

陆地植物系统发育平台 用户使用手册

Version: 1.0

中国科学院计算机网络信息中心

 科学数据中心

用户系统&分析系统

01 目录

1	用户系统.....	4
3.1	用户及权限.....	4
3.2	用户注册（普通用户、协同用户）	5
3.3	用户资料修改（普通用户、协同用户、管理用户）	6
3.4	用户管理（管理用户）	8
2	数据浏览及管理子系统.....	10
3	数据处理分析子系统.....	10
3.1	Wizard步骤式处理过程	10
3.2	一键式处理过程.....	17
3.2.1	操作步骤	17
3.2.2	任务管理	18
3.3	使用自己提交的数据处理.....	19
3.4	处理软件缺省参数设置.....	21

palpp@cnic.cn

2009 年 09 月

02 图目录

图 01PALPP主页	4
图 02 注册页面.....	5
图 03 注册成功页面.....	6
图 04 用户进入界面.....	7
图 05 用户密码修改.....	7
图 06 修改资料界面.....	8
图 07 管理员主界面.....	8
图 08 用户管理界面.....	9
图 09 选择序列数据.....	11
图 10 查看抽提序列.....	11
图 11 查看待处理数据详细信息	12
图 12 处理程序运行提示.....	12
图 13 Alignment Multiple进入	13
图 14 Alignment Multiple 结果&Cleaning & Editing进入.....	14
图 15Cleaning & Editing结果	15
图 16 Tree Reconstruction进入	15
图 17 Tree Reconstruction结果	16
图 18 Tree Visualization	16
图 19 一键式操作页面.....	17
图 20 一键式参数设置页面.....	18
图 21One-Click 任务表	18
图 22 任务列表.....	19
图 23 模块化分析的链接.....	20
图 24 构树过程的文件输入界面	20
图 25 构树过程的算法选择界面.....	21
图 26 缺省参数设置页面.....	22

palpp@cnic.cn

2009 年 09 月

1 用户系统

系统主界面（<http://phylo.csdb.cn:8080/palpp/index.htm>）如图 01 所示：



图 01PALPP 主页

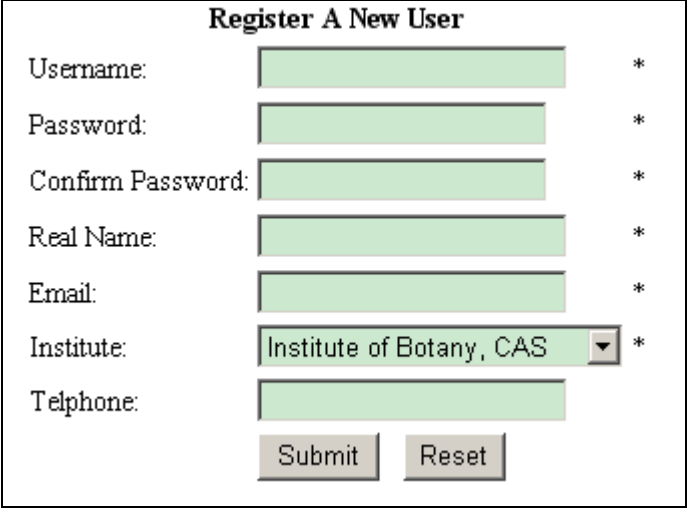
1.1 用户及权限

- i. **普通用户 (ROLE_USER):** 一般系统使用人员，通过网站注册即可。可以使用系统的功能，比如查看公共数据、定制范围、提交任务、流程化处理数据、查看历史任务等等。需实名制，具体到所在研究所和单位。
- ii. **协同用户 (ROLE_GROUP):** 由管理员决定，将普通用户升级为协同用户（分组）。首先通过网站注册成为普通用户，再由管理员处理，选择部分普通用户升级成为协同用户角色。功能上除了普通用户的使用权限外，还享有一些特殊功能，比如提交相关数据、查看公共及私有的数据。
- iii. **超级用户 (ROLE_ROOT):** 系统管理员，由系统开发人员或数据库管理者决

定，不需要通过网站注册，限制性地授予每个研究所或单位一个或两个超级用户。超级用户除了拥有普通用户、协同用户的功能权限外，还享有更大的功能，比如指定协同用户、编辑用户属性、删除用户、启动数据更新、处理普通用户的定制请求、查看所有数据。

1.2 用户注册（普通用户、协同用户）

主 页 提 供 链 接 （ Request A new user account, <http://phylo.csdb.cn:8080/palpp/register.html>），如图 02 所示：



Register A New User

Username: *

Password: *

Confirm Password: *

Real Name: *

Email: *

Institute: *

Telephone:

图 02 注册页面

需要填写用户名、密码、确认密码、电子邮件地址、所在研究所、联系电话。其中，带*号的均为必填项。

- 用户名（username）只能由字母（a-z A-Z）、数字（0-9）、下划线（_）、短横线（-）构成，并且只能由字母和数字开头，不能使用其它特殊字符和汉字。
- 真实姓名（real name）项可以为英文或中文等。
- Email应为合法电子邮件地址（如：palpp@cnic.cn）。
- 研究机构（Institute）一项目前只提供三个待选项，
 - 植物所（Institute of Botany, CAS）；
 - 仙湖植物园（Fairylake Botanical Garden）；
 - 网络中心（CNIC, CAS）等。

点击 Submit 按钮，注册成功，则进入界面如图 03 所示：

Register Success (Please wait for the **permission** from administrator)

