

· 规范与共识 ·

基于编辑谱磁共振成像脑内 γ -氨基丁酸
定量技术的规范化应用专家共识

中华医学会放射学分会神经学组 神经退行性疾病 GABA 多中心项目组

通信作者:王光彬,山东第一医科大学附属省立医院医学影像科,济南 250021, Email: cjr.wanguangbin@vip.163.com; 马林,解放军总医院第一医学中心放射诊断科,北京 100853, Email: cjr.malin@vip.163.com

【摘要】 γ -氨基丁酸(GABA)是中枢神经系统内重要的抑制性神经递质,其代谢异常已被证实与阿尔茨海默病、帕金森病等 20 余种神经系统疾病密切相关。精准测量脑内 GABA 水平,对于阐明疾病发病机制和探索潜在致病因素具有重要的意义。基于 J 偶合效应的磁共振编辑谱技术突破了传统磁共振波谱成像对低浓度代谢物检测困难的局限性,为在体脑区 GABA 定量分析提供了无创检测手段,近年来,该技术受到越来越多学者的关注,并逐渐应用于临床。鉴于 GABA 编辑谱磁共振技术在我国尚缺乏统一的标准,给多中心研究、临床应用及数据库构建带来了困难。基于此,中华医学会放射学分会神经学组和神经退行性疾病 GABA 多中心项目组专家系统梳理了编辑谱序列的基本原理、参数设置、质量控制等关键技术要点,对数据采集、处理分析、临床应用的全流程标准化方案达成共识,旨在统一并规范我国 GABA 编辑谱技术的临床与科研应用,为高质量的多中心研究和未来临床转化奠定坚实基础。

【关键词】 γ -氨基丁酸; 磁共振波谱; 规范化; 专家共识

基金项目:国家自然科学基金(82302149);黄河流域协同科技创新项目(YDZX2025033);山东省自然科学基金创新发展联合基金(ZR2024LSW010);中国博士后基金会项目(2022M711987);山东省自然科学基金(ZR202211210106、ZR2020QH267)

Expert consensus on standardized application of edited magnetic resonance spectroscopy for quantitative γ -aminobutyric acid measurement in the human brain

Neuroradiology Group of Chinese Society of Radiology of Chinese Medical Association, Neurodegenerative Diseases GABA Multicenter Project Team

Corresponding author: Wang Guangbin, Department of Medical Imaging, Shandong Provincial Hospital Affiliated to Shandong First Medical University, Jinan 250021, China, Email: cjr.wanguangbin@vip.163.com; Ma Lin, Department of Radiology, First Medical Center of PLA General Hospital, Beijing 100853, China, Email: cjr.malin@vip.163.com

γ -氨基丁酸(γ -aminobutyric acid, GABA)作为中枢神经系统关键的抑制性神经递质,其核心功能在于通过激活突触后膜上的 GABA A 受体(介导快速的离子型抑制)和 GABA B 受体(介导缓慢

的代谢型抑制)^[1],引发氯离子内流和钾离子外流,从而产生突触后超极化,降低神经元的兴奋性,有效终止神经冲动的过度传递。GABA 能系统与谷氨酸能兴奋系统动态拮抗,可精确调控神经环路的

DOI: 10.3760/cma.j.cn112149-20250711-00407

收稿日期 2025-07-11 本文编辑 史晓娟

引用本文:中华医学会放射学分会神经学组,神经退行性疾病 GABA 多中心项目组.基于编辑谱磁共振成像脑内 γ -氨基丁酸定量技术的规范化应用专家共识[J].中华放射学杂志,2026,60(2): 145-156. DOI: 10.3760/cma.j.cn112149-20250711-00407.

中华医学杂志社
Chinese Medical Association Publishing House

版权所有 违者必究



活性。这种平衡几乎是所有高级脑功能的基础,一旦失衡将导致神经网络功能紊乱。研究表明,GABA 水平异常与阿尔茨海默病、帕金森病、抑郁症、自闭症谱系障碍等多种神经精神疾病的发病机制密切相关^[2]。然而,由于脑内 GABA 浓度极低(约 1 mM),且其磁共振波谱(magnetic resonance spectroscopy, MRS)信号易受高浓度代谢物干扰,传统 MRS 技术难以实现对其精准定量。近年来,基于 J 偶合效应的编辑谱磁共振技术(如 MEGA-PRESS)通过选择性激发与差分信号处理,显著提升了检测 GABA 的特异度与灵敏度,为无创、在体定量分析脑区 GABA 水平提供了重要工具^[3]。目前该技术已在基础研究与临床探索中展现出广泛应用潜力,但我国尚缺乏统一的技术规范与操作指南,导致多中心研究的数据可比性与临床转化面临挑战。为此,中华医学会放射学分会神经学组联合神经退行性疾病 GABA 多中心项目组专家系统总结了该技术原理、数据采集、处理流程及质控标准,并制订本共识,旨在推动 GABA 编辑谱技术的规范化应用,提升研究成果的可靠性与临床价值。

一、共识制订的方法学

(一)制订共识的理论依据与方法学框架

本共识的制订严格遵循循证医学原则,依据中华医学会《中国制订/修订临床诊疗指南的指导原则(2022 版)》的标准化流程,参考国际公认的指南研究与评价工具(appraisal of guidelines for research and evaluation II, AGREE II)和卫生保健实践指南的报告条目(reporting items for practice guidelines in healthcare, RIGHT)的评估要求^[4-5],确保方法学的科学性与透明度。共识内容综合现有最佳证据、多学科专家临床经验及患者价值观,旨在形成具有临床适用性和可操作性的规范化建议。

(二)共识目标与适用范围

本共识旨在规范基于编辑谱磁共振成像(如 MEGA-PRESS、HERMES 等序列)的脑内 GABA 定量技术的操作流程、质量控制及临床应用,提升多中心研究的可重复性与临床转化价值。目标用户为从事 MRS 技术研发、神经影像学诊断、神经科学研究的医师、技师及研究人员,适用范围涵盖中国各级医疗机构及科研单位。

(三)共识专家组构成

本共识专家组由中华医学会放射学分会神经学组与神经退行性疾病 GABA 多中心项目组共同

发起,并组建了以下 3 个核心小组:(1)临床专家组,由放射科学、神经病学、精神病学、医学物理学等多学科专家组成,负责提出临床问题、审议证据和形成推荐意见;(2)证据评价组,由方法学家和文献检索专员组成,负责系统检索、筛选、评价及综合证据;(3)秘书组,负责共识制订的协调、记录与文稿撰写工作。本共识已在国际实践指南注册与透明化平台注册(注册号:PREPARE-2025CN1502)。

所有专家均签署利益冲突声明,无实质性利益冲突。

(四)临床问题的遴选与确定

通过专家会议和德尔菲法多轮讨论,凝练出核心问题,涵盖 GABA 编辑谱技术的序列参数、质量控制标准、数据处理流程、临床应用等方面。最终问题清单经专家组投票(共识率 $\geq 80\%$)确认后纳入共识。

(五)证据检索与评价

1. 检索策略:在 PubMed、Web of Science、万方数据、中国知网等数据库中系统检索截至 2025 年 8 月的相关文献,英文检索词包括“MEGA-PRESS”“GABA editing”“J-difference spectroscopy”等,中文检索词包括“编辑谱”“ γ -氨基丁酸”“磁共振波谱”等。

2. 证据筛选与提取:由 2 名研究人员独立筛选文献、提取数据并交叉核对,分歧通过第三方仲裁解决。纳入研究包括队列研究、专家共识及技术标准类文献。

3. 证据质量分级:采用牛津循证医学中心(Oxford center for evidence-based medicine, OCEBM)2011 版证据分级系统对证据进行质量评价,并结合推荐强度分级。

(六)推荐意见形成与共识达成

推荐意见的形成基于证据质量、利弊平衡、临床适用性及资源可行性等多维度评估。通过专家会议和匿名投票方式达成共识,每条推荐意见需获得 $\geq 80\%$ 的专家同意方可采纳。

