

*Bachelorarbeit*

# KI-Tools im bionischen Innovationsprozess: Analyse und Entwicklung eines kombinierten Ansatzes

Janik Kiefer<sup>1,\*</sup><sup>1</sup> Fachsemester 6, Westfälische Hochschule, Bocholt, Deutschland

\*Zuständiger Autor. Email: kiefer.janik@outlook.de

**Abstract**

Diese Bachelorarbeit erforscht die Einbindung öffentlich zugänglicher künstlicher Intelligenz (KI)-Tools in den Prozess bionischer Innovationen mit dem Ziel, einen sowohl effektiveren als auch einfallsreicheren Ansatz zur Implementierung biologischer Prinzipien in technische Lösungen zu schaffen. Vier Large Language Models – GPT-4.o, Gemini 2.0, Llama 3.3 und Claude 3.5 – werden anhand der Quality, Understandability, Expertise, Safety, and Trust (QUEST)-Methode (basierend auf der Bionikspirale gemäß VDI 6220 Blatt 2) bewertet, wobei Gemini 2.0 die beste Leistung erbringt. In einem prototypischen Versuch wird Gemini 2.0 in Kombination mit NotebookLM und Elicit genutzt, um die Filtrationsmechanismen aquatischer Organismen zu untersuchen. Die Resultate offenbaren, dass KI-Werkzeuge die Effizienz der Literaturrecherche und -analyse steigern und systematisieren. Außerdem werden neuartige Entwürfe für bionische Filtersysteme vorgeschlagen. Die Arbeit hebt die Möglichkeiten von KI-Instrumenten in der Bionik hervor, betont jedoch die zwingende Notwendigkeit menschlichen Fachwissens zur Interpretation, Validierung und Ableitung technischer Konzepte. Grenzen werden durch die eingeschränkte Fähigkeit der KI zur Schaffung biologischer Analogien und das Fehlen standardisierter Schnittstellen bestimmt.

**Betreuender Professor:** Professor Alexander Sauer**Abgabedatum:** 27.02.2025

# Inhaltsverzeichnis

<b>Abbildungsverzeichnis</b>	<b>i</b>
<b>Tabellenverzeichnis</b>	<b>ii</b>
<b>Abkürzungsverzeichnis</b>	<b>iii</b>
<b>1 Einleitung</b>	<b>1</b>
1.1 Motivation und Problemstellung . . . . .	1
1.2 Zielsetzung der Arbeit . . . . .	4
1.3 Aufbau der Arbeit . . . . .	5
1.4 Dynamik der Technologieentwicklung und Einschränkungen der Arbeit .	6
<b>2 Stand der Technik</b>	<b>8</b>
2.1 Die Bionik als interdisziplinäres Forschungsfeld und ihre Verbindung zur Künstliche Intelligenz (KI) . . . . .	8
2.2 Wie kann die Bionik von KIs profitieren? . . . . .	10
2.3 Historische Entwicklung und Meilensteine der KI . . . . .	11
<b>3 Theorie</b>	<b>17</b>
3.1 Bionik nach VDI 6220 Blatt 1 und 2 . . . . .	17
3.1.1 Top-down- und Bottom-up-Ansätze im Kontext der Bionikspirale .	17
3.1.2 Der Prozess des bionischen Arbeitens und der Bezug zur KI . . . . .	18
3.1.3 Der Top-down-Prozess der Bionikspirale . . . . .	20
3.1.4 Der Bottom-up-Prozess der Bionikspirale . . . . .	21
3.2 Die Architektur der Künstlichen Intelligenz: Bausteine und Anwendungen	22
3.2.1 Machine Learning (ML) . . . . .	23
3.2.2 Reinforcement Learning (RL) . . . . .	25
3.2.3 Large Language Models . . . . .	27
<b>4 Material und Methoden</b>	<b>31</b>
4.1 Material . . . . .	31
4.1.1 GPT 4.0 . . . . .	32
4.1.2 Gemini 2.0 . . . . .	33
4.1.3 Llama 3.3 . . . . .	34
4.1.4 Claude 3.5 . . . . .	36
4.1.5 Elicit . . . . .	38

4.1.6	Researchrabbit . . . . .	39
4.1.7	NotebookLM . . . . .	41
4.1.8	Semantic Scholar . . . . .	42
4.2	Methoden . . . . .	44
4.2.1	QUEST-Analyse von vier Large Language Model (LLM)s . . . . .	44
4.2.2	Durchführung der prototypische Anwendung . . . . .	49
<b>5</b>	<b>Ergebnisse</b>	<b>51</b>
5.1	Bewertung und Vergleich der unterschiedlichen LLMs anhand der QUEST-Methode . . . . .	51
5.2	Auswahl der Recherche- und Analysewerkzeuge . . . . .	53
5.3	Zusammenarbeit und Einsatz moderner KI-Werkzeuge . . . . .	55
5.4	Zuordnung der Werkzeuge zu den einzelnen Phasen der Bionik-Spirale anhand des Bottom-up-Ansatzes . . . . .	57
5.5	Prototypische Anwendung . . . . .	61
<b>6</b>	<b>Diskussion</b>	<b>73</b>
6.1	Limitationen der QUEST-basierten Bewertung und methodische Verzer- rungen . . . . .	73
6.2	Dynamik der KI-Entwicklung und mögliche Einschränkungen der Mo- dellwahl . . . . .	75
6.3	Bewertung des entwickelten Prozesses . . . . .	77
6.4	Vergleich mit bestehenden KI-Ansätzen . . . . .	81
6.5	Ausblick: Notwendige Weiterentwicklungen und mögliche Auswirkungen auf die Ausbildung von Bionikern . . . . .	83
<b>7</b>	<b>Fazit</b>	<b>87</b>
7.1	Zusammenfassung der Ergebnisse . . . . .	87
7.2	Beitrag der Arbeit zur bionischen Forschung . . . . .	89
<b>8</b>	<b>Anhang</b>	<b>101</b>

# Abbildungsverzeichnis

1	Die wichtigsten KI Modelle mit Datum und verbrauchter Rechenleistung(Maslej et al., 2024) . . . . .	13
2	Einsatz spezifischer KI-Fähigkeiten in verschiedenen Branchen im Jahr 2023(Maslej et al., 2024) . . . . .	15
3	Nutzung von KI in geschäftlichen Funktionen und Branchen im Jahr 2023(Maslej et al., 2024) . . . . .	15
4	Die Bottom-Up Spirale ( <i>VDI 6220 Blatt 2 2022</i> ) . . . . .	19
5	Die Top-Down Spirale ( <i>VDI 6220 Blatt 2 2022</i> ) . . . . .	20
6	Vereinfachte Darstellung des ML anhand des Katzenbeispiels: "Ist auf dem Bild eine Katze zu sehen?"(Barthelmeß und Furbach, 2021) . . . . .	24
7	„Reward-is-Enough“-Hypothese (Matsuo et al., 2022) . . . . .	27
8	Überblick der prototypischen Anwendung und Kombination der KIs . . .	61
9	Elicit aktualisiert eine veraltete Erklärung von Gemini 2.0 . . . . .	62
10	Korrekte Antwort gemäß Gemini 2.0 auf die Fragestellung: Beschreibe die verschiedenen Arten der Partikelfiltration in aquatischen Umgebungen und nenne 20 aquatische Organismen mit ihrer jeweiligen Filtrationstechnik. . . . .	63
11	Übersicht der Kontrollmechanismen und generierten Antworten zur Fragestellung: Welche Anpassungen haben aquatische Lebewesen entwickelt, um Nahrung aus dem Wasser zu filtern? Rot steht hierbei für falsche oder nicht belegbare Antworten, grün für korrekte und gegen geprüfte Antworten. . . . .	64
12	Unsicheres oder fehlerhaftes Ergebnis gemäß Gemini 2.0 auf die Fragestellung: Beschreibe die verschiedenen Arten der Partikelfiltration in aquatischen Umgebungen und nenne 20 aquatische Organismen mit ihrer jeweiligen Filtrationstechnik. . . . .	65
13	Die Suchleiste der Elicit Konzeptsuche mit der Möglichkeit die unterschiedlichen Zwischenschritte der Analyse aufzurufen . . . . .	66
14	Die Spalte der Konzepte der Elicit Konzeptsuche . . . . .	67
15	Die Spalte der Quellen und passenden Zitaten der Elicit Konzeptsuche . .	67

# Tabellenverzeichnis

1	Angepasste Bewertungskriterien der QUEST-Methode nach Tam et al. (2024) zur Bewertung von KI-Tools in der Bionik . . . . .	47
2	Komplette Übersicht der Punktzahl der QUEST-Methoden für GPT-4.o und Llama 3.3 . . . . .	51
3	Komplette Übersicht der Punktzahl der QUEST-Methoden für Gemini 2.0 und Claude 3.5 . . . . .	52
4	Zusammenfassung der Endpunktbewertung basierend auf der QUEST-Methode . . . . .	53
5	Zusammenfassung der Einteilung der Werkzeuge in die jeweiligen Phasen	58

# Abkürzungsverzeichnis

**KI** Künstliche Intelligenz

**ML** Machine Learning

**NLP** Natural Language Processing

**LLM** Large Language Model

**DL** Deep Learning

**RL** Reinforcement Learning

**SL** Supervised Learning

**UL** Unsupervised Learning

**MMLU** Massive Multitask Language Understanding

**NLG** Natural Language Generation

**QUEST** Quality, Understandability, Expertise, Safety, and Trust

**S2ORC** Semantic Scholar Open Research Corpus

**BID** Bio-inspired Design

**XAI** Explainable Artificial Intelligence

# 1 Einleitung

## 1.1 Motivation und Problemstellung

Der Transfer von biologischen Prinzipien in technische Systeme stellt eine zentrale Herausforderung der Bionik dar. Mithilfe auf KI basierenden Methoden könnten biologische Analogien systematischer identifiziert und in technische Anwendungen überführt werden. Diese Arbeit untersucht, ob frei zugängliche KI-Tools die Umwandlung biologischer Prinzipien in technische Lösungen gemäß *VDI 6220 Blatt 2* (2022) unterstützen können.

Bereits Badhurunnisa und Dass (2023) analysierten den Einfluss von KI auf Unternehmensprozesse und stellten fest, dass die Implementierung von KI am Arbeitsplatz eine neue Ära eingeleitet hat, die sich durch erhöhte Effizienz, gesteigerte Produktivität und innovative Ansätze auszeichnet. Diese Entwicklung ist auch für die Bionik von zentraler Bedeutung, da sie durch den Einsatz von KI die Entwicklung innovativer Lösungen und die Übersetzung biologischer Prinzipien in technische Anwendungen beschleunigen kann.

Die Entwicklungen im Bereich der KI haben in den vergangenen Jahren eine signifikante Dynamik angenommen. Besonders die Integration von Deep Learning (DL), Machine Learning (ML) und KI in die Materialwissenschaft hat den Bereich der Biomaterialien grundlegend verändert und bietet neue Möglichkeiten für Design, Optimierung und prädiktive Modellierung. Die spezifischen Anwendungen der Bionik befinden sich zwar noch in der Entwicklungsphase, doch der Erfolg der KI in verwandten Bereichen wie der Materialwissenschaft verdeutlicht bereits ihr Zukunftspotenzial (vgl. Rajitha et al., 2024).

Die Integration von KI in die Forschung auf Basis von Biomaterialien hat den Innovationsprozess erheblich beschleunigt. Algorithmen der KI sind in der Lage, effizient geeignete Materialien aus großen Datenmengen zu extrahieren, während sie gleichzeitig ein tieferes Verständnis der Wechselwirkungen zwischen Materialien und biologischen Systemen ermöglichen. Dies hat die Entwicklung maßgeschneiderter biomaterialbasierter Lösungen wesentlich gefördert. Fortschritte in den Bereichen KI und (ML) erlauben es, die Eigenschaften von Biomaterialien zu optimieren, neuartige Designprozesse zu fördern und das Verhalten von Materialien vorherzusagen. Die Anwendungsgebiete umfassen verschiedene Materialklassen, darunter Polymere, Metalle, Verbundmaterialien und anorganische Substanzen (vgl. Gokcekuyu et al., 2024).

Ein grundlegendes Merkmal der Bionik ist die Verknüpfung von technischen und biolo-

gischen Elementen, ein Prinzip, das auch in modernen KI-Technologien widergespiegelt wird. Heutige KI-Modelle basieren häufig auf neuronalen Netzwerken, die der Struktur des menschlichen Gehirns ähneln. Diese Modelle sind in der Lage, komplexe Zusammenhänge zu analysieren, die die individuellen Möglichkeiten von Ingenieuren erweitern. Kernelemente der KI wie Supervised Learning (SL), Unsupervised Learning (UL) und Verstärkungslernen (RL) spielen eine entscheidende Rolle bei der Adaption biologischer Materialkonzepte und deren Anwendung in technischen Umgebungen (vgl. Gokcekuyu et al., 2024).

Bereits heute existieren spezialisierte KI-Modelle für die Bionik, wie BIDARA (vgl. Touk-maji und Tee, 2024) oder Bioinspire-Explore (vgl. Saint-Sardos et al., 2024), die gezielt auf den bionischen Arbeitsprozess ausgerichtet sind. Diese Systeme wurden entwickelt, um biologische Prinzipien effizient zu analysieren und deren technische Umsetzung zu erleichtern. Der in dieser Arbeit verfolgte Ansatz unterscheidet sich jedoch grundlegend davon, da er sich nicht auf spezialisierte, proprietäre oder kostenpflichtige Bionik-KI-Modelle stützt, sondern ausschließlich auf kostenlose und allgemein zugängliche KI-Werkzeuge.

Durch die Nutzung freier LLMs wie GPT-4.o, Gemini 2.0, Llama 3.3 und Claude 3.5, kombiniert mit kostenlosen wissenschaftlichen Recherche-Tools wie Researchrabit, NotebookLM und Semantic Scholar, wird ein flexibler, interdisziplinär anwendbarer Ansatz verfolgt. Dieser ist nicht nur für Bioniker, sondern auch für Forschende anderer Disziplinen zugänglich. Die gewählte Herangehensweise stellt sicher, dass innovative KI-gestützte Methoden zur Unterstützung bionischer Innovationsprozesse ohne finanzielle oder lizenzrechtliche Barrieren eingesetzt werden können. Finanzielle oder lizenzrechtliche Einschränkungen limitieren häufig den Zugang zu modernen KI-Technologien in der Wissenschaft. Viele fortgeschrittene KI-Modelle und spezifische Analysetools sind kostenpflichtig oder von restriktiven Nutzungsbedingungen begleitet, was vor allem für Studierende, unabhängige Wissenschaftler sowie Institutionen mit begrenzten finanziellen Mitteln eine erhebliche Barriere darstellt. Der Einsatz frei verfügbarer großer Sprachmodelle und Recherche-Tools fördert eine gleichberechtigte Wissenschaftspraxis, welche die Anwendung innovativer Methoden ohne Rücksicht auf institutionelle oder finanzielle Ressourcen ermöglicht. Dies unterstützt nicht nur die interdisziplinäre Zusammenarbeit, sondern erlaubt auch eine weite Verbreitung und Nutzung von KI-basierten Verfahren im Bereich der Bionik.

Trotz dieser Fortschritte gibt es weiterhin Herausforderungen, wie die Verfügbarkeit hochwertiger Daten, die Interpretierbarkeit von ML-Modellen und ethische Aspekte.

Besonders die Datenqualität ist entscheidend, da fehlerhafte oder unzureichende Datensätze zu unzuverlässigen Ergebnissen führen können. Die Transparenz und Nachvollziehbarkeit von ML-Modellen ist essenziell, um wissenschaftliche Validität zu gewährleisten und das Vertrauen in die Technologie zu stärken. Zudem gewinnen ethische Fragestellungen an Bedeutung, insbesondere in Bezug auf algorithmische Verzerrungen und die Verantwortung bei automatisierten Entscheidungen. Gleichzeitig sorgt der steigende Innovationsdruck in der Industrie für eine erhöhte Nachfrage nach nachhaltigen und effizienten Lösungen, was den Bedarf an skalierbaren, ressourcenschonenden und gesellschaftlich verantwortungsvollen KI-gestützten Methoden weiter verstärkt.

Obwohl bereits spezialisierte bionische KI-Modelle wie BIDARA oder Bioinspire-Explore existieren, ist deren systematische Integration in den bionischen Innovationsprozess nach der Bionikspirale nach *VDI 6220 Blatt 2* (2022) noch nicht umfassend untersucht. Diese Arbeit analysiert diese Integration durch eine exemplarische Anwendung.

Derzeit ist die Ausbildung in der Bionik überwiegend ohne den Einsatz von KI gestaltet, wobei wesentliche Arbeitsschritte wie die biologische Analyse, funktionale Abstrahierung sowie technische Übersetzung manuell durchgeführt werden (vgl. Nagel et al., 2019: 149-178). Dies verursacht erheblichen Zeitaufwand und behindert eine skalierbare und datenbasierte Analyse bionischer Prinzipien. Angesichts des wachsenden Innovationsdrucks und der zunehmenden Konkurrenz durch Alternativen wie generatives Design oder Optimierungen in der Materialwissenschaft könnte der Einsatz KI-gestützter Techniken in der Bionik schon bald unerlässlich sein. Die Einführung solcher Werkzeuge in die Ausbildung würde daher die Effizienz der bionischen Entwicklung erheblich verbessern und die Wettbewerbsfähigkeit des Fachgebiets langfristig sichern.

Vor diesem Hintergrund verfolgt diese Arbeit das Ziel, systematische Ansätze zu untersuchen und zu entwickeln, die die Integration von frei zugänglichen, nicht spezialisierten KI-Werkzeugen in bionische Innovationsprozesse ermöglichen. Dies eröffnet nicht nur neue Möglichkeiten für die wissenschaftliche Forschung, indem es eine breitere Nutzung moderner Analysemethoden ohne finanzielle oder lizenzrechtliche Hürden erlaubt, sondern erleichtert auch den interdisziplinären Austausch und die schnelle Identifikation biologischer Prinzipien. Dadurch können bionische Lösungen effizienter entwickelt, umfassender getestet und gezielter auf technische Anwendungen übertragen werden, was letztlich sowohl ihre Qualität als auch ihre Anwendbarkeit in verschiedenen Disziplinen erheblich verbessern könnte.

## 1.2 Zielsetzung der Arbeit

Ziel dieser Arbeit ist eine detaillierte Analyse der Einbeziehung allgemein zugänglicher KI-Werkzeuge im Innovationsprozess der Bionik, mit dem Ziel, einen ganzheitlichen Ansatz zu formulieren, der sowohl die Effizienz als auch die Qualität der bionischen Forschung und Entwicklung optimiert. Diese Arbeit unterstützt die systematische Integration von KI in die Bionikspirale gemäß *VDI 6220 Blatt 2 (2022)*.

Im Fokus generative Sprachmodelle wie GPT-4.o, Gemini 2.0, Llama 3.3 und Claude 3.5, die einer systematischen Analyse und Vergleichung unterzogen werden. Das Ziel ist es, deren Potenziale und Grenzen im Bereich der bionischen Forschung zu bewerten. Ergänzend werden andere KI-unterstützte Recherche- und Analysetools (Elicit, Researchrabbit, NotebookLM, Semantic Scholar) genutzt, die allerdings nicht separat analysiert werden, sondern als unterstützende Werkzeuge im entwickelten Prozess dienen.

Eine theoretisch gestützte und zugleich praxisbezogene Methodik wird entwickelt, um die Interaktion der untersuchten LLMs mit den Stufen der Bionikspirale nach *VDI 6220 Blatt 2 (2022)* zu analysieren. Der Fokus liegt auf der Evaluierung spezifischer Anwendungsfelder dieser Modelle, wie etwa bei der biologischen Datenanalyse, der Hypothesenbildung oder der Abstraktion biologischer Konzepte.

Um den entwickelten Ansatz zu validieren, erfolgt die Implementierung eines konzeptionellen Ansatzes, der dazu dient, die Effizienzverbesserung sowie das kreative Potenzial der verwendeten Werkzeuge zu evaluieren. Dabei werden systematisch sowohl die Vorteile als auch die Grenzen dieser Werkzeuge im bionischen Innovationsprozess untersucht.

Um die praktische Anwendbarkeit und methodische Relevanz der eingesetzten Technologien zu bewerten, wird der schließlich entwickelte Prozess einer Evaluierung unterzogen. Dies erfolgt durch den Vergleich sowohl mit traditioneller bionischer Praxis als auch mit bestehender bionisch-gestützter KI-Software. Die Ergebnisse dieser Arbeit sollen zur methodologischen Weiterentwicklung in der Bionik beitragen und demonstrieren, inwieweit weitverbreitete KI-Tools als anpassungsfähige und vielseitige Instrumente effektiv in interdisziplinären Innovationsprozessen der Bionik genutzt werden können, sowie deren Einschränkungen aufzeigen.

### 1.3 Aufbau der Arbeit

Diese Arbeit gliedert sich in acht aufeinander abgestimmte Kapitel, die systematisch fortschreiten, um die Entwicklung und Anwendung eines integrierten Ansatzes zur Verwendung von KI-Tools im Bereich bionischer Innovationsprozesse zu analysieren.

Kapitel 1 untersucht die Motivation und die Problemstellung ausführlich, legt die spezifischen Ziele der Arbeit dar und beschreibt die Struktur der Analyse. Darüber hinaus wird die Entwicklung relevanter Technologien betrachtet, die den Einsatz von KI in der Bionik beeinflussen, und die Begrenzungen der Untersuchung werden erörtert.

Kapitel 2 bietet eine umfassende Darstellung des aktuellen technischen Kenntnisstands. Es behandelt die historische Evolution und bedeutende Entwicklungen in der KI sowie die Bedeutung der Bionik als fächerübergreifendes Forschungsgebiet, das mit der KI verknüpft ist.

Kapitel 3 stellt die theoretischen Grundlagen dieser Untersuchung dar. Es untersucht die Architektur der KI mit besonderem Schwerpunkt auf ML, Reinforcement Learning und den LLMs. Zusätzlich wird die Bionik gemäß *VDI 6220 Blatt 2* (2022) analysiert, indem der bionische Innovationsprozess sowie der Top-down- und Bottom-up-Ansatz nach diesem beleuchtet werden.

Kapitel 4 bietet eine detaillierte Darstellung der Materialien und Methoden. Es umfasst eine Untersuchung der eingesetzten KI-Tools, insbesondere der vier großen Sprachmodelle (GPT-4.o, Gemini 2.0, Llama 3.3, Claude 3.5), die mittels der QUEST-Methode evaluiert werden. Ergänzend werden unterstützende Recherche- und Analysewerkzeuge (Researchrabbit, NotebookLM, Semantic Scholar) vorgestellt, jedoch nicht systematisch analysiert.

Kapitel 5 präsentiert die Ergebnisse. Diese beinhalten einen Vergleich der vier bedeutenden Sprachmodelle mittels der QUEST-Methode und die Einordnung von KI-Werkzeugen in die spezifischen Phasen der Bionik-Spirale unter Anwendung des Bottom-up-Verfahrens. Darüber hinaus wird der konzeptionelle Ansatz erprobt und durchgeführt, um die Möglichkeiten und Einschränkungen der genutzten Werkzeuge zu bewerten.

Kapitel 6 bietet eine tiefgehende kritische Untersuchung der gewonnenen Ergebnisse. Es beinhaltet eine Bewertung sowohl der QUEST-Methode als auch des erschaffenen Verfahrens und führt einen Vergleich mit spezialisierten bionischen KI-Systemen wie BIDARA (vgl. Toukmaji und Tee, 2024) oder Bioinspire-Explore (vgl. Saint-Sardos et al.,

2024) durch. Des Weiteren wird erwähnt, welche zukünftigen Entwicklungen notwendig sind und wie diese die Ausbildung von Bionik-Experten beeinflussen könnten sowie die Dynamik der Entwicklungen im Bereich der KI-Technologie.

Kapitel 7 bietet eine abschließende Zusammenfassung der Untersuchungsergebnisse, analysiert den Nutzen für die bionische Forschung und identifiziert offene Forschungsfragen für zukünftige Arbeiten.

## **1.4 Dynamik der Technologieentwicklung und Einschränkungen der Arbeit**

Der Einsatz frei verfügbarer KI-Tools bildet einen weiteren wesentlichen Aspekt dieser Untersuchung. Diese Entscheidung beruht auf dem Ziel, reproduzierbare und allgemein zugängliche Ergebnisse zu erzielen, die ungeachtet wirtschaftlicher oder technologischer Barrieren nachvollziehbar sind. Es ist jedoch hervorzuheben, dass die in dieser Arbeit analysierten Technologien und Ansätze lediglich den aktuellen Wissensstand reflektieren und sich mit fortschreitender Weiterentwicklung verändern können.

Diese Arbeit basiert auf dem technologischen Stand der KI im Zeitraum von Dezember 2024 bis Februar 2025. Angesichts der schnellen Entwicklungen im KI-Sektor ist zu beachten, dass einige der in dieser Arbeit angesprochenen Probleme und Einschränkungen während der Entstehung möglicherweise gelöst oder durch technologische Fortschritte relativiert wurden. Dies könnte insbesondere die Bewertung der untersuchten Werkzeuge betreffen. Die kontinuierliche Verbesserung generativer Sprachmodelle, insbesondere durch Optimierungen in Architektur, Trainingseffizienz und multimodaler Verarbeitung, zeigt die Geschwindigkeit, mit der neue Anwendungsfelder erschlossen werden können.

Ein weiterer relevanter Aspekt ist, dass einige der in dieser Arbeit referenzierten wissenschaftlichen Publikationen möglicherweise auf einem überholten Wissensstand beruhen. Da sich das Forschungsfeld der KI schnell entwickelt, könnten einige dieser Quellen inzwischen durch neuere Erkenntnisse ergänzt worden sein. Dennoch ermöglichen diese Referenzen eine Rückverfolgung der historischen Entwicklungslinien und dienen der methodischen Einordnung innerhalb des Forschungsfeldes.

Dieser Abschnitt verdeutlicht, dass die präsentierten Ergebnisse in einem sich schnell entwickelnden Forschungsgebiet kontextualisiert werden müssen. Die präsentierten Analysen und Lösungsansätze spiegeln den aktuellen Stand der Technik wider, kön-

nen aber durch zukünftige Entwicklungen obsolet oder erweiterbar werden. Diese Arbeit trägt zur wissenschaftlichen Debatte über den Einsatz von KI-Tools in der Bionik bei und fokussiert sich auf Technologien, die für die gesamte Forschungsgemeinschaft zugänglich sind.

## 2 Stand der Technik

### 2.1 Die Bionik als interdisziplinäres Forschungsfeld und ihre Verbindung zur KI

Bionik, als ein Forschungsfeld, integriert Biologie und Ingenieurwesen durch das Studium natürlicher Systeme und Abläufe, um fortschrittliche technische Lösungen zu entwickeln. Dieses Gebiet zeichnet sich durch seine stark interdisziplinäre und multidisziplinäre Natur aus (vgl. *DIN ISO 18458* 2016). In den letzten Jahrzehnten hat sich dieser Ansatz schnell weiterentwickelt und umfasst heute nicht nur traditionelle Bereiche wie Luftfahrttechnik und Materialwissenschaften, sondern auch aufstrebende Felder wie die Nachhaltigkeit und biomedizinische Anwendungen. Die wachsende Anerkennung des Fachgebiets spiegelt sich unter anderem darin wider, dass die Zeitschrift *Biomimetics* ihren ersten Impact Factor erhalten hat, was auf eine zunehmende Akzeptanz und Bedeutung der Biomimetik in der wissenschaftlichen Gemeinschaft hinweist (vgl. Gebeshuber, 2022). In Zeiten der Ressourcenknappheit bietet die Bionik vielversprechende Ansätze, da sie von der Natur lernt, wie mit begrenzten Ressourcen effizient umgegangen werden kann (vgl. Gebeshuber, 2022).

Bionik verspricht weiterhin Entwicklungsmöglichkeiten in diversen Anwendungsgebieten. Im Bereich der Materialforschung ermöglichen bionische Ansätze die Kreation intelligenter, selbstorganisierender und dynamischer Materialien, die von biologischen Strukturen wie Käferfüßen oder der Tarnung von Tintenfischen inspiriert sind. In der Sensorik könnten Sensoren für akustische, chemische und thermische Signale, entwickelt nach den Wahrnehmungsmechanismen von Fledermäusen, Seevögeln oder Schlangen, weiter verbessert werden. Umweltfreundliche Technologien profitieren von bionischen Methoden zur Kohlenstoffbindung, Entfernung von Schwermetallen und nachhaltiger Energieerzeugung, inspiriert durch Mikroorganismen und Photosyntheseprozesse. Überdies fördern bionische Prinzipien die Entwicklung von innovativen Software- und Robotiklösungen, wie neuromorphen Schaltkreisen oder Roboterschwärmen, die durch das Verhalten sozialer Insekten geprägt sind. Insgesamt stellt die Biomimetik einen interdisziplinären Ansatz dar, um nachhaltige Innovationen voranzutreiben und komplexe Problemstellungen anzugehen (vgl. Lurie-Luke, 2014). Die Einbindung von KI in den bionischen Innovationsprozess stellt einen Wandel dar, der die Effizienz und Kreativität dieses Ansatzes erheblich verbessern könnte.

Naturinspirierte Technik basiert auf der Prämisse, dass natürliche Systeme über Millio-

nen von Jahren hinweg angepasst wurden und daher als Inspirationsquelle für technische Herausforderungen dienen können (vgl. Bar-Cohen, 2011: 2). Gemäß *VDI 6220 Blatt 1* (2012) wird Bionik als ein systematischer Ansatz beschrieben, der biologische Prinzipien abstrahiert und auf technische Anwendungen anwendet. Dabei wird zwischen einem Top-down- und einem Bottom-up-Ansatz unterschieden: Ersterer analysiert technologische Herausforderungen und sucht nach passenden biologischen Analogien, letzterer identifiziert biologische Mechanismen, die in technische Kontexte eingebunden werden können (vgl. *VDI 6220 Blatt 2* 2022).

Aufgrund der inhaltlichen Verbindung zwischen biologisch Bio-inspired Design (BID) und der Bionik empfiehlt es sich, aktuelle Forschungsergebnisse aus der BID-Disziplin zu präsentieren, um exemplarische Zahlen eines verwandten Fachgebiets darzulegen. Die Untersuchung von Jastrzembki et al. (2023) bietet eine umfassende Analyse der BID aus wissenschaftlicher, öffentlicher und praktischer Sicht. Laut Studie wird BID vorrangig zur Steigerung der Funktionalität eingesetzt (72,5 %) und kommt primär bei physischen Konstruktionen, sowohl statischer als auch dynamischer Art, zur Anwendung (54,7 %). Die häufig angewandte Methode beinhaltet die Modifikation der Objektstruktur (61,4 %), wobei der signifikanteste Einfluss während der Nutzung des Produkts beobachtet wird (87,6 %). Inspiration für BID wird oft aus bekannten biologischen Quellen wie Flora und Fauna gewonnen (39,4 %), jedoch sind in 61,3 % der Fälle die spezifischen Quellen nicht dokumentiert. Diese Kennzahlen unterstreichen die starke Verknüpfung zwischen BID und Bionik hinsichtlich ihrer Ziele und Methoden und bieten eine Grundlage, um die Relevanz und Verbreitung bionischer Designs besser zu begreifen.

Die Kombination von Bionik und KI eröffnet neue Chancen im Innovationsprozess. KI-Modelle ermöglichen die qualifizierte Verarbeitung und Analyse großer biologischer Datensätze, wodurch die essentiellen funktionalen Prinzipien natürlicher Systeme systematisch erkannt und vereinfacht werden können. Der Einsatz evolutionärer Algorithmen, die Mechanismen der selektiven Anpassung abbilden, gestattet die iterative Verfeinerung bionischer Designs. Dies erfolgt durch gezielte Simulation von Variations- und Selektionsprozessen, die in natürlichen Evolutionsmechanismen beobachtet werden. Die daraus hervorgehenden Designlösungen weisen eine gesteigerte funktionale Effizienz und technologische Leistung auf, was insbesondere für die interdisziplinäre Forschung im Bereich der Bionik von großer Bedeutung ist (vgl. Dhamdar et al., 2024: 5).

## 2.2 Wie kann die Bionik von KIs profitieren?

Ein Beispiel für den Einsatz von KI ist die Analyse und Verarbeitung umfangreicher Datensätze zur Erkennung von Mustern und zur Vorhersage. Hierbei beschreibt Rajitha et al. (2024): KI umfasst verschiedene Techniken, wie Computer Vision, Verarbeitung natürlicher Sprache, ML und DL. Diese Entwicklungen ermöglichen es Maschinen, große Mengen an Informationen zu sammeln und zu analysieren, Muster zu erkennen, Ergebnisse vorherzusagen und auf neue Erkenntnisse zu reagieren. Die genannten KI-Technologien können nicht nur die Effizienz bionischer Innovationsprozesse verbessern, sondern auch deren Genauigkeit und Einsatzmöglichkeiten erweitern.

Die Nutzung von KI in der Bionik hat sich in den letzten Jahren stark weiterentwickelt, wobei insbesondere Natural Language Processing (NLP) und generative Modelle eine entscheidende Rolle bei der Verknüpfung biologischer Prinzipien mit technischen Anwendungen spielen. Ein früher und bedeutender Schritt in diese Richtung war die Arbeit von Zhu et al. (2022), die erstmals Generative Pre-trained Transformers (GPT-3) gezielt für BID einsetzten. Ihr Ansatz zielte darauf ab, den Lückenschluss zwischen Biologie und Ingenieurwesen zu erleichtern, indem ein feinabgestimmtes Sprachmodell genutzt wurde, das anhand von 221 bioinspirierten Beispielen aus der AskNature-Datenbank trainiert wurde. Durch dieses Fine-Tuning konnten drei verschiedene Typen von Designkonzeptgeneratoren entwickelt werden, die sich hinsichtlich der Offenheit des Problemraums unterschieden. Während ein offener Generator vielfältige biomimetische Lösungen generierte, waren engere Problemdefinitionen in der Lage, realistischere und technisch besser umsetzbare Lösungen zu liefern.

Zhu et al. (2022) legten eine fundamentale Basis für die Anwendung generativer KI in der Bionik, die von weiterführenden Methoden wie BIDARA verfeinert wurde. Genutzt wurde ein statisches, kuratiertes Datenset, das auf biologischen Analogien beruhte. Im Gegensatz dazu verwendet BIDARA (Bio-Inspired Design And Research Assistant) (vgl. Toukmaji und Tee, 2024) den Ansatz der Retrieval-Augmented Generation (RAG), um generative KI mit aktuellen wissenschaftlichen Erkenntnissen zu koppeln und die Praktikabilität bionischer Designlösungen zu verbessern. Durch die Integration von LLMs, der Semantic Scholar Graph API und der ReAct Agents-Technologie wird eine strukturierte Suche nach einschlägigen biologischen Prinzipien ermöglicht, die als Grundlage zur Entwicklung neuer Designs dient (vgl. Toukmaji und Tee, 2024).

Eine alternative Methode, bekannt als Bioinspire-Explore (vgl. Saint-Sardos et al., 2024), setzt NLP und semantische Technologien ein, um taxonomische Untersuchungen von

Biodiversitätsdaten durchzuführen. Hierbei werden biologische Systeme nach funktionalen Merkmalen klassifiziert und untersucht, was eine umfassende Analyse der biologischen Strukturen ermöglicht, jedoch keinen unmittelbaren Beitrag zur Entwicklung technischer Lösungen leistet (vgl. Saint-Sardos et al., 2024).

Die Nutzung und Erprobung von nicht spezialisierten KI-Modellen, wie beispielsweise in Yeter und Le Ferrand (2024) beschrieben, wurde ebenfalls durchgeführt, um deren Eignung für bionische Anwendungen zu evaluieren. Im Gegensatz dazu wendet diese Studie jedoch einen umfassenderen Ansatz an, indem sie sich nicht auf ein spezifisches KI-System beschränkt, sondern unterschiedliche Modelle und Technologien integriert, um ein tieferes Verständnis der bionischen Interaktion zu erzielen.

