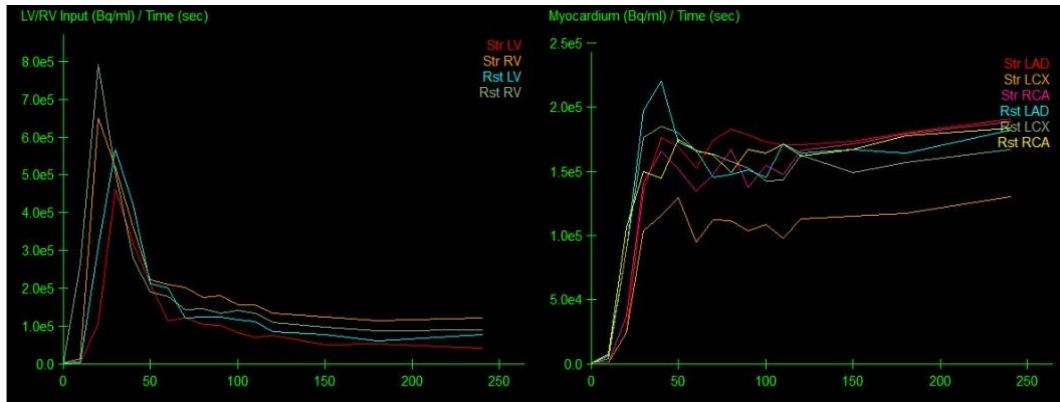
Sind sowohl Ruhe- und Belastungsdatensätze des dynamischen Flusses geladen, zeigt ein weiteres CFR-Polardiagramm außerdem die koronare Flussreserve an. Die Polardiagramme können über das Pulldown-Menü **Grid (Raster)** in Gefäße, Gruppen, Wände und Segmente segmentiert werden. Für jedes benutzerdefinierte Segment werden die Polardiagramm-Pixelwerte gemittelt.



- Die in der Mitte der Seite angezeigten Polardiagramme zeigen die Aktivität des Radiopharmakons (Tracers) im Myokard in  $[(\text{Bq/ml})/\text{Zeit}(\text{Sek})]$  an. In diesem Bereich werden bis zu 4 Polardiagramme angezeigt, wenn sowohl die Ruhe- als auch Belastungs-Blutflussdatensätze geladen sind. Zwei der Polardiagramme zeigen die summierten Daten aller Einzelbilder; die übrigen beiden Polardiagramme zeigen die Daten für das jeweils angezeigte Einzelbild.



- **Zeit-/Aktivitätskurven**-Die Zeit-/Aktivitätskurven zeigen die Aktivität des Radiopharmakons sowohl im Herzbinnenraum des rechten als auch linken Ventrikels (links) und für das Myokard (rechts) an. Wenn die Einstellung **Grid (Raster)** auf **Vessels (Gefäße)** gesetzt wird, zeigt das Myokard-Diagramm außerdem die Kurven für jedes der 3 Haupt-Koronarblutgefäße an (LAD, LCX und RCA). Die Werte auf den Zeit-/Aktivitätskurven stellen die absolute Aktivität des Radiopharmakons dar [Bq/ml]/Zeit[Sek].

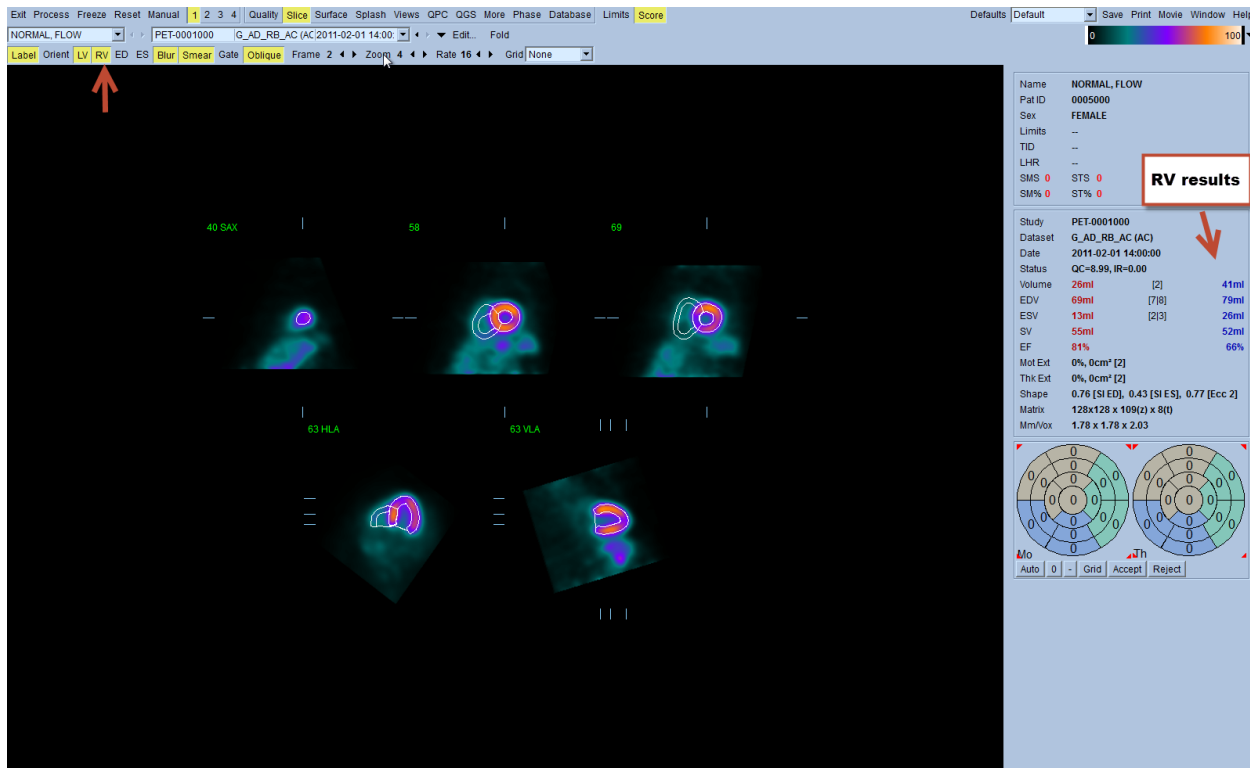


- **Ergebnisse (Bewertungen)**-Unten rechts auf dem Bildschirm werden für jeden Bereich des Myokards die Ergebnisse für den absoluten Blutfluss, CFR (koronare Flussreserve) und die Spill-over-Fraktion (SF) gezeigt. SF ist die Menge des Radiopharmakons, die aus der Herzbinnenraumregion für Belastung und Ruhe ins Myokard „übergelaufen“ ist (durch Segmentierung oder Konturen definiert). Der SF-Wert erleichtert dem Kliniker die Qualitätskontrolle der technischen Qualität des Datensatzes. Ein SF-Wert  $\geq 60\%$  oder 0,60 gilt als schlechte Qualität.

	Str Flow	Rst Flow	CFR	Str SF	Rst SF
LAD	1.11	1.07	1.08	0.30	0.30
LCX	1.28	1.02	1.30	0.30	0.29
RCA	1.20	0.72	1.70	0.30	0.29
TOT	1.18	1.00	1.25	0.30	0.30

#### 4.16. Quantifizierung des rechten Ventrikels (RV)

Automatisierte Quantifizierung des rechten Ventrikels ist nun für unterstützte getriggerte Datensätze verfügbar. Aktivieren Sie die Umschaltfläche **RV** und klicken Sie dann auf **Process (Verarbeiten)**, um RV-Konturen und quantitative Ergebnisse zu erstellen.



#### 4.17. Calcium Scoring

Die Seite „Calcium“ dient zur Quantifizierung und Begutachtung der Koronarkalzifizierung. Für die diagnostische Befundung wird auf dieser Seite ein hochwertiger, ohne Kontrastmittel erfasster CT-Datensatz vorausgesetzt. Die Seite bietet Tools für die Erkennung von Kalziumläsionen auf dem Scan. Der Gesamtwert der Koronarkalzifizierung (Agatston Score) wird lediglich aus Läsionen berechnet, die einer der Koronararterien (LM, LAD, LCX oder RCA) zugewiesen sind. Nähere Einzelheiten zur Seite „Calcium“ sind im QGS+QPS-Referenzleitfaden beschrieben.

The screenshot displays the REEDAV\_0334 software interface. The main window shows a CT scan of a heart with a pink overlay indicating calcium lesions. The left sidebar shows a list of slices with a red bar indicating the current slice. The right sidebar contains patient information and a table of calcium scoring results.

**Calcium Scoring Results:**

Location	Lesion Count	Volume [mm <sup>3</sup> ]	Score
[1] LM	1	90.10	120.1
[2] LAD	1	4.40	2.9
[3] LCx	3	71.79	83.3
[4] RCA	2	13.92	11.5
<b>Total</b>	<b>7</b>	<b>180.20</b>	<b>217.8</b>
[5] Asc Aorta	—	—	—
[6] Desc Aorta	—	—	—
[7] Aortic Arch	—	—	—
<b>Aortic Total</b>	—	—	—
[8] Mitral V	—	—	—
[9] Aortic V	—	—	—
[0] Erase	—	—	—

**Calcium Score Percentile and Risk:**

Patient race: Not Set

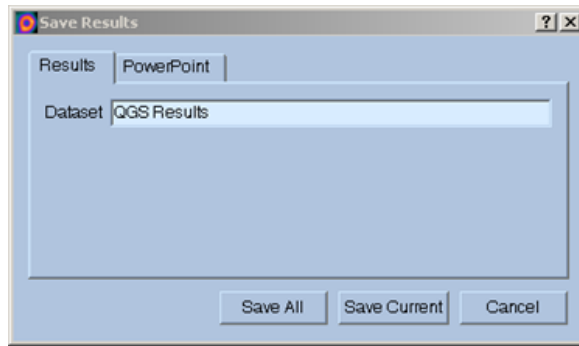
The following must be corrected to obtain percentile and risk information:

- Patient race must be set.

#### 4.18. Speichern Ihrer Ergebnisse

Bei Abschluss der oben beschriebenen Auswerte- und Überprüfungsschritte hat der Benutzer die Wahl, die Ergebnisse in einer zusammengesetzten Ergebnisdatei zu speichern. Klicken Sie in der Hauptsymbolleiste auf **Save (Speichern)**, um das Dialogfeld **Save Results (Ergebnisse speichern)** anzuzeigen.





Es stehen zwei Hauptoptionen für das Speichern von Ergebnisdateien zur Auswahl, **Results (Ergebnisse)** und **PowerPoint**. Bei Auswahl der Registerkarte **Results (Ergebnisse)** (Standard) können ausgewertete Ergebnisse als Einzeldatei in der Patientenstudie gespeichert werden.

Bei Auswahl der Registerkarte **PowerPoint** können die Ergebnisse und Anwendungskonfigurationsdaten in einem Format gespeichert werden, welches das rasche und einfache Starten von Fallstudien direkt über eine PowerPoint-Präsentation ermöglicht. Die PowerPoint-Speicherfunktion wird im Referenzleitfaden beschrieben.

Die folgenden Aktionen werden unterstützt:

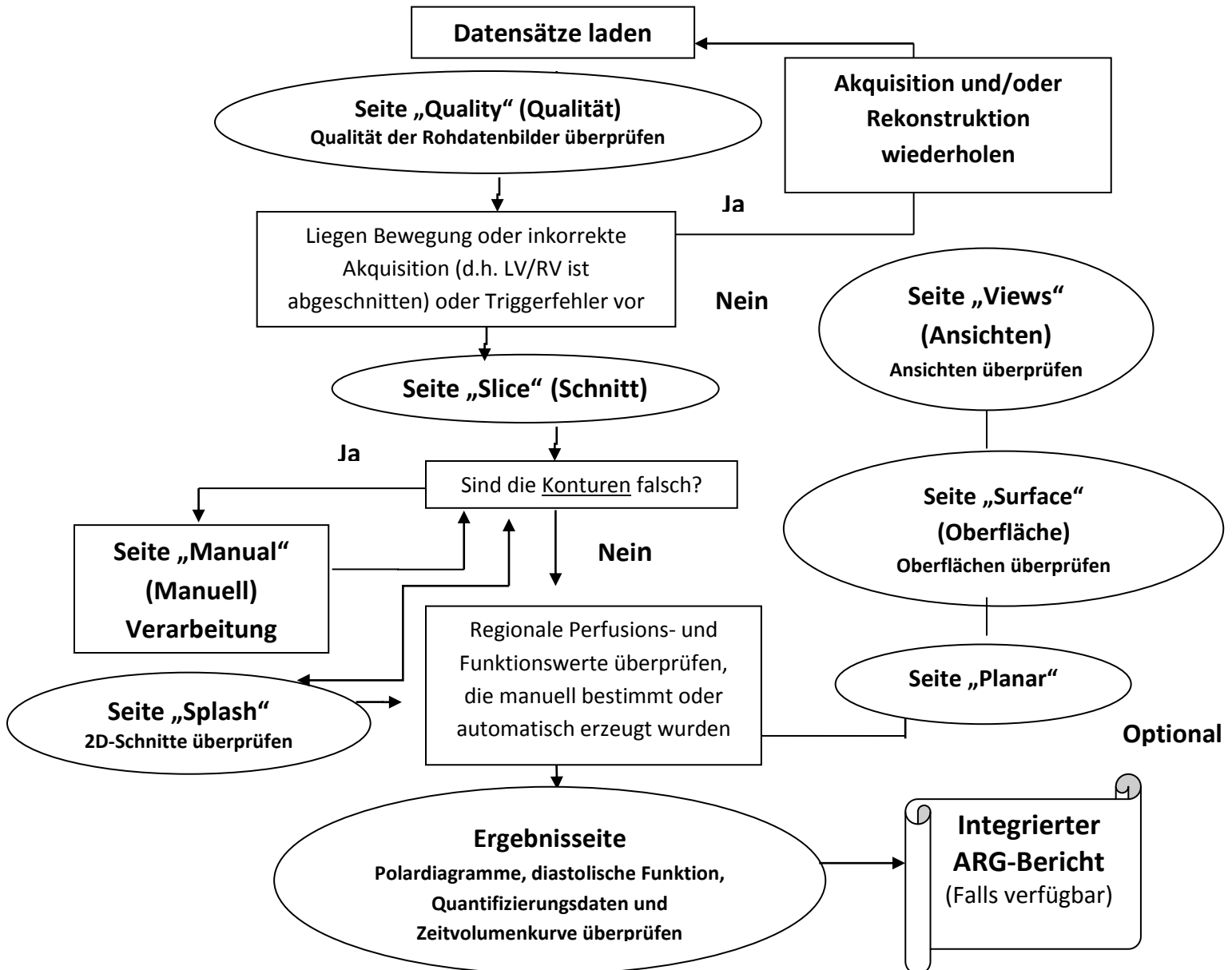
<b><i>Save All (Alle speichern)</i></b>	Speichert Ergebnisse für alle gewählten Studien.
<b><i>Save Current (Aktuelle speichern)</i></b>	Speichert die Ergebnisse für die derzeit angezeigte Studie.
<b><i>Cancel (Abbrechen)</i></b>	Beendet das Dialogfeld ohne Speichern der Ergebnisse. Der Benutzer kann das Dialogfeld auch durch Klicken auf das „X“ in der rechten oberen Ecke des Dialogfensters schließen.

#### 4.19. Beenden

Um eines der Programme zu beenden, klicken Sie auf die Schaltfläche **Exit (Beenden)**.

