中国科学院北京基因组研究所（国家生物信息中心）
BEIJING INSTITUTE OF GENOMICS CHINESE ACADEMY OF SCIENCES / CHINA NATIONAL CENTER FOR BIOINFORMATION

组学原始数据汇交与共享

王彦青

2024年10月26日

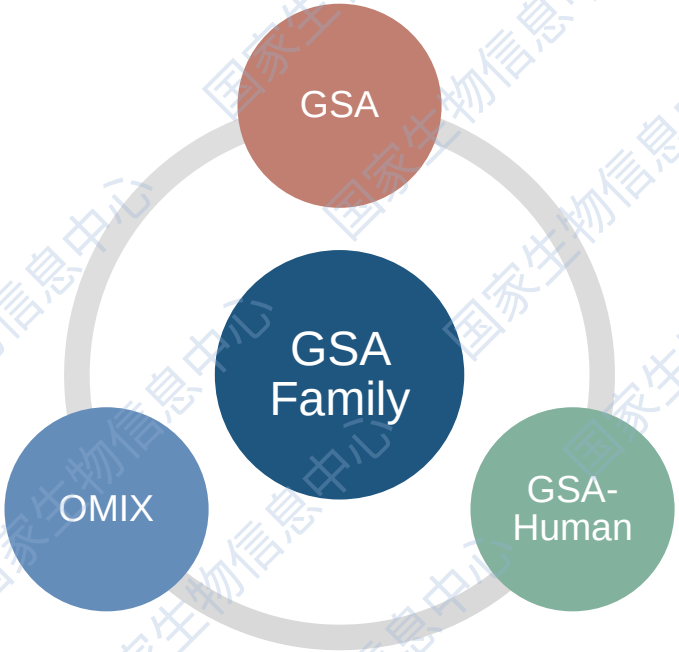
提纲

一 GSA Family介绍

二 GSA数据提交及共享

三 GSA-Human数据提交及共享

组学原始数据管理体系（GSA Family）



GSA 组学原始数据归档库
https://ngdc.cncb.ac.cn/gsa

GSA-Human 人类遗传资源组学原始数据归档库
https://ngdc.cncb.ac.cn/gsa-human

OMIX 多元数据归档库
https://ngdc.cncb.ac.cn/omix

为组学原始数据统一汇交、存储、管理、共享的公共平台，保障国家数据安全

组学原始数据归档库GSA

Wang, Yanqing et al. *Genomics Proteomics Bioinformatics*, 2017
Chen, Tingting et al. *Genomics Proteomics Bioinformatics*, 2021

组学原始数据汇交、存储、管理、发布与归档系统

equivalent

SRA
Sequence
Read Archive
@NCBI

DRA
DDBJ Read
Archive
@DDBJ

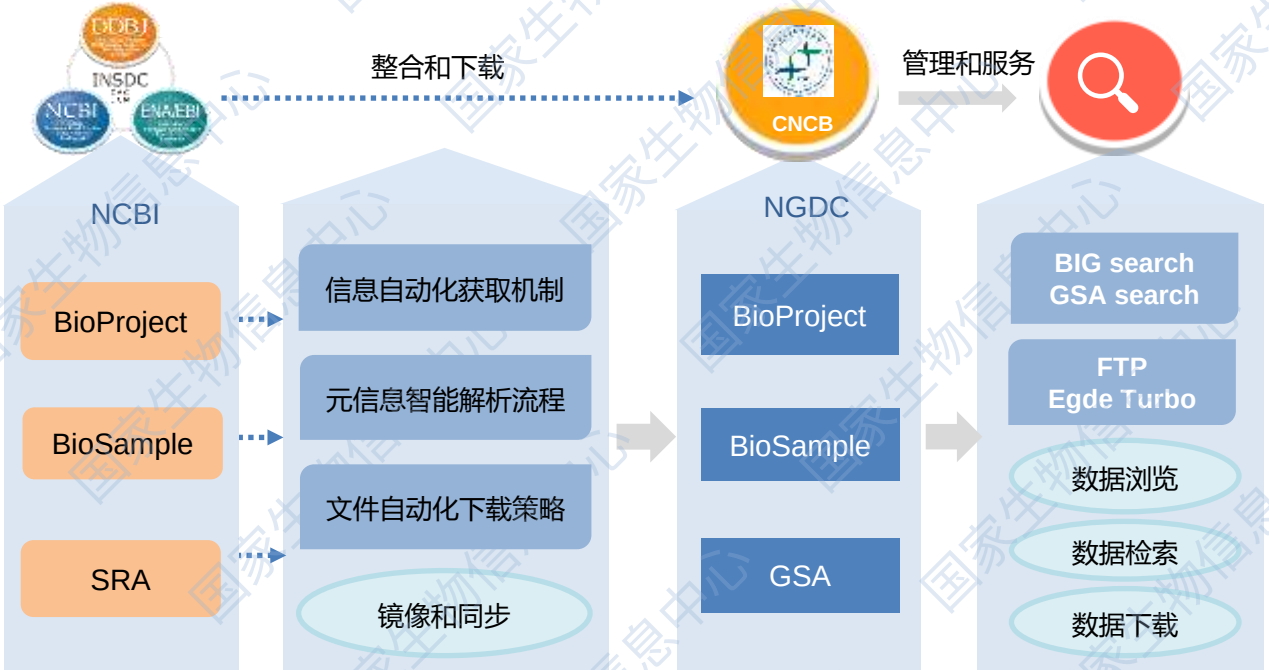
ENA
European
Nucleotide
Archive
@EBI

International Nucleotide Sequence Database Collaboration (INSDC)

The International Genome Sequence archive databases

国际数据整合

整合国际组学数据，实现SRA数据的本地镜像、同步和共享



769,861
项目

37,895,258
样本

29,137,647
实验

31,021,643
测序反应

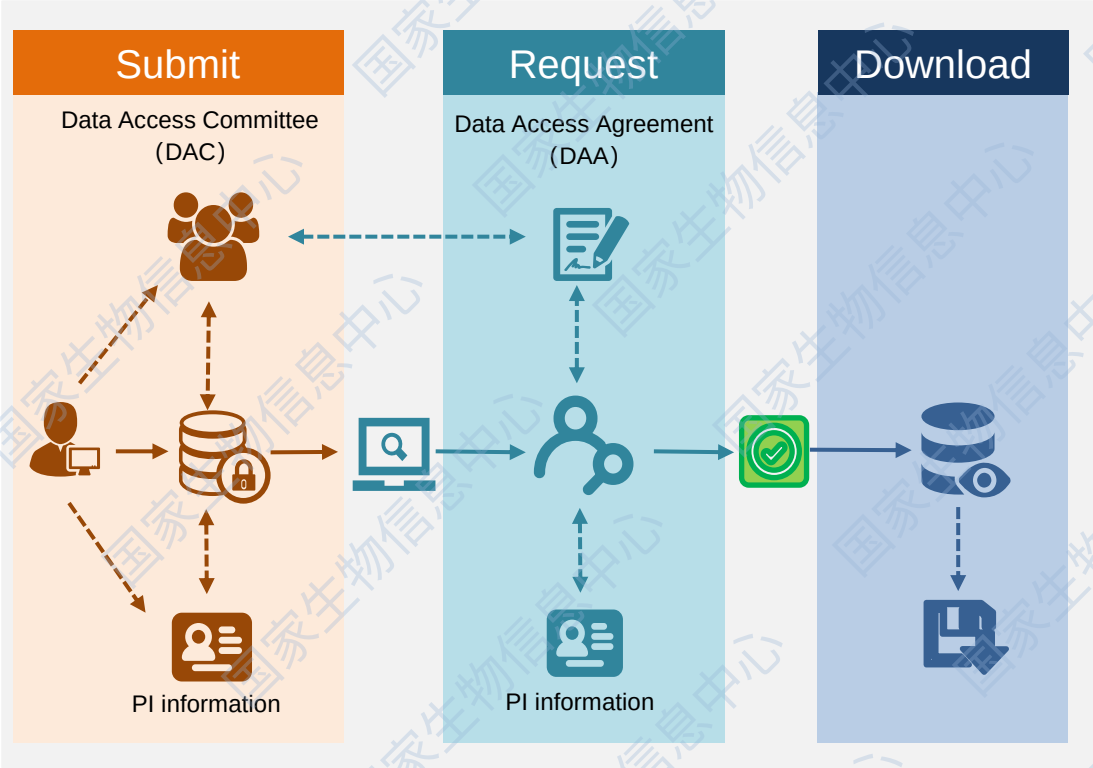
- 元数据信息实现 **每日** 更新
- 数据文件实现新发布**全量**同步
- 整合数据文件 **7.25 PB**

GSA-Human：人类遗传资源组学原始数据管理

- 聚焦人类遗传资源组学原始数据汇交、归档、管理、可控共享
  - 对标NCBI的dbGap和EBI的EGA
  - 对接国家人遗数据管理
  - 管理>58万人数据
  - 归档数据量**38.13PB**
  - 支持**883篇**文章发表

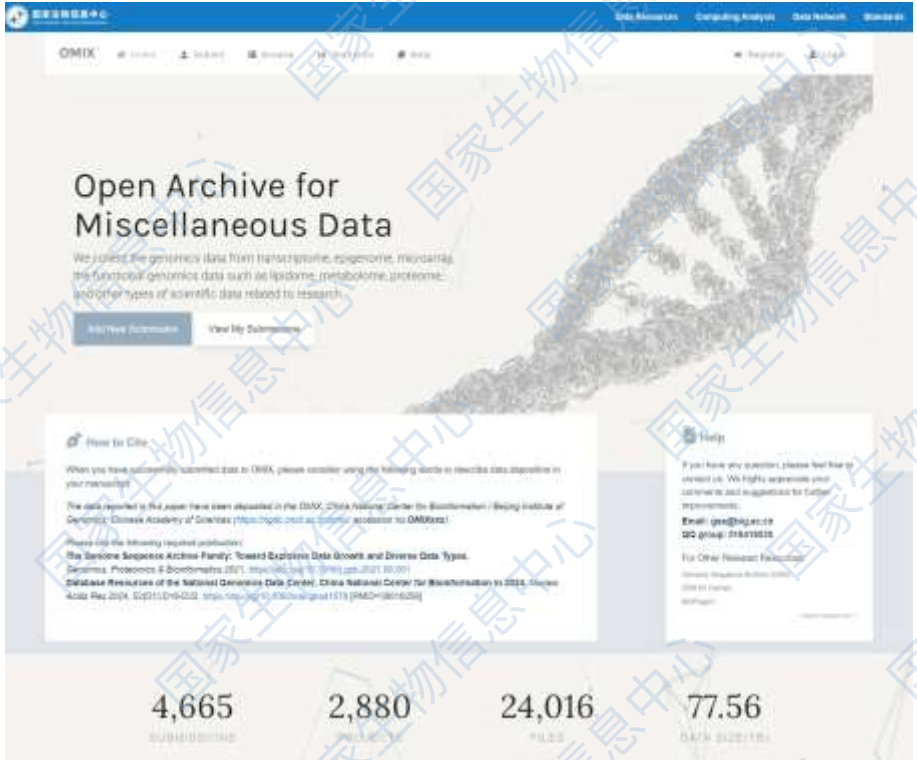
Chen, Tingting et al. *Genomics Proteomics Bioinformatics*, 2021
Zhang, Sisi et al. *Yi Chuan*, 2021

GSA-Human系统核心功能要素



- 支持**5种**研究类型数据汇交
- 支持**2种**文件上传方式
  - Aspera和FTP
- 支持**2种**访问方式
  - 受控访问 (Controlled-access)
  - 公开访问 (Open-access)
- 受控访问采用申请审核制
  - 数据管理委员会（Data Access Committee, DAC）
  - 审核数据访问申请
  - 授予访问权限
- PI账号提交和申请数据：数据责任人

