



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

GSA Family 支撑的 科学项目数据汇交体系介绍

张思思

2025年11月20日

国家基因组科学数据中心资源体系



数据汇交体系

- 原始组学数据归档库 (Genome Sequence Archive)
- 人类遗传资源管理库 (GSA-Human)
- 生物数据库目录 (Database Commons)
- 生命科学程序代码归档库 (BioCode)
- 基因组序列数据库 (Genome Warehouse)
- 基因组变异数据库 (Genome Variation Map)
- 多元数据归档库 (OMIX)

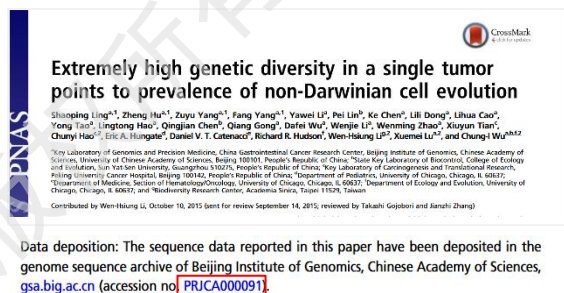


组学原始数据归档库家族 GSA Family

GSA Family已形成涵盖生物多样性、人类遗传资源等领域的组学原始数据及相关数据

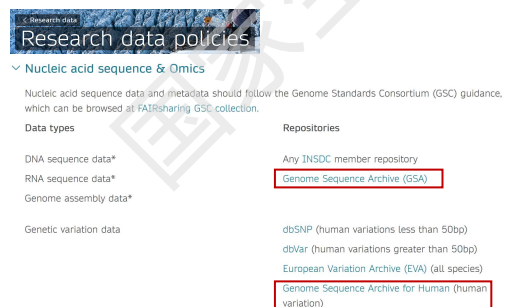


GSA首获国际期刊PNAS的认可



2015年10月

GSA和GSA-Human获得 Springer Nature认可



2021年8月

GSA成功入选全球核心数据资源



2023年12月

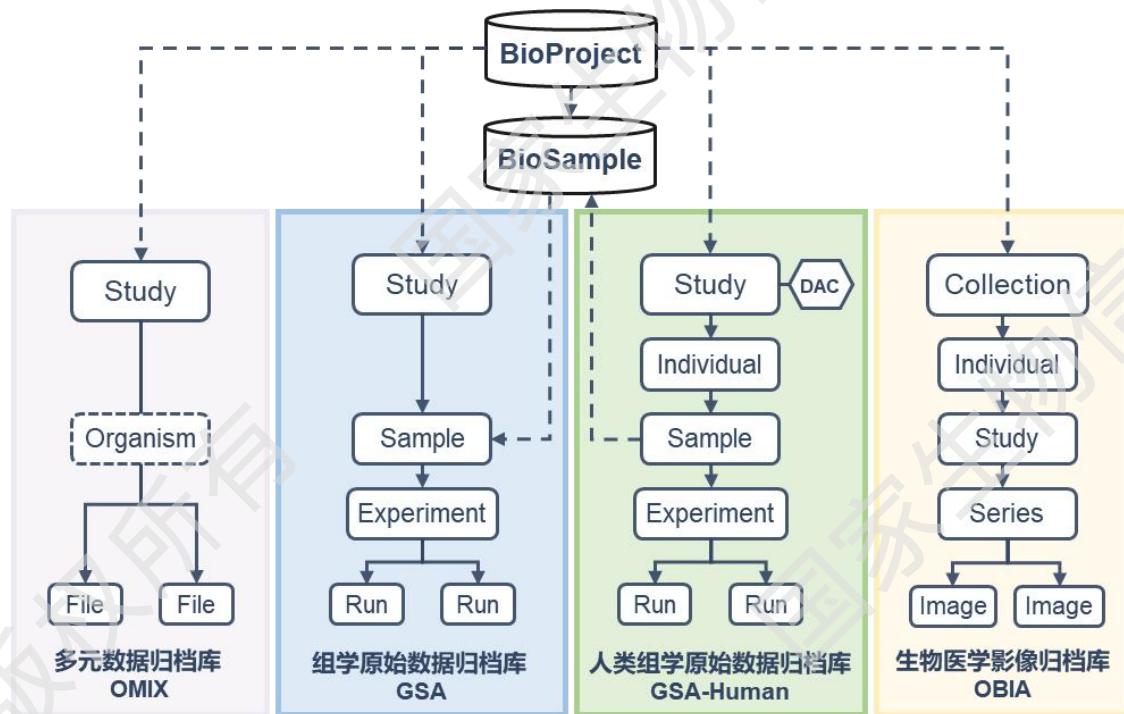
服务国家重大战略需求和重大任务



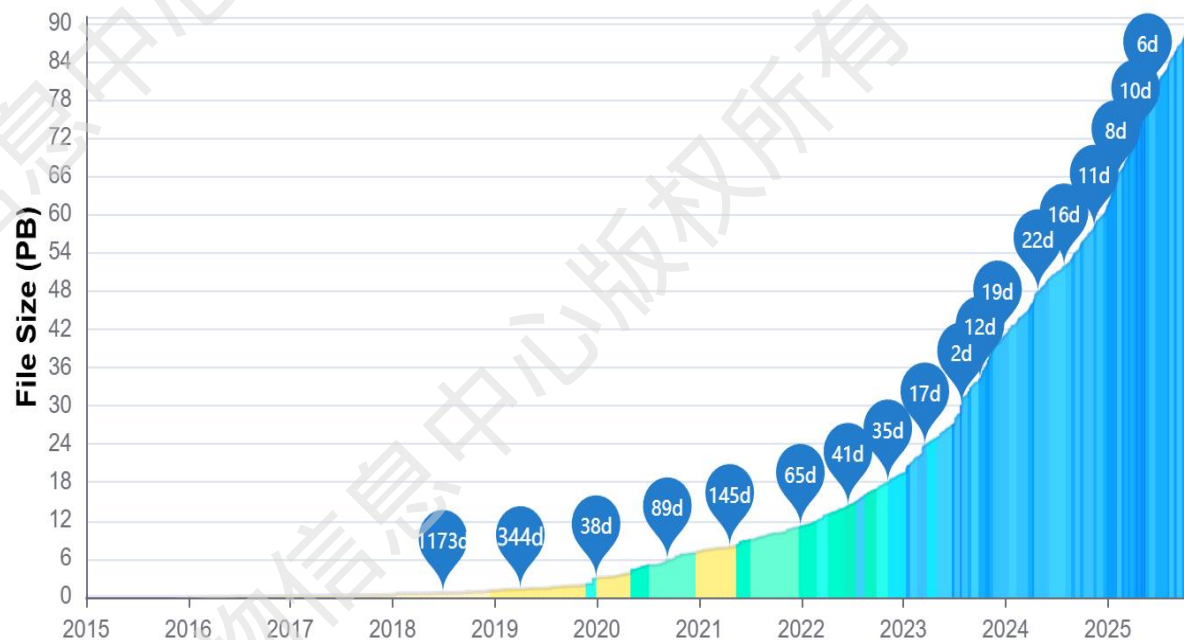
2020年, 2022年, 2024年

GSA Family: 多组学和多模态数据资源共享平台

截至2025年11月初，GSA Family已归档数据集 **32,119** 个，其中组学原始测序数据 **22,411** 个，数据覆盖**12**大类，数据量总超 **90 PB**，支撑发表文章**5000**篇



GSA Family 数据管理模型



科学项目数据汇交

2019年，国家基因组科学数据中心被认定为20个**国家科学数据中心**之一；2020年起，应科技部要求，承担**国家重点研发计划项目汇交管理任务**



培训内容

1

数据汇交政策背景

2

数据汇交计划制定

3

科学数据提交流程

4

进度查询与凭证出具

培训内容

1

数据汇交政策背景

2

数据汇交计划制定

3

科学数据提交流程

4

进度查询与凭证出具

数据汇交政策依据

- 2018年3月17日，国务院办公厅印发《科学数据管理办法》（国办发〔2018〕17号），明确要求“政府预算资金资助的各级科技计划（专项、基金等）**项目所形成的科学数据**，应由**项目牵头单位汇交到**相关**科学数据中心**，各级计划（专项、基金等）项目管理部门应建立先汇交科学数据、再验收科技计划（专项、基金等）项目的机制。”
- 2018年12月14日，科技部办公厅印发《国家重点研发计划项目综合绩效评价工作规范（试行）》（国科办资〔2018〕107号），提出了由有关方面认定的**科学数据中心出具的汇交凭证**应作为项目综合绩效评价的必备材料。
- 2019年12月26日，科技部办公厅印发《科技计划项目科学数据汇交工作方案（试行）》（国科办基〔2019〕104号），进一步**明确了科技计划数据汇交的主体、职责、流程与方法**。

数据汇交管理主体与职责

科学数据汇交由科技计划**项目管理方**领导，由**科学数据提交方**在**科学数据管理方**的支持下，协作完成

项目管理方

专项对口**专业机构**，如“中国生物
技术中心”

科学数据 提交方

科技计划**项目的牵头法人单位**，是
科学数据汇交的**责任人和义务人**

科学数据 管理方

各类科学数据中心，是科学数据**管
理和开放共享的重要载体**

数据汇交的内容

科学数据实体

- 项目形成的**原始数据**及基于原始数据或研究**分析数据**所形成的**完整数据库或数据文件**



- ✓ **自产**多组学原始数据
- ✓ **自产**多组学的分析后数据

科学数据描述信息

- 提供相应的**描述信息**，包括数据说明文档及过程资料等



- ✓ 多组学原始及分析后数据的项目、样本、实验、数据文件等描述元数据信息

科学数据辅助工具

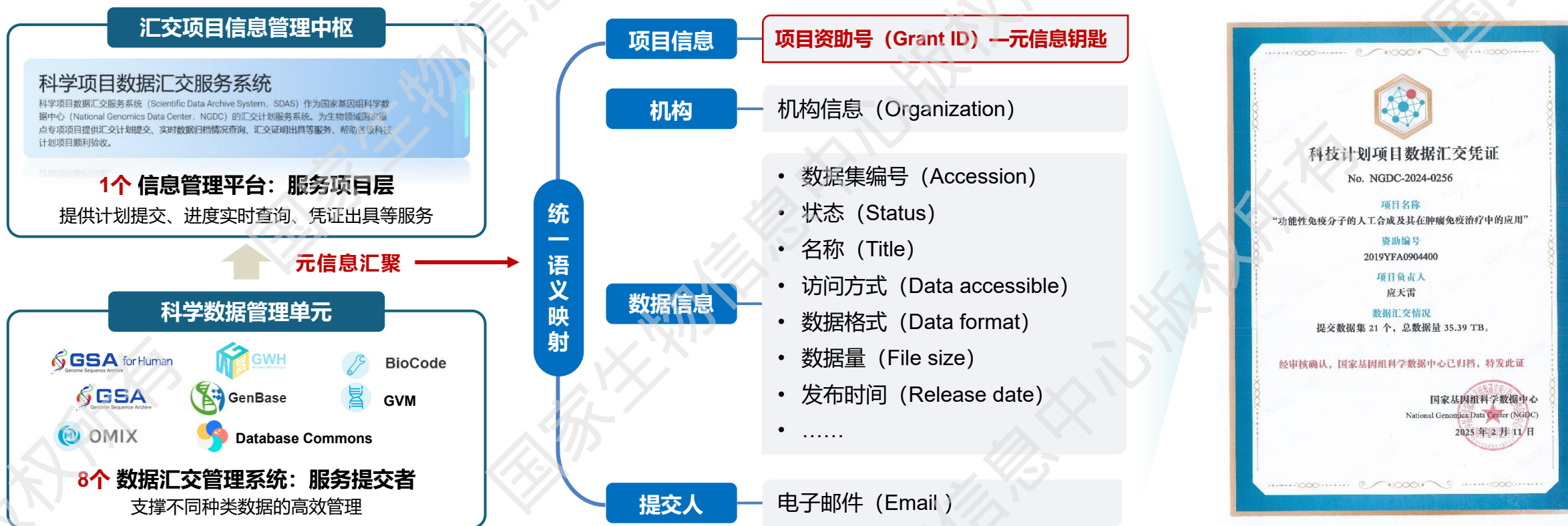
- 项目形成的用于科学数据处理、加工和分析的专门**辅助软件工具**等



- ✓ 辅助软件工具源代码等相关信息
- ✓ 采购的工具软件不必汇交

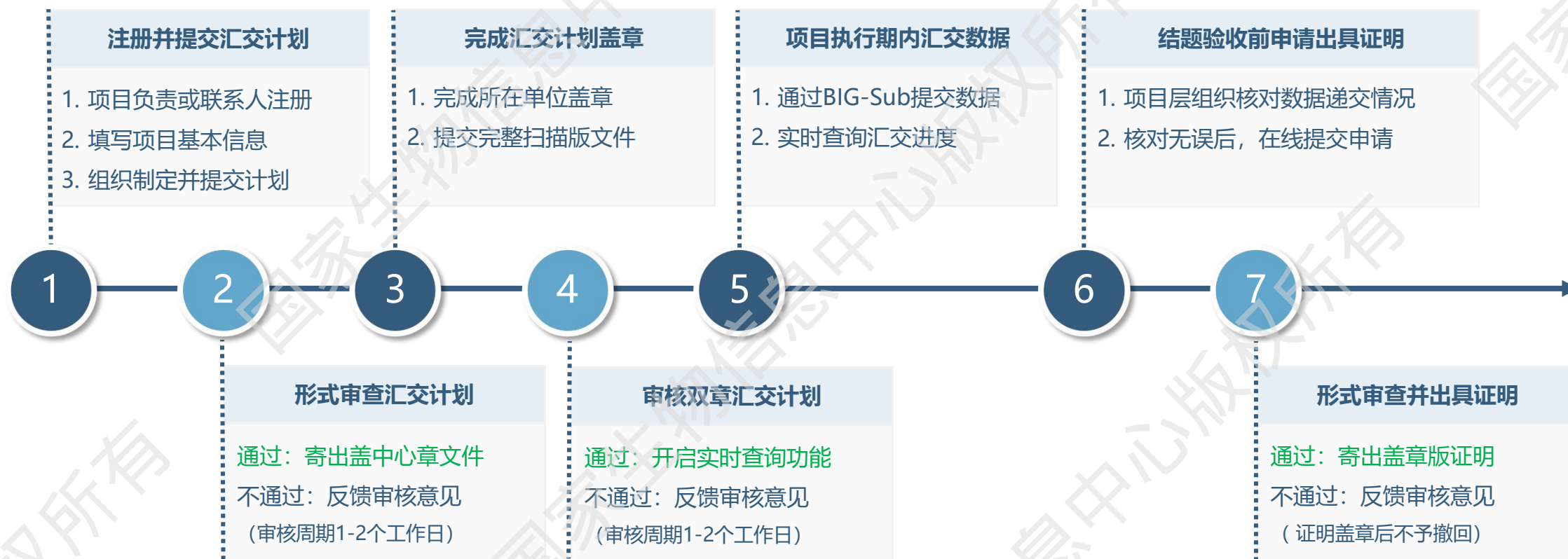
科学项目数据汇交服务系统 SDAS

科技项目数据汇交服务系统（Scientific Data Archive System, SDAS）作为国家基因组科学数据中心的汇交计划服务系统



基于项目资助号实现元信息汇聚与映射；推动异源信息的自动化整合与凭证统一出具

系统使用流程



系统使用流程

注册并提交汇交计划

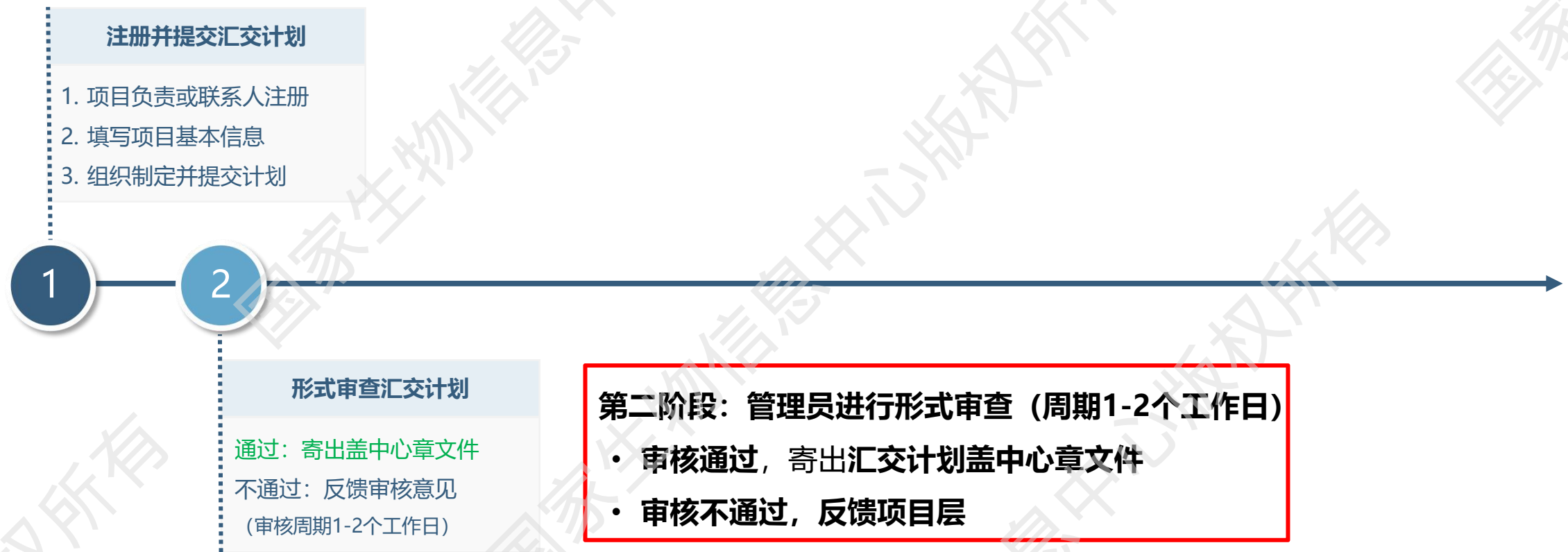
1. 项目负责或联系人注册
2. 填写项目基本信息
3. 组织制定并提交计划

第一阶段:

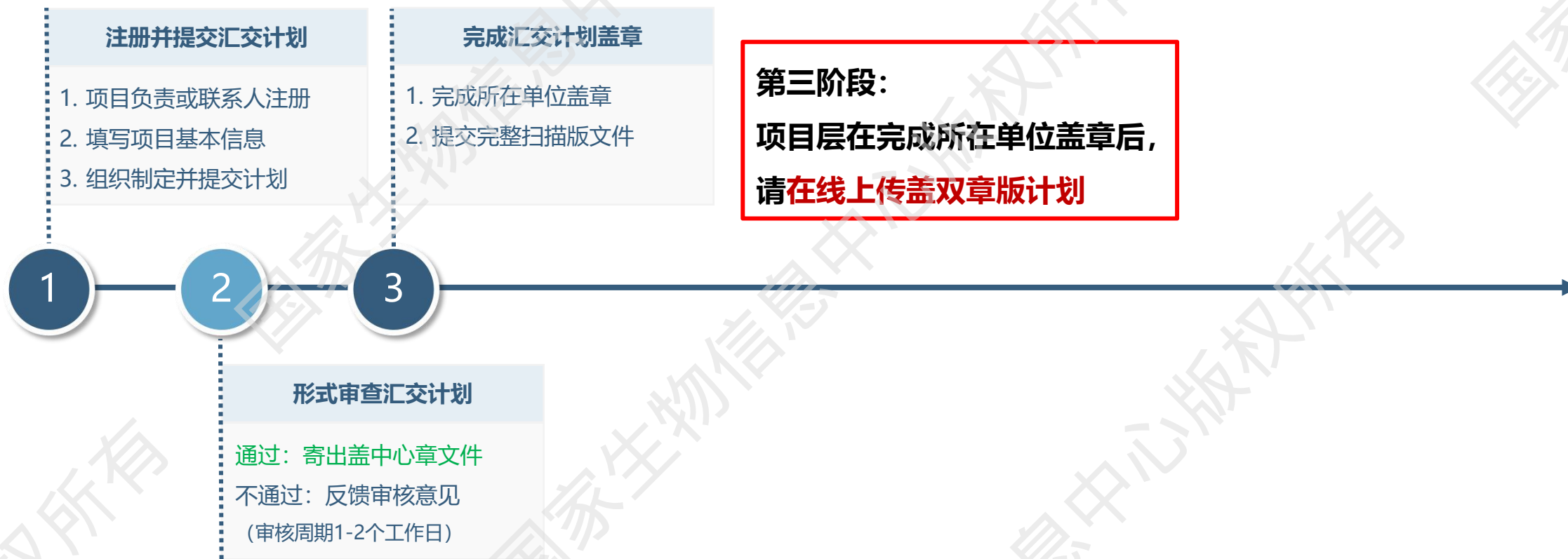
1. 使用项目负责人或联系人账号注册
2. 组织课题层制定并**最终形成一份**项目汇交计划，并在线提交

1

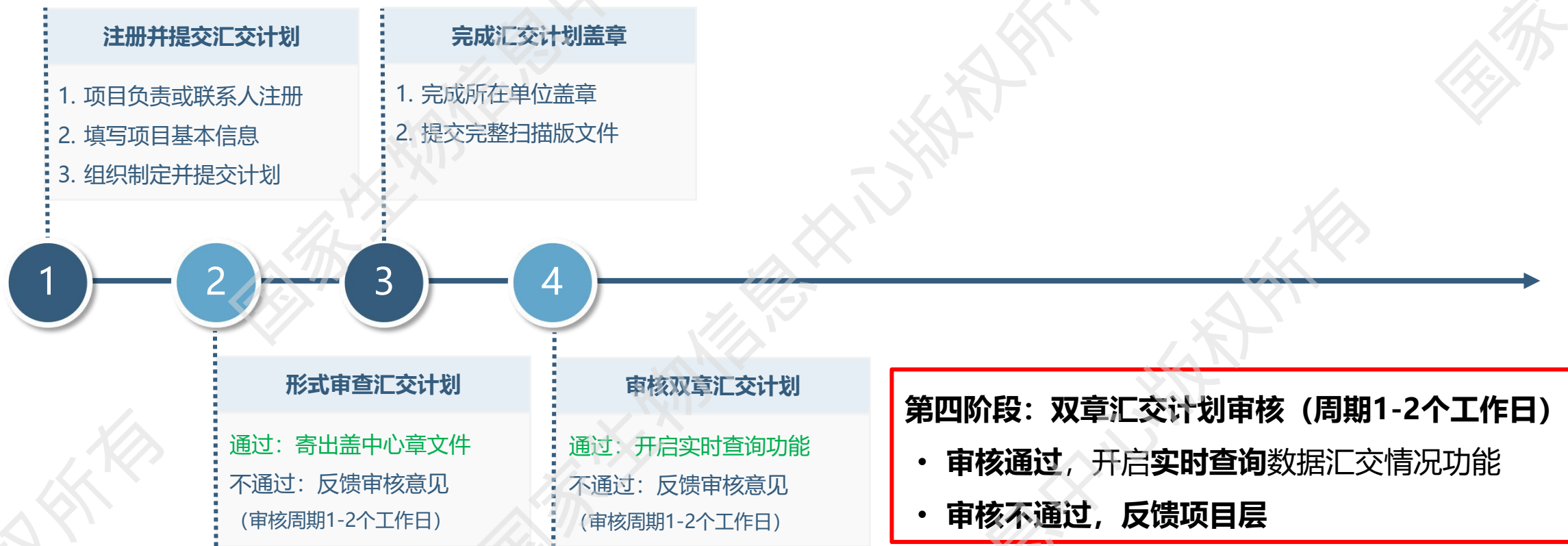
系统使用流程



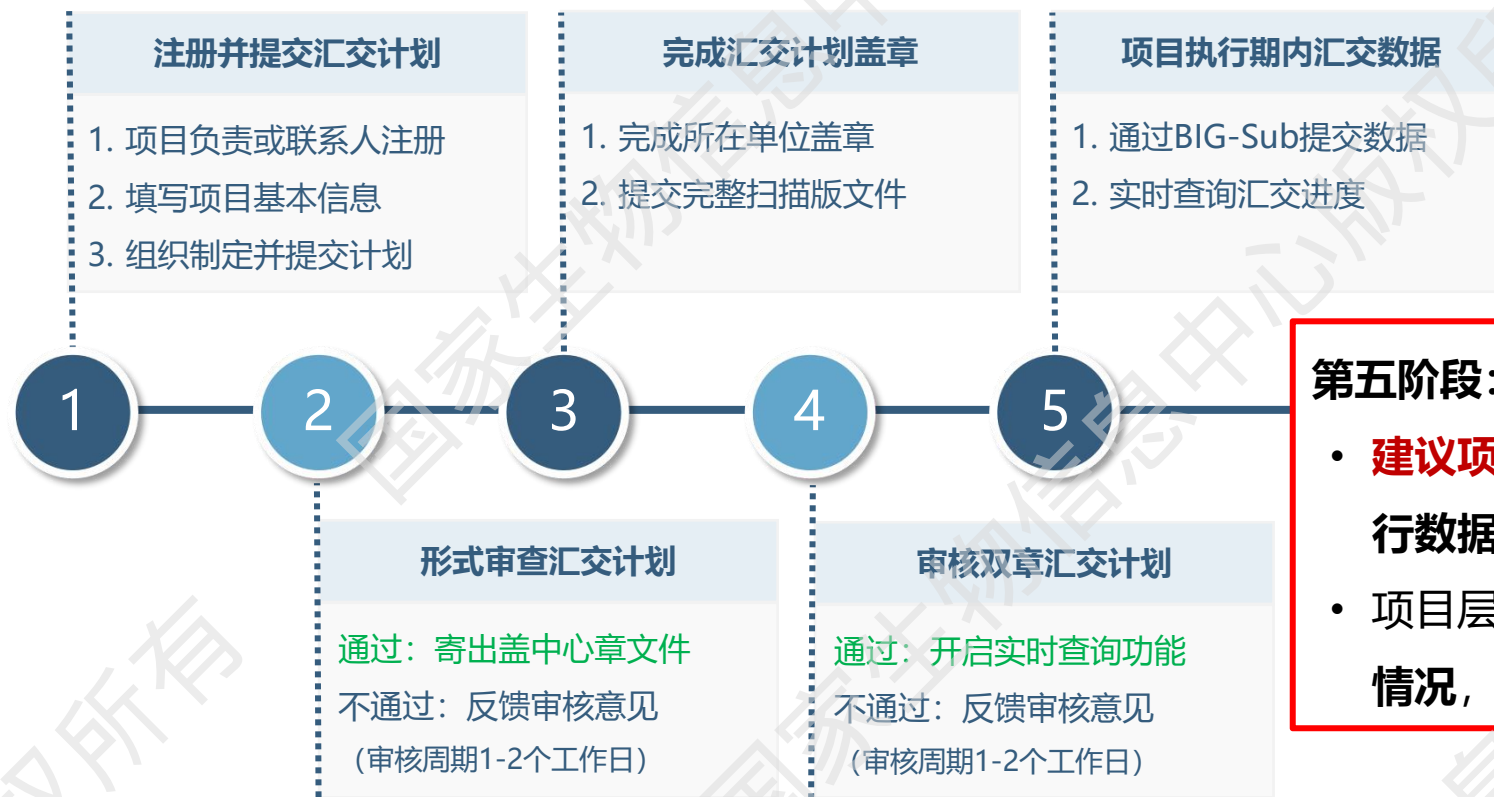
系统使用流程



系统使用流程



系统使用流程



第五阶段：项目执行期间

- **建议项目层督促数据递交方**及时通过[BIG-Sub](#)进行数据提交
- 项目层可通过系统**实时查询功能**，**监督数据汇交情况**，还可一键导出情况列表，以便**反馈课题层**

系统使用流程



系统使用流程



培训内容

1

数据汇交政策背景

2

数据汇交计划制定

3

科学数据提交流程

4

进度查询与凭证出具

系统账号注册

- 建议**项目层**使用**项目负责人/联系人**邮箱通过中心[单点登录系统 \(BIG SSO\)](#)完成账号注册。具体流程如下：
 - 申请注册账号**：点击[SDAS系统](#)主页菜单栏中的“注册”：



填写信息提交后, 一定记得完成激活!!!

说明文档: [SDAS系统使用指南](#)

制定&修改汇交计划

- 项目层可通过“[汇交计划提交入口](#)”进入提交系统，点击“新建提交”开始提交



制定&修改汇交计划

- **第一步 填写项目相关信息：**主要用于收集项目负责人、项目联系人、项目基本信息等内容

1 基本信息 | 2 汇交计划制定 | 3 汇交协议签署 | 4 项目审核 | 5 提交完成

新建提交

项目负责人信息
项目负责人姓名（中文）将出现在后续汇交证明中，请务必保证填写内容真实无误

* 姓名（中文） * 职称 * 职务
如没有可填写“无”

* 邮箱 * 联系电话（座机/手机）
座机格式：区号+号码，如010-84097340

项目联系人信息
项目联系人负责项目提交中的沟通工作，请确保联系电话畅通

* 姓名（中文） * 职称 * 职务
如没有可填写“无”

* 邮箱 * 手机号码
科技部信息管理要求，请务必提供

项目基本信息
项目资助号和项目名称将出现在后续汇交证明中，请务必保证填写内容真实无误
鼠标移动至问号“?”可查看表中各项内容在项目书中的标注位置

* 项目资助号 * 项目申请编号 * 项目申请编号 * 项目申请编号
资助号与申请号必须填写一致 ☐ 暂无正式资助号，填写项目申请编号

* 项目名称 * 项目申请编号 * 项目申请编号 * 项目申请编号
项目申请编号 * 项目申请编号 * 项目申请编号 * 项目申请编号

* 项目类别 * 专业机构 * 专业机构 * 专业机构
项目类别 * 专业机构 * 专业机构 * 专业机构

* 起始时间 * 结束时间 * 项目承担单位全称（中文） * 项目承担单位机构性质
项目承担单位全称（中文） * 项目承担单位机构性质

项目承担单位名称（中文）

保存并进入下一步

项目负责人信息
项目负责人姓名（中文）将出现在后续汇交证明中，请务必保证填写内容真实无误

* 姓名（中文） * 职称 * 职务
如没有可填写“无”

* 邮箱 * 联系电话（座机/手机）
座机格式：区号+号码，如010-84097340

项目联系人信息
项目联系人负责项目提交中的沟通工作，请确保联系电话畅通

* 姓名（中文） * 职称 * 职务
如没有可填写“无”

* 邮箱 * 手机号码
科技部信息管理要求，请务必提供

保存并进入下一步

制定&修改汇交计划

- **第一步 填写项目相关信息：**主要用于收集项目负责人、项目联系人、项目基本信息等内容

The screenshot shows a web form titled '新建提交' (New Submission) with a progress bar at the top indicating five steps: 1. Basic Information, 2. Submission Plan, 3. Submission Agreement, 4. Review, and 5. Submission Complete. The 'Project Basic Information' section is highlighted. It includes fields for Project Manager Information (姓名, 邮箱, 联系电话), Project Contact Information (姓名, 邮箱, 手机), and Project Basic Information (项目资助号, 项目名称, 项目类别, 起始时间, 项目承担单位全称, 项目承担单位机构性质, 项目类别, 专业机构, 专项名称, 结束时间). A note states: '项目资助号和项目名称将出现在后续汇交证明中, 请务必保证填写内容真实无误 鼠标移动至"问号"可查看表中各项内容在项目书中的标注位置'.

This is a detailed view of the '项目基本信息' (Project Basic Information) form. It includes a title bar with a question mark icon and the text '项目基本信息'. Below the title bar, a note states: '项目资助号和项目名称将出现在后续汇交证明中, 请务必保证填写内容真实无误 鼠标移动至"问号"可查看表中各项内容在项目书中的标注位置'. The form contains several fields: '项目资助号' (Project Grant Number) with a note '资助号与申请号必须择一填写' and a checkbox '暂无正式资助号, 填写项目申请编号'; '项目名称' (Project Name) with a note '项目申报指南方向' and '非必填内容'; '项目类别' (Project Category) with a dropdown menu; '起始时间' (Start Time) with a date picker; '项目承担单位全称 (中文)' (Project承担单位全称 (中文)) with a text input; '项目承担单位机构性质' (Project承担单位机构性质) with a dropdown menu; '专业机构' (Specialized Institution) with a dropdown menu; '专项名称' (Specialized Name) with a text input; and '结束时间' (End Time) with a date picker. A '保存并进入下一步' (Save and Enter Next Step) button is located at the bottom left.

制定&修改汇交计划

- **第一步 填写项目相关信息：**主要用于收集项目负责人、项目联系人、项目基本信息等内容

1 基本信息 2 汇交计划制定 3 汇交协议签署 4 项目审核 5 提交完成

新建提交

项目负责人信息
项目负责人姓名(中文) 将出现在后续汇交证明中, 请务必保证填写内容真实无误

* 姓名(中文) * 昵称 * 邮箱
如没有请填写“无”

* 邮箱 * 联系电话(座机/手机)
座机格式: 区号+号码, 如010-54097340

项目联系人信息
项目联系人负责项目提交中的沟通工作, 请确保联系电话畅通

* 姓名(中文) * 昵称 * 邮箱
如没有请填写“无”

* 邮箱 * 手机号码
手机号码信息基理要求, 请务必提供

项目基本信息
项目资助号和项目名称将出现在后续汇交证明中, 请务必保证填写内容真实无误
鼠标移动至“问号”可查看表中各项内容在项目书中的标注位置

* 项目资助号
资助号与申请号必须择一填写
☐ 暂无正式资助号, 填写项目申请编号

* 项目名称
项目申报指南方向

* 项目类别
☒ 暂无正式资助号, 填写项目申请编号
如无正式资助号, 可填写以SQ为首的申请编号

* 起始时间 * 结束时间

* 项目承担单位全称(中文) * 项目承担单位机构性质

课题承担单位名称(中文)

保存并进入下一步

项目基本信息

项目资助号和项目名称将出现在后续汇交证明中, 请务必保证填写内容真实无误
鼠标移动至“问号”可查看表中各项内容在项目书中的标注位置

* 项目资助号
资助号与申请号必须择一填写
☐ 暂无正式资助号, 填写项目申请编号

* 项目名称
项目申报指南方向

* 项目类别
☒ 暂无正式资助号, 填写项目申请编号
如无正式资助号, 可填写以SQ为首的申请编号

* 起始时间 * 结束时间

* 项目承担单位全称(中文) * 项目承担单位机构性质

课题承担单位名称(中文)

制定&修改汇交计划

- **第一步 填写项目相关信息：**主要用于收集项目负责人、项目联系人、项目基本信息等内容

1 基本信息 2 汇交计划制定 3 汇交协议签署 4 项目审核 5 提交完成

新建提交

项目负责人信息
项目负责人姓名(中文)将出现在后续汇交证明中,请务必保证填写内容真实无误

* 姓名(中文) * 职称 * 邮箱
* 联系电话(座机/手机)
座机格式: 区号+号码, 如010-54097340

项目联系人信息
项目联系人负责项目提交中的沟通工作,请确保联系电话畅通

* 姓名(中文) * 职称 * 邮箱
* 手机号码
科技项目信息管理系统,请务必提供

项目基本信息
项目资助号和项目名称将出现在后续汇交证明中,请务必保证填写内容真实无误
鼠标移动至“问号”可查看表中各项内容在项目书中的标注位置

* 项目资助号
资助号与申请号必须择一填写
☐ 暂无正式资助号, 项目申请指南方向(非必填内容)

* 项目名称

* 项目类别

* 起始时间 * 结束时间

* 项目承担单位全称(中文) * 项目承担单位机构性质

课题承担单位名称(中文)