## 5. Anwendung QBS (Quantitative Blood Pool - Quantitative Blutpool)

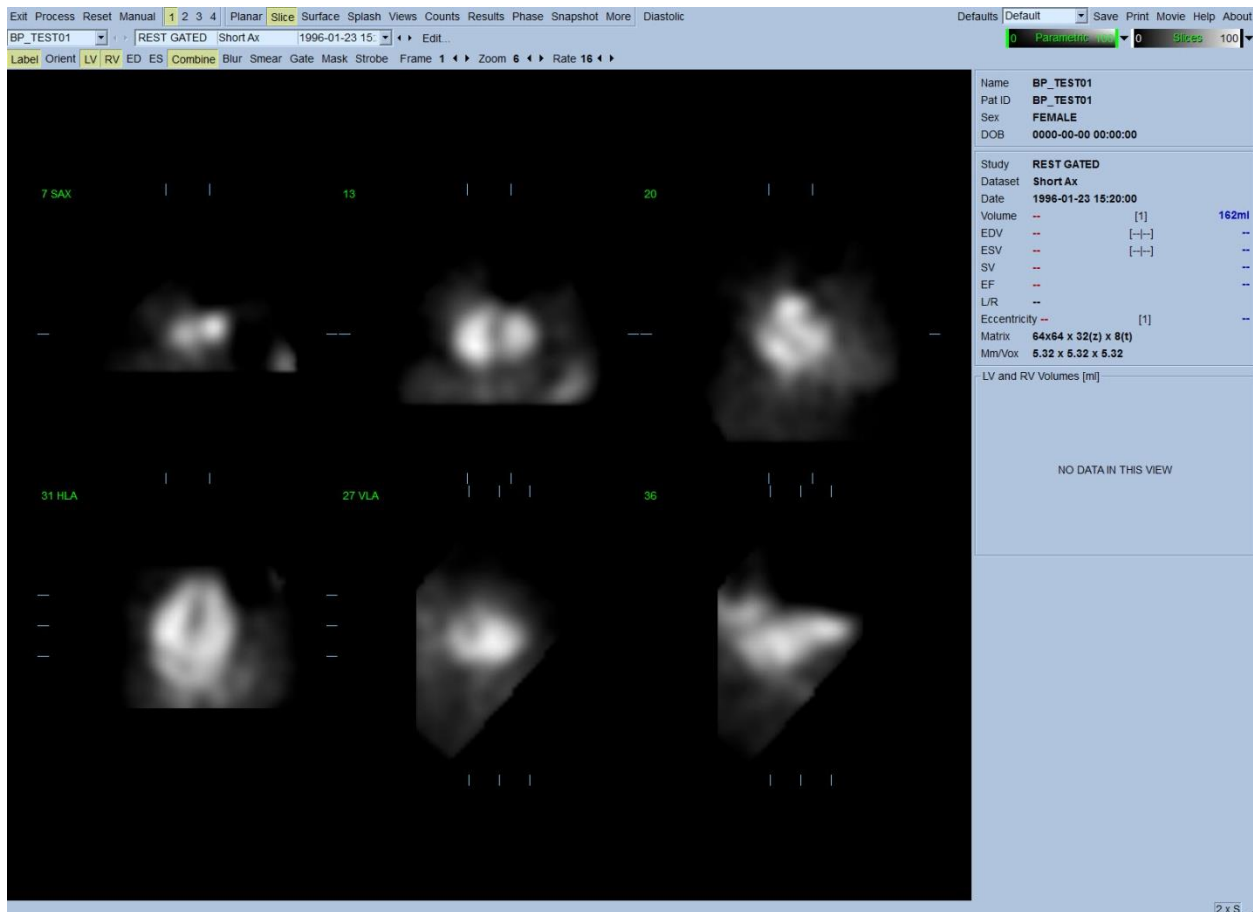
Der QBS-Workflow hat absichtlich keinen Modus. Somit wird dem Benutzer keine bestimmte Verarbeitungsabfolge vorgeschrieben. Ein typischer Ablauf wäre folgender:



Hinweis: QBS ist in der Lage, Parameter der globalen und regionalen LV- und RV-Funktion anhand eines getriggerten Kurzachsen-Blutpool-Datensatzes zu quantifizieren.

## 5.1. Starten von QBS

Bei Starten von QBS in seiner Standardkonfiguration wird der Hauptbildschirm mit der Seitenanzeige **Slice (Schnitt)** eingeblendet und die Umschaltflächen **Label (Beschriftung)**, **LV** und **RV** werden hervorgehoben (siehe unten). Es werden repräsentative Schnitte angezeigt, wobei die Zahl links oben neben jedem Schnitt die Reihenfolge im Kurzachsensdatensatz anzeigt. Durch Linksklicken auf „Label“ (Beschriftung) werden diese Zahl und die Schnitt-Referenzlinien aktiviert und deaktiviert.

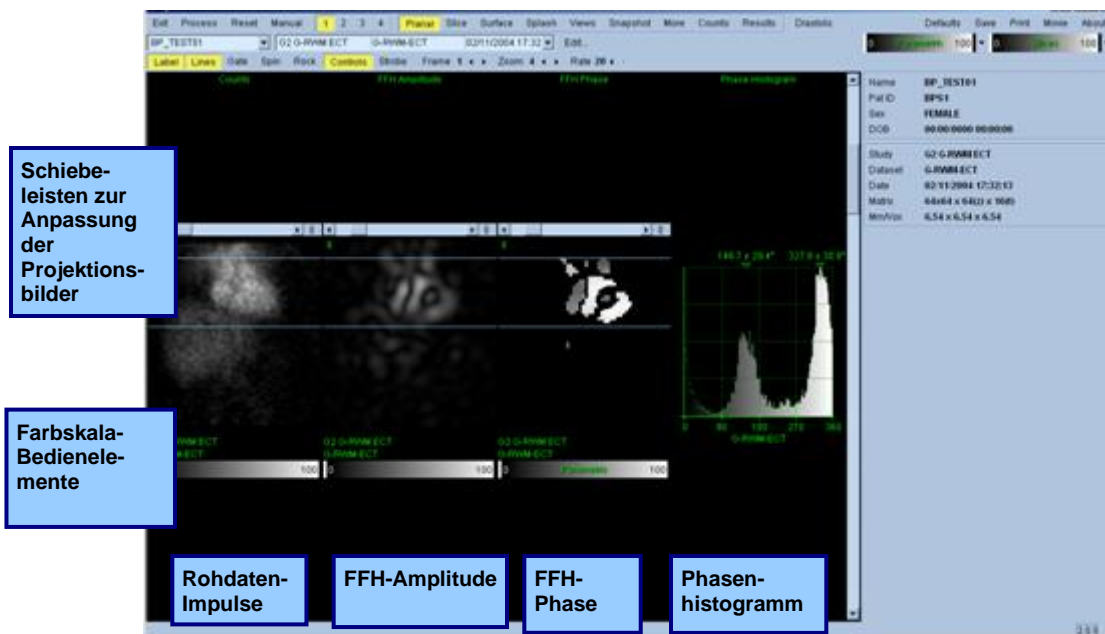


Der Name des Ordners (in der Regel ein Patientenname) sowie eine Beschreibung des Datensatzes werden im horizontalen Abschnitt angezeigt, der auch die unten gezeigten Farbskalen enthält. Durch Linksklicken auf und Ziehen des vertikalen schwarzen Streifens (in der Farbskala **Slices (Schnitte)**) ganz rechts wird die Skala „gesättigt“ und das Herz in Fällen mit besonders starker extrakardialer Aktivität sichtbar gemacht. Die Farbskala **Parametric (Parametrisch)** ist nur verfügbar, wenn FFH-Phasenbilder auf der Seite **Slice (Schnitt)** angezeigt werden.

## 5.2. Überprüfen der rotierenden Projektionsbilder

Durch Klicken auf die Seitenanzeige **Planar** wird die unten gezeigte Seite „Planar“ eingeblendet. Die Seite „Planar“ umfasst vier Anzeigebereiche; den Rohdaten-Projektionsbereich, den FFH-Amplitudenbereich, den FFH-Phasenbereich und den Phasen-Histogramm-Bereich (FFH = Erste harmonische Fourier).

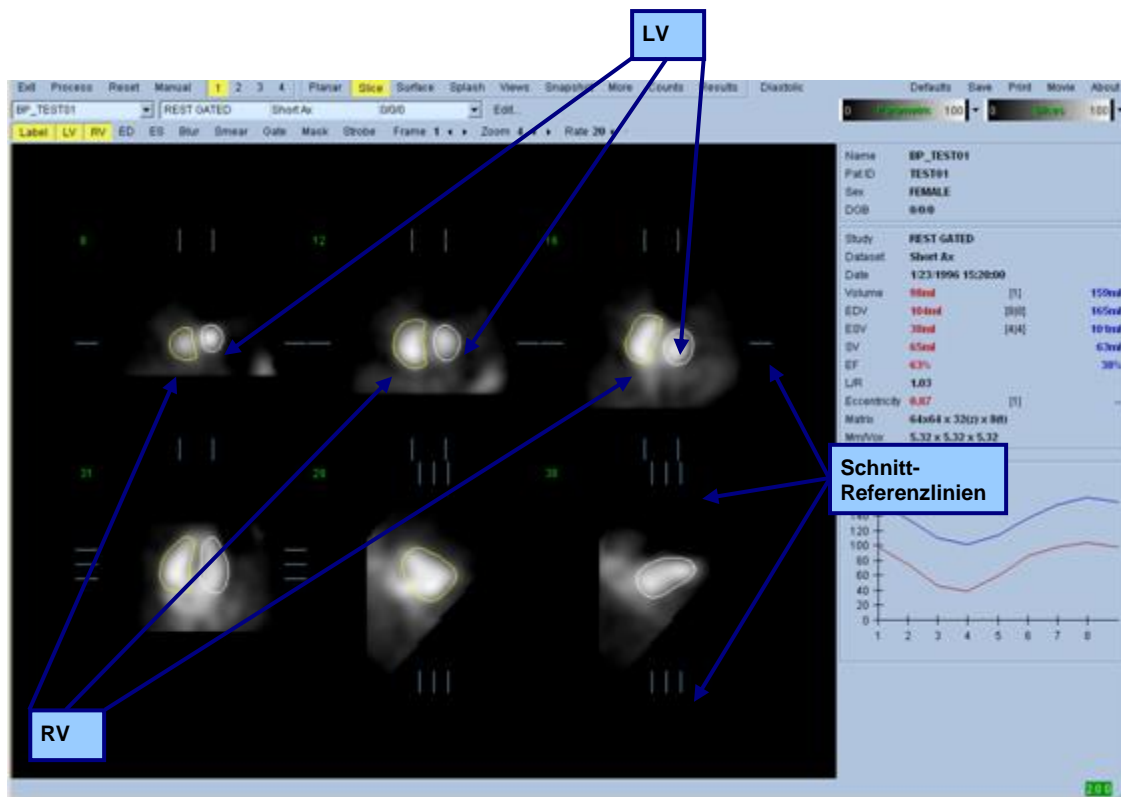
Vor Auswertung der Daten empfiehlt es sich, die Projektionsrohdaten im Cine-Modus anzuzeigen, um die Patientenbewegung zu beurteilen. Durch Klicken auf die Umschaltfläche **Lines (Linien)** werden zwei horizontale Linien eingeblendet, die manuell positioniert werden sollten, so dass sie das Herz eng eingrenzen. Durch Klicken auf die Umschaltfläche **Controls (Bedienelemente)** werden eine einzelne Farbskala sowie Schiebeleisten zur Anpassung der Projektionsbilder für die Anzeigebereiche **Counts (Impulse)**, **FFH Amplitude (FFH-Amplitude)** und **FFH Phase (FFH-Phase)** eingeblendet. Das Cine-Display des(r) Projektionsdatensatz(es) kann dann im kontinuierlichen Schleifenmodus gestartet werden, indem auf **Spin (Drehen)** (kontinuierliche Rotation) geklickt wird. Durch Klicken auf die Umschaltfläche **Rock (Schaukeln)** (zusätzlich zur Umschaltfläche **Spin (Drehen)**) wird ein alternierendes, hin und her schaukelndes Cine angezeigt. Die Cine-Geschwindigkeit kann durch Klicken auf die Symbole ◀ ▶ rechts von der Beschriftung **Rate (Geschwindigkeit)** angepasst werden. Jede plötzliche Bewegung der erkannten Grenzen des Herzens zu den Linien hin oder von ihnen weg sollte vermerkt werden. Größere Bewegungen können sich auf die von QBS gemessenen quantitativen Parameter auswirken; wird eine derartige Bewegung erkannt, wäre es ratsam, die getriggerte Akquisition zu wiederholen.



Neben Patienten- oder Organbewegung kann Flackern (plötzliche Abweichungen in Helligkeit zwischen benachbarten Projektionen) durch Überprüfung des Cine-Displays der Projektionen beurteilt werden. Flackern ist oft ein Anzeichen von Triggerungsfehlern und kann mit Abwandlungen der auf der Seite „Results“ (Ergebnisse) gezeigten Zeitvolumenkurven einhergehen.

### 5.3. Bildauswertung

Durch Klicken auf die Seitenanzeige **Slice (Schnitt)** wird diese hervorgehoben und QBS zur Seite **Slice (Schnitt)** gebracht. Durch Klicken auf die Schaltfläche **Process (Verarbeiten)** werden automatisch die QBS-Algorithmen auf die Daten angewandt, der LV und RV segmentiert, die endokardialen 3D-Oberflächen berechnet und alle globalen und regionalen quantitativen Herzparameter bestimmt. Die Schnittfläche der 3D-Oberflächen mit den 2D-Schnittebenen wird als den sechs Schnitten (gelb = RV, weiß = LV) überlagerte „Konturen“ angezeigt, die nun die abstandsgleichen (Kurzachsenbilder) oder mittventrikulären (Längsachsenbilder) Teile des **LV** und **RV** darstellen. Des Weiteren sollten alle quantitativen Parameterfelder im rechten Bildschirmbereich nun wie unten gezeigt mit numerischen Werten ausgefüllt sein. Wir werden die quantitativen Messungen später noch genauer untersuchen und besprechen.



### 5.4. Überprüfen der QBS-Konturen

Die Position der sechs angezeigten Schnitte kann interaktiv angepasst werden, indem ihre entsprechenden Schnitt-Referenzlinien in orthogonale Ansichten (oben gezeigt) verschoben werden; bei den meisten Patientenstudien ist dies jedoch nicht notwendig.

An dieser Stelle muss visuell geprüft werden, ob offensichtliche Ungenauigkeiten in der Art und Weise, in der die Konturen dem LV und RV folgen, existieren. Hierzu müssen wahrscheinlich die Umschaltflächen **LV** und **RV** aktiviert und deaktiviert werden und die Bilder durch Linksklicken auf die Umschaltfläche **Gate (Trigger)** in Bewegung (Cine-Modus) gesetzt werden. Die größten Ungenauigkeiten werden durch das Vorhandensein von extrakardialer Aktivität verursacht. Insbesondere wäre zu erwarten, dass a) die Konturen auf einer anderen Struktur als dem Herzen zentriert sind oder b) dass sich die Konturen vom den Ventrikeln „weg bewegen“ und benachbarter Aktivität folgen. Diese Fälle sind selten und sollten anhand der im nächsten Abschnitt besprochenen Option „Manual“ (Manuell) bewältigt werden.

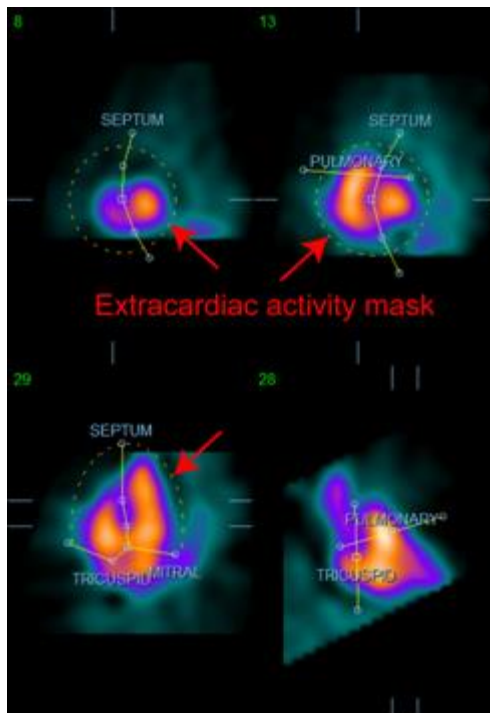
Eine weitere potenzielle Fehlerquelle ist eine übermäßige Verzerrung der Kurzachsensdaten. Wenn der Datensatz bei der Rekonstruktion zu stark gefiltert wurde, kann es sein, dass der Algorithmus nicht richtig zwischen dem linken und rechten Ventrikel unterscheiden kann. Die Ventrikelkonturen können sich gegenseitig durchdringen oder völlig fehlerhaft sein.

*Hinweis: Da der Algorithmus zur korrekten Unterscheidung dieser Strukturen eine Phasendifferenz zwischen den Ventrikeln und dem Vorhof voraussetzt, ist es derzeit nicht möglich, Messungen von einem statischen Phantom anzufertigen, selbst wenn eine getriggerte Akquisition durchgeführt wurde.*

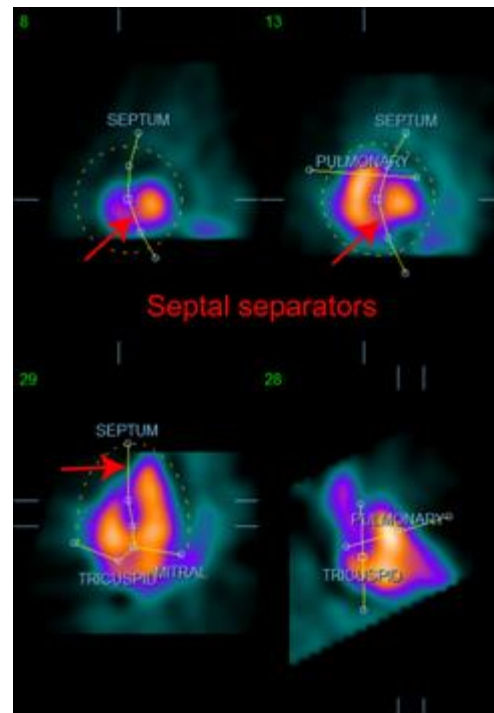
## **5.5. Ändern der Konturen (Seite „Manual“ (Manuell))**

Durch Klicken auf die Umschaltfläche **Manual (Manuell)** wird eine abgewandelte Version der Seite **Slice (Schnitt)** mit 4 Schnitten für das **ED**-Intervall und 4 Schnitten für das **ES**-Intervall sowie mit den Schnitten überlagerten Maskierungsgrafiken eingeblendet. Die Form und Position der Maskierungsgrafiken kann durch Linksklicken und Ziehen der Ziehpunkte der Maskierungsgrafik geändert werden, wobei kleine Quadrate und Kreise an verschiedenen Stellen auf der Maskierungsgrafik platziert werden.

