

Nutrición Hospitalaria



**Análisis de composición corporal
en tomografía computarizada
mediante programas
informáticos de segmentación
gratuitos**

**Body composition analysis on
computed tomography scans
using easy-to-access
segmentation software**

10.20960/nh.05699

04/02/2025

RV 5699

Análisis de composición corporal en tomografía computarizada mediante programas informáticos de segmentación gratuitos

Body composition analysis on computed tomography scans using easy-to-access segmentation software

Andrés Jiménez-Sánchez, Pedro Pablo García-Luna

Unidad de Nutrición Clínica. Unidad de Gestión Clínica de Endocrinología y Nutrición. Instituto de Biomedicina de Sevilla (IbiS). Hospital Universitario Virgen del Rocío, CSIC. Universidad de Sevilla. Sevilla, Avda. Manuel Siurot s/n. 41013 Sevilla

Recibido: 07/01/2025

Aceptado: 10/02/2025

Correspondencia: Andrés Jiménez-Sánchez. Unidad de Nutrición Clínica. Unidad de Gestión Clínica de Endocrinología y Nutrición. Instituto de Biomedicina de Sevilla (IbiS). Hospital Universitario Virgen del Rocío. Universidad de Sevilla. Avda. Manuel Siurot s/n. 41013 Sevilla

e-mail: andres.jimenez.sanchez.sspa@juntadeandalucia.es

Conflicto de intereses: los autores declaran no tener conflicto de interés.

Inteligencia artificial: los autores declaran no haber usado inteligencia artificial (IA) ni ninguna herramienta que use IA para la redacción del artículo. No obstante, aclarar que la figura 1 se ha creado manualmente usando un visor DICOM y un "plugin" que a su vez está basado en IA.

RESUMEN

La tomografía computarizada (TC) es una técnica directa y de referencia para el análisis de composición corporal con interesantes posibilidades en nutrición clínica. La segmentación es el proceso automático o semiautomático basado en programas informáticos por el cual se delimitan, separan y cuantifican los diferentes tejidos metabólicos de interés (muscular, adiposo subcutáneo, adiposo visceral y adiposo intermuscular) que forman parte de los diagnósticos actuales de desnutrición, sarcopenia y obesidad sarcopénica. El protocolo Alberta es la guía de segmentación más común y aplicable en la mayoría de los programas. En este trabajo revisamos las principales características de los programas de segmentación de código abierto más habituales, su grado de acuerdo y las limitaciones de este proceso.

Palabras clave: Tomografía computarizada. Análisis de composición corporal. Software. Inteligencia artificial.

ABSTRACT

Computed tomography (CT) is a direct and reference technique for body composition analysis with interesting possibilities in clinical nutrition. Segmentation is the automatic or semi-automatic software-based process by which different metabolic tissues of interest (muscle tissue, subcutaneous adipose tissue, visceral adipose tissue and intermuscular adipose tissue) that are part of the current diagnoses of malnutrition, sarcopenia and sarcopenic obesity are delimited, separated and quantified. The Alberta protocol is the most common segmentation guide, being applicable in most software. In this paper, we review the main characteristics of the most common open-source

segmentation software, their degree of agreement, and some precautions and limitations of this process.

Keywords: Computed tomography. Body composition. Software. Artificial intelligence.

INTRODUCCIÓN

La tomografía computarizada (TC) es una técnica directa para el análisis de la composición corporal usada en entornos de investigación, con una progresiva implementación clínica. Entre sus fortalezas destaca su gran resolución espacial, la medición de la calidad estructural del músculo según su grado de infiltración grasa (mioesteatosis) y la cuantificación del tejido adiposo visceral. Se considera por tanto de referencia en las poblaciones clínicas (1). Además, permite realizar mediciones oportunistas y telemáticas, al usarse imágenes de estudios previamente solicitados por otras especialidades médicas o quirúrgicas con un fin diagnóstico-terapéutico no nutricional. Sin embargo, también cuenta con una serie de limitaciones: las características de los tejidos de interés cambian ligeramente según la fase de adquisición de la imagen en los estudios con contraste intravenoso, las mediciones habitualmente disponibles son regionales y no corporales totales, y su uso requiere una estrecha colaboración con los servicios de radiodiagnóstico.

Para poder realizar un adecuado análisis de la composición corporal del sujeto en una imagen de TC necesitamos conocer una serie de conceptos. Las imágenes médicas se almacenan en un formato llamado "Digital Imaging and Communication in Medicine" (DICOM), un estándar que combina estas imágenes con una serie de metadatos espaciales e identificativos bajo una extensión .dcm. Hay otros formatos como "Neuroimaging Informatics Technology Initiative" (NIfTI, con extensión .nii) para resonancia magnética (RM), que no

revisaremos. Para descargar estos archivos DICOM en nuestro centro de trabajo usaremos servidores dedicados llamados "Picture Archiving and Communication System" (PACS), que permiten el almacenaje, visualización y posprocesamiento de estas imágenes en los servicios de radiodiagnóstico y especialidades afines.

La segmentación es el proceso por el que se delimitan, separan y cuantifican diferentes tejidos metabólicos de interés en un visor DICOM o en un programa informático dedicado de segmentación de forma semiautomática o completamente automática. Para segmentar, estos programas incluyen todas aquellas unidades mínimas de la imagen sin transformar ("voxels") que entran dentro de un umbral preseleccionado de densidad, en unidades Hounsfield (UH), en una misma región de interés (ROI), combinándolo en algunos casos con otros criterios adicionales implementados mediante ingeniería de aplicaciones.

Habitualmente, la guía de segmentación es el protocolo Alberta (2) firmado por la empresa TomoVision, que desarrolló el programa Slice-o-Matic, pionero en permitir la segmentación para el análisis de la composición corporal en la TC. La localización de este protocolo es la tercera vértebra lumbar (L3), al ser la región con mayor representatividad dentro de la musculatura troncular (3), si bien, realmente, la mayor representatividad de la masa muscular corporal total está en la mitad del muslo (4,5). Existen puntos de medición alternativos (L3-4, L4-5, T12, etc.) para utilizar en las TC torácicas, abdominales o abdominopélvicas, pero requieren mayor desarrollo. La segmentación del protocolo Alberta se basa en los umbrales de densidad del tejido adiposo subcutáneo (SAT, -190 a -30 UH), el tejido adiposo visceral (VAT, -150 a -50 UH), el tejido adiposo intermuscular (IMAT, -190 a -30 UH) y el tejido muscular (MT, -29 a +150 UH), aunque también tiene en cuenta ciertas normas anatómicas (como, por ejemplo, eliminar las imágenes de densidad grasa dentro del intestino delgado y grueso o no incluir las estructuras mesenquimales colindantes con tejido muscular, como son la línea alba, las líneas

semilunares, los ligamentos paravertebrales, las apófisis vertebrales y las costillas).

