

КАЗАНСКИЙ (ПРИВОЖСКИЙ) ФЕДЕРАЛЬНЫЙ УНИВЕРСИТЕТ

Институт фундаментальной медицины и биологии

А.Э. СВЕРДРУП, Л.Л. ФРОЛОВА

**ПРОГРАММА MEGA12 ДЛЯ ПОСТРОЕНИЯ И АНАЛИЗА
МОЛЕКУЛЯРНО-ФИЛОГЕНЕТИЧЕСКИХ ДЕРЕВЬЕВ**

Учебно-методическое пособие по дисциплине

Б1.В.ДВ.01.01 Молекулярная филогенетика

06.04.01 Биология (Генетика и генетические технологии)

КАЗАНЬ

2026

УДК 577.2

ББК 28с51

С24

*Печатается по рекомендации УМК
кафедры генетики ИФМиБ КФУ
(протокол № 5 от 29.01.2026 г.)*

Рецензенты:

к.б.н., доцент Ткачев С.Е.
кафедра генетики ИФМиБ

Свердруп А.Э., Фролова Л.Л.

С24 Программа MEGA12 для построения и анализа молекулярно-филогенетических деревьев: учебно-методическое пособие / А.Э.Свердруп, Л.Л.Фролова // Казанский федеральный университет, 2026. – 42 с.

В учебно-методическом пособии приведены основные возможности программы MEGA12 для построения и анализа молекулярно-филогенетических деревьев с использованием методов построения UPGMA, NJ и MP и Bootstrap-анализа. Рекомендовано для изучения дисциплины: Б1.В.ДВ.01.01 «Молекулярная филогенетика» по направлению подготовки 06.04.01 Биология (Генетика и генетические технологии), а также при подготовке курсовой работы, научно-исследовательской работы и выпускной квалификационной работы медицинских и биологических направлений.

УДК 577.2

ББК 28с51

© Свердруп А.Э., Фролова Л.Л.

© ФГАОУ ВО КФУ, 2026

Содержание

1. Введение	4
2. Этапы построения и анализа молекулярно-филогенетических деревьев	5
2.1 Создание выборки первичных последовательностей.....	5
2.2 Множественное выравнивание нуклеотидных последовательностей в программе MEGA12	7
2.3 Выбор эволюционной модели.....	11
2.4 Выбор метода построения филогенетического дерева.....	13
2.5 Построение филогенетического дерева в программе MEGA12 с вычислением bootstrap-значений	19
2.6 Интерпретация филогенетического дерева и оценка достоверности	27
3. Заключение.....	30
4. Список источников.....	30
Приложение 1.	31

1. Введение

Филогенетическое дерево (эволюционное дерево, дендрограмма) – схема, отражающая эволюционные взаимосвязи между различными видами, имеющими общего предка (ru.wikipedia.org/wiki/Филогенетическое_дерево).

Филогенетическое дерево состоит из ветвей, узлов, листьев и корня:

- **листья** – это конечные вершины ветвей; каждый лист отображает некоторый вид или иной объект, подверженный эволюции, например, домен белка или нуклеотидная последовательность гена;

- **ветви** соединяют между собой листья и узлы и отображают гипотетический ход эволюции. В зависимости от информации, кодируемой длинами ветвей, филогенетические деревья делятся на **кладограммы**, не использующие длины ветвей; **филограммы**, отображающие эволюционные дистанции и **хронограммы**, длины ветвей в которых представляют эволюционное время;

- **узлы** отображают эволюционное событие: разделение предкового вида на два или более, которые в дальнейшем эволюционировали независимо. Случай, когда из узла отходит более двух ветвей, называется политомией (polytomy);

- **корень** отображает общего предка всех рассматриваемых объектов.

Филогенетические деревья делятся на неукорененные и укорененные: **неукорененное** дерево не содержит корня и отражает только взаимосвязь листьев без рассмотрения предполагаемого положения общего предка; **укорененное** дерево – дерево, содержащее выделенную вершину – корень. На укорененном дереве существует ориентация от корня к листьям, которая указывает предполагаемое направление эволюции – каждый узел укорененного дерева отвечает последнему общему предку нижележащих листьев.

Для построения и анализа молекулярно-филогенетических деревьев существуют специализированные программные пакеты, одним из которых является MEGA12 (www.megasoftware.com). MEGA12 – бесплатная программа, наиболее часто используемая в филогенетических исследованиях.

2. Этапы построения и анализа молекулярно-филогенетических деревьев

Молекулярно-филогенетический анализ может проводиться как по нуклеотидным, так и по аминокислотным последовательностям.

Построение филогенетического дерева включает следующие этапы:

1. Создание выборки первичных последовательностей ДНК/РНК или белков;
2. Множественное выравнивание первичных последовательностей;
3. Выбор эволюционной модели;
4. Выбор метода построения филогенетического дерева;
5. Построение филогенетического дерева и вычисление bootstrap-значений;
6. Интерпретация филогенетического дерева и оценка достоверности (bootstrap).

2.1 Создание выборки первичных последовательностей

В данной работе рассмотрим построение и анализ филогенетических деревьев на примере нуклеотидных последовательностей гена *rbcL* *Euglena viridis* с целью выявления близкородственных организмов.

На сайте NCBI (<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/>) в базе данных нуклеотидных последовательностей GenBank (Nucleotide) в поисковую строку вводим *rbcL* *Euglena viridis*, и сохраняем нуклеотидную последовательность длиной 1310 пар оснований в формате FASTA:

```
>U21010.1 Euglena viridis ribulose 1,5-bisphosphate carboxylase/oxygenase
large subunit (rbcL) mRNA, chloroplast gene encoding chloroplast protein,
partial cds
ACTACCGTCTTACGTACTATACGCCTGACTATCAAGTTGCTGAAACTGACATTTTAGCAGCTTTCGGTAT
GACACSTCAACCAGGTGTTCCCTGCTGAAGAGTGTGGAGCCGCTGTAGCTGCTGAATCTAGTACAGGTA
TGGACAACSTGTTTGGACTGATGGASTAACACAATTAGATAAATACAAAGGTCGTTGTTATGACTTAGAAC
CTGTTCCAGGTGAAAGCAATCAATATATTGCTTATGTTGCTTATCCSTATTGATTTATTTGAAGAAGGTT
AGTAACGAATCTTTAACTAGTATTGTAGGAAACGTTTTTGGTTTTAAAGCTTTACGTTCTTTACGTTTA
GAAGATTTACGTATTCCGCCAGCTTATGCTAAAACSTTTTTGGGGTCCCTCCACATGGTATTCAAGTAGAAA
GAGATAAACTTAATAAATATGGACGCCCCGTTTTAGGTTGTACAATCAAACSTAAATTAGGCTTATCTGC
TAAATATTATGGTAGAGCTGTTTATGAGTGTTTACGCGGTGGTTTTAGATTTTACAAAAGATGATGAAAAT
GTAAATTCASAAGCATTTATGAGATGGAGAGATCGTTTCTTATTTTGTGCAGAAGCAATTTATAAAGCAC
AATCAGAAACSTGGTGAAGTTAAGGGTCAATTATTTAAATGCTACAGGAGGTAAGTGTGAGGAAATGTATAA
ACGTGСТААТТATGCCGCACAGATTGGTGTTCСААТТATCATGCACGATTATATCACAGGCGGTTTTACT
GCAAACASTTCTTTATCTATGTTCTGTCTGATAAATGGTTTTGTTACTTTCATATTCACCGTGCAATGCATG
CTGTTATCGATCGTCAAAGAAATCATGGAATTCATTTCCGTGTTCTTGCAAAAACSTTTCGTATGTCGGG
TGTTGATCATTTGCATTCAGGAACSTGTTGTTGGTAAATTAGAAGGTGAACGTGAAGTTACTTTAGGTTTT
GTAGATCTTATGCGTGATCCTTATATTGAAAAAGATCGTTCTAGAGGTATTTATTTTACTCAAGACTGGT
GTGGTATGGGTGGAGTAATGCCTGTTGCATCCGGAGGTATTCATGTATGGCATAATGCCAGCTCTTACTGA
AATCTTTGGTGATGATGCTTGTTTACAATTTGGCGGTGGTACACTGGGGCATCCTTGGGGGAACGCTCCT
GGAGCGGTAGCAAACAGAGTAGCGTCAGAAGCTTGTGTACAGGCTAGAAATGAAGGACGTGATTTGTCTC
GTGAAGGTGGGGATGTTATTCGTGAGGCTTGTAAAGTGGAGTCCAGAACST
```

Используя web-сервис BLAST (<https://blast.ncbi.nlm.nih.gov/Blast.cgi>), создаем выборку из нуклеотидных последовательностей, гомологичных *rbcL Euglena viridis* с идентичностью 80%-90%, исключая слишком длинные последовательности (например, полногеномные – complete genome) и слишком короткие последовательности (меньше 50% от длины исходной нуклеотидной последовательности), а также организмы, не идентифицированные до вида (sp., spp.). В результате получаем выборку нуклеотидных последовательностей гена *rbcL* 30 организмов, которую сохраняем (Download) в файл (*.fas) в формате FASTA с уникальными номерами (табл. 1). Полная выборка нуклеотидных последовательностей, гомологичных *rbcL Euglena viridis*, представлена в Приложении 1.

Таблица 1. Выборка нуклеотидных последовательностей гена *rbcL*

Уникальный номер в БД GenBank и название вида	Уникальный номер в БД GenBank и название вида
U21010.1 <i>Euglena viridis</i>	AF157390.1 <i>Lepocinclis ovata</i>
U21007.1 <i>Euglena myxocylindracea</i>	OP265104.1 <i>Ulva capillata</i>
U21006.1 <i>Euglena mutabilis</i>	AJ001885.1 <i>Dysmorphococcus globosus</i>
U21005.1 <i>Euglena geniculata</i>	KY283834.1 <i>Oocystis lacustris</i>
U21004.1 <i>Euglena anabaena</i>	AF189063.1 <i>Prasiola fluviatilis</i>
U21009.1 <i>Euglena stellata</i>	AF189065.1 <i>Prasiola linearis</i>
U21008.1 <i>Euglena pisciformis</i>	JN102134.1 <i>Jaoa prasina</i>
AF499674.1 <i>Percursaria percursa</i>	AY035984.1 <i>Lepocinclis ovum</i>
AB097614.1 <i>Umbraulva amamiensis</i>	EU484407.1 <i>Umbraulva olivascens</i>
AB097612.1 <i>Umbraulva japonica</i>	KP233768.1 <i>Ulva pertusa</i>
OR114681.1 <i>Ulvella burmanica</i>	OP265107.1 <i>Ulva capillata</i>
KC767960.1 <i>Jaoa bullata</i>	MZ902950.1 <i>Ulva siganiphyllia</i>
KY283837.1 <i>Oocystis borgei</i>	EU484405.1 <i>Umbraulva olivascens</i>
JQ963236.1 <i>Ulva prolifera</i>	OQ687104.1 <i>Ulva chaugulii</i>
FJ715715.1 <i>Acrochaete repens</i>	AF189068.1 <i>Pleurastrum erumpens</i>

2.2 Множественное выравнивание нуклеотидных последовательностей в программе MEGA12

Множественное выравнивание нуклеотидных последовательностей гена *rbcL* (табл. 1) в программе MEGA – ALIGN – Edit/Build Alignment – Retrieve Sequences From a File приведено на рис. 1-5. На рис. 4 приведены результаты множественного выравнивания нуклеотидных последовательностей *rbcL* в программе MEGA – Alignment – Align by ClustalW. После выравнивания последовательностей необходимо провести обрезку в начале и в конце выравнивания (рис.5). Для сохранения выравнивания в формате FASTA выберите **Export Alignment** в меню **File** (рис.6).

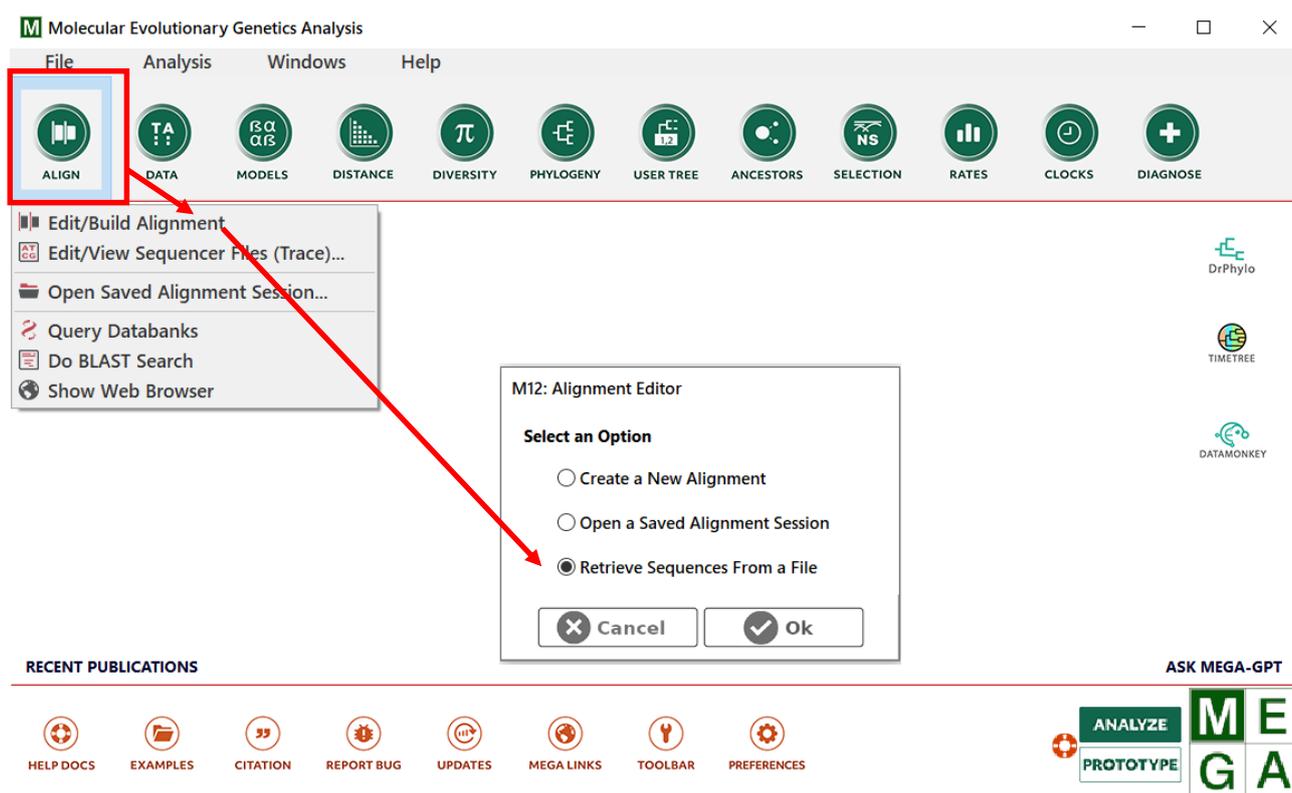


Рис. 1. Загрузка файла с нуклеотидными последовательностями в формате FASTA для множественного выравнивания

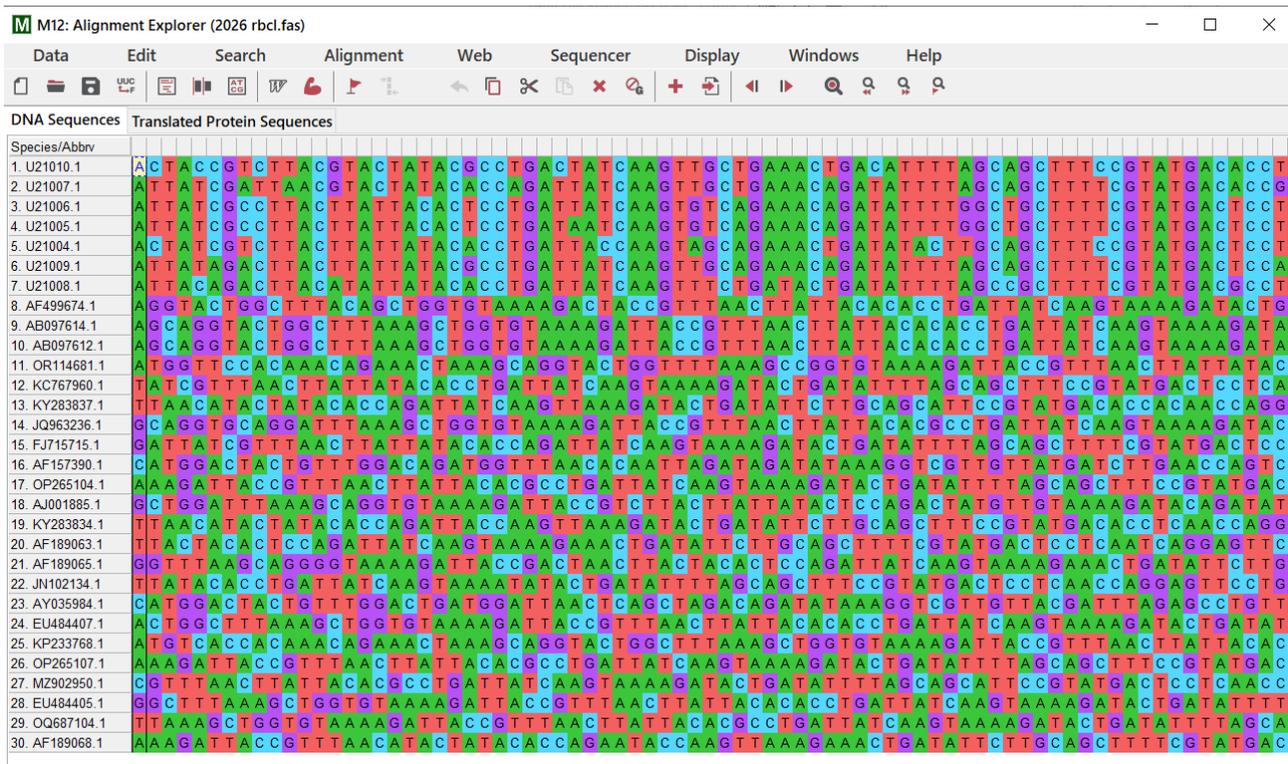


Рис. 2. Нуклеотидные последовательности *rbcL* до выравнивания в программе MEGA

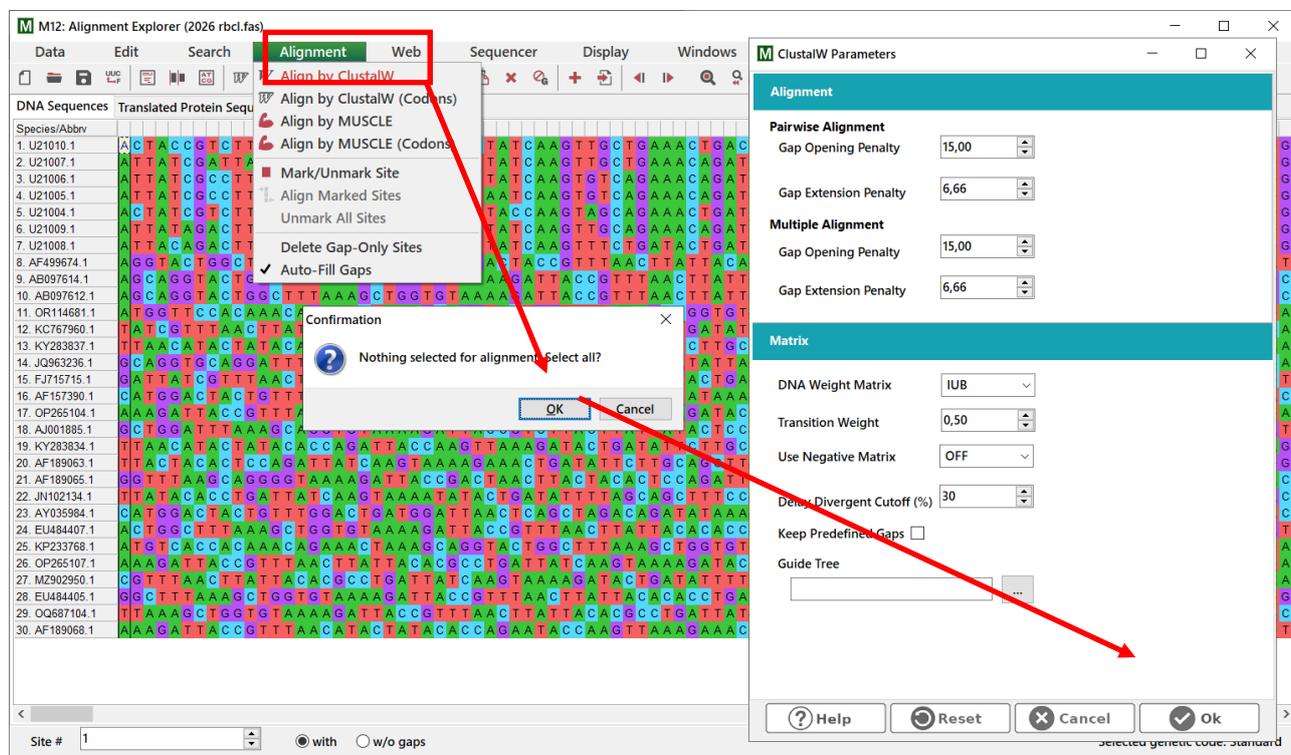


Рис. 3. Запуск выравнивания нуклеотидных последовательностей *rbcL* с помощью ClustalW в программе MEGA

