

Auf dem Weg zum künstlichen Gehirn

Ein ambitioniertes Projekt zielt darauf ab, in zehn Jahren das menschliche Gehirn vollständig zu simulieren. Es verspricht nicht nur eine Revolution in den Neurowissenschaften, sondern auch grundlegende neue Erkenntnisse für die Computertechnik.

Von Henry Markram

Es wird Zeit für einen neuen Ansatz bei der Erforschung des menschlichen Gehirns. Bisher haben Wissenschaftler die einzelnen Teile unseres Denkorgans – von Neurotransmittern über neuronale Schaltkreise bis hin zu den übergeordneten Arealen für bestimmte Funktionen – gesondert untersucht. Dieser reduktionistischen Methode sind bedeutende Erkenntnisse zu verdanken. Mittlerweile stößt sie jedoch an ihre Grenzen. Sie taugt einfach nicht dazu, die Funktionsweise jener informationsverarbeitenden Maschine in unserem Kopf, die vielleicht das komplexeste System im Universum ist, in ihrer Gesamtheit zu erfassen. Dafür muss zum Reduzieren das Konstruieren, zum Zerlegen das Zusammenbauen kommen. Gefragt ist also ein neues Paradigma, das Analyse und Syn-

these in sich vereint. Schon der Urvater des Reduktionismus, der französische Philosoph René Descartes schrieb, man müsse die Teile untersuchen und sie dann zusammenfügen, um das Ganze neu zu erschaffen.

Genau darum geht es beim Human Brain Project (kurz HBP), an dem sich 130 Universitäten in aller Welt beteiligen: Wir wollen ein vollständiges menschliches Gehirn simulieren. Das Vorhaben konkurriert mit aktuell noch fünf anderen im Rahmen der Flaggschiffinitiative der Europäischen Union um ein Preisgeld von einer Milliarde Euro, das den beiden Gewinnern des Wettbewerbs ab 2013, verteilt über zehn Jahre, zur Verfügung stehen wird (siehe Kasten auf S. 88).

Wenn das ambitionierte Vorhaben gelingt, verfügen wir am Ende über ein Forschungsinstrument, zu dem bisher nichts Vergleichbares existiert. Stellen Sie es sich als den leistungsfähigsten Flugsimulator aller Zeiten vor, nur dass man damit nicht durch imaginäre Lüfte fliegt, sondern im Detail nachvollzieht, was beim Denken und Empfinden in unserem Kopf vorgeht. Dieses »virtuelle Gehirn« – ein Programm, das auf Supercomputern läuft – wird in Aufbau und Funktion sämtliche relevanten Informationen beinhalten, die Generationen von Neurowissenschaftler bis heute zusammengetragen haben.

Forscher überall auf der Welt sollen es nutzen können, indem sie Rechenzeit für eigene Experimente reservieren –

AUF EINEN BLICK

DAS DENKORGAN ALS COMPUTERMODELL

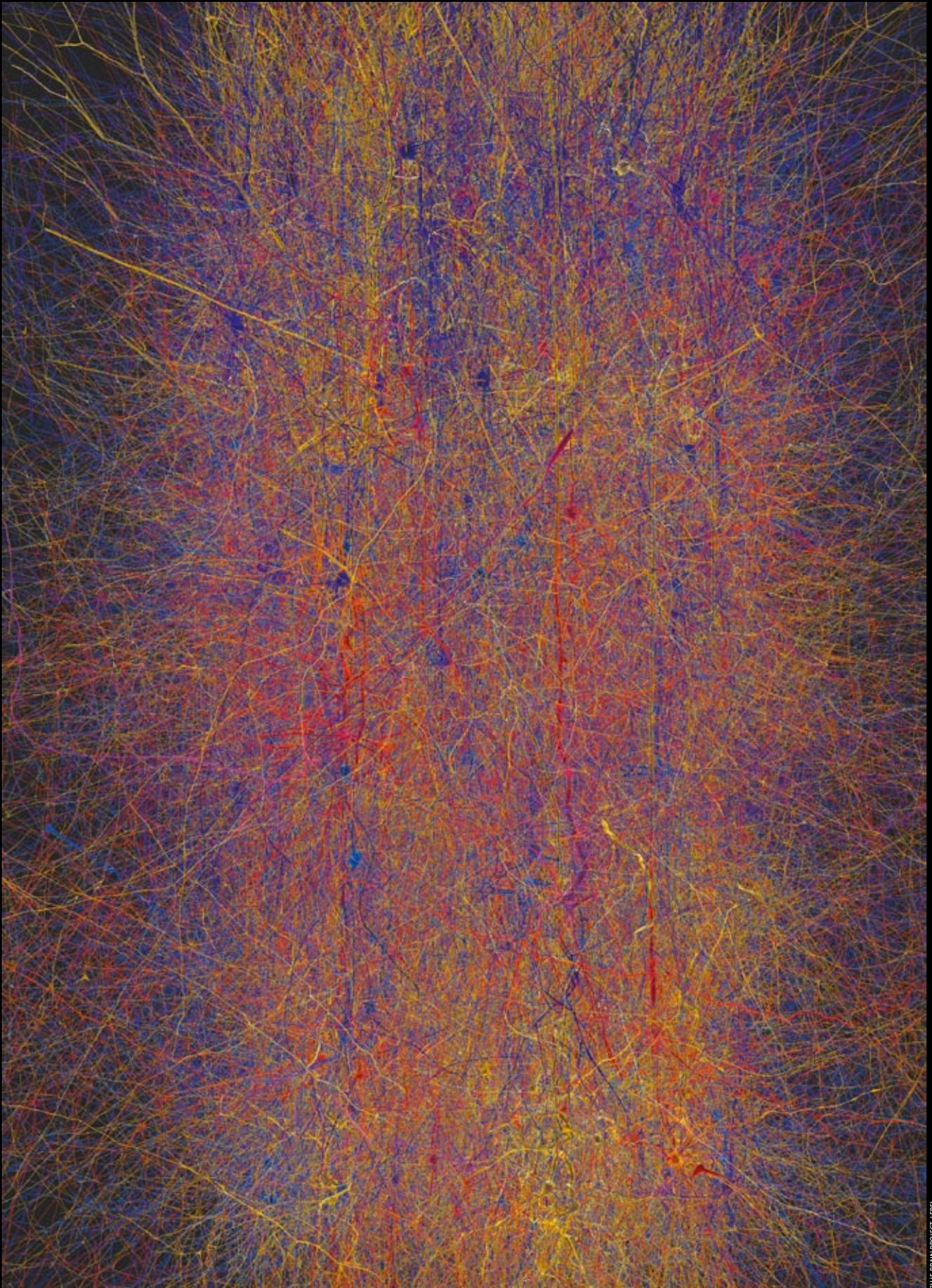
1 Anhand von Computermodellen lassen sich bereits einzelne **Hirnfunktionen** digital abbilden. So hat die Forschungsgruppe des Autors im Rahmen des Projekts **Blue Brain** die Arbeitsweise einer **kortikalen Säule** simuliert.

