NGDC

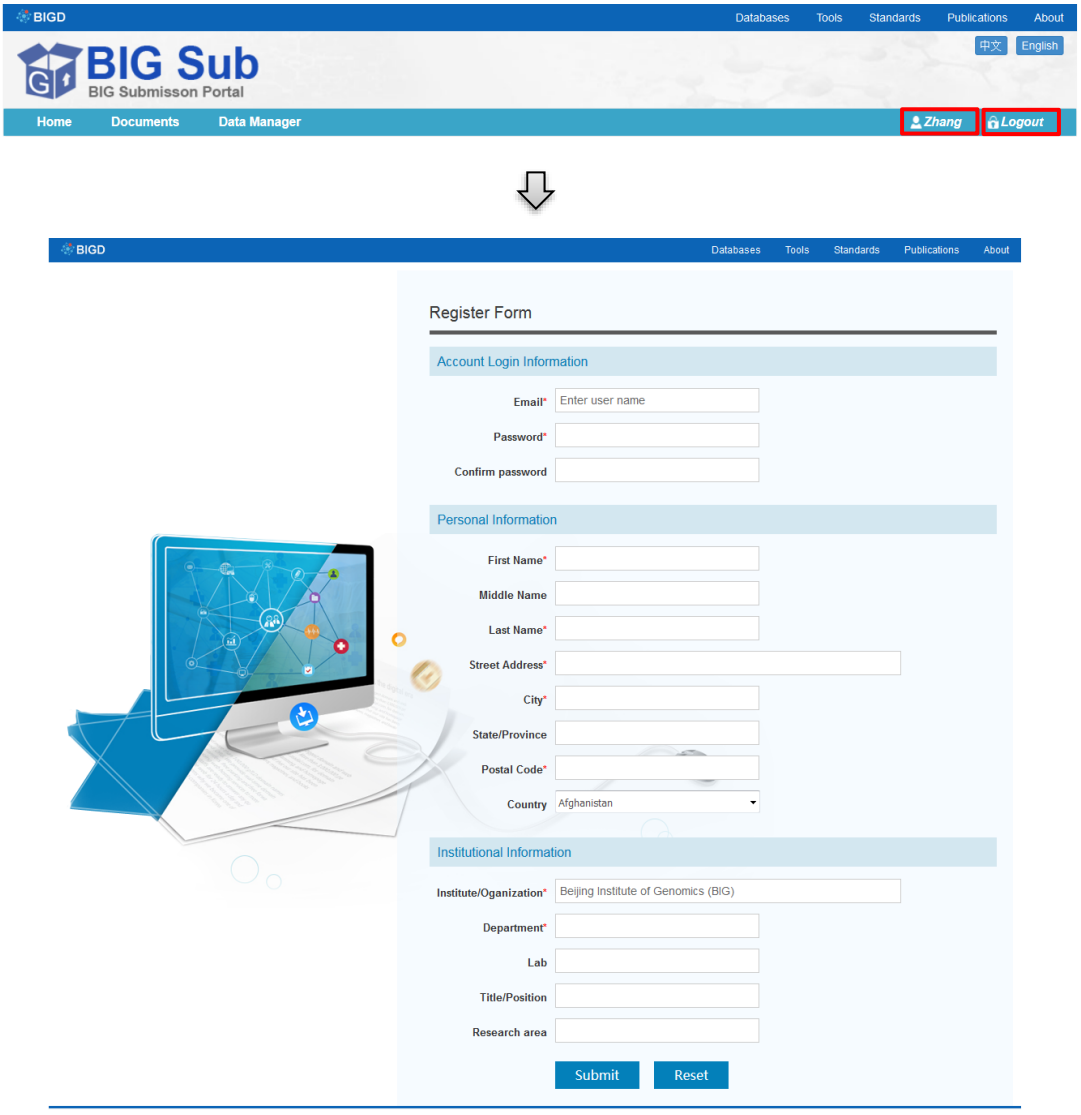
# 组学原始数据归档库（GSA）使用说明

## 系统简介

组学原始数据归档库（Genome Sequence Archive, GSA）是**组学原始数据汇交、存储、管理与共享系统**。GSA 遵循 INSDC 数据库系统的数据标准和数据结构，主要汇交实验信息（Experiment Metadata）、测序反应信息（Run Metadata）信息以及归档测序文件数据（Sequence Data file）。GSA 用户可通过大数据中心生物数据统一汇交入口——生物数据递交系统（BIG Submission，BIG Sub）完成一站式数据递交。

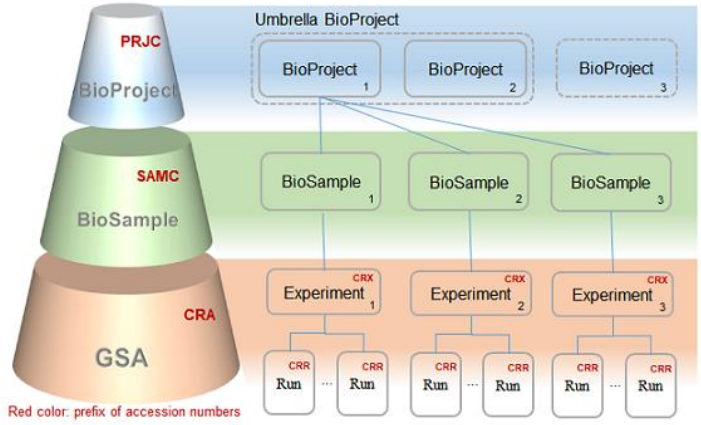
## 用户注册

请您进入生物数据递交系统（BIG Submission，BIG Sub，https://bigd.big.ac.cn/gsub/）完成账号注册，建议**使用实验室公共邮箱进行注册**。如果您在账号注册和使用过程中遇到任何问题，请联系 bigd-admin@big.ac.cn。

