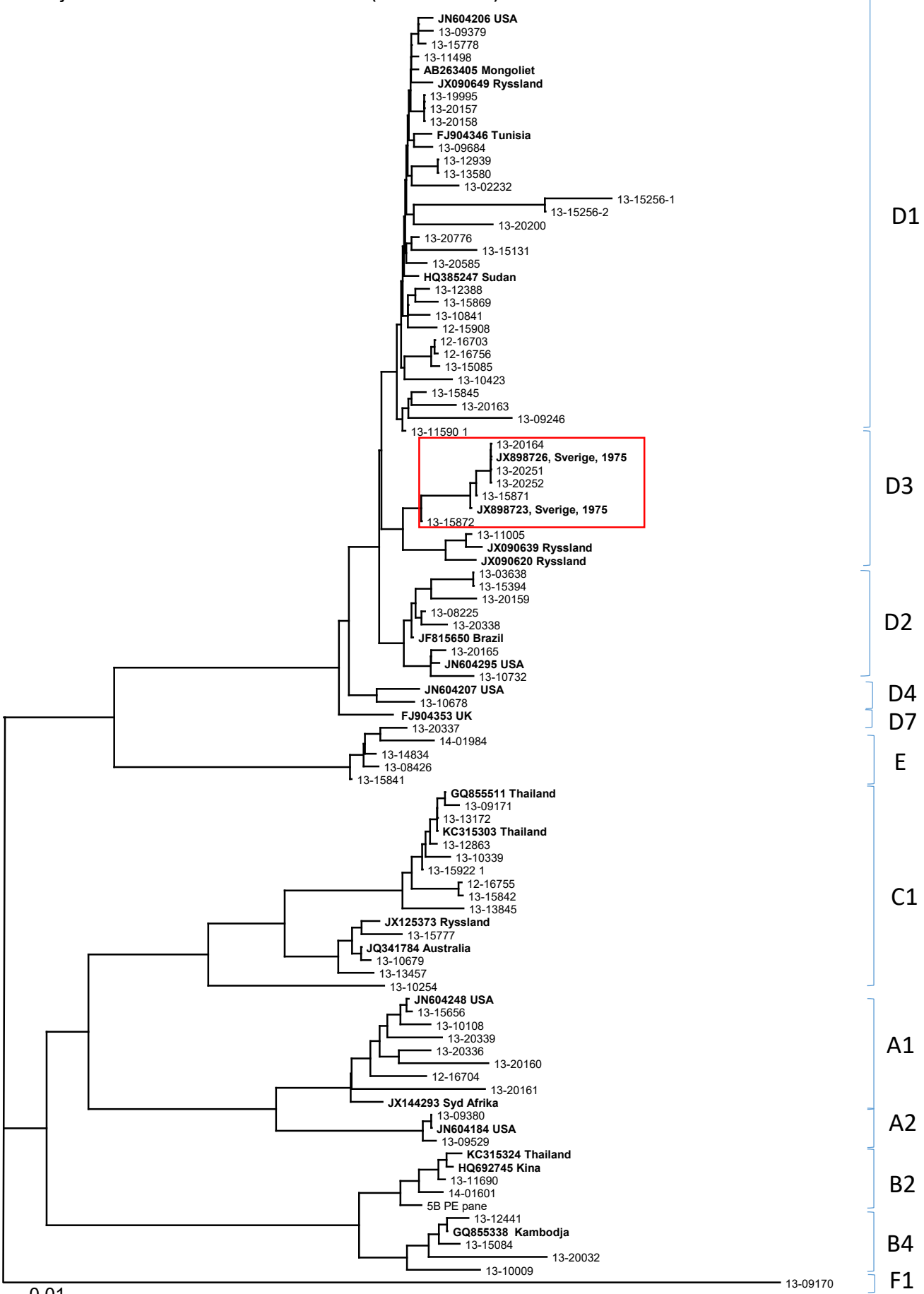


Fylogenetisk träd, NJ metod baserat på analys av HBV hela S-genen (1170nt). I träden är inkluderad sekvenser från HBV baslinjestudie 2013 samt från GenBank (visas i fet stil)



0.01