

Georg Quaas

Die Reproduktionszahl im klassischen epidemiologischen Modell

Das Robert Koch-Institut hat das Ziel, „die Bevölkerung vor Krankheiten zu schützen und ihren Gesundheitszustand zu verbessern.“ (RKI 2017) Dazu erarbeitet es forschungsgestützte konkrete Empfehlungen für die Politik und stellt der Fachöffentlichkeit Daten zur Verfügung. Seit dem 4. März 2020 publiziert es täglich die Zahlen der von den Gesundheitsämtern gemeldeten Corona-Infektionen, seit dem 9. März auch die Zahl der an dieser Infektion Verstorbenen und seit dem 25. März die geschätzte Zahl der Genesenen. Die seit dem 7. April berichtete Reproduktionszahl hat inzwischen alle anderen Kriterien, an denen sich die Öffentlichkeit orientiert, weitgehend verdrängt. In diesem Beitrag wird gezeigt, dass die Berechnung dieser Zahl weder theoriegestützt noch besonders verlässlich ist. Dabei gibt es eine einfache Möglichkeit, ihre Veränderung mehr oder weniger konservativ und exakt zu bestimmen.

Der theoretische Rahmen

Das klassische epidemiologische Modell (CEM) ist im Vergleich zu den ökonometrischen Modellen mittlerer Größenordnung, die zur Prognostik und Simulation wirtschaftspolitischer Maßnahmen verwendet werden, recht übersichtlich, plausibel in seinen Annahmen und auch in Teilen verwendbar. Auf der Basis täglicher Daten ist es durch folgende Gleichungen charakterisiert (Hethcote 2000: 604):

$$(1) \quad \Delta S = -\beta IS/N$$

$$(2) \quad \Delta I = \beta IS/N - \Delta R$$

$$(3) \quad \Delta R = \gamma I$$

β und γ sind empirisch zu bestimmende Parameter, N ist die Bevölkerungszahl, S die Zahl der für eine Infektion Empfänglichen (zu Beginn der Krankheit und ohne Information über die Anzahl der immunen Menschen in der Population wird sie gleich N gesetzt); I die Zahl der Infizierten und Ansteckenden (mit dem Anfangswert null oder nahe null) und R die genesenen Menschen, für die Immunität unterstellt wird (ohne Informationen wird diese Zahl anfangs ebenfalls auf null gesetzt). Die exakte begriffliche Charakteristik der drei Bevölkerungsgruppen ist nicht ganz unwichtig, denn die „Empfänglichen“ müssen genauso wenig „Gesunde“ sein wie die „Infizierten“ „erkrankt“ sein müssen (Donsimoni et al. 2020). Ob dieses Modell auf COVID-19 anwendbar ist, hängt vor allem davon ab, ob die Genesenen tatsächlich für eine Weile immun sind.

Die Logik hinter diesem Modell wird klar, wenn man die Anteile der beiden Bevölkerungsgruppen mit und ohne aktive Erreger an der Gesamtbevölkerung definiert: $i = I/N$ und $s = S/N$. Diese Anteile können als Wahrscheinlichkeiten interpretiert werden, zufällig einen Infektösen bzw. einen Empfänglichen in der Bevölkerung anzutreffen. Dass sich beide Personen begegnen, hat die Wahrscheinlichkeit $i \cdot s$ (Hamer 1906). Die Häufigkeit der Ansteckungen steigt, so wird im Modell angenommen, mit dem Umfang der Bevölkerung, so dass sich bis auf β der mittlere Term der Gleichung (2) ergibt, den wir mit H abkürzen:

$$(4) \quad i s N = \frac{I S N}{N^2} = \frac{I S}{N} = H$$

H kann unter praktischem Gesichtspunkt als Zahl der Möglichkeiten interpretiert werden, sich in einer Bevölkerung vom Umfang N zu infizieren, sozusagen die abstrakte Gefährdungslage. Der Parameter β spiegelt den eigentlichen Ansteckungsprozess wider, und zwar unter dem Aspekt, wie viele Personen pro Zeiteinheit (hier: pro Tag) durchschnittlich von einem Infektiösen angesteckt werden. Das hängt von einer Reihe von Faktoren ab, die im Modell nicht explizit einbezogen worden sind: von der Dichte der Bevölkerung, von der Anzahl täglicher Interaktionen, von den üblichen Verhaltensweisen (Hygiene, Hände schütteln etc.). Ein Teil dieser Faktoren ist beeinflussbar, so dass die Politik einen Zugriff hat. Allerdings wird die Wirkung der Einflussnahme durch den Parameter β mit einem Zeitverzug erfasst. Im Falle von Corona ging man in den Medien anfänglich davon aus, dass jeder Infizierte während seiner infektiösen Phase drei weitere Personen ansteckt. Das RKI berichtet in seinem Corona-Steckbrief eine Basisreproduktionszahl R_0 zwischen 2 und 2,5. Erste Erfahrungsberichte legen nahe, dass sich die ansteckende Phase über etwa 10 Tage erstreckt, so dass durchschnittlich $\beta = 0,3$ gesetzt werden kann – so lange keine genaueren Schätzungen vorliegen.

Es gibt eine vierte Variable, die im klassischen Modell keine explizite Rolle spielt: die Zahl der Todesfälle D . Das Modell ist so interpretiert worden (an der Heiden, M; Buchholz U 2020: S.1), dass die Zahl der Todesfälle in die Zahl der Genesenen einbezogen wird. Das klingt ein wenig zynisch - aber aus statistischer Sicht ist ein anderer Aspekt wichtig: Wenn die Zahl der Todesfälle empirisch verfügbar ist, so sollte das Modell damit ergänzt werden. Beide Zahlen, die der Verstorbenen und die der Genesenen, reduzieren die Zahl der Infektiösen, so dass Gleichung (2) präzisiert werden kann:

$$(2a) \quad \Delta I = \beta I S / N - \Delta R - \Delta D$$

Die Zahl der Genesenen wird, sofern sie nicht bereits vom Datenproduzenten geschätzt worden ist, mit Hilfe der Gleichung (3) bestimmt. Für die Todesfälle gilt unter der obigen Annahme:

$$(4) \quad \Delta D = \delta I$$

Der Parameter δ misst die aktuell neu gemeldeten Todesfälle anhand der zu einem früheren Infektionszeitpunkt vorliegenden Infizierten. Todesfälle reduzieren die Zahl der Bevölkerung. Deshalb ist es bei einem kurzfristigen Geschehen mit eventuell hohen Opferzahlen sinnvoll, die im Modell konstant gesetzte Bevölkerungszahl mit der Anzahl der Todesfälle zu ergänzen und alle übrigen Variablen als zeitabhängig zu behandeln:

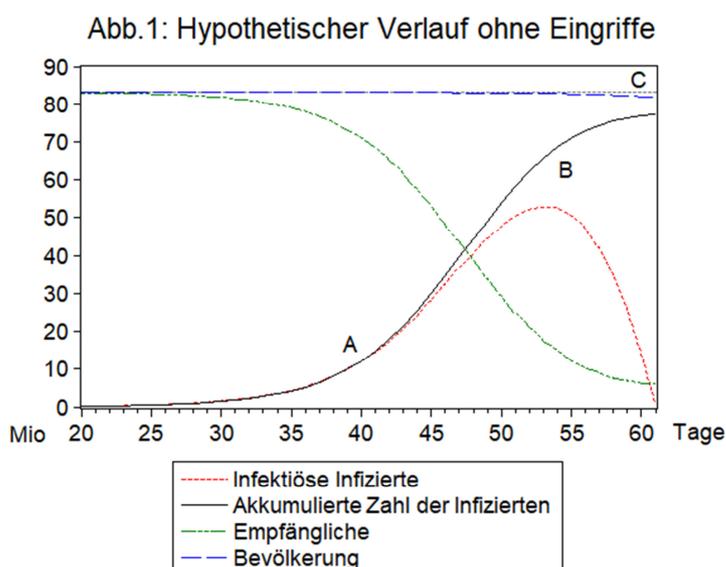
$$(5) \quad S(t) + I(t) + R(t) = N - D(t) = N'(t)$$

Für die Anpassung des Modells an die Empirie ist es zwingend erforderlich, Zeitverzögerungen zu einzelnen Variablen entsprechend den Merkmalen der zugrunde liegenden Krankheit hinzuzufügen. Dafür benötigt man medizinische Informationen (Schilling et al. 2020). Bei Corona sind nicht alle Merkmale bekannt. Für die unbekannt Parameter müssen Annahmen getroffen, um das Modell zu „füttern“. Besonders problematisch ist die durchschnittli-

che Dauer der Infektiosität einer infizierten Person, die sich offenbar nur schwer bestimmen lässt. Außerdem ist zu beachten, dass die vom RKI berichtete akkumulierte Zahl der Infizierten bzw. der von den Gesundheitsämtern als infiziert gemeldeten Personen nicht mit der Zahl der Infektiösen $I(t)$ des klassischen Modells übereinstimmt.

