

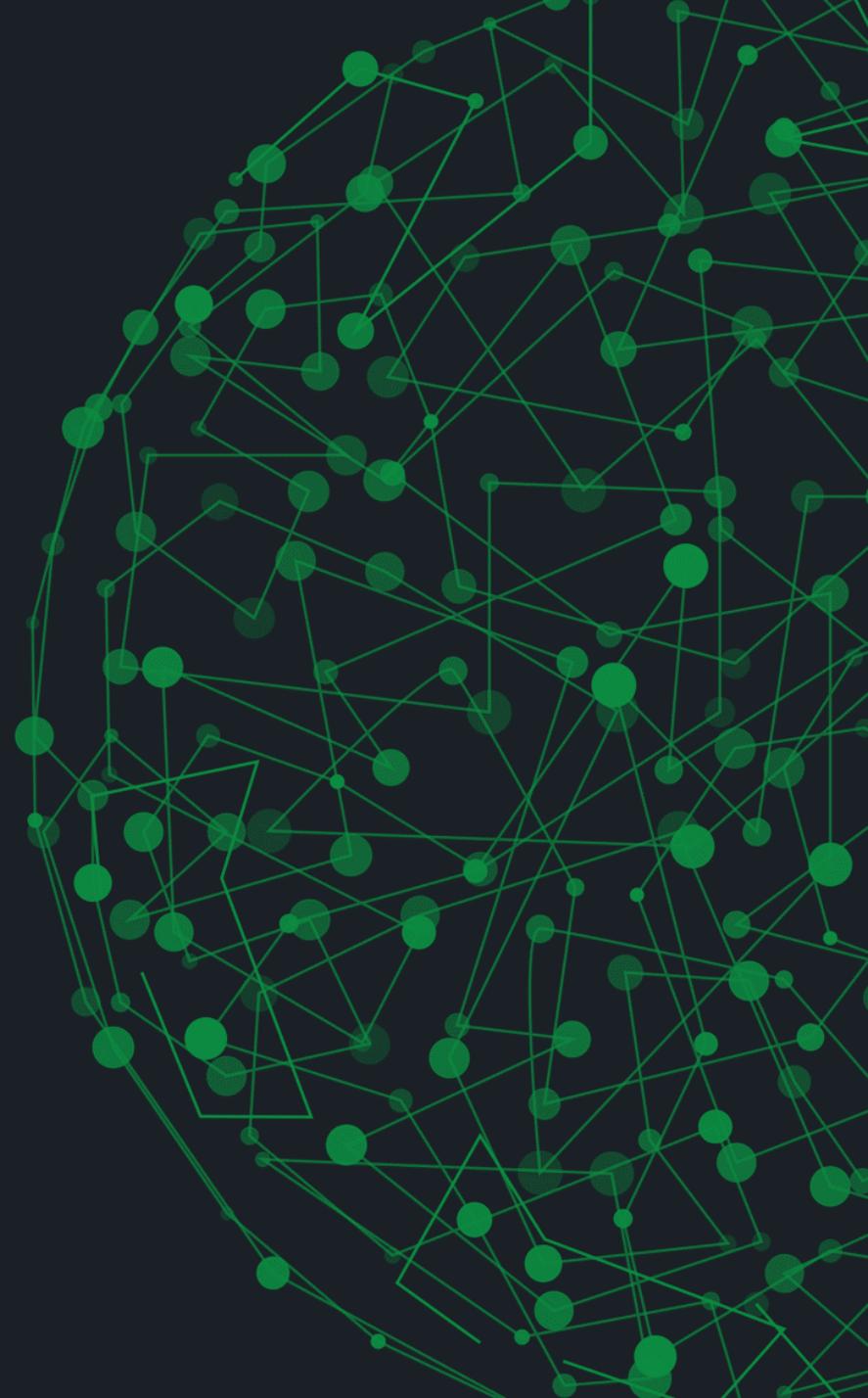
CNGBdb

国家基因库生命大数据平台

# CNSA

## 国家基因库序列归档系统

[db.cngb.org/cnsa/](http://db.cngb.org/cnsa/)



# 目录

CONTENTS

01

国家基因库 ( CNGB ) 简介

02

CNGBdb简介

03

CNSA介绍

04

提交实战

# 国家基因库

共有、共为、共享

## 国家基因库—建设背景



- 2011年1月，国家**四部委批复**建设
- 我国**首个**获批筹建的**国家级基因库**，世界上最大的基因库
- **2016年9月22日**正式投入运行
- 服务于国家战略的国家级**公益性**创新科研及产业基础设施



