

Abbildung 2 zum Beitrag „Nosokomiale Ausbrüche schneller erkennen“

von Dr. Dr. med. Nina Hos, Ing. IBT (B. Sc.) David Eisenberger, Silke Nickel
und Dr. rer. nat. Christian Tuschak
Bayerisches Ärzteblatt 6/2022, Seite 306.

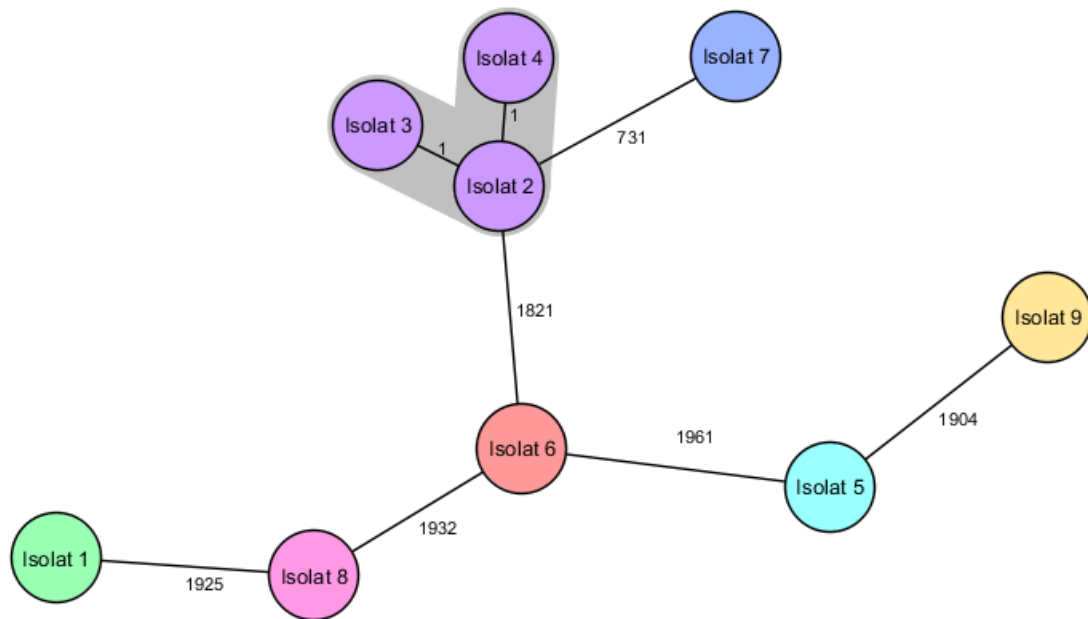


Abbildung 2: *Minimum Spanning Tree* zur Veranschaulichung der Ergebnisse der Vollgenomsequenzierung im Zuge der Genotypisierung nosokomialer Ausbruchserreger. Jeder Kreis entspricht einem Bakterienisolat, die Zahlen auf den Verbindungslinien geben die Anzahl der Allele an, mit der sich die jeweiligen Isolate voneinander unterscheiden. Isolate, die zur gleichen klonalen Gruppe gehören und somit ein Cluster bilden, sind grau hinterlegt.