

Istituti virtuali: scanner 1.5T

Manuale di Armonizzazione sequenze RM

Versione 1: 15/12/2021

Il manuale redatto nell'ambito del progetto "Istituti virtuali"

della "Rete IRCCS delle Neuroscienze e della Neuroriabilitazione - RIN"

e si avvale del lavoro precedentemente svolto nell'ambito del WP2 del progetto "RIN - Rete Italiana IRCCS di neuroimaging avanzato" - Claudia Gandini Wheeler-Kingshott, Michela Tosetti

Referenti RM per:

Istituti virtuali Demenze: Maria Grazia Bruzzone

Istituti virtuali Parkinson: Federica Agosta

Istituti virtuali Sclerosi multipla: Matilde Inglese, Andrea Falini

*Per il progetto **MRI working group** - Istituti virtuali contattare:*

*anna.nigri@istituto-besta.it, mauro.costagli@unige.it, castellano.antonella@hsr.it,
basaia.silvia@hsr.it, iadanza.antonella@hsr.it*

Sommario

Sommario	2
Sezione 1 – MRI Istruzioni tecniche	3
1.1 – Introduzione generale	3
Sezione 2 – Procedure di acquisizione RM	4
2.1 – Norme generali	4
2.2 – Acquisizione di prova	4
2.3 – Protocollo di acquisizione RM	5
2.3.1 – Sequenze	5
2.3.2 – Dettagli delle sequenze di acquisizione: protocollo strutturale	6
2.4 – Posizionamento del pacchetto sequenze	8
2.4.1 – Posizionamento usando uno scanner RM Philips.....	9
2.4.2 – Posizionamento usando uno scanner RM Siemens	9
2.4.3 – Posizionamento usando uno scanner RM GE	9
2.5 – Protocolli clinici	10
Sezione 3 – scanner RM: aggiornamenti software and hardware	11

Sezione 1 – Istruzioni tecniche RM

1.1 – Introduzione generale

1. Prima di eseguire l'acquisizione RM di un soggetto per lo studio, è necessario inviare un 'Dummy' con i file in PDF/txt di ogni sequenza all'MRI working group per la valutazione e accettazione della versione definitiva del protocollo (vedi sezione 2.2).
2. Anonimizzate i DICOM per i dati sensibili del soggetto. Gli header delle immagini devono includere tutti i parametri e non essere cancellati nella fase di anonimizzazione: TE, TR, FOV, matrice immagine. Le immagini acquisite dovranno essere consistenti con le informazioni della SOP. I file DICOM devono essere salvati come STANDARD DICOM anziché enhanced. Se i file DICOM non si possono salvare in questo formato, occorre informare l'MRI working group con una e-mail.

Riassumendo:

- Salvare i DICOM come STANDARD DICOM
- Dopo aver anonimizzato i dati, lasciare intatto l'header dei file con tutti i metadata legati all'acquisizione dell'immagine
- Caricare solo i file dicom (.dcm/.IMA); cancellare tutti gli altri files (esempio: DICOM/DIR, .sr files, PS/XX files).
- Creare una copia della vostra acquisizione da conservare nel vostro centro per future richieste.

Sezione 2 – Procedure di acquisizione RM

2.1 – Norme generali

Il comfort del paziente durante l'acquisizione RM è fondamentale. Si raccomanda l'utilizzo di appositi pads/cuscini intorno alla testa e a supporto del collo per ridurre la possibilità di movimento involontario del paziente, secondo il protocollo previsto dal vostro Istituto.

Limitare gli artefatti da movimento è importante per garantire la qualità delle acquisizioni. Si consiglia l'uso di cinghie standard in velcro e cuscini in schiuma per immobilizzare la testa. Tuttavia, è possibile utilizzare altri metodi di stabilizzazione della testa che vengono utilizzati di routine nel vostro Istituto.