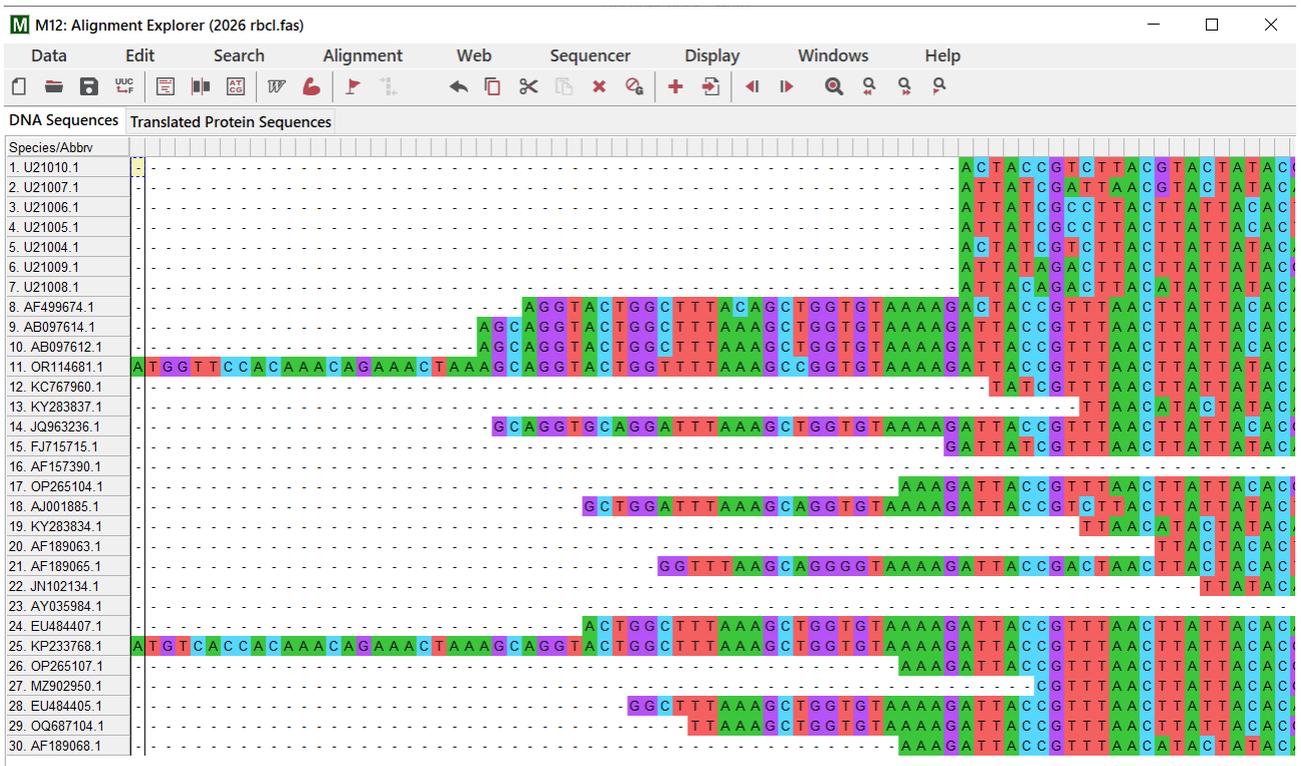


Рис. 4. Нуклеотидные последовательности *rbcL* после выравнивания ClustalW в программе MEGA

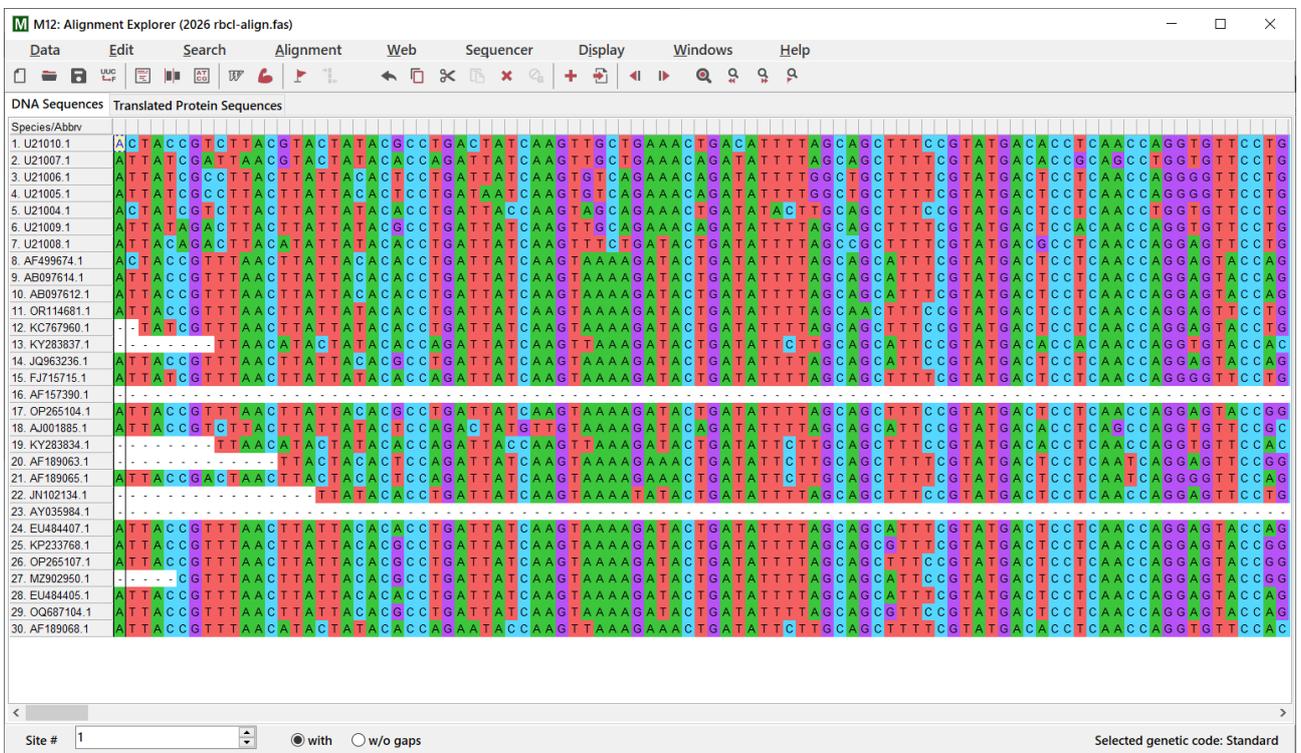


Рис. 5. Нуклеотидные последовательности *rbcL* после обрезки в начале выравнивания

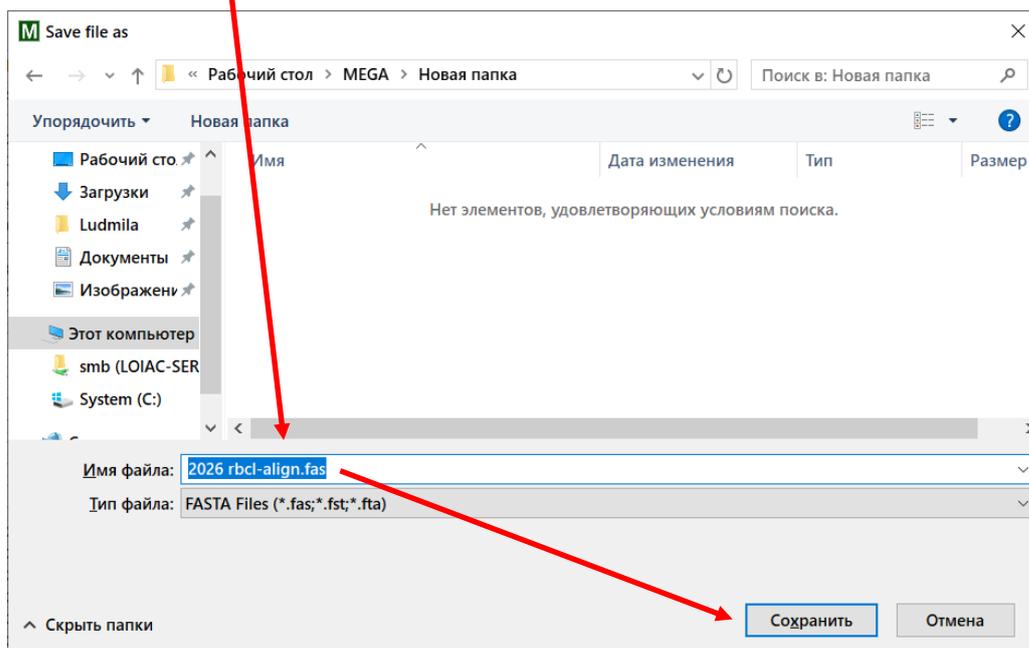
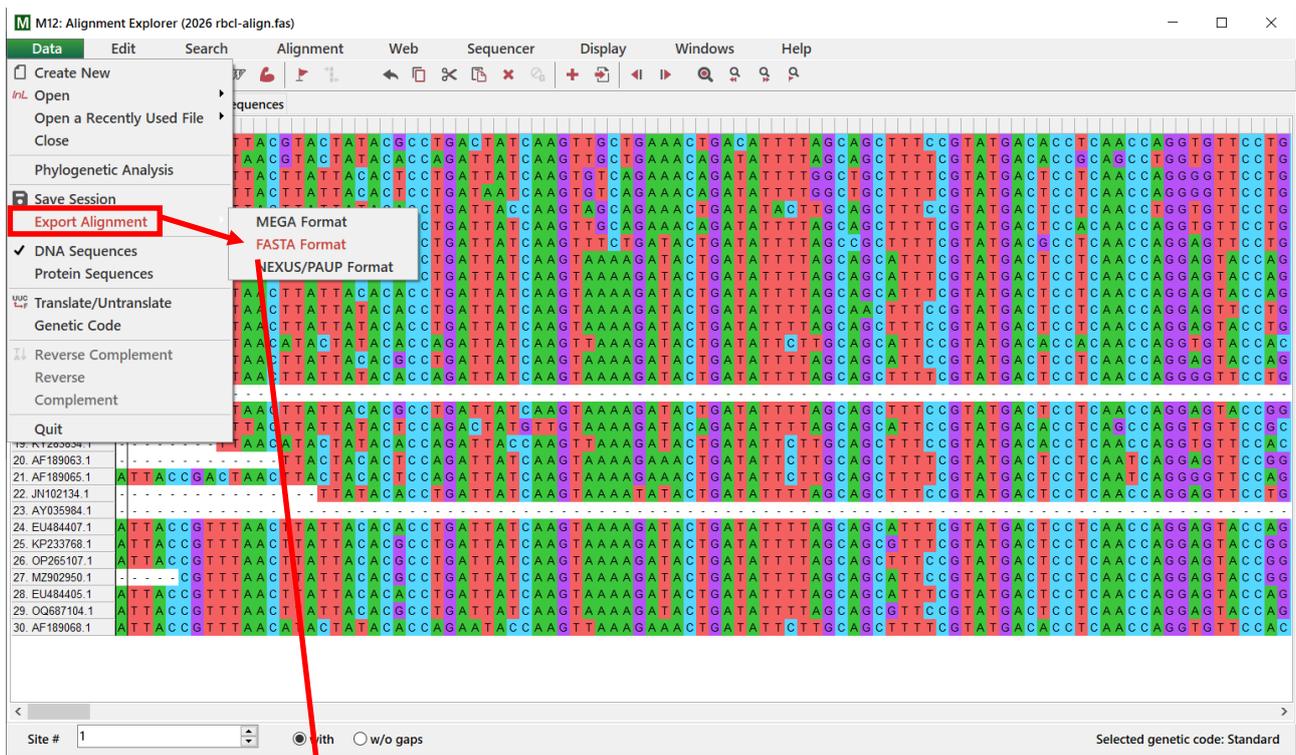


Рис. 6. Сохранение выравнивания последовательностей в формате FASTA

2.3 Выбор эволюционной модели

После выравнивания нуклеотидных (аминокислотных) последовательностей первым этапом их эволюционного анализа является определение генетических, или эволюционных, дистанций между ними. Эволюционная дистанция между последовательностями измеряется их различиями, числом и качеством нуклеотидных замен или аминокислотных замещений. Чем меньше эволюционные дистанции между двумя последовательностями, тем они более родственные друг другу.

Различные эволюционные модели, в которых рассматривается эволюция нуклеотидной последовательности, учитывают множественные замены в одной позиции, а различия между моделями заключаются в том, что они исходят из различных частот и вероятностей разных замен (Лукашов, 2009).

В таблицах 2-5 приведены частоты замен нуклеотидов в простых эволюционных моделях.

Таблица 2. Частоты замен нуклеотидов в Модели Джукса-Кантора

Нуклеотид до замены	Нуклеотид после замены (α – частота замен)			
	A	T	C	G
A	-	α	α	α
T	α	-	α	α
C	α	α	-	α
G	α	α	α	-

Таблица 3. Частоты замен нуклеотидов в Модели Кимура

Нуклеотид до замены	Нуклеотид после замены (α – частота транзиций, β – частота трансверсий)			
	A	T	C	G
A	-	β	β	α
T	β	-	α	β
C	β	α	-	β
G	α	β	β	-

Таблица 4. Частоты замен нуклеотидов в Модели Таджимы-Неи

Нуклеотид до замены	Нуклеотид после замены ($\alpha, \beta, \gamma, \delta$ – частоты замен на каждый конкретный тип нуклеотида)			
	A	T	C	G
A	-	β	γ	δ
T	α	-	γ	δ
C	α	β	-	δ
G	α	β	γ	-

Таблица 5. Частоты замен нуклеотидов в Модели Тамуры

Нуклеотид до замены	Нуклеотид после замены (α – частоты транзиций, β – частоты трансверсий, Θ – GC-содержание)			
	A	T	C	G
A	-	$(1 - \Theta) \beta$	$\Theta \beta$	$\Theta \beta$
T	$(1 - \Theta) \beta$	-	$\Theta \alpha$	$\Theta \beta$
C	$(1 - \Theta) \beta$	$(1 - \Theta) \alpha$	-	$\Theta \alpha$
G	$(1 - \Theta) \alpha$	$(1 - \Theta) \beta$	$\Theta \beta$	-

В настоящее время используются более сложные эволюционные модели, в которых учитывается и возможное влияние содержания каждого из четырех нуклеотидов на частоту транзиций и трансверсий – Модель Хазегавы с соавторами, и возможность неодинаковой частоты транзиций для пуринов и пиримидинов – Модель Тамуры-Неи.

2.4 Выбор метода построения филогенетического дерева

Методы построения филогенетических деревьев делятся на две группы – *дистанционные методы* (или матричные), основанные на анализе генетических дистанций (UPGMA, Neighbor joining, Minimum evolution) и *методы анализа дискретных признаков* (Maximum Parsimony, Метод максимального правдоподобия, Байесовский метод) (Лукашов, 2009). Для более точного анализа филогенетических деревьев используют дистанционные и дискретные методы.

Метод UPGMA (Unweighted Pair Group Method with Arithmetic mean) – метод попарного внутригруппового невзвешенного среднего – самый простой *дистанционный метод* построения филогенетических деревьев. Необходимым условием использования метода является постоянная скорость эволюции исследуемых нуклеотидных последовательностей (гипотеза молекулярных часов). При неравномерной скорости эволюции последовательностей, т.е. несоответствие модели молекулярных часов, метод UPGMA может приводить к ошибкам в топологии дерева.

Метод UPGMA достаточно прост, чтобы проводить построение даже вручную. Ниже приведен пример построения филогенетического дерева по методу UPGMA для пяти последовательностей:

```
>A ATTTCGTGAGAATGCTATCCGCGAGAATGCC
>B ATTTCGTGAGAATGCTATCCGCGAGAATGCT
>C ATCAGAGAGAATGCTATCCGCGAGAATGCT
>D ATCAGGGAGAATGCAATCCGCGAAAATGCA
>E ATCCGGGAAAATGCGATTTCGCGAGAACGCA
```

Для большей наглядности выделим лишь отличия в последовательностях

В-Е от последовательности А:

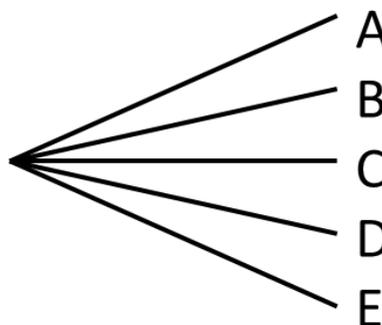
```
>A ATTTCGTGAGAATGCTATCCGCGAGAATGCC
>B -----T
>C --CA-A-----T
>D --CA-G-----A-----A-----A
>E --C--G--A-----G--T-----C--A
```

В начале построения филогенетическое дерево представляет собой один максимально политомический узел.

Рассчитаем матрицу эволюционных дистанций. Для простоты используем в качестве метрики количество несовпадений между последовательностями (табл.6).

Таблица 6. Матрица попарных эволюционных дистанций

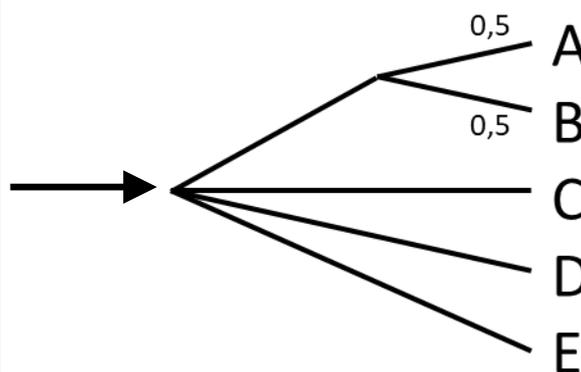
	A	B	C	D	E
A	-	1	4	6	7
B		-	3	6	7
C			-	4	6
D				-	6
E					-



Для построения дерева методом UPGMA достаточно вычислить значения эволюционных дистанций выше диагонали, так как остальные значения совпадают с ними (очевидно, что эволюционная дистанция между последовательностями B и A – это эволюционная дистанция между последовательностями A и B).

Таблица 7. Матрица эволюционных дистанций после первого этапа

	A	B	C	D	E
A	-	1	4	6	7
B		-	3	6	7
C			-	4	6
D				-	6
E					-



Первым этапом построения дерева является определение пары последовательностей с наименьшей эволюционной дистанцией. В рассматриваемом примере (табл.7) такой парой является (A, B) с эволюционной дистанцией 1. Данные последовательности отделяем от исходного узла в новый узел – композитную последовательность AB, обладающую эволюционной

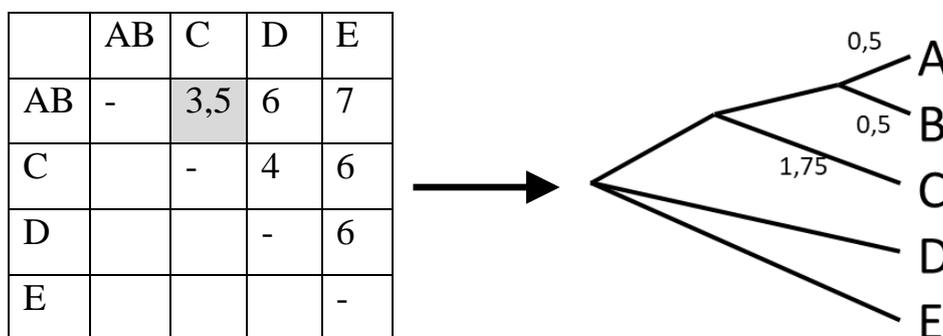
дистанцией (длинами ветвей) от исходных последовательностей А и В равной половине их эволюционной дистанции, т.е. 0,5.

Далее вновь вычисляем матрицу эволюционных дистанций для оставшихся последовательностей и композитной последовательностью АВ. Эволюционная дистанция (ЭД) между композитной последовательностью и другой последовательностью равна среднему арифметическому эволюционных дистанций каждой последовательности в составе композитной последовательности и другой последовательностью, т.е.:

$$\text{ЭД}(AB, C) = \frac{\text{ЭД}(A, C) + \text{ЭД}(B, C)}{2}$$

Таким образом рассчитываем новую матрицу эволюционных дистанций (табл.8), выбираем пару с наименьшей эволюционной дистанцией (АВ, С) и отсоединяем их в новый узел по вышеописанному алгоритму.

Таблица 8. Матрица эволюционных дистанций после второго этапа

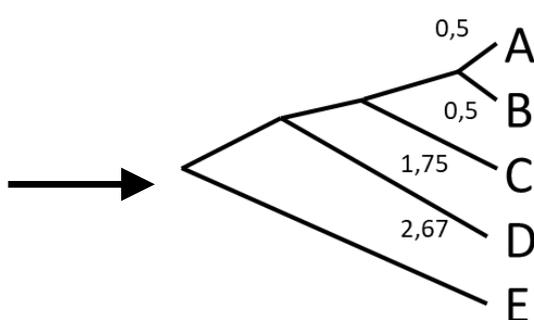


Далее аналогичным образом повторяем вычисления и построение до отсоединения всех оставшихся последовательностей от изначального политомического узла (табл. 9-10).

$$\text{ЭД}(ABC, D) = \frac{\text{ЭД}(A, D) + \text{ЭД}(B, D) + \text{ЭД}(C, D)}{3}$$

Таблица 9. Матрица эволюционных дистанций после третьего этапа

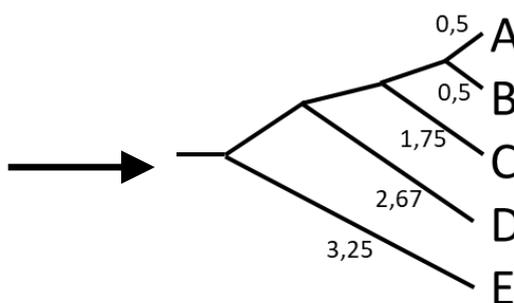
	ABC	D	E
ABC	-	5,33	6,67
D		-	6
E			-



$$\text{ЭД}(ABCD, E) = \frac{\text{ЭД}(A, E) + \text{ЭД}(B, E) + \text{ЭД}(C, E) + \text{ЭД}(D, E)}{4}$$

Таблица 10. Матрица эволюционных дистанций после четвертого этапа

	ABCD	E
ABCD	-	6,5
E		-



На рис.7 представлено дерево, построенные методом UPGMA, в виде филограммы с вычисленными длинами ветвей. Для сравнения на рис.8 представлено это же дерево, построенное в программе MEGA12.

