

物种分类数据库 (Species Taxonomy) 使用说明

- 首页 2
- 物种分类检索 3
 - 分类树列表检索 3
 - 分类树结构化检索 3
 - 分类树分级检索 4
 - 物种更新迭代记录 4
 - 最低公共祖先计算 4
- 物种详细信息页面 6
- 物种完整分类树 10
- 系统进化树构建 11
 - Clustal Omega 11
 - MAFFT 11
 - Kalign 12
 - MUSCLE 13
 - 最近任务 14
 - 任务结果 14
- 登录、注册 18
 - 登录 18
 - 注册 18

首页

①全局物种检索

输入物种的分类 ID (Taxonomy ID) 或物种名称, 点击“搜索”按钮, 即可快速直达物种的详细信息页面。

②物种分类检索

提供分类树列表检索、分类树分级检索和分类树结构化检索的直接入口, 点击后跳转到对应页面。

③物种进化模块

支持 Clustal Omega、MAFFT、Kalign、MUSCLE 四种主流算法, 点击“进入构建模块”进入多序列比对页面。

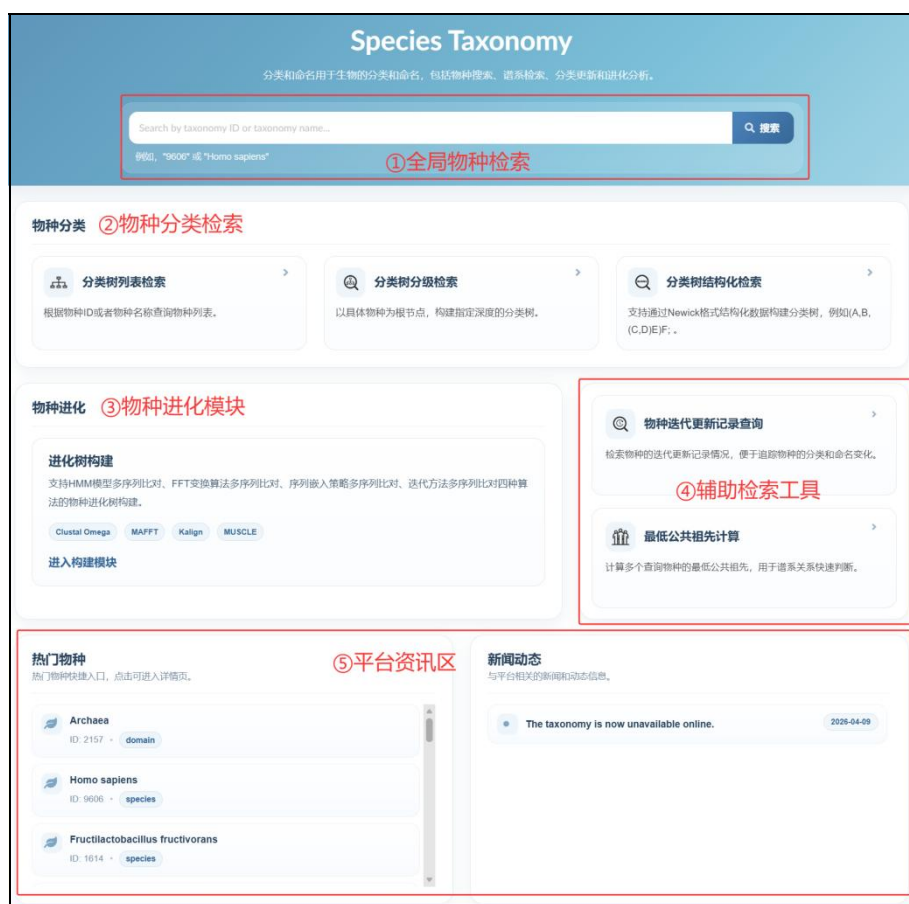
④辅助检索工具

物种迭代更新记录查询检索特定物种的历史迭代记录; 最低公共祖先计算支持输入多个物种, 快速计算并定位它们在谱系关系上的最低公共祖先节点。

⑤平台资讯区

热门物种: 提供平台高频访问的热门物种卡片, 点击即可快速进入其详情页。

新闻动态: 展示平台最新的系统公告、更新日志及相关动态资讯。



物种分类检索

分类树列表检索

①物种检索

输入分类 ID 或者物种名称，点击右侧的“搜索”按钮进行检索；搜索框下方会自动推荐“相关物种”的快捷标签，点击任意标签即可一键执行检索。

②检索结果列表

以分页表格形式展示检索结果，点击分类 ID 即可跳转至该物种的详细信息页面。



分类树结构化检索

输入符合 Newick 格式的字符串文本（例如：(Nanobdellati,Promethearchaeati)Archaea;），点击右侧的“搜索”按钮，系统将自动解析输入的数据格式并生成对应的树状结构。