Per l'acquisizione RM dell'encefalo, il soggetto deve essere posizionato in modo tale che la linea mediana del cervello coincida col piano sagittale centrale della sequenza di localizzazione iniziale. Seguite le procedure di routine del vostro Istituto per il vostro tipo di scanner per posizionare il soggetto nello scanner.

Attenzione: per i soggetti con esami RM precedenti facenti parte dello studio, si raccomanda di fare riferimento alle sue precedenti acquisizioni per riprodurre fedelmente il posizionamento dell'acquisizione precedente. Questo passaggio è fondamentale, al fine di ottenere esami confrontabili.

Devono essere usate le stesse bobine per tutti i pazienti nel corso dello studio. Le informazioni che riguardano l'apparecchiatura RM e le bobine sono le stesse fornite in precedenza in fase di censimento.

Attenzione: in caso di aggiornamenti software e/o hardware della vostra apparecchiatura, si raccomanda di inviarne comunicazione all'**MRI working group** utilizzando l'apposito modulo (v. Sezione 3).

2.2 – Acquisizione di prova

Un centro, per partecipare allo studio, deve necessariamente effettuare una procedura di acquisizione su un soggetto di prova ("Dummy Scan"). Questa procedura consente all'MRI Working group di assicurare la sussistenza dei seguenti requisiti:

- le prestazioni dello scanner soddisfano i requisiti per partecipare allo studio
- il centro RM è in grado di produrre e caricare i dati richiesti secondo quanto definito nelle sezioni successive (vedi 2.3).

Ottenuta l'approvazione dell'acquisizione di prova, si raccomanda di conservare il protocollo approvato sul vostro scanner per evitare possibili errori di impostazione delle sequenze RM nel corso dello studio.

2.3 – Protocollo di acquisizione RM

2.3.1 – Sequenze

Tabella 1

#	Sequenza	Prescrizione	Note
1	Localiser		La fetta assiale deve essere parallela alla linea bicommissurale
2	sT1W_3D	Sagittale	Le fette devono essere parallele alla linea mediana (Fig. 3a,4a,5a) e coprire l'intero cervello (dalla sommità dello scalpo alla vertebra cervicale C3)
3	FLAIR_3D	Sagittale	Come sopra

Attenzione: utilizzare il protocollo accelerato con “compressed sensing”, se disponibile sul vostro scanner avvertendo l'MRI working group.

2.3.2 – Dettagli delle sequenze di acquisizione: protocollo strutturale

L'implementazione delle sequenze di acquisizione è stata effettuata dall'MRI working group, definendo uno schema che tiene conto dei diversi vendor. I parametri suggeriti di ciascuna sequenza sono riassunti nelle tabelle seguenti.

Saranno acquisite immagini T1 3D e FLAIR 3D come dati strutturali. Queste immagini avranno una risoluzione di $1 \times 1 \times 1 \text{ mm}^3$, preferibilmente (*), con un numero di fette compreso tra 175 e 180, orientate sagittalmente. Il tempo di acquisizione totale dovrebbe essere di circa 12 minuti.

Protocollo

Salvare le immagini T1 3D come “sT1W_3D” e le FLAIR 3D come “FLAIR_3D”.