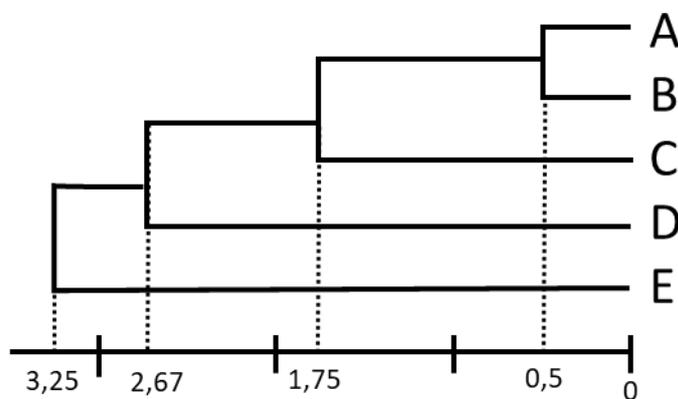


Рис. 7. Филогенетическое дерево, построенное методом UPGMA

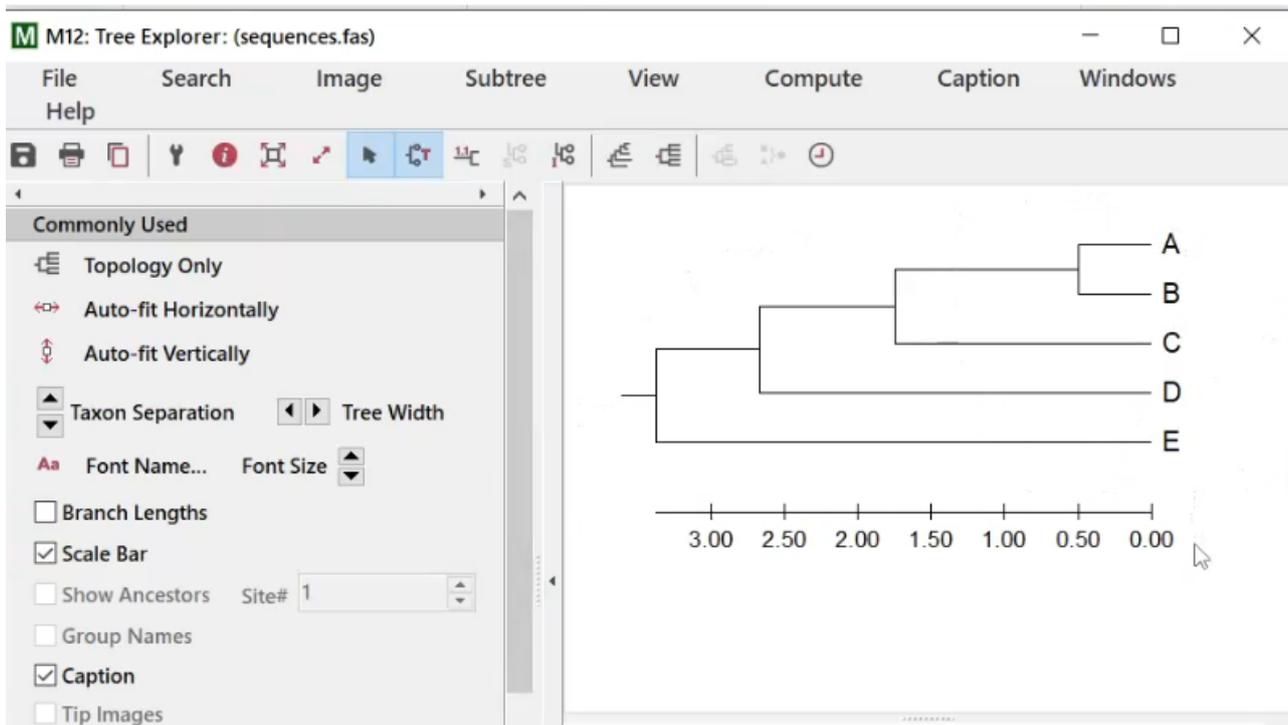


Рис. 8. Филогенетическое дерево, построенное методом UPGMA в программе MEGA12

Метод Neighbor joining (метод присоединения ближайшего соседа) является наиболее распространенным дистанционным методом построения деревьев – это быстрый метод, подходящий для анализа больших объёмов данных (сотни или тысячи таксонов) и для bootstrap-анализа ввиду своей относительной вычислительной простоты (по сравнению с другими методами, например, максимальной экономии или максимального правдоподобия, для которых вычислительная сложность быстро возрастает с увеличением количества входных данных) (https://ru.wikipedia.org/wiki/Метод_присоединения_соседей).

Принципиальное отличие *метода Neighbor joining* от UPGMA заключается в учете всех длин ветвей при объединении последовательностей:

– в методе UPGMA в кластер объединяются две последовательности, имеющие наименьшую дистанцию между собой, т.е. выбирается *одна* самая короткая ветвь, независимо от длин остальных ветвей дерева;

– в методе *Neighbor joining* в кластер объединяются последовательности, дающие наименьшую сумму *всех* ветвей дерева, при этом длины ветвей, выходящих из одного узла, могут быть и не равны между собой (в отличии от UPGMA), что является преимуществом метода *Neighbor Joining*: он не предполагает, что все поколения эволюционируют с одинаковой скоростью (гипотеза молекулярных часов).

Метод Maximum Parsimony (метод максимальной экономии) направлен на поиск филогенетического дерева, требующего наименьшего числа эволюционных изменений (нуклеотидных замен, аминокислотных замещений) для объяснения наблюдаемых между анализируемыми последовательностями различий.

В основе этого метода лежит анализ нуклеотидов или аминокислот, находящихся в филогенетически информативных позициях последовательностей – таких позициях выравнивания, в которых представлено как два или более варианта (различных нуклеотида или аминокислот) последовательности и как минимум два таких варианта присутствуют у двух или более последовательностей в составе множественного выравнивания.

Поиск максимально экономного дерева заключается в необходимости идентифицировать все информационные позиции, рассчитать минимальное необходимое число замен в каждой информационной позиции и просуммировать их по всем позициям для каждого возможного дерева и выбрать то дерево, для которого эта сумма минимальна.

При построении филогенетического дерева методом максимальной экономии длины его ветвей будут пропорциональны минимально необходимому числу замен при переходе от одного узла к другому.

Два последних метода построения филогенетических деревьев (*Neighbor joining* и *Maximum Parsimony*) наиболее часто используются в эволюционном анализе и реализованы в программе MEGA12.

2.5 Построение филогенетического дерева в программе MEGA12 с вычислением bootstrap-значений

Построим филогенетические деревья двумя методами – дистанционным методом *Neighbor joining* и дискретным методом *Maximum Parsimony*.

Построение деревьев с использованием дистанционного метода Neighbor joining и бутстреп-анализом

Программа MEGA12 – PHYLOGENY – Construct/Test Neighbor Joining Tree. Выбираем эволюционную модель (**Substitution model**) Джукса-Кантора и **Test of phylogeny – Bootstrap method, Bootstrap replications – 100** (рис.9-10).

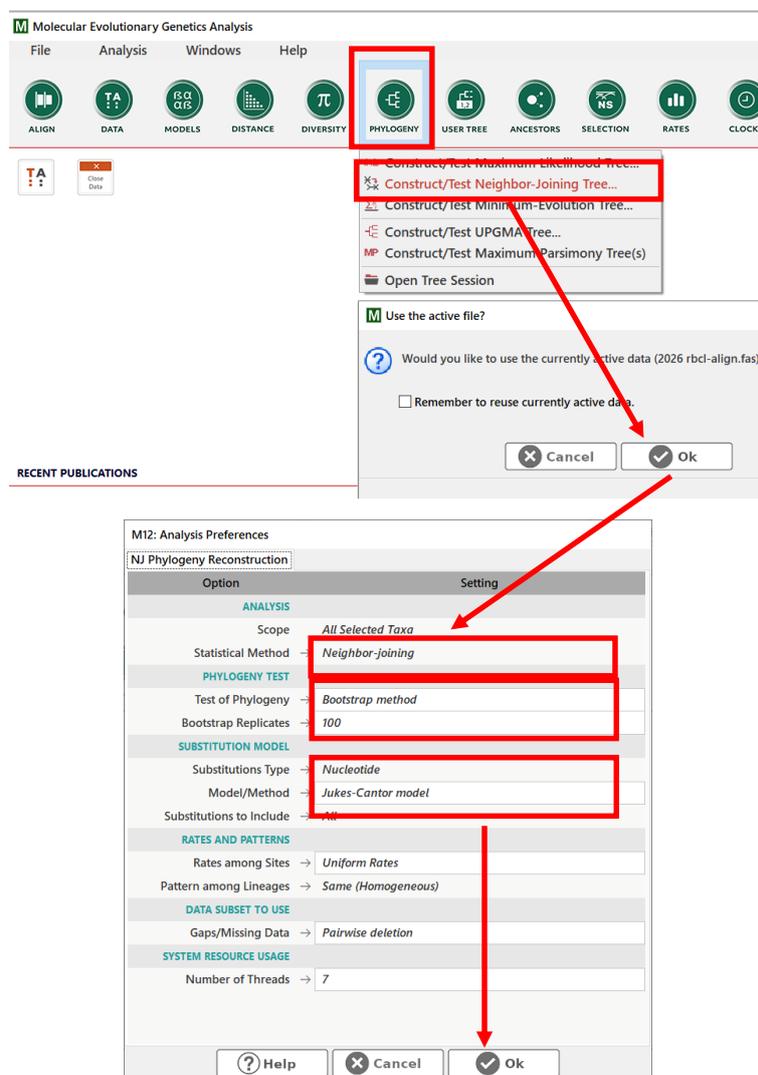


Рис. 9. Запуск программы MEGA12 для построения дерева методом *Neighbor Joining*

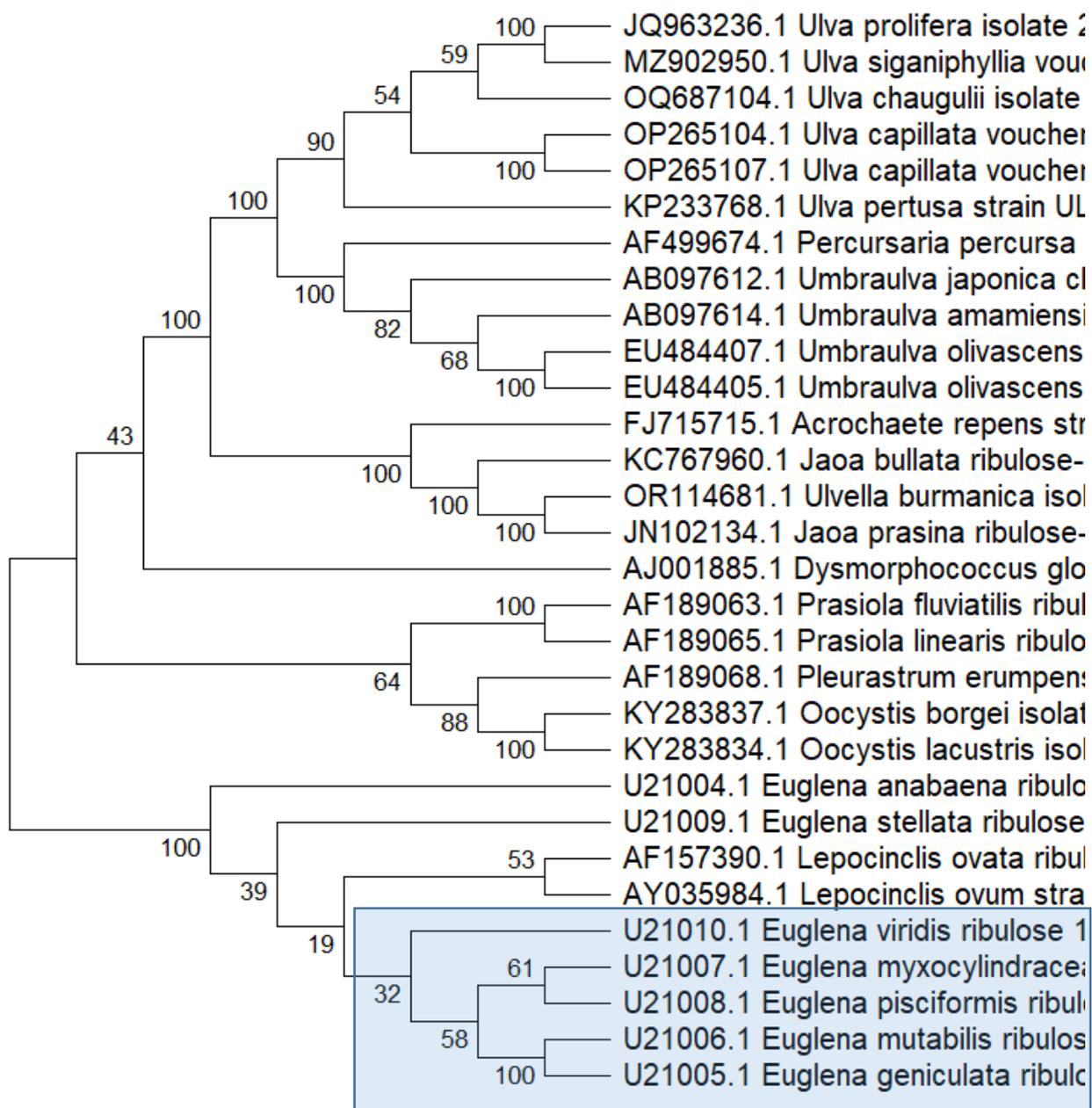


Рис. 10. Филогенетическое дерево, построенное методом *Neighbor joining* с использованием модели Джукса-Кантора (Jukes-Cantor)

Для сравнения построим филогенетические деревья с использованием различных эволюционных моделей. Заменяем эволюционную модель (**Substitution Model**) на модель Кимуры и построим новое дерево (рис. 11), затем — на модель Таджимы-Неи (рис. 12), модель Тамуры (рис. 13), модель Тамуры-Неи (рис.14).

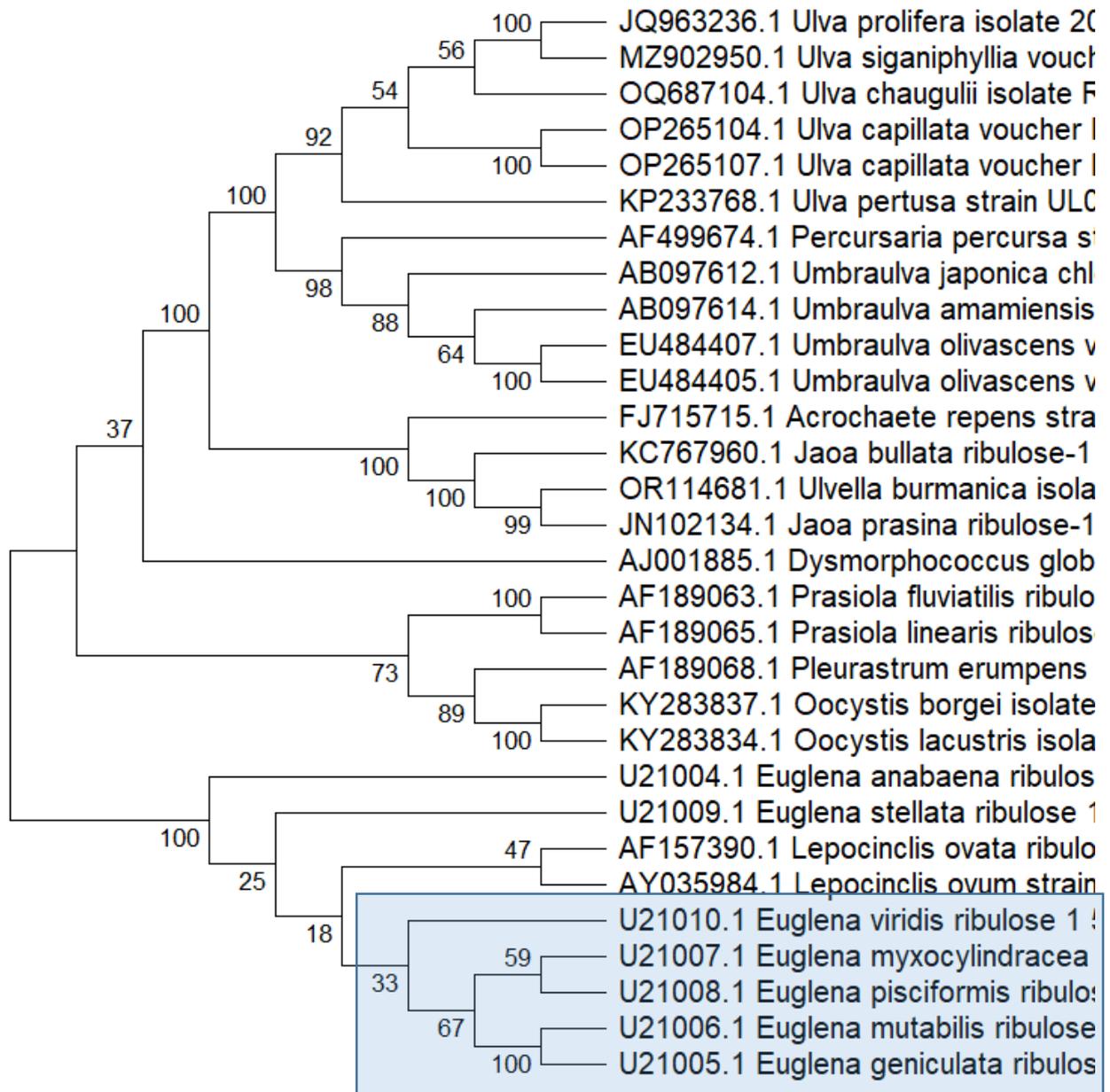


Рис. 11. Филогенетическое дерево, построенное методом *Neighbor joining* с использованием модели Кимуры (Kimura)

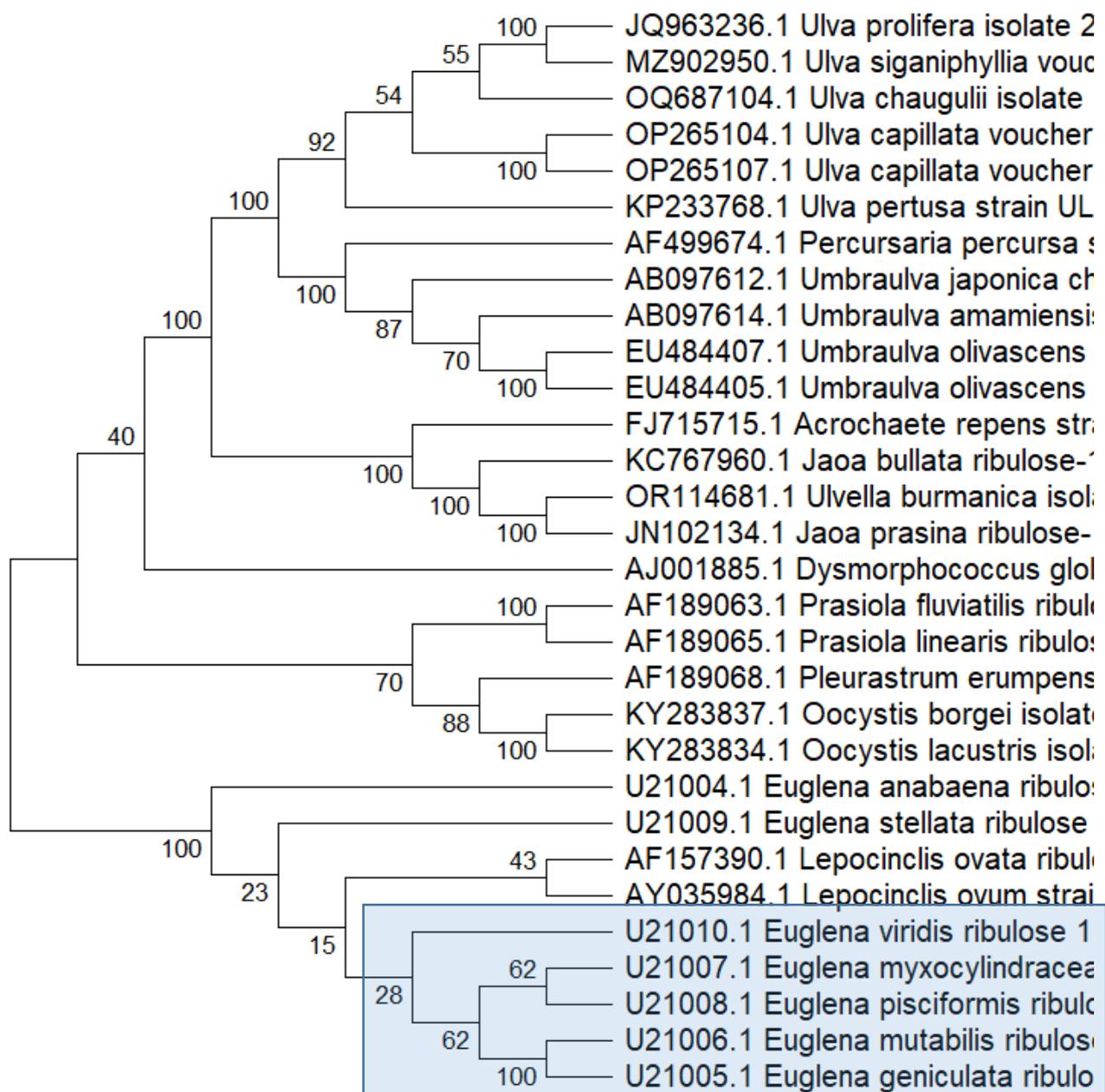


Рис.12. Филогенетическое дерево, построенное методом *Neighbor joining* с использованием модели Таджимы-Неи (Tajima-Nei)

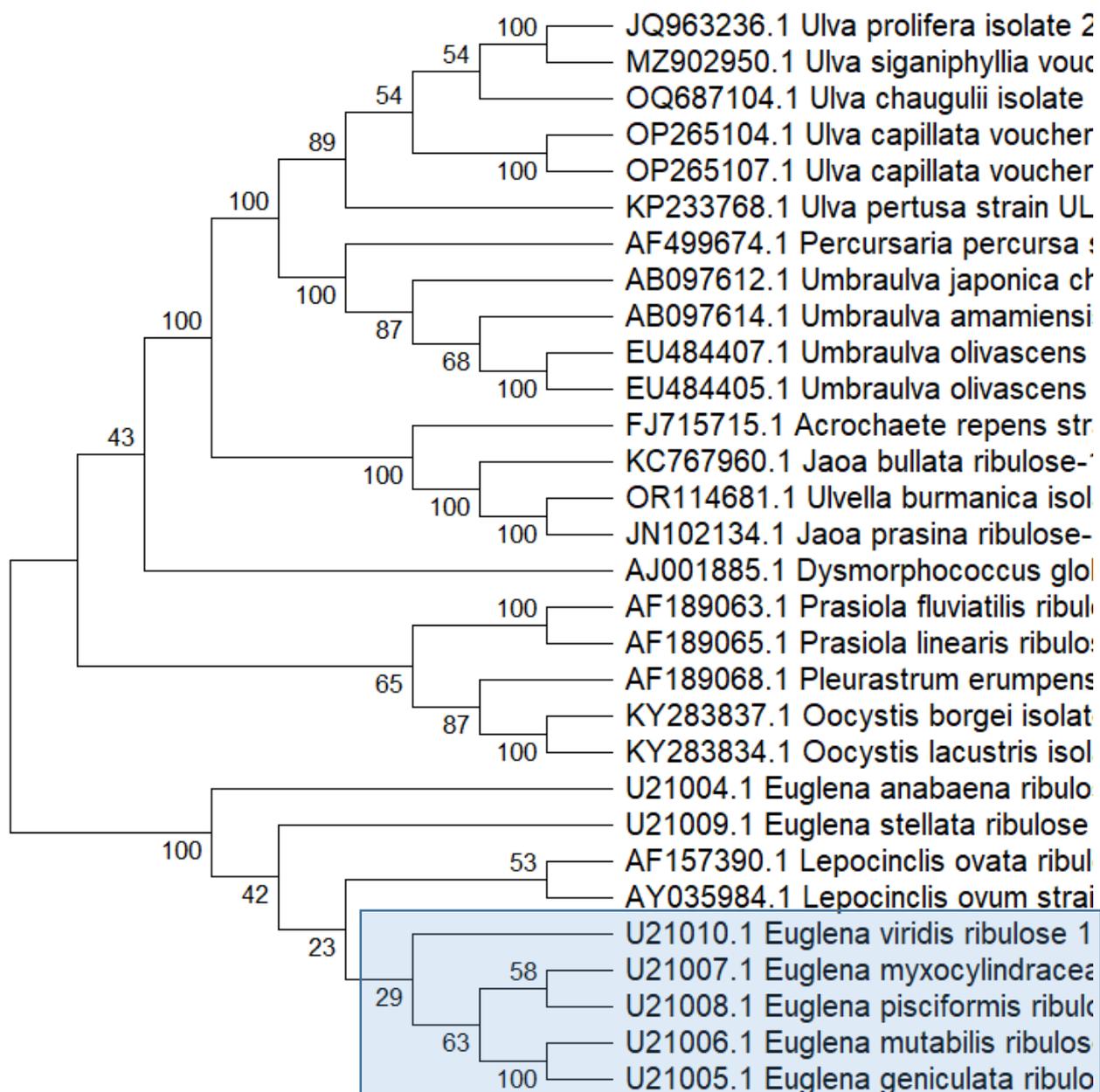


Рис.13. Филогенетическое дерево, построенное методом *Neighbor joining* с использованием модели Тамуры (Tamura)