(七)共识传播与更新计划

本共识将通过学术期刊发表、学术会议宣讲、线上继续教育平台推广等方式传播。计划每 3~5 年根据技术进展和新的临床证据进行更新。

二、GABA 编辑谱磁共振成像基本原理

(一)常规 MRS 成像的局限性

质子 MRS(^1H MRS)提供了一种非侵入性方法来研究健康和疾病状态下体内代谢物浓度。



^1H MRS 检测组织代谢物中氢核自旋产生的射频信号,这些信号通常受到化学位移和耦合常数的影响。因此,MRS 信号在 MRS 中沿着化学线分离,即所谓的化学位移维度。图 1 为人脑 MRS 成像,显示了与多种代谢物相关的信号,其中最突出的是天冬氨酸 N-乙酰 (N-acetylaspartate, NAA)、肌酸 (creatine, Cr) 和含胆碱化合物 (choline, Cho)。MRS 的一个常见特征是出现多重峰,即与单个氢环境相关的信号被分裂成多个子峰(图 2)。这种现象是由自旋-自旋耦合(或称 J 耦合)引起。J 耦合是原子核间通过电子云之间形成的一种相互作用力,导致不同核之间的共振频率相互影响,从而分裂谱线。由于人脑中代谢物种类较多,代谢物的谱图在某些频率下出现多个重叠的信号。

GABA 在人脑中的浓度约为 1 mM,比一些浓度更高的代谢物低一个数量级,比水低 40 000 倍。GABA 的化学结构和 MRS 如图 2 所示;3 个不同的多重峰对应于分子中的 3 个亚甲基(CH_2)。与图 1 中的波谱进行比较表明,GABA 信号与更强的信号重叠,这些信号分别来自 2 ppm 的 NAA、3 ppm 的 Cr 以及 2.3 ppm 的谷氨酸 (glutamic acid, Glu) 和谷氨酰胺 (glutamine, Gln) (总 Glu+Gln 通常称为 Glx)。因此,常规 MRS 难以区分 GABA 与其他代谢物。

(二) J 差分编辑谱技术原理及应用

J 差分编辑谱技术是一种基于 MRS 原理的创新性检测方法,其通过精准设计的射频脉冲序列,仅对特定耦合常数范围内的信号进行增强或抑制,实现对不同代谢物的选择性编辑,能够有效减少谱重叠,改善多重代谢物的分离和定量分析,从而实现了对低浓度目标代谢物的特异性检测。目前该技

术广泛应用于脑功能研究与神经退行性疾病、精神疾病、脑肿瘤等代谢分析等领域。

在 J 差分编辑谱中,特定的编辑序列被设计用来引入 J-耦合,类似原子间的相互作用,导致谱线分裂,以产生特定的相位和强度调制。这些编辑序列使得目标代谢物的信号与共振信号在谱图中具有不同的特征,从而可以通过后续处理方法将它们区分开来。

目前应用 J 差分编辑谱技术最常见的序列是 MEGA-PRESS,其通过对特定化学环境下的氢原子施加编辑脉冲,从而实现对 GABA 的选择性激发和测量。GABA 是一种神经递质,在脑内发挥着重要的抑制性调节作用。由于其低浓度和与其他代谢物的信号重叠,传统的成像方法通常难以准确测量 GABA。GABA 的分子式为 $\text{NH}_2\text{-CH}_2\text{-CH}_2\text{-CH}_2\text{COOH}$,含有 3 个亚甲基,对应氢质子谱中的 3 个波峰(1.89、2.28、3.01 ppm)。由于 2.28 ppm 处的代谢物种类较多,难以进行区分,因此 MEGA-PRESS 序列针对的是 1.89 ppm 和 3.01 ppm 处的氢原子之间的 J 耦合。1.9 ppm 处施加频率选择性脉冲,MEGA-PRESS 序列可以增强 3.0 ppm 处 GABA 的信号,而位于 3.0 ppm 处的其他代谢物(如 Cr)与 1.9 ppm 处没有偶合作用,通过脉冲的施加(EDIT-ON)和关闭(EDIT-OFF)之间的差分,达到消除背景信号、选择性增强 GABA 信号的目的(图 3)。

J 差分编辑谱的成功应用依赖于多项实验条件的优化,包括静态磁场均匀性(B_0 shimming)、水抑制效率、编辑脉冲效果以及磁共振设备的稳定性。在上述条件达到技术标准时,才能实现高质量、重复性强的 GABA 定量分析。在实际操作中,需进行全面的参数校准与质量控制,以确保频谱解析度和

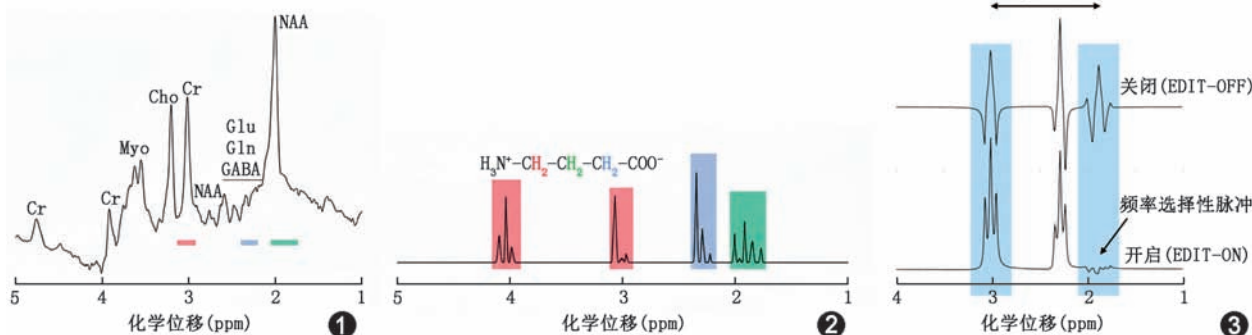


图 1,2 3.0 T MRI 人脑质子磁共振波谱与 γ -氨基丁酸(GABA)模拟磁共振波谱成像对比。图 1 为人脑质子磁共振波谱图;图 2 为 GABA 的模拟磁共振波谱图,显示了 GABA 中 CH_2 自旋的分布情况。生理 pH 条件下(pH 7.4),GABA 以两性离子形式存在($\text{H}_3\text{N}^+\text{-CH}_2\text{-CH}_2\text{-CH}_2\text{-COO}^-$)。Cr 为肌酸,Myo 为肌醇,Cho 为含胆碱化合物,Glu 为谷氨酸,Gln 为谷氨酰胺,NAA 为天冬氨酸-N-乙酰 图 3 J 差分编辑谱原理图。1.9 ppm 与 3.0 ppm 处氢原子存在 J 耦合,导致 3.0 ppm 处的谱线分裂。将 1.9 ppm 处谱峰抑制后,J 耦合消失,3.0 ppm 处信号增强

信噪比达到可用于科研和临床的要求。

三、临床数据采集

临床常见的神经系统疾病,如神经退行性疾病、精神疾病及脑肿瘤等,当存在神经递质功能异常的可能或需进一步明确抑制性/兴奋性神经递质状态时,建议开展 GABA 编辑谱扫描,其推荐序列参数见表 1。感兴趣区(volume of interest, VOI)的选择应依据不同疾病的关键受累脑区进行合理设定,以保证信号质量与临床解释的针对性。GABA 水平的升高或降低均属于非特异性代谢变化,结合短 TE 常规 PRESS 序列可进一步反映 GABA 与 Glu 间的异质性及兴奋-抑制平衡状态,从而为临床提供更全面的神经化学信息。最终诊断仍需整合临床症状、量表评估、影像学及其他实验室检查综合判断。本共识旨在为临床提供结构化、可操作的 GABA 编辑谱应用标准,推动其从科研应用走向规范化的临床实践。鉴于编辑谱易受多种因素干扰,建议各中心建立本地参考数据库,并定期参加多中心质量控制,以确保数据的可重复性和跨中心一致性。

表 1 磁共振波谱成像 MEGA-PRESS 序列扫描
推荐扫描参数

指标	推荐值
水信号扫描	
反转角	180°
回波时间(ms)	68
中心频率(ppm)	4.7
代谢物信号扫描	
总扫描次数	320
兴趣区体积(cm×cm×cm)	3×3×3
重复时间(ms)	2 000
回波时间(ms)	68
编辑脉冲频率(ppm)	开启模式:1.9 关闭模式:7.46
编辑脉冲带宽(Hz)	60
编辑脉冲持续时间(ms)	15
扫描时间(min)	10

(一)扫描前准备

1. 临床评估与知情同意:医师需充分评估患者适应证,排除 MRI 扫描禁忌证(如心脏起搏器、动脉瘤夹、幽闭恐惧症等),并向患者或其家属详细告知检查的目的、大致流程、可能的风险与注意事项,并签署书面知情同意书。