Username	Password	Email	Institute	Telephone	Real Name
lxgtest	lxgtest	lxg@cnic.cn	cnic	58812597	林小光

click here to close window

register another user

图 03 注册成功页面

注册成功后，系统会将所注册的所有信息发送邮件到所提供的 Email 中；同时发送邮件给相应单位的管理员，提醒审批用户。

新注册的用户需要管理员审核通过才能登陆系统，继续使用。管理员审核通过后，系统也将发送一封邮件到所提供的 Email 中，提示用户。

1.3 用户资料修改（普通用户、协同用户、管理用户）

➤ 用户密码修改

用户使用账户、密码登陆系统如图 04 所示，点击链接（Modify Password, <http://phylo.csdb.cn:8080/palpp/user/modifyPassword.htm>），进入修改密码界面如图 05 所示：

HOME 中文 | English

陆地植物系统发育平台

Phylogenetic analysis of land plants platform

[View Public Data](#)
[Customize data](#)
[Evoke New Task](#)
[Customize workflow](#)
[Logout](#)

Administrator Panel
Group User Panel
Common User Panel

Welcome User: lxg! Administrator Panel

Request list

View request list (Latest 10s)

number	taxon_name	database	gene	format	process	action
1	Berberidaceae	nucore	rbcl	gb	lxg	view data delete

[more Request data](#)

Manage Task

Task List (Latest 10s)

Job Name	Start Time	End Time	Status	View Result
s1250675838053	2009-08-19 17:57:22.0	2009-08-19 17:57:47.0	over	result
s1250668882202	2009-08-19 16:01:23.0	2009-08-19 16:02:18.0	over	result
s1250662796583	2009-08-19 14:19:56.0	2009-08-19 14:20:03.0	over	result
s1250662345258	2009-08-19 14:12:25.0	2009-08-19 14:12:28.0	over	result
s1250662329585	2009-08-19 14:12:09.0	2009-08-19 14:12:15.0	over	result
s1250661973776	2009-08-19 14:06:13.0	2009-08-19 14:06:32.0	over	result
s1250650051574	2009-08-19 10:47:32.0	2009-08-19 10:47:59.0	over	result
s1250649849516	2009-08-19 10:44:10.0	2009-08-19 10:44:43.0	over	result
s1250649710078	2009-08-19 10:41:50.0	2009-08-19 10:42:43.0	over	result
s1250630231902	2009-08-19 05:17:13.0	2009-08-19 05:18:57.0	over	result

[more Task](#)

[Customize workflow](#)

[Evoke a new workflow task](#)

Account Management

- [Modify Password](#)
- [Modify Information](#)

Admin Application

- [Users Management](#)
- [request management](#)
- [Data Update](#)
- [Data Submit](#)

Group Application

- [View Data](#)
- [Customize data](#)
- [Evoke New Task](#)
- [Customize workflow](#)
- [Submit Private Data](#)

Common Application

- [View Public Data](#)
- [Customize data](#)
- [Evoke New Task](#)
- [Task History List](#)
- [Customize workflow](#)

Modularization Analysis

- [Alignment Multiple](#)
- [Cleaning & Editing](#)
- [Tree Reconstruction](#)
- [Phylogeny Evaluation](#)
- [Visualization](#)

Cooperated by Fairylake Botanical Garden & Institute of Botany & Computer Network Information Center, CAS

Copyright © 2009 Computer Network Information Center, Chinese Academy of Science. All Rights Reserved

Email : palpp@cnic.cn

图 04 用户进入界面

Modify Password:

Please input the old password: *

Please input the new password: *

Please confirm the new password: *

图 05 用户密码修改

用户通过提供旧密码，以及新密码和确认新密码，点击 Submit 按钮修改即可。

➤ 用户信息修改

在用户主界面中点击链接（Modify Information，

<http://phylo.csdb.cn:8080/palpp/user/modifyInformation.htm>），进入修改资料界面如图 06

所示：

Modify Information:

Real Name:

协同用户

*

Email:

palpp@cnic.cn

*

Institute:

CNIC, CAS

*

Telephone:

58812587

Submit

图 06 修改资料界面

1.4 用户管理（管理用户）

用户管理功能只提供给管理员使用。普通用户和协同用户不能使用。

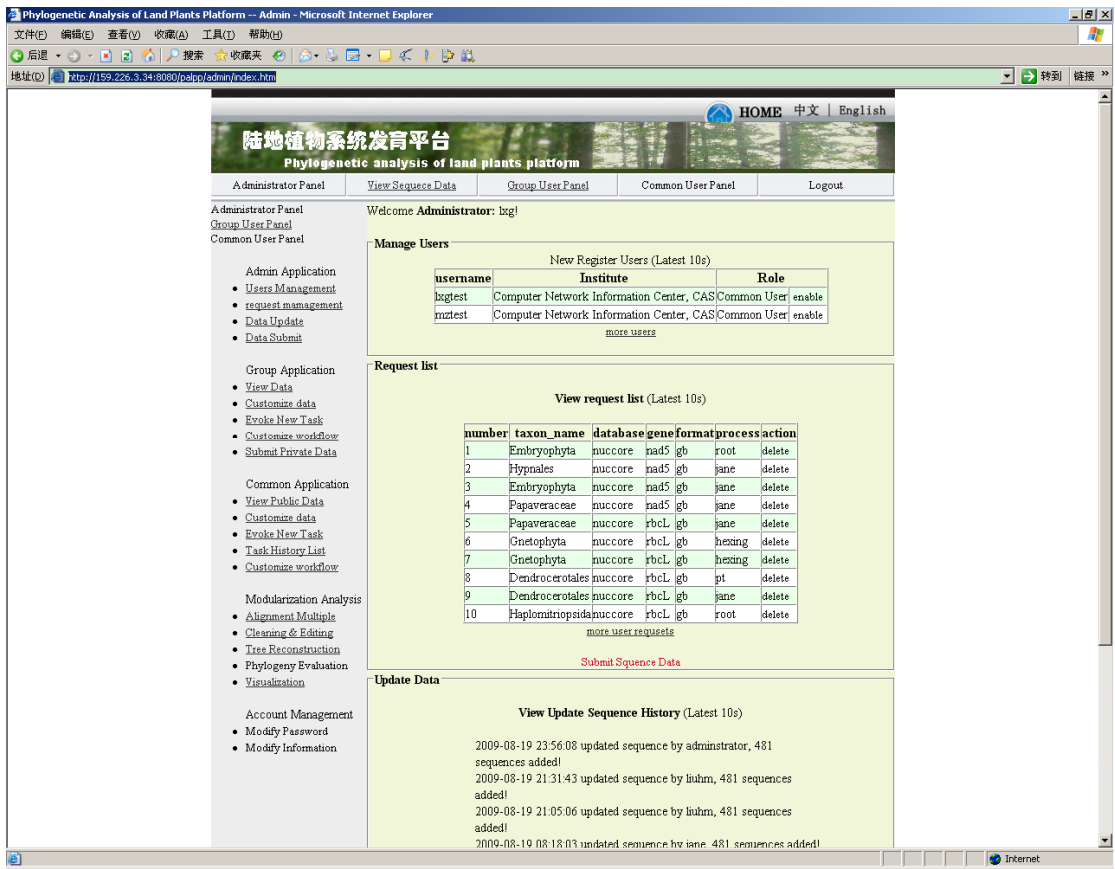


图 07 管理员主界面

管理员登陆后，进入管理员主界面（<http://phylo.csdb.cn:8080/palpp/admin/index.htm>）

如图 07 所示：

- 左边为系统基本功能的导航：
- 管理用户功能导航：

- 协同用户功能导航;
- 普通用户功能导航;
- 分析模块功能导航;
- 用户信息维护功能导航

➤ 主体页面部分为管理员特有的几项功能展示:

- 用户管理;
- 数据请求响应;
- 数据更新;
- 数据提交。

首页的用户管理部分展示最近待审核通过的用户列表 (最多十条), 主要给出了 username、institute、基本角色 Role 等信息, 点击对应的 enable 链接, 可以审核通过该用户。

All Users (Latest 20s, 20-28 in 29s)							
username	real name	Institute	Email	Telephone	Role	Confirm	
sharo		szbg	@hotmail.com	135110891	Group User	disable	upgrade
tanjingui		szbg	@sohu.com	1311039	Group User	disable	upgrade
Wang Wei		ibcas	27@ibcas.ac.cn	6	Administrator	disable	upgrade
welcome	侯	cnic	@gmail.com	5	Common User	disable	upgrade
xiangxg		ibcas	@ibcas.ac.cn	6	Group User	disable	upgrade
xiao123		cnic	@gmail.com	0	Common User	disable	upgrade
xt		cnic	@cnic.cn	2	Group User	disable	upgrade
zhenm99		cnic	@cnic.cn	13110369	Common User	disable	upgrade
zhifei		szbg	@travelsky.com	010119380	Common User	disable	upgrade

First [Previous](#) Next Last

图 08 用户管理界面

点击首页用户管理部分的more链接 (<http://phylo.csdb.cn:8080/palpp/admin/userlist.htm>)

进入所有用户管理的界面如图 08 所示, 此界面列举了所有用户及其详细信息。

➤ 管理用户操作:

- 激活账户 (enable);
- 冻结账户 (disable);
- 升级账户角色 (upgrade);
- 降级用户角色 (degrade);
- 还可以删除账户 (delete)。

初始页面，Confirm 一栏，未激活账户（或已冻结账户）显示为“enable”、“degrade”、“delete”；已激活用户显示为“disable”、“upgrade”。即是只能升级已激活的账户，降级或者删除已冻结账户，删除账户只能为最低档次用户（即 Common User）

其中，管理员只能管理所注册研究单位的非管理员用户，root 账户可以管理所有用户。

2 数据浏览及管理子系统系统

见数据部分。

3 数据处理分析子系统

只要是已注册（通过审核）的用户，即可使用系统已有数据（协同和管理用户可以使用组内提交的数据）进行处理工作。

数据处理包括多重序列比对（Multiple Alignment）、序列编辑（Cleaning & Editing）、模型评估（Model Estimation）、构树（Tree Reconstruction）、可视化（Tree Visualization）等过程。

1.1 Wizard 步骤式处理过程

在用户主界面（Common User Panel, <http://phylo.csdb.cn:8080/palpp/user/index.htm>），点击 Evoke New Task（<http://phylo.csdb.cn:8080/palpp/user/work.htm>）进入数据处理界面（<http://phylo.csdb.cn:8080/palpp/user/work.htm>），界面上方为历史任务列表（最近三条），点击more链接可以进入查看所有任务。使用时，

（1）首先，需要选择序列数据（图 09），选择好序列后，点击 Add 按钮添加，再点击最下方的 next 按钮，进入下一步；

（2）随后，如（图 10）所示界面，可以点击查看每条序列的详细情况，还可以根据需要反选序列，点击 Go on 进入下一步；

Welcome **User:** lxgl Common User Panel

Alignment Multiple

Cleaning & Editing

Model Estimation

Tree Reconstruction

Tree Visualization

Task List (Latest 3s) [more](#)