Messung der Kontaktintensität

Mit den obigen Gleichungen wird in der ersten Phase der Durchseuchung ein exponentielles Wachstum modelliert: Erst steigen die Zahlen ganz langsam an, aber dann... Es wäre jedoch ein Irrtum, durchweg ein exponentielles Wachstum zu unterstellen und damit die Neuinfektionen erklären zu wollen. Je mehr sich die Wahrscheinlichkeiten verändern und die politischen Maßnahmen die Kontaktrate β beeinflussen, umso mehr weicht die Entwicklung von einem exponentiellen Wachstum ab. Letztlich entscheidend für das Umkehren der Entwicklung ist die Reduktion der für den Erreger Empfänglichen in der Bevölkerung durch Genesung, Tod oder – Impfung. Abb. 1 zeigt den Verlauf, der nach dem CEM zu erwarten gewesen wäre, wenn keine Maßnahmen ergriffen worden wären:



Modellparameter: $\beta = 0,26$; $\delta = 0,026$; $N = 83,1$ Mio.

Die Anzahl der Corona-Opfer würde etwa bei 1 Mio. liegen und ist in der Abbildung am leichten Rückgang der Bevölkerungskurve zu erkennen (Punkt C).

Solange kein Impfstoff zur Verfügung steht, sollte die Kontaktrate β im Mittelpunkt pragmatischer Überlegungen stehen, denn sie spiegelt das wider, was die Politik beeinflussen kann. Sie ist übrigens anhand der täglichen Neuinfektionen aufgrund der Gleichung (1) oder (2) relativ einfach zu bestimmen – am besten als Durchschnitt, um statistische Schwankungen auszugleichen. Da der Durchschnitt immer über die letzten x-Tage berechnet wird, handelt es sich um eine konservative Schätzung, die, wenn es sich um Lockerungen handelt, sicherlich nicht zu einem verfrühten Handeln verleitet. Geht es darum, β auf einem niedrigen Niveau zu halten und Änderungen möglichst früh zu erkennen, ist ein 3-Tages-Durchschnitt zu empfehlen, der auch recht stabile Messergebnisse liefert.

Anschaulicher und damit der Öffentlichkeit leichter zu vermitteln ist die „Replacement number“ $R(t)$, die manchmal in der Literatur, aber auch vom RKI, „Reproduction number“ genannt wird. Sie stellt die Zahl der sekundären Infektionen dar, die ein typischer Infizierter während der Dauer der Infektiosität T produziert (Hethcote 2000: 603 f.). Aufgrund der Definitionen gilt:

$$(6) \quad R(t) = \beta(t)T$$

Prinzipiell ist an dieser Zahl problematisch, dass T für Corona noch nicht genau bekannt ist und durch eine Annahme ersetzt werden muss. Doch da es im laufenden Prozess vor allem auf die Veränderung der Kontaktrate β ankommt, ist das kein Hindernis, entweder β oder $R(t)$ als Entscheidungsgrundlage heranzuziehen.

In Deutschland wurde der politischen Entscheidungsfindung anfangs rein pragmatisch und orientiert an den verfügbaren Daten die Anzahl der Tage zugrunde gelegt, in der sich die Zuwächse der Infizierten verdoppeln. Aus schwer durchschaubaren Gründen wurde die Zahl 14 favorisiert, die einen Tag vor der ersten Lockerung, nämlich am 15.04., vorlag. Zwar ist die Kritik an dieser in hohem Maße fehleranfälligen Zahl berechtigt (Kaßmann 2020), kann alternativ aber auch nicht durch rein mathematische, aus epidemiologischer Sicht a-theoretische Methoden ersetzt werden.

