

COVID-19 aufgeschlüsselt nach Bundesländern

Um den Verlauf der COVID-19-Epidemie in Deutschland übersichtlich und nach einzelnen Bundesländern aufgeschlüsselt darstellen zu können, haben Forschende des MDC ein neues Online-Tool entwickelt. Karte und Zeitstrahl zur Ausbreitung des Coronavirus sind im Internet frei verfügbar.

Im Moment veröffentlicht das Robert Koch-Institut (RKI) die Zahl der in Deutschland gemeldeten COVID-19-Fälle in einer nach Bundesländern aufgeschlüsselten Tabelle. Auf dieser Grundlage haben nun Forschende des Max-Delbrück-Centrums für Molekulare Medizin in der Helmholtz-Gemeinschaft (MDC) ein Online-Tool entwickelt, das etwas mehr kann: Es zeigt auf einer Karte neben den absoluten Zahlen der gemeldeten Erkrankten unter anderem für jedes Bundesland die relativen Fallzahlen pro 100.000 Einwohner*innen. Außerdem kann jede*r Interessierte mit dem Tool auf einem Zeitstrahl den Verlauf der Epidemie im jeweiligen Bundesland nachvollziehen.

Karte und Zeitstrahl sind unter <https://covid19germany.mdc-berlin.de> abrufbar. Die Daten werden täglich automatisiert von der RKI-Webseite abgerufen und verarbeitet. Der genaue Zeitpunkt des Abrufs ist ebenfalls vermerkt.

„Wir haben selbst nach solchen Darstellungen im Internet gesucht und uns gewundert, dass es so etwas für Deutschland bisher kaum gibt“, sagt Professor Matthias Selbach, der Leiter der Arbeitsgruppe „Proteom-Dynamik“ am MDC. Daraufhin habe Dr. Henrik Zauber, ein Wissenschaftler aus seiner Arbeitsgruppe, ein solches Tool entwickelt. „Wir haben schon einmal ein solches Online-Tool erstellt, um anderen Forschenden interaktiven Zugang zu massenspektrometrischen Daten zu geben“, sagt Zauber. Aufgrund dieser Erfahrung sei es relativ einfach gewesen, ein Tool zu entwickeln, das den Verlauf der COVID-19-Epidemie in Deutschland visualisiert. Sobald detailliertere Daten verfügbar sind, wollen die Forscher*innen die Visualisierung entsprechend erweitern.

Ein Service für die Öffentlichkeit

„Natürlich können wir keine Verantwortung für die Korrektheit der Daten übernehmen, wir verarbeiten sie lediglich“, sagt Selbach. „Das ist als Service für die Öffentlichkeit gedacht.“ Grundsätzlich müsse man zwischen den gemeldeten Fällen und den tatsächlich zu einem bestimmten Zeitpunkt infizierten Personen unterscheiden. Wie zuverlässig die Zahl der gemeldeten Fälle ist, hängt von vielen Faktoren ab – beispielsweise davon, wie viele Tests überhaupt durchgeführt werden.

Die Arbeitsgruppe von Matthias Selbach untersucht das Zusammenspiel aller Proteine in der Zelle (Proteom). Die Proteine sind zum Beispiel für den Stoffwechsel der Zellen, für ihre Vermehrung und Überlebensprogramme, sowie für die Signalwege in der Zelle und darüber hinaus verantwortlich. Diese Expertise hat das Team in der Vergangenheit bereits auf die Fragestellung angewendet, welche Faktoren die Vermehrung von Vogelgrippeviren in menschlichen Zellen beeinflussen. Selbach und seine Kolleg*innen planen jetzt auch Kooperationen mit anderen Forscher*innen, um die molekularen Eigenheiten des SARS-CoV-2 Virus besser zu verstehen.

Weiterführende Informationen

- [Onlinetool](#) COVID-19-Viewer
- [Pressemitteilung: Was Vogelgrippe in menschlichen Zellen behindert](#)