保存并进入下一步

项目基本信息

项目资助号和项目名称将出现在后续汇交证明中,请务必保证填写内容真实无误
鼠标移动至“问号”可查看表中各项内容在项目书中的标注位置

项目编号: 2017YFC120**00 密 级: 公开

国家重点研发计划
项目任务书

项目名称: 国家生物信息平台支撑技术
所属专项: 生物安全关键技术研发
指南方向: 国家生物信息平台支撑技术
推荐单位: 工业和信息化部
专业机构: 中国生物技术的发展中心

项目牵头承担单位: ***** (公章)
项目负责人: ***
执行期限: 2017年11月至2020年11月

* 项目资助号
资助号与申请号必须择一填写
☐ 暂无正式资助号, 项目申请指南方向(非必填内容)

* 项目名称

* 项目类别

* 起始时间 * 结束时间

* 项目承担单位全称(中文) * 项目承担单位机构性质

课题承担单位名称(中文)

制定&修改汇交计划

- **第二步 组织课题层共同制定计划：**请项目层组织课题层制定并**最终形成一份项目汇交计划**。更多帮助，如填写示例，详见[《国家基因组科学数据中心数据汇交指南》](#)

首页 / 个人中心 / SDA5000322 - 汇交计划制定

1 基本信息 2 汇交计划制定 3 汇交协议签署 4 信息预览 5 提交完成

SDA5000322

✓ 接收的数据类别

- 自产多组学原始及其分析后数据，包括基因组、蛋白组、代谢组（包括脂质组）等
- 脑科学领域脑磁共振成像数据、电生理等数据
- 自主研发的软件工具或数据库系统
- 其它的结果位、有共享价值的科学数据

帮助

- 常见问题 (FAQ)

✗ 不接受的数据类别

- 整合的公共数据
- 商用软件工具
- 实验的原始“一手”实验记录、数据库说明文档、软件著作权、专利及文章等材料

汇交数据类型

* 请选出本项目提交自产数据类型 (可多选)

+ 组学原始测序下机数据

+ 全基因组基因组数据

+ 基因组变异数据

+ 基因组二倍分析数据

+ 芯片数据

+ 代谢组数据

+ 蛋白质组质谱数据

+ 蛋白质组数据

+ 核磁共振成像数据

+ 软件工具

+ 数据库系统

+ 其他数据

请至少选择一种数据类型

汇交计划文件

请下载科学数据汇交计划制定模板文件《汇交计划通用模板》，填写编号并检查无误后上传（仅接收word版）
更多帮助，如填写示例，请查看《国家基因组科学数据中心数据汇交指南》

* 汇交计划 (word版)

上传

请上传word版汇交计划，并单击“上传”按钮，上传已选择的文件

附件材料 (非必填)

您可以上传项目任务书作为数据汇交计划的辅助材料 (非必须提供)
请单击此处选择文件后，单击右侧按钮上传

上传

保存 下一步 返回上一步

制定&修改汇交计划

- **第二步 组织课题层共同制定计划：**请项目层组织课题层制定并最终形成一份项目汇交计划。更多帮助，如填写示例，详见 [《国家基因组科学数据中心数据汇交指南》](#)

1 基本信息 ▶ 2 汇交计划制定 ▶ 3 汇交协议签署 ▶ 4 信息预览 ▶ 5 提交完成

SDAS000322:

✓ 接收的数据类别

- 自产多组学原始及其分析后数据，包括基因组、蛋白组、代谢组（包括脂质组）等
- 脑科学领域核磁共振成像数据、电生理等数据
- 自主研发的软件工具或数据库系统
- 其它的结果性、有共享价值的科学数据

✗ 不接收的数据类别

- 整合的公共数据
- 商用软件工具
- 实验的原始“一手”实验记录，数据库说明文档、软件著作权、专利及文章等材料

帮助

常见问题 (FAQ)

汇交数据类型

* 请选出本项目提交自产数据类型 (可多选)

✓ 组学原始测序下机数据 + 全基因组组装数据 + 基因组变异数据 + 基因组二级分析数据 + 芯片数据

✓ 接收的数据类别

- **自产**多组学原始及其分析后数据，包括基因组、蛋白组、代谢组（包括脂质组）等
- 脑科学领域核磁共振成像数据、电生理等数据
- **自主研发**的软件工具或数据库系统
- 其它的结果性、有共享价值的科学数据

✗ 不接收的数据类别

- 整合的**公共数据**
- **商用**软件工具
- 实验的原始“**一手**”**实验记录**，电泳图、胶图等
- 说明文档、实验说明书、软件著作权、专利、文章等文件

制定&修改汇交计划

- 第二步 组织课题层共同制定计划：**请项目层组织课题层制定并最终形成一份项目汇交计划。更多帮助，如填写示例，详见[《国家基因组科学数据中心数据汇交指南》](#)

用于辅助审核人员了解您项目涉及的数据类别

The screenshot displays the 'Data Submission Plan' (汇交计划) interface. It is divided into two main sections: 'Data Submission Plan File' (汇交计划文件) on the left and 'Data Submission Type' (汇交数据类型) on the right.

Data Submission Plan File (Left):

- 汇交计划文件**
请下载科学数据汇交计划提交模板文件《汇交计划通用模板》
更多帮助，如填写示例，请查看《国家基因组科学数据中心数据汇交指南》
- 汇交计划 (word版)**
请选择word版汇交计划，并单击上传按钮，上传已选择的附件材料 (非必填)
- 附件材料 (非必填)**
您可以上传项目任务书作为数据汇交计划的辅助材料 (非必须提供)
请单击此处选择文件后，点击右侧按钮上传

Data Submission Type (Right):

汇交数据类型
* 请选出本项目提交自产数据类型 (可多选)

Available data types (selected types are highlighted with a checkmark):

- 组学原始测序下机数据 (checked)
- 全基因组组装数据
- 基因组变异数据
- 基因组二级分析数据
- 芯片数据
- 代谢组数据
- 蛋白高通量测序数据
- 蛋白结构数据
- 核磁共振成像数据
- 软件工具
- 数据库系统
- 其他数据

Buttons at the bottom: 保存 (Save), 下一步 (Next Step), 返回上一步 (Return to Previous Step).

制定&修改汇交计划

- **第二步 组织课题层共同制定计划：**请项目层组织课题层制定并最终形成一份项目汇交计划。更多帮助，如填写示例，详见[《国家基因组科学数据中心数据汇交指南》](#)

 汇交计划文件

请下载科学数据汇交计划提交模板文件《汇交计划通用模板》，完成填写并检查无误后上传（仅接收word版）
更多帮助，如填写示例，请查看《国家基因组科学数据中心数据汇交指南》

* 汇交计划（word版）

上传

 请选择word版汇交计划，并单击“上传”按钮，上传已选择的文件

 附件材料（非必填）

您可以上传项目任务书作为数据汇交计划的辅助材料（非必须）
请单击此处选择文件后，点击右侧按钮上传

保存

下一步

返回上一步

 汇交计划文件

请下载科学数据汇交计划提交模板文件《汇交计划通用模板》，完成填写并检查无误后上传（仅接收word版）
更多帮助，如填写示例，请查看《国家基因组科学数据中心数据汇交指南》

* 汇交计划（word版）

上传

 请选择word版汇交计划，并单击“上传”按钮，上传已选择的文件

制定&修改汇交计划

- 第三步 在线签订汇交协议：**请项目层务必仔细阅读汇交协议，同意并遵守所有条款。此外，请正确填写汇交计划盖中心章文件的邮寄信息。

1 基本信息

2 汇交计划制定

3 汇交协议签署

4 信息预览

5 提交完成

SDAS000322:

NGDC数据汇交协议

1. 承诺本项目所有数据自愿纳入国家基因组科学数据中心（下文简称“中心”）平台管理，遵循中心对汇交的科学数据进行分类、分级存储和管理的各项规范，不会擅自修改和删除汇交的科学数据；

2. 承诺本项目遵守中心相关技术标准规范，保障汇交的数据真实、准确、完整、有效，无学术不端和学术失范行为，并承担因数据不真实等问题带来的一切后果和法律责任；

3. 承诺本项目汇交数据遵循国际知识产权法（著作权法）和中国著作权法的有关规定，不存在对汇交的科学数据不具自主知识产权或有剽窃行为；

4. 承诺组织项目课题承担单位完成数据汇交，确保后续汇交工作的顺利展开与完成。

☒ 我已经阅读了上述汇交计划生成免责声明，同意并遵守以上所有条款

邮寄地址

盖章版汇交计划将会按此地址邮寄，请确保真实有效

* 收件人姓名

请填写收件人姓名

* 手机号码

请填写收件人手机号码

* 收件地址

例：北京市朝阳区北辰西路1号院104号楼

请填写收件地址

备注

如希望自取，请注明

保存并提交

返回上一步

NGDC数据汇交协议

1. 承诺本项目所有数据自愿纳入国家基因组科学数据中心（下文简称“中心”）平台管理，遵循中心对汇交的科学数据进行分类、分级存储和管理的各项规范，不会擅自修改和删除汇交的科学数据；

2. 承诺本项目遵守中心相关技术标准规范，保障汇交的数据真实、准确、完整、有效，无学术不端和学术失范行为，并承担因数据不真实等问题带来的一切后果和法律责任；

3. 承诺本项目汇交数据遵循国际知识产权法（著作权法）和中国著作权法的有关规定，不存在对汇交的科学数据不具自主知识产权或有剽窃行为；

4. 承诺组织项目课题承担单位完成数据汇交，确保后续汇交工作的顺利展开与完成。

☒ 我已经阅读了上述汇交计划生成免责声明，同意并遵守以上所有条款

制定&修改汇交计划

- 第三步 在线签订汇交协议：**请项目层务必仔细阅读汇交协议，同意并遵守所有条款。此外，请正确填写汇交计划盖中心章文件的邮寄信息。

1 基本信息

2 汇交计划制定

3 汇交协议签署

4 信息预览

5 提交完成

SDAS000322: 区域特异性神经干细胞的获取以及功能特性和应用的研究

NGDC数据汇交协议

1. 承诺本项目所有数据自愿纳入国家基因组科学数据中心（下文简称“中心”）平台管理，遵循中心对汇交的科学数据进行分类、分级存储。

2. 承诺本项目遵守中心相关技术标准规范，保障汇交的数据真实、准确、完整、有效，无学术不端和学术失范行为，并承担因数据不真实等。

3. 承诺本项目汇交数据遵循国际知识产权法（著作权法）和中国著作权法的有关规定，不存在对汇交的科学技术数据不具自主知识产权或有侵犯。

4. 承诺组织项目课题承担单位完成数据汇交，确保后续汇交工作的顺利开展与完成。

☒ 我已经阅读了上述汇交计划生成免责声明，同意并遵守以上所有条款

📍 邮寄地址

盖章版汇交计划将会按此地址邮寄，请确保真实有效

* 收件人姓名

请填写收件人姓名

* 手机号码

请填写收件人手机号码

* 收件地址

例：北京市朝阳区北辰西路1号院104号楼

请填写收件地址

备注

如希望自取，请注明

保存并提交 返回上一步

如果希望自取，需在备注中写明，
否则默认快递到付寄出。

📍 邮寄地址

盖章版汇交计划将会按此地址邮寄，请确保真实有效

* 收件人姓名

请填写收件人姓名

* 手机号码

请填写收件人手机号码

* 收件地址

例：北京市朝阳区北辰西路1号院104号楼

请填写收件地址

备注

如希望自取，请注明

制定&修改汇交计划

- **第四步 信息预览，完成提交：**请项目层务必认真核对后，再点击提交。管理员反馈审核意见前，您可随时修改。

1 基本信息 2 汇交计划制定 3 汇交协议签署 4 信息预览 5 提交完成

SDAS000270: 新冠病毒基因组序列的演化分析

项目基本信息

项目编号/申请号	项目名称
项目中期报告方向	项目类别
所属专业机构	所属专题
起始时间	结束时间
项目任务书	

项目承担单位全称

机构性质

课题承担单位名称

项目负责人信息

项目负责人姓名	职称/职务
项目负责人邮箱	联系电话

项目联系人信息

联系人姓名	职称/职务
联系人邮箱	联系电话

项目汇交计划

项目自产数据类型 全基因组数据

汇交计划

提交时间 2022-12-02 08:50:30

收件人

收件地址

备注

提交 返回上一步

1. 点击“提交”，完成填写，跳回列表界面
2. 点击“返回上一步”，进行修改

制定&修改汇交计划

- **第四步 信息预览，完成提交：**请项目层务必认真核对后，再点击提交。管理员反馈审核意见前，您可随时修改。

主页 / 个人中心

汇交计划制定

—— 点击【新建提交】开始在线递交汇交计划，具体流程详见【项目汇交计划制定】。提交后请耐心等待审核，审核反馈周期1-2个工作日。

在线查询&出具汇交证明

—— 计划审核通过并完成盖章双章版汇交计划上传后，即可开启数据归档情况在线查询和汇交证明申请出具功能，具体流程详见【项目汇交证明出具】。

[新建提交](#)

个人项目列表 (您有1信息未读) **收到系统反馈信息，请点击“信息反馈”进行查看**

系统编号: SDAS000322

项目编号: [REDACTED] 项目名称: [REDACTED] 项目负责人: [REDACTED]

1 制定&修改汇交计划 2 上传盖章双章版汇交计划 3 在线查询&出具证明

【状态说明】 汇交计划待审核：请等待系统审核（审核周期1-2工作日），管理员反馈审核意见前，可随时修改。

[信息反馈](#)

完成提交后，请等待管理员进行审核
（审核周期1-2工作日）

注意：管理员反馈审核意见前，您可随时修改。请尽量避免多次修改

显示状态和相关信息提示

查看审核意见和历史记录信息

信息反馈页面

主 页 / 提 交 / SDA000183

SDA000183: 项目1

联系管理员

联系我们

项目动态	
管理员 2022-05-19 11:17:35	【审核完毕】审核通过 反馈: 1)审核通过: 您上传的文件没有问题, 后续您可通过中心统一提交入口 (BIG-Sub: https://ngdc.cncb.ac.cn/gsub/) 完成各类型数据提交, 归档数据实时查询与汇交证明出具流程详见视频 "XXXXXX"。
用户 Zhang Sisi 2022-05-19 11:17:26	【SDA000183系统提交】null: 项目1 上传盖章版汇交计划
管理员 2022-05-19 11:16:54	【SDA000183上传汇交计划】null: 项目1 盖章版计划已寄出 备注: 汇交计划盖章页已使用顺丰寄出, 请您注意查收。
管理员 2022-05-19 11:16:35	【审核完毕】审核通过 反馈: 汇交计划审核通过, 我们将在1-2个工作日内为您寄出一式四份的纸质版盖章页; 项目承担单位都需寄送两份给对应专业机构的专项办公室, 以便专业机构审核归档, 具体寄送方式及细节请咨询对应专项; 当您完成项目负责人和项目承担单位盖章后, 请点击 "上传盖章版汇交计划" 完成盖章扫描件汇交计划 (PDF) 文件, 待盖章版计划审核通过后, 即可开启数据汇交情况实时查询和在线申请出具汇交证明。
用户 Zhang Sisi 2022-05-19 11:16:17	【SDA000183系统提交】null: 项目1 修改原因: null 修改汇交计划后重新提交
管理员 2022-05-11 10:11:01	【审核完毕】审核不通过 反馈: 附件: SDA系统使用指南.pdf

- 查看所有重要节点反馈信息和材料
- 通过邮件联系管理员

下载审核反馈附件

汇交计划审核情况反馈

- 如果审核未通过：请根据[信息反馈]中的建议进行修改
 - 点击[制定&修改汇交计划]进入浏览页面

个人项目列表 (您有1信息未读)

系统编号: SDAS000322

项目编号: [REDACTED] 项目名称: [REDACTED] 项目负责人: [REDACTED]

1 制定&修改汇交计划 2 上传盖章双章版汇交计划 3 在线查询&出具证明

【状态说明】 汇交计划审核未通过：请点击 [制定&修改汇交计划] 进行修改，建议详见 [信息反馈]

信息反馈

汇交计划审核情况反馈

- 点击[修改]进入汇交计划修改页面。此外，您可通过[更新项目信息]完成相关信息更新，包括更换联系人；

科技项目数据汇交服务系统

首页 / 个人中心 / SDA5000322

SDA5000322: [REDACTED]

项目基本信息

项目项目编号	[REDACTED]	项目名称	[REDACTED]
项目申报指南方向	[REDACTED]	项目类别	国家重点研发计划
所属专业机构	中国生物技术发展中心	所属专项	干细胞研究与临床转化
起始时间	2022-03-31	结束时间	2022-05-01

项目承担单位名称: 中国科学院北京基因组研究所 (国家生物信息中心)

机构性质: 科研院所/事业单位

课题承担单位名称: [REDACTED]

人员信息

项目负责人姓名	[REDACTED]	职称/职务	中/高/无
项目负责人邮箱	[REDACTED]	联系电话	[REDACTED]
联系人姓名	[REDACTED]	职称/职务	中/高/无
联系人邮箱	[REDACTED]	联系电话	[REDACTED]

项目汇交计划

项目自产数据类型: 组学原始测序下机数据

文件项目编号	文件名称	文件类型	状态	提交时间	操作
PLAN-322-1.docx	汇交计划模板.docx	初始计划	审核未通过	2022-04-11	修改 下载 邮寄地址

[返回列表界面](#)

完成提交后，请等待管理员进行审核

(审核周期1-2工作日)

注意：管理员反馈审核意见前，您可随时修改。请尽量避免多次修改

更新项目信息

修改项目基本信息

修改

下载

邮寄地址

修改汇交计划

汇交计划审核情况反馈

- **如果审核通过：**可通过**[信息反馈]**查阅报送专业机构须知。您仍可通过**[更新项目信息]**修改除“了”项目资助编号”之外的所有信息，包括更换联系人；

个人项目列表 (您有1信息未读)

系统编号: SDAS000322

项目编号: [REDACTED]

项目名称: [REDACTED]

项目负责人: [REDACTED]

