KI-Werkzeuge für die Forschung

Hier finden Sie Empfehlungen zu kostenfreien oder zumindest in der Basisversion kostenfreien KI-Werkzeugen für die Forschung.

- Protein- & Strukturforschung
- DNA- und RNA-Forschung
- Bildanalyse und Mikroskopie
- Erstellung von Förder- und Ethikanträgen

Protein- & Strukturforschung

Tabelle1: Protein- & Strukturforschung (KI generiert)

1	**AlphaFold DB / AlphaFold Server**	AlphaFold DB / AlphaFold Server	Proteinstrukturvorhersage	Referenzwerkzeug zur Vorhersage und Recherche von Proteinstrukturen. Besonders geeignet für Strukturbiologie, Target-Analyse und Hypothesengenerierung.
2	**ColabFold**	ColabFold GitHub	Schnelle Proteinstrukturvorhersage	Niedrigschwellige AlphaFold-basierte Strukturvorhersage über Google Colab oder lokal. Sehr beliebt für akademische Strukturbiologie.
3	**Boltz-2**	Boltz GitHub	Biomolekulare Komplexe	KI-Modell für Protein-, Ligand- und Komplexstrukturen sowie Bindungsaffinitäten. Besonders relevant für moderne Struktur- und Wirkstoffforschung.
4	**Chai-1**	Chai-1 GitHub	Multimodale Strukturvorhersage	Vorhersage von Strukturen biologischer Komplexe, einschließlich Proteinen, Liganden, DNA, RNA und Glykanen.
5	**RFdiffusion**	RFdiffusion GitHub	Generatives Protein-Design	Werkzeug für De-novo-Protein-Design, Binder-Design und Protein-Engineering. Sehr stark für experimentelle Design-Workflows.
6	**ProteinMPNN**	ProteinMPNN GitHub	Proteinsequenz-Design	Entwirft passende Aminosäuresequenzen für vorgegebene Protein-Backbones. Häufig kombiniert mit RFdiffusion und AlphaFold/ColabFold.
7	**GNINA**	GNINA GitHub	Molekulares Docking	Deep-Learning-gestütztes Docking und Scoring für Protein-Ligand-Interaktionen. Relevant für strukturbezogenes Wirkstoffdesign.
8	**DiffDock**	DiffDock GitHub	Protein-Ligand-Docking	Diffusionsmodell für Protein-Ligand-Docking. Besonders interessant für KI-gestützte Drug-Discovery-Forschung.
9	**DeepChem**	DeepChem	Molekulares Machine Learning	Open-Source-Toolkit für Wirkstoffforschung, Molekülmodellierung, QSAR und chemisch-biologische ML-Workflows.

DNA- und RNA-Forschung

Link zu

Google DeepMind **AlphaGenome Atlas**, a freely accessible database that pre-computes the predicted molecular effects **of every possible single-letter change (single-nucleotide variant) across the human genome — roughly 9 billion variants in total**, plus over 100 million known insertions/deletions.

Web portal (no coding required): alphagenome.google/atlas
API/programmatic access: github.com/google-deepmind/alphagenome

Tabelle 1: DNA & RNA Forschung (KI generiert)

Rang	KI-Werkzeug	Link	Hauptanwendung	Kurzbeschreibung
1	**DeepVariant**	DeepVariant GitHub	DNA-Variant Calling	Deep-Learning-Werkzeug zur Erkennung genetischer Varianten aus Sequenzdaten. Sehr relevant für Genomik-Pipelines.
2	**scvi-tools**	scvi-tools	Single-Cell-RNA / Multi-Omics	Starkes Framework für scRNA-seq, Multi-Omics, Batch-Korrektur, Zellzustände und probabilistische Modellierung.
3	**SpliceAI**	SpliceAI GitHub	RNA-Splicing	Vorhersage von Spleiß-Effekten genetischer Varianten. Besonders wichtig für Humangenetik und RNA-bezogene Varianteninterpretation.
4	**OpenSpliceAI**	OpenSpliceAI	Splicing-Analyse	Offene Alternative bzw. Erweiterung für Splice-Site- und Variantenwirkungsanalyse, auch für nicht-humanbiologische Fragestellungen interessant.
5	**Enformer**	Enformer GitHub	Regulatorische Genomik	Transformer-Modell zur Vorhersage von Genexpression und Chromatinzuständen aus DNA-Sequenzen.
6	**Geneformer**	Geneformer	Single-Cell-Transkriptomik	Foundation Model für Einzelzell-Transkriptome, Zellzustände und Genregulationsnetzwerke.
7	**scGPT**	scGPT GitHub	Single-Cell / Multi-Omics	Generatives Foundation Model für Single-Cell-Analysen, Zelltypannotation und Datenintegration.
8	**DeepSEA**	DeepSEA	Nicht-kodierende Varianten	Vorhersage funktioneller Effekte nicht-kodierender DNA-Varianten auf regulatorische Elemente.

