

Mathematik entschlüsselt Gehirnveränderungen

Die internen Kommunikationsmuster des Gehirns verändern sich im Laufe unseres Lebens. Zudem unterscheiden sie sich bei Menschen mit bestimmten neurologischen Erkrankungen. Diese Prozesse zu entschlüsseln gehört zu den zentralen Herausforderungen der modernen Neurowissenschaften. Eine aktuelle Studie stellt einen neuartigen mathematischen Ansatz vor, mit dem sich gezielt jene Hirnregionen identifizieren lassen, deren Vernetzung sich mit dem Alter oder bei Autismus-Spektrum-Störungen (ASD) verändert. Diese Erkenntnisse könnten künftig dazu beitragen, gezieltere Ansätze für Therapien zur Hirnstimulation zu entwickeln.

Auf den Punkt gebracht:

- Brücke zwischen reiner Mathematik und klinischer Neurowissenschaft.
- Mathematische Topologie veranschaulicht multiskalige Veränderungen der Konnektivität des Gehirns im Alterungsprozess und bei Autismus.
- Neuer mathematischer Ansatz Node Persistence identifiziert bestimmte Hirnregionen, die von diesen Veränderungen am stärksten betroffen sind, wobei einige dieser Regionen bekanntermaßen klinisch relevant sind.
- Die Ergebnisse weisen auf mögliche Zielregionen für die Behandlung mit nicht-invasiven Gehirnstimulationstherapien hin.

Es ist eine zentrale Frage der Neurowissenschaften zu verstehen, wie verschiedene Regionen des Gehirns miteinander interagieren und wie intensiv sie gewissermaßen „miteinander kommunizieren“. Forschende vom Max-Planck-Institut für Mathematik in den Naturwissenschaften Leipzig, dem Institute of Mathematical Sciences in Chennai, Indien und ihre Kollegen zeigen, wie mathematische Methoden aus der topologischen Datenanalyse (Topological Data Analysis, TDA) eine neue, multiskalige Perspektive auf die funktionelle Vernetzung des Gehirns eröffnen können. Die Studie wurde in der Fachzeitschrift *Patterns* veröffentlicht.

Ein topologischer Blick auf das Gehirn

Mit dem Aufkommen großer neurobildgebender Datensätze arbeiten Forschende heute mit detaillierten Karten der funktionellen Gehirnkonnektivität – netzwerkartigen Darstellungen, die zeigen, wie Hunderte von Hirnregionen ihre Aktivität über die Zeit hinweg gemeinsam verändern und koordinieren. Doch diese enormen Netzwerke zu interpretieren, ist eine Herausforderung: Welche Muster sind wirklich relevant? Welche Veränderungen stehen für gesundes Altern, und welche spiegeln Unterschiede wider, die mit Autismus-Spektrum-Störungen (ASD) verbunden sind? Die vorliegende Studie stellt eine mathematische Innovation vor, die genau bei diesen Fragen ansetzt. Die Forschenden nutzen die sogenannte persistente Homologie, ein Werkzeug aus der topologischen Datenanalyse (TDA), um nachzuvollziehen, wie sich die Gehirnverbindungen im Laufe des Lebens und bei ASD neu organisieren.

Die topologische Datenanalyse ist ein anspruchsvoller mathematischer Ansatz, der die zugrunde liegende „Form“ komplexer Daten untersucht. Im Zentrum steht dabei die persistente Homologie (PH), eine Methode, mit der topologische Merkmale wie zusammenhängende Komponenten, Schleifen oder Hohlräume über verschiedene Skalen hinweg identifiziert und verfolgt werden

können. Im Unterschied zu klassischen Netzwerkanalysen, die häufig auf willkürlich gewählten Schwellenwerten beruhen, ermöglicht PH eine robuste, parameterfreie Beschreibung der Struktur von Gehirnnetzwerken.

Die zentrale Neuerung dieser Arbeit ist die Entwicklung von Node Persistence, eines neuen und rechnerisch effizienten Maßes, mit dem sich einzelne Hirnregionen identifizieren lassen, deren funktionelle Konnektivität sich besonders deutlich unterscheidet. Hierfür wandelten die Wissenschaftler die Gehirnkonnektivität in eine Abfolge sogenannter Simplicialkomplexe um. Zunächst werden nur die stärksten Verbindungen zwischen Hirnregionen berücksichtigt, anschließend kommen schrittweise schwächere Korrelationen hinzu. Mit dem Hinzufügen dieser Verbindungen entstehen neue Schleifen und Strukturen, die später wieder verschwinden können. Die persistente Homologie misst, wie lange solche topologischen Merkmale bestehen bleiben – also wie „persistent“ sie sind. Dieses lokale Maß erlaubt es, nicht nur festzustellen, dass sich ein Netzwerk verändert hat, sondern auch wo und wie diese Veränderungen auf regionaler Ebene auftreten. Besonders langlebige Merkmale gelten dabei als Hinweis auf biologisch bedeutsame Strukturen im Gehirn.