## 国家基因库—共有、共为、共享

### 基因库使命

**支撑** 中国  
生命科学与生命经济发展的  
资源与基础能力平台

**引领** 中国  
创新科技的  
探索与试验  
园区

### 目标

持续保持基因领域的  
国际竞争力与影响力

### 宗旨

永存、永生

共有、共为、共享

公益性、开放性、  
支撑性、引领性



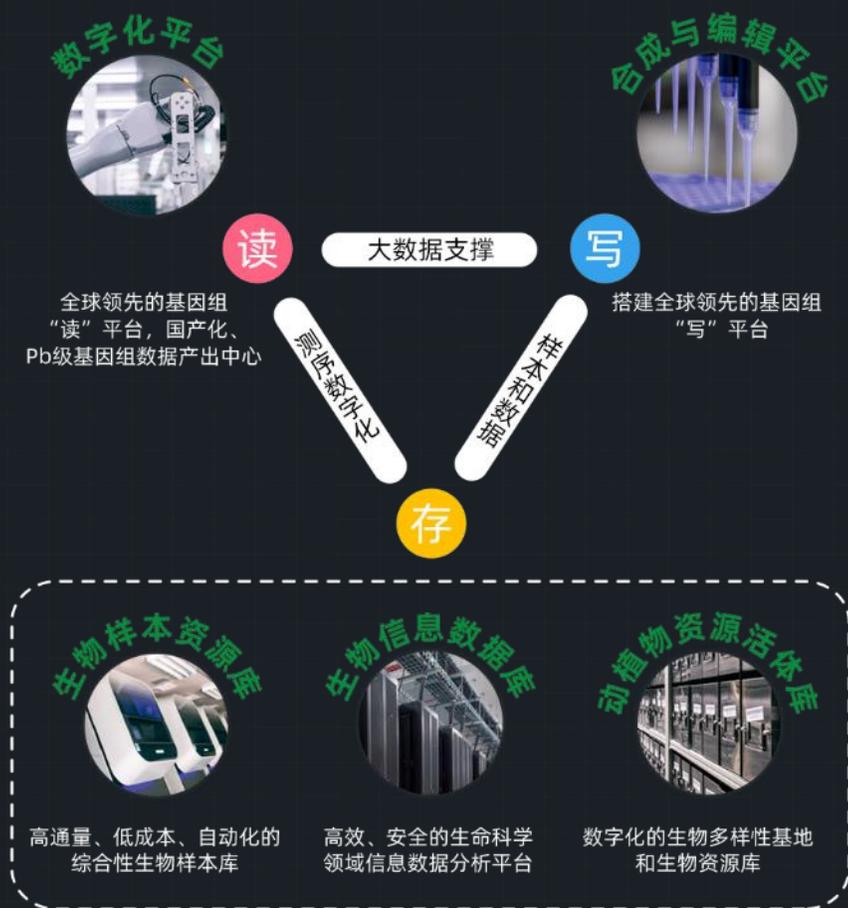
## 国家基因库—外景与内景

人文景观与自然景观相协调的生态建筑  
山海间的迷你动植物园



“高精尖”的设备、设施，生命科学研究的前沿技术

## 国家基因库—三库两平台



## 国家基因库生命大数据平台



促进生命资源的科学合理应用

读、写、存生命周期全覆盖，样本、活体、数据全贯穿

# CNGBdb

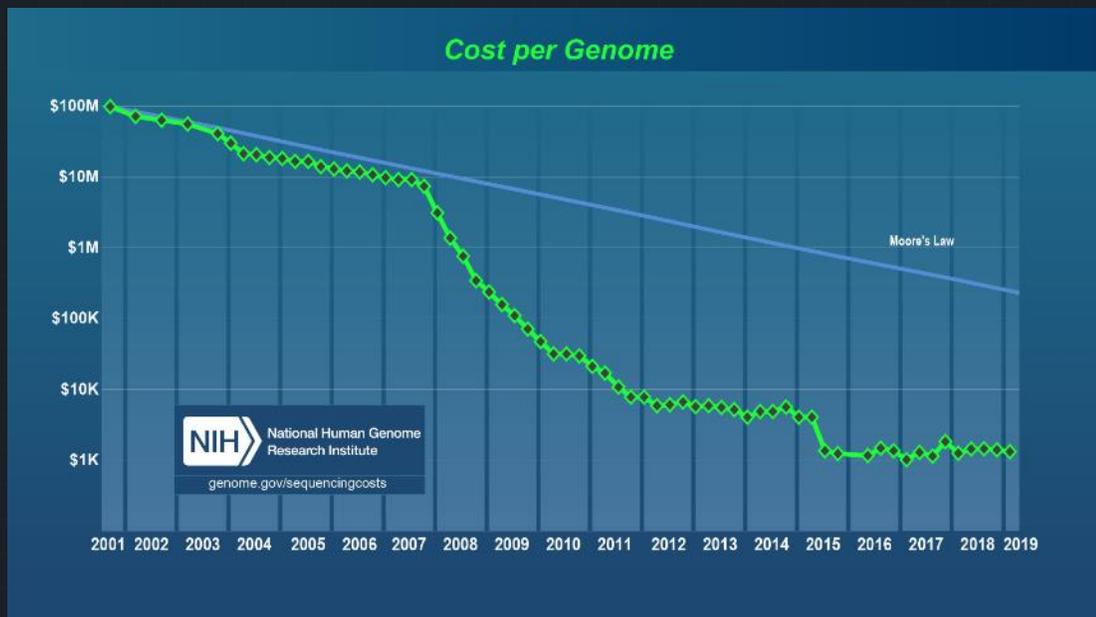
## 国家基因库生命大数据平台

生命科学垂直领域的综合应用平台



## CNGBdb—大数据时代，生命科学数据井喷式增长

- 测序技术发展：一代、二代（主流）、三代测序
- 测序费用下降（\$30亿 → \$1000以下 → \$100）

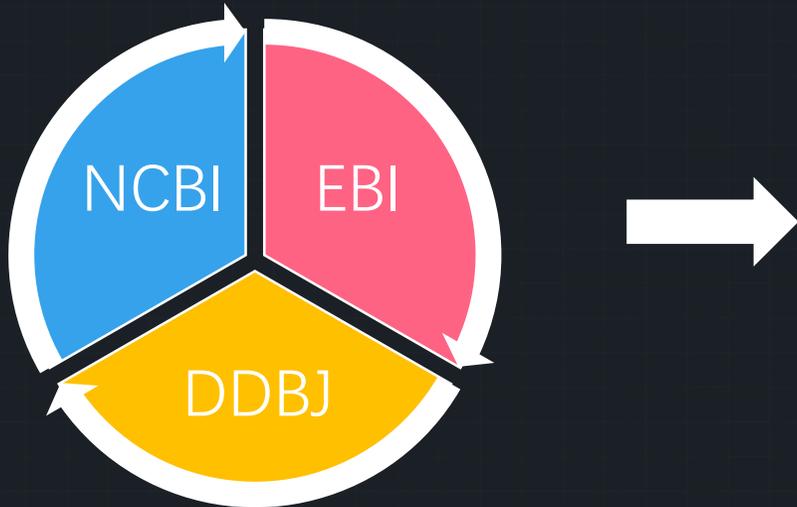


2019.09.09 商用

T7超高通量测序仪

日产6T 1天60例个人WGS

## CNGBdb—国家基因库为什么要做CNGBdb



- **数据外流**——每年产出数十PB数据，数据外流上传到NCBI，EBI等国外数据库（珍贵的数据资源流失）
- **数据管理难度大**——2018年4月《科学数据管理办法》
- **数据存储成本高**——硬盘存储/云储存
- **2018年1月 NCBI PubMed停摆**——我国应建设属于自己的生命科学数据中心