2 Bis zum Ende des Jahrzehnts werden Rechner so leistungsfähig sein, dass sie **das gesamte menschliche Gehirn virtuell nachbilden** können, indem sie sämtliche Abläufe darin von der Ebene des einzelnen Neurons bis zum gesamten Organ nachvollziehen.

3 Ziel des Human Brain Projects ist es, ein solches simuliertes Gehirn zu schaffen. Es würde einzigartige Einblicke in die Grundlagen unserer **kognitiven Fähigkeiten** erlauben und der Entwicklung **künstlicher Intelligenz** neue Impulse verleihen.

4 Ein virtuelles Gehirn könnte aber auch in der medizinischen Forschung als Ersatz für das echte Organ dienen und so etwa neue Erkenntnisse über die **Ursachen psychischer Störungen** wie des Autismus liefern oder die risikolose **Prüfung neuer Psychopharmaka** »in silico« ermöglichen.

Im Rahmen des Projekts Blue Brain gelang der Gruppe des Autors bereits die Simulation einer 10 000 Neurone umfassenden kortikalen Säule, der Grundeinheit für die Informationsverarbeitung in der Hirnrinde. Die Farben zeigen jeweils die momentane Membranspannung an. Experimentell lässt sich die Gesamttätigkeit einer so großen Hirnregion bis hinab zu den einzelnen Nervenzellen nicht ermitteln.



BLUE BRAIN PROJECT / EPFL



BILDE BRAIN PROJECT / EPEL

Die Simulation der kortikalen Säule erlaubt es, in das Nervennetz hineinzuzoomen. Auf dem hier gezeigten Ausschnitt sind unterschiedlich eingefärbte Pyramidenzellen mit ihren jeweiligen Fortsätzen zu sehen.

ähnlich, wie Astronomen Beobachtungszeit auf großen Teleskopen buchen. Das gibt ihnen die Möglichkeit, Hypothesen über die Funktionsweise des gesunden wie auch des kranken Gehirns zu prüfen, bessere Diagnosemethoden für seelische Leiden wie Autismus und Schizophrenie auszuarbeiten oder neue Therapieansätze für Erkrankungen wie Depression und Alzheimerdemenz zu entwickeln. Die emulierten Schaltpläne für einige zehn Billionen neuronaler Verknüpfungen dürften aber auch wertvolle Hinweise zur Konstruktion von hirnhähnlichen Computern und intelligenten Robotern geben. Von der virtuellen Nachbildung des Gehirns werden also Neurowissenschaften, Medizin und Informationstechnologie gleichermaßen profitieren.

Eine erste Version könnte schon Ende dieses Jahrzehnts lauffähig sein; bis dahin wird jedenfalls die benötigte Rechenleistung zur Verfügung stehen. Das Modell würde dann eine Plattform bieten, in die sich alles vorliegende Wissen integrieren lässt. Dabei sollte es bereits wertvolle Erkenntnisse liefern, bevor es sämtliche Hirnfunktionen exakt nachbildet. So wird es Vorhersagen über unbekannte Aspekte ermögli-

chen und dadurch helfen, künftige Experimente gezielter zu planen und fruchtlose Bemühungen zu vermeiden. Neu gewonnenes Wissen lässt sich mit Bekanntem verknüpfen, so dass sich die Lücken im Modell Stück für Stück mit immer realistischeren Details füllen werden – bis schließlich ein vollständiges, funktionsfähiges Gegenstück des Gehirns existiert, das dem Vorbild von der Gesamtarchitektur bis hin zu den molekularen Details exakt entspricht.

Beweggründe für die Modellierung des Gehirns

Ein Hirnsimulator wird vor allem aus zwei Gründen dringend benötigt. Der eine ist, dass allein in Europa 180 Millionen Menschen – etwa ein Drittel der Bevölkerung – an Erkrankungen des Gehirns leiden. Diese Zahl wird mit der stetig steigenden Lebenserwartung, die das Durchschnittsalter der Bevölkerung anhebt, weiter wachsen, da die Demenzen als wichtigste Gruppe geistiger Störungen erst in höheren Jahren auftreten. Pharmaunternehmen investieren derzeit zu wenig in neue Therapien für Erkrankungen des Nervensystems, weil deren Ursachen meist nicht genau bekannt sind. Eine Gesamtsicht des Gehirns bietet die Chance, solche Krankheiten nach biologischen Kriterien neu zu beschreiben, statt sie nur als Konstellationen bestimmter Symptome zu betrachten. Diese Betrachtungsweise würde den Schritt hin zu selektiv wirksamen Therapien erleichtern, die bei den zu Grunde liegenden Störungen ansetzen.

Der zweite Beweggrund für das Projekt liegt darin, dass die Informatik in gewissem Sinn in einer Sackgasse steckt. Trotz unaufhörlich steigender Rechenleistung scheitern Computer immer noch an vielen Aufgaben, die selbst die Gehirne von nicht besonders hoch entwickelten Tieren mühelos bewältigen. Informatiker haben zwar große Fortschritte im Bereich der visuellen Mustererkennung erzielt. Dennoch sind Computer nach wie vor kaum in der Lage, den Kontext einer Szene für die Deutung heranzuziehen oder zufällige Informationshappen zur Vorhersage künftiger Ereignisse zu verwenden – was zum Alltagsgeschäft des Gehirns zählt.

Da leistungsfähigere Computer auch mehr Energie benötigen, wird ihr Strombedarf eines nicht allzu fernen Tages nicht mehr zu decken sein. Die Rechengeschwindigkeit heutiger Supercomputer bemisst sich in Petaflops – einer Billionde einfacher Berechnungen (Gleitkommaoperationen) pro Sekunde. Die nächste Generation, die um 2020 zu erwarten ist, dürfte 1000-mal so schnell arbeiten. Ihre Rechenleistung bewegt sich dann im Bereich von Exaflops – Trillionen Rechenschritten pro Sekunde. Ein solcher Computer wird etwa 20 Megawatt Strom verbrauchen, was dem Energiebedarf einer Kleinstadt im Winter entspricht. Um Rechner zu bauen, die einige der Dinge, die das menschliche Gehirn vermag, ohne exorbitanten Energieverbrauch zu Stande bringen, bedarf es also grundsätzlich neuer Strategien.

Es ist sicher nicht das Schlechteste, sich bei der Suche danach vom menschlichen Gehirn inspirieren zu lassen, das für seine vielfältigen Intelligenzleistungen nur rund 20 Watt verbraucht – etwa so viel wie eine schwache Glühbirne oder

ein Millionstel des Energiebedarfs eines Exaflop-Computers. Um zu erkennen, wie unser Denkapparat das schafft, müssen wir seine Organisation auf zahlreichen Komplexitätsstufen verstehen, von den Genen bis zur Ebene des bewussten Denkens. Vieles ist schon bekannt, und es gilt nur noch, die vorhandenen Informationen zu einem Gesamtbild zu verschmelzen. Das Gehirnmodell soll dies ermöglichen.