点击“展开所有/折叠所有”按钮可以对树进行展开和折叠操作，点击树的节点跳转到对应物种的详细信息页面。



分类树分级检索

①检索设置

输入物种 ID 或者物种名称，指定要查询的层级，点击“搜索”按钮，下方展示对应的分类树。

②分类树操作

点击节点旁边的图标逐级手动展开/收起分支，点击“展开所有/折叠所有”按钮可以对树进行一键控制，点击树的节点跳转到对应物种的详细信息页面。



物种更新迭代记录

输入物种分类 ID 或者物种名称，点击“搜索”按钮，以分页表格的形式展示该物种的更新迭代记录，包括更新时间、更新内容等。



最低公共祖先计算

输入至少两个物种分类 ID（例如：9606;10090;7955，使用英文分号分隔），点击“搜索”按钮，

- ①点击分类 ID 可以查看物种更多信息
- ②点击遗传密码跳转到遗传密码页面
- ③点击物种谱系跳转到物种详细信息页面
- ④点击参考文献跳转到 OpenLB 查看具体内容

[illegible]

物种详细信息页面

①基础信息与分类谱系

页面左侧提供该物种所处层级的树状结构，可通过“展开所有/折叠所有”快速浏览其上下级分类；直观展示物种当前学名、分类等级、分类 ID、通用名以及完整的分类学演化路径等，谱系标签均可点击检索。

②遗传密码与在线分析

提供物种的标准氨基酸翻译表及线粒体遗传密码表，点击可跳转到遗传密码页面；点击右上角“BLAST all sequences”按钮，可快速执行序列相似性搜索。

The screenshot displays the 'Homo sapiens' species detail page. On the left, a '物种分类树' (Taxonomic Tree) shows a hierarchy from 'Homo sapiens' down to 'Homo sapiens subsp. 'Denisova''. The main content area includes '物种详情' (Species Details) with a star icon and a 'BLAST all sequences' button. Below this, 'Basic Information' shows the current name 'Homo sapiens', rank 'species', and GenBank common name 'human'. The 'Genetic Code' section provides translation tables for standard and mitochondrial codes, with a '遗传密码, 点击跳转到对应页面' (Genetic Code, click to jump to the corresponding page) link. The 'Other Names' section lists scientific and authority names. The 'Lineage' section shows a taxonomic path from 'Metazoa' to 'Homo', with a '物种谱系' (Species Lineage) link. A 'Full Lineage' section lists various taxonomic groups.

③用户评价互动

登录后在页面顶部物种名称旁有一个星号（★）图标，点击可展开互动菜单：

This screenshot shows the 'Homo sapiens' species detail page with a red box highlighting the star icon next to the species name. Clicking the star icon opens a dropdown menu with two options: '评价' (Evaluate) and '查看评价' (View Evaluation). The 'BLAST all sequences' button is also visible in the top right corner.

评价：在弹窗中为该物种进行星级打分（1-5 星），并支持填写最多 500 字的详细评论。

评价物种

物种名称

Homo sapiens

物种ID

9606

选择星级

★

★

★

★

★

评价内容

Please enter your review, up to 500 characters

0/500

Cancel

Submit Commit

查看评价：打开评价列表面板，浏览其他用户对该物种的留言与打分记录。

物种评价列表

物种名称

Archaea

物种ID

2157

Show

10

entries

Search:

评价星级	评价内容	评价时间
★★★★★	测试	2026-04-20 07:01:20

Showing 1 to 1 of 1 entries

Previous

1

Next

关闭

④关联数据资源与文献

NGDC 资源统计看板：分类汇总了该物种在平台各数据库中的数据量：包括但不限于基因组与序列资源（GWH，GSA，GenBase）、处理后数据（GVM，MethBank 等）以及项目/样本库（BioProject，BioSample）。点击卡片上的蓝色数字 即可跳转至对应数据库查看详细记录。

Genomic and sequence resources

GWH

39,461

records

GSA

64,470

records

GenBase (Protein)

6,663,913

records

GenBase (Nucleotide)