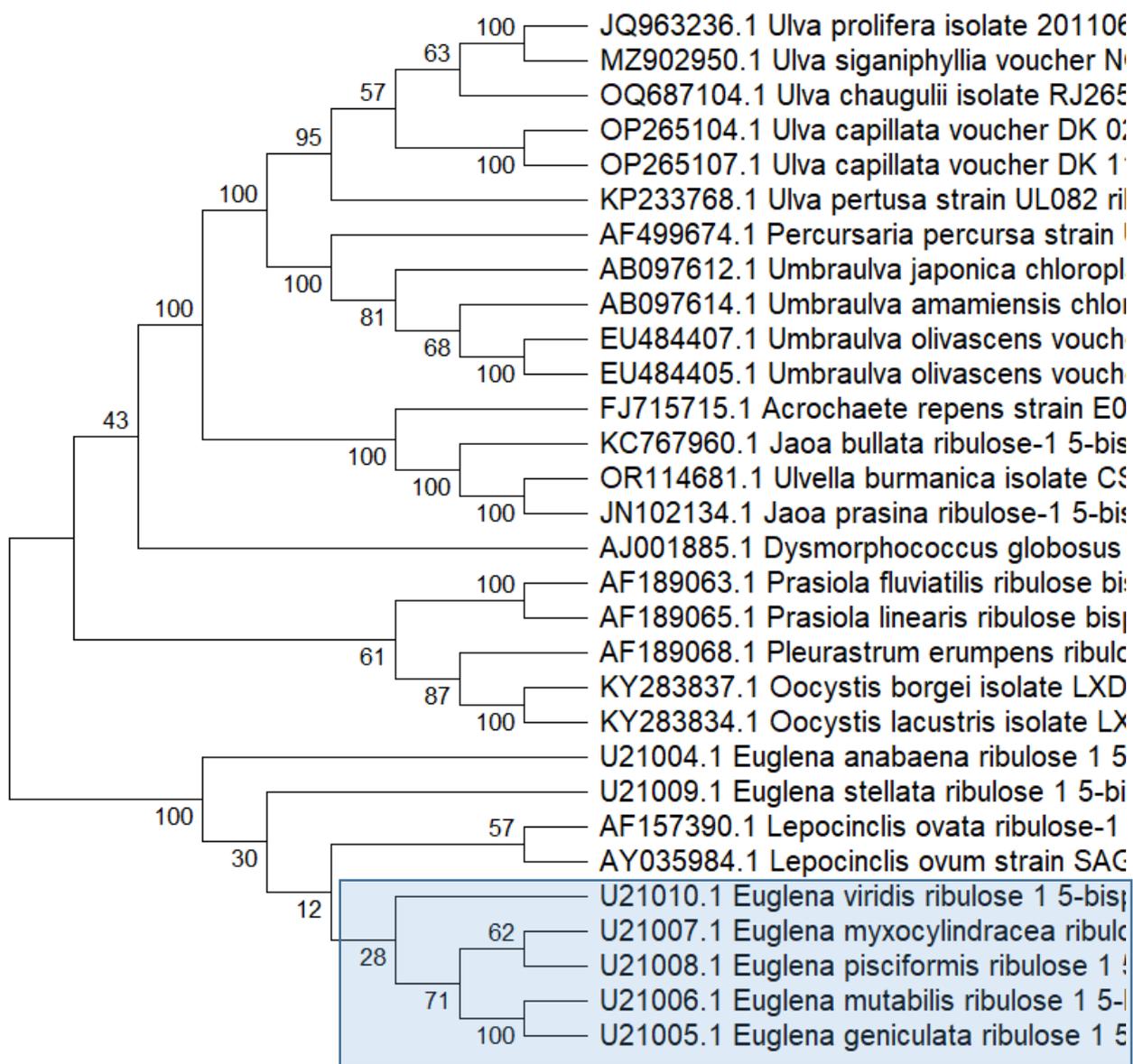


Рис.14. Филогенетическое дерево, построенное методом *Neighbor joining* с использованием модели Тамуры-Неи (Tamura-Nei)

Построение деревьев с использованием дискретного метода *Maximum parsimony* и бутстреп-анализом

Программа **MEGA12 – PHYLOGENY – Construct/Test *Maximum Parsimony Tree*, Test of Phylogeny – Bootstrap method, Bootstrap replicates – 100** (рис.15-16).

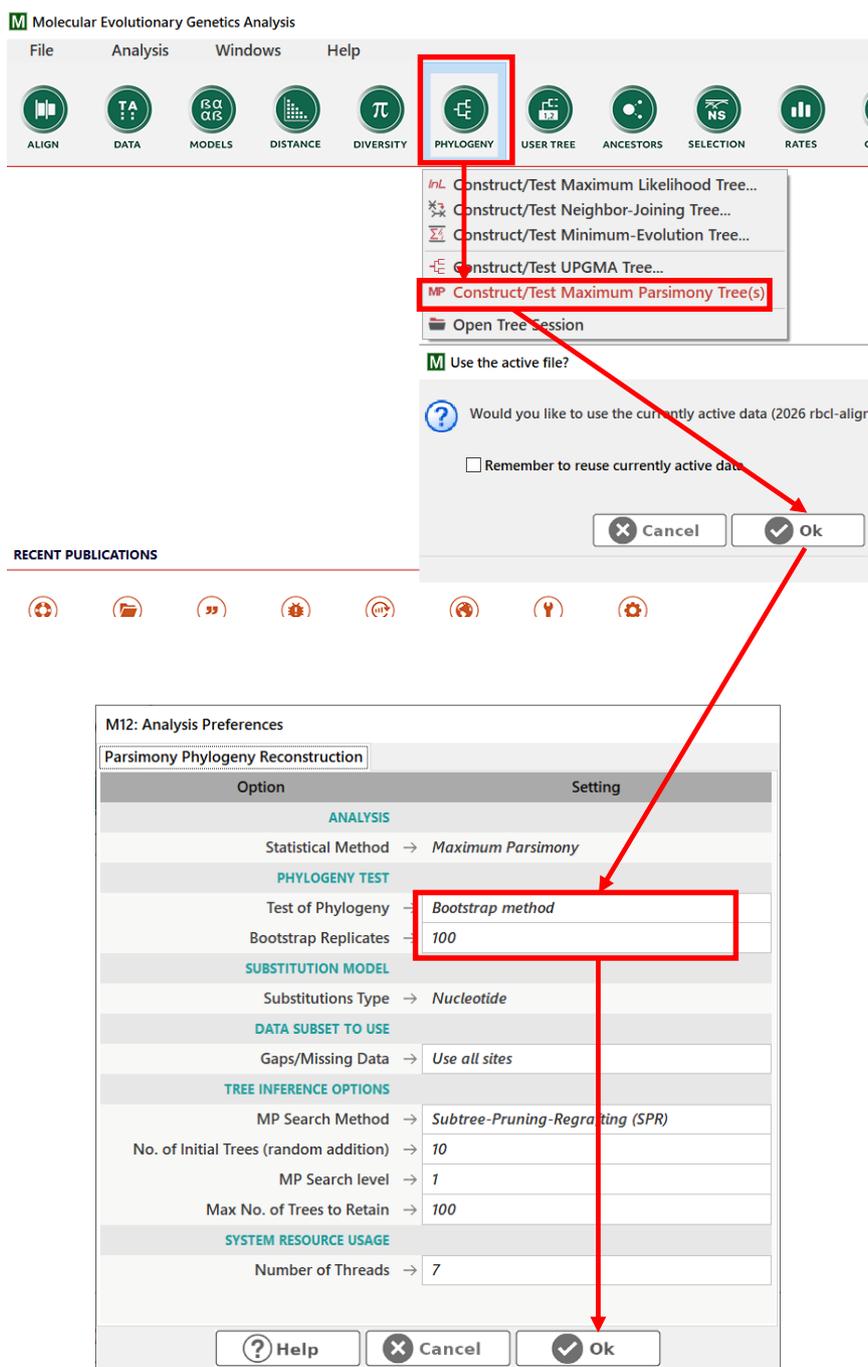


Рис. 15. Запуск программы MEGA12 для построения дерева методом *Maximum Parsimony*

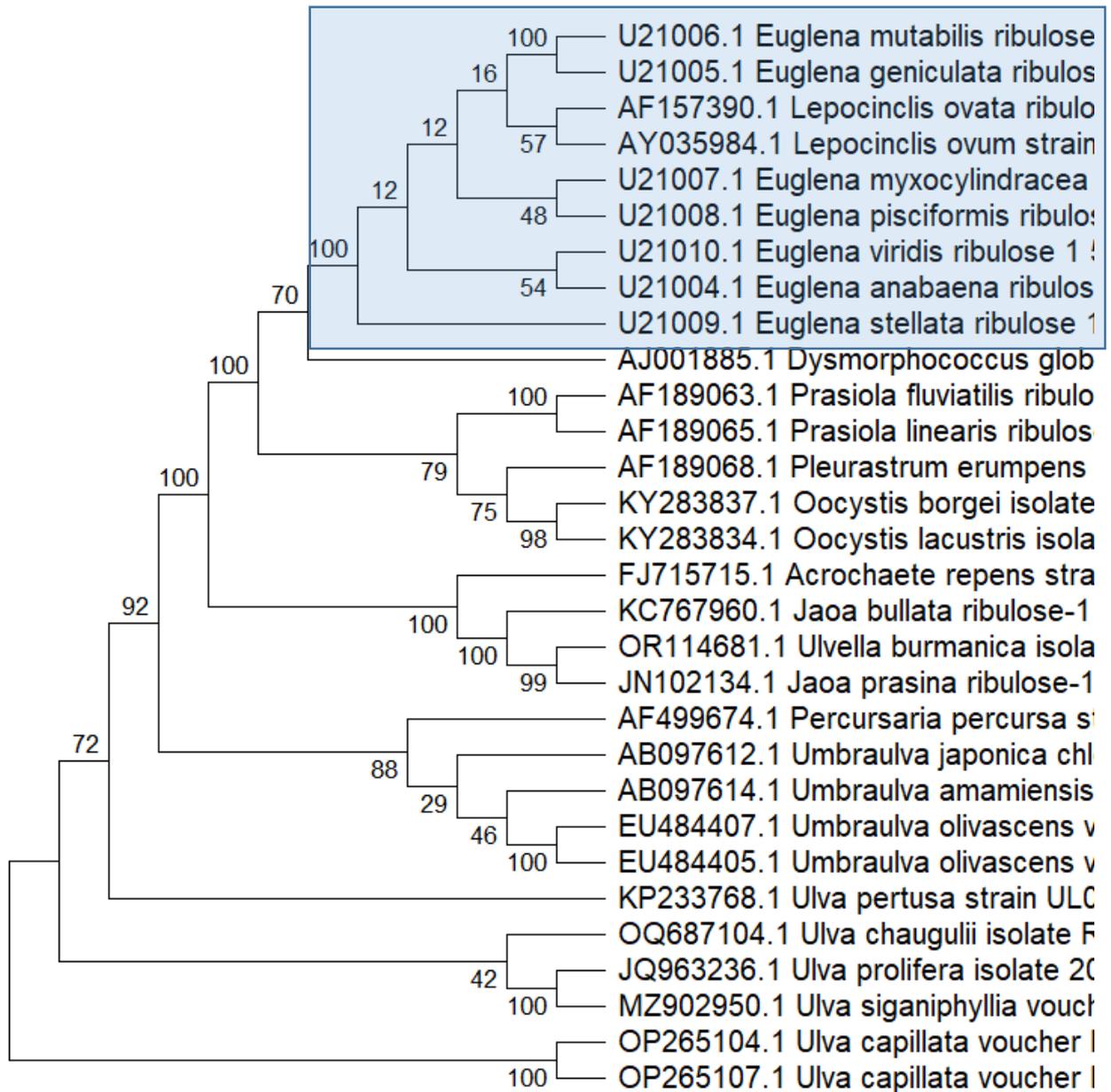


Рис. 16. Филогенетическое дерево, построенное методом *Maximum Parsimony*

2.6 Интерпретация филогенетического дерева и оценка достоверности

Важным критерием оценки филогенетического дерева является проверка надежности каждой ветви дерева. Одним из самых распространенных подходов к оценке надежности филогенетического дерева и его ветвей является статистический подход на основе повторных выборок – **Bootstrap-анализ**. Обычно при проведении bootstrap-анализа создается 100-1000 случайных выборок, по которым повторно строятся филогенетические деревья (реплики). Для каждого узла анализируемого дерева подсчитывается число или процент деревьев-реплик, в которых присутствует тот же узел (та же топология).

Оценка достоверности топологии построенных деревьев проводится по вычисленным значениям bootstrap возле каждого узла дерева. Как правило, достоверно установленными узлами считают те, для которых значения bootstrap более 70. Значения bootstrap более 90 указывают на высокую статистическую достоверность, значения bootstrap менее 50 являются ненадежными (рис.17).

Чаще всего bootstrap-анализ применяется при построении филогенетических деревьев методом Neighbor-Joining, так как быстрота данного метода позволяет легко проводить анализ большого числа случайных выборок.

Проведем анализ полученных результатов в соответствии с поставленной целью (стр.5) – выявление близкородственных организмов для *Euglena viridis* по гену *rbcL*.

Как видно из рис.17, на филогенетических деревьях, построенных методом Neighbor-Joining (кластеры а-д) с использованием разных эволюционных моделей, для кластера последовательностей *rbcL Euglena* получена одинаковая топология с небольшим отличием bootstrap-значений, по которым можно сделать следующие выводы:

По всем моделям в кластер с *Euglena viridis* сгруппированы виды *Euglena tuxocylindracea*, *Euglena pisciformis*, *Euglena mutabilis*, *Euglena geniculata*.

Вид *Euglena viridis* сгруппирован в кластер с другими организмами рода *Euglena* с низкими значениями bootstrap <50 (28-33), что не позволяет делать вывод о статистически достоверной связи между этим видом и другими видами

в составе кластера (о существовании общего предка именно такой группировки таксонов).

Напротив, *Euglena mutabilis* и *Euglena geniculata* сгруппированы друг с другом с максимальным bootstrap-значением 100, из чего можно сделать вывод о наличии общего предка данных организмов и, как следствие, монофилетичности их происхождения.

Виды *Euglena tuxocylindracea* и *Euglena pisciformis* сгруппированы как друг с другом (58-62), так и с парой *Euglena mutabilis*, *Euglena geniculata* (100) со средним значением bootstrap (58-71), что в целом указывает на возможность именно такого хода эволюции для данных видов.

Как видно из рис.17, на филогенетическом дереве, построенном методом Maximum Parsimony (кластер e), для кластера последовательностей *rbcL* *Euglena* получена отличающаяся топология по сравнению с методом Neighbor-Joining.

В кластер также включены виды *Euglena anabaena*, *Euglena stellata* и два вида рода *Lepocinclis* – *L.ovata* и *L.ovum*.

Вид *Euglena viridis* сгруппирован с *Euglena anabaena* с bootstrap-значением 54, достаточно низкое значение, чтобы сделать вывод о близкородственных отношениях между видами по нуклеотидным последовательностям гена *rbcL*.

Включение в кластер *Euglena spp.* видов рода *Lepocinclis* может свидетельствовать о возможной парафилетичности рода *Euglena*, т.е. виды *L.ovata* и *L.ovum* должны относиться к роду *Euglena*, однако низкое bootstrap-значение (16) указывает на маловероятность такого эволюционного события. Тем не менее,

В заключение следует отметить, что, несмотря на низкие bootstrap-значения, совместное группирование последовательностей все равно является наиболее вероятным сценарием – вид *Euglena viridis* **на всех** филогенетических деревьях сгруппирован с видами рода *Euglena*.

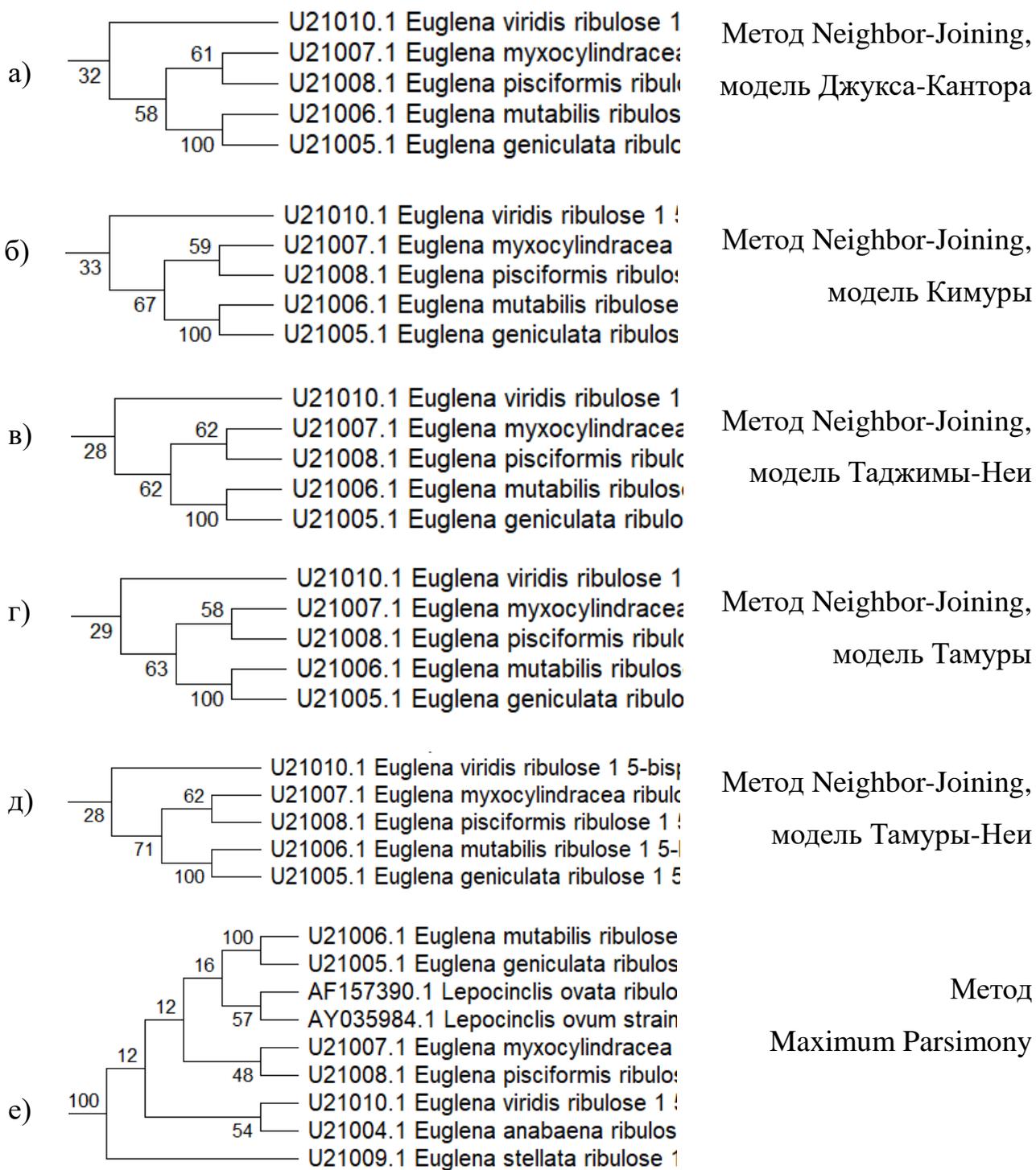


Рис.17. Сравнение кластеров, содержащих *Euglena viridis*, на филогенетических деревьях, полученных при построении разными методами/моделями (раздел 2.5)

3. Заключение

В данном учебно-методическом пособии приведены этапы построения и анализа молекулярно-филогенетических деревьев по нуклеотидным последовательностям гена, рассмотрены эволюционные модели и методы построения молекулярно-филогенетических деревьев, проведена статистическая оценка достоверности полученных деревьев методом Bootstrap и дана интерпретация полученных результатов.

Приведенные этапы построения и анализа молекулярно-филогенетических деревьев универсальны и могут быть использованы для построения молекулярно-филогенетических деревьев по нуклеотидным последовательностям любых генов (аминокислотным последовательностям любых белков).