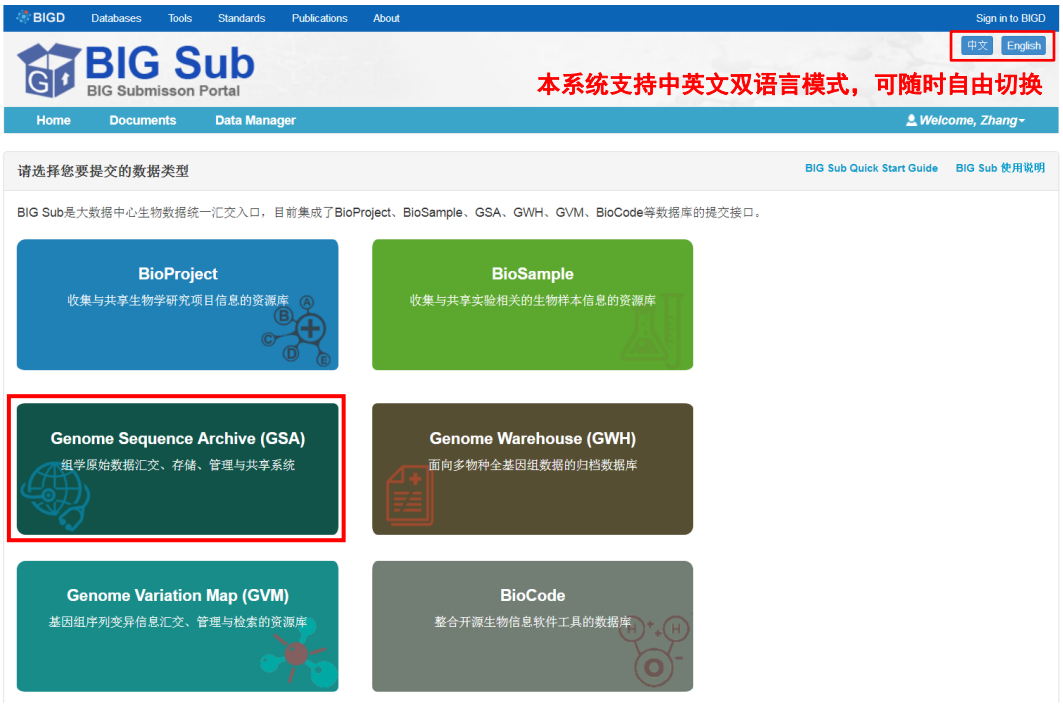


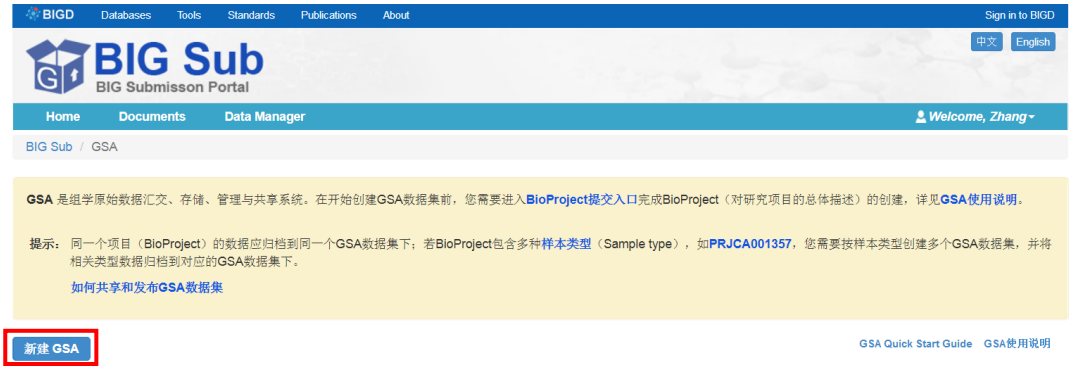
## GSA 数据集创建

为保证元数据信息与测序数据文件的一致性与完整性，便于后续数据使用者检索与使用，通过 BIG Sub 统一入口递交 GSA 数据信息时，用户需要为 GSA 数据集的研究任务创建 BioProject，并为数据集的实验样本创建相应的 BioSample(s)。GSA 各类数据信息间是线性的、一对多的关联关系，数据结构如下图。



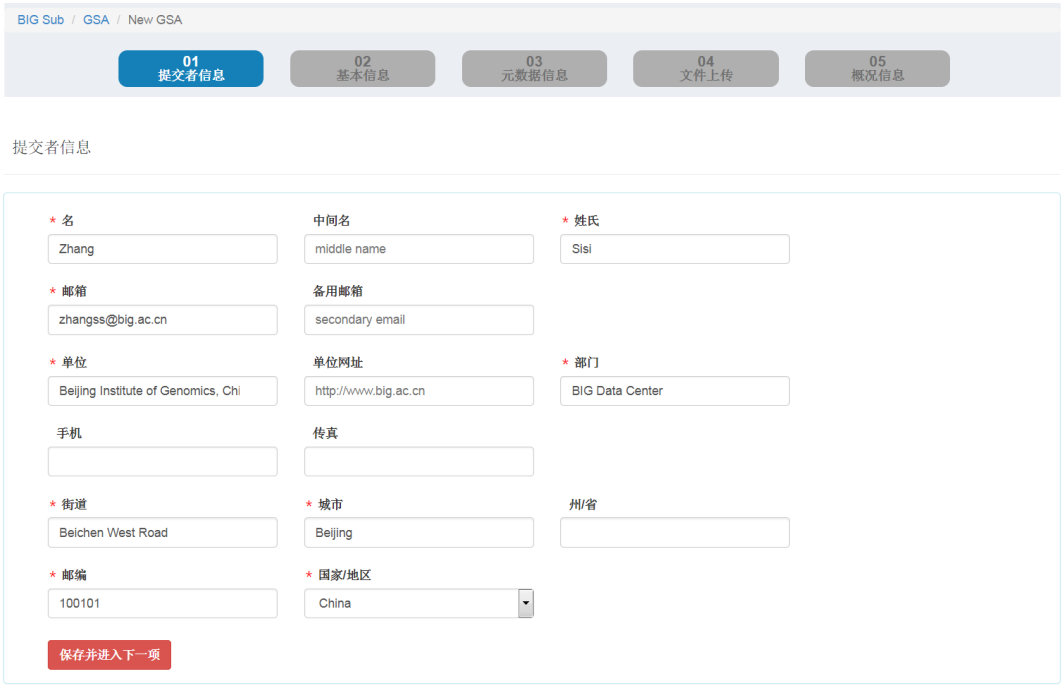

具体提交操作步骤如下：






- **提交者信息（Submitter）**—用于收集数据提交者信息，系统会帮您自动填入用户注册时的姓名和电子邮件信息，如部分信息需要调整，可直接修改并通过“**保存并进入下一项（Save and forward）**”键完成修改。

注：数据信息审核与文件归档过程中出现任何问题，信息将反馈到您的注册邮箱，而非此处填入的提交者信息邮箱。




- **基本信息（General）**—用于收集 GSA 数据集的描述信息，包括发布日期（Release date）、标题和描述信息（Description）、项目信息（BioProject accession）、样本信息（Sample Information）。

注：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**”，根据系统提示依次完成下文中“元数据信息”和“文件上传”步骤，最终检查无误后完成提交。

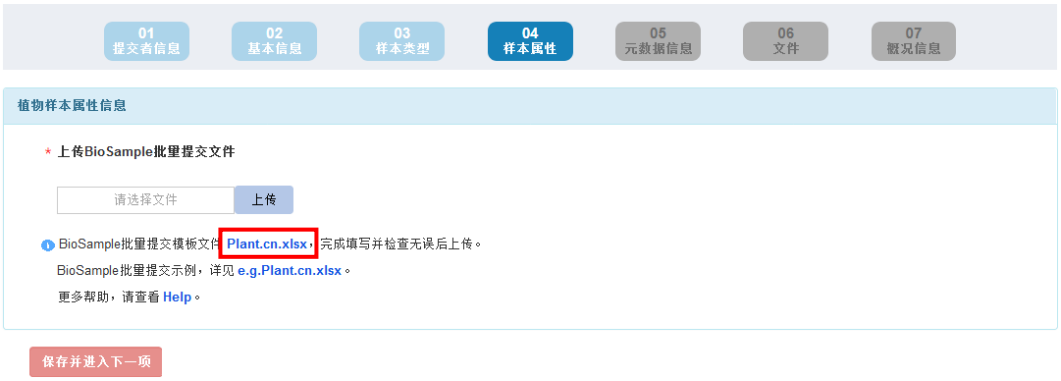
如果您还未创建 GSA 相关的 BioSample，请选择“**未创建 GSA 相关的 BioSample 信息**”，依照以下流程完成提交：


- **样本类型（Sample Type）**—用于收集有关样本类型信息。

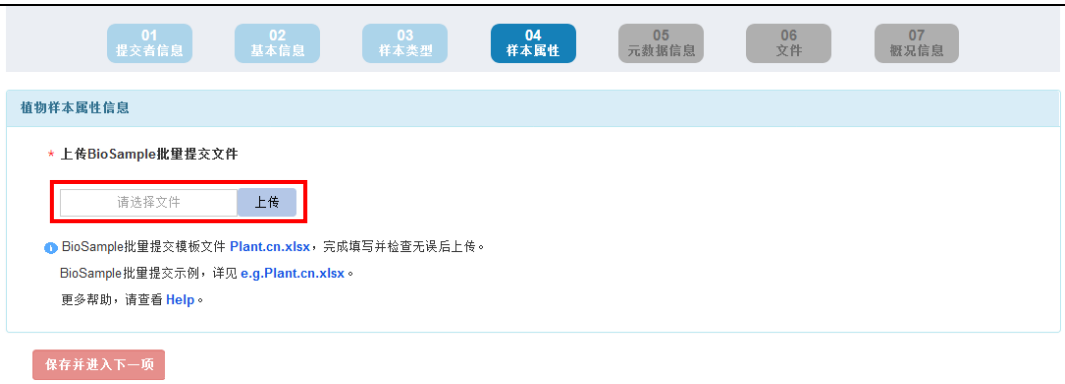

注：遵从《中华人民共和国人类遗传资源管理条例》总则规定，如果您确定需要将数据提交到 GSA-Human 数据库。

- **样本属性（Attributes）**—用于批量提交样本的属性信息。

1) 下载模板文件，如上图中的 Plant.cn.xlsx (中文版)，e.g. Plant.cn.xlsx 为例子文档。更多帮助，请查看 Help；




2) 编辑模板文件并检查无误后，通过文件选择框进行文件上传；




3) 上传完成后，通过点击“校验”键,进行批量表格在线审核：


4) 若文件审核不通过，请点击“删除”键，删除已上传的文件并按系统提示信息修改后，再重新上传批量表格文件，直至审核通过；当文件审核通过，请点击“**保存并进入下一项（Save and forward）**”键，完成 BioSample 批量提交；