Unabhängig vom Ansatz spielt der Bioniker eine zentrale Rolle im Prozess. Er agiert als „Verknüpfungsfinder“, untersucht biologische Systeme, abstrahiert deren Prinzipien und überträgt sie auf technische Anwendungen. Diese Tätigkeit erfordert nicht nur Kreativität, sondern auch interdisziplinäre Expertise (vgl. Nagel et al., 2019: 150).

Ein LLM, wie beispielsweise GPT-4, arbeitet auf einer konzeptionell parallelen Ebene, indem es Verbindungen innerhalb eines datengetriebenen Kontexts ermittelt. Im Gegensatz dazu identifiziert der Bioniker manuell Analogien zwischen Natur und Technik. Ein LLM analysiert algorithmisch Milliarden von Datenpunkten, wodurch es Muster erkennen kann. Die Verbindung der menschlichen Expertise von Bionikern mit der algorithmischen Stärke eines LLM eröffnet neue Perspektiven für den Innovationsprozess. Während Bioniker intuitive Lösungen entwerfen, liefert ein LLM datenbasierte Unterstützung, die die Effizienz und Genauigkeit bionischer Arbeiten deutlich verbessern kann (vgl. Dhamdar et al., 2024).

Die Einbindung von KI in den bionischen Arbeitsprozess ermöglicht eine effizientere Nutzung der Bionikspirale nach *VDI 6220 Blatt 2* (2022), die im folgenden Kapitel ausführlicher beschrieben wird. Insbesondere in den „Analyse“- und „Abstraktion“-Phasen könnten KI-Systeme biologische Daten automatisch auswerten und potenzielle Analogien identifizieren.

### **2.3 Historische Entwicklung und Meilensteine der KI**

Die Wurzeln der KI liegen in den 1950er Jahren, als John McCarthy den Begriff „Artificial Intelligence“ prägte (vgl. McCarthy et al., 1955). Erst in den 1960er Jahren entstanden Systeme wie ELIZA (vgl. Berry, 2023).

ELIZA, ein Computerprogramm entwickelt von Joseph Weizenbaum, wird als eines der frühesten Beispiele für Chatbots angesehen. Das bekannteste Skript „DOCTOR“ simulierte die Funktion eines Rogerianischen Psychotherapeuten, indem es vordefinierte Regeln nutzte, um Schlüsselwörter aus Nutzereingaben zu identifizieren und in vorgefertigte Antwortstrukturen einzusetzen. Obwohl ELIZA kein echtes Sprachverständnis besaß und ausschließlich auf Mustererkennung beruhte, führte es zum sogenannten „ELIZA-Effekt“<sup>1</sup>, der die Wahrnehmung von KI maßgeblich beeinflusste. ELIZA beeinflusste die Informatik maßgeblich, indem es erste Konzepte der menschlichen Interaktion mit Maschinen demonstrierte und damit die Wahrnehmung von KI prägte. Weizenbaum selbst äußerte sich jedoch kritisch zu den möglichen Auswirkungen und warnte davor, dass eine emotionale Bindung an Computer zu einer Entfremdung des Menschen von sich selbst und seiner Umgebung führen könnte (vgl. Berry, 2023).

Diese frühen Methoden fokussierten sich auf regelbasierte Systeme zur Lösung spezifischer Probleme (vgl. Teich, 2020). In den 1980er Jahren gewannen Expertensysteme zunehmend an Bedeutung und wurden insbesondere in der industriellen Entscheidungsfindung eingesetzt. Diese Systeme basierten auf vordefinierten Wissensbasen und Entscheidungsregeln, konnten jedoch keine neuen Erkenntnisse generieren. Die überhöhten Erwartungen an diese Technologie und ihre begrenzte Skalierbarkeit führte schließlich zum sogenannten KI-Winter<sup>2</sup>

Ein bedeutender Wendepunkt trat 2012 mit der Entwicklung von AlexNet ein. Dieses tiefe neuronale Netzwerk demonstrierte erstmals die Überlegenheit von Convolutional Neural Networks (CNNs) für komplexe Bildklassifikationsaufgaben und zeigte das Potenzial von DL-Ansätzen auf (siehe Abbildung 1) (vgl. Maslej et al., 2024: 51). Darüber hinaus war AlexNet wegweisend hinsichtlich der Verwendung von GPUs zur Beschleunigung der Berechnungen in KI-Modellen, eine Technik, die heute als Standard gilt. Der Erfolg von AlexNet war insbesondere auf Fortschritte in der Hardwareentwicklung, die Verfügbarkeit großer Datenmengen und optimierte neuronale Netzwerkarchitekturen zurückzuführen. Dies markierte das Ende des KI-Winters und leitete das Zeitalter des modernen DL ein.

---

<sup>1</sup>Der „ELIZA-Effekt“ beschreibt die Überschätzung maschinellen Verständnisses (vgl. Berry, 2023).

<sup>2</sup>Der „KI-Winter“ bezeichnet Phasen mit stagnierender KI-Forschung und reduzierter Finanzierung, meist durch überhöhte Erwartungen und technologische Grenzen bedingt (vgl. Teich, 2020).

### Training compute of notable machine learning models by domain, 2012–23

Source: Epoch, 2023 | Chart: 2024 AI Index report

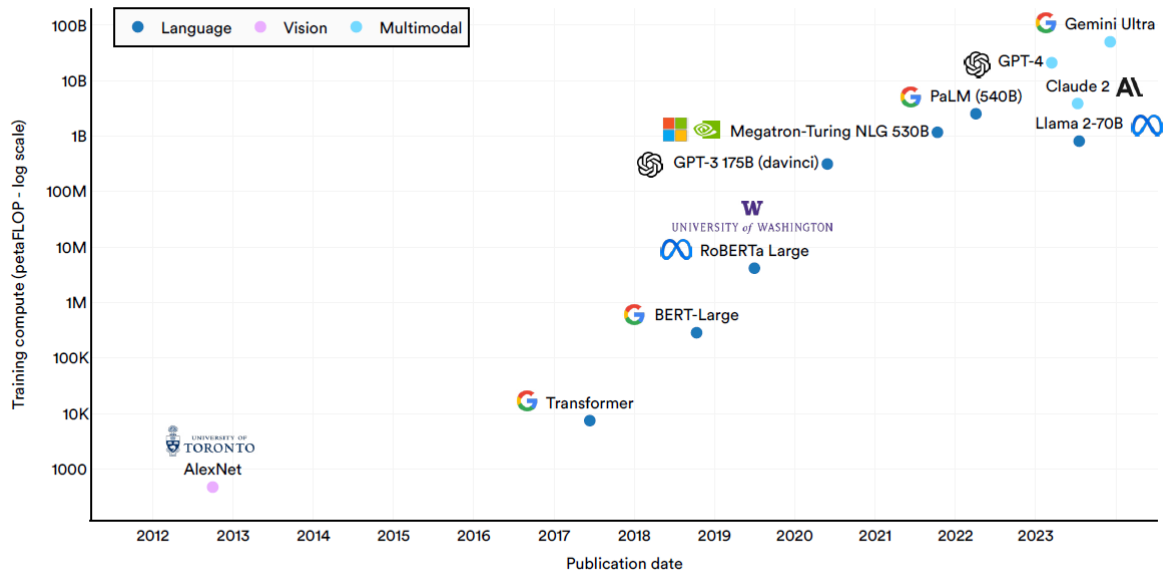


Figure 1.3.7

Abbildung 1: Die wichtigsten KI Modelle mit Datum und verbrauchter Rechenleistung (Maslej et al., 2024)

Seit 2020 sind große Sprachmodelle wie GPT-3 und GPT-4 zunehmend als zentrale Technologien in der KI-Forschung etabliert. GPT-3, mit seinen 175 Milliarden Parametern, hat neue Maßstäbe in der natürlichen Sprachverarbeitung gesetzt, was Anwendungen wie Textgenerierung und Übersetzungen möglich gemacht hat (vgl. Taecharungroj, 2023). GPT-4, ein Modell mit multimodalen Fähigkeiten, erweitert diese Funktionen, indem es neben Text auch Bilder und Audio verarbeiten kann und in der medizinischen Diagnostik eine Genauigkeit von 90 % erzielt (vgl. Maslej et al., 2024: 315).

Ein weiterer bedeutender Fortschritt ist das Modell Gemini von Google, das erstmals die menschliche Leistung im Massive Multitask Language Understanding (MMLU) Benchmark<sup>3</sup> übertraf (vgl. Maslej et al., 2024: 87).

Die Entwicklungen in der KI-Technologie haben ihre Nutzung in einer Vielzahl von Bereichen ermöglicht. Die hier gewählten Beispiele repräsentieren zentrale Bereiche mit nachweislich transformativer KI-Nutzung und basieren auf aktuellen Studien zur Anwendungsvielfalt:

*Medizin:* KI wird effektiv in Diagnostik und Therapie angewandt. Insbesondere hat GPT-4 Medprompt die klinische Diagnostik durch eine verbesserte Ergebnisgenauigkeit erweitert (vgl. Maslej et al., 2024: 315).

*Arbeitswelt:* Generative KI automatisiert nicht nur routinemäßige Tätigkeiten, sondern erschließt auch neue Berufsbereiche, insbesondere in der Datenanalyse und im KI-gestützten Prozessmanagement (vgl. Singla et al., 2023).<sup>4</sup>

*Wissenschaft:* KI fördert wissenschaftliche Fortschritte, beispielsweise durch Technologien wie AlphaDev<sup>5</sup>, die die Leistungsfähigkeit von Algorithmen optimieren (vgl. Maslej et al., 2024: 300).

Die Abbildungen 2 und 3 bieten einen umfassenden Einblick in die Verbreitung und Anwendung von KI über diverse Sektoren und Tätigkeitsbereiche hinweg. Sie illustrieren, welche speziellen KI-Kompetenzen in verschiedenen Industrien umgesetzt werden und auf welche Weise diese Technologien gegenwärtig in unterschiedlichen geschäftlichen Funktionen zur Anwendung kommen.

Abbildung 2 verdeutlicht, dass KI-Technologien in verschiedenen Branchen für multiple Anwendungen eingesetzt werden. Im Finanzwesen verwenden 46 % der Organisationen Robotic Process Automation zur Automatisierung sich wiederholender Tätigkeiten. Im Bereich Technologie, Medien und Telekommunikation greifen 39 % der Unternehmen auf NLP zurück, zum Beispiel für Chatbots und Sprachassistenten.

Abbildung 3 illustriert die geschäftlichen Sektoren, in denen KI eingesetzt wird. Im Fi-

<sup>3</sup>Ein Test zur Bewertung der Wissensbreite und des logischen Denkens von KI-Modellen über verschiedene Fachgebiete hinweg

<sup>4</sup>Die McKinsey Global Survey on AI erfasste 2023 und 2024 die KI-Nutzung in Unternehmen. 2023 gaben 913 von 1.684 Befragten an, KI einzusetzen, 2024 waren es 878 von 1.363 für generative Modelle. Die Daten wurden wirtschaftlich gewichtet; vertreten waren u. a. Automobil-, Finanz-, Gesundheits- und Technologiebereiche (vgl. Singla et al., 2024; Singla et al., 2023)

<sup>5</sup>Von DeepMind entwickeltes KI-System, das durch RL effizientere Sortieralgorithmen entdeckt (vgl. Manowitz et al., 2023)

nanzsektor wird sie zu 31 % in den sogenannten Service Operationen verwendet. Zugleich nutzen 44 % der Unternehmen aus der Technologiebranche KI in den Bereichen Marketing und Vertrieb, beispielsweise zur Individualisierung von Werbemaßnahmen.

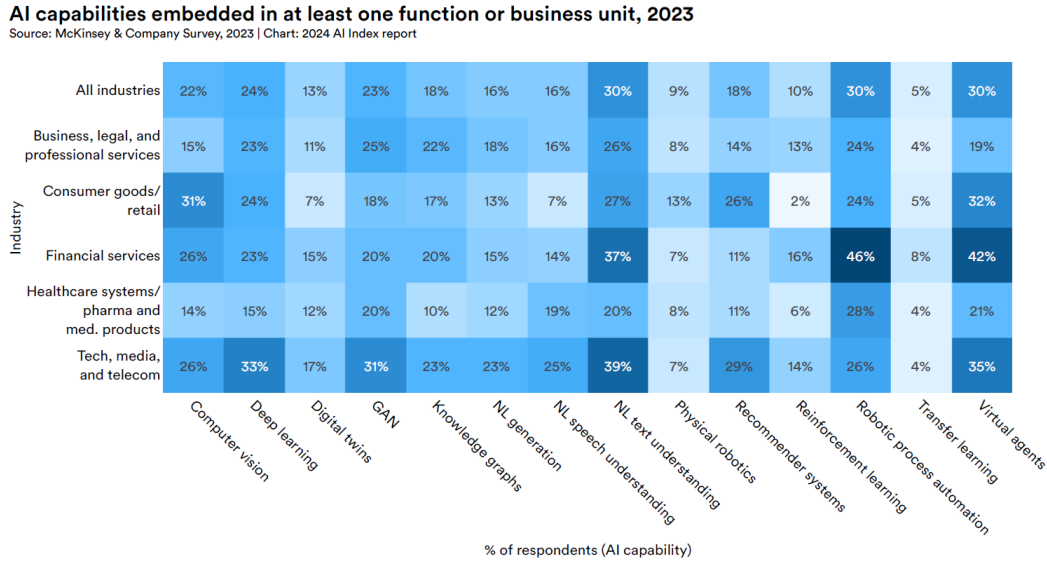


Abbildung 2: Einsatz spezifischer KI-Fähigkeiten in verschiedenen Branchen im Jahr 2023(Maslej et al., 2024)

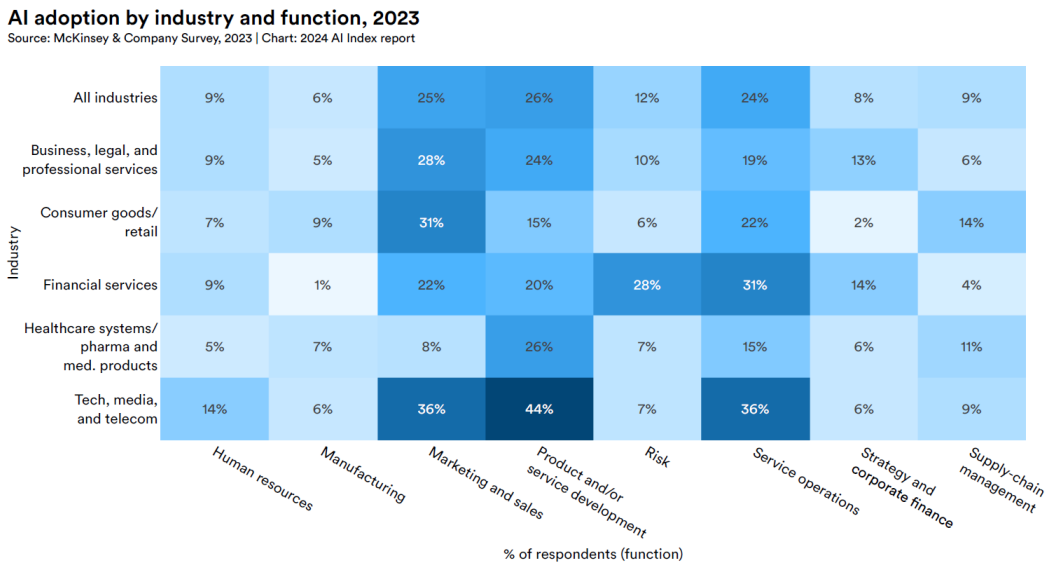


Abbildung 3: Nutzung von KI in geschäftlichen Funktionen und Branchen im Jahr 2023(Maslej et al., 2024)

Obwohl die KI viele Chancen bietet, sind auch erhebliche Herausforderungen mit ihr

verbunden. Ein wesentlicher Aspekt ist die Verbreitung von Fehlinformationen durch generative Modelle. Der AI Index Report hebt hervor, dass politische Deepfakes<sup>6</sup>, leicht zu generieren und schwer zu erkennen sind, was potenzielle Bedrohungen für die Verbreitung von Desinformation und die gesellschaftliche Stabilität darstellt (vgl. Maslej et al., 2024: 161).

Zudem stellt die unzureichende Transparenz vieler KI-Modelle weiterhin ein Problem dar. Die Abwesenheit von Standardisierungen erschwert eine systematische Risikoabschätzung und die Etablierung ethischer Standards, insbesondere in der Entscheidungsfindung autonomer Systeme sowie in der personalisierten Medizin (vgl. Maslej et al., 2024: 17).

Die Weiterentwicklung der KI wird voraussichtlich tiefgreifende Veränderungen in Schlüsselbereichen wie Energieeffizienz, nachhaltigen Technologien und der Umweltmodellierung bewirken (vgl. Maslej et al., 2024: 304). Gleichzeitig wird die Optimierung der Energieeffizienz durch KI zunehmend relevant, beispielsweise durch intelligente Steuerungssysteme in der Industrie. Allerdings stellt der steigende Energiebedarf großer KI-Modelle eine Herausforderung dar.

---

<sup>6</sup>Synthetisch erzeugte Bild- und Videomanipulationen mittels KI

## 3 Theorie

### 3.1 Bionik nach VDI 6220 Blatt 1 und 2

#### 3.1.1 Top-down- und Bottom-up-Ansätze im Kontext der Bionikspirale

Das bionische Arbeiten basiert auf zwei zentralen methodischen Herangehensweisen: dem Bottom-up-Ansatz (*Biology Push*) und dem Top-down-Ansatz (*Technology Pull*). Beide Methoden sind in der Bionikspirale strukturiert und ermöglichen eine systematische Übertragung biologischer Prinzipien auf technische Anwendungen.

##### 1. Bottom-up-Ansatz/*Biology Push*:

”Ausgangspunkt der Ideenfindung für eine bionische Entwicklung sind in diesem Fall Erkenntnisse aus der Biologie. Die Motivation für bionische Forschungsprojekte und eine Umsetzung in die Technik ergibt [...]. *Biology Push* bietet darüber hinaus die Möglichkeit der Entwicklung von Lösungsansätzen der zukünftigen Generation von Technik (Technik-Applikation), die derzeit allenfalls als Vision existieren.”

(VDI 6220 Blatt 1 2012).

##### 2. Top-down-Ansatz/*Technology Pull*:

”Im Unterschied zum *Biology Push* ist beim *Technology Pull* der Ausgangspunkt einer bionischen Entwicklung eine technische Fragestellung oder ein technisches Problem. Hier wird für bereits existierende technische Produkte, die häufig schon erfolgreich auf dem Markt etabliert sind, nach bionischen Innovationen gesucht. Die Motivation bei *Technology Pull* liegt in der Verbesserung oder Weiterentwicklung eines bestehenden Produkts oder Prozesses [...].”

(VDI 6220 Blatt 1 2012).

Diese beiden methodischen Herangehensweisen ergänzen sich und ermöglichen interdisziplinäre Ansätze zur systematischen Anwendung der Bionik. Während der *Biology Push*-Ansatz explorative Technologieentwicklungen vorantreibt, ermöglicht der *Technology Pull*-Ansatz gezielte Optimierungen bestehender Produkte und Prozesse. Beide Methoden sind essenziell für die anwendungsorientierte bionische Forschung und spielen eine zentrale Rolle in der Verbindung biologischer Prinzipien mit technischen Innovationen.

### 3.1.2 Der Prozess des bionischen Arbeitens und der Bezug zur KI

Die bionische Methodik basiert auf einem systematischen Modell, das darauf abzielt, natürliche Prinzipien zu extrahieren und für technische Anwendungen zu adaptieren. Die „Bionikspirale“, wie in *VDI 6220 Blatt 2 (2022)* beschrieben, bietet eine Struktur zur Organisation dieses Prozesses. Sie unterteilt den Innovationsprozess des Bottom-up-Ansatz in vier wesentliche Phasen:

- *Aufbereitung (I)*: Biologisches Wissen wird systematisch erfasst, relevante natürliche Systeme oder Prozesse werden identifiziert und für die weitere Analyse aufbereitet.
- *Analyse (II)*: Die Struktur, Funktion und das Verhalten eines biologischen Systems werden detailliert untersucht, um die zugrunde liegenden Mechanismen zu verstehen.
- *Abstraktion (III)*: Die ermittelten biologischen Mechanismen werden abstrahiert und in universell anwendbare Prinzipien überführt.
- *Anwendung (IV)*: Die abstrahierten Prinzipien werden auf technische Fragestellungen übertragen und in Produkte oder Prozesse integriert.

Die Schritte im Bottom-up-Prozess sind eng miteinander verwoben und wiederholen sich in einem Muster, das zusätzlich zu den vier Phasen in neun verschiedene Schritte gegliedert ist. Diese Struktur wird durch die in Abbildung 4 gezeigte Bionikspirale veranschaulicht.

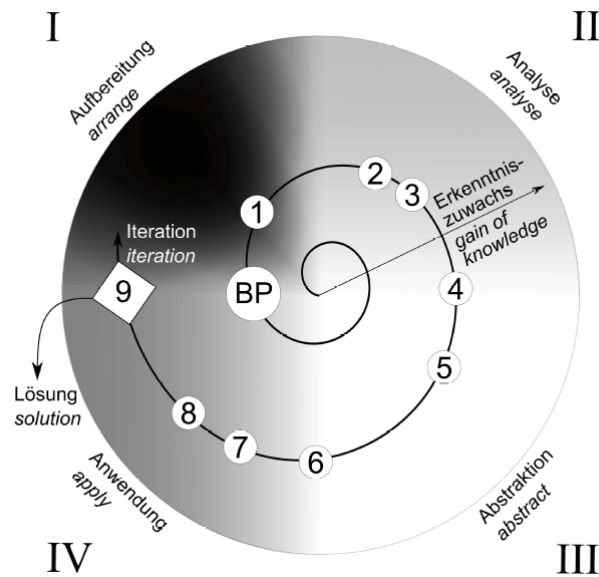


Abbildung 4: Die Bottom-Up Spirale (VDI 6220 Blatt 2 2022)

Der Top-down-Ansatz folgt ebenfalls einer Struktur mit vier Phasen:

- *Aufbereitung (I)*: Ein technisches Problem wird analysiert und in eine klar definierte Fragestellung überführt.
- *Analyse (II)*: Die Übertragung der technischen Anforderung in den biologischen Kontext erfolgt durch die gezielte Suche nach geeigneten biologischen Lösungsprinzipien.
- *Abstraktion (III)*: Die relevanten biologischen Mechanismen werden abstrahiert und hinsichtlich ihrer technischen Umsetzbarkeit bewertet.
- *Anwendung (IV)*: Das abstrahierte Lösungsprinzip wird auf die technische Problemstellung angewendet. Ein Abgleich mit der ursprünglichen Aufgabenstellung entscheidet über eine mögliche iterative Anpassung.

Die iterative Vorgehensweise des Top-down-Ansatzes sowie die koordinierte Verbindung der einzelnen Schritte werden durch die Bionikspirale, wie in Abbildung 5 illustriert, klar zusammengefasst und verdeutlicht (vgl. VDI 6220 Blatt 2 2022).

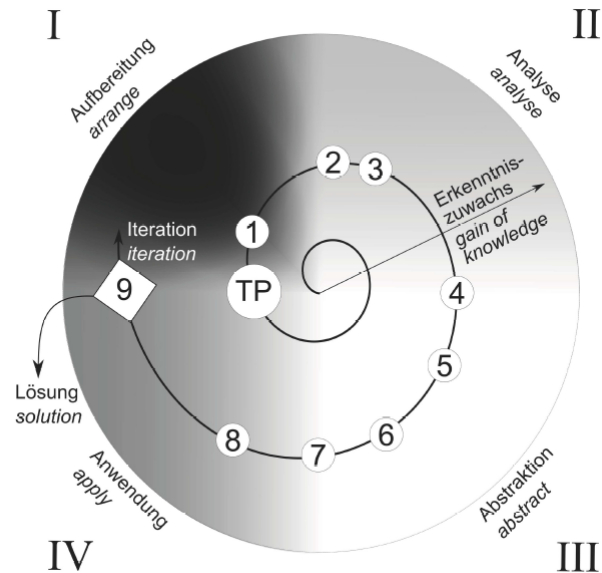


Abbildung 5: Die Top-Down Spirale (VDI 6220 Blatt 2 2022)

Die Gliederung dieser Phasen ermöglicht eine klare Strukturierung des Innovationsprozesses, um einen systematischen Übergang von biologischer Inspiration zur technischen Umsetzung zu erreichen. In den nächsten zwei Unterkapiteln erfolgt eine ausführliche Beschreibung und Analyse des bionischen Innovationsprozesses gemäß VDI 6220 Blatt 2 (2022). Dabei wird der Prozess in den methodischen Rahmen dieser Arbeit eingeordnet und eingehend behandelt.

### 3.1.3 Der Top-down-Prozess der Bionikspirale

Bei der Bionikspirale startet der Top-down-Prozess mit der *Aufbereitung der technischen Problemstellung* (Schritt 1), wo diese in eine klar formulierte Aufgabenstellung überführt wird. Es wird ein grundlegendes Verständnis der Problemstellung angestrebt, indem Anforderungen, Begriffe und Eigenschaften identifiziert und definiert werden. Daraufhin erfolgt die *Translation Technik–Biologie* (Schritt 2), in der die technische Problemstellung in biologische Begriffe übersetzt wird, um biologische Systeme oder Prinzipien zu entdecken, die ähnliche Funktionen erfüllen könnten.

Im Anschluss daran wird die *Suche nach passenden Lösungsprinzipien in der Biologie* (Schritt 3) initiiert, wobei durch eine systematische Recherche biologische Datenbanken, Fachliteratur und andere Quellen durchforstet werden, um geeignete biologische Beispiele zu identifizieren. Im darauffolgenden Schritt erfolgt in der *Auswahl geeigneter Lösungsprinzipien in der Biologie* (Schritt 4) die Bewertung der gefundenen Prinzipien

en hinsichtlich ihrer Fähigkeit, die festgelegten Anforderungen zu erfüllen. Nach dieser Evaluationsphase wird die *Auswahl eines geeigneten Lösungsprinzips*(Schritt 5) durchgeführt, wobei das am meisten vielversprechende Prinzip entsprechend vorgegebener Kriterien wie Umsetzbarkeit und Relevanz gewählt wird.

Der anschließende Schritt umfasst die *Abstraktion des biologischen Prinzips*(Schritt 6), bei dem das gewählte Prinzip unabhängig von seinem biologischen Kontext analysiert wird. Hierbei erfolgt eine Abstraktion der zugrunde liegenden Wirkmechanismen durch Untersuchungen, mathematische Modellierungen und dimensionslose Darstellungen, um sie für technische Anwendungen nutzbar zu machen. In der darauffolgenden *Translation Biologie–Technik*(Schritt 7) wird das abstrahierte Prinzip in technologische Sprache umgewandelt und an technische Bedürfnisse angepasst. Dies führt zur Entwicklung eines Konzepts, das spezifisch auf die vorgesehene Anwendung abgestimmt ist.

Anschließend wird das Konzept in der *technischen Umsetzung*(Schritt 8) umgesetzt, wobei biologisch inspirierte Prinzipien in ein Produkt oder eine Lösung eingebaut werden. Zum Schluss erfolgt die *Bewertung des Erkenntnisgewinns/Status*(Schritt 9), um zu überprüfen, ob die entwickelte Lösung die anfängliche Problemstellung angemessen adressiert. Sollte dies nicht der Fall sein, kann der Prozess wiederholt werden, um Verbesserungen oder alternative Ansätze zu entwickeln.

### 3.1.4 Der Bottom-up-Prozess der Bionikspirale

Der Bottom-up-Ansatz der Bionikspirale startet mit der *beschriebenes Naturphänomen* (Schritt 1). In diesem Schritt wird ein biologisches Phänomen identifiziert, dessen Funktionsmechanismen möglicherweise für technische Anwendungen von Bedeutung sein könnten. Diese Phase bewertet den aktuellen Stand von Forschung und Entwicklung, um die Bedeutung des natürlichen Phänomens für mögliche Einsatzgebiete zu beurteilen.

Im Rahmen der Analysephase wird zunächst ein *vertieftes Verständnis/Funktionsanalyse* aufgebaut (siehe Schritt 2). Das Hauptziel besteht darin, die zugrunde liegenden Mechanismen und Funktionen des betreffenden Phänomens systematisch zu untersuchen. Hierfür werden Funktionsanalysen verwendet, um die entscheidenden Merkmale und Eigenschaften des Phänomens genau herauszuarbeiten. Auf dieser Grundlage wird ein umfassendes *Verständnis der Prinzipien (in Biologie und Technik)*(Schritt 3) entwickelt, wobei sowohl biologische als auch technische Sichtweisen integriert werden. Dieser Prozess kann zusätzliche Recherchen und Experimente erforderlich machen und oft die

Zusammenarbeit mit Biologieexperten erfordern.

Das Ergebnis dieser Schritte ist eine *Idee/Lösung* (Schritt 4), die möglicherweise in einem technischen Kontext realisierbar ist, obwohl die spezifische praktische Anwendung zu diesem Zeitpunkt noch nicht feststeht. Im darauffolgenden Schritt findet eine *Translation Biologie–Technik* (Schritt 5) statt, bei der die biologischen Prinzipien in technische Begriffe überführt werden. Dies umfasst die Entwicklung von Modellen, die das Prinzip auf mathematischer, geometrischer oder funktionaler Basis darstellen.

Der nächste Schritt besteht in der *Abstraktion in Prinzip* (Schritt 6), mit dem Ziel, die grundlegenden Wirkmechanismen des Phänomens zu isolieren und sie von ihrem biologischen Umfeld zu lösen. Diese Abstraktion ist essenziell für die *Übertragung in die Technik* (Schritt 7). Hierbei wird das Prinzip so modifiziert und angepasst, dass es den technischen Anforderungen gerecht wird und auf die technische Umsetzung vorbereitet ist.

Der darauf folgende Schritt, die *technische Umsetzung* (Schritt 8), beinhaltet die Integration des abstrahierten Prinzips in ein Produkt oder eine technische Lösung. Abschließend wird der *Bewertung des Erkenntnisgewinns/Status* (Schritt 9) bewertet, um festzustellen, ob das entwickelte Produkt oder Konzept die festgelegten Anforderungen erfüllt und ob eine weitere Iterationsrunde notwendig ist. Diese Bewertung kann durch Demonstratoren oder Prototypen ergänzt werden, die zur Validierung der praktischen Anwendung des biologischen Prinzips beitragen.

Der iterative Bottom-up-Ansatz gestattet eine systematische Analyse natürlicher Phänomene und die Entwicklung innovativer technischer Lösungen, die auf biologischen Prinzipien beruhen (vgl. *VDI 6220 Blatt 2* 2022).

### **3.2 Die Architektur der Künstlichen Intelligenz: Bausteine und Anwendungen**

Moderne KI ist ein Zusammenspiel verschiedener Methoden und Technologien, die gemeinsam eingesetzt werden, um komplexe Probleme zu lösen. Dieses Kapitel untersucht drei wesentliche Konzepte: Machine Learning als Basis, RL als spezialisierte Technik und LLM als spezialisierte Anwendung. Machine Learning bildet die Grundlage der aktuellen KI-Systeme, während RL eine spezifische Technik in diesem Bereich darstellt. LLMs kombinieren diese Ansätze und demonstrieren die Fähigkeiten zeitgemäßer KI-Systeme (vgl. Wu et al., 2023).

### 3.2.1 Machine Learning (ML)

ML, ein Untergebiet der KI, bezieht sich auf die Fähigkeit von Systemen, aus Daten zu lernen, anstatt über explizite Programmierung gesteuert zu werden. Dieser Ansatz befähigt Rechner, Datenmuster zu identifizieren und basierend auf diesen Vorhersagen zu treffen oder Entscheidungen zu formulieren. Das übergeordnete Ziel der zugrundeliegenden Algorithmen ist, die Fehlerquote bei der Klassifikation von Daten zu reduzieren und die Genauigkeit der Vorhersagen zu steigern. Ein zentrales Konzept ist das aus Daten getriebene Lernen, bei dem ML-Algorithmen Beziehungen und Muster in den vorhandenen Informationen erkennen, um daraus zu lernen und ihre Effizienz zu verbessern. Verschiedene Algorithmen sind für unterschiedliche Aufgaben optimiert und können auf spezifische Anforderungen angepasst werden (vgl. Barthelmeß und Furbach, 2021).

”Soll ein System z. B. lernen, Bilder von Katzen zu erkennen, zeigt man ihm Katzenbilder als positive Beispiele, aber auch Bilder von anderen Tieren als negative Beispiele. Im Laufe dieser Lernphase werden die Komponenten des Systems so angepasst, dass die Fehlerrate beim Klassifizieren von Bildern möglichst gering wird.”

(Barthelmeß und Furbach, 2021).

Eine häufig genutzte Technik ist das SL, bei dem Modelle mit annotierten Daten trainiert werden. Diese Daten bestehen aus Eingabewerten, die mit den jeweiligen erwünschten Ergebnissen verknüpft sind. Im Gegensatz dazu steht das UL, bei dem die Daten keine Annotationen enthalten. Der Schwerpunkt liegt hier auf der eigenständigen Identifizierung von Strukturen und Mustern, ähnlich wie bei Clustering-Methoden<sup>7</sup> oder der Dimensionsreduktion<sup>8</sup> (vgl. Usama et al., 2019).

Im Wesentlichen ähnelt der Algorithmus des überwachten ML neuronalen Netzwerken, die durch die Struktur des menschlichen Gehirns inspiriert sind. Diese Netzwerke bestehen aus zahlreichen, miteinander verbundenen Knoten, die in verschiedenen Schichten angeordnet sind. Die Eingabeknoten verarbeiten numerische Daten und leiten sie durch die Schichten des Netzwerks, wobei in den internen Schichten Gewichtungen und Summierungen vorgenommen werden (vgl. Montesinos López et al., 2022: 382-387). Bei Vorhandensein von Fehlern in der Ausgabe werden die Gewichtungen angepasst, um die Genauigkeit der Vorhersagen zu erhöhen. Ein weiterentwickelter Typ

<sup>7</sup>Clustering ist ein Verfahren des unüberwachten Lernens, das Datenpunkte in Gruppen mit hoher interner Ähnlichkeit und maximaler äußerer Trennung einteilt.

<sup>8</sup>Die Dimensionsreduktion reduziert die Anzahl der Merkmale in einem Datensatz, ohne wesentliche Informationen zu verlieren.

dieser Netzwerke sind tiefe neuronale Netze, die im DL genutzt werden, um durch viele Schichten hinweg komplexe Muster zu identifizieren. Diese Herangehensweise bildet die Grundlage für zahlreiche moderne Anwendungen im Bereich der KI (vgl. Barthelmeß und Furbach, 2021).

Der ML umfasst mehrere zentrale Schritte: Zunächst werden die Daten für die Analyse vorbereitet und in eine strukturierte Form überführt. Anschließend erfolgt das Modelltraining, bei dem der Algorithmus durch Optimierungsverfahren seine Parameter iterativ anpasst, um die Fehlerrate zu minimieren. Nach dem Training wird die Modelleistung anhand unabhängiger Testdaten überprüft, um die Generalisierungsfähigkeit zu bewerten und mögliche Überanpassungen zu identifizieren. Falls Optimierungsbedarf besteht, werden gezielte Anpassungen vorgenommen, um die Vorhersagegenauigkeit weiter zu steigern (vgl. Barthelmeß und Furbach, 2021). Eine vereinfachte Darstellung des gesamten Prozesses findet sich in Abbildung 6.