4. Список источников

1. Метод присоединения соседей. –
URL: https://ru.wikipedia.org/wiki/Метод_присоединения_соседей (Дата обращения: 15.01.2026).
2. Молекулярная филогенетика. –
URL: https://ru.wikipedia.org/wiki/Молекулярная_филогенетика (Дата обращения: 15.01.2026).
3. Лукашов В.В. Молекулярная эволюция и филогенетический анализ / В.В. Лукашов. – М.: БИНОМ. Лаборатория знаний, 2009. – 256 с
4. Филогенетическое дерево. –
URL: https://ru.wikipedia.org/wiki/Филогенетическое_дерево (Дата обращения: 15.01.2026).
5. BLAST. – URL: <https://blast.ncbi.nlm.nih.gov/Blast.cgi> (Дата обращения: 20.12.2025).
6. Felsenstein J. Confidence limits on phylogenies: An approach using the bootstrap / J. Felsenstein // Evolution. – 1985. – V.39. – С. 783-791.
7. Kumar S. Molecular Evolutionary Genetics / S.Kumar, G.Stecher, M.Suleski, M.Sanderford, Sharma S., K.Tamura // Molecular Biology and Evolution. –2024. – V. 41. – С. 1-9.
8. MEGA12. – URL: <https://www.megasoftware.com> (Дата обращения: 20.12.2025).

9. NCBI. – URL: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov> (Дата обращения: 10.12.2025).

10. Saitou N. The neighbor-joining method: A new method for reconstructing phylogenetic trees. / N.Saitou, M.Nei //Molecular Biology and Evolution. – 1987. –V. 4. – С. 406-425.

11. Tamura K. (1993). Estimation of the number of nucleotide substitutions in the control region of mitochondrial DNA in humans and chimpanzees / K.Tamura, M.Nei // Molecular Biology and Evolution. – 1993. – V.10. – С.512-526.

Приложение 1.

Выборка нуклеотидных последовательностей, гомологичных *rbcL* *Euglena viridis*

>U21010.1 *Euglena viridis* ribulose 1,5-bisphosphate carboxylase/oxygenase large subunit (*rbcL*) mRNA, chloroplast gene encoding chloroplast protein, partial cds
ACTACCGTCTTACGTACTATACGCCTGACTATCAAGTTGCTGAAACTGACATTTTAGCAGCTTTCCGTATGACACCTCAA
CCAGGTGTTCTGCTGAAGAGTGTGGAGCCGCTGTAGCTGCTGAATCTAGTACAGGTAAGCAACTGTTTGGACTGA
TGGACTAACACAATTAGATAAAATACAAAGGTCGTTGTTATGACTTAGAACCTGTTCCAGGTGAAAGCAATCAATATATTG
CTTATGTTGCTTATCCTATTGATTTATTTGAAGAAGGTTTCAGTAACGAATCTTTAACTAGTATTGTAGGAAACGTTTTT
GGTTTTAAAGCTTTACGTTCTTTACGTTTAGAAGATTTACGTATTCGCCAGCTTATGCTAAAACSTTTTTGGGGTCTCTCC
ACATGGTATTCAAGTAGAAAGAGATAAACTTAATAAATATGGACGCCCGCTTTTAGGTTGTACAATCAAACSTAAATTAG
GCTTATCTGCTAAAATATTATGGTAGAGCTGTTTATGAGTGTTTACGCGGTGGTTTTAGATTTTACAAAAGATGATGAAAAT
GTAATTCACAAGCATTATGAGATGGAGAGATCGTTTCTTATTTTGTGCAGAAGCAATTTATAAAGCACAATCAGAAAC
TGGTGAAGTTAAGGGTCATTATTTAAATGCTACAGGAGGTAAGTGTGAGGAAATGTATAAACGTGCTAATTATGCCGCAC
AGATTGGTGTTCGAATTATCATGCACGATTATATCACAGGCGGTTTTACTGCAAACACTTCTTTATCTATGTTCTGTCTGT
GATAATGGTTTTGTTACTTCATATTCACCGTGCAATGCATGCTGTTATCGATCGTCAAAGAAATCATGGAATTCATTTCCG
TGTTCTTGCAAAAACCTTTCGTATGTCGGGTGGTGATCATTTCATTTCAGGAACTGTTGTTGGTAAATTAGAAGGTGAAC
GTGAAGTTACTTTAGGTTTTGTAGATCTTATGCGTGATCCTTATATTGAAAAGATCGTTCTAGAGGTATTTATTTTACT
CAAGACTGGTGTGGTATGGGTGGAGTAATGCCTGTTGCATCCGGAGGTATTCATGTATGGCATATGCCAGCTCTTACTGA
AATCTTTGGTGATGATGCTTGTGTTACAATTTGGCGGTGGTACACTGGGGCATCCTTGGGGGAACGCTCCTGGAGCGGTAG
CAAACAGAGTAGCGTCAGAAGCTTGTGTACAGGCTAGAAATGAAGGACGTGATTTGTCTCGTGAAGGTGGGGATGTTATT
CGTGAGGCTTGTAAGTGGAGTCCAGAACTT

>U21007.1 *Euglena myxocylindracea* ribulose 1,5-bisphosphate carboxylase/oxygenase large subunit (*rbcL*) mRNA, chloroplast gene encoding chloroplast protein, partial cds
ATTATCGATTAACGTACTATACACCAGATTATCAAGTTGCTGAAACAGATATTTTAGCAGCTTTTCGTATGACACCGCAG
CCTGGTGTTCCTGCTGAAGAATGTGGTGCTGCTGTAGCAGCGGAATCTTCTACGGGTACTTGGACTACGGTATGGACAGA
TGGTTTTGACTCAATTAGATCGATATAAAGGACGTTGTTATGACTTAGAACCTGTTCCCTGGAGAAACAAATCAATATATTG
CTTATGTAGCTTATCCTATTGATTTGTTTGAAGAAGGATCAGTTACAAACSTTTTAAACAAGTATTGTAGGTAACGTTTTT
GGTTTTAAAGCTTTAAGAGCTTTACGTTTAGAAGATTTAAGAATTCACCAGCTTATGTGAAAACSTTTTTGGGGCCCTCC
TCATGGTATTCAAGTTGAAAGAGATAGATTAATAAAGTATGGTAGACCACTGCTAGGGTGTACTATTAAGCSTAAATTAG
GTTTATCAGCTAAAAATTACGGAAGAGCTGTATATGAGTGCTTAAGAGGAGGTCTTGATTTTACTAAAGATGATGAAAAT
GTAATTTCTCAATCTTTTATGCGCTGGAGAGATCGTTTCTTATTTTGTGCAGAAGCTATTTATAAAGCTCAATCTGAAAC
TGGCGAAGTAAAAGGACATTATTTAAACGCTACTGCAGGTAAGTGTAGAAAGAAATGTACAAACGTGCTGCTTTTGTCTGCTC
AATTAGGTGTTCCATTATCATGCATGATTTTAAACAGGTGGTTTTACAGCAAATACATCTTTAGCAATGTATTGTCTGT
GATAATGGTTTTATTATTACATATTCACCGTGCTATGCATGCTGTTATTGATAGACAAAGATATCATGGTATTCACTTTCCG
TGTATTAGCAAAAACACTTTCGTATGCTCTGGTGGTGATCATCTTCATAGTGGTACTGTTGTTGGTAAATTAGAAGGTGAAA
GAGAAGTAACTCTTGGGTTTTGTTGACTTAATGCGTGATGCATACGTTGAAAAGATAGATCTCGAGGAATTTACTTTACT
CAAGACTGGTGTGGTATGGGTGGAACAATTCCTGTTGCCTCTGGTGGTATTTCATGTTTGGCATATGCCCTGCTCTTACAGA
AATTTTTGGTGATGATGCTTGTCTTCAATTTGGTGGTGGTACTTTAGGTCATCCTTGGGGTAATGCTCCAGGCGCTGTAG

CTAATCGTGTTCAGAGGCTTGTGTTCAAGCTAGAAATGAAGGTAGAGATTTATCTCGTGAAGGAGGGGATGTTATT
CGTGAAGCTTGTAATGGAGTCCAGAACTT

>U21006.1 *Euglena mutabilis* ribulose 1,5-bisphosphate carboxylase/oxygenase large subunit (rbcL) mRNA, chloroplast gene encoding chloroplast protein, partial cds
ATTATCGCCTTACTTATTACACTCCTGATTATCAAGTGTGAGAAACAGATATTTTGGCTGCTTTTCGTATGACTCCTCAA
CCAGGGGTTCCCTGCCGAAGAATGTGGAGCTGCTGTTGCTGCTGAATCTTCTACGGGTACATGGACTACTGTTTGGACAGA
TGGATTAACCTCAATTAGATAGATATAAAGGTCGTTGTTACGATTTGGAACCTGTTCCCTGGTGAAAGTAACCAATATATTG
CTTACGTGGCATAATCCTATTGATCTTTCTGAAGAAGGTTCCGGTAACCAACCTTTTAACTAGTATAGTTGGTAATGTATTT
GGATTTAAAGCTTTACGTGCTTTACGTTTAGAAGATTTGCGCATTCCACCAGCATATTCTAAAACCTTTCTGGGGTCTCTCC
TCATGGTATTCAAGTGGAAAGGGATAGACTTAATAAATATGGTCGTCCTTTATTGGGTTGCACATTTAAACCAAAATTGG
GCTTTCTGCAAAAAACTATGGACGTGCTGTATACGAATGTCTAAGAGGTGGTTTGGACTTTACAAAAGATGATGAAAAT
GTTAATTCTCAATCTTTTATGCGTTGGAGAGATCGTTTCTTATTTTGTGCTGAGGCGATTTACAAAGCACAAACAGAAAC
AGGCGAAGTAAAAGGTCATTATTTAAATGCTACTGCAGGACTTGCGAAGAGATGTACAAACGTGCTTCTTTTGCCGCAC
AAATTGGTGTCCAATTATAATGCATGACTATTTAACAGGTGGTTTTACGGCTAACACTTCCCTTGGCAATGTATTGTGCGT
GATAATGGTTTATTATTACATATTCATCGCGCTATGCATGCTGTTATCGATCGTCAAAGAAATCATGGTATTCACCTCCG
TGTATTGGCTAAAACACTTCGTATGTCTGGTGGTGATCATCTTCATTCTGGAACAGTTGTTGGTAAATTAGAAGGTGAAC
GCGAAGTAACGTTAGGTTTTGTAGATTTAATGCGTGATGCTTACGTTGAAAAGATCGTTCTCGTGGAATTTATTTTACT
CAAGATTGGTGTGGTATGGGTGGTACAATGCCTGTTGCTTCAGGTGGCATTTCATGTATGGCATATGCCGGCTCTTACTGA
AATTTTTGGTGATGATGCTTGTCTTCAATTTGGTGGTGAACCTTAGGTCATCTTGGGGAAATGCTCCAGGTGCTGCTG
CTAATCGTGTAGCTTCTGAGGCTTGCCTACAAGCTCGAAATGAAGGTGCTGATCTTTCTCGTGAAGGTGGTGATGTTATT
CGTGAGGCTTGTAATGGAGTCCAGAACTT

>U21005.1 *Euglena geniculata* ribulose 1,5-bisphosphate carboxylase/oxygenase large subunit (rbcL) mRNA, chloroplast gene encoding chloroplast protein, partial cds
ATTATCGCCTTACTTATTACACTCCTGATAATCAAGTGTGAGAAACAGATATTTTGGCTGCTTTTCGTATGACTCCTCAA
CCAGGGGTTCCCTGCCGAAGAATGTGGAGCTGCTGTTGCTGCTGAATCTTCTACGGGTACATGGACTACTGTTTGGACAGA
TGGATTAACCTCAATTAGATAGAGATAAAGGTCGTTGTTACGATTTGGAACCTGTTCCCTGGTGAAAGTAACCAATATATTG
CTTACGTGGCATAATCCTATTGATCTTTTTGAAGAAGGTTCCGGTAACCAACCTTTTAACTAGTATAGTTGGTAATGTATTT
GGATTTAAAGCTTTACGTGCTTTACGTTTAGAAGATTTGCGCATTCCACCAGCATATTCTAAAACCTTTCTGGGGTCTCTCC
TCATGGTATTCAAGTGGAAAGGGATAGACTTAATAAATATGGTCGTCCTTTATTGGGTTGCACATTTAAACCAAAATTGG
GCTTTCTGCGAAAAACTATGGACGTGCTGTATACGAATGTCTAAGAGGTGGTTTGGACTTTACAAAAGATGATGAAAAT
GTTAATTCTCAATCTTTTATGCGTTGGAGAGATCGTTTCTTATTTTGTGCTGAGGCGATTTACAAAGCACAAACAGAAAC
AGGCGAAGTAAAAGGTCATTATTTAAATGCTACTGCAGGACTTGCGAAGAGATGTACAAACGTGCTTCTTTTGCCGCAC
AAATTGGTGTCCAATTATAATGCATGACTATTTAACAGGTGGTTTTACGGCTAACACTTCCCTTGGCAATGTATTGTGCGT
GATAATGGTTTATTATTACATATTCATCGCGCTATGCATGCTGTTATCGATCGTCAAAGAAATCATGGTATTCACCTCCG
TGTATTGGCTAAAACACTTCGTATGTCTGGTGGTGATCATCTTCATTCTGGAACAGTTGTTGGTAAATTAGAAGGTGAAC
GCGAAGTAACGTTAGGTTTTGTAGATTTAATGCGTGATGCTTACGTTGAAAAGATCGTTCTCGTGGAATTTATTTTACT
CAAGATTGGTGTGGTATGGGTGGTACAATGCCTGTTGCTTCAGGTGGCATTTCATGTATGGCATATGCCGGCTCTTACTGA
AATTTTTGGTGATGATGCTTGTCTTCAATTTGGTGGTGAACCTTAGGTCATCTTGGGGAAATGCTCCAGGTGCTGCTG
CTAATCGTGTAGCTTCTGAGGCTTGCCTACAAGCTCGAAATGAAGGTGCTGATCTTTCTCGTGAAGGTGGTGATGTTATT
CGTGAGGCTTGTAATGGAGTCCAGAACTT

>U21004.1 *Euglena anabaena* ribulose 1,5-bisphosphate carboxylase/oxygenase large subunit (rbcL) mRNA, chloroplast gene encoding chloroplast protein, partial cds
ACTATCGTCTTACTTATTATACACCTGATTACCAAGTAGCAGAACTGATATACTTGCAGCTTTCCGTATGACTCCTCAA
CCTGGTGTTCCTGCTGAAGAGTGCAGGTGCAGCTGTGGCAGCTGAAAGTTCGACAGGTACATGGACTACAGTATGGACAGA
CGGTTTAAACACAATTAGACAAATATAAAGGTAGATGTTATGATTTAGAGCCTGTTCCAGGTGAAAATAATCAATATATCG
CTTACGTAGCATATCCTATTGATCTTTTTGAAGAAGGTTACAGTAACCTTTTAACTTCAATCGTTGGTAACGTATTT
GGTTTTAAAGCTCTTCGAGCTCTTCGTTTAGAAGATTTACGAATCCCACCGGCATACGTTAAAACATTTCTGGGGCCCTCC
ACATGGTATCCAAGTAGAACGTGATAAATTAATAAATATGGGCGTCCTCTTTTAGGTTGTACAATCAAACCAAAACTAG
GTTTATCAGCTAAAATTTATGGTCGCTGTTTATGAATGTTTACGTGGTGGACTTGATTTTACGAAAGATGATGAAAAT
GTAAATTCACAATCATTTATGCGTTGGAGAGACCGTTTCTTTTCTGTGCTGAAGCTATCTATAAAGCTCAATCAGAAAC
AGGTGAAATTAAGGTCACTATTTAAATGCTACTGCAGGTACATGTGAAGAGATGTATAAACGTGCTAATTATGCCGCTC
AAATAGGAGTCCCTATTGTGATGCATGATTATTTGACAGGTGGATTTACAGCCAATACTTTCATTGGCTATGTTCTGTGCTG

GATAATGGATTACTATTACATATTCACCGTGCTATGCATGCAGTAATTGATCGTCAAAGAAATCACGGTATCCATTTCCG
TGTATTAGCTAAAACCTTTCGTATGTCAGGAGGAGACCACTTACACTCAGGAACTGTTGTAGGAAAATTAGAAGGTGAAC
GTGAAGTTACATTAGGTTTCGTTGATTTAATGCGTGATCCTTATGTTGAGAAAGATAGATCACGAGGTATTTATTTTACT
CAAGATTGGGTTGGGCTAGGCGGAACATTCCTGTGGCATCAGGCGGTATTCACGTTTGGCACATGCCAGCACTAACAGA
GATTTTTGGTGATGATGCTTGTTTACAATTTGGCGGAGGAACTCTTGGTCATCCATGGGGCAACGCACCTGGCGCAGCTG
CTAACCGAGTTGCATCAGAAGCTTGCCTACAAGCAAGAAATGAAGGACGTGATTTATCTCGTGAAGGTGGTGACGTTATT
CGTGAGGCTTGCAAATGGAGTCCAGAACTT

>U21009.1 *Euglena stellata* ribulose 1,5-bisphosphate carboxylase/oxygenase large subunit (rbcL) mRNA, chloroplast gene encoding chloroplast protein, partial cds
ATTATAGACTTACTTATTATACGCCTGATTATCAAGTTGCAGAAACAGATATTTTAGCAGCTTTTCGTATGACTCCACAA
CCAGGTGTTCCCTGCTGAAGAGTGTGGTGCTGCTGTTGCCGCTGAGTCATCAACAGGTACTTGGACTACTGTTTGGACAGA
TGGTTTAACTCAATTAGATCGTTATAAAGGTAGATGCTATGATTTAGAACCTGTTCCAGGTGAATCAAATCGGTATATTG
CTTATATTGCTTATCCAATTGACCTTTTTGAAGAAGGTTCTGTTACAACTTATTAACAAGTATTGTTGGTAACGTTTTT
GGTTTCAAAGCATTACGTGCACTTCGTTTAGAAGATTTACGTATTCCGCCAGATTATGCTAAAACATTCTGGGGTCCCTCC
ACACGGTATTCAGGCTGAAAGAGACAGGTTAAACAAGTATGGTAGACCTTTATTAGGTTGACTGTTAAACCTAAATTAG
GTTTATCTGCTAAAACTACGGTAGAGCTGTTTATGAGTGTTCAGTGGTGGTCTTGATTTTACGAAAGACGATGAGAAT
GTAATTCACAATCGGTTATGCGTTGGAGAGACCGTTCCNTTTTCTGTGCTGAGGCTATTTATAAAGCTCAAGCAGAAAC
AGGAGAGGTAAAAGGGCATTATTTAAATGCTACTGCTGGTACTGTTGAAGAAATGTTTAAAGCGTGCTGTTTTTTCGGCGC
AATTAGGTGTACCTATTATTATGCATGACTACATAACAGGTGGTTTTACAGCTAATACTTCATTATCTATGTATTGTCGT
GATAATGGTTTATTACTTACATTCACCGTGCTATGCACGCCGTTATTGACCGTCAAAGAAATCACGGTATTCACCTCCG
TGTTTTAGCTAAAACCTTTCGTATGTCAGGTGGTGACCATTACATTACAGGTACTGTTGTAGGTAAGCTTGAAGGTGAAC
GTGAAGTTACTTTAGGTTTCGTTGATTTAATGCGTGACCCTTACGTTGAGAAAGATCGTTCAAGAGGTATTTACTTTACA
CAAGACTGGTGTGGTATGGGTGGTACAATGCCTGTAGCATCTGGTGGTATTCATGTATGGCATATGCCTGCTCTAACTGA
AATTTTCGGTGATGACGCTTGCCTACAGTTTGGTGGAGGTACTTTAGGTCACCCTTGGGGTAATCGACCAGGTGCTGCTG
CTAACCGTGTGCTTCTGAAGCTTGTGTTCAAGCTCGAAATGAAGGTGCTGACCTTTCTCGTGAAGGTGGTGATGTTATT
AGAGAAGCTTGTAAGTGGAGTCCAGAACTT

>U21008.1 *Euglena pisciformis* ribulose 1,5-bisphosphate carboxylase/oxygenase large subunit (rbcL) mRNA, chloroplast gene encoding chloroplast protein, partial cds
ATTACAGACTTACATATTATACACCTGATTATCAAGTTTCTGATACTGATATTTTAGCCGCTTTTCGTATGACGCCTCAA
CCAGGAGTTCCCTGCTGAAGAGTGCCTGCTGCTGTAGCTGCAGAATCTAGTACTGGTACTTGGACCCTGTTTGGACAGA
TGGCCTTACTCAATTAGATAGATATAAAGGGCGCTGCTATGATTTAGAACCTGTTCCAGGAGAATCTAATCAATATATAG
CTTACGTTGCTTATCCTATAGATCTTTTTGAAGAAGGTTCCGTTACGAACCTGCTAACAAGTATCGTAGGTAATGTTTTT
GGTTTTAAAGCTTTAAGAGCTCTACGCCTAGAAGATTTACGTATTCCACCTGCTTATATCAAACTTTTTGGGGTCCACC
GCATGGTATCCAAGTTGAACGTGATAGATTAATAAATATGGTCGACCTTTATTAGGTTGTACGATTAACCTAAATTAG
GTTTATCTGCTAAGAATTATGGTCGAGCAGTTTACGAATGTTAAGAGGAGGCCTTGATTTTACTAAAGATGATGAAAAT
GTAAATTCACAGTCTTTTATGCGTTGGAGAGATCGTTTCTNNNNNGATCTGAAGCTATTTACAAAGCTCAATCTGAAAC
AGGTGAAGTTAAAGGACATTATCTAAATGCTACAGCTGGTAATGTTGAAGAAATGTATAAACGTGCTGCATTCGCTGCTC
AACTGGGTGTTCCAATTGTTATGCATGACTACTTAACAGGTGGTTTTACAGCTAATACATCTCTTTCAATGTACTGCCGT
GACAAATGGTTTACTTTTACATATTCATCGTGCAATGCATGCTGTTATCGATCGTCAGAGAAATCATGGTATTCATTTCCG
TGTGCTTGCAAAAACCTTTCGAATGTCAGGTGGGGATCATCTTCATTACAGGTACTGTTGTAGGTAATTAAGAAGGTGAAC
GTGAAGTAACTCTAGGTTTTGTTGATTTAATGAGAGATCCTTATGTAGAAAAGATCGTAGTAGAGGGATCTACTTTACA
CAAGACTGGTGTGGTATGGGTGGGACAATGCCAGTTGCGTCAGGTGGTATCCATGTTTGGCATATGCCTGCTTTAACAGA
AATCTTTGGTGATGATGCTTGTCTTCAATTTGGTGGCGGTACTTTAGGTCACCCTTGGGGTAATGCACCAGGTGCTGCTG
CAAATCGTGTGCTTCTGAGGCGTGTGTGCAAGCGAGAAATGAAGGGCGTGACCTTTCTCGTGAAGGAGGTGATGTTATT
CGTGAAGCTTGCAAATGGAGTCCAGAATT