777,817

records

Processed Data

GVM

0

records

Gene Expression Nebulas

0

records

MethBank

0

records

Projects and samples

BioProject

3,266

records

BioSample

6,832

records

Other data links		
Show	10	entries
Search:		
Database	Records	Description
OpenLB	22431	Publication, education and data
DMS_BV_BRC_bacteria	9680	The Bacterial and Viral Bioinformatics Resource Center (BV-BRC) is an information system designed to support research on bacterial and viral infectious diseases. BV-BRC combines two long-running BRCs: PATRIC, DMS_BV_BRC_bacteria is the bacterial system, and IRD/IPR
Database Commons	285	a curated catalogue of biological databases.
NODE	279	The National Omics Data Encyclopedia
DMS_MeSH	85	MeSH (Medical Subject Headings) is the NLM controlled vocabulary thesaurus used for indexing articles for PubMed.
DMS_Ontobee	45	Ontobee is a linked ontology data server that stores ontology information using RDF triple store technology and supports query, visualization and linkage of ontology terms and is also the default linked data server for publishing and browsing biomedical ontologies in the Open Biological Ontology (OBO) Foundry (OBO) library.
BioCode	22	a repository archiving codes for bioinformatics tools
eLMSG	13	An eLibrary of Microbial Systematics and Genomics
DMS_Chemical Entities of Biological Interest Ontology	6	Chemical Entities of Biological Interest (ChEBI) is a freely available dictionary of molecular entities focused on 'small' chemical compounds.
DMS_PMO	6	a standardized ontology for human precision medicine with consistent, reusable and sustainable descriptions of human disease terms, genomic molecular, phenotype characteristics and related medical vocabulary disease concepts through collaborative efforts of researchers at Institute of Medical Information, Chinese Academy of Medical Sciences.
Showing 1 to 10 of 17 entries		
Previous 1 2 Next		

外部与扩展数据链接：以表格形式整合了指向 Wikipedia、UCSC Genome Browser 等外部权威数据库跳转链接。

External Information Resources for *Archaea*

Show10entries

Search:

LinkOut	Subject	LinkOut Provider
Wikipedia	taxonomy/phylogenetic	iPhylo
UCMP	taxonomy/phylogenetic	UCMP phylogeny exhibit
ToL	taxonomy/phylogenetic	Tree of Life
The Prokaryotes	taxonomy/phylogenetic	NCBI taxonomy bookmarks
SILVA rRNA database	taxonomy/phylogenetic	NCBI taxonomy bookmarks
Show Biotic Interactions	taxonomy/phylogenetic	Global Biotic Interactions
RDP II	taxonomy/phylogenetic	NCBI taxonomy bookmarks
OMA	taxonomy/phylogenetic	OMA Browser: Orthologous MATrix
Monera	taxonomy/phylogenetic	Integrated Taxonomic Information System
IJSEM	taxonomy/phylogenetic	NCBI taxonomy bookmarks

Showing 1 to 10 of 39 entries

Previous

1

2

3

4

Next

参考文献： 汇总了支撑该物种当前分类地位与命名的关键学术文献列表。

Comments and Reference

Woese CR & Fox GE (1977)

点击跳转到OpenLB

Woese, C.R., and Fox, G.E. "Phylogenetic structure of the prokaryotic domain: the primary kingdoms." *Proc. Natl. Acad. Sci. U S A* (1977) 74:5088-5090.

Murray RG & Schleifer KH (1994)

Murray, R.G., and Schleifer, K.H. "Taxonomic notes: a proposal for recording the properties of putative taxa of procaryotes." *Int. J. Syst. Bacteriol.* (1994) 44(1):174-176.

Clayton RA et al. (1995)

Clayton, R.A., Sutton, G., Hinkle, P.S. Jr, Bult, C., and Fields, C. "Intraspecific variation in small-subunit rRNA sequences in GenBank: why single sequences may not adequately represent prokaryotic taxa." *Int. J. Syst. Bacteriol.* (1995) 45:595-599.

Palys T et al. (1997)

Palys, T., Nakamura, L.K., and Cohan, F.M. "Discovery and classification of ecological diversity in the bacterial world: the role of DNA sequence data." *Int. J. Syst. Bacteriol.* (1997) 47:1145-1156.

Euzeby JP (1997b)

Euzeby, J.P. "List of Bacterial Names with Standing in Nomenclature: a folder available on the Internet." *Int. J. Syst. Bacteriol.* (1997) 47:590-592.