1 完成&重新制定汇交计划

2 上传盖章双章版汇交计划

3 在线查询&出具证明

【状态说明】 汇交计划审核通过：汇交计划报送专业机构须知详见 **[信息反馈]**。如仍需调整，请点击 **[完成&重新制定汇交计划]** 在线提交申请

信息反馈

【状态说明】 汇交计划审核通过：汇交计划报送专业机构须知详见 **[信息反馈]**。如仍需调整，请点击 **[完成&重新制定汇交计划]** 在线提交申请

汇交计划盖中心章文件寄出

- 管理员完成汇交计划盖章后，会为您寄出汇交计划盖中心章文件，请注意查收。

个人项目列表 (您有1信息未读)

系统编号: SDAS000322

项目编号:

项目名称:

项目负责人:

1 完成&重新制定汇交计划

2 上传盖双章版汇交计划

3 在线查询&出具证明

【状态说明】汇交计划已寄出：完成盖章后，请点击 [\[上传盖双章版汇交计划\]](#)，上传完整版的盖双章汇交计划，更多资讯详见 [\[信息反馈\]](#)

信息反馈

【状态说明】汇交计划已寄出：完成盖章后，请点击 [\[上传盖双章版汇交计划\]](#)，上传完整版的盖双章汇交计划，更多资讯详见 [\[信息反馈\]](#)

汇交计划制定阶段**正式结束**，汇交计划将**无法再进行修改**

项目汇交计划盖章扫描件（双章）归档

- **双章版汇交计划扫描件上传：**当项目层的项目汇交计划完成所在单位盖章后，请点击“**上传盖双章版汇交计划**”完成文件上传。

个人项目列表 (您有1信息未读)

系统编号: SDAS000322

项目编号: [REDACTED] 项目名称: [REDACTED] 项目负责人: [REDACTED]

1 完成&重新制定汇交计划 **2 上传盖双章版汇交计划** 3 在线查询&出具证明

【状态说明】 汇交计划已寄出：完成盖章后，请点击 **[上传盖双章版汇交计划]**，上传完整版的盖双章汇交计划，更多资讯详见 **[信息反馈]**

 信息反馈

项目汇交计划盖章扫描件（双章）归档

- **双章版汇交计划扫描件上传：**当项目层的项目汇交计划完成所在单位盖章后，请点击“**上传盖双章版汇交计划**”完成文件上传。

主页 / SDAS000322 / 汇交计划上传

SDAS000322: 区域特异性神经干细胞的获取以及功能特性和应用的研究

注意事项

- 项目承担单位部需寄送两份给对应专业机构，以便专业机构审核归档，具体寄送方式及细节请咨询对应专业机构
- 盖双章版汇交计划必须提交完整版，已方便您或是专业机构进行在线浏览

双章版汇交计划上传

将“盖中心章版汇交计划”，按专业机构要求完成项目负责人签字和项目承担单位盖章等流程，再将材料完整扫描版上传至系统归档

* 请上传最终版盖双方章的完整版汇交计划（仅接收pdf版）

请单击此处选择文件后，点击右侧按钮上传

上传

提交

双章版计划审核情况反馈

- 如果审核未通过：请根据[信息反馈]中的建议，点击[完成/重新制定汇交计划]或[查看/修改盖双章汇交计划]任一按键进入浏览页面，点击“修改”进行完善。

个人项目列表 (您有2信息未读)

系统编号: SDA000322

项目编号: [REDACTED] 项目名称: [REDACTED] 项目负责人: [REDACTED]

1 完成&重新制定汇交计划 2 查看/修改盖双章版汇交计划 3 在线查询&出具证明

【状态说明】双章版计划审核未通过：请点击 [查看/修改盖双章版汇交计划] 进行修改，建议详见 [信息反馈]

项目汇交计划

项目自产数据类型 组学原始测序下机数据;

文件系统编号	文件名称	文件类型	状态	提交时间	操作
PLAN-322-2.docx	项目汇交计划.docx	初版计划	审核通过	2022-04-11	下载 邮寄地址 申请撤回计划
PDOC-322-1.pdf	项目汇交计划-盖双章版.pdf	双章版计划	审核未通过	2022-04-11	修改 下载

完成提交后，请等待管理员进行审核
(审核周期1-2工作日)

注意：管理员反馈审核意见前，您可随时修改。请尽量避免多次修改

双章版计划审核情况反馈

- **如果审核通过：**项目汇交计划的双方公章电子扫描件已归档，建议项目层在执行期内，督促数据递交方及时通过[数据提交入口 \(BIG-Sub\)](#) 进行科学数据提交。
- 盖章扫描件归档同时，为项目层**开启的实时查询数据提交情况功能**，请点击**[在线查询&出具证明]** 实时查询和监督数据归档情况，以及申请出具证明。

个人项目列表 (您有2信息未读)

系统编号: SDAS000322

项目编号: [REDACTED] 项目名称: [REDACTED] 项目负责人: [REDACTED]

1 完成&重新制定汇交计划 2 完成盖双章版计划上传 **3 在线查询&出具证明**

【状态说明】您可通过 **[在线查询&出具证明]** 实时查询数据归档情况及申请出具证明；数据递交，请前往数据提交入口 (BIG-Sub)，更多资讯详见 **[信息反馈]**

 信息反馈

培训内容

1

数据汇交政策背景

2

数据汇交计划制定

3

科学数据提交流程

4

进度查询与凭证出具

科学数据提交须知



数据提交入口BIG Sub

<https://bigd.big.ac.cn/gsub>

关于账号:

- **建议谁的数据谁提交, 即数据拥有者注册提交,**方便各数据库反馈数据集处理进度和情况
- **对于GSA-Human数据库, 一定要具备高级职称人员或使用此类人员邮箱进行账号注册**

科学数据提交须知



数据提交入口BIG Sub

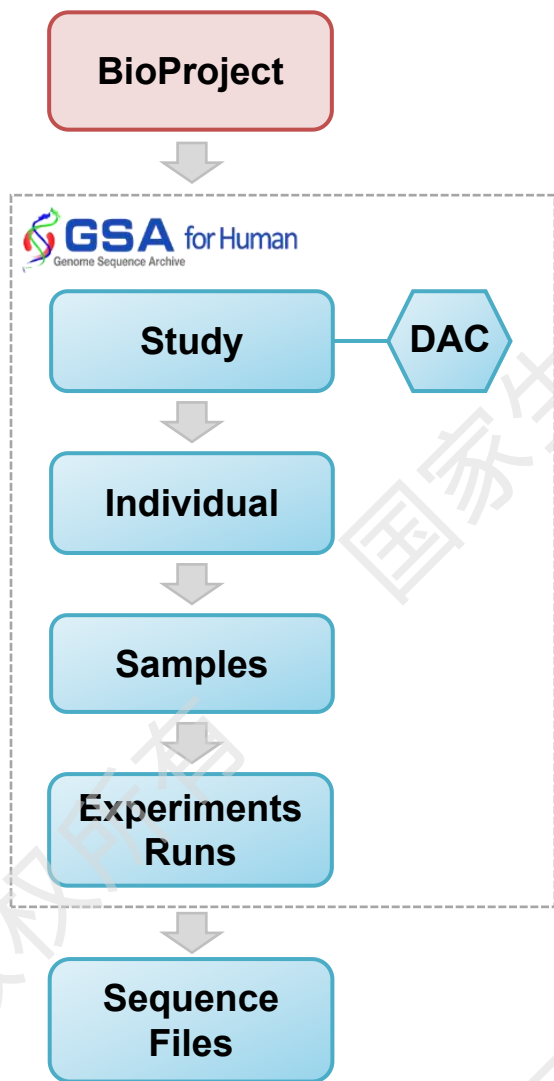
<https://bigd.big.ac.cn/gsub>



关于deadline：

- **专业机构的官方规定**，项目应在执行期结束后三个月内完成数据提交并通过科技部系统完成汇交凭证上传
- **请不要等到结题再突击提交数据**，建议**随产生随提交**
- 中心各数据库都可以支撑文章发表，可以**发文章前提交数据**，**将编号写在文章中**，既发文章又完成任务一举两得

GSA-Human数据提交—BioProject创建





国家生物信息中心
China National Center for Bioinformation



GSA for Human
Genome Sequence Archive

GSA for Human

find a GSA-Human accession

Q

e.g., HRA000087, HRA000150

Home

Submit

Browse

Search

DAC

Statistics

Support

Request

Data Manager

Welcome, Zhang

GSA-Human数据提交

GSA-Human是一个专用于生物医学研究相关的人类遗传资源信息归档库。在开始创建GSA-human数据前，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。

- GSA-Human的数据提交者须满足下列条件之一：
 - 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

如果您不属于以上人员，请邀请或使用满足条件的人员信息注册账号，并进行数据提交。

- 关于个人主页/通讯作者文章链接信息，建议提供包含身份、姓名等信息的单位个人主页，或提供一篇近年来作为通讯作者的文章的链接，如PubMed文章链接。

如果您需要修改您的个人主页/通讯作者文章链接信息，[请点击此链接修改](#)。

GSA-Human系统数据递交页面，建议您可以先完成BioProject创建

帮助文档

人类遗传资源组学原始数据归档库使用说明，包括元数据信息提交，元数据修改，数据文件上传和生成分享链接等过程的详细操作描述。[CHN](#)

人类遗传资源信息备案流程。[CHN](#)

国家基因组科学数据中心人类遗传资源数据共享政策。[LINK](#)

如果您在使用系统过程中遇到任何问题，请通过 gsa@big.ac.cn 邮箱联系我们。

如果您需要上传超过30TB的数据，请先联系我们，邮件gsa@big.ac.cn。

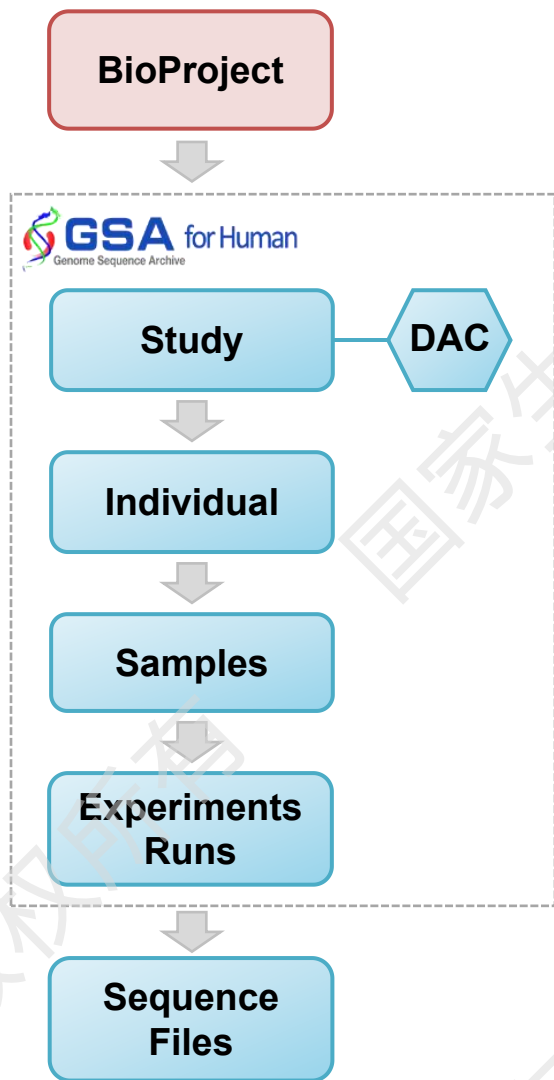
新建GSA-human

GSA-Human使用说明

编号	标题	提交编号	发布日期	研究类型	提交状态	访问类型 (申请次数)	操作

47

BioProject的提交者信息



Home Documentation Data Manager Log Manager Welcome, Zhang

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)。

重要提示: 如已完成BioProject的提交, 请点击下列数据库链接继续提交:

- GSA (组学原始测序数据) 帮助
- GSA-Human (人类组学原始测序数据) 帮助
- GWH (基因组组装序列和注释信息) 帮助
- GVM (基因组变异数据) 帮助
- OMIX (分析后数据、代谢组、蛋白组、芯片数据等) 帮助

BioProject Quick Start Guide BioProject使用说明

新建BioProject

项目编号	提交编号	项目标题	发布日期	提交状态	操作
------	------	------	------	------	----

BIG Sub / BioProject / New BioProject

01 提交者信息 02 基本信息 03 项目类型 04 出版信息 05 概览 & 提交

提交者信息

* 名 中间名 姓氏

自动带入注册人信息 middle name 自动带入注册人信息

* 邮箱 备用邮箱

自动带入注册人信息 secondary email

* 单位 单位网址 部门

Beijing Institute of Genomics (BIG) http://www.big.ac.cn BIG Data Center

手机 传真

* 街道 城市 州/省

Beichen West Road Beijing

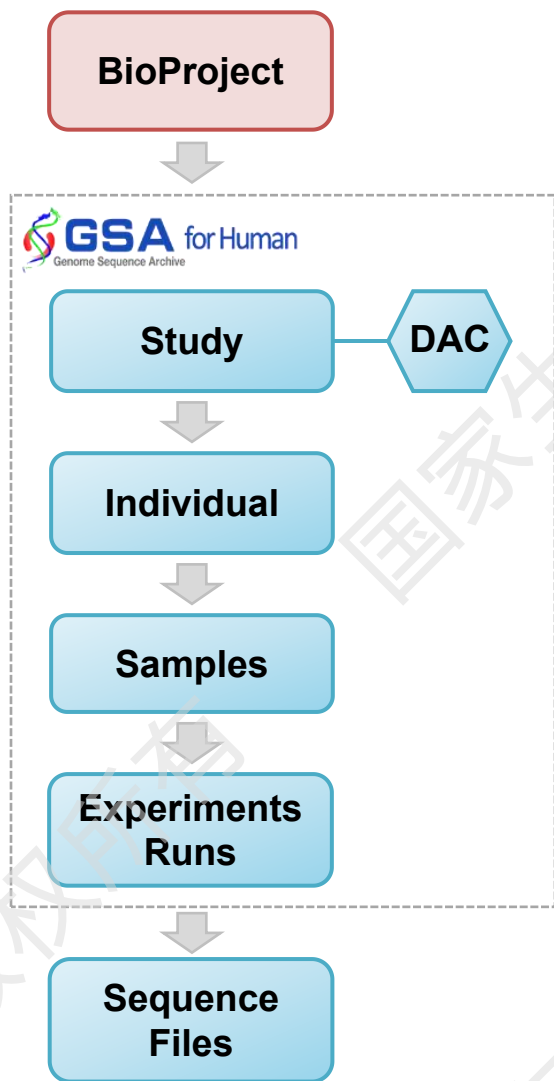
* 邮编 国家/地区

100101 China

保存并进入下一项

系统自动带入注册人信息, 也可改为其他人的信息, 更多帮助详见: [BioProject使用说明](#)

BioProject的基本信息



BIG Sub / BioProject / New BioProject

01 提交者信息 02 基本信息 03 项目类型 04 出版信息 05 审核 & 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

2024-09-23
(yyyy-mm-dd)

先导项目

项目

* 项目标题 * 涉及领域

* 项目说明

项目资金来源

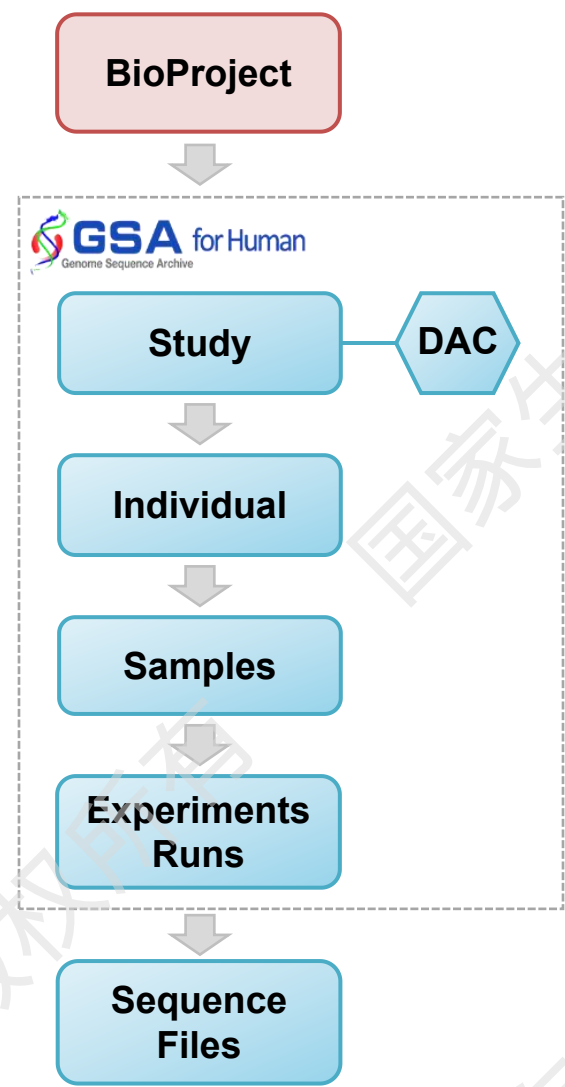
* 机构 项目类别 * 项目批准号 项目名称

+ Add another grant 支持添加多个资助编号

数据集发布时间:

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

BioProject的基本信息



BIG Sub / BioProject / New BioProject

01 提交者信息 02 基本信息 03 项目类型 04 出版信息 05 审核 & 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

2024-09-23
(yyyy-mm-dd)