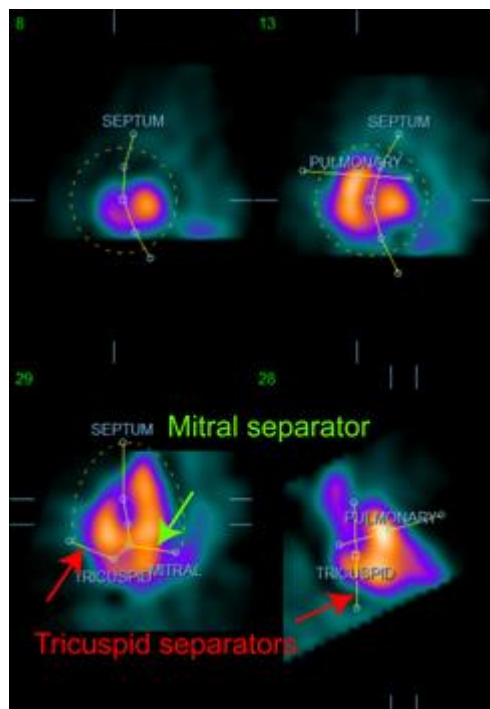
Für jedes Intervall zwei Kurzachsenschnitte (mittventrikulär und apikal), eine mittventrikuläre Längsachse und ein vertikaler mitt-rechtsventrikulärer Längsachsenschnitt. Aufgrund der Begrenzungen, die zur Definition der Maske zwischen verschiedenen Punkten gesetzt wurden, ist die Auswahl der Schnitte (im Vergleich zur Schnittauswahl auf anderen Seiten) eingeschränkt. Die Maskierungsgrafiken sind für die folgenden Zwecke konzipiert:



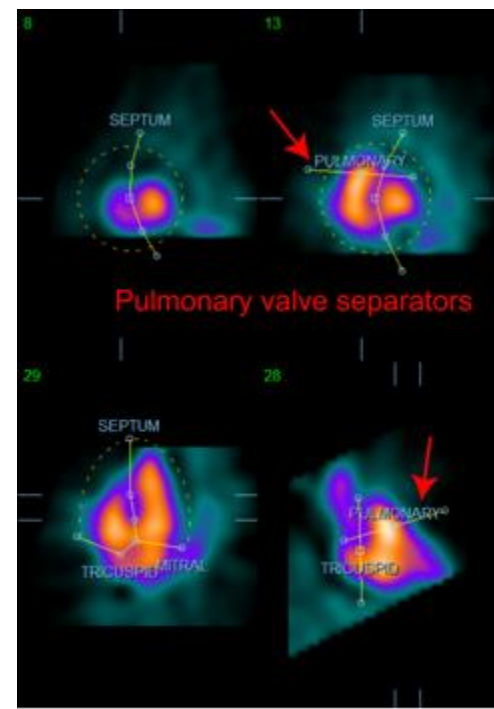
Maskierung von extrakardialer Aktivität



Trennung zwischen LV und RV



Trennung der Ventrikel vom Vorhof  
(Trikuspidale und mitrale Trennlinien)



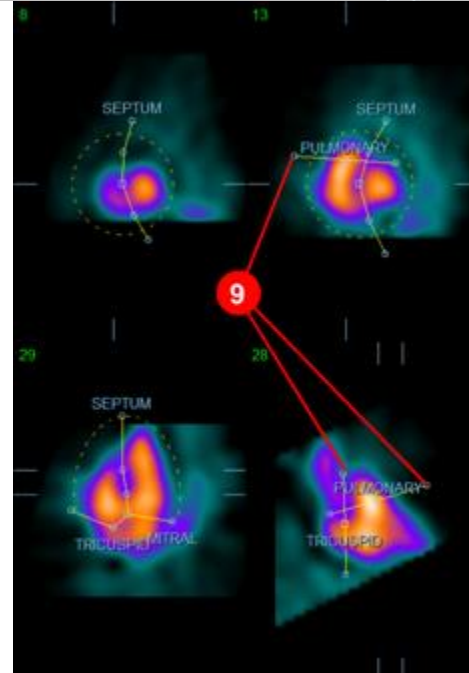
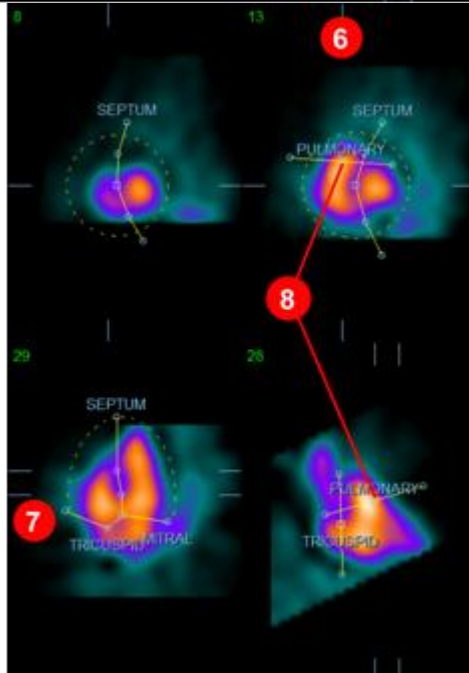
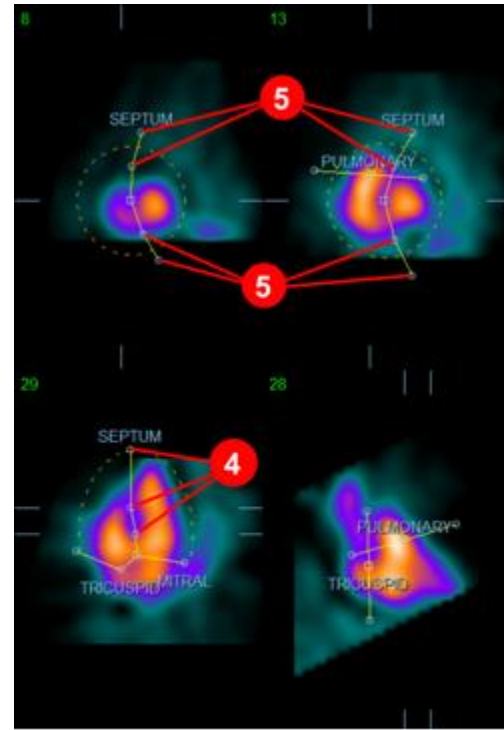
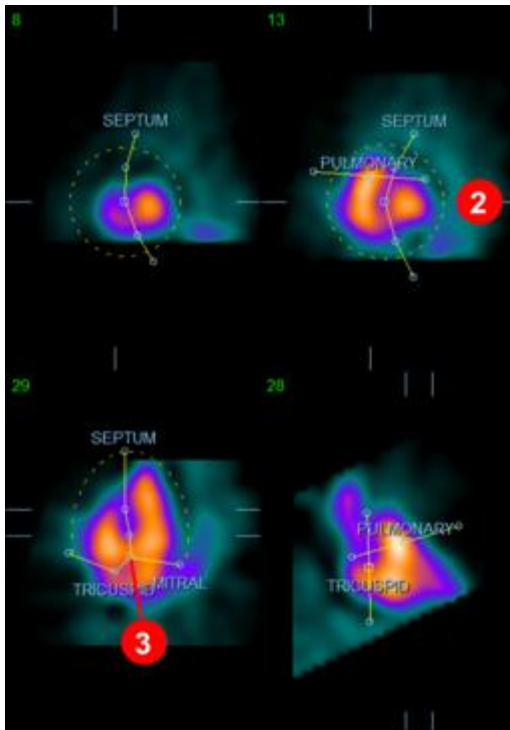
Trennung des RV vom Lungenstamm  
(Pulmonalklappen-Trennlinie)

Im Allgemeinen sollte für die optimale Platzierung der Maske der folgende Ablauf verwendet werden:

1. Starten Sie mit dem **ED**-Intervall (linke Seitenhälfte).
2. Passen Sie zur Auswahl des mittventrikulären HLA-Schnitts die HLA-Richtlinie (Führungslinie) im basalen KA-Schnitt an.
3. Verschieben Sie die gesamte Maske im HLA-Schnitt durch Ziehen des quadratischen Ziehpunkts.
4. Passen Sie die runden Ziehpunkte für die septalen und mitralen Trennlinien im HLA-Schnitt an (dieser Prozess kann die Auswahl verschiedener KA-Schnitte verursachen. Platzieren Sie die Ziehpunkte und Schnitte daher so, dass sie das Septum auf den KA- und HLA-Ansichten gut abgrenzen).
5. Passen Sie die runden Ziehpunkte für die septalen Trennlinien auf den KA-Schnitten an.
6. Passen Sie zur Auswahl des mitt-rechtsventrikulären VLA-Schnitts die VLA-Richtlinie im basalen KA-Schnitt an, dadurch wird der erste trikuspidale Ziehpunkt in der HLA-Ansicht automatisch angepasst.
7. Passen Sie den zweiten trikuspidalen Ziehpunkt in der HLA-Ansicht zur korrekten Trennung des RV vom rechten Vorhof an.
8. Falls **RV Truncation (RV-Datenverlust)** aktiviert ist, verschieben Sie den quadratischen Lungenklappen-Ziehpunkt an die entsprechende Stelle.
9. Passen Sie die Ausrichtung der Lungenklappen und trikuspidalen Klappen auf den KA- und VLA-Schnitten anhand der runden Ziehpunkte an.

Eine nicht-lineare Farb-Lookup-Tabelle kann sich dabei hilfreich erweisen, die beste Stelle für die verschiedenen Masken-Trennlinien zu finden (auf den Beispielbildern wird die Farbmatrix „Cool“ (Kühl) verwendet). Es folgt eine grafische Darstellung der Maskenplatzierungsschritte.



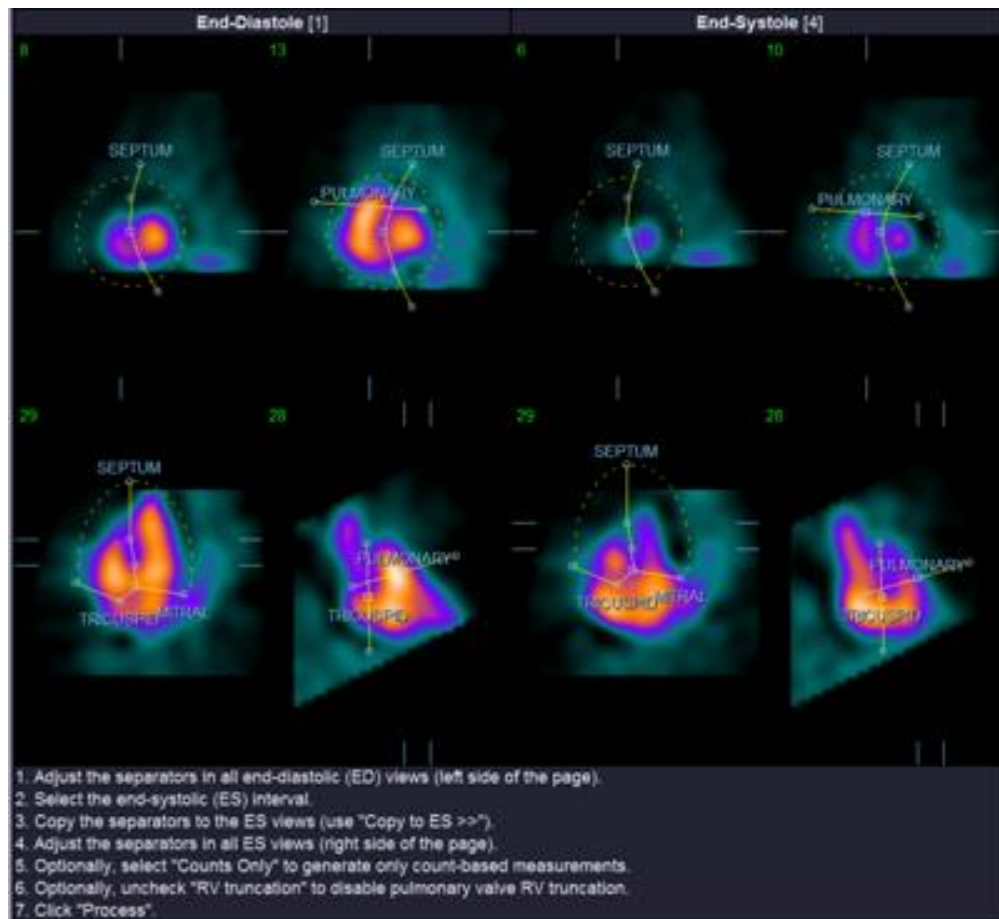


Nach korrekter Positionierung der ED-Maske kopieren Sie die Position der Maske mit der Schaltfläche **Copy to ES >> (Kopieren nach ES >>)** auf das ES-Intervall. Das korrekte ES-Intervall sollte durch Untersuchung des Bildes manuell gewählt werden und es sollte visuell bestimmt werden, in welchem Einzelbild die Ventrikel vollständig kontrahiert aussehen. Das Programm wird automatisch versuchen, das entsprechende Intervall zu wählen, es wird jedoch eine manuelle Anpassung erforderlich sein. Falls gewünscht, kann die Maske auch im ES-Intervall angepasst und

mit der Schaltfläche **<< Copy to ED (Kopieren nach ED)** zurück zum ED-Intervall kopiert werden (beachten Sie, dass die ES-Maske die ED-Maske komplett ersetzt).

Wenn die Maske kopiert und das Intervall angepasst worden ist, wiederholen Sie das obige Verfahren für das ES-Intervall.

Unten sind die Ansichtsfenster der Seite „Manual“ nach Positionierung der ED- und ES-Masken zu sehen.



Nachdem die Maske korrekt positioniert worden ist, klicken Sie zur Auswertung der Daten mit der Maske auf **Process (Verarbeiten)**, oder wählen Sie **Counts Only (Nur Impulse)** und klicken Sie dann auf **Process (Verarbeiten)**, um nur impulsbasierte Berechnungen durchzuführen.

Beachten Sie, dass bei Auswahl von **Counts Only (Nur Impulse)** keine Oberflächen erstellt und nur begrenzte Informationen auf der Seite „**Counts**“ (**Impulse**) zur Verfügung stehen.

Ist **RV Truncation (RV-Datenverlust)** deaktiviert, werden die Daten außerhalb der RV-Maske nicht ausgeschnitten. Sie können die Maske mit der Schaltfläche **Reset (Rücksetzen)** jederzeit auf ihre Ausgangskonfiguration (nicht datensatzspezifisch) zurücksetzen. Dadurch werden alle Änderungen des Benutzers ungültig.