Tindall BJ (1999e)

物种完整分类树

该模块除分类树的展示与点击操作外，其余内容均与《物种详细信息页面》对应内容一致。完整分类树默认展示全部物种，单击节点可查看其详细信息。双击节点可展开或折叠其子节点。

完整分类树检索

浏览分类层次结构并检查命名法、谱系、遗传密码和相关 NCBI 资源。

当前物种: Archaea

物种ID: 2157

物种分类树

展开所有

折叠所有

- Archaea
 - Archaea incertae sedis
 - environmental samples
 - unclassified Archaea
 - Thermoproteati
 - Nanobdellati
 - Promethearchaeati
 - Methanobacteriati
- Bacteria
 - Bacteria incertae sedis
 - environmental samples
 - unclassified Bacteria
 - delta/epsilon subdivisions
 - Bacillati
 - Candidatus Krumholzibacteriota
 - Candidatus Tharpellota
 - Candidatus Deferriromicrobiota
 - Candidatus Lernaellota
 - Candidatus Hinthaliabacterota
 - Candidatus Moduliflexota
 - Candidatus Effluviavicota
 - Pseudomonadati
 - Fusobacteriati
 - Thermotogati
- Eukaryota
- Viruses
- other sequences
- unclassified sequences

物种详情

Archaea

NCBI Taxonomy ID: 2157

Basic Information

Current Name

Archaea

Rank

domain

NCBI Blast Name

archaea

Genetic Code

Genetic Code

Translation table 11 (Bacterial, Archaeal and Plant Plastid)

AA

= FFLSSSSYY*CC*WLLLPpphKQRRRIITTTTNNKSSSRVVVAAAADDEGGG

Starts = —M—**—M—1000—M—

Other Names

Scientific Name

Archaea

Synonym

Archaeobacteria

Archaeobiota

Mendosicutes

Metabacteria

Authority Name

"Archaea" Woese et al. 1990

Archaea Woese et al. 2024

"Archaeobacteria" (sic) Woese and Fox 1977

"Archaeobiota" Luketa 2012

单击节点可查看其详细信息。双击节点可展开或折叠其子节点。

系统进化树构建

Clustal Omega

①选择要输入序列类型

②选择序列输入的方式

文本输入：点击样例可快速填入测试序列，点击清除序列可一键清空；

上传文件：点击打开文件上传本地序列文件。

注：序列格式只支持 fasta 格式。

③根据实际情况选择对应参数

④填写标题和有效的邮箱

⑤确认序列和参数无误后，提交任务

The screenshot displays the Clustal Omega web interface. At the top, the title 'Clustal Omega' is followed by a brief description: 'Clustal Omega 是一个多序列比对程序，它使用种子引导树和 HMM 配置文件技术来生成三个或更多序列的比对。该工具最多可以比对 4000 个序列或最大文件大小为 4 MB。' Below this, the '输入序列' (Input Sequences) section is expanded, showing options for '序列类型' (Sequence Type) with radio buttons for Protein (selected), DNA, and RNA, and a link '① 选择序列类型'. The '输入方式' (Input Method) section has radio buttons for '输入序列' (selected), '上传文件', and a link '② 选择输入方式'. A text input field for 'Enter sequences here...' is present, with '样例' (Example) and '清除序列' (Clear Sequences) buttons. The '参数' (Parameters) section is expanded, showing various settings: '输出格式' (Output Format) set to 'ClustalW with character counts', '去除输入序列已有比对 / 取消预比对' (Remove existing alignments / Cancel pre-alignments) set to 'No', '使用 mBed 类聚构建引导树' (Use mBed clustering to build guide tree) set to 'No', '迭代中使用 mBed 类聚类' (Use mBed clustering in iterations) set to 'No', '综合迭代次数' (Total number of iterations) set to 'default(0)', '最大引导树迭代次数' (Maximum number of guide tree iterations) set to 'default', '最大 HMM 迭代次数' (Maximum number of HMM iterations) set to 'default', '输出顺序' (Output order) set to 'aligned', '输出距离矩阵' (Output distance matrix) set to 'No', and '输出引导树' (Output guide tree) set to 'Yes'. The '提交' (Submit) section is expanded, showing input fields for '输入标题' (Input title) and '邮箱' (Email), both with placeholder text 'Please input a title' and 'Please input email' respectively. A '提交' (Submit) button is at the bottom, with a link '⑤ 提交任务' (Submit task).