### 国务院办公厅关于印发科学数据管理办法的通知

国办发〔2018〕17号

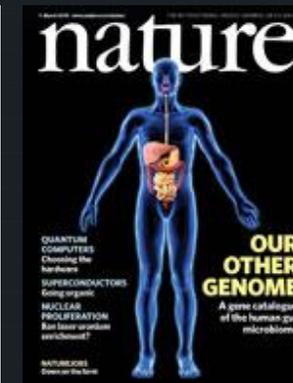
各省、自治区、直辖市人民政府，国务院各部委、各直属机构：

《科学数据管理办法》已经国务院同意，现印发给你们，请认真贯彻执行。

国务院办公厅

2018年3月17日

科学数据管理办法



打造属于我国自己的生命科学数据中心

## CNGBdb—生命科学垂直领域的综合应用平台

国家基因库 生命大数据平台

语言/Language 我的CNGBdb 登录/注册

首页 数据资源 样本资源 提交 科学数据库 BLAST 科普园

# CNGBdb

国家基因库生命大数据平台

全部 探索科学、技术与创新..... 搜索

搜索示例: CFTR; Oryza sativa; CNPhis0000101; PMID27902407 高级检索

反馈

- 数据资源  
12+生物信息子库
- 样本资源  
样本信息共享平台
- CNSA  
CNGB 数据归档服务
- 科学数据库  
覆盖10+研究领域
- 分析  
BLAST 和其他分析工具

CNGBdb是一个为科研社区提供生物大数据共享和应用服务的统一平台，基于大数据和云计算技术，提供数据归档、计算分析、知识搜索、管理授权和可视化等数据服务。

# 生命科学数据管理——国家基因库序列归档系统（CNSA）

国家基因库 生命大数据平台

语言/Language 我的CNGBdb 登录/注册

首页 提交入口 我的提交 下载 统计 操作手册 常见问题

**CNSA**  
国家基因库序列归档系统

全部 探索科学、技术与创新..... 搜索

搜索示例: CNP0000049; Momordica charantia; BGISEQ\_500

1090TB 总数据量	335TB 公开数据量	1864 项目	245330 样本	173469 实验	290791 测序
----------------	----------------	------------	--------------	--------------	--------------

**CNSA: 国家基因库序列归档系统**

国家基因库序列归档系统 (CNSA) 是一个归档全球组学数据的系统, 致力于组学数据的存储、管理和共享, 促进组学数据的再利用, 推动生命科学的发展。

**提交**  
提交数据至CNSA

**下载**  
下载CNSA归档的公开数据

为全国乃至全球用户提供快捷方便的**组学数据归档、检索和下载服务**, 帮助用户实现产生、递交、同步、查询到下载**全生命周期的完整归档、存储及数据管理, 支撑文章发表。**

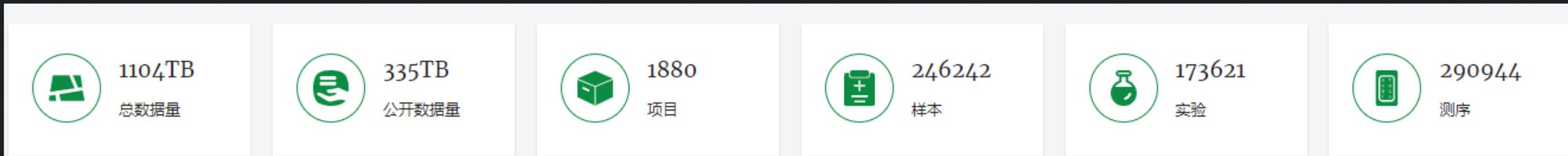
## 生命科学数据管理——国家基因库序列归档系统（CNSA）

- 2017年10月25日发布
- 遵循INSDC、DataCite等国际数据标准
- 支持项目、样本、实验/测序、组装、变异在线提交
- 大容量存储空间免费
- 支持在线批量提交（国内首先实现）
- 支持英汉双语
- 分配DOI标识
- 公开数据免费下载



## CNGBdb-CNSA VS NCBI-SRA

功能	CNGBdb-CNSA	NCBI-SRA
递交/下载	数据批量上传，下载速度快（国内FTP数据传输）	数据批量上传、下载速度慢（海底光缆数据传输）
支持文章发表	已有50多家国际期刊认可	杂志公认
	数据无需出境，符合科学数据的管理办法	数据需出境，提交到国外数据库
数据管理	数据可受控管理，符合国家三级等保	数据可受控管理
数据引用	数据集可分配DOI编号，并提供CNSA引用编号	提供SRA引用编号
服务	中英文界面	英文界面
	便捷客服服务（邮件电话，微信客服群，QQ客服群）	客服服务需排期（邮件回复）



项目：1800+ 组学数据：1PB+

支撑单位：90+

- Institute of Neuroscience and Physiology University of Gothenburg
- The Chinese University of Hong Kong
- Northwest Agriculture & Forestry University
- The University of Melbourne
- .....
- 北京大学
- 清华大学
- 上海交通大学
- 中国农业科学院
- .....

文章：80+

期刊：50+

- Cell , SCIENTIFIC DATA , New Phytologist , Frontiers in Genetics , Journal of Clinical Immunology , HLA , Frontiers in Microbiology , Analytical Chemistry , PNAS , Microbiome , Nature Communications , Molecular Medicine Reports , Nature Genetics

.....

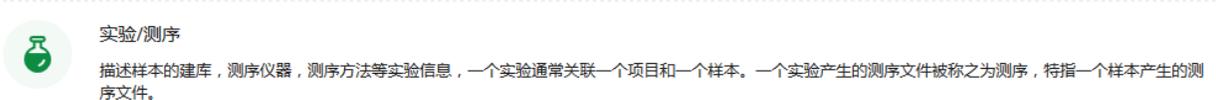
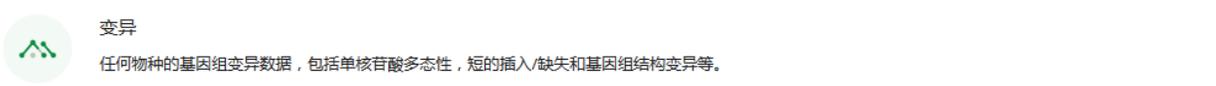
# 提交入口

首页 提交入口 我的提交 下载 统计 操作手册 常见问题

首页 / 提交入口 提交入口

## 提交入口

请您选择要提交的数据类型，为了您能更快的完成数据提交，请在提交数据之前查看[操作手册](#)。

-  **项目**  
一个项目是一个研究的总体描述，通常包含多个样本和数据集。
-  **样本**  
描述实验的材料信息，每个提交到CNSA的样本需要有一个独立的属性。
-  **实验/测序**  
描述样本的建库，测序仪器，测序方法等实验信息，一个实验通常关联一个项目和一个样本。一个实验产生的测序文件被称之为测序，特指一个样本产生的测序文件。  
**注意：**您需要递交实验/测序的元数据和数据文件，在提交实验/测序数据之前，请先创建项目和样本。
-  **组装**  
组装是用于表示物种基因组的基因组序列集。  
**注意：**您需要递交组装的元数据和数据文件，在提交组装数据之前，请先创建项目和样本。
-  **变异**  
任何物种的基因组变异数据，包括单核苷酸多态性，短的插入/缺失和基因组结构变异等。  
**注意：**在提交变异数据之前，请先创建项目和样本，实验/测序数据可以选择性递交。