- **元数据信息（Metadata）**—用于批量提交 GSA 元数据信息，具体批量提交步骤如下；

1) 下载模板文件，如上图中的 GSA_Template.cn.xlsx (中文版)，e.g.GSA_Template.cn.xlsx 为例子文档。更多帮助，请查看 Help；


2) 编辑模板文件并检查无误后，通过文件选择框进行文件上传；


3) 上传完成后，通过点击“**校验**”键,进行批量表格在线审核；

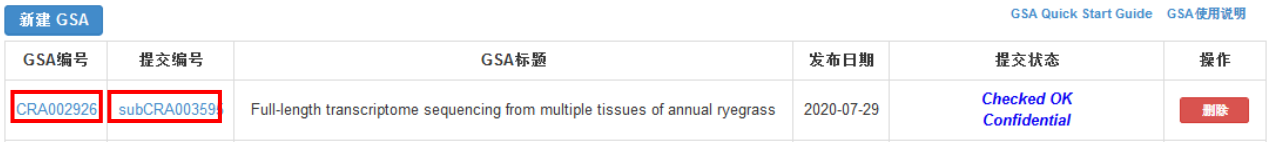

4) 若文件审核不通过，请点击“**删除**”键，删除已上传的文件并系统按提示信息修改后，再重新上传批量表格文件，直至审核通过；当文件审核通过，请点击“**保存并进入下一项（Save and forward）**”键，完成批量样本提交；


- **文件上传（File Upload）**— 数据文件上传方式选择，分别为 FTP 客户端，Aspera 命令行（推荐）和 Aspera Connect 浏览器插件上传，详见“数据文件上传”。

- **概况信息（Overview）**—提供对 GSA 数据及其相关信息的整体预览。在正式提交之前，用户可通过点击进度条上的按钮，进入相应页面修改信息。请务必检查无误后再点击“**提交（Submit）**”完成递交。


通常状况下，数据信息与文件审核归档约需要 1-2 天（数据量越大相应所需时间越长），归档成功后您会收到一封通知邮件，并可在 GSA 列表中查找的为您分配的 GSA 编

号（GSA Accession number）；如果归档中数据信息与文件审核归档过程中出现问题，信息将反馈到您的**注册邮箱**，因此请您关注邮箱反馈信息。




**注：**

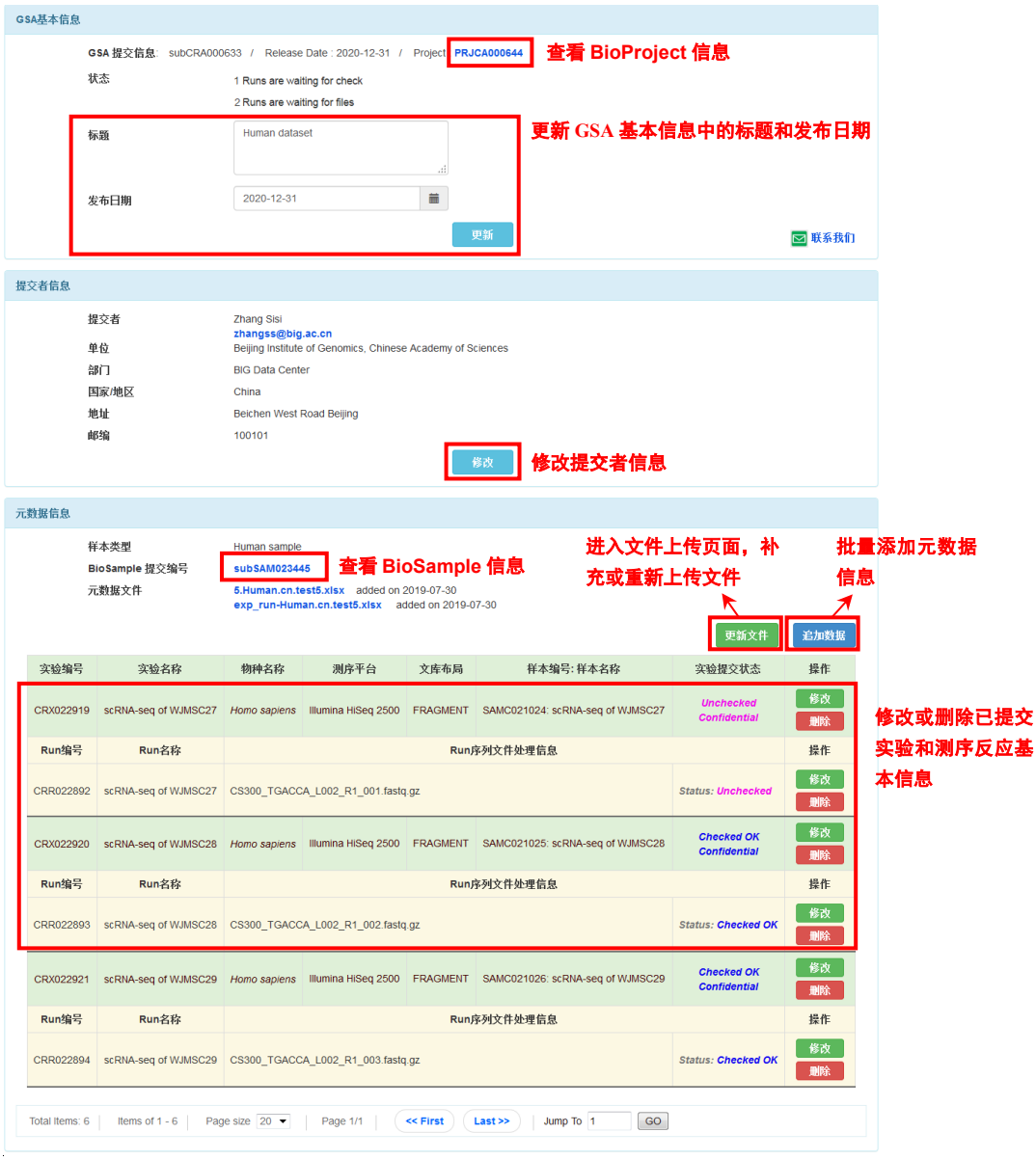
1) GSA **提交编号（Submission ID）**：sub#，如上图中的 subCRA003595。请仅在联系 GSA 工作人员时使用，不要在 BIG Search 检索信息时或在文章中使用**提交编号**。

2) 请务必在 BIG Search 检索信息时或在文章中使用 GSA 编号（GSA Accession Number）：CRA#，如上图中的 CRA002926。