先导项目

—

项目

* 项目标题

* 涉及领域

* 项目说明

项目资金来源

* 机构

项目类别

* 项目批准号

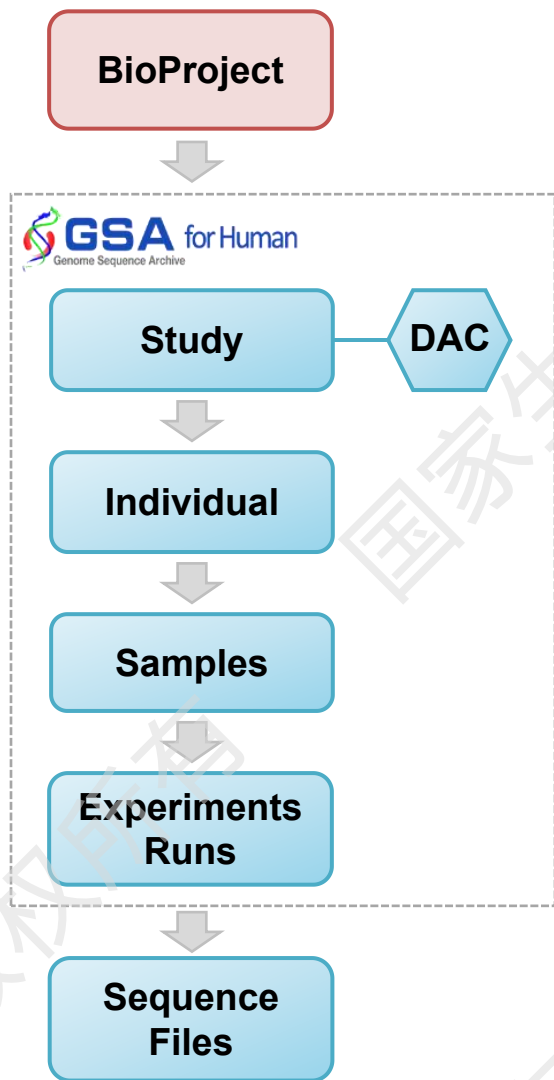
项目名称

+ Add another grant

支持添加多个资助编号

机构（下拉菜单）	
Ministry of Science and Technology of the People's Republic of China (MOST)	科技部项目
National Natural Science Foundation of China (NSFC)	基金委项目
Chinese Academy of Sciences (CAS)	中科院项目
Others	其他项目
No funding support	无资助

BioProject的类型信息



BIG Sub / BioProject / New BioProject

01 提交者信息 02 基本信息 03 项目类型 04 出版信息 05 预览 & 提交

项目类型

* 项目数据类型

- ☐ Whole genome sequencing
- ☐ Clone ends
- ☐ Epigenomics
- ☐ Exome
- ☐ Map
- ☐ Metagenome
- ☐ Phenotype or Genotype
- ☐ Random survey
- ☐ Targeted Locus (Loc)
- ☐ Transcriptome or Gene expression
- ☐ Variation
- ☐ Genome sequencing and assembly
- ☐ Raw sequence reads
- ☐ Genome sequencing
- ☐ Assembly
- ☐ Metagenomic assembly
- ☐ Targeted loci cultured
- ☐ Targeted loci environmental
- ☐ Single cell sequencing
- ☐ Other

* 样本范围

Monoisolate

样本范围选择提示

Monoisolate: 单个动物、培养细胞系、近交群体（或可能是从集合样本中产生单个基因型群体），注意此项适用范围较窄，不为优选项，请谨慎选择。

Multisolate: 同一物种的多基因型的个体样本集；

Multi-species: 多物种样本集；

Environment: 环境样本集，多用于宏基因组研究；

Synthetic: 在实验室里制造/合成的样本集；

Single cell: 单个细胞测序样本集；

Other: 其他样本集/无法归入以上类别的特殊样本集。

保存并进入下一项

按需求填写项目数据类型信息，如果可选项里没有，可点击“other”自助填写

填写建议：

疾病研究： Multisolate，同一物种的多基因型的个体样本集

队列研究： Multisolate，同一物种的多基因型的个体样本集

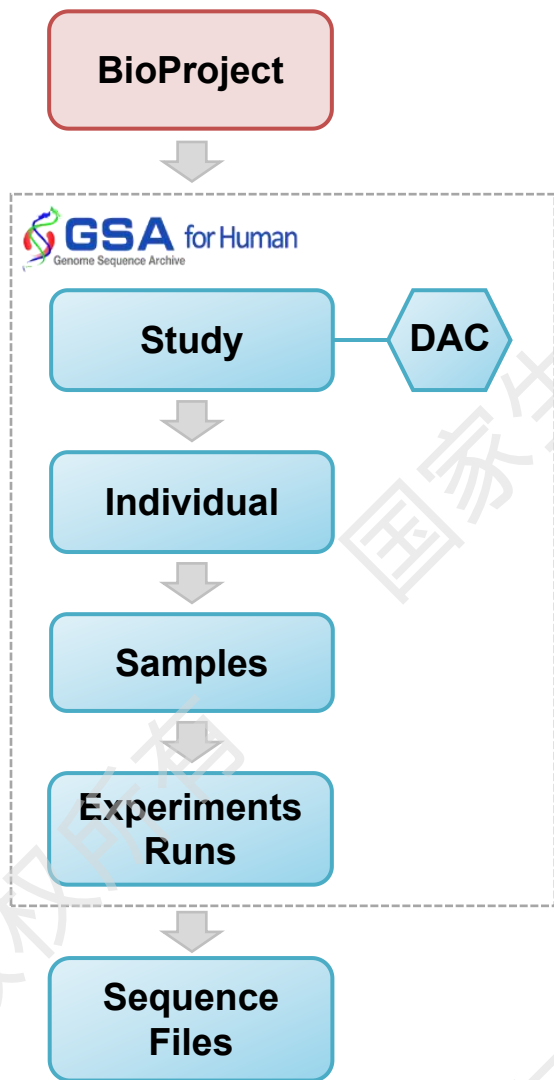
细胞系相关研究： Monoisolate：单个动物、培养细胞系、近交群体

临床病原体研究： Multisolate，同一物种的多基因型的个体样本集

人体相关宏基因组研究： Environment，多用于宏基因组研究

涉及单细胞的研究： Single cell，单个细胞测序样本集

BioProject的相关出版信息



BIG Sub / BioProject / New BioProject

01 提交者信息 02 基本信息 03 项目类型 **04 出版信息** 05 概览 & 提交

出版信息

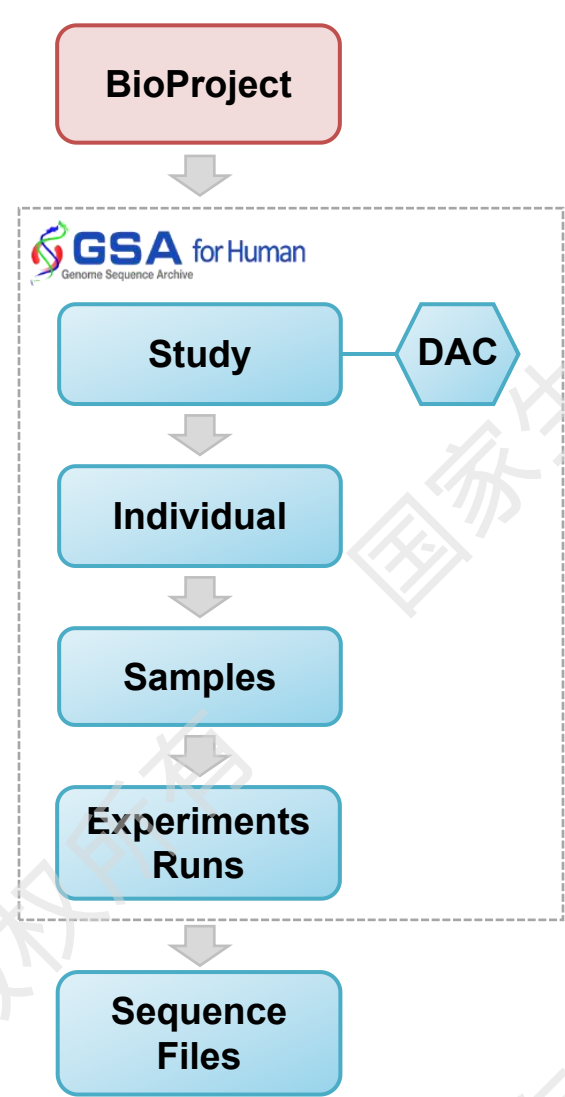
非必填项，没有出版信息点击“保存进入下一项”

PubMed ID OR DOI

[+ Add another publication](#)

[保存并进入下一项](#)

BioProject的概览&提交



BIG Sub / BioProject / New BioProject

01 提交者信息 02 基本信息 03 项目类型 04 出版信息 05 概览 & 提交

概况信息

提交者信息

提交者			
单位	Beijing Institute of Genomics (BIG)		
部门	BIG Data Center		
国家/地区	China		
地址	Beichen West Road Beijing		
邮编	100101		

基本信息

项目标题	A phase I, multicenter study to assess			
涉及领域	Medical			
项目说明	By ate non-minor mutations in EGFR or HER2 DZD9008 was determined by oraladministration in patients with lung cancer Safety and tolerability			
发布日期	2024-08-02			
项目资金来源	机构	项目类别	项目批准号	项目名称
	Ministry of Science and Technology of the People's Republic of China (MOST)		2017YFA0504100	

项目类型

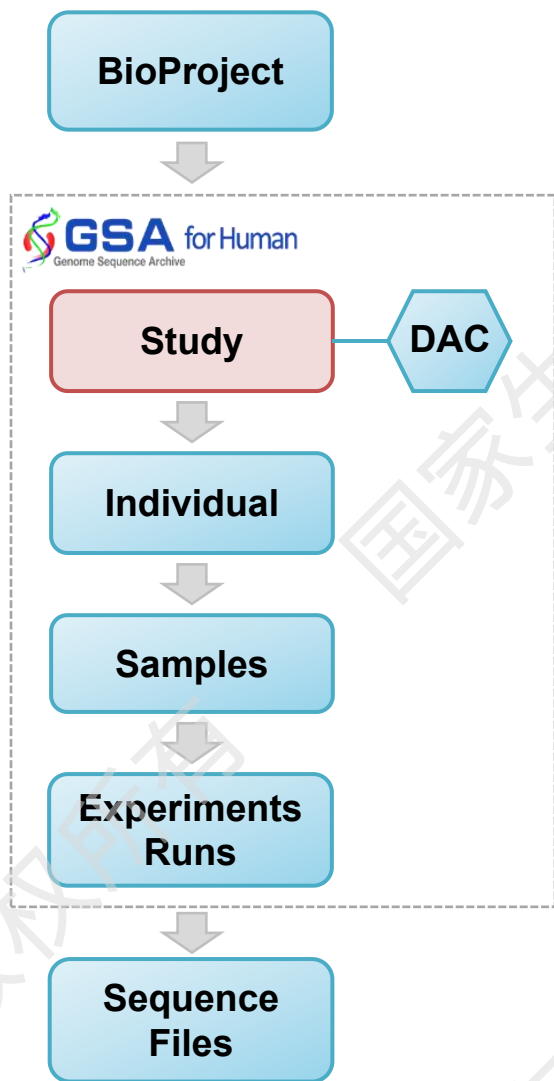
项目数据类型	Variation
样本范围	Monoisolate

出版信息

提交

请务必点击“提交”，提交后无需等待审核，可以继续完成后续信息提交

GSA-Human研究信息 (Study)





国家生物信息中心
China National Center for Bioinformation

GSA for Human

Genome Sequence Archive

GSA for Human

find a GSA-Human accession

Q

e.g., HRA000087, HRA000150

Home

Submit

Browse

Search

DAC

Statistics

Support

Request

Data Manager

Welcome, Zhang

GSA-Human数据提交

GSA-Human是一个专用于生物医学研究相关的人类遗传资源信息归档库。在开始创建GSA-human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。

- GSA-Human的数据提交者须满足下列条件之一：
 - 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

如果您不属于以上人员，请[邀请或使用满足条件的人员信息注册账号](#)，并进行数据提交。

- 关于[个人主页/通讯作者文章链接信息](#)，建议提供包含身份、姓名等信息的单位个人主页，或提供一篇近年来作为通讯作者的文章的链接，如PubMed文章链接。

如果您需要修改您的个人主页/通讯作者文章链接信息，请[点击此链接修改](#)。

帮助文档

人类遗传资源组学原始数据归档库使用说明，包括元数据信息提交，元数据修改，数据文件上传和生成分享链接等过程的详细操作描述。 [CHN](#)

人类遗传资源信息备案流程。 [CHN](#)

国家基因组科学数据中心人类遗传资源数据共享政策。 [LINK](#)

如果您在使用系统过程中遇到任何问题，请通过 gsa@big.ac.cn 邮箱联系我们。

如果您需要上传超过30TB的数据，请先联系我们，邮件gsa@big.ac.cn。

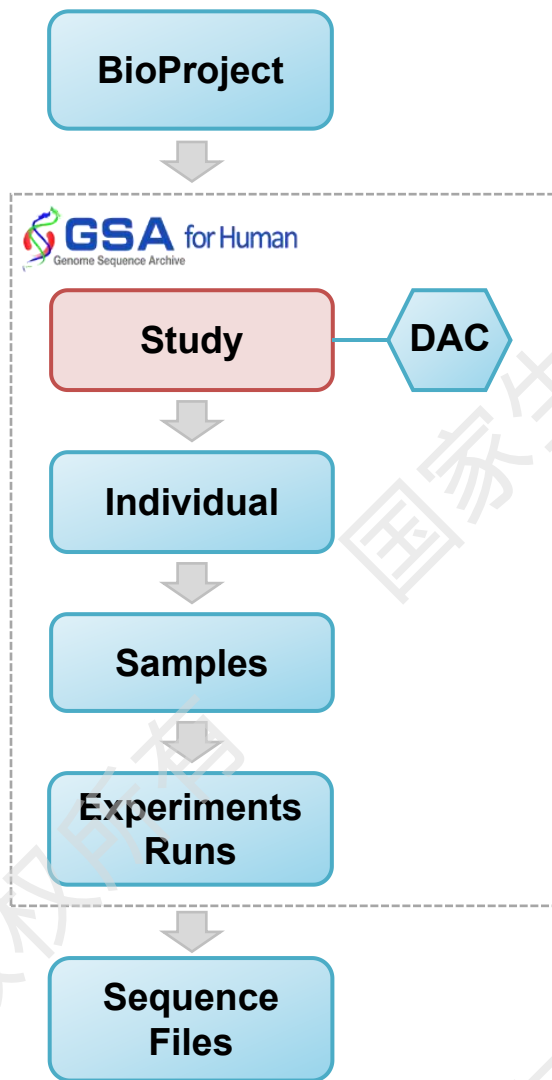
新建GSA-human

BioProject创建完后，回到GSA-Human填写数据集的相关信息

GSA-Human使用说明

编号	提交状态	访问类型 (申请次数)	操作
----	------	----------------	----

GSA-Human的提交者信息



BIG Sub / GSA-Human / New Submission

New Submission

Submitter Study Information Metadata Files Overview & Submit

Submitter Information

Do you want to assign another person as Contact Person?

☒ I want to provide new contact information ☐ No, I am the contact person

Both the Submitter and the Contact Person, if you filled, will receive the e-mail from GSA-Human database.

Alternative Contact Information

* First Name gsatest2 ✓	Middle Name middle name ✓	* Last Name GSA ✓
* Email gsatest2@big.ac.cn ✓		
* Institute/Organization NCBC ✓	* Department NGDC ✓	
* Street No.1 Beichen West Road,Chao ✓	* City beijing ✓	State/Province
* Postal Code 100101 ✓	* Country/Region China	

Principle for the Access of Human Genetic Resource Data in NGDC

The GSA-Human Database of NGDC is designated for the collective management and access of human genetic resource information. There are two modes of data access in GSA-Human, namely Open Access and Controlled Access. The Open-Access data can be downloaded and used directly, while the Controlled-Access data can only be acquired after applying to the original data submitter and getting authorized.

* Rights of data submitter

- The data submitter has the right to restrict the specific usage of the submitted raw sequencing data and related metadata of China's human genetic resources acquired in accordance with ethics.
- The data submitter can set the time of dataset access and release, even if the related research result has been published or the intellectual property has been obtained. The detailed release conditions should be decided with consensus of the data administration committee (DAC) of the data submitter.
- The data submitter and the DAC have the right to Agree or Disagree for the applicants of the data access and usage.

* Responsibilities of data submitter

- The data submitter is the person responsible for the dataset submitted, which should be the group leader. Before submitting to GSA-Human, the following conditions must be

☒ I have read and accepted the items above.

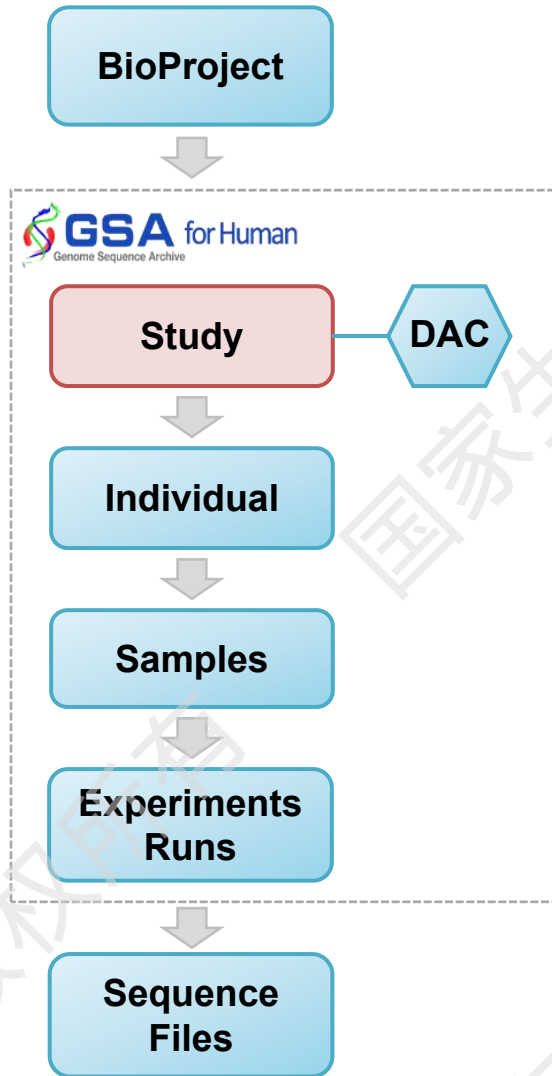
Save and forward

系统默认提交者是本次登录的用户

可以添加额外的提交联系人，用于接收提示邮件，方便处理数据集问题

提交数据前，请先阅读并接受我们的数据管理规则

GSA-Human的基本信息



BIG Sub / GSA-Human / Submission: subHRA004464

Submission ID: subHRA004464

Submitter Study Information Data Access Committee Metadata Files Overview & Submit

Release date

☐ Release immediately following curation

☒ Release on specified date

2024-09-22
(yyyy-mm-dd)

Basic Information

Study title

Description

Study Type

☒ Disease study ☐ Cohort study ☐ Cell line related study ☐ Clinical pathogen ☐ Human metagenome ☐ Ancients or Fossils ☐ Other study

Disease Name

The name of disease should be chosen from Human Disease Ontology

Is your study a longitudinal study?