2. 患者准备与体位摆放:指导患者更换病号服或纯棉衣物,去除身上所有金属物品(如发夹、眼

镜、假牙、首饰、带金属的衣物等),嘱患者取仰卧位,头先进。使用海绵垫或专用头托舒适、稳定地固定头部,以最大限度减少扫描过程中的头动。为患者佩戴耳塞或耳机,以降低扫描过程中的噪声干扰。告知患者在整个扫描过程中保持身体静止,平静呼吸,闭眼休息但避免入睡(以防规律性睡眠呼吸干扰)。向患者说明扫描的大致时间,取得其配合。

3. 设备与线圈准备:根据仪器制造商指南,对设备进行日常质控保证系统处于最佳工作状态。根据目标脑区选择并安装合适的头部线圈(通常为多通道相控阵头线圈),确保信号接收效率。

(二)扫描序列与定位

1. 定位像扫描:首先进行快速三平面定位扫描(如 Scout 或 Localizer),在此基础上,采集高分辨率、各向同性的 3D T₁WI 结构像(如 MPRAGE 或 BRAVO 序列)。该图像用于精确的 VOI 定位和组织分割,为后续的波谱定量分析提供解剖基础。

2. VOI 定位:VOI 的选择主要根据神经系统疾病可能累及脑区设定,VOI 设定的常见位置有后扣带回、前扣带回、额叶、顶叶、基底节区、海马区及中央沟区等,或以可见的病灶为中心进行设置。VOI 的设置多基于高分辨率 3D T₁WI 图像,进行横断面、矢状面、冠状面手动定位,这是确保数据一致性的关键步骤。定位原则:(1)选择具有明确解剖标志的区域(如后扣带回以胼胝体压部及顶枕沟为参照,图 4~6),以提高不同受试者及同一受试者多次扫描间 VOI 的一致性;(2)尽量将 VOI 置于脑组织中心,避开颅骨、脑脊液腔隙、鼻窦及皮下脂肪,以减少磁化率伪影和脂质污染;(3)注意化学位移效应:GABA+(3.0 ppm)与 NAA(2.0 ppm)等代谢物因化学位移不同,其实际激发层面存在空间偏移。操作者应了解此现象,并在定位时确保主要目标解剖区域始终在体素中心,可通过调整层选梯度方向来优化;(4)VOI 推荐为 3 cm×3 cm×3 cm。体素过小会显著降低信噪比,且可能导致 GABA 浓度被低估;过大则会降低脑区特异性。

(三)成像参数

1. 编辑谱序列构成:J 差编辑谱序列包括水信号扫描和代谢物扫描两部分。水信号扫描常认为保持与 MEGA-PRESS 相同的参数设置,但不包括水信号抑制模块,用于涡流校正;但也有学者推荐采用短 TE 的 PRESS 序列(TE 值约为 30 ms),可以有效减低 T₂ 衰减的影响,提升图像对比度^[6-7]。

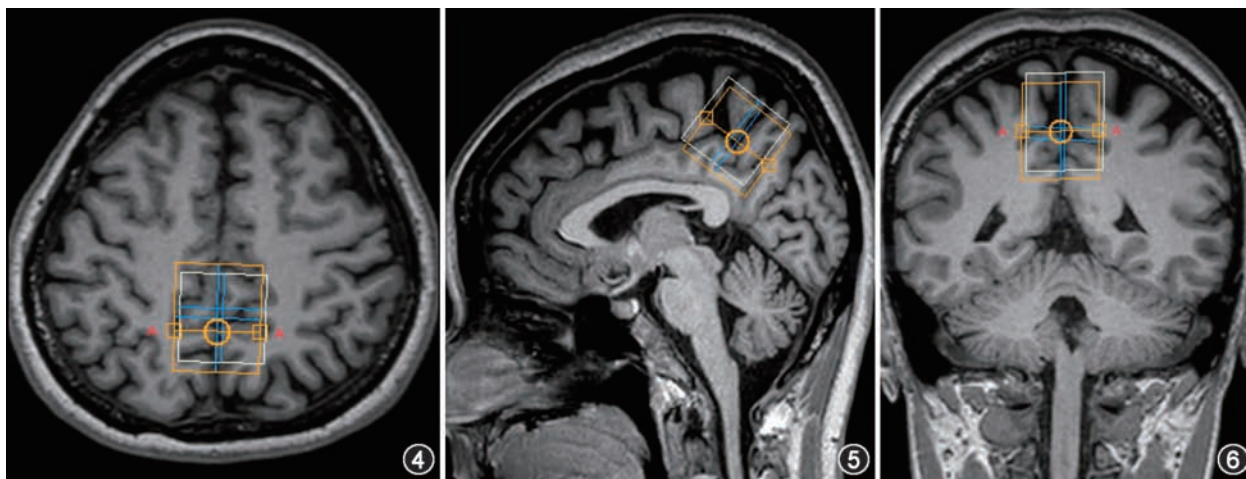


图4~6 MEGA-PRESS序列扫描兴趣区的定位图。基于3D T₁WI结构像进行三方重建后进行定位,选取的兴趣区为后扣带回区,以胼胝体压部及顶枕沟作为解剖标志区进行定位参照。由于 γ -氨基丁酸+(3.0 ppm,黄框)和天冬氨酸-N-乙酰(2.0 ppm,白框)的化学位移不同,在相同的层选梯度下,实际激发层面会产生空间偏移,操作者定位时确保主要目标解剖区域始终在体素中心。图4为横断面,图5为矢状面,图6为冠状面

两次扫描均与 MEGA-PRESS 选用相同的体素。水信号扫描的中心频率通常设定为 0 (对应于水峰 4.7 ppm), GABA 扫描的中心频率设为 -1.7 ppm,使目标代谢物峰位 (GABA 3.0 ppm) 位于频谱中心,从而最大限度减少频漂对峰位的影响。对于头颈部脂肪含量较高的患者 (体重指数 $\geq 28 \text{ kg/m}^2$ 、项部皮下脂肪厚度 $>$ 邻近椎体的前后径), 可以在序列采集过程中在富含脂肪区施加饱和带来减轻脂肪的干扰。

2. 扫描次数和 VOI 设定: 扫描次数是 MRS 信噪比的重要决定因素之一, 通常与 VOI 体积相关。VOI 体积推荐 $3 \text{ cm} \times 3 \text{ cm} \times 3 \text{ cm}$, 此时推荐的总扫描次数为 126~320 次^[8-9], 通常不少于 192 次, 其中包括 96 次 EDIT-ON 和 EDIT-OFF。为了实现完整的相位循环, 扫描次数通常为 16 的倍数^[6], EDIT-ON 和 EDIT-OFF 扫描交替进行。但部分研究也采用相对较小的 VOI 体积, 但一般会保证不低于 8 cm^3 , 以此保证图像足够的信噪比。在保持扫描次数不变的前提下, VOI 体积与信噪比呈线性相关。而过小 VOI 的体积虽然可以通过增加扫描次数对信噪比进行一定程度的补偿, 然而一方面扫描次数对信噪比的提升效果为边际递减^[6], 另一方面, 可能导致 GABA 的估计浓度偏低^[10]。故推荐的 VOI 体积为 $3 \text{ cm} \times 3 \text{ cm} \times 3 \text{ cm}$ ^[6, 11]。

3. TR/TE 和编辑脉冲设定: 由于 GABA 在 3.0 T 场强下的 T₁ 值约为 1300 ms ^[12], 推荐的 TR 和 TE 值分别为 2000 ms 和 68 ms 。EDIT-ON 和 EDIT-OFF 模式的频率分别为 1.9 ppm 和 7.46 ppm, 带宽通常

为 60 Hz, 持续时间为 15 ms ^[6]。该参数适用于主要的磁共振生产厂商, 如德国 Siemens、美国 GE、荷兰 Philips。

四、质量控制

(一) 扫描前质量控制

1. 匀场: 静态磁场的均匀性是影响信号质量 (即线宽和信噪比) 的重要因素, 因此匀场是数据采集中不可或缺的步骤。VOI 内的静态磁场不均匀性来源于 2 个方面: 微观不均匀性 (由分子与细胞尺度上的磁敏感度变化引起)、宏观不均匀性 (由不同组织与空气的磁化率差异引起)^[13]。后者可以通过匀场进行消除。水信号的线宽与半高宽通常是磁场均匀性的衡量标准。对于分辨率在 1~3 cm 的体素, 一阶或二阶匀场就可以获得足够的线宽^[13-14]。对于一些更具挑战性的位置, 例如额叶, 高阶匀场可以明显提升效果^[15]。推荐采用设备自带的自动匀场技术, 必要时手动匀场。由于强梯度场切换导致的磁场漂移增加了水信号的偏移, 为了尽量减小漂移带来的影响建议如下^[6]:

(1) 在需要强梯度切换试验 (如扩散张量成像或功能 MRI) 之前进行编辑谱数据采集。

(2) 若难以保证 (1) 的建议, 则推荐静置仪器数小时或重启仪器后再进行编辑谱扫描, 并使用实时频率校正。

(3) 若未启用实时频率校正, 需逐一判断扫描信号频率漂移情况: ① 漂移大于编辑脉冲带宽的 25% 时, 应当丢弃该次扫描信号。② 以 2~5 min 为一个采集块采集编辑谱数据, 通过在采集块之间进



行交错式扫描仪频率调整来监测系统不稳定或受试者运动引起的频率漂移。采集块的持续时间应足够短,以使漂移保持在 5 Hz 或以下。③编辑谱数据需以单次瞬态形式存储,以便于进行回顾性频率(及相位)校正。尽管此类后处理校正可有效降低减法伪影,但无法补偿由运动和(或)频率漂移在数据采集过程中引起的信号损失。④在所有 MRS 扫描的信号采集过程中均不可避免地会出现具有短时间常数的涡流,其影响可以通过光谱中所有共振的非对称线形来识别。推荐使用参考水信号中的相位分布来校正代谢物信号的线形畸变。

2. 射频功率校准:射频磁场(B_1^+)在局部区域的校准失准会导致信号损失及潜在伪影,同时引发定位性能与编辑效率下降。此类缺陷普遍存在于 B_1^+ 分布不均匀的成像区域,如高 B_0 场强和表面线圈发射时常出现此情况。关于射频脉冲和功率校准的建议如下:

(1) 对 MRS 的局部体积执行发射射频功率校准。

(2) 关闭水信号抑制,将编辑脉冲施加于水共振峰,并经验性估计平均 B_1^+ 幅度及编辑脉冲效率。施加共振与非共振编辑脉冲时水信号强度比值可反映 B_1^+ 幅度信息。

(3) 对于 B_1^+ 幅度失准的影响,需结合试验测量的 B_1^+ 值和编辑序列参数(如序列时序、实际射频脉冲及定位梯度)进行数值模拟评估。

(4) 为实现预设反转角,射频脉冲持续时间应在受试者间保持恒定。用户应验证在定位用重聚脉冲的 B_1^+ 校准时仅调整射频功率,并在队列研究中保持脉冲持续时间固定。

(5) 当射频功率受限需显著延长脉冲宽度以适应线圈负载时,必须评估化学位移效应的强度及其对研究结果的影响。

在数据采集过程中,需要对采集信号进行实时监测,及时排除错误数据或重新调整采集参数。需要说明的是,MEGA-PRESS 的每一次扫描信号均需存储,以便进行数据后处理。此外,采集过程中各序列间隙也需注意对受试者进行安抚并告知扫描情况,避免受试者躁动不安、身体移动导致信号出现伪影。

(二) 扫描中质量控制

1. 磁场均匀性(匀场)验证:水信号的半高宽(full width at half maximum, FWHM)是衡量磁场均匀性的金标准。在 3.0 T 磁场环境下,经过自动(或

手动)匀场后,VOI 内水信号的 FWHM 应低于 13 Hz (在扫描开始时 MRI 扫描仪自动计算后获得)。若未达到此标准,需重新进行匀场操作,尤其对于额叶等磁化率变异较大的区域,可尝试高阶匀场。匀场后,记录最终的 FWHM 值,作为该次扫描的重要质控指标。

2. 水信号抑制效率检查:抑制水信号后,残余的水信号幅度应不高于最大代谢物信号(通常是 NAA 或 Cr)的峰高,或其拖尾不影响 1.0~4.0 ppm 范围内代谢物基线的平整度。在序列的预扫描阶段观察水信号抑制效果,若效果不佳,需重新进行水信号抑制校准。

3. 实时频率与幅度稳定性监测:实时显示的信号频率和幅度曲线应保持平稳,无剧烈变化。启用设备的实时频率和相位校正功能。若发现单次扫描的频率漂移大于编辑脉冲带宽(如 60 Hz)的 25% (即 15 Hz),系统应能自动丢弃该次扫描或提示操作者进行干预。

4. 运动伪影监控:通过视频监控或设备导航技术观察患者头部位置,应该无可见的明显运动。若在实时频谱或信号曲线中发现异常突变的信号,可能提示患者发生运动,应通过麦克风及时提醒患者保持静止。若连续多次扫描因运动或频漂而丢弃,导致无效扫描比例超过 30%,应考虑暂停扫描,安抚患者后重新开始。

(三) 扫描后质量控制

1. 频谱视觉评估:优质数据特征多表现为差分谱基线平坦,无剧烈起伏或扭曲,在 3.0 ppm 处可见清晰的正向 GABA+ 峰;在 3.75 ppm 处可见 Glx 的正向双峰;在 2.0 ppm 附近可见明显的 NAA 负向峰;在 0.5~4.2 ppm 内无异常的脂质峰或其他外来信号干扰(图 7~9)。劣质数据特征表现为基线倾斜、扭曲或存在宽大包络;特征峰缺失、淹没在噪声中或形态异常;存在巨大的脂质峰或水峰拖尾等(图 10~12)。

2. 量化指标评估:(1)信噪比,高代谢物峰(通常是 NAA)的幅度与噪声标准差之比;每一次单次扫描的信噪比不宜过低(通常建议不小于 3),最终平均后的谱图信噪比应远高于此值;(2)FWHM,使用软件(如 Osprey)自动计算水信号的 FWHM,确认其达到扫描前设定的标准(3.0 T 时,水信号 FWHM<13 Hz);(3)频率漂移,检查软件输出的整个扫描过程中水频率漂移图,优质数据应如一条较平稳的直线(图 8),劣质数据则漂移剧烈(图 11)。



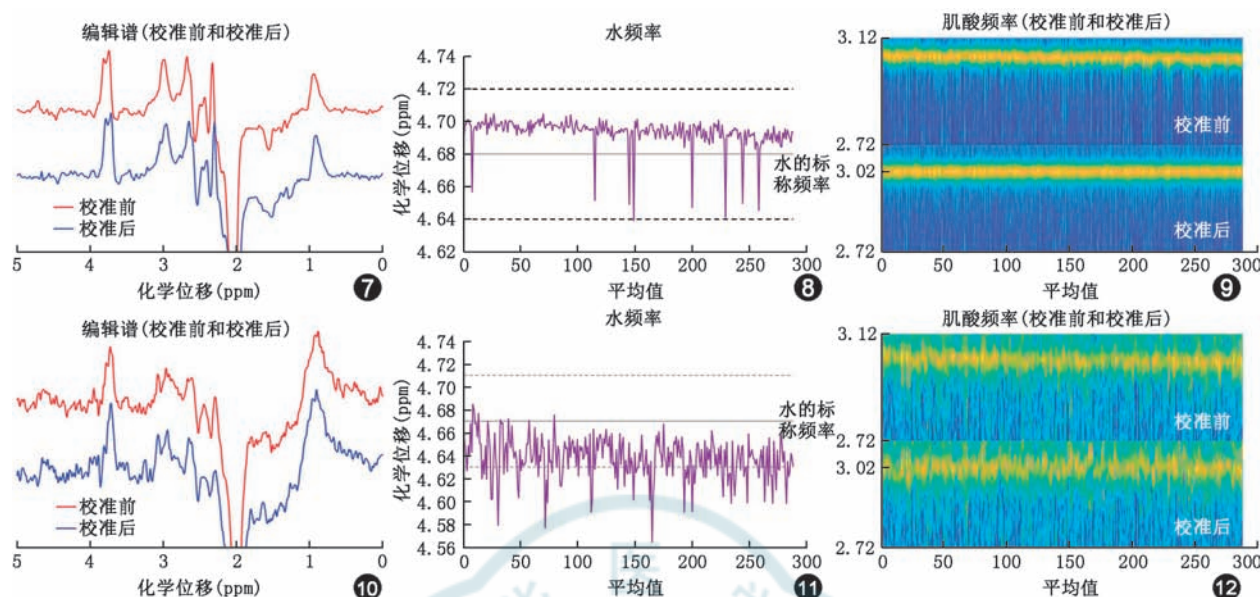


图7~12 通过Gannet后处理软件对数据进行评价。图7~9为优质数据,图10~12为劣质数据。图7为稳定的谱线,3.0 ppm处为正向峰[γ -氨基丁酸(GABA)+],3.75 ppm处为正向双峰(Glx),2.0 ppm为较大的负向峰(天冬氨酸-N-乙酰);图8为残余水信号的频率非常稳定,表现为噪声小且纵轴范围窄的平稳频率图;图9为肌酸信号频率稳定,表现为1条横向高温色带;图10~12显示谱线基线不稳,GABA+特征峰形态宽大(图10),水频率和肌酸频率漂移严重(图11,12)