A la hora de escoger un programa de segmentación, hemos de tener en cuenta una serie de elementos. Por una parte, la interfaz gráfica del usuario (GUI) influirá en la experiencia de uso del profesional clínico o investigador que utilice la herramienta. Diferentes programas tienen distintas formas gráficas o escritas de permitir la interacción con el mismo, y algunos añaden la posibilidad de utilizar comandos de teclado que actúen como atajos y extensiones (“plugin”) que automaticen o faciliten el proceso de segmentación. La mayoría de estos programas permiten la visualización DICOM con herramientas que facilitan la adecuada localización de la altura vertebral de interés para segmentar (L3, L4, L4-5, T12, C7, etc.), así como la identificación de las estructuras anatómicas y posibles artefactos que afecten a la segmentación. En este sentido, podemos mover la imagen y modificar nuestro punto de vista, así como seleccionar diferentes ventanas prediseñadas (tejidos blandos, pulmón, hueso, etc.) y “Look Up Tables” (LUT) que traducen (mapean) el valor de intensidad y color con que aparecen representados los “voxels” en pantalla, sin modificar su valor real. También disponemos de la reconstrucción multiplanar (MPR), una reconstrucción bidimensional que permite la visualización simultánea de los “voxels” de la imagen DICOM en dos o más planos, de forma que al avanzar o descender en el plano de trabajo, veamos nuestra posición correspondiente en uno o dos de los otros planos. Al no ser una imagen procesada, podemos efectuar una segmentación sin incidencias en nuestra región y plano de interés. La renderización tridimensional o “3D Volume Rendering” (3DVR) es una reconstrucción tridimensional que transforma los “voxels” en trapezoides de menor tamaño a los que atribuye un color y opacidad predeterminados, creando imágenes tridimensionales que no podremos segmentar, dado que en este modo no estaremos visualizando los “voxels” nativos de la imagen DICOM.

Dentro del ecosistema de código abierto, la mayoría de los programas suelen estar permanentemente disponibles en un repositorio en línea llamado GitHub, donde se pueden subir nuevas creaciones, reseñar errores en el código fuente, proponer revisiones y, en general, desarrollar un trabajo colaborativo y circular a distancia para mantener y mejorar estas herramientas. El contar con capacidades de ingeniería de aplicaciones puede suponer un salto cualitativo: además de facilitar la automatización de ciertos procesos e individualizar la GUI, abre la opción de usar la inteligencia artificial (AI) gratuita en forma de redes neuronales de aprendizaje profundo. No solo podremos desarrollar nuestras propias AI sino entrenar redes neurales prediseñadas con datos locales, a fin de minimizar la aparición de artefactos en su entorno real de aplicación. Dada su complejidad, el análisis de este tipo de herramientas supera el alcance de esta revisión.

Si bien existen excelentes programas de pago o distribuibles entre equipos de investigación, en este artículo nos centraremos en las opciones gratuitas y de código abierto que puedan ser obtenidas por cualquier sanitario que cuente con acceso a internet y una computadora. El término *open-source* o programa de código abierto hace referencia a que su código fuente está disponible públicamente para la visualización, modificación, distribución y uso de cualquier usuario. En un segundo término, reseñaremos brevemente las opciones propietarias y de pago para usos médicos.

PROGRAMAS GRATUITOS PARA SEGMENTACIÓN SEMIAUTOMÁTICA O AUTOMÁTICA EN TOMOGRAFÍA COMPUTARIZADA

A continuación detallaremos los principales programas que, en nuestro conocimiento, existen para segmentar tejidos para el análisis

de la composición corporal, recalcando sus fortalezas y aspectos diferenciadores (Tabla I).

3D Slicer (6) es un programa gratuito y *open-source* desarrollado por Jean-Christophe Fillion-Robin y Julien Finet en Kitware, Inc., y Wendy Plesniak, Sonia Pujol, Steve Pieper y Ron Kikinis en el Brigham and Women's Hospital (Boston, Massachusetts, EEUU). Actualmente está respaldado por diversas organizaciones de imagen médica y terapia basada en la imagen (NA-MIC, NAC, NCIGT y SPL), y por una comunidad *online* de libre acceso. Permite la visualización, el procesamiento y el análisis de imágenes DICOM, con posibilidad de exportar los resultados a extensiones imprimibles en 3D (.stl y otros). Este programa permite de forma nativa múltiples formas de segmentación (mediante umbrales de densidad, crecimiento de regiones por píxel semilla, etc.) que pueden combinarse, así como herramientas de pincel y borrador que son limitables según el rango de densidad en UH. También permite realizar análisis de superficie (bidimensionales) y de volumen (tridimensionales) de los tejidos de interés. Aunque una tarjeta gráfica o "Graphics Processing Unit" (GPU) integrada en nuestro procesador o "Central Processing Unit" (CPU) es suficiente para una visualización básica, los creadores recomiendan una GPU dedicada para el renderizado tridimensional y el uso de una CPU multinúcleo y multihilo. Además, este programa se ha utilizado con éxito, de forma prospectiva, para medir la atrofia muscular y la mioesteatosis, demostrando habilidad pronóstica en diferentes poblaciones oncológicas (7-9). Otra fortaleza es contar con "plugins" dedicados muy interesantes que se localizan dentro del apartado "Modules". Total Segmentator es una AI desarrollada por Jakob Wasserthal y cols. en el Hospital Universitario de Basilea (Suiza), distribuida bajo licencia Apache 2.0, que permite la segmentación automática de más de 104 estructuras anatómicas en las TC de abdomen (10). Cuenta con un "plugin" en 3D Slicer, desarrollado por Andras Lasso y cols. (11), para usar con 3D Slicer, versión 5.2 o superior. Esta herramienta ha demostrado una excelente

reproducibilidad para la masa muscular en el análisis 3D en comparación con dos operadores humanos (10). Podemos elegir una segmentación rápida pero con menor calidad u otra de mayor calidad pero significativamente más lenta en las computadoras menos potentes: sus autores recomiendan una GPU con 7 gigabytes (GB) o más de memoria dedicada. En su versión estándar, mide de forma automática en el abdomen los músculos iliopsoas y la musculatura intrínseca de la espalda, de forma que no cumple un verdadero protocolo Alberta al excluir los músculos rectos del abdomen, transverso del abdomen y oblicuos internos y externos. Además, el índice del psoas parece no correlacionarse bien con el área muscular total (SMA) (11), lo cual le resta utilidad. No obstante, podemos obtener una suscripción (gratuita para fines de investigación) vía correo electrónico que nos permite segmentar toda la musculatura abdominal para calcular volúmenes (Fig. 1). Dentro de esa segmentación podremos seleccionar una imagen bidimensional en L3 para obtener superficies y así cumplir el protocolo Alberta.