Die Reproduktionszahl des RKI

Das RKI begann in ihren täglichen Lageberichten am 07.04.2020 damit, den Wert für folgende Variable zu berichten:

"Die Reproduktionszahl wird aktuell auf $R = 1,2$ (95%-Konfidenzintervall: 0,9 - 1,6) geschätzt. Diese Schätzung basiert auf den aktuell übermittelten COVID-19 Fällen (08.04.2020, 0:00 Uhr) und der Annahme einer mittleren Generationszeit von 4 Tagen. Lediglich Fälle mit Erkrankungsbeginn in den 3 Tagen vor dem aktuellen Datenstand wurden nicht berücksichtigt, da sie noch nicht in ausreichender Zahl übermittelt wurden und zu instabilen Schätzungen führen würden." (Lagebericht vom 8. April)

Die Schätzung des RKI spiegelt einen Stand wider, der mindestens 3 Tage zurückliegt. Durch Nachmeldungen der Gesundheitsämter sind die tatsächlichen Neuinfektionen erst nach mindestens drei Tagen korrekt. Diese Zahlen werden auf dem vom RKI empfohlenen „Dashboard“ berichtet. Nach einer Aggregation müssten sie mit den aktuellen Zahlen der täglichen Lageberichte übereinstimmen, was aber nicht der Fall ist.

Auf die methodischen Grundlagen wird im Lagebericht vom 13. April verwiesen. Die Vorbereitung der Daten für die Analyse beschreiben an der Heiden und Hamouda (2020: 10 ff.) ausführlich: Mit Hilfe der durchschnittlichen Verzögerung im Meldesystem wird zunächst der Infektionszeitpunkt jeder Infektion (z.T. völlig neu) festgelegt. Darauf aufbauend wird die zeitabhängige Reproduktionszahl des RKI bestimmt, indem angenommen wird, dass es durchschnittlich 4 Tage braucht, bis ein Infizierter den nächsten ansteckt (= „Generationszeit“). In einer anderen Veröffentlichung wird die vermutliche Dauer der Infektiosität mit $T = 10$ Tagen angegeben (an der Heiden M, Buchholz 2020). Dem RKI-Steckbrief zufolge konnte bei einigen Infizierten noch 8 Tage nach Ausbruch der Krankheit das

Virus nachgewiesen werden. Zusammen mit den durchschnittlich 2 Tagen eines infektiösen Vorlaufes während der Inkubationszeit muss man also mit durchschnittlich 10 Tagen Infektiosität rechnen. Auf dem Hintergrund dieser Fakten muss die Methode des RKI kritisch beurteilt werden, und zwar aus theoretischen und empirischen Gründen:

„Bei einer konstanten Generationszeit von 4 Tagen, ergibt sich R als Quotient der Anzahl von Neuerkrankungen in zwei aufeinander folgenden Zeitabschnitten von jeweils 4 Tagen. Hat sich die Anzahl der Neuerkrankungen im zweiten Zeitabschnitt erhöht, so liegt das R über 1. Ist die Anzahl der Neuerkrankungen in beiden Zeitabschnitten gleich groß, so liegt die Reproduktionszahl bei 1. Dies entspricht dann einem linearen Anstieg der Fallzahlen. Wenn dagegen nur jeder zweite Fall eine weitere Person ansteckt, also $R = 0,5$ ist, dann halbiert sich die Anzahl der neuen Infektionen innerhalb der Generationszeit.“ (an der Heiden und Hamouda 2020: 13)

Die Verwendung der Generationszeit bei Nichtbeachtung der viel längeren Infektiosität in der theoretischen Begründung der verwendeten Methode erweckt Zweifel. Konfrontation dieser Methode mit dem CEM zeigt, dass die Zweifel berechtigt sind:

Basis der Berechnung der Reproduktionszahl sind die Zahlen der neu Infizierten bzw. als infiziert Gemeldeten, die in Gleichung (2) durch ΔI erfasst werden, wenn die Genesenen und Verstorbenen außer Acht gelassen werden. Addiert man ΔI in zwei aufeinanderfolgenden Perioden von 1 bis 4 bzw. von 5 bis 8 und teilt die zweite Summe durch die erste, erhält man die Reproduktionszahl des RKI:

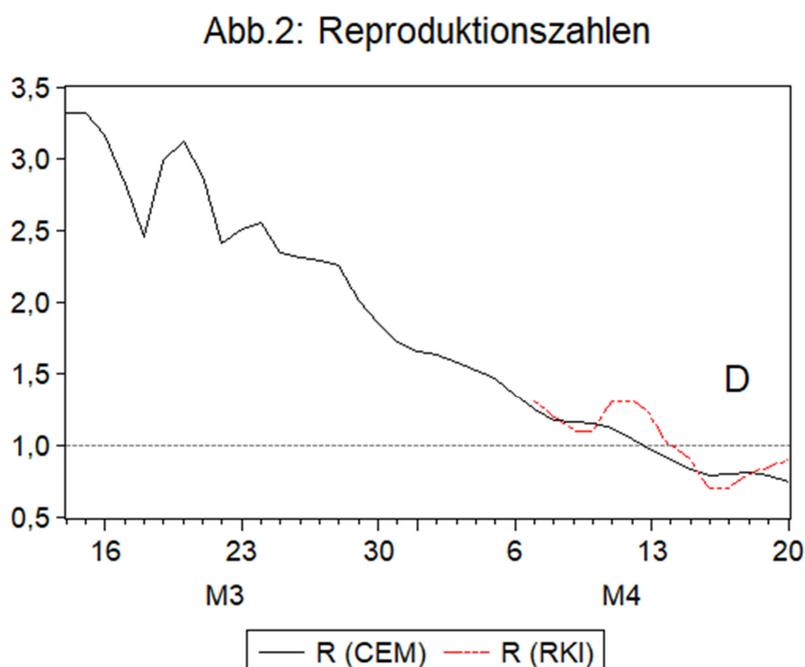
$$(7) R_{RKI} = \frac{\sum_{i=5}^8 \Delta I_i}{\sum_{i=1}^4 \Delta I_i} = \frac{\sum_{i=5}^8 (\beta IS/N)_i}{\sum_{i=1}^4 (\beta IS/N)_i} = \frac{\sum_{i=5}^8 \beta_i H_i}{\sum_{i=1}^4 \beta_i H_i} \approx \frac{\bar{\beta}_{5-8}}{\bar{\beta}_{1-4}} \neq \bar{\beta}_{1-8} T = \bar{R}(t_1, \dots, t_8)$$

Unter der vereinfachenden Annahme, dass sich der Term für die Häufigkeiten im fraglichen Zeitraum nicht ändert, also gekürzt werden kann, berechnen die Autoren nicht die Reproduktionszahl des epidemiologischen Modells $R(t)$ nach Gleichung (6), sondern die multiplikativ ausgedrückte Änderung der 4-Tages-Kontaktraten. Da sich aber die Häufigkeiten zeitlich ähnlich stark ändern wie die Kontaktrate, überlagert dieser Effekt die Änderung der Kontaktrate, so dass wir über diese genau genommen nichts erfahren – und dem entsprechend auch nichts über die Änderung der Reproduktionszahl, die exakt die Änderung der Kontaktrate ausdrückt (da T konstant ist).

Mathematisch gesehen ist R_{RKI} ein grobes Maß für die Krümmung der von den akkumulierten Infektionszahlen gebildeten Kurve (siehe Abb. 1). Die Krümmung ist in der Anfangsphase der Epidemie konvex („konvex“ im Sinne der Terminologie des Ökonomen), liefert also ein $R_{RKI} > 1$, weil die jeweils folgenden Zuwächse zunehmen (der Bereich um Punkt A in Abb. 1). An einem bestimmten Punkt, den der Mathematiker „Wendepunkt“ nennt, wird die Kurve konkav, weil die jeweils folgenden Zuwächse kleiner sind als die vorhergehenden: Jetzt ist $R_{RKI} < 1$ (Punkt B in Abb. 1).

R_{RKI} liefert eine rein phänomenologische Charakteristik des epidemischen Verlaufs, während die Reproduktionszahl näher dran ist an dem Mechanismus, der den Verlauf determiniert. Die 4 Tage „Generationszeit“ bestimmen in der Methode des RKI lediglich die Länge des Messintervalls zur Ausmittlung der Fehler in den Daten. Gäbe es keine Fehler, müsste man sagen: Je kürzer das Messintervall, umso genauer wird die Krümmung erfasst, je länger, umso gröber.

Der Krümmungsparameter R_{RKI} wurde am 16.04.2020 zum ersten Mal mit einem Wert unter 1 angegeben. Da lag die Reproduktionszahl $R(t)$, konservativ berechnet (10-Tagesdurchschnitt) und mit einem konservativen $T = 12$ multipliziert, bereits bei 0,8. Abbildung 2 vergleicht die beiden „Reproduktionszahlen“ (nur am Punkt D möglich):



Datenquelle: Lageberichte des RKI sowie eigene Berechnungen von $R(t)$ auf Basis des CEM.