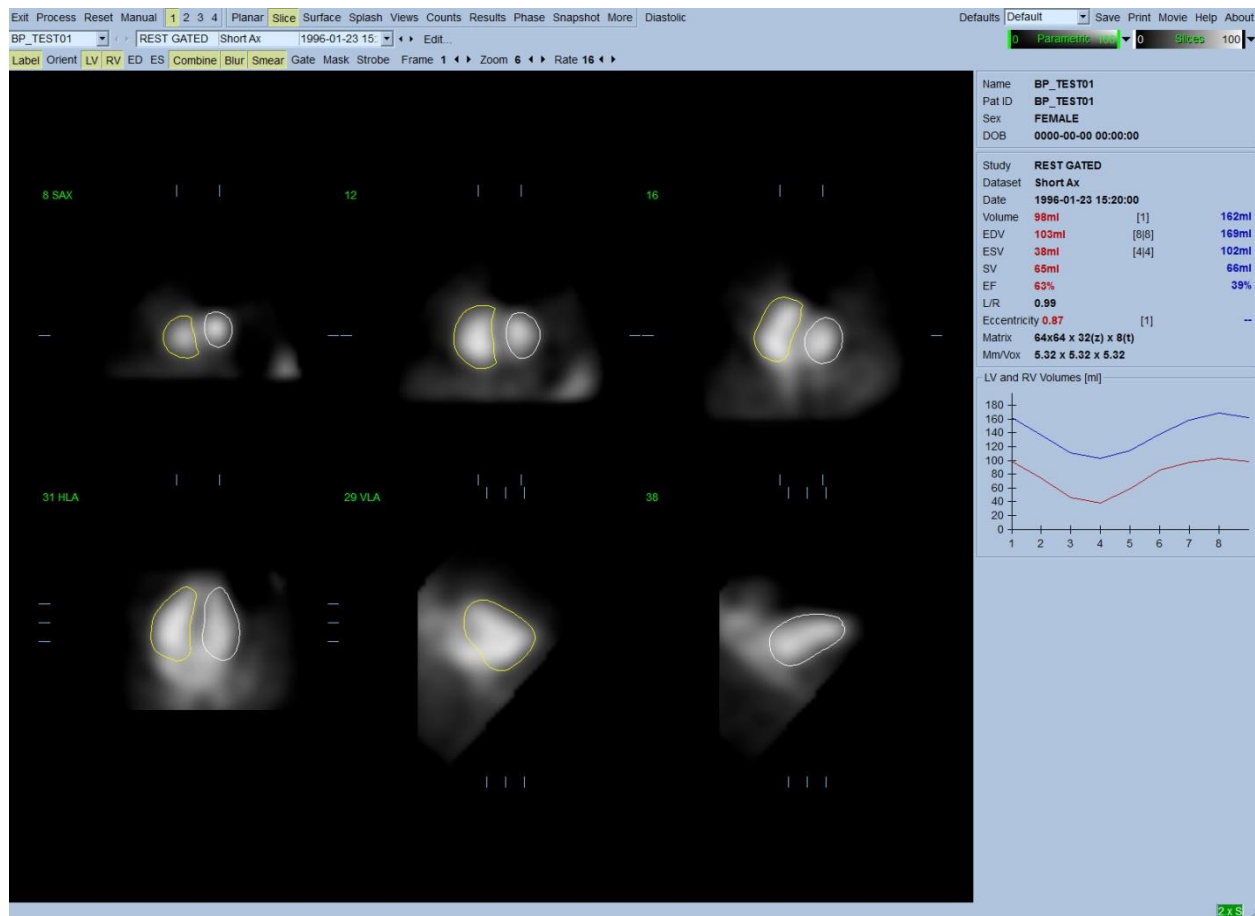
Die übrigen Bedienelemente der Seite (**LV**, **RV**, **ED**, **ES**, **Blur (Verzerren)**, **Smear (Schnittweise glätten)**, **Gate (Trigger)**, **Mask (Maske)**, **Frame (Einzelbild)**, **Zoom** und **Rate**) führen dieselbe Funktion durch wie auf der Seite **Slice (Schnitt)**.

## 5.6. Überprüfen der getriggerten SPECT-Blutpool-Bilder auf der Seite „Slice“ (Schnitt)

Eine erste visuelle Beurteilung der LV- und RV-Funktion kann durch Linksklicken auf die Umschaltfläche **Gate (Trigger)** durchgeführt werden, um ein Cine mit sechs Schnitten anzuzeigen, wobei die Umschaltflächen **LV** und **RV** aktiviert bzw. deaktiviert werden. Die Cine-Geschwindigkeit kann durch Klicken auf die Symbole ◀▶ rechts von der Beschriftung **Rate (Geschwindigkeit)** angepasst werden. Durch Klicken auf die Umschaltflächen **Blur (Verzerren)** und **Smear (Schnittweise glätten)** kann jeweils ein Zeit- und Ortsfilter zur Glättung angewandt werden. Dies ist bei der visuellen Beurteilung von Bildern mit geringer Impulszahl vor allem zur Reduzierung von statistischem Rauschen nützlich und wirkt sich nicht auf die quantitativen Ergebnisse aus. Unten wird die Seite **Slice (Schnitt)** für die Überprüfung der getriggerten Bilder gezeigt.

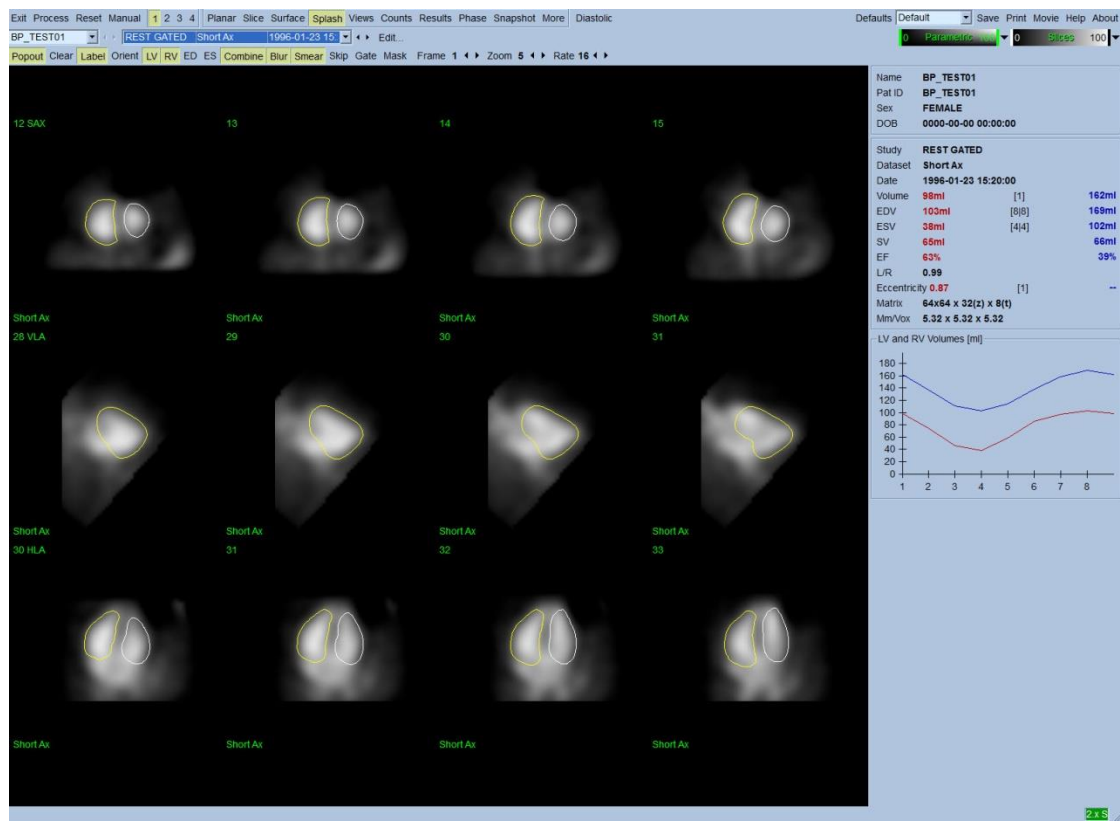
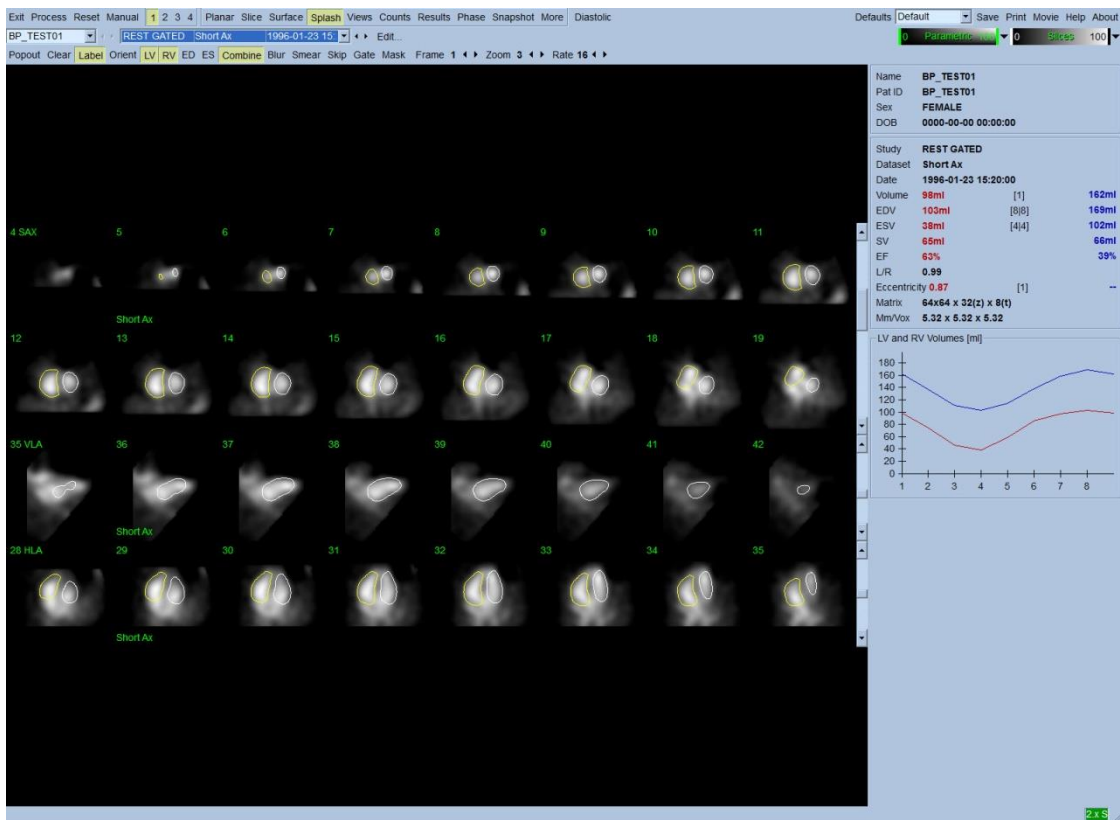
*Hinweis: Die Funktionen **Blur (Verzerren)** und **Smear (Schnittweise glätten)** wirken sich nur auf die Bilddarstellung aus. Die QBS-Algorithmen bearbeiten die ursprünglichen, ungeglätteten Daten unabhängig von den Einstellungen der Blur- und Smear-Funktionen.*

Im Cedars-Sinai Medical Center wird in der Regel eine Grau- oder Wärmeskala zur visuellen Beurteilung der Wandbewegung verwendet.



## 5.7. Überprüfen der getriggerten SPECT-Blutpool-Bilder auf der Seite „Splash“

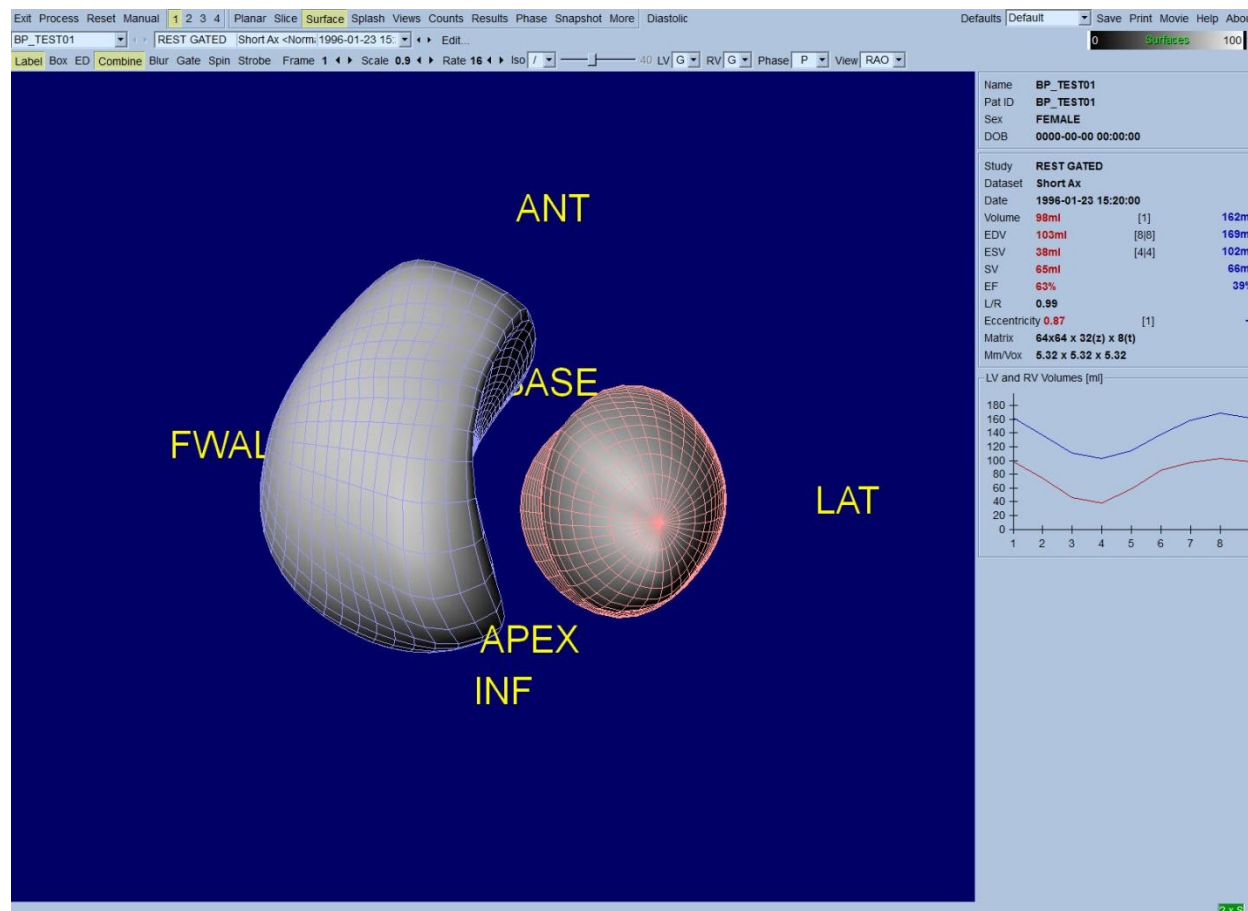
Durch Klicken auf die Seitenanzeige **Splash** wird die unten gezeigte Seite **Splash** mit allen verfügbaren Kurzachsenbildern angezeigt, die dann durch Linksklicken auf die Umschaltfläche **Gate (Trigger)** simultan getriggert werden können. Manchmal empfiehlt es sich, dass der Benutzer die Bilder zur näheren Untersuchung auswählt. Dies wird mit der Funktion „Popout“ erzielt. Hierzu wird auf die gewünschten Bilder rechtsgeklickt, um diese zu aktivieren/zu deaktivieren (die Ecken der gewählten Elemente sind blau hervorgehoben), dann wird unten auf die Umschaltfläche **Popout** linksgeklickt.



Seite Splash nach Aktivierung von Popout

## 5.8. Überprüfen der getriggerten SPECT-Blutpool-Bilder auf der Seite „Surface“ (Oberfläche)

Durch Klicken auf die Seitenanzeige **Surface (Oberfläche)** wird die unten gezeigte Seite **Surface (Oberfläche)**, eine parametrische Darstellung der Ventrikel, die aus grünen Drahtgitteroberflächen (ventrikuläres ED-Endokard) und schattierten Oberflächen (ventrikuläres Endokard) besteht, eingeblendet. Mit der Umschaltfläche **Gate (Trigger)** kann der Benutzer die 3D-Wandbewegung über den Herzzyklus hinweg nachverfolgen, wobei er das Bild durch Klicken und Ziehen interaktiv und in Echtzeit beliebig positionieren kann.