Kritiker bezweifeln, dass sich das menschliche Gehirn vollständig simulieren lässt. Einer ihrer wichtigsten Einwände lautet: Es ist unmöglich, sämtliche Verbindungen seiner rund 100 Billionen Synapsen virtuell zu repräsentieren, weil man sie überhaupt nicht alle erfassen kann. Das stimmt, und deshalb werden wir es auch gar nicht erst versuchen. Wir wollen die unzähligen Kontakte zwischen den Hirnzellen auf andere Weise reproduzieren. Der Trick besteht darin, das Konstruktionsprinzip des Gehirns nachzuahmen: die Regeln für seinen Aufbau, die sich während seiner Evolution herausgebildet haben und bei der Entwicklung eines jeden Fötus immer wieder befolgt werden. Ihre Kenntnis sollte theoretisch ausreichen, um mit der Simulation des Gehirns zu beginnen.

Die Komplexität, die aus diesen Regeln erwächst, ist zwar enorm, weshalb wir die schnellsten Supercomputer benötigen, um sie abzubilden. Die Regeln selbst zu enträtseln erscheint dagegen wesentlich leichter. Und wenn uns das gelingt, gibt es keinen vernünftigen Grund, weshalb wir sie nicht genauso anwenden können wie die Natur, um ein Gehirn »in silico« zu konstruieren.

Ich meine hier Regeln wie die, nach denen Gene aktiv werden und so dafür sorgen, dass verschiedene Typen von Hirnzellen entstehen, sich nach einem bestimmten Plan im Gehirn verteilen und Verbindung untereinander aufnehmen. Einige haben meine Kollegen und ich bereits entdeckt, als wir vor etwa 20 Jahren mit unseren grundlegenden Arbeiten zur Simulation von Hirnfunktionen begannen. Damals erstellten wir Steckbriefe einzelner Nervenzellen. Wir sammelten große Mengen an Daten über die geometrischen Merkmale verschiedener Neuronentypen und schufen für Hunderte davon digitale dreidimensionale Rekonstruktionen. Mit der Patch-Clamp-Technik, bei der die Spitze einer mikroskopisch feinen Glaspipette auf die Oberfläche einer Zelle aufgesetzt wird, um die Ionenströme durch ihre Membrankanäle zu messen, gelang es uns zudem, die elektrischen Eigenschaften der jeweiligen Neurone zu erfassen.

Zur Simulation einer einzelnen Nervenzelle bedurfte es 2005 noch eines leistungsfähigen Computers und einer dreijährigen Doktorarbeit. Doch schon damals zeichnete sich ab, dass bald anspruchsvollere Projekte realisierbar wären. Wir sahen die Chance, auch größere Ausschnitte aus dem Schaltplan des Gehirns modellieren zu können, selbst wenn wir

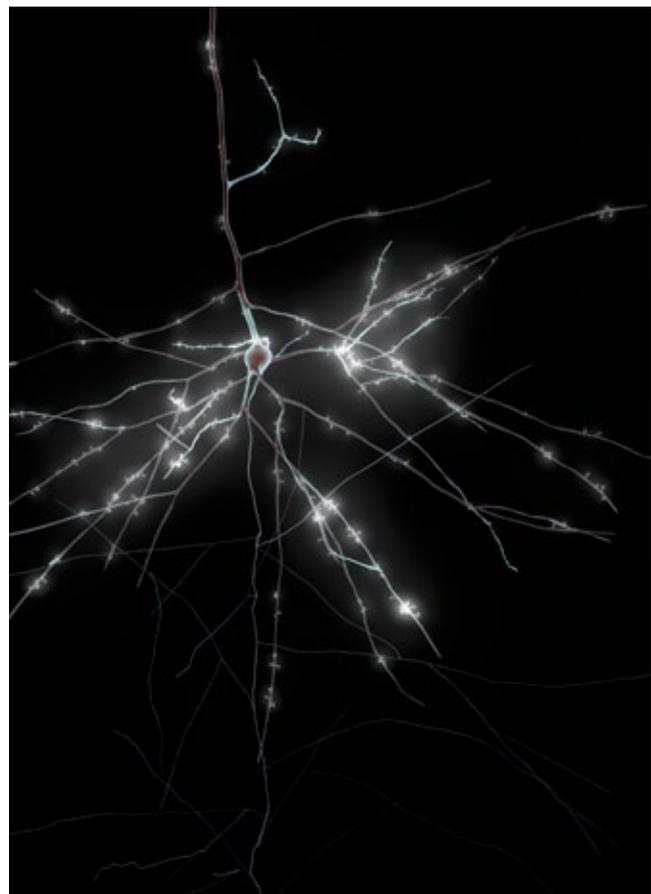
Selbst Details einzelner Nervenzellen lassen sich im Computermodell darstellen. Als helle Knöpfe erscheinen hier die Dornfortsätze (spines) auf den Dendriten. Sie bilden Synapsen, die Kontaktstellen zu vorgeschalteten Neuronen.

ihre Eigenschaften noch nicht vollständig kannten. Am Brain and Mind Institute der Eidgenössischen Technischen Hochschule Lausanne starteten wir daher eines der Vorgängerprojekte des HBP: das Blue Brain Project. Wir wollten »integrative Computermodelle« entwickeln, die alle verfügbaren Daten und Hypothesen zu einem bestimmten neuronalen Netzwerk enthalten, mögliche Widersprüche zwischen ihnen auflösen und Hinweise geben, wo noch wichtige Informationen fehlen.

Simulation einer kortikalen Säule

Als Pilotprojekt konstruierten wir das Modell einer Hirnstruktur, die als kortikale Säule bezeichnet wird und ein äußerst kompaktes Netzwerk aus einigen zehntausend Neuronen darstellt. Würde man mit einem feinen Hohlbohrer einen Gewebszylinder von einem halben Millimeter Durchmesser und 1,5 Millimeter Höhe aus der Hirnrinde entnehmen, wäre dies eine solche Säule.

Es handelt sich um eine höchst effektive informationsverarbeitende Einheit. Deshalb wurde sie nach ihrer Erfindung im Verlauf der Evolution wieder und wieder kopiert – bis die Hirnrinde ganz damit bedeckt war und sich zur Vergrößerung ihrer Oberfläche in Falten legen musste, damit noch mehr solche Einheiten Platz fanden. Die Säule durchmisst alle sechs Schichten des Neokortex, des äußersten Bereichs der Hirnrinde. Ihre neuronalen Verbindungen zum Rest des Gehirns differieren stark zwischen den einzelnen Lagen. Die





Organisation dieser Verbindungen ähnelt der Art, wie eine Telefonleitung anhand der Vorwahl über Vermittlungsstationen an den Gesprächspartner aufgebaut wird.

Jede kortikale Säule enthält einige hundert verschiedene Neuronentypen. In unser Modell, das auf einem IBM Blue Gene Supercomputer lief, bauten wir alle verfügbaren Informationen über deren Verteilung in sämtlichen Schichten ein, bis wir das »Rezept« für eine kortikale Säule in einer neugeborenen Ratte erstellt hatten. Wir instruierten den Rechner auch, die virtuellen Neurone miteinander zu verbinden – allerdings nur in der Weise und dem Umfang, wie das echte Nervengewebe im Hirngewebe tun.