## 项目推荐

- 项目编号：** CNPhis0000538  
**项目标题：** High-depth whole genome sequencing of 760 vascular plants with specimens and images available Raw sequence reads  
**样本数：** 738
- 项目编号：** CNP0000063  
**项目标题：** Whole genome sequencing of 175 Mongolians  
**样本数：** 175

## 最常见问题

[更多](#)

1. 如何上传数据？
2. 已提交的信息如何修改？
3. 已提交的信息需要经过哪些审核环节？估计多久会审核通过？
4. 什么是受控数据？如何申请受控？
5. 如何获得审稿人链接？
6. 如何引用已提交的数据？

- 提交数据前查看操作手册及注意事项
- 选择数据类型，进入提交流程

## 我的提交

国家基因库 生命大数据平台 语言/Language 我的CNGBdb guoxueqin@\*\*\*.cn

首页 数据资源 样本资源 提交 科学数据库 BLAST 科普园

首页 / 我的CNGBdb / 个人中心 我的CNGBdb

我的提交

- 项目
- 样本
- 实验/测序
- 组装
- 变异

我的服务

我的数据集

新建提交

检索提交编号和样本编号

提交编号	状态	公开日期	更新日期
sub006992	未完成  	-	2019-08-14
sub006657	未完成  	2019-01-23	2019-08-14
sub006468	未完成  	-	2019-08-14
sub006257	处理中  4 样本 <b>下载编号和属性文件</b>	2019-01-15	2019-09-11
sub005422	处理中  CNS0040129	2018-09-12	2019-07-12
sub005348	未完成  	-	2019-08-14
sub005259	处理中  CNS0010280	2019-12-31	2019-07-12

激活 Windows

- 查看已经提交的数据
- 点击“铅笔”图标可以修改
- 只能在项目修改公开日期
- 点击绿色提交编号可以查看详情
- 可查看单个提交的数据编号
- 可下载批量提交元数据及编号（最后一列）

## 下载

可免费下载已经公开的数据，若使用受控数据需要先到国家基因组数据受控中心（[https://db.cngb.org/data\\_access/](https://db.cngb.org/data_access/)）申请



名称	修改日期
[上级目录]	
CNP0000007/	2019/1/26 上午8:00:00
CNP0000008/	2019/1/26 上午8:00:00
CNP0000009/	2019/1/26 上午8:00:00
CNP0000010/	2019/1/26 上午8:00:00
CNP0000011/	2019/1/26 上午8:00:00
CNP0000012/	2018/7/4 上午8:00:00
CNP0000013/	2018/5/13 上午8:00:00
CNP0000014/	2018/5/13 上午8:00:00
CNP0000015/	2019/2/15 上午8:00:00
CNP0000016/	2018/5/31 上午8:00:00
CNP0000017/	2019/6/5 上午1:04:00
CNP0000019/	2018/5/13 上午8:00:00
CNP0000020/	2019/10/29 上午2:29:00
CNP0000021/	2018/10/7 上午8:00:00
CNP0000023/	2018/5/13 上午8:00:00
CNP0000029/	2019/5/5 上午8:00:00
CNP0000030/	2018/5/13 上午8:00:00
CNP0000032/	2018/11/30 上午8:00:00
CNP0000033/	2019/10/29 上午1:00:00
CNP0000034/	2019/1/21 上午8:00:00
CNP0000035/	2019/4/30 上午8:00:00
CNP0000037/	2018/12/30 上午8:00:00
CNP0000042/	2018/5/13 上午8:00:00



名称	大小	修改日期
[上级目录]		
Blueberry_young_fruit_1.fq.gz	2.2 GB	2019/1/22 上午8:00:00
Blueberry_young_fruit_2.fq.gz	2.2 GB	2019/1/22 上午8:00:00

# 统计

## 测序平台类型统计

### 统计图

- ▶ 提交数统计
- ▶ 数据量统计
- ▶ 样本类型统计
- ▶ 物种分类统计
- ▶ 测序平台类型统计
- ▶ 支撑文章数统计
- ▶ 支撑单位统计

### 支撑单位统计

序号	单位名称	注册用户数	提交项目数
1	华大集团	318	453
2	武汉大学	25	25
3	华中农业大学	6	9
4	中科院数学与系统科学研究院	5	5
5	中国水产科学研究院黄海水产研究所	3	5
6	金陵科技学院	2	5
7	扬州大学	3	4
8	中国农业大学	3	4
9	上海交通大学	3	4
10	香港中文大学	1	4

9-10 2019-11

首页

上一页

1

2

3

4

5

...

10

下一页

末页

# 操作手册

- 关于CNSA
- 📖 简易操作手册 >
- 📁 元数据 >
- 📄 数据文件格式 >
- 📤 FTP数据上传
- 📋 MD5校验
- 👤 伦理和人类遗传资源条例管理
- 📏 编号规则
- 📁 数据提交 >

## 关于CNSA

国家基因库序列归档系统 (CNSA) 是一个方便快捷的在线提交生物研究项目、样本、实验、测序、组装、变异等信息数据的系统, 结合国际核酸序列数据库联盟 (International Nucleotide Sequence Database Collaboration, INSDC) 标准和DataCite标准, 接受来自全球科研的测序数据、信息和其他分析结果数据的递交, 其数据递交服务可作为文献出版流程的补充, 支持早期数据的共享。CNSA致力于生物测序数据、信息和分析结果数据的存储和共享, 旨在为全球的研究者提供当前最全面的数据和信息资源, 使研究人员能够更便捷地访问数据, 促进数据的再利用。

目前为止, CNSA归档的数据总量为1090TB, 公开数据总量为335TB, 项目数为1870, 样本数为245406, 实验数为173469, 测序数为290791。