Wie die Punkt-Strich-Linie in Abb. 2 erkennen lässt, sind die Messungen des RKI bislang recht volatil. Es ist in der gegenwärtigen Phase nicht sehr wahrscheinlich, dass die Reproduktionszahl realiter derart heftig schwankt. Für den 19. April wurde kein R_{RKI} wegen „technischer Umstellungen“ berichtet; der fehlende Wert wurde in der Grafik durch den Mittelwert zwischen den vom 18. und dem vom 20. April berichteten Wert eingefügt.

Gegen die hier vertretene Bevorzugung der echten Reproduktionszahl $R(t)$ (CEM) könnte eingewandt werden, dass das RKI mit seiner Methode den tatsächlichen Verlauf kontrolliert. Doch wenn man bedenkt, dass die Infektionszahlen vor der Analyse in hohem Maß umdatiert werden, so dürfte daran ebenfalls zu zweifeln sein. Wenn es aus epidemiologischer Sicht darauf ankommt, die Neuinfektionen im Blick zu behalten, so sollte die Kontaktrate β und außerdem die Zahl der Möglichkeiten H , sich in einer Bevölkerung von 83 Mio. Men-

schen zu infizieren (die abstrakte Gefährdungslage), ins Visier genommen werden, auch wenn nur die Kontaktrate politisch beeinflusst werden kann. Die theoretisch zu erwartende Zahl H der Möglichkeiten, sich anzustecken, kann helfen, die Zahl der Neuinfektionen zu erklären und ein realistisches Bild von der Gefährdungslage zu vermitteln.

Schlussfolgerung

Unter dem maßgebenden fachwissenschaftlichen Rat des RKI ist es der deutschen Politik gelungen, in relativ kurzer Zeit die Kontaktrate entscheidend zu senken und damit die Verbreitung der ersten Welle der Corona-Epidemie einzudämmen. Im Weiteren wird es darauf ankommen, diese Rate trotz Lockerungen möglichst nicht wieder ansteigen zu lassen. Angesichts der hohen und wahrscheinlich steigenden wirtschaftlichen Kosten, die jeder zusätzliche, mit Kontaktsperren versehene Tag mit sich bringt, wäre es empfehlenswert gewesen, sich bei der Berechnung der Kontaktrate bzw. der Reproduktionszahl an einem theoretisch durchdachten Modell zu orientieren, dessen Parameter reale, weil wirkräftige Sachverhalte widerspiegeln. Darüber hinaus ermöglicht das Klassische Epidemiologische Modell aktuellere und stabilere Schätzungen.

Persönliche Bemerkung

Der vorliegende Text spiegelt den Erkenntnisstand des Verfassers am 22. April 2020 wider. Nach erfolglosen Versuchen, mit dem maßgeblichen RKI-Autor Kontakt aufzunehmen, wurde die Studie am 20. April zur kurzfristigen Veröffentlichung dem „Wirtschaftsdienst“ und der „Ökonomenstimme“ angeboten. Der Wirtschaftsdienst erklärte von vornherein, mit CORONA-Beiträgen überlastet zu sein. Die Redaktion der „Ökonomenstimme“ unter der Leitung von F. Kohler antwortete gar nicht erst. Nachdem eine kurzfristige Veröffentlichung gescheitert ist, hat der Artikel wahrscheinlich nur noch Wert für eine historische Beurteilung der Ereignisse auf der wissenschaftlichen Grundlage des Klassischen Epidemiologischen Modells. Das RKI fährt fort, seine volatilen Reproduktionszahlen (siehe auch den Anhang) auf der Grundlage aufbereiteter Daten zu berichten und warnt momentan vor dem nächsten exponentiellen Anstieg. Die Mehrzahl der Bundesländer ist in der laufenden Woche dabei, eine Maskenpflicht einzuführen. Wie immer in Zeiten der Krise, ist es schwer, mit sachlichen Argumenten Gehör zu finden.

Literatur

an der Heiden, M., U. Buchholz (2020): Modellierung von Beispielszenarien der SARS-CoV-2-Epidemie 2020 in Deutschland, DOI 10.25646/6571.2

an der Heiden, M., O. Hamouda (2020): Schätzung der aktuellen Entwicklung der SARS-CoV-2-Epidemie in Deutschland – Nowcasting, *Epid. Bull.* 2020, Nr. 17, S. 10 – 15. DOI 10.25646/6692

Donsimoni, J. R., R. Glawion, B. Plachter, K. Wälde (2020): Projektion der COVID-19-Epidemie in Deutschland, *Wirtschaftsdienst*, 100. Jahrgang, Heft 4, S. 272-276.