MAFFT

①选择要输入序列类型

②选择序列输入的方式

文本输入：点击样例可快速填入测试序列，点击清除序列可一键清空；

上传文件：点击打开文件上传本地序列文件。

注：序列格式只支持 fasta 格式。

- ③根据实际情况选择对应参数
- ④填写标题和有效的邮箱
- ⑤确认序列和参数无误后，提交任务

The screenshot shows the MAFFT web interface. At the top, it says 'MAFFT' and provides a brief description: 'MAFFT (使用快速傅里叶变换的多重比对) 是一种高速多重序列比对程序。该工具最多可以比对 500 个序列或最大文件大小为 1 MB。' Below this is a section for '输入序列' (Input Sequences) with options for '序列类型' (Sequence Type) set to 'Protein' and '输入方式' (Input Method) set to '输入序列' (Input Sequences). A text area for 'Enter sequences here...' is present, along with '示例' (Example) and '清除序列' (Clear Sequences) buttons. The '参数' (Parameters) section includes settings for '输出格式' (Output Format) set to 'Pearson/FASTA', '替换矩阵' (Substitution Matrix) set to 'BLOSUM62', '缺口开放罚分' (Gap Opening Penalty) set to '1.53', '缺口延伸罚分' (Gap Extension Penalty) set to '0.123', '输出顺序' (Output Order) set to 'aligned', '引导树重建次数' (Guide Tree Reconstruction Times) set to '2', '输出引导树' (Output Guide Tree) set to 'on', '最大迭代次数' (Maximum Iterations) set to '2', and '执行 FFT' (Execute FFT) set to 'none'. The '提交' (Submit) section has fields for '输入标题' (Input Title) and '邮箱' (Email), with a '提交' (Submit) button and a '提交任务' (Submit Task) link.

Kalign

- ①选择要输入序列类型
- ②选择序列输入的方式

文本输入：点击样例可快速填入测试序列，点击清除序列可一键清空；

上传文件：点击打开文件上传本地序列文件。

注：序列格式只支持 fasta 格式。

- ③根据实际情况选择对应参数
- ④填写标题和有效的邮箱
- ⑤确认序列和参数无误后，提交任务

Kalign

Kalign 是一种快速、准确的多序列比对算法。该工具最多可以比对 2000 个序列或最大文件大小为 2 MB。

输入序列 ①

序列类型:

Protein

DNA

RNA

① 选择序列类型

输入方式:

输入序列

上传文件

② 选择输入方式

输入序列:

Enter sequences here...

样例

清除序列

参数 ③ 选择参数

输出格式

ClustalW

缺口开放得分

11

缺口延伸得分

0.85

末端缺口得分

0.45

提交 ④ 填写标题和邮箱

输入标题:

Please input a title

邮箱:

Please input email

提交

⑤ 提交任务

MUSCLE

①选择序列输入的方式

文本输入：点击样例可快速填入测试序列，点击清除序列可一键清空；

上传文件：点击打开文件上传本地序列文件。

注：序列格式只支持 fasta 格式。

②根据实际情况选择对应参数

③填写标题和有效的邮箱

④确认序列和参数无误后，提交任务

MUSCLE

MUSCLE 代表通过对数期望进行多序列比较。与旧的多序列比对工具相比，MUSCLE 旨在提供强大的平均准确性和高速度。该工具最多可以比对 500 个序列或最大文件大小为 1 MB。

输入序列 ①

输入方式:

输入序列

上传文件

① 选择输入方式

输入序列:

Enter sequences here...

样例

清除序列

参数 ② 选择参数

输出格式

ClustalW

输出例

none

提交 ③ 填写标题和邮箱

输入标题:

Please input a title

邮箱:

Please input email

提交

④ 提交任务

13

最近任务

①任务检索

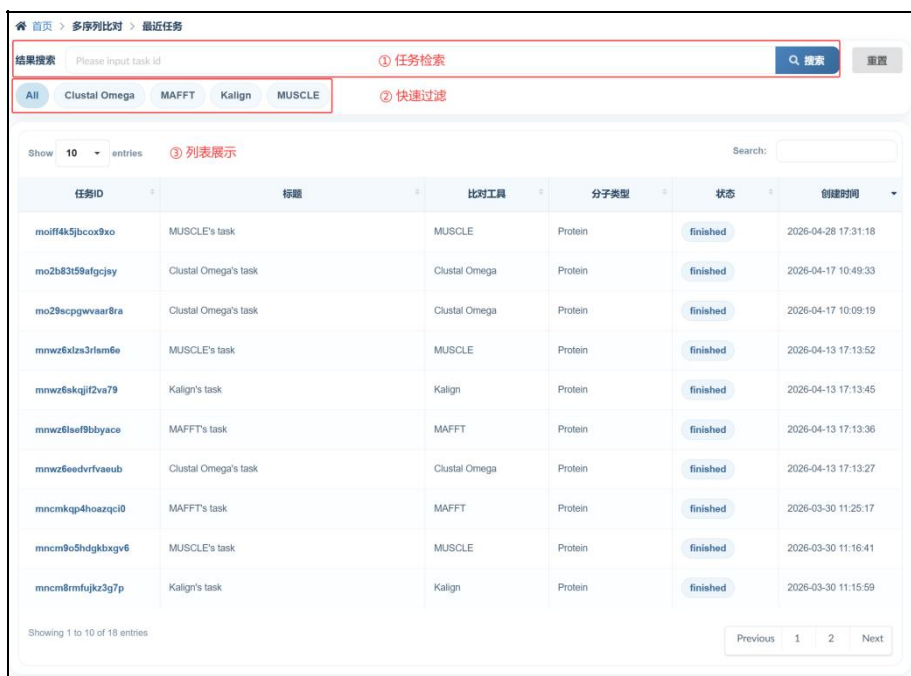
在顶部“Result Search”输入框中输入具体的任务 ID，点击“搜索”按钮即可准确定位任务。点击“重置”可清空当前输入。

②快速过滤

使用下方的程序标签（All、Clustal Omega、MAFFT、Kalign、MUSCLE）快速筛选由特定比对工具生成的任务。

③列表展示

以分页表格的形式直观展示任务信息，包括：任务编号、标题、使用程序、分子类型、运行状态及创建时间，点击相应的任务 ID 即可跳转至该任务的详细结果页面。



The screenshot shows the 'Recent Tasks' interface. At the top, there is a search bar labeled '结果搜索' with a placeholder 'Please input task id' and a '搜索' button. Below the search bar are filter tabs: 'All', 'Clustal Omega', 'MAFFT', 'Kalign', and 'MUSCLE'. A '快速过滤' button is also present. Below the filters, there is a 'Show 10 entries' dropdown and a '列表展示' button. The main content is a table with columns: '任务ID', '标题', '比对工具', '分子类型', '状态', and '创建时间'. The table lists 10 tasks, all with a 'finished' status. At the bottom, there is a pagination bar showing 'Showing 1 to 10 of 18 entries' and buttons for 'Previous', '1', '2', and 'Next'.

任务ID	标题	比对工具	分子类型	状态	创建时间
moiff4k5jbcx9xo	MUSCLE's task	MUSCLE	Protein	finished	2026-04-28 17:31:18
mo2b83i59afgcjy	Clustal Omega's task	Clustal Omega	Protein	finished	2026-04-17 10:49:33
mo29scpgwvaar8ra	Clustal Omega's task	Clustal Omega	Protein	finished	2026-04-17 10:09:19
mnwz6xzs3rlam6e	MUSCLE's task	MUSCLE	Protein	finished	2026-04-13 17:13:52
mnwz6skjif2va79	Kalign's task	Kalign	Protein	finished	2026-04-13 17:13:45
mnwz6leef9bbyace	MAFFT's task	MAFFT	Protein	finished	2026-04-13 17:13:36
mnwz6eedvrfvaeub	Clustal Omega's task	Clustal Omega	Protein	finished	2026-04-13 17:13:27
mncmkqp4hoazqi0	MAFFT's task	MAFFT	Protein	finished	2026-03-30 11:25:17
mncm9o5hdgkxbgv6	MUSCLE's task	MUSCLE	Protein	finished	2026-03-30 11:16:41
mncm8rmfujkz3g7p	Kalign's task	Kalign	Protein	finished	2026-03-30 11:15:59

任务结果

①基础信息与参数

快捷导航： 右上角提供工具栏，可快速切换至不同比对工具的提交页。

任务概览： 展示该任务的唯一标识符（支持点击旁边的图标一键复制）、标题、使用程序以及具体的运行时间。提供原始输入数据和系统标准输出的快速查看链接。

执行命令： 记录了后台执行该比对任务的完整命令行代码。

运行参数： 列出当前任务在提交时所应用的所有参数配置（如分子类型、输出格式、迭代设置等）。

提交详情

任务ID

mkgncguh5286pu0

标题

MAFFT's task

比对工具

MAFFT

运行时间

2026-01-16 17:05:42.882
2026-01-16 17:05:46.615

① 基础提交信息

输入

mkgncguh5286pu0.input

输出

mkgncguh5286pu0.output

命令

```
#!/bin/sh
toolPath=D:/BioTools/mafft
taskPath=D:/BioTools/task/mafft
taskId=mkgncguh5286pu0
cd $toolPath
if ./mafft.bat --amino --b1 62 --op 1.53 --ep 0.123 --reorder --retree 2 --treeout --maxiterate 2 --clustalout $(taskPath)/$(taskId)/input.fasta > $(taskPath)/$(taskId)/output.clustal
2> $(taskPath)/$(taskId)/input.fasta.tree
then
mv $(taskPath)/$(taskId)/input.fasta.tree $(taskPath)/$(taskId)/inside_tree.dnd
fi
```