目前为止, CNSA支撑的文章总数为81, 杂志总数为57, 递交单位总数为92。

详细的统计信息请查看[统计](#)。

## 学习路径



## 常见问题

首页

提交入口

我的提交

下载

统计

操作手册

常见问题

首页 / 常用问答

常用问答

### 关于CNSA

提交数据

受控数据

查看数据

修改数据

审核数据

引用数据

下载数据

联系我们

### 什么是CNSA?

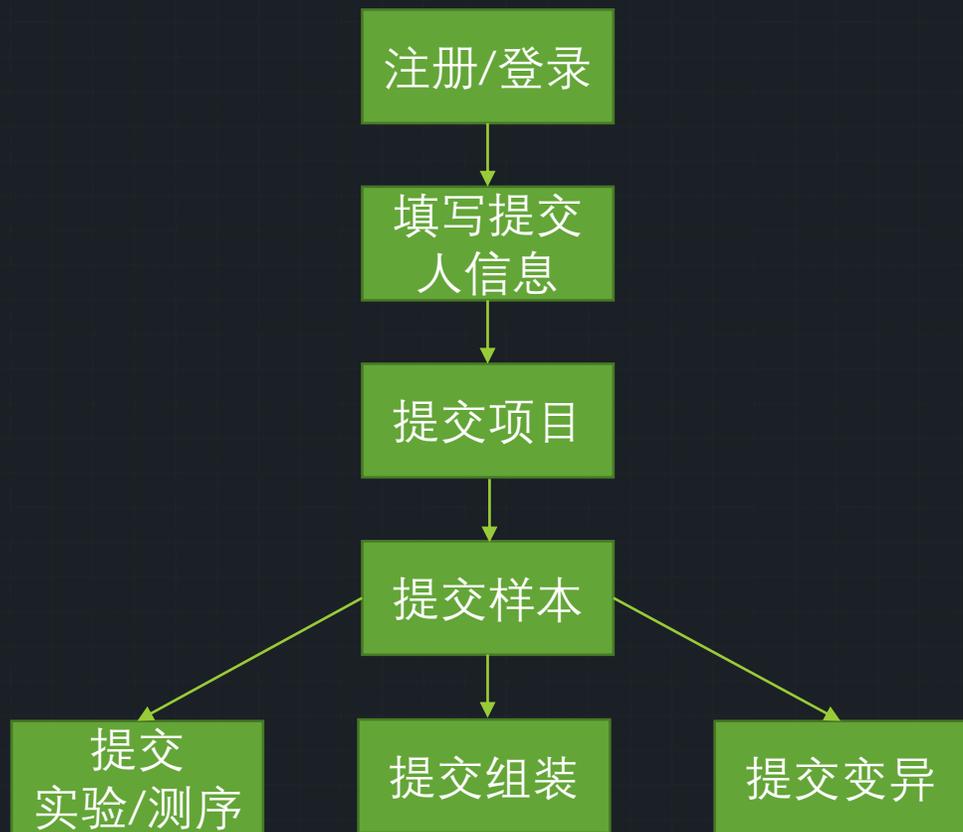
国家基因组序列归档系统 (CNSA) 是一个方便快捷的在线提交生物研究项目、样本、实验、测序、组装、变异等信息数据的系统, 结合国际核酸序列数据库联盟 (International Nucleotide Sequence Database Collaboration, INSDC) 标准和DataCite标准, 接受来自全球科研的测序数据、信息和其他分析结果数据的递交, 其数据递交服务可作为文献出版流程的补充, 支持早期数据的共享。CNSA致力于生物测序数据、信息和分析结果数据的存储和共享, 旨在为全球的研究者提供当前最全面的数据和信息资源, 使研究人员能够更便捷地访问数据, 促进数据的再利用。

目前为止, CNSA归档的数据总量为1090TB, 公开数据总量为335TB, 项目数为1870, 样本数为245407, 实验数为173469, 测序数为290791。

目前为止, CNSA支撑的文章总数为81, 杂志总数为57, 递交单位总数为92。

详细的统计信息请查看[统计](#)。

## CNSA数据提交流程



### 注意：

- 提交数据前，需要先注册/登录，填写提交人信息。
- 在提交实验/测序、组装和变异数据之前，需要先提交项目和样本。
- 项目提交后，未审核状态也可以递交其他数据类型
- 样本可以独立提交，但是只有在提交相关数据之后，样本才与项目进行关联。
- 在数据提交流程中，带\*的字段必填，其他的选填。
- 如果需要递交数据文件，为了更快捷的完成数据递交流程，建议在递交元数据前先递交数据文件。

## CNSA数据提交实战



## 提交项目-提交入口

首页      **提交入口**      我的提交      下载      统计

🏠 首页 / 提交入口

### 提交入口

请您选择要提交的数据类型，为了您能更快的完成数据提交，请在提交数据之前查看[操作手册](#)。

-  **项目**  
一个项目是一个研究的总体描述，通常包含多个样本和数据集。
-  **样本**  
描述实验的材料信息，每个提交到CNSA的样本需要有一个独立的属性。
-  **实验/测序**  
描述样本的建库，测序仪器，测序方法等实验信息，一个实验通常关联一个项目和一个样本。一个实验产生的测序文件被称之为测序，特指一个样本产生的测序文件。

**注意：**您需要递交实验/测序的元数据和数据文件，在提交实验/测序数据之前，请先创建项目和样本。

## 提交项目-数据管理

The screenshot shows a progress bar with four steps: '数据管理' (Data Management), '基本信息' (Basic Information), '详细信息' (Detailed Information), and '概览' (Overview). The '数据管理' step is currently active and highlighted in green. Below the progress bar, the '数据管理形式' (Data Management Form) section is visible. It includes radio buttons for '公开' (Public) and '受控' (Controlled), with '公开' selected. A text box explains that public data is shared on the CNGBdb platform. A date picker is set to '2019-11-14' with a note to choose a date within two years. A '保存并继续' (Save and Continue) button is at the bottom, along with a checked checkbox for '我已阅读并同意《CNSA用户须知》' (I have read and agree to the CNSA User Notice).