多元数据归档库 OMIX

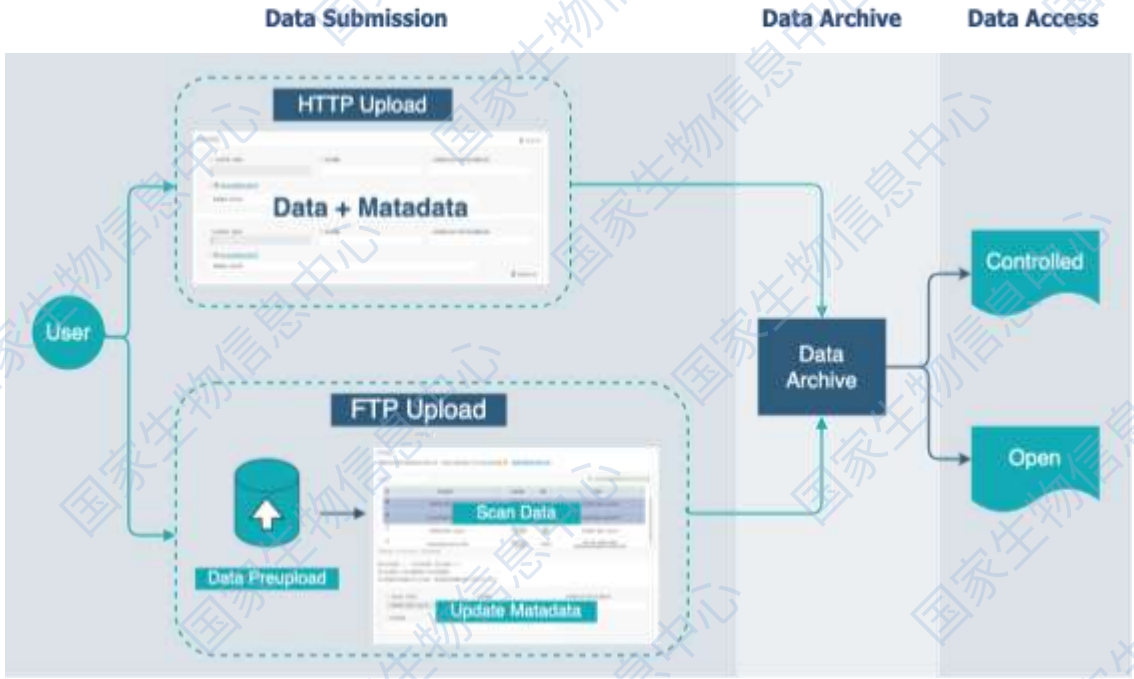


Chen, Tingting et al. *Genomics Proteomics Bioinformatics*, 2021

汇交、存储、共享 **来自生物与医学领域研究的多元数据**

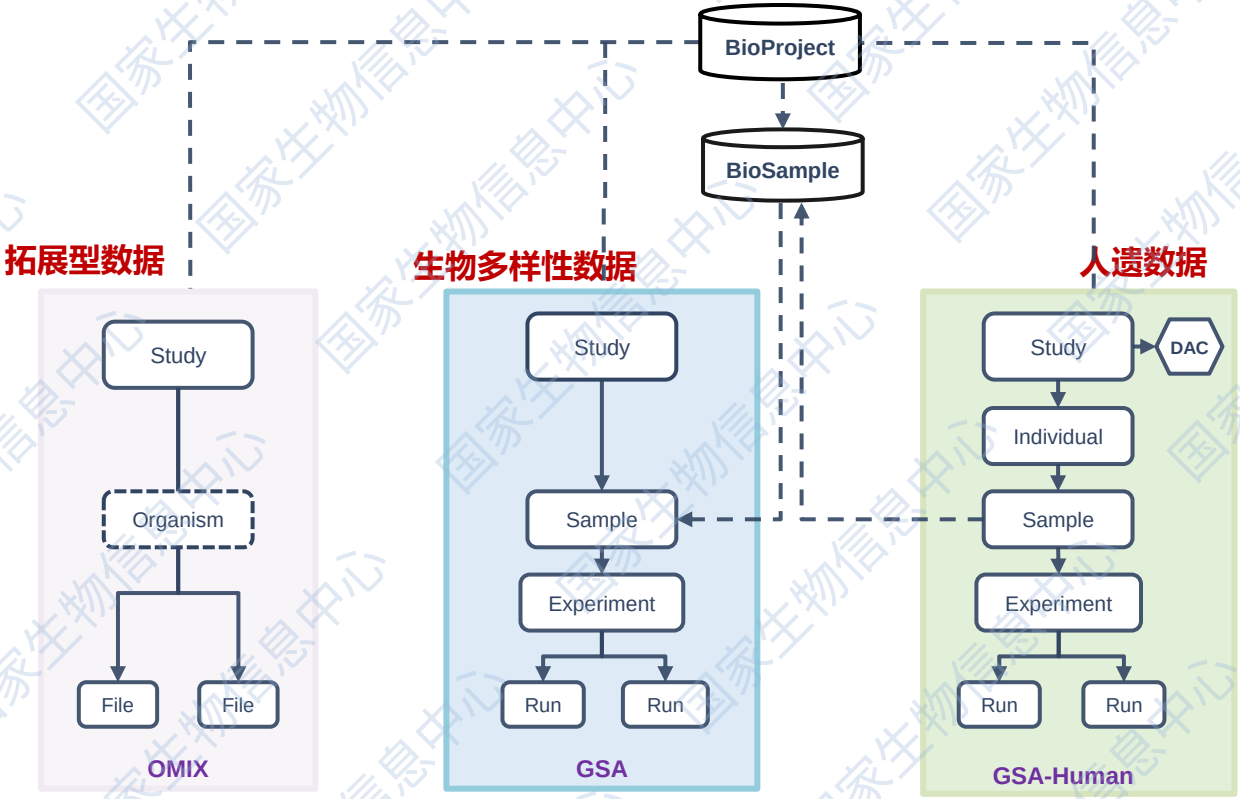
- 已通过 **FAIRSharing** 和 **re3data.org** 认证
- 获得 **40** 个出版集团的 **250** 个期刊认可，支撑文章 **604** 篇

应用灵活可扩展的管理模式，支撑多模态数据汇交共享



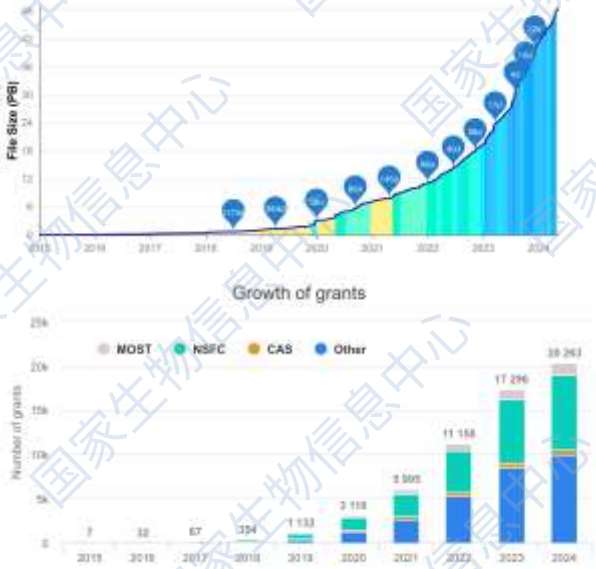
- 支持**10个**大类，**31个**小类，超过**70种**格式数据汇交
- 支持**2种**数据访问策略
  - 开放访问
  - **受控访问**（仅对人遗数据）
- 支持**2种**文件上传方式
  - HTTP在线上传
  - FTP预上传（>1 TB 可协助上传）

GSA Family数据模型



运行效果

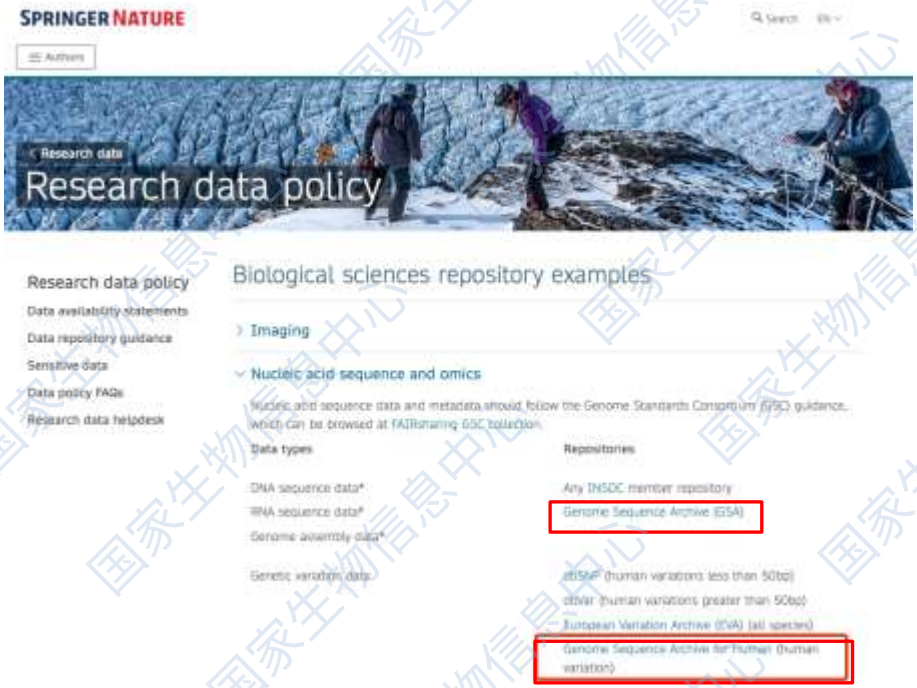
- GSA Family得到生命领域几乎所有国际主流期刊认可
- 汇交数据量超 **56** PB，支撑发表文章**3900** 篇
- 汇交数据量**每12个月翻一番**，超过“摩尔定律”增速，**增长1PB**数据用时最短**4天**



>120万 独立IP　　**> 190** 国家/地区

>17亿 次下载　　**> 9PB** 下载量

获得国际著名出版商认可

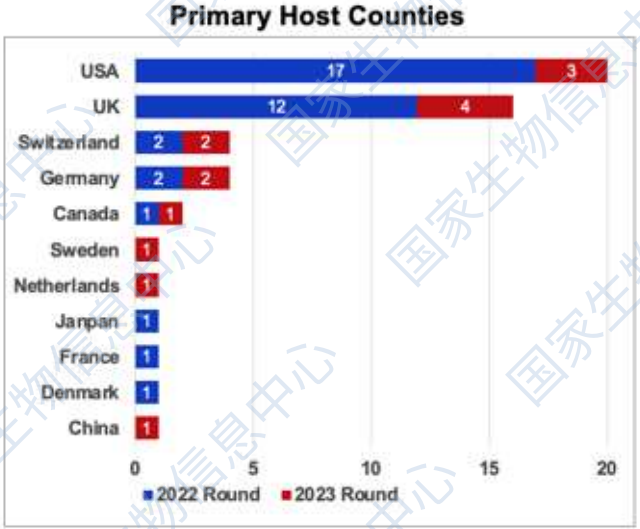


https://www.springernature.com/gp/authors/research-data-policy/repositories-bio

https://www.journals.elsevier.com/data-in-brief/policies-and-guidelines/public-repositories-to-store-and-find-data

GSA入选全球核心数据资源（GCBR）

GSA入选由国际生物数据联盟（Global Biodata Coalition，GBC）发起的**全球核心生物数据资源**（GCBR），是我国目前**唯一入选**的数据库



全面保障我国人类遗传资源信息安全管理与共享应用

承担国家人类遗传资源信息汇交备份任务，**遵循“人遗条例”**，制定专业化数据访问机制**“申请审核制”**，开发人类遗传资源信息备份管理与发布共享的一体化平台

中华人民共和国科学技术部

国科办函社〔2022〕316号

科技部办公厅关于委托中国科学院北京基因组研究所（国家生物信息中心）承担国家人类遗传资源信息管理备份工作的函

中科院办公厅：

为简化国家人类遗传资源信息备份备案流程，确保备份备案与发表共享数据的一致性，推动人类遗传资源信息合法合规开放共享与利用，经科技部研究，决定委托中国科学院北京基因组研究所（国家生物信息中心）承担国家人类遗传资源信息管理备份任务。

委托的主要任务包括整合现有的人类遗传资源信息备份平台（https://202.108.211.75/）和国家生物信息中心人类遗传资源管理

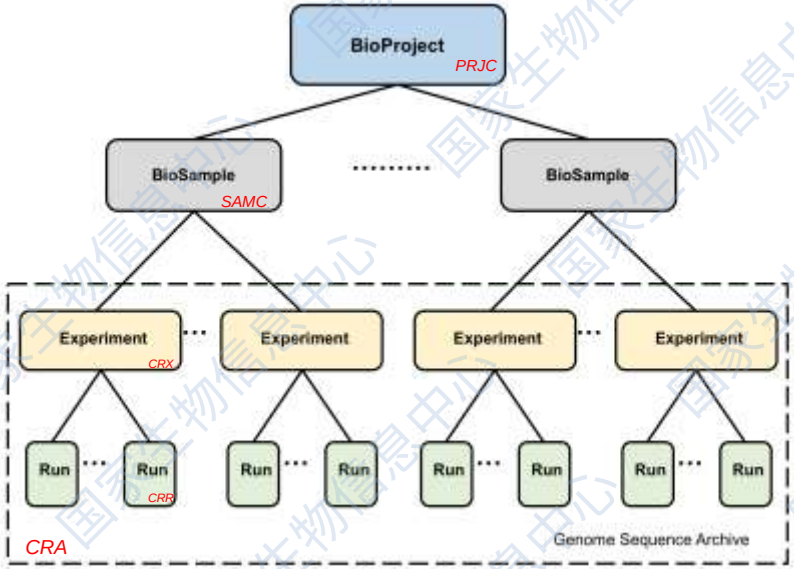
提纲

一 GSA Family介绍

二 GSA数据提交及共享

三 GSA-Human数据提交及共享

GSA数据模型及支持的测序平台



数据模型与数据标准：参考INSDC标准

Platform	Data File Type
ILLUMINA	FASTQ, BAM
PACBIO_SMRT	HDF5, BAM, FASTQ
Oxford Nanopore	FASTQ, BAM, Fast5
COMPLETE_GENOMICS	Complete_Genomics_native, FASTQ, BAM
BGISEQ	FASTQ, BAM
BIONANO	BNX
ABI_SOLiD	FASTA/QUAL, FASTQ, BAM
…	…

支持的样本类型


Pathogen
Clinical or host-associated
Environmental, food or other
Microbe
Animal
Human
Plant
Virus
Metagenome/Environmental Sample (GSC MIMS unsupported)
Metagenome/Environmental Sample (GSC MIMS compliant)
human-gut
soil
water
新冠病毒相关样本，首选此类型。
※注意：如果想要受控处理(ControlLed-access)，可以提交到GSA-Human
人类型相关样本，请提交到GSA-Human。
不适用于Metagenome/Environmental GSC MIMS类型的宏基因组样本类型，请选此类型

数据递交入口: BIG-Sub

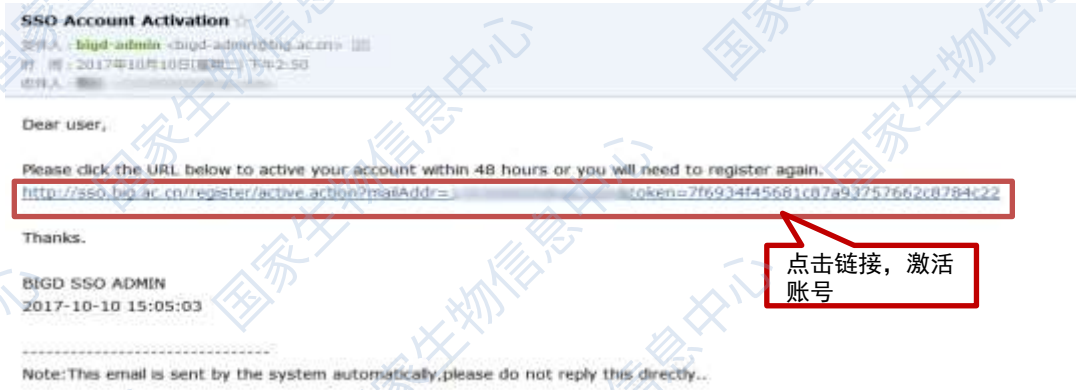
https://ngdc.cncb.ac.cn/gsub

注册并激活账号

注意：由于需要通过邮件接收激活链接，请确保该邮箱属于自己并能够登录进去点击激活链接！否则账号无法激活和登录！同时请合理设置垃圾邮件判断策略，检查激活邮件是否被邮件系统转移到垃圾邮箱中，或者被邮件系统拒收！