☒ No ☐ Yes

BioProject Information

Please select Bioproject number

OR Go to create Bioproject

Data Accessibility

Data release policy

☐ Open-access Data ☒ Controlled-access Data

To access controlled data, users must get your permission through the GSA for Human database

Data sharing limitation, permitting user to do:

☐ General purpose use ☐ Non-profitable use ☐ Commercial activity

Whether or not the confirmation of the data user's institution is required when requesting for this data?

☒ NO ☐ YES

I have read and accepted the DATA ACCESS AGREEMENT

Accessions in the Ministry of Science and Technology

Registration number:

Backup number:

The registration number and backup number can only be obtained through the human genetic resource management department of the Ministry of science and technology

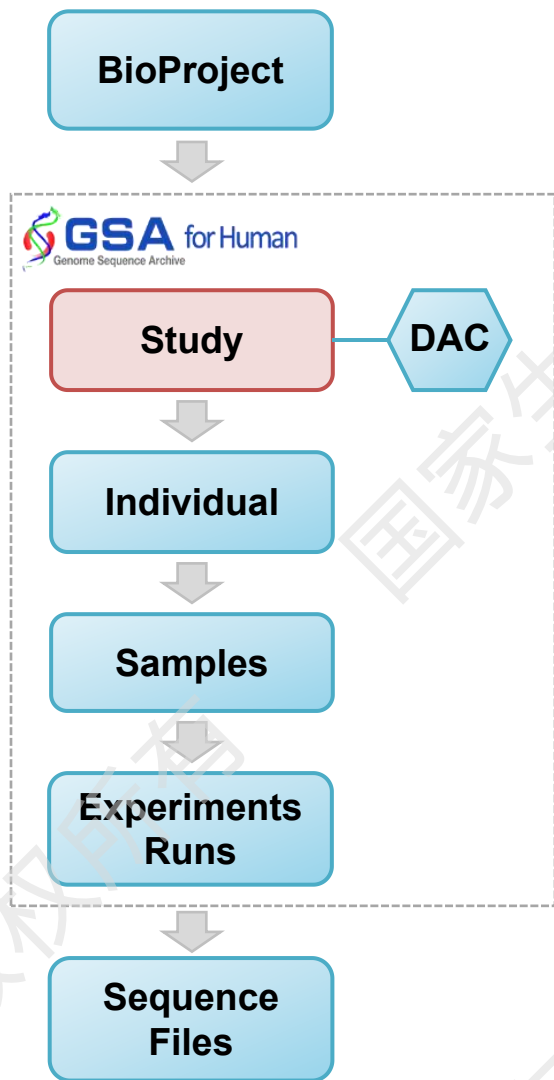
Save and forward

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：选填已有BioProject，或者先跳转至BioProject新建

GSA-Human的基本信息



BIG Sub / GSA-Human / Submission: subHRA004464

Submission ID: subHRA004464

Submitter Study Information Data Access Committee Metadata Files Overview & Submit

Release date

☐ Release immediately following curation

☒ Release on specified date

2024-09-22
(yyyy-mm-dd)

Basic Information

* Study title

* Description

* Study Type

☒ Disease study ☐ Cohort study ☐ Cell line related study ☐ Clinical pathogen ☐ Human metagenome

* Disease Name

The name of disease should be chosen from Human Disease Ontology

* Is your study a longitudinal study?

☒ No ☐ Yes

BioProject Information

* Please select Bioproject number

OR Go to create Bioproject

Data Accessibility

* Data release policy

☐ Open-access Data ☒ Controlled-access Data

To access controlled data, users must get your permission through the GSA for Human database

* Data sharing limitation, permitting user to do:

☐ General purpose use ☐ Non-profitable use ☐ Commercial activity

* Whether or not the confirmation of the data user's institution is required when requesting for this data?

☒ NO ☐ YES

☐ I have read and accepted the [DATA ACCESS AGREEMENT](#)

Accessions in the Ministry of Science and Technology

Registration number:

Backup number:

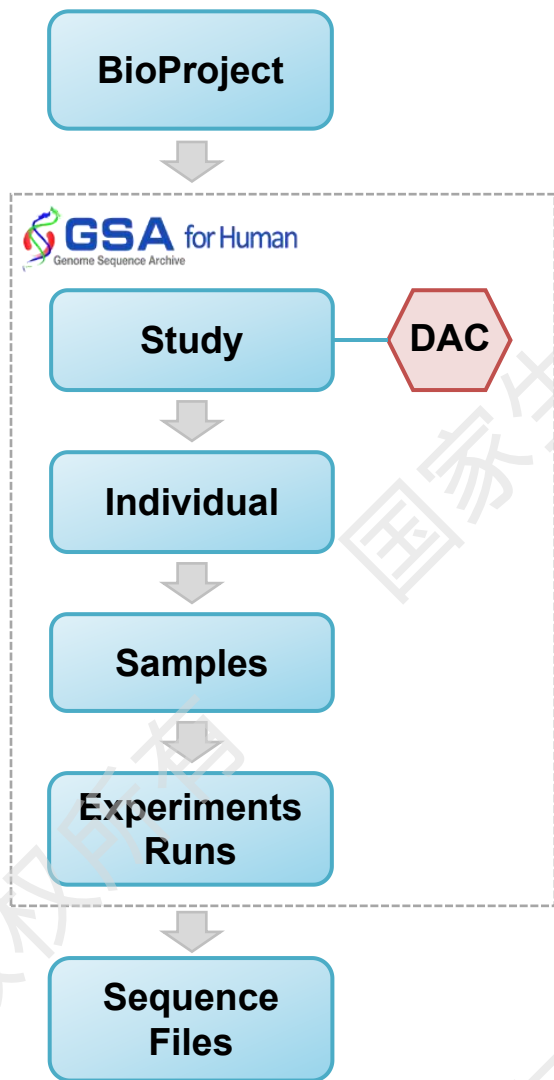
The registration number and backup number can only be obtained through the human genetic resource management department of the Ministry of science and technology

Save and forward

数据访问方式

- 选择数据访问方式，受控访问或开放访问
- 选择如果数据为受控访问时，是否需要数据申请者在**数据访问协议 (DAA)** 文件上加盖单位签章

GSA-Human研究的数据管理委员会 (DAC) 信息



BIG Sub / GSA-Human / Submission: subHRA000497

Submission ID: subHRA000497

Submitter > Study Information > **Data Access Committee** > Metadata > Files > Overview & Submit

Data Access Committee (DAC) is a body of one or more named individuals who are responsible for data release to external requestors based on consent and/or National Research Ethics terms.

1. A DAC is typically formed from the same or multiple organizations that collected the samples and generated any associated analyses.

2. Multiple datasets may be affiliated to a single DAC.

DAC Information

Did you already register a DAC for this study?

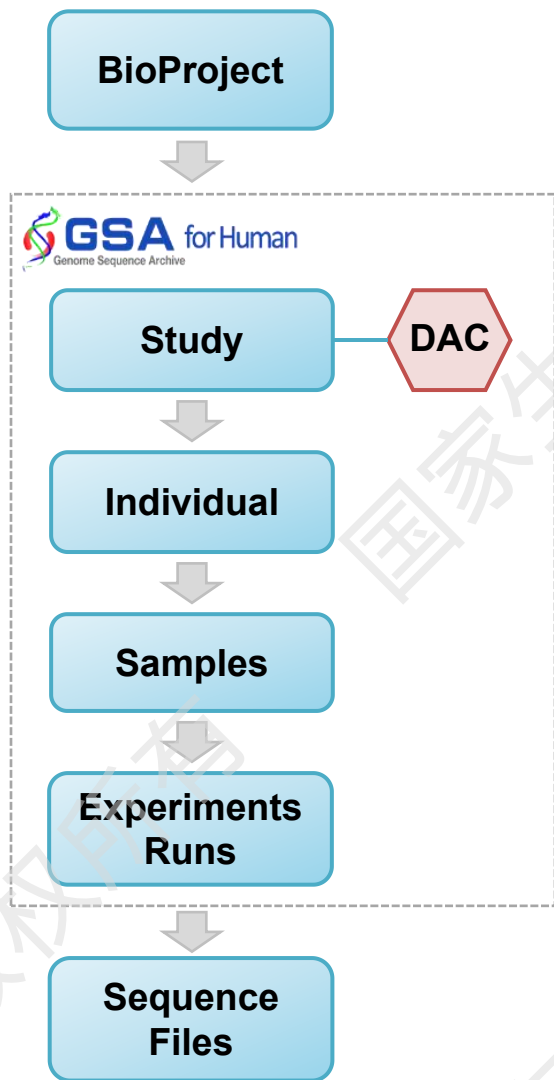
☐ No ☐ Yes

Data Access Committee

DAC accession	DAC name	DAC Members	Email	Organization	Department	Is Contact Person	Contact Phone
HDAC000185				Beijing Institute of Genomics (BIG)	BIG Data Center	Yes	

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**，负责审批数据访问申请

GSA-Human研究的数据管理委员会 (DAC) 信息



BIG Sub / GSA-Human / Submission: subHRA000497

Submission ID: subHRA000497

Submitter > Study Information > Data Access Committee > Metadata > Files > Overview & Submit

Data Access Committee (DAC) is a body of one or more named individuals who are responsible for data release to external requestors based on consent and/or National Research Ethics terms.

1. A DAC is typically formed from the same or multiple organizations that collected the samples and generated any associated analyses.

2. Multiple datasets may be affiliated to a single DAC.

DAC Information

* Did you already register a DAC for this study?
☒ No ☐ Yes

Data Access Committee

DAC accession	DAC name	DAC Members
HDAC000185		

DAC Information

* Did you already register a DAC for this study?
☒ No ☐ Yes

* DAC name
GSA_TEST_20200910 ✓

* Description
GSA_TEST_20200910 ✓

DAC Members

* Email	* First Name	* Last Name	* Organization	Department	Contact
gsatest1@big.ac.cn	GSA	BIGD	Beijing Institute of	BIGD	☒
					☐

+Add DAC members

☒ **Contact Person (Selected)**

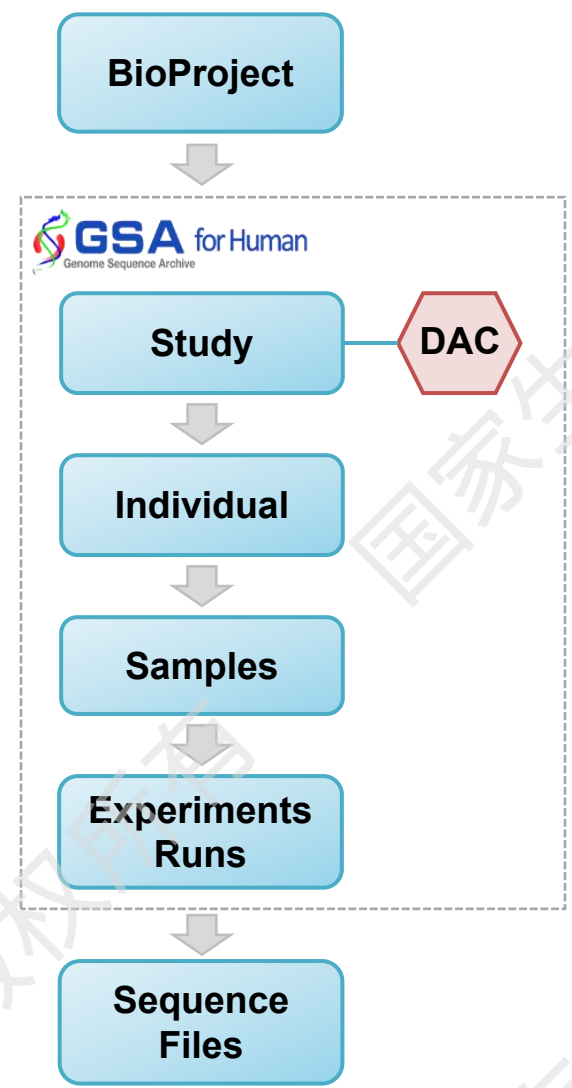
* Please follow the guidances to complete the required information.
ONLY ONE member can be selected as the **contact person** to receive data access requests.
Please choose carefully and complete the contact phone number.

* First Name : GSA * Email : gsatest1@big.ac.cn * Phone Number : 010-88888888 ✓

Save and forward

如果没有可用的数据管理委员会 (DAC) ,
选择 “No” 创建新DAC ,

GSA-Human研究的数据管理委员会 (DAC) 信息



BIG Sub / GSA-Human / Submission: subHRA000497

Submission ID: subHRA000497

Submitter > Study Information > **Data Access Committee** > Metadata > Files > Overview & Submit

Data Access Committee (DAC) is a body of one or more named individuals who are responsible for data release to external requestors based on consent and/or National Research Ethics terms.

1. A DAC is typically formed from the same or multiple organizations that collected the samples and generated any associated analyses.

2. Multiple datasets may be affiliated to a single DAC.

DAC Information

* Did you already register a DAC for this study?

☐ No ☒ Yes

Data Access Committee

DAC accession	DAC name
HDAC000185	

DAC Information

* Did you already register a DAC for this study?

☐ No ☒ Yes

DAC accession	DAC name	Description	Contact Person	Organization	Operation
HDAC000162	TEST	TEST	gsatest1@big.ac.cn	Beijing Institute of Genomics, Chinese Academy of Sciences	Use it
HDAC000225	DAC_TEST_GSATEST1	DAC_TEST_GSATEST1	gsatest1@big.ac.cn	Beijing Institute of Genomics, Chinese Academy of Sciences	Use it

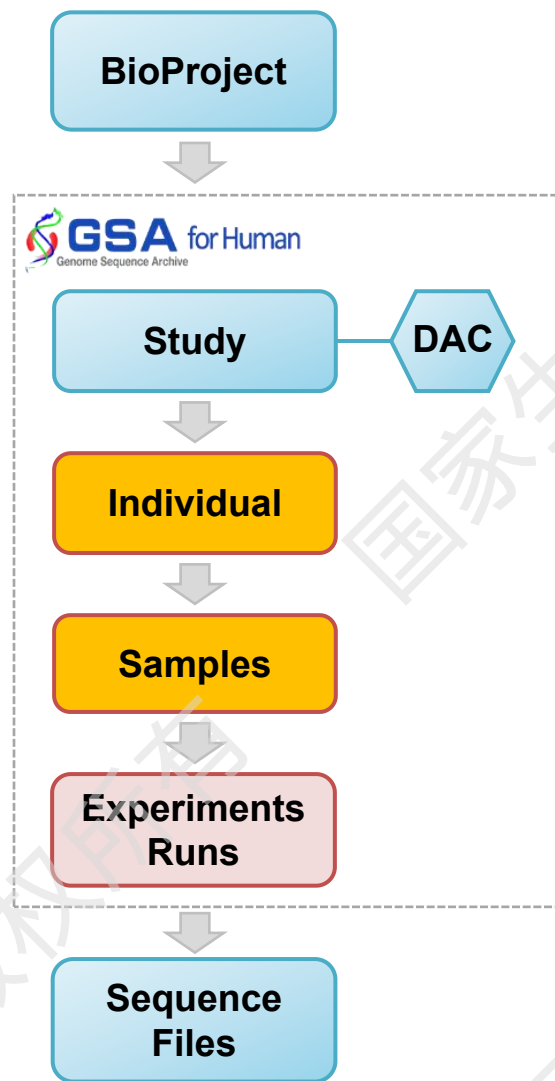
如果有可用的数据管理委员会 (DAC) , 选择 “Yes” , 点击 “Use it” , 使用本账号之前创建的DAC

GSA-Human研究的元数据信息



元数据的模板文件将根据研究类型 (Study Type) 进行匹配的, 以适应不同的研究方向需求

GSA-Human研究的元数据信息



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 menus 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（1:N），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。由于数据是以个体为核心组织的，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 menus 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

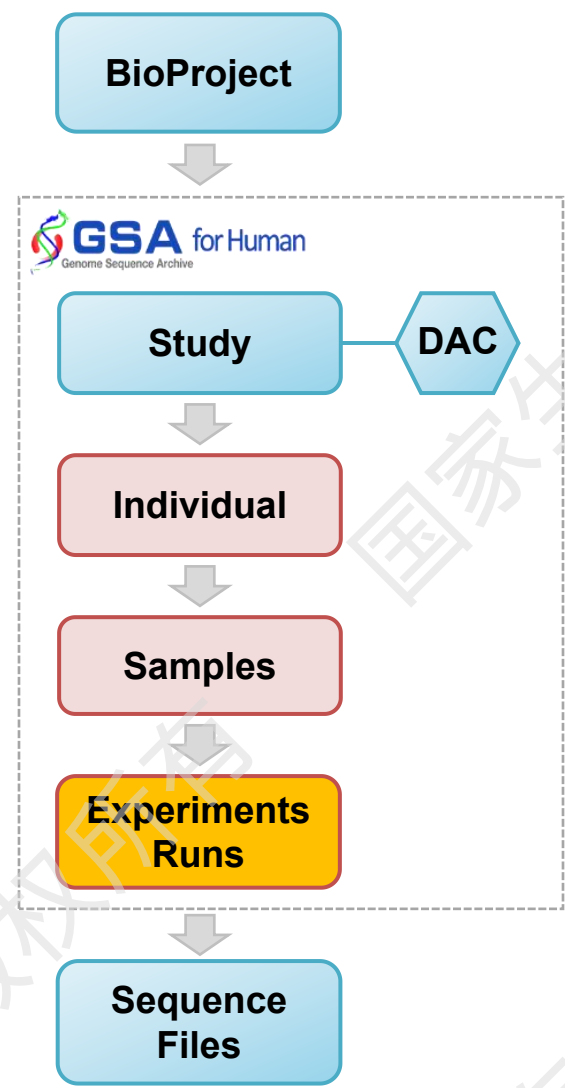
Sample 表格

常见问题2：敏感信息问题

除了individual和sample名字中不可包括患者名字拼音或拼音简称

提示：请注意信息的完整度与准确性。整的信息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。如果已有列无法支撑详细描述，还可以自定义添加所需信息

GSA-Human研究的元数据信息



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 menus 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 (1:N)；Experiment与Run之间对应关系也为一对多 (1:N)。

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 n
YELLOW columns have drop-down menus 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 us.