Job Name	Start Time	End Time	Status	View Result
s1250675838053	2009-08-19 17:57:22.0	2009-08-19 17:57:47.0	over	result
s1250668882202	2009-08-19 16:01:23.0	2009-08-19 16:02:18.0	over	result
s1250662796583	2009-08-19 14:19:56.0	2009-08-19 14:20:03.0	over	result

Data Batch Extraction

Please choose the data,

Search Parameters

Taxonomic category:
Genus

Gene name:
rbcL

choose the best sequence number:
1

Search Scope

Your taxon name:

Search

Search Scope: ---root---

add>>

del<<

Your Own Sequence

The sequence format is fasta:

图 09 选择序列数据

Welcome **User:** lxgl

Alignment Multiple

Cleaning & Editing

Model Estimation

Tree Reconstruction

Tree Visualization

Data Batch Extraction

☒ >Achlys_AYYCPRBCL

☒ >Berberis_MHOCPRBCLA

☒ >Bongardia_BOGCPRBCL

☒ >Caulophyllum_AF190441

☒ >Diphylleia_DYHCPRBCL

☒ >Dysosma_AF079454

☒ >Epimedium_EPDCPRBCL

☒ >Jeffersonia_JEFCPRBCL

☒ >Nandina_NADRBCL

☒ >Podophyllum_AF093716

☒ >Ranzania_RAZCPRBCL

☒ >Sinopodophyllum_AF079455

☒ >Vancouveria_DO923616

Go on

图 10 查看抽提序列



图 11 查看待处理数据详细信息

(3) 查看待处理数据详细信息。在此页面（图 11），点击 Start Wizard Run 按钮进入 Wizard 步骤式处理流程过程，点击 One Click Run 按钮进入一键式处理流程过程。

(4) 点击Start Wizard Run进入Wizard处理流程

（<http://phylo.csdb.cn:8080/palpp/user/wizard.htm>），进入时，会出现等待提示界面（滚动条及当前时间等信息，图 12 所示）。等待片刻，即可进入处理页面。

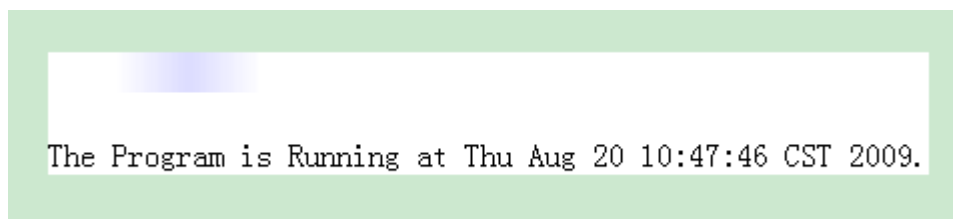


图 12 处理程序运行提示

(5) 第一个处理部分（Alignment Multiple），如（图 13 所示）。

Alignment Multiple	Cleaning & Editing	Tree Reconstruction	Phylogeny Evaluation	Visualization	Logout
--------------------	--------------------	---------------------	----------------------	---------------	--------

Welcome User: lxgl Common User Panel

Batch Extraction Result: [s1250736274030.fasta](#) Redo

Please choose the method to alignment multiple:

- ☒ ClustalW (Emma, Sequence)
- ☐ ClustalW-MPI (local PC)
- ☐ ClustalW-MPI (cluster)
- ☐ ClustalW-MPI (Dempcomp 7000)

Parameters Setting Panel

Slow align options

Do you want to carry out slow pairwise alignment?

Slow pairwise alignment: gap opening penalty

Slow pairwise alignment: gap extension penalty

Fast align options

Fast pairwise alignment: similarity scores: K-Tuple size (default is 1 for protein, 2 for nucleic)

Fast pairwise alignment: similarity scores: gap penalty (default is 3 for protein, 5 for nucleic)

Fast pairwise alignment: similarity scores: number of diagonals to be considered (default is 5 for protein, 4 for nucleic)

Fast pairwise alignment: similarity scores: diagonal window size (default is 5 for protein, 4 for nucleic)

Fast pairwise alignment: similarity scores: suppresses percentage score?

Gap options

Multiple alignment: Gap opening penalty

Multiple alignment: Gap extension penalty

Use end gap separation penalty?

Gap separation distance

No residue specific gaps?

List of hydrophilic residues

No hydrophilic gaps?

图 13 Alignment Multiple 进入

页面主体部分上方提供了刚抽取的序列数据文件（fasta 格式），并提供下载，还可以点击 Redo 链接重新抽取数据。

注：多重序列比对（主要采用 ClustalW 进行处理）提供多种形式以供使用，包括串行（Emma, Sequence）、本机服务器并行（MPI, local PC, 最多提供 8 个 CPU）、机群服务器并行（MPI, Cluster, 最多提供 16 个 CPU）、超级计算机并行（MPI, Dempcomp7000, 暂不提供服务）。参数设置面板（<http://phylo.csdb.cn:8080/palpp/user/customize.htm>）提供运行参数设置功能。

HOME 中文 | English

陆地植物系统发育平台
Phylogenetic analysis of land plants platform

Alignment Multiple

Cleaning & Editing

Tree Reconstruction

Phylogeny Evaluation

Visualization

Logout

Welcome User: lxxg! Common User Panel

Alignment Multiple Result: [s1250736274030.aln](#) [s1250736274030.dnd](#)

If the following loads unsuccessfully, Please [download JRE](#)(above version 6.0) and install it manually.

