



Рис. 4. Укорененное филогенетическое дерево зеленых водорослей рода *Bracteacoccus*, построенное методом максимального правдоподобия (ML), на основе анализа первичной структуры ITS2.

Примечание. В качестве статистической поддержки узлов дерева указаны бутстреп-значения ML; значения < 70% не показаны. Модель нуклеотидных замен: GTR+G. Жирным шрифтом выделены штаммы ACSSI, \* отмечены аутентичные штаммы.

Fig. 4. The rooted phylogenetic tree of green microalgal genus *Bracteacoccus* constructed by maximal likelihood method (ML) for ITS2 sequence data.

Note. Node support of the tree is given as ML bootstrap values; values < 70% are not shown. Model of nucleotide changes is GTR+G. ACSSI strains were marked in bold, authentic strains were marked by asterisk.