## GSA 数据集修改、删除和追加

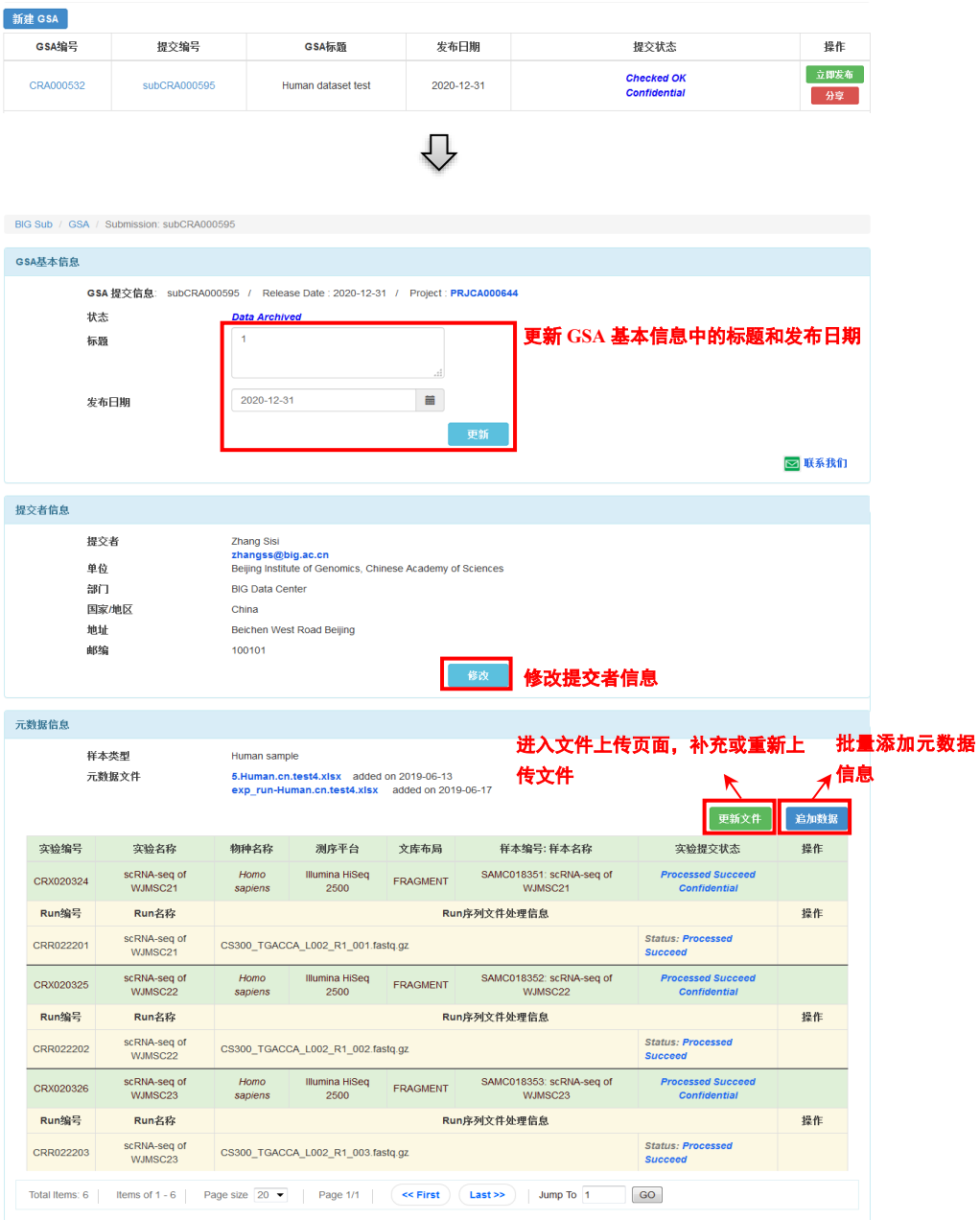
在 GSA 数据集文件归档完成之前，无论数据信息是否通过审核，用户可通过点击“Submission ID”进入样本总览界面，①更新 GSA 基本信息（Basic Information）中的标题（Title）和发布日期（Release date）；②修改提交者信息（Submitter information）；③使用“追加数据（Add Data）”键，详见“GSA 数据集创建”；④修改或删除已提交实验（Experiment）和测序反应（Run）基本信息；⑤使用“更新文件（Update File）”键，补充和更新数据文件（推荐 Aspera Connect 浏览器插件上传文件用户使用）。

**注：**数据详细提交状态和用户可用操作详见“提交状态与操作说明”。



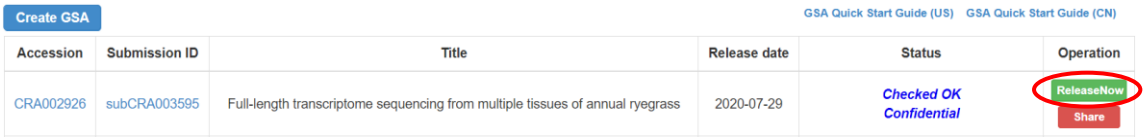
在 GSA 数据集文件归档完成之后（Status 为 check OK；confidential）。用户可通过点击“Submission ID”进入样本总览界面，①更新 GSA 基本信息（Basic Information）中的标题（Title）和发布日期（Release date）；②修改提交者信息（Submitter information）；③使用 “追加数据（Add Data）”键，详见“**GSA 数据集创建**”；④使用“更新文件（Update File）”键，补充和更新数据文件（推荐 Aspera Connect 浏览器插件上传文件用户使用）。如果您还希望修改或删除已提交实验（Experiment）和测序反应（Run）基本信息，请通过 gsa@big.ac.cn 邮箱联系数据库工作组。

**注：**数据详细提交状态和用户可用操作详见“提交状态与操作说明”。



## GSA 数据集发布

如用户需要提前发布 GSA 数据集，可点击下图列表中“**立即发布（Release Now）**”控件，完成提前释放。

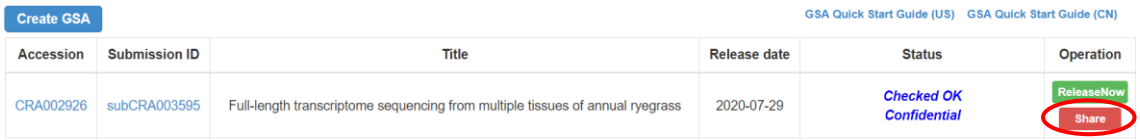



在“释放数据确认框”中点击“**Yes**”，即可释放 GSA 数据集。请注意当 GSA 数据集发布后，所有与其关联的 BioProject 和 BioSample(s)将同时发布（具体机制详见数据触发机制说明）。


注：GSA 数据释放后，需要几个小时归档数据，等数据归档成功后，即可在 BIG Search 中通过 GSA 序列号（Accession number）搜索到数据集以及相关 BioProject 和 BioSample(s)信息。

## GSA 数据集分享链接生成

1. 用户通过账号登陆 BIG Sub 系统，在 GSA 提交系统列表中，找到 Operation 有个“分享”控件（如图所示）；




2. 点击“分享”，会生成如下图所示的分享链接，复制该链接并提供给编审，其即可以查看数据；


注：此链接为临时链接，用户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。

## 数据文件上传

在文件上传页面，您有三种选择来上传页面，请选择其中一种方式来上传数据。选中上传方式后，不需要等待文件上传完成，可以直接进入下一项“概况信息（Overview）”查看上传的元数据情况并提交。

### Aspera 命令行上传（推荐）

**您可以通过 Aspera 命令行，使用以下的命令来上传文件：**

**[path/to/ascp/] -P33001 -i [path/to/key/file] -QT -l100m -k1 -d [path/to/folder/containing/files] aspsub@submit.big.ac.cn:uploads/ [user dir]**


**请拷贝提交步骤“04 文件”步骤中此命令行，并替换相关路径，完成数据上传。**

**注意：每个用户的 [user dir]，即用户目录都不同，命令行中一定要用户目录信息（User Directory）。信息查询方式：点击“提交编号”（Submission ID）进入“概况信息”（Overview）页面，点击“更新文件”（Update file）按钮，进入“04 文件”（04 Files）文件上传页面，即可看到自己的 Aspera 命令行信息**

