Big Tree Viewer：集成智能体人工智能的高性能浏览器端系统发育树查看器

John B. Allard1,2* 和 Sudhir Kumar1,2

1 基因组学与进化医学研究所，天普大学，美国宾夕法尼亚州费城 19122

2 天普大学生物学系，费城，PA 19122，美国 * 通讯作者：
john.allard@temple.edu

摘要

系统发育树以可视化方式呈现进化史，而显示和探索系统发育树的能力，是生物学各领域研究中的一项关键功能。随着低成本DNA测序日益普及，非常大型的基因树和物种树正变得越来越常见，这给最初针对包含数百至数千个末端的系统发育树而设计的显示软件带来了性能和信息呈现方面的挑战。我们讨论了这些局限性，并介绍了一款基于浏览器的 Big Tree Viewer（BTV）。该工具针对快速显示和生物学信息丰富的系统发育树探索进行了高度优化，即使面对包含多达一百万个末端的系统发育树也能应对自如。BTV可以自动将双名法物种名称映射到NCBI或生命目录的分类体系，并显示彩色带状图以标示分类群，从而增强探索体验。即使不进行分类映射，BTV也会自动为名称首词相同的相邻末端分组并添加标签，例如属名或基因家族名称；当单个末端标签过于密集而难以阅读时，这些标签可提供清晰易读的大尺度地标。BTV支持元数据显示、视觉定制、类似缠结图的树比较、统计数据、图形导出以及多种树布局，其中包括一种用于显示超大型树的新型螺旋形式。BTV还设计为可与常用的智能体人工智能工具集成，使智能体能够根据用户请求显示、设置样式、注释和检查树。BTV网页应用可通过 https://BigTreeViewer.net 免费使用，完全在用户的浏览器中运行，不会向任何中央服务器上传数据。此外，还提供适用于macOS、Windows和Linux的BTV桌面应用版本供下载。

关键词：系统发育树、树查看器、分类学、大型树、螺旋树、元数据、科学图表、智能体式 AI

引言

系统发育树描绘了对物种和基因进化史的推断，广泛应用于生命科学领域。树形图将分支关系呈现在一个视图中，使研究人员能够了解进化史的大致脉络并识别其中的模式。随着测序成本下降和分子数据集不断扩展，包含数千个物种的树变得越来越常见，其中一些物种系统发育树的末端数量超过 100,000 个（Carruthers 等，2026；TimeTree，2026；J. B. Allard，未发表数据）。微生物基因组学和病原体监测同样会生成非常大的树，其中包括包含数百万条病毒序列的系统发育树（Parks 等，2022；Sanderson，2022）。此外，TimeTree of Life 等项目还将已发表的系统发育树汇总为包含数十万个末端的超树（Kumar 等，2022；TimeTree，2026）。同样，功能基因组学领域的研究人员也能够组装非常大的多基因家族树，因为公共数据库中的同源序列数量不断增加（Langschied 等，2024；Policarpo 等，2024；Fogg 等，2026）。

据我们的经验，现有的树形图浏览软件实现，要么无法快速显示许多大型树，要么缺少能够支持更深入生物学探索的功能（Sanderson，2022；Wang 等，2025）。即使树可以轻松显示，我们也发现，末端显示的分类单元信息限制了树的可读性和解读效果。当末端达到数百个或更多时，单个屏幕或页面上的标签会变得难以阅读，往往需要手动添加标签来标示命名支系、基因和分类群的位置。对于末端达到数千个或更多的树，手动操作便不再可行，因此几乎没有动力尝试查看如此庞大的整棵树。超过一定规模后，可以用折叠支系和子集代替整棵树（Letunic 和 Bork，2024年），但这种简化会让人无法获得通过快速探索整个大型系统发育树可能发现的洞见。

我们开发了 Big Tree Viewer（BTV），以解决大型系统发育树在性能和可读性方面的问题。BTV 是一款基于浏览器的应用程序，经过优化，可快速加载并流畅浏览任意规模的树，包括包含一百万个或更多末端的树。为了在末端标签难以辨认时仍保持完整视图的信息量，只要条件允许，它会根据双名法物种名称自动显示属名标签。它还可以将物种名称映射到 NCBI 分类学（Schoch 等，2020）或生命目录（Hobern 等，2021），并自动为分类群显示带颜色和标签的带状图（见 **图 1A-B**）。这些标签提供了易于识别的分类群，帮助用户确定树中的区域，并选择需要进一步仔细查看的位置。对于较小的树，如果所有末端名称无法在图中清晰容纳，这些功能同样十分有用。

我们的分析表明，在包含 1,000 至 1,000,000 个末端的树中，无论采用矩形布局还是圆形布局，都能实现快速加载和流畅导航（见 **图 5**）。

BTV 还提供元数据显示（例如，**图 2**）、视觉定制、树比较工具（配备可完全导航的树纠缠图式显示，例如，**图 3**）、统计数据以及高质量图像导出。研究人员可以在矩形、圆形和螺旋布局之间切换，也可以选择分支图和年代图。网页应用在用户的浏览器中运行，并提供适用于 macOS、Windows 和 Linux 的桌面版本。BTV 还提供人工智能代理接口，让用户能够请求协助显示、设置样式、标注和检查树。我们使用物种树和基因树展示 BTV 的功能，并比较不同基于网络的查看器的加载与导航性能。

结果

不同查看尺度下的生物学定向

BTV 专为快速加载和流畅探索任意规模的树而开发，包括包含一百万个或更多末端的树。它经过编程，可自动识别末端标签中的双名法物种名称，并提取属名（末端标签中的第一个词）。它会识别末端标签中首词相同的连续末端序列，并为较大的属显示清晰易读的标签；随着放大，还会显示更多属（**图 1A**）。同样的分组机制也可用于标记共享其他首词标识符的连续序列，例如菌株或基因家族名称。

用户可以自动将末端标签映射到 NCBI 分类学或生命目录，为树添加更丰富的背景信息（**图 1B**）。NCBI 分类学提供细胞生物和病毒公开序列记录所关联的名称与分类（Schoch 等，2020）。生命目录整合了专家物种清单，其覆盖范围也扩展到了序列数据库中未收录的生物体（Hobern 等，2021）。BTV 利用这些来源为分类阶元构建带状图，让用户选择数据源并自定义其外观。用户使用鼠标滚轮或键盘控制缩放时，显示的分类细节也会随之调整（**图 1C**）。默认情况下，BTV 显示林奈分类阶元，用户也可以自定义要显示哪些其他阶元。

这些注释保留了生物学背景；例如，用户可以从脊椎动物概览逐步浏览到哺乳动物以及智人附近的区域（**图 1C**）。搜索支持物种名称和已映射的分类群，并可导航至匹配的区域。