Wir brauchten drei Jahre, um die Software für das erste Modell einer kortikalen Säule zu entwickeln. Doch am Ende waren wir in der Lage, diese funktionelle Einheit des Gehirns originalgetreu zu simulieren: Ihr virtuelles Gegenstück reproduzierte alles, was über sie bekannt ist. Damit hatten wir zugleich den Beweis erbracht, dass unser Konzept der »Synthesebiologie« funktioniert und völlig neue Forschungsansätze ermöglicht.

Noch handelte es sich um ein statisches Modell, das einem Teil des Gehirns im komaartigen Zustand entsprach. Eigentlich wollten wir jedoch wissen, ob es auf einen äußeren Reiz wie eine echte kortikale Säule reagieren würde – wenngleich eine, die vom Rest des Gehirns getrennt ist. Also stimulierten wir 2008 unser virtuelles Hirnstückchen mit einem simulierten elektrischen Impuls.

Das Ergebnis war faszinierend: Wir konnten beobachten, wie die Neurone begannen, sich miteinander zu unterhalten. Spannungspulse oder »Spikes« analog zu den Aktionspotentialen, welche die Laute in der Sprache des Gehirns bilden, breiteten sich über die virtuelle Säule hinweg aus und erfassen das gesamte Netzwerk. Sie bewegten sich zwischen den Schichten auf und ab, oszillierten hin und zurück, wie man das auch an lebenden Hirnschnitten beobachten kann. Dieses Verhalten hatten wir nicht in das Modell einprogrammiert; es ergab sich spontan aus der Architektur des Netzwerks und blieb auch nach dem Ende der Stimulation noch kurze Zeit erhalten – als Beweis für die innere Eigendynamik, welche die Säule entfaltet, während sie den Reiz verarbeitet.

Wie das Simulationsprogramm funktioniert

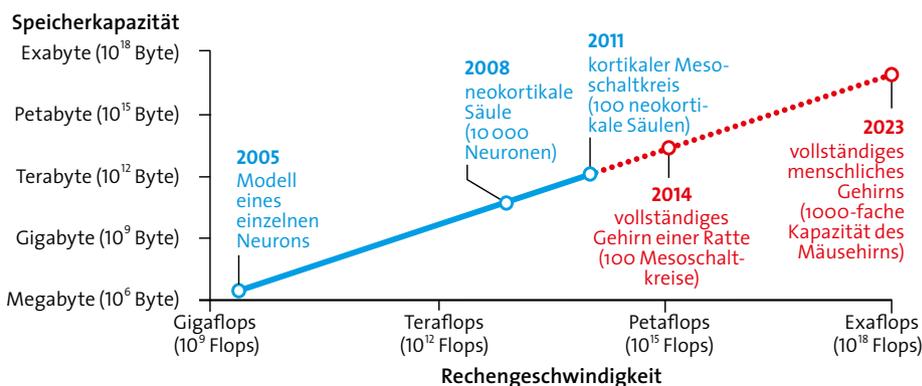
Seitdem haben wir unser integratives Modell stetig verfeinert, indem wir es mit neuen Erkenntnissen von Labors aus aller Welt fütterten. Auch unsere Software entwickeln wir kontinuierlich weiter, so dass wir jede Woche, wenn wir die Simulation neu starten, mit mehr Daten und Regeln arbeiten und so der Realität noch ein Stückchen näher kommen. Im Moment sind wir dabei, das Modell auf eine größere Hirnregion auszudehnen. Danach wollen wir es auf ein komplettes Gehirn erweitern – zunächst einmal das einer Ratte.

Die Aufgabe ist gigantisch. Es gilt nicht nur, enorme Mengen an Daten und Informationen von Forschern weltweit auf einheitliche Weise zusammenzuführen und auf Muster oder Regeln zu durchsuchen, welche die Organisation des Gehirns

Mehr Gehirn durch leistungsfähigere Computer

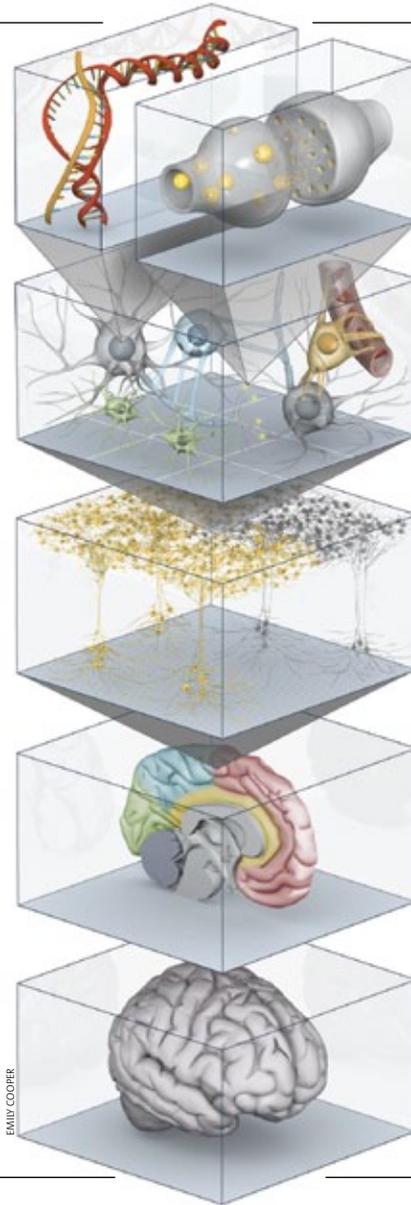
Die Chancen für den Aufbau eines virtuellen Gehirns, das detailliert genug für wichtige wissenschaftliche Untersuchungen ist, steigen mit der Rechengeschwindigkeit der verfügbaren

Computer. Im Jahr 2008 gelang es, ein digitales Pendant eines zylindrischen Gewebestücks aus der Hirnrinde der Ratte zu erstellen, einer so genannten kortikalen Säule. Damals lag die Rechenleistung im Bereich von Teraflops (Billionen elementaren Rechenoperationen pro Sekunde). Mit dem Vorstoß der Supercomputer in den Petaflop- und schließlich Exaflop-Bereich wollen die Protagonisten des Human Brain Project komplette Simulationen des Gehirns von Ratten und später auch des Menschen erstellen.



Nachbau des Gehirns

Ziel des Human Brain Project ist eine Computersimulation der rund 100 Milliarden Neurone in unserem Kopf und ihrer 100 Billionen Verbindungen. Dafür bewerben sich die verantwortlichen Wissenschaftler um Fördermittel in Höhe von einer Milliarde Euro bei der Europäischen Union. Das Computermodell würde die Hirnfunktion auf sämtlichen Stufen der Informationsverarbeitung nachvollziehen, von der chemischen und elektrophysiologischen Signalgebung bis hin zu kognitiven Leistungen, die intelligentem Verhalten zu Grunde liegen.