**其中:**

**[path/to/ascp/]: 指 ascp 的执行程序，一般安装了 aspera connect plugin 的操作系统，都有这个执行程序。不同的操作系统，ascp 存在于不同的位置。**

**Microsoft Windows:** C:\Program Files\Aspera\Aspera Connect\bin\ascp.exe

**或：**C:\users\[username]\AppData\Local\Programs\Aspera\Aspera Connect\bin\ascp.exe

**Mac OS X**: /Applications/Aspera/Connect.app/Contents/Resources/ascp (admin 用户安装)

或：/Users/[username]/Applications/Aspera/Connect.app/Contents/Resources/ascp (非 admin 用户安装)

**Linux**: /opt/aspera/bin/ascp or /home/[username]/aspera/connect/bin/ascp

**命令行中：**

**[path/to/key/file]** 必须是文件的绝对路径，如：/home/keys/aspera.openssh

**[path/to/folder/containing/files]** 应该是包含您要上传的所有文件的本地路径。

**[user dir]** 是用户目录（User Directory），查询方式：**点击“提交编号”（Submission ID）进入“概况信息”（Overview）页面，点击“更新文件”（Update file）按钮，进入“04 文件”（04 Files）文件上传页面，即可看到自己的 Aspera 命令行信息**

**请点击“ Get the key file”下载获取此文件。**

注：

1) 请为您每一个提交创建一个新的子目录(可以用 GSA 的提交编号作为子目录名称)。请注意这个子目录是一个临时文件夹，当本次提交完成时，该目录及目录下的文件将被后台处理程序删除。
2) 请不要上传复杂的文件夹结构，也不要上传跟您提交不相关的非序列文件。
3) 更新文件：当元数据信息已经提交后，无法通过导航条进入文件上传页面。这时，如果需要重传或者追加数据时，点击“提交编号”（Submission ID）进入“概况信息”（Overview）页面，点击“更新文件”（Update file）按钮，进入“04 文件”（04 Files）文件上传页面，重新选择文件上传方式来进行文件上传。


## FTP 上传

- **FTP 客户端方式上传数据**

用户需要使用 FTP 客户端软件（比如 FileZilla Client）登录 FTP 服务器上传数据，

文档中以 FileZilla 作为实例。

1）第 1 步，下载客户端软件（https://filezilla-project.org/ ），下载页面如图 1 所示，点击红色框中的“Download FileZilla Client”，并按照提示安装软件；


**图 1　FileZilla Client 软件下载**

2）第 2 步，打开软件，界面如图 2 所示，填写主机信息为“submit.big.ac.cn”，用户名和密码填写 GSA 数据库的登陆帐号邮箱和密码，然后点击“快速连接”，状态栏显示登陆成功，如果提示错误，请根据提示信息查看错误原因；

3）第 3 步，登陆成功后，“本地站点”选择需要上传数据的本地数据路径，“远程站点”中，**双击 GSA 文件夹，进入 GSA 目录**。

4）第 4 步，在“本地站点”中选择上传的数据文件或者文件夹，点击右键，选择“上传”，或者直接拖拽到“远程站点”，如图 3 所示。

5）第 5 步，上传的所有数据会进入“队列的文件”，排队上传，上传成功后数据信息会转移到“成功的传输”中，如果上传不成功会转移到“传输失败”，需要重新上传，可以选择“断点续传”。