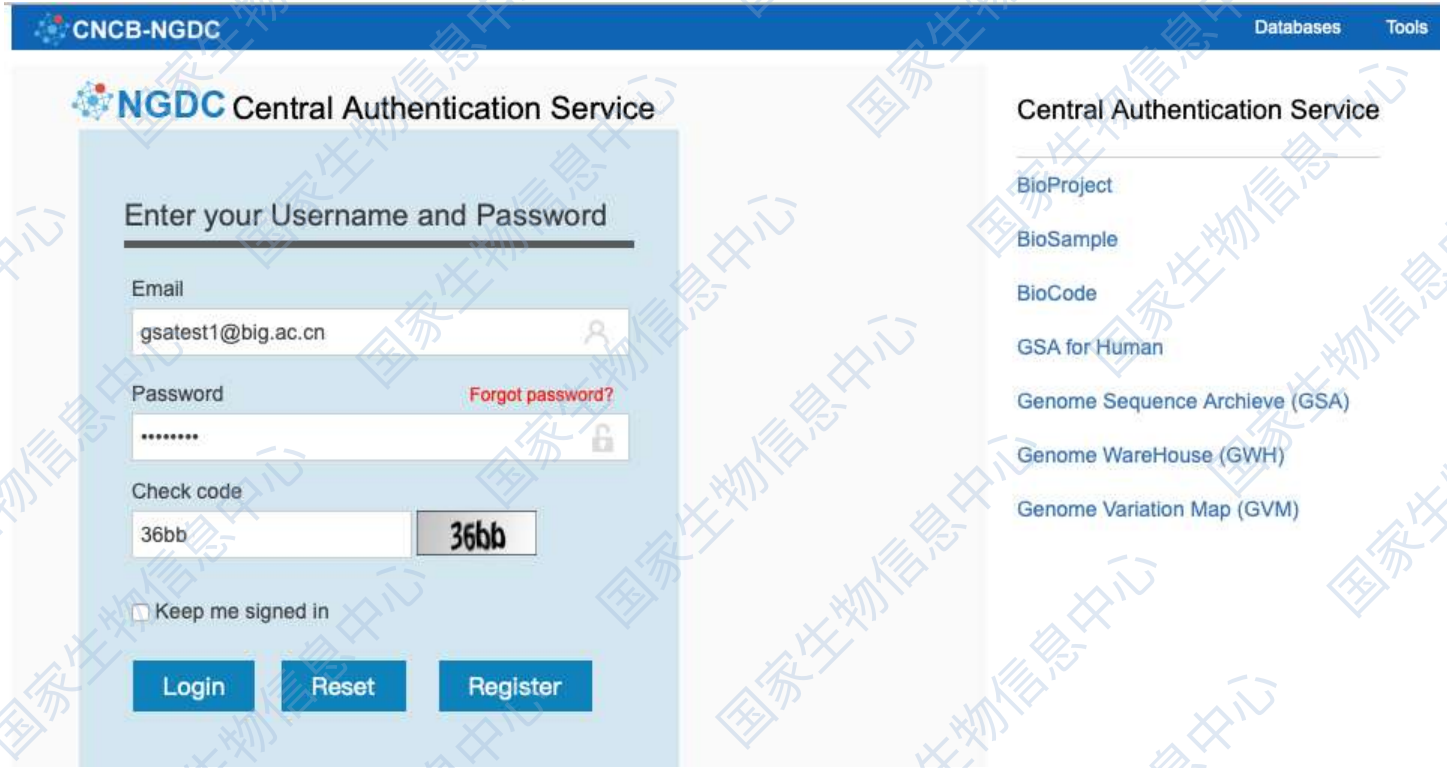
注意：密码必须同时包含大写字母、小写字母、数字、特殊字符，且长度在8~30位之间！

激活邮件

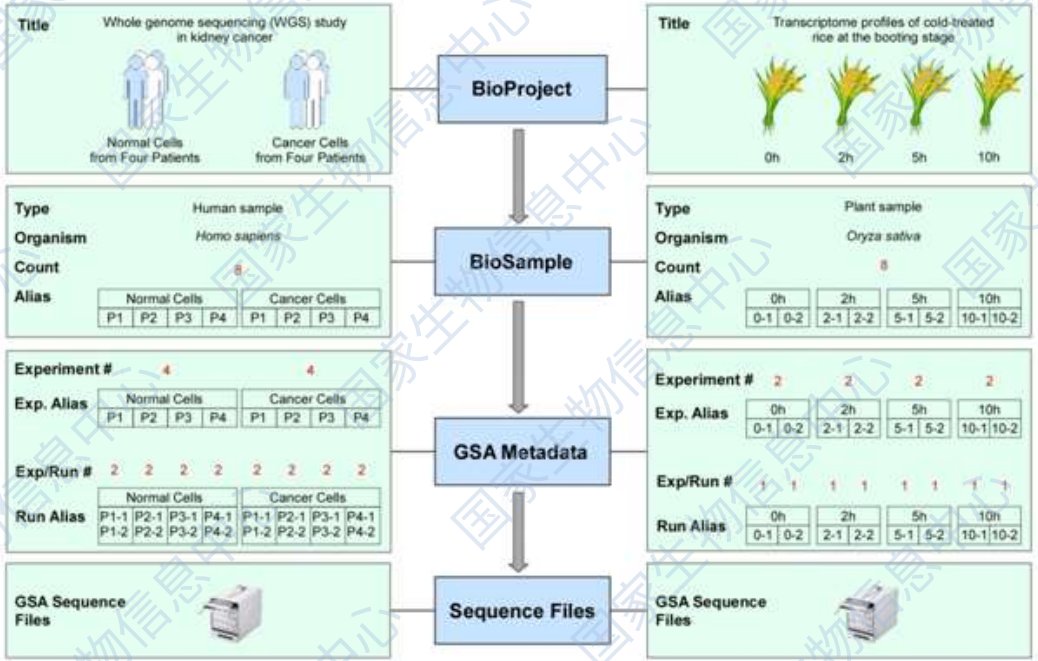


点击链接，激活账号

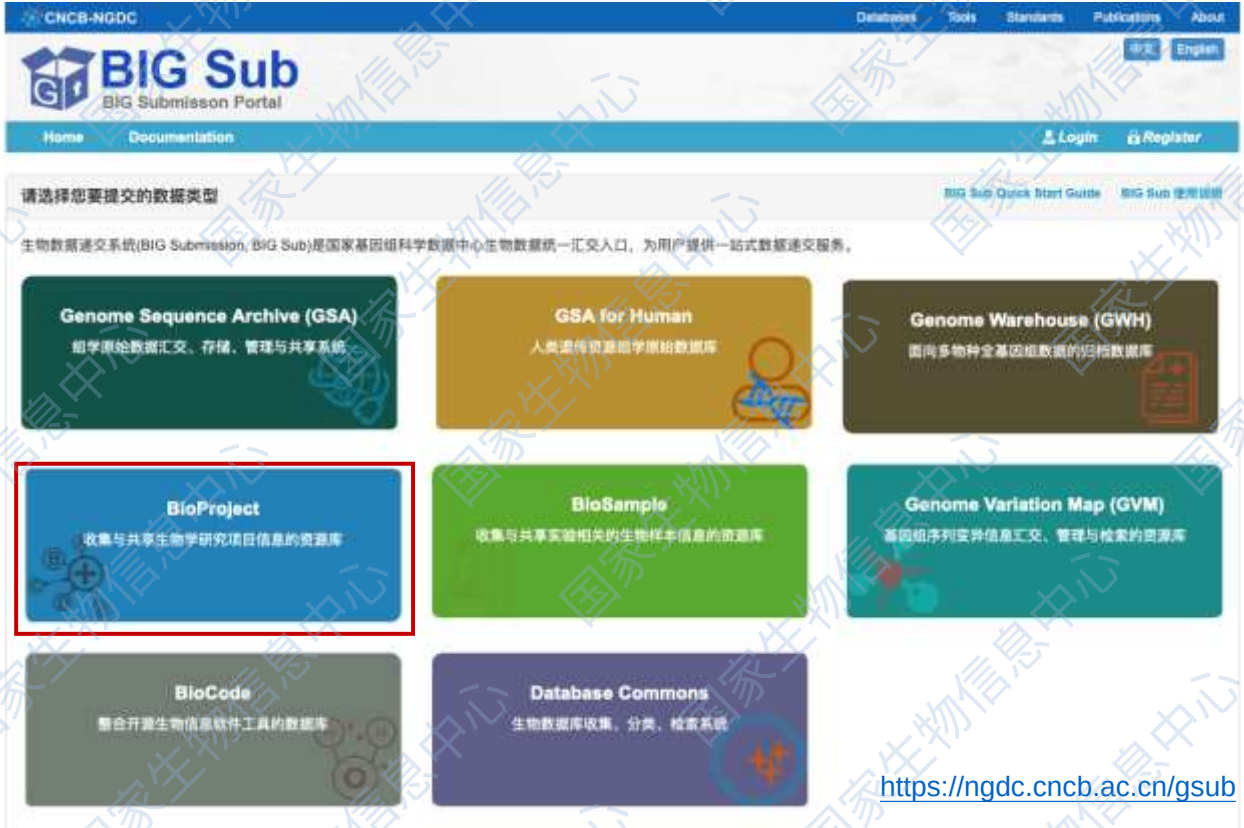
登录系统


CNCB-NGDC
Databases
Tools
NGDC Central Authentication Service
Enter your Username and Password
Email
gsatest1@big.ac.cn
Password
Forgot password?
Check code
36bb
36bb
Keep me signed in
Login
Reset
Register
Central Authentication Service
BioProject
BioSample
BioCode
GSA for Human
Genome Sequence Archieve (GSA)
Genome WareHouse (GWH)
Genome Variation Map (GVM)

GSA数据递交流程


Title
Whole genome sequencing (WGS) study in kidney cancer
Normal Cells from Four Patients
Cancer Cells from Four Patients
BioProject
Title
Transcriptome profiles of cold-treated rice at the booting stage
0h
2h
5h
10h
Type
Human sample
Organism
Homo sapiens
Count
8
Alias
Normal Cells
Cancer Cells
P1 P2 P3 P4 P1 P2 P3 P4
BioSample
Type
Plant sample
Organism
Oryza sativa
Count
8
Alias
0h 2h 5h 10h
0-1 0-2 2-1 2-2 5-1 5-2 10-1 10-2
Experiment #
4
4
Exp. Alias
Normal Cells
Cancer Cells
P1 P2 P3 P4 P1 P2 P3 P4
Exp/Run #
2 2 2 2 2 2 2 2
Run Alias
Normal Cells
Cancer Cells
P1-1 P2-1 P3-1 P4-1
P1-2 P2-2 P3-2 P4-2
P1-1 P2-1 P3-1 P4-1
P1-2 P2-2 P3-2 P4-2
GSA Metadata
Experiment #
2 2 2 2
Exp. Alias
0h 2h 5h 10h
0-1 0-2 2-1 2-2 5-1 5-2 10-1 10-2
Exp/Run #
1 1 1 1 1 1 1 1
Run Alias
0h 2h 5h 10h
0-1 0-2 2-1 2-2 5-1 5-2 10-1 10-2
GSA Sequence Files
Sequence Files
GSA Sequence Files

数据递交 - 创建BioProject



BioProject
递交入口

https://ngdc.cncb.ac.cn/gsub

创建BioProject – 提交列表

项目编号	提交编号	项目标题	发布日期	提交状态		操作
PRJCA003418	subPRO004980	GSA_TEST_20200909	2021-09-09	finished	confidential	修改 删除
PRJCA002492	subPRO003649	TEST_1_GSATEST1	2020-04-30	finished	confidential	修改 删除
PRJCA001010	subPRO001500	project2	2019-12-31	finished	confidential	修改 删除
PRJCA001009	subPRO001499	project-test1	2019-12-31	checked OK	Public	

创建BioProject – 提交者信息

创建BioProject – 基本信息

创建BioProject – 基本信息

创建BioProject – 项目类型

创建BioProject – 出版信息

创建BioProject – 概览 & 提交

创建BioProject – 完成提交

BIG Sub / BioProject

BioProject 是对研究项目的总体描述。一个BioProject可包含多个生物学样本（BioSample）。

生成的BioProject编号，
记住这个编号，后边提交GSA信息的时候会用到

新建BioProject

BioProject Quick Start Guide　BioProject使用说明

项目编号	提交编号	项目标题	发布日期	提交状态		操作
PRJCA003665	subPRO005344	TEST_20201015	2021-10-31	finished	confidential	修改 删除
PRJCA003418	subPRO004980	GSA_TEST_20200909	2021-09-09	finished	confidential	修改 删除
PRJCA002492	subPRO003649	TEST_1_GSATEST1	2020-04-30	finished	confidential	修改 删除
PRJCA001010	subPRO001500	project2	2019-12-31	finished	confidential	修改 删除
PRJCA001009	subPRO001499	project-test1	2019-12-31	checked OK	Public	

数据递交 – 创建GSA

GSA递交入口

https://ngdc.cncb.ac.cn/gsub

创建GSA – 提交列表


Home
Documentation
Welcome, GSA
BIG Sub / GSA
GSA 是组学原始数据汇交、存储、管理与共享系统。在开始创建GSA数据集前，您需要进入BioProject提交入口完成BioProject（对研究项目的总体描述）的创建。
提示：
人类遗传资源相关组学原始数据请提交到GSA for human数据库。
同一个项目（BioProject）的数据应归档到同一个GSA数据集下；若BioProject包含多种样本类型（Sample type），如 PRJCA001357，您需要按样本类型创建多个GSA数据集，并将相关类型数据归档到对应的GSA数据集下。
如果您在数据上传过程中遇到有问题或发现任何系统报错，请通过gsa@big.ac.cn邮箱联系我们。
如何共享和发布GSA数据集
新建 GSA
点击新建GSA提交
GSA Quick Start Guide
GSA使用说明
GSA编号
提交编号
GSA标题
发布日期
提交状态
操作
Unassigned
subCRA002947
2020-04-06
Unfinished at the General Info step
Confidential
CRA001076
subCRA001069
GSA-test
2019-12-31
Checked OK
Public

创建GSA - 提交者信息


Home
Documentation
Welcome, GSA
BIG Sub / GSA / New GSA
01
提交者信息
02
03
04
05
提交者信息
名
GSA
中间名
middle name
姓氏
BIGD
邮箱
gsatest1@big.ac.cn
备用邮箱
secondary email
单位
Beijing Institute of Genomics, Chi
单位网址
http://www.big.ac.cn
部门
BIGD
手机
传真
街道
No.1 Beichen West Road,Chaoy
城市
Beijing
州/省
邮编
100101
国家/地区
China
保存并进入下一项
保存并进入下一步

创建GSA - 基本信息


BIG Sub / GSA / Submission: subCRA010552
01 提交者信息
02 基本信息
03 元数据信息
04 文件
05 概览 & 提交
基本信息
发布日期
审核通过后即可发布
指定日期发布
2024-05-26
(yyyy-mm-dd)
选择审核通过后立即发布，或者指定日期发布。
发布日期必须是从提交起两年之内的日期
* 发布策略和免责声明
1. 您可以根据需求设定"发布日期"，在该日期之前，GSA保证数据不公开；
2. 如果引用这些数据和该accession号的文章先于您设定的发布时间而发表，我们将根据文章的发表时间来发布该数据；否则GSA将根据您设定的发布日期而发布该数据；
3. 一旦文章发表，数据可以发布，请把已发表文章的全部信息--作者、题目、期刊、刊号、页数、日期信息发送到该邮箱： gsa@big.ac.cn
4. "发布日期"可以在GSA提交系统内进行修改 (https://ngdc.cncb.ac.cn/gsub/submit/gsa/[substitute your GSA submission number]/finishedOverview)
I accept it.
I don't accept it.