分类学颜色也可以应用于分支，或者在分支颜色表示其他变量时，将其保留用于带状图。

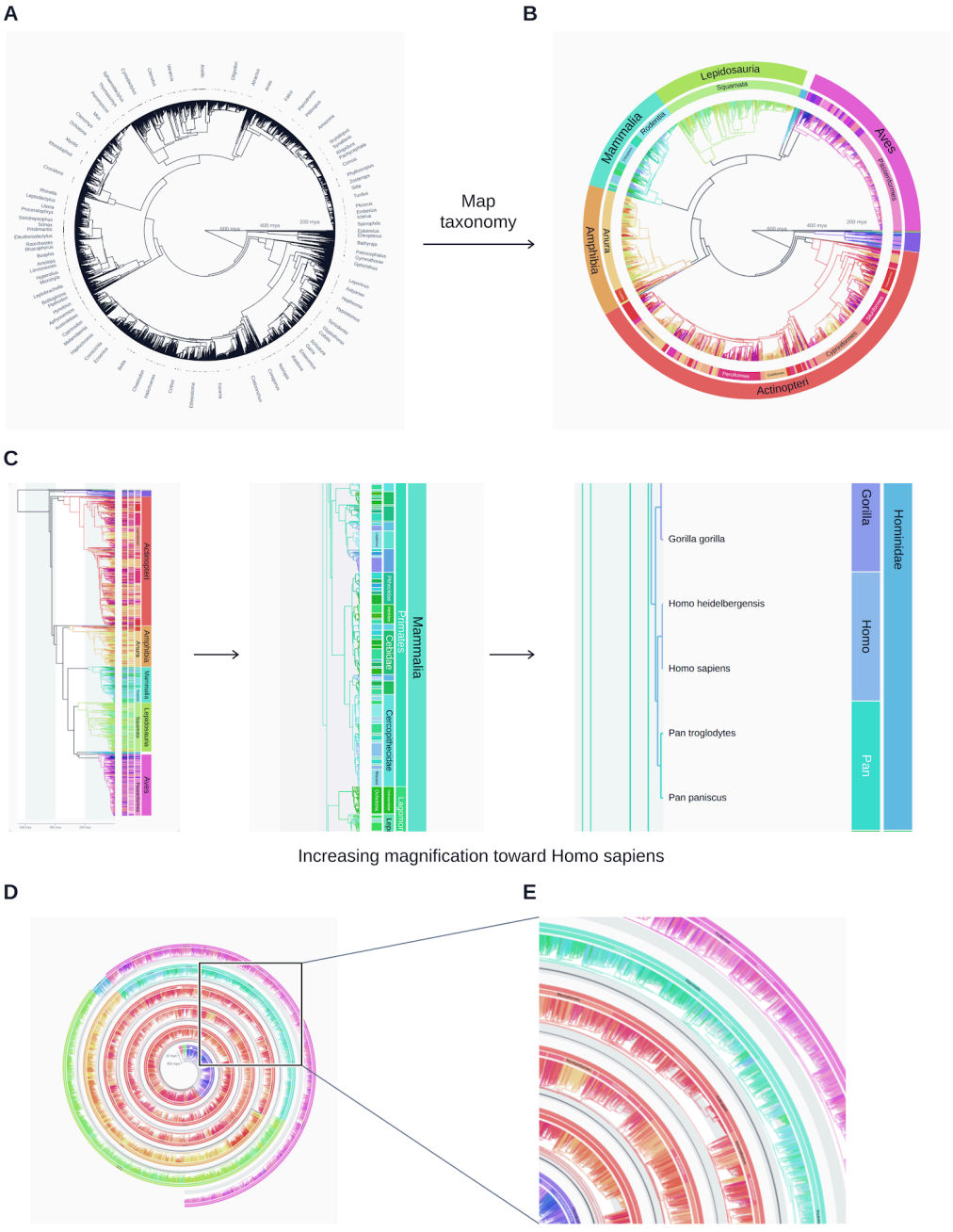


图 1. 分类学引导的大型系统发育树探索。 (A-B) 含50,033个末端的脊椎动物示例树在启用 NCBI 分类学叠加层前后的相同圆形视图。A 显示自动属级标签。B 中，分支颜色和嵌套带状图用于标识分类群。**(C)** 逐级放大的矩形视图，从完整的树到哺乳动物，再到类人猿邻域。箭头表示连续视图。**(D)** 螺旋布局中的完整树。**(E)** 放大显示 D 中方框标出的确切区域。颜色用于标识分类群。

演化时间的交互式螺旋表示

BTV 为同一棵树提供矩形、圆形和螺旋布局。螺旋布局的灵感源自 2015年生命时间树；该图将按对数比例缩放的进化史排列成盘绕的条带，以展示一棵极高的矩形时间树，其中包含 50,000 多个物种（Hedges 等人 2015年）。在这种表示方式中，末端顺序沿条带延伸，时间则沿条带的宽度推进。沿螺旋向外的位置更远，并不意味着演化时间更晚。

压缩漫长的远古历史，同时为近期分化分配更多空间，可形成紧凑的概览，并留出一条较长的边界，用于展示末端类群及其相关元数据。用户可以放大螺旋以查看分支和标签，也可以平移浏览相邻类群；导航过程中，分类学带会保留各类群的身份（**图 1D-E**）。这种布局有助于将宏观元数据模式与局部关系联系起来，尤其适用于与现生物种或近期分支相关的数量。

元数据与图件制作

在 BTV 中，用户可以在树上显示元数据，并自定义组合视图以进行图形导出。元数据可通过连续型和类别型分支颜色、节点标记、末端饼图、热图、条形图和表格显示（**图 2**）。用户可以调整字体、标签大小、颜色、线宽、带状标记和注释尺寸，并导出 PNG 或 SVG 图像。已保存会话会保留树及其配置好的显示效果，供之后继续使用。

螺旋几何特别适合展示元数据，重点呈现较新的进化模式，例如物种形成率（**图 2A**）。即使螺旋树中有 >50,000 个末端，且元数据映射到各个分支上，查看器的导航仍然十分迅速。树视图中可以生成并显示图例，也可以将其与树图像一同导出。如果加载的树文件包含这些数据，BTV 可以显示节点名称、高度、自举值和年龄误差线。用户可以自定义这些注释，以及分支长度和时间刻度标尺、刻度和标签。根据需要，可以将分支群折叠为三角区域，或为其分配自定义颜色，以突出显示相关区域。