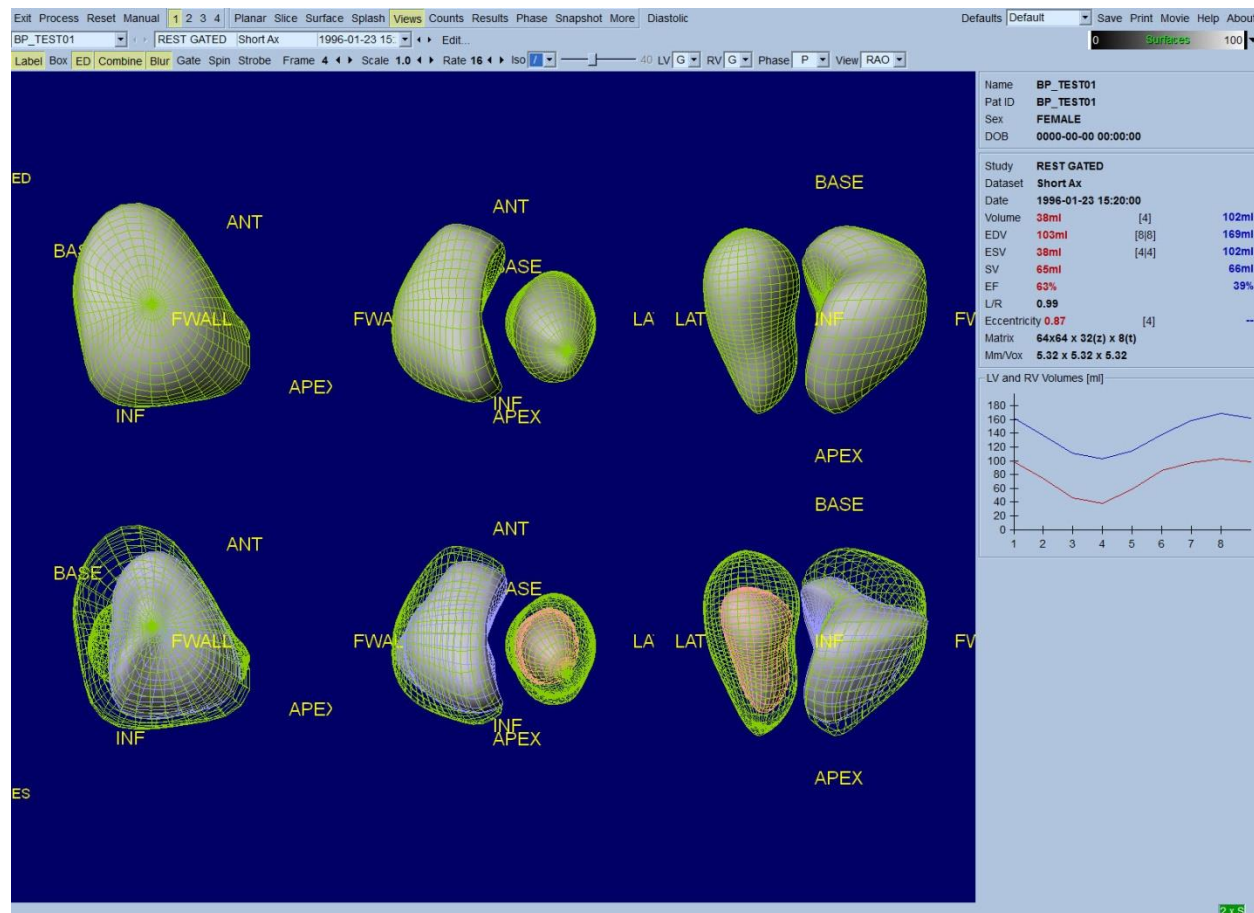


Es kann auch eine aus den Impulsdaten extrahierte Isooberfläche angezeigt werden. Diese Oberfläche dient potenziell auch zur visuellen Beurteilung der Wandbewegung, obwohl keine Isooberfläche (auf keiner Ebene) die Position des Endokards angibt. Der Benutzer kann die berechneten Oberflächen dann der Isooberflächendarstellung überlagern. Am besten wird dies durch Anzeigen der LV- und RV-Oberflächen als Drahtgitter (jeweils rot und blau) sowie der schattierten Isooberfläche erzielt. Zur Minimierung der Rauscheffekte bei der Extraktion der Isooberfläche empfiehlt es sich, die zeitliche Glättung durch Klicken auf **Blur (Verzerren)** umzuschalten. Die Display-Eigenschaften können für den LV und RV anhand der entsprechenden Optionsmenüs separat festgelegt werden.



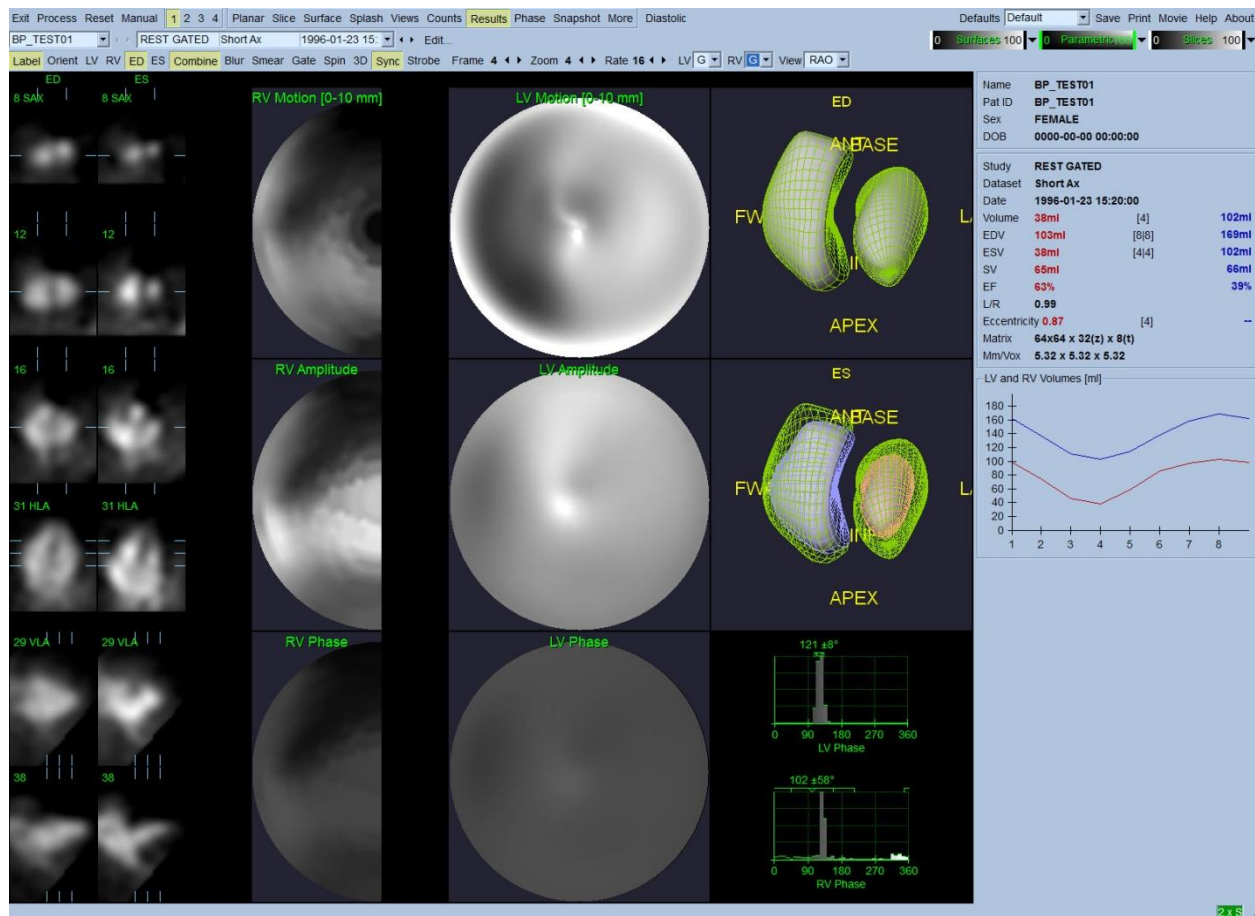
## 5.9. Überprüfen der getriggerten SPECT-Blutpool-Bilder auf der Seite „Views“ (Ansichten)

Durch Klicken auf die Seitenanzeige **Views (Ansichten)** wird die Seite **„Views“ (Ansichten)** mit sechs 3D-Ansichtsfenstern (siehe unten) eingeblendet, die denen auf der Seite **„Surface“ (Oberfläche)** sehr ähnlich sind. In der Tat besteht der Hauptzweck dieser Seite darin, den LV und RV komplett zu erfassen, wenngleich mit kleineren Bildern als denen auf der Seite **„Surface“ (Oberfläche)**.



## 5.10. Gesamtüberblick: Die Seite „Results“ (Ergebnisse)

Durch Klicken auf die Seitenanzeige **Results (Ergebnisse)** wird die unten gezeigte Seite **Results (Ergebnisse)** eingeblendet, die alle auf die getriggerte SPECT-Blutpool-Studie dieses Patienten bezogenen Daten in synthetischem Format darzustellen versucht. Wird von dieser Seite eine Momentaufnahme mit deaktivierten Umschaltflächen für die LV- und RV-Konturen angefertigt, wäre dies ein gutes repräsentatives Bild, das an den überweisenden Arzt gesandt werden kann.



Seite „Results“ (Ergebnisse)

### 5.10.1. Beurteilung der Zeitvolumenkurve

Von einer gültigen Zeitvolumenkurve wäre zu erwarten, dass ihr Minimum (Endsystole) bei Einzelbild 3 oder 4 und ihr Maximum (Enddiastole) bei Einzelbild 1, 7 oder 8 einer getriggerten Akquisition mit 8 Einzelbildern liegt. Bei einer getriggerten Akquisition mit 16 Einzelbildern wäre zu erwarten, dass ihr Minimum (Endsystole) bei Einzelbild 7 oder 8 und ihr Maximum (Enddiastole) bei Einzelbild 1 oder 16 liegt. Falls grobe Abweichungen von diesem erwarteten Verhalten auftreten, wäre die wohlüberlegte Annahme, dass die Triggerung oder Auswertung nicht erfolgreich war und die Studie wiederholt werden muss. Oben wird ein Beispiel einer korrekten Kurve gezeigt.

*Hinweis: Auf dem Diagramm der Zeitvolumenkurve wird der volumetrische Wert für Intervall 1 der Kurve, je nachdem, ob es sich um eine getriggerte Akquisition mit 8 oder 16 Einzelbildern handelt, jeweils nach Intervall 8 oder 16 „angehängt“.*



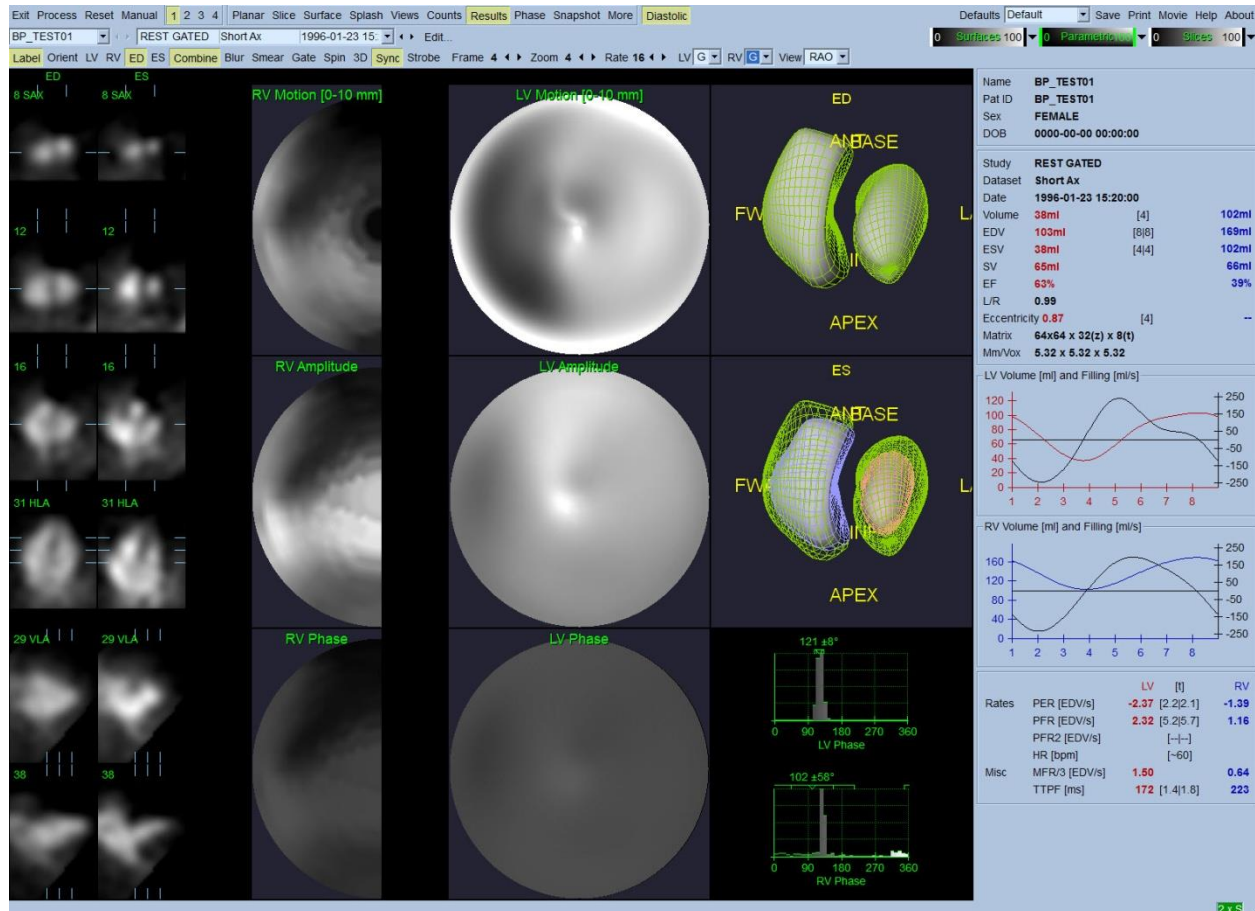
### 5.10.2. Beurteilung der Polardiagramme

QBS bietet zwei Polardiagramme der Wandbewegung, eines für den LV und eines für den RV. Die Zuordnung der Endokardbewegung auf dem Polardiagramm der Bewegung erfolgt nach einem linearen Modell von 0 mm bis 10 mm. Eine Bewegung um mehr als 10 mm wird mit = 10 mm angesetzt (die Skala ist bei 10 mm „gesättigt“), während eine Bewegung  $<0$  mm (Dyskinesie) mit = 0 mm angesetzt wird. Die auf der Seite „Results“ (Ergebnisse) angezeigten parametrischen Oberflächen werden nicht auf diesen 10 mm Grenzwert normiert, sondern stattdessen auf den Wert der maximalen Wandbewegung. Die Polardiagramme und Oberflächen der FFH-Amplitude werden auf keine Weise normiert. Die Polardiagramme und Oberflächen der FFH-Phase werden auf eine Weise dargestellt, dass Winkel zwischen 0 und  $360^\circ$  den Farbstreifen überspannen (negative Winkel umgeben den 0-360-Bereich, z.B. wird  $-20^\circ$  als  $340^\circ$  angezeigt). Beachten Sie, dass paradoxe Bewegung den Anschein hat, eine Nicht-Null-Amplitude zu enthalten sowie einen den Normalbereichen entgegengesetzten Phasenwert (d.h. die Farbe der Phase entspricht einem anderen Teil des parametrischen Farbstreifens).

*Hinweis: Es ist wohlbekannt, dass sich das Septum selbst bei Normalpatienten in der Regel weniger bewegt als die laterale Wand (was zu einem „dunklen“ Bereich auf dem Bewegungsdiagramm führt).*

### 5.10.3. Diastolische Funktion

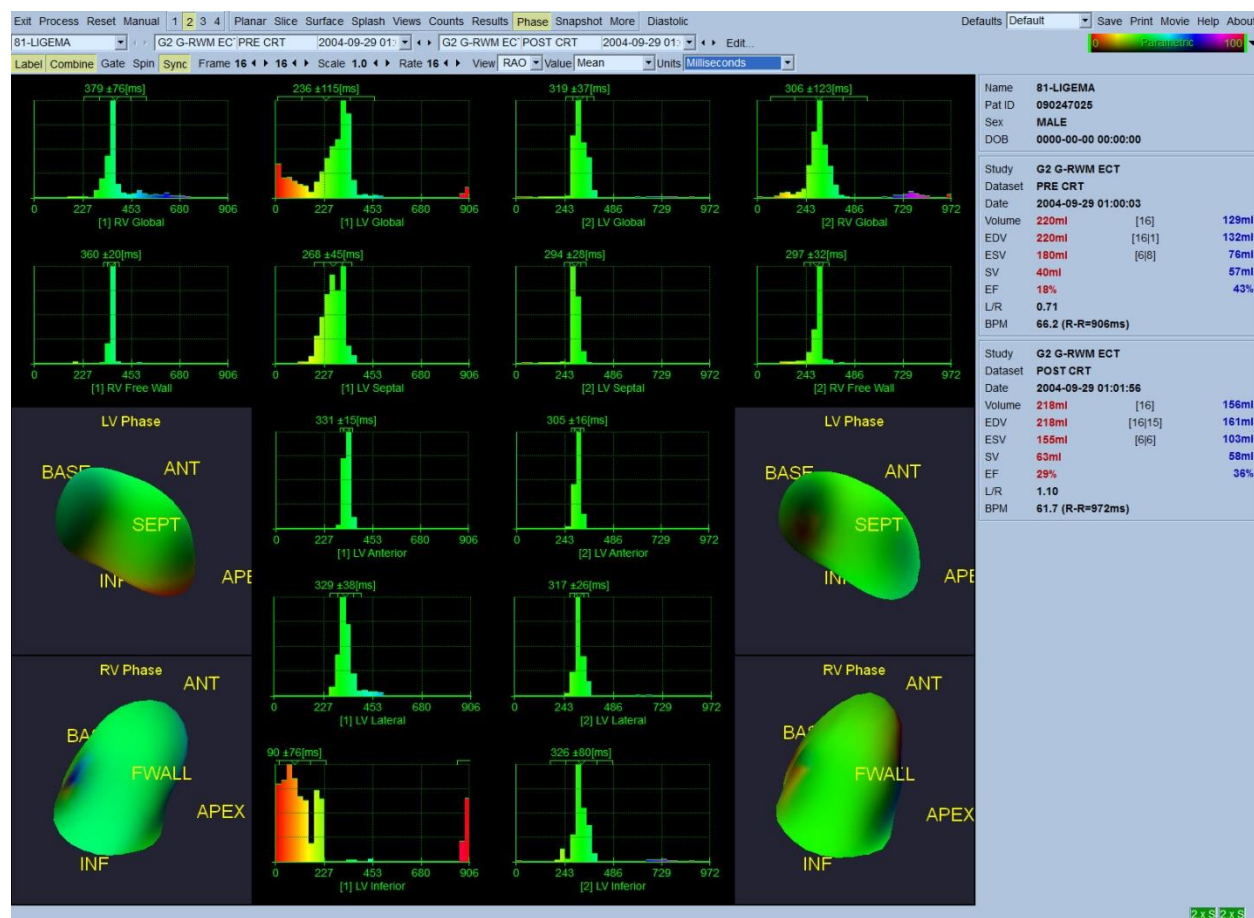
Durch Klicken auf die Umschaltfläche **Diastolic (Diastolisch)** werden die LV- und RV-Volumenkurven durch die LV- und RV-Volumen- und -Füllkurven sowie die berechneten diastolischen Parameter ersetzt. Der Benutzer muss u.U. zum Infocfeld blättern oder das QBS-Fenster maximieren, um alle berechneten Parameter zu sehen.