Hamer, W. H. (1906): Epidemic Disease in England, *Lancet*, 1, pp. 733-739.

Hethcote, H. W. (2000): The Mathematics of Infectious Diseases, *SIAM Review*, Vol. 42, No. 4. (Dec., 2000), pp. 599-653.

Kaßmann, M. (2020): Die Fallstricke der Verdoppelung, URL: <https://www.math.uni-bielefeld.de/kassmann/index.php>

Robert-Koch-Institut (2017): Leitbild, abrufbar unter: https://www.rki.de/DE/Content/Institut/Leitbild/Leitbild_node.html

RKI: SARS-CoV-2 Steckbrief zur Coronavirus-Krankheit-2019 (COVID-19), abrufbar unter: www.rki.de/DE/Content/InfAZ/N/Neuartiges_Coronavirus/Steckbrief.html

RKI: Tägliche Situationsberichte ab 4. März 2020, abrufbar unter: https://www.rki.de/DE/Content/InfAZ/N/Neuartiges_Coronavirus/Situationsberichte/Archiv.html

Schilling, J., M. Diercke, D. Altmann, W. Haas, S. Buda (2020): Vorläufige Bewertung der Krankheitsschwere von COVID-19 in Deutschland basierend auf übermittelten Fällen gemäß Infektionsschutzgesetz, *Epid. Bull.* 2020, Nr. 17, S. 3 – 9. DOI 10.25646/6670.

Anhang

| Schätzung der Reproduktionszahl | | | |
|---------------------------------|-------|-------|---------|
| Modell: | CEM | CEM | RKI |
| x-Tages-Durchschnitt | x=10 | x=3 | x=4 |
| Datum | R | R | R |
| 14.03.2020 | 3,321 | 3,462 | |
| 15.03.2020 | 3,320 | 3,447 | |
| 16.03.2020 | 3,162 | 3,087 | |
| 17.03.2020 | 2,826 | 2,711 | |
| 18.03.2020 | 2,451 | 2,304 | |
| 19.03.2020 | 2,995 | 2,926 | |
| 20.03.2020 | 3,120 | 3,110 | |
| 21.03.2020 | 2,882 | 2,890 | |
| 22.03.2020 | 2,408 | 2,397 | |
| 23.03.2020 | 2,506 | 2,397 | |
| 24.03.2020 | 2,551 | 2,411 | |
| 25.03.2020 | 2,349 | 2,206 | |
| 26.03.2020 | 2,310 | 2,293 | |
| 27.03.2020 | 2,288 | 2,222 | |
| 28.03.2020 | 2,256 | 2,143 | |
| 29.03.2020 | 2,009 | 1,854 | |
| 30.03.2020 | 1,856 | 1,653 | |
| 31.03.2020 | 1,717 | 1,442 | |
| 01.04.2020 | 1,653 | 1,320 | |
| 02.04.2020 | 1,636 | 1,400 | |
| 03.04.2020 | 1,584 | 1,418 | |
| 04.04.2020 | 1,520 | 1,429 | |
| 05.04.2020 | 1,472 | 1,387 | |
| 06.04.2020 | 1,353 | 1,191 | |
| 07.04.2020 | 1,253 | 1,040 | 1,30 |
| 08.04.2020 | 1,171 | 0,929 | 1,20 |
| 09.04.2020 | 1,159 | 0,882 | 1,10 |
| 10.04.2020 | 1,147 | 0,977 | 1,10 |
| 11.04.2020 | 1,113 | 0,993 | 1,30 |
| 12.04.2020 | 1,045 | 0,927 | 1,30 |
| 13.04.2020 | 0,970 | 0,803 | 1,20 |
| 14.04.2020 | 0,896 | 0,643 | 1,00 |
| 15.04.2020 | 0,838 | 0,575 | 0,90 |
| 16.04.2020 | 0,792 | 0,606 | 0,70 |
| 17.04.2020 | 0,801 | 0,685 | 0,70 |
| 18.04.2020 | 0,812 | 0,807 | 0,80 |
| 19.04.2020 | 0,795 | 0,824 | *(0,85) |
| 20.04.2020 | 0,743 | 0,765 | 0,90 |
| 21.04.2020 | 0,681 | 0,671 | 0,90 |
| 22.04.2020 | 0,657 | 0,594 | NA |

* Ergänztter Mittelwert