Tabella 2

Parametri	sT1W_3D			
Vendors	Philips	Siemens	GE	NOTE - modifiche
Tipo di sequenza	3D TFE	MP-RAGE	3D BRAVO	
Slice orientation	sagittal	sagittal	sagittal	
FOV [mm]	256 x 256	256 x 256 230 x 230	256 x 256	
Risoluzione [mm^3]	$1 \times 1 \times 1$ $1.2 \times 1.2 \times 1.2$ (*)	$1 \times 1 \times 1$ $1.2 \times 1.2 \times 1.2$ (*)	$1 \times 1 \times 1$ $1.2 \times 1.2 \times 1.2$ (*)	
Matrice (Base Resolution)	212 x 214	256 x 256 192 x 192	256 x 256	
Spessore di fetta	1 1.2 (*)	1 1.2 (*)	1 1.2 (*)	
Slice gap (mm)	-	-	-	
n. fette	175 - 180 (**) $146-150$ (*)	175 - 180 (**) $146-150$ (*)	175 - 180 (**) $146-150$ (*)	
Phase Encoding direction	AP	AP	PA (non modif) Freq S/I	
Slice order	Interleaved	Interleaved	Interleaved	
NSA/Averages/NEX	1	1	1	
TR [ms]	17	1380	7.6	
TE [ms]	4.6	2.74	3	
TI [ms]		699	Preptime 450	
Flip angle	30	15	12	
Fat Suppression	No	No	No	
k-space coverage (Halfscan/Partial Fourier)	No	No	No	
Acceleration factor	SENSE 2	GRAPPA 2	ARC PH2SL 1 -2	
Filter	CLEAR on	Prescan Normalize on	PURE on	
Banda	141($1 \times 1 \times 1$ mm)	180 Hz/pix	31.25	
Durata [min]	$\approx 3-4$ ($1 \times 1 \times 1$) $\approx 2-3$ ($1.2 \times 1.2 \times 1.2$)	$\approx 3-4$ ($1 \times 1 \times 1$) $\approx 2-3$ ($1.2 \times 1.2 \times 1.2$)	$\approx 3-4$ ($1 \times 1 \times 1$) $\approx 2-3$ ($1.2 \times 1.2 \times 1.2$)	

(*) Preferibilmente utilizzare la risoluzione $1 \times 1 \times 1 \text{ mm}^3$. Se ciò non fosse possibile, o se la qualità delle immagini risultasse insoddisfacente, adottare una risoluzione spaziale con voxel isotropico di dimensioni massime = $1.2 \times 1.2 \times 1.2 \text{ mm}^3$.

(**) Se non fosse possibile acquisire 175 fette, utilizzare il valore permesso nell'intervallo 175-180. Utilizzare lo stesso numero di fette per entrambe le sequenze sT1w_3D e FLAIR_3D.

Tabella 3

Parametri	FLAIR_3D			
Vendors	Philips	Siemens	GE	NOTE - modifiche
Tipo di sequenza	T2-FLAIR TSE	TSE VFL	CUBE T2-FLAIR	
Slice orientation	sagittal	sagittal	sagittal	
FOV [mm]	256 x 256	256 x 256 230 x 230	256 x 256	
Risoluzione [mm ³]	1 x 1 x 1 1.2 x 1.2 x 1.2 (*)	1 x 1 x 1 1.2 x 1.2 x 1.2 (*)	1 x 1 x 1 1.2 x 1.2 x 1.2 (*)	
Matrice (Base Resolution)	256 x 256	256 x 256 192 x 192	256 x 256	
Spessore di fetta	1 1.2	1 1.2	1 1.2	
Slice gap (mm)	-	-	-	
n. fette	175 - 180 (**) 146-150 (*)	175 - 180 (**) 146-150 (*)	175 - 180 (**) 146-150 (*)	
Phase Encoding direction	AP	AP	PA (non modif) Freq S/I	
NSA/Averages/NEX	2	1	1	
TR [ms]	4800	6000	4900	
TE [ms]	Shortest (316)	373	120	
TI [ms]	1660	1800	1380	
Fat Suppression	SPIR	Fat sat (strong) [none?]	Fat classic	
k-space coverage (Halfscan/Partial Fourier)	NO	allowed	-	
Slice k-space coverage (Halfscan/Partial Fourier)	NO	6/8	-	
Acceleration factor	SENSE 2.58	GRAPPA 2	ARC PHASE2 SLICE2	
Filter	CLEAR on	Prescan Normalize on	PURE on	
Banda	773 (1x1x1 mm) 935 (1.2x1.2x1.2 mm)	592 Hx/pix	27.78	
Durata [min]	≈7:45(1x1x1) ≈5.02 (1.2x1.2x1.2)	≈6.54 (1x1x1) ≈5.26 (1.2x1.2x1.2)	≈5:56 (1x1x1) ≈5:07 (1.2x1.2x1.2)	

(*) Preferibilmente utilizzare la risoluzione 1x1x1 mm³. Se ciò non fosse possibile, o se la qualità delle immagini risultasse insoddisfacente, adottare una risoluzione spaziale con voxel isotropico di dimensioni massime = 1.2x1.2x1.2 mm³.