采用后处理软件Gannet可以从谱形、水频率及Cr信号3个方面对数据的质量进行简单有效评估。

五、数据处理

目前,编辑谱的数据处理尚无标准化流程。虽然行业内已有一系列分析量化软件,但各软件平台中的数据处理步骤与流程仍存在差别。综合各软件平台,本共识推荐的数据处理流程划分为预处理、分析、量化3个阶段。

1. 预处理的步骤:(1)多通道信号合并;(2)对采集到的所有单次扫描信号逐个校正频率和相位漂移,这一步骤可以校正生理运动导致的伪影并对齐波谱信号^[6-7];(3)对多次扫描信号求算数平均值;(4)傅立叶变换;(5)信号极性判断;(6)去除残余水信号;(7)基线校正;(8)参考频率校正:通常选用2.01 ppm处的单个NAA谱峰;(9)用事先采集到的未抑制水信号进行涡流校正;(10)视觉优化,包括过滤、填零、相位调整等,但是在进行分析量化之前,不建议进行加窗和填零。

2. 谱分析阶段:主要包括代谢物基集构造和代谢物信号强度拟合。由于传统的MEGA-PRESS序列在1.9 ppm处所施加脉冲的选择性有限,因此在3.0 ppm处获得的信号不仅包含GABA,还包含了大分子和高肌肽信号,统称为GABA+。在场强不大于3.0 T的情况下,大分子在GABA+中的贡献超过GABA的50%,并且场漂移和患者身体的移动都会

导致二者的相对贡献比发生变化。但考虑到磁场漂移带来的影响,仍然推荐采用传统的MEGA-PRESS序列采集GABA+信号。通过谱分析,可以得到GABA(或GABA+)与参考信号的谱峰面积,以便在后续的量化中得到GABA(或GABA+)浓度。

目前,常见的编辑谱分析方法有线性组合模型拟合、谱峰拟合和谱峰积分。最常见的编辑谱分析方法是基于线性组合模型的拟合^[7],这一分析方法通过构建一系列代谢物和基线的波谱信号作为基集,通过非线性最小二乘法进行拟合。基集信号可以通过水模实验采集^[16],也可以通过计算机仿真构建^[17]。在构建基集时应注意以下几点:(1)采样条件和参数与人体采集完全一致;(2)使用准确的化学位移和偶合常数;(3)若无法去除残余水信号,应将其作为基线的一部分纳入拟合模型;(4)应当计算Cramér-Rao最小方差界(Cramér-Rao minimum variance bound, CRMVB)^[7]。通常建议,用于最终统计分析的代谢物定量结果的CRMVB值应低于20%,高于此值的结果应谨慎对待或予以排除。

3. 量化阶段:谱分析得到的是GABA与参考信号的强度(面积),需要通过量化而进一步获得GABA或其他感兴趣代谢物的浓度。量化环节的核心在于参考信号。参考信号的选择可以分为体内与体外,体内参考信号包括组织水信号和其他代



代谢物信号,体外参考信号通常采用水模。

水信号是最常用的参考信号,但由于水信号分布在不同的组织中,例如灰质、白质、脑脊液和病灶组织,环境复杂,因此需要考虑部分容积效应的影响,即需要进行组织校正^[6]。任何使用水信号作为内参考的绝对定量研究,必须进行部分容积效应校正,即分别计算并校正体素内灰质、白质和脑脊液的比例。仅报告未经校正的水参考浓度是不可靠且不规范的。

若采用其他代谢物作为参考信号,通常采用的是 GABA 与参考代谢物信号的强度比,常用的代谢物参考信号包括 tCr(肌酸+磷酸肌酸)、tCho(甘油磷酸胆碱+磷酸胆碱)、tNAA(NAA+N-乙酰天门冬酰谷氨酸),然而这些代谢物的分布可能随年龄和病理发生变化^[7, 18-21]。

4. 常用编辑谱分析软件:编辑谱处理是一个复杂的过程,因此推荐尽量通过软件包或平台进行自动处理。当前常用的免费编辑谱分析软件包括 LCModel^[16]、Tarquin^[22]、QUEST^[23]、AQSES^[24]、VeSPA^[25]等,其中 QUEST 和 AQSES 共同集成在 jMRUI^[26]上。此外,还包括基于 Matlab 的 FID-A^[17]、Gannet^[27]、INSPECTOR^[28]和 Osprey^[29]等工具包。Osprey 率先提供了“一站式”自动数据处理,可以提供组织校正后的 GABA 浓度,同时可以测量除 GABA 之外其他代谢物的浓度^[29]。Osprey 软件的 GUI 操作界面简洁明了,对于初学者容易上手,因此推荐采用 Osprey 软件进行数据后处理分析。

当前行业内常用的免费编辑谱分析软件在数据处理流程中执行的步骤、支持的数据格式以及安装环境见表 2。

六、临床应用现状、挑战及前景

作为脑内重要的抑制性神经递质,GABA 的含量反映 GABA 能系统与 GABA 受体的健康状况,与神经退行性疾病,例如阿尔茨海默病和帕金森病的病理与发病过程具有密切关联,并且在一系列精神类疾病中也存在异常表现。通过对 GABA 的精准定量研究,有可能实现对多种疾病的早期检测与疗效评估。

基于 J 偶合效应的编辑谱磁共振技术(如 MEGA-PRESS、HERMES)突破传统 MRS 对低浓度代谢物 GABA 等的检测局限,为疾病机制研究与临床诊断提供无创量化工具。GABA 编辑谱技术在阿尔茨海默病研究中发现,脑内 GABA+水平在全生命周期中动态变化^[30],轻度认知障碍和阿尔茨海

默病患者存在脑区特异性 GABA+水平的下降,且这种降低与执行功能障碍和记忆损伤相关^[31-33],并且研究证实谷氨酸和 GABA+之间的兴奋-抑制失衡参与轻度认知障碍和阿尔茨海默病的疾病进展过程^[34-35]。在帕金森病研究中发现,上脑干、运动皮层/感觉运动皮层 GABA+含量下降,并且运动皮层 GABA+水平与统一帕金森病评定量表运动评分呈负相关^[36-39];基底节区 GABA+含量变化趋势存在升高、减低或无差异的情况,可能与帕金森病患者异质性、纳入标准不同或患者亚型及伴随症状不同等有关^[40-42]。在精神类疾病的研究中发现:自闭症谱系障碍、注意力缺陷多动障碍、精神分裂症、抑郁症和双相情感障碍患者在特定脑区的 GABA+水平存在显著变化,并且常与疾病的临床表现相关^[43-45];但也有学者指出抑郁症患者治疗前的 GABA+浓度与抗抑郁治疗反应之间未发现显著关联,提示 GABA 作为生物标志物的临床应用仍需进一步验证^[46]。临床研究结果的差异性,除了上述提到的纳入标准不同之外,还可能与我国尚缺乏统一的编辑谱技术规范与操作指南有关,因此导致多中心研究的数据可比性较差。为此,本共识的制订旨在推动 GABA 编辑谱技术的规范化应用,提升研究成果的可靠性与临床价值。

总之,GABA 编辑谱技术在临床中具有广泛的应用前景,可以用于研究和协助诊断多种神经精神类疾病。然而,该技术仍然面临一系列挑战。为了保证足够高的信噪比和分辨率,编辑谱的采样时间长,因此目前集中在单体素采集,难以拓展到全脑。并且,除了目标体素内的大分子与高肌肽信号,GABA 信号也容易受到来自体素外的皮下脂质信号的干扰。此外,对于成分复杂的组织,例如高级别脑胶质瘤,其编辑谱难以显示。