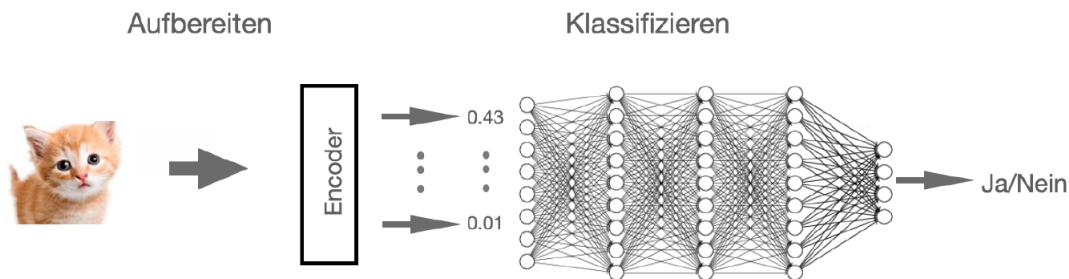


Abbildung 6: Vereinfachte Darstellung des ML anhand des Katzenbeispiels: "Ist auf dem Bild eine Katze zu sehen?" (Barthelmeß und Furbach, 2021)

Die Einsatzmöglichkeiten des ML sind zahlreich. In der Medizin kann ML beispielsweise bei der Krankheitsdiagnose oder der Entwicklung neuer Arzneimittel unterstützen (vgl. Meng, 2024). In der Robotik befähigt es Maschinen, aus Erfahrungen zu lernen und sich auf neue Gegebenheiten einzustellen (vgl. Daghotra und Jain, 2021). Andere Anwendungsfelder umfassen die Erkennung von Bildern, Spracherkennung, Verarbeitung natürlicher Sprache (vgl. Bhangale und Mohanaprasad, 2021), Empfehlungssysteme, das Finanzwesen (vgl. Villhauer, 2021: S. 383-389) sowie industrielle Anwendungen (vgl. Çınar et al., 2020).

Trotz seiner erheblichen Vorteile steht das ML vor diversen Herausforderungen. Modelle verlangen nach hochqualitativen, annotierten Trainingsdaten und benötigen signifi-

kante Rechenressourcen <sup>9</sup> für ein effektives Training. Zusätzlich sind die Entscheidungen von komplexen Modellen wie neuronalen Netzen häufig schwer zu interpretieren, was die Transparenz beeinträchtigt. Verzerrungen in den Trainingsdaten können ungenaue oder ungerechte Resultate nach sich ziehen (vgl. Hooshyar und Yang, 2021). Darüber hinaus wirft der Einsatz von ML ethische Fragestellungen auf, insbesondere im Hinblick auf Datenschutz und Diskriminierung (vgl. Barthelmeß und Furbach, 2021).

ML ist zu einem wesentlichen Mittel geworden, welches Computern erlaubt, Aufgaben zu bewältigen, die normalerweise menschlicher Interaktion bedürfen. Obwohl es viele Vorzüge aufweist, müssen die damit verbundenen Herausforderungen sorgfältig behandelt werden, um langfristig verantwortungsbewusste Lösungen sicherzustellen (vgl. Draschner et al., 2022).

### 3.2.2 Reinforcement Learning (RL)

RL ist ein Gebiet innerhalb des ML, das sich mit der Frage beschäftigt, wie maschinelle Agenten in einer gegebenen Umgebung handeln sollen, um ein bestimmtes Ziel zu erreichen. Der Agent entwickelt seine Kenntnisse durch Interaktionen mit der Umgebung, während er Aktionen ausführt und dafür Belohnungen oder Bestrafungen erhält, wodurch er seine Strategie, die auch als Policy bezeichnet wird, kontinuierlich modifiziert. Der Zweck von RL ist es, eine Policy zu entwickeln, die die erwartete kumulative Belohnung über einen Zeitraum maximiert. Dieses Verfahren dient als allgemeines Rahmenwerk für Entscheidungsprozesse und findet Anwendung in verschiedenen Bereichen (vgl. Matsuo et al., 2022).

Ein wichtiger Bestandteil des Reinforcement Learnings ist die Interaktion zwischen Agent und Umgebung. Der Agent nimmt den aktuellen Zustand der Umgebung wahr und entscheidet sich für eine Aktion, woraufhin er eine Belohnung oder Bestrafung erhält. Diese gewählte Aktion verändert zudem den Zustand der Umgebung. Die vom Agenten benutzte Strategie, auch Policy genannt, kann entweder deterministisch sein, wobei sie für jeden Zustand eine spezifische Aktion festlegt, oder stochastisch, indem sie eine Wahrscheinlichkeitsverteilung für mögliche Aktionen bereitstellt. Das Ziel vieler RL-Algorithmen besteht darin, die optimale Policy zu finden, die die langfristige Belohnung maximiert (vgl. Matsuo et al., 2022).

Eine weitere grundlegende Idee im Bereich des RL ist das Belohnungssignal. Dieses Si-

---

<sup>9</sup>Umfasst spezialisierte Hardware wie GPUs, TPUs und Hochleistungsrechner, die für das Training großer Modelle erforderlich sind.

gnal informiert den Agenten darüber, ob seine Handlungen erfolgreich waren. Das Belohnungssignal kann sowohl positiv als auch negativ sein und spielt eine wesentliche Rolle dabei, dem Agenten beizubringen, solche Aktionen zu bevorzugen, die zu größeren zukünftigen Belohnungen führen (vgl. Matsuo et al., 2022).

Der Agent lernt kontinuierlich und iterativ, indem er verschiedene Handlungen testet und die Rückmeldungen der Umgebung auswertet. Dabei ist die Erkundung, also das Ausprobieren neuer Taktiken, entscheidend, um zu verhindern, dass der Agent in nicht optimalen Verhaltensweisen verharrt (vgl. Shen, 2022).

Eine der wichtigsten Fortschritte im Bereich des Reinforcement Learning ist das Deep Reinforcement Learning (DRL), das RL mit DL integriert. Der Einsatz neuronaler Netze ermöglicht die Bewältigung komplexer Aufgaben, wie etwa die Steuerung von Robotern oder das Gewinnen in Strategiespielen wie Schach. Eine weitere Variante ist das Offline RL, bei dem eine Strategie basierend auf bereits gesammelten Daten optimiert wird, ohne dass der Agent weiterhin mit seiner Umgebung interagiert. Diese Methode reduziert Kosten und Risiken und findet Anwendung in Bereichen wie der medizinischen Diagnostik und der Steuerung autonomer Fahrzeuge (vgl. Matsuo et al., 2022).

Zudem existieren fortgeschrittene Methoden, wie die Verwendung von Successor Features <sup>10</sup> sowie die Entropie-Regularisierung <sup>11</sup>, die das Entdeckungsverhalten eines Agenten fördern. Ansätze wie hierarchisches Reinforcement Learning (HRL) <sup>12</sup> und Imitation Learning <sup>13</sup> bieten zusätzliche Techniken, um komplexe Probleme effizient zu bewältigen und durch Demonstrationen zu lernen (vgl. Matsuo et al., 2022).

Die Rückkopplungsschleife ist zudem eng mit der Neurowissenschaft verknüpft. Zahlreiche Elemente des RL werden durch die Funktion des Gehirns inspiriert, insbesondere durch die Belohnungsmechanismen, die vom Neurotransmitter Dopamin beeinflusst werden. Die sogenannte „Reward-is-Enough“-Hypothese schlägt sogar vor, dass die bloße Optimierung der Belohnung ausreicht, um sämtliche Merkmale der Intelligenz zu erzeugen (vgl. Matsuo et al., 2022) (siehe Abb. 7).

---

<sup>10</sup>Ermöglichen den Wissenstransfer zwischen Aufgaben durch geteilte Zustandsrepräsentationen.

<sup>11</sup>Fördert Exploration, indem sie zufälligeren Aktionen begünstigt.

<sup>12</sup>Zerlegt komplexe Aufgaben in kleinere Teilaufgaben für effizienteres Lernen.

<sup>13</sup>Agenten lernen durch Nachahmung menschlicher oder simulierter Demonstrationen.

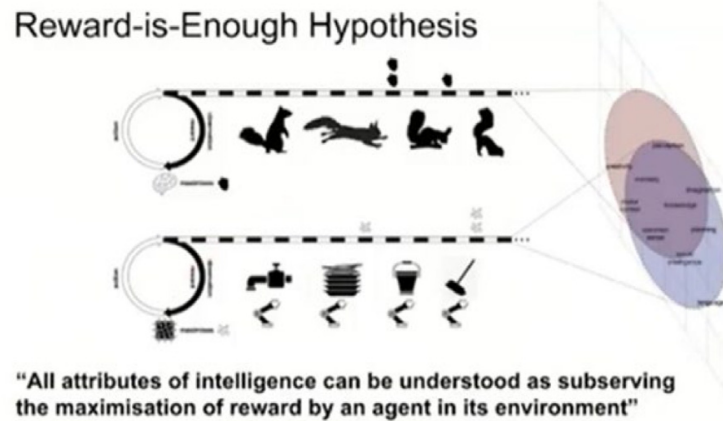


Abbildung 7: „Reward-is-Enough“-Hypothese (Matsuo et al., 2022)

RL stellt insgesamt ein vielseitiges und leistungsstarkes Framework dar, das in Bereichen wie Robotik, Entscheidungsfindung, Spieleentwicklung sowie zahlreichen weiteren Anwendungen von hoher Bedeutung ist. Durch kontinuierliche Interaktion mit der Umgebung erlernt der Agent die Entwicklung optimaler Strategien und die eigenständige Lösung komplexer Aufgaben (vgl. Xiang und Foo, 2021).

### 3.2.3 Large Language Models

KI-Systeme, bekannt als Large Language Model, sind darauf ausgelegt, sowohl Texte zu verarbeiten als auch zu generieren. Diese Systeme integrieren *Machine Learning* und *Reinforcement Learning* und verwenden sowohl *Supervised Learning* für spezielle Aufgaben als auch umfangreich *unüberwachtes Lernen* (vgl. Chen et al., 2024). Diese Methodenkombination befähigt sie dazu, menschenähnliche Texte zu erzeugen und komplexe Datenstrukturen sowie Muster zu erkennen. Im Folgenden wird ihre Funktionsweise detailliert beschrieben.

Die Architektur von Großmodellen für Sprachverarbeitung stützt sich meist auf die *Transformer-Architektur*, die besondere Effizienz bei der Erfassung kontextueller Zusammenhänge in Texten zeigt. Anders als herkömmliche sequentielle Modelle, die Wörter strikt nacheinander verarbeiten, ermöglicht die *Self-Attention-Mechanik* der Transformer eine simultane Betrachtung aller Wörter eines Inputs. Dies wird durch die Berechnung von Gewichtungen erreicht, die bestimmen, welche Textteile für die Bedeutung eines bestimmten Wortes besonders wichtig sind. Ein Modell kann somit etwa erkennen, dass in dem Satz „Die Zelle teilt sich und bildet zwei Tochterzellen“ das Wort „Zelle“ sowohl zu „teilt“ als auch zu „Tochterzellen“ eine starke semantische Beziehung

hat, unabhängig von intervenierenden Strukturen (vgl. Naveed et al., 2024).

In der Transformer-Architektur gibt es verschiedene Modellvarianten, die sich durch unterschiedliche Strukturen und Methoden der Informationsverarbeitung auszeichnen. Eine gängige Variante sind die *Encoder-Decoder-Architekturen*, die sich in zwei Module unterteilen: Der *Encoder* nimmt den gesamten Eingabestrom auf und verwandelt ihn in eine abstrakte Form, während der *Decoder* schrittweise diese Form dekodiert, um daraus die Ausgabe zu erzeugen. Diese Architektur ist besonders nützlich in Szenarien, die eine umfassende Analyse des Inputs erfordern, wie zum Beispiel maschinelle Übersetzung, bei der es notwendig ist, den gesamten Satz zu analysieren, bevor eine sinnvolle Übersetzung erstellt werden kann. Der Decoder nutzt dabei *Cross-Attention*, indem er die Repräsentationen des Encoders verwendet und sich auf jene Teile des Inputs konzentriert, die für die aktuelle Ausgabe besonders bedeutungsvoll sind (vgl. Naveed et al., 2024).

Eine alternative Architektur stellen *Causal Decoder* dar, die gänzlich ohne Encoder arbeiten und sich ausschließlich auf zuvor generierte Wörter stützen. Diese Struktur findet Anwendung in autoregressiven Sprachmodellen wie GPT, welche eine Sequenz schrittweise, Wort für Wort oder Token für Token, erstellen. Ein kausaler Dekodierer bezieht sich dabei lediglich auf vorherige Token und ist nicht in der Lage, zukünftige Betrachtungen anzustellen. Daher ist er besonders geeignet für Aufgaben, die eine kontinuierliche Textproduktion erfordern, wie zum Beispiel die Beantwortung von Fragen oder Echtzeit-Textgenerierung (siehe Naveed et al., 2024).

Zusätzlich gibt es *Prefix LM*, die auch als *bidirektionale Modelle* bekannt sind. Im Gegensatz zu Causal Decodern, die ausschließlich in einer vorwärtsgerichteten Richtung operieren, integrieren Prefix Decoder Informationen sowohl aus der Vergangenheit als auch aus zukünftigen Teilen einer Sequenz. Diese Architektur ist besonders geeignet für Anwendungen wie Textverständnis und -zusammenfassungen, die nicht nur den vorangegangenen, sondern auch den nachfolgenden Kontext einbeziehen (vgl. Naveed et al., 2024).

Ein weiterer bedeutender Fortschritt ist die *Mixture-of-Experts (MoE)-Architektur*, ein Modellkonzept, das darauf ausgerichtet ist, die Effizienz von umfangreichen Sprachmodellen zu optimieren. MoE-Modelle beinhalten mehrere parallele „Experten“-Netzwerke, deren Fokus auf unterschiedlichen Aspekten einer Aufgabe liegt. Ein als Router bezeichnetes Modul bestimmt dynamisch, welcher „Experte“ für eine spezifische Eingabe zuständig ist, wodurch die Rechenlast effizient verteilt wird. Diese Herange-

hensweise gestattet die skalierbare Nutzung von sehr großen Modellen mit Milliarden von Parametern, indem nicht sämtliche Netzwerkkomponenten bei jeder Operation aktiviert werden müssen (vgl. Naveed et al., 2024).

Die Auswahl einer spezifischen Architektur richtet sich stark nach der beabsichtigten Anwendung. So sind Encoder-Decoder-Modelle ideal für Aufgaben, die eine umfassende Analyse des Inputs erfordern, wie z.B. bei der Übersetzung oder Zusammenfassung von Texten. Im Gegensatz dazu werden Causal Decoder hauptsächlich in autoregressiven Systemen genutzt, die neue Texte sequenziell erzeugen. Prefix Decoder bieten einen Kompromiss, indem sie bidirektionale Informationsverarbeitung ermöglichen. Des Weiteren ist die Mixture-of-Experts-Architektur vielversprechend für die Effizienzsteigerung, da sie verschiedene neuronale Netzwerke zielgerichtet auf bestimmte Eingaben abstimmt. Diese Fortschritte verdeutlichen die Vielschichtigkeit moderner Sprachmodelle und deren Kapazität, unterschiedliche linguistische und semantische Herausforderungen je nach architektonischem Design zu meistern. (vgl. Naveed et al., 2024).

LLMs werden durch *selbstüberwachtes Lernen* auf umfangreichen Textkorpora trainiert. Die primären Trainingsziele umfassen die vollständige Sprachmodellierung, bei der das Modell basierend auf vorherigen Tokens versucht, zukünftige vorherzusagen, sowie die Präfix-Sprachmodellierung, die ein zufällig gewähltes Präfix nutzt, wobei nur die verbleibenden Zieltokens zur Verlustberechnung herangezogen werden (vgl. Naveed et al., 2024).

Zu Beginn werden LLMs zunächst mit umfangreichen Textdatensätzen trainiert, um ein breites Sprachverständnis zu erlangen. Dabei werden oft Milliarden von Parametern genutzt. Um die Leistungsfähigkeit für bestimmte Aufgaben zu steigern, werden diese vortrainierten Modelle durch spezielle Verfahren wie *Transferlernen* oder *Instruction-Tuning* feinabgestimmt, wobei das Training an Anweisungsdaten ausgerichtet wird. Zur Anpassung der Modelle an menschliche Präferenzen wird das Verfahren des *Reinforcement Learning with Human Feedback* (RLHF) verwendet, welches *Reward Modeling* und *Verstärkungslernen* beinhaltet (vgl. Naveed et al., 2024).

LLMs können mit verschiedenen Prompt-Methoden angesprochen werden. Beim *Zero-Shot-Prompting* beantwortet das Modell Fragen ohne jegliche Beispiele in der Anfrage. *Few-Shot-Learning* hingegen bietet dem Modell einige Beispiele von Eingaben und deren entsprechenden Ausgaben. Das *Chain-of-Thought (CoT)*-Prompting kombiniert diverse Eingabe-Ausgabe-Demonstrationen, um komplexe, mehrstufige Überlegungen zu unterstützen. Die *Self-Consistency*-Methode erhöht die Effektivität des CoT, indem

sie mehrere Lösungsvorschläge generieren lässt und daraus die am häufigsten vorkommende Antwort wählt (vgl. Naveed et al., 2024).

Erweiterte LLMs verwenden externes Wissen für präzisere Antworten, wie etwa bei der *Retrieval Augmented Generation* (RAG). *Tool Augmented LLMs* zerlegen Aufgaben in kleinere Schritte und nutzen externe Werkzeuge. Im Gegensatz dazu verarbeiten *Multimodale LLMs* Informationen aus unterschiedlichen Modalitäten wie Text, Bilder und Audio (vgl. Naveed et al., 2024).

Die Entwicklung und Implementierung von LLMs bringt diverse Herausforderungen mit sich, wie den Bedarf an umfangreichen Daten und Rechenkapazitäten, Datenverzerrungen, halluzinatorische Antworten (fehlerhafte Informationen) und Fragen des Datenschutzes. Die Evaluierung basiert auf Benchmarks wie *Natural Language Understanding* (NLU) und *Natural Language Generation* (NLG), die zur Leistungsmessung dieser Modelle verwendet werden (vgl. Naveed et al., 2024).

## 4 Material und Methoden

### 4.1 Material

#### Large Language Models

Die Modelle GPT-4.o, Gemini 2.0, Claude 3.5 und Llama 3.3 sind im Allgemeinen frei verfügbar, was eine wesentliche Voraussetzung für diese Arbeit ist, da dadurch ein interdisziplinärer, wissenschaftlich zugänglicher Ansatz verfolgt werden kann. Einige Modelle unterliegen jedoch Nutzungsbeschränkungen: Während Gemini 2.0 uneingeschränkt verfügbar ist, erlauben GPT-4.o, Claude 3.5 und Llama 3.3 nur eine limitierte Anzahl von Anfragen innerhalb eines bestimmten Zeitraums. Nach Erreichen dieses Limits ist eine Wartezeit erforderlich, bevor weitere Anfragen möglich sind. Trotz dieser technischen Einschränkungen sind alle Modelle hinreichend zugänglich, um eine vergleichende Untersuchung ihrer Leistungsfähigkeit in bionischen Innovationsprozessen zu ermöglichen.

Ein zentraler Aspekt von LLMs ist die Anzahl ihrer Parameter. Auch wenn diese Kennzahl nicht für alle LLMs allgemein zugänglich ist, wird sie häufig als Indikator für die potenzielle Kapazität eines Modells herangezogen. Ein Parameter in einem neuronalen Netzwerk repräsentiert eine mathematische Gewichtung, die während des Trainingsprozesses angepasst wird, um die Mustererkennungsfähigkeit des Modells zu optimieren. Allerdings bedeutet eine größere Anzahl an Parametern nicht zwangsläufig eine höhere Qualität oder bessere Leistung. Faktoren wie das zugrunde liegende Trainingsverfahren, die Datenqualität und die Modellarchitektur spielen ebenfalls eine entscheidende Rolle.

In der Bionik ist diese Differenzierung besonders wichtig, da Innovationsprozesse in diesem Bereich nicht nur auf der Fähigkeit eines Modells basieren, umfangreiche Datenmengen zu verarbeiten, sondern vor allem auf der Fähigkeit, präzise biologische Mechanismen zu erkennen und in technische Umsetzungen zu integrieren. Ein effizientes LLM für die Bionik sollte daher nicht nur über hohe Rechenleistung verfügen, sondern auch fähig sein, interdisziplinäre Zusammenhänge zu identifizieren und wissenschaftlich fundiert darzustellen. Daher hängt die Auswahl des Modells nicht nur von der Netzwerkgröße ab, sondern von einer Kombination aus Genauigkeit, Kontextverständnis und der Fähigkeit zur strukturierten Verknüpfung von Wissen.

#### 4.1.1 GPT 4.o

GPT-4.o ist ein von OpenAI im Mai 2024 veröffentlichtes Sprachmodell, das eine optimierte Architektur verwendet. Der Zusatz „o“<sup>14</sup> verweist auf eine gesteigerte Effizienz und eine höhere Verarbeitungsgeschwindigkeit. Während GPT-4 mit 175 Milliarden Parametern arbeitet, wurde GPT-4.o laut Berichten auf 12 Milliarden Parameter reduziert, um mit geringeren Rechenressourcen eine vergleichbare Leistung zu erzielen ((vgl. Shakrapani, 2024)).

GPT-4.o ist als omnimodales Modell konzipiert. Es akzeptiert beliebige Kombinationen von Text, Audio, Bild und Video als Eingabe und generiert Text, Audio und Bild als Ausgabe. Das Modell wurde End-to-End über Text, Vision und Audio trainiert, wodurch alle Ein- und Ausgaben vom selben neuronalen Netzwerk verarbeitet werden (*OpenAI 2024*).

Ein wesentlicher Aspekt ist die Reduktion des Rechenaufwands. Laut Berichten wurde GPT-4.o mit einem Datensatz von 45 GB trainiert, während GPT-4 auf einem 570 GB großen Datensatz basiert (vgl. Shakrapani, 2024). GPT-4.o erreicht die Leistung von GPT-4 Turbo bei englischem Text und Code und zeigt Verbesserungen bei nicht-englischen Sprachen (*OpenAI 2024*).

Die Reaktionszeit auf Audioeingaben liegt bei 232 Millisekunden, im Durchschnitt bei 320 Millisekunden, was der menschlichen Reaktionszeit in Gesprächen ähnelt (*OpenAI 2024*). Die API ist zudem 50 % kostengünstiger als die von GPT-4 Turbo (*OpenAI 2024*).

GPT-4.o wurde in verschiedenen Evaluierungen getestet. Das Modell zeigte laut OpenAI vielversprechende Ergebnisse bei wissenschaftlichen Aufgaben, einschließlich der Fähigkeit, Quantenphysik auf Forschungsebene zu verstehen und domänenspezifische wissenschaftliche Werkzeuge zu verwenden (*OpenAI 2024*).

Im Gesundheitswesen unterstützt GPT-4.o den Zugang zu gesundheitsbezogenen Informationen und die Optimierung klinischer Arbeitsabläufe. Es zeigte in 21 von 22 Evaluierungen eine verbesserte Leistung im Vergleich zu GPT-4 Turbo (*OpenAI 2024*).

Darüber hinaus unterstützt GPT-4.o historisch unterrepräsentierte Sprachen. Es verbessert das Leseverständnis und die Argumentation in diesen Sprachen und verringert die Leistungsdifferenz zu Englisch (*OpenAI 2024*).

OpenAI implementierte verschiedene Sicherheitsmaßnahmen zur Risikominimierung. Diese umfassen die Identifikation potenzieller Gefahren, wie Informationsschäden, Vor-

---

<sup>14</sup>für „optimized“

eingenommenheit und diskriminierende Inhalte. Der Entwicklungsprozess beinhaltet Vortraining, Nachtraining sowie produktspezifische Richtlinien (*OpenAI* 2024).

Zur weiteren Absicherung arbeitete OpenAI mit über 100 externen Red-Teamern zusammen, die 45 Sprachen sprechen und aus 29 Ländern stammen (*OpenAI* 2024).

Obwohl die optimierte Architektur vorteilhaft ist, bringt sie einige Limitierungen mit sich. Aufgrund des gezielten Schwerpunkts auf spezialisierte Anwendungen und der reduzierten Modellgröße weist GPT-4.0 im Vergleich zu GPT-4 eine eingeschränkte Flexibilität und Anpassungsfähigkeit auf. Während es bei klar definierten Fachaufgaben Effizienz demonstriert, können bei komplexeren oder weniger strukturierten Aufgaben Herausforderungen auftreten.

#### **Stärken:**

- Optimiert für Effizienz und Schnelligkeit bei gleichzeitig hoher Leistungsfähigkeit.
- Unterstützt Multimodalität (Text, Audio, Bild und Video) und Echtzeit-Anwendungen.
- Ressourcenschonende und kosteneffiziente Nutzung durch reduzierte API-Nutzungskosten und höhere Verarbeitungsgrenzen.

#### **Schwächen:**

- Eingeschränkte Flexibilität und Anpassungsfähigkeit im Vergleich zu GPT-4.
- Geringere Parameterzahl und reduzierter Trainingsdatensatz können bei breit gefächerten oder kreativen Aufgaben Defizite verursachen.

#### **4.1.2 Gemini 2.0**

Das im Dezember 2024 von Google DeepMind veröffentlichte KI-Modell Gemini 2.0 stellt eine Weiterentwicklung multimodaler Sprachmodelle dar. Es basiert auf den Vorgängermodellen Gemini 1.0 und 1.5 und integriert native Multimodalität, erweiterte logische Schlussfolgerungsfähigkeiten sowie eine verbesserte Nutzung externer Werkzeuge. Ziel des Modells ist die Entwicklung von KI-Agenten, die komplexe Problemstellungen bearbeiten, logische Zusammenhänge analysieren und Informationen in Echtzeit verarbeiten können. Der Einsatz der sechsten Generation von Trillium-TPUs (TPU v6<sup>15</sup>)

---

<sup>15</sup>TPU bezeichnet die Tensor Processing Unit, auch bekannt als Tensor-Prozessor, ein Prozessor zur Beschleunigung von ML

trägt zur Reduzierung der Latenzzeiten und einer verbesserten Energieeffizienz bei (vgl. Kavukcuoglu et al., 2024).

Eine wesentliche Eigenschaft von Gemini 2.0 ist die Fähigkeit, verschiedene Datenformate wie Texte, Bilder, Videos und Audiodateien zu verarbeiten und zu generieren. Diese multimodalen Funktionen ermöglichen Anwendungen in Bereichen wie automatisierter Text-Bild-Analyse, Echtzeit-Übersetzungen und interaktiven grafischen Systemen. Die Einführung der Multimodal-Live-API soll die Echtzeitverarbeitung weiter optimieren und eine bessere Integration in bestehende Google-Dienste sowie Drittanbieter-Anwendungen ermöglichen.

Gemini 2.0 integriert Methoden zur gezielten Untersuchung und Organisation von umfangreichen Datensätzen. Besonders hervorzuheben ist das „Deep Research“-Modul, das zur kontextuellen Ableitung von Schlussfolgerungen entwickelt wurde und die Darstellung komplexer Datensysteme unterstützt. Diese Eigenschaften machen es für analytische und berichtsbezogene Aufgaben in sowohl professionellen als auch alltäglichen Umgebungen nützlich (vgl. Kavukcuoglu et al., 2024).

#### **Stärken:**

- Fortschrittliche Multimodalität mit Unterstützung für verschiedene Datenformate.
- Geringe Latenzzeiten und verbesserte Energieeffizienz durch TPU v6-Technologie.
- Optimierte Tool-Integration und Echtzeit-Datenverarbeitung.

#### **Schwächen:**

- Die anspruchsvollen Hardwarevoraussetzungen (TPU v6) könnten den Zugang für Entwickler mit begrenzten Ressourcen einschränken.
- Einige Funktionen sind weiterhin im Stadium der Optimierung.

#### **4.1.3 Llama 3.3**

Meta hat mit Llama 3.3 die neueste Version seiner LLM-Reihe veröffentlicht. Das Modell wurde auf Effizienzsteigerung und eine verbesserte Skalierbarkeit optimiert und findet Anwendung sowohl in der Forschung als auch in kommerziellen Bereichen. Llama 3.3 wurde darauf ausgerichtet, mit anderen führenden Modellen wie Gemini Pro 1.5 von Google und GPT-4.0 von OpenAI vergleichbare Ergebnisse zu erzielen (vgl. Engelking, 2024).

Das Modell weist eine hohe Genauigkeit bei der Bearbeitung von Anweisungen auf. Im IFEval-Benchmark<sup>16</sup>, erzielte Llama 3.3 eine Erfolgsquote von 92,1 % und liegt damit auf dem gleichen Niveau wie Amazon Nova Pro. In Tests mit erweiterten Kontexten, wie dem NIH/Multi-needle-Test<sup>17</sup>, erreichte das Modell eine Trefferrate von 97,5 %, was geringfügig unter der Leistung seines Vorgängers Llama 3.1 liegt (vgl. Engelking, 2024).

Llama 3.3 zeigt zudem eine solide Leistung bei mehrsprachigen Aufgaben. Im Multilingual MGSM-Datensatz<sup>18</sup>, erreichte das Modell eine Genauigkeit von 91,1 %. Diese Ergebnisse unterstreichen die Fähigkeit des Modells, präzise Antworten in verschiedenen sprachlichen Umgebungen zu generieren (vgl. Engelking, 2024).

Das Modell wird unter einer Open-Source-Lizenz<sup>19</sup> veröffentlicht, jedoch mit Nutzungsbeschränkungen für Unternehmen mit mehr als 700 Millionen monatlich aktiven Nutzern. Es ist über Plattformen wie Hugging Face sowie Metas eigene Infrastruktur verfügbar. Meta gibt an, dass über 600 Millionen Menschen weltweit Llama-Modelle nutzen und insgesamt 650 Millionen Downloads verzeichnet wurden. Neben Forschung und industriellen Anwendungen findet das Modell auch in sicherheitsrelevanten Bereichen Verwendung (vgl. Engelking, 2024).

Trotz der insgesamt hohen Leistungsfähigkeit zeigt Llama 3.3 bei bestimmten Aufgaben, insbesondere bei komplexen mathematischen Berechnungen, eine etwas geringere Genauigkeit im Vergleich zur vorherigen Version Llama 3.1. Diese Abweichung könnte zugunsten einer verbesserten Betriebseffizienz und Ressourcennutzung in Kauf genommen worden sein. Darüber hinaus wurde das Modell nicht für die EU veröffentlicht, da regulatorische Anforderungen eine zusätzliche Herausforderung darstellen (vgl. Engelking, 2024).

Da Llama 3.3 in Deutschland nicht direkt über die offizielle Meta-Plattform verfügbar ist, wurde für diese Analyse eine öffentlich zugängliche Variante über Perplexity Labs genutzt. Es ist jedoch zu beachten, dass die Nutzung über Drittanbieter zu Abweichungen in den Ergebnissen führen kann. Daher könnte die hier getestete Version von Llama 3.3 nicht vollständig der Originalimplementierung von Meta entsprechen. Diese Einschränkung sollte bei der Interpretation der Ergebnisse berücksichtigt werden.

<sup>16</sup>Ein Benchmark zur Bewertung der Fähigkeit von LLMs, verifizierbare Anweisungen zu befolgen. Es umfasst 500 standardisierte Testprompts mit 25 Instruktionstypen. (vgl. Zhou et al., 2023)

<sup>17</sup>NIH = Needle in haystack, bzw. Nadel(n) im Heuhaufen, misst die Konsistenz eines Modells bei langen Kontexten (Nelson et al., 2024)

<sup>18</sup>Testet die Lösung 250 mathematischer Probleme in zehn Sprachen.

<sup>19</sup>Open Source bezeichnet Software, deren Quellcode öffentlich zugänglich ist, wodurch Nutzer ihn einsehen, verändern und weiterverbreiten können.

**Stärken:**

- Hohe Präzision bei mehrsprachigen und kontextbasierten Aufgaben.
- Effiziente Architektur mit optimierter Ressourcennutzung.
- Open-Source-Ansatz mit breiter Verfügbarkeit für Forschung und industrielle Anwendungen.

**Schwächen:**

- Geringfügig reduzierte Leistung bei mathematischen Aufgaben im Vergleich zu Llama 3.1.
- Eingeschränkte Verfügbarkeit in der EU aufgrund regulatorischer Vorgaben.

**4.1.4 Claude 3.5**

Claude 3.5 Sonnet, ein KI-Modell von Anthropic, wurde im Juni 2024 eingeführt und stellt eine Weiterentwicklung der Claude-Modellreihe dar. Diese Version kombiniert die Effizienz der Claude-3-Sonnet-Architektur mit einer gesteigerten Leistungsfähigkeit, die in bestimmten Benchmarks über der bisher leistungsstärksten Variante liegt (vgl. Anthropic, 2024b; Anthropic, 2024a).

Das Modell wurde für anspruchsvolle Anwendungen konzipiert und verfügt über erweiterte Fähigkeiten in den Bereichen logische Deduktion, mehrstufige Prozesssteuerung sowie Programmierung. Interne Tests zeigen, dass Claude 3.5 Sonnet 64 % der getesteten Programmieraufgaben bewältigte, während Claude 3 Opus eine Erfolgsrate von 38 % erreichte. Diese Bewertung testete die Fähigkeit des Modells, eine Open-Source-Codebasis zu analysieren und eine Pull-Anfrage zu implementieren, was es insbesondere für die Aktualisierung bestehender Software und die Migration von Codebasen geeignet macht (vgl. Anthropic, 2024b)(vgl. Anthropic, 2024a).

Darüber hinaus bietet Claude 3.5 Sonnet verbesserte Fähigkeiten in der visuellen Analyse. Es zeigt eine höhere Präzision bei der Interpretation von Diagrammen, der Verarbeitung wissenschaftlicher Grafiken und des Dokumentenverständnisses. Besonders im Bereich des visuellen mathematischen Denkens und der Beantwortung komplexer Fragen zu Diagrammen übertrifft es seine Vorgängermodelle (vgl. Anthropic, 2024a).

Das Modell wurde auf seine Abrufleistung bei Kontextlängen von bis zu 200.000 Token getestet, wobei es Claude 3 Opus in der durchschnittlichen Retrieval-Performance übertraf. Zudem wurde festgestellt, dass Claude 3.5 Sonnet eine höhere Akzeptanzrate für

korrekt formulierte Anfragen besitzt, während es gleichzeitig weniger falsche Verweigerungen bei schädlichen oder unklaren Anfragen zeigt (vgl. Anthropic, 2024a).

Ein innovatives Merkmal ist die „Artifacts“-Funktion, die eine dynamische Erstellung, Bearbeitung und Integration KI-generierter Inhalte wie Code-Fragmente, Textdokumente oder Webdesign-Komponenten ermöglicht. Damit erweitert das Modell seinen Funktionsumfang von einer dialogbasierten KI hin zu einem interaktiven Werkzeug für kollaborative Arbeitsprozesse (vgl. Anthropic, 2024b).

Claude 3.5 Sonnet wurde extern evaluiert, unter anderem durch das UK Artificial Intelligence Safety Institute (UK AISI). Es wurde als Modell der Sicherheitsstufe ASL-2 eingestuft, was bedeutet, dass es keine Gefahr katastrophaler Schäden darstellt (vgl. Anthropic, 2024a). Zudem zeigen Ergebnisse aus menschlichen Präferenztests, dass Fachleute Claude 3.5 Sonnet in verschiedenen Bereichen bevorzugen: Es erreichte "Win Rates" von bis zu 82 % in Jura, 73

Bei der Nutzung von Claude.ai wurden Begrenzungen hinsichtlich der Anzahl zulässiger Anfragen pro Zeiteinheit festgestellt. Nach Erreichen des Limits ist eine Wartezeit erforderlich, bevor weitere Anfragen gestellt werden können. Diese Einschränkung kann sich insbesondere bei umfangreichen Tests auf die Konsistenz und Vergleichbarkeit der Ergebnisse auswirken. Zudem ermöglicht Claude.ai die Anpassung des Antwortstils an verschiedene Anforderungen. Für diese Analyse wurde der Standardstil genutzt, um eine einheitliche Vergleichbarkeit mit anderen getesteten Modellen zu gewährleisten (vgl. Anthropic, 2024b).

### **Stärken:**

- Hohe Präzision bei Programmieraufgaben und visuellem Datenmanagement.
- „Artifacts“-Feature für dynamische Integration von KI-generierten Inhalten.
- Verbesserte Sicherheits- und Datenschutzmaßnahmen durch externe Evaluierungen.