Rang	KI-Werkzeug	Link	Hauptanwendung	Kurzbeschreibung
9	**UFold**	UFold GitHub	RNA-Sekundärstruktur	Deep-Learning-basiertes Werkzeug zur Vorhersage von RNA-Sekundärstrukturen.
10	**MXfold2**	MXfold2 GitHub	RNA-Sekundärstruktur	Kombiniert Deep Learning mit thermodynamischer Modellierung für RNA-Strukturvorhersagen.
11	**CRISPOR**	CRISPOR	CRISPR-gRNA-Design	Etabliertes Werkzeug zur Auswahl und Bewertung von guide RNAs mit On-/Off-Target-Scores.
12	**CHOPCHOP**	CHOPCHOP	CRISPR-/TALEN-Design	Breites akademisches Design-Tool für CRISPR, TALEN, Knock-out, Knock-in und CRISPRi/a.
13	**DeepCRISPR**	DeepCRISPR GitHub	CRISPR-Optimierung	Deep-Learning-Modell für sgRNA-On-Target-Effizienz und Off-Target-Vorhersage.
14	**CRISPRon / CRISPRon-BE**	CRISPRon	gRNA- und Base-Editing-Aktivität	Modelle zur Vorhersage von CRISPR-Cas9- und Base-Editing-Aktivität.
15	**DeepHF**	DeepHF GitHub	High-Fidelity-Cas9	gRNA-Design für WT-SpCas9 und High-Fidelity-Cas9-Varianten zur Reduktion unerwünschter Effekte.
16	**BE-Hive**	BE-Hive GitHub	Base Editing	ML-Modell zur Vorhersage von Base-Editing-Ergebnissen, Bystander-Edits und Effizienz.
17	**DeepPrime**	DeepPrime GitHub	Prime Editing	Deep-Learning-Werkzeug zur Vorhersage der Effizienz von prime-editing guide RNAs.
18	**PRIDICT / PRIDICT2**	PRIDICT GitHub	Prime Editing	Modelle zur Vorhersage von Prime-Editing-Effizienz und Produktreinheit.

Bildanalyse und Mikroskopie

Tabelle 3: Bildanalyse & Mikroskopie (KI generiert)

Rang	KI-Werkzeug	Link	Hauptanwendung	Kurzbeschreibung
1	**nnU-Net**	nnU-Net GitHub	Medizinische Bildsegmentierung	Sehr starkes Framework für 2D- und 3D-Segmentierung in der medizinischen Bildgebung. Häufig als Referenzstandard genutzt.
2	**MONAI**	MONAI	Medical Imaging AI	PyTorch-basiertes Open-Source-Ökosystem für Training, Validierung und Deployment medizinischer KI-Modelle.
3	**Cellpose**	Cellpose	Zell- und Nukleussegmentierung	Sehr beliebt für Mikroskopiebilder, Zellzählung, Zellmorphologie und High-Content-Imaging.
4	**TotalSegmentator**	TotalSegmentator GitHub	Anatomische Segmentierung	Automatische Segmentierung zahlreicher anatomischer Strukturen in CT- und teilweise MR-Daten.
5	**StarDist**	StarDist GitHub	Zellkernsegmentierung	Besonders stark für dicht gepackte Zellkerne, Histologie und Bioimage-Analyse.

Erstellung von Förder- und Ethikanträgen

(diese Inhalt ist KI-generiert)

Dimensions ist eine sehr mächtige Forschungsinformations- und Analyseplattform von Digital Science. Sie verbindet wissenschaftliche Publikationen mit Zitationen, Datensätzen, Förderungen, Patenten, klinischen Studien und Policy-Dokumenten. Für Förderanträge ist Dimensions besonders nützlich, um den Stand der Forschung, relevante Autor*innen, Institutionen, Förderhistorien, Forschungsfelder, Zitationswirkung und mögliche Anwendungs- oder Innovationsbezüge sichtbar zu machen.

Für Ethikanträge kann es bei der Evidenzlage, bei vergleichbaren Studien, klinischen Studien und Risiko-Nutzen-Begründungen unterstützen. Die eigentliche ethische Bewertung ersetzt es nicht. Dimensions beschreibt die Plattform selbst als verknüpfte Research-Information-Plattform für Grants, Publikationen, Zitationen, Datensätze, klinische Studien, Patente und Policy-Dokumente. (Dimensions AI | The most advanced scientific research database)

