Rev Esp Cardiol. 2015;68 Supl 1: 292

Revista Española de Cardiología

# 4007-4. VALORES DE REFERENCIA GLOBALES Y SEGMENTARIOS DE MAPEO DE T1 CON SECUENCIAS MOLLI Y SHMOLLI EN CARDIORRESONANCIA MAGNÉTICA DE 1.5T PARA USO CLÍNICO

Alicia Maceira González[1], J.V. Monmeneu[1], Begoña Igual Muñoz[1], María Pilar García González[1], Mª Pilar López Lereu[1] y Juan Cosín-Sales[2] de la [1]Unidad de Imagen Cardiaca, Centro Médico ERESA, Valencia y [2]Departamento de Cardiología, Hospital Arnau de Vilanova, Valencia.

## Resumen

**Introducción y objetivos:** El mapeo de T1 miocárdico es un desarrollo reciente potencialmente muy útil, ya que a partir de la adquisición de secuencias específicas permite cuantificar de forma directa el valor del tiempo de relajación T1, a partir del cual se calcula la fracción de volumen extracelular, indicador del porcentaje de fibrosis miocárdica difusa. Pero este parámetro puede presentar variaciones según el equipo utilizado, campo magnético, secuencia empleada o segmento estudiado. El objetivo fue obtener para un equipo de 1,5 los valores globales y segmentarios de T1 miocárdico en sujetos sanos como referencia de normalidad, con secuencias MOLLI y shMOLLI, las más empleadas.

**Métodos:** Se reclutaron 52 sujetos sanos, 60% varones, entre 20 y 80 años (55 ± 14a). Todos ellos se sometieron a un protocolo de CRM que incluyó secuencias de cine SSFP y STIR en los planos habituales, secuencias MOLLI y shMOLLI de mapeo de T1 nativo, administración de gadobenato de dimeglumina 0,075 mM/kg, secuencias IR de supresión miocárdica y nueva adquisición de MOLLI y shMOLLI 15min después del contraste. De estas 4 adquisiciones se obtuvieron mapas T1 en 3 ejes cortos (basal, medial, apical) a partir de los cuales se obtuvieron los valores segmentarios de T1 con el modelo de 16 segmentos (total = 832 segmentos para cada adquisición), y el T1 global de cada corte. Se calculó T1 nativo (T1pre), T1 poscontraste (T1post), coeficiente de partición (CP) y fracción de volumen extracelular (FVE). Se empleó un ANOVA de diseño multifactorial para el análisis estadístico.

**Resultados:** Todos los sujetos tuvieron un estudio de CRM normal. Respecto a la secuencia, solo hubo diferencias entre MOLLI y shMOLLI para el T1pre (más elevado con MOLLI), pero ambas secuencias mostraron resultados equivalentes para los otros tres parámetros (T1post, CP, FVE). Se observaron diferencias significativas respecto a la distribución segmentaria para los 4 parámetros estudiados. Se obtuvieron los siguientes valores de normalidad: T1pre, 951 ± 9 ms (shMOLLI), 958 ± 9 ms (MOLLI); T1post, 504 ± 5 ms; CP, 0,41 ± 0,01; FVE, 24 ± 2%.

*T1 nativo con MOLLI y shMOLLI. FVE y CP para ambas secuencias.*

**Conclusiones:** El mapeo de T1 es una técnica fácil de obtener, pero es importante tener en cuenta que presenta diferencias respecto al tipo de secuencia empleada y el segmento estudiado. Se presentan los valores de normalidad para MOLLI y shMOLLI en campo de 1,5T de los 4 parámetros habituales de uso clínico.