### **Schwächen:**

- Begrenzte Anpassungsfähigkeit bei kreativen oder vielseitigen Aufgaben.
- Abhängigkeit von der Qualität und Spezialisierung der Trainingsdaten.

## Spezialisierte Tools auf Basis von LLMs (mit Spezialisierung durch ML)

### 4.1.5 Elicit

Elicit ist ein KI-unterstütztes Instrument, das konzipiert wurde, um Forschende und Studierende bei der Recherche und Untersuchung wissenschaftlicher Literatur zu unterstützen. Das von der gemeinnützigen Organisation Ought entwickelte Tool vereinfacht die Analyse wissenschaftlicher Literatur, indem es relevante Publikationen aus der Semantic Scholar-Datenbank sammelt, strukturiert präsentiert und wesentliche Informationen wie Zusammenfassungen, Studiendesigns, Ergebnisse und Teilnehmerzahlen bietet (vgl. Kung, 2023). Es ist besonders geeignet für empirische Fragen, die sich auf Interventionen oder deren Auswirkungen beziehen, wie beispielsweise „Welchen Einfluss hat X auf Y?“ (vgl. Kung, 2023).

Eine wichtige Funktion von Elicit ist die Fähigkeit, eine Liste relevanter Konzepte im spezifischen Forschungskontext, wie etwa der Bionik, zu erstellen. Diese Funktion unterstützt Forschende dabei, zentrale Themen oder Begriffe zu erkennen und diese für weiterführende Analysen oder Diskussionen zu verwenden. Das Werkzeug ermöglicht außerdem die Konstruktion interaktiver Fragen zu Artikeln, um detaillierte Aspekte, wie beispielsweise getestete Hypothesen oder die methodische Vertrauenswürdigkeit, zu evaluieren. Die KI analysiert die Publikationstexte und hebt die betreffenden Passagen hervor.

Elicit hebt sich durch seine benutzerfreundliche, klare und intuitive Gestaltung hervor. Anwender\*innen können überflüssige Artikel mühelos aus der Ergebnisliste entfernen, was zu einer dynamischen Aktualisierung dieser Liste führt (vgl. Kung, 2023). Artikel, die als besonders relevant erachtet werden, können als Favoriten gespeichert und später erneut eingesehen werden. Das Tool liefert zudem wertvolle Kontextinformationen, darunter Zitationszahlen (vgl. Kung, 2023). Eine integrierte Funktion schlägt Synonyme oder alternative Begriffe vor, um die Recherche zu optimieren (vgl. Kung, 2023). Darüber hinaus unterstützt Elicit die Entwicklung neuer Forschungsfragen durch eine Brainstorming-Funktion (vgl. Kung, 2023).

Elicit ist trotz seiner diversen Einsatzmöglichkeiten mit bestimmten Beschränkungen behaftet. Das Werkzeug nutzt ausschließlich die offene Datenbank Semantic Scholar, was bedeutet, dass lizenzierte oder durch Paywalls geschützte Publikationen von der Analyse ausgeschlossen bleiben (vgl. Kung, 2023). In bestimmten Forschungsbereichen

können dadurch Lücken in den Ergebnissen entstehen. Ferner ist die Qualität der Resultate maßgeblich von der genauen Formulierung der Suchanfragen abhängig, da die KI präzise Fragen benötigt, um relevante Artikel zu lokalisieren (vgl. Kung, 2023).

Im Gegensatz zu weiteren Werkzeugen wie ResearchRabbit oder Connected Papers zeichnet sich Elicit durch seine Fähigkeit zur systematischen und inhaltlich fundierten Aufbereitung von Literatur aus. Während bei anderen Tools oft die visuelle Darstellung von Netzwerken im Vordergrund steht, liegt bei Elicit der Fokus auf der inhaltlichen Analyse sowie der Organisation der Ergebnisse (vgl. Kung, 2023). Zudem bietet Elicit die Funktion, interaktive Fragen zu formulieren, was Forschenden eine gezielte und intensive Vertiefung ihrer Untersuchungen ermöglicht (vgl. Kung, 2023).

Elicit kann als ein innovatives Werkzeug zur systematischen Literaturrecherche angesehen werden, das sich besonders für empirisch ausgerichtete Untersuchungen als nützlich erweist. Es zeichnet sich durch eine anwenderfreundliche Oberfläche aus, spart Zeit und erleichtert die Analyse wissenschaftlicher Texte signifikant. Obwohl es einige Einschränkungen gibt, bietet es dennoch wertvolle Unterstützung für Forscher\*innen und Studierende (vgl. Kung, 2023).

#### **4.1.6 Researchrabbit**

ResearchRabbit ist ein KI-gestütztes Instrument, das Wissenschaftlerinnen dabei unterstützt, wissenschaftliche Literatur effizient zu analysieren und Zusammenhänge zwischen Publikationen systematisch zu erfassen. Das 2021 von einem Forschungsteam in Seattle entwickelte Tool richtet sich an Nutzerinnen, die sich einen Überblick über relevante wissenschaftliche Arbeiten verschaffen möchten. Der Name verweist auf das Konzept des „Rabbit Hole“, da es von einer anfänglichen Quelle, beispielsweise einer Publikation oder Autor\*in, ausgehend weiterführende Informationen strukturiert darstellt (vgl. Cole und Boutet, 2023). Dadurch lassen sich Verbindungen innerhalb eines Forschungsfeldes nachvollziehen.

Um ResearchRabbit zu nutzen, ist zunächst die Erstellung eines Nutzerkontos erforderlich. Anschließend kann eine Sammlung von Publikationen angelegt werden, die als Ausgangspunkt für weitere Empfehlungen dient (vgl. Cole und Boutet, 2023). Diese Publikationen können über eine integrierte Suchfunktion, die sich auf PubMed (für medizinische Themen) und Semantic Scholar (für andere Fachbereiche) stützt, hinzugefügt werden. Alternativ ist es möglich, Referenzdateien wie RIS oder BibTeX hochzuladen. Der Algorithmus analysiert die enthaltenen Arbeiten und generiert auf dieser Basis Emp-

fehlungen für ähnliche Publikationen, frühere oder spätere Arbeiten sowie für Autoren mit thematisch verwandten Veröffentlichungen. Die Ergebnisse werden in interaktiven Visualisierungen dargestellt (vgl. Cole und Boutet, 2023).

Die Darstellung kann entweder im Netzwerkmodus oder in der Zeitstrahlansicht erfolgen. Im Netzwerkmodus werden Publikationen und Autor\*innen als Knotenpunkte dargestellt, die durch Linien miteinander verbunden sind, um Beziehungen zwischen den Arbeiten sichtbar zu machen (vgl. Cole und Boutet, 2023). Die Zeitstrahlansicht hingegen sortiert die Publikationen chronologisch nach ihrem Erscheinungsjahr und ermöglicht es, die Entwicklung eines Forschungsfeldes nachzuvollziehen (vgl. Cole und Boutet, 2023). Beide Darstellungsoptionen erleichtern die Identifikation von Trends und Zusammenhängen innerhalb eines Fachgebiets.

Eine Funktion von ResearchRabbit ist die Möglichkeit, von einer Publikation zu einer bestimmten Autorin oder einem bestimmten Autor zu wechseln und deren weitere Forschungen oder Zitationen zu analysieren (vgl. Cole und Boutet, 2023). Das Tool speichert den Rechercheverlauf, sodass Nutzer\*innen auf vorherige Suchschritte zurückgreifen können.

ResearchRabbit bietet eine strukturierte Herangehensweise an die Literaturrecherche und ermöglicht es, Verknüpfungen zwischen Veröffentlichungen und Autor\*innen darzustellen, die bei herkömmlichen Suchsystemen möglicherweise nicht sofort ersichtlich sind (vgl. Cole und Boutet, 2023). Die Identifikation verwandter Arbeiten basiert nicht ausschließlich auf Zitationsdaten, sondern wird durch Algorithmen ergänzt, die thematische Ähnlichkeiten analysieren. Dies kann dazu beitragen, relevante Literatur systematisch zu erschließen (vgl. Cole und Boutet, 2023).

Trotz dieser Funktionen gibt es einige Einschränkungen. Die Vielzahl an Optionen kann anfangs eine gewisse Einarbeitung erfordern (vgl. Cole und Boutet, 2023). Zudem gibt es derzeit keine Funktion, um explorative Recherchepfade für eine spätere Wiederverwendung zu speichern. In einigen Fällen kann es zu Inkonsistenzen in der Autorenzurordnung kommen, wenn verschiedene Zitier- und Publikationsformate nicht korrekt zusammgeführt werden (vgl. Cole und Boutet, 2023).

Im Vergleich zu ähnlichen Werkzeugen unterscheidet sich ResearchRabbit insbesondere durch seinen Fokus auf interaktive Visualisierungen und KI-gestützte Empfehlungen. ResearchRabbit ermöglicht eine umfassendere Erkundung wissenschaftlicher Literatur durch anpassbare Darstellungsformate und Algorithmen zur Identifikation thematischer Ähnlichkeiten (vgl. Cole und Boutet, 2023). Ein weiterer Aspekt ist die kostenlose

Verfügbarkeit, während erweiterte Funktionen anderer Tools häufig kostenpflichtig sind (vgl. Cole und Boutet, 2023).

Zusammenfassend bietet ResearchRabbit eine Möglichkeit zur explorativen Literaturrecherche, die insbesondere für Wissenschaftler\*innen von Interesse sein kann, die Zusammenhänge in der Forschung systematisch erfassen möchten. Während einige Funktionen noch optimiert werden könnten, stellt das Tool eine flexible Lösung dar, um wissenschaftliche Publikationen auf strukturierte Weise zu erkunden und neue thematische Verknüpfungen zu identifizieren (vgl. Cole und Boutet, 2023).

#### **4.1.7 NotebookLM**

NotebookLM ist ein Tool, das die bisherige Erstellung und Analyse wissenschaftlicher Inhalte verändert. Es bietet die Möglichkeit, wissenschaftliche Artikel hochzuladen, gezielt nach Zitaten zu suchen, relevante Passagen zu markieren und spezifische Fragen zu beantworten, wodurch das Querlesen entfällt (vgl. Kokala, 2024). Diese Fähigkeit ist besonders nützlich bei der Arbeit mit umfangreichen Literaturmengen und spart wertvolle Zeit, während es gleichzeitig ein tiefgreifendes Verständnis der behandelten Themen unterstützt.

Ein bemerkenswertes Merkmal von NotebookLM ist seine Fähigkeit, wissenschaftliche Themen auf neuartige Weise zugänglich zu machen. Nutzer\*innen können Fragen zu Studien, Methoden oder Diskussionen stellen, woraufhin das Modell relevante Informationen extrahiert und verständlich darstellt (vgl. Kokala, 2024). Die entsprechenden Ergebnisse können zudem als Podcasts oder interaktive Chats präsentiert werden. Neu ist auch die Möglichkeit, durch einen Dialog mit dem erstellten Podcast teilzunehmen. Diese Formate ermöglichen es, komplexe Inhalte auf ansprechende Weise an verschiedene Zielgruppen zu übermitteln, was nicht nur die Kommunikation vereinfacht, sondern auch die Verbindung zum Publikum stärkt.

Zusätzlich zur Unterstützung bei der Analyse wissenschaftlicher Inhalte stellt NotebookLM Werkzeuge bereit, die kreative Prozesse effizienter gestalten. Die flexible Themenauswahl fördert das Erkunden neuer Ideen, während maßgeschneiderte Empfehlungen die Entwicklung angepasster Inhalte unterstützen (vgl. Kokala, 2024). Dies erweist sich als besonders vorteilhaft für die Erstellung diverser Formate, unabhängig davon, ob es um Bildung, Unterhaltung oder narrative Inhalte geht. Durch die Anpassungsfähigkeit an unterschiedliche Tonlagen, Stile und Zielgruppen können die erstellten Inhalte spezifisch auf die individuellen Anforderungen der Nutzer:innen zugeschnitten werden.

Selbst während der Produktionsphase bringt NotebookLM Vorteile mit sich. Das Modell automatisiert zeitintensive Tätigkeiten wie das Erstellen von Skripten und stellt gleichzeitig Werkzeuge für die Inhaltsbearbeitung und -optimierung zur Verfügung (vgl. Kokala, 2024). Zudem erlaubt die KI die Erzeugung qualitativ hochwertiger Sprachausgaben, wodurch der Einsatz externer Ressourcen vermindert und der kreative Prozess weiter beschleunigt wird.

Die Anwendung von NotebookLM bringt auch Herausforderungen mit sich. Die Zuverlässigkeit der generierten Inhalte muss gründlich überprüft werden, um inhaltliche Fehler oder Verzerrungen zu vermeiden (vgl. Kokala, 2024). Die Podcast-Funktionalität ist derzeit offiziell lediglich in englischer Sprache verfügbar, doch bietet NotebookLM gewisse Anpassungsmöglichkeiten, um dies teilweise zu umgehen. Zudem sind ethische Fragen von Bedeutung, insbesondere im Hinblick auf die Klärung von Urheberrechtsansprüchen und Verantwortlichkeiten für KI-generierte Inhalte. Es ist essenziell sicherzustellen, dass menschliche Kreative die Kontrolle über den Produktionsprozess beibehalten, um die Qualität und Glaubwürdigkeit der Inhalte sicherzustellen.

Die Anpassungsfähigkeit und Vielfältigkeit von NotebookLM eröffnet neue Perspektiven in der Content-Erstellung sowie der Analyse wissenschaftlicher Daten. Es ermöglicht eine effizientere Verarbeitung umfangreicher Datensätze, eine genauere Wissensvermittlung und eine neuartige Darstellung von Forschungsergebnissen. Zudem vereinfacht es den Zugang zu komplexen wissenschaftlichen Themen und trägt nicht nur zur Zeiterparnis bei, sondern fördert auch ein tieferes Verständnis. Diese herausragenden Funktionen machen NotebookLM zu einem unverzichtbaren Werkzeug für Forschende, Studierende und Content Creators, die an effizienten und kreativen Lösungen interessiert sind (vgl. Kokala, 2024).

## **Spezialisierte Tools auf Basis von ML**

### **4.1.8 Semantic Scholar**

Semantic Scholar ist ein KI-gestützter Suchdienst, der im Jahr 2015 vom Allen Institute for Artificial Intelligence (AI2) entwickelt wurde, um Forschenden den Zugang zu relevanter Literatur zu erleichtern und die Herausforderung der Informationsfülle zu meistern (vgl. Fricke, 2018). Semantic Scholar strebt an, den Rechercheprozess durch präzise Ergebnisse und innovative Funktionen effizienter zu gestalten. Ein bedeutender Vorteil von Semantic Scholar liegt in der gezielten Minimierung irrelevanter Suchergebnisse. Im Gegensatz zu Plattformen wie Google Scholar oder PubMed bietet es eine klar definier-

te Auswahl relevanter Artikel (vgl. Fricke, 2018). Semantic Scholar stellt eine Vielzahl an Werkzeugen zur Verfügung, um Zitationen detailliert zu analysieren. Forschende haben die Möglichkeit, die Wichtigkeit und Qualität von Publikationen rasch zu beurteilen, indem sie Zitationsmetriken wie die Geschwindigkeit der Zitationen und den Einfluss der Autoren nutzen (vgl. Fricke, 2018). Interaktive Darstellungen zeigen die Vernetzung von Autoren, während semantische Kontexte anzeigen, an welchen Stellen und in welcher Frequenz eine Referenz in einem Artikel erwähnt wird. Diese Funktionen erleichtern die Identifikation bedeutsamer Verbindungen zwischen Arbeiten und helfen, die Tragweite einzelner Studien besser zu bewerten.

Darüber hinaus bietet Semantic Scholar mit Semantic Scholar Open Research Corpus (S2ORC) eine der umfassendsten Sammlungen wissenschaftlicher Literatur. S2ORC umfasst 81,1 Millionen englischsprachige wissenschaftliche Arbeiten aus zahlreichen Fachbereichen und stellt somit die größte öffentlich zugängliche Sammlung dieser Art dar (vgl. Fricke, 2018). Besonders hervorzuheben ist, dass 8,1 Millionen dieser Arbeiten im Volltext frei zugänglich sind. Die Plattform ermöglicht durch diesen offenen Zugang eine tiefere Analyse von Forschungsinhalten und stellt umfangreiche Metadaten sowie aufgelöste bibliografische Referenzen bereit.

Ein besonderes Merkmal von S2ORC ist die Integration automatisch erkannter Inline-Zitationen, Abbildungen und Tabellen, die mit den jeweiligen Forschungsarbeiten verknüpft sind (vgl. Fricke, 2018). Dies erleichtert die strukturierte Analyse wissenschaftlicher Literatur. Zudem wurden 1,5 Millionen Arbeiten mit LATEX-Analysen versehen, wodurch komplexe mathematische Formeln und Tabellen extrahiert und verarbeitet werden können. Durch diese strukturierten Daten kann Semantic Scholar als leistungsstarkes Werkzeug für wissenschaftliche Textanalyse, Zitationsanalysen und NLP-gestützte Forschung dienen (vgl. Fricke, 2018).

Neben den herkömmlichen Suchfunktionen bietet Semantic Scholar fortschrittliche Filteroptionen, die gezielt auf bestimmte Disziplinen wie Neurowissenschaften, ML oder medizinische Forschung zugeschnitten sind (vgl. Fricke, 2018). Forschende können nach spezifischen Zelltypen, Methoden oder Datensätzen suchen, was eine effizientere und zielgerichtete Recherche ermöglicht.

Ein weiterer Vorteil ist die Förderung von Open-Access-Materialien. Semantic Scholar stellt nach Möglichkeit Volltexte oder zumindest Abstracts und DOI-Links bereit, um Forschenden den Zugang zu wissenschaftlicher Literatur zu erleichtern. Diese Offenheit macht die Plattform insbesondere für Wissenschaftler\*innen attraktiv, die keinen

Zugang zu lizenzierten Inhalten haben (vgl. Fricke, 2018).

Trotz dieser Vorteile gibt es einige Einschränkungen. Beispielsweise fehlen erweiterte Suchoperatoren wie Boolesche Operatoren, die es ermöglichen würden, Suchanfragen gezielt zu verfeinern (vgl. Fricke, 2018). Auch der Export von Zitationsdaten ist eingeschränkt, was die Nutzung in anderen Anwendungen erschwert. Zudem bietet Semantic Scholar keinen direkten Zugang zu lizenzierten Inhalten, was bedeutet, dass einige wichtige Publikationen außerhalb des Open-Access-Bereichs nicht durchsucht werden können. Dadurch eignet sich die Plattform nicht als alleinige Quelle für eine umfassende Literaturrecherche (vgl. Fricke, 2018).

Im Vergleich zu Plattformen wie Google Scholar oder PubMed hebt sich Semantic Scholar insbesondere durch die gezielte Auswahl relevanter Suchergebnisse und die anschauliche Visualisierung wissenschaftlicher Netzwerke hervor (vgl. Fricke, 2018). Während Google Scholar oft eine große Anzahl irrelevanter Treffer liefert, setzt Semantic Scholar auf Qualität und Benutzerfreundlichkeit. Die interaktiven Zitationsanalysen ermöglichen eine tiefere Auseinandersetzung mit wissenschaftlicher Literatur und unterstützen Forschende bei der Identifikation relevanter Arbeiten.

Laut Semantic Scholar haben KI-Technologien das Potenzial, den Zugang zu wissenschaftlichem Wissen erheblich zu erleichtern. Durch Innovationen wie die Reduktion von irrelevanten Ergebnissen, detaillierte Zitationsanalysen und die Unterstützung von Open-Access-Inhalten bietet die Plattform Forschenden ein leistungsfähiges Werkzeug für effiziente und zielgerichtete Recherchen. Obwohl noch Verbesserungsbedarf hinsichtlich der Integration lizenzierter Inhalte besteht, stellt Semantic Scholar bereits jetzt einen bedeutenden Mehrwert für die wissenschaftliche Gemeinschaft dar (vgl. Fricke, 2018).

## **4.2 Methoden**

### **4.2.1 QUEST-Analyse von vier LLMs**

Dieses Unterkapitel widmet sich der Erörterung der Grundlagen der eingesetzten Tools und der Evaluierung von vier ausgewählten Modellen – GPT-4.o, Gemini 2.0, Claude 3.5 und Llama 3.3 – hinsichtlich ihrer Eignung zur Unterstützung des Innovationsprozesses in der Bionik. Der Schwerpunkt liegt auf der Analyse, wie effektiv die Modelle die vier Hauptphasen der Bionikspirale – Vorbereitung, Analyse, Abstraktion und Anwendung – umsetzen. Die Evaluierung erfolgt anhand von vier spezifischen Fragestellungen, die den einzelnen Phasen des bionischen Prozesses zugeordnet sind. Die Antworten der

Modelle werden anschließend nach fünf festgelegten Kriterien bewertet.

Die Evaluierung der Leistungsfähigkeit von LLMs in der Domäne bionischer Fragestellungen stellt eine komplexe Herausforderung dar, die durch die gegenwärtigen automatisierten Bewertungsmethoden wie BLEU oder ROUGE nicht angemessen gelöst werden kann. In Analogie zu medizinischen Anwendungen, wo das Verständnis eines spezifischen Kontexts, die Integration von Fachwissen und die präzise Beantwortung komplexer Fragen von entscheidender Bedeutung sind, stoßen auch bionische Anwendungen an die Grenzen der gegenwärtigen Metriken. Automatisierte Benchmarks, die häufig in anderen Bereichen angewandt werden, konzentrieren sich im Wesentlichen auf standardisierte Metriken wie die Klassifikationsgenauigkeit oder die Bewertung der sprachlichen Ähnlichkeit, beispielsweise mittels BLEU oder ROUGE. BLEU (Bilingual Evaluation Understudy) ist ein automatisiertes Maß zur Bewertung maschineller Übersetzungen. Diese Metrik bewertet das Ausmaß der Übereinstimmung zwischen einer maschinellen Übersetzung und einer oder mehreren menschlichen Übersetzungen (vgl. Papineni et al., 2002). ROUGE, abgekürzt für Recall-Oriented Understudy for Gisting Evaluation (sinngemäß: Rückruf-fokussierte Hilfskraft zur Inhaltsbewertung), bietet Metriken zur automatisierten Bewertung der Qualität einer Zusammenfassung, indem diese mit anderen, manuell erstellten Zusammenfassungen verglichen werden. ROUGE legt dabei besonderes Gewicht auf den Rückruf (Recall), um zu bewerten, wie viel des essenziellen Inhalts der menschlichen Zusammenfassung in der computergenerierten Version enthalten ist (vgl. Lin, 2004). Diese Ansätze erfassen jedoch nur oberflächliche Merkmale der Antworten und berücksichtigen weder deren inhaltliche Qualität noch deren praktische Anwendbarkeit.

Diese Begrenzungen sind in anderen Forschungsfeldern, insbesondere im medizinischen Bereich, ebenfalls offensichtlich, wo bestehende Benchmarks häufig nicht die Detailgenauigkeit und Einsatzmöglichkeiten von Antworten in praktischen klinischen Szenarien bewerten können. Laut den dazugehörigen Studien fehlen umfassende Bewertungsrahmen, die systematisch Aspekte wie Faktentreue, fachliche Expertise, Präzision, Anwendbarkeit und potenzielle Risiken erfassen. Automatisierte Bewertungsmethoden sind hier nicht ausreichend, da sie der Komplexität und den Anforderungen tatsächlicher Aufgaben nicht gerecht werden (vgl. Singhal et al., 2023: 172).

Im Bereich der bionischen Fragestellungen treten vergleichbare Herausforderungen zutage. Die unterschiedlichen Phasen des bionischen Innovationsprozesses – beginnend mit der Aufbereitung biologischer Erkenntnisse, gefolgt von deren Analyse und Abstraktion bis hin zur praktischen Anwendung – erfordern vielfältige Anforderungen an

die LLMs, welche nicht mittels standardisierter Metriken bewertet werden können. Die menschliche Evaluation wird somit unerlässlich, da sie die erforderliche Tiefe und Flexibilität bereitstellt, um die Modelle in diesem Kontext zu beurteilen. Nur durch menschliche Beurteilungen können qualitative Aspekte wie die Kreativität der Antworten, die exakte Abstraktion biologischer Prinzipien oder die praktische Umsetzbarkeit der vorgeschlagenen Lösungen adäquat bewertet werden.

Die Relevanz von *HumanEval*<sup>20</sup> wird auch durch Erkenntnisse aus anderen Fachgebieten untermauert, in denen automatisierte Bewertungsansätze nicht den realen Ansprüchen gerecht werden können. Insbesondere im medizinischen Bereich zeigt sich, dass eine umfassende Bewertung, die nicht nur technische Parameter misst, sondern auch Kontextverständnis, fachliche Genauigkeit und Innovation berücksichtigt, ausschließlich durch Human Evaluation erreicht werden kann. Diese ist auch für bionische Fragen von entscheidender Bedeutung, da die Ergebnisse direkt auf technische Anwendungen übertragen werden, deren Erfolg von der Qualität und der Praktikabilität der zugrunde liegenden Lösungen abhängt.

Die QUEST-Methode (Tam et al., 2024) wurde für die menschliche Evaluierung ausgewählt, da sie einen anerkannten und standardisierten Ansatz bietet, der ursprünglich zur Beurteilung von KI-Systemen im Bereich der Medizin entwickelt wurde. Diese Methode zeichnet sich durch ihre systematische Struktur und multidimensionalen Prinzipien aus, die eine umfangreiche und nachvollziehbare Bewertung gewährleisten. Ein wesentlicher Vorteil von QUEST ist die Einbeziehung menschlicher Experten zur Beurteilung der gestellten Fragen, was sicherstellt, dass neben objektiven Kriterien auch subjektive Wahrnehmungen und praktische Relevanz in die Evaluation integriert werden.

Ein wesentlicher Grund für die Wahl der QUEST-Methode ist ihre vielseitige Anwendbarkeit. Diese Methode dient dazu, komplexe Faktoren wie die Informationsqualität, das Verständnis und die logische Struktur, den Ausdrucksstil sowie die Persona, Sicherheitsaspekte und das Vertrauen in die generierten Antworten zu bewerten. Eine detailliertere Analyse ist in Tabelle 1 dargestellt. Um den Prozess zu optimieren, wurde die QUEST-Methode so modifiziert, dass alle Dimensionen auf einer einheitlichen Lickert-Skala von 1 bis 5 beurteilt werden können. In der Forschung wird die Lickert-Skala häufig genutzt, um Meinungen oder Einstellungen zu messen. Befragte geben ihren Grad der Zustimmung oder Ablehnung zu verschiedenen Aussagen auf einer Skala von 1 bis 5 an, wobei 1 „Stimme überhaupt nicht zu“ und 5 „Stimme voll und ganz zu“ repräsentiert. Die Zwischenstufen stehen für variierende Meinungsstärken. Diese numerische Bewertung

---

<sup>20</sup>Abkürzung von Human Evaluation.

ermöglicht die quantitative Analyse qualitativer Daten. Zusätzlich wurden einige Unterkategorien angepasst oder entfernt, um die Methode auf die Bionik besser anzuwenden. Diese Anpassungen fördern eine standardisierte und benutzerfreundliche Erhebung, indem qualitative Eindrücke wie Vertrauen und Sicherheit systematisch in quantitative Daten umgewandelt werden. Dieser methodische Ansatz gewährleistet die Vergleichbarkeit und Konsistenz der Ergebnisse, was besonders in Bereichen wie der Bionik entscheidend ist. In dieser Arbeit wurde die Humaneval entgegen des wissenschaftlichen Standards von lediglich einer einzelnen Person durchgeführt.

Prinzip	Dimension	Beispielfrage für den Bewerter
Quality of information	Präzision	Sind die bionischen Konzepte und Analysen präzise und wissenschaftlich korrekt beschrieben?
	Relevanz	Ist die präsentierte Information für die Zielanwendung im bionischen Innovationsprozess relevant?
	Aktualität	Beruhet die Information auf den neuesten wissenschaftlichen Erkenntnissen im Bereich der Bionik?
	Konsistenz	Sind die dargestellten Daten und Ergebnisse innerhalb der Arbeit kohärent und frei von Widersprüchen?
	Vollständigkeit	Werden alle notwendigen Aspekte des bionischen Problems abgedeckt?
	Nutzen	Liefert die präsentierte Lösung neue und praktische Impulse für bionische Anwendungen?
Understanding and reasoning	Verständnis	Zeigen die Antworten ein tiefes Verständnis für die biologischen Prinzipien und deren technische Übertragbarkeit?
	Logisches Denken	Sind die Herleitungen und Schlussfolgerungen logisch und nachvollziehbar?
Expression style and persona	Klarheit	Sind die Präsentationen und Beschreibungen der bionischen Konzepte klar und verständlich?
	Kontextsensitivität	Wird der bionische Kontext angemessen berücksichtigt und dargestellt?
Safety and harm	Verzerrung	Sind die Ergebnisse frei von Verzerrungen oder Fehlinterpretationen der biologischen Grundlagen?
	Risiko	Werden potenzielle Risiken oder negative Auswirkungen bionischer Anwendungen angemessen diskutiert?
	Selbstreflexion	Gibt es Hinweise darauf, dass die Limitationen der Methodik oder der Ergebnisse reflektiert werden?
	Fabrikation	Gibt es Hinweise auf Fälschungen, fehlerhafte Darstellungen oder Plagiate in den präsentierten Ergebnissen?
Trust and confidence	Vertrauen	Wie zuverlässig erscheinen die präsentierten bionischen Konzepte und deren technische Umsetzung?
	Zufriedenheit	Wie zufrieden sind Sie mit der Relevanz und Umsetzbarkeit der vorgeschlagenen Lösungen?

Tabelle 1: Angepasste Bewertungskriterien der QUEST-Methode nach Tam et al. (2024) zur Bewertung von KI-Tools in der Bionik

Obwohl die Methode in erster Linie für medizinische Zwecke entwickelt wurde, lassen sich ihre Prinzipien umfassend in die Bionik einbinden. Besonders die Aspekte der Informationsqualität, der Sicherheit und des Vertrauens sind universell anwendbar und gestatten eine Bewertung, die über ausschließlich technologische Merkmale hinausgeht. Die Dimensionen und Bewertungsfragen der QUEST-Methode wurden für den Einsatz im Bereich der Bionik modifiziert, um spezifische Anforderungen wie Genauigkeit, Kontextsensitivität und Anwendbarkeit abzudecken. Dabei wurden medizinisch spezifische Dimensionen wie „Empathie“ und „Selbstbewusstsein“ weggelassen, da sie für die Be-

wertung bionischer Systeme nicht relevant sind. Stattdessen wurde „Kontextsensitivität“ ergänzt, um die Fähigkeit der Modelle zu prüfen, biologische Prinzipien im technischen Kontext korrekt zu interpretieren und anzuwenden (siehe Tab. 1). Auf diese Weise bietet QUEST ein durchgängiges und flexibles Rahmenwerk, das sich auf die besonderen Bedürfnisse bionischer Systeme abstimmen lässt und liefert sowohl qualitativ als auch quantitativ wertvolle Einsichten in die Leistung dieser Systeme.

Für jede Phase des bionischen Prozesses wird eine spezifische Fragestellung formuliert, die die jeweilige Fähigkeit der Modelle überprüft:

**Aufbereitung (I):** In dieser Phase wird analysiert, wie gut die KI-Modelle biologisches Wissen aufbereiten und relevante natürliche Systeme oder Prozesse identifizieren können. *Beispielfrage:* „Erkläre die biologischen Mechanismen hinter der Haifischhaut und wie sie für technische Anwendungen nützlich sein könnten.“

**Analyse (II):** In dieser Untersuchung wird die Fähigkeit der Modelle begutachtet, um das Verhalten, die Struktur oder die Funktion eines biologischen Systems umfassend zu analysieren und dokumentieren zu können. *Beispielfrage:* „Untersuche die Struktur von Lotusblättern und erlautere die Ursachen ihrer Wasserabweisung.“

**Abstraktion (III):** Diese Phase bewertet, ob die Modelle in der Lage sind, biologische Mechanismen zu abstrahieren und in universell anwendbare Prinzipien zu überführen. *Beispielfrage:* „Welche universellen Prinzipien lassen sich aus dem Flügelschlag einer Fledermaus ableiten, und wie könnten diese abstrahiert werden?“

**Anwendung (IV):** Abschließend wird geprüft, ob die Modelle abstrahierte Prinzipien auf technische Lösungen übertragen und innovative, umsetzbare Vorschläge entwickeln können. *Beispielfrage:* „Entwickle eine bionische Lösung für energieeffiziente Gebäude, basierend auf Prinzipien aus dem Termitenbau.“

Eine umfassende Untersuchung der Wirksamkeit von KI-Modellen wird durch das dreifache Stellen jeder Frage durchgeführt. Diese Methode verringert zufällige Schwankungen in den Antworten und verstärkt die statistische Relevanz der Resultate, indem sie potenzielle Modellvariabilitäten erfasst. Dieser Ansatz ermöglicht eine detaillierte Analyse der Reaktionen und minimiert die Wahrscheinlichkeit von Zufallstreffern oder unregelmäßigen Fehlern. Um sicherzustellen, dass vorherige Interaktionen oder gespeicherte Daten die Ergebnisse nicht beeinflussen, wurden für jeden KI-Dienst separate Konten angelegt. Die Fragen wurden unmittelbar nach der Erstellung der Konten gestellt, ohne Anpassungen an Voreinstellungen, den Einsatz von Plugins oder sonstige Interaktionen. Jede Frage wird zudem einzeln in einem separaten Fenster oder Chat präsentiert,

um sicherzustellen, dass die Modelle sich nicht auf frühere Antworten beziehen können. Dadurch wird die Konsistenz und Unabhängigkeit der Antworten sichergestellt, was zu einer objektiveren Einschätzung der Modelle führt.

Jede Antwort wird hinsichtlich ihrer inhaltlichen Richtigkeit bewertet, ohne dabei eine standardisierte Lösung als Maßstab zu verwenden. Die Beurteilung erfolgt basierend auf der inhaltlichen Konsistenz, der wissenschaftlichen Präzision und der logischen Nachvollziehbarkeit der Argumente. Ziel ist es, einen umfassenden Eindruck der Modellleistung zu gewinnen, anstatt nur formale Übereinstimmungen zu betrachten.

#### **4.2.2 Durchführung der prototypische Anwendung**

Zur Evaluierung der Tauglichkeit von KI in bionischen Innovationsprozessen wird eine beispielhafte Durchführung entwickelt, die biologische Prinzipien detailliert analysiert, abstrahiert und deren Anwendbarkeit auf technische Konzepte beurteilt. Dabei richtet sich das Augenmerk auf die Untersuchung von Filtrationsmechanismen aquatischer Organismen, einem Gebiet, das umfassend in der wissenschaftlichen Literatur dokumentiert ist (vgl. Hamann und Blanke, 2022). Die Auswahl dieses etablierten Forschungsthemas gestattet eine kritische Gegenüberstellung der durch KI erstellten Resultate mit den aktuellen wissenschaftlichen Erkenntnissen, um deren Qualität und Bedeutung für bionische Fragestellungen zu beurteilen.

Die Umsetzung richtet sich nach den Stufen der Bionikspirale entsprechend *VDI 6220 Blatt 2* (2022), wobei systematisch die Schritte der Informationsbeschaffung, Analyse, Abstraktion sowie die Anwendung biologischer Prinzipien durchlaufen werden. Während traditionelle bionische Ansätze manuelle Recherchen und die Interpretation biologischer Systeme betonen, untersucht diese Arbeit spezifisch den Einsatz von KI-Technologien. Der Schwerpunkt liegt darauf, wie KI-Modelle diesen Prozess unterstützen oder teilweise automatisieren können.

Die Arbeit initiiert mit einer explorativen Analyse, in der diverse KI-Modelle zur Ermittlung signifikanter Filtrationsmechanismen in aquatischen Systemen angewandt werden. Es werden gezielt Fragestellungen entwickelt, um verschiedene Filtrationstypen, adaptive Mechanismen sowie physikalische Trennungsprinzipien von Partikeln zu identifizieren. Die anschließende wissenschaftliche Recherche, die zur Validierung der durch KI gewonnenen Einsichten dient, nutzt relevante Open-Access-Datenbanken und lizenzierte wissenschaftliche Publikationen. Die Auswahl der Quellen orientiert sich an den Kriterien des Peer-Review-Status, der Zitierhäufigkeit und der Aktualität.