>AF499674.1 *Percursaria percursa* strain UWCC MA230 ribulose-1,5-bisphosphate carboxylase/oxygenase large subunit (rbcL) gene, partial cds; chloroplast
AGGTACTGGCTTTACAGCTGGTGTAAAAGACTACCGTTTAACTTATTACACACCTGATTATCAAGTAAAAGATACTGATA
TTTTAGCAGCATTTTCGTATGACTCCTCAACCAGGAGTACCAGCAGAAGAAGCAGGTGCAGCTGTTGCTGCTGAATCATCA
ACAGGTACTTGGACAACCTGTATGGACTGATGGTTTAAACATCTTTAGATCGTTATAAAGGTCGTTGTTATGATATTGAACC
ATTAGGTGAAGATGATCAATATATTGCATATATTGCTTATCCTTTAGACTTATTTGAAGAAGGGTCAGTTACAACTTAT
TTACTTCAATTGTAGGTAACGTTTTTGGTTTTCAAAGCTTTACGTGCTTTACGTTTAGAAGATTTACGTATTCCGCCAGCT

TATGTTAAAACATTCCAAGGTCCTCCACATGGTATTCAAGTTGAACGTGATAAATTAACAAATATGGTCGTGGTTTATT
AGGTTGTACAATTAACCCAAAATTAGGTCCTTTCAGCTAAAAACTATGGACGTGCTGTTTATGAATGTTTACGAGGTGGTC
TTGATTTTACAAAAGATGATGAAAATGTAACTCACAACCTTTCATGCGTTGGCGTGATCGTTTCTTATTTGTTGCTGAA
GCAATTTATAAATCTCAAGCTGAACTGGTGAAGTTAAAGGGCATTACTTAAATGCAACAGCAGGTACGTGTGAAGCAAT
GATGGAACGTGGCCAATTTGCTAAAGATTTAGGTGTTCCAATTATTATGCATGACTATATTACTGGTGGTTTTACAGCTA
ACACTTCATTATCTAATTTCTGTCGTGCTAGTGGATTATTACTACATATTCACCGTGCAATGCACGCCGTTATTGACCGT
CAACGTAATCACGGTATTCACCTCCGAGTATTAGCAAAAATCTTACGTATGTCTGGGGGTGACCACTTACATTCAGGAAC
AGTTGTAGGTAATTTAGAAGGTGAACGTGAAATTACTTTAGGTTTTGTTGACCTAATGCGTGACGATTACATTGAAAAAG
ATCGTAGTCGTGGTATTTACTTTACACAAGACTGGGTTAGTTTACCTGGAACAATGCCAGTAGCTTCAGGTGGTATTCAC
GTATGGCACATGCCAGCATTAGTTGAAATTTTTGGTGATGATGCGTGTTTACAATTTGGTGGTGGTACATTAGGACACCC
TTGGGGTAATGCTCCAGGTGCTGCTGCAAACCGTGTTGCTTTAGAAGCTTGTACACAAGCTCGAAATGAAGGACGTGATT
TAGCATCTGAAGGTGGTGTATGTAATTCGTGCCGCTTGTAATGGAGTCCTGAATTAGCTGCAGCTTGTGAAGTAT

>AB097614.1 *Umbraulva amamiensis* chloroplast *rbcL* gene for ribulose 1,5-
biphosphate carboxylase large subunit, partial cds, specimen_voucher: SAP:095052
AGCAGGTACTGGCTTTAAAGCTGGTGTAAAAGATTACCGTTTAACTTATTACACACCTGATTATCAAGTAAAAGATACTG
ATATTTTAGCAGCATTTTCGTATGACTCCTCAACCAGGAGTACCAGCAGAAGAAGCTGGTGCAGCTGTTGCTGCTGAATCA
TCAACAGGTACTTGGACAACGTATGGACTGATGGTTTAAACATCTTTAGATCGTTATAAAGGTGCTTGTATGATATTGA
ACCATTNNNAGGTGAAGATGATCAATATATTGCATATATTGCTTATCCTTTAGACTTATTTGAAGAAGGATCAGTTACAA
ACTTATTTACTTCAATTGTAGGTAACGTTTTTGGTTTTCAAAGCTTTACGTGCTTTACGTTTAGAAGATTTACGTATTCCA
CCAGCTTATGTTAAAACATTCCAAGGTCCACCACATGGTATTCAAGTTGAACGTGATAAATTAACAAATATGGTCGTGG
TTTATTAGGTTGTACAATTAACCCAAAATTAGGTCCTTTCAGCTAAAAACTATGGACGTGCTGTTTATGAATGTTTACGAG
GTGGTCTTGATTTTACAAAAGATGATGAAAACGTAACTCACAACCTTTCATGCGTTGGCGTGATCGTTTCTTATTTGTT
GCTGAAGCAATTTATAAATCTCAATCTGAACTGGTGAAGTTAAAGGTCACTATTTAAATGCAACAGCAGGTACATGTGA
AGAAATGATGGAACGTGGTCAATTTGCTAAAGATTTAGGTGTGCCAATTATTATGCATGACTATATTACTGGTGGTTTTA
CAGCTAACACTTCATTAGCTCATTCTGTCGTGCTAGTGGATTATTATTACATATTCACCGTGCAATGCACGCTGTTATT
GACCGTCAACGTAATCACGGTATCCATTTCCGAGTATTAGCAAAAATCTTACGTATGTGACGGGGGTGACCACTTACATTC
AGGAACAGTTGTAGGTAACCTAGAAGGTGAACGTGAAATTACTTTAGGTTTTGTTGACTTAATGCGTGATGATTACATTG
AAAAAGATCGTAGTCGTGGTATTTACTTTACTCAAGATTGGGTAAGTTTACCTGGAACAATGCCAGTAGCTTCAGGTGGT
ATTCACGTATGGCACATGCCCGCATTAGTTGAAATCTTTGGTGATGATGCATGTTTACAATTTGGTGGTGGTACATTAGG
ACACCTTTGGGGTAATGCTCCAGGAGCTGCTGCAAACCGTGTTGCTTTAGAAGCTTGTACACAAGCTCGAAATGAAGGAC
GTGATTTAGCATCTGAAGGTGGTGTATGTAATTCGTGCTGCTTGTAATGGAGTCCT

>AB097612.1 *Umbraulva japonica* chloroplast *rbcL* gene for ribulose 1,5-biphosphate
carboxylase large subunit, partial cds, specimen_voucher: SAP:095050
AGCAGGTACTGGCTTTAAAGCTGGTGTAAAAGATTACCGTTTAACTTATTACACACCTGATTATCAAGTAAAAGATACTG
ATATTTTAGCAGCATTTTCGTATGACTCCTCAACCAGGAGTACCAGCAGAAGAAGCTGGTGCAGCTGTTGCTGCTGAATCA
TCAACAGGTACTTGGACAACGTATGGACTGATGGTTTAAACATCTTTAGATCGTTATAAAGGTGCTTGTATGATATTGA
ACCATTNNNAGGTGAAGATGATCAATATATTGCATATATTGCTTATCCTTTAGACCTATTTGAAGAAGGATCAGTTACAA
ACTTATTTACTTCAATTGTAGGTAACGTTTTTGGTTTTAAAGCTTTACGTGCTTTACGTTTAGAAGATTTACGTATTCCA
CCAGCTTATGTTAAAACATTCCAAGGTCCACCACACGGTATTCAAGTTGAACGTGATAAATTAATAAATATGGTCGTGG
TTTATTAGGTTGTACAATTAACCCAAAATTAGGTCCTTTCAGCTAAAAACTATGGACGTGCTGTTTATGAATGTTTACGAG
GTGGTCTTGATTTTACAAAAGATGATGAAAACGTAACTCACAACCTTTCATGCGTTGGCGTGATCGTTTTTTTATTTGTT
GCTGAAGCAATTTATAAATCTCAATCTGAACTGGTGAAGTTAAAGGGCATTACTTAAATGCAACAGCAGGTACATGTGA
AGAAATGATGGAACGTGGTCAATTTGCTAAAGATTTAGGTGTTCCAATTGTTATGCATGACTATATTACTGGTGGTTTTA
CAGCTAACACTTCATTAGCTCATTCTGTCGTGCTAGTGGATTATTATTACATATTCACCGTGCAATGCATGCTGTTATT
GACCGTCAACGTAATCACGGTATTCATTTCCGAGTATTAGCAAAAATCTTACGTATGTGACGGGGGTGACCACTTACATTC
AGGAACGGTTGTAGGTAACCTAGAAGGTGAACGTGAAATTACTTTAGGTTTTGTTGACTTAATGCGTGATGATTACATTG
AAAAGGATCGTAGTCGTGGTATTTACTTTACTCAAGATTGGGTAAGTTTACCTGGCACAATGCCAGTAGCTTCAGGTGGT
ATTCACGTATGGCATATGCCAGCATTAGTTGAAATCTTTGGTGATGATGCGTGTTTACAATTTGGTGGTGGTACATTAGG
ACACCTTTGGGGTAATGCTCCAGGAGCTGCTGCAAACCGTGTTGCTTTAGAAGCTTGTACACAAGCTCGAAATGAAGGAC
GTGACTTAGCATCTGAAGGTGGTGTATGTAATTCGTGCTGCTTGTAATGGAGTCCT

>OR114681.1 *Ulvella burmanica* isolate CS20236801 ribulose-1,5-biphosphate
carboxylase/oxygenase large subunit (*rbcL*) gene, partial cds; chloroplast
ATGGTTCCACAAACAGAACTAAAGCAGGTACTGGTTTTAAAGCCGGTGTAAGGATTACCGTTTAACTTATTATACACC

TGATTATCAAGTAAAAGATACTGATATTTTAGCAACTTTCCGTATGACTCCTCAACCAGGAGTTCCTGCGGAAGAGGCTG
GTGCAGCAGTAGCTGCTGAATCATCAACAGGTACTTGGACAACCTGTATGGACAGATGGTTAACATCTTTAGATCGTTAT
AAAGGTCGTTGTTATGATATTGAACCATTAGGAGAAGATGATCAATATATTTGTTATATTGCATACCCATTAGATTTATT
TGAAGAAGGATCTGTTACAAATTTATTTACTTCAATTGTAGGTAATGTTTTTGGTTTTAAAGCATTACGTGCTTTACGTT
TAGAAGATTTACGTATTTCCGCCTGCTTATACTAAAACCTTTCAAGGACCACCACATGGTATTCAAGTAGAACGTGATAAA
TTAAATAAATATGGAAGAGGTTTATTAGGTTGTACAATTAACCCAAAATTAGGTCTTTTACGCTAAAAATTACGGTCTGTC
TGTTTACGAATGTTTACGTGGTGGTCTTGATTTTACAAAAGATGATGAAAATGTAAATTCTCAACCATTTATGCGATGGC
GTGATCGTTTTCTTATTTACTGCTGAAGCTATTTATAAATCTCAATCTGAAACTGGTGAAGTTAAAGGACATTATTTAAAT
GCTACAGCAGGAACATGTGAACAAATGATGGAACGTGGACAATTTGCTAAAGATTTAGGTGTTCCAATTATTATGCATGA
TTATATTACTGGTGGTTTTACAGCTAATACATCATTAGCACATTTTTGTCGTGCTAGTGGATTATTGTTACATATTCATC
GTGCAATGCATGCAGTTATTGATCGTCAACGTAATCATGGTATTCATTTTCGAGTATTAGCTAAAATTTTACGTATGTCA
GGAGGTGATCACTTACATTCAGGTACAGTTGTAGGTAATTAGAAGGTGAACGTGAAATTACTTTAGGTTTTGTTGACTT
AATGCGTGATGATTACATTGAAAAAGATCGTAGTCGTGGTATATATTTTACTCAGGATTGGGTTTTCGCTTCCCTGGAACAA
TTCCAGTAGCTTCAGGTGGTATTCATGTATGGCATATGCCAGCATTAGTTGAAATTTTTGGTGATGATGCGTGTTTTACAA
TTTGGTGGTGGAACATTAGGACATCCATGGGGTAATGCTCCAGGAGCAGCAGCAAATCGTGTTGCTTTAGAAGCTTGTAC
ACAAGCTCGAAATGAAGGACGTGATTTAGCTGCTCAAGGTGGTATGTTATTTCGTGCTGCTTGTAAATGGAGTCCTGAAT
TAGCTGCAGCTTGTGAAGTATGGAAAGAAATTAATTTGAATTTGATACTATT

>KC767960.1 *Jaoa bullata* ribulose-1,5-bisphosphate carboxylase/oxygenase large subunit (rbcL) gene, partial cds; chloroplast

TATCGTTTAACTTATTATACACCTGATTATCAAGTAAAAGATACTGATATTTTAGCAGCTTTCCGTATGACTCCTCAACC
AGGAGTACCTGCAGAAGAGGCTGGTGCAGCAGTAGCTGCTGAATCATCAACAGGAACCTGGACAACCTGTATGGACTGATG
GTTTAAACATCTTTAGATCGTTATAAAGGTCGTTGTTACGATATTGAACCATTAGGAGAAGATGATCAATATATTTGTTAT
ATTGCATATCCATTAGATTTATTTGAAGAAGGTTCTGTTACAAATTTATTTACTTCAATTGTAGGTAATGTTTTTGGTTTT
TAAAGCATTACGTGCTTTACGTTTAGAAGATTTACGTATTCACCTGCTTATACTAAAACCTTTCCAAGGGCCACCACATG
GTATTCAAGTAGAACGTGATAAATTAATAAATATGGAAGAGGTTTGTAGGTTGTACAATTAACCCAAAATTAGGTCTT
TCCGCTAAAATTTACGGTCGTGCTGTTTTACGAATGTTTACGTGGTGGTCTTGATTTTACAAAAGATGATGAAAATGTAAA
TTCTCAACCATTTATGCGCTGGCGTGATCGTTTTCTTATTTACTGCTGAAGCTATTTATAAATCTCAATCTGAAACTGGTG
AAGTAAAAGGACATTATTTAAATGCTACAGCAGGTACCTGTGAACAAATGATGGAACGTGGACAATTTGCTAAAGATTTA
GGTGTTCCAATTATTATGCATGATTATATTACGGGTGGTTTTACAGCTAATACATCATTAGCACATTTTTGTCGTGCTAG
TGGATTATTATTACATATTCACCGTGCAATGCATGCAGTTATTGATCGTCAACGTAATCATGGTATCCATTTTTCGAGTGT
TAGCAAAAATTTTACGTATGTCAGGAGGTGATCACTTACATTCAGGTACAGTTGTAGGTAAATTAGAAGGTGAACGTGAA
ATTACTTTAGGTTTTGTTGACTTAATGCGTGATGATTACATTGAAAAAGATCGTAGTCGTGGTATTTATTTTACACAAGA
TTGGGTGTCGCTTCCCTGGAACAATTCAGTAGCTTCAGGTGGTATTCATGTATGGCATATGCCAGCATTAGTTGAAATTT
TTGGTGATGATGCATGTTTACAATTTGGTGGTGGAACTAGGACATCCATGGGGTAACGCGCCAGGAGCAGCGGCAAAT
CGTGTGCTTTAGAAGCTTGTACACAAGCTCGAAATGAAGGACGTGATTTAGCTGCTCAAGGTGGTATGTTATTTCGTGC
CGCTTGTAAATGGAGTC

>KY283837.1 *Oocystis borgei* isolate LX43 ribulose-1,5-bisphosphate carboxylase/oxygenase large subunit (rbcL) gene, partial cds; chloroplast

TTAACATACTATACACCAGATTATCAAGTAAAAGATACTGATATTTTGCAGCATTCCGTATGACACCACAACCAGGTGT
ACCACCAGAAGAATGTGGTGCAGCTGTAGCAGCTGAATCATCTACAGGTACTTGGACAACCTGTATGGACTGACGGTTTTAA
CTACTCTAGATCGATACAAAGGTCGTTGTTATGATATCGAACCAGTTCCCTGGTGAAGAGAACCAATATATTGCATATGTA
GCATATCCTTTAGATCTATTCGAAGAAGGTTCTGTTACAAACTTATTTACATCAATCGTAGGTAACGTATTCGGTTTTCAA
AGCTTTACGTGCATTACGTTTAGAAGATCTTCGTATTCCCTCCAGCTTACGCTAAAACCTTTCCAAGGTCCTCCACACGGTA
TTCAAGTTGAACGTGACAACTAAACAAATATGGACGTGGTCTTTTAGGTTGTACAATTAACCTAAATTAGGTTTTATCA
GCTAAAACCTACGGTCGTGCTGTTTTATGAGTGTTTACGTGGTGGTCTAGATTTTACTAAAGATGATGAAAACGTAAACTC
ACAACCATTTATGCGTTGGAGAGATCGTTTCTTATTCGTAGCAGAAGCTACTTATAAAGCACAAGCAGAACTGGTGAAA
TTAAAGGTCACTATTTAAACGCTACTGCTGGTACTGCTGAAGAAATGATTAACGTCAGTATGTGCAAAAAGAAGTGGT
GTACCTATTATTATGCACGACTACATTACAGCAGGTTTTCAGTGCAAATACTAGCTTAGCTAACTACTGTGCTGATCATGG
TCTACTTCTACACATTCACCGTGCAATGCACGCTGTAATTGACCGTCAAAGAAATCATGGTATTCACCTCCGTGTTTTAG
CGAAAATTTCTCGTATGCTGGTGGTATCACTTACACTCAGGTACTGTTGTAGGTAAACTAGAAGGTGAACGTGAAGTA
ACTTTAGGTTTTCGTTGATCTAATGCGTGATGATTACATTGAGAAAGATCGTAGCCGTGGTATTTACTTTACTCAAGATTG
GGCTTCTCTACCTGGTGTAAATGCCAGTAGCTTCTGGTGGTATTCACGTATGGCACATGCCGGCTCTTGTGAGATCTTTG
GTGATGATGCTTGTTTACAATTCGGTGGTGGTACTCTAGGTCACCCTTGGGGTAATGCTCCAGGTGCTGTTGCAAAACCGT
GTTGCTTTAGAAGCTTGTACACAAGCTCGTAACGAAGGTGCTGATTTAGCACGTGAAGGTGGTGAC

>JQ963236.1 *Ulva prolifera* isolate 201106107-1-1r ribulose-1,5-bisphosphate carboxylase/oxygenase large subunit (rbcL) gene, partial cds; chloroplast
GCAGGTGCAGGATTTAAAGCTGGTGTAAAAGATTACCGTTTAACTTATTACACGCCTGATTATCAAGTAAAAGATACTGA
TATTTTAGCAGCATTCCGTATGACTCCTCAACCAGGAGTACCAGCAGAAGAAGCGGGTGC GGCTGTTGCTGCTGAATCAT
CAACAGGTACTTGGACAACCTGTATGGACTGATGGTTTAAACATCTTTAGATCGTTATAAAGGTCGTTGTTATGACATTGAA
CCATTAGGAGAAGATGATCAATATATTGCTTATATTGCTTATCCTTTAGATTTATTTGAAGAAGGTTTCAGTTACAACTT
ATTTACTTCAATCGTAGGTAATGTTTTGGTTTTAAAGCTTTACGTGCTTTACGTTTAGAAGATTTACGTATTCCACCAG
CTTATGTTAAAACATTTCCAAGGTCCACCTCACGGTATTTCAGGTTGAACGTGATAAATTAACAATAATATGGTCGTGGTTTA
TTAGGTTGTACAATTAACCAAAAATTAGGTCTTTCAGCTAAAAACTATGGACGTGCTGTTTATGAGTGTTCACGAGGTGG
TCTTGATTTTACAAAAGATGATGAAAACGTAAACTCACAACTTTTCATGCGTTGGCGTGATCGTTTCTTATTTGTTGCTG
AAGCAATTTATAAATCTCAAGCTGAAACTGGTGAGGTTAAAGGACATTACTTAAATGCAACAGCAGGTACATGTGAAGAA
ATGATGGAACGTGGTCAATTTGCTAAAGATTTAGGTGTTCCAATTATTATGCATGACTATATTACTGGTGGTTTTACAGC
TAACACTTCATTAGCTCATTCTGTGCTGCTAGTGGATTATTATTACACATTACCAGTGCATGCACGCTGTTATTGATC
GTCACGTAATCACGGTATTACCTCCGAGTATTAGCGAAAATTTTACGTATGTCAGGTGGTGACCACTTACACTCAGGA
ACAGTTGTAGGTAATTAGAAGGTGAACGTGAAATTTACTTTAGGTTTCGTTGACTTAATGCGTGATGATTACATTGAAAA
AGATCGTAGTCGTGGTATTTATTTTACACAAGACTGGGTTAGTTTACCAGGTACAATGCCTGTAGCTTCTGGTGGTATTC
ACGTTTGGCACATGCCAGCATTAGTTGAAATTTTGGTGATGACGCATGTTTACAATTTGGTGGTGGTACATTAGGACAC
CCTTGGGGTAATGCTCCAGGAGCCGCTGCAAACCGTGTGCTTTAGAAGCTTGTACACAAGCTCGAAATGAAGGGCGTGA
TTTAGCATCTGAAGGTGGTGTGTAATTCGTGCTGCTTGTAAATGGAGTCCTGAATTAGCTGCAGCTTGTGAAGTTTGA
AAGAAATTAATTTGAATTTGATA

>FJ715715.1 *Acrochaete repens* strain E093db ribulose-1,5-bisphosphate carboxylase/oxygenase large subunit (rbcL) gene, partial cds; chloroplast
GATTATCGTTTAACTTATTATACACCAGATTATCAAGTAAAAGATACTGATATTTTAGCAGCTTTTCGTATGACTCCTCA
ACCAGGGGTTCCCTGCAGAAGAAGCTGGTGCAGCAGTTGCTGCTGAATCATCAACAGGTACTTGGACAACCTGTATGGACAG
ATGGTTTAAACATCTTTAGATCGTTATAAAGGTCGTTGTTATGACATTGAACCGTTAGGAGAAGATGATCAATATATTGCA
TATATTGCGTATCCATTAGATTTATTTGAAGAAGGATCTGTTACAAATTTATTTACTTCAATTGTAGGTAACGTTTTTGG
TTTTAAAGCTTTACGTGCTTTACGTTTAGAAGATTTACGTATTCACCAGCTTATACTAAAACCTTTCCAAGGACCACCAC
ATGGTATTCAGTTGAACGTGATAAATTAATAAATATGGACGAGGTCTATTAGGTTGTACAATTAACCAAAAATTAGGT
CTTTCAGCTAAAAATTTATGGTCGTGCTGTTTACGAATGTTTACGTGGTGGTCTTGATTTTACAAAAGATGATGAAAACGT
AAATTCCTCAACCATTTATGCGTTGGCGTGATCGTTTCTTATTTACTGCTGAAGCAATTTATAAATCTCAGTCTGAAACTG
GTGAAGTTAAAGGACATTATTTAAATGCTACAGCAGGAACATGTGAACAGATGATGGAACGTGCACAATTTGCTAAAGAT
TTAGGTGTTCCGATTGTTATGCATGACTATATCACTGGTGGTTTTACAGCTAATACTTCATTAGCACATTTCTGTGCTGC
TAGTGGATTATTATTACATATTCACCGTGCAATGCACGCAGTTATCGATCGCCAACGTAATCACGGTATTCATTTCCGAG
TATTAGCAAAAATTTACGTATGCTGGAGGTGATCATTACATTCAGGTACAGTTGTAGGTAATTAGAAGGTGAACGT
GAAATTACTTTAGGTTTTGTTGACTTAATGCGTGATGATTACATTGAAAAAGATCGTAGTCGTGGTATTTACTTTACGCA
AGATTGGGTTTCACTTCCGGAACAATTCAGTAGCTTCAGGTGGTATCCATGTATGGCATATGCCAGCATTAGTTGAAA
TTTTTGGTGATGATGCATGTTTACAATTTGGTGGTGGAACATTAGGACATCCATGGGGTAATGCTCCAGGAGCTGCTGCA
AATCGTGTGCTTTAGAAGCTTGTACACAAGCTCGAAATGAAGGACGTGATTTAGCTGCTCAAGGTGGTGACGTTATCCG
TGC