Diastolische Ergebnisse

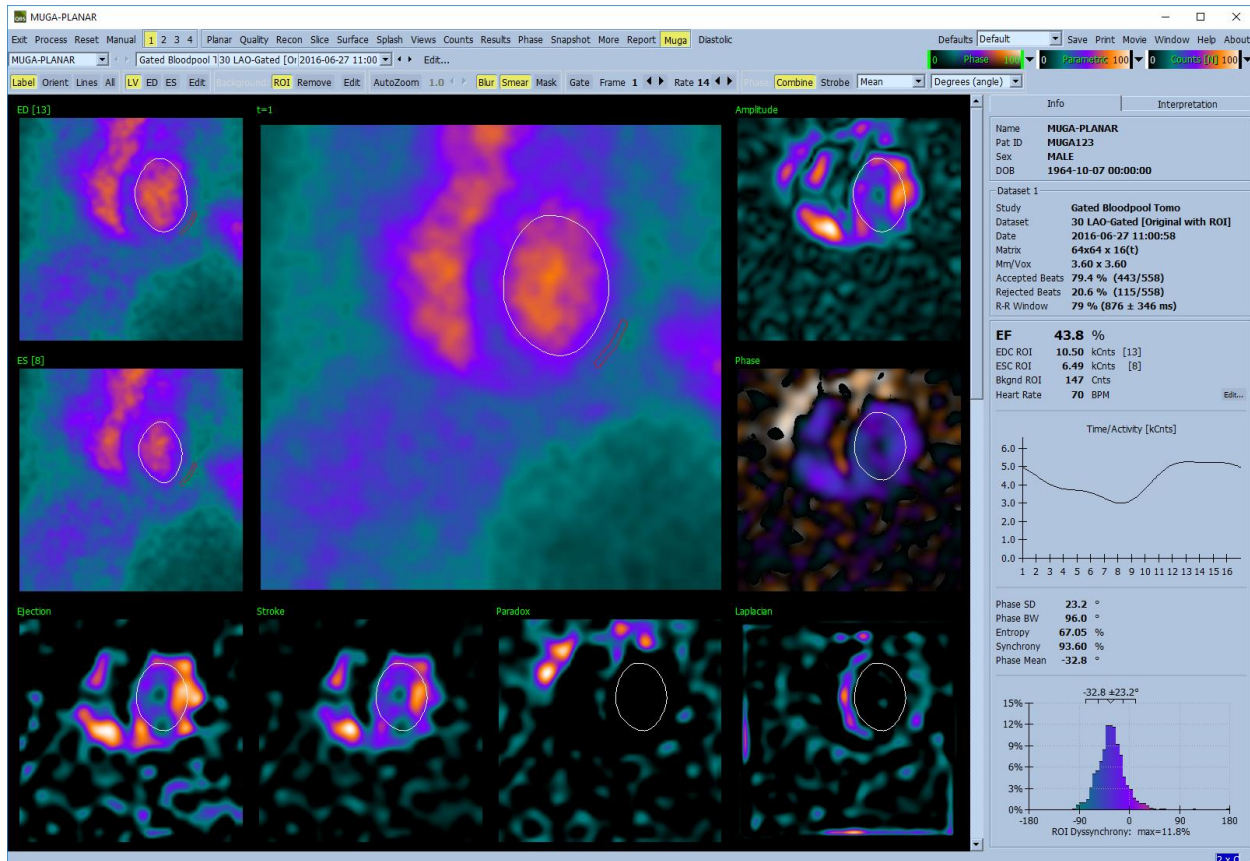
## 5.11. Phasenanalyse

QBS bietet mit der optionalen "PlusPack"-Komponente eine Phasenanalyse-Seite mit globalen und regionalen Histogrammen und parametrisch zugeordneten Oberflächen an. Durch Klicken auf die Seiten-Schaltfläche **Phase** wird die Seite „Phase Analysis“ (Phasenanalyse) eingeblendet. Eine detaillierte Statistik und die Zeitdifferenzen zwischen ROIs finden Sie im Infocenter (auf der rechten Seite der Anwendung). Der Benutzer muss u.U. zum Infocenter blättern oder das QBS-Fenster maximieren, um alle berechneten Parameter zu sehen.



## 5.12. Muga page

Die Seite „Muga“ (mehrfach-getriggerte Akquisition) wird für planare getriggerte Blutpool-Datensätze mit 8 bzw. 16 Einzelbildern verwendet. Sie dient sowohl zur Auswertung als auch zur Begutachtung der quantitativen Ergebnisse von Muga-Scans. Nähere Einzelheiten zur Seite „Muga“ sind im QBS-Referenzleitfaden beschrieben.

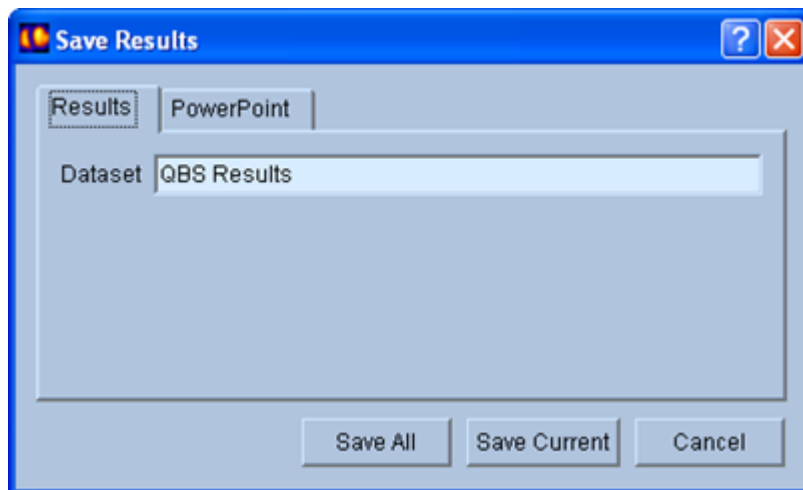


### 5.12.1. Pixelgröße

QBS-Volumenmessungen können durch falsche Auflistung der Pixelgröße in der Bildüberschrift beeinträchtigt werden (in der Regel ist dies bei Ejektionsfraktionen, die vom Volumenquotienten abgeleitet werden, kein Problem). Die Pixelgröße wird in der Regel basierend auf den bekannten Aufnahme- und Zoomdaten automatisch von modernen Kameras berechnet. Ältere Kameras bzw. „Hybrid“-Systeme (bei denen die Kamera eines Herstellers mit dem Computer eines anderen Herstellers vernetzt ist) sind jedoch u.U. nicht darauf eingerichtet, Pixelgrößendaten von der Gantry zu übertragen oder benutzen eventuell eine „Standard“-Größe (z.B. 1 cm) als Standard. In diesen Fällen sollte durch Abbildung eines bekannten Musters ein Korrekturfaktor manuell berechnet (zum Beispiel zwei durch einen exakten Abstand getrennte Linienquellen) und die Anzahl der Pixel zwischen den Schwerpunkten der Linien im rekonstruierten transaxialen Bild gezählt werden.

### 5.13. Speichern Ihrer Ergebnisse

Bei Abschluss der oben beschriebenen Auswerte- und Überprüfungsschritte hat der Benutzer die Wahl, die Ergebnisse in einer Ergebnisdatei zu speichern. Klicken Sie in der Hauptsymbolleiste auf **Save (Speichern)**, um das unten gezeigte Dialogfeld **Save Results (Ergebnisse speichern)** anzuzeigen.



Es gibt zwei Registerkarten-Optionen für das Speichern, **Results (Ergebnisse)** und **PowerPoint**. Bei Auswahl der Registerkarte **Results (Ergebnisse)** (Standard) können ausgewertete Ergebnisse als Datensatz in der Patientenstudie gespeichert werden. Der Benutzer gibt dem Ergebnisdatsatz einen Namen, der beim Beenden von QBS in der Patientenstudien-Datensatzliste erscheinen wird. In einigen Fällen kann es eine zusätzliche Option zur Auswahl des Formats der Ergebnisdatei geben. Dadurch wird eine gewisse Kompatibilität mit älteren Versionen der Software sichergestellt. Beachten Sie, dass alle Berechnungsergebnisse aus der neuesten Version u.U. in älteren Versionen der Software nicht verfügbar sind.

Bei Auswahl der Registerkarte **PowerPoint** können die Ergebnisse und Anwendungskonfigurationsdaten in einem Format gespeichert werden, welches das rasche und einfache Starten von Fallstudien direkt über eine PowerPoint-Präsentation ermöglicht.

Die folgenden Aktionen werden unterstützt:

Aktion	Zweck
<b>Save All (Alle speichern)</b>	Speichert Ergebnisse für alle gewählten Studien.
<b>Save Current (Aktuelle speichern)</b>	Speichert die Ergebnisse für die derzeit angezeigte Studie.
<b>Cancel (Abbrechen)</b>	Beendet das Dialogfeld ohne Speichern der Ergebnisse. Der Benutzer kann das Dialogfeld auch durch Klicken auf das „X“ in der rechten oberen Ecke des Dialogfensters schließen.

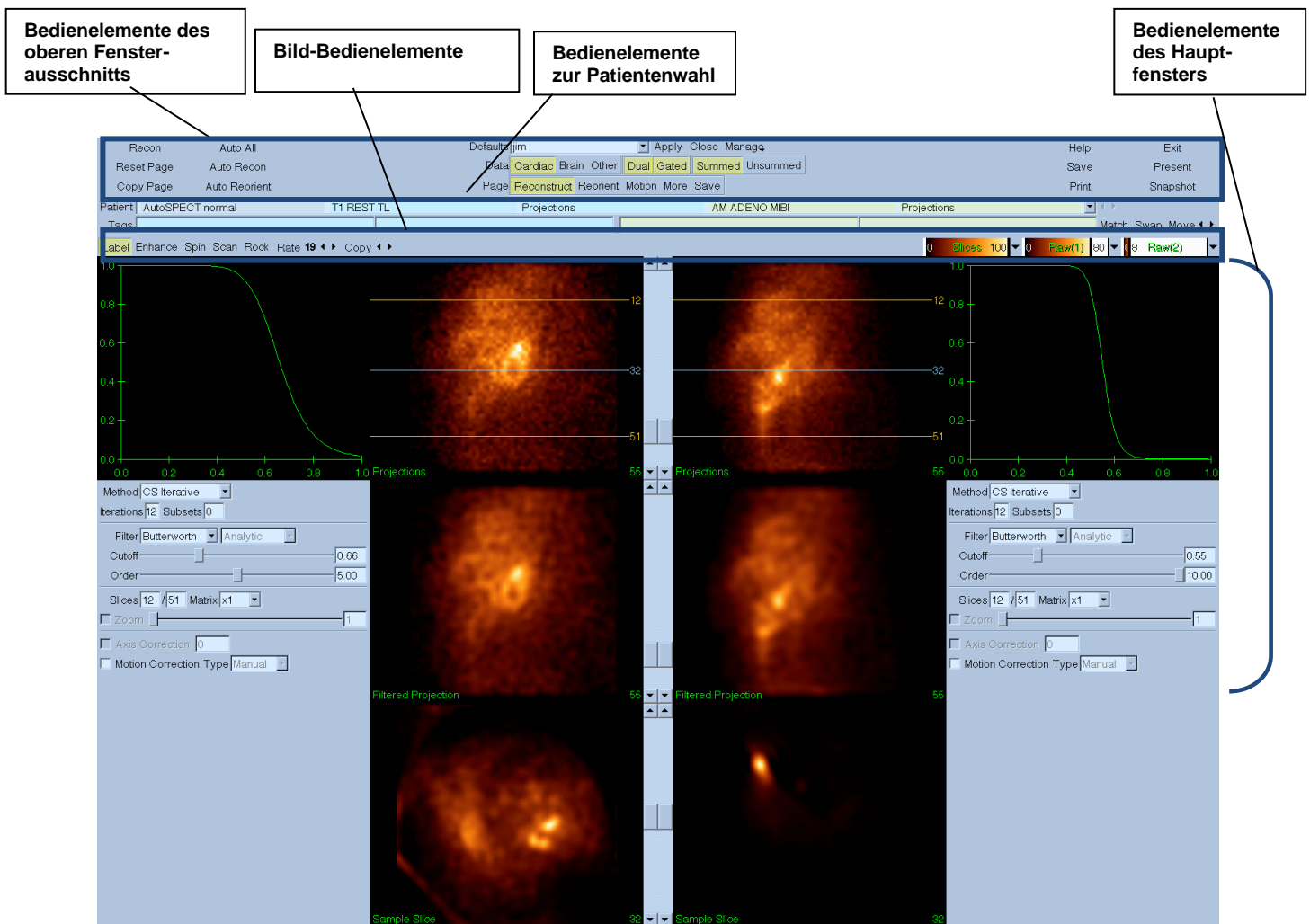


## 6. Anwendung „AutoRecon“ (AutoRekon - Automatisierte Rekonstruktion)

AutoRecon (AutoRekon) ist eine optionale Anwendung für die automatische und manuelle Rekonstruktion, Neuausrichtung und Bewegungskorrektur von Herz-, Hirn- und anderen (Leber-, Knochen usw.) SPECT- und getriggerten SPECT-Datensätzen. Die Anzahl der von AutoRecon (AutoRekon) angebotenen Automatisierungs- und Auswerteooptionen hängt vom gewählten Datensatz ab. AutoRecon (AutoRekon) wendet validierte Regeln auf die Rekonstruktion und Neuausrichtung von Projektionsbildern an und reduziert die Anzahl der bei der Studienverarbeitung erforderlichen Entscheidungen.

### 6.1. Starten von AutoRecon

Bei Starten von „AutoRecon“ (AutoRekon) in seiner Standardkonfiguration wird die Seite „Reconstruct“ (Rekonstruieren) mit den gewählten Datensätzen geladen angezeigt (siehe unten).



### 6.1.1. Bedienelemente des oberen Fensterausschnitts

Mit den Bedienelementen im oberen Fensterausschnitt von AutoRecon können Sie Anwendungsfunktionen wie die Auswahl von Standarddateien, das Speichern von Dateien oder das Formatieren von Bildern durchführen. Sie können unabhängig vom derzeit angezeigten AutoRecon-Fenster auf die meisten dieser Bedienelemente zugreifen. Weiter unten finden Sie eine kurze Beschreibung einiger Schaltflächen, die in diesem Fensterausschnitt enthalten sind.

- **Recon (Rekon)** - Durch Klicken auf diese Option werden die gegenwärtig angezeigten Datensätze manuell rekonstruiert. Definieren Sie die Rekonstruktionsgrenzen, bestätigen und passen Sie die Bedienelemente des Hauptfensters beliebig an, und klicken Sie dann auf die Schaltfläche **Recon (Rekon)**. AutoRecon (AutoRekon) geht nicht automatisch zum Fenster für die Neuausrichtung weiter, wenn die Schaltfläche **Recon (Rekon)** verwendet wird. Wenn der Bewegungskorrekturtyp auf **Auto (Autom.)** gesetzt wird, erscheint nach Beginn der Rekonstruktion der Datensätze das Fenster „Motion“ (Bewegung).
- **Reset Page (Seite zurücksetzen)** - Durch Klicken auf diese Option werden die verarbeiteten Datensätze und die Ansichtsfenstereinstellungen auf ihre ursprünglichen Werte zurückgesetzt. Es werden auch alle noch nicht verarbeiteten Datensätze entfernt.
- **Copy Page (Seite kopieren)** - Durch Klicken auf diese Option werden die Verarbeitungsparameter von einem Satz Ansichtsfenster auf alle anderen in den Speicher geladenen Objekte kopiert.
- **Auto All (Alle autom.)** - **Auto All (Alle autom.)** ist nur für Herzdatensätze verfügbar. Bei Verwendung dieser Option werden die Rekonstruktionsgrenzen automatisch bestimmt, die Herzdatensätze rekonstruiert und neu ausgerichtet. **Auto All (Alle autom.)** erzeugt die transversalen Schnitte, fährt automatisch mit dem Fenster „Reconstruct“ (Rekonstruieren) fort und richtet das Ventrikelvolumen automatisch neu aus. Wenn der Bewegungskorrekturtyp auf **Auto (Autom.)** gesetzt wird, erscheint nach Beginn der Rekonstruktion der bewegungskorrigierten Datensätze das Fenster „Motion“ (Bewegung).
- **Auto Recon (AutoRekon)** - Bei Verwendung dieser Option werden die Rekonstruktionsgrenzen automatisch bestimmt und die Herzdatensätze rekonstruiert. **Auto Recon (AutoRekon)** erzeugt die transversalen Schnitte automatisch, fährt jedoch nicht mit dem Fenster „Reorient“ (Neu ausrichten) fort. Wenn der Bewegungskorrekturtyp auf **Auto (Autom.)** gesetzt wird, erscheint nach Beginn der Rekonstruktion der bewegungskorrigierten Datensätze das Fenster „Motion“ (Bewegung).
- **Auto Reorient (Autom. neu ausrichten)** - Durch Klicken auf diese Option werden die Herzdatensätze automatisch neu ausgerichtet. Falls Sie die Datensätze nicht rekonstruiert haben, erfolgt die Rekonstruktion und anschließende Neuausrichtung der Datensätze mit **Auto Reorient (Autom. neu ausrichten)**. Wenn der Bewegungskorrekturtyp auf **Auto (Autom.)** gesetzt wird, erscheint nach Beginn der Rekonstruktion der bewegungskorrigierten Datensätze das Fenster „Motion“ (Bewegung).

