**X-CORESIM – Zusammenfassung**

Die Funktion des menschlichen Gehirns entsteht durch ein komplexes Zusammenspiel von Neuronen und deren synaptischer Verbindungen – die Gesamtheit dieser Struktur nennt sich das ‚Connectome‘. Ein gründliches Verständnis des menschlichen Connectomes hätte tiefgreifende Konsequenzen auf eine Vielfalt von Anwendungsgebieten: Von einem besseren Verständnis des Zustandekommens menschlicher Persönlichkeit, über neue Methoden zur effizienten Heilung von Gehirnschäden nach Krankheit oder Unfällen, bis hin zur Linderung von Depression und Angstzuständen ohne medikamentöse Behandlung. Im Bereich der Psychologie und Biomedizin wären neue Einsichten in die Wirkungsweise geistiger Störungen möglich, eine genauere Messung von psychischen oder chemischen Umwelteinflüssen auf das Gehirn, sowie ethisch unbedenkliche Medikamenten-Tests durch reine Computersimulation. Jenseits aller „menschlichen“ Anwendungen könnten tiefere Kenntnisse der Entstehung von Connectomen Mechanismen der Evolution selbst freilegen.

Selbst modernste Technologie reicht allerdings nicht aus, die etwa 86 Mrd. Neuronen des menschlichen Gehirns (und dessen geschätzte 100-1.000 Billionen Synapsen) in ihrer Gesamtheit zu simulieren; wir konzentrieren uns daher notwendigerweise auf einen viel simpleren Organismus, dessen Connectome vollständig vermessen ist: den c.elegans Wurm, welcher lediglich aus 302 Neuronen und einigen Tausend Synapsen besteht. Dies erlaubt uns, moderne Algorithmen selbst auf Standard-Hardware auszuführen (inklusive Laptops und sogar Tablets). Eine bedeutende Hürde für jede Forschung in diesem Gebiet stellt derzeit die Vorraussetzung algorithmischer und Software-technischer Kompetenz dar – daher liegt eines unserer Kernziele in der Bereitstellung einer Web-basierten Forschungsplattform, welche Experten nicht-technischer Spezialisierungen umfangreiche Experimente ohne Programmierkenntnisse ermöglicht.

Unsere Arbeit gliedert sich somit in die folgenden 3 Phasen:

1) Zuerst besteht die Notwendigkeit, ein Basis-Modell des c.elegans in Form neuronaler Paramter zu eruieren. Hierfür werden wir neuartige, evolutionäre Algorithmen designen und auf ein öffentlich verfügbares Datenset anwenden (OpenWorm).

2) Darauf aufbauend implementieren wir eine quelloffene, Web-basierte Connectome Simulation, die einen Workflow aus Visualisierung und Interaktion unterstützt. Um fachspezifische Forschungen in Zukunft zu erleichtern, konzipieren wir eine Domänen-spezifische Abfrage- und Manipulationssprache für Connectome und deren Elemente.

3) Basierend auf diesen beiden Modulen unterziehen wir Connectome nun „Stresstests“, um den genauen Punkt zu eruieren, an dem ihr natürliches, stabiles Verhalten kollabiert. Unsere Forschungsergebnisse präsentieren wir der Wissenschaftsgemeinde in internationalen Workshops und Konferenzen; Publikationen in Fachjournalen sollen helfen, künftige Forschung auf Basis unserer fundamentalen Vorarbeiten anzuregen.