>AF157390.1 *Lepocinclis ovata* ribulose-1,5-bisphosphate carboxylase/oxygenase large subunit (rbcL) mRNA, partial cds; chloroplast gene for chloroplast product
CATGGACTACTGTTTGGACAGATGGTTTAAACAATTAGATAGATATAAAGGTCGTTGTTATGATCTTGAACCAGTCCCT
GGAGAAAGTAATCAATATATTGCTTATATTGCATATCCTATTGATCTTTTTGAAGAAGGATCAGTTACTAACCTTTTAAAC
TTCTATTGTAGGTAACGTATTTGGTTTTCAAAGCTCTTCGTTCTCTTCGTTTAGAAGATTTACGTATTCACCTGCATATG
CTAAAACTTTTGGGGTCCCTCCACATGGTATTCAGTAGAAAAGAGACAGATTAATAAATATGGACGTCCATTACTTGGA
TGACTATTAAACCAAAAATTAGGTCTTCTGCTAAAACACTACGGAAGAGCTGTATATGAATGTCTTCGTGGTGGATTGGA
CTTACTAAAGATGACGAAAACGTTAACTCACAACTTTTTATGCGTTGGAGAGACCGTTTTCTTTTCTGTGCTGAAGCCA
TTTATAAAGCTCAAACAGAACTGGTGAATCAAAGGACATTATTTAAATGCAACAGCAGGTACTTGTGAAGAAATGTAC
AAAAGAGCAGCTTATGCAGCTCAGATAGGGGTTCCCATCATAATGCATGACTATATTACTGGTGGTTTTACAGCTAACAC
TTCATTATCTATGTACTGTCGTGATAATGGTTTATTACTTCACATTCACCGTGCATGCACGCTGTAATTGACCGTCAAA
GAAATCATGGTATTCATTTCCGTGTTCTTGCTAAAACACTTCGTATGTCAGGTGGTGTATCCTTCATTCAGGTACTGTT
GTAGGTAATTAGAAGGAGAACGTGAAGTAACTTAGGGTTTCGTAGACTTAATGCGTGATCCTTATGTAGAAAAAGATCG
TTCTAGAGGTATTTACTTTACACAAGACTGGTGTGGTTTTGGGTGGTACAATGCCAGTGGCTTCAGGTGGTATTCATGTTT

GGCATATGCCTGCTTTAACAGAAATTTTTGGAGATGATGCTTGTCTTCAATTTGGTGGTGGAACCTTTAGGTCA

>OP265104.1 *Ulva capillata* voucher DK_020 ribulose-1,5-bisphosphate carboxylase/oxygenase large subunit (rbcL) gene, partial cds; chloroplast
AAAGATTACCGTTTAACTTATTACACGCCTGATTATCAAGTAAAAGATACTGATATTTTAGCAGCTTTCCGTATGACTCC
TCAACCAGGAGTACCGGCAGAAGAAGCTGGTGC GGCTGTTGCTGCTGAATCATCAACAGGTACTTGGACAACCTGTATGGA
CTGATGGTTTAAACATCTTTAGATCGTTATAAAGGTCGTTGTTATGATATTGAACCGTTAGGAGAAGACGACCAATATATT
GCTTATATTGCTTATCCGTTAGACTTATTTGAAGAAGGGTCGGTTACAAACTTATTTACTTCAATTGTAGGTAACGTTTT
TGGTTTTTAAAGCTTTACGTGCTTTACGTTTAGAAGATTTACGTATTCCACCAGCTTATGTTAAAACATTCCAAGGTCCGC
CTCATGGTATTCAGGTTGAACGTGATAAATTAACAAATATGGTCGTGGTTTTATTAGGTTGTACAATTAACCAAATA
GGTCTTTACAGTAAAAACTATGGACGTGCTGTTTATGAATGTTTACGAGGTGGTCTTGATTTTACAAAAGATGATGAAAA
CGTAAACTCACAACTTTTATGCGTTGGCGTGATCGTTTCTTATTTGTTGCTGAAGCAATTTATAAATCTCAAGCTGAAA
CTGGTGAGGTTAAAGGACATTACTTAAATGCAACAGCAGGTACATGTGAACAAATGATGGAACGTGGTCAATTTGCTAAA
GATTTAGGTGTTCCAATTATTATGCATGACTACATTACTGGTGGTTTTACAGCTAATACTTCAATTATCTAATTTCTGTGCG
TGCTAGTGGATTATTATTACACATTCACCGTGCATGCACGCTGTTATTGACCGTCAACGTAATCATGGTATTCACTTCC
GAGTTTTAGCTAAAATTTACGTATGTCAGGTGGTGACCACTTACACTCAGGAACAGTAGTAGGTAAATTAGAAGGTGAA
CGTGAATTTACTTTAGGTTTCGTTGACTTAATGCGTGACGATTACATTGAAAAAGATCGTAGTCGTGGTATTTACTTTAC
ACAAGATTGGGTTAGTTTACCAGGTACAATGCCTGTAGCTTACAGGTGGTATTCATGTTTGGCATATGCCAGCATTAGTTG
AAATCTTTGGTGATGATGCATGTTTACAATTTGGTGGTGGTACATTAGGACACCCTTGGGGTAATGCTCCAGGAGCTGCT
GCAAACCGTGTGCTTTAGAAGCTTGACACAAGCTCGAAATGAAGGACGTGATTTAGCATCTGAAGGTGGTGACGTAAT
TCGTGCTGCTTGTAATGGAGTCCTGAATTAGC

>AJ001885.1 *Dysmorphococcus globosus* partial rbcL gene for ribulose bisphosphate carboxylase large subunit, strain SAG 20-1
GCTGGATTTAAAGCAGGTGTAAAAGATTACCGTCTTACTTATTATACTCCAGACTATGTTGTAAAAGATACAGATATTTT
AGCAGCATTCCGTATGACACCTCAGCCAGGTGTTCCGCCAGAAGAGTGTGGTGTGCTGCTGTTGCTGCTGAATCTTCAACAG
GTACATGGACTACAGTATGGACTGATGGTCTAACAAGTTTAGATCGTTATAAAGGTCGTTGTTATGACATTGAGCCGGTT
CCTGGCGAAGACAATCAATATATTGCTTATGTTGCTTATCCAATTGACTTATTTGAAGAAGGTTCTGTTACAAACATGTT
TACTTCAATTGTAGGTAACGTATTTGGGTTCAAAGCTTTACGTGCCTTACGTCTTGAAGATTTACGTATTCCTCCAGCTT
ATGTA AAAACATTCTCTGGACCTCCACATGGTATTCAAGTAGAACGTGACAAAATCAATAAATATGGTCGTGGTCTTTTA
GGTTGTACAATTAACCAAATTTAGGTTTATCAGCTAAAAACTATGGACGTGCAGTTTTATGAATGTTTACGTGGTGGTTTT
AGATTTACAAAAGATGATGAAAACGTAAACTCACAAACATTTATGCGTTGGAGAGACCGTTTTCTTATTTGTTGCTGAAG
CAATTTATAAAGCTCAAGCTGAAACTGGTGAAGTTAAAGGTCATTATTTAAATGCTACTGCAGGTACTGCAGAAGAAATG
TTAAAACGTGCACAATGTGCTAAAGAATTAGGTGTACCTATTATTATGCATGACTATTTAACAGGTGGTTTTCACTGCTAA
CACTTCTTTAGCTATTTATTGTCGTGATCATGGTTTTATTATTACACATTCACCGTGAATGCACGCTGTTATTGACCGTC
AAAGAAATCATGGTATTCACTTCCGTGTTCTTGCTAAAGCTTTACGTATGTCTGGTGGTGTATTTTACACTCTGGTACA
GTTGTAGGTAAATTAGAAGGTGAACGTGAAGTAACTTTAGGTTTTGTTGACTTAATGCGTGATGATTATATTGAAAAAGA
TCGTAGTCGTGGTATTTACTTTACACAAGACTGGTGTCTATGCCTGGTGAATGCCTGTTGCTTACAGGTGGTATTCATG
TTTGGCAT

>KY283834.1 *Oocystis lacustris* isolate LXD12 ribulose-1,5-bisphosphate carboxylase/oxygenase large subunit (rbcL) gene, partial cds; chloroplast
TTAACATACTATACACCAGATTACCAAGTTAAAGATACTGATATTCTTGCAGCTTTCCGTATGACACCTCAACCAGGTGT
TCCACCAGAAGAGTGTGGTGCAGCGGTAGCAGCTGAATCATCTACTGGTACTTGGACAACCTGTATGGACAGATGGTCTAA
CTACTCTAGATCGATACAAAGGTCGTTGTTATGATATCGAACCAGKTCCTGGTGAAGAAAATCAATATATTGCATATGTA
GCTTATCCGCTAGATCTTTTTGAAGAAGGTTCTGTTACAAACCTACTAACTTCTATTGTAGGTAACGTTTTTGGTTTTCAA
AGCTCTTCGTGCATTACGTCTAGAAGATCTTCGTATTCCACCAGCTTATGCAAAAACCTTCCAAGGTCCTCCACACGGTA
TTCAAGTTGAACGTGACAAATTAACAAATATGGACGTGGTCTTTTAGGTTGTACAATTAACCAAACCTAGGTTTATCA
GCTAAAAACTATGGTGTGCTGTTTACGAATGTTTACGTGGTGGTCTAGATTTTACAAAAGATGATGAAAACGTAAACTC
TCAACCATTTATGCGTTGGAGAGATCGTTTTCTTATTCGTTTTCAGAAGCAATTTATAAAGCTCAAGCTGAAACAGGTGAAA
TTAAAGGTCACTATTTAAATGCAACTGCGTCACACAGTGATGAAATGATCAAACGTGCTGAATGTGCTAAAGAACTAGGT
GTACCTATTATTATGCACGACTATATCACTGCTGGTTTTACTGCTAACACTTCTTTAGCAGAATACTGTGCTGATCATGG
TCTACTTCTACACATTCACCGAGCAATGCACGCGGTTATTGACCGTCAAAGAAATCACGGTATCCACTTCCGTGTTTTAG
CAAAGCTCTTCGTATGCTGGTGGTGACCACTTACATTCTGGTACTGTTGTAGGTAAACTAGAAGGTGAACGTGAAGTA
ACTTTAGGTTTCGTTGATCTAATGCGTGACGATTACATTGAAAAAGATCGTAGTCGTGGTATTTACTTTACTCAAGACTG
GGCATCTCTACCTGGTGAATGCCAGTAGCGTCTGGTGGTATTCACGTATGGCATATGCCAGCTCTTGTAGAAATCTTCG

GTGATGATGCATGTCTACAATTTGGTGGTGGTACTCTAGGTCACCCTTGGGGTAACGCTCCTGGTGCTGCTGCAAACCGT
GTAGCTCTAGAAGCTTGTACACAAGCTCGTAACGAAGGTCGTGACCTTGCTCGTGAAGGTGGTGAC

>AF189063.1 *Prasiola fluviatilis* ribulose biphosphate carboxylase large subunit (rbcL) gene, partial cds; chloroplast gene for chloroplast product

TTACTACACTCCAGATTATCAAGTAAAAGAACTGATATTCTTGCAGCTTTTCGTATGACTCCTCAATCAGGAGTTCCGG
CTGAAGAATGTGGGGCAGCTGTTGCAGCTGAATCTTCAACTGGTACATGGACAACCTGTATGGACTGATGGATTAACAAGC
TTAGACAAATATAAAGGTCGTTGTTATGATATCGAACCAAGTTGCAGGTGAAGACAACCAATATATTGCATACGTAGCATA
TCCTCTTGATTTGTTTGAAGAAGGTTCTGTAACAAATTTATTTACATCGATTGTAGGAAACGTTTTTGGATTTAAAGCGC
TTCGTGCCTTACGTCTGGAAGATTTACGTATTCCACCTGCATACGCAAAAACGTTTTCAAGGAGCTCCTCATGGAATTCAA
GTTGAACGTGATAAATTAATAAATACGGTCGTGGTTTTATTAGGTTGTACAATTAACCTAAATTAGGTTCTTTCAGCTAA
AAACTATGGTCGAGCTGTTTATGAATGTTTACGTGGTGGATTAGACTTTACAAAAGATGATGAAAATGTAAATTTCTCAGC
CATTTATGCGTTGGAGAGATCGTTTTTTTATTTGTAGCAGAAGCGATTTACAAATCTCAAGCAGAAACAGGGGAAATTTAA
GGCCATTATCTAAACGCAACTGCTGGAACGTGTGAAGAAATGATGAAACGTGCAGAATATGCAAAAAGACCTTGGTATGCC
AATTGTTATGCACGATTACCTAACAGGTGGTTTTACTGCAACACATCATTATCACTTTATTGTCTGATAACGGTTTTAT
TACTTCACATTCACCGTGAATGCATGCTGTAATTGATCGTCAAAAAAATCATGGTATGCATTTCCGTGTTCTTGCTAAA
GCATTACGTTTATCGGGTGGTGATCATCTTCACTCAGGTACTGTTGTTGGTAAATTTGGAAGGTGAACGAGAAGTTACTTT
AGGATTCGTTGATTTAATGCGTGATGATTATATTGAAAAAGATCGAAGCCGTGGAATTTATTTTACTCAAGATTGGGTGT
CACTTCCGGGTGTTATGCCAGTAGCTTCTGGTGGTATTCATGTATGGCACATGCCTGCCTTAGTAGAGATTTTTTGGTGAT
GATGCATGTTTACAATTTGGTGGTGGTACTCTTGACACCCTTGGGGTAATGCACCAGGTGCAGCAGCAAACCGTGTTGC
CTTAGAAGCTTGTACTCAAGCTCGTAATGAAGGACGAGATCTTGCTCGTGAAGGTGGAGATGTCATTCGTGCAGCATGTA
AATGGAGTCCTGAATTAGCGGCTGCTTGTGAAGT

>AF189065.1 *Prasiola linearis* ribulose biphosphate carboxylase large subunit (rbcL) gene, partial sequence; chloroplast gene for chloroplast product

GGTTTAAGCAGGGGTAAAAGATTACCGACTAACTTACTACACTCCAGATTATCAAGTAAAAGAACTGATATTCTTGCAG
CTTTTCGTATGACTCCTCAATCAGGGTTCCAGCTGAAGAATGTGGTGCAGCTGTTGCAGCTGAATCTTCCGACTGGTACA
TGGACAACCTGTGTGGACTGATGGATTAACAAGTTTAGATAAATATAAAGGTCGTTGTTATGACATTGAACCAGTTGCAGG
TGAAGACAACCAATATATTGCATATGTAGCATAACCTCTTGATTTATTTGAAGAAGGTTCCGGTAACAAATTTATTTACAT
CAATTGTAGGAAACGTTTTTGGATTTAAAGCACTTCGTGCTCTACGTCTTGAAGATTTACGTATTCCACCTGCATACTCA
AAAACGTTTTCAAGGAGCTCCTCATGGAATTCAGTTGAACGTGATAAATTAATAAATACGGTCGTGGTTTTATTAGGTTG
TACAATTAACCTAAATTAGGTTCTTTCGGCTAAAAACTATGGTGCAGCAGTTTATGAGTGTTTACGTGGTGGATTAGACT
TTACAAAAGATGATGAAAACGTAAATTCCTCAACCATTTATGCGTTGGAGAGATCGTTTTTTTATTTGTAGCTGAAGCAATT
TACAAATCTCAAGCAGAGACTGGCGAAATTAAGGTCATTATCTAAATGCAACTGCTGCAACATGTGAAGAAATGATGAA
ACGTGCAGAGTATGCCAAAGACCTTGGTATGCCAATTGTTATGCATGATTACTTAACGGGTGGTTTTACTGCAAATACAT
CATTATCACTTTATTTGTCGTGACAACGGTTTTTACTTCACATTCACCGCGCAATGCACGCTGTAATTGATCGTCAAAAA
AATCATGGTATGCATTTCCGTGTTCTTGCTAAAGCATTACGTTTGTCCGGTGGTATCATCTTCACTCTGGTACTGTTGT
TGTTAAATTAGAAGGTGAACGAGAAGTTACTTTAGGATTTGTTGATTTAATGCGTGACGATTATATTGAAAAAGATCGAA
GCCGTGGAATTTATTTTACTCAAGATTGGGTATCACTTCCCTGGTGTATGCCAGTAGCTTCTGGTGGTATTCATGTATGG
CATATGCCTGCATTAGTAGAAATTTTTGGTGTATGATGCATGTTTACAATTTGGTGGTGGTACTCTTGGTCACCCTTGGGG
TAATGCACCAGGTGCAGCAGCAAACCGAGTTGCTTTAGAAGCTTGTACTCAAGCTCGTAATGAAGGACGTGATCTTGCCA
GAGAAGGTGGAGATGTTATTCGTGCAGCATGTAATGGAGCCCTGAATTAGCAGCTGCTTGTGAAGT

>JN102134.1 *Jaoa prasina* ribulose-1,5-biphosphate carboxylase/oxygenase large subunit (rbcL) gene, partial cds; chloroplast

TTATACACCTGATTATCAAGTAAAATATACTGATATTTTAGCAGCTTTCGGTATGACTCCTCAACCAGGAGTTCCCTGCGG
AAGAGGCTGGTGCAGCAGTAGCTGCTGAATCATCAACAGGTACTTGGACAACCTGTATGGACGGATGGTTTAAACATCTTTA
GATCGTTATAAAGGTCGTTGTTATGATATTGAACCATTAGGAGAAGATGATCAATATATTTGTTATATTGCATATCCATT
AGATTTATTTGAAGAAGGATCTGTTACAAATTTATTTACTTCAATTGTAGGTAATGTTTTTGGTTTTAAAGCATTACGTG
CTTTACGTTTGAAGATTTACGTATTCCACCTGCTTATACTAAAACCTTTTCAAGGACCACCACATGGTATTCAAGTAGAA
CGTGATAAATTAATAAATATGGAAGAGGTTTTATTAGGTTGTACAATTAACCAAAAATTAGGTTCTTCTGCTAAAAATTA
TGGTCGTGCTGTTTACGAATGTTTACGTGGTGGTCTTGATTTTACAAAAGATGATGAAAATGTAAATTTCTCAACCATTTA
TGCGTTGGCGTGATCGTTTTCTTATTTACTGCTGAAGCTATTTATAAATCTCAATCTGAAACTGGTGAAGTTAAAGGACAT
TATTTAAATGCTACAGCAGGAACATGYGAACAAATGATGGAACGTGGACAATTTGCTAAAGATTTAGGTTGTTCCAATTAT
TATGCATGATTATATTACTGGTGGTTTTTACAGCTAATACATCATTAGCACATTTTTTGTCTGCTAGTGGATTATTATTAC
ATATTCATCGTGCAATGCATGCAGTTATCGATCGTCAACGTAATCATGGTATTCATTTTTCGAGTATTAGCTAAAATTTTA

CGTATGTCAGGAGGTGATCACTTACATTACAGGTACAGTTGTAGGTAAATTAGAAGGTGAACGTGAAATTACTTTAGGTTTT
TGTTGACTTAATGCGTGATGATTACATTGAAAAAGATCGTAGTCGTGGTATATATTTTTACGCAGGATTGGGTTTTCGCTTC
CTGGAACAATTCCAGTAGCTTCAGGTGGTATTACAGTATGGCATATGCCAGCATTAGTTGAAATTTTTGGTGATGATGCA
TGTTTACAATTTGGTGGTGAACATTAGGACATCCATGGGGTAATGCTCCAGGAGCAGCAGCAAATCGTGTGGCTTTAGA
AGCGTGACACAAGCTCGAAATGAAGGACGTGATTTAGCTGCTCAAGGTGGTGTGTTATTCGTGCTGCT

>AY035984.1 *Lepocinclis ovum* strain SAG 1244-8 ribulose-1,5-bisphosphate
carboxylase/oxygenase large subunit (rbcL) mRNA, partial cds; chloroplast
CATGGACTACTGTTTGGACTGATGGATTAACCTCAGCTAGACAGATATAAAGGTGCTTGTACGATTTAGAGCCTGTTCCA
GGTGAAGCAATCAGTATATTGCTTATGTTGCTTATCCAATTGAATTGTTTGAAGAAGGATCTGTTACAACTTATTAAC
TTCTATTGTAGGTAACGTTTTTGGTTTTAAAGCTCTTCGTGCTTTACGTTTGAAGATTTACGTATTCCACCAGCTTATG
TTAAAACTTTCTGGGGTCCCTCCTCATGGTATTCAGTTGAGCGTGATAAACTTAACAAATACGGACGACCTTTACTTGGA
TGACTATTAAACAAAATTAGGTTTTGTCAGCTAAAACTATGGTCGTGCAGTTTATGAGTGTGTTGCGTGGTGGGTTAGA
CTTTACTAAAGATGACGAAAACGTAAACTCACAATCATTATGCGTTGGCGTGATCGTTTTCTTTTCTGTGCAGAAGCTA
TTTATAAAGCGCAAAATGAACTGGTGAATCAAAGGTCATTATTTAAATGCTACAGCAGGAAATGTTGAAGAAATGTAT
AAAAGAGCGATTTTTGCTGCTCAGATCGGAGTTCCGATCGTGATGCATGACTATTTGACAGGAGGTTTTACAGCTAACAC
TTCGTTATCTATGTATTGCCGTGATAATGGTTTTACTTTCATATTCACAGAGCTATGCACGCTGTTATTGACCGTCAAA
GAAATCATGGTATTCACCTCCGTGTTTTAGCTAAAACTCTTCGTATGTCTGGTGGTGTATCACCTTCATTACAGGTACAGTT
GTAGGTAATTTAGAAGGTGAACGTGAAGTTACTTTAGGATTTGTTGATTTAATGCGCGATGCTTATATTGAAAAAGATCG
TTCACGTGGTATTTATTTTACTCAAGACTGGTGTGGTTTTAGGTGGTACTATCCCTGTAGCTTCAGGAGGTATTCACGTTT
GGCATATGCCTGCTCTTGTGATATTTTGGGTGATGATGCTTGTCTTCAATTTGGTGGTGGAACTTTAGGTCA