随着编辑谱技术的不断发展,以上问题正在逐步得到缓解。在采集效率方面,一个编辑谱试验通常只能采集一种代谢物信号,而 Chan 等^[47]和 Oeltzschner 等^[48]提出了 HERMES 和 HERCULES 技术,在一次试验中实现对多种代谢物的编辑,如谷胱甘肽^[49]、2-羟基戊二酸等。Bonger 等^[50]提出了 3D MEGA-editing MRSI 序列,实现了多体素采集。为了缓解信号干扰,临床上可以在序列中加入一个饱和带实现对体素外皮下脂质信号的抑制。一些新技术,例如基于 T₁恢复差异的水抑制技术和对称编辑,可以实现对体素内大分子信号的抑制。



表 2 常用编辑谱分析软件的数据处理步骤

软件名称	功能			安装环境	支持设备商及数据格式
	预处理	分析	量化		
LCModel	导入裸数据;相位校正;涡流校正	用户提供自定义基集;软件自带基集;基线插值;线性组合模型拟合	GABA 与代谢物的相对浓度;GABA 的水参考浓度(组织校正);用户提供组织特异性信息(否则采用软件自带默认值)	Linux、Windows	美国 GE: p 文件 荷兰 Philips: *.sdat/DICOM 文件 德国 Siemens: *.rda/*.*.ima/*.*.raw 德国 Bruker: fid 文件 美国 Agilent: fid 文件 英国 Marconi: dump 文件 日本 Canon/Toshiba: rawData/DICOM 文件
Tarquin	导入裸数据;残余水信号去除;零阶、一阶相位校正;参考频率校正	软件自带仿真基集;基线插值;线性组合模型拟合	GABA 的水参考浓度(未进行组织校正)	Linux、Windows、MacOs X	美国 GE: p 文件 荷兰 Philips: *.sdat 德国 Siemens: *.rda 德国 Bruker: fid 文件 美国 Agilent: fid 文件 通用: DICOM 文件
jMRUI	导入裸数据;残余水信号去除;信号去噪;频率选择;谱峰提取与动态;位校正	软件内自定义仿真基集;线性组合模型拟合	GABA 与代谢物的相对浓度	GNU/Linux、Windows	美国 GE: p 文件 荷兰 Philips: *.sdat 德国 Siemens: *.rda 德国 Bruker: fid 文件 美国 Agilent: fid 文件 通用: DICOM 文件
VeSPA	导入裸数据;多通道信号合并;去除异常单次扫描;频率与相位漂移校正;零阶相位校正;多次扫描信号平均;涡流校正;残余水信号去除;一阶相位校正;过滤、填零	软件内自定义仿真基集;基线插值;线性组合模型拟合	GABA 的水参考浓度;用户提供组织特异性信息	Linux、Windows、MacOS X	美国 GE: p 文件 荷兰 Philips: *.sdat/DICOM 德国 Siemens: *.rda/DICOM (*.ima)/twix (*.dat) 德国 Bruker: fid 文件 美国 Agilent: fid 文件 通用: NIFTI 格式
INSPECTOR	导入裸数据;多通道信号合并;去除异常单次扫描;频率与相位漂移校正;信号对齐;多次扫描信号平均;过滤、填零	仿真基集;基线插值;线性组合模型拟合	GABA 与代谢物的相对浓度	不限, 基于 Matlab 环境	美国 GE: p 文件 荷兰 Philips: *.raw/*.*.sdat 德国 Siemens: *.dat/*.*.rda/*.*.ima 德国 Bruker: fid 文件/rawdata.job0 美国 Agilent: fid 文件 通用: DICOM 文件
FID-A	导入裸数据;多通道信号合并;去除异常单次扫描;频率与相位漂移校正;多次扫描信号平均;零阶相位校正;对齐并相减	软件内自定义仿真基集;通用 MEGA-PRESS 基集	—	不限, 基于 Matlab 环境	美国 GE: p 文件 荷兰 Philips: *.sdat/*.*.data 德国 Siemens: *.rda/DICOM (*.ima)/twix (*.dat) 德国 Bruker: fid 文件 美国 Agilent: fid 文件 通用: NIFTI 格式
Osprey	导入裸数据;多通道信号合并;频率与相位漂移校正;信号对齐;多次扫描信号平均;残余水信号去除;基线校正;参考频率校正;涡流校正	软件自带仿真基集;基线插值;线性组合模型拟合	体素配准;图像分割;GABA/tCr 相对浓度;GABA 的水参考浓度(组织校正、弛豫校正)	不限, 基于 Matlab 环境	美国 GE: p 文件 荷兰 Philips: *.sdat/*.*.data/*.*.raw 德国 Siemens: *.rda/*.*.ima/*.*.dat 通用: DICOM/NIFTI 格式
Gannet	导入裸数据;多通道信号合并;过滤;频率与相位漂移校正;去除异常单次扫描;多次扫描信号平均	通用 MEGA-PRESS 基集;线性组合模型拟合	GABA/Cr 相对浓度;GABA 的水参考浓度(可进行组织校正)	不限, 基于 Matlab 环境	美国 GE: p 文件 荷兰 Philips: *.sdat/*.*.data/*.*.raw 德国 Siemens: *.rda/DICOM (*.ima)/twix (*.dat) 通用: DICOM/NIFTI 格式

注: GABA 为 γ -氨基丁酸; tCr 为肌酸+磷酸肌酸; Cr 为肌酸; — 为无此项

未来,随着硬件革新、算法突破与跨学科协作的深入,GABA 编辑谱技术有望突破现有瓶颈,从科研工具逐步转化为临床常规手段。其核心价值不仅在于提供代谢物浓度这一“静态指标”,更在于揭示疾病动态演进的代谢网络失衡机制,为精准医学时

代神经系统疾病的诊断与治疗干预开辟新路径。

执笔者: 巩涛(山东第一医科大学附属省立医院医学影像科)

共识专家组成员(按姓氏拼音排序): 陈峰(海南省人民医院放射科)、范国光(中国医科大学附属第一医院放射科)、方向明(南京医科大学无锡附属医院医学影像科)、高飞(山东第一医科大

学附属省立医院医学影像科)、高波(贵州医科大学附属医院影像科)、耿左军(河北医科大学第二医院医学影像科)、巩涛(山东第一医科大学附属省立医院医学影像科)、龚启勇(四川大学华西医院放射科)、江桂华(广东省第二人民医院医学影像科)、李康(中国科学院大学重庆医院放射科)、李明利(北京协和医院放射科)、李文彬(上海交通大学附属第六人民医院放射科)、李咏梅(重庆医科大学附属第一医院放射科)、林光武(复旦大学附属华东医院医学影像科)、刘军(中南大学湘雅二医院放射科)、刘鹏飞(哈尔滨医科大学附属第一医院医学影像科)、廖伟华(中南大学湘雅医院放射科)、吕粟(四川大学华西医院放射科)、马军(首都医科大学附属北京天坛医院医学影像科)、马林(解放军总医院第一医学中心放射诊断科)、孟祥水(山东大学齐鲁医院放射科)、苗延巍(大连医科大学附属第一医院医学影像科)、容鹏飞(中南大学湘雅三医院放射科)、沈君(中山大学孙逸仙纪念医院放射科)、宋焱(北京医院放射科)、佟丹(吉林大学第一医院放射科)、王光彬(山东第一医科大学附属省立医院医学影像科)、王梅云(河南省人民医院医学影像科)、王效春(山西医科大学第一医院医学影像科)、王渊(西安交通大学第一附属医院医学影像科)、谢晟(中日友好医院放射科)、徐海波(武汉大学中南医院医学影像科)、徐晓俊(浙江大学医学院附属第二医院放射科)、薛蕴菁(福建医科大学附属协和医院放射科)、杨运俊(温州医科大学附属第一医院放射影像中心)、严志汉(温州医科大学附属第二医院放射影像科)、余永强(安徽医科大学第一附属医院医学影像科)、詹松华(上海中医药大学附属曙光医院医学影像科)、张冰(南京鼓楼医院医学影像科)、张传臣(聊城市人民医院医学影像科)、张冬(陆军军医大学第二附属医院放射科)、张辉(山西医科大学第一医院医学影像科)、张敬(天津医科大学总医院放射科)、张军(复旦大学附属华山医院放射科)、张志强(东部战区总医院放射诊断科)、张永海(青海省第五人民医院医学影像科)、张玉琴(宁波市医疗中心李惠利医院影像科)、郑文斌(汕头大学医学院第二附属医院医学影像科)、周滢(上海交通大学医学院附属仁济医院放射科)、朱文珍(华中科技大学同济医学院附属同济医院放射科)