② 命令行代码

参数

分子类型	Protein
输出格式	ClustalW
替换矩阵 (仅蛋白质)	BLOSUM62
缺口开放得分	1.53
缺口延伸得分	0.123
输出顺序	aligned
引导树重建次数	2
输出引导树	on
最大迭代次数	2
执行 FFT	none

③ 执行参数

②可视化结果面板

结果输出：

- Tool output: 展示比对工具生成的原生纯文本比对结果，支持一键下载。
- Alignment with colours: 提供基于残基理化性质的简单高亮着色比对文本。

结果输出

序列比对

引导树

进化树

结果文件

Tool output

下载

CLUSTAL format alignment by MAFFT FFT-NS-i (v7.526)

test1 M-----GIVKGGKIFIMCSQCHTYEGGGRHTGPNLHGLFGRTQQAQPGSYTAANKV
test2 M-----GIVKGGKIFVQRCQCHTYEGGGRHTGPNLHGLFGRTQQAQPGSYTDANKV
test3 MTEFKAGSARKGATLFTKLCQCHTYEGGGRHTGPNLHGLFGRTQQAQPGSYTDANKV
test1 KGIITGEDTLMEYLNPKKYPGTOMIFVGIKKKEERADLIAYLKKATNE
test2 KGIITGEDTLMEYLNPKKYPGTOMIFAGIKKKGERADLIAYLKKATNE
test3 KNLVDENNSEYLTNPKKYPGTOMAFGLKKKKRNDLITLYLK-----
test1 KGIITGEDTLMEYLNPKKYPGTOMIFVGIKKKEERADLIAYLKKATNE
test2 KGIITGEDTLMEYLNPKKYPGTOMIFAGIKKKGERADLIAYLKKATNE
test3 KNLVDENNSEYLTNPKKYPGTOMAFGLKKKKRNDLITLYLK-----

Alignment with colours

预览

CLUSTAL format alignment by MAFFT FFT-NS-i (v7.526)

test1 M-----GIVKGGKIFIMCSQCHTYEGGGRHTGPNLHGLFGRTQQAQPGSYTAANKV
test2 M-----GIVKGGKIFVQRCQCHTYEGGGRHTGPNLHGLFGRTQQAQPGSYTDANKV
test3 MTEFKAGSARKGATLFTKLCQCHTYEGGGRHTGPNLHGLFGRTQQAQPGSYTDANKV
test1 KGIITGEDTLMEYLNPKKYPGTOMIFVGIKKKEERADLIAYLKKATNE
test2 KGIITGEDTLMEYLNPKKYPGTOMIFAGIKKKGERADLIAYLKKATNE
test3 KNLVDENNSEYLTNPKKYPGTOMAFGLKKKKRNDLITLYLK-----
test1 KGIITGEDTLMEYLNPKKYPGTOMIFVGIKKKEERADLIAYLKKATNE
test2 KGIITGEDTLMEYLNPKKYPGTOMIFAGIKKKGERADLIAYLKKATNE
test3 KNLVDENNSEYLTNPKKYPGTOMAFGLKKKKRNDLITLYLK-----