- **Defaults (Standards)** - Das Feld „Defaults“ (Standards) zeigt den Namen der gegenwärtig gewählten Standardeinstellungen an.

## 6.2. Workflow

Ein typischer Verarbeitungsablauf für Herzdatensätze in AutoRecon wäre folgender:

- 1) Laden Sie die gewünschten Datensätze vom Patienten-Browser und klicken Sie auf die Schaltfläche **AutoRecon (AutoRekon)**.
- 2) Klicken Sie auf der Seite „Reconstruct“ (Rekonstruieren) auf **Auto All (Alle autom.)**, um die unverarbeiteten SPECT- oder getriggerten SPECT-Herzdatensätze automatisch zu rekonstruieren und neu auszurichten, auf **Auto Recon (AutoRekon)**, um den Herz-SPECT- oder getriggerten transversalen SPECT-Datensatz automatisch zu erzeugen, auf **Auto Reorient (Autom. neu ausrichten)**, um die Herz-SPECT- oder getriggerten transversalen SPECT-Datensätze automatisch neu auszurichten.

**Hinweis:** Falls sie den transversalen Datensatz nicht rekonstruiert haben, wird der Datensatz mit **Auto Reorient (Autom. neu ausrichten)** vor seiner Neusausrichtung automatisch rekonstruiert. AutoRecon (AutoRekon) geht automatisch zum Fenster „Reorient“ (Neu ausrichten) weiter, wenn die Optionen **Auto All (Alle autom.)** oder **Auto Reorient (Autom. neu ausrichten)** gewählt wurden.

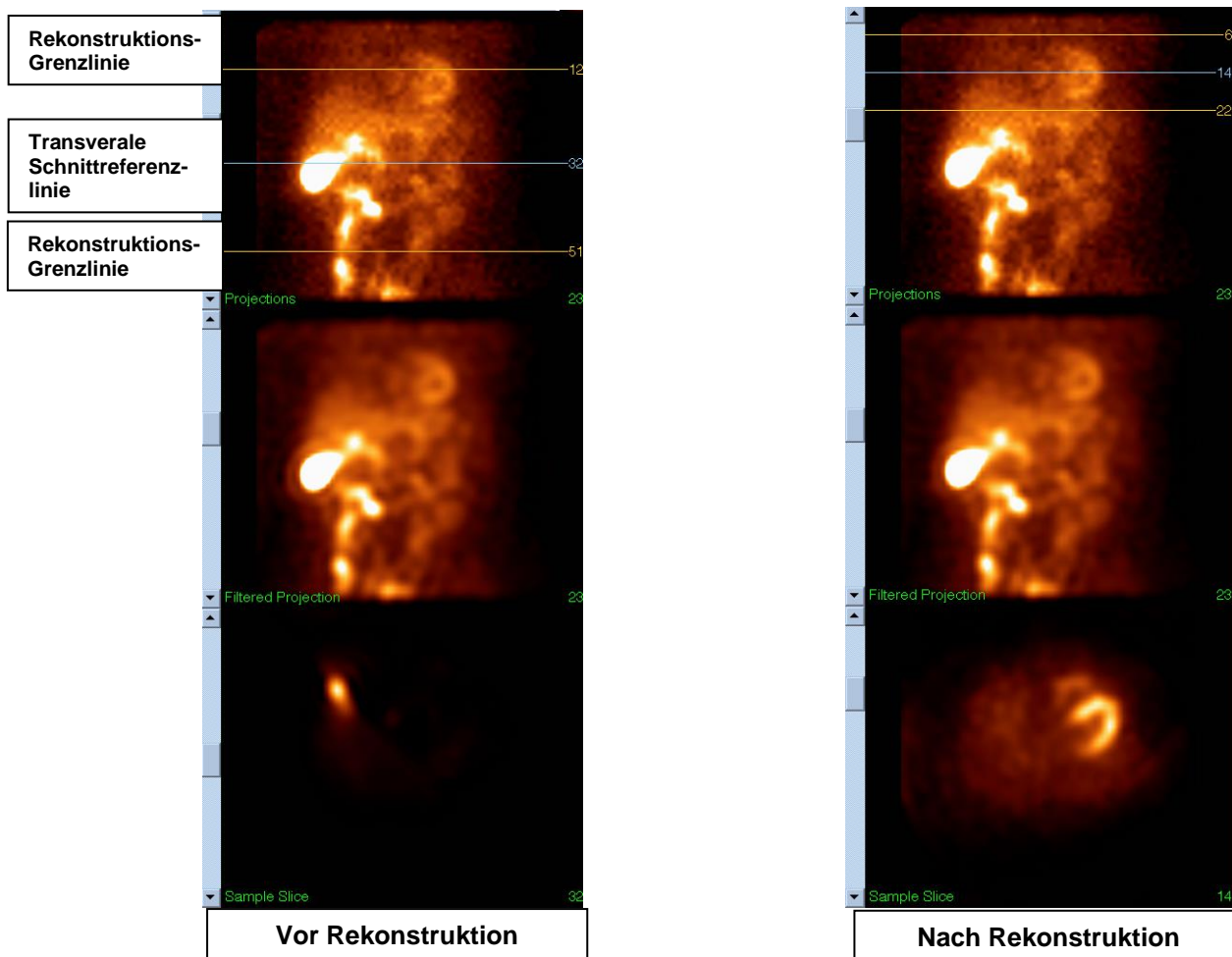
- 3) Beurteilen Sie die Bilder, um sicherzustellen, dass keine weitere Bearbeitung notwendig ist, indem Sie die folgenden Seiten überprüfen:

### (1)Seite „Reconstruct“ (Rekonstruieren)

- a. Die Rekonstruktionsgrenzen sollten den linken Ventrikel völlig einschließen und symmetrisch ober- und unterhalb des linken Ventrikels weniger als 5 Pixel vom Ventrikel platziert werden.
- b. Die Rekonstruktionsgrenzen sollten den linken Ventrikel nicht abschneiden.

**Hinweis:** Werden die Rekonstruktionsgrenzen nicht richtig bestimmt, können Sie die Herzdatensätze manuell verarbeiten. Drücken Sie die linke Maustaste und ziehen Sie die Rekonstruktionsgrenzlinien nahe zum Ventrikel und klicken Sie dann mit der linken Maustaste auf die Schaltfläche **Recon (Rekon)**. Wenn der Bewegungskorrekturtyp auf **Auto (Autom.)** gesetzt wird, erscheint nach der Rekonstruktion das Fenster „Motion“ (Bewegung).

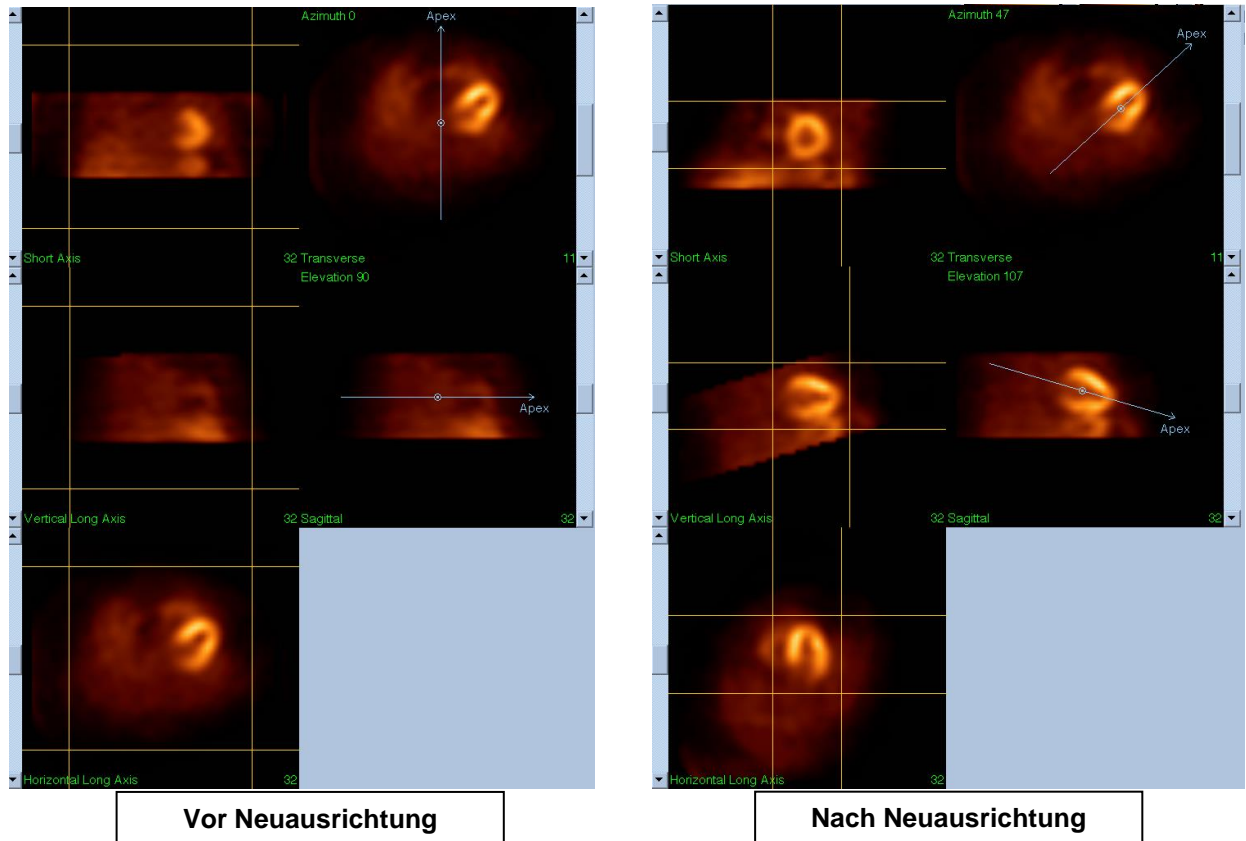




## (2) Seite „Reorient“ (Neu ausrichten)

- Der neu ausgerichtete linke Ventrikel sollte in den Ansichtsfenstern für Kurzachsen, vertikale Längsachsen und horizontale Längsachsen sichtbar sein.
- Bestätigen Sie die Platzierung und Ausrichtung der Azimuth-Linie im Ansichtsfenster „Transverse“ (Transversal).
- Bestätigen Sie die Platzierung und Ausrichtung der Elevation-Linie im Ansichtsfenster „Sagittal“.

Hinweis: Richten Sie den Ventrikel, falls notwendig, manuell neu aus. Linksklicken und ziehen Sie den Kreis auf die Azimuth- oder Elevation-Referenzlinie in der Mitte des Ventrikels. Linksklicken und ziehen Sie die Enden der Azimuth- oder Elevation-Referenzlinie in die Richtung, in der Sie den Ventrikel ausrichten möchten. Linksklicken und ziehen Sie die Datensatz-Referenzlinien so, dass sie sich nahe beim Ventrikel befinden, diesen jedoch nicht abschneiden.

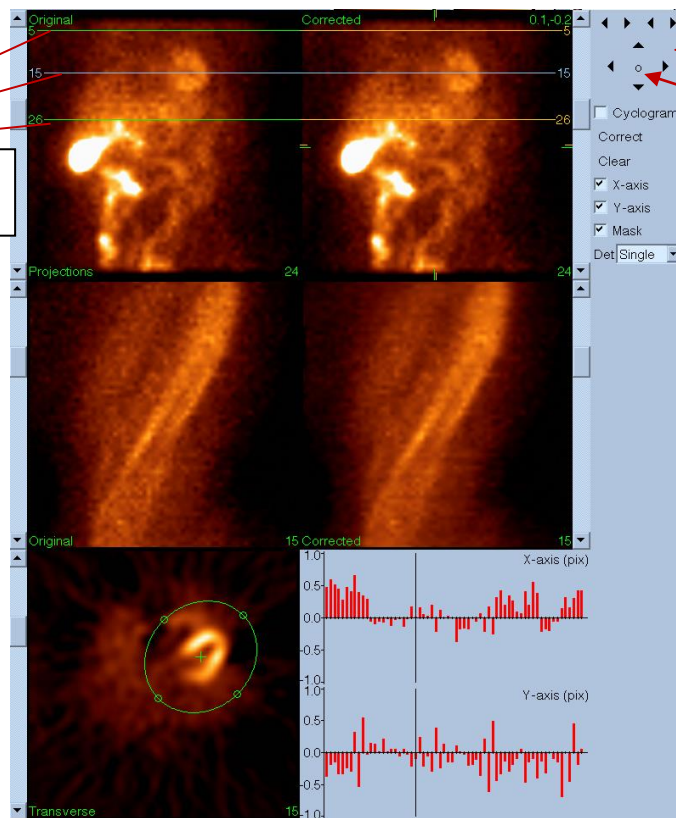


### (3) Seite „Motion“ (Bewegung)

Die Seite „Motion“ (Bewegung) enthält die Anwendung „MoCo“ (Cedars-Sinai Motion Correction - Bewegungskorrektur), die zur automatischen und manuellen Korrektur von Bewegungsartefakten bei der SPECT-Akquisition dient. Datensätze werden automatisch auf Bewegungsartefakte korrigiert, wenn der Bewegungskorrekturtyp auf der Seite „Reconstruct“ (Rekonstruieren) auf **Auto (Autom.)** gesetzt ist.

- a. Bestätigen Sie, dass alle Bewegungsartefakte präzise korrigiert worden sind.

Hinweis: Um manuell auf Bewegung zu korrigieren, gehen Sie jeden Schnitt im Referenz-Ansichtsfenster schrittweise durch, verschieben Sie das Bild in jedem Schnitt nach Bedarf, um die Bilder mit den Bewegungskorrektur-Klickpfeilen auszurichten. Ändern Sie den Bewegungskorrekturtyp auf der Seite „Reconstruct“ (Rekonstruieren) in **Manual (Manuell)**, um die Studie mit den manuell auf Bewegung korrigierten Datensätzen zu rekonstruieren.



Horizontale Referenz-Linien

Bewegungskorrektur-Klickpfeile

Reset (Rücksetzen)

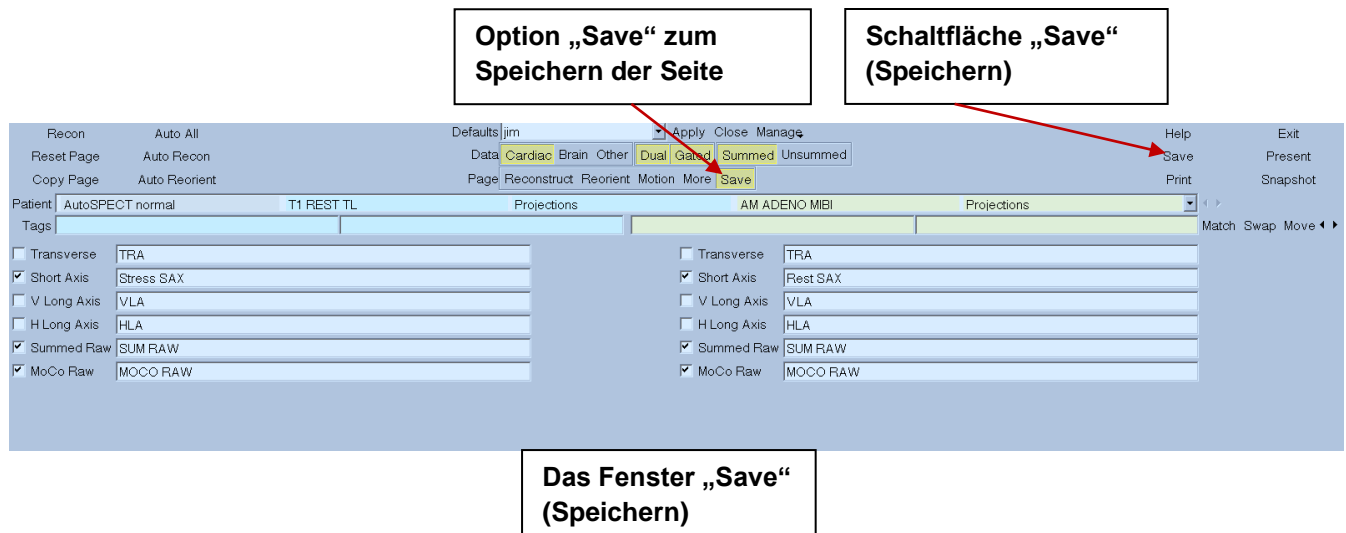
Bewegungskorrektur-Ansichtsfenster

#### 4) Seite speichern

- Aktivieren Sie die Umschaltflächen für jeden Datensatz, den Sie speichern möchten, und vergewissern Sie sich, dass die IDs der Ansichten korrekt sind.
- Linksklicken Sie auf die Schaltfläche **Save (Speichern)**, um die Datensätze zu speichern.