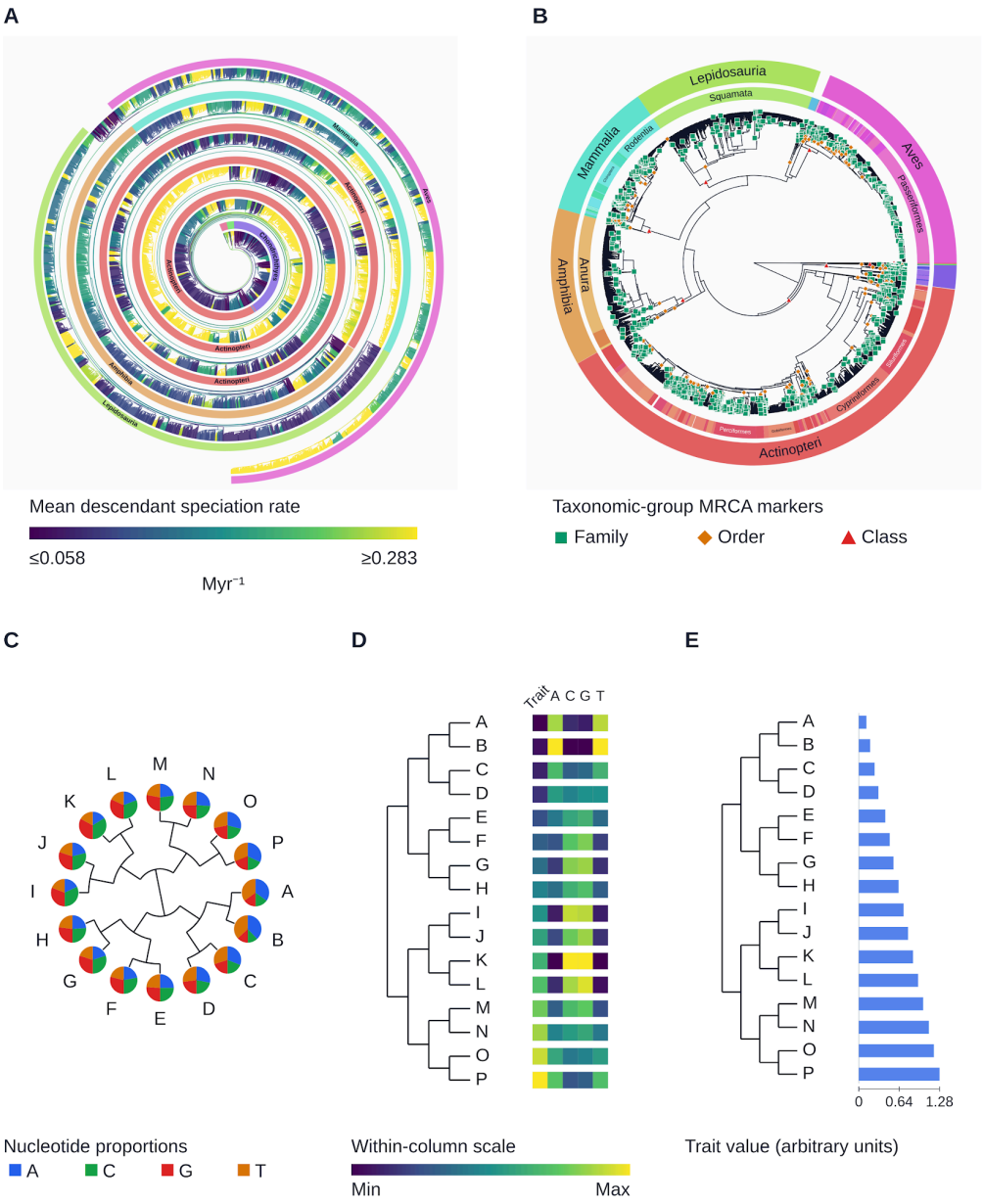


图 2. 连续型、类别型和多变量元数据显示。 **（A）** 映射了 RPesto 物种形成率的 50,033 个末端的示例脊椎动物树。内部颜色概括了直接映射的后代末端速率。色阶范围截断于第一和第九十九百分位数。纲级色带独立于分支颜色编码分类学信息。 **（B）** 群体最近共同祖先处的标记：科为方形；目为菱形；纲为三角形。 **（C-E）** 同一示例性的 16 个末端的树及其元数据，其中末端名称缩写为 A-P。

BTV 也 p 提供通过共享末端标签匹配的树的可导航比较（**图 3** ）. 分类学带在用户检查关系和末端顺序的差异时保留生物学背景。连接线交叉显示显示顺序变化，而不兼容分裂指标则标示拓扑差异。

