

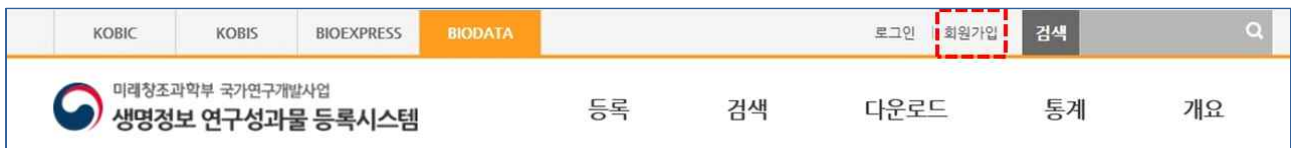
# 생명정보 연구 성과물 등록 시스템 매뉴얼 (등록자용)

국가생명연구자원정보센터(KOBIC)는 '대통령령 제25544호 국가연구개발사업의 관리 등에 관한 규정 제25조(연구개발정보의 관리) 제13항 및 제14항'에 의거 국가연구개발사업을 통해 산출되는 생명정보 연구성과물 등록을 받는 전담기관으로서, 생명정보 연구성과물 등록 시스템을 운영하고 있습니다. 본 매뉴얼을 통해 연구자 누구나 손쉬운 생명정보 연구성과물 등록이 되길 바랍니다.

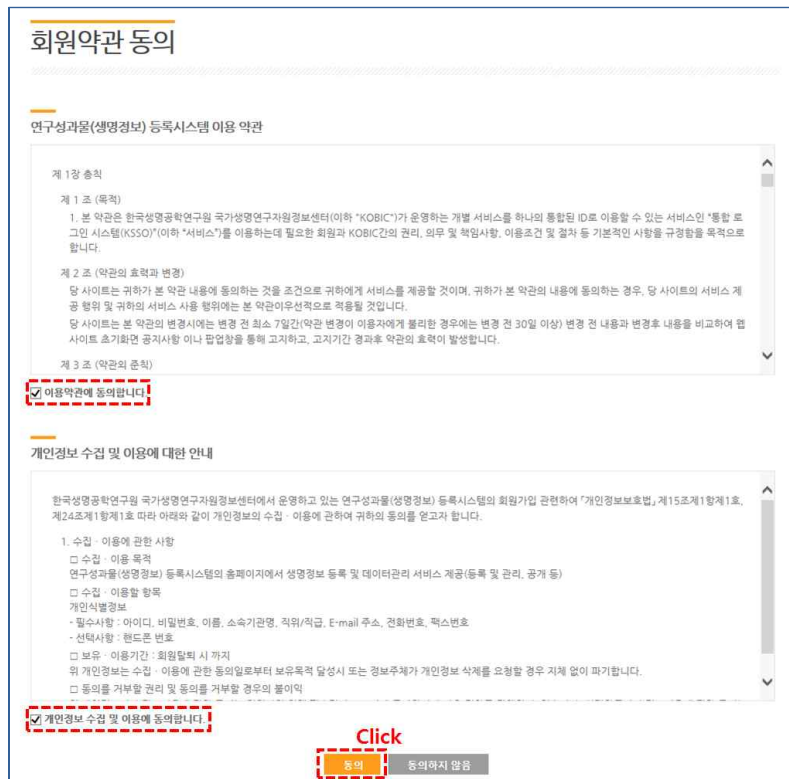
1. 생물정보 연구성과물 등록시스템 접속: <http://biodata.kr>

## 2. 회원가입

- 생명정보 연구성과물 등록을 위해서는 반드시 회원 가입 과정을 거쳐야 합니다.
- KOBIS에 회원가입이 되어있다면 해당 ID와 비밀번호로 로그인 가능합니다.
- 등록 의뢰자는 연구책임자 본인일 필요는 없습니다. (과제 참여 연구원 가능)



- 회원약관 동의를 반드시 읽어보시고, 동의란에 체크를 하신 후 동의를 click 합니다.



- 필수 입력 항목을 기입 후 회원가입 버튼을 click하면 회원가입이 완료됩니다.