数据管理形式

公开  受控

即项目关联的元数据 and 数据文件都公开。您需要设置公开日期，且项目关联的所有元数据和数据文件都在该日期公开。公开数据将展示在 [国家基因库生命大数据平台 \(CNGBdb\)](#)，且面向全球开放，用户可在CNGBdb自由访问或使用。

\* 公开日期 (北京时间) :

2019-11-14 (请您选择今天或今天后两年内的日期)

保存并继续

我已阅读并同意 [《CNSA用户须知》](#)。

- 数据管理形式：慎重选择，提交之后，如需修改，联系 [datasubs@cngb.org](mailto:datasubs@cngb.org)
- 修改公开日期：我的提交->项目->点击公开日期列的“铅笔图标”->修改

## 提交项目-基本信息+详细信息

数据管理 **基本信息** 详细信息 概览

### 基本信息

\* 项目标题  项目名称  相关领域

\* 公开描述

功能注释  是  否

关联外链

URL	链接描述	操作
<input type="text"/>	<input type="text"/>	<input type="button" value="删除"/>

相关项目

项目编号	项目描述	操作
<input type="text"/>	<input type="text" value="Select"/>	<input type="button" value="删除"/>

基金资助

基金编号	基金标题	机构简称	机构	操作
<input type="text"/>	<input type="text"/>	<input type="text"/>	<input type="text"/>	<input type="button" value="删除"/>

联盟

联盟名称	联盟网址
<input type="text"/>	<input type="text"/>

数据来源

数据提供者	数据提供者链接	操作
<input type="text"/>	<input type="text"/>	<input type="button" value="删除"/>

数据管理 基本信息 **详细信息** 概览

### 项目类型

\* 项目数据类型  Genome sequencing and assembly  Raw sequence reads  Genome sequencing  Assembly  Clone ends  Epigenomics  Exome  Map  Metagenome  Metagenomic assembly  Phenotype or Genotype  Proteome  Random survey  Targeted loci cultured  Transcriptome or Gene expression  Variation  Targeted loci environmental  Transcriptome or Gene expression  Other

\* 样本范围

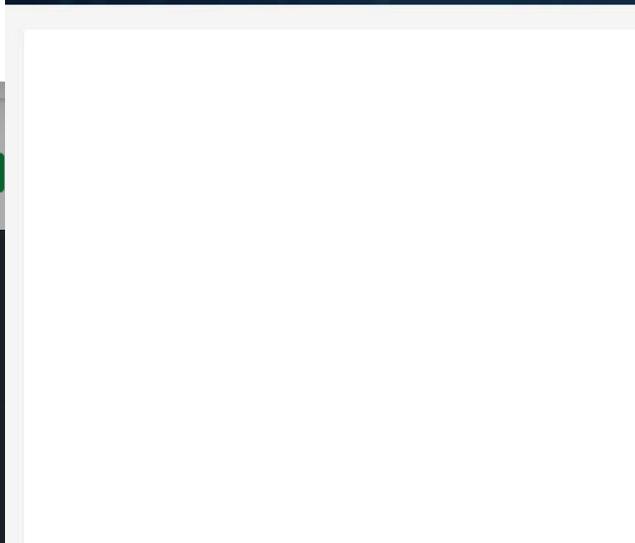
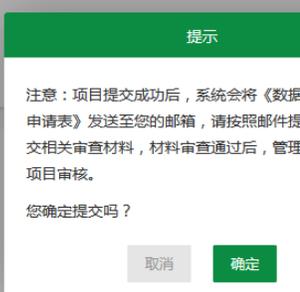
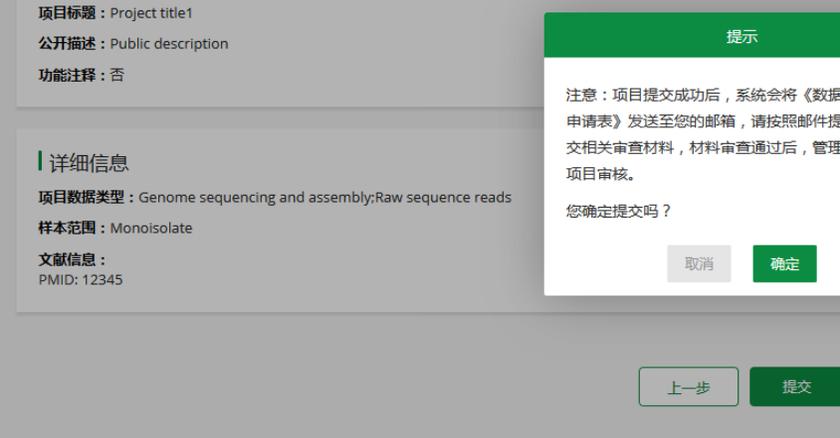
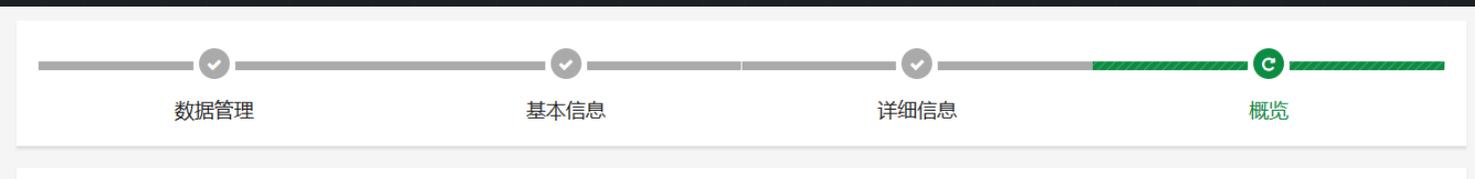
### 文献信息

PubMed编号  数字对象标识符

- 项目数据类型可以多选
- 文献信息：如果文章暂未发表，可在文章发表后，我的提交->项目->点击状态列的“铅笔”图标->补充。如果没有“铅笔”图标，联系datasubs@cngb.org。

## 提交项目-概览+提交

- 检查填写信息、提交



自动跳转到我的提交, 查看提交的信息及相关编号 (CNPXXXXXX)

- 项目提交后, 系统将《数据递交审查申请表》发送至用户邮箱, 填写后发送至cngb-ebb@cngb.org。

## 提交样本-提交入口

首页

提交入口

我的提交

下载

统计

首页 / 提交入口

### 提交入口

请您选择要提交的数据类型，为了您能更快的完成数据提交，请在提交数据之前查看[操作手册](#)。



#### 项目

一个项目是一个研究的总体描述，通常包含多个样本和数据集。



#### 样本

描述实验的材料信息，每个提交到CNSA的样本需要有一个独立的属性。



#### 实验/测序

描述样本的建库，测序仪器，测序方法等实验信息，一个实验通常关联一个项目和一个样本。一个实验产生的测序文件被称之为测序，特指一个样本产生的测序文件。

**注意：**您需要递交实验/测序的元数据和数据文件，在提交实验/测序数据之前，请先创建项目和样本。

## 提交样本-提交类型

首页 提交入口 我的提交 下载 统计 操作手册 常见问答

提交入口 / 样本 样本

### 提交类型



**提交批量样本**

如果您一次提交多个样本，建议选择批量提交方式，此方式相对单个提交更加方便、快捷。您需要在提交流程中先下载样本的批量提交模板，然后填写后上传。



**提交单个样本**

如果您一次只提交一个样本，建议选择单个提交方式。您需要在提交流程中在线填写样本信息。

一个样本->单个提交；多个样本->批量提交

## 提交样本-样本类型+上传文件

样本类型：请选择正确，提交后不能再自行修改

提交入口 / 样本

### 样本类型

\* 样本类型

Pathogen affecting public health    Clinical or host-associated pathogen(v1)

Use for pathogen samples that are relevant to public health.