(**) Utilizzare lo stesso numero di fette per entrambe le sequenze sT1w_3D e FLAIR_3D.

2.4 – Posizionamento del pacchetto sequenze

Al fine di standardizzare il posizionamento dei pacchetti di sequenze tra i diversi centri e per evitare di introdurre effetti confondenti, chiediamo di seguire le istruzioni di seguito.

Localiser

Posizionare il soggetto ed eseguire le scansioni "localizer" allineando le fette trasversali di tutte le scansioni in modo parallelo al piano assiale individuato dai punti inferiori del corpo calloso (piano bicallosale).

Attenzione: Porre particolare attenzione nel posizionamento del soggetto all'interno dello scanner RM in modo che l'**allineamento bicallosale** e l'allineamento assiale puro corrispondano allo stesso piano (vedi **Figura 1**).

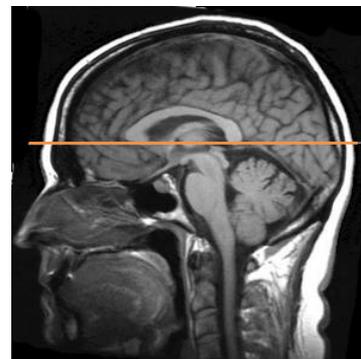


Figure 1

Si consiglia di utilizzare le scansioni di pianificazione (localizer) assiale, coronale e sagittale per verificare il corretto e ottimale posizionamento del soggetto (di seguito un immagine di esempio che mostra il posizionamento in tutti e tre i piani).



Figure 2

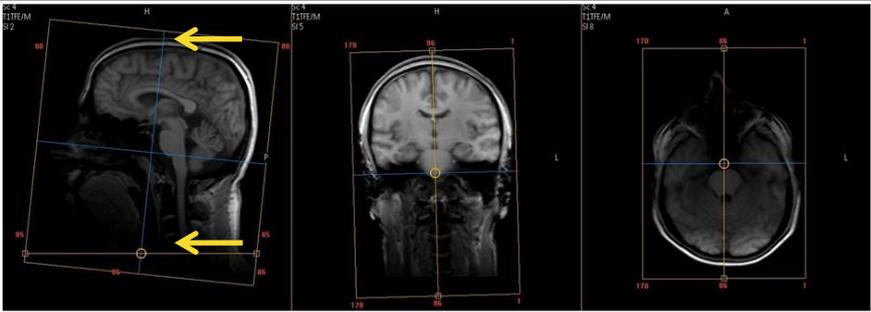
Protocollo strutturale (sT1W_3D and FLAIR_3D)

Per il protocollo strutturale sT1W_3D e FLAIR_3D, posizionare il pacchetto della sequenza per ottenere una copertura adeguata di tutto il cervello, includere il tronco encefalico, e arrivare, se possibile, fino al livello del midollo cervicale C3. Il posizionamento del pacchetto sT1 3D e FLAIR 3D deve essere identico.

Per la descrizione dettagliata e la verifica visiva dell'allineamento del pacchetto delle sequenze, seguire le indicazioni delle figure successive per gli scanner Philips, Siemens e GE.