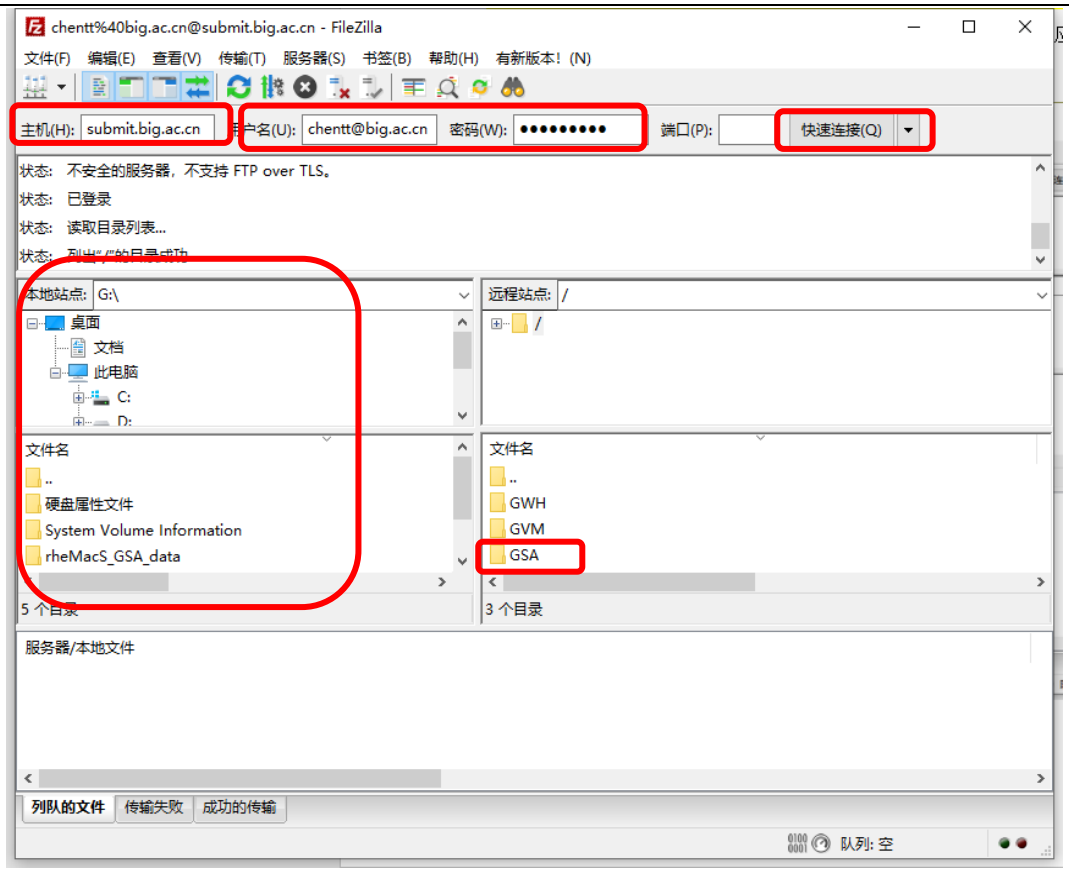



**图 2 FileZilla 客户端界面**

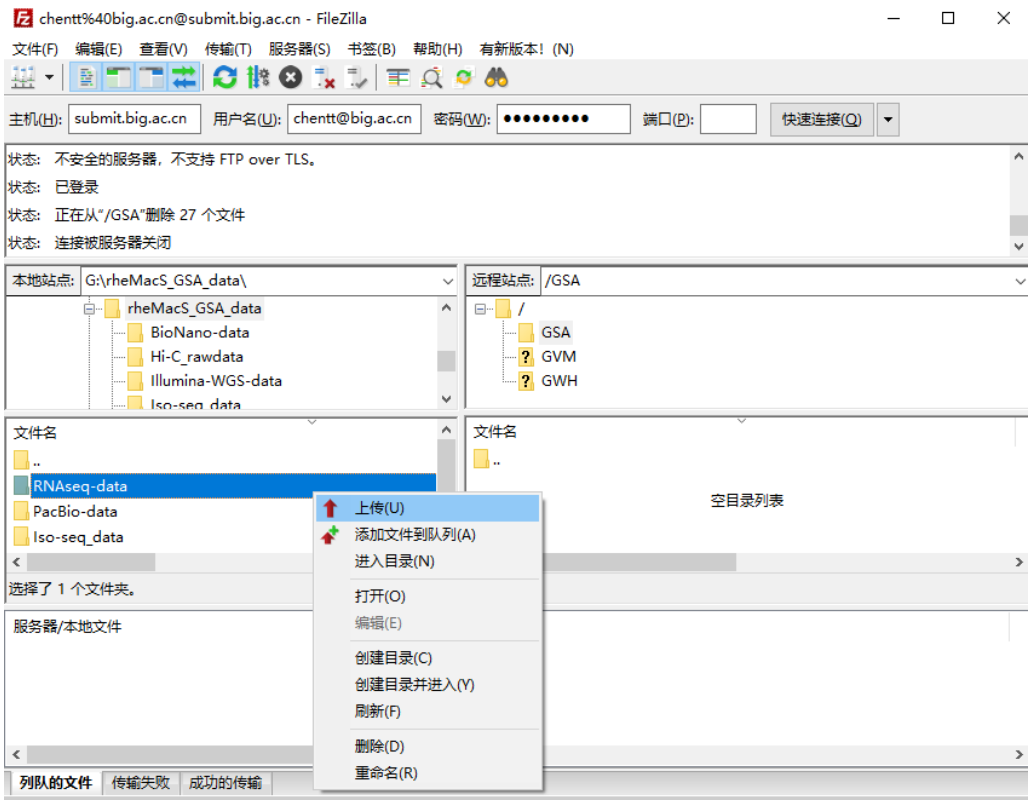



**图 3 FileZilla 客户端上传界面**

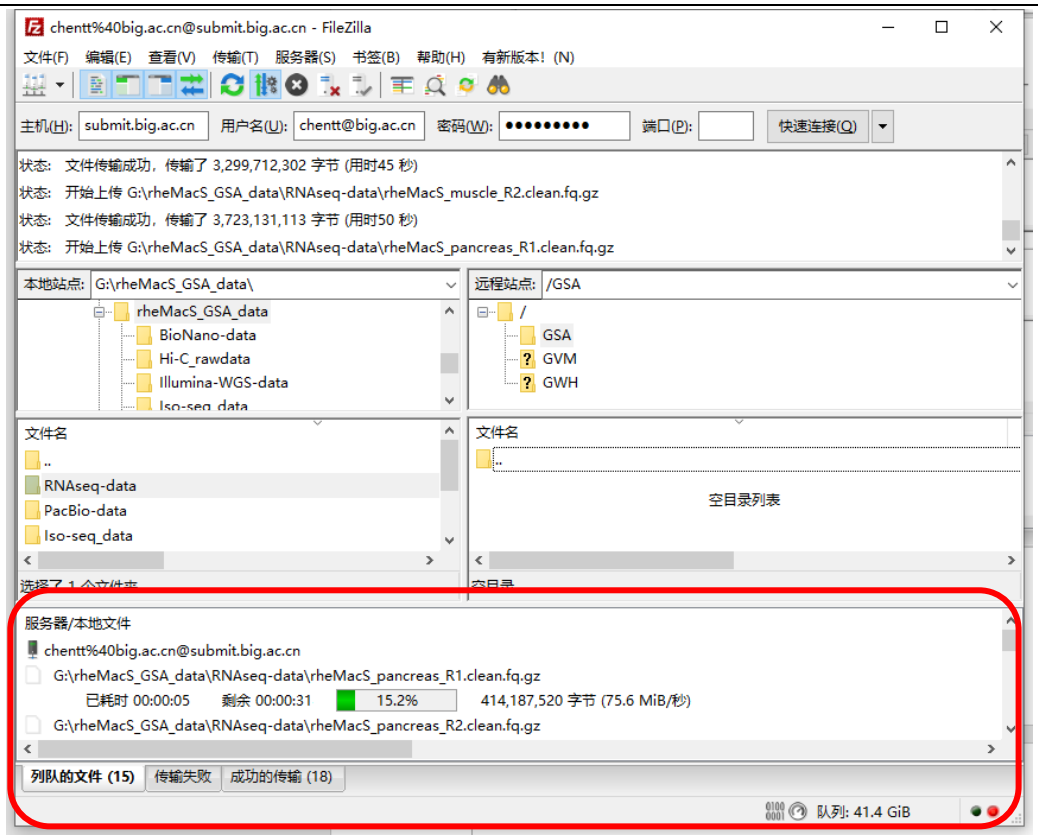



**图 4 数据传输状态**

- **FTP 命令行上传数据**

**ftp command:下划线中为需要输入的指令**

>**ftp submit.big.ac.cn**

Name: **your GSA account**

331 User name okay, need password for (your email)

Password: *******

230 User logged in, proceed.

Remote system type is UNIX.

ftp> **cd GSA**

250 Directory changed to /GSA

ftp> **binary**

200 Command TYPE okay.

ftp> **prompt**

Interactive mode off.

ftp> **mput ***

上传成功交互页面：

```
local: 16294.err remote: 16294.err
227 Entering Passive Mode (192,168,118,121,213,234)
150 File status okay; about to open data connection.
226 Transfer complete.
124 bytes sent in 0.03 seconds (4 Kbytes/s)
local: 16294.finish remote: 16294.finish
227 Entering Passive Mode (192,168,118,121,207,65)
150 File status okay; about to open data connection.
226 Transfer complete.
```