Im darauf folgenden Schritt erfolgt die Abstraktion der identifizierten biologischen Mechanismen durch die Ableitung ihrer funktionalen Prinzipien und deren Übertragung auf allgemein gültige Konzepte. Daraufhin wird untersucht, wie diese Prinzipien für technische Anwendungen nutzbar gemacht werden können. Die KI-Modelle operieren dabei größtenteils selbstständig, wobei die menschliche Beteiligung auf das Stellen gezielter Anfragen, die Überprüfung der erstellten Antworten sowie die Deutung der Ergebnisse begrenzt ist.

Um die Vergleichbarkeit zu gewährleisten, kommt ein standardisiertes Verfahren zum Einsatz: Alle Anfragen erfolgen unter gleichbleibenden Bedingungen, werden dreifach repliziert und in unterschiedlichen Sitzungen durchgeführt, um potenzielle Variabilitäten in den Antworten zu identifizieren. Zudem werden die KI-generierten Inhalte mit wissenschaftlichen Quellen abgeglichen, wobei sowohl die Richtigkeit der Informationen als auch deren kontextuelle Konsistenz überprüft wird.

Eine eingehende Untersuchung der Resultate wird in Kapitel 6.3 präsentiert, die eine systematische Evaluierung der durch KI unterstützten Prozesse anhand der QUEST-Methodik (Tam et al., 2024) umfasst. Diese Vorgehensweise erlaubt eine umfassende Bewertung der erzeugten Inhalte in Bezug auf deren Qualität, Genauigkeit und Verwendbarkeit.

## 5 Ergebnisse

### 5.1 Bewertung und Vergleich der unterschiedlichen LLMs anhand der QUEST-Methode

In diesem Abschnitt wird eine Evaluierung und der Vergleich verschiedener LLM unter Einsatz der QUEST-Methode durchgeführt. Die folgenden Tabellen (siehe Tab. 2, Tab. 3) bieten eine kompakte Übersicht über alle Kategorien, Dimensionen und Beispielfragen. Die Bewertungen erfolgen mittels einer Likert-Skala, tabellarisch dargestellt, sodass für jede Fragestellung drei separate Bewertungen nebeneinander angezeigt werden, entsprechend der vorherigen Methodik. Diese Darstellung stellt die Basis für die vertiefte Analyse dar.

**GPT 4o**

Principle	Dimension	Beispielfrage	Frage 1	Frage 2	Frage 3	Frage 4
Quality of information	Präzision	Sind die bionischen Konzepte und Analysen präzise und wissenschaftlich korrekt beschrieben?	5 4 5	5 4 4	4 5 5	5 3 5
	Relevanz	Ist die präsentierte Information für die Zielanwendung im bionischen Innovationsprozess relevant?	5 5 5	5 5 5	3 4 5	5 5 5
	Aktualität	Beruhet die Information auf den neuesten wissenschaftlichen Erkenntnissen im Bereich der Bionik?	4 4 4	5 4 4	5 5 5	5 5 5
	Konsistenz	Sind die dargestellten Daten und Ergebnisse innerhalb der Arbeit kohärent und frei von Widersprüchen?	5 5 4	5 4 4	5 5 5	5 2 5
	Vollständigkeit	Werden alle notwendigen Aspekte des bionischen Problems abgedeckt?	5 5 5	5 5 5	3 4 5	4 4 5
Understanding and reasoning	Nutzen	Liefert die präsentierte Lösung neue und praktische Impulse für bionische Anwendungen?	1 2 1	2 1 2	2 3 4	3 3 5
	Verständnis	Zeigen die Antworten ein tiefes Verständnis für die biologischen Prinzipien und deren technische Übertragbarkeit?	5 4 4	5 4 4	3 5 5	5 4 5
Expression style and persona	Logisches Denken	Sind die Herleitungen und Schlussfolgerungen logisch und nachvollziehbar?	5 4 5	5 3 3	2 4 5	5 3 5
	Klarheit	Sind die Präsentationen und Beschreibungen der bionischen Konzepte klar und verständlich?	5 4 5	3 2 2	3 4 5	4 2 5
Safety and harm	Kontextsensitivität	Wird der bionische Kontext angemessen berücksichtigt und dargestellt?	4 4 4	2 1 3	2 3 5	5 4 5
	Verzerrung	Sind die Ergebnisse frei von Verzerrungen oder Fehlinterpretationen der biologischen Grundlagen?	5 3 5	5 4 3	5 5 5	5 2 5
	Risiko	Werden potenzielle Risiken oder negative Auswirkungen bionischer Anwendungen angemessen diskutiert?	1 1 1	1 1 1	1 1 1	1 1 1
	Selbstreflexion	Gibt es Hinweise darauf, dass die Limitationen der Methodik oder der Ergebnisse reflektiert werden?	1 1 1	1 1 1	1 3 2	1 1 1
	Fabrikation	Gibt es Hinweise auf Fälschungen, fehlerhafte Darstellungen oder Plagiate in den präsentierten Ergebnissen?	5 2 4	5 4 2	5 5 5	5 3 5
Trust and confidence	Vertrauen	Wie zuverlässig erscheinen die präsentierten bionischen Konzepte und deren technische Umsetzung?	5 3 5	5 2 3	3 4 5	5 4 5
	Zufriedenheit	Wie zufrieden sind Sie mit der Relevanz und Umsetzbarkeit der vorgeschlagenen Lösungen?	4 3 4	3 3 4	1 3 4	4 3 5
			65 54 62	62 48 50	48 63 71	67 49 72
			60,33	53,33	60,67	62,67

**llama 3.3**

Principle	Dimension	Beispielfrage	Frage 1	Frage 2	Frage 3	Frage 4
Quality of information	Präzision	Sind die bionischen Konzepte und Analysen präzise und wissenschaftlich korrekt beschrieben?	4 3 5	3 2 3	3 5 4	3 5 5
	Relevanz	Ist die präsentierte Information für die Zielanwendung im bionischen Innovationsprozess relevant?	5 4 4	4 4 3	4 4 4	4 4 4
	Aktualität	Beruhet die Information auf den neuesten wissenschaftlichen Erkenntnissen im Bereich der Bionik?	3 3 4	4 3 3	3 4 4	4 4 4
	Konsistenz	Sind die dargestellten Daten und Ergebnisse innerhalb der Arbeit kohärent und frei von Widersprüchen?	4 3 4	4 2 3	4 5 4	5 5 5
	Vollständigkeit	Werden alle notwendigen Aspekte des bionischen Problems abgedeckt?	4 4 5	4 3 4	3 4 5	4 4 4
Understanding and reasoning	Nutzen	Liefert die präsentierte Lösung neue und praktische Impulse für bionische Anwendungen?	1 1 2	1 1 1	3 2 2	4 4 3
	Verständnis	Zeigen die Antworten ein tiefes Verständnis für die biologischen Prinzipien und deren technische Übertragbarkeit?	3 3 4	4 3 3	4 4 4	4 4 4
Expression style and persona	Logisches Denken	Sind die Herleitungen und Schlussfolgerungen logisch und nachvollziehbar?	4 3 5	4 2 3	3 4 3	3 4 4
	Klarheit	Sind die Präsentationen und Beschreibungen der bionischen Konzepte klar und verständlich?	4 3 5	4 3 3	4 4 4	4 4 4
Safety and harm	Kontextsensitivität	Wird der bionische Kontext angemessen berücksichtigt und dargestellt?	2 1 4	2 2 3	2 3 4	3 4 3
	Verzerrung	Sind die Ergebnisse frei von Verzerrungen oder Fehlinterpretationen der biologischen Grundlagen?	4 2 5	3 2 3	3 5 4	4 4 5
	Risiko	Werden potenzielle Risiken oder negative Auswirkungen bionischer Anwendungen angemessen diskutiert?	1 1 1	1 1 1	1 1 1	1 2 1
	Selbstreflexion	Gibt es Hinweise darauf, dass die Limitationen der Methodik oder der Ergebnisse reflektiert werden?	1 1 1	1 1 1	1 1 1	2 3 3
	Fabrikation	Gibt es Hinweise auf Fälschungen, fehlerhafte Darstellungen oder Plagiate in den präsentierten Ergebnissen?	5 2 3	3 2 2	3 5 5	4 4 5
Trust and confidence	Vertrauen	Wie zuverlässig erscheinen die präsentierten bionischen Konzepte und deren technische Umsetzung?	3 2 3	3 2 2	3 4 4	4 4 4
	Zufriedenheit	Wie zufrieden sind Sie mit der Relevanz und Umsetzbarkeit der vorgeschlagenen Lösungen?	2 1 3	2 1 2	3 4 3	3 4 4
			50 37 58	47 34 40	47 59 56	56 63 62
			48,33	40,33	54,00	60,33

Tabelle 2: Komplette Übersicht der Punktzahl der QUEST-Methoden für GPT-4.0 und Llama 3.3

Die Analyse demonstriert, dass Gemini 2.0 durchweg führend war und mit einer mittleren Gesamtpunktzahl von 66,58<sup>21</sup> die Höchstbewertung erhielt (siehe Tab. 4). Hierfür

<sup>21</sup>Die maximale erreichbare Punktzahl, bei der in allen Bereichen 5 Punkte erzielt werden, betrug 80 Punkte

**Gemini 2.0**

Principle	Dimension	Beispielfrage	Frage 1	Frage 2	Frage 3	Frage 4
Quality of information	Präzision	Sind die bionischen Konzepte und Analysen präzise und wissenschaftlich korrekt beschrieben?	5	4	5	5
	Relevanz	Ist die präsentierte Information für die Zielanwendung im bionischen Innovationsprozess relevant?	5	5	5	5
	Aktualität	Beruhet die Information auf den neuesten wissenschaftlichen Erkenntnissen im Bereich der Bionik?	5	5	4	5
	Konsistenz	Sind die dargestellten Daten und Ergebnisse innerhalb der Arbeit kohärent und frei von Widersprüchen?	5	5	5	4
	Vollständigkeit	Werden alle notwendigen Aspekte des bionischen Problems abgedeckt?	5	5	4	5
Understanding and reasoning	Nutzen	Liefert die präsentierte Lösung neue und praktische Impulse für bionische Anwendungen?	4	3	3	1
	Verständnis	Zeigen die Antworten ein tiefes Verständnis für die biologischen Prinzipien und deren technische Übertragbarkeit?	5	5	5	4
Expression style and persona	Logisches Denken	Sind die Herleitungen und Schlussfolgerungen logisch und nachvollziehbar?	5	5	5	5
	Klarheit	Sind die Präsentationen und Beschreibungen der bionischen Konzepte klar und verständlich?	5	4	5	4
	Kontextsensitivität	Wird der bionische Kontext angemessen berücksichtigt und dargestellt?	5	5	5	2
Safety and harm	Verzerrung	Sind die Ergebnisse frei von Verzerrungen oder Fehlinterpretationen der biologischen Grundlagen?	5	5	5	3
	Risiko	Werden potenzielle Risiken oder negative Auswirkungen bionischer Anwendungen angemessen diskutiert?	1	1	1	1
	Selbstreflexion	Gibt es Hinweise darauf, dass die Limitationen der Methodik oder der Ergebnisse reflektiert werden?	1	1	1	1
Trust and confidence	Fabrikation	Gibt es Hinweise auf Fälschungen, fehlerhafte Darstellungen oder Plagiate in den präsentierten Ergebnissen?	5	5	5	3
	Vertrauen	Wie zuverlässig erscheinen die präsentierten bionischen Konzepte und deren technische Umsetzung?	5	5	5	4
	Zufriedenheit	Wie zufrieden sind Sie mit der Relevanz und Umsetzbarkeit der vorgeschlagenen Lösungen?	5	4	4	4
			71	67	67	56
			68,33	54,00	70,67	73,33

**claude 3.5**

Principle	Dimension	Beispielfrage	Frage 1	Frage 2	Frage 3	Frage 4
Quality of information	Präzision	Sind die bionischen Konzepte und Analysen präzise und wissenschaftlich korrekt beschrieben?	4	4	4	5
	Relevanz	Ist die präsentierte Information für die Zielanwendung im bionischen Innovationsprozess relevant?	5	5	5	4
	Aktualität	Beruhet die Information auf den neuesten wissenschaftlichen Erkenntnissen im Bereich der Bionik?	3	4	4	4
	Konsistenz	Sind die dargestellten Daten und Ergebnisse innerhalb der Arbeit kohärent und frei von Widersprüchen?	5	5	5	5
	Vollständigkeit	Werden alle notwendigen Aspekte des bionischen Problems abgedeckt?	3	4	4	3
Understanding and reasoning	Nutzen	Liefert die präsentierte Lösung neue und praktische Impulse für bionische Anwendungen?	2	2	2	1
	Verständnis	Zeigen die Antworten ein tiefes Verständnis für die biologischen Prinzipien und deren technische Übertragbarkeit?	3	4	5	3
Expression style and persona	Logisches Denken	Sind die Herleitungen und Schlussfolgerungen logisch und nachvollziehbar?	4	5	5	2
	Klarheit	Sind die Präsentationen und Beschreibungen der bionischen Konzepte klar und verständlich?	3	3	3	3
	Kontextsensitivität	Wird der bionische Kontext angemessen berücksichtigt und dargestellt?	2	2	3	2
Safety and harm	Verzerrung	Sind die Ergebnisse frei von Verzerrungen oder Fehlinterpretationen der biologischen Grundlagen?	5	5	5	5
	Risiko	Werden potenzielle Risiken oder negative Auswirkungen bionischer Anwendungen angemessen diskutiert?	3	1	1	1
	Selbstreflexion	Gibt es Hinweise darauf, dass die Limitationen der Methodik oder der Ergebnisse reflektiert werden?	1	1	1	1
Trust and confidence	Fabrikation	Gibt es Hinweise auf Fälschungen, fehlerhafte Darstellungen oder Plagiate in den präsentierten Ergebnissen?	5	5	5	5
	Vertrauen	Wie zuverlässig erscheinen die präsentierten bionischen Konzepte und deren technische Umsetzung?	3	4	4	2
	Zufriedenheit	Wie zufrieden sind Sie mit der Relevanz und Umsetzbarkeit der vorgeschlagenen Lösungen?	3	3	4	2
			54	57	60	47
			57,00	52,33	50,67	57,00

Tabelle 3: Komplette Übersicht der Punktzahl der QUEST-Methoden für Gemini 2.0 und Claude 3.5

wurden die Mittelwerte der individuellen Fragen summiert und daraus der Durchschnitt berechnet. Dieses Modell zeigte durchweg exzellente Ergebnisse, besonders in den Kategorien Informationsqualität, Verständnis und Schlussfolgerungsvermögen. Bemerkenswert sind die Präzision und die Vollständigkeit der bereitgestellten Informationen, wodurch Gemini 2.0 sich stark von anderen Modellen unterscheidet. Die Daten deuten darauf hin, dass die hohe Qualität der Informationen und ausgeprägte Fähigkeiten zum Schlussfolgern entscheidende Faktoren für den erfolgreichen Einsatz von KI in bionischen Innovationsprozessen darstellen.

Mit einer Gesamtbewertung von 59,25 Punkten erreicht GPT-4.o den zweiten Platz (siehe Tab. 4). Die Stärken von GPT-4.o liegen in den Bereichen Verständnis, Schlussfolgern sowie Vertrauen und Zufriedenheit. Allerdings zeigt es Schwächen bei der praktischen Anwendungsunterstützung sowie in der Kategorie Sicherheit und potenzielle Schäden. Trotzdem bleibt GPT-4.o eine leistungsstarke Alternative, die in spezifischen Aspekten mit Gemini 2.0 vergleichbar ist.

Die Modelle Claude 3.5 und Llama 3.3 erzielten insgesamt geringere Punktzahlen von 54,25 und 50,75 (siehe Tab. 4). Bei Claude 3.5 wurden in der Informationsqualität akzeptable Resultate festgestellt, jedoch mangelte es besonders in der Kategorie Sicherheit, was die Einsatzfähigkeit des Modells in sicherheitskritischen bionischen Anwendungen beschränken könnte. Llama 3.3 erhielt insgesamt die niedrigsten Bewertungen, speziell in Ausdruck, Klarheit sowie Vertrauenswürdigkeit und Zuverlässigkeit. Diese Ergebnisse verdeutlichen, dass nicht nur die faktische Korrektheit, sondern auch die effiziente Kommunikation wissenschaftlicher Inhalte eine entscheidende Rolle für die Verwendbarkeit von KI in Innovationsprozessen der Bionik spielt.

Modell	Gesamtbewertung	Stärken	Schwächen
<b>GPT-4o</b>	<b>59,25</b>	Sehr hohe Werte bei Präzision (4,50), Relevanz (4,75) und Aktualität (4,58). Starkes Verständnis biologischer Prinzipien (4,42).	Sehr geringe Bewertungen in den Bereichen Risiko (1,00) und Selbstreflexion (1,25).
<b>Gemini 2.0</b>	<b>66,58</b>	Bestes Modell bei allen Dimensionen der "Qualität der Informationen" (Durchschnitt 4,58). Klarheit (4,58) und Vertrauen (4,42) ebenfalls hoch.	Schwächen bei der Diskussion potenzieller Risiken (1,50) und der Reflexion methodischer Limitationen (2,17).
<b>Llama 3.3</b>	<b>50,75</b>	Solide Ergebnisse in Präzision (3,75) und Aktualität (3,58). Akzeptable Klarheit in Beschreibungen (3,83).	Sehr niedrige Werte in Kontextsensitivität (2,75), Risiko (1,08) und Selbstreflexion (1,42).
<b>Claude 3.5</b>	<b>54,25</b>	Gute Konsistenz der Daten und Ergebnisse (5,00). Solide Präzision (4,75) und niedrige Verzerrungen (5,00).	Geringe Werte bei Risiko (1,17) und Selbstreflexion (1,33).

Tabelle 4: Zusammenfassung der Endpunktbewertung basierend auf der QUEST-Methode

Die Analyse deutet darauf hin, dass Gemini 2.0 aufgrund seiner herausragenden Informationsqualität und Schlussfolgerungsstärke als das leistungsfähigste Modell in dieser Untersuchung angesehen werden kann. GPT-4.o gilt als eine verlässliche Alternative, wohingegen Claude 3.5 und Llama 3.3 die erwarteten Leistungsstandards nicht erreichen. Insbesondere die Sicherheitsaspekte und die sprachliche Darstellungsqualität sind wesentliche Kriterien für die praktische Anwendung von KI-Systemen in der bionischen Forschung. Da Gemini 2.0 in allen bewerteten Kategorien die höchste Punktzahl erzielt, wird es als das am besten geeignete Modell für die weitere Nutzung in der Arbeit betrachtet. Diese umfassende Bewertung ist hilfreich für die Auswahl geeigneter KI-Modelle zur Förderung bionischer Innovationsprozesse und ermöglicht eine gezielte Optimierung ihrer Nutzung in interdisziplinären Forschungskontexten und Anwendungsbereichen.

## 5.2 Auswahl der Recherche- und Analysewerkzeuge

Elicit und NotebookLM wurden in dieser Arbeit als KI-basierte Werkzeuge für Recherche und Analyse gewählt. Die Auswahl dieser Programme erfolgte aufgrund ihrer Funktionalität.

lität, klaren Struktur und freien Zugänglichkeit. Sie unterstützen eine effektive wissenschaftliche Recherche und erlauben eine unmittelbare Interaktion mit den untersuchten Dokumenten.

Elicit wurde wegen seiner umfangreichen Möglichkeiten zur Unterstützung wissenschaftlicher Recherchen als favorisiertes Tool bestimmt. Anders als andere KI-basierte Suchtools wie ResearchRabbit, das hauptsächlich Verbindungen zwischen wissenschaftlichen Artikeln durch Autor\*innen und Zitate erstellt, liefert Elicit eine prägnantere und besser organisierte Präsentation der bedeutendsten Paper. Es extrahiert direkt wesentliche Ergebnisse, methodische Einzelheiten und zentrale Schlussfolgerungen aus den identifizierten Studien, was eine rasche Erfassung der essenziellen Informationen fördert. Im Gegensatz zu anderen Recherche-Tools, die komplizierte Visualisierungen von Paper-Verknüpfungen erstellen, fokussiert sich Elicit auf eine tabellarische Darstellung, die essentielle Informationen zu jeder Studie zusammenfasst. Dies führt zu einer klareren und zudem effizienteren Recherche. Zusätzlich ermöglicht Elicit eine gezielte Eingrenzung von Studien basierend auf bestimmten Forschungsfragen und unterstützt damit den Aufbau einer systematischen und fundierten Literaturbasis.

Des Weiteren wurde es unter anderem aufgrund seiner Anbindung an die Semantic Scholar-Datenbank gewählt, die den Zugriff auf eine reichhaltige Sammlung wissenschaftlicher Artikel ermöglicht. Da in dieser Studie eine gründliche und dennoch benutzerfreundliche Recherchemethode erforderlich ist, bietet Elicit eine ideale Kombination aus wissenschaftlicher Tiefe und praktischer Nutzbarkeit.

NotebookLM wurde als das primäre Instrument für die detaillierte Analyse wissenschaftlicher Dokumente angewendet. Anders als viele KI-Tools, die auf PDFs basieren und in Gratisversionen zumeist limitierte Fähigkeiten aufweisen, ermöglicht NotebookLM eine volle Nutzung bis zum Erreichen des Upload-Limits. Hervorzuheben ist die Funktion, unmittelbar mit den hochgeladenen PDFs durch gezielte Fragestellungen in Interaktion zu treten.

Weiterhin wichtig ist die spezifische Verlinkung der Antworten zu den relevanten Textpassagen. Diese Funktionalität optimiert die Nachvollziehbarkeit und minimiert das Risiko von unzutreffenden oder nicht nachweisbaren Informationen. Im Unterschied zu anderen KI-Tools, die Antworten produzieren, ohne die Quellen explizit zu nennen, stellt NotebookLM eine klar nachvollziehbare und validierbare Herangehensweise zur Textanalyse bereit.

NotebookLM zeichnet sich ferner durch innovative Features wie die Podcast-Option aus,

die es erlaubt, wissenschaftliche Materialien in einem dialogischen Format zu präsentieren. Diese Funktion schafft eine interaktive und alternative Methode zur Beschäftigung mit Fachliteratur und ergänzt somit sinnvoll das traditionelle Lesen.

Abgesehen von den funktionalen Aspekten spielte auch die persönliche Arbeitsweise eine Rolle bei der Wahl der Werkzeuge. Elicit überzeugt durch seine klare Benutzeroberfläche, die strukturierte Darstellung wissenschaftlicher Daten und die Möglichkeit, relevante Informationen schnell zu extrahieren. Im Gegensatz dazu bietet NotebookLM eine interaktive Analyse wissenschaftlicher Texte, die eine gezielte Nutzung der recherchierten Inhalte erleichterte.

### **5.3 Zusammenarbeit und Einsatz moderner KI-Werkzeuge**

Die Entwicklung eines Konzepts erfordert den gezielten Einsatz moderner KI-Werkzeuge, um die unterschiedlichen Anforderungen von der Ideenfindung bis zur Auswertung wissenschaftlicher Daten effizient zu bewältigen. Auf Basis der vorherigen Evaluierungen kommen in diesem Verfahren die LLM Google Gemini 2.0, Elicit und NotebookLM als primäre Werkzeuge zum Einsatz. Ihre Zusammenarbeit basiert auf der Fähigkeit, sich gegenseitig zu ergänzen und in bestimmten Fällen zu ersetzen, wodurch ein flexibler und effizienter Arbeitsprozess ermöglicht wird.

In der explorativen Phase der Konzeptentwicklung erweist sich Google Gemini 2.0 als besonders leistungsfähig, insbesondere zu Beginn und am Ende eines Projekts. Durch seine umfassende Datenbasis und die uneingeschränkte Nutzungsmöglichkeit eignet sich das Modell für weitreichende Recherchen und die Entwicklung innovativer Lösungsansätze. In der frühen Phase eines Projekts trägt Gemini zur Ideenfindung bei, indem es thematisch breit gefächerte Fragestellungen verarbeitet. In späteren Phasen kann es strukturierte Zusammenfassungen generieren und Vorschläge für neue Konzepte erarbeiten.

Eine besondere Stärke von Gemini liegt in der Fähigkeit, Verknüpfungen zwischen unterschiedlichen Konzepten zu erkennen und neue Ansätze zu entwickeln, die durch klassische Methoden möglicherweise übersehen würden. Gleichzeitig besteht jedoch das Risiko, dass spekulative oder ungenaue Inhalte generiert werden. Um die Zuverlässigkeit der Informationen zu gewährleisten, ist eine kritische Validierung erforderlich. Dieses Problem kann durch eine gezielte Integration mit anderen Tools wie NotebookLM und Elicit weitgehend minimiert werden.

Elicit ist ein spezialisiertes Werkzeug zur systematischen Recherche wissenschaftlicher

Literatur. Im Gegensatz zu herkömmlichen Suchmaschinen, die lediglich eine Liste relevanter Publikationen bereitstellen, bietet Elicit eine strukturierte Darstellung wesentlicher Studieninformationen. Dazu gehören Angaben zu Studiendesign, Methodik und Ergebnissen, die eine gezielte Bewertung wissenschaftlicher Quellen ermöglichen. Durch diese Funktion wird der Rechercheprozess erheblich beschleunigt, da zentrale Informationen extrahiert werden, ohne dass jede Studie einzeln analysiert werden muss. Zudem erlaubt Elicit die gezielte Suche nach Konzepten innerhalb wissenschaftlicher Arbeiten, indem es relevante Schlüsselbegriffe aus der Literatur identifiziert. Diese Methode erleichtert die systematische Erfassung relevanter Forschungsansätze und deren potenzielle Anwendungen.

NotebookLM zeichnet sich durch die präzise Analyse und Zusammenfassung wissenschaftlicher Texte aus. Nutzer\*innen können gezielt Fragen zu hochgeladenen Dokumenten stellen, wodurch zeitaufwendiges Querlesen reduziert wird. Eine wesentliche Funktion von NotebookLM ist die direkte Verknüpfung der generierten Antworten mit den ursprünglichen Quellen, was eine transparente und nachvollziehbare Analyse wissenschaftlicher Informationen ermöglicht. Im Gegensatz zu Gemini 2.0, das eine allgemeine Explorationsfunktion bietet, ist NotebookLM auf die detaillierte Untersuchung spezifischer Inhalte ausgelegt.

Obwohl jedes der drei Werkzeuge individuelle Stärken besitzt, zeigen sich in bestimmten Anwendungsfällen Überschneidungen. Beispielsweise können Anfragen an NotebookLM in vielen Fällen auch an Gemini 2.0 gerichtet werden. Allerdings erfordert der Upload von Dokumenten in Gemini zusätzliche Schritte und eine manuelle Vorbereitung, was den Arbeitsprozess verlangsamen kann. Zudem besteht ein höheres Risiko ungenauer Verarbeitung wissenschaftlicher Texte. NotebookLM hingegen bietet eine direkte Analyse hochgeladener Dokumente mit einer zuverlässigen Quellenzuordnung, was die wissenschaftliche Transparenz verbessert.

Elicit kann Aufgaben in der frühen Phase der Literaturrecherche übernehmen, indem es strukturierte Informationen zu relevanten Publikationen bereitstellt. Dies erleichtert die gezielte Identifikation und Auswahl wissenschaftlicher Arbeiten, insbesondere wenn mehrere Studien zu einem spezifischen Thema verglichen werden sollen.

Durch die gezielte Kombination von Google Gemini 2.0, Elicit und NotebookLM entsteht ein anpassungsfähiges System, das unterschiedliche Anforderungen der Konzeptentwicklung adressiert. Während Gemini explorative und kreative Prozesse unterstützt, ermöglicht Elicit eine fundierte wissenschaftliche Recherche, und NotebookLM dient der

präzisen Analyse und Strukturierung wissenschaftlicher Informationen. Diese wechselseitige Ergänzung fördert eine methodische und innovative Herangehensweise in biologischen Forschungs- und Innovationsprozessen.

## 5.4 Zuordnung der Werkzeuge zu den einzelnen Phasen der Bionikspirale anhand des Bottom-up-Ansatzes

Im Rahmen der Bionikspirale und den vier zentralen Phasen des Innovationsprozesses (*Aufbereitung, Analyse, Abstraktion und Anwendung*) wurde eine Simplifizierung vorgenommen, da die detaillierte Aufteilung der neun Schritte der Bionikspirale oft ineinander verschmilzt und in der Praxis als zu granular empfunden werden kann (siehe Tab. 5). Aus diesem Grund erweist sich der strukturierte Ansatz mit den vier Phasen als effektive Alternative. Die anschließende Analyse basiert auf dem *Bottom-up-Ansatz*, bei dem natürliche Phänomene untersucht und abstrahiert werden, um daraus technische Lösungen abzuleiten. Ein vergleichbares Verfahren nach dem *Top-down-Ansatz*, bei dem von einer technischen Fragestellung ausgegangen wird, ist ebenfalls möglich. Dennoch sollte man besonders bei der technischen Analyse beachten, dass KI-Tools wie Google Gemini 2.0 durch ihre Neigung zu „halluzinierten“ Daten, eventuell ungenaue Resultate liefern können. Diese Problematik ist bei der Bottom-up-Analyse weniger ausgeprägt, erfordert jedoch im Top-down-Prozess eine umso sorgfältigere Überprüfung der Ergebnisse, um die wissenschaftliche Validität sicherzustellen.

Tabelle 5 bietet lediglich einen allgemeinen Überblick, daher folgt nun eine detaillierte Betrachtung jeder einzelnen Phase.

### **Aufbereitung (I): Biologisches Wissen aufbereiten und relevante natürliche Systeme identifizieren**

**Getestete Tools: Google Gemini 2.0, Elicit**

- **Google Gemini 2.0**

**Stärken:** Umfassende Datengrundlage und grenzenlose Anwendungsmöglichkeiten. Ideal für explorative Tätigkeiten, die kreative Ansätze und weitreichende Untersuchungen erfordern. Gemini kann neue Zusammenhänge aufdecken und innovative Methoden unterstützen, was eine robuste Basis für den fortschreitenden Prozess bildet.

**Schwächen:** Die breite Erkundung kann dazu führen, dass Informationen „halluziniert“ werden. In den frühen Phasen kann diese Eigenschaft jedoch als Vorteil betrachtet werden, da daraus unkonventionelle Ideen hervorgehen können.

Bereich	Empfohlene Tools	Begründung
<b>Aufbereitung (I)</b>	Google Gemini 2.0, Elicit	Breite Exploration durch vielseitige Datenbasis (Gemini), präzise Konzeptsuche und strukturierte Ergebnisse (Elicit).
<b>Analyse (II)</b>	NotebookLM, Elicit	Detaillierte Analyse hochgeladener wissenschaftlicher Paper (NotebookLM), erste Orientierung und strukturierte Extraktion durch Elicit.
<b>Abstraktion (III)</b>	NotebookLM	Wissenschaftlich fundierte Analyse mit direkter Verknüpfung zu den Quellen, minimiertes Risiko von Fehlinterpretationen.
<b>Anwendung (IV)</b>	Google Gemini 2.0, Elicit	Kreative Konzeptentwicklung durch innovative Verknüpfungen (Gemini), gezielte Literatur- und Konzeptrecherchen zur praktischen Umsetzung (Elicit).

Tabelle 5: Zusammenfassung der Einteilung der Werkzeuge in die jeweiligen Phasen

- **Elicit**

**Stärken:** Eine präzise, konzeptbasierte Suchfunktion, die sich ideal zur gezielten Recherche nach speziellen Mechanismen oder Themen eignet (beispielsweise „Katapultmechanismen in der Natur“). Sie liefert strukturierte und unmittelbar nutzbare Ergebnisse.

**Zusammenspiel mit NotebookLM:** Die mittels Elicit ermittelten wissenschaftlichen Arbeiten können in NotebookLM importiert werden, um im nächsten Schritt eine detailliertere Analyse und Vernetzung mit den Quellen zu ermöglichen.

## **Analyse (II): Verhalten, Struktur und Funktion eines biologischen Systems untersuchen**

Getestete Tools: NotebookLM, Elicit

- **NotebookLM**

**Stärken:** Solide Option für eine detaillierte Analyse wissenschaftlicher Artikel. Ermöglicht es, präzise Fragen zu formulieren und Antworten direkt mit den Quellen zu verbinden. Spart die Zeit des umfassenden Querlesens und sichert maximale Transparenz sowie Genauigkeit.

**Vorteil gegenüber Elicit:** NotebookLM hat die Fähigkeit, bis zu 50 Dokumente gleichzeitig zu bearbeiten, während in der kostenlosen Version von Elicit nur bis zu 4 Dokumente verarbeitet werden können.

- **Elicit**

**Stärken:** Eignet sich ideal zur systematischen Darstellung wissenschaftlicher Literatur. Bietet zügige Zusammenfassungen von Studiendesigns, Methoden und Ergebnissen, die als Basis für Arbeiten in NotebookLM verwendet werden können.

**Schwächen:** Im Vergleich zu NotebookLM weist es eine begrenztere Funktionstiefe auf, da die Verbindung zu den Originalquellen weniger stark ausgeprägt ist.

## **Abstraktion (III): Biologische Mechanismen abstrahieren und in universell anwendbare Prinzipien überführen**

Getestete Tool: NotebookLM

- **NotebookLM**

**Stärken:** Eine sorgfältige Analyse und Abstraktion wissenschaftlicher Mechanismen reduziert das Risiko von Fehlinterpretationen, indem die Antworten direkt mit den Ursprungsquellen verknüpft werden. Die wissenschaftliche Grundlage wird dabei gesichert.

- **Google Gemini 2.0 (nicht empfohlen)**

**Schwächen:** In dieser Phase besteht die Gefahr, dass die kreative Energie von Gemini zu ungenauen oder eingebildeten Informationen führt, was die Abstraktion beeinträchtigen könnte. NotebookLM ist daher für die Erzielung wissenschaftlich fundierter Ergebnisse die geeignetere Option.

## **Anwendung (IV): Abstrahierte Prinzipien in technische Lösungen übersetzen**

Getestete Tools: Google Gemini 2.0, Elicit

- **Google Gemini 2.0**

**Stärken:** Optimal für die Entwicklung technischer Konzepte basierend auf abstrahierten Prinzipien geeignet. Seine kreative Kompetenz, neue Verbindungen zu formen, resultiert in innovativen Lösungen und unkonventionellen Herangehensweisen, die in diesem Stadium von besonderem Nutzen sind.

**Schwächen:** Die Möglichkeit des Auftretens von „erträumten“ Informationen bleibt bestehen, weswegen es notwendig ist, die Resultate einer sorgfältigen Überprüfung zu unterziehen.

- **Elicit**

**Stärken:** Gestützt auf exakte Konzept- und Literaturanalysen. Ermittelt bedeutende Forschungsarbeiten im Bereich verwandter technischer Anwendungen, wodurch die Übertragbarkeit abstrakter Prinzipien gefördert wird.

**Zusammenspiel mit Gemini:** Während Gemini innovative und breitgefächerte Konzepte bereitstellt, gewährleistet Elicit deren wissenschaftliche Fundierung.

Die gezielte Kombination dieser Instrumente ermöglicht eine wirksame Unterstützung der unterschiedlichen Phasen der Bionikspirale. Besonders hervorzuheben ist die Kollaboration zwischen Elicit und NotebookLM: Elicit bietet einen schnellen Überblick und identifiziert relevante Arbeiten, die anschließend in NotebookLM für tiefere Analysen und genauere Verknüpfungen weiter bearbeitet werden können. Google Gemini 2.0 erbringt neue Anstöße sowohl in den Vorbereitungs- als auch in den Anwendungsphasen, wobei NotebookLM für die wissenschaftlich notwendige Präzision in den Analyse- und Abstraktionsphasen verantwortlich ist. In Kombination gewährleisten diese Instrumente eine gut strukturierte, fundierte und kreative Umsetzung des bionischen Innovationsprozesses.