File Edit Select View Format Colour Calculate Help

10203040

Berberis_MHOCPRBCLA

Ranzania_RAZCPRBCL

Epimedium_EPDCPRBCL

Vancouveria_DQ923616

Achlys_AYYCPRBCL

Podophyllum_AF093716

Sinopodophyllum_AF079455

Dysosma_AF079454

Diphylleia_DYHCPRBCL

Bongardia_BOGCPRBCL

Caulophyllum_AF190441

Jeffersonia_JEFCPRBCL

Nandina_NADPRBCL

Consensus

Sequence 7 ID: Sinopodophyllum_AF079455 Nucleotide: Guanine (3)

Submit And Next

Cooperated by Fairylake Botanical Garden & Institute of Botany & Computer Network Information Center, CAS

图 14 Alignment Multiple 结果&Cleaning & Editing进入

(6) 第二个处理部分 (**Cleaning & Editing**)，图 14 所示。

页面上方提供了刚进行操作的结果文件（aln 文件和 dnd 文件），并提供下载。

页面左边提供了运行步骤的情况，此时 Alignment Multiple 提供链接，可以点击，回退到上一步骤进行操作。

注：以下各步骤均提供回退到之前步骤进行重新操作，不再重复叙述。

页面主体部分使用了 JalView Applet 展示了刚生成的 aln 文件，并可以进行编辑（掐头去尾等操作），点击 File->Output To Textbox->CLUSTAL，弹出刚刚编辑的结果文件内容，点击 Save 按钮，提示保存成功，关闭 close 即可。

若不编辑，也可以直接进入下一步；

然后点击 Submit And Next 进入下一步。

Welcome User: lxx! Common User Panel

Cleaning & Editing Result: [s1250736274030other.aln](#)

Alignment Multiple

Cleaning & Editing

► Model Estimation

Tree Reconstruction

Tree Visualization

Submit And Next

图 15 Cleaning & Editing结果

(7) 第三个处理部分（**Model Estimation**），图 15 所示。

页面上部提供刚编辑的文件（aln 格式，若上一步未编辑则为上一步编辑前的 aln 文件），并提供下载，页面左边前两步提供链接可以点击，回退到对应步骤进行重新操作。

注：模型评估，本版本（V1.0）暂不提供功能。

点击 Submit And Next 按钮进入下一步。

(8) 第四个处理部分（**Tree Reconstruction**），图 16 所示。

Welcome User: lxx! Common User Panel

Please choose the method to **Tree Reconstruction**:

☒ ML
☐ MP
☐ mrBayes
☐ fdncomp

Parameters Setting Panel

Number(1-9) of substitution rate categories (default 1)

Rate for each category

Transition/transversion ratio (default 2.0)

Use empirical base frequencies from sequence input? Yes

Base frequencies for A C G T/U (use blanks to separate) (default:0.25 0.25 0.25 0.25)

Rate variation among sites Gamma distributed rates

Coefficient of variation of substitution rate among sites (default:1)

Number of categories (1-9) (default:1)

Coefficient of variation of substitution rate among sites(Number 0.001 or more) (default:1.0)

Number of categories (1-9) including one for invariant sites (default:1)

Fraction of invariant sites (default:0)

Number of HMM rate categories (default:1)

HMM category rates (default:1.0)

Probability for each HMM category (default:1.0)

Rates at adjacent sites correlated? No

Mean block length of sites having the same rate(Number 1.000 or more) (default:1.0)

Number of times to randomise(Integer 0 or more) (default:0)

Random number seed between 1 and 32767 (must be odd) (default:1)

Global rearrangements? No

Use branch lengths from user trees? No

Submit And Next

Cooperated by Fairylake Botanical Garden & Institute of Botany & Computer Network Information Center, CAS

图 16 Tree Reconstruction 进入

页面主体内容提供构树的四种基本方法，ML、MP（暂不提供）、mrBayes（运行不稳定，暂不推荐使用）、fdnaccomp（暂不提供）等。点击相关方法获取相关的参数设置面板。不设置任何参数，则为缺省值。

点击 Submit And Next 进入下一步骤（若选择 mrBayes 进行操作，将会等待相当长时间，中途可能会出现连接中断的情况，这种推荐使用一键式操作过程）。