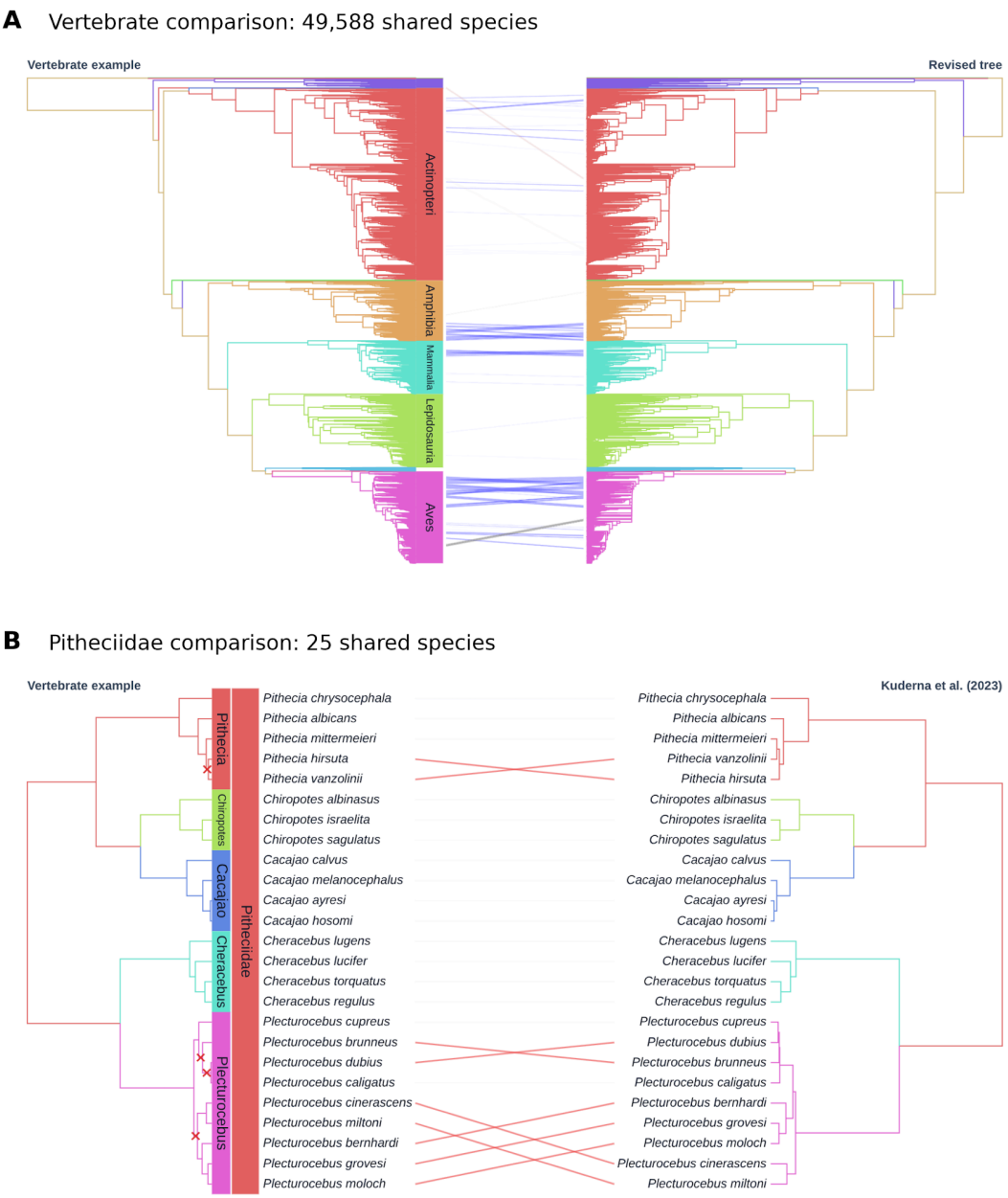


图 3. 带有分类学背景的树比较。（**A**）脊椎动物示例及修订后的树，限定为49,588个共有物种，并使用纲级分类颜色和带状标记。（**B**）脊椎动物示例及Kuderna 等（2023）中的树，限定为25个共有的僧面猴科物种，并使用科和属带状图。连接线连接匹配的物种；连接线颜色突出显示末端顺序中的位移，红色X标记表示不兼容的左侧树的分裂。B比较提取出的子树。每棵树的水平深度均独立缩放。

对于跨越系统发育树且每个物种包含多个末端的基因家族树，可以根据末端标签中的来源物种名称或 NCBI 分类标识符分配分类学信息。在大型多基因树中，也可以结合分类学信息与元数据：外层带状图标识基因亚家族，内层分类学带标识来源生物（**图 4A**）。对于在不同时间采集的样本，BTV 可以显示一个已经

根据日历日期对系统发育树进行时间标定，并按日期元数据为分支着色，使历史样本可以在最新样本之前终止（**图4B**）。

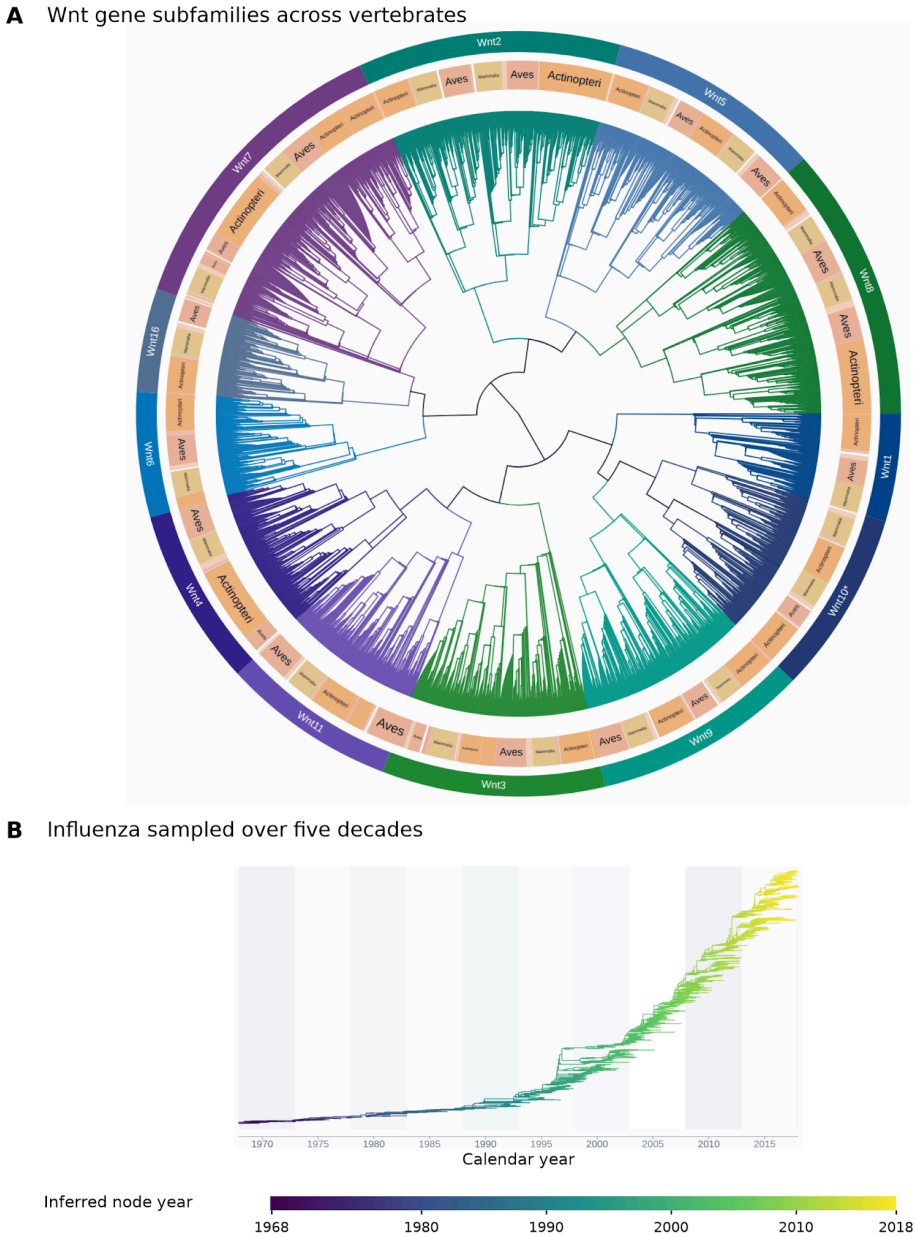


图 4. 基因家族与日历时间展示。（**A**）已发表的 Wnt 基因树，包含来自 1,961 种脊椎动物的 38,886 条序列（Fogg 等，2026）。分支颜色和外侧带状图标示了 12 个 Wnt亚家族；内侧带状图显示了根据来源生物名称映射的 NCBI 分类学纲。圆形分支图将末端对齐，但不表示遗传距离或演化时间。星号标示一个 Wnt10分支，其中有一条序列在源数据中注释为 Wnt6。（**B**）已发表的人类甲型流感A/H3N2血凝素系统发育树，包含 2,189 个采样病毒，时间跨度为 1968-2018 年（Lee等，2018）。已发表的推断分支持续时间以日历年份为参照展示，分支颜色表示推断的节点年份。历史样本终止于各自推断的日期，而非统一延伸至同一个现在。