CoreSlicer 1.0 es una herramienta multiplataforma basada en la web, desarrollada en la McGill University (Canadá) y distribuida bajo licencia MIT por Mullie y cols. (12). Dispone tanto de página web con servidor dedicado (13) como de código fuente disponible en GitHub (14). Este programa destaca por su accesibilidad y velocidad de análisis. Permite crear nuevas capas y tiene una herramienta pincel/borrador para editar la segmentación según umbrales de densidad. Se ha usado en estudios longitudinales de composición corporal, demostrando capacidad predictiva de sucesos clínicos de interés en diferentes poblaciones (15,16). Su versión 1.0 cuenta con un algoritmo tradicional desarrollado por los investigadores, con un filtro de mediana para la eliminación de ruido, un filtro de umbral para la detección de bordes y un filtro de percentil para el suavizado de bordes. Su versión 2.0 se encuentra actualmente en desarrollo en AWS Health Imaging e incluirá una inteligencia artificial propia. Las principales ventajas de este programa son su accesibilidad y

velocidad a la hora de cargar las imágenes DICOM, analizarlas de forma semiautomática, corregirlas manualmente a posteriori y descargar los resultados. En nuestra experiencia, cuenta con la GUI más cómoda e intuitiva entre los programas que hemos probado. Su principal limitación es que no puede mostrar una magnificación de la imagen tan amplia como la de un visor DICOM habitual. Para facilitar el uso de esta herramienta, detallamos sus principales comandos en la tabla II.

Horos (17) se distribuye gratuitamente bajo licencia “GNU Lesser General Public License” (LGPL) y está patrocinado por Nimble Co LLC Purview (EEUU). Es un visor de imágenes médicas en diferentes formatos para Mac OS basado en OsiriX y otras bibliotecas de imágenes médicas de código abierto. Al permitir una segmentación semiautomática por umbrales idéntica a la efectuada con OsiriX, la evidencia disponible para OsiriX es automáticamente aplicable a esta herramienta. Los umbrales de segmentación en Horos no vienen predefinidos, sino que el usuario los indica manualmente dentro de la función “ROI/Grow Region (2D/3D Segmentation)”. Para facilitar el uso de esta herramienta, detallamos sus principales comandos en la tabla II. Aunque permite análisis volumétricos, el nivel de corrección manual que requiere posteriormente la segmentación hace inviable su uso.

ImageJ fue desarrollado en lenguaje Java por los National Institutes of Health (EE. UU.). Este programa multiplataforma también cuenta con una versión web y permite un análisis de imágenes en diferentes formatos, aunque no es per se un visor DICOM, por lo que no contará con las herramientas habituales de estos programas (como MPR y 3DVR). Aunque la segmentación semiautomática es muy laboriosa (12), se ha utilizado con éxito en nuestro entorno (13). Recientemente se ha desarrollado un “plugin” para ImageJ llamado MuViSS (“Muscle, Visceral and Subcutaneous Segmentation by an automatic evaluation method using Deep Learning”), de acceso abierto (18). Esta “macro” desarrollada por Pecot y cols. requiere la preinstalación de un paquete

de procesamiento de imágenes llamado FIJI (19) sobre el ImageJ nativo. Consiste en una red neural de tipo “U-net” que segmenta de forma automática imágenes L3 según umbrales predefinidos de MT (-29 a +150 UH), VAT (-190 a -30 UH) y SAT (-190 a -30 UH). Si queremos que esta “macro” remede por completo el protocolo Alberta, deberemos modificar el umbral de VAT a -150 a -50 UH en el archivo “MuViSS.ijm”. La extensión .ijm es exclusiva de los archivos escritos en un lenguaje de programación específico para el programa ImageJ, llamado “ImageJ Macro language” (IJM). Esta opción nos permite guardar las modificaciones y hacerlas predeterminadas, de forma que no tengamos que reescribirlas con cada nuevo uso del programa. Otra opción es simplemente ‘correr’ el archivo “MuViSS.ijm” y modificar manualmente estos umbrales en el cuadro de diálogo que se abre a continuación, con los nombres “Lower-bound value for visceral fat thresholding” y “Upper-bound value for visceral fat thresholding”, pulsando a continuación “OK”.

InVesalius (20) es un visor DICOM multiplataforma que cuenta con MPR y 3DVR y ha sido desarrollado por el Centro de Tecnologia da Informação Renato Archer (Brasil). Permite la segmentación mediante umbrales. Actualmente no disponemos de estudios sobre su uso en análisis de composición corporal. Debido a que los rangos de densidad en UH para los tejidos adiposos que vienen predefinidos en el InVesalius son de -205 a -51 UH, y para tejido muscular de -5 a +135UH, estos no coincidirán con el protocolo Alberta. Por tanto, necesitaremos usar la herramienta “Create new mask” dentro del programa para renombrar la nueva máscara según nuestro tejido de interés y aplicar su correspondiente umbral de densidad según el protocolo Alberta.

ITK-SNAP (21,22) es un visor DICOM multiplataforma desarrollado por Pyushkevich y cols. (23) como proyecto de colaboración entre varias universidades estadounidenses y distribuido mediante una licencia tipo GNU General Public License. Cuenta con MPR y 3DVR y permite la segmentación mediante umbrales y por *seeds*. Actualmente no

disponemos de estudios sobre su uso en el análisis de composición corporal.

Redes neuronales de inteligencia artificial (AI) para análisis bidimensional, independientes del visor PACS

En el momento actual disponemos de diferentes redes neurales de código abierto con este perfil, todas ellas basadas en Python y descargables gratuitamente desde GitHub.

- En el caso de la desarrollada por Harry y cols. (24), esta ha demostrado capacidad pronóstica según diagnóstico de atrofia muscular en una cohorte de cáncer de páncreas (25). Además, esta IA incluye la detección automática de L3.
- El grupo de Rosenthal y cols. (26) ha demostrado también la capacidad predictiva de su modelo según el diagnóstico de atrofia muscular en una gran cohorte multicéntrica de pacientes con cáncer y enfermedades cardiovasculares (18).
- El grupo de Paris y cols. ha desarrollado AutoMATICA (27). Esta AI cuenta con varios estudios de validación que detallaremos más adelante.