## 5.5 Prototypische Anwendung

Zur Verdeutlichung des folgenden Prozesses stellt das nachstehende Flussdiagramm (Abb. 8) zunächst einen systematisch geordneten Überblick bereit. Es veranschaulicht die einzelnen Phasen, beginnend mit der Ausgangsfrage, gefolgt von der Analyse und Überprüfung der entwickelten Antworten, bis hin zur abschließenden Herleitung bio-nischer Prinzipien.

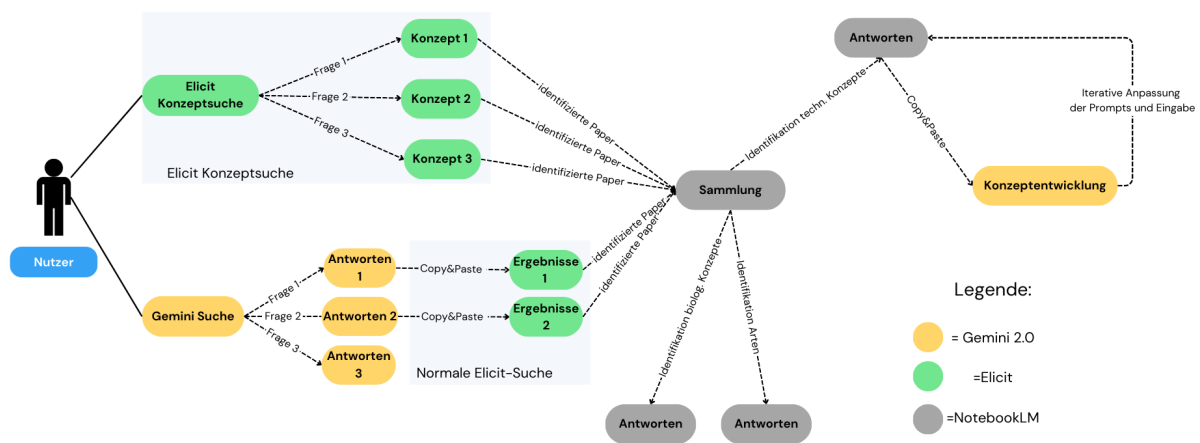


Abbildung 8: Überblick der prototypischen Anwendung und Kombination der KIs

Der Prozess beginnt mit der Erfassung unterschiedlicher Organismen. Google Gemini 2.0 wird genutzt, um eine umfassende Darstellung der Partikelfiltration in aquatischen Systemen zu erstellen. Dabei werden drei zentrale Forschungsfragen formuliert: Welche Arten der Partikelfiltration existieren in aquatischen Milieus? Welche adaptiven Mechanismen haben aquatische Organismen entwickelt, um Nahrung aus Wasser zu filtern? Und welche physikalischen Kräfte sind an der Filtration beteiligt? Die von Gemini 2.0 generierten Antworten dienen als Grundlage für eine gezielte Recherche in Elicit, um relevante wissenschaftliche Publikationen zu identifizieren. Während Gemini 2.0 eine erste Orientierung bietet, zeigt sich, dass einige der generierten Informationen durch aktuelle wissenschaftliche Erkenntnisse ergänzt oder korrigiert werden müssen (siehe Abb. 9).




Abbildung 9: Elicit aktualisiert eine veraltete Erklärung von Gemini 2.0

Zur Unterstützung der Validierung bietet Gemini 2.0 eine Funktion zur automatischen Überprüfung von Fakten, indem Antworten mit öffentlich zugänglichen Quellen abgeglichen werden (siehe Abb. 10). Informationen, die Google überprüft und als korrekt bestätigt hat, sind durch grüne Markierungen und Verlinkungen zu entsprechenden Quellen gekennzeichnet. Dagegen werden Aussagen ohne Beleg durch rote Markierungen hervorgehoben (siehe Abb. 11). Die Zuverlässigkeit dieser Funktion ist derzeit noch unklar.



6. **Ruderkrebse (Copepoda):** Nutzen ihre spezialisierten Mundwerkzeuge und Antennen, um Partikel aus dem Wasser zu filtern (direktes Abfangen, Trägheitseffekt).

7. **Wasserflöhe (Cladocera):** Filtern mit ihren Thoraxbeinen Partikel aus dem Wasser (direktes Abfangen, Interzeption).

8. **Rädertiere (Rotifera):** Besitzen einen Rotationsapparat mit Cilien, der einen Wasserstrom erzeugt und Partikel zum Mund befördert (direktes Abfangen). 

In der Google Suche wurden ähnliche Inhalte gefunden, zum Beispiel:

Rädertierchen verwenden diese Substanz als Klebstoff, um sich vorübergehend an verschiedenen Substraten wie Pflanzen, Steinen,...

 evidentscientific.com 

9. **Bryozoen (Moostierchen):** Koloniebildende Tiere mit einem Lophophor (Tentakelkranz), der zum Filtern dient (direktes Abfangen, Interzeption).

Abbildung 10: Korrekte Antwort gemäß Gemini 2.0 auf die Fragestellung: Beschreibe die verschiedenen Arten der Partikelfiltration in aquatischen Umgebungen und nenne 20 aquatische Organismen mit ihrer jeweiligen Filtrationstechnik.

**Beispiele für aquatische Lebewesen und ihre Filtrationstechniken:**

1. **Schwämme (Porifera):** Choanozyten (Kragengeißelzellen) erzeugen einen Wasserstrom und fangen Partikel an ihren Kragen ein. ✓
2. **Muscheln (Bivalvia):** Kiemen dienen sowohl der Atmung als auch der Filtration. ✓ Cilien erzeugen einen Wasserstrom, und Schleim fängt Partikel.
3. **Röhrenwürmer (z.B. Polychaeten):** Tentakel oder Kiemenbüschel filtern Partikel aus dem Wasser. !
4. **Bartenwale (Mysticeti):** Barten aus Keratin dienen als Sieb, um Krill und andere kleine Organismen zu filtern.
5. **Manteltiere (Tunicata, z.B. Seescheiden):** Ein Kiemenkorb mit Schleim fängt Partikel aus dem durchströmenden Wasser. ✓
6. **Ruderkrebse (Copepoda):** Spezialisierte Mundwerkzeuge und Antennen filtern Partikel. !
7. **Wasserflöhe (Cladocera):** Thoraxbeine dienen der Filtration. !
8. **Rädertiere (Rotifera):** Ein Rotationsapparat mit Cilien erzeugt einen Wasserstrom und befördert Partikel zum Mund. !

Abbildung 11: Übersicht der Kontrollmechanismen und generierten Antworten zur Fragestellung: Welche Anpassungen haben aquatische Lebewesen entwickelt, um Nahrung aus dem Wasser zu filtern? Rot steht hierbei für falsche oder nicht belegbare Antworten, grün für korrekte und gegen geprüfte Antworten.

Diese Funktion erleichtert die Überprüfung der generierten Inhalte, da sie eine erste Einschätzung der Korrektheit ermöglicht. In der praktischen Anwendung zeigt sich jedoch, dass rot markierte Aussagen nicht zwangsläufig fehlerhaft sind (siehe Abb. 12). Darüber hinaus existieren Antworten, die aufgrund ihrer knappen Formulierung nicht validiert werden können und somit nicht farblich markiert wurden.

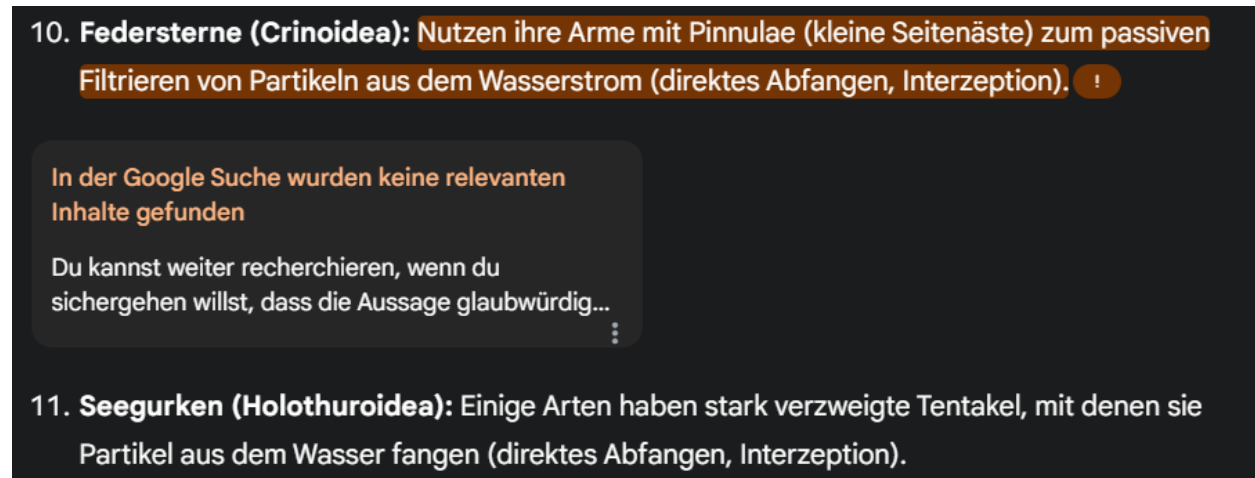


Abbildung 12: Unsicheres oder fehlerhaftes Ergebnis gemäß Gemini 2.0 auf die Fragestellung: Beschreibe die verschiedenen Arten der Partikelfiltration in aquatischen Umgebungen und nenne 20 aquatische Organismen mit ihrer jeweiligen Filtrationstechnik.

Unabhängig von den Resultaten der Gemini-Analyse wurde parallel die Konzeptsuchefunktion von Elicit eingesetzt. Diese Funktion diente dazu, eigenständig relevante wissenschaftliche Konzepte zu identifizieren und verhinderte somit die Abhängigkeit der Endergebnisse von einem einzigen LLM. Die verwendeten Suchbegriffe umfassten „aquatic filtration“, „particle separation aquatic environment by organisms“ und „filter feeding in aquatic organisms“ (siehe Abb. 13,14,15). Dabei wurden keine zuvor generierten Antworten herangezogen, sondern gezielt neue Zusammenhänge ermittelt. Die erste Recherche mit der Konzeptsuche ergab 184 identifizierte Konzepte in 64 wissenschaftlichen Arbeiten, sodass eine gezielte Eingrenzung der Ergebnisse erforderlich war. Um die Datenmenge zu reduzieren, wurde die Konzeptsuche für jede der drei Forschungsfragen separat durchgeführt, wobei jeweils die ersten zehn vorgeschlagenen Konzepte berücksichtigt wurden. Dadurch konnten insgesamt 30 detailliertere Konzepte extrahiert werden, von denen letztendlich 26 als relevante Publikationen für die weitere Analyse herangezogen wurden.

Die Auswahl der relevanten wissenschaftlichen Arbeiten erfolgte innerhalb von Elicit anhand einer automatisierten Sortierung nach Relevanz. Ergänzend wurden Faktoren wie

Veröffentlichungsjahr und in der Standardsuche Zitierhäufigkeit berücksichtigt. Diese Kriterien ermöglichten eine erste Bewertung der wissenschaftlichen Relevanz der ermittelten Arbeiten. In der Standard-Suche von Elicit wurde zusätzlich markiert, ob eine Quelle thematisch tatsächlich relevant ist, während in der Konzeptsuche die vorgeschlagenen Konzepte teilweise direkt durch Zitate aus den Originalarbeiten gestützt wurden. Innerhalb der Konzeptsuche konnten durch einen Klick auf den in Blau dargestellten Autor und das Veröffentlichungsdatum relevante Zitate aus den jeweiligen Publikationen eingesehen werden. Zudem bestand die Möglichkeit, die DOI der jeweiligen Studie zu kopieren oder das Paper über SemanticScholar zu öffnen.

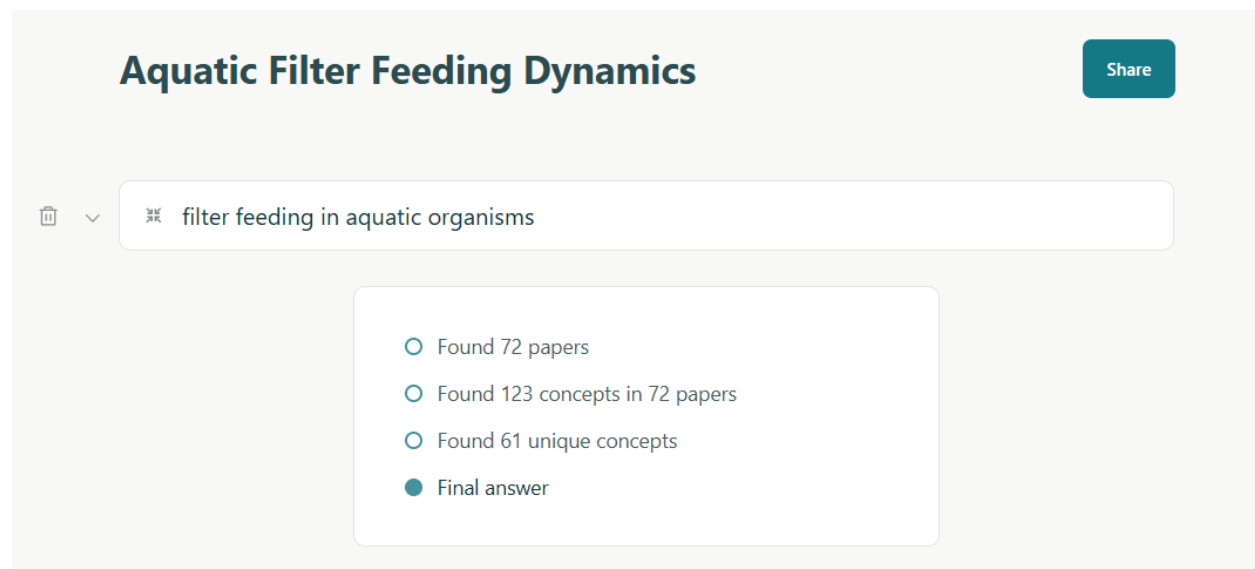


Abbildung 13: Die Suchleiste der Elicit Konzeptsuche mit der Möglichkeit die unterschiedlichen Zwischenschritte der Analyse aufzurufen

<div style="display: flex; align-items: center;"> <span>CSV</span> <span style="margin-left: 10px; border: 1px solid #ccc; padding: 2px 5px; font-size: 0.8em;">UPGRADE</span> </div>
<b>Concept</b>
<p><b>Ctenophores (Comb Jellies)</b> These gelatinous marine animals filter feed by using their cilia to create currents that capture small plankton and other particles.</p>
<p><b>Aquatic Insect Filter Feeders</b> a subgroup of aquatic insects, including mayflies and caddisflies, that utilize specialized strategies to extract particles from the water.</p>
<p><b>Anemones</b> Sea anemones can filter feed by using their tentacles to capture small prey, including zooplankton and small fish, from the water column.</p>
<p><b>Nudibranchs</b> Some species of sea slugs filter feed by using their specialized structures to capture small particles and plankton from the water.</p>
<p><b>Euphausiids</b> small shrimp-like crustaceans that filter feed on phytoplankton using specialized thoracic appendages.</p>
<p><b>Bivalve filter feeders</b> a group of aquatic organisms, including oysters, clams, and mussels, that filter feed by siphoning water and trapping food particles on their gills.</p>

Abbildung 14: Die Spalte der Konzepte der Elicit Konzeptsuche

<b>Source</b>
<p><i>Language model</i> ⓘ</p>
<p>"The major groups explored include Ephemeroptera (mayflies), Diptera (true flies), and Trichoptera (caddisflies), each of which have evolved unique strategies for obtaining particles from the water column.", "In aquatic habitats, immature insects feed in a variety of ways; however, consumption of small suspended particles (seston) in the water column is a common mode for representatives of several insect groups." <a href="#">D. Yee &amp; M. Kaufman 2019</a></p>
<p><i>Language model</i> ⓘ</p>
<p><i>Language model</i> ⓘ</p>
<p>"Filter feeding by compression pumping may occur in all those euphausiids that have thoracic appendages like those of <i>E. superba</i> and which filter feed on phytoplankton.", "Recent observations of "compression filtration" in live euphausiids and unresolved historic controversies about filter feeding in euphausiids based mostly on inferences from preserved specimens suggest that reconsideration of the biomechanics of filter feeding is in order." <a href="#">Eupha Usia &amp; W. Hamner 1988</a></p>

Abbildung 15: Die Spalte der Quellen und passenden Zitaten der Elicit Konzeptsuche

Ein potenzielles Problem bei der Konzeptsuche innerhalb von Elicit trat auf, wenn unter *Sources* die Antwort Language Model angezeigt wurde. Diese Markierung deutet darauf hin, dass keine direkten Zitate oder Belege für das vorgeschlagene Konzept in den zugrunde liegenden wissenschaftlichen Arbeiten gefunden wurden und dass die Informationen stattdessen von der KI selbst generiert wurden. In solchen Fällen besteht das Risiko ungenauer oder fehlerhafter Inhalte, weshalb explizit von Elicit darauf hingewiesen wird, diese Ergebnisse kritisch zu überprüfen. Trotz dieser Einschränkungen erwies sich die Vorauswahl durch Elicit als hilfreich, da sie eine gezielte und systematische Filterung der relevanten Literatur ermöglichte. Dabei ist zu beachten, dass in der Konzeptsuche nicht jedes identifizierte Konzept einer einzelnen zitierten Quelle zugeordnet werden konnte, sondern häufig mehrere Arbeiten als Beleg dienten. Die endgültige Auswahl der verwendeten wissenschaftlichen Arbeiten wurde daher manuell durchgeführt, um eine bessere Eingrenzung der relevanten Literatur sicherzustellen.

Nach der Identifizierung und Sammlung aller relevanten Publikationen wurde die wissenschaftliche Analyse der Filtrationsmechanismen mit NotebookLM durchgeführt. Hierbei war zu beachten, dass NotebookLM maximal 50 wissenschaftliche Artikel gleichzeitig verarbeiten kann. Die für die Analyse genutzten wissenschaftlichen Arbeiten waren entweder über den universitären Zugang verfügbar oder als Open-Access-Publikationen frei zugänglich. Im Einklang mit der wissenschaftlichen Methodik wurde bewusst darauf verzichtet, nicht zugängliche Artikel über alternative Wege zu beschaffen.

Im folgenden Schritt wurden die ermittelten biologischen Filtrationsmechanismen von NotebookLM abstrahiert und in Form reiner Funktionsbeschreibungen auf technischer Ebene dargestellt. NotebookLM übernahm dabei die gezielte Aufgabe, biologische Prozesse zu isolieren und in technische Mechanismen zu übersetzen. Es ist hierbei besonders hervorzuheben, dass alle dargestellten Ergebnisse ausschließlich auf den Analysen von NotebookLM basieren. Die inhaltliche Struktur, die entwickelten Prinzipien sowie die daraus abgeleiteten Schlussfolgerungen wurden vollständig durch die KI-gestützte Analyse ermittelt. Die gestellten Forschungsfragen wurden so formuliert, dass eine gezielte Untersuchung der Thematik durch die KI ermöglicht wurde, ohne dabei inhaltlichen Einfluss auf die von NotebookLM generierten Antworten zu nehmen.

Die von NotebookLM abgeleiteten Filtermechanismen wurden von der KI in fünf Hauptkategorien eingeteilt: mechanische, fluidbasierte, adhäsive, dynamische und aktive Filtration. Die KI identifizierte spezifische Vor- und Nachteile für jede dieser Methoden, um deren Anwendungsmöglichkeiten in technischen Systemen präziser zu bewerten; diese

sind unten aufgeführt. Diese Untersuchung ermöglichte nicht nur eine detaillierte Analyse der einzelnen Mechanismen, sondern legte auch den Grundstein für die spätere praktische Implementierung der gewonnenen Erkenntnisse in technischen Filtersystemen.

- **Mechanische Filtration** zeichnet sich durch eine hohe Effizienz bei der direkten Partikelabscheidung aus, ist jedoch anfällig für Verstopfungen.
- **Strömungsbasierte Filtrationsmethoden**, wie die deterministische laterale Verschiebung oder die Querstromfiltration, verringern die Blockierungsanfälligkeit und eignen sich für den kontinuierlichen Betrieb.
- **Adhäsive Filtration** ermöglicht eine selektive Partikeltrennung, weist jedoch häufig eine begrenzte Kapazität auf und reagiert empfindlich auf Veränderungen der Oberflächenstruktur.
- **Dynamische Filtration** nutzt adaptive Strukturen, um sich flexibel an veränderte Umweltbedingungen anzupassen, erfordert jedoch eine komplexe Steuerung und ist technisch anspruchsvoll.
- **Aktive Filtration** bietet eine besonders hohe Filtrationseffizienz, benötigt jedoch eine externe Energiezufuhr sowie eine aufwändige Regelungstechnik.

Basierend auf den durch *NotebookLM* abstrahierten funktionalen Prinzipien wurde *Google Gemini 2.0* beauftragt, innovative technische Filtersysteme zu entwickeln. Dieser Innovationsprozess erfolgte iterativ und erforderte eine kontinuierliche Anpassung der Fragestellungen, um die Generierung zielgerichteter Ergebnisse zu gewährleisten.

Die ersten Entwürfe von *Gemini 2.0* wiesen, wie im Anhang zu lesen, häufig eine unzureichende Detailtiefe auf, wiederholten bekannte Konzepte oder kombinierten Filtrationsprinzipien auf unpraktische Weise. Zudem schlug das Modell wiederholt bereits bestehende Systeme vor, anstatt neue, auf den abstrahierten biologischen Prinzipien basierende Konzepte zu entwickeln.

Durch eine schrittweise Optimierung des Erzeugungsablaufs, gezielte Anpassungen, Verbesserungen der Eingabeaufforderungen und die strikte Einhaltung der von *NotebookLM* festgelegten Prinzipien konnte letztendlich eine Reihe potenziell praktikabler bionischer Filtersysteme entwickelt werden. Trotz einer klaren methodischen Grundlage stellte sich die konsequente Anwendung dieser Prinzipien durch die KI als schwierig heraus. Um die angestrebten Ergebnisse zu erzielen, waren umfangreiche Validierungsprozesse und ständige Anpassungen notwendig. Diese Vorgehensweise war theoretisch

nicht vorgesehen und erforderte deutlich mehr menschlichen Aufwand als ursprünglich geplant.

Die von der KI generierten Filter lassen sich wie folgt darstellen<sup>22</sup>:

### **Der "Oikopleura"-Schleimnetzfilter**

Der Filter ist durch die Schleimnetze der manteltierartigen Spezies Oikopleura inspiriert. Er umfasst ein selbstarrangierendes Netz aus Polymerfasern, das von einer viskoelastischen "Schleim"-Substanz umgeben ist. Wasser fließt tangential am Netz entlang, wodurch Partikel an der Schleimschicht haften. Der Filter zeichnet sich durch hohe Effizienz bei kleinen Partikeln und eine geringe Neigung zu Verstopfungen aus. Jedoch ist die Komplexität des Systems hoch, und die "Schleim"-Substanz ist anfällig für Zersetzung.

### **Der "Daphnia"-Borstensfilter mit lateraler Verschiebung**

Dieser Filter imitiert die Filterborsten des Wasserfloh Daphnia und nutzt das Prinzip der Deterministic Lateral Displacement (DLD). Er integriert sowohl direkte Abfangung als auch laterale Verschiebung, um Partikel nach ihrer Größe zu trennen. Die feinen Borsten sind in einer spezifischen Anordnung platziert, wobei größere Partikel direkt abgefangen werden und kleinere Partikel via lateraler Verschiebung zu separaten Ausgängen geführt werden. Der Filter ist äußerst leistungsfähig und kann an unterschiedliche Partikelgrößen angepasst werden, jedoch ist er komplex und anfällig für Schäden.

### **Der "Bartenwal"-CFF-Filter mit adaptiver Geometrie**

Dieser Filter, der durch Bartenwale inspiriert wurde, verwendet das Prinzip der Cross-Flow-Filtration (CFF). Er ist mit Lamellen ausgestattet, deren Abstände sich automatisch an die Größe und Konzentration der Partikel anpassen, was eine effiziente Filtration über ein weites Spektrum an Partikelgrößen ermöglicht. Der Filter besitzt auch die Fähigkeit zur Selbstreinigung und kann sich verschiedenen Bedingungen anpassen, ist jedoch komplex und anfällig für Verschleiß.

### **Der "Muschel"-Kiemenfilter mit Oberflächenmodifikation**

Der beschriebene Filter imitiert die Kiemen von Muscheln und vereint direkte Abscheidung mit einer Modifikation der Oberfläche. Die Lamellen sind mit einer speziellen Substanz beschichtet, die zur Bindung spezifischer Partikelarten dient. Die Adhäsionskraft dieser Beschichtung ist anpassbar, sodass die gebundenen Partikel getrennt und entfernt werden können. Dieser Filter zeichnet sich durch eine hohe Selektivität und Anpas-

<sup>22</sup>Diese Auflistung stellt eine reine Zusammenfassung der von der KI erzielten Ergebnisse dar. Sämtliche Informationen und Namen wurden vollständig maschinell generiert, ohne menschliches Zutun.

sungsfähigkeit an verschiedene Partikeltypen aus, jedoch ist die Beschichtung komplex und möglicherweise anfällig für Verschleiß oder Verschmutzung.

### **Der "Ambulakralfüßchen"-Filter mit gerichteter Strömung**

Der Filter, inspiriert von den Ambulakralfüßchen der Seesterne, integriert Schleimfiltration mit einer gerichteten Strömung. Die tentakelähnlichen Strukturen sind mit einer Schleimschicht bedeckt, welche so effizient Wasserdurchfluss lenkt, dass Partikel an ihrer Oberfläche haften. Die Strukturen bewegen sich aktiv, um den Fluss zu optimieren und die Partikelbindung zu verbessern, und passen die Schleimproduktion an, indem sie bei höheren Partikelkonzentrationen mehr Schleim absondern. Der Filter zeichnet sich durch hohe Effizienz und Anpassungsfähigkeit an verschiedene Bedingungen aus, ist jedoch komplex und anfällig für Beschädigungen.

### **Der "Cross-Flow Baleen 2.0" Filter**

Der präsentierte Filter basiert auf der Cross-Flow-Filtration (CFF), lässt sich von Bartenwalen inspirieren und verarbeitet zusätzliche Elemente anderer Filtertechnologien. Er besitzt aktiv schwingende Filterelemente, die mit einer "Schleim"-artigen Beschichtung versehen sind. Dünne, biegsame Platten mit Mikrokanälen sind in gestapelter Form arrangiert, wobei das Wasser tangential an den Platten entlangströmt. Die Platten erzeugen Vibrationen, um die Ablösung von Partikeln zu fördern, und sind mit einem Hydrogel beschichtet, das Schleim imitiert. Dieser Filter zeichnet sich durch hohe Effizienz, verminderte Verstopfung und verbesserte Partikelaufnahme aus, ist jedoch im Vergleich zu passiven CFF-Systemen komplexer und energieaufwendiger.

### **Der "DLD-inspirierte Kiemenrechen"-Filter**

Dieser Filter integriert das Prinzip des Deterministic Lateral Displacement (DLD) mit dem direkten Interzeptionsmechanismus der Fischkiemenrechen. Er enthält genau angeordnete Strukturen, die den "Kiemenrechen" ähneln und Partikel aufgrund ihrer Größe entlang spezifischer Bahnen leiten. Diese kammartigen Strukturen mit genau abgestimmten Lücken sind in einem mikrofluidischen Kanal positioniert. Die Anordnung bewirkt ein gleichmäßiges Strömungsmuster, das Partikel je nach Größe seitlich leitet. Der Filter ermöglicht eine sorgfältige Trennung von Partikeln, ist aber hinsichtlich seiner Herstellung anspruchsvoll und empfindlich gegenüber Schwankungen der Durchflussrate.

### **Der "Trägheits-Wirbel"-Filter**

Der Filter integriert Trägheitseffekte und Wirbelströmung zur Optimierung der Partikel-

abtrennung. Er nutzt eine Synergie aus Trägheitskraft und gezielt erzeugten Verwirbelungen, um Partikel zu isolieren. Das Fluid wird durch enge Biegungen geleitet, wobei größere Partikel aufgrund ihrer Trägheit vom Strömungsweg abweichen. Nach der Phase des Aufpralls bilden sich kleine Wirbel, in denen kleinere Partikel eingeschlossen werden. Dieser Filter eignet sich für ein breites Spektrum an Partikelgrößen und bietet hohen Durchsatz, kann jedoch höhere Durchflussraten erfordern.

Für all diese Konzepte ist laut Gemini 2.0 die Wahl der Materialien von entscheidender Bedeutung. Es sind biokompatible, ungiftige und langlebige Materialien erforderlich, besonders bei Anwendungen zur Reinigung von Wasser und Luft. Die Konzepte müssen so gestaltet werden, dass sie auf unterschiedliche Anwendungen und Skalierungen anpassbar sind. Energieeffizienz ist ebenfalls ein entscheidender Faktor zur Minimierung der Betriebskosten. Die Filter sollten zudem wenig Wartung erfordern und eine lange Nutzungsdauer aufweisen.

## 6 Diskussion

### 6.1 Limitationen der QUEST-basierten Bewertung und methodische Verzerrungen

Die Auswahl von Gemini 2.0 als das am besten geeignete Sprachmodell basierend auf der QUEST-Methode stellt nur ein vorläufiges Ergebnis dieser Arbeit dar und ist von methodischen Einschränkungen betroffen. Obwohl alle Modelle unter identischen Bedingungen befragt wurden, indem Anfragen in separaten Sitzungen gemacht wurden, um frühere Kontexte zu vermeiden, basiert die endgültige Bewertung auf einer subjektiven Punktevergabe, die möglicherweise nicht die tatsächliche Modellleistung vollständig widerspiegelt. Die QUEST-Methode ist ein mehrstufiger, standardisierter Bewertungsprozess mit mehreren Beurteilern, der darauf abzielt, Verzerrungen zu reduzieren und eine solide Grundlage für Entscheidungen zu schaffen. Für Anwendungen in medizinischer Ausbildung und Forschung empfiehlt die Methode ein Team von mindestens vier Beurteilern, während sie bei klinischen Anwendungen, bei denen Fehleinschätzungen direkte Auswirkungen auf die Gesundheit der Patienten haben, ein Team von sechs Beurteilern vorsieht (vgl. Tam et al., 2024). In dieser Arbeit wurde die Bewertung jedoch von nur einer Person durchgeführt, was unvermeidlich das Risiko subjektiver Verzerrungen erhöht.

Ein wesentlicher Nachteil des hier gezeigten Vorgehens ist die geringe Anzahl der zur Modellbewertung verwendeten Fragen. Die QUEST-Methode schlägt in klinischen und sicherheitsrelevanten Anwendungen eine Stichprobengröße von über 100 Fragen vor (vgl. Tam et al., 2024), während in dieser Untersuchung nur vier zentrale Fragen dreimal gestellt wurden, um die Modelle entlang der Bionikspirale nach *VDI 6220 Blatt 2* (2022) zu bewerten. Diese Einschränkung war aus praktischen und zeitlichen Erwägungen erforderlich, reduziert jedoch die Aussagekraft und Übertragbarkeit der Ergebnisse. Da die QUEST-Methode betont, dass die Auswahl der Dimensionen und Metriken einer Applikation sorgfältig erfolgen muss, könnten die wenigen Fragen dazu geführt haben, dass wesentliche Leistungseigenschaften der Modelle unzureichend berücksichtigt wurden. Eine detailreichere Fragestellung oder eine differenzierte Analyse mit spezifischeren Metriken könnte womöglich zu einer veränderten Beurteilung der Modelle geführt haben.

Ein weiterer methodischer Gesichtspunkt dieser Untersuchung betrifft die gleichmäßige Gewichtung aller Bewertungskriterien. Obwohl die QUEST-Methode unterschiedli-

che Gewichtungsoptionen für verschiedene Anwendungskontexte ermöglicht (vgl. Tam et al., 2024), wurde hier bewusst eine einheitliche Gewichtung aller Kriterien gewählt. Diese Entscheidung diente dazu, eine neutrale und standardisierbare Vergleichsbasis zu schaffen, hatte jedoch zur Konsequenz, dass sämtliche Leistungsdimensionen der Modelle gleichgewichtig in die gesamte Bewertung einfließen, unabhängig davon, ob in der praktischen Anwendung bestimmte Faktoren, wie die wissenschaftliche Genauigkeit oder die technische Anwendbarkeit, möglicherweise von größerer Bedeutung gewesen wären.

Um eine gründlichere Evaluierung der Antworten der Modelle zu ermöglichen, wurden die Ergebnisse mit einer Farbkodierung versehen, die auf visuelle Weise qualitative Unterschiede zwischen den Modellen aufzeigt. Das zugrunde liegende Schema für die Farbkodierung war wie folgt definiert: Dunkelgrün markierte Antworten, die vollständig korrekt, präzise und wissenschaftlich begründet waren, exakt im Einklang mit den formulierten Erwartungen und somit bedingungslos als richtig eingestuft werden konnten. Hellgrün kennzeichnete Antworten, die größtenteils korrekt waren, jedoch in einigen Aspekten noch Verbesserungsspielraum boten, sei es durch fehlende Details, kleinere Ungenauigkeiten oder suboptimale Argumentationsstrukturen. Gelb wurde für Antworten verwendet, die nur teilweise korrekt oder unvollständig waren, oder die aufgrund unklarer Formulierungen zu Interpretationsspielräumen führten. Schließlich wies eine rote Markierung auf Antworten hin, die entweder faktisch inkorrekt, inkonsistent oder inhaltlich nicht verwertbar waren.

Die visuelle Unterscheidung zielte darauf ab, die systematischen Stärken und Schwächen der geprüften Modelle deutlicher sichtbar zu machen und Muster in der Antwortqualität zu erkennen. Anhand der Farbkodierung konnten beispielsweise die Bereiche identifiziert werden, in denen bestimmte Modelle durchgehend starke oder schwache Leistungen zeigten. Diese Klassifizierung bleibt jedoch subjektiv, da ihre Bewertung von einer Einzelperson und nicht von einem unabhängigen Team von Gutachtern vorgenommen wurde. Eine umfassendere Anwendung der QUEST-Methode mit mehreren Bewertern könnte dazu beitragen, die farbige Kategorisierung weiter zu objektivieren und eine höhere Bewertungsbeständigkeit zu gewährleisten.

Die umfassende Dokumentation der farblich markierten Modellreaktionen ist digital auf einer Cloud-Plattform zur Verfügung gestellt, da die Datenmenge eine direkte Integration in diese Arbeit überschreitet. Damit wird gewährleistet, dass zukünftige Studien auf die Ergebnisse zugreifen, sie überprüfen und möglicherweise erweitern können.

Einerseits gibt es methodologische Begrenzungen, und andererseits besteht die Gefahr von kognitiven Verzerrungen, die durch Einzelbewertungen verstärkt werden können. Beispielsweise könnte ein Bestätigungsfehler dazu geführt haben, dass Gemini 2.0 bevorzugt wurde, da es in einer bestimmten Phase der Bewertung besonders gut abschnitt. Der Ankereffekt hätte eine Rolle spielen können, indem frühere Resultate die nachfolgenden Bewertungen beeinflussten (vgl. Chapman und Johnson, 1999). Zusätzlich könnte der Rezenzeffekt bewirkt haben, dass das zuletzt untersuchte Modell einen übermäßig starken Einfluss auf die endgültige Entscheidung hatte (vgl. Zdep und Wilson, 1968). Eine erweiterte Zahl an Bewertenden sowie eine systematische Schulung entsprechend der QUEST-Methode hätten möglicherweise all diese Effekte abschwächen können.