## 회원가입

\* 은 필수 입력 항목입니다.

|             |   |      |                |
|-------------|---|------|----------------|
| * 사용자 ID    | <input type="text" value="kobic"/>              | 중복체크 | 등록 가능한 아이디입니다. |
| * 비밀번호      | <input type="password" value="*****"/>          |      |                |
| * 비밀번호 확인   | <input type="password" value="*****"/>          |      |                |
| * 성명        | <input type="text" value="김민서"/>                |      |                |
| * 소속기관명     | <input type="text" value="한국생명공학연구원"/>          |      |                |
| 직위/직급       | <input type="text" value="연구원"/>                |      |                |
| * E-mail 주소 | <input type="text" value="minseo@kribb.re.kr"/> |      |                |
| * 전화번호      | <input type="text" value="0428798537"/>         |      |                |
| 핸드폰 번호      | <input type="text"/>                            |      |                |
| * 팩스번호      | <input type="text" value="0428798519"/>         |      |                |

Click  
회원가입    초기화

### 3. 생명정보 연구성과물 등록

- 생명정보 연구성과물 등록을 위해서 고속 전송 시스템인 KoDS를 설치합니다.
- KoDS는 JAVA 응용프로그램으로서 사용자 컴퓨터 OS에 해당하는 파일을 다운받습니다.
- JRE Version 7.0이상에서 실행되고, 설치가 되어 있지 않는 경우는 JAVA 다운로드 창이 자동으로 생성됩니다.

KOBIC   KOBIS   BIOEXPRESS   **BIODATA**
로그인 | 회원가입   검색

미래창조과학부 국가연구개발사업
등록   검색   다운로드   통계   개요

### 생명정보 연구성과물 등록시스템

생명정보 연구성과물 등록 시스템에서는  
연구과제명, 연구과제책임자,  
 주관연구기관명, 기준년도에 대해서 검색이 가능합니다.

검색 바로가기 ▶

매뉴얼   매뉴얼 PDF 다운로드

설치방법   유튜브 동영상 확인

고속전송   고속전송 소프트웨어 다운로드

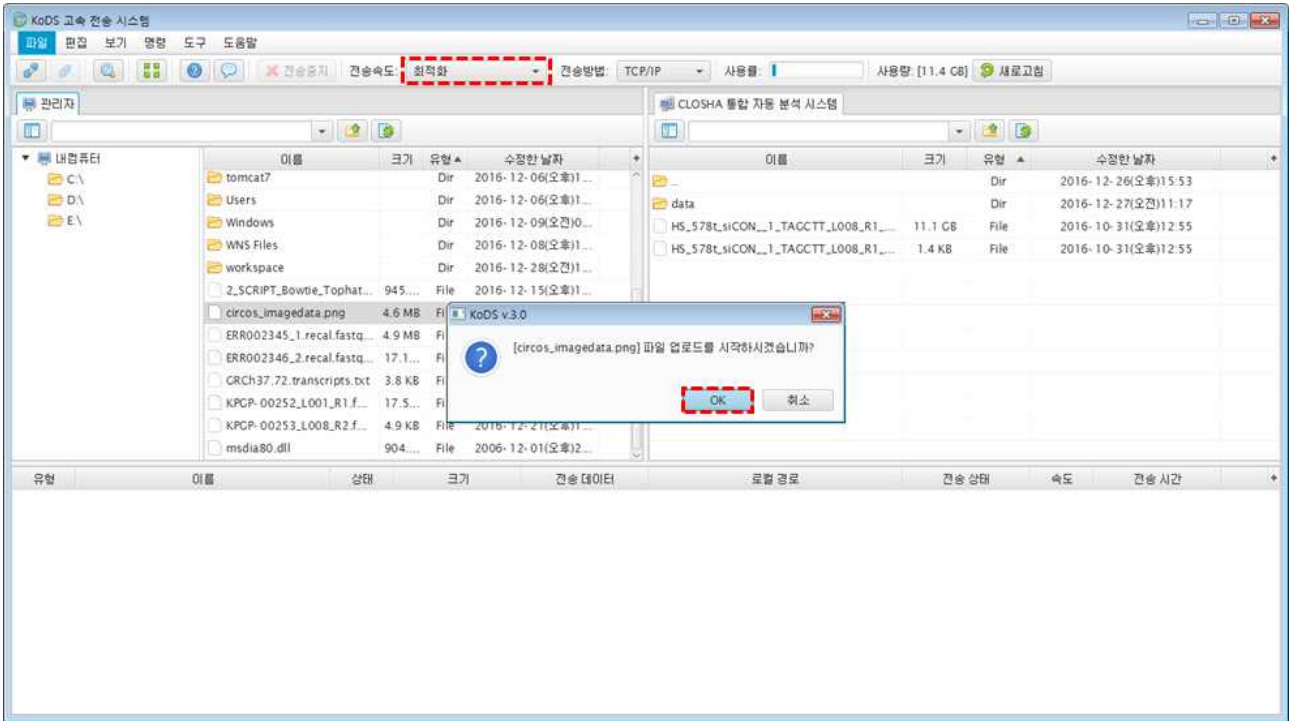
Simple Sequence   **Genome (Assembled Genome sequence)**   Transcriptome