Redes neuronales para análisis tridimensional

Una interesante implicación del uso de redes neuronales es que abren la posibilidad de efectuar un análisis 3D (en vez de 2D) de la composición corporal al analizar todas las imágenes del estudio de una forma relativamente rápida y factible. En un estudio con $n = 1.204$ TC, los autores calcularon que, con un tiempo medio de segmentación de 10 minutos por cada una de las estructuras anatómicas seleccionadas en el trabajo y suponiendo una jornada laboral completa, un humano habría tardado más de 10 años en realizar las mediciones (10). Estos ejemplos ilustran la necesidad imperante de continuar desarrollando estos sistemas automatizados

que probablemente serán la norma a medio plazo. Además del ya mencionado Total Segmentator (10), también contamos con BOA (“Body and Organ Analysis”), una herramienta de segmentación de TC desarrollada por el equipo de AI del “Smart Hospital Information Platform” (SHIP-AI) del Hospital Universitario de Essen (Alemania) y distribuido bajo licencia Apache 2.0 (28).

GRADO DE ACUERDO ENTRE PROGRAMAS GRATUITOS DE SEGMENTACIÓN SEMIAUTOMÁTICA O AUTOMÁTICA EN TOMOGRAFÍA COMPUTARIZADA

Disponemos de una serie de estudios que han analizado transversalmente el grado de acuerdo cuantitativo y cualitativo de la segmentación como resultado de usar uno o más programas de código abierto frente a un programa propietario de referencia (Slice-o-Matic, elegido tanto por su antigüedad como por el número de estudios realizados) con uno o más observadores en L3 según el protocolo Alberta.

OsiriX

Si bien no es un programa de acceso libre, su proceso de segmentación es idéntico al de Horos, motivo por el cual pueden establecerse analogías a partir de los siguientes trabajos. En el ya mencionado estudio de Van Vugt y cols. (29), la concordancia en el diagnóstico de atrofia muscular entre OsiriX y Slice-o-Matic fue excelente ($\kappa = 0,92$ y $\kappa = 1,00$). Las diferencias fueron mínimas cuando un operador experto analizaba el área de MT o “Skeletal Muscle Area” (SMA) (sesgo de $0,7 \text{ cm}^2$, IC 95 %: $0,3$ a $1,1 \text{ cm}^2$) o VAT (sesgo de $0,5 \text{ cm}^2$, IC 95 %: 0 a $0,9 \text{ cm}^2$) y algo mayores para SAT (sesgo de $-2,9 \text{ cm}^2$, IC 95 %: $-3,3$ a $-2,5 \text{ cm}^2$). Los límites de acuerdo para SMA fueron estrechos para ambos operadores. En Barbalho y cols. (30) también encontramos una excelente concordancia intraobservador entre OsiriX y Slice-o-Matic ($\kappa = 1,00$), sin ningún caso de clasificación diferencial incorrecta en los seis individuos

diagnosticados de atrofia muscular en este estudio. En Rollins y cols. (31), la correlación simple entre el SMI calculado por OsiriX y por Slice-o-Matic fue elevada ($r = 0,931$; $p < 0,001$). Aunque hubo un sesgo sistemático medio de $2,43 \text{ cm}^2/\text{m}^2$ a favor de OsiriX, desconocemos su implicación diagnóstica en este estudio. Aunque estos estudios no encontraron diferencias clínicamente significativas entre OsiriX y Slice-o-Matic en cuanto a SMA, los límites de acuerdo para SMA en Barbalho y cols. (30) fueron amplios: $-22,3$ a $21,3 \text{ cm}^2$. Con respecto a las mediciones de adiposidad entre OsiriX y Slice-o-Matic, encontramos un mínimo sesgo sistemático en Barbalho y cols. (30). No obstante, la reproducibilidad del área de VAT en Pescatori y cols. (32), calculada como coeficiente de correlación intraclase (ICC), fue adecuada: a nivel intraobservador, $\text{ICC} = 0,90$ con sesgo no significativo de $0,14 \text{ cm}^2$, y a nivel interobservador, $\text{ICC} = 0,82$ con sesgo no significativo de $1,52 \text{ cm}^2$.

ImageJ

El estudio de Dolan y cols. (33) comparó ImageJ y Slice-o-Matic en $n = 341$ pacientes, tanto de forma transversal como longitudinal. En el análisis transversal, ImageJ se asoció a una sobreestimación de los índices de SAT ($+7,9 \%$) y especialmente VAT ($+20,3 \%$). La sobreestimación de SMI ($+2,9 \%$) y de SMD ($+1,2 \%$) fue más discreta. No obstante, en el subestudio longitudinal, tanto SMI como SMD en ImageJ presentaron capacidad pronóstica para la supervivencia. Por otra parte, el estudio de Van Vugt y cols. (29) encontró mínimas diferencias cuando un operador experto analizaba el área de MT (sesgo de $0,3 \text{ cm}^2$, IC 95 %: $-0,1$ a $0,7 \text{ cm}^2$), VAT (sesgo de $1,5 \text{ cm}^2$, IC 95 %: $1,2$ a $1,8 \text{ cm}^2$) o SAT (sesgo de $0,1 \text{ cm}^2$, IC 95 %: $-0,2$ a $0,4 \text{ cm}^2$) con ImageJ en comparación con Slice-o-Matic. Además, el grado de concordancia según el coeficiente kappa de Cohen (κ) para el diagnóstico de atrofia muscular usando los puntos de corte de Prado y cols. (34) y el rango de densidad muscular del protocolo Alberta (-30 a $+150 \text{ UH}$) entre dos operadores expertos

usando ImageJ frente a Slice-o-Matic fue excelente ($\kappa = 0,96$ y $\kappa = 1,00$). En otro estudio de comparación entre ImageJ y Slice-o-Matic se encontró una adecuada concordancia intra e interobservador, aunque no se usaron puntos de corte clínicos (35).