>EU484407.1 *Umbraulva olivascens* voucher GALW0015530 ribulose-1,5-bisphosphate
carboxylase/oxygenase large subunit (rbcL) gene, partial cds; chloroplast
ACTGGCTTTAAAGCTGGTGTAAAAGATTACCGTTAACTTATTACACACCTGATTATCAAGTAAAAGATACTGATATTTTT
AGCAGCATTTCGTATGACTCCTCAACCAGGAGTACCAGCAGAGGAAGCAGGTGCAGCTGTTGCTGCTGAATCATCAACAG
GTACTTGGACAACGTATGGACTGATGGTTTTAACATCTTTAGATCGTTATAAAGGTGCTTGTATGATATTGAACCATTA
GGTGAAGATGATCAATATATTGCATATATTGCTTATCCTTTAGACTTATTTGAAGAAGGATCAGTTACAACTTATTTAC
TTCAATTGTAGGTAACGTTTTTGGTTTTCAAAGCTTTACGTGCTTTACGTTTGAAGATTTACGTATTCCACCAGCTTATG
TTAAAACATTTCCAAGGTCCACCACATGGTATTCAGTTGAACGTGATAAATTAACAAATATGGTCGTGGTTTTATTAGGT
TGTAACAATTAAACAAAATTAGGTCCTTTCAGCTAAAACTATGGACGTGCTGTTTATGAATGTTTACGAGGTGGTCTTGA
TTTTACAAAAGATGATGAAAACGTAAACTCACAACCTTTTCATGCGTTGGCGTGATCGTTTTCTTATTTGTTGCTGAAGCAA
TTTATAAATCTCAATCTGAACTGGTGAAGTTAAAGGTCATTACTTAAATGCAACAGCAGGTACATGTGAAGAAATGATG
GAACGTGGTCAATTTGCTAAAAGATTTAGGTGTTCCAATTGTTATGCATGACTATATTACTGGTGGTTTTACAGCTAACAC
TTCATTAGCTCATTTCTGTGCTGCTAGTGGGTTATTATTACACATTCACCGTGCAATGCACGCCGTTATTGACCGTCAAC
GTAATCACGGTATCCATTTCCGAGTATTAGCAAAAATCTTACGTATGTCAGGGGGTGACCACTTACATTCAGGAACAGTT
GTAGGTAAACTAGAAGGTGAACGTGAAATTTACTTTAGGTTTTGTTGACTTAATGCGTGATGATTACATTGAAAAAGATCG
TAGTCGTGGTATTTACTTTACACAGGATTGGGTAAGTTTACCTGGAACAATGCCAGTAGCTTCAGGTGGTATTTCATGTAT
GGCACATGCCTGCATTAGTTGAAATTTTCGGTGATGATGCATGTTTACAATTTGGTGGTGGTACATTAGGACACCCTTGG
GGTAATGCTCCAGGAGCTGCTGCAACCCTGTTGCTTTAGAAGCTTGTACACAAGCTCGAAATGAGGGACGTGATTTAGC
ATCTGAAGGTGGTGTGTAATTCGTGCTGCTTGTAAATGGAGTCCTGAATTAGCTGCAGC

>KP233768.1 *Ulva pertusa* strain UL082 ribulose-1,5-bisphosphate
carboxylase/oxygenase large subunit (rbcL) gene, partial cds; chloroplast
ATGTCACCACAAACAGAACTAAAGCAGGTACTGGCTTTAAAGCTGGTGTAAAAGATTACCGTTAACTTATTACACGCC
TGATTATCAAGTAAAAGATACTGATATTTTAGCAGCGTTTCGTATGACTCCTCAACCAGGAGTACCGGCAGAAGAAGCAG
GTGCAGCTGTTGCTGCTGAATCATCAACAGGTACTTGGACAACGTATGGACTGATGGTTTTAACATCATTAGATCGTTAT
AAAGGTCGTTGTTACGATATCGAACCATTTAGGAGAAGACGATCAATATATTGCTTATATTGCTTATCCTTTAGATTTATT
TGAAGAAGGATCAGTTACAACTTATTTACTTCAATTGTAGGTAACGTTTTTGGTTTTAAAGCTTTACGTGCTTTACGTT
TAGAAGATTTACGTATTCCACCAGCTTATGTTAAAACATTTCCAAGGTCCACCTCATGGTATCCAGGTTGAACGTGATAAA
TTAAACAAATACGGTCGTGGTTTTATTAGGTTGTACAATTAACCAAAAATTAGGTCCTTTCAGCTAAAACTATGGACGTGC
TGTTTTATGAATGTTTACGAGGTGGTCTTGATTTTACAAAAGATGATGAAAACGTAAACTCACAACCTTTTCATGCGTTGGC
GTGACCGTTTTCTTATTTGTTGCTGAAGCAATCTATAAATCTCAATCTGAACTGGTGAAGTTAAAGGACATTATTTAAAT
GCAACAGCAGGTACATGTGAAGAAATGATGGAACGTGGTCAATTTGCTAAAAGATTTAGGTGTTCCAATCGTTATGCATGA
CTATATTACTGGTGGTTTTTACAGCTAACCTTCATTAGCTCATTTCTGTGCTGCTAGTGGATTATTATTACATATTCACC
GTGCTATGCACGCTGTTATTGATCGTCAACGTAATCACGGTATTCACCTCCGAGTATTAGCGAAAATTTTACGTATGTCA

GGTGGTGACCACTTACATTACAGGAACAGTAGTAGGTAATAGAAAGGTGAACGTGAAATCACTTTAGGTTTCGTTGACTT
AATGCGTGATGACTATATTGAAAAAGATCGTAGTCGTGGTATTTACTTTACTCAAGATTGGGTTAGTTTACCTGGTACAA
TGCCTGTAGCTTACAGGTGGTATTCACGTGTGGCATATGCCTGCACTAGTTGAAATCTTTGGTGATGATGCATGTTTACAA
TTCGGTGGTGGTACATTAGGACACCCTTGGGGTAATGCTCCAGGAGCCGCTGCAAACCGTGTAGCTTTAGAAGCTTGTAC
ACAAGCTCGAAACGAAGGACGTGATTTAGCATCTGAAGGTGGTGATGTAATTCGTGCTGCTTGTAAATGGAGTCCTGAAT
TAGCTGCAGCTTGTGAAGTATGGAAAGAAATTAATTTGAATT

>OP265107.1 *Ulva capillata* voucher DK_113 ribulose-1,5-bisphosphate
carboxylase/oxygenase large subunit (rbcL) gene, partial cds; chloroplast
AAAGATTACCGTTTAACTTATTACACGCCTGATTATCAAGTAAAAGATACTGATATTTTAGCAGCTTTCCGTATGACTCC
TCAACCAGGAGTACCGGCAGAAGAAGCTGGTGC GGCTGTTGCTGCTGAATCATCAACAGGTACTTGGACAACCTGTATGGA
CTGATGGTTTAAACATCTTTAGATCGTTATAAAGGTCGTTGTTATGATATTGAACCGTTAGGAGAAGACGACCAATATATT
GCTTATATTGCTTATCCGTTAGACTTATTTGAAGAAGGGTCGGTTACAAACTTATTTACTTCAATTGTAGGTAACGTTTT
TGGTTTTAAAGCTTTACGTGCTTTACGTTTAGAAGATTTACGTATTCCACCAGCTTATGTTAAAACATTCCAAGGTCCGC
CTCATGGTATTCAGGTTGAACGTGATAAATTAACAAATATGGTCGTGGTTTTATTAGGTTGTACAATTAACCAAATTA
GGTCTTTCAGTAAAACTATGGACGTGCTGTTTATGAATGTTTACGAGGTGGTCTTGATTTTACAAAAGATGATGAAAA
CGTAAACTCACAACCTTTTATGCGTTGGCGTGATCGTTTCTTATTTGTTGCTGAAGCAATTTATAAATCTCAAGCTGAAA
CTGGTGAGGTTAAAGGACATTACTTAAATGCAACAGCAGGTACATGTGAACAAATGATGGAACGTGGTCAATTTGCTAAA
GATTTAGGTGTTCCAATTATTATGCATGACTACATTACTGGTGGTTTTACAGCTAATACTTCAATTATCTAATTTCTGTG
TGCTAGTGGATTATTATTACACATTCACCGTGCTATGCACGCTGTTATTGACCGTCAACGTAATCATGGTATTCACTTCC
GAGTTTTAGCTAAAATTTTACGTATGTCAGGTGGTGACCATTACACTCAGGAACAGTAGTAGGTAATTAGAAGGTGAA
CGTGAATTTACTTTAGGTTTCGTTGACTTAATGCGTGACGATTACATTGAAAAAGATCGTAGTCGTGGTATTTACTTTAC
ACAAGATTGGGTTAGTTTACCAGGTACAATGCCTGTAGCTTACAGGTGGTATTGATGTTTGGCATATGCCAGCATTAGTTG
AAATCTTTGGTGATGATGCATGTTTACAATTTGGTGGTGGTACATTAGGACACCCTTGGGGTAATGCTCCAGGAGCTGCT
GCAAACCGTGTGCTTTAGAAGCTTGTACACAAGCTCGAAATGAAAGACGTGATTTAGCATCTGAAGGTGGTGACGTAAT
TCGTGCTGCTTGTAAATGGAGTCCTGAAATAGC

>MZ902950.1 *Ulva siganiphyllia* voucher NOU218824 ribulose-1,5-bisphosphate
carboxylase/oxygenase large subunit (rbcL) gene, partial cds; chloroplast
CGTTTAACTTATTACACGCCTGATTATCAAGTAAAAGATACTGATATTTTAGCAGCATTCCGTATGACTCCTCAACCAGG
AGTACCGGCAGAAGAAGCGGGTGCGGCTGTTGCTGCTGAATCATCAACAGGTACTTGGACAACCTGTATGGACTGATGGTT
TAACATCTTTAGATCGTTACAAAGGTCGTTGTTATGACATTGAACCATTAGGAGAAGATGATCAATATATTGCTTATATT
GCTTATCCTTTAGATTTATTTGAAGAAGGTTTCAGTTACAACTTATTTACTTCAATTGTAGGTAATGTTTTTGGTTTTAA
AGCTTTACGTGCTTTACGTTTAGAAGATTTACGTATTCCACCAGCTTATGTTAAAACATTCCAAGGTCCACCTCACGGTA
TTCAGGTTGAACGTGATAAATTAACAAATATGGTCGTGGTTTTATTAGGTTGTACAATTAACCAAATTTGGGTCTTTCA
GCTAAAACATATGGACGTGCTGTTTATGAGTGTTTACGAGGTGGTCTTGATTTTACAAAAGATGATGAAAACGTAAACTC
ACAACCTTTCATGCGTTGGCGTGATCGTTTCTTATTTGTTGCTGAAGCAATTTATAAATCTCAAGCTGAAACTGGTGAGG
TTAAAGGACATTACTTAAACGCAACAGCAGGTACATGTGAAGAAATGATGGAACGTGGTCAATTTGCTAAAGATTTAGGT
GTTCCAATTATTATGCATGACTATATTACTGGTGGTTTTACAGCTAACACTTCATTAGCTCATTTCTGTGCTGCTAGTGG
ATTATTATTACACATTCACCGTGCTATGCACGCTGTTATTGATCGTCAACGTAATCACGGTATTCACTTCCGAGTATTAG
CGAAAATTTTACGTATGTCAGGTGGTGACCACTTACACTCAGGAACAGTTGTAGGTAATTAGAAGGTGAACGTGAAATT
ACTTTAGGTTTCGTTGACTTAATGCGTGATGATTACATTGAAAAAGATCGTAGTCGTGGTATTTATTTTACACAAGATTG
GGTTAGTTTACCAGGTACAATGCCTGTAGCTTCTGGTGGTATTCACGTTTGGCACATGCCAGCATTAGTTGAAATTTTTG
GTGATGACGCATGTTTACAATTTGGTGGTGGTACATTAGGACACCCTTGGGGTAATGCTCCAGGAGCTGCTGCAAACCGT
GTTGCTTTAGAAGCTTGTACACAAGCTCGAAATGAAGGACGTGATTTAGCATCTGAAGGTGGTGATGTAATTCGTGCTGC
TGTAATGGAGTCCTGAATAGC

>EU484405.1 *Umbraulva olivascens* voucher GALW0015529 ribulose-1,5-bisphosphate
carboxylase/oxygenase large subunit (rbcL) gene, partial cds; chloroplast
GGCTTTAAAGCTGGTGTAAAAGATTACCGTTTAACTTATTACACACCTGATTATCAAGTAAAAGATACTGATATTTTAGC
AGCATTTTCGTATGACTCCTCAACCAGGAGTACCAGCAGAGGAAGCAGGTGCAGCTGTTGCTGCTGAATCATCAACAGGTA
CTTGGACAACCTGTATGGACTGATGGTTTAAACATCTTTAGATCGTTATAAAGGTCGTTGTTATGATATTGAACATTAGGT
GAAGATGATCAATATATTGCATATATTGCTTATCCTTTAGACTTATTTGAAGAAGGATCAGTTACAACTTATTTACTTC
AATTGTAGGTAACGTTTTTGGTTTTCAAAGCTTTACGTGCTTTACGTTTAGAAGATTTACGTATTCCACCAGCTTATGTTA
AAACATTTCAAGGTCCACCACATGGTATTCAAGTTGAACGTGATAAATTAACAAATATGGTCGTGGTTTTATTAGGTTGT
ACAATTAACCAAATTTAGGTCTTTCAGCTAAAACCTATGGACGTGCTGTTTATGAATGTTTACGAGGTGGTCTTGATTT

TACAAAAGATGATGAAAACGTAAACTCACAACCTTTCATGCGTTGGCGTGATCGTTTCTTATTTGTTGCTGAAGCAATTT
ATAAATCTCAATCTGAAACTGGTGAAGTTAAAGGTCATTACTTAAATGCAACAGCAGGTACATGTGAAGAAATGATGGAA
CGTGGTCAATTTGCTAAAGATTTAGGTGTTCCAATTGTTATGCATGACTATATTACTGGTGGTTTTACAGCTAACACTTC
ATTAGCTCATTCTGTCTGCTAGTGGGTATTATTACACATTCACCGTGCAATGCACGCCGTTATTGACCGTCAACGTA
ATCACGGTATCCATTTCCGAGTATTAGCAAAAATCTTACGTATGTCAGGGGTGACCACTTACATTCAGGAACAGTTGTA
GGTAAACTAGAAGGTGAACGTGAAATTACTTTAGGTTTTGTTGACTTAATGCGTGATGATTACATTGAAAAAGATCGTAG
TCGTGGTATTTACTTTACACAGGATTGGGTAAGTTTTACCTGGAACAATGCCAGTAGCTTCAGGTGGTATTCATGTATGGC
ACATGCCTGCATTAGTTGAAATTTTCGGTGATGATGCATGTTTACAATTTGGTGGTGGTACATTAGGACACCCTTGGGGT
AATGCTCCAGGAGCTGCTGCAAACCGTGTGCTTTAGAAGCTTGACACAAGCTCGAAATGAGGGACGTGATTTAGCATC
TGAAGGTGGTGATGTAATTCGTGCTGCTGGTAAATGGAGTCCTGAATTAGCTGCAGC

>OQ687104.1 *Ulva chaugulii* isolate RJ265 ribulose-1,5-bisphosphate
carboxylase/oxygenase large subunit (rbcL) gene, partial cds; chloroplast
TTAAAGCTGGTGTAAAAGATTACCGTTTAACTTATTACACGCCTGATTATCAAGTAAAAGATACTGATATTTTAGCAGCG
TTCCGTATGACTCCTCAACCAGGAGTACCAGCAGAAGAAGCTGGTGC GGCTGTTGCTGCTGAATCATCAACAGGTACTTG
GACAACTGTATGGACTGATGGTTTAAACATCTTTAGATCGTTATAAAGGTCGTTGTTACGACATTGAACCATTAGGAGAAG
ACGATCAATATATTGCTTATATTGCTTATCCTTTAGATTTATTTGAAGAAGGGTCAGTTACAAACTTATTTACTTCAATT
GTAGGTAACGTTTTTGGTTTTAAAGCTTTACGTGCTTTACGTTTAGAAGATTTACGTATTCCACCAGCTTACGTTAAAAC
ATTCCAAGGTCCACCTCATGGTATTCAAGTTGAACGTGATAAATTAACAAATATGGTCGTGGTTTTATTAGGTTGTACAA
TTAAACCAAATTAGGTTCTTTCAGCTAAAAACTATGGACGTGCTGTTTATGAATGTTTACGAGGTGGTCTTGATTTTACA
AAAGATGATGAAAACGTAAACTCACAACCTTTCATGCGTTGGCGTGATCGTTTCTTATTTGTTGCTGAAGCAATTTATAA
ATCTCAAGCTGAAACTGGTGAAGTTAAAGGGCATTATTTAAATGCAACAGCAGGTACATGTGAAGAAATGATGGAACGTG
GTCAATTTGCTAAAGATTTAGGTGTTCCAATTATTATGCATGACTATATTACTGGTGGTTTTACAGCTAACACTTCATTA
GCTCATTTCGTCTGCTAGTGGATTATTATTACACATTCACCGTGCTATGCACGCTGTTATTGACCGTCAACGTAATCA
CGGTATTCACTTCCGAGTATTAGCGAAAATTTACGTATGTCGGGTGGTGACCACTTACACTCAGGAACAGTAGTAGGTA
AATTAGAAGGTGAACGTGAAATTACTTTAGGTTTTCGTTGACTTAATGCGTGATGATTACATTGAAAAAGATCGTAGTCGT
GGTATTTACTTTACACAAGATTGGGTTAGTTTTACCAGGTACAATGCCTGTAGCTTCAGGTGGTATTCATGTTTGGCACAT
GCCGGCATTAGTTGAAATTTTCGGTGATGACGCATGTTTACAATTTGGTGGTGGTACATTAGGACACCCTTGGGGTAATG
CTCCAGGAGCCGCTGCAAACCGAGTTGCTTTAGAAGCTTGACACAAGCTCGAAACGAAGGACGTGATTTAGCAGCTGAA
GGTGGTGATGTAATTCGTGCTGCTTGTAATGGAGTCCTGAATTAGCTGCAGCTTGTGAA

>AF189068.1 *Pleurastrum erumpens* ribulose bisphosphate carboxylase large subunit
(rbcL) gene, partial cds; chloroplast gene for chloroplast product
AAAGATTACCGTTTAACTACTATACACCAGAATACCAAGTTAAAGAACTGATATTCTTGCAGCTTTTCGTATGACACC
TCAACCAGGTGTTCCACCAGAAGAAGCTGGTGCAGCAGTAGCAGCAGAATCATCAACAGGTACTTGGACTACTGTATGGA
CTGATGGTTTTAACTAGCTTAGATAGATACAAAGGTCGTTGCTACGATATTGAACCTGTTGCGGGCGAAGAAAACCAATTT
ATTGCATATGTAGCTTATCCACTAGATCTTTTTGAAGAAGGTTCTGTAACATAATTTGTTTACATCTATTGTAGGTAACGT
TTTTGGTTTTAAAGCTCTTCGTGCTTTACGTTTAGAAGATCTTCGTATTCCCTCCTGCTTACGTTAAAACCTTTCCAAGGTC
CTCCTCATGGTATCCAAGTTGAGCGTGATAAACTGAATAAATACGGCCGTTCTCTTCTTGGTTGTACAATCAAACCAAAA
TTAGGACTTTCTGCCAAAAATTTATGGTCGTGCAGTTTATGAGTGTTTACGTGGTGGTCTAGATTTTACTAAAGATGATGA
AAACGTAAATTTCTCAAGCATTATGCGTTGGAGAGATCGTTTTCTTTTTGTAGCTGAAGCGCTTTACAAATCACAAGCAG
AAACGGGTAAAATTTAAAGGTCATTACTTAAACGCTACAGCCGGTACTTGTGAAGAAATGCTAAAAAGAGCTGAGTGTGCA
AAAGAATTAGGTGTACCTATTATCATGCATGACTATTTAACTGGTGGTTTTACTGCAAACACTACTTTGGCTCATTACTG
CCGCGATCATGGTCTATTATTACACATTCACAGAGCTATGCATGCTGTTATTGACCGTCAAAGAAACCATGGTATGCATT
TCCGTGTTTTAGCAAAGCTCTTCGTTTATCTGGTGGTGACCATTTACACTCAGGTACTGTTGTAGGTAAATTTAGAAGGT
GAGCGTGAAGTAACTTTAGGTTTTGTAGATCTAATGCGTGATGATTACGTTGAAAAAGATCGTAGCCGTGGTATCTACTT
TACTCAAGACTGGGTATCTCTACCAGGTACAATGCCAGTAGCTTCTGGTGGTATTACGTTTTGGCATATGCCTGCCTAG
TTGAAATCTTTGGTGATGATGCTTGTTTACAATTCGGCGGTGGAACACTGGGCCATCCGTGGGGTAACGCTCCTGGTGCA
GCTGCAAACCGCTTGTCTTTAGAAGCATGTGTACAAGCTCGTAACGAAGGACGTGATTTAGCTCGTGAAGGTGGTGATGT
TATTCGTGCTGCTTGCAAGT

А.Э. СВЕРДРУП, Л.Л. ФРОЛОВА

**ПРОГРАММА МЕГА ДЛЯ ПОСТРОЕНИЯ И АНАЛИЗА
МОЛЕКУЛЯРНО-ФИЛОГЕНЕТИЧЕСКИХ ДЕРЕВЬЕВ**

Учебно-методическое пособие по дисциплине

Б1.В.ДВ.01.01 Молекулярная филогенетика

06.04.01 Биология (Генетика и генетические технологии)