创建GSA - 基本信息


标题和描述信息
* 标题
* 描述信息
项目信息
* 请选择项目编号
OR Go to create BioProject
选择已有的BioProject编号，
或者先创建BioProject
样本信息
未创建GSA相关的BioSample信息
已经创建好GSA相关的BioSample信息
如果您还未创建GSA相关的BioSample，请选择"未创建GSA相关的BioSample信息"，在本次提交流程中创建BioSample(s)
如果您已创建好GSA相关的BioSample，请选择"已经创建GSA相关的BioSample信息"
选择是否已创建BioSample
保存并进入下一项

创建GSA - 样本类型


BIG Sub : GSA : Submission: subCRA004261
01
02
03
样本类型
04
05
06
07
样本类型
Pathogen
用于与公共卫生相关的病原体样本
Clinical or host-associated
Environmental, food or other
Microbe
用于能具体写出物种名称的微生物样本，但不包括致病菌或病毒样本。宏基因组数据建议选择的Metagenome/Environmental Sample (GSC MIMS unsupported)或Metagenome/Environmental Sample (GSC MIMS compliant)
Animal
用于模式生物或动物的多细胞样本或细胞系样本，如大鼠、小鼠、果蝇、线虫、鱼类、两栖类或其他哺乳动物数据
Plant
用于植物样本或植物细胞系样本
Virus
用于所有与疾病无关的病毒样本，病原体应归类为Clinical or host-associated pathogen
Metagenome/Environmental Sample (GSC MIMS unsupported)
目前用于不适于Metagenome/Environmental Sample (GSC MIMS compliant) 的宏基因组生物样本数据
Metagenome/Environmental Sample (GSC MIMS compliant)
用于宏基因组生物样本数据，下设三个小类分别接收来自人类胃肠道、土壤和水相关宏基因数据，即human-gut，soil，water
human-gut
soil
water
保存并进入下一项

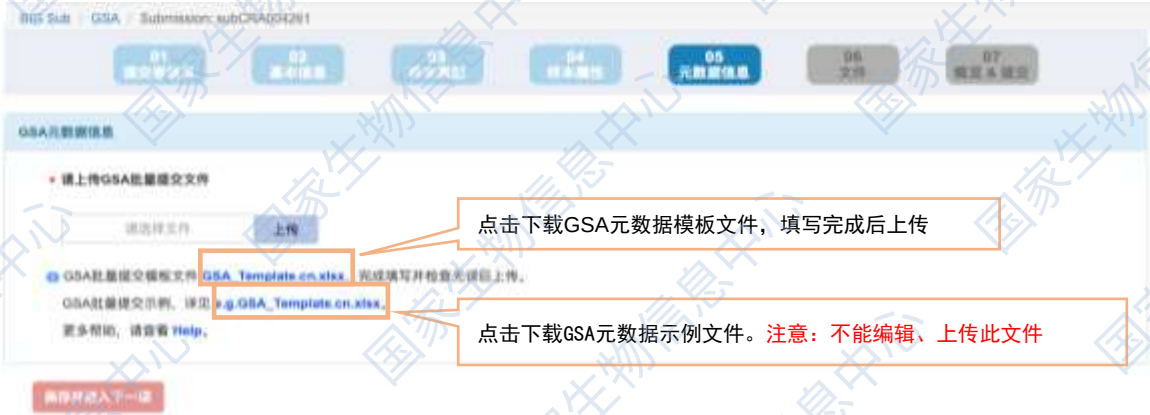
创建GSA - 样本属性

pathogen_cl.cn.xlsx

创建GSA - 样本属性


临床或病原微生物样本属性信息
已上传的BioSample批量提交文件
Pathogen_cl.cn-12.xlsx
33KB
删除
校验
请点击"校验"按钮对批量提交文件进行在线审核，若文件审核通过，请点击"保存并进入下一项"完成BioSample批量提交；若文件审核未通过，请删除已上传文件并修改后再重新上传。
ERROR:
下载错误文件：
error.txt
Error in Sample sheet
row 11, column 10: "geographic_location" ("China: Hubei: Wuhan") Format error. You can use a colon to separate the country or ocean from more detailed information about the location, eg "Canada: Vancouver" or "Germany: halfway down Zugapitze, Alps"
校验错误，删除已上传的表格，按提示修改后重新上传并校验
Checked OK
保存并进入下一项

创建GSA - 序列元数据信息



元数据表格: Experiment/Run

GSA批量表格由两部分组成Experiment和Run表，本表用于收集Experiment信息

"绿色标题列"为必填项

"灰色标题列"为选填项，如果无法提供，可以为空

"蓝色标题列"为Paired数据必填

"黄色区域"有下拉菜单

当*Platform (第6列) 为Helicos HeliScope时，Planned number of cycles必填

注意：1. 不要随意删除或插入词条列！
2. 在您使用Excel"自动填充功能"时需谨慎，以防出
3. 为节省您批量上传表格的审核时间，请您在提交

1	2	3	4	5	6	7
*ID	*Experiment title	*BioProject accession	*BioSample name	BioSample accession	*Platform	*Library Construction / Experimental Design
E1						
E2						

※注意： BioSample name需要跟sample表格里的sample_name保持一致

GSA批量表格由两部分组成Experiment和Run表，本表用于收集Run信息

"绿色标题列"为必填项

"灰色标题列"为选填项，如果无法提供，可以为空

"蓝色标题列"为FASTQ格式Paired数据必填项，FASTQ格式只接收.bz2或.gz压缩，不接收其它格式的压缩文件

"紫色标题列"为BAM格式，且不是来自PacBio sequel或Ion Torrent系列测序平台需填项：如果您想把参考序列传到GSA数据库，请您填写Reference file name和MD5 for reference file（第10和11

"黄色区域"有下拉菜单

注意：1. 不要随意删除或插入词条列！
2. 在您使用Excel"自动填充功能"时需谨慎，
3. 为节省您批量上传表格的审核时间，请您

1	2	3	4	5	6	7
*ID	*Run title	*BioProject accession	*Experiment ID	*Run data file type	*File name 1	*MD5 checksum 1
R1						
R2						

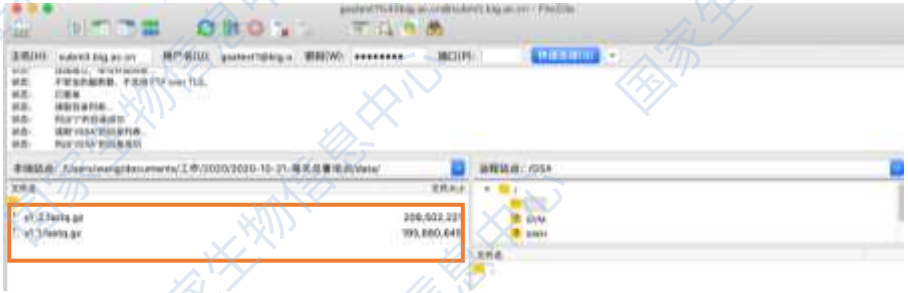
Experiment Run +

GSA_Template.cn.xlsx

创建GSA - 序列元数据信息

创建GSA - 序列文件上传方式

建议使用客户端软件上传文件
注意：请使用二进制模式上传



保存并进入下一项

文件名、MD5码需要跟
metadata表格里填写的一致

创建GSA – 序列文件上传方式

请拷贝页面上的命令行，并替换命令行中的相关路径

秘钥文件地址，点击下载秘钥文件
并将命令行中的[path/to/keyfile]替换为下载的本地路径

保存并进入下一项

注意：本页面不是提交的最后一步。
请选择文件上传方式后，点击进入下一页，浏览并保存提交

创建GSA - 概览 & 提交

创建GSA – 元数据提交完成

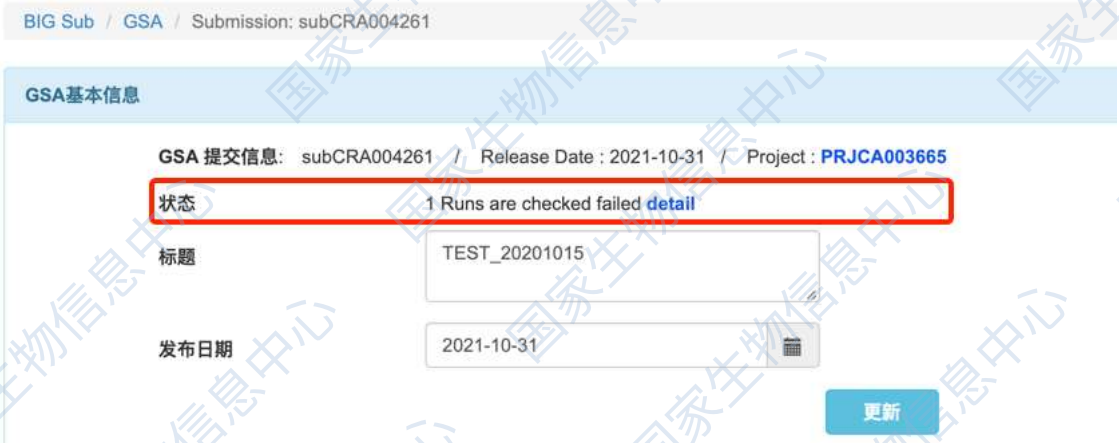
GSA提交编号，注意不能把这个号写到文章里

点击查看数据处理情况

GSA编号	提交编号	GSA标题	创建日期	发布日期	提交状态	操作
Unassigned	subCRA004261	TEST_20201015	2020-10-15	2021-10-31	Checking detail Confidential	删除
Unassigned	subCRA004036	TEST_20200915	2020-09-15	2020-09-30	Checking detail Confidential	删除
Unassigned	subCRA003988	GSA_TEST_20200910	2020-09-10	2022-11-08	Unfinished at the OverView step Confidential	删除
Unassigned	subCRA002947		2020-04-06	2020-04-06	Unfinished at the General Info step Confidential	删除
CRA001076	subCRA001069	GSA-test	2018-08-29	2025-02-24	Checked OK Confidential	立即发布 分享

一个审核成功的提交，分配的GSA编号，文章里使用此编号

创建GSA – 数据审核状态



File not found：如果元信息刚审核通过，需要耐心等待后台关联审核数据；如果元信息审核通过很久，需自行检查数据是否上传到GSA目录下，文件名是否一致。如果不一致，可点run编号后的edit修改一致。Filezilla上传数据的用户也可以自行修改数据文件名称

md5 is inconsistent：自行核对本地文件的md5与元信息填写中是否一致，如果填写有误，点run编号后面的edit修改。如果确认填写无误，则是文件上传过程有问题导致，选择二进制重新上传文件

processed error：数据审核报错，务必联系管理员反馈报错信息

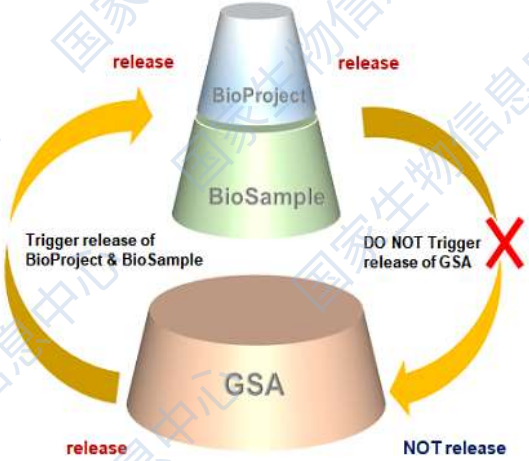
processed succeed：数据审核没有问题，全部成功后等归档就可以收到编号

数据发布

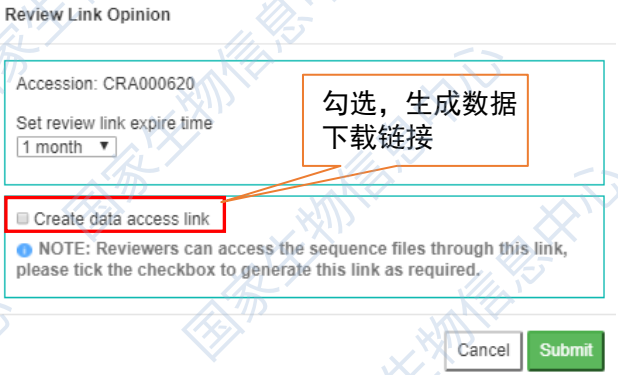
Public	Data are fully available by anyone
Confidential	Data are not available publicly through any means, data owners should provide the date release date

数据发布条件：

- 到达用户设定的发布日期
- 文章见刊



设置共享链接



注：此链接为临时链接，可以将该链接分享给编辑和审稿人，方便其查看数据，但为了您的数据安全请不要将此链接对外公布。数据共享结束后，请点击“ Cancel share” 按钮，取消数据共享。

数据引用

如何引用GSA?