用户可以通过托管会话文件的链接分享已保存的会话，让接收者在自己的浏览器中打开已配置的树。我们还提供嵌入式 API，以便在网站中显示 BTV 查看器窗格和树会话，让访客能够探索树。

树规模逐渐增大时的加载与导航

我们使用六种规模（末端数从 1,000 到 1,000,000）的相同平衡 Newick 树，对比了 BTV 与 iTOL（Letunic 和 Bork，2024年）、Taxonium（Sanderson，2022）、PhyloScape（Wang 等，2025）、Phylo.io（Robinson 等，2016）和 phylotree.js（Shank 等，2018）的性能（**图 5**）。IcyTree（Vaughan，2017）和 heat-tree（Foster 等，2026）在 100 秒的筛选时限内未能显示含 100,000 个末端的树，因此未纳入比较。BTV、Taxonium 和 PhyloScape 均显示了所有受测规模的树。在每种受测规模下，BTV 的加载时间中位数均为最短，从含 1,000 个末端的树的 0.040 秒到含 1,000,000 个末端的树的 2.195 秒不等。加载时间衡量的是原生初始显示，而非等密度渲染：phylotree.js 的初始显示超出了视口，而 iTOL 和 Phylo.io 的初始显示则折叠了部分分支群。

为评估各查看器在导航时显示树的流畅程度，我们测试了矩形布局和圆形布局中的缩放和平移。测试要求将视图放大到屏幕上约显示 10 个末端，然后上下平移。我们测量了显示的树连续两次更新之间的时间，并计算这些时间间隔的第 95 百分位数，以表征较长的停顿。对于末端数超过 1,000 的树，BTV 在两种布局中的表现均优于所有其他受测查看器。受测应用中的 Taxonium 和 Phylo.io 不提供圆形布局。托管的 phylotree.js 界面提供间距控件，但矩形布局末端节点间距的最小值导致无法将整棵树放入基准测试视口。其圆形布局控件无法将树放大到足以显示约 10 个末端，因此仅纳入加载结果。

iTOL 加载了最多包含 100,000 个末端的树，并且在矩形布局和圆形布局中都可以缩放到大约能看到 10 个末端，但随着树规模增大，导航变得不那么流畅。在 100,000 个末端时，其试次级显示间隔中位数的第 95 百分位数在矩形视图中为 5.30 秒，在圆形视图中为 5.91 秒。
PhyloScape 的大树模式显示了所有测试规模，在 100,000 个末端时，矩形视图的显示间隔为 46.4 毫秒；在 1,000,000 个末端时，其唯一一次成功导航试次的显示间隔为 548 毫秒。导航设置期间的三次导入

返回了 HTTP 504 错误，因此在 500,000 个末端时有两次成功试次，在 1,000,000 个末端时有一次成功试次。随着树规模增大，PhyloScape 的圆形视图施加的最大缩放级别越来越限制探索范围。对于百万叶端树，即使是最近的视图仍覆盖约 5,000 个末端。该缩放限制导致无法完成大于 1,000 个末端的树的导航测试。因此，我们省略了这些计时结果，并在 **图 5C** 中用星号标记 1,000 个末端的数据点。Evolview（Subramanian 等，2019）的初始屏幕在提交前遇到了访客服务错误，因此未纳入 **图 5。** Phylo.io 可以完成最多包含 100,000 个末端的树的矩形缩放和平移测试，在该规模下，试次级显示间隔的第 95 百分位数中位数为 5.44 秒。其所需的 Optimise 文本操作在从缩放切换到平移时执行。在 50,000 个末端时，其三次尝试中有两次通过了最终可见性验证；在第三次尝试中，90 秒后大多数相邻末端名称仍未显示。

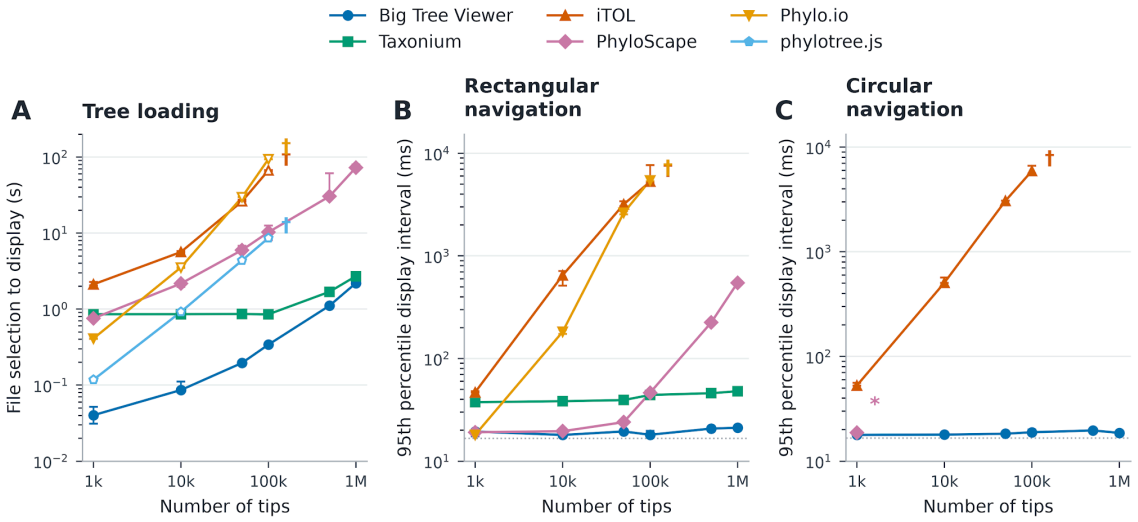


图 5。树加载与导航响应性。 **（A）** 从本地文件选择到树的初始显示所需的时间，包括必要的上传和服务器处理。空心符号表示初始时折叠的分支群（iTOL、Phylo.io）或部分屏幕视图（phylotree.js）。 **（B-C）** 在矩形（B）和圆形（C）缩放与平移导航过程中，从完整树导航到约包含十个相邻末端的视图时，试次级显示间隔的第 95 百分位数。间隔越长表示暂停时间越长；点状参考线为 16.7 ms（60 帧每秒）。点表示中位数，误差线表示成功试次中的观测范围。† 较大的测试输入超过了 100 秒的加载截止时间，或在渲染过程中失败。* PhyloScape 的圆形视图最大缩放限制导致无法完成对大于 1,000 个末端的树的导航测试；这些计时数据未列出。其他缺失曲线反映了不可用的布局或未满足的导航要求。有关操作流程、试次数量、失败情况和查看器特定限制，请参见方法。