### 提交样本

请您先下载所选样本类型的提交模板，然后填写并上传。

下载： [下载模板](#)    上传： Pathogen.cl.1.0.xlsx    [上传文件](#)

1. 该文件的大小不能超过100KB。

提交

### 提交样本

请您先下载所选样本类型的提交模板，然后填写并上传。

下载： [下载模板](#)    上传： [上传文件](#)

1. 该文件的大小不能超过100KB。

校验结果

请根据下面提示信息修改后重新上传。

字段名	校验规则	提交模板中错误数
collection_date	采样时间，可以是单个时间点或者时间区间。如果不能获取准确的时间，日期可以适当截断，例如:2...	14
geo_loc_name	地理位置有误(eg. China:Guangdong,Shenzhen)。	14,15
lat_lon	经纬度格式有误 ( eg. 38.98 N 77.11 W)。	14

点击下载

样本类型    样本属性

### 基本信息

\* 样本名称    样本标题

\* 分类编号    \* 生物/物种名称

9606    Homo sapiens

- 样本名：表中不能重复，也不能和自己之前提交的重复
- 物种：分类编号不清楚的，可进入单个提交查看。  
CNGBdb物种库即将上线。
- 样本公开日期：只有提交了相关数据之后，样本和项目才会关联，才有公开日期。

## 提交样本-提交

### 提交样本

请您先下载所选样本类型的提交模板，然后填写并上传。

下载：[下载模板](#)    上传： [上传文件](#)

1. 该文件的大小不能超过100KB。

预览：

sample_name	sample_title	tax_id	organism	strain	isolate	collected_by	collection_date	geo_loc_name	host	host_disease	isolation
SS1	pathogen sample	1352	Enterococcus faecium	missing	-	zhangsan	2018-09-18	China:Hubei,Wuhan	Human	infection	E. faeciur
SS2	pathogen sample	1352	Enterococcus faecium	missing	-	zh					
SS3	pathogen sample	1352	Enterococcus faecium	missing	-	zh					
SS4	pathogen sample	1352	Enterococcus faecium	missing	-	zh					
SS5	pathogen sample	1352	Enterococcus faecium	missing	-	zh					

提交

我已阅读并同意 [《CN](#)



提交成功！

管理员将对您提交的数据进行审核，请耐心等待。

7秒后，将自动跳转到“我的提交”页面。

自动跳转到我的提交，可下载提交的信息及编号  
(CNSXXXXXX，见最后一列)

## 提交实验测序-提交入口

首页      **提交入口**      我的提交      下载      统计

🏠 首页 / 提交入口

### 提交入口

请您选择要提交的数据类型，为了您能更快的完成数据提交，请在提交数据之前查看[操作手册](#)。

-  **项目**  
一个项目是一个研究的总体描述，通常包含多个样本和数据集。
-  **样本**  
描述实验的材料信息，每个提交到CNSA的样本需要有一个独立的属性。
-  **实验/测序**  
描述样本的建库，测序仪器，测序方法等实验信息，一个实验通常关联一个项目和一个样本。一个实验产生的测序文件被称之为测序，特指一个样本产生的测序文件。