MOLEKULARE EBENE

Die Erkenntnisse aus einem Jahrhundert neurologischer Forschung seit der ersten Untersuchung einer Hirnzelle unter dem Mikroskop fließen in das digitale Abbild dieser Zelle ein. Sie verfügt über die molekularen Bestandteile, um alle wesentlichen Merkmale eines Neurons realitätsnah zu simulieren. Dazu gehört insbesondere die Übertragung elektrischer und chemischer Signale.

ZELLULÄRE EBENE

Auch die äußere Gestalt der Neurone und nichtneuronalen Gliazellen mit ihren Axonen und Dendriten, die Signale empfangen und aussenden, werden exakt nachgeahmt.

NEURONALE SCHALTKREISE

Ferner bildet das Hirnmodell die Vernetzung der Neurone mit ihren Nachbarzellen und zwischen verschiedenen Hirnregionen nach, um Hinweise auf die Ursachen komplexer psychischer Erkrankungen wie Autismus oder Schizophrenie zu geben.

HIRNREGIONEN

Bedeutende Untereinheiten des Gehirns wie der für Gefühle zuständige Mandelkern, der Hippocampus als Tor zum Gedächtnis oder das unser Verhalten steuernde Frontalhirn lassen sich isoliert oder in Interaktion mit anderen Regionen untersuchen.

GESAMTES ORGAN

Ein virtuelles Gehirn soll das echte Organ für Forschungszwecke ersetzen. Zum Beispiel böte es die Möglichkeit, die Auswirkungen einer Mutation zu untersuchen, indem man ein bestimmtes Gen durch Löschen des betreffenden Computerkodes ausschaltet, was Wissenschaftler heute mit gezielt eingeführten Mutationen im Tierexperiment tun. Dabei entfielen nicht nur die langwierige Züchtung, sondern es ließen sich auch beliebig viele Versuchsbedingungen simulieren.

bestimmen. Anschließend müssen wir auch die dahinterstehenden biologischen Vorgänge in mathematische Gleichungen übersetzen und parallel dazu Programme entwickeln, die es erlauben, diese Gleichungen auf Supercomputern zu lösen. Dabei ist darauf zu achten, dass die Software insgesamt ein virtuelles Gehirn erzeugt, das die zu Grunde liegende Biologie getreu widerspiegelt. Wir nennen unser Programmpaket deshalb auch halb ehrfürchtig und halb spöttisch unseren Brain Builder, also Hirnbaumeister

Die Hypothesen über die Arbeitsweise des Gehirns, die wir so gewinnen und stetig verfeinern, ermöglichen schnellere Fortschritte beim Verständnis kognitiver Funktionen. Statt jede Einzelheit durch Messungen zu untersuchen, können wir anhand neu entdeckter Regeln konkrete Vorhersagen machen und sie gezielt im realen Experiment überprüfen. Aktuell geht es uns unter anderem darum, aus Informationen über Gene, die für charakteristische Proteine in bestimmten Neuronentypen kodieren, die Struktur und Funktion dieser Nervenzellen abzuleiten. Den Zusammenhang zwischen ein-

zelnen Genen und kompletten Neuronen bezeichnen wir als »informatische Brücke«. Sie stellt eine Abkürzung dar, die uns die Synthesebiologie bietet.

Eine andere solche informatische Brücke, die Wissenschaftler schon seit Langem nutzen, ist der Zusammenhang zwischen Mutationen und Krankheiten. Mutationen verändern die von den Nervenzellen hergestellten Proteine; das wiederum beeinflusst die Gestalt und die elektrischen Eigenschaften dieser Neurone sowie die Synapsen, die sie bilden, und die elektrische Aktivität, die in lokalen Mikroschaltkreisen auftritt, bevor sie sich wellenartig über ganze Hirnregionen ausbreitet.

Hier zeigt sich, welche Möglichkeiten unser Modell eröffnet. Wir könnten zum Beispiel eine bestimmte Mutation einprogrammieren und dann verfolgen, wie sie sich auf jeder einzelnen Ebene der biologischen Kausalkette auswirkt. Wenn das entstehende Symptombild dem in der Realität beobachteten entspricht, bekommt diese virtuelle Kette von Ereignissen den Status eines hypothetischen Krankheitsme-

chanismus, und wir können nach möglichen Ansatzpunkten für Therapien suchen.

Dabei besteht unsere Vorgehensweise in einer Abfolge von Schritten, die wir immer wieder durchlaufen. Zunächst programmieren wir ein Modell nach bestimmten biologischen Regeln, wobei wir alle relevanten Daten einfließen lassen, die wir finden können. Dann starten wir die Simulation und vergleichen das Ergebnis – also das Verhalten der Proteine, Zellen und Teilnetzwerke – mit passenden experimentellen Befunden. Falls keine Übereinstimmung besteht, prüfen wir zunächst, ob die eingegebenen Daten stimmen, verfeinern die biologischen Regeln und lassen die Simulation erneut laufen. Diesen Zyklus wiederholen wir, bis das Modell die experimentellen Befunde zufriedenstellend reproduziert. Dann erweitern wir es auf eine größere Hirnregion und importieren dazu weitere Daten. Mit zunehmender Qualität der Software beschleunigt sich die Datenintegration und läuft schließlich automatisch ab, während sich das Verhalten des Modells der biologischen Realität immer weiter annähert. Damit scheint die Modellierung des gesamten Gehirns keine Utopie mehr, auch wenn wir noch nicht alles über die verschiedenen Nervenzellen und ihre Synapsen wissen.

Wichtigster Rohstoff: Daten und noch mehr Daten

Für unser Unterfangen benötigen wir Daten und zwar so viele wie möglich. Ethische Normen setzen Experimenten am menschlichen Gehirn zwar enge Grenzen. Doch ist es zum Glück nach ganz ähnlichen Regeln aufgebaut wie das anderer Säugetiere. Was wir über die genetische Basis des Säugers wissen, stammt größtenteils von Experimenten mit

Mäusen, während solche Versuche an Affen wertvolle Erkenntnisse über kognitive Vorgänge erbracht haben.

Wir können also mit einem Modell eines Nagerhirns beginnen und es als Ausgangsbasis für die Simulation unseres eigenen Denkkorgans verwenden. Dazu müssen wir es nur entsprechend abwandeln und erweitern. Die Gehirnmodelle für Ratte und Mensch werden sich folglich parallel zueinander weiterentwickeln.

Daten aus neurowissenschaftlichen Untersuchungen helfen uns, nicht nur die Regeln für die Organisation des Gehirns zu erkennen, sondern auch zu überprüfen, ob unsere Schlussfolgerungen – die vorhergesagten Kausalketten – korrekt sind. Zum Beispiel weiß man, dass Säuglinge nur die Zahlen von 1 bis 3 als abstrakte Mengenangaben begreifen, höhere hingegen nicht. Wenn es also gelingt, das Gehirn eines Neugeborenen zu simulieren, müsste das Modell genau diese beschränkte Fähigkeit widerspiegeln.