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							

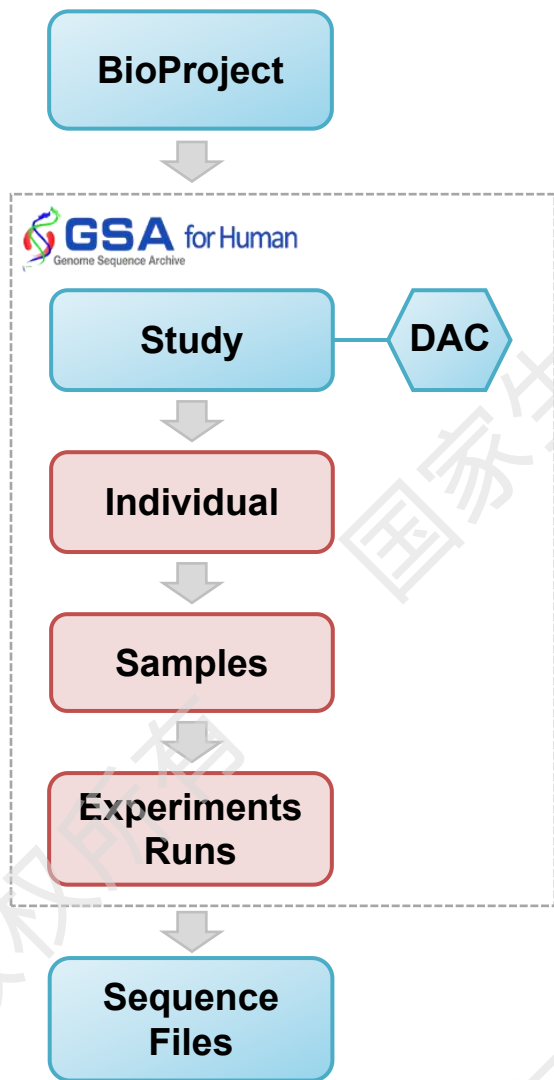
9	10	11	12
Reference file name	MD5 for reference file	Assembly Name or Accession	Assembly Accession URL

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或拼音简称；文件的名称也不可包含此类信息

常见问题3：文件名称与上传文件一致问题
文件名称必须与上传文件完全一致。如果不一致，校验文件时将无法定位，从而影响文件处理与归档

GSA-Human研究的元数据信息



BIG Sub / GSA-Human / Submission: subHRA000650

Submission ID: subHRA000650

Submitter Study Information Data Access Committee Metadata Files Overview & Submit

General Package

Upload the metadata file using Excel format

Please selected file **Upload** 上传填写完成的表格

Download Excel Template General 1.0 spreadsheet, edit, save and then upload the modified template.
If you have any question or would like to give us any suggestion/comment or report a bug, please feel free to contact us at gsa@big.ac.cn

Upload the metadata file using Excel format

General_1.0_us-GSATEST.xlsx 76KB **Check** 点击进行“格式”校验

Download Excel Template General 1.0 spreadsheet, edit, save and then upload the modified template. For more help, please see the [Example File](#).
If you have any question or would like to give us any suggestion/comment or report a bug, please feel free to contact us at gsa@big.ac.cn

Upload the metadata file using Excel format

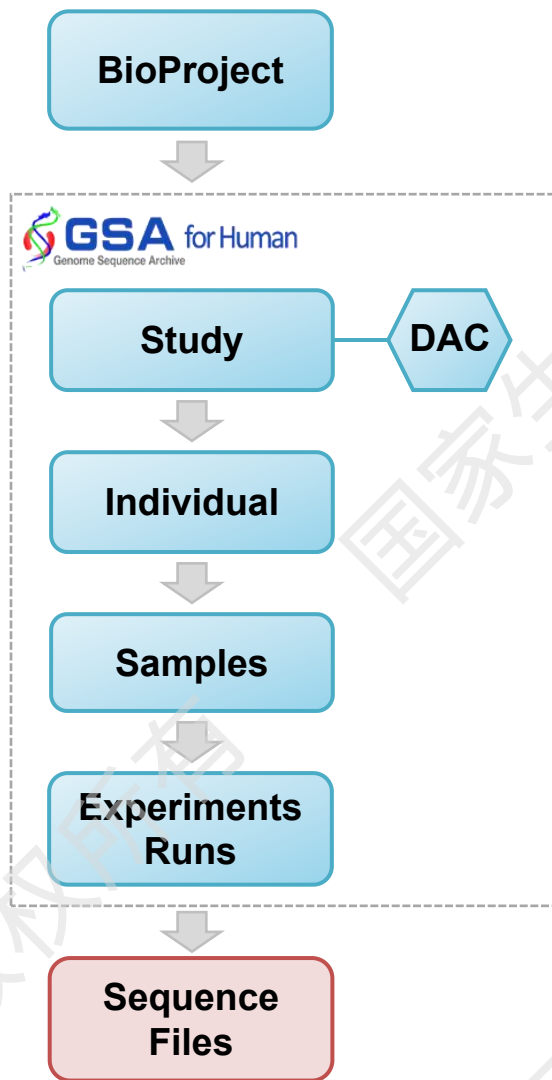
General_1.0_us-GSATEST.xlsx 76KB **Check** ✓ Checked OK.

Download Excel Template General 1.0 spreadsheet, edit, save and then upload the modified template. For more help, please see the [Example File](#).
If you have any question or would like to give us any suggestion/comment or report a bug, please feel free to contact us at gsa@big.ac.cn

Save and forward 校验通过后，点击“Save and forward”进入下一步

- 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研究的序列文件上传



BIG Sub / GSA-Human / Submission: subHRA000497

Submission ID: subHRA000497

Submitter > Study Information > Data Access Committee > Metadata > Files > Overview & Submit

File upload mode

Notice:
Each file must be listed in the GSA metadata file you uploaded.
Unique file names should be used for all files.
Files must be compressed using **gzip** or **bzip2**.
⚠ This is not the last step of the submission. Please click the 'Save and forward' button on the bottom of this page and step into the 'Overview' page, where you can overview and check the metadata you submitted and click the 'Submit' button to finish your submission.

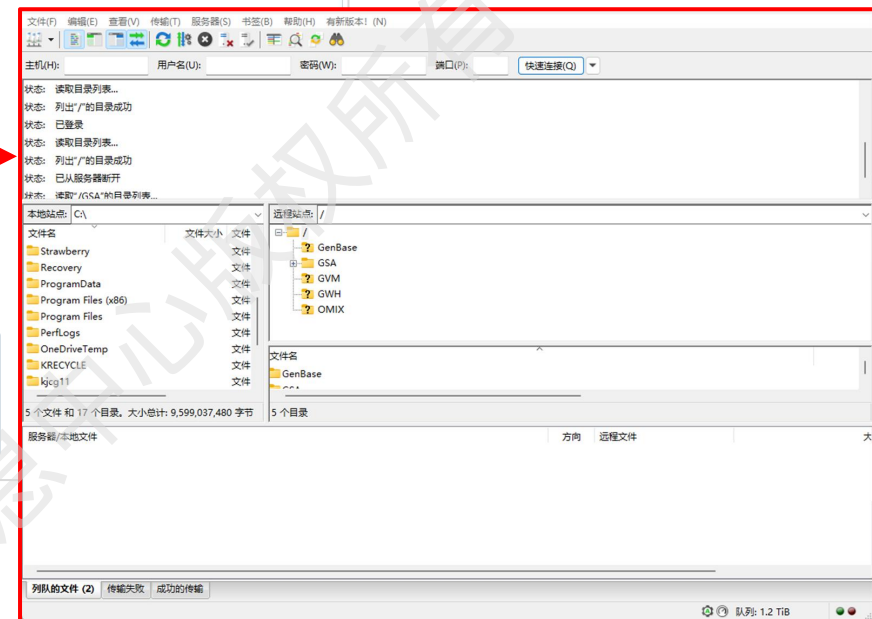
• How do you want to provide files for submission?

☒ **FTP**
Use FTP client to upload files. FTP Username and Password are same to the BIG Sub account.
You may upload your files to our FTP site using an FTP client software (such as the [FileZilla Client](#)) or using the FTP command.
Address: ftp://submit.big.ac.cn
Username: Same as you login the BIG Sub
Password: Same as you login the BIG Sub
After you connected to the FTP server, please navigate to the GSA directory and upload your files here. **DO NOT** upload files to the root directory.
NOTE: Please use the **binary mode** to transfer files. If you are using the FTP client software to log in to the FTP server, follow the software's instruction to set the transfer mode; If you are using ftp command, type the **binary** command before the **put** command.

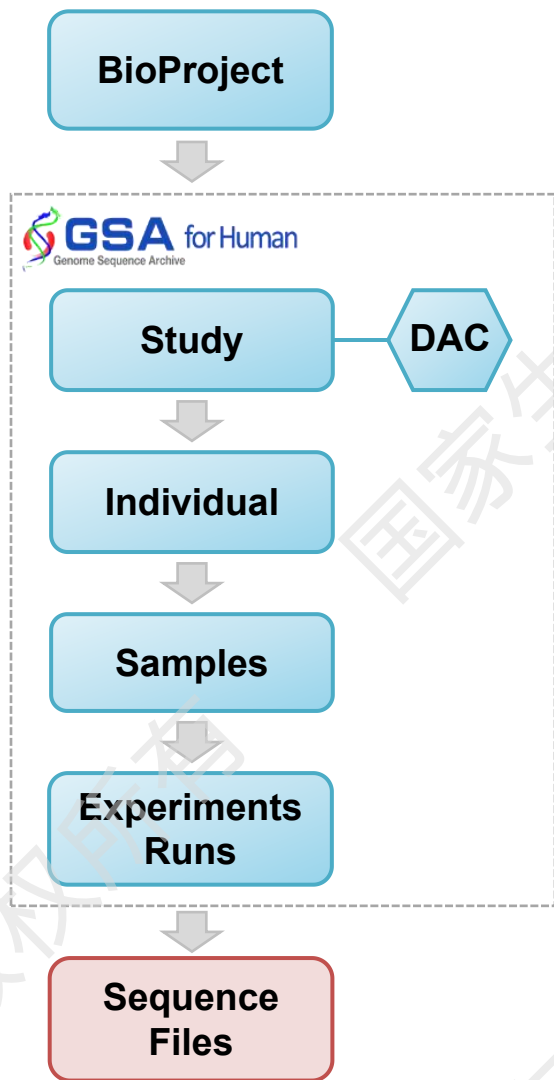
☐ Aspera Command Line
Use Aspera Command Line to

Save and forward

建议使用客户端软件至GSA文件夹内，详尽操作方法，详见：[GSA-Human说明文档](#)



GSA-Human研究的序列文件上传



文件上传方式

提示:

- (1) 上传的文件的文件名和MD5码必须跟您在Run表格里填写的一致。
- (2) 上传文件的文件名必须是唯一的, 并且不能包含敏感信息。
- (3) .fastq文件必须压缩后上传, 目前系统只接收gzip 或 bzip2格式的压缩文件。
- (4) 一个提交, 建议只创建1个文件夹, 请不要包含太多子文件夹和复杂结构的文件目录。
- (5) 文件和文件夹名中请不要包含中文、空格或其他特殊字符。建议文件和文件夹名称只包含以下字符: 英文字母 (A-Z或a-z), 数字 (0-9), 下划线(_)和连接符(-)。
- (6) 如果您需要上传超过 30TB 的数据, 请先联系我们。联系邮箱: gsa@cncb.ac.cn。
- (7) 数据上传后, 请尽快完成元数据提交。数据文件上传后超过 90天且未提交元数据的, 系统会自动删除数据。

△本步骤不是数据提交的最后一步。请点击页底的“保存并进入下一项”按钮, 进入“概览 & 提交”页面。在“概览 & 提交”页面, 您可以浏览并检查您提交的元数据信息, 检查无误后, 点击“提交”按钮, 完成您的提交。

* 请选择文件上传方式

☒ FTP

使用FTP客户端软件上传文件。FTP账号跟您登录GSA-Human的账号一样。

您可以通过客户端软件如FileZilla或者FTP命令行下载文件。

Address: <ftp://subhra.cncb.ac.cn>
Username: Same as you login the GSA-Human
Password: Same as you login the GSA-Human

注意:

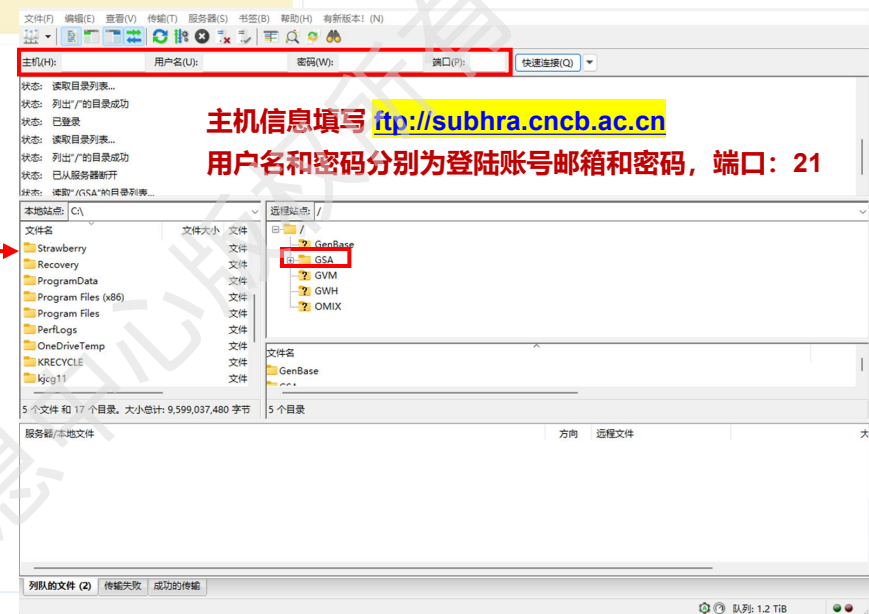
1. 登入FTP后, 请进入GSA目录, 创建subHRA002931文件夹, 并把本次提交的数据上传到subHRA002931中。
2. 请不要上传与数据提交无关的数据。
3. 请使用二进制模式上传文件。如果您使用FTP客户端软件, 请参考软件的说明文档来设置传输模式; 如果您使用FTP命令行上传文件, 请在输入mput命令之前, 先运行binary命令, 来设置二进制传输模式。

☐ Aspera命令行

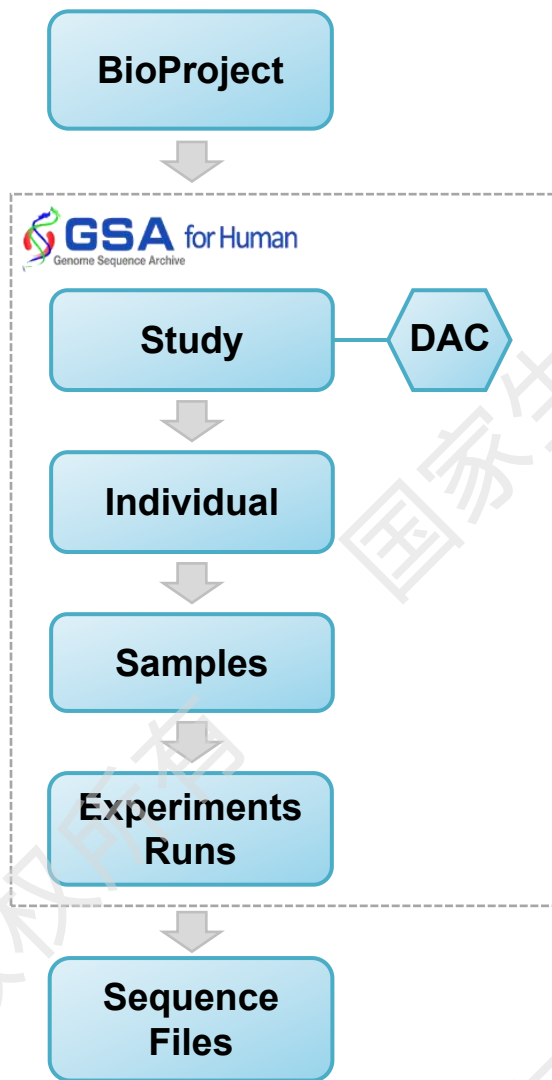
使用Aspera命令行上传文件。

保存并进入下一项

建议使用客户端软件至GSA文件夹内, 详尽操作方法, 详见: [GSA-Human说明文档](#)



GSA-Human研究的概览 & 提交



BIG Sub / GSA-Human / Submission: subHRA000497

Submission: subHRA000497

Submitter Study Information Data Access Committee Metadata Files Overview & Submit

Study Information

Study Title: GSA_TEST_20200910
Description: GSA_TEST_20200910
Data Accessibility: Controlled access
Data use limitation: Non-profitable use
Data access agreement document: [DAA-for-GSA-Human.pdf](#)

BioProject Accession: PRJCA003418
Study Type: Disease Study
Disease Name: Immune system cancer
Release date: 2022-09-10

Submitter Information

Submitter: BIGD GSA
Organization: gsatest1@big.ac.cn
Department: Beijing Institute of Genomics, Chinese Academy of Sciences
Country/Region: China
Postal code: 100101

Data Access Committee

Accession	Name	DAC members	Email	Organization	Department	Office phone	Is contact person
HDAC000225	DAC_TEST_GSATEST1	BIGD GSA	gsatest1@big.ac.cn	Beijing Institute of Genomics, Chinese Academy of Sciences	BIGD	010-84097340	Yes
		wangyanqing	wangyanqing@big.ac.cn	BIG	BIGD		No

Metadata Information

Metadata file: [General_1.0_us-GSATEST1.xlsx](#) 2020-09-10

Individuals & Samples

Individual Name	Gender	experiment_group	disease_name	ethnicity	samples
GSATEST1_2	male	case set	acute myeloid leukemia	Han Chinese	samples(1)

Experiments & Runs

Experiment Title	Platform	Sample Name	Selection
GSATEST1_2_S1_E1	Illumina HiSeq X Ten	GSATEST1_2_S1	cDNA
Run Alias	Run Data	File Information	File Type
GSATEST1_2_S1_E1_L001	File: human_f1.fq.gz File: human_r2.fq.gz		fastq

Total Items: 1 | Items of 1 - 1 | Page size: 10 | Page 1/1 | << First | Last >> | Jump To: 1 | GO

Submit

请务必点击“提交”，提交后进入数据审核流程，请耐心等待反馈信息

GSA-Human数据审核

数据审核流程

第一阶段：人工审核

元数据信息完成度

是否包含隐私信息

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

文件关联

文件名是否一致

MD5码是否正确

文件质控

完整性

正确性

数据质量评估

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

- 数据审核与文件处理的状态可通过网页进行实时查看。如遇到任何问题或有任何疑问，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**Accession**编号。可以使用该编号在备份平台**进行信息备份**。

GSA-Human设置共享链接与数据引用

New Submission

Accession	Submission ID	Release Date	Package	Status	Access	Request	Operation
HRA000049	subHRA000205	2022-04-17	General	Checked OK Confidential	Controlled	0	ReleaseNow Share



New Submission

Accession	Submission ID	Release Date	Package	Status	Access	Request	Operation
HRA000049	subHRA000205	2022-04-17	General	Checked OK Confidential	Controlled	0	ReleaseNow Shared URL: http://gsa.big.ac.cn/gsa-human/s/09S6r0iQ Cancel Share

Review Link Opinion

Accession: HRA000165

Set review link expire time:

1 month

1 month

2 months

3 months

☐ Create data access link

NOTE: Reviewers can access the sequence files through this link, please tick the checkbox to generate this link as required.