CoreSlicer

Disponemos de experiencia comparando Horos y CoreSlicer en $n = 68$ TC en L3 de personas con cáncer colorrectal con un único observador supervisado (36). En este estudio no encontramos diferencias estadística o clínicamente significativas de SMA entre los programas, con $\kappa = 1,00$ para la atrofia muscular según los diferentes puntos de corte (37,38). Sin embargo, encontramos una infraestimación de SMD (-1,4 UH, $p < 0,001$) que se tradujo en un aumento, sin significación, de la prevalencia de la mioesteatosis en CoreSlicer con respecto a Horos: del +5,88 % y +8,82 % usando los puntos de corte de Van Vugt (37) y Dolan (38), respectivamente. Pese a ello, hubo un adecuado acuerdo entre programas con respecto a mioesteatosis, con $\kappa = 0,64$ y $\kappa = 0,82$ usando los puntos de corte de Van Vugt (37) y Dolan (38), respectivamente. CoreSlicer, con respecto a Horos, sobrestimó de forma significativa el área y la densidad en VAT y SAT, con un aumento no significativo (+2,94 %) de la prevalencia de la obesidad abdominal usando la definición de Doyle y cols. (39).

Redes neuronales (IA)

En dos amplios estudios transversales, la red neural AutoMATiCA ha mostrado un excelente grado de acuerdo según el coeficiente Dice con respecto a un operador humano usando Slice-o-Matic para áreas de MT, VAT y SAT (40,41). Además, AutoMATiCA ha demostrado en un gran estudio transversal de cáncer colorrectal un mejor coeficiente Dice con respecto a las imágenes manualmente segmentadas por un experto con Slice-o-Matic frente al propio “plugin” ABACS de segmentación automática de Slice-o-Matic (42).

PRECAUCIONES Y LIMITACIONES

Para seguir las normas de buenas prácticas clínicas, las imágenes siempre deberán ser anonimizadas o pseudonimizadas de forma previa a su uso, al existir una plétora de metadatos en los archivos, tales como el número de identificación del paciente, su nombre, apellidos, edad, sexo, fecha de nacimiento y peso, el facultativo solicitante, la fecha de solicitud, la fecha del estudio, el lugar del estudio, el nombre del equipo, el identificador del equipo, la institución sociosanitaria y las características de adquisición de la imagen (intensidad de corriente, amperaje, grosor del corte, etc.), entre otros. Disponemos de soluciones integradas a tal fin en ciertos visores DICOM/PACS, como la versión estable de Horos (17), la versión estable de WEASIS (43) y la versión beta de RadiAnt (44), entre otras. También contamos con programas específicos, aunque suelen requerir unos conocimientos básicos de programación. El anonimizador dentro del “Clinical Trial Processor” de la “Radiological Society of North America” (RSNA CTP) es una de las herramientas más recomendadas a tal efecto (45). Este programa gratuito y *open-source*, desarrollado en lenguaje Python (46), es multiplataforma, permitiendo su uso en Windows, Mac OS y Linux. En Mac OS también contamos con DICOManonymizer v2.4.5 (47), una herramienta gratuita de uso muy sencillo que hemos usado con éxito en nuestro grupo de investigación (36,48).

Hemos siempre de recordar que el uso de una segmentación automática o semiautomática no exime del adecuado conocimiento del protocolo de segmentación y de los límites anatómicos de los tejidos a segmentar, dado que cualquier programa que utilicemos podrá producir artefactos y errores de medición. Por tanto, será nuestra responsabilidad la supervisión humana del resultado y su corrección a posteriori, siempre y cuando el programa lo permita (Figs. 1 y 2). Aunque el uso de redes neuronales supone un salto cualitativo con respecto a la aplicabilidad y operativización de la segmentación en TC, deberemos usar preferentemente aquellas

clínicamente validadas y que idealmente hayan demostrado su valor pronóstico. En nuestro conocimiento, los programas de código abierto no cuentan con la aprobación para uso clínico de los organismos reguladores (como la “Food and Drug Administration” de los EEUU) y actualmente están relegados a los entornos de investigación, si bien nos parece probable que esto se reconsidere en un futuro cercano.

CONCLUSIONES

La segmentación de imágenes de TC es un proceso accesible, pero para efectuarlo adecuadamente necesitaremos conocer la región anatómica a estudio, el protocolo de medición y las limitaciones de cada programa.

Disponemos de una amplia variedad de programas de fácil acceso, dentro de la cual destaca el 3D Slicer por su potencia y desarrollo continuo, sus múltiples posibilidades de segmentación tanto semiautomática como automática, bidimensional y tridimensional, y su valor pronóstico. Seguidamente contamos con Horos, un visor DICOM que permite una precisa segmentación bidimensional por umbrales. Si no conseguimos adaptarnos a estas opciones, contamos con ImageJ y CoreSlicer, dado que estos programas presentan una imprecisión razonablemente pequeña o de limitado impacto clínico y han demostrado tener capacidad pronóstica. En segmentación automática, creemos que AutoMATiCA se muestra de elección por su precisión y número de estudios, si bien su implementación se ve limitada al necesitar ciertos conocimientos de programación en lenguaje Python.

Actualmente estamos viviendo un auge del análisis de composición corporal en poblaciones clínicas, pero aún queda mucho camino por recorrer. Dado el continuo desarrollo de programas y “plugins” de segmentación para imágenes de TC, son esperables futuros trabajos de investigación que profundicen en la relación entre distintos programas y tipos de estudios de imagen, así como en sus implicaciones diagnósticas.

BIBLIOGRAFÍA

1. Shachar SS, Williams GR, Muss HB, Nishijima TF. Prognostic value of sarcopenia in adults with solid tumours: A meta-analysis and systematic review. *Eur J Cancer* 2016;57:58-67. DOI: 10.1016/j.ejca.2015.12.030
2. Alberta Protocol [Internet]. [citado 2 de enero de 2025]. Disponible en: https://tomovision.com/Sarcopenia_Help/index.htm
3. Hong JH, Hong H, Choi YR, Kim DH, Kim JY, Yoon JH, et al. CT analysis of thoracolumbar body composition for estimating whole-body composition. *Insights Imaging* 2023;14(1):69. DOI: 10.1186/s13244-023-01402-z
4. Lacoste Jeanson A, Dupej J, Villa C, Brůžek J. Body composition estimation from selected slices: equations computed from a new semi-automatic thresholding method developed on whole-body CT scans. *Peer J* 2017;5:e3302. DOI: 10.7717/peerj.3302
5. Jung Lee S, Janssen I, Heymsfield SB, Ross R. Relation between whole-body and regional measures of human skeletal muscle. *Am J Clin Nutr* 2004;80(5):1215-21. DOI: 10.7717/peerj.3302
6. 3D Slicer [Internet]. [citado 2 de enero de 2025]. 3D Slicer image computing platform. Disponible en: <https://slicer.org/>
7. Jördens MS, Wittig L, Heinrichs L, Keitel V, Schulze-Hagen M, Antoch G, et al. Sarcopenia and Myosteatorsis as Prognostic Markers in Patients with Advanced Cholangiocarcinoma Undergoing Palliative Treatment. *J Clin Med* 2021;10(19):4340. DOI: 10.3390/jcm10194340
8. Yu N, Xu C, Jiang Y, Liu D, Lin L, Zheng G, et al. Characteristics of Abdominal Fat Based on CT Measurements to Predict Early Recurrence After Initial Surgery of NMIBC in Stage Ta/T1. *Clin Genitourin Cancer* 2024;22(6):102199. DOI: 10.1016/j.clgc.2024.102199