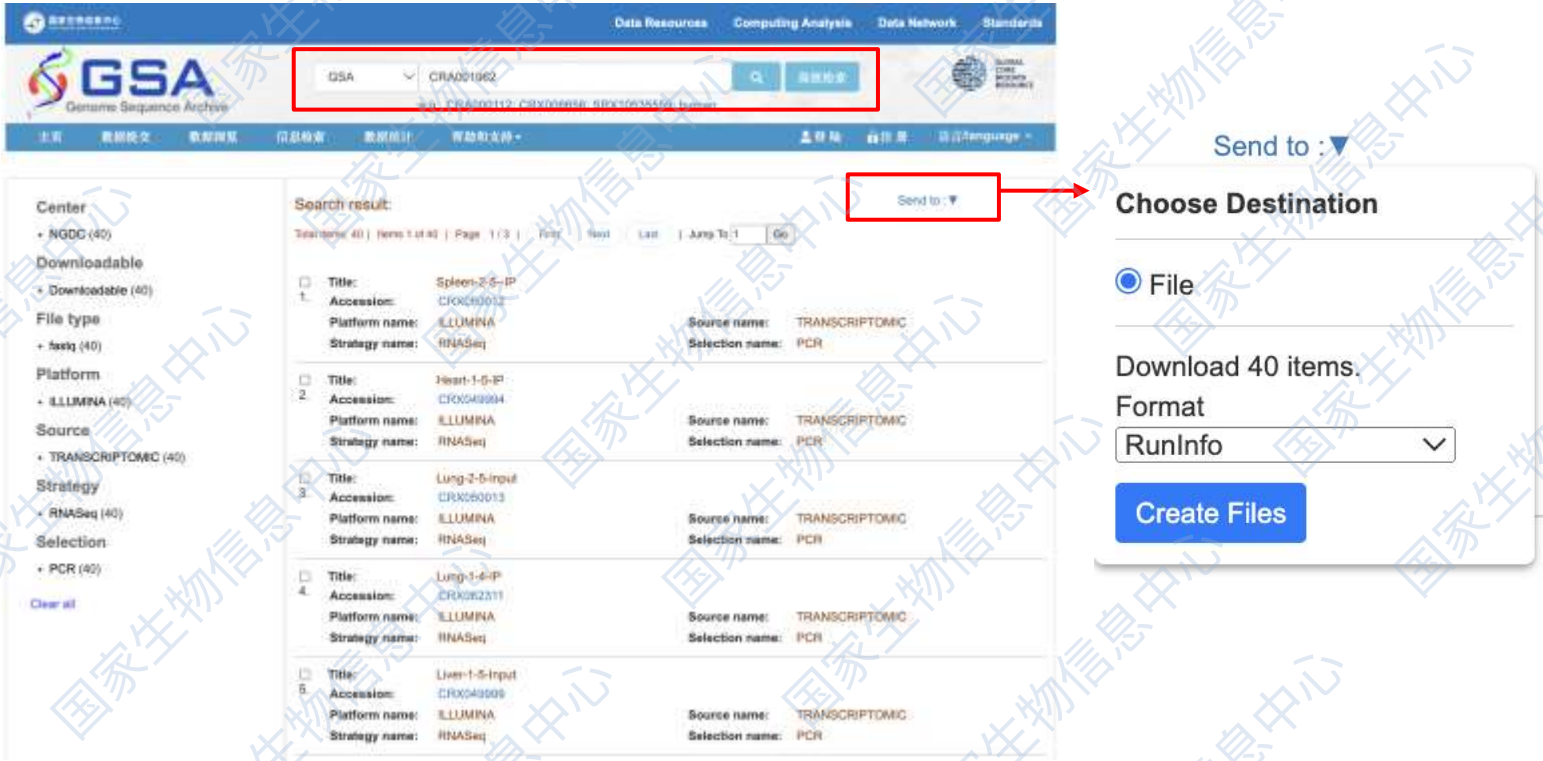
当您成功提交数据到GSA并通过审核后，请在您要发表的论文中添加如下语句：

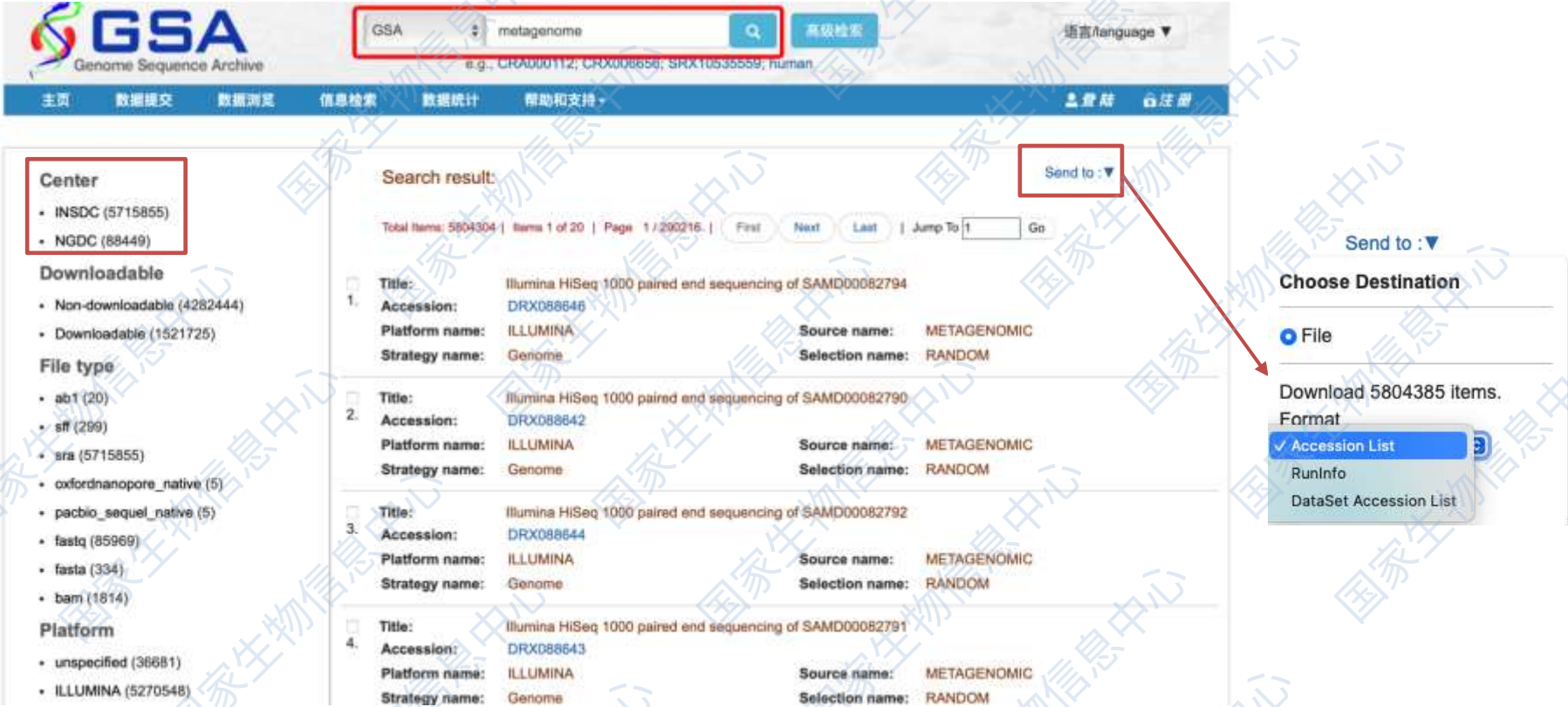
The raw sequence data reported in this paper have been deposited in the Genome Sequence Archive (Genomics, Proteomics & Bioinformatics 2021) in National Genomics Data Center (Nucleic Acids Res 2022), China National Center for Bioinformation / Beijing Institute of Genomics, Chinese Academy of Sciences (GSA: CRAxxxxxx) that are publicly accessible at ***https://ngdc.cncb.ac.cn/gsa****.*

请按照以下格式引用我们的文章：

- **The Genome Sequence Archive Family: Toward Explosive Data Growth and Diverse Data Types.** *Genomics, Proteomics & Bioinformatics* 2021, 19(4):578-583. **https://doi.org/10.1016/j.gpb.2021.08.001** [PMID=34400360] Endnote文件下载
- **Database Resources of the National Genomics Data Center, China National Center for Bioinformation in 2024.** *Nucleic Acids Res* 2024, Jan 5;52(D1):D18-D32. **https://doi.org/10.1093/nar/gkad1078** [PMID=38018256] Endnote文件下载

数据访问


Data Resources
Computing Analysis
Data Network
Standards
GSA
Genome Sequence Archive
Search result:
Send to :
Choose Destination
File
Download 40 items.
Format
RunInfo
Create Files


GSA
Genome Sequence Archive
GSA
metagenome
高级检索
语言/language
e.g., CRA000112; CRX006656; SRX10535559; human
主页
数据提交
数据浏览
信息检索
数据统计
帮助和支持
登陆
注册
Center
INSDC (5715855)
NGDC (88449)
Downloadable
Non-downloadable (4282444)
Downloadable (1521725)
File type
ab1 (20)
sff (299)
sra (5715855)
oxfordnanopore_native (5)
pacbio_sequel_native (5)
fastq (85969)
fasta (334)
bam (1814)
Platform
unspecified (36681)
ILLUMINA (5270548)
Search result:
Send to :
Total Items: 5804304 | Items 1 of 20 | Page 1 / 290216 |
First
Next
Last
Jump To 1
Go
1. Title: Illumina HiSeq 1000 paired end sequencing of SAMD00082794
Accession: DRX088646
Platform name: ILLUMINA
Source name: METAGENOMIC
Strategy name: Genome
Selection name: RANDOM
2. Title: Illumina HiSeq 1000 paired end sequencing of SAMD00082790
Accession: DRX088642
Platform name: ILLUMINA
Source name: METAGENOMIC
Strategy name: Genome
Selection name: RANDOM
3. Title: Illumina HiSeq 1000 paired end sequencing of SAMD00082792
Accession: DRX088644
Platform name: ILLUMINA
Source name: METAGENOMIC
Strategy name: Genome
Selection name: RANDOM
4. Title: Illumina HiSeq 1000 paired end sequencing of SAMD00082791
Accession: DRX088643
Platform name: ILLUMINA
Source name: METAGENOMIC
Strategy name: Genome
Selection name: RANDOM
Send to :
Choose Destination
File
Download 5804385 items.
Format
Accession List
RunInfo
DataSet Accession List

数据访问


Home / GSA / CRA003018
CRA003018 基本信息
标题: ZEA affects porcine ovarian granulosa cells
项目编号: PRJCA003148 /
发布日期: 2020-09-08
文件个数: 27
文件大小: 69.51 GB
点击下载元数据
数据下载
元数据信息:
CRA003018.xlsx
文件:
HTTPS: https://download.cncb.ac.cn/gsa/CRA003018
推荐 EgdeTurbo（测试）: 文件下载
Aspera命令行: 帮助
FTP: ftp://download.big.ac.cn/gsa/CRA003018
提示: HTTP下载速度有限，推荐使用Egde Turbo或FTP客户端（比如 FileZilla Client）下载数据。
EgdeTurbo支持Linux命令行，Windows/Mac平台的Chrome，Edge和Firefox浏览器。
多种文件下载方式
Experiments和Runs信息
实验编号 | 实验名称 | 生物名称 | 测序平台 | 样品编号
CRX130439 | S3_3_miRNA | Sus scrofa | Illumina NovaSeq 6000 | SAMC206797
Run编号 | Run别名 | Run序列文件信息
CRR156624 | S3_3_miRNA | File: CRR156624.fq.gz
CRX130438 | S3_2_miRNA | Sus scrofa | Illumina NovaSeq 6000 | SAMC206796
Run编号 | Run别名 | Run序列文件信息
CRR156623 | S3_2_miRNA | File: CRR156623.fq.gz

提纲

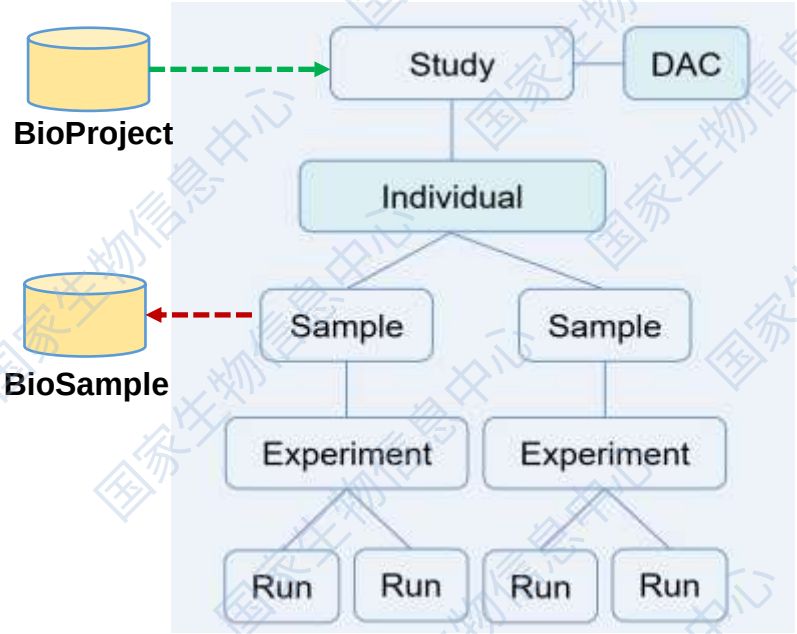
一 GSA Family介绍

二 GSA数据提交及共享

三 **GSA-Human数据提交及共享**

数据模型和支持的数据类型

数据组织模型



以individual为核心，组织元信息与数据文件

研究类型		适用元数据模板
疾病研究 (Disease study)	肿瘤研究 (Cancer)	Tumor_1.0_us.xlsx
	自身免疫研究 (Autoimmune diseases)	Autoimmune_1.0_us.xlsx
	其他疾病研究 (Other diseases)	General_1.0.xlsx
队列研究 (Cohort study)		General_1.0.xlsx
细胞系相关研究 (Cell line related study)		Cellline_1.0.xlsx
临床病原体研究 (Clinical pathogen)		Clinical_pathogen_1.0.xlsx
人体相关宏基因组研究 (Human associated metagenome)		Human_associated_metagenome_1.0.xlsx

测序平台	文件格式
ILLUMINA	FASTQ, BAM
PACBIO_SMRT	HDF5, BAM, FASTQ
Oxford Nanopore	FASTQ, BAM, Fast5
COMPLETE_GENOMICS	Complete_Genomics_native, FASTQ, BAM
BGISEQ	FASTQ, BAM
BIONANO	BNX
ABI_SOLiD	FASTA/QUAL, FASTQ, BAM
…	…

更多数据格式信息：https://ngdc.cncb.ac.cn/gsa/support/standardsGsa#file_1

数据提交须知

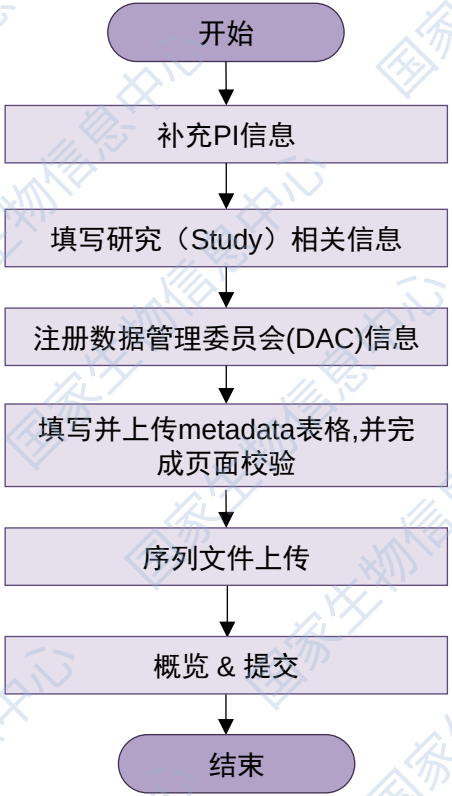
- 数据提交必须使用PI账号 – 数据责任人
  - 科研机构独立研究组的课题组长（PI）或具有高级职称的人员
  - 高校教授/副教授
  - 医院主任/副主任医师
  - 企业部门负责人
- 元数据信息必须脱敏，即不能包含受试者隐私信息
- 提交时设置数据访问方式（用户自行设定）
  - 受控访问 (默认)
  - 公开访问
- 受控访问数据，须提供DAC（数据管理委员会）及成员信息，并指定DAC联系人
- 对外共享数据集前，应根据《中华人民共和国人类遗传资源管理条例》的规定，获得相关数据集在“科学技术部政务服务平台”中“开放使用”类别的备案号

https://ngdc.cncb.ac.cn/gsa-human/document/Principle_of_Accessing_Human_Genetic_Resource_Data_in_NGDC_V1.pdf