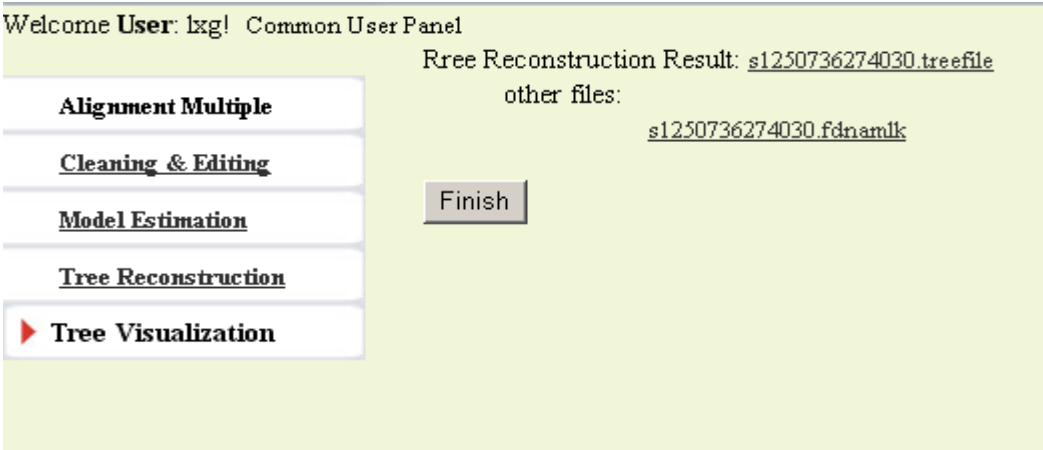


图 17 Tree Reconstruction 结果

结果页面内容如图 17 所示，点击 Finish 进入完成。

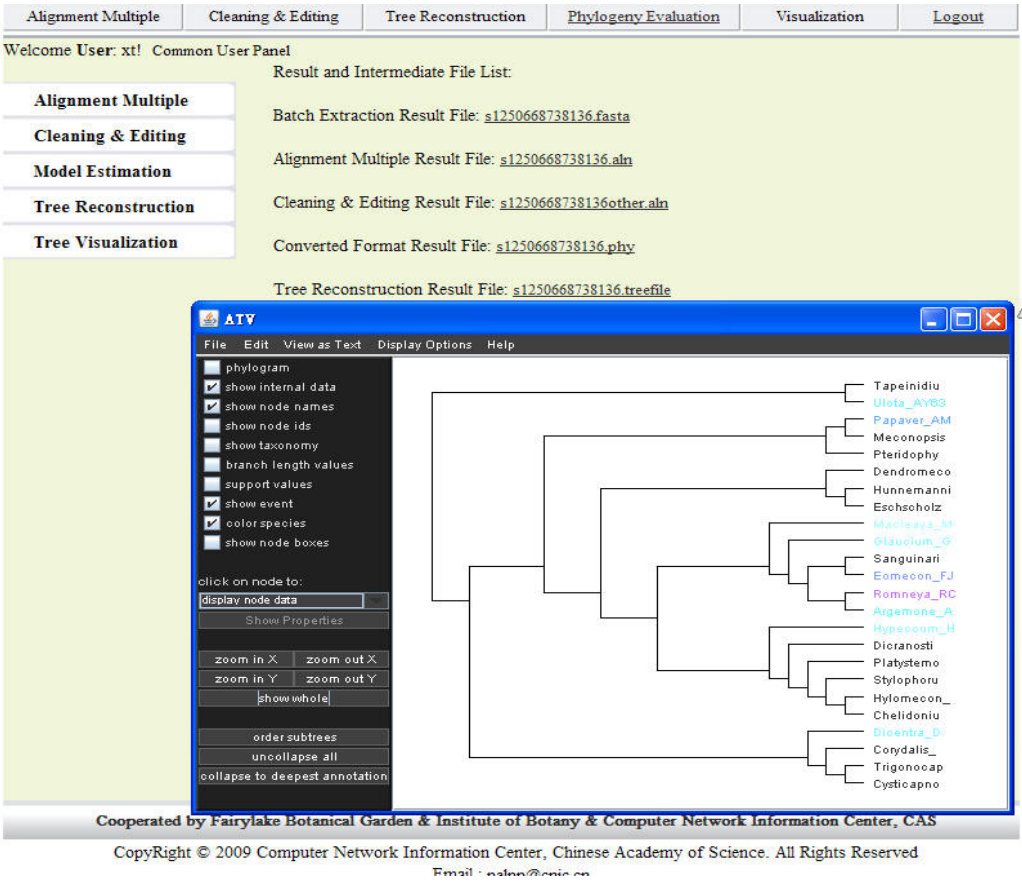


图 18 Tree Visualization

(9) 第五个处理部分（Tree Visualization），图 18 所示。

页面主体提供各个中间步骤的结果文件，提供下载。如果顺利进行到构树，则使用 ATV Applet 可视化显示树。关于系统树的各种编辑可以在此完成。

(10) Wizard 过程完成后，该过程操作将记录，并在任务列表 (Task List, <http://phylo.csdb.cn:8080/palpp/user/taskList.htm>) 中显示出来。