Viele Daten, die wir benötigen, existieren bereits, sind jedoch schwer zugänglich. Sie zusammenzutragen und zu ordnen, gehört zu den größten Herausforderungen für das HBP. Von besonderem Interesse sind dabei auch Patientendaten – nicht nur, weil Fehlfunktionen Rückschlüsse auf den Normalzustand erlauben, sondern auch, weil wir mit unserem Modell nachvollziehen wollen, wie aus einem gesunden Gehirn ein krankes wird. Hirnscans von Patienten können daher eine wichtige Informationsquelle sein. Zu Millionen in den digitalen Archiven der Krankenhäuser weltweit abgelegt, werden sie bisher kaum für Forschungszwecke genutzt. Wenn es gelänge, sie alle mitsamt den zugehörigen Krankengeschichten sowie biochemischen und genetischen Informa-

Die europäische Flaggschiffinitiative

Das Human Brain Project bewirbt sich mit fünf anderen um einen der beiden Hauptpreise, welche die EU-Kommission im Rahmen ihrer so genannten Flaggschiffinitiative ausgelobt hat. Deren Zweck ist, visionäre Großprojekte in der Informations- und

Kommunikationstechnologie (ICT) voranzubringen. Die zwei Sieger des Wettbewerbs erhalten eine Milliarde Euro an Fördergeldern, verteilt auf zehn Jahre. Die fünf anderen noch verbliebenen Projekte sind (siehe auch www.spektrum.de/flaggschiffe):

1 Graphen (»Graphene«)

Ziel: die Erforschung der gesamten Bandbreite an technischen Anwendungsmöglichkeiten für nur eine Atomlage dicke Kohlenstofffolien

Projektleiter: Jari Kinaret von der Chalmers-Universität in Göteborg

2 Robotergeräten für jedermann

(»Roboter Companions for Citizens«)

Ziel: empfindsame Roboter, die dem Menschen als intelligente Begleiter im Alltag zur Seite stehen

Koordinator: Paolo Dario von der Scuola Superiore Sant'Anna in Pisa

3 Der virtuelle Patient (»IT Future of Medicine«)

Ziel: Computermodelle für Kranke, an denen Ärzte die beste Behandlung erproben können

Koordinator: Hans Lehrach vom Max-Planck-Institut für Molekulare Genetik in Berlin

4 Der Echtzeit-Erdsimulator (»FutureICT«)

Ziel: Ein Weltmodell, das anhand von aktuellen Daten aus dem Web – etwa Beiträgen in sozialen Netzwerken – globale Entwicklungen vorhersagt

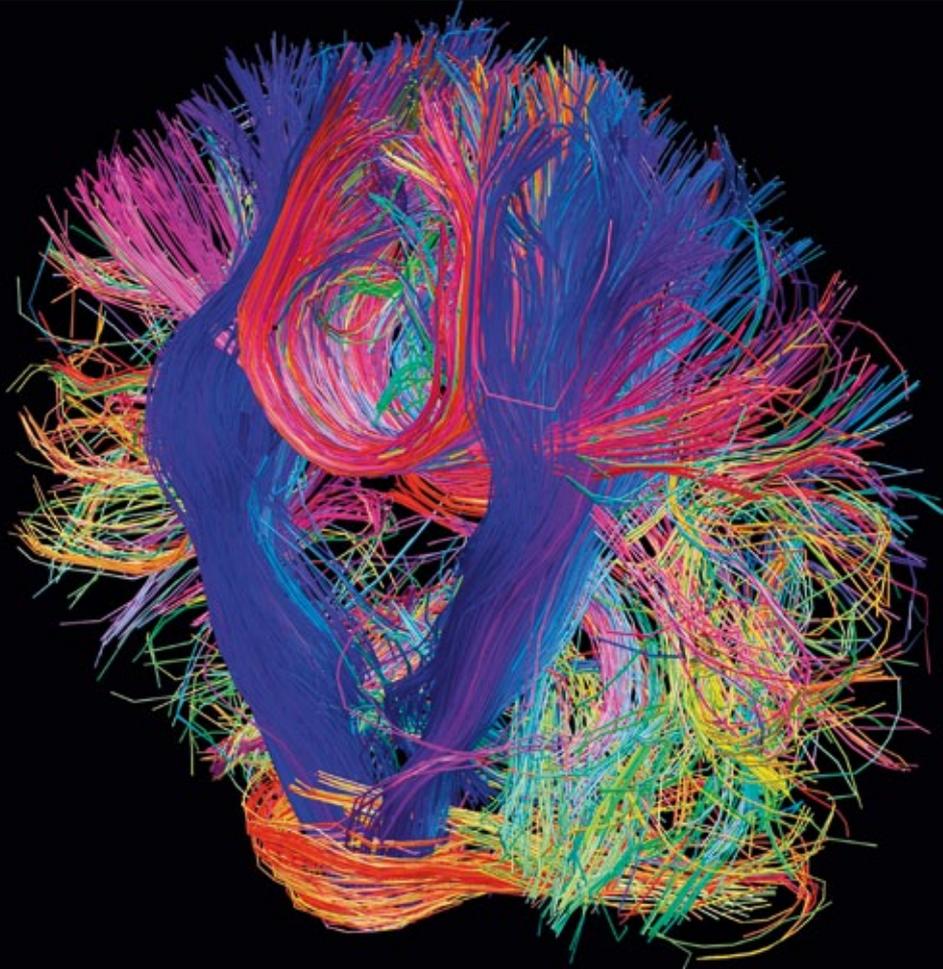
Koordinator: Dirk Helbing vom Institut für Soziologie der Eidgenössischen Technischen Hochschule Zürich

5 Der persönliche Schutzengel (»Guarding Angels«)

Ziel: ein autonomes intelligentes System, das den Menschen überallhin begleitet, seine Körperfunktionen überwacht, notfalls Hilfe anfordert und seinen Träger vor drohenden Gefahren warnt

Projektleiter: Adrian Ionescu von der Eidgenössischen Technischen Hochschule Lausanne

Mit einer speziellen Variante der Magnetresonanztomografie entstand diese Gehirnaufnahme, welche die Faserarchitektur der weißen Substanz zeigt. Der Farbkode veranschaulicht die Richtung der Fasern: Rote ziehen von links nach rechts, grüne von vorn nach hinten, während blaue den Hirnstamm durchqueren. Informationen wie diese gehen in die geplante Hirnsimulation ein.



LABORATORY OF NEURO IMAGING AT UCLA UND MARTINOS CENTER FOR BIOMEDICAL IMAGING AT MASSACHUSETTS GENERAL HOSPITAL, HUMAN CONNECTOME PROJECT FUNDED BY NIH

tionen in einer Datenbank online zugänglich zu machen, ließe sich dieser gewaltige Datenpool nach Mustern durchsuchen, die typisch für eine Krankheit sind.