Die Auswahl von Gemini 2.0 als optimalstes Modell muss angesichts methodischer Grenzen als keine uneingeschränkte Entscheidung angesehen werden. Die Beurteilung wurde durch eine limitierte Auswahl an Fragen, die Durchführung einer Einzelbewertung ohne Konsens in der Gruppe, und das Fehlen einer objektiven Vergleichsgrundlage beeinflusst. Obwohl die QUEST-Checkliste als Bewertungsansatz verwendet wurde, wurde ihre methodische Tiefe nicht vollständig ausgeschöpft. Auch könnte die gleichmäßige Gewichtung aller Bewertungskriterien dazu beigetragen haben, dass spezifische Stärken einzelner Modelle unzureichend gewürdigt wurden. Zwar boten die farblichen Markierungen der Ergebnisse nützliche qualitative Hinweise auf die Modellleistungen, es könnte jedoch sein, dass eine umfassendere QUEST-Analyse mit größerem Stichprobenumfang, mehreren unabhängigen Gutachtern und differenzierter Gewichtung der Leistungsmerkmale zu abweichenden Resultaten geführt hätte. Daher sollte das hier erzielte Resultat nicht als abschließende Empfehlung verstanden werden, sondern als eine vorläufige Orientierung im Rahmen des bionischen Innovationsprozesses, die durch methodisch umfangreichere zukünftige Studien weiter präzisiert werden sollte.

## **6.2 Dynamik der KI-Entwicklung und mögliche Einschränkungen der Modellwahl**

Eine wesentliche Überlegung bei der Auswertung der Resultate der vorliegenden Arbeit ist der rasche Fortschritt im Bereich der KI, insbesondere bei den LLMs. Während des Erstellens dieser Arbeit sind fortlaufend neue Modelle erschienen, bestehende Systeme verbessert worden, und zuvor weniger beachtete Modelle haben an Bedeutung gewonnen. Diese hohe Innovationsgeschwindigkeit stellt für wissenschaftliche Arbeiten in diesem Bereich eine spezielle Herausforderung dar, da die Relevanz und Vergleichbarkeit

der Modelle innerhalb kurzer Zeiträume erheblich schwanken kann.

Ein exemplarisches Modell, das erst kurz vor der Erstellung dieser Arbeit verfügbar und erst während der Evaluierung einsetzbar war, ist GPT-4.o1. Es handelt sich hierbei um eine verfeinerte Iteration des GPT-4.o-Modells, das durch seine Fähigkeiten im Chain-of-Thought-Ansatz, eine verbesserte Kompetenz in der iterativen Problemlösungsbearbeitung (Problemstapelung) sowie weiterentwickeltes RL gekennzeichnet ist. GPT-4 hatte bereits eine robuste Argumentationsstruktur, jedoch wurde GPT-4.o1 weiter verbessert, indem es nicht nur präzise Antworten liefert, sondern zudem den Lösungsprozess umfassender darlegt. Besonders bei anspruchsvollen, mehrstufigen Aufgaben, wie mathematischen Beweisen oder physikalischen Rechnungen, erweist sich die verbesserte Fähigkeit zur Schritt-für-Schritt-Analyse als Vorteil, was speziell in Wissenschaft und Technik von erheblicher Bedeutung ist (vgl. El-Kishky et al., 2024).

Ein Modell, das zwischen Dezember 2024 und Februar 2025 zunehmend an Beachtung gewann, ist DeepSeek V3, das als eine der leistungsfähigsten Open-Source-Alternativen im Bereich der großen Sprachmodelle gilt. Im Gegensatz zu DeepSeek V2.5 zeigt das Modell signifikante Verbesserungen bei der Lösung mathematischer Probleme und bei Codierungsaufgaben. Diese Entwicklungen demonstrieren, dass leistungsfähige Modelle nicht exklusiv in proprietären Umgebungen wie von OpenAI oder Anthropic entworfen werden, sondern auch herausragende Open-Source-Alternativen an Bedeutung gewinnen (vgl. DeepSeek, 2025).

In dieser Arbeit wurden die LLM Gemini 2.0, LLaMA 3.3, GPT-4.o und Claude 3.5 aufgrund ihrer Bekanntheit und Verbreitung zum Zeitpunkt der Analyse ausgewählt, mit besonderem Fokus auf den AI Index 2024 (Maslej et al., 2024). Dies gewährleistete, dass die Evaluation auf den anerkanntesten Systemen basierte. Dennoch wurde die Möglichkeit in Betracht gezogen, dass neuere oder weniger bekannte Modelle mit vergleichbaren oder überlegenen Eigenschaften ausgeschlossen sein könnten.

Die rapide Innovationsrate in der KI-Forschung stellt eine signifikante Herausforderung für wissenschaftliche Publikationen in diesem Fachgebiet dar. Während sich in anderen technologischen Disziplinen Innovationsprozesse oft über längere Zeitspannen erstrecken, zeigt die KI-Forschung eine bemerkenswert schnelle Fortschrittsgeschwindigkeit. Ständig werden neue Architekturen, Trainingsmethoden und Optimierungsstrategien entwickelt, die fortlaufend zu einer Leistungssteigerung von LLMs führen, sodass Evaluationsstudien, die vor wenigen Monaten durchgeführt wurden, rasch durch neuere Modelle überholt werden können (vgl. Maslej et al., 2024).

Die Modelllandschaft zeigt eine wachsende Diversität: Proprietäre Modelle, darunter GPT-4.0 und Claude 3.5, agieren in abgeschlossenen Systemen, wodurch ihre umfassende Evaluation oft nur begrenzt erfolgen kann. Im Gegensatz dazu gewinnen Open-Source-Modelle wie DeepSeek V3 oder LLaMA 3.3 zunehmend an Leistungsfähigkeit und Vielseitigkeit. Diese Entwicklungen führen zu einer heterogenen Forschungsumgebung, in der es schwierig ist, alle bedeutenden Modelle unter einheitlichen Bedingungen zu evaluieren.

Die Beurteilung von LLMs sollte stets im Kontext einer dynamisch sich entwickelnden Forschungslandschaft erfolgen. Die in dieser Arbeit gezeigten Befunde spiegeln den technischen Zustand zur Zeit der Analyse wider, doch könnten fortschreitende Entwicklungen bereits zu veränderten Bewertungen führen. Daher ist es ratsam, in zukünftigen Studien fortlaufende Aktualisierungen von Modellvergleichen zu berücksichtigen, um den neuesten Fortschritten gerecht zu werden und die langfristige Relevanz von Evaluierungen sicherzustellen.

### **6.3 Bewertung des entwickelten Prozesses**

Um die wissenschaftliche Gültigkeit der KI-gestützten Analyse sowie deren Vorzüge und Einschränkungen umfassend zu bewerten, ist ein Abgleich mit einer etablierten wissenschaftlichen Studie erforderlich. Eine kritische Vergleichsanalyse mit der Untersuchung von Hamann und Blanke (2022) ermöglicht eine objektive Bewertung der methodischen Vorgehensweisen, der Ergebnisqualität sowie der Effizienz beider Ansätze. Im Gegensatz zur wissenschaftlichen Studie, die auf einer deduktiven Methodik beruht und eine systematische Klassifizierung von 35 Suspension Feedern durchführt, folgt die KI.

Einer der wesentlichen Unterschiede zwischen den beiden Methoden besteht in der Art und Weise der Datenverarbeitung. In der wissenschaftlichen Untersuchung wurden von Anfang an klare Kriterien zur Klassifikation von Suspension Feeder festgelegt, ebenso wie die biologischen und technischen Parameter, die in die Analyse einbezogen werden sollten. Im Gegensatz dazu erlaubte die KI-gestützte Methode zunächst eine umfassende Erfassung relevanter Mechanismen, gefolgt von einer schrittweisen Einschränkung. Diese Vorgehensweise führte dazu, dass die KI-gestützte Analyse einen umfassenderen Überblick verschaffte, jedoch weniger systematisch eingeordnete Informationen bereitstellte. Dennoch zeigt der Vergleich der Ergebnisse eine signifikante inhaltliche Überschneidung: Insgesamt wurden 19 Organismen sowohl in der KI-Analyse als auch in der wissenschaftlichen Untersuchung identifiziert. Diese Ergebnisse deuten auf das Po-

tenzial von KI hin, relevante biologische Konzepte zu identifizieren. Jedoch entspricht nicht jeder von der KI erkannte Organismus den wissenschaftlichen Kriterien für Suspension Feeder. Eine mögliche Erklärung könnte darin liegen, dass die Resultate stark von den verwendeten Prompts beeinflusst werden. Die erwähnten Prompts waren breit formuliert und konzentrierten sich auf aquatische Lebewesen, während Hamann und Blanke (2022) beispielsweise auch andere semiaquatische Arten wie den Flamingo untersuchten, was zu Abweichungen führen könnte. Es ist jedoch wichtig zu betonen, dass die KI-gestützte Suche insgesamt 36 Organismen und taxonomische Gruppen mit mehreren Unterarten identifizierte. Dies bedeutet nicht zwangsläufig, dass das KI-Ergebnis schlechter ist, sondern dass alternative Lösungen gefunden wurden, auch außerhalb der Gruppe der Suspension Feeder. Dies könnte wiederum auf die weitreichende Formulierung der Prompts zurückzuführen sein.

Ein wesentlicher Vorteil der KI-unterstützten Methode besteht in der erheblichen Zeiterparnis. Während eine manuelle Literaturrecherche oft Wochen oder Monate erfordert, kann die KI in kürzester Zeit eine Vielzahl wissenschaftlicher Arbeiten verarbeiten und analysieren. Die Konzeptsuche mit Elicit war besonders effektiv, da sie mit minimalen Eingaben eine Fülle relevanter Quellen erkannte. Dennoch war eine Filterung der Ergebnisse nötig, um sie auf die wichtigsten Informationen zu reduzieren. Dies lag nicht nur an der großen Menge erfasster Konzepte, sondern auch an technischen Limitationen, wie der Beschränkung von NotebookLM auf 50 wissenschaftliche Arbeiten gleichzeitig. Daher wurde für jede wichtige Forschungsfrage eine Gruppe von zehn am relevantesten Antworten ausgewählt, um eine gezielte Weiterverarbeitung zu ermöglichen. Dies verdeutlicht, dass eine KI-gestützte Analyse nicht einfach "alle verfügbaren Daten" verwenden kann, sondern auch eine bewusste Steuerung und Priorisierung durch den Nutzer erfordert.

Ein wesentlicher Unterschied zwischen diesen Methoden liegt in der Bearbeitung der Resultate. Hamann und Blanke (2022) fokussierten sich vor allem auf die detaillierte Analyse und systematische Klassifikation bereits existierender biologischer Mechanismen. Im Unterschied dazu ermöglichte die KI-gestützte Herangehensweise eine Erweiterung des Forschungsrahmens, indem sie autonom neuartige, biomimetische Filtersysteme entwickelte und somit zum Teil auch Phase vier der Bionikspirale umsetzte. Eine weitere Erklärung dafür ist, dass die wissenschaftliche Untersuchung, im Gegensatz zur hier präsentierten KI-Methode, nicht die vollständige Implementierung von Filtersystemen zum Ziel hatte. Zu diesen KI-generierten Konzepten gehören der „Oikopleura“-Schleimnetzfilter, der „Daphnia“-Borstenfilter mit lateraler Verschiebung

sowie der „Bartenwal“-CFF-Filter mit anpassbarer Geometrie. Dies verdeutlicht das Potenzial von KI-Modellen, nicht nur als Analysetools, sondern auch als kreative Instrumente zur Entwicklung innovativer technischer Konzepte zu agieren. Dennoch bleibt die praktische Umsetzung dieser Entwürfe unklar, da ihre technische Machbarkeit bislang nicht weiter untersucht wurde. Möglich ist, dass einige der theoretisch überzeugenden Lösungen in der Realität schwer durchführbar oder unpraktikabel sind, etwa aufgrund hoher Materialkosten, energieaufwändiger Betriebsbedingungen oder technischer Beschränkungen. Diese Konzepte bieten jedoch bedeutende Impulse für zukünftige Forschungsstudien. Allerdings müssen diese Studien von Fachleuten mit Spezialisierung im Bereich der Bionik durchgeführt werden.

KI-gestützte Analysen bieten zwar viele Vorteile, doch auch deutliche Einschränkungen sind erkennbar. Trotz der Geschwindigkeit und Effizienz von KI ist der Prozess nicht vollständig automatisiert. Ein wesentlicher Faktor für die Qualität der Resultate ist das bionische Wissen des Benutzers. Obwohl die KI in der Lage ist, große Datenmengen zu aggregieren, wählt sie nicht automatisch die biologisch oder technisch bedeutendsten Mechanismen aus. Der Nutzer ist weiterhin verantwortlich für das Stellen präziser Fragen, die Identifizierung und Bewertung relevanter Konzepte sowie die Entscheidungsfindung darüber, welche Mechanismen verbessert oder integriert werden können. Ohne diese fachliche Kompetenz könnten die von der KI gelieferten Daten möglicherweise nicht in einen biologisch oder technisch sinnvollen Zusammenhang gebracht werden. Diese Schlussfolgerung steht im Einklang mit den Ergebnissen von Yeter und Le Ferrand (2024), die die Unterstützung des bionischen Entwicklungsprozesses durch ChatGPT untersuchten. Dies steht im Gegensatz zur wissenschaftlichen Arbeit, die durch präzise Fragestellungen und methodisch rigorose Kategorisierung gewährleistet, dass alle analysierten Mechanismen in einen definierten biologischen Rahmen passen.

Eine besonders kritische Frage ist, wie zuverlässig eine KI-gestützte Methode in einem Top-Down-Ansatz funktionieren könnte. Während der in dieser Arbeit verwendete Bottom-Up-Ansatz darauf abzielt, biologische Mechanismen zu identifizieren und in technische Anwendungen zu integrieren, stellt der Top-Down-Ansatz eine anspruchsvollere Aufgabe dar. In diesem Fall beginnt die Analyse mit einem technischen Problem, für das anschließend effektive biologische Lösungen gesucht werden müssen. Dabei erweist sich das technologische Wissen des Anwenders als besonders wichtig, da es nicht nur darum geht, biologische Mechanismen zu verstehen, sondern sie zielgerichtet auf ein technisches Problem anzuwenden. Ein Forschende, der sich mit BID beschäftigt, muss daher sowohl über biologische Kenntnisse als auch über ingenieurwissenschaftli-

che Prinzipien Bescheid wissen (vgl. Yen und Weissburg, 2016). Eine erhebliche Gefahr hierbei ist die sogenannte Halluzination technischer Lösungen durch die KI. Schon im Bottom-Up-Ansatz zeigte sich, dass generative KI-Modelle wie Google Gemini 2.0 dazu neigen, unklare oder ungenaue Antworten zu liefern, was im Top-Down-Ansatz noch schwerwiegendere Folgen haben könnte. Eine falsche oder halluzinierte Übertragung biologischer Mechanismen in einen technischen Kontext könnte zur Verfolgung scheinbar vielversprechender Konzepte führen, die in der Praxis nicht realisierbar sind. Fehlt eine gründliche Prüfung durch Experten, besteht nicht nur die Gefahr von finanziellen Fehlentscheidungen im Bereich Forschung und Entwicklung, sondern es könnte auch in der Entwicklung von Konstruktionen oder Materialanwendungen resultieren, die aus technischer Sicht unsicher oder ineffizient sind. In bestimmten Situationen können Halluzinationen als vorteilhaft betrachtet werden, da sie dazu führen können, dass Lösungen entwickelt werden, die von den traditionellen Ansätzen der Forscher abweichen. Bei der BID wurde festgestellt, dass Forscher oft auf simple Konzepte zurückgreifen, die ihnen bereits vertraut sind (vgl. Jastrzembski et al., 2023).

Ein weiterer Problempunkt ist, dass gegenwärtige KI-Modelle weder physikalische noch materialwissenschaftliche Validierungen durchführen können. In der traditionellen Forschung werden neue bionische Ansätze durch Simulationen und Laborexperimente überprüft, während dieser Validierungsschritt bei der KI-gestützten Entwicklung fehlt. Die KI ist in der Lage, wissenschaftliche Daten nachzubilden, jedoch nicht in der Lage zu evaluieren, ob eine vorgeschlagene Lösung den Gesetzen der Physik gehorcht oder ob bestimmte Materialien in realen Umgebungen wie erwartet funktionieren. Folglich ist eine rein KI-gesteuerte Top-Down-Analyse mit erheblichem Vorbehalt zu betrachten; hier ist das Fachwissen von Unternehmensspezialisten unerlässlich.

Während die Schritte 1 bis 6 der Bottom-up Bionik Spirale durch die genutzten KI-Werkzeuge effizient bearbeitet werden konnten, zeigten sich ab Schritt 7, dem Transfer in die Technik, deutliche Limitationen. Ab diesem Punkt überwog der Anspruch der vollständigen Automatisierung durch eine KI, menschliche Expertise war unabdinglich. Dies spiegelt auch die Schwierigkeit wider, dass eine KI zwar bei der Verarbeitung von Daten und dem Erkennen von Mustern behilflich ist, jedoch Schwierigkeiten bei der Übertragung in die Technik hat.

Insgesamt zeigt sich, dass die beiden Methoden unterschiedliche Vor- und Nachteile aufweisen. Die Analyse, die auf KI basiert, besticht durch ihre hohe Geschwindigkeit, umfassende Datenabdeckung und die Fähigkeit zur Generierung innovativer Lösungen. Andererseits liefert die wissenschaftliche Forschung eine gründliche und methodisch

gut abgesicherte Analyse.

Im Gegensatz dazu bietet die wissenschaftliche Untersuchung eine tiefgründige und methodisch fundierte Analyse. Besonders in Kombination könnten diese Methoden eine vielversprechende Strategie für künftige Forschungen darstellen. So könnte KI als ein unterstützendes Werkzeug genutzt werden, um eine erste explorative Datenanalyse durchzuführen, die anschließend von Fachleuten validiert wird. Ebenso wäre es sinnvoll, die von KI generierten Konzepte durch Simulationen oder experimentelle Tests zu validieren, um die technische Realisierbarkeit zu prüfen. Darüber hinaus könnten zukünftige KI-Modelle so trainiert werden, dass sie schon während der Datensammlung biologisch relevante Klassifizierungen durchführen, um eine präzisere Strukturierung der erfassten Daten sicherzustellen.

Zusammenfassend lässt sich sagen, dass der KI-gestützte Ansatz und die traditionelle, wissenschaftliche Methode jeweils spezifische Stärken und Schwächen aufweisen. Während der KI-Ansatz durch seine Geschwindigkeit, Datenabdeckung und Fähigkeit zur Generierung neuer Konzepte besticht, bietet die wissenschaftliche Methode eine größere Tiefe, Genauigkeit und Validierung. Ein optimaler Ansatz könnte darin bestehen, die Stärken beider Methoden zu kombinieren, indem die KI als Werkzeug zur Unterstützung der Recherche, Analyse und Ideenfindung eingesetzt wird, während die menschliche Expertise für die Bewertung, Validierung und kreative Weiterentwicklung der Ergebnisse unerlässlich bleibt.

## **6.4 Vergleich mit bestehenden KI-Ansätzen**

Der in dieser Arbeit entwickelte Ansatz zeigt wesentliche Unterschiede zu den spezialisierten Methoden dadurch, dass er auf die Nutzung allgemein verfügbarer KI-Werkzeuge setzt und diese für bionische Innovationsprozesse optimiert, anstelle von spezifisch für die Bionik konzipierten KI-Tools. Diese Methodik bringt sowohl Vorzüge als auch Herausforderungen mit sich. Während spezialisierte KI-Systeme wie BIDARA (vgl. Toukmaji und Tee, 2024) oder Bioinspire-Explore (vgl. Saint-Sardos et al., 2024) auf fachspezifische Datenbanken zugreifen, bietet der hier beschriebene Ansatz eine erhöhte Flexibilität bei der Datenverarbeitung, da er nicht auf vorgegebene Strukturen beschränkt ist. Dies gestattet eine größere Anwendbarkeit auf verschiedene Problemstellungen; jedoch besteht die Schwierigkeit darin, dass generische KI-Modelle nicht über das spezialisierte Wissen bezüglich Bionik verfügen, was manuelle Validierungsverfahren erfordert, um die Relevanz und technische Machbarkeit der erzeugten Lösungen zu gewährleisten.

Der entwickelte Modellansatz bietet eine andere Herangehensweise durch die Verknüpfung von generativer KI mit datengetriebener Analyse. Diese Kombination ermöglicht sowohl eine schnellere Identifikation biologischer Prinzipien als auch deren erleichterte Umsetzung in technische Anwendungen. Während BIDARA (vgl. Toukmaji und Tee, 2024) als Unterstützungssystem zur Ideenentwicklung fungiert und Bioinspire-Explore (vgl. Saint-Sardos et al., 2024) vor allem explorative Analysen fördert, gestattet der in dieser Arbeit beschriebene Ansatz eine dynamische Verknüpfung beider Elemente. Dies geschieht durch die Verarbeitung strukturierter biologischer Daten und die Generierung automatisierter Designvorschläge. Darüber hinaus garantiert der Einsatz nicht-spezialisierter KI-Werkzeuge eine größere Anpassungsfähigkeit und Skalierbarkeit, da die Modelle auf verschiedene technologische Bereiche übertragbar sind.

Ein weiteres entscheidendes Unterscheidungsmerkmal ist die Effizienz und Integration des Innovationsprozesses. Während Bioinspire-Explore vorrangig auf die Recherche und Analyse biologischer Daten spezialisiert ist, fördert das hier entwickelte Modell sowohl die Erkennung relevanter biologischer Mechanismen als auch deren direkte Implementierung im Designprozess. Dies wird durch die Einbeziehung von generativen KI-Technologien für die Konzeptentwicklung und datengetriebenen Strukturierungsmethoden zur Mustererkennung ermöglicht. Dadurch ist das Modell in der Lage, den gesamten Innovationszyklus zu unterstützen, von der Problemdefinition über die Ideengenerierung bis hin zur Konzeptentwicklung, während existierende Ansätze meist nur einzelne Aspekte dieses Prozesses optimieren. Obwohl diese Vorteile bestehen, sollten einige Herausforderungen im Vergleich zu spezialisierten Modellen berücksichtigt werden. Die hohe wissenschaftliche Validität der Ergebnisse von BIDARA resultiert aus der direkten Integration aktueller wissenschaftlicher Datenquellen. Dennoch könnte eine stärkere Verbindung zu externen wissenschaftlichen Datenbanken die Reliabilität des Modells weiter steigern. Die praktische Implementierung und industrielle Anwendbarkeit ist jedoch weiterhin ungewiss: Das KI-gestützte Materialdesign wurde bereits für spezifische Anwendungen in der Materialwissenschaft entwickelt, während der vorgestellte Ansatz vielfältiger einsetzbar ist, sich jedoch noch in der realen Anwendung beweisen muss.

Die Verwendung allgemeiner KI-Werkzeuge stellt eine anpassungsfähige, für jeden zugängliche Alternative zu bestehenden Methoden dar, bedarf jedoch verstärkter menschlicher Überprüfung und bionischen Wissens, sowie möglicherweise der Einbindung zusätzlicher externer Daten, um die wissenschaftliche Aussagekraft und technische Realisierbarkeit der erstellten Ergebnisse weiter zu steigern.

Der Vergleich zeigt, dass der entwickelte Ansatz eine Verbindung herstellt zwischen datengetriebenen und generativen KI-Methoden, indem er die Flexibilität allgemein einsetzbarer KI-Modelle nutzt, um ein breites Anwendungsfeld zu schaffen. Während bestehende Systeme wie BIDARA und Bioinspire-Explore speziell auf Bionik zugeschnitten sind und daher genauere Ergebnisse in ihrem jeweiligen Bereich liefern, bietet das hier präsentierte Modell eine flexible und anpassbare Plattform, die sich durch bessere Skalierbarkeit und universelle Verwendbarkeit auszeichnet. Dies eröffnet neue Möglichkeiten für die zukünftige Anwendung von KI im bionischen Innovationsprozess und könnte die Entwicklung bioinspirierter Lösungen sowohl effizienter als auch vielfältiger gestalten. Allerdings wurde in dieser Arbeit kein direkter Vergleich der Ansätze durchgeführt. Zukünftige Studien sollten eine gezielte Gegenüberstellung vornehmen, um die jeweiligen Vor- und Nachteile systematisch zu evaluieren und eine fundiertere Einschätzung der optimalen Einsatzgebiete zu ermöglichen.

## **6.5 Ausblick: Notwendige Weiterentwicklungen und mögliche Auswirkungen auf die Ausbildung von Bionikern**

Eine der wesentlichen Herausforderungen liegt in der Erhöhung der Interoperabilität zwischen verschiedenen KI-gestützten Tools. Der bionische Innovationsprozess erfordert interdisziplinäre Zusammenarbeit und den Einsatz diverser Softwarelösungen, darunter Simulationsprogramme, Materialdatenbanken und generative KI-Modelle. Eine verbesserte Integration dieser Werkzeuge durch normierte Schnittstellen könnte die Forschungseffizienz signifikant fördern. Darüber hinaus ist eine Weiterentwicklung des semantischen Verständnisses von KI-Modellen unumgänglich. Während viele KI-Systeme auf LLMs basieren, die umfangreiche Datensätze analysieren können, kämpfen sie oft mit der adäquaten Abstraktion komplexer biologischer Prinzipien. Deshalb könnte die fortschreitende Entwicklung von spezialisierten, unentgeltlichen und offen zugänglichen KI-Modellen, die darauf ausgerichtet sind, biologische Prozesse zu identifizieren und in technologische Anwendungen umzusetzen, eine vielversprechende Perspektive darstellen.

Ein weiteres zentrales Anliegen ist die Optimierung der Transparenz und Verständlichkeit von KI-Entscheidungen. Besonders in der Bionik, in der Analogiebildung wesentlich ist, müssen KI-Modelle nicht nur glaubwürdige Ergebnisse liefern, sondern auch ihre Entscheidungsfindungen nachvollziehbar offenlegen. Hier kommt das Prinzip der Explainable Artificial Intelligence (XAI) ins Spiel. XAI zielt darauf ab, die "Black Box"-Natur moderner KI-Systeme, insbesondere tiefer neuronaler Netze, zu überwinden.

Methoden wie LIME (Local Interpretable Model-agnostic Explanations) und Visualisierungstechniken wie Heatmaps, Saliency Maps und Feature-Importance-Diagramme helfen, abstrakte Entscheidungsprozesse in intuitive grafische Darstellungen zu überführen (vgl. Mohammed, 2023).

XAI bringt jedoch Herausforderungen mit sich. Ein zentraler Zielkonflikt besteht zwischen Modellgenauigkeit und Interpretierbarkeit: Hochkomplexe Modelle liefern oft präzisere Ergebnisse, während interpretierbare, leicht verständliche Modelle möglicherweise weniger leistungsstark sind. Auch die Skalierbarkeit von XAI-Methoden muss sichergestellt werden, damit sie effizient mit großen Datensätzen und komplexen Anwendungen umgehen können. Zudem sind ethische Überlegungen relevant, da unausgewogene Trainingsdaten zu voreingenommenen Entscheidungen führen können (vgl. Mohammed, 2023).

Die rasante Weiterentwicklung von KI-Technologien stellt eine besondere Herausforderung für ihre Anwendung in der Bionik dar. Neue Modelle und Algorithmen entstehen in kurzen Entwicklungszyklen, wodurch aktuelle Erkenntnisse schnell überholt sein können (vgl. Salau et al., 2022). Dies betrifft besonders ML, die Optimierung von Materialforschung und generative KI in Designprozessen. Daher ist es erforderlich, dass Forschende kontinuierlich neue Entwicklungen evaluieren und bestehende Systeme aktualisieren (vgl. Cherinka et al., 2023).

Ein weiteres wesentliches Problem bei der Anwendung von LLMs im bionischen Kontext ist die Abhängigkeit der Antwortqualität von der Spezifität der Prompts. Je genauer und fachlich fundierter die Eingaben formuliert werden, desto zuverlässiger sind die generierten Informationen. Diese Erkenntnis wird durch die Studie von Yeter und Le Ferrand (2024) bestätigt. Luo et al. (2023) zeigten in einem Experiment, dass das Small Language Model (SLM) FLAN-T5-large mit nur 0,5% der Parameter von GPT-3.5-turbo durch optimierte Prompts seine Genauigkeit von 18% auf 31% steigern konnte.

Ein weiteres zentrales Problem ist die inhärente Verzerrung, die sowohl durch die Trainingsdaten als auch durch die Formulierung der Prompts verstärkt werden kann. Besonders in der bionischen Forschung, die präzise biologische Analogien und technische Übertragungen erfordert, können ungenaue Eingaben zu scheinbar plausiblen, aber faktisch inkorrekten Ergebnissen führen (vgl. Yeter und Le Ferrand, 2024). Zudem sollten Nutzer\*innen die Grenzen von LLMs kennen, da sie fachliche Plausibilität nicht eigenständig überprüfen können. Gerade im Kontext der bionischen Innovation, die biologische Mechanismen mit technischen Anforderungen vereint, kann dies zu irreführenden

Konzepten führen, weshalb eine kritische, fachkundige Überprüfung essenziell ist.

Die erfolgreiche Integration von LLMs in die bionische Forschung hängt nicht nur von der Leistungsfähigkeit der Modelle ab, sondern auch von der Kompetenz der Nutzerinnen im Umgang mit diesen Werkzeugen (vgl. Yeter und Le Ferrand, 2024). Künftige Anwendungen sollten daher sowohl die kontinuierliche Verbesserung der KI-Modelle als auch die Schulung der Benutzerinnen im effektiven Prompting umfassen. Diese Kombination ermöglicht es, das volle Potenzial generativer KI in der bionischen Forschung auszuschöpfen und wissenschaftliche Integrität zu gewährleisten.

Auch die Ausbildung muss mit dieser Dynamik Schritt halten. Es wird zunehmend wichtiger, dass angehende Bioniker nicht nur mit bestehenden KI-Methoden vertraut sind, sondern auch die Kompetenz entwickeln, sich kontinuierlich neue Techniken anzueignen und deren Potenziale sowie Grenzen kritisch zu hinterfragen (vgl. Hussain, 2024).

Es ist wichtig, dass Lehrpläne flexibel und regelmäßig aktualisiert werden, sowie eine intensivere Verbindung zwischen Forschungen und industriellen Entwicklungen entsteht. Daher müssen Programme im Bionikbereich kontinuierlich an technologische Fortschritte, besonders in der KI, angepasst werden. Studierende sollten frühzeitig im Umgang mit KI-Tools geschult werden, da diese immer mehr bei der Analyse biologischer Systeme, der Ableitung bionischer Prinzipien und der Erstellung technischer Anwendungen unterstützen.

In diesem Kontext sollten Lehrinhalte in modularer Form entwickelt werden, um sie bei aufkommenden wissenschaftlichen Fortschritten oder technologischen Entwicklungen im Bereich der KI flexibel erweitern oder aktualisieren zu können. Dies beinhaltet die Einbindung praxisnaher Lehrmodule, die den effektiven Einsatz von KI in der bionischen Forschung veranschaulichen. Beispielsweise könnten Veranstaltungen zur Anwendung von ML, Datenanalyse und generativen KI-Modellen angeboten werden, um Studierende mit den zunehmend relevanten Methoden für bionische Innovationsarbeit vertraut zu machen.

Der Ausbau der Zusammenarbeit zwischen der akademischen Forschung und der industriellen Entwicklung kann durch Initiativen wie gemeinsame Forschungsprojekte, Praktika, Expertenvorträge aus der Industrie und Kooperationsprogramme intensiviert werden. Solche Partnerschaften im Bereich der KI stellen speziell eine Gelegenheit dar, theoretische Kenntnisse unmittelbar in anwendungsorientierte Projekte umzusetzen. Der Wissens- und Erfahrungsaustausch beschleunigt die Integration von innovativen KI-Technologien in der Praxis und ermöglicht die direkte Übertragung neuer For-

schungsansätze in die industrielle Anwendung.

Die Kooperation mit Unternehmen und Forschungsinstitutionen sollte außerdem genutzt werden, um praxisnahe Laborkurse, Seminare und Workshops zu entwickeln, die sich auf KI-gestützte Anwendungen konzentrieren. Diese praxisbezogenen Bildungsformate fördern ein tieferes Verständnis der praktischen Anwendung von KI-Technologien sowie die Fähigkeit zur interdisziplinären Kooperation, um innovative, datengestützte Lösungen zu generieren. Dabei lernen Studierende nicht nur technisches Wissen, sondern auch, KI kritisch zu analysieren und deren Möglichkeiten und Einschränkungen im Kontext der bionischen Innovation zu beurteilen.

Langfristig könnte die Schnelllebigkeit von KI-Technologien dazu führen, dass sich Innovationszyklen in der Bionik weiter verkürzen und die Entwicklung beschleunigen. Während dies technologische Durchbrüche ermöglicht, erhöht es auch den Druck auf Wissenschaftler\*innen und Unternehmen, sich kontinuierlich anzupassen. Eine strategische Antwort darauf könnte in der Kombination modularer KI-Systeme und offener, interdisziplinärer Forschungsplattformen liegen, die eine flexible Integration neuer Technologien und die schnelle Umsetzung aktueller Erkenntnisse fördern.

Zusätzlich zu den technologischen Herausforderungen erfordert der verstärkte Einsatz von KI auch eine kritische Auseinandersetzung mit ethischen Aspekten. Fragen der Datenethik, algorithmischer Verzerrung und ökologischer Nachhaltigkeit müssen berücksichtigt werden. Bioniker sollten nicht nur die technischen Mechanismen der KI verstehen, sondern auch deren gesellschaftliche und ökologische Auswirkungen bewerten können.

Insgesamt lässt sich feststellen, dass die fortschreitende Verflechtung von KI den Innovationsprozess vor allem in dem Bereich von Aufbereitung und Analyse in der Bionik beschleunigen kann. Sie bringt jedoch auch Herausforderungen für Forschung und Bildung mit sich. Eine interdisziplinäre Ausbildung, die klassisches bionisches Wissen mit KI-Kenntnissen kombiniert, wird entscheidend sein, um die Innovationsfähigkeit der Bionik langfristig zu sichern. Der Einsatz von XAI kann dabei die Transparenz und Nachvollziehbarkeit von KI-basierten Prozessen verbessern und sicherstellen, dass Entscheidungen fundiert und nachvollziehbar getroffen werden.

## 7 Fazit

### 7.1 Zusammenfassung der Ergebnisse

Die vorliegende Arbeit untersuchte die Nutzung von KI als Hilfsmittel im bionischen Innovationsprozess und entwickelte einen integrativen Ansatz zur systematischen Einbindung von KI-Tools in die Bionikspirale gemäß *VDI 6220 Blatt 2 (2022)*. Mittels einer detaillierten Analyse von vier führenden LLMs – GPT-4.o, Gemini 2.0, Llama 3.3 und Claude 3.5 – unter Anwendung der QUEST-Methode wurde das leistungsfähigste Modell identifiziert. Abschließend wurde das ausgewählte Modell in einer prototypischen Anwendung zusammen mit den spezialisierten Recherche-Tools NotebookLM und Elicit getestet, um seinen praktischen Nutzen im Innovationsprozess zu evaluieren.

Gemini 2.0 wurde als das am besten geeignete Modell für den bionischen Innovationsprozess identifiziert. Es übertraf andere evaluierte LLMs hinsichtlich Genauigkeit, Kontextverständnis und interdisziplinären Analysekompetenzen. Besonders in der Phase der Analyse und Interpretation der gewonnenen Daten erwies sich Gemini 2.0 als vorteilhaft durch seine Fähigkeit, Inhalte kohärent zu organisieren und logische Zusammenhänge präzise zu erfassen. Ein Merkmal von Gemini 2.0 war seine Fähigkeit, die eigenen Ergebnisse kritisch zu evaluieren und sowohl die Vor- als auch die Nachteile der erzeugten Lösungen zu reflektieren. Im Gegensatz zu den anderen getesteten LLMs kombinierte es nicht nur bestehende Konzepte, sondern entwickelte auch neue Ansätze, indem es verschiedene Perspektiven verband und alternative Lösungswege identifizierte. Hervorzuheben ist zudem, dass Gemini 2.0 nicht nur Antworten präsentierte, sondern auch Unsicherheiten benannte, Schwächen in den Schlussfolgerungen erkannte und methodische Begrenzungen reflektierte. Diese Fähigkeit zur kritischen Selbstbewertung und strukturierten Integration eigener Ergebnisse hob es von anderen Modellen ab.