biodata.kr의 KoDS-v.2.0-windows.zip(85.0MB)을(를) 열거나 저장하시겠습니까?
열기(O)   저장(S)   취소(C)   x (닫)

- 해당 기관 및 장소의 네트워크 상황에 따라 다운로드 시간이 몇 분 정도 소요될 수 있습니다. KoDS-v.2.0.zip 파일을 해당 폴더에서 압축을 풉니다.
  - 압축을 푼 폴더 안에 KoDS-v2.0.exe를 설치 후 실행시키고, 접속 서비스를 ‘**연구성과물 등록 시스템**’ 으로 선택합니다.
- 사용자 **아이디**와 **비밀번호**는 등록시스템 **아이디**와 **비밀번호**가 동일합니다.



- 왼쪽 사용자 영역에 있는 등록할 파일 선택 후, 마우스 왼쪽 버튼을 누른 상태에서 드래그 앤 드롭으로 파일을 연구성과물 등록 시스템 영역으로 옮겨 놓습니다.
- 주요 프로그램이 있는 C드라이브나 windows 폴더 안의 데이터는 전송 불가합니다.
- 전송속도를 최적화로 설정해 놓으면, 사용자 네트워크 상태를 고려해서 부하가 걸리지 않게 자동 조절을 합니다.
- 파일 전송 상태를 모니터링 가능하며, 사용자 영역에 해당 파일의 전송완료 여부를 확인 할 수 있습니다.
- NGS Rawdata의 경우는 샘플 파일별 압축(zip)을 권장합니다.
- 여러 파일이 묶여 있는 경우는 데이터 특성을 등록페이지에 적어주시면 됩니다.



- KoDS로 등록하실 모든 데이터를 옮긴 후 등록 버튼을 클릭합니다.



- 연구과제 검색 버튼을 click 후, 본인이 참여한 연구 과제를 검색 후 선택 버튼을 click 합니다. 연구과제정보는 자동으로 채워집니다.

|        |  |   |   |
|--------|--|---|---|
| 연구과제정보 | <input checked="" type="radio"/> NTIS 연구과제 <input type="radio"/> 당해년도 KRIBB 기관고유과제 |   | <b>Click</b><br><div style="border: 2px dashed red; padding: 5px; width: fit-content; margin: 10px auto;">         연구과제 검색       </div> |
|        | * 세부과제번호   | <input type="text"/>                        |   |
|        | * 과제고유번호   | <input type="text"/>                        |   |
|        | * 연구과제명  | <input type="text"/>                        |   |
|        | * 주관부처명  | <input type="text"/>                        |   |
|        | * 주관연구기관명  | <input type="text"/>                        |   |
|        | * 연구책임자  | <input type="text"/>                        |   |
|        | * 기준년도   | <input type="text"/>                        |   |
|        | * 당해년도 연구기간  | <input type="text"/> ~ <input type="text"/> |   |