9. Fang R, Yan L, Xu S, Xu Y, Gan T, Gong J, et al. Unraveling the obesity paradox in small cell lung cancer immunotherapy: unveiling prognostic insights through body composition analysis. *Front Immunol* 2024;15:1439877. DOI: 10.3389/fimmu.2024.1439877
10. Wasserthal J, Breit HC, Meyer MT, Pradella M, Hinck D, Sauter AW, et al. TotalSegmentator: robust segmentation of 104 anatomical structures in CT images. *Radiol Artif Intell* 2023;5(5):e230024. DOI: 10.1148/ryai.230024
11. GitHub - lassoan/SlicerTotalSegmentator: Fully automatic total body segmentation in 3D Slicer using «TotalSegmentator» AI model [Internet]. [citado 2 de enero de 2025]. Disponible en: <https://github.com/lassoan/SlicerTotalSegmentator>
12. Mullie L, Afilalo J. CoreSlicer: a web toolkit for analytic morphomics. *BMC Med Imaging* 2019;19(1):15. DOI: 10.1186/s12880-019-0316-6
13. CoreSlicer [Internet]. [citado 2 de enero de 2025]. Disponible en: <https://old.coreslicer.com/>
14. GitHub - louismullie/web-ct-segmentation [Internet]. [citado 2 de enero de 2025]. Disponible en: <https://github.com/louismullie/web-ct-segmentation>
15. Doonan RJ, Bin-Ayeed S, Charbonneau P, Hongku K, Obrand D, Mackenzie K, et al. Low Psoas Muscle Area is Associated with Increased Mortality and Spinal Cord Injury After Complex Endovascular Aortic Aneurysm Repair. *Ann Vasc Surg* 2022;87:430-6. DOI: 10.1016/j.avsg.2022.05.037
16. Hillers AH, Bach SW, Saito A, Azawi N. Muscle matters: Skeletal muscle index and body mass index impact on complications and survival in renal cancer. *BJUI Compass* 2024;5(8):783-90. DOI: 10.1002/bco2.405
17. Home Page - Horos Project [Internet]. 2018 [citado 2 de enero de 2025]. Disponible en: <https://horosproject.org/>

18. tpecot. tpecot/MuViSS [Internet]. 2024 [citado 2 de enero de 2025]. Disponible en: <https://github.com/tpecot/MuViSS>
19. ImageJ Wiki [Internet]. [citado 25 de diciembre de 2024]. Fiji Downloads. Disponible en: <https://imagej.github.io/software/fiji/downloads>
20. InVesalius [Internet]. [citado 2 de enero de 2025]. Disponible en: <https://invesalius.github.io/download.html>
21. ITK-SNAP Version 4.x Downloads [Internet]. [citado 2 de enero de 2025]. Disponible en: <http://www.itksnap.org/pmwiki/pmwiki.php?n=Downloads.SNAP4>
22. Yushkevich P. pyushkevich/itksnap [Internet]. 2024 [citado 2 de enero de 2025]. Disponible en: <https://github.com/pyushkevich/itksnap>
23. Yushkevich PA, Gao Y, Gerig G. ITK-SNAP: an interactive tool for semi-automatic segmentation of multi-modality biomedical images. Annu Int Conf IEEE Eng Med Biol Soc 2016;2016:3342. DOI: 10.1109/EMBC.2016.7591443
24. GitHub - stmharry/body-composition: Code and data for automatic body composition assessment. [Internet]. [citado 2 de enero de 2025]. Disponible en: <https://github.com/stmharry/body-composition>
25. Hsu TMH, Schawkat K, Berkowitz SJ, Wei JL, Makoyeva A, Legare K, et al. Artificial intelligence to assess body composition on routine abdominal CT scans and predict mortality in pancreatic cancer- A recipe for your local application. Eur J Radiol 2021;142:109834. DOI: 10.1016/j.ejrad.2021.109834
26. Bridge C, Rosenthal M, Wright B, Kotecha G, Fintelmann F, Troschel F, et al. Fully-Automated Analysis of Body Composition from CT in Cancer Patients Using Convolutional Neural Networks. En: OR 2.0 Context-Aware Operating Theaters, Computer Assisted Robotic Endoscopy, Clinical Image-Based Procedures, and Skin Image Analysis [Internet]. CARE CLIP OR

- 2.0 ISIC 2018; 2018 Sept 16-20; Granada, España. Berlin: Springer Nature, 2018 [citado 2 de enero de 2025]. pp. 204-13. DOI: 10.1007/978-3-030-01201-4_22
27. GitLab [Internet]. 2020 [citado 2 de enero de 2025]. Files · master · Michael Paris / AutoMATiCA· GitLab. Disponible en: https://gitlab.com/Michael_Paris/AutoMATiCA/-/tree/master
28. UMEssen/Body-and-Organ-Analysis [Internet]. University Medicine Essen; 2024 [citado 2 de enero de 2025]. Disponible en: <https://github.com/UMEssen/Body-and-Organ-Analysis>
29. van Vugt JLA, Levolger S, Gharbharan A, Koek M, Niessen WJ, Burger JWA, et al. A comparative study of software programmes for cross-sectional skeletal muscle and adipose tissue measurements on abdominal computed tomography scans of rectal cancer patients. *J Cachexia Sarcopenia Muscle* 2017;8(2):285-97. DOI: 10.1002/jcsm.12158
30. Barbalho ER, Rocha IMGD, Medeiros GOC, Friedman R, Fayh APT. Agreement between software programmes of body composition analyses on abdominal computed tomography scans of obese adults. *Arch Endocrinol Metab* 2020;64(1):24-9. DOI: 10.20945/2359-3997000000174
31. Rollins KE, Awwad A, Macdonald IA, Lobo DN. A comparison of two different software packages for analysis of body composition using computed tomography images. *Nutrition* 2019;57:92-6. DOI: 10.1016/j.nut.2018.06.003
32. Pescatori LC, Savarino E, Mauri G, Silvestri E, Cariatì M, Sardanelli F, et al. Quantification of visceral adipose tissue by computed tomography and magnetic resonance imaging: reproducibility and accuracy. *Radiol Bras* 2019;52(1):1-6. DOI: 10.1590/0100-3984.2017.0211
33. Dolan RD, Tien YT, Horgan PG, Edwards CA, McMillan DC. The relationship between computed tomography-derived body composition and survival in colorectal cancer: the effect of