Eine Herausforderung ist die unzureichende Interoperabilität verschiedener KI-Tools. Der bionische Innovationsprozess setzt eine enge Integration diverser Softwarelösungen voraus, wozu Simulationssoftware, Materialdatenbanken und generative KI-Modelle zählen. Aufgrund des Fehlens standardisierter Schnittstellen gestaltet sich die Einbindung dieser Werkzeuge in einen nahtlosen Innovationsprozess als komplex. Zukünftige Entwicklungen sollten daher darauf abzielen, eine einheitliche und interdisziplinäre Plattform zu etablieren, die verschiedene KI-basierte Anwendungen verknüpft und ihren Austausch erleichtert.

Im wissenschaftlichen Diskurs wurde die Transparenz und Rückverfolgbarkeit der

durch KI generierten Resultate als wesentlicher Aspekt anerkannt. Häufig fungieren KI-Modelle als eine Art „Black Box“, wodurch ihre Entscheidungsfindung für Anwender schwer nachvollziehbar ist. Insbesondere in der Bionik, einem Bereich, der eine präzise wissenschaftliche Begründung erfordert, offenbart sich hierin eine erhebliche Schwierigkeit. Die Einführung von erklärbarer Künstlicher Intelligenz (XAI) könnte eine effektive Maßnahme sein, um die Akzeptanz und das Vertrauen in KI innerhalb der Forschungsgemeinschaft zu stärken. Dank transparenter Entscheidungsstrukturen wären KI-gestützte Systeme für Wissenschaftler verständlicher und einfacher zu validieren.

Zusätzlich zu den technologischen Aspekten der Untersuchung wird deutlich, dass ein verstärkter Einsatz von KI in der Bionik auf lange Sicht Anpassungen in der Ausbildung von Bionikern erfordert. Studierende sollten neben den biologischen und technischen Grundlagen verstärkt Fähigkeiten in Datenanalyse, ML und KI-basierten Arbeitstechniken entwickeln. Die Integration von KI-Tools in die akademische Lehre könnte zukünftige Bioniker auf eine zunehmend digitalisierte Forschungslandschaft vorbereiten. Es ist von Bedeutung zu betonen, dass die KI derzeit eine unterstützende Funktion innehat und nicht in der Lage ist, die Präzision eines sorgfältigen wissenschaftlichen Arbeitens zu ersetzen. Eine praxisnahe Ausbildung, die traditionelle bionische Techniken mit modernen KI-gestützten Methoden kombiniert, könnte das Verständnis für die Möglichkeiten und Grenzen dieser Technologie vertiefen.

KI-gestützte Instrumente besitzen erhebliche Möglichkeiten zur Optimierung des bionischen Innovationsprozesses, indem sie die Erfassung, Analyse und Abstrahierung biologischer Prinzipien beschleunigen. Insbesondere die Anwendung leistungsstarker Sprachmodelle kombiniert mit spezialisierten Recherche-Tools wie NotebookLM und Elicit vereinfacht die Identifizierung relevanter biologischer Mechanismen und die strukturierte Verarbeitung umfangreicher Datensätze. Diese Vorgehensweise trägt zu einer effizienteren Erarbeitung technischer Lösungen bei, vor allem in den frühen Phasen der Innovation.

Es existieren jedoch erhebliche Einschränkungen, insbesondere bei der Schaffung biologischer Analogien und der kreativen Übertragung biologischer Konzepte auf technische Anwendungen. In den Phasen drei und vier der Bionik-Spirale gemäß *VDI 6220 Blatt 2* (2022) stößt die KI an ihre Grenzen, da sie die funktionalen Zusammenhänge biologischer Mechanismen nicht vollständig erfassen kann. Dies wurde im Fall der aquatischen Filtration deutlich, bei dem die KI zwar relevante Organismen ausmachte, jedoch Schwierigkeiten hatte, die zugrunde liegenden physikalischen Prinzipien vollständig auf technische Filterlösungen zu übertragen.

Herausforderungen im Bereich der Interoperabilität und Rückverfolgbarkeit von KI-getriebenen Prozessen sind weiterhin präsent. Die wissenschaftliche Analyse durch Bioniker ist unverzichtbar, denn obwohl KI-Modelle in der Lage sind, Assoziationen und Muster zu identifizieren, fehlt ihnen ein profundes Verständnis der biologischen Funktionen.

Um die bestehenden Mängel zu beheben, sollten Weiterentwicklungen und spezialisierte LLMs für die Bionik darauf abzielen, eine präzisere Bildung biologischer Analogien und eine optimierte Integration der wissenschaftlichen Methodik zu ermöglichen. Gleichzeitig sind eine verbesserte Standardisierung, die nahtlose Integration von Schnittstellen zwischen KI-Tools und Simulationssoftware sowie die Weiterentwicklung von Erklärbarer KI (XAI) notwendig. Dies würde die Transparenz und Akzeptanz von KI-gesteuerten Entscheidungen im Innovationsprozess der Bionik erhöhen. Eine breite Zugänglichkeit spezialisierter Bionik-KI-Werkzeuge für die Allgemeinheit ist essenziell, um bionische Tätigkeiten auch für Menschen ohne tiefgreifende biologische Kenntnisse zu erleichtern, wodurch sich der Innovationsprozess ausweiten lässt und der Rückgriff auf ungenaue allgemeine LLMs überflüssig wird.

Langfristig sollte die sinnvolle Integration von KI in Forschung und Lehre vorangetrieben werden, um ein interdisziplinäres Umfeld zu schaffen, in dem Mensch und Maschine effizient zusammenarbeiten. So könnten nachhaltige bionische Innovationen gefördert und der Innovationsprozess weiter optimiert werden.

## **7.2 Beitrag der Arbeit zur bionischen Forschung**

Diese Arbeit könnte in mehrfacher Hinsicht das bionische Arbeiten beeinflussen, indem sie neue Impulse für den Innovationsprozess bietet. Durch die systematische Analyse von KI-gestützten Werkzeugen und deren Anwendung auf die Bionikspirale gemäß *VDI 6220 Blatt 2 (2022)* wird eine ergänzende Methode für zentrale Schritte in der Bionik vorgestellt. Obwohl KI den kreativen und interdisziplinären Denkprozess eines Bionikers nicht ersetzt, zeigt die Untersuchung, dass KI bei Recherche, Analyse und Abstraktion unterstützend eingesetzt werden kann. Dies könnte dazu führen, dass Forschende und Praktiker verstärkt KI in ihre bionischen Innovationsprozesse integrieren und experimentell erproben. Ein maßgeblicher Einfluss dieser Arbeit besteht in der Sensibilisierung für neue Werkzeuge und Methoden. Das hier präsentierte Konzept, mithilfe von KI-unterstützten Recherche- und Analysetools wie NotebookLM und Elicit gezielt vorzugehen, könnte langfristig die bionische Forschung verändern. Die Nutzung solcher

Tools könnte zeitintensive Prozesse insbesondere in den Anfangsphasen der biologischen Recherche und Analyse beschleunigen und systematisieren. Auch wenn nicht das vollständige vorgestellte Modell übernommen wird, könnte es als Grundlage für weiterführende Entwicklungen dienen, indem einzelne Ansätze adaptiert oder weiterentwickelt werden. Zusätzlich könnte die Studie dazu beitragen, dass KI nicht nur als experimentelles Werkzeug im Bereich der Bionik wahrgenommen wird, sondern als bedeutende Ergänzung zum Innovationsverfahren, wodurch sie umfassender in den bionischen Arbeitsablauf integriert wird. Durch praxisnahe Anwendungen und das Aufzeigen von Potenzialen und Grenzen könnte sie Forschende und Unternehmen anregen, eigene Experimente mit KI-gestützten Arbeitsmethoden durchzuführen. Dies könnte zu verstärkten interdisziplinären Kooperationen zwischen Bionikern, KI-Entwicklern und Datenwissenschaftlern führen, um maßgeschneiderte Lösungen für die Herausforderungen der bionischen Forschung zu entwickeln. Ein weiterer bedeutender Aspekt ist der mögliche Wandel der Denkweise bei Recherche und Problemanalyse. KI-Tools könnten Forschenden ermöglichen, neue Ansätze zur effizienten Analyse biologischer Prinzipien, zur Entdeckung von Querverbindungen oder zur Entwicklung alternativer technischer Perspektiven zu finden. Während traditionelle bionische Forschung häufig einem linearen Prozess folgt, könnte der gezielte Einsatz von KI eine dynamischere, explorative Vorgehensweise fördern, bei der bionische Prinzipien zügiger evaluiert und priorisiert werden. Zusammenfassend zeigt diese Arbeit, dass KI in der Bionik nicht nur nützlich sein kann, sondern auch dazu beitragen könnte, die Haltung gegenüber KI-gestützten Methoden zu verändern. Die vorgestellten Methoden könnten als Anregung für weitere Forschungen dienen oder zumindest teilweise in bestehende Prozesse integriert werden.

Final zeigt sich, dass KI-gestützte Verfahren den bionischen Innovationsprozess erheblich beschleunigen können, jedoch weiterhin auf menschliche Fachkenntnis angewiesen sind. Ob KI dauerhaft in der bionischen Forschung verankert wird, bleibt ungewiss. Diese Arbeit liefert jedoch wertvolle Impulse für zukünftige Entwicklungen. Die Kombination aus automatisierter Analyse und wissenschaftlicher Validierung hat das Potenzial, die Innovationsfähigkeit der bionischen Forschung nachhaltig zu steigern und technologische Effizienz mit der Tiefgründigkeit biologischer Expertise zu vereinen.

## Literatur

- Anthropic (Juni 2024a). *Claude 3.5 Sonnet Model Card Addendum*. URL: <https://www.anthropic.com>.
- (Juni 2024b). *Claude 3.5 Sonnet: Introducing Our Next-Generation Model*. URL: <https://www.anthropic.com/news/claude-3-5-sonnet>.
- Badhurunnisa, M. und V. Sneha Dass (Nov. 2023). *Challenges and Opportunities Involved in Implementing AI in the Workplace*. In: *International Journal for Multidisciplinary Research (IJFMR)* 5.6, S. 1–7. DOI: 10.56726/IJFMR230610001. URL: <https://www.ijfmr.com>.
- Bar-Cohen, Yoseph (2011). *Biomimetics: Nature-Based Innovation*. 1st. USA: CRC Press, Inc. ISBN: 1439834768.
- Barthelmeß, Ulrike und Ulrich Furbach (Apr. 2021). *Künstliche Intelligenz, quo vadis?* In: *arXiv* arXiv:2104.11067v1. URL: <https://arxiv.org/abs/2104.11067>.
- Berry, David M. (Juni 2023). *The Limits of Computation: Joseph Weizenbaum and the ELIZA Chatbot*. In: *Weizenbaum Journal of the Digital Society* 3.3, S. 11–24. ISSN: 2748-5625. DOI: 10.34669/WI.WJDS/3.3.2. URL: <https://wjds.weizenbaum-institut.de>.
- Bhangale, K. und K. Mohanaprasad (2021). *A review on speech processing using machine learning paradigm*. In: *International Journal of Speech Technology* 24, S. 367–388. DOI: 10.1007/s10772-021-09808-0.
- Chapman, Gretchen B. und Eric J. Johnson (1999). *Anchoring, Activation, and the Construction of Values*. In: *Organizational Behavior and Human Decision Processes* 79.2, S. 115–153. ISSN: 0749-5978. DOI: <https://doi.org/10.1006/obhd.1999.2841>. URL: <https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S0749597899928418>.
- Chen, Zhipeng, Kun Zhou, Wayne Xin Zhao, Junchen Wan, Fuzheng Zhang, Di Zhang und Ji-Rong Wen (2024). *Improving Large Language Models via Fine-grained Reinforcement Learning with Minimum Editing Constraint*. arXiv: 2401.06081 [cs.CL]. URL: <https://arxiv.org/abs/2401.06081>.
- Cherinka, R., J. Prezzama und P. O’Leary (2023). *The Impact of Artificial Intelligence and the Importance of Transdisciplinary Research*. In: *Journal of Systemics, Cybernetics*

*and Informatics* 21.4, S. 23–28. ISSN: 1690-4524. DOI: 10 . 54808 / JSCI . 21 . 04 . 23. URL: <https://doi.org/10.54808/JSCI.21.04.23>.

Çınar, Zeki Murat, Abubakar Abdussalam Nuhu, Qasim Zeeshan, Orhan Korhan, Mohammed Asmael und Babak Safaei (2020). *Machine Learning in Predictive Maintenance towards Sustainable Smart Manufacturing in Industry 4.0*. In: *Sustainability* 12.19. ISSN: 2071-1050. DOI: 10 . 3390/su12198211. URL: <https://www.mdpi.com/2071-1050/12/19/8211>.

Cole, Victoria und Mish Boutet (2023). *Product Review: ResearchRabbit*. In: *Journal of the Canadian Health Libraries Association (JCHLA)* 44, S. 43–47. DOI: 10 . 29173 / jchla29699. URL: <https://www.researchrabbit.ai/>.

Daghottra, Ankita und Divya Jain (2021). *From Humans to Robots: Machine Learning for Healthcare*. In: *International Journal of Scientific Research in Computer Science, Engineering and Information Technology*. URL: <https://api.semanticscholar.org/CorpusID:237904190>.

DeepSeek (2025). *DeepSeek: Into the unknown*. URL: <https://www.deepseek.com/>.

Dhamdar, Tejaswini S., Sandhya K. V. und B. V. Basavaraj (2024). *Advancing Innovation through Biomimicry and AI: Inspiration to Implementation*. In: *Bionature* 44.1, S. 16–27.

DIN ISO 18458 (2016). *DIN ISO 18458:2016-08, Bionik\_ - Terminologie, Konzepte und Methodik (ISO\_18458:2015)*. DOI: 10 . 31030/2497793. URL: <https://www.dinmedia.de/de/-/-/253508997>.

Draschner, Carsten Felix, Hajira Jabeen und Jens Lehmann (2022). *Ethical and Sustainability Considerations for Knowledge Graph based Machine Learning*. In: *2022 IEEE Fifth International Conference on Artificial Intelligence and Knowledge Engineering (AIKE)*, S. 53–60. DOI: 10 . 1109/AIKE55402 . 2022 . 00015.

Engelking, Niklas Jan (Dez. 2024). *Llama 3.3 veröffentlicht: Wie Metas neue KI abschneidet*. URL: <https://www.heise.de/news/Llama-3-3-Meta-veroeffentlicht-neues-KI-Modell-10191845.html>.

- Fricke, Suzanne (Jan. 2018). *Resource Review: Semantic Scholar*. In: *Journal of the Medical Library Association* 106.1, S. 145–146. DOI: 10.5195/jmla.2018.280. URL: <https://www.semanticscholar.org>.
- Gebeshuber, Ille C. (25. Feb. 2022). *Biomimetics—Prospects and Developments*. In: *Biomimetics* 7.1, S. 29. ISSN: 2313-7673. DOI: 10.3390/biomimetics7010029. URL: <https://www.mdpi.com/2313-7673/7/1/29> (besucht am 20. 02. 2025).
- Gokcekuyu, Yasemin, Fatih Ekinçi, Mehmet Serdar Guzel, Koray Acici, Sahin Aydin und Tunc Asuroglu (Juli 2024). *Artificial Intelligence in Biomaterials: A Comprehensive Review*. In: *Applied Sciences* 14.6590. ISSN: 2076-3417. DOI: 10.3390/app14156590. URL: <https://doi.org/10.3390/app14156590>.
- Hamann, Leandra und Alexander Blanke (2022). *Suspension feeders: diversity, principles of particle separation and biomimetic potential*. In: *Journal of the Royal Society Interface* 19, S. 20210741. DOI: 10.1098/rsif.2021.0741. URL: <https://doi.org/10.1098/rsif.2021.0741>.
- Hooshyar, Danial und Yeongwook Yang (2021). *Neural-symbolic computing: A step toward interpretable AI in Education*. In: *Bulletin of the Technical Committee on Learning Technology* 21.4, S. 2–6. ISSN: 1438-0625.
- Hussain, Mohd Akhlak (Juni 2024). *The Impact of Artificial Intelligence on Workforce Automation and Skill Development*. In: *Journal of Artificial Intelligence, Machine Learning and Neural Network* 4.4, S. 11–21. DOI: 10.55529/jaimlenn.44.11.21. URL: <https://journal.hmjournals.com/index.php/JAIMLNN/article/view/4317>.
- Jastrzembski, M G, B C Watson, M J Weissburg und B Bras (1. Juli 2023). *Assessing the state of biologically inspired design from three perspectives: academic, public, and practitioners*. In: *Bioinspiration & Biomimetics* 18.4, S. 046005. ISSN: 1748-3182, 1748-3190. DOI: 10.1088/1748-3190/accb31. URL: <https://iopscience.iop.org/article/10.1088/1748-3190/accb31> (besucht am 20. 02. 2025).
- Kavukcuoglu, Koray, Demis Hassabis und Sundar Pichai (Dez. 2024). *Wir stellen Gemini 2.0 vor: unser neues Modell für die Ära der KI-Agenten*. URL: <https://blog.google/intl/de-de/unternehmen/technologie/gemini-2-0/>.

- El-Kishky, Ahmed, Daniel Selsam, Francis Song, Giambattista Parascandolo, Hongyu Ren et al. (Dez. 2024). *OpenAI*. OpenAI System Card. URL: <https://cdn.openai.com/openai-o1-system-card-december-2024.pdf>.
- Kokala, Abhilash (Dez. 2024). *Revolutionizing Content Creation: Leveraging AI-Driven Podcast Generation with NotebookLM and Personalized Insights*. In: *International Research Journal of Modernization in Engineering Technology and Science* 6.12, S. 1798–1803. DOI: 10.56726/IRJMETS65280. URL: <https://www.researchgate.net/publication/387090116>.
- Kung, Janice Y. (2023). *Product Review: Elicit*. In: *Journal of the Canadian Health Libraries Association (JCHLA)* 44, S. 15–18. DOI: 10.29173/jchla29657. URL: <https://elicit.org/>.
- Lin, Chin-Yew (Juli 2004). *ROUGE: A Package for Automatic Evaluation of Summaries*. In: *Text Summarization Branches Out*. Barcelona, Spain: Association for Computational Linguistics, S. 74–81. URL: <https://aclanthology.org/W04-1013/>.
- Luo, Hengyu, Peng Liu und Stefan Esping (26. Sep. 2023). *Exploring Small Language Models with Prompt-Learning Paradigm for Efficient Domain-Specific Text Classification*. DOI: 10.48550/arXiv.2309.14779. arXiv: 2309.14779[cs]. URL: <http://arxiv.org/abs/2309.14779> (besucht am 19. 02. 2025).
- Lurie-Luke, Elena (Dez. 2014). *Product and technology innovation: What can biomimicry inspire?* In: *Biotechnology Advances* 32.8, S. 1494–1505. ISSN: 07349750. DOI: 10.1016/j.biotechadv.2014.10.002. URL: <https://linkinghub.elsevier.com/retrieve/pii/S0734975014001517> (besucht am 20. 02. 2025).
- Mankowitz, Daniel J., Andrea Michi, Anton Zhernov, Marco Gelmi, Marco Selvi, Cosmin Paduraru, Edouard Leurent, Shariq Iqbal, Jean-Baptiste Lespiau, Alex Ahern, Thomas Köppe, Kevin Millikin, Stephen Gaffney, Sophie Elster, Jackson Broshear, Chris Gamble, Kieran Milan, Robert Tung, Minjae Hwang, Taylan Cemgil, Mohammadamin Barekatin, Yujia Li, Amol Mandhane, Thomas Hubert, Julian Schrittwieser, Demis Hassabis, Pushmeet Kohli, Martin Riedmiller, Oriol Vinyals und David Silver (Juni 2023). *Faster sorting algorithms discovered using deep reinforcement learning*. In: *Nature* 618.7964, S. 257–263. ISSN: 1476-4687. DOI: 10.1038/s41586-023-06004-9. URL: <https://doi.org/10.1038/s41586-023-06004-9>.

- Maslej, Nestor, Loredana Fattorini, Raymond Perrault, Vanessa Parli, Anka Reuel, Erik Brynjolfsson, John Etchemendy, Katrina Ligett, Terah Lyons, James Manyika, Juan Carlos Niebles, Yoav Shoham, Russell Wald und Jack Clark (Apr. 2024). *The AI Index 2024 Annual Report*. Techn. Ber. Stanford, CA: AI Index Steering Committee, Institute for Human-Centered AI, Stanford University. URL: <https://aiindex.stanford.edu/>.
- Matsuo, Yutaka, Yann LeCun, Maneesh Sahani, Doina Precup, David Silver, Masashi Sugiyama, Eiji Uchibe und Jun Morimoto (März 2022). *Deep Learning, Reinforcement Learning, and World Models*. In: *Neural Networks* 152, S. 267–275. DOI: 10.1016/j.neunet.2022.03.037. URL: <https://doi.org/10.1016/j.neunet.2022.03.037>.
- McCarthy, John, Marvin L. Minsky, Nathaniel Rochester und Claude E. Shannon (Aug. 1955). *A Proposal for the Dartmouth Summer Research Project on Artificial Intelligence*. Dartmouth Summer Research Project Proposal. URL: <http://jmc.stanford.edu/articles/dartmouth/dartmouth.pdf>.
- Meng, QingWei (2024). *Application of machine learning in medicine*. In: *Applied and Computational Engineering*. URL: <https://api.semanticscholar.org/CorpusID:267457632>.
- Mohammed, Belghachi (Dez. 2023). *A Review on Explainable Artificial Intelligence Methods, Applications, and Challenges*. In: *Indonesian Journal of Electrical Engineering and Informatics (IJEI)* 11.4, S. 1007–1024. ISSN: 2089-3272. DOI: 10.52549/ijeiv11i4.5151. URL: <http://section.iaesonline.com/index.php/IJEI/index>.
- Montesinos López, Osva Antonio, Abelardo Montesinos López und Jose Crossa (2022). *Fundamentals of Artificial Neural Networks and Deep Learning*. In: *Multivariate Statistical Machine Learning Methods for Genomic Prediction*. Cham: Springer International Publishing. ISBN: 978-3-030-89010-0. DOI: 10.1007/978-3-030-89010-0\_10. URL: [https://doi.org/10.1007/978-3-030-89010-0\\_10](https://doi.org/10.1007/978-3-030-89010-0_10).
- Nagel, Jacquelyn K. S., Christopher Rose, Cheri Beverly und Ramana Pidaparti (2019). *Bio-inspired Design Pedagogy in Engineering*. In: *Design Education Today: Technical Contexts, Programs and Best Practices*. Hrsg. von Dirk Schaefer, Graham Coates und Claudia Eckert. Cham: Springer International Publishing. ISBN: 978-3-030-17134-6. DOI: 10.1007/978-3-030-17134-6\_7. URL: [https://doi.org/10.1007/978-3-030-17134-6\\_7](https://doi.org/10.1007/978-3-030-17134-6_7).

- Naveed, Humza, Asad Ullah Khan, Shi Qiu, Muhammad Saqib, Saeed Anwar, Muhammad Usman, Naveed Akhtar, Nick Barnes und Ajmal Mian (Okt. 2024). *A Comprehensive Overview of Large Language Models*. In: *Preprint submitted to Elsevier arXiv:2307.06435v10*. URL: <https://arxiv.org/abs/2307.06435>.
- Nelson, Elliot, Georgios Kollias, Payel Das, Subhajit Chaudhury und Soham Dan (2024). *Needle in the Haystack for Memory Based Large Language Models*. arXiv: 2407.01437 [cs.CL]. URL: <https://arxiv.org/abs/2407.01437>.
- OpenAI (2024). DOI: 10.48550/ARXIV.2410.21276. URL: <https://arxiv.org/abs/2410.21276> (besucht am 20.02.2025).
- Papineni, Kishore, Salim Roukos, Todd Ward und Wei-Jing Zhu (Juli 2002). *Bleu: a Method for Automatic Evaluation of Machine Translation*. In: *Proceedings of the 40th Annual Meeting of the Association for Computational Linguistics*. Hrsg. von Pierre Isabelle, Eugene Charniak und Dekang Lin. Philadelphia, Pennsylvania, USA: Association for Computational Linguistics, S. 311–318. DOI: 10.3115/1073083.1073135. URL: <https://aclanthology.org/P02-1040/>.
- Rajitha, Akula, Lavish Kansal, Gowtham Raj, Ravi Kalra, Koushal Dhamija und Dala-el Saad Abdul-Zahra (März 2024). *Biomaterials and Artificial Intelligence: Predictive Modeling and Design*. In: *E3S Web of Conferences* 505, S. 01003. DOI: 10.1051/e3sconf/202450501003. URL: <https://doi.org/10.1051/e3sconf/202450501003>.
- Saint-Sardos, Adrien, Annabelle Aish, Nikolay Tchakarov, Thierry Bourgoïn, Luce-Marie Petit, Jian-Sheng Sun und Régine Vignes-Lebbe (Jan. 2024). *Bioinspire-Explore: Taxonomy-Driven Exploration of Biodiversity Data for Bioinspired Innovation*. In: *Biomimetics* 9.63, S. 1–13. DOI: 10.3390/biomimetics9020063. URL: <https://doi.org/10.3390/biomimetics9020063>.
- Salau, Ayodeji Olalekan, Wubetu Barud Demilie, Adedeji Tomide Akindadelo und Joy Nnenna Eneh (Mai 2022). *Artificial Intelligence Technologies: Applications, Threats, and Future Opportunities*. In: *ACI'22: Workshop on Advances in Computation Intelligence, its Concepts & Applications at ISIC 2022*. Savannah, United States: CEUR Workshop Proceedings, S. 17–19. URL: <http://ceur-ws.org>.
- Shakrapani, Kalai (Mai 2024). *GPT-4 vs GPT-4o (optimized): A Comparison of Large Language Models (LLM)*. URL: <https://www.linkedin.com/pulse/gpt-4-vs-4o->

optimized-comparison-large-language-llm-kalai-shakrapani-2008c#:~:text=GPT%2D4%20is%20the%20largest,it%20learns%20and%20generates%20text..

Shen, Bingjie (2022). *Exploration Methods in Reinforcement Learning*. In: *2022 IEEE International Conference on Advances in Electrical Engineering and Computer Applications (AEECA)*, S. 709–713. DOI: 10.1109/AEECA55500.2022.9918998.

Singhal, Karan, Shekoofeh Azizi, Tao Tu, S. Sara Mahdavi, Jason Wei, Hyung Won Chung, Nathan Scales, Ajay Tanwani, Heather Cole-Lewis, Stephen Pfohl, Perry Payne, Martin Seneviratne, Paul Gamble, Chris Kelly, Abubakr Babiker, Nathanael Schärli, Aakanksha Chowdhery, Philip Mansfield, Dina Demner-Fushman, Blaise Agüera y Arcas, Dale Webster, Greg S. Corrado, Yossi Matias, Katherine Chou, Juraj Gottweis, Nenad Tomasev, Yun Liu, Alvin Rajkomar, Joelle Barral, Christopher Semturs, Alan Karthikesalingam und Vivek Natarajan (Juli 2023). *Large language models encode clinical knowledge*. In: *Nature* 620, S. 12–23. DOI: 10.1038/s41586-023-06291-2. URL: <https://doi.org/10.1038/s41586-023-06291-2>.

Singla, Alex, Alexander Sukharevsky, Lareina Yee, Michael Chui und Bryce Hall (Aug. 2023). *The State of AI in 2023: Generative AI's Breakout Year*. Techn. Ber. McKinsey & Company, QuantumBlack AI. URL: <https://www.mckinsey.com>.

— (Mai 2024). *The State of AI in Early 2024: Gen AI Adoption Spikes and Starts to Generate Value*. Techn. Ber. McKinsey & Company, QuantumBlack AI. URL: <https://www.mckinsey.com>.

Taecharungroj, Viriya (2023). *What Can ChatGPT Do? Analyzing Early Reactions to the Innovative AI Chatbot on Twitter*. In: *Big Data and Cognitive Computing* 7.1, S. 35. DOI: 10.3390/bdcc7010035. URL: <https://www.mdpi.com/journal/bdcc>.

Tam, Thomas Yu Chow, Sonish Sivarajkumar, Sumit Kapoor, Alisa V. Stolyar, Katelyn Polanska, Karleigh R. McCarthy, Hunter Osterhoudt, Xizhi Wu, Shyam Visweswaran, Sunyang Fu, Piyush Mathur, Giovanni E. Cacciamani, Cong Sun, Yifan Peng und Yanshan Wang (2024). *A framework for human evaluation of large language models in healthcare derived from literature review*. In: *npj Digital Medicine* 7.1, S. 258. ISSN: 2398-6352. DOI: 10.1038/s41746-024-01258-7. URL: <https://doi.org/10.1038/s41746-024-01258-7>.

- Teich, Irene (Juni 2020). *Meilensteine der Entwicklung Künstlicher Intelligenz*. In: *Informatik Spektrum* 43.4, S. 276–284. DOI: 10.1007/s00287-020-01280-5. URL: <https://doi.org/10.1007/s00287-020-01280-5>.
- Toukmaji, Christopher und Allison Tee (2024). *Retrieval-Augmented Generation and LLM Agents for Biomimicry Design Solutions*. In: *AAAI Spring Symposium Series (SSS-24)*. Stanford, CA, USA: Association for the Advancement of Artificial Intelligence (AAAI), S. 273–278. URL: <https://www.aaai.org/>.
- Usama, Muhammad, Junaid Qadir, Aunn Raza, Hunain Arif, Kok-Lim Alvin Yau, Yehia Elkhatib, Amir Hussain und Ala Al-Fuqaha (Mai 2019). *Unsupervised Machine Learning for Networking: Techniques, Applications and Research Challenges*. In: *IEEE Access* 7, S. 65579–65615. DOI: 10.1109/ACCESS.2019.2916648. URL: <https://ieeexplore.ieee.org/document/8736011>.
- VDI 6220 Blatt 1 (Dez. 2012). *Bionik - Konzeption und Strategie Abgrenzung zwischen bionischen und konventionellen Verfahren/Produkten*. Techn. Ber. Düsseldorf, Deutschland: Verein Deutscher Ingenieure (VDI). URL: <https://www.vdi.de/richtlinien>.
- VDI 6220 Blatt 2 (Juni 2022). *Bionik - Bionische Entwicklungsmethodik: Produkte und Verfahren*. Techn. Ber. Düsseldorf, Deutschland: Verein Deutscher Ingenieure (VDI). URL: <https://www.vdi.de/richtlinien>.
- Villhauer, Bernhard (2021). *Machine Learning and Finance*. In: *Theories of Change: Change Leadership Tools, Models and Applications for Investing in Sustainable Development*. Hrsg. von Karen Wendt. Cham: Springer International Publishing. ISBN: 978-3-030-52275-9. DOI: 10.1007/978-3-030-52275-9\_22. URL: [https://doi.org/10.1007/978-3-030-52275-9\\_22](https://doi.org/10.1007/978-3-030-52275-9_22).
- Wu, Fan, Huseyin A. Inan, Arturs Backurs, Varun Chandrasekaran, Janardhan Kulkarni und Robert Sim (2023). *Privately Aligning Language Models with Reinforcement Learning*. In: *ArXiv abs/2310.16960*. URL: <https://api.semanticscholar.org/CorpusID:264490556>.
- Xiang, Xuanchen und Simon Foo (2021). *Recent Advances in Deep Reinforcement Learning Applications for Solving Partially Observable Markov Decision Processes (POMDP) Problems: Part 1—Fundamentals and Applications in Games, Robotics and*

- Natural Language Processing*. In: *Machine Learning and Knowledge Extraction* 3.3, S. 554–581. ISSN: 2504-4990. DOI: 10.3390/make3030029. URL: <https://www.mdpi.com/2504-4990/3/3/29>.
- Yen, Jeannette und Marc J. Weissburg (19. Apr. 2016). *Biologically Inspired Design : A Tool for Interdisciplinary Education*. In: Bar-Cohen, Yoseph. *Biomimetics*. 0. Aufl. CRC Press, S. 351–380. DOI: 10.1201/b11230-15. URL: <https://www.taylorfrancis.com/books/9781439834770/chapters/10.1201/b11230-15>.
- Yeter, Ibrahim H. und Hortense Le Ferrand (Nov. 2024). *Exploring the Potential of ChatGPT for Finding Engineering Biomimetic Solutions: A Theoretical Framework and Practical Insights*. In: *Journal of Bionic Engineering* 21.6, S. 2730–2744. ISSN: 1672-6529, 2543-2141. DOI: 10.1007/s42235-024-00606-3. URL: <https://link.springer.com/10.1007/s42235-024-00606-3> (besucht am 26. 01. 2025).
- Zdep, Stanley M. und Warner Rushing Wilson (1968). *Recency Effects in Opinion Formation*. In: *Psychological Reports* 23, S. 195–200. URL: <https://api.semanticscholar.org/CorpusID:145172809>.
- Zhou, Jeffrey, Tianjian Lu, Swaroop Mishra, Siddhartha Brahma, Sujoy Basu, Yi Luan, Denny Zhou und Le Hou (2023). *Instruction-Following Evaluation for Large Language Models*. arXiv: 2311.07911 [cs.CL]. URL: <https://arxiv.org/abs/2311.07911>.
- Zhu, Qihao, Xinyu Zhang und Jianxi Luo (Dez. 2022). *Biologically Inspired Design Concept Generation Using Generative Pre-Trained Transformers*. In: *arXiv preprint*. arXiv: 2212.13196 [cs.AI]. URL: <https://arxiv.org/abs/2212.13196>.

## **Disclaimer zur Nutzung von KI-Tools**

Hiermit versichere ich, dass ich die vorliegende Arbeit in allen Teilen selbstständig angefertigt und keine anderen als die in der Arbeit angegebenen Quellen und zur Angabe verpflichteten Hilfsmittel benutzt habe, und dass die Arbeit in gleicher oder ähnlicher Form in noch keiner anderen Prüfung vorgelegen hat.

Angaben zur Verwendung KI-basierter Hilfsmittel:

Ich versichere, dass ich keine KI-basierten Anwendungen verwendet habe, deren Nutzung der Prüfer / die Prüferin explizit schriftlich ausgeschlossen hat. Ich bin mir bewusst, dass die Verwendung von Texten oder anderen Inhalten und Produkten, die durch KI-basierte Tools generiert wurden, keine Garantie für deren Qualität darstellt. Ich verantworte die Übernahme jeglicher von mir verwendeter maschinell generierter Passagen vollumfänglich selbst und trage die Verantwortung für eventuell durch die KI generierte fehlerhafte oder verzerrte Inhalte, fehlerhafte Referenzen, Verstöße gegen das Datenschutz- und Urheberrecht oder Plagiate. Ich versichere zudem, dass in der vorliegenden Arbeit mein gestalterischer Einfluss überwiegt. Ich bin darauf vorbereitet, meine etwaige Nutzung von KI-basierten text- oder inhaltsgenerierenden Hilfsmitteln mit entsprechenden dokumentierenden Unterlagen (z.B. Chatprotokolle) darzulegen, sollte es Klärungsbedarf geben.

Zur Anfertigung dieser Arbeit habe ich verschiedene KI-gestützte Werkzeuge eingesetzt, um sowohl die Recherche als auch die Textgestaltung zu verbessern. ScholarGPT, Bard und ChatGPT wurden zur Unterstützung bei der Textformulierung eingesetzt, wobei insbesondere ScholarGPT eine wichtige Rolle bei der Literaturrecherche und der Sichtung von Quellen spielte. Writefull nutzte ich, um spezifische Textstellen stilistisch zu verfeinern und umzuformulieren. Für eine zielgerichtete wissenschaftliche Literaturrecherche kamen auch Elicit, Consensus und ResearchRabbit zum Einsatz, um relevante Studien und wissenschaftliche Arbeiten zu identifizieren und zu analysieren. Alle Quellen wurden überprüft, um die wissenschaftliche Integrität der Arbeit zu gewährleisten.

## **8 Anhang**

Die Anhangsmaterialien, bestehend aus umfassender Dokumentation und zahlreichen Chat-Protokollen, sind aufgrund ihres Umfangs als eigenständige Datei in der Cloud hinterlegt. Dieser Absatz kann angeklickt werden, um direkten Zugriff zu erhalten.