利益冲突 所有作者声明无利益冲突

参考文献

- [1] Shaye H, Stauch B, Gati C, et al. Molecular mechanisms of metabotropic GABAB receptor function[J]. *Sci Adv*, 2021, 7(22):eabg3362. DOI: 10.1126/sciadv.abg3362.
- [2] Sears SM, Hewett SJ. Influence of glutamate and GABA transport on brain excitatory/inhibitory balance[J]. *Exp Biol Med* (Maywood), 2021, 246(9): 1069-1083. DOI: 10.1177/1535370221989263.
- [3] Choi IY, Andronesi OC, Barker P, et al. Spectral editing in ^1H magnetic resonance spectroscopy: experts' consensus recommendations[J]. *NMR Biomed*, 2021, 34(5): e4411. DOI: 10.1002/nbm.4411.
- [4] Brouwers MC, Kho ME, Browman GP, et al. AGREE II : advancing guideline development, reporting and evaluation in health care[J]. *CMAJ*, 2010, 182(18): E839-E842. DOI: 10.1503/cmaj.090449.
- [5] Chen Y, Yang K, Marušić A, et al. A reporting tool for practice guidelines in health care: the RIGHT statement [J]. *Ann Intern Med*, 2017, 166(2):128-132. DOI: 10.7326/M16-1565.
- [6] Peek AL, Rebbbeck TJ, Leaver AM, et al. A comprehensive guide to MEGA-PRESS for GABA measurement[J]. *Anal Biochem*, 2023, 669: 115113. DOI: 10.1016/j.ab.2023.115113.
- [7] Near J, Harris AD, Juchem C, et al. Preprocessing, analysis and quantification in single-voxel magnetic resonance spectroscopy: experts' consensus recommendations[J]. *NMR Biomed*, 2021, 34(5): e4257. DOI: 10.1002/nbm.4257.
- [8] Sanaei Nezhad F, Anton A, Michou E, et al. Quantification of GABA, glutamate and glutamine in a single measurement at 3 T using GABA-edited MEGA-PRESS[J]. *NMR Biomed*, 2018, 31(1): e3847. DOI: 10.1002/nbm.3847.
- [9] Mikkelsen M, Barker PB, Bhattacharyya PK, et al. Big GABA: edited MR spectroscopy at 24 research sites[J]. *Neuroimage*, 2017, 159: 32-45. DOI: 10.1016/j.neuroimage.2017.07.021.
- [10] Chen M, Liao C, Chen S, et al. Uncertainty assessment of gamma-aminobutyric acid concentration of different brain regions in individual and group using residual bootstrap analysis[J]. *Med Biol Eng Comput*, 2017, 55(6): 1051-1059. DOI: 10.1007/s11517-016-1579-5.
- [11] Mullins PG, McGonigle DJ, O'Gorman RL, et al. Current practice in the use of MEGA-PRESS spectroscopy for the detection of GABA[J]. *Neuroimage*, 2014, 86: 43-52. DOI: 10.1016/j.neuroimage.2012.12.004.
- [12] Puts NA, Barker PB, Edden RA. Measuring the longitudinal relaxation time of GABA in vivo at 3 Tesla[J]. *J Magn Reson Imaging*, 2013, 37(4): 999-1003. DOI: 10.1002/jmri.23817.
- [13] Juchem C, Cudalbu C, de Graaf RA, et al. B0 shimming for in vivo magnetic resonance spectroscopy: experts' consensus recommendations[J]. *NMR Biomed*, 2021, 34(5):e4350. DOI: 10.1002/nbm.4350.
- [14] Öz G, Deelchand DK, Wijnen JP, et al. Advanced single voxel ^1H magnetic resonance spectroscopy techniques in humans: Experts' consensus recommendations[J]. *NMR Biomed*, 2020:e4236. DOI: 10.1002/nbm.4236.
- [15] Juchem C, de Graaf RA. B0 magnetic field homogeneity and shimming for in vivo magnetic resonance spectroscopy[J]. *Anal Biochem*, 2017, 529: 17-29. DOI: 10.1016/j.ab.2016.06.003.
- [16] Provencher SW. Estimation of metabolite concentrations from localized in vivo proton NMR spectra[J]. *Magn Reson Med*, 1993, 30(6): 672-679. DOI: 10.1002/mrm.1910300604.
- [17] Simpson R, Devenyi GA, Jezzard P, et al. Advanced processing and simulation of MRS data using the FID appliance (FID-A)-An open source, MATLAB-based toolkit [J]. *Magn Reson Med*, 2017, 77(1): 23-33. DOI: 10.1002/mrm.26091.
- [18] Marjańska M, McCarten JR, Hodges J, et al. Region-specific aging of the human brain as evidenced by neurochemical profiles measured noninvasively in the posterior cingulate cortex and the occipital lobe using ^1H magnetic resonance spectroscopy at 7 T[J]. *Neuroscience*, 2017, 354:168-177. DOI: 10.1016/j.neuroscience.2017.04.035.
- [19] Chiu PW, Mak HK, Yau KK, et al. Metabolic changes in the anterior and posterior cingulate cortices of the normal