- **可能遇到的问题**

**问题 1**：FTP 登陆时，出现如图 5 所示，状态栏出现 AUTH SSL 的报错信息。

**解决方案**：如图 6 所示点击菜单栏“文件”中的“站点管理器”，修改“加密”选项为“只使用普通 FTP”或者“”，同时，填写正确的主机地址：submit.big.a.cn，帐号和密码信息。最后点击“连接”即可。

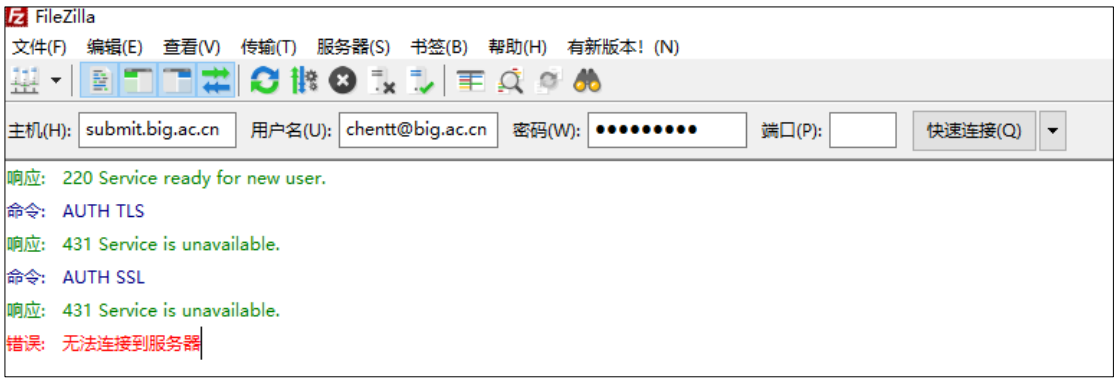



**图 5 Filezilla 报错信息**

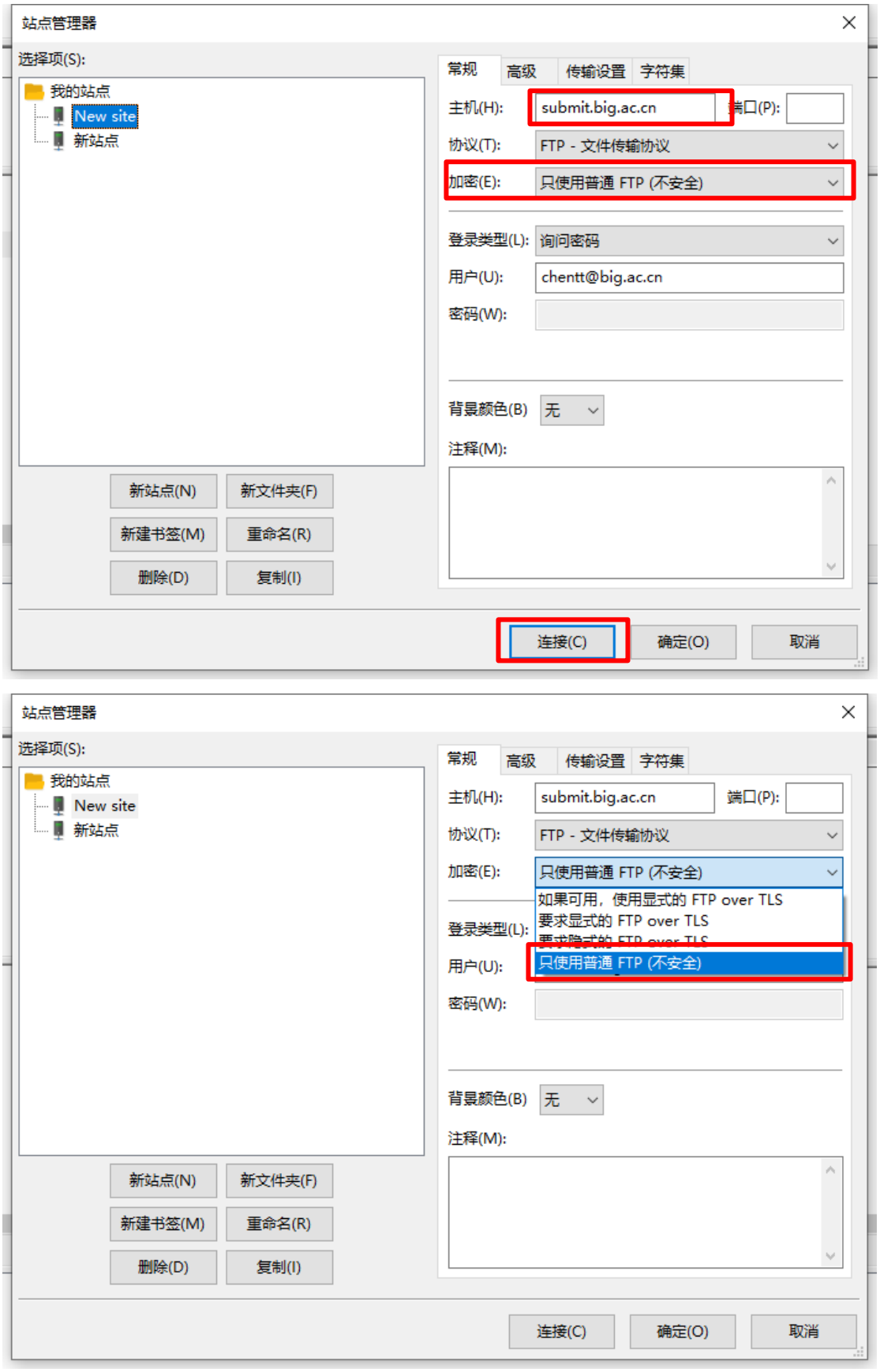
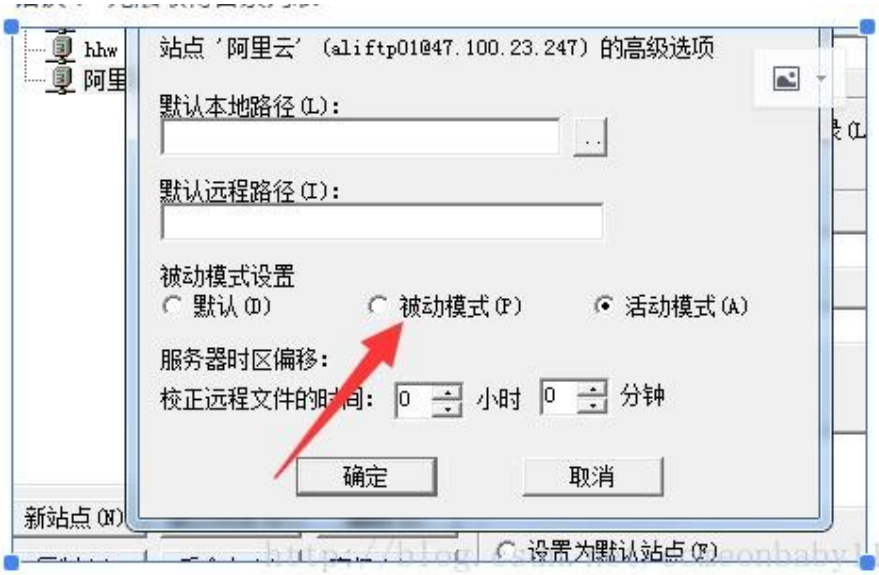

站点管理器
选择项(S):
我的站点
New site
新站点
常规
高级
传输设置
字符集
主机(H):
submit.big.ac.cn
端口(P):
协议(T):
FTP - 文件传输协议
加密(E):
只使用普通 FTP (不安全)
登录类型(L):
询问密码
用户(U):
chentt@big.ac.cn
密码(W):
背景颜色(B)
无
注释(M):
新站点(N)
新文件夹(F)
新建书签(M)
重命名(R)
删除(D)
复制(I)
连接(C)
确定(O)
取消
站点管理器
选择项(S):
我的站点
New site
新站点
常规
高级
传输设置
字符集
主机(H):
submit.big.ac.cn
端口(P):
协议(T):
FTP - 文件传输协议
加密(E):
只使用普通 FTP (不安全)
如果可用，使用显式的 FTP over TLS
要求显式的 FTP over TLS
只使用普通 FTP (不安全)
登录类型(L):
用户(U):
密码(W):
背景颜色(B)
无
注释(M):
新站点(N)
新文件夹(F)
新建书签(M)
重命名(R)
删除(D)
复制(I)
连接(C)
确定(O)
取消