Cancel

Submit

- 用户可自行设定临时链接的有效期限，以及是否允许查看数据
- 请注意，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]

数据库简要介绍

涉及数据库	主要数据类型	联系方式
GSA	非人类的组学测序下机数据	邮箱: gsa@big.ac.cn QQ群: 548170081 说明文档: GSA使用说明 、 GSA-Human使用说明
GSA-Human	人类的组学测序下机数据	
OMIX	基因组二级分析数据、代谢组测序数据、蛋白组测序及分析数据、 蛋白结构数据、图像数据、芯片数据、临床信息等	邮箱: gsa@big.ac.cn QQ群: 516418530 说明文档: OMIX使用说明
GWH	全基因组、宏基因组等基因组组装序列和注释数据	邮箱: gwh@big.ac.cn QQ群: 183915274 , 541196594
GVM	基因组SNP变异、InDel变异、SNP芯片	邮箱: gvm@big.ac.cn QQ群: 468638108
BioCode	生物类软件工具和方法	邮箱: biocode@big.ac.cn QQ群: 537473603
Database Commons	生物类数据库	邮箱: databasecommons@big.ac.cn

培训内容

1

数据汇交政策背景

2

数据汇交计划制定

3

科学数据提交流程

4

进度查询与凭证出具

实时查询与监督数据归档情况

- 项目层可通过[在线查询&出具证明]进入实时数据归档情况的查询界面

个人项目列表 (您有2信息未读)

系统编号: SDAS000322

项目编号: [REDACTED] 项目名称: [REDACTED] 项目负责人: [REDACTED]

1 完成&重新制定汇交计划 2 完成盖章双章版计划上传 **3 在线查询&出具证明**

【状态说明】您可通过 [在线查询&出具证明] 实时查询数据归档情况及申请出具证明；数据递交，请前往数据提交入口（BIG-Sub），更多资讯详见 [信息反馈]

 2 信息反馈

实时查询与监督数据归档情况

- 项目层可通过[在线查询&出具证明]进入实时数据归档情况的查询界面

科技项目数据汇交服务系统

主页 提交 统计 帮助 浏览 审核 您好, Zhang

主页 / 个人中心 / 查询汇交数据

1 查询数据汇交情况 2 预览证明并签署协议 3 完成

查询数据汇交情况: [模糊输入框]

接收数据资源清单

系统仅能展示“已关联项目资助编号”的数据集,您可点击“批量导出列表”按钮导出汇交情况表格,以便发送给数据提交者进行信息核对

显示 5 项结果 搜索:

数据/文件编号	数据集名称	未归档数据集显示为粉红色	样本数/文件数	数据量	数据格式	共享方式	发布时间	递交人邮箱	所属数据库
[模糊输入框]	[模糊输入框]		1		fastq	公开访问	[模糊输入框]	[模糊输入框]	GSA
[模糊输入框]	[模糊输入框]		15		fastq	公开访问	[模糊输入框]	[模糊输入框]	GSA
[模糊输入框]	[模糊输入框]		33	116.07GB	fastq	公开访问	[模糊输入框]	[模糊输入框]	GSA
[模糊输入框]	[模糊输入框]		9	22.01GB	fastq	公开访问	[模糊输入框]	[模糊输入框]	GSA
[模糊输入框]	[模糊输入框]		1	45.60GB	fastq	公开访问	[模糊输入框]	[模糊输入框]	GSA

显示第 1 至 5 项结果, 共 17 项

上页 1 2 3 4 下页

保存并预览证明 返回完善数据 批量导出列表

请点击“批量导出列表”可导出并查看所有数据归档情况

系统仅展示正确关联“项目资助号”的数据集, 未正确填写编号的将不出现在列表中, 须知详见[“如何填写和调整国家重点专项项目资助号”](#)

如何看懂批量导出数据信息

- 以下为导出表格样例：表头含有常见问题、可能原因、建议问题处理者、处理方法和数据库联系方式等信息，未归档数据集显示为红字+黄色高亮，方便项目层进行反馈。

	A	B	C	D	E	F	G	H	I	J	K
1	常见问题	可能原因	问题处理者	处理方法	联系方式						
2	数据集未在列表中	未关联资助编号	提交者	联系管理员开放BioProject编辑权限	邮箱gsa@big.ac.cn或QQ群：548170081						
3	有未归档数据集	数据未完成提交	提交者	联系管理员核查问题	邮箱gsa@big.ac.cn或QQ群：548170081						
4	有不属于项目的数据集	错误关联资助编号信息	提交者	联系管理员核查问题	邮箱gsa@big.ac.cn或QQ群：548170081						
5											
6	列表仅能展示已关联项目资助编号数据集，如有黄红色标记的行，代表该数据集未归档										
7	数据/文件编号	状态	数据集名称	BioProject编号	样本/文件数	数据量	数据格式	共享方式	发布时间	递交人邮箱	所属数据库
8		未归档			1		fastq	公开访问		example@email.com	GSA
9		未归档			15		fastq	公开访问		example@email.com	GSA
10		已归档			33	116.07GB	fastq	公开访问		example@email.com	GSA
11		已归档			9	22.01GB	fastq	公开访问		example@email.com	GSA
12		已归档			1	45.60GB	fastq	公开访问		example@email.com	GSA

SDAS仅为项目层提供查询服务，数据处理问题，一定要请提交者联系数据库进行咨询和处理

在线浏览汇交证明

- 项目层组织数据递交责任方**对数据提交完成情况进行核对，确保所需数据集都归档后，一定要确定核对无误后，再单击“保存并预览证明”进入下一步。**

科技项目数据汇交服务系统

主页 提交 统计 帮助 浏览 审核 您好, Zhang

主页 / 个人中心 / 查询汇交数据

1 查询数据汇交情况 2 预览证明并签署协议 3 完成

查询数据汇交情况: [REDACTED]

接收数据资源清单

系统仅能展示“已关联项目资助编号”的数据集,您可点击“批量导出列表”按钮导出汇交情况表格,以便发送给数据提交者进行信息核对

显示 5 项结果 搜索:

数据/文件编号	数据集名称	样本数/文件数	数据量	数据格式	共享方式	发布时间	递交人邮箱	所属数据库
[REDACTED]	[REDACTED]	1	26.75GB	fastq	公开访问	[REDACTED]	[REDACTED]	GSA
[REDACTED]	[REDACTED]	1	104.08GB	fastq	公开访问	[REDACTED]	[REDACTED]	GSA
[REDACTED]	[REDACTED]	33	116.07GB	fastq	公开访问	[REDACTED]	[REDACTED]	GSA
[REDACTED]	[REDACTED]	9	22.01GB	fastq	公开访问	[REDACTED]	[REDACTED]	GSA
[REDACTED]	[REDACTED]	1	45.60GB	fastq	公开访问	[REDACTED]	[REDACTED]	GSA

显示第 1 至 5 项结果, 共 17 项

上页 1 2 3 4 下页

保存并预览证明 返回完善数据 批量导出列表

凭证与汇交计划不完全一致常见的，只要能自圆其说就可以

- 预览终版证明，在线签署“承诺书”，并填写邮寄信息



附件清单

接收数据资源清单：

数据集编号	数据集名称	样本数	数据量	数据格式	共享方式	发布时间
CRA003910	Single-cell chromatin accessibility and transcriptome atlas of mouse embryos	22	1.88TB	10x Genomics, fastq	公开访问	2023/02/18
CRA006412	Droplet microfluidics-based combinatorial indexing for massive-scale five-prime end single-cell RNA sequencing benchmarked	1	200.21GB	fastq	公开访问	2023/02/22
CRA006425	scm5A-seq reveals the epitranscriptomic landscape during oocyte maturation and early embryo development of mouse	19	544.54GB	fastq	公开访问	2023/01/04
CRA006815	Dynamics and functions of histone acetylations in mouse early embryos	64	480.40GB	fastq	公开访问	2023/01/06
CRA008421	Environmental Genome of municipal sewage in Shanghai	928	2.39TB	fastq	公开访问	2025/07/01
CRA011687	Polycystic ovary syndrome early embryo Single-cell multi-omics Sequencing	102	220.00GB	fastq	公开访问	2025/03/21
CRA015818	scm5C-seq reveals single-cell RNA m5C landscapes during early embryogenesis of zebrafish	62	400.94GB	fastq	公开访问	2026/04/10
CRA018691	Universal droplet microfluidics-based combinatorial indexing for massive-scale multimodal single-cell sequencing of cell lines	1	161.49GB	bam	公开访问	2026/08/31
CRA021244	Mouse Forebrain Region-specific Molecular Characteristics and Cholinergic Neurons Subtyping: An Integrated Analysis Based on Spatial Multi-omics	8	327.63GB	fastq	公开访问	2024/12/17
CRA022903	Sc-m7G-seq technique reveals the role of m7G during early zebrafish embryogenesis	6	60.46GB	fastq	公开访问	2027/02/11
HRA000757	Cis-regulatory elements atlas of the human early fetus by integrative analysis of scRNA-seq and scATAC-seq	28	2.00TB	10x Genomics, fastq	受控访问	2026/01/10
HRA000888	Transcriptomes and epigenomes in human parthenogenetic (PG) and androgenetic (AG) embryos	86	1.22TB	fastq	受控访问	2022/11/19

在线浏览汇交证明

- 预览终版证明，在线签署“承诺书”，并填写邮寄信息

首页 / 个人中心 / 预览汇交证明

1 查询数据汇交情况

2 预览并出具证明

出具汇交证明: XDB3800

项目汇交证明预览

SDAS000193 1 / 21 90%

科技计划项目数据汇交凭证
No. NGDC-2023-0175
项目名称

科学数据汇交证明出具承诺书

1. 本项目保证所有数据已纳入国家基因组科学数据中心（下文简称“中心”）平台管理，不会擅自修改和删除汇交的科学数据；
2. 本项目保证所有汇交的数据真实、准确、完整、有效，无学术不端和学术失范行为，并承担因数据不真实等问题带来的一切后果和法律责任；
3. 本项目确定已认真核对以上验收证明，确定现有版本作为最终版验收证明。

☐ 我已认真核对终版汇交证明内容，确定申请生成盖章文件

☐ 我已经阅读了汇交证明生成协议，同意并遵守所有条款

盖章件邮寄地址

使用汇交计划的邮寄信息

* 收件人姓名 * 手机号码 * 收件地址

例如：北京市朝阳区北辰西路1号院104号楼

备注
如希望自取，请注明

确认出具证明 返回上一步

汇交证明生成协议

科学数据汇交证明出具承诺书

1. 本项目保证所有数据已纳入国家基因组科学数据中心（下文简称“中心”）平台管理，不会擅自修改和删除汇交的科学数据；
2. 本项目保证所有汇交的数据真实、准确、完整、有效，无学术不端和学术失范行为，并承担因数据不真实等问题带来的一切后果和法律责任；
3. 本项目确定已认真核对以上验收证明，确定现有版本作为最终版验收证明。

☐ 我已认真核对终版汇交证明内容，确定申请生成盖章文件

☐ 我已经阅读了汇交证明生成协议，同意并遵守所有条款

盖章件邮寄地址

使用汇交计划的邮寄信息

* 收件人姓名 * 手机号码 * 收件地址

例如：北京市朝阳区北辰西路1号院104号楼

备注

汇交凭证审核情况反馈

- 如果审核未通过：请根据[信息反馈]中的建议，点击[在线查询&出具证明]进入浏览页面，通过[更新/浏览数据集]重新出具汇交证明。

个人项目列表

系统编号: SDAS000322

项目编号: [REDACTED] 项目名称: [REDACTED] 项目负责人: [REDACTED]

1 完成&重新制定汇交计划 2 完成盖双章版计划上传 3 在线查询&出具证明

【状态说明】证明审核未通过：可点击 [在线查询&出具证明] 进入浏览页面，点击[更新/浏览数据集]重新出具汇交证明，更多资讯详见 [信息反馈]

信息反馈

【状态说明】证明审核未通过：可点击 [在线查询&出具证明] 进入浏览页面，点击[更新/浏览数据集]重新出具汇交证明，更多资讯详见 [信息反馈]

汇交凭证审核情况反馈

- 如果审核未通过：请根据[信息反馈]中的建议，点击[在线查询&出具证明]进入浏览页面，通过[更新/浏览数据集]重新出具汇交证明。

个人项目列表

系统编号: SDAS000322

项目编号: [REDACTED] 项目名称: [REDACTED] 项目负责人: [REDACTED]

1 完成&重新制定汇交计划 2 完成盖章双章版计划上传 3 在线查询&出具证明

【状态说明】证明审核未通过：可点击 [在线查询&出具证明] 进入浏览页面，点击[更新/浏览数据集]重新出具汇交证明，更多资讯详见 [信息反馈]

信息反馈

项目汇交证明

证明编号	文件名称	文件类型	状态	提交时间	操作
NGDC-2022-0266	[REDACTED]	汇交证明	审核未通过	2022-04-11	更新/浏览数据集 邮寄地址

返回列表界面

点击“更新/浏览数据集”更新证明

汇交凭证审核情况反馈

- **如果审核通过：**开始中心内盖章审批流程，汇交凭证盖章件将于1-2个工作日内寄出。

个人项目列表 (您有2信息未读)

系统编号: SDAS000322

项目编号: [REDACTED] 项目名称: [REDACTED] 项目负责人: [REDACTED]

1 完成&重新制定汇交计划 2 完成盖双章版计划上传 3 汇交证明已出具

【状态说明】 汇交证明已出具: 盖章版汇交证明将于1-2个工作日内寄出。

2 信息反馈

【状态说明】 汇交证明已出具: 盖章版汇交证明将于1-2个工作日内寄出。

凭证盖章件寄出

- 凭证寄出后，状态改为“**汇交证明已寄出**”您即可通过系统浏览与下载“**凭证盖章电子扫描件**”。
预祝项目验收顺利。

个人项目列表 (您有3信息未读)

系统编号: SDAS000322
项目编号: [REDACTED] 项目名称: [REDACTED] 项目负责人: [REDACTED]

1 完成&重新制定汇交计划 2 完成盖章双章版计划上传 3 汇交证明已出具

【状态说明】汇交证明已寄出: 汇交证明已正式出具并寄出, 预祝您项目验收顺利

信息反馈

项目汇交计划

项目自产数据类型 其他数据-未收集;

文件系统编号	文件名称	文件类型	状态	提交时间	操作
PLAN-25-1	[REDACTED]	初版计划	审核通过	2022-04-12	下载 邮寄地址
PDOC-25-1	[REDACTED]	双章版计划	审核通过	2022-04-12	下载

项目汇交证明

证明编号	文件名称	文件类型	状态	提交时间	操作
NGDC-2021-0056	[REDACTED]	汇交证明	已归档	2022-04-15	下载盖章证明 邮寄地址

汇交凭证一旦出具不予
撤回, 请您务必谨慎



THANKS

帮助信息与文档下载



<https://ngdc.cncb.ac.cn/sdas/help>

常见问题

- 项目汇交计划制定

帮助信息与文档下载



<https://ngdc.cncb.ac.cn/sdas/help>

常见问题

- 项目汇交计划制定
- 科学数据递交

帮助信息与文档下载



<https://ngdc.cncb.ac.cn/sdas/help>

常见问题

- 项目汇交计划制定
- 科学数据递交
- 项目汇交凭证出具

帮助信息与文档下载



<https://ngdc.cncb.ac.cn/sdas/help>

常见问题

- 项目汇交计划制定
- 科学数据递交
- 项目汇交凭证出具

文档下载

- 汇交计划参考模板
- 系统操作指南