**VORSICHT:** Verwechseln Sie die Option „Save“ (Speichern) zum Speichern der Seite nicht mit der Schaltfläche **Save** ganz rechts in den Bedienelementen des oberen Fensterausschnitts. Die Schaltfläche **Save (Speichern)** speichert alle Datensätze, ohne Ihnen das Ändern der Speicherungsparameter zu erlauben.



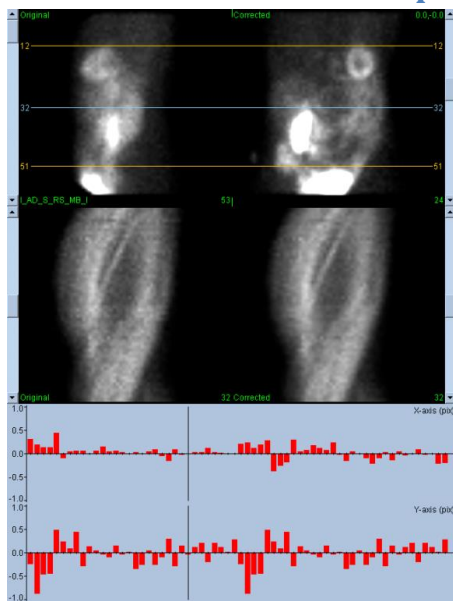
5) Linksklicken Sie auf **Exit (Beenden)**, um AutoRecon (AutoRekon) zu beenden.

## 7. Anwendung MoCo (Motion Correction - Bewegungskorrektur)

MoCo (Bewegungskorrektur) besteht aus den folgenden Komponenten:

<b>Ansichtsfenster-Display</b>	Display der Bilder und Ergebnisse.
<b>Farb-Bedien-element</b>	Wählt die aktuelle Farbskala und Intensitätszuordnung.
<b>Datensatz-Auswahlhilfe</b>	Dient zur Auswahl des gegenwärtig angezeigten Datensatzes.
<b>Ansichtsfenster-Bedienelement</b>	Steuert das Display der Ansichtsfenster.
<b>MoCo-Bedien-element</b>	Steuert die Verarbeitung und Validierung der automatischen und manuellen Bewegungskorrektur.

## 7.1. Ansichtsfenster-Display



Die Schnittstelle, die keine extern zugängliche Beenden- oder Speichern-Funktion besitzt, da sie vorwiegend für die Einbettung in eine umgebende Anwendung konzipiert ist, besteht aus den folgenden Komponenten:

<b>Ansichtsfenster des Original-Projektionsbildes</b>	Zeigt ein einzelnes Projektionsbild aus dem unkorrigierten Datensatz an. Die aktuelle Projektion wird mit der entsprechenden Bildlaufleiste gewählt; die horizontalen Bewegungsreferenzlinien werden durch Ziehen verschoben.
<b>Ansichtsfenster des korrigierten Projektionsbildes</b>	Zeigt ein einzelnes Projektionsbild aus dem korrigierten Datensatz an. Die aktuelle Projektion wird mit der entsprechenden Bildlaufleiste gewählt; die horizontalen Bewegungsreferenzlinien werden durch Ziehen verschoben. Die x- und y-Achsen-Offsets der Bewegungskorrektur werden ebenfalls angezeigt.
<b>Ansichtsfenster des Original-Sinogramms</b>	Zeigt ein einzelnes Sinogramm aus dem unkorrigierten Datensatz an. Das aktuelle Sinogramm wird durch Ziehen der Sinogramm-Referenzlinie im entsprechenden Ansichtsfenster des Projektionsbildes gewählt.
<b>Ansichtsfenster des korrigierten Sinogramms</b>	Zeigt ein einzelnes Sinogramm aus dem korrigierten Datensatz an. Das aktuelle Sinogramm wird durch Ziehen der Sinogramm-Referenzlinie im entsprechenden Ansichtsfenster des Projektionsbildes gewählt.
<b>Diagramm der X-Achsenbewegung</b>	Zeigt die Offsets der aktuellen X-Achsen-Bewegungskorrektur an.
<b>Diagramm der Y-Achsenbewegung</b>	Zeigt die Offsets der aktuellen Y-Achsen-Bewegungskorrektur an.
<b>Bewegungscursor</b>	Dient zur manuellen Auswahl der Offsets der x- und y-Achsen-Bewegungskorrektur. Dient außerdem zur Auswahl der aktuellen Projektionsbilder für die Ansichtsfenster der Original- und korrigierten Projektionsbilder.

## 7.2. Farb-Bedienelement



Es gibt zwei Farbskalen: **Raw (Rohdaten)** steuert die meisten Bilder, welche die Projektions-, Sinogramm- und Zyklogramm-Displays umfassen. **Slices (Schnitte)** steuert das Einzelschnitt-Display, das nur bei Auswahl von „Mask“ (Maske) oder „Cyclogram“ (Zyklogramm) verfügbar ist.

Das Farb-Bedienelement dient zur Auswahl der aktuellen Farbskala und Intensitätszuordnung. Die Farbskala wird durch Klicken auf das Farbskala-Optionsmenü und Auswahl aus der Liste verfügbarer Farbskalen ausgewählt. Die Intensitätszuordnung wird anhand von zwei Parametern festgelegt, dem unteren und oberen Niveau, die jeweils von 0 bis 100 Prozent reichen können. Sie geben gemeinsam den Teil des dynamischen Bereichs eines Datensatzes an, der der kompletten Farbskala zugeordnet werden soll.

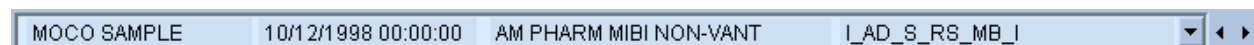
Die unteren und oberen Niveaus der Intensitätszuordnung, die durch untere und obere Niveauleisten repräsentiert werden, können über das Farbskalen-Ansichtsfenster festgelegt werden, welches die folgenden Interaktionen unterstützt:

- Ziehen einer der beiden Niveauleisten nach links, um sie zu verschieben.
- Ziehen eines beliebigen anderen Punkts im Ansichtsfenster, um beide Leisten gleichzeitig zu verschieben.
- Anklicken oder Ziehen eines beliebigen Punkts im Ansichtsfenster mit der mittleren Maustaste, um die nähere Niveauleiste auf diesen Punkt zu ziehen.
- Doppelklicken mit der linken Maustaste an einer beliebigen Stelle im Ansichtsfenster, um die Niveauleisten auf 0 und 100 zurückzusetzen.

Die folgenden Funktionen werden auch über das Optionsmenü angeboten:

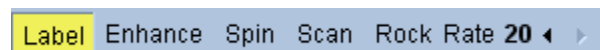
<b>Reset (Rücksetzen)</b>	Setzt die oberen und unteren Niveaus zurück.
<b>Invert (Invertieren)</b>	Schaltet die unteren und oberen Niveaus um und invertiert dabei die Farbskala.
<b>Step (Farbinkrementierung)</b>	Schaltet die Diskretisierung der Farbskala um.
<b>Gamma</b>	Schaltet das Display des Gamma-Bedienelements der Farbskala um.
<b>Expand (Erweitern)</b>	Schaltet die dynamische Bereichserweiterung für die unteren und oberen Niveaus um.
<b>Normalize (Normieren)</b>	Schaltet die automatische Datensatznormierung basierend auf den Segmentierungsergebnissen um.

### 7.3. Datensatz-Auswahlhilfe



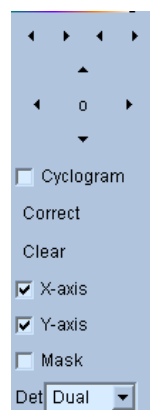
Beim Starten der Anwendung wird als Eingabe eine Liste mit einem oder mehreren Datensätzen übergeben. Die Datensatz-Auswahlhilfe wählt aus dieser Liste den aktuellen Datensatz aus, d.h. den anzuzeigenden Datensatz. Der Benutzer kann somit durch Klicken auf die Pfeiltasten die Datensätze durchblättern. Der Benutzer kann durch Klicken auf das Datensatz-Optionsmenü auch direkt zu einem Datensatz springen; dadurch wird eine Liste verfügbarer Datensätze eingeblendet, aus der der gewünschte Datensatz gewählt werden kann.

### 7.4. Ansichtsfenster-Bedienelement



<b>Label (Beschriften)</b>	Aktiviert die Ansichtsfenster-Beschriftung, u.a. Schnitt- und Projektionsnummern und Bewegungsreferenzlinien.
<b>Enhance (Optimieren)</b>	Wendet einen Ortsfilter an, der zur Optimierung der Sichtbarkeit von Bewegungsartefakten auf den Original- und korrigierten Projektionsbildfolgen konzipiert ist.
<b>Spin (Drehen)</b>	Schaltet das Projektions-Cine um.
<b>Scan</b>	Schaltet das Sinogramm-Cine um.
<b>Rock (Schaukeln)</b>	Schaltet das bidirektionale Projektions-Cine für Akquisitionen unter 360° um (wobei die Option „Spin“ ebenfalls aktiviert ist).
<b>Rate (Geschwindigkeit)</b>	Dient zur Auswahl der Cine- und Scangeschwindigkeiten.

### 7.5. MoCo-Bedienelement



Das MoCo-Bedienelement dient zur Steuerung der Verarbeitung und Validierung der automatischen und manuellen Bewegungskorrektur. Die folgenden Bedienelemente sind verfügbar:

<b>Cyclogram (Zyklogramm)</b>	Aktiviert den Zyklogramm-Display-Modus. Wenn dieser Modus aktiviert ist, werden die Sinogramm-Ansichtsfenster durch ihre entsprechenden Zyklogramm-Ansichtsfenster ersetzt. Ein Zyklogramm wird wie folgt konstruiert: durch Zusammensetzung des Satzes vertikaler Streifen, der durch die Schnittebene jeder Projektion in der Projektionsbildfolge definiert ist, mit einer Ebene, die senkrecht zur Projektion und zur transversalen Ebene beschränkt ist und des Weiteren darauf beschränkt ist, einen benutzerdefinierten Schnittpunkt in der transversalen Ebene zu haben. Ein Zyklogramm hebt horizontale (x-Achsen-)Bewegungsartefakte auf eine Weise hervor, die analog zur Hervorhebung der vertikalen (Y-Achsen-) Bewegung eines Sinogramms ist.
<b>Correct (Korrigieren)</b>	Führt eine automatische oder semiautomatische Bewegungskorrektur durch.
<b>Clear (Löschen)</b>	Setzt alle Bewegungskorrektur-Offsets auf Null zurück.
<b>X-axis (X-Achse)</b>	Aktiviert die Korrektur der X-Achsenbewegung.
<b>Y-axis (Y-Achse)</b>	Aktiviert die Korrektur der Y-Achsenbewegung.
<b>Mask (Maske)</b>	Aktiviert den Maskierungsmodus. Ist diese Option aktiviert, wird ein weiteres transversales Schnitt-Ansichtsfenster aktiviert, in dem der Benutzer ein transversales Volumen definieren kann, das durch eine Ellipse und untere und obere Schnittgrenzen eingegrenzt wird und somit den Bereich festlegt, auf den sich der Bewegungskorrekturalgorithmus konzentrieren soll.
<b>Det</b>	Dient zur Auswahl der Anzahl von Detektorköpfen, was die Verwendung verschiedener Beschränkungen des Bewegungskorrekturalgorithmus basierend auf der Kamerageometrie ermöglicht.



## 8. Fehlersuche

**Symptom:** Beim Starten von QPS oder QGS erhalte ich die Fehlermeldung „database connection failed“ (Datenbankverbindung schlug fehl).

**Lösung:**

Vergewissern Sie sich, dass der ARG-Server richtig installiert worden ist.

2. Vergewissern Sie sich von der Eingabeaufforderung aus, dass der ARG-Server über das Netzwerk erreichbar ist (versuchen Sie "ping [argserver]", wobei argserver die IP-Adresse des arg-Servers ist).

**Symptom:** Ich kann von meiner Kamera aus keine Bilder auf CSImport verschieben.

**Lösung:**

1. Vergewissern Sie sich, dass beide Systeme richtig konfiguriert worden sind; lesen Sie den Abschnitt „Connectivity“ (Vernetzung) der CSImport-Konfiguration und das Benutzerhandbuch des Kameraherstellers.

2. Vergewissern Sie sich, dass die Windows-Firewall eine Ausnahme für Cedars-Sinai DICOM Store hat.

3. Vergewissern Sie sich, dass die „verschiebende“ Workstation die CSImport-Station über die Eingabeaufforderung an der Kamera-Workstation erreichen kann (versuchen Sie "ping [csimport\_ip]", wobei csimport\_ip die IP-Adresse des CSImport-Computers ist).

**Symptom:** Ich erhalte in QPS beim Öffnen eines Datensatzes „mehrere Übereinstimmungen“.

**Lösung:**

1. Vergewissern Sie sich, dass die notwendigen Übereinstimmungsfelder ausgefüllt sind (z.B. Patientengeschlecht). Ist dies nicht der Fall, werden sie im Datensatz-Editor-Fenster gelb angezeigt. Sind Felder nicht richtig ausgefüllt, könnte dies einen Fehler bei den DICOM-Daten anzeigen. Zwecks weiterer Informationen wenden Sie sich an den Kamerahersteller.

2. Vermerken Sie bei dem Datensatz den Status für Geschlecht, Isotop und Akquisition.

3. Öffnen Sie die Seite „Database“ (Datenbank), wählen Sie „List...“ (Liste), bestätigen Sie, dass nur 1 aktive Datenbank für die Statuskombination Geschlecht/Isotop/Akquisition existiert. Ist mehr als eine aktive Datenbank vorhanden, öffnen Sie die Datenbank, die nicht gewählt werden soll, deaktivieren Sie „allow automatic selection“ (Autom. Auswahl zulassen) und speichern Sie.

## Index

- Blur (Verzerren)**, 43, 44, 75, 78
- Constrain (Beschränken), 42
- CSImport, 11
- Daten
  - Importieren, 20
- Diastolische Funktion, 82
- DICOM
  - Query/Retrieve, 27
  - Verschieben, 28
- Ergebnisse
  - Speichern, 64, 85
- Extent (Ausmaß), 57
- FFH-Amplitude, 68
- FTP, 26
- Fusion, 10
- Gate (Trigger)**, 44
- Impulse, 68
- Mask (Maske), 41
- MoCo (Bewegungskorrektur), 12, 92
- Movie (Cine)**, 37
- Parametric (Parametrisch), 67
- Phasenanalyse, 58, 83
- Philips Odyssey, 26
- Philips Pegasys, 25
- Polardiagramme, 57
- Popout, 45, 76
- PowerPoint, 65, 85
- Process (Verarbeiten), 38, 41, 69
- Produktbeschreibung, 8, 14, 15
- QBS, 10, 66
- QGS, 9, 31
- QPS, 8, 31
- Rock (Schaukeln)**, 68
- SDS, 48
- Seite
  - Manual (Manuell), 41, 70
  - More (Mehr), 58
  - QBS Results (QBS-Ergebnisse), 79
  - QGS Results (QGS-Ergebnisse), 55
  - QPS Results (QPS-Ergebnisse), 53
  - Raw (Rohdaten), 35, 68
  - Slice (Schnitt), 38, 43, 69, 75
  - Splash, 44, 76
  - Surface (Oberfläche), 50, 78
  - Views (Ansichten), 79
- Setup, 16
- Severity (Schweregrad), 57
- Smear (Schnittweise glätten)**, 43, 44, 75
- SMS, 47
- Spin (Drehen)**, 68
- SRS, 48
- SSS, 48
- STS, 47
- Vessels (Gefäße), 54
- Visual Score (Visuelle Bewertung), 47, 55
- Volumenkurve, 56
- Voxel, 58
- Walls (Wände), 54
- Zweck des Produkts, 8