**图 6 站点管理设置**

问题 2：FTP 登陆时，出现如图 7 所示，状态栏出现 MLSD 的报错（如图 7 所示），显示“读取目录列表失败”。

解决方案：Filezila –>编辑->设置中修改传输模式，改为被动模式（如图 8 所示）。


**图 7 Filezilla 报错信息**



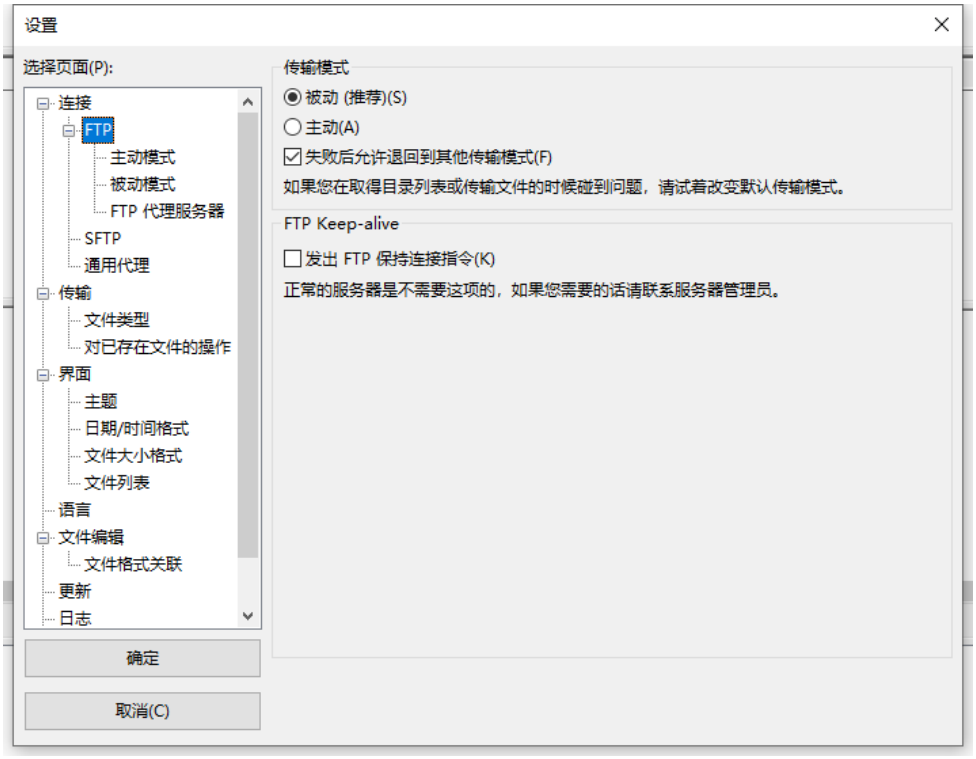



**图 8　Filezilla 传输模式修改**

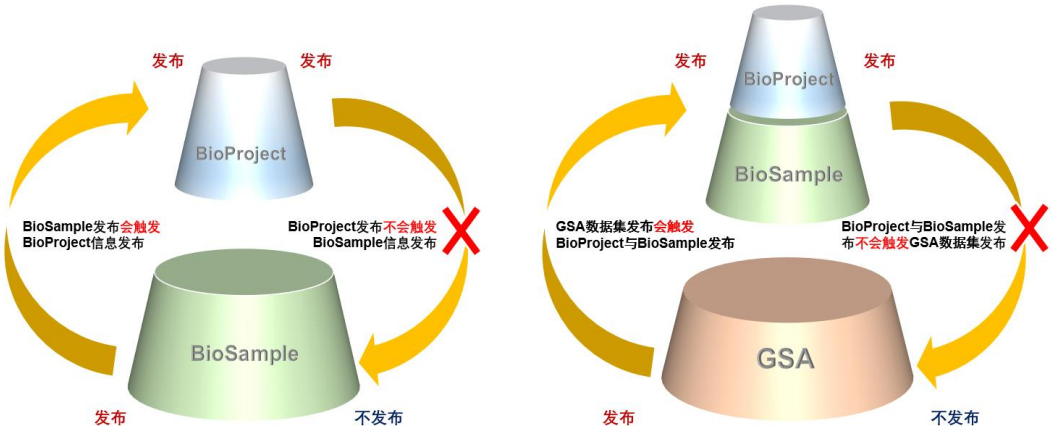
### 协助上传

GSA 充分考虑到大体量数据递交用户的需求，为一次性上传数据量大于 **1TB** 开启了硬盘寄送和协助上传的绿色通道。请您联系 GSA 工作组邮箱 gsa@big.ac.cn，填写“**PRJCA[请写上编号]-硬盘填写信息文档**”，电子版发送至工作组邮箱，并打印纸质版随数据硬盘寄送到 GSA。

### 数据触发机制说明

数据发布时，相关的 BioProject、BioSample 与 GSA 数据集遵循以下触发机制（如下图所示）：

1. BioProject 发布不会触发相关联 BioSample 信息与 GSA 数据集释放；
2. GSA 数据集发布，会触发相关联 BioProject 和 BioSample 信息释放。




数据发布触发规则

因此，请慎重填写 BioProject、BioSample 与 GSA“发布时间”，一旦发布就代表数据或信息可供其他用户公开检索和下载。

## 提交状态与操作说明

### GSA 提交状态及可用操作：


系统中 GSA 的提交状态共有 10 种，具体情况详见下表：

| 序号 | 提交状态 | 说明 | 可用操作 |
|---|---|---|---|
| 1 | **Unfinished at the General Info step** | 完成 Submitter 信息提交，进入 general info 步骤 | 修改[1]、删除 |
| 2 | **Unfinished at the Sample Type step** | 完成 General info 信息提交，如选择“未建立 sample 信息”，进入 Sample type 步骤 | 修改[1]、删除 |
| 3 | **Unfinished at the Attributes step** | 完成 Sample type 信息提交，进入 Attributes 步骤 | 修改[1]、删除 |
| 4 | **Unfinished at the Metadata step** | 完成 Attributes 信息提交，进入 GSA metadata 步骤 | 修改[1]、删除 |
| 5 | **Unfinished at the File Upload step** | 完成 GSA metadata 信息提交，进入文件上传步骤 | 修改[1]、删除 |
| 6 | **Unfinished at the Overview step** | 完成所有信息填写，进入 overview 步骤 | 修改[1]、删除 |
| 7 | **Unchecked** | 完成所有信息填写并已提交 | 修改[1]、删除 |
| 8 | **Checked failed** | 数据文件处理失败 | 修改[1]、删除 |
| 9 | **Checked OK** | 数据处理完成，归档成功。用户提交页面显示 Accession 编号 | 立即发布、生成分享链接 |
| 10 | **Deleted** | 已删除 | |

[1]: 用户可通过点击“**Submission ID**”进入样本总览界面修改 GSA 元数据信息，详细修改原则详见“GSA 数据集修改、删除和追加”。

## Experiment 提交状态及可用操作：

| 实验编号 | 实验名称 | 物种名称 | 测序平台 | 文库布局 | 样本编号: 样本名称 | 实验提交状态 | 操作 |
|---|---|---|---|---|---|---|---|
| CRX022949 | scRNA-seq of WJMSC1 | *Homo sapiens* | Illumina HiSeq 2500 | FRAGMENT | SAMC021054: scRNA-seq of WJMSC1 | *Unchecked Confidential* | 修改 删除 |
| Run编号 | Run名称 | Run序列文件处理信息 | | | | | 操作 |
| CRR022922 | scRNA-seq of WJMSC1 | CS300_TGACCA_L002_R1_001.fastq.gz | | | | *Status: Unchecked* | 修改 删除 |

系统中 Experiment 的提交状态共有 4 种，具体情况详见下表：

| 序号 | 提交状态 | 说明 | 可用操作 |
|---|---|---|---|
| 1 | **Unchecked** | Experiment 信息已提交，等待后台审核 | 修改[1]、删除 |
| 2 | **Checked OK** | Experiment 信息审核通过 | 修改[1]、删除(如果其关联的 Run 还没有进入后台处理流程) |
| 3 | **Checked failed** | Experiment 信息审核未通过 | 修改[1]、删除 |
| 4 | **Deleted** | 已删除 | 无 |

[1]: 用户可通过点击“**Submission ID**”进入样本总览界面修改 GSA 元数据信息，详细修改原则详见“GSA 数据集修改、删除和追加

## Run 提交状态及可用操作：

| 实验编号 | 实验名称 | 物种名称 | 测序平台 | 文库布局 | 样本编号: 样本名称 | 实验提交状态 | 操作 |
|---|---|---|---|---|---|---|---|
| CRX022949 | scRNA-seq of WJMSC1 | *Homo sapiens* | Illumina HiSeq 2500 | FRAGMENT | SAMC021054: scRNA-seq of WJMSC1 | *Unchecked Confidential* | 修改 删除 |
| Run编号 | Run名称 | Run序列文件处理信息 | | | | | 操作 |
| CRR022922 | scRNA-seq of WJMSC1 | CS300_TGACCA_L002_R1_001.fastq.gz | | | | *Status: Unchecked* | 修改 删除 |

系统中 Run 的提交状态共有 8 种，具体情况详见下表：

| 序号 | 提交状态 | 说明 | 可用操作 |
|---|---|---|---|
| 1 | **Unchecked** | Run metadata 信息已提交，等待后台审核 | 修改[1]、删除 |
| 2 | **Checked OK** | Run metadata 信息审核通过，等待数据文件上传 | 修改[1]、删除 |
| 3 | **Checked failed** | Run metadata 信息审核未通过 | 修改[1]、删除 |
| 4 | **Uploaded Succeed** | 数据文件匹配完毕 | |
| 5 | **Processing** | 数据文件正在处理 | |
| 6 | **Processed succeed** | 数据文件处理完成 | |
| 7 | **Processed error** | 数据文件处理错误 | 修改[1]、删除； |
| 8 | **Deleted** | 已删除 | |

[1]：用户可通过点击“**Submission ID**”进入样本总览界面修改 GSA 元数据信息，详细修改原则详见“GSA 数据集修改、删除和追加。