讨论

当概览能标示出易于识别的生物类群，而不只是密集的分支图案时，大树可视化会更有用。BTV 的自动属级标签

和分类学带提供了这些地标，帮助用户判断哪些区域值得仔细查看。这些地标也有助于研究人员展示生物学模式在树中的位置。用户可以在易于识别的分类群中找到宏观的元数据模式，进一步缩放以识别相关物种，并制作保留这些地标的概览。螺旋图延展了 2015年《生命时间树》所采用的呈现方式，使局部分支能够通过交互方式进行查看（Hedges 等人 2015）。共享会话和嵌入式查看器可让读者探索静态概览无法呈现的关系。

同样的方法可用于处理超大型多基因家族树，其中来自众多生物体的大量基因拷贝使得在总览尺度上逐一显示末端标签并不切实际。在 Wnt 示例中，分类学带状标记指出每个基因亚家族区域所代表的生物体，而单独的外侧带状标记则区分不同的基因亚家族（**图 4A**）。应保留不同的基因标识符，同时通过生物体名称或分类学标识符建立注释关联。此应用将 BTV 的用途扩展到物种系统发育树之外。

BTV 的设计考虑了智能体人工智能计算。随着科学研究逐渐采用人工智能代理辅助的工作流程，系统发育软件需要提供相应的界面，让智能体能够检查树，并协助研究人员展示树。桌面端 MCP 工具、可下载的技能和 Web API 可让智能体为用户配置树，并返回可编辑会话以供交互式检查。我们计划随着智能体能力的发展持续更新这些界面。桌面应用程序可以检查并下载软件更新。

通过在大型系统发育树中保留分类学背景，BTV 可帮助研究人员定位促成性状、进化速率和基因家族组成模式的谱系。随着测序揭示的进化关系覆盖越来越大的尺度，这些功能将帮助研究人员发现模式、提出新假设，并在生物多样性的广阔范围内交流研究结果。

材料与方法

实现

BTV 使用 TypeScript 和 React 实现，并通过 Electron 桌面应用程序共享 Web 界面。一个 Web Worker 负责解析树，并为父子关系、分支长度、深度和后代数量构建类型化数组。该工作线程会预先计算输入

以及基于后代的叶序，包括每个节点下后代叶的范围，并将底层缓冲区传输到界面。这样可以将初始树处理与主界面线程分离，并允许在导航过程中重复使用拓扑结构和布局信息。

交互式渲染器使用 Canvas 2D。依赖布局的几何结构和索引会被缓存，其中若干缓存仅在需要时才会创建。空间索引和视口测试将精细绘制限制在相关线段内。对于未着色的矩形树，以及未着色或规模较大的按分类着色的圆形树，渲染器会遍历后代区间或角扇区，以排除屏幕外的支系。跨度小于半个像素的后代会以其范围表示，并在视图放大时展开为单个分支。同样的圆形树遍历方式适用于不同规模的树；其他带注释的渲染路径则保留各自的缓存和细节控制。系统会根据可用的屏幕空间选择末端标签和分组标签，避免在总览中绘制每个标签所带来的开销和视觉杂乱。对于完全显示在视口中的大型按分类着色的圆形树，平移时会以当前缩放比例复用分支图像，同时继续根据视口更新标签和带状图。缩放比例改变时，该图像会失效，并继续使用基于支系的缩放渲染器。重绘通过 requestAnimationFrame 进行调度。整树路径缓存仅在适当情况下使用：对于较大的路径或深度缩放，也可以改用可见线段渲染。因此，该实现结合了预处理、缓存复用、可见性筛选，以及在无法分辨单个特征时降低细节程度。

分类处理使用单独的工作线程和缓存映射。渲染器根据按显示顺序排列的已映射末端构建分类区块，并在视角变化时重复利用这些区块。螺旋沿螺旋曲线映射叶节点位置，并使用归一化的 *log*(1 + 年龄/*u*) 变换将年龄转换为横向条带偏移，其中 *u* 控制接近当前时刻的比例。该变换在年龄为零时仍保持有限。对于定年超度量树，年龄 由根年龄减去根到节点距离计算得出。

AI辅助树探索与图件制作

桌面应用程序内置了本地模型上下文协议（MCP）服务器。其工具可让智能体在可见的查看器中打开 Newick、NEXUS格式和已保存的会话文件，检查树数量和注释状态，更改布局和显示设置，并导出图形或可编辑会话。智能体还可以使用捆绑的 Electron渲染器在后台渲染图像，并将已配置的树交给研究人员，以便继续交互式探索。单命令入口点向脚本开放相同的操作。可下载的技能

提供了说明和辅助脚本，用于选择布局、应用元数据和分类学信息，以及检查渲染结果。智能体还可以通过网页启动/导出 API，使用 URL 参数或结构化浏览器消息提供树和显示设置，并请求生成图像。其他网站也可以通过同一 API 为其用户启动已配置的树；图 2A 中的纲-带状标记螺旋图便是根据已保存的输入载荷生成的。上述界面复用了 BTV 的树加载和显示操作，将自动化图件制作与交互式检查连接起来。

示例树和元数据

图 1 和图 2使用 BTV 的 50,033 个末端脊椎动物示例会话及其 NCBI 分类学映射。该树采用分治系统发育学方法推断，属于一篇即将发表的论文内容。现有 RPesto 分析中的物种形成率值被用作示例性分支着色元数据（Kopperud 和 Höhna（2025））。利用末端名称将 λ 估计值与脊椎动物树关联。49,588 个末端有可直接使用的值。内部值根据直接映射的后代末端的均值计算得出。没有有限值的节点沿用最近祖先节点的可用值，由此得到 445 个插补末端和 140 个插补内部节点。纲级色带将速率模式定位到易于辨认的生物类群中，同时保留连续的分支颜色刻度。