受控访问数据的“申请-审核”模式

遗传, 2021

数据提交流程


开始
补充PI信息
填写研究（Study）相关信息
注册数据管理委员会(DAC)信息
填写并上传metadata表格,并完成页面校验
序列文件上传
概览 & 提交
结束

个人信息补充

https://ngdc.cncb.ac.cn/gsub/

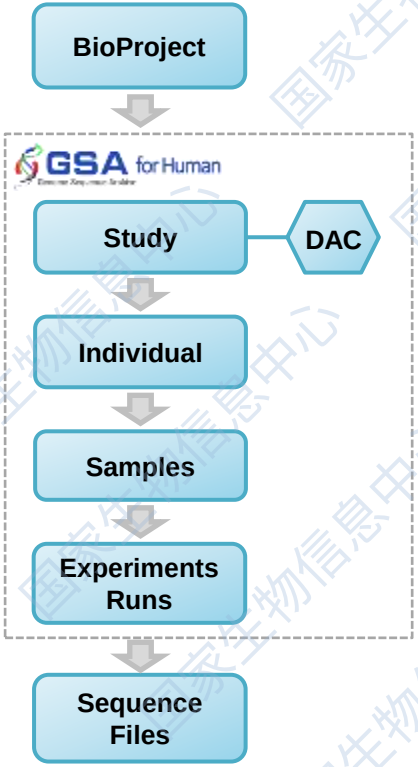
登录后，需要完善个人信息：

补充职称、个人主页/通讯文章链接、单位主页信息

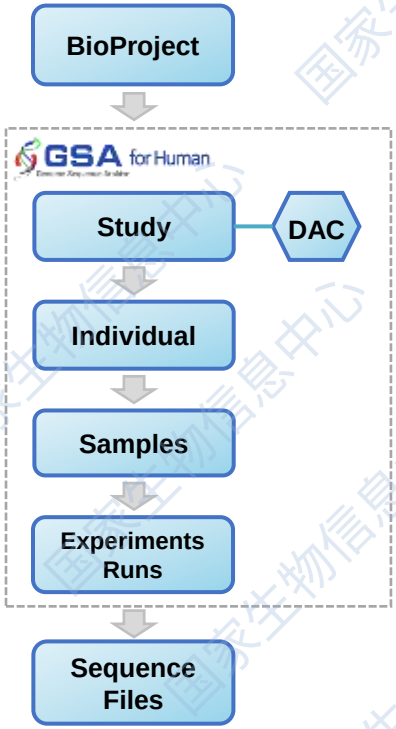
个人主页上的邮箱信息最好与账号邮箱一致

不符合条件的账号进行数据提交，将会审批不通过

新建GSA-Human提交



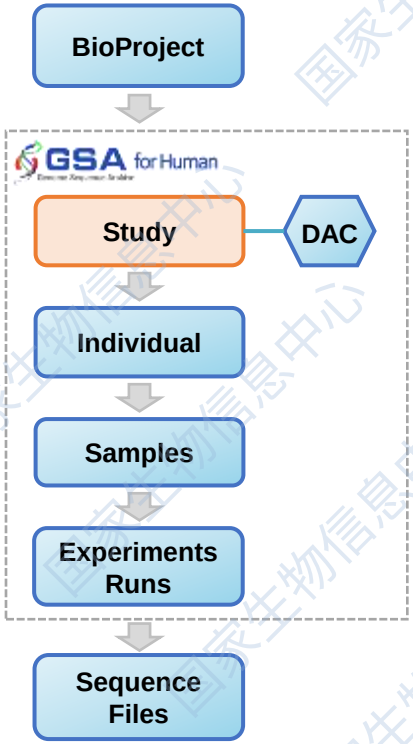
GSA-Human提交：数据提交者信息



请注意，建议添加提交联系人信息。如果不添加，数据集问题的反馈默认仅通知注册账号，而往往数据提交和问题处理不一定由PI本人负责。添加后两个人都会收到通知信息，多一个人有备而无患

进入下一步前，务必请先阅读并接受我们的数据管理规则

GSA-Human提交：研究信息

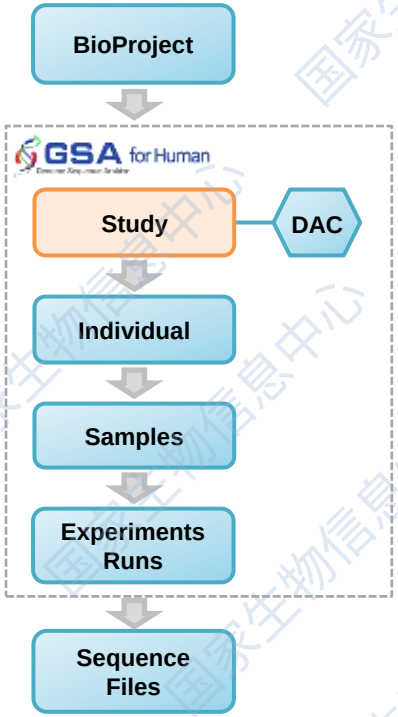


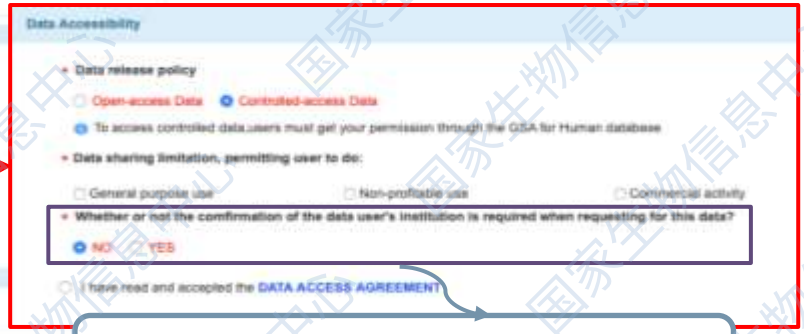
发布时间：可选**两年之内**的任意时间作为发布时间；只要数据未公开，可随时修改该时间

基本信息：按照研究情况，选择研究类型及其相关信息

BioProject信息：填写已有BioProject编号，或者先跳转至BioProject新建

GSA-Human提交：研究信息

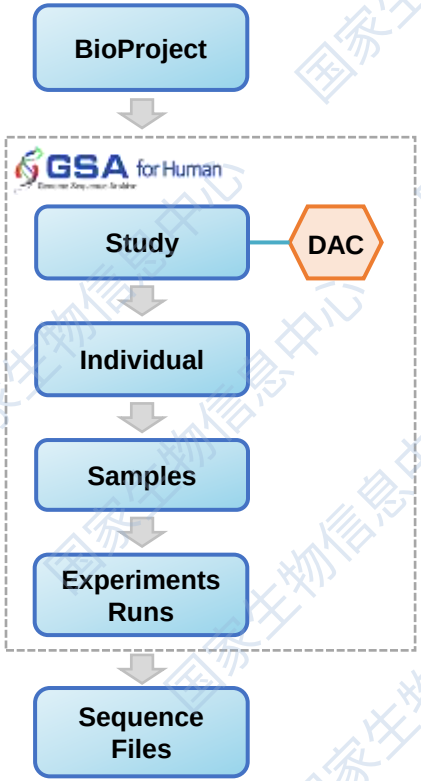


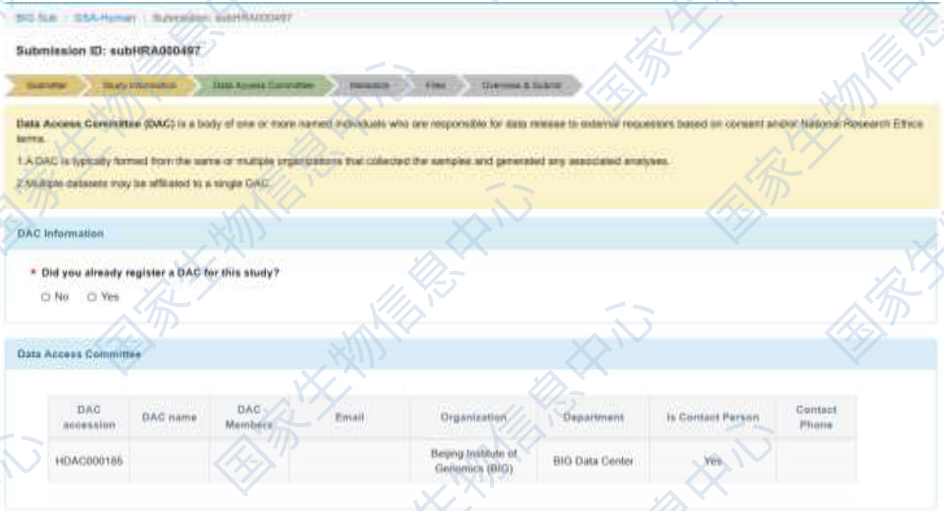


数据访问方式

- 选择数据访问方式（受控访问或开放访问）与使用限制
- 如果选择受控访问，请确定未来使用者申请数据时，是否需要在双方签订的**数据访问协议（DAA）上加盖单位公章**

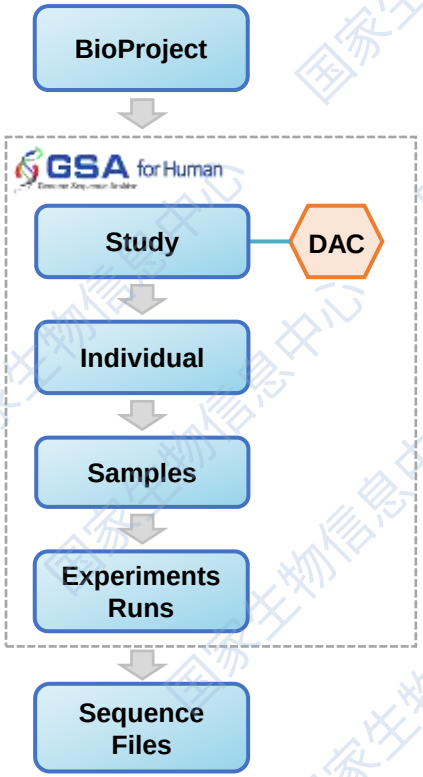
GSA-Human提交：数据管理委员会（DAC）信息

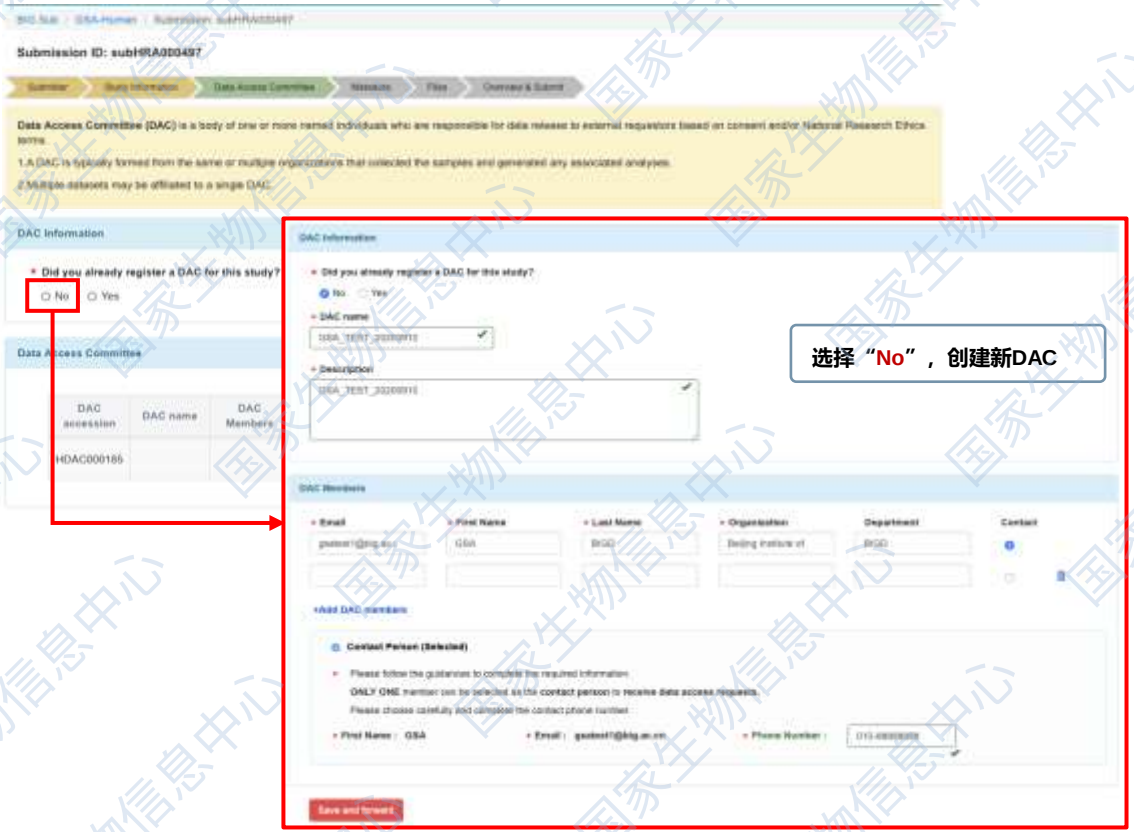




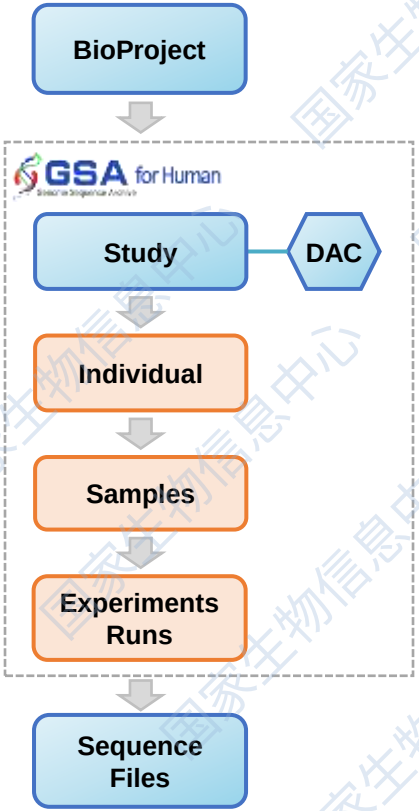
如果数据访问方式使用“受控访问 (Controlled-access)”，需建立数据管理委员会（DAC）并指定DAC联系人，负责数据发布后的申请审批与授权