2.4.1 – Posizionamento - scanner RM Philips

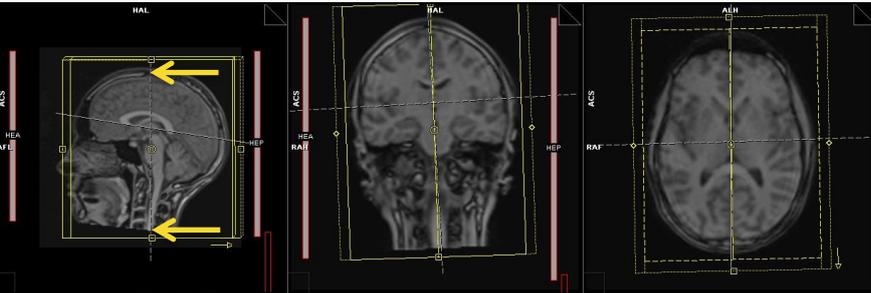
sT1W_3D
FLAIR_3D
(Figure 3a)



Le frecce gialle indicano le strutture cerebrali che devono essere incluse nella scansione. Se possibile, includere dallo scalpo al midollo cervicale C3.

2.4.2 – Posizionamento - scanner RM Siemens

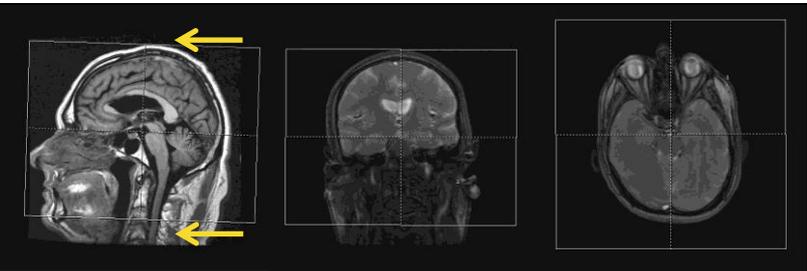
sT1W_3D
FLAIR_3D
(Figure 4a)



Le frecce gialle indicano le strutture cerebrali che devono essere incluse nella scansione.

2.4.3 – Posizionamento - scanner RM GE

sT1W_3D
FLAIR_3D
(Figure 5a)



Le frecce gialle indicano le strutture cerebrali che devono essere incluse nella scansione.

2.5 – Protocolli clinici

Come definito nel gruppo di lavoro "Pazienti con patologia dementigena", il protocollo clinico di base include:

Sequenza	Slice orientation	Phase encoding	Range FOV [mm ²] or [mm ³]	Range Voxel ACQ [mm ²] or [mm ³]	Spessore fetta [mm]	range Slice gap [mm]
T1-3D	Sagittale		Come definito sopra			
T2-FLAIR-3D	Sagittale		Come definito sopra			
T2-2D FSE/TSE	Assiale	RL	AP(220-256) x RL(220-256)	(0.5-0.7) x (0.5-0.7)	4	0-0.4
SWI-3D ^	Assiale	RL	AP(220-256) x RL(220-256) x FH(120-180)	(0.5-0.7) x (0.5-0.7)	1.5	-
or						
SWI-2D ^	Assiale	RL	AP(220-256) x RL(220-256)	(0.5-0.7) x (0.5-0.7)	1.5	0-0.4
or						
T2*-2D ^	Assiale	RL	AP(220-256) x RL(220-256)	(0.5-0.7) x (0.5-0.7)	4	0-0.4
DWI	Assiale	AP/RL	AP(240-256) x RL(240-256)	(1.5-2) x (1.5-2)	4	0-0.4

Table 4

Sectione 3 – scanner RM: aggiornamenti software and hardware

Sito: _____

Informazioni dello scanner RM

Data dell'intervento software/hardware: _____

intervento Hardware

Descrivere il tipo di intervento hardware:

Campo (T): _____

Vendor: _____

Modello:

Anno di installazione: _____

Gradienti Maximum Amplitude: _____

Maximum Slew Rate: _____

Bobine:

intervento Software

Versione Software: _____

Nome e Cognome: _____

Firma: _____

Data: _____