



Филогенетическая дендрограмма, построенная на основе анализа последовательности участка 5'-нетранслируемой области (5'-UTR) генома у возбудителей вирусной диареи (болезни слизистых оболочек) крупного рогатого скота BVDV-1 и BVDV-2, выявленных в хозяйствах Сибири (2006-2017 годы). Выравнивание последовательностей методом ClustalW. Топология дерева восстановлена методом Neighbor-Joining. Матрица генетических расстояний рассчитана с применением метода минимальной эволюции. Внешняя группа — последовательности вируса BVDV-3. Около каждого узла дендрограммы указана бутстреп-поддержка. Исследованные изоляты выделены подчеркиванием. Для референтных штаммов указано название и номер в базе данных GenBank (NCBI).