- aging brain: proton magnetic resonance spectroscopy study at 3 T[J]. *Age (Dordr)*, 2014, 36(1): 251-264. DOI: 10.1007/s11357-013-9545-8.
- [20] Gasparovic C, Prestopnik J, Thompson J, et al. ¹H-MR spectroscopy metabolite levels correlate with executive function in vascular cognitive impairment[J]. *J Neurol Neurosurg Psychiatry*, 2013, 84(7): 715-721. DOI: 10.1136/jnnp-2012-303878.
- [21] Inglese M, Li BS, Rusinek H, et al. Diffusely elevated cerebral choline and creatine in relapsing-remitting multiple sclerosis[J]. *Magn Reson Med*, 2003, 50(1): 190-195. DOI: 10.1002/mrm.10481.
- [22] Wilson M, Reynolds G, Kauppinen RA, et al. A constrained least-squares approach to the automated quantitation of in vivo ¹H magnetic resonance spectroscopy data[J]. *Magn Reson Med*, 2011, 65(1):1-12. DOI: 10.1002/mrm.22579.
- [23] Ratiney H, Sdika M, Coenradie Y, et al. Time-domain semi-parametric estimation based on a metabolite basis set[J]. *NMR Biomed*, 2005, 18(1): 1-13. DOI: 10.1002/nbm.895.
- [24] Pouillet JB, Sima DM, Simonetti AW, et al. An automated quantitation of short echo time MRS spectra in an open source software environment: AQSES[J]. *NMR Biomed*, 2007, 20(5):493-504. DOI: 10.1002/nbm.1112.
- [25] Soher BJ, Semanchuk P, Todd D, et al. Vespa: integrated applications for RF pulse design, spectral simulation and MRS data analysis[J]. *Magn Reson Med*, 2023, 90(3): 823-838. DOI: 10.1002/mrm.29686.
- [26] Stefan D, Cesare F D, Andrasescu A, et al. Quantitation of magnetic resonance signals: the jMRUI software package [J]. *Measurement*, 2009, 20(10): 251-252. DOI: 10.1088/0957-0233/20/10/104035.
- [27] Edden RA, Puts NA, Harris AD, et al. Gannet: a batch-processing tool for the quantitative analysis of gamma-aminobutyric acid-edited MR spectroscopy spectra[J]. *J Magn Reson Imaging*, 2014, 40(6): 1445-1452. DOI: 10.1002/jmri.24478.
- [28] Gajdošík M, Landheer K, Swanberg KM, et al. INSPECTOR: free software for magnetic resonance spectroscopy data inspection, processing, simulation and analysis[J]. *Sci Rep*, 2021, 11(1): 2094. DOI: 10.1038/s41598-021-81193-9.
- [29] Oeltzschner G, Zöllner HJ, Hui S, et al. Osprey: open-source processing, reconstruction & estimation of magnetic resonance spectroscopy data[J]. *J Neurosci Methods*, 2020, 343: 108827. DOI: 10.1016/j.jneumeth.2020.108827.
- [30] Porges EC, Jensen G, Foster B, et al. The trajectory of cortical GABA across the lifespan, an individual participant data meta-analysis of edited MRS studies[J]. *Elife*, 2021, 10:e62575. DOI: 10.7554/eLife.62575.
- [31] Oeltzschner G, Wijtenburg SA, Mikkelsen M, et al. Neurometabolites and associations with cognitive deficits in mild cognitive impairment: a magnetic resonance spectroscopy study at 7 Tesla[J]. *Neurobiol Aging*, 2019, 73:211-218. DOI: 10.1016/j.neurobiolaging.2018.09.027.
- [32] Fu X, Qin M, Liu X, et al. Decreased GABA levels of the anterior and posterior cingulate cortex are associated with executive dysfunction in mild cognitive impairment [J]. *Front Neurosci*, 2023, 17: 1220122. DOI: 10.3389/fnins.2023.1220122.
- [33] Murari G, Liang DR, Ali A, et al. Prefrontal GABA levels correlate with memory in older adults at high risk for Alzheimer's disease[J]. *Cereb Cortex Commun*, 2020, 1(1): tgaa022. DOI: 10.1093/texcom/tgaa022.
- [34] Shen Y, Zhang X, Liu S, et al. CEST imaging combined with ¹H-MRS reveal the neuroprotective effects of riluzole by improving neurotransmitter imbalances in Alzheimer's disease mice[J]. *Alzheimers Res Ther*, 2025, 17(1): 20. DOI: 10.1186/s13195-025-01672-3.
- [35] Chen X, Gong T, Chen T, et al. Altered glutamate-glutamine and amide proton transfer-weighted values in the hippocampus of patients with amnesic mild cognitive impairment: a novel combined imaging diagnostic marker [J]. *Front Neurosci*, 2023, 17: 1089300. DOI: 10.3389/fnins.2023.1089300.
- [36] Song Y, Gong T, Saleh MG, et al. Upper brainstem GABA levels in Parkinson's disease[J]. *MAGMA*, 2021, 34(5): 689-696. DOI: 10.1007/s10334-021-00910-7.
- [37] Song Y, Gong T, Xiang Y, et al. Single-dose L-dopa increases upper brainstem GABA in Parkinson's disease: a preliminary study[J]. *J Neurol Sci*, 2021, 422:117309. DOI: 10.1016/j.jns.2021.117309.
- [38] Tian Y, Geng S, Liu T, et al. Unveiling MRI markers for Parkinson's disease: GABAergic dysfunction and cortical changes[J]. *Neuroimage Clin*, 2024, 43: 103661. DOI: 10.1016/j.nicl.2024.103661.
- [39] van Nuland A, den Ouden H, Zach H, et al. GABAergic changes in the thalamocortical circuit in Parkinson's disease[J]. *Hum Brain Mapp*, 2020, 41(4): 1017-1029. DOI: 10.1002/hbm.24857.
- [40] Gong T, Xiang Y, Saleh MG, et al. Inhibitory motor dysfunction in Parkinson's disease subtypes[J]. *J Magn Reson Imaging*, 2018, 47(6): 1610-1615. DOI: 10.1002/jmri.25865.
- [41] Terkelsen MH, Hvingelby VS, Pavese N. Molecular imaging of the GABAergic system in Parkinson's disease and atypical Parkinsonisms[J]. *Curr Neurol Neurosci Rep*, 2022, 22(12): 867-879. DOI: 10.1007/s11910-022-01245-z.
- [42] Zhang Y, Huang P, Liu P, et al. GABA outperforms iron and neuromelanin in detecting nigrostriatal alterations in early-stage Parkinson's disease with RBD[J]. *NPJ Parkinsons Dis*, 2025, 11(1): 229. DOI: 10.1038/s41531-025-01096-8.
- [43] Elsaid S, Wang R, Kloiber S, et al. A proton magnetic resonance spectroscopy (¹H MRS) Pilot study revealing altered glutamatergic and gamma-aminobutyric acid (GABA)ergic neurotransmission in social anxiety disorder (SAD)[J]. *Int J Mol Sci*, 2025, 26(14):6915. DOI: 10.3390/ijms26146915.
- [44] Harris AD, Gilbert DL, Horn PS, et al. Relationship between GABA levels and task-dependent cortical excitability in children with attention-deficit/hyperactivity disorder[J]. *Clin Neurophysiol*, 2021, 132(5):1163-1172. DOI: 10.1016/j.clinph.2021.01.023.
- [45] Simmonite M, Steeby CJ, Taylor SF. Medial frontal cortex GABA concentrations in psychosis spectrum and mood disorders: a meta-analysis of proton magnetic resonance spectroscopy studies[J]. *Biol Psychiatry*, 2023, 93(2): 125-136. DOI: 10.1016/j.biopsych.2022.08.004.
- [46] Dai F, Wengler K, He X, et al. Lack of association between



- pretreatment glutamate/GABA and major depressive disorder treatment response[J]. Transl Psychiatry, 2025, 15(1):71. DOI: 10.1038/s41398-025-03292-9.
- [47] Chan KL, Puts NA, Schär M, et al. HERMES: Hadamard encoding and reconstruction of MEGA-edited spectroscopy[J]. Magn Reson Med, 2016, 76(1): 11-19. DOI: 10.1002/mrm.26233.
- [48] Oeltzschner G, Saleh MG, Rimbault D, et al. Advanced Hadamard-encoded editing of seven low-concentration brain metabolites: Principles of HERCULES[J]. Neuroimage, 2019, 185: 181-190. DOI: 10.1016/j.neuroimage.2018.10.002.
- [49] Gong T, Zhang X, Wei X, et al. GSH and GABA decreases in IDH1-mutated low-grade gliomas detected by HERMES spectral editing at 3 T in vivo[J]. Neurochem Int, 2020, 141:104889. DOI: 10.1016/j.neuint.2020.104889.
- [50] Bogner W, Gagoski B, Hess AT, et al. 3D GABA imaging with real-time motion correction, shim update and reacquisition of adiabatic spiral MRSI[J]. Neuroimage, 2014, 103: 290-302. DOI: 10.1016/j.neuroimage.2014.09.032.

《中华放射学杂志》第十二届编辑委员会成员名单

以下按姓氏汉语拼音排序

顾问	戴建平	冯晓源	高宏	郭启勇	刘玉清	祁吉	滕皋军	田捷	王振常
	徐克	余建明							
名誉总编辑	金征宇								
总编辑	刘士远								
副总编辑	陈敏	程敬亮	洪楠	李真林	梁长虹	卢光明	宋彬	王培军	杨正汉
	张惠茅	郑海荣							
编委	曹代荣	陈峰	陈敏	程敬亮	程晓光	程英升	丁建平	范国光	范丽
	冯逢	高剑波	龚良庚	龚启勇	顾雅佳	管生	郝大鹏	洪楠	侯阳
	胡春洪	胡红杰	纪建松	姜慧杰	江新青	金龙	居胜红	雷子乔	黎海亮
	李澄	李绍林	李天晓	李晓光	李肖	李跃华	李真林	梁长虹	廖伟华
	刘爱连	刘军	刘士远	刘文亚	刘亚欧	刘再毅	娄昕	卢光明	卢洁
	罗德红	吕滨	吕粟	马林	马新武	倪红艳	宁刚	牛延涛	彭芸
	邱建星	邱士军	邵剑波	沈君	沈文	施海彬	宋彬	孙应实	陶晓峰
	汪登斌	王光彬	王海屹	王良	王茂强	王梅云	王培军	王锡明	王怡宁
	王云玲	文戈	吴飞云	吴宁	夏黎明	鲜军舫	萧毅	肖文波	肖喜刚
	谢晟	邢伟	徐磊	许茂盛	薛华丹	严福华	杨健	杨旗	杨正汉
	叶兆祥	于德新	余永强	袁慧书	袁新宇	曾献军	曾自三	查云飞	张冰
	张惠茅	张龙江	张瑞平	张水兴	张勇	张永海	赵绍宏	赵世华	赵心明
	赵鑫	郑传胜	郑海荣	郑敏文	郑卓肇	周俊林	朱文珍		
通讯编委	陈月芹	段峰	方向明	冯仕庭	高波	何波	洪国斌	贾宁阳	金观桥
	郎宁	李春媚	李东	李静	李相生	李小虎	李咏梅	李震	林艳
	刘衡	刘鸿圣	刘锴	刘玉林	刘兆会	陆敏杰	马静	马晓海	满凤媛
	孟祥水	聂佩	牛焕章	牛金亮	强军	容鹏飞	隋滨滨	孙昊	童彤
	王天乐	王效春	夏爽	许尚文	闫东	杨帆	姚振威	于爱红	于红
	曾洪武	张佳胤	张久权	张晓燕	张志强	赵建	赵鹏飞	赵中伟	朱绍成