GSA-Human提交：数据管理委员会（DAC）信息





GSA-Human提交：元数据信息

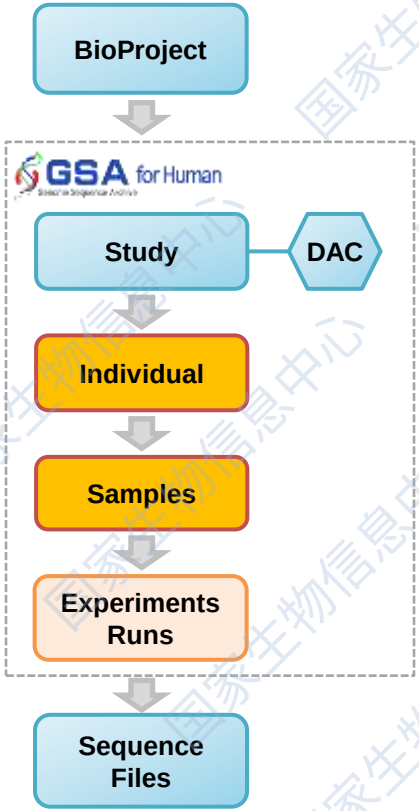


研究类型	适用元数据模板
疾病研究 (Disease study)	General_1.0.xlsx
队列研究 (Cohort study)	General_1.0.xlsx
细胞系相关研究 (Cell line related study)	Cellline_1.0.xlsx
临床病原体研究 (Clinical pathogen)	Clinical_pathogen_1.0.xlsx
人体相关宏基因组研究 (Human associated metagenome)	Human_associated_metagenome_1.0.xlsx

元数据的模板文件根据研究类型（Study Type）进行**自动匹配**，以适应不同的研究方向需求

GSA-Human提交：元数据信息

以General_1.0.xlsx为例：主要用于 疾病研究 和 队列研究



This sheet is used for individual information.
GREEN fields are mandatory. Your submission will fail if any mandatory fields are not completed.
GREY fields are optional. Leave optional fields empty if no information is available.
ORANGE fields require that the individual accession number, like HRI000001, already exists in GSA for Human database
YELLOW columns have drop-down menues that allow you to select from a controlled vocabulary. Once specified for one row, these values can be copied-and-pasted down.

CAUTION: DO NOT delete any columns! But you can insert the custom attributes at the end of all column as needed!
Be aware that Excel may automatically apply formatting to your data. In particular, take care with dates, incrementing autofills and special characters like / or -. Doublecheck that your text file is accurate before sending to us.

1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11
*ID	*individual_name	gender	existed_individual_accession	*experiment_group	disease_name	disease_stage	treatment	survival time	is_smoker	is_drinker
D1										

12	13	14	15	16	17	18	19	20
height (m)	body_weight (kg)	body_mass_index(BMI)	ethnicity	province	occupation	race	birthplace	custom_attributes_1

自定义字段

Individual 表格

1:N

常见问题1：对应关系

单个个体可以多对应多个样本，请务必注意每个样本所属关系。这是最容易出现问题的地方。

因为个体为核心，一旦出错，所有元信息都会受到影响。

This sheet is used for Sample information.
GREEN fields are mandatory. Your submission will fail if any mandatory fields are not completed.
GREY fields are optional. Leave optional fields empty if no information is available.
YELLOW columns have drop-down menues that allow you to select from a controlled vocabulary. Once specified for one row, these values can be copied-and-pasted down.

CAUTION: DO NOT delete any columns! But you can insert the custom attributes at the end of all column as needed!
Be aware that Excel may automatically apply formatting to your data.
In particular, take care with dates, incrementing autofills and special characters like / or -. Doublecheck that your text file is accurate before sending to us.

1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11
*ID	*sample_name	*tissue	*individual_ID	age	age_unit	*public_description	*sample_title	*collection_date	*biomaterial_provider	culture_collection
S1										

12	13	14	15
karyotype	phenotype	population	custom_attributes_1

自定义字段

Sample 表格

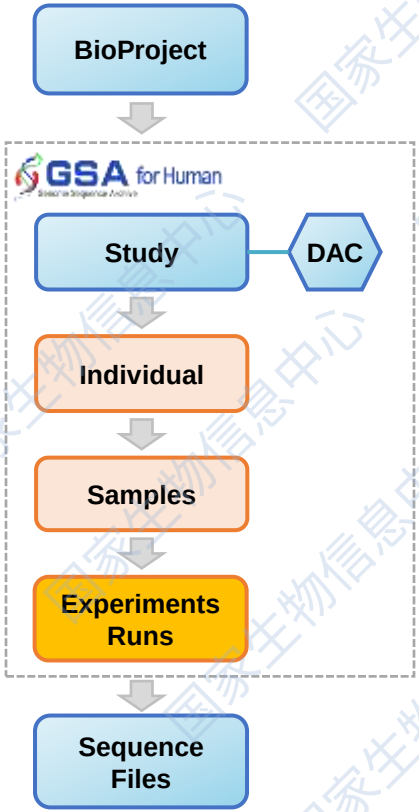
常见问题2：敏感信息问题

individual和sample的名称中不可包括受试个体名字拼音全称或简称

提示：请确保信息的完整度与准确性。完整的信息可提供全面的背景和上下文，对于管理员审核、审稿人审阅及未来数据使用有重要帮助。

如果已有列无法详细描述，可自定义添加相关信息。

GSA-Human提交：元数据信息



以General_1.0.xlsx为例：主要用于 疾病研究 和 队列研究

This sheet is used for Experiment information.
GREEN fields are mandatory. Your submission will fail if any mandatory fields are not completed.
GREY fields are optional. Leave optional fields empty if no information is available.
BLUE fields require for paired-end data only
YELLOW columns have drop-down menues that allow you to select from a controlled vocabulary. Once specified for one row, these values can be copied-and-pasted down.
When the Platform (column 4) is Helicos HeliScope, the Planned number of cycles (column 16) is required.
CAUTION: DO NOT delete or insert column!
Be aware that Excel may automatically apply formatting to your data. In particular, take care with dates, incrementing autofills and special characters like / or -. Doublecheck that your text file is accurate before sending to us.

1	2	3	4	5	6	7	8	9	10
*ID	*Experiment title	*sample_ID	*Platform	*Library Construction / Experimental Design	Library name	*Strategy	*Source	*Selection	*Layout
E1									

11	12	13	14	15	16
*Read length for mate1(bp)	Read length for mate 2(bp)	insert size (bp)	Nominal size (bp)	Nominal standard deviation (bp)	Planned number of cycles

Experiment 表格

1:N

常见问题1：对应关系

如果单个样本采用多种测序策略，则样本对应多个Experiment；Experiment与Run之间对应关系也为一对多。

This sheet is used for Run information and needs to be created after Experiment sheet.
GREEN fields are mandatory. Your submission will fail if any mandatory fields are not completed.
BLUE fields require for paired-end data only
PURPLE When your Run data file type (column 4) select bam. If you want to submit your reference file to our FTP Site, you need to fill in the Reference file name and MD5 for reference file (columns 9-10). If your re
YELLOW columns have drop-down menues that allow you to select from a controlled vocabulary. Once specified for one row, these values can be copied-and-pasted down.
CAUTION: DO NOT delete or insert column!
Be aware that Excel may automatically apply formatting to your data. In particular, take care with dates, incrementing autofills and special characters like / or -. Doublecheck that your text file is accurate before sending to

1	2	3	4	5	6	7	8
*ID	*Run title	*Experiment ID	*Run data file type	*File name 1	*MD5 checksum 1	File name 2	MD5 checksum 2
R1							

9	10	11	12
Reference file name	MD5 for reference file	Assembly Name or Accession	Assembly Accession URL

Run 表格

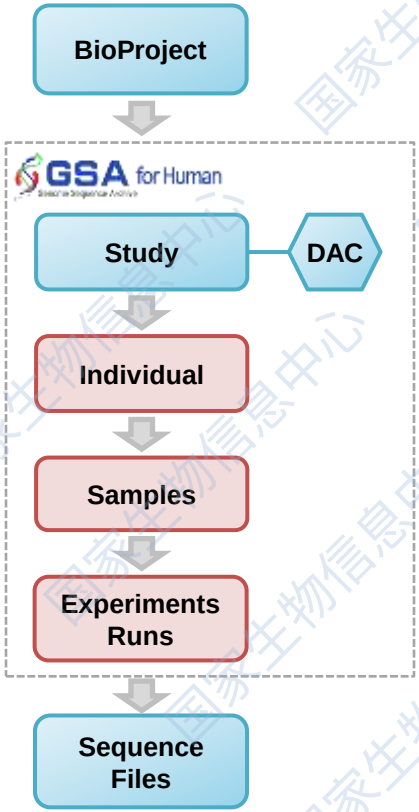
常见问题2：敏感信息问题

Experiment和Run title不可包括患者名字拼音全称或简称；文件的名称也不可包含此类信息

常见问题3：文件名称一致问题

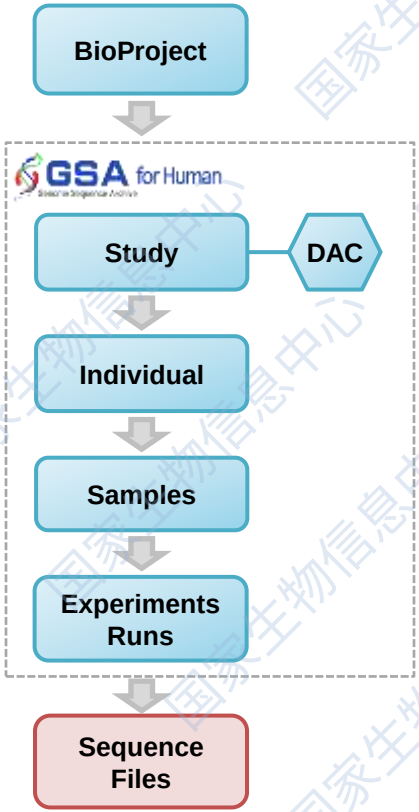
文件名称必须与上传文件完全一致。如果不一致，后期质控时将系统无法定位，从而影响文件处理与归档效率

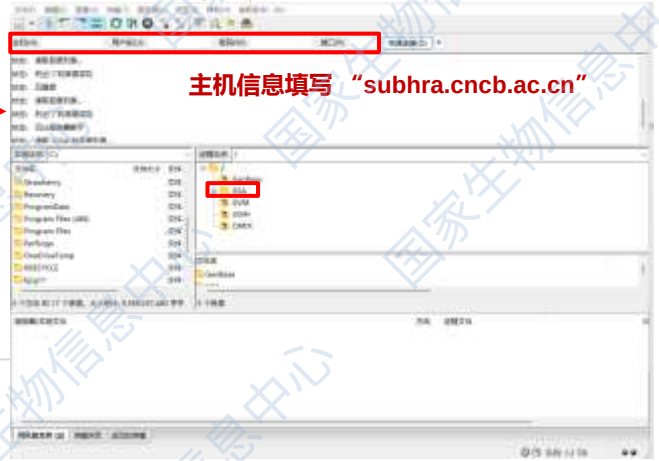
GSA-Human提交：元数据信息



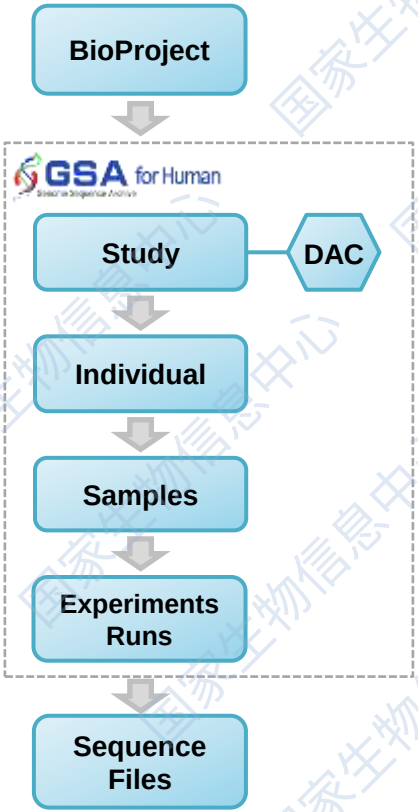
- 若文件审核未通过，请按系统提示修改信息后重新上传校验
- 如遇到任何问题，欢迎加入QQ群（548170081）交流，或通过电子邮件gsa@big.ac.cn联系我们。

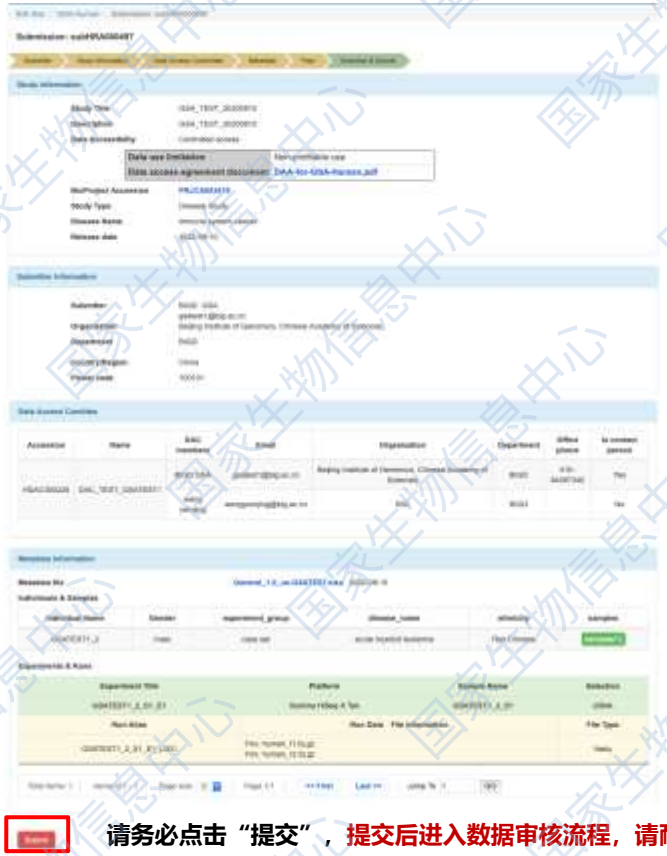
GSA-Human提交：序列文件上传方式





GSA-Human提交：概览 & 提交





请务必点击“提交”，提交后进入数据审核流程，请耐心等反馈信息

GSA-Human提交：等待审核

数据审核流程

第一阶段：人工审核

- 账号的身份认证
- 是否包含隐私信息
- 关联关系是否合理
- 信息的合理与完整

元数据信息审核周期：**1-2**个工作日

第二阶段：数据关联与质控

- 数据文件关联
- 文件格式检查
- 质量信息分析

文件处理周期与文件**大小与数量** 有关

Accession	Title	Submission ID	Release Date	Package	Status	Access(Request)	Operation
Unassigned	aaaaaa	subHRA000350	2021-09-30	General	Checking detail Confidential	Controlled(0)	Delete Update
HRA000165	test	subHRA000201	2024-03-22	Cell Line	Checked OK Confidential	Open	ReleaseNow Share Update