1.2 一键式处理过程

3.2.1 操作步骤

(1) 选择完所需要处理的序列后，点击 One Click Run 进入一键式操作过程。

一键式操作过程不需要进行详细的参数设置，直接调用已设置好的缺省参数。若没有进行过参数设置，则直接使用系统默认参数。进行页面如图 19 所示。

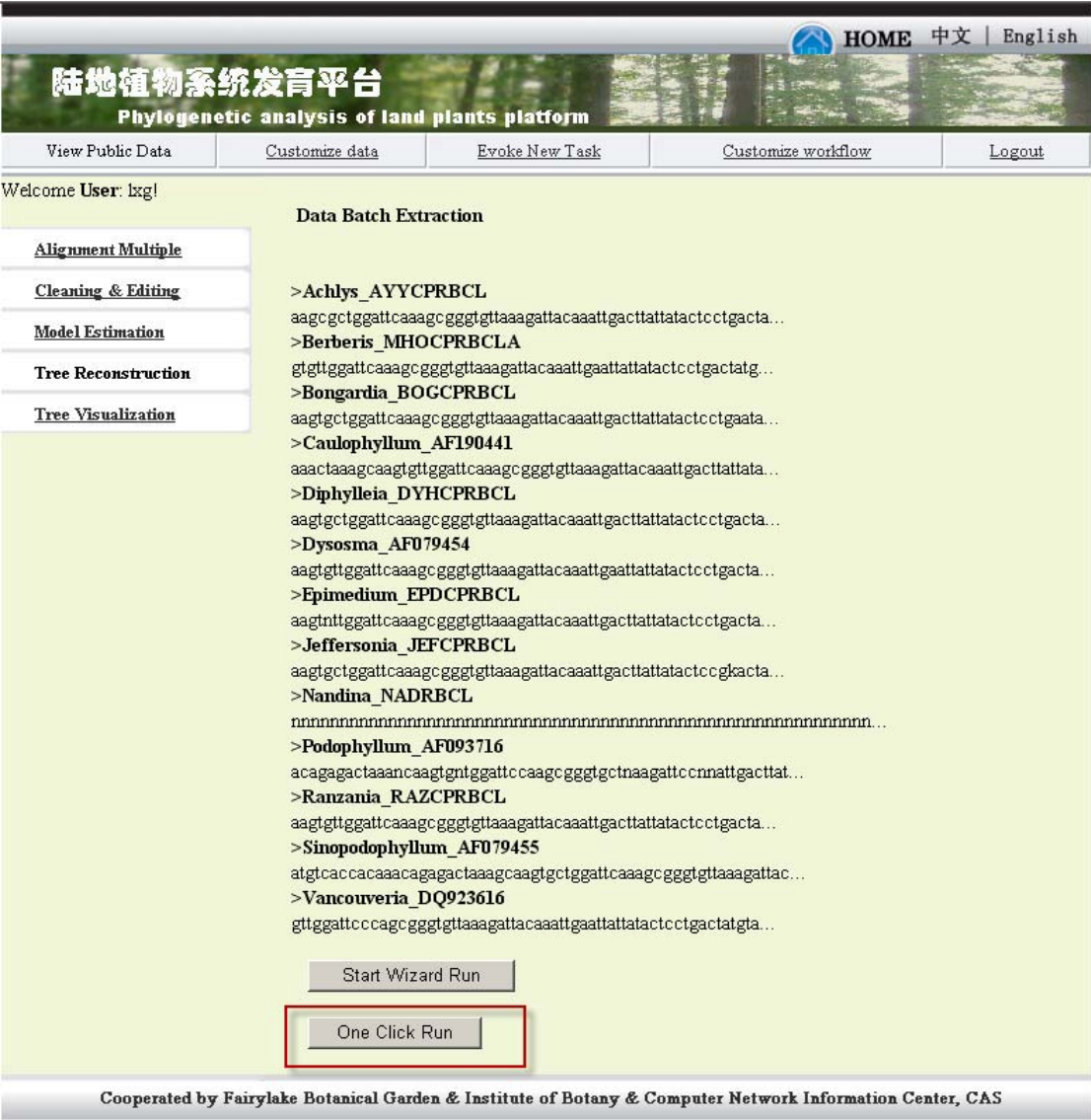


图 19 一键式操作页面

(2) 点击 One Click Run 进入下一个参数设置页面，图 20 所示。

Welcome User: lxgl | Common User Panel

One Click Run ---- Choose Specific Toolkit

Please choose the method to **Alignment Multiple**:

- ☒ ClustalW (Emma, Sequence)
- ☐ ClustalW-MPI (local PC)
- ☐ ClustalW-MPI (cluster)
- ☐ ClustalW-MPI (Dempcomp 7000)

Please choose the method to **Tree Reconstruction**:

- ☒ ML
- ☐ MP
- ☐ mrBayes
- ☐ fdnacomp

One-Click Run

图 20 一键式参数设置页面

在该页面中选择所需要耗时最多的两个步骤所采用的处理方式，一个是多重序列比对过程 (Alignment Multiple): ClustalW (Emma, Sequence)、ClustalW-MPI (local PC)、ClustalW-MPI (cluster)、ClustalW-MPI (Dempcomp7000) 等；另一个是构树过程 (Tree Reconstruction): ML、MP、mrBayes、fdnacomp 等。

选择好后，点击 One-Click Run 按钮，开始执行。页面跳到任务列表显示 (Task List, <http://phylo.csdb.cn:8080/palpp/user/taskList.htm>)，如图 21 所示。



HOME

[中文](#)

[English](#)

陆地植物系统发育平台

Phylogenetic analysis of land plants platform

[View Public Data](#)

[View Task List](#)

[Customize default parameters](#)

[Evoke New Task](#)

[Logout](#)

Welcome User: lxgl Administrator Panel

Task List

Job Name	Start Time	End Time	Status	Pause/Resume	Shutdown	Result	Delete
s1251082364803	Mon Aug 24 11:03:33 CST 2009		normal	Pause	Shutdown		

First

Previous

Next

Last

图 21 One-Click 任务表

3.2.2 任务管理

在用户主界面 (Common Panel, <http://phylo.csdb.cn:8080/palpp/user/index.htm>) 中可以查看到任务列表 (最新已完成的十个)，并可以查看结果 (result)。在任务管理列表界面 (Task List, <http://phylo.csdb.cn:8080/palpp/user/taskList.htm>) 中，可以管理一键式执行的任务。

任务列表如图 22 所示，包括 JobName (任务名，唯一标示)、Start Time (任务开始时间)、End Time (任务完成时间)、Status (任务状态，normal 为正常执行、over 为执行完毕、paused 为已暂停)、Pause/Resume (暂停或重启任务)、Shutdown (关闭正在执行的任务)、

Result（查看任务执行结果）、Delete（删除历史任务）。

Welcome User: lzg! Administrator Panel

Task List

Job Name	Start Time	End Time	Status	Pause/Resume	Shutdown	Result	Delete
s1251083138898	2009-08-24 11:05:45.0		normal	Pause	Shutdown		
s1251082364803	2009-08-24 11:03:33.0	2009-08-24 11:03:42.0	over	null		result	delete

First Previous Next Last

图 22 任务列表

点击 result 链接，将查看历史任务的执行结果。如上面 Wizard 的 Finish 界面。

1.3 使用自己提交的数据处理

数据处理 Wizard 流程化处理过程可以使用自己提交的相关输入文件。如比对过程的 fasta 文件、构树所需要的 aln 文件、可视化所需要的树文件等。

在用户主界面提供了模块化分析的链接，如图 23 所示。

点击上面图中的相关链接即可进入相关处理模块的输入界面。

- (1) Alignment Multiple (<http://phylo.csdb.cn:8080/palpp/user/ProcessInput.htm?type=0>);
- (2) Cleaning & Editing (<http://phylo.csdb.cn:8080/palpp/user/ProcessInput.htm?type=1>);
- (3) Tree Reconstruction (<http://phylo.csdb.cn:8080/palpp/user/ProcessInput.htm?type=3>);
- (4) Tree Visualization (<http://phylo.csdb.cn:8080/palpp/user/ProcessInput.htm?type=4>) 等。

