



Quelle: Sequenzen verfügbar auf [www.GISAID.org](http://www.GISAID.org). Abbildung: Dr. Maximilian Muenchhoff, Max von Pettenkofer-Institut, Ludwig-Maximilians-Universität München (LMU)

Durch die Analyse von SARS-CoV-2 Genomsequenzen können Rückschlüsse auf die Ausbreitung des Virus getroffen werden. In dieser Abbildung sind Sequenzen von Virusisolaten von Patienten aus Italien (grün, n=61), Österreich (rot, n=88), München (dunkelblau mit rotem Rand, n=174) und dem restlichen Deutschland (hellblau, n=92) gezeigt. Die hier dargestellten Analysen zeigen wie manche Virusgenomsequenzen von Patienten aus der ersten Welle verschiedenen Skigebieten und anderen Ausbruchsgeschehen zugeordnet werden können.