Das Faszinierende an dieser Vorgehensweise beruht auf der Möglichkeit, Unterschiede und Gemeinsamkeiten zwischen allen erfassten Erkrankungen mit mathematischen Mitteln zu identifizieren. Ein von zahlreichen Universitäten getragenes Projekt, die Alzheimer's Disease Neuroimaging Initiative, verfolgt bereits genau dieses Ziel: Es macht Hirnscans einer großen Zahl von Demenzpatienten und gesunden Vergleichspersonen zusammen mit den Ergebnissen von Liquor- und Blutuntersuchungen in einer Datenbank zugänglich.

Eine wichtige Frage ist schließlich die, ob denn genügend Rechenkapazität zur Verfügung steht. Das neueste Modell aus der Supercomputerreihe Blue Gene von IBM erreicht Geschwindigkeiten im Petaflop-Bereich und besteht aus annähernd 300 000 Prozessoren, die zusammen den Raum von 72 Kühlschränken einnehmen. Damit lässt sich ein Rattengehirn mit 200 Millionen Neuronen bis auf Zellniveau simulieren, nicht jedoch das des Menschen mit seinen gut 100 Milliarden Nervenzellen. Dazu bedarf es eines Computers, der Rechengeschwindigkeiten im Exaflop-Bereich erzielt. Eine Simulation auf molekularer Ebene wäre allerdings selbst dann noch unmöglich.

Weltweit arbeiten Ingenieurteams mit Hochdruck an der Entwicklung von Exaflop-Rechnern. Diese werden wohl wie frühere Generationen von Supercomputern für die Simulation physikalischer Prozesse, etwa aus der Kern- und Teilchenphysik, konfiguriert sein. Biologische Vorgänge nachzuahmen, stellt jedoch völlig andere Anforderungen an die Rechnerarchitektur.

Deshalb stimmt unser Konsortium aus hochrangigen Computerexperten gemeinsam mit Vertretern großer Hard- und Softwarefirmen sowie anderer Partner aus der Industrie eine solche Maschine speziell auf die Simulation von Gehirnfunktionen ab. Das Team entwickelt auch die Software, mit der wir Modelle erstellen können, die alle Auflösungsstufen von einer Gesamtansicht des Gehirns bis hinab zu einzelnen Zellen oder Molekülen umfassen, so dass der Betrachter nach Belieben hinein- und herauszoomen kann.

Sobald der Hirnsimulator gebaut ist, haben Forscher die Möglichkeit, Experimente *in silico* durchzuführen, ganz ähnlich wie sie das *in vivo* tun – nur sehr viel bequemer und mit weniger Einschränkungen. Wenn Wissenschaftler heute nach den Ursachen von Krankheiten suchen, indem sie ein bestimmtes Gen in Mäusen ausschalten, müssen sie die Tiere zunächst züchten. Das ist nicht nur zeitraubend, sondern auch keineswegs für jedes Gen möglich – so führen manche

Mutationen schon vor der Geburt zum Tod –, von den ethischen Bedenken gegen Tierversuche ganz abgesehen.

Im Simulator können die Forscher dagegen jedes beliebige virtuelle Gen ausschalten und die Auswirkungen sofort beobachten – noch dazu an menschlichen »Gehirnen« unterschiedlicher Altersstufen und Funktionszustände. Es ist kein Problem, ein Experiment im selben Modell unter variablen Bedingungen beliebig oft zu wiederholen. Eine solche Gründlichkeit wäre bei keinem Tierversuch erreichbar.

Das dürfte nicht nur die Suche nach möglichen Ansatzpunkten für Medikamente beschleunigen. Auch für die klinische Prüfung sollten sich ganz erhebliche Vorteile ergeben. So werden sich Patientengruppen genauer eingrenzen und unwirksame Substanzen oder solche mit inakzeptablen Nebenwirkungen früher herausfiltern lassen. Die Medikamentenentwicklung sollte dadurch an Effizienz gewinnen und nicht mehr bis zu ein Jahrzehnt dauern wie heute.

Vorbild für intelligente Computer

Die Erkenntnisse aus den Hirnsimulationen werden sich auch auf das Design von Computern auswirken. Denn durch sie erfahren wir, wie sich im Verlauf der Evolution ein System zur Informationsverarbeitung entwickelt hat, das störungsarm funktioniert, viele hochkomplexe Aufgaben rasch und simultan bewältigt, dabei nur so viel Energie verbraucht wie eine schwache Glühbirne und obendrein eine immense Speicherkapazität hat. Mit Hilfe von Verfahren, die bei den EU-Projekten BrainScaleS und SpiNNaker entwickelt wurden, werden wir auch Hirnschaltkreise auf Siliziumchips drucken. Aus solchen Chips sollen dann so genannte neuromorphe Computer entstehen (siehe den nachfolgenden Beitrag).

Den ersten vollständigen Hirnsimulationen, die wir auf unserem Computer implementieren, wird noch eines fehlen: Sie durchlaufen keine Entwicklung wie das reale menschliche Gehirn in der Kindheit. Von Geburt an gestaltet sich der Kortex durch Vermehrung, Wanderung und Ausmerzen von Neuronen um, während sich die Verknüpfungen zwischen den Nervenzellen ändern – eine Plastizität, die wesentlich von Erfahrungen beeinflusst wird. Unsere Modelle hingegen überspringen Jahre der Entwicklung, setzen erst in einem bestimmten Alter an und beginnen dann Erfahrungen zu sammeln. Dazu müssen wir sie so konstruieren, dass sie sich unter dem Einfluss äußerer Faktoren verändern.

Die Nagelprobe für das virtuelle Gehirn wird kommen, wenn wir es mit einem virtuellen Körper verbinden und mit einer realitätsnahen virtuellen Umgebung interagieren lassen. Das Modell vermag dann Informationen aus seinem Umfeld aufzunehmen und auf sie zu reagieren. Erst in diesem Stadium können wir es mit Wissen füttern oder ihm Fertigkeiten beibringen und sehen, ob es Anzeichen echter Intelligenz entwickelt. Dann hoffen wir auch herauszufinden, was unser Gehirn zu einem so fantastischen Organ macht, das uns über das Chiaroscuro bei Caravaggio ebenso tiefgründige Betrachtungen anstellen lässt wie über die Paradoxien der Quantenphysik. ~



MEHR WISSEN BEI
Spektrum.de



Unser Online-Dossier »Hirnforschung«
finden Sie unter

www.spektrum.de/gehirn

DER AUTOR



Henry Markram leitet das Blue Brain Project an der Eidgenössischen Technischen Hochschule in Lausanne. Er hat umfangreiche Forschungsarbeiten zur Neuronennetzen und deren Lernfähigkeit durchgeführt. Dabei entdeckte er einen grundlegenden Mechanismus für die Plastizität des Gehirns: dass sich die Übertragungsstärke von Synapsen je nach dem zeitlichen Muster der eintreffenden Signale erhöht oder erniedrigt (Spike-Timing Dependent Plasticity). Gemeinsam mit anderen Wissenschaftlern entwickelte er außerdem eine Theorie des Gehirns, die auch für das Human Brain Projekt eine Rolle spielt. Demnach handelt es sich um ein informationsverarbeitendes System, das in einem stetig fluktuierenden Zustand operiert – ähnlich den Überlagerungsmustern der Wellen in einer Flüssigkeit, die ständigen Störungen ausgesetzt ist (Liquid State Machine).