- image software. *JCSM Rapid Commun* 2020;3(2):81-90. DOI: 10.1002/rco2.15
34. Prado CMM, Lieffers JR, McCargar LJ, Reiman T, Sawyer MB, Martin L, et al. Prevalence and clinical implications of sarcopenic obesity in patients with solid tumours of the respiratory and gastrointestinal tracts: a population-based study. *Lancet Oncol* 2008;9(7):629-35. DOI: 10.1016/S1470-2045(08)70153-0
 35. Irving BA, Weltman JY, Brock DW, Davis CK, Gaesser GA, Weltman A. NIH ImageJ and Slice-O-Matic computed tomography imaging software to quantify soft tissue. *Obes Silver Spring Md* 2007;15(2):370-6. DOI: 10.1038/oby.2007.573
 36. Jiménez-Sánchez A, Soriano-Redondo ME, Pereira-Cunill JL, Martínez-Ortega AJ, Rodríguez-Mowbray JR, Ramallo-Solís IM, et al. A Cross-Sectional Validation of Horos and CoreSlicer Software Programs for Body Composition Analysis in Abdominal Computed Tomography Scans in Colorectal Cancer Patients. *Diagnostics* 2024;14(15):1696. DOI: 10.3390/diagnostics14151696
 37. van Vugt JLA, van Putten Y, van der Kall IM, Buettner S, D'Ancona FCH, Dekker HM, et al. Estimated skeletal muscle mass and density values measured on computed tomography examinations in over 1000 living kidney donors. *Eur J Clin Nutr* 2019;73(6):879-86. DOI: 10.1038/s41430-018-0287-7
 38. Dolan RD, Almasaudi AS, Dieu LB, Horgan PG, McSorley ST, McMillan DC. The relationship between computed tomography-derived body composition, systemic inflammatory response, and survival in patients undergoing surgery for colorectal cancer. *J Cachexia Sarcopenia Muscle* 2019;10(1):111-22. DOI: 10.1002/jcsm.12357
 39. Doyle SL, Bennett AM, Donohoe CL, Mongan AM, Howard JM, Lithander FE, et al. Establishing computed tomography-defined visceral fat area thresholds for use in obesity-related

- cancer research. *Nutr Res N Y N* 2013;33(3):171-9. DOI: 10.1016/j.nutres.2012.12.007
40. Querido NR, Bours MJL, Brecheisen R, Valkenburg-van Iersel L, Breukink SO, Janssen-Heijnen MLG, et al. Validation of an automated segmentation method for body composition analysis in colorectal cancer patients using diagnostic abdominal computed tomography images. *Clin Nutr ESPEN* 2024;63:659-67. DOI: 10.1016/j.clnesp.2024.07.1054
 41. Paris MT, Tandon P, Heyland DK, Furberg H, Premji T, Low G, et al. Automated body composition analysis of clinically acquired computed tomography scans using neural networks. *Clin Nutr* 2020;39(10):3049-55. DOI: 10.1016/j.clnu.2020.01.008
 42. Charrière K, Boulouard Q, Artemova S, Vilotitch A, Ferretti GR, Bosson JL, et al. A comparative study of two automated solutions for cross-sectional skeletal muscle measurement from abdominal computed tomography images. *Med Phys* 2023;50(8):4973-80. DOI: 10.1002/mp.16261
 43. Weasis DICOM medical viewer:: Weasis Documentation [Internet]. [citado 2 de enero de 2025]. Disponible en: <https://weasis.org/en/>
 44. RadiAnt DICOM Viewer | ES [Internet]. [citado 2 de enero de 2025]. Disponible en: <https://www.radiantviewer.com/es/>
 45. Aryanto KYE, Oudkerk M, Ooijen PMA van. Free DICOM de-identification tools in clinical research: functioning and safety of patient privacy. *Eur Radiol* 2015;25(12):3685. DOI: 10.1007/s00330-015-3794-0
 46. GitHub [Internet]. [citado 2 de enero de 2025]. Releases · RSNA/anonymizer. Disponible en: <https://github.com/RSNA/anonymizer/releases>
 47. Drag 'n' Drop batch Anonymization of DICOM data for free - doRadiology.com [Internet]. [citado 2 de enero de 2025]. Disponible en: <https://dicomanonymizer.com/>

48. Jiménez-Sánchez A, Soriano-Redondo ME, Roque-Cuéllar M del C, García-Rey S, Valladares-Ayerbes M, Pereira-Cunill JL, et al. Muscle Biomarkers in Colorectal Cancer Outpatients: Agreement Between Computed Tomography, Bioelectrical Impedance Analysis, and Nutritional Ultrasound. *Nutrients* 2024;16(24):4312. DOI: 10.3390/nu16244312

Nutrición
Hospitalaria

Tabla I. Descripción de los principales programas informáticos semiautomáticos de código abierto para segmentación

| | 3DSlicer | Horos | ImageJ | CoreSlicer | Invesalio | ITK-Snap |
|---|----------------------------|--------------|----------------------------|----------------------------|----------------------------|----------------------------|
| Sistemas operativos | Windows Mac OS Linux | Mac OS | Windows Mac OS Linux | Windows Mac OS Linux | Windows Mac OS Linux | Windows Mac OS Linux |
| Potencia del hardware | Alta | Media | Baja | Baja | Media | Media |
| Basado en web | No | Sí | No | Sí | No | No |
| Visor DICOM | Sí | Sí | No | Sí | Sí | Sí |
| MPR | Sí | Sí | No | Sí | Sí | Sí |
| 3DVR | Sí | Sí | No | No | Sí | No |
| Automatización del análisis de composición corporal | Alta | Baja | Media | Media | Baja | Baja |
| Facilidad de uso | Media | Media | Media | Alta | Media | Media |
| Impresión 3D | Sí | Sí | No | No | Sí | Sí |

3DVR: renderización tridimensional; 3D: tridimensional; DICOM: Digital Imaging and Communication in Medicine; MPR: reconstrucción multiplanar.

