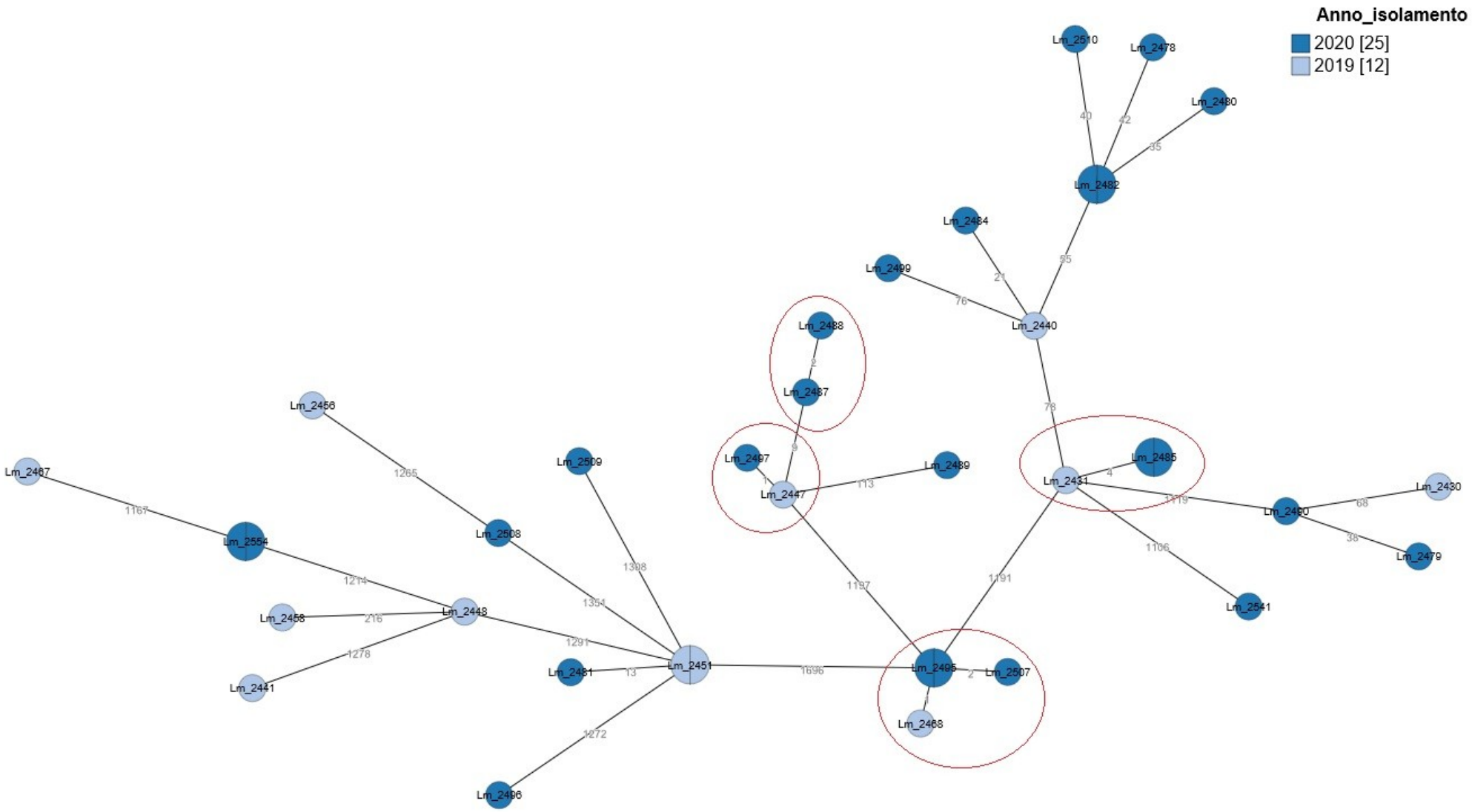

Figura 2. Piattaforma genpat: analisi cgMLST dei ceppi clinici di Lm isolati nel periodo 2019-2020 nelle regioni Umbria e Marche. I nodi dell'albero rappresentano i ceppi colorati per anno d'isolamento e i numeri riportati sui rami, costituiscono le distanze esistenti tra di essi in termini di differenze alleliche. I nodi Lm_2554, Lm_2451, Lm_2495, Lm_2485 e Lm_2482, contengono un altro isolato oltre a quello indicato, nello specifico- Lm_2555, Lm_2452, Lm_2506, Lm_2486 e Lm_2483 rispettivamente.

Figure 2. Genpat bioinformatic platform: cgMLST analysis of *Lm* strains isolated during 2019-2020 from clinical cases of human listeriosis occurred in Umbria and Marche Regions (Central Italy). The nodes of the Minimum Spanning tree represent the strains colored by year of isolation. Number values between adjacent nodes indicate the number of allelic differences between nodes. Note: the Lm_2554, Lm_2451, Lm_2495, Lm_2485 and Lm_2482 nodes also include Lm_2555, Lm_2452, Lm_2506, Lm_2486 and Lm_2483 respectively.