元数据表包含 100,065 个唯一节点键，查看器均成功匹配。连续刻度截断于第 1 和第 99 百分位数，即 0.0577383 和 0.2833427 Myr^{-1}。49,627 个末端保留了纲级分类分配。其余 406 个末端没有保存的纲级分类分配，因此显示为带状标记间隙。补充数据中提供了源文件、输入校验和、映射计数、显示设置以及独立完整的启动载荷。16 个末端的示例使用示例数据来说明这些视觉编码。

对于 **图 3**，修订版脊椎动物树是示例树的后续版本。概览对比了脊椎动物示例树与修订版树中49,588个共有物种；详细面板则对比了脊椎动物示例树与 Kuderna 等（2023年）的树中 25个共有的僧面猴科物种。匹配末端标签时，先将下划线替换为空格，再忽略大小写。移除了未匹配的物种，并在累加分支长度时折叠单子节点。分类学注释沿用了示例树的 NCBI 映射。每棵树的水平深度均经过独立缩放。

Wnt 基因家族示例（**图 4A**）使用了已发表的包含 38,886 个末端的树，以及 Fogg 等（2026）提供的基因注释，相关数据可在 Figshare 获取

（https://doi.org/10.6084/m9.figshare.29516450.v1）。末端标识符经过重新格式化，加入了来源生物名称，同时保留唯一的基因标识符。来源注释被归入 12 个广义的 Wnt亚家族，用于分支着色和自定义演化支带。根据生物体名称映射了 NCBI 分类学，并在亚家族带状图内显示纲级带。来自一个八倍体杂交种的 99 条序列无法完成映射，因此未分配分类学归属。树按规模从小到大排序，并以带有对齐末端的圆形分支图形式显示。

日历时间示例（**图4B**）使用了已发表的人类甲型流感A/H3N2血凝素树，以及随 Lee等人（2018）发布的推断节点日期，相关内容见 https://github.com/jbloomlab/Perth2009-DMS-Manuscript。我们将这棵已发表的时间标定系统发育树显示在日历年份轴上，并根据已发表的节点日期为分支着色。

比较性能测试方案

测试在隔离的、启用硬件加速的无头Chrome 156.0.8078.47会话中依次运行，使用的工作站配备 Intel Core i9-14900K 处理器、61.8 GB 内存和 NVIDIA GeForce RTX 4080 SUPER。浏览器窗口尺寸为 1440 × 1000 CSS像素，设备像素比为 1，所有查看器均使用相同的浏览器启动设置。加载与导航均使用 BTV 源代码标签 0.1.25.1。测试使用了平衡的、二分的超度量 Newick树，不包含分类学或元数据叠加层。输入文件、脚本、原始观测结果，以及构建和应用版本记录均已提供于补充数据中。

所有加载测量均采用相同的浏览器时钟测量流程，计时从原生文件更改事件开始，到与之对应的已渲染输入树的合成器呈现为止。所需的启动或上传操作一旦启用便立即执行。准备、上传和服务器处理均计入测量时长。追踪记录将已完成的树绘制或 SVG更新批次与其渲染帧、合成器激活及呈现反馈关联起来。在可行时，检查输入末端数量和渲染后的输入标签；通过非空树图像，以及间隔 250 毫秒后保持不变的屏幕截图，确认计时区间之外的显示正常。每种成功条件均在三个全新的浏览器会话中测量；若前三次的中位数低于一秒，则增加至五次。首次确认加载失败或显示耗时超过 100 秒时即停止测试。加载测量的是各应用原生的初始显示：iTOL 初始使用圆形视图，而其他参与绘图的查看器初始使用矩形视图。初始演化支折叠和部分屏幕视图

在**图 5A**中加以区分；这些并非等密度渲染工作负载。由于 PhyD3（Kreft 等，2017）的托管演示虽然接受 phyloXML，却未能通过 Newick 对照测试，因此未对其进行计时。

导航前，先将树调整至完整、非空白且稳定的总览，并展开 iTOL 和 Phylo.io 中已折叠的分支群。托管的 phylotree.js 界面的矩形布局末端节点最小间距为 2 像素，因此在我们的视口中，以受测尺寸无法显示完整树的总览；其圆形布局控件也无法充分放大至显示约十个末端，因此不纳入导航测量。导航设置期间的加载同样限时 100 秒。为保持适用的拟合宽高比，iTOL 的原生水平缩放控件设为末端数量除以 100；两种布局的标签大小均设为 12，分支宽度均设为 1。要求每个查看器在四秒内从完整树视图缩放至显示约十个相邻末端的视图。放大倍率以相同比例在等长时间间隔内增加。随后，视图垂直往返移动两秒，并回到起始位置。移动范围为视区高度的 15%，方向各一次。视图位置按经过时间安排，因此落后的查看器会跳过错过的位置，而不是重新播放。渲染缓慢可能使整个序列延长至六秒以上。

每种可加载条件下均进行了三次导航试验。对于所有查看器，我们采用相同规则，通过浏览器跟踪记录将原生 Canvas 2D 或 WebGL 绘制活动以及 SVG 树组更新与合成器呈现反馈进行匹配。多个更新若到达同一合成器帧，则只计一次。拟合后的视图作为时间零点基线；时间间隔包括等待首个更新帧的时间。我们计算每次试验显示间隔的第 95 百分位数，并以成功试次的中位数和观测范围进行汇总。每种未设上限的条件均有三次成功导航试验纳入分析，但 PhyloScape 在 500,000 和 1,000,000 个末端时分别有两次和一次成功试验（其余试验因 HTTP 504 导入失败而未成功），Phylo.io 在 50,000 个末端时有两次成功试验（另一次因最终可见性检查失败）。帧间隔根据呈现时间戳计算。所有查看器的最终可见性验证时限均为 90 秒。导航完成后，预期的相邻标签和分支必须出现在合成截图中，并在暂停 250 毫秒后截取的另一张截图中保持稳定。保留了 PhyloScape 原生的视口回调和 500 毫秒延迟重置，并在重置后进行最终验证。显示间隔用于描述更新规律性；分支和末端标签的最终可见性则单独验证。所有查看器的两个轴均采用统一放大倍率。焦点在屏幕坐标中从拟合位置线性移动至窗格宽度约 80%、高度约 50% 的位置，从而在缩放过程中保持感兴趣区域可见。平移开始时调用一次 Phylo.io 原生的 Optimise 文本操作，

由此产生的更新仍纳入测量序列。各查看器的原生窗格尺寸并不相同。Taxonium 的小地图已禁用。PhyloScape 在圆形视图中设定了最大缩放级别，限制了对大型树的近距离查看。对于百万叶端树，最近的视图仍覆盖约 5,000 个末端。由于缩放限制，无法完成对超过 1,000 个末端的树进行的导航测试，因此我们省略了这些计时结果。单个星号标记的是 PhyloScape 完成圆形测试的最大树规模（1,000 个末端），见 **图 5C**。