Drei Ebenen der Analyse: Vom gesamten Gehirn bis zu einzelnen Regionen

Auf der Grundlage von Ruhe-fMRT-Daten von mehr als 1.000 Personen führte das Forschungsteam eine umfassende multiskalige Analyse durch, um Veränderungen der Gehirnkonnektivität auf drei räumlichen Ebenen zu untersuchen. Auf der globalen Ebene nutzten die Forschenden topologische Maße wie die persistente Entropie und sogenannte Persistenzlandschaften, um die übergeordnete „Form“ funktioneller Gehirnnetzwerke zu beschreiben. Dabei zeigte sich, dass junge Erwachsene komplexere und länger bestehende topologische Strukturen aufweisen als ältere Personen. Menschen mit Autismus hingegen zeigten eine höhere persistente Entropie, jedoch weniger stabile eindimensionale Strukturen als typischerweise entwickelte Vergleichspersonen. Diese Ergebnisse deuten darauf hin, dass sich die globale Organisation der funktionellen Konnektivität sowohl im Verlauf des Alterns als auch bei Autismus verändert.

Auf der mesoskopischen Ebene untersuchte das Team sieben zentrale Ruhenetzwerke des Gehirns, darunter das somatomotorische Netzwerk, das Default-Mode-Netzwerk und das dorsale Aufmerksamkeitsnetzwerk. Die Analysen ergaben, dass altersbedingte Veränderungen insbesondere das somatomotorische Netzwerk, das dorsale Aufmerksamkeitsnetzwerk, das Salienz-/ventrale Aufmerksamkeitsnetzwerk sowie das Default-Mode-Netzwerk betreffen. Autismus-bezogene Unterschiede konzentrierten sich hingegen vor allem auf das somatomotorische Netzwerk, das Salienz-/ventrale Aufmerksamkeitsnetzwerk und das Default-Mode-Netzwerk. Damit wird deutlich, dass globale Effekte nicht gleichmäßig im gesamten Gehirn entstehen, sondern maßgeblich von spezifischen funktionellen Netzwerken getragen werden.

Auf der lokalen Ebene setzten die Autoren das neu entwickelte topologische Maß Node Persistence ein, um einzelne Hirnregionen zu identifizieren, die besonders stark zu den beobachteten Konnektivitätsunterschieden beitragen. Auf diese Weise konnten 108 Regionen mit altersbedingten Veränderungen sowie 27 Regionen mit autismusbedingten Veränderungen identifiziert werden. Viele dieser Areale stehen in Verbindung mit bekannten Funktionen wie Bewegung, Sprache, Gedächtnis und sozialer Kognition. Bemerkenswert ist, dass sich mehrere dieser Regionen mit Hirnarealen überschneiden, die in früheren Studien auf nicht-invasive Hirnstimulationsverfahren wie TMS (transkranielle Magnetstimulation) oder tDCS (transkranielle Gleichstromstimulation) angesprochen haben.

„Dies ist mehr als nur ein neues Analysewerkzeug“, betonen Prof. Jürgen Jost und Prof. Areejit Samal, die leitenden Autoren der Studie. „Wir schlagen eine Brücke zwischen reiner Mathematik

und klinischer Neurowissenschaft. Node Persistence zeigt nicht nur, dass sich Netzwerke verändern, sondern macht sichtbar, welche Hirnregionen besonders anfällig oder verändert sind. Damit eröffnen sich neue Möglichkeiten, gezielt Hypothesen für therapeutische Ansätze zu entwickeln.“

Warum Mathematik wichtig ist & klinische Relevanz

Durch die Verbindung von algebraischer Topologie und funktionaler Neurobildgebung zeigt diese Arbeit, wie mathematische Konzepte zu biologisch und klinisch relevanten Einsichten in die Konnektivität des Gehirns führen können. Die Autoren weisen darauf hin, dass sich ihre lokalen Messwerte derzeit auf eindimensionale topologische Merkmale konzentrieren. Zukünftige Arbeiten könnten diese Ansätze jedoch erweitern, um auch höherdimensionale Strukturen zu erfassen. Dennoch liefert die Studie erstmals den Nachweis, dass die persistente Homologie alters- und ASD-bedingte Veränderungen der funktionellen Konnektivität über mehrere Skalen hinweg zuverlässig erfassen kann – von der Gesamtarchitektur des Gehirns bis hin zu einzelnen Regionen – und dass diese mathematischen Merkmale gut mit bekannten kognitiven Domänen und klinischen Interventionszielen übereinstimmen. Trotzdem bietet diese Studie die erste Demonstration, dass persistente Homologie effektiv alters- und ASD-bezogene Veränderungen über mehrere Skalen hinweg erkennen kann – von der Gesamtbildung des Gehirns bis hin zu individuellen Regionen – und dass diese mathematischen Merkmale mit etablierten kognitiven Domänen und möglichen klinischen Ansätzen übereinstimmen.

Aus dieser multiskaligen, topologisch fundierten Perspektive eröffnet Node Persistence einen neuen Zugang zum Verständnis, wie sich die funktionelle Landschaft des Gehirns im Laufe des Lebens verändert und wie sie sich zwischen neurotypischer und atypischer Entwicklung unterscheidet. Das Potenzial dieses Ansatzes reicht dabei über gesundes Altern und Autismus hinaus: Er könnte neue Wege für die Analyse unterschiedlichster neuropsychiatrischer Erkrankungen eröffnen und therapeutische Strategien unterstützen, die darauf abzielen, besonders betroffene neuronale Netzwerke gezielt zu identifizieren.

Originalpublikation:

Madhumita Mondal, Yasharth Yadav, Jürgen Jost, Areejit Samal: Node persistence from topological data analysis reveals changes in brain functional connectivity, *Patterns*, 7:101427(2026)
DOI: <https://doi.org/10.1016/j.patter.2025.101427>