QUELLEN

- Amari, S., et al.:** Neuroinformatics: The Integration of Shared Databases and Tools Towards Integrative Neuroscience. In: Journal of Integrated Neuroscience 1, S. 117–28, 2002
- Buesing, L., et al.:** Neural Dynamics as Sampling: A Model for Stochastic Computation in Recurrent Networks of Spiking Neurons. In: PLoS Computational Biology 7, S. e1002211, 2011
- Cuntz, H., et al.:** One Rule to Grow Them All: A General Theory of Neuronal Branching and Its Practical Application. In: PLoS Computational Biology 6, S. e1000877, 2010
- Perin, R. et al.:** A Synaptic Organizing Principle for Cortical Neuronal Groups. In: Proceedings of the National Academy of Sciences 108, S. 5419–5424, 2011

LITERATURTIPP

Schürmann, F.: Das simulierte Gehirn. In Gehirn & Geist 6/2008, S. 56
Ausführliche Beschreibung des Blue-Brain-Projekts zur Simulation einer kortikalen Säule

WEBLINKS

- www.humanbrainproject.eu
Die offizielle Website des Human Brain Project
- ScientificAmerican.com/jun2012/brain-project
Video eines aktiven Neuronennetzwerks im Gehirn
- www.heise.de/tr/artikel/Das-ist-nicht-der-Zugang-der-Physik-278031.html
Kritische Anmerkungen des Physikers Klaus Pawelzik zu den Hirnsimulationen des Autors
- www.brain-map.org/
Website des Allen Brain Atlas, der für sämtliche Entwicklungsstadien des Gehirns die in jedem Areal aktiven Genen verzeichnet
- Diesen Artikel sowie weiterführende Informationen finden Sie im Internet: www.spektrum.de/artikel/1157706

Leserreisen – 2013

Spektrum der Wissenschaft bietet seinen Lesern im Frühjahr 2013 drei Spezial-Reisen an: zu den großen Observatorien nach Chile, zu den spektakulären Polarlichtern nach Lappland und zu einem exklusiven Besuch im CERN nach Genf.



Lappland

POLARLICHTREISE IN DEN HOHEN NORDEN

Diese beliebte Reise wird im nächsten Jahr noch interessanter: Viele fantastische Polarlichterscheinungen werden intensiver zu beobachten sein, da die Sonnenaktivität weiter gestiegen ist. Deshalb haben wir der Reise in Norwegen auf dem 70. Breitengrad einen Tag hinzugefügt.

Das Programm am Inarisee in Finnland und im Pasviktal in Norwegen an der russischen Grenze bietet neben geführten Polarlichtbeobachtungen bei stabilem Festlandklima und interessanten Vorträgen viele Winteraktivitäten: Husky-, Rentier- oder Schneescooter-Safaries und skandinavische Sauna sowie eine Königskrabben-Safari. Auch die lappländische Kultur der Samen wird bei dieser Reise nicht zu kurz kommen.

Falls Sie länger bleiben wollen, beginnt in Kirkenes eine sechstägige Kreuzfahrt entlang der malerischen norwegischen Küste nach Bergen. Bei dieser faszinierenden Hurtigrutenkreuzfahrt steuern wir viele Küstenstationen an: Hammerfest, Tromsø, die Inselwelt der Lofoten, Bodø, Trondheim und Bergen.

Unser erfahrener Polarlichtspezialist Joachim Biefang betreut die Reise mit Vorträgen und laserunterstützten Führungen am Nordhimmel. Ein handliches Planetarium und ein Teleskop sind auch mit dabei.

Hauptreise 6. 3. – 15. 3. 2013:

Preis € 2060,- im DZ/HP

Verlängerung 15. 3. – 21. 3. 2013:

Preis € 1860,- im DZ/VP



Genf

DIE SUCHE NACH DEM URSPRUNG DES UNIVERSUMS

Eingerahmt von den schneeweißen Gipfeln der Alpen und dem Spiegel des Genfer Sees, bietet Genf uns bei dieser viertägigen Kurzreise auch im Jahr 2012 die ideale Ausgangsposition für einen exklusiven Besuch beim CERN, der Europäischen Organisation für Kernforschung. Bei einer Sonderführung kommen wir in Genf dem wohl größten intellektuellen Abenteuer der modernen Forschung näher: der Suche nach dem Ursprung des Universums.

Zusätzlich haben wir am Anreisetag einen Vortrag zum Thema der Geschichte der Antimaterie und an einem weiteren Abend einen Vortrag eines erfahrenen CERN-Mitarbeiters zum Thema »Die Anfänge und die Arbeit am CERN« arrangiert. Ein fakultativer Ausflug zum Genfer See wird uns die Schönheit der Französischen Schweiz näherbringen. Auf dem Programm steht des Weiteren eine Rundfahrt zu den verschiedenen in Genf ansässigen Weltorganisationen (z. B. United Nations Office at Geneva, UNOG) sowie eine Besichtigung der UNO. Auf Grund der großen Nachfrage nach dieser Tour bieten wir sowohl einen Termin im Mai als auch einen im September zur Auswahl an. (Flüge sind nach Zürich, Basel oder Genf zubuchbar.)

Geplante Termine mit Eigenanreise:

im Mai und September 2013:

Preis € 620,- im DZ/HP



Chile

LAND DER GROSSEN OBSERVATORIEN

Eine astronomische Erlebnisreise zu den größten Sternwarten der Welt – unter der fachkundigen Leitung von Joachim Biefang. Astronomisches Highlight ist der Besuch der weltbekannten Großobservatorien Las Campanas, La Silla und natürlich des Cerro Paranal mit seinen berühmten 8.2 m VLT-Teleskopen und Interferometrieanlage. Auch der Besuch der Montagestation des ALMA-Projekts ist eingeplant. Landschaftlich stehen vor allem die Atacama-Wüste und die fantastische Welt der hohen Anden auf dem Programm: San Pedro de Atacama, die große Salzkordilliere, der viertgrößte Salzsee der Welt, die Hochlandlagunen des Altiplano und El Tatio Geysire. Teleskopbeobachtungen am eindrucksvollen Himmel der südlichen Hemisphäre ergänzen dieses erlebnisreiche Reiseprogramm. In einer 7-tägigen Verlängerung geht es nach Südkontinent Patagonien mit Magellanstraße, Torres del Paine Nationalpark, Gletscherwelten und Pinguinkolonien.

Hauptreise 5. 2. – 20. 2. 2013:

Preis € 4.130,- im DZ/F,

Verlängerung 19. 2. – 26. 2. 2013:

Preis € 1.850,- im DZ/F

INFOPAKET UND BUCHUNG ÜBER:

Wittmann Travel
Urenfleet 6e
21129 Hamburg
Telefon: 040 851053-76
Fax: 040 851053-77
E-Mail: info@wittmann-travel.de