**注意：**您需要递交实验/测序的元数据和数据文件，在提交实验/测序数据之前，请先创建项目和样本。

## 提交实验测序-提交类型

提交入口 / 实验/测序

实验/测序

### 提交类型



#### 提交批量实验/测序

如果您一次提交多个实验/测序，建议选择批量提交方式，此方式相对单个提交更加方便、快捷。您需要在提交流程中先下载实验/测序元数据的批量提交模板，然后填写后上传。

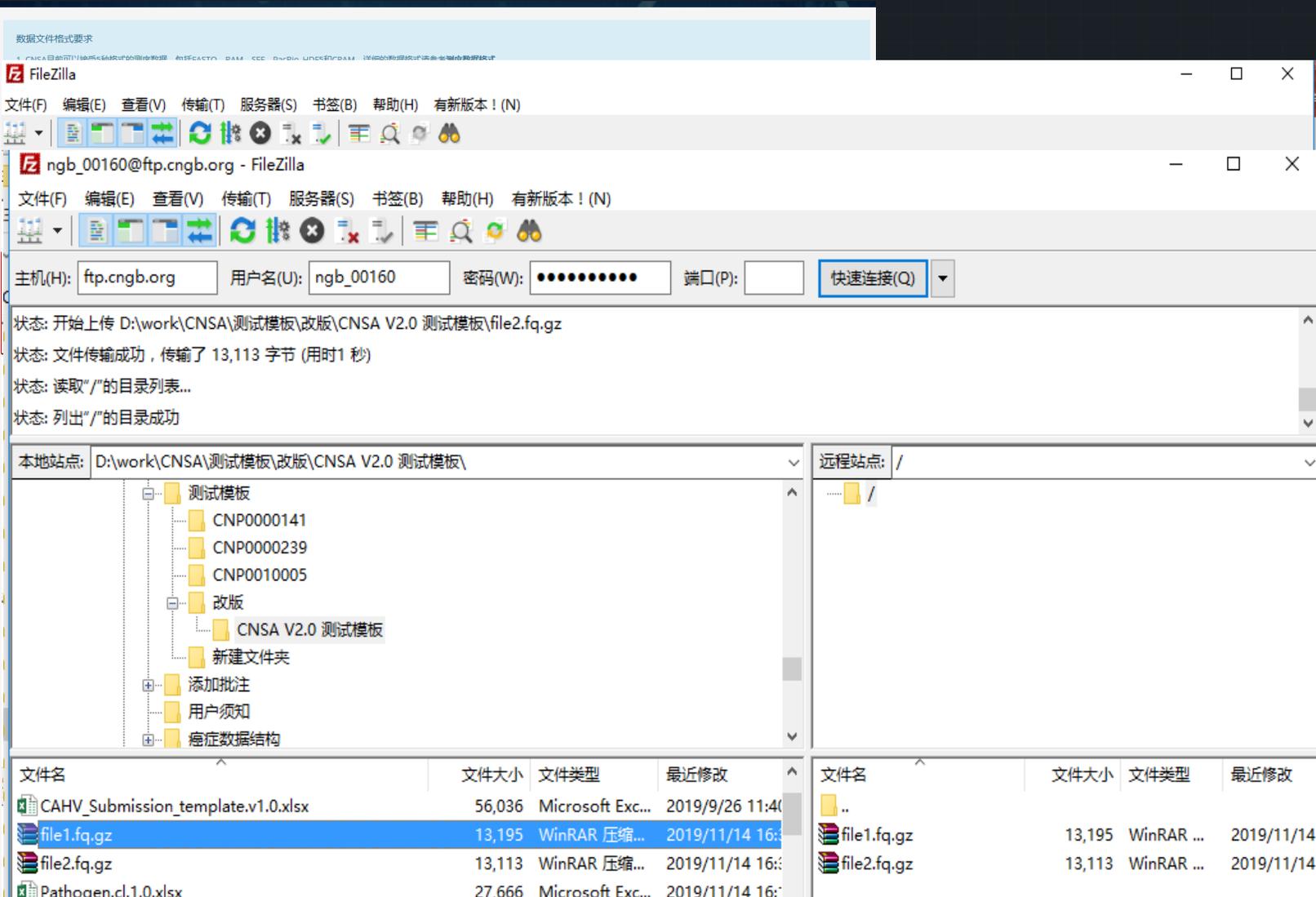


#### 提交单个实验/测序

如果您一次只提交一个实验/测序数据，建议选择单个提交方式。您需要在提交流程中在线填写实验/测序的元数据。

一个实验/测序->单个提交；多个实验/测序->批量提交

## 提交实验测序-数据文件



- 提交元数据文件之前先上传数据文件
- 所有用户可使用FTP上传数据，也可邮寄硬盘，华大用户可选择集群上传。
- FTP服务器、用户名和密码可在提交流程或“MyCNGBdb-我的服务”查看。  
每个用户都有一个唯一的FTP账户。
- 数据上传完之后，请勿随意移动数据，否则无法完成归档。

## 提交实验测序-元数据

首页 提交入口 我的提交 下载 统计 操作手册 常见问题

提交入口 / 实验 实验



**提交成功!**

管理员将对您提交的数据进行审核, 请耐心等待。

6秒后, 将自动跳转到“我的提交”页面。

- 填写批量模板文件时, 先查看相关说明和字段批注。
- 元数据文件大小不能超过100KB。
- 实验/测序提交成功后, 自动跳转到我的提交, 可下载编号 (实验: 以CNX为前缀; 测序: 以CNR为前缀)

有问题？.....

FAQ

Handbook

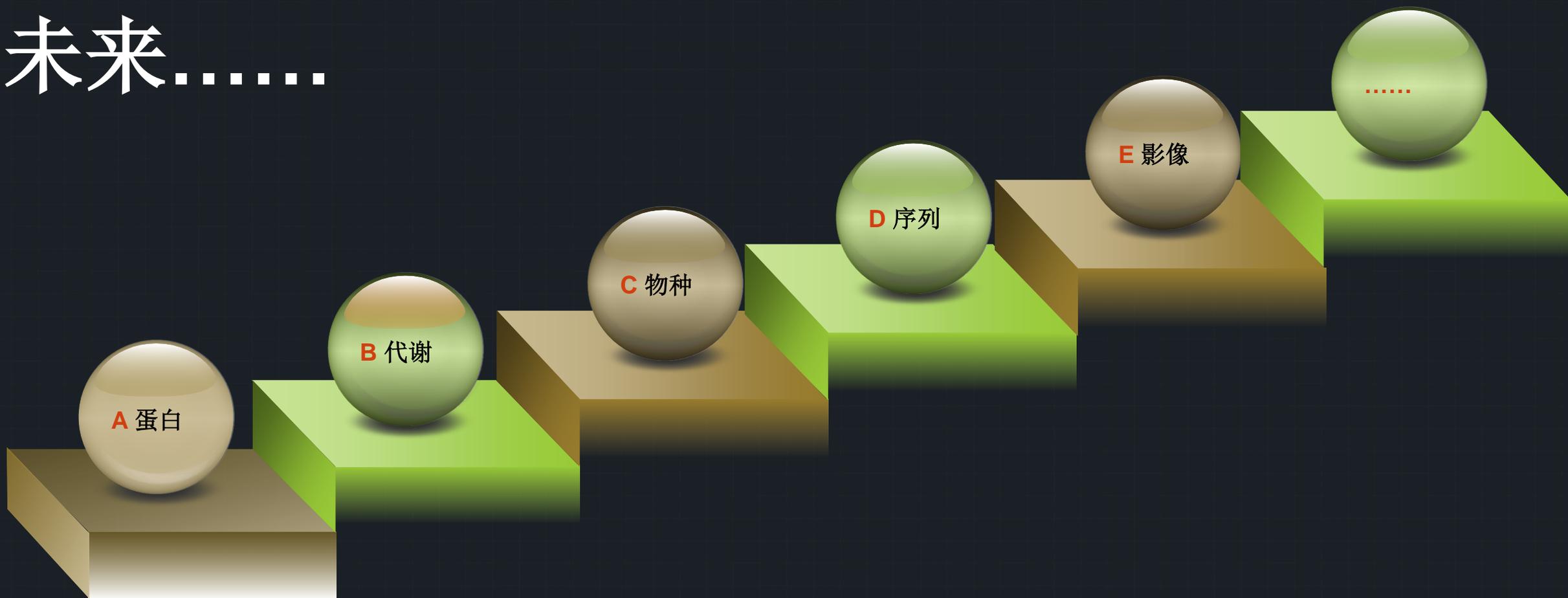
[datasubs@cngb.org](mailto:datasubs@cngb.org)



Tel:0755-33945586

群名称:CNGBdb国库生命数据平台  
群号:894343659

# 未来.....





感谢聆听，感谢支持！



微信：国家基因库大数据平台