软件与数据可用性

Big Tree Viewer 可通过 https://bigtreeviewer.net/访问，源代码位于 https://github.com/John-Allard/big_tree_viewer。基准测试输入、脚本、原始结果、构建记录和图形源数据作为补充数据提供。

致谢

本研究得到美国国立卫生研究院（R35GM139540，资助 S.K.）和美国国家科学基金会（DBI-2505985，资助 S.K.）的支持。

初始开发期间通过 Codex CLI 使用了 OpenAI Codex（记录版本为 0.110.0 至 0.142.1），随后通过 Linux 版 ChatGPT 桌面应用程序中的 Codex 使用（多个版本；最终稿件制作时的版本为 26.1111.21308）。它协助完成了软件开发、测试与分析、图件制作以及稿件编辑。John B. Allard 指导了这项工作，并作出了所有主要设计决策和科学判断。作者对 AI 辅助完成的工作进行了全面监督和审查，并对软件、分析、图形和稿件负责。

参考文献

Carruthers T、Baker WJ、Eiserhardt WL、Forest F、Zuntini AR、Miller JT、Smith SA。2026。真叶植物的大型系统发育树。bioRxiv [预印本]。https://doi.org/10.64898/2026.01.06.695000

Fogg LG、Policarpo M、Salzburger W。2026。脊椎动物 Wnt 基因库的进化动态。《基因组生物学与进化》，evag283。https://doi.org/10.1093/gbe/evag283

Foster ZSL, Chang JH, Grünwald NJ. 2026年. Heat-tree：用于交互式和可嵌入式系统发育树可视化与编辑的跨平台软件。PhytoFrontiers.https://doi.org/10.1094/PHYTOFR-05-26-0055-SC

Hedges SB, Marin J, Suleski M, Paymer M, Kumar S. 2015年. 生命之树揭示了具有时钟规律的物种形成与多样化。《分子生物学与进化》32:835-845.https://doi.org/10.1093/molbev/msv037

Hobern D, Barik SK, Christidis L, Garnett ST, Kirk P, Orrell TM, Pape T, Pyle RL, Thiele KR, Zachos FE, Bánki O. 2021年. 迈向公认物种全球名录 VI：生命目录核对清单。《生物多样性与进化》21:677-690。https://doi.org/10.1007/s13127-021-00516-w

Kopperud BT, Höhna S. 2025. 起源速率中分支特异性变化的系统发育估计。《系统生物学》74:985-1006. https://doi.org/10.1093/sysbio/syaf041

Kreft Ł, Botzki A, Coppens F, Vandepoele K, Van Bel M. 2017. PhyD3：一款支持扩展 phyloXML 的系统发育树查看器，用于功能基因组学数据可视化。《生物信息学》33:2946-2947. https://doi.org/10.1093/bioinformatics/btx324

Kuderna LFK、Gao H、Janiak MC 等。2023年。来自233种灵长类物种的全基因组多样性全球目录。《科学》380：906-913。https://doi.org/10.1126/science.abn7829

Kumar S、Suleski M、Craig JM、Kasprowicz AE、Sanderford M、Li M、Stecher G、Hedges SB。2022。TimeTree 5：物种分化时间的扩展资源。《分子生物学与进化》39：msac174。https://doi.org/10.1093/molbev/msac174

Langschied F、Bordin N、Cosentino S 等。2024年。生物多样性基因组学时代的直系同源物探索。《基因组生物学与进化》16：evae224。https://doi.org/10.1093/gbe/evae224

Lee JM、Huddleston J、Doud MB、Hooper KA、Wu NC、Bedford T、Bloom JD。2018。血凝素的深度突变扫描有助于预测人类H3N2流感变体的进化命运。《美国国家科学院院刊》115：E8276-E8285。https://doi.org/10.1073/pnas.1806133115

Letunic I, Bork P. 2024年。Interactive Tree of Life (iTOL) v6：系统发育树展示和注释工具的最新更新。《核酸研究》52：W78-W82。https://doi.org/10.1093/nar/gkae268

Parks DH, Chuvochina M, Rinke C, Mussig AJ, Chaumeil PA, Hugenholtz P. 2022. GTDB：通过系统发育一致、等级标准化且完整的基于基因组的分类法，持续普查细菌和古菌多样性。《核酸研究》50：D785-D794。https://doi.org/10.1093/nar/gkab776

Policarpo M, Baldwin MW, Casane D, Salzburger W. 2024年。脊椎动物化学感受器基因库的多样性与演化。《自然·通讯》15：1421。https://doi.org/10.1038/s41467-024-45500-y

Robinson O, Dylus D, Dessimoz C. 2016. Phylo.io：在网络上交互式查看和比较大型系统发育树。《分子生物学与进化》33:2163-2166。https://doi.org/10.1093/molbev/msw080

Sanderson T. 2022. Taxonium：一款用于探索大型系统发育树的网络工具。eLife 11:e82392。https://doi.org/10.7554/elife.82392

Schoch CL, Ciufo S, Domrachev M, Hotton CL, Kannan S, Khovanskaya R, Leipe D, Mcveigh R, O'Neill K, Robbertse B, Sharma S, Soussov V, Sullivan JP, Sun L, Turner S, Karsch-Mizrachi I. 2020. NCBI 分类学：关于整理、资源和工具的全面更新。《数据库》2020:baaa062。https://doi.org/10.1093/database/baaa062

Shank SD、Weaver S、Kosakovsky Pond SL。2018年。phylotree.js——用于系统发育学应用开发和交互式数据可视化的 JavaScript 库。《BMC生物信息学》19:276。https://doi.org/10.1186/s12859-018-2283-2

Subramanian B、Gao S、Lercher MJ、Hu S、Chen WH。2019年。Evolview v3：用于系统发育树可视化、注释和管理的网络服务器。《核酸研究》47:W270-W275。https://doi.org/10.1093/nar/gkz357

TimeTree。2026年。生命时间树，第6版。https://www.timetree.org/（访问日期：2026年10月24日，2026年）。

Vaughan TG。2017年。IcyTree：用于系统发育树和网络快速浏览器可视化的工具。《生物信息学》33:2392-2394。https://doi.org/10.1093/bioinformatics/btx155

Wang J, Zhang B, Zheng L, Chen Y, Zhang C, Lin G, Meng Z, Wang X, Zhou Y. 2025. PhyloScape：用于系统发育树的交互式、可扩展可视化平台。《BMC生物信息学》26:172。https://doi.org/10.1186/s12859-025-06203-3