Kostenlose Grundversion vs. Bezahlversion

Version	Was sie kann	Grenzen
Dimensions Free	Kostenlose Nutzung für persönliche, nicht-kommerzielle Zwecke. Enthält insbesondere Publikationen, Zitationen und Datensätze mit Kontextinformationen. Laut Dimensions können in der Free-Version vor allem Publications und Datasets durchsucht werden. Zusätzlich werden verknüpfte Kontextinformationen angezeigt, etwa Bezüge zu Förderungen, klinischen Studien, Patenten oder Policy-Dokumenten.	Nicht alle Datenquellen sind direkt durchsuchbar. Die Exportgrenze liegt laut Dimensions bei 500 Datensätzen. Institutionelle Funktionen wie IP-Zugang, SSO, umfangreiche Exporte und API-Zugriff fehlen.
Dimensions Analytics / Bezahlversion	Zugriff auf den gesamten Datenbestand: Publikationen, Datensätze, Grants, Patente, klinische Studien und Policy-Dokumente. Zusätzlich gibt es Analysefunktionen, größere Exportmöglichkeiten, institutionellen Zugang über IP, Proxy oder Single Sign-on sowie API-Optionen. Die Exportgrenze liegt je nach Lizenz laut Dimensions bei 5.000 bis 50.000 Datensätzen.	Kostenpflichtige Organisationslizenz; Preise werden nicht allgemein als fixer Tarif veröffentlicht, sondern über Demo-/Angebotsanfrage. Einzelne API-, BigQuery-, Dashboard- oder Spezialmodule können zusätzlich lizenzabhängig sein.

Vergleichsprodukte anderer Anbieter

Produkt	Anbieter	Stärken im Vergleich zu Dimensions	Typische Einschränkung
Scopus / Scopus AI / SciVal	Elsevier	Sehr stark bei kuratierter Literatur- und Zitationsanalyse. Scopus AI bietet referenzierte KI-Zusammenfassungen, Concept Maps, Foundational Documents, Emerging Themes und Deep-Research-Funktionen; SciVal ist stark für institutionelle Forschungsanalyse, Benchmarking und Funding Analytics. (www.elsevier.com)	Meist institutionell kostenpflichtig; weniger offen als OpenAlex oder Lens.
Web of Science / Web of Science Research Assistant / InCites / Pivot-RP	Clarivate	Sehr stark bei kuratierter Literatur-, Zitations- und Forschungsleistungsanalyse. Web of Science Research Assistant bietet KI-gestützte Such- und Analyseworkflows; InCites dient dem Benchmarking; Pivot-RP ist besonders relevant für aktuelle Fördermöglichkeiten und Researcher Matching. (Clarivate)	In der Regel kostenpflichtige institutionelle Produkte.
OpenAlex	OurResearch	Frei und offen. Sehr gut für offene bibliometrische Analysen, Publikationen, Autor*innen, Institutionen, Themen, Grants und Zitationsnetzwerke. OpenAlex beschreibt sich als vollständig offener Katalog des globalen Forschungssystems. (OpenAlex)	Weniger komfortabel als kommerzielle Dashboards; für viele Analysen braucht man API-/Datenkompetenz.
The Lens	Cambia / Lens	Stark bei der Verbindung von wissenschaftlicher Literatur und Patenten. The Lens ermöglicht die Suche in über 200 Mio. wissenschaftlichen Datensätzen und zeigt Verbindungen zwischen scholarly works und Patentdaten. (support.lens.org)	Für institutionelle strategische Analysen weniger rund als Dimensions, SciVal oder InCites; API-/Pro-Funktionen können eingeschränkt sein.
CORDIS & EU Funding & Tenders Portal	Europäische Kommission	Offizielle kostenlose Quelle für EU-geförderte Projekte, Ergebnisse, Deliverables, Publikationen sowie offene EU-Förder- und Ausschreibungsmöglichkeiten. Besonders wichtig für Horizon-Europe-Kontext und EU-Anträge. (cordis.europa.eu)	Kein allgemeines globales Research-Intelligence-System; Fokus liegt auf EU-Förderung und EU-Projekten.

Kurzfazit:
Für eine kostenlose Einstiegslösung ist Dimensions Free sehr hilfreich, aber bei Grants, Patenten, klinischen Studien und Policy-Dokumenten eingeschränkt. Für professionelle Förderstrategie ist Dimensions Analytics deutlich leistungsfähiger. Als Alternativen sind Scopus/SciVal und Web of Science/InCites/Pivot-RP die wichtigsten kommerziellen Vergleichsprodukte; OpenAlex, The Lens und CORDIS sind besonders relevante freie bzw. offene Ergänzungen.

Hinweis für Ethikanträge:

Diese Werkzeuge sollten nur zur Strukturierung, Formulierung und Plausibilitätsprüfung eingesetzt werden. Die ethische Bewertung, Risiko-Nutzen-Abwägung, Datenschutzprüfung, Einwilligungsfähigkeit, Studienverantwortung und finale Antragseinreichung müssen bei den verantwortlichen Forschenden und den zuständigen universitären bzw. behördlichen Stellen bleiben. Sensible, personenbezogene, vertrauliche oder noch nicht publizierte Projektdaten sollten nur in institutionell freigegebenen Systemen verarbeitet werden.