Tabla II. Principales comandos en Mac OS de programas informáticos semiautomáticos de código abierto para segmentación

| |
|--|
| <p>Horos:</p> <ul style="list-style-type: none">• Ventana de tejidos blandos: 1• Marcar como imagen principal (⌘ + k)• Mover (m + desplazar ratón)• Aumentar (botón derecho del ratón)• Contraste (w + ratón arriba o abajo)• Polígono cerrado (c)• Pincel (b)• Información de ROI (⌘ + i) <p>CoreSlicer 1.0:</p> <ul style="list-style-type: none">• Ventana de tejidos blandos: 3• Centrar imagen: 0• Pincel: q• Borrador: w• Ocultar segmentación: shift (mayúsculas)• Deshacer (⌘ + z)• Rehacer (⌘ + shift + z)• Seleccionar tejido de segmentación (subir / bajar): a / s |
|--|

ROI: region of interest; ⌘: tecla comando.

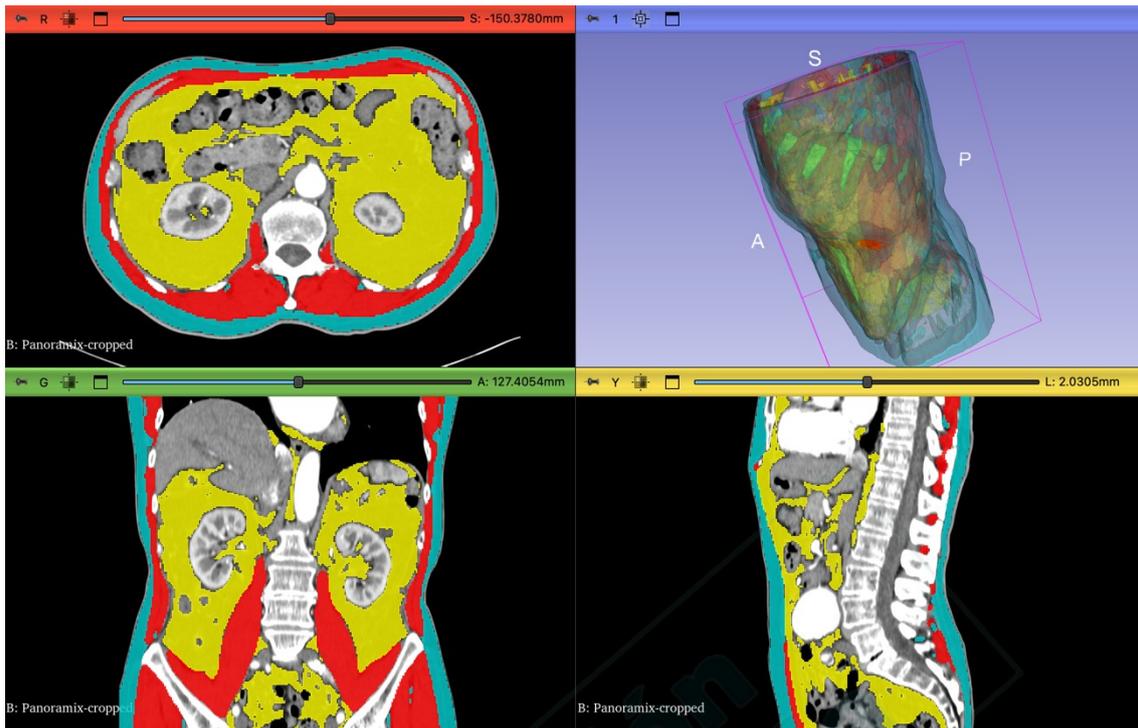


Figura 1. Resultados de la segmentación tridimensional (versión “rápida”) de una imagen DICOM de TC abdominal en 3D Slicer 5.6.2 y el “plugin” Total Segmentator (11), basado en la inteligencia artificial homónima de Wasserthal y cols. (10). Para simular los resultados de un protocolo Alberta, se han modificado la opacidad y los colores de las segmentaciones de tejido muscular, tejido adiposo subcutáneo (SAT) y tejido adiposo visceral (VAT). Nótese la tridimensionalidad de la segmentación al reducir la opacidad de las capas en la esquina superior derecha. Nótese también la presencia de pequeños artefactos, como contabilizar tejido adiposo renal como VAT o tejido adiposo paravertebral o intermuscular como SAT, que podrán eliminarse manualmente *a posteriori*.

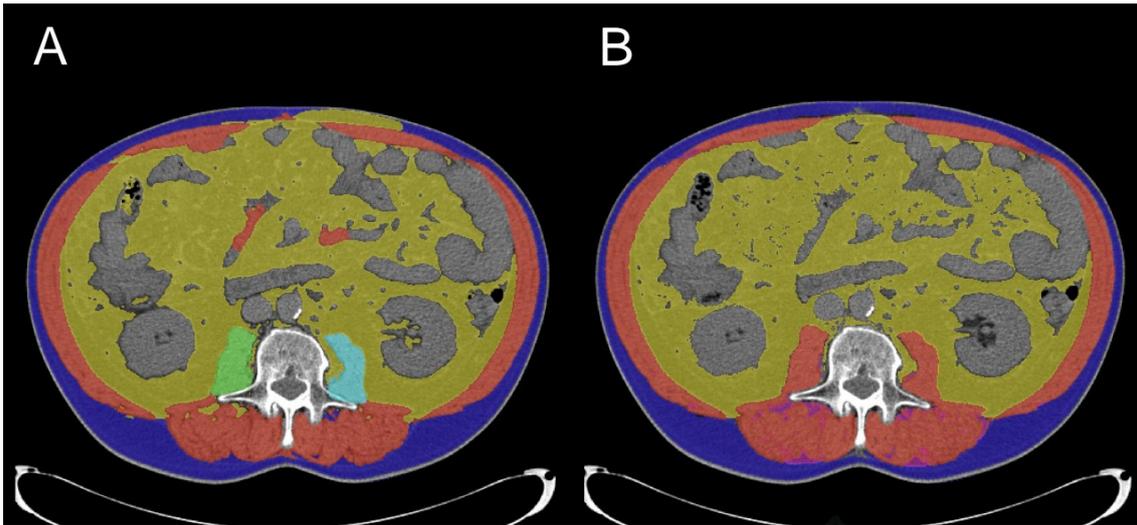


Figura 2. Resultados del algoritmo de segmentación bidimensional de una imagen DICOM de TC abdominal en Core Slicer 1.0. Nótese los errores en la segmentación semiautomática (A). B. La segmentación se ha editado y se ha creado una región de tejido adiposo intermuscular (IMAT), ambos procesos realizados manualmente con herramientas incluidas en su interfaz gráfica (GUI). Nótese que los colores utilizados por Core Slicer 1.0 de forma predefinida son los mismos del protocolo Alberta.