- **数据审核与文件处理的状态可通过网页进行查看。如遇到任何问题，欢迎加入我们的QQ群（548170081）交流，或通过电子邮件gsa@big.ac.cn联系我们**
- **数据归档后，将分配唯一的序列号（Accession）。**

设置共享链接与数据引用

- 用户可**自行设定共享链接**，决定其有效期以及是否允许获得者查看数据
- 注意，此**链接不应对外公布**，亦**不应在任何文章中引用**

当您成功提交数据到GSA-Human并通过审核后，请在您要发表的论文中添加如下语句：

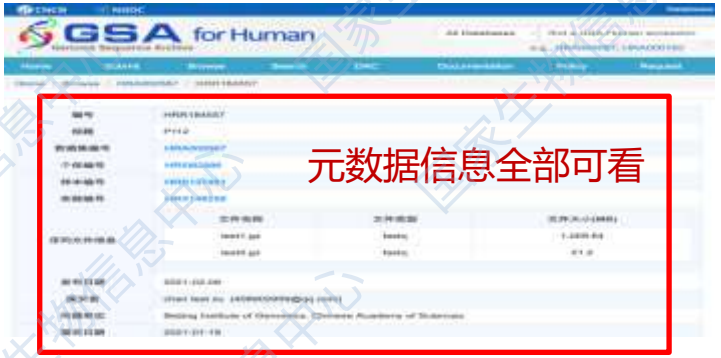
*The raw sequence data reported in this paper have been deposited in the Genome Sequence Archive (Genomics, Proteomics & Bioinformatics 2021) in National Genomics Data Center (Nucleic Acids Res 2024), China National Center for Bioinformation / Beijing Institute of Genomics, Chinese Academy of Sciences (GSA-Human: **HRAxxxxxx**) that are publicly accessible at **https://ngdc.cncb.ac.cn/gsa-human**.*

请按照以下格式引用我们的文章：

- **The Genome Sequence Archive Family: Toward Explosive Data Growth and Diverse Data Types.** *Genomics, Proteomics & Bioinformatics* 2021, 19(4):578-583 https://doi.org/10.1016/j.gpb.2021.08.001 [PMID=34400360]
- **Database Resources of the National Genomics Data Center, China National Center for Bioinformation in 2024.** *Nucleic Acids Res* 2024, Jan 5;52(D1):D18-D32. https://doi.org/10.1093/nar/gkad1078 [PMID=38018256]

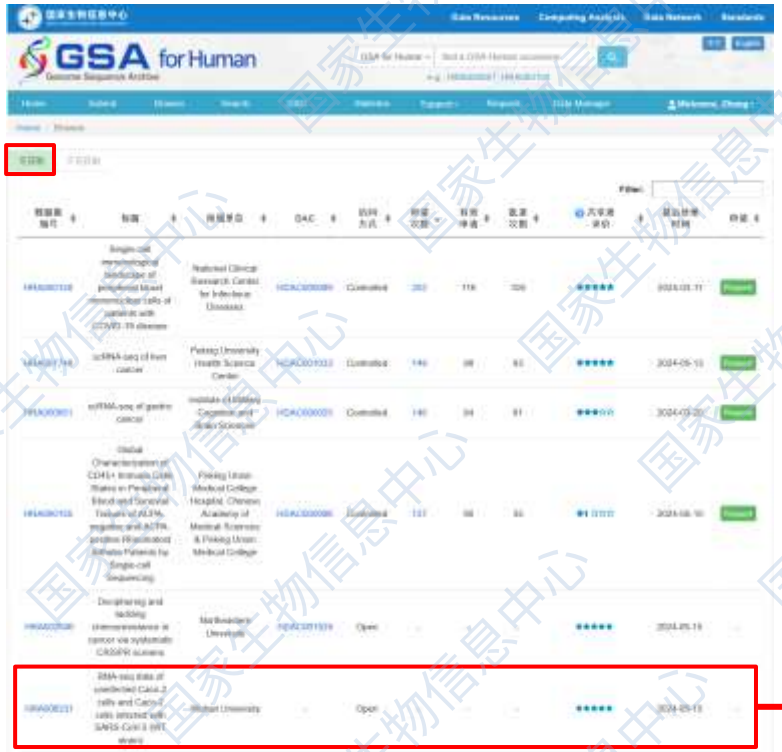
GSA-Human数据访问权限

访问类型	数据情况	访问权限分类	元信息查看	元信息下载	序列文件下载
公开访问数据	• 符合开放共享条件*	可获取	全部	全部	可下载
	• 不符合开放共享条件	不可获取	部分	部分	不能
受控访问数据	• 符合开放共享条件* • 已进行数据申请 • DAC审核通过	可获取	全部	全部	可下载
	• 符合开放共享条件* • 未进行数据申请或DAC审核未通过	可获取	部分	部分	不能
	• 不符合开放共享条件	不可获取	部分	部分	不能



*注： 符合开放共享条件，是指数据已经获得科技部备案，或者数据为国外数据，或者数据为临床病原体、古人类或化石、商用细胞系数据

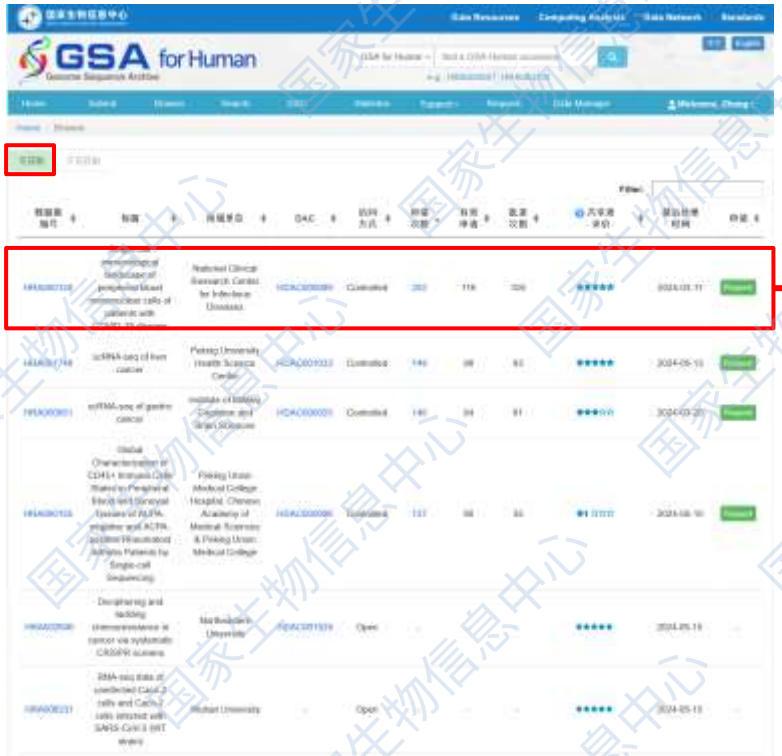
GSA-Human数据浏览与获取



可获取栏中访问方式为“Open”的数据集，任何人都可在线查看完整信息并下载数据文件

https://ngdc.cncb.ac.cn/gsa-human/browse/

GSA-Human数据浏览与获取



- 可获取栏中访问方式为“Control”的数据集，申请审核制访问
- 数据申请：仅允许PI申请下载（与数据提交者相同的条件）
- 申请审核
  - 系统管理员将对申请者身份进行形式审查
  - DAC对数据申请做最终审核，并决定是否授权

https://ngdc.cncb.ac.cn/gsa-human/browse/

受控数据申请

受控数据申请

收集数据申请者利用该数据集拟开展的研究的相关信息

受控数据申请

确认申请的数据集的信息和数据提交者的要求

请仔细阅读数据访问协议（Data Access Agreement）

受控数据申请

提供对本次数据申请信息的整体概览

受控数据申请

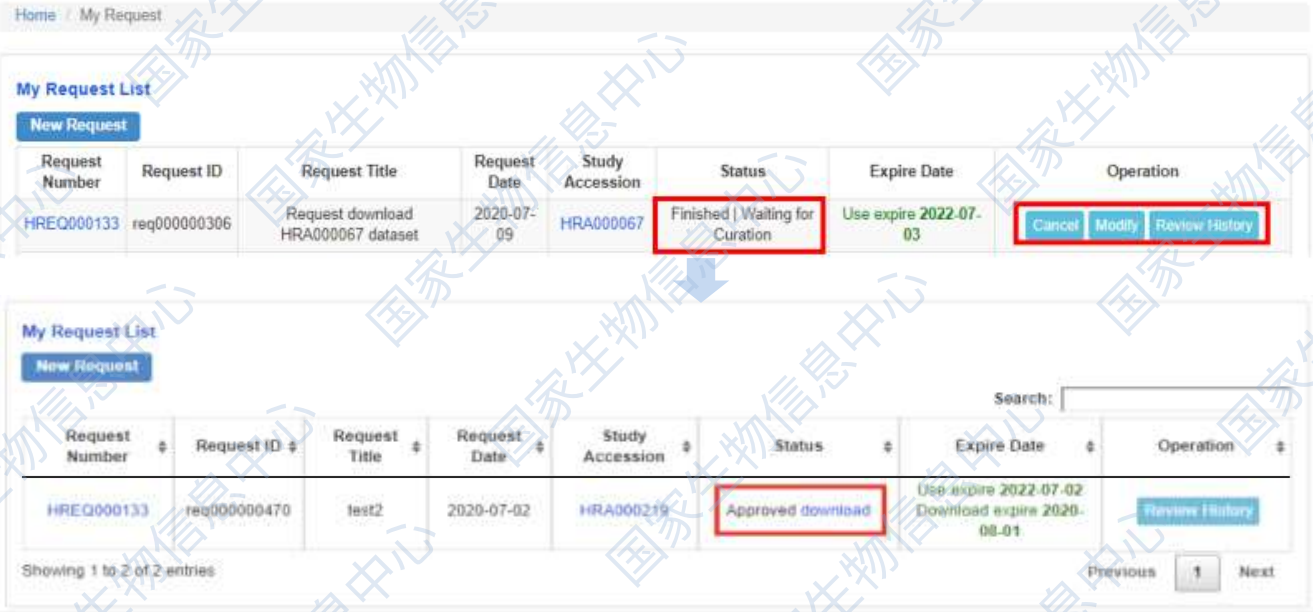
提供对本次数据申请信息的整体概览

受控数据申请

签署数据访问协议：
数据申请者可通过在线生成签名或离线手写签名两种方式签署数据访问协议

注意：如果数据提交者要求数据申请者提供单位盖章，只能通过离线方式签署协议

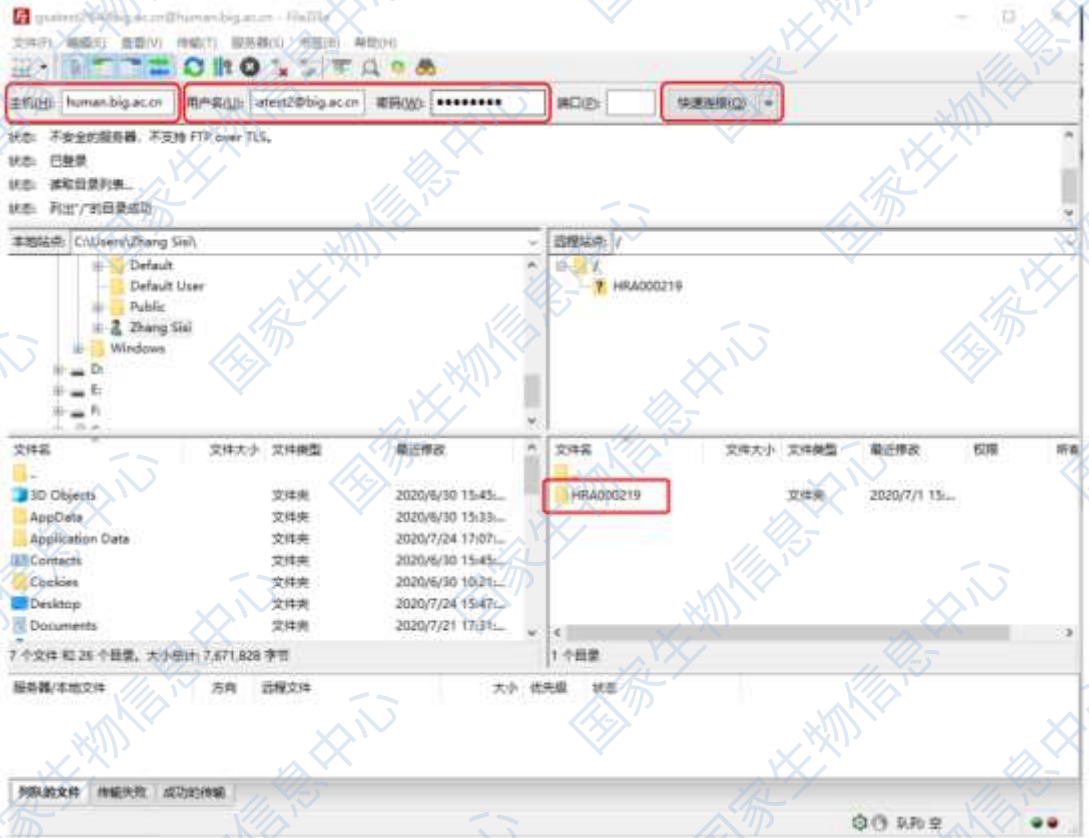
受控数据申请



完成申请提交后，列表中状态（Status）变为 Finished | Waiting for Curation。

- DAC 审核通过，申请的状态变为“Approved Download”。
- DAC 审核不通过，状态变为“Rejected”。可点击“Review History”在线查看反馈意见。

受控数据申请-数据下载



用户服务

Email: gsa@big.ac.cn

QQ Group: 548170081