

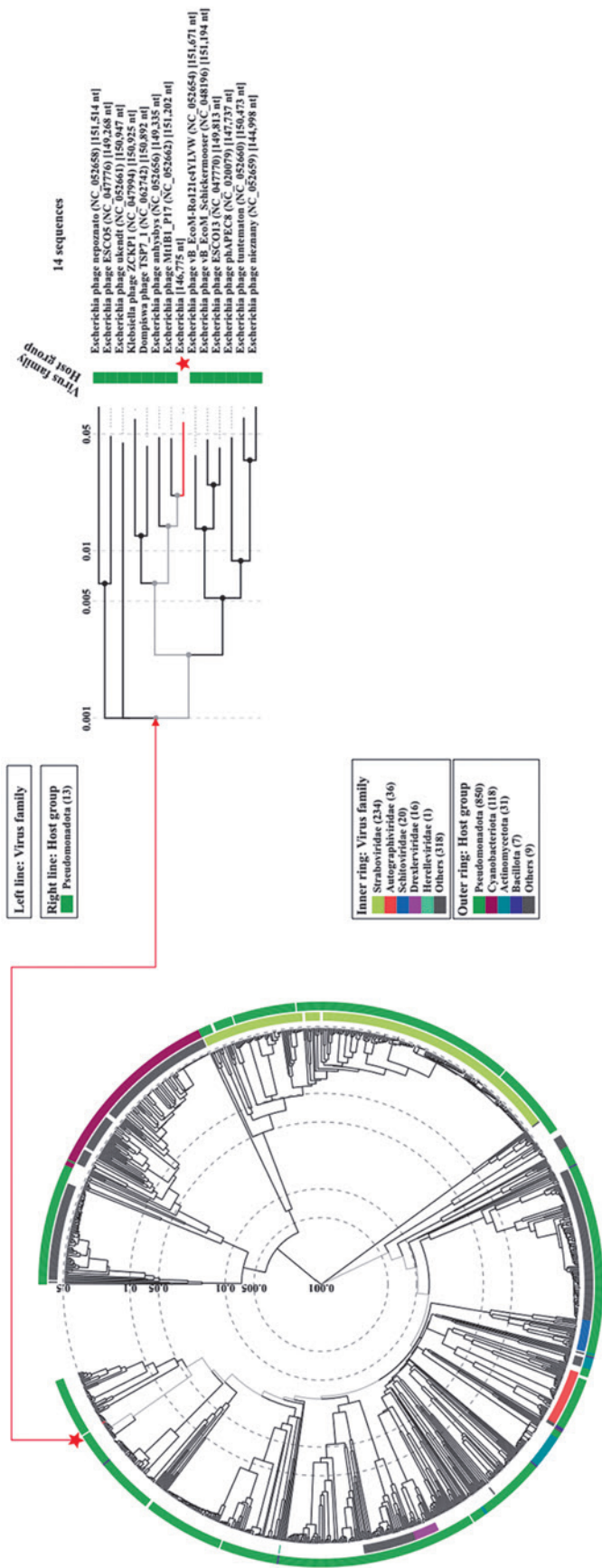


Рис. 2. Протеомное дерево, построенное на основе полных геномных последовательностей близкородственных фагов с помощью программы Vriptree.

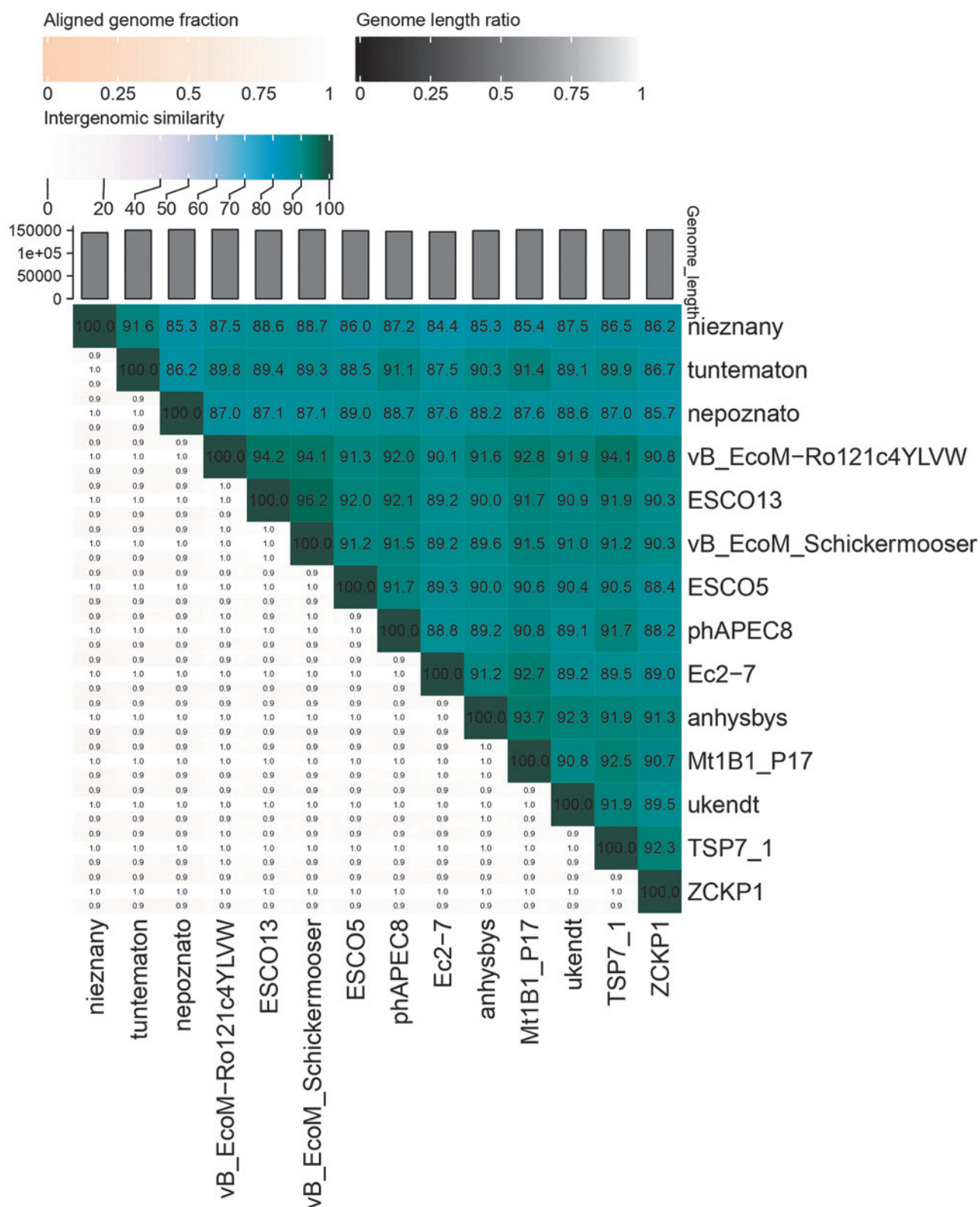


Рис. 3. Тепловая карта межгеномных сходств и индикаторы выравнивания близкородственных фагов из базы данных NCBI.