[HOME](#)
[中文](#)
[English](#)

陆地植物系统发育平台

Phylogenetic analysis of land plants platform

[View Public Data](#)
[Customize data](#)
[Evoke New Task](#)
[Customize workflow](#)
[Logout](#)

Administrator Panel

Group User Panel

Common User Panel

Admin Application

- [Users Management](#)
- [request management](#)
- [Data Update](#)
- [Data Submit](#)

Group Application

- [View Data](#)
- [Customize data](#)
- [Evoke New Task](#)
- [Customize workflow](#)
- [Submit Private Data](#)

Common Application

- [View Public Data](#)
- [Customize data](#)
- [Evoke New Task](#)
- [Task History List](#)
- [Customize workflow](#)

Modularization Analysis

- [Alignment Multiple](#)
- [Cleaning & Editing](#)
- [Tree Reconstruction](#)
- [Phylogeny Evaluation](#)
- [Visualization](#)

Account Management

- [Modify Password](#)
- [Modify Information](#)

Welcome User: lxx! Administrator Panel

Request list

View request list (Latest 10s)

number	taxon_name	database	gene	format	process	action
1	Berberidaceae	nuccore	rbcL	gb	lxx	view data delete

[more Request data](#)

Manage Task

Task List (Latest 10s)

Job Name	Start Time	End Time	Status	View Result
s1251083138898	2009-08-24 11:07:03.0		over	result
s1251083138898	2009-08-24 11:05:45.0	2009-08-24 11:07:19.0	over	result
s1251082364803	2009-08-24 11:03:33.0	2009-08-24 11:03:42.0	over	result

[more Task](#)

[Customize workflow](#)

[Evoke a new workflow task](#)

Cooperated by Fairylake Botanical Garden & Institute of Botany & Computer Network Information Center, CAS

图 23 模块化分析的链接

下面以 Tree Reconstruction 为例示例（其它的处理情况类似）。

Data Input

Upload your sequence file, Aln format:

[Alignment Multiple](#)

[Cleaning & Editing](#)

[Model Estimation](#)

[Tree Reconstruction](#)

[Tree Visualization](#)

图 24 构树过程的文件输入界面

点击链接进入构树过程的输入界面，该界面提供一个文本输入框，选择相关文件（aln 格式）后，Submit And Next 按钮可用。点击 Submit And Next 按钮后，上传文件，等待片刻

进入构树相关的参数设置界面（图 25）。

图 25 构树过程的算法选择界面

此页面与 Wizard Run 处理界面稍有不同之处在于左边的模块化处理链接，此处只提供从开始步骤开始的回退链接（若以 Tree Reconstruction 开始，则此之前的 Alignment Multiple、Cleaning & Editing、Model Estimation 等均不可回退）。

设置完参数后，点击 Submit And Next 进入下一步，具体操作同前。

处理过程结束后，finish 显示界面，与之前 Wizard Run 处理后的完成界面有所不同的是，只显示从开始步骤起完成的结果，之前步骤不予显示。而且，自己提交数据的处理过程不列入任务列表中（即不保存）。

1.4 处理软件缺省参数设置

在用户首页（Common Users Panel，<http://phylo.csdb.cn:8080/palpp/user/index.htm>）点击

Customize Workflow (<http://phylo.csdb.cn:8080/palpp/user/customize.htm>) 链接，进入处理流程缺省参数设置页面图 26 所示。

Welcome **User: lsg!** Administrator Panel

Please choose the method to set default value:

☒ ChustalW (Emma, Sequence)

☐ ChustalW-MPI (local PC)

☐ ChustalW-MPI (cluster)

☐ ChustalW-MPI (Dempcomp 7000)

☐ ML

☐ MP

☐ mrBayes

☐ fdnacomp

Parameters Setting Panel

Slow align options

Do you want to carry out slow pairwise alignment?

Yes

Slow pairwise alignment: gap opening penalty

10.0

Slow pairwise alignment: gap extension penalty

0.1

Fast align options

Fast pairwise alignment: similarity scores: K-Tuple size

1

(default is 1 for protein, 2 for nucleic)

Fast pairwise alignment: similarity scores: gap penalty

3

(default is 3 for protein, 5 for nucleic)

Fast pairwise alignment: similarity scores: number of diagonals to be considered

5

(default is 5 for protein, 4 for nucleic)

Fast pairwise alignment: similarity scores: diagonal window size

5

(default is 5 for protein, 4 for nucleic)

Fast pairwise alignment: similarity scores: suppresses percentage score?

Yes

Gap options

Multiple alignment: Gap opening penalty

10.0

Multiple alignment: Gap extension penalty

5.0

Use end gap separation penalty?

Yes

Gap separation distance

8

No residue specific gaps?

Yes

List of hydrophilic residues

GPSNDQEKR

No hydrophilic gaps?

Yes

Save

图 26 缺省参数设置页面

页面上方列举各个处理方法，下方根据所选择的方法动态显示参数设置情况。设置完毕，点击 Save 按钮保存设置结果。

缺省参数设置情况保存到数据库中，待数据处理的时候调用。

Cooperated by Fairylake Botanical Garden &
Institute of Botany
& Computer Network Information Center,
CAS

Email: palpp@cnic.cn