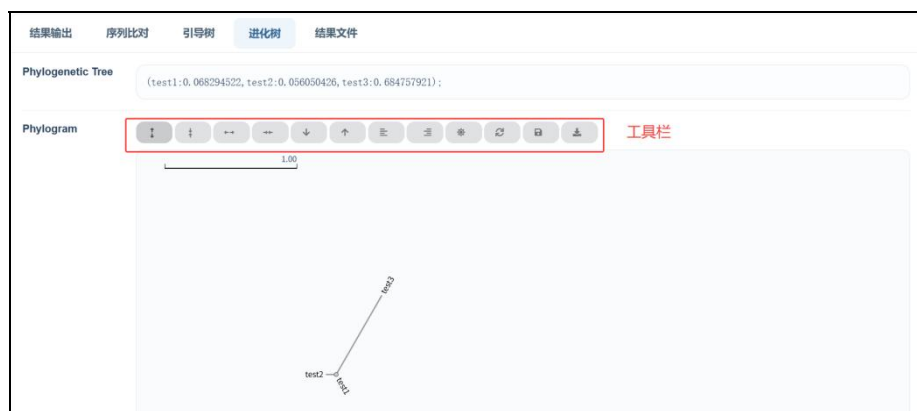
序列比对：

- 可通过下拉菜单切换不同的着色方案，下方附有详细的颜色图例。
- 使用放大/缩小按钮灵活调整序列区块的显示宽度。



引导树与系统进化树:

- 文本展示：顶部以标准 Newick 格式呈现树结构的原始文本数据。
- 交互式树图：底部渲染动态进化的树状图。图形上方配备了专业的工具栏，支持调整节点垂直/水平间距、文字排版、视图重置，并支持将渲染好的树图直接保存或下载至本地。



结果文件:

- 展示比对任务生成的所有过程文件与最终数据，点击右侧的下载按钮下载特定格式的文件。

结果输出	序列比对	引导树	进化树	结果文件
Tool Output				mkgnlcguh5286pu0.out 下载
Input Sequences				mkgnlcguh5286pu0.sequence 下载
Alignment in CLUSTAL format				mkgnlcguh5286pu0.aln-clustalw 下载
Guide Tree				mkgnlcguh5286pu0.tree 下载
Phylogenetic Tree				mkgnlcguh5286pu0.phylotree 下载
Percent Identity Matrix				mkgnlcguh5286pu0.pim 下载
The alignment in FASTA format				mkgnlcguh5286pu0.fa 下载
Tool outputs as a single compressed zip file				mkgnlcguh5286pu0.zip 下载

登录、注册

登录

点击首页右上角的登录按钮，系统将自动跳转至 NGDC CAS 统一认证登录页面，依次输入您的邮箱或用户名、密码和验证码，点击登录按钮即可完成登录，登陆成功后可查看个人信息。

The first screenshot shows the NGDC Species Taxonomy homepage. The top navigation bar includes links for '搜索' (Search), '物种完整分类树' (Complete Species Classification Tree), '系统进化树' (System Evolution Tree), '帮助' (Help), '中文 | English', and a '登录' (Login) button. The main content area features a search bar and three sections for species classification: '分类列表检索' (Classification List Search), '分类树分级检索' (Classification Tree Hierarchical Search), and '分类树结构化检索' (Classification Tree Structured Search).

The second screenshot shows the NGDC unified authentication service page. It includes a login form with fields for '邮箱或用户名' (Email or Username), '密码' (Password), and '验证码' (Captcha). There are buttons for '登录' (Login) and '注册' (Register). A sidebar on the right provides instructions for '注册机构账号' (Register Institutional Account), '注册个人账户' (Register Personal Account), and '机构认证的账号' (Institutionally Authenticated Account).

The third screenshot shows the user logged in. The top navigation bar now includes a user profile dropdown menu with options for '个人主页' (Personal Homepage) and '退出登录' (Logout). The main content area remains the same as the first screenshot.

注册

点击首页右上角的注册按钮进入 NGDC 统一注册页面，填写账号登录信息、个人信息、机构信息、输入右侧图片中显示的字符、确认所有信息填写无误后，点击提交按钮。若需清空当前表单重新填写，

可点击重置按钮。

NGDC
National Geospatial Data Center

Data ResourcesComputing AnalysisData NetworkStandards

欢迎注册个人账户

中文

账号信息

邮箱 *

请输入您的邮箱地址，用于接收验证码和邮件通知。支持常用邮箱，如Gmail、Outlook、QQ邮箱等。

密码 *

请输入密码，至少8位，包含字母、数字、特殊字符。请再次输入密码以确认。

用户名 *

请输入用户名，至少4个字符，只能包含字母、数字、下划线。

验证码 *

请输入验证码，请仔细核对。

个人信息

姓名 *

中间名

姓氏 *

国家/地区 *

China

性别 *

电话 *

地址 *

职业 *

机构信息

机构名称 (中文) *

机构名称 (English) *

机构地址 *

机构类型 *

国家/地区 *

联系人 *

职位 *

电子邮箱 *

NGDC

Research & Resources
Data Services

Platform
Data Management

Alliance & Collaboration
Data Hub

Conference & Outreach
Conferences

About
About NGDC