

Hirnforschung: Veröffentlichung in Nature Methods Vom Molekül zum Netzwerk: Siibra vereint Hirndaten in einem Atlas

21.7.2026 - Arne Claussen | Heinrich-Heine-Universität Düsseldorf

Siibra ist eine Software-Suite, die Daten aus unterschiedlichen multimodalen Quellen in einem umfassenden Atlas des menschlichen Gehirns zusammenführt und leicht zugänglich macht. So wird sowohl eine interaktive Erkundung des Gehirns möglich wie auch automatisierte und reproduzierbare Datenanalysen, Simulationen und KI-Anwendungen. Entwickelt wird siibra von einem internationalen Forschungsteam am Institut für Neurowissenschaften und Medizin (INM-1) am Forschungszentrum Jülich (FZJ); beteiligt sind auch Wissenschaftlerinnen und Wissenschaftler des Cécile und Oskar Vogt-Instituts für Hirnforschung der Heinrich-Heine-Universität Düsseldorf (HHU). Siibra wurde nun in der Fachzeitschrift Nature Methods vorgestellt.

Um das menschliche Gehirn besser zu verstehen, müssen Informationen aus unterschiedlichsten Ebenen zusammengeführt werden: von Molekülen und Zellen über deren Organisation bis hin zu ganzen Netzwerken. Eine zentrale Herausforderung besteht darin, dass diese Daten oft über verschiedene Quellen verstreut und unterschiedlich organisiert sind. Sie stammen aus verschiedenen Verfahren wie Mikroskopie, Kernspintomografie (MRT) oder Konnektivitätsanalysen, sie liegen in unterschiedlichen Formaten wie Bildern und Tabellen vor, und die Daten können auf verschiedenen räumlichen Bezugssystemen und begrifflichen Taxonomien beruhen.

Genau hier setzt siibra an („Software Interfaces for Interacting with Brain Atlases“). Die Software-Suite umfasst einen interaktiven 3D-Webviewer, eine Python-Bibliothek und eine Web-Programmierschnittstelle (Web-API). Sie erleichtert den Zugriff auf bestehende Ressourcen, führt verteilte Hirndaten in einem gemeinsamen Referenzsystem – einem Atlas – zusammen und stellt sie in interoperablen Formaten bereit. Siibra wird bereits als Kernkomponente in der europäischen digitalen Forschungsplattform für Neurowissenschaften EBRAINS eingesetzt. Dort bildet sie die technische Grundlage des Human Brain Atlas, der makroskopische Referenzräume mit mikroskopischen Modellen wie dem BigBrain verbindet und die zytoarchitektonischen Karten von Jülich-Brain – einem dreidimensionalen Atlas des menschlichen Gehirns mit detaillierten Karten des Kortex und subkortikaler Bereiche – als anatomische Referenz nutzt.

Methodische Stärke

Siibra ermöglicht den Zugriff auf unterschiedliche Datentypen, etwa zu Zellen, Molekülen, Fasern, Funktionen und Verbindungen im Gehirn. Dazu gehören insbesondere auch große Bilddaten im Giga- oder Terabyte-Bereich, die sich nicht ohne Weiteres herunterladen und lokal speichern lassen. Über siibra können Daten für bestimmte Gehirnregionen gezielt abgefragt und effizient auf sie zugegriffen werden. So entstehen durchgängige Arbeitsabläufe; von der Orientierung im Atlas bis hin zu vollständig reproduzierbaren, datenbasierten Analysen.

Ein weiterer Vorteil von siibra ist die probabilistische Zuordnung von Koordinaten, Regionen und Bildausschnitten zu Hirnarealen. Dazu die Letztautorin der Studie Prof. Dr. Katrin Amunts vom FZJ (Institut für Neurowissenschaften und Medizin – INM-1) und der HHU (Cécile und Oskar Vogt Instituts für Hirnforschung): „Das ist wichtig, weil sich Gehirne anatomisch unterscheiden und diese

interindividuelle Variabilität berücksichtigt werden muss. So können auch Messungen mit räumlicher Unsicherheit zuverlässig eingeordnet werden, ohne auf starre Grenzen angewiesen zu sein. Das ist beispielsweise relevant für Studien, in denen Bildgebungs-, histologische oder elektrophysiologische Daten mit Atlasinformationen abgeglichen werden.“

Praxisbeispiel

Wie sich dieser Ansatz konkret auswirkt, zeigt eine Fallstudie zur Neubewertung von Zielregionen tiefer Hirnstimulation im Thalamus wie dem sogenannten *Nucleus ventralis intermedius* (kurz VIM), einer wichtigen Umschaltstation im Gehirn. Die erneute Bewertung bereits veröffentlichter Daten mithilfe von siibra legt nahe, dass dieses Kerngebiet bei der Lokalisierung von Stimulationen mitunter mit Nachbargebieten verwechselt werden kann. Siibra hat somit das Potential dazu beizutragen, dass solche Stimulationen präziser werden, indem es detaillierte Karten der Mikrostruktur mit Bildgebungsdaten von Patienten verknüpft.

Herausforderungen und Ausblick

Prof. Dickscheid vom FZJ und der Universität Koblenz, Erstautor der Studie: „Indem vormalig getrennte Datensätze in einem gemeinsamen räumlichen Referenzsystem zusammengeführt werden, eröffnet dies neue Perspektiven, etwa für digitale Hirnmodelle, KI-gestützte Analysen und klinische Anwendungen, wie das Beispiel der Tiefenhirnstimulation verdeutlicht.“

Wie umfassend diese Perspektiven umgesetzt werden können, hängt von der Verfügbarkeit und Qualität hochpräziser Hirndaten ab, mit denen siibra agieren kann. „Dabei spielt auch eine Rolle, inwiefern solche Daten global mit schnellen Zugriffsraten verfügbar sind. Siibra wird den Bedarfen der Wissenschaftsgemeinschaft ständig angepasst – geplant sind unter anderem neue KI-gestützte Analysewerkzeuge sowie die Anbindung an weitere internationale Datenplattformen“, formuliert Prof. Dickscheid die Herausforderungen.

Originalpublikation

Dickscheid, T., Gui, X., Simsek, A. N., Schiffer, C., Mangin, J.-F., Leprince, Y., Jirsa, V., Bjaalie, J. G., Leergaard, T. B., Bludau, S., & Amunts, K. (2026). Siibra: A software tool suite for realizing a Multilevel Human Brain Atlas from complex data resources. *Nature Methods* (2026)

DOI: 10.1038/s41592-026-03159-x

<https://www.hhu.de/die-hhu/presse-und-marketing/aktuelles/pressemeldungen-der-hhu/news-detailansicht/vom-molekuel-zum-netzwerk-siibra-vereint-hirndaten-in-einem-atlas>