1. 연구과제 참여 연구원 박기정

2. 연구과제명 OR

3. 기관명 ANC 한국생명공학연구원

4. 기준연도 ANC 2013

search



| 과제 고유번호    | 연구과제명                  | 연구 책임자 | 주관 연구기관   | 주관 부처명  | 기준연도 | 당해 연구기간           | 세부 과제번호      | 과제선택 |
|------------|------------------------|--------|-----------|---------|------|-------------------|--------------|------|
| 1345203387 | 생명연구자원 통합시스템 활용기반 구축사업 | 박기정    | 한국생명공학연구원 | 미래창조과학부 | 2013 | 20130601~20140531 | 2010-0029345 | 선택   |

- 연구과제정보가 채워질시 html태그가 포함되어 있는 경우에는 해당 담당자에게 연락을 주시기 바랍니다. (NTIS 쪽 데이터 오류인 경우로 KISTEP에 통보하여 처리하겠습니다.)

- KoDS 시스템을 통해서 전송된 연구성과물을 등록하기 위해 연구성과물 파일리스트 추가 버튼을 click 합니다.

연구성과물 파일리스트

추가 삭제

Click

| 처리               | 파일명 | 대분류 | 중분류 | 소분류 | 형태 | 대표 성과 |
|------------------|-----|-----|-----|-----|----|-------|
| <p>데이터등록 초기화</p> |     |     |     |     |    |       |

- 등록할 생명정보 데이터 타입에 따라 연구성과물 정보를 입력합니다. 분류에 대한 설명은 <http://biodata.kr/introduce> 및 7. 생명정보 유형을 참고하시면 됩니다.
- 생명정보 대분류가 Genome (Assembled Genome Sequence) 인 경우 Annotation 정보 입력란이 자동 생성됩니다.
  - 생명정보 대분류가 Genome이 아닌 경우

성과물파일

|                        |   |
|------------------------|---|
| * 생명정보 대분류             | Simple Sequencing   |
| * 생명정보 중분류             | Single nucleotide submission  |
| * 생명정보 소분류             | Plant   |
| * 생명정보 형태              | gDNA  |
| * 생명정보 파일형식            | FASTQ   |
| * 학명 (scientific name) | Glycine max   |
| * 데이터공개 날짜             | <input type="radio"/> 6개월 <input checked="" type="radio"/> 1년 <input type="radio"/> 3년 <input type="radio"/> 5년 <input type="radio"/> 날짜선택 20171109 |
| * 성과물 파일               | 파일찾기  |

등록 수정 닫기

- 생명정보 대분류가 Genome인 경우

- 파일찾기를 click하면, KoDS 시스템을 통해서 전송된 파일이 보입니다. 해당 파일 선택 후 등록 버튼을 click합니다.

- 데이터등록 버튼을 click하면, 연구성과물 데이터 등록이 완료 됩니다.
- 등록된 파일들 중, 연구성과물 정보가 다른 경우는 추가 버튼을 click 하신 후, 정보 입력 및 파일 등록 과정을 반복하면 됩니다.

연구성과물 파일리스트

추가 삭제

| 처리                       | 파일명                       | 대분류               | 중분류              | 소분류      | 형태                  | 대표성<br>과                         |
|--------------------------|---------------------------|-------------------|------------------|----------|---------------------|----------------------------------|
| <input type="checkbox"/> | Full-Length<br>cDNA.fasta | Simple Sequencing | Small size gDNAs | Bacteria | Nucleotide sequence | <input checked="" type="radio"/> |


Click 데이터등록 초기화

- 등록이 완료 되면 등록 완료 메시지가 보입니다.

KOBIC KOBIS BIOEXPRESS **BIODATA** minseo님환영합니다. | 마이페이지 | 로그아웃 | 관리자 검색

미래창조과학부 국가연구개발사업  
생명정보 연구성과물 등록시스템

등록 검색 다운로드 통계 개요



등록이 완료 되었습니다.

확인

- 마이페이지를 통해서 사용자가 등록한 연구성과물의 등록 진행 상태를 확인 할 수 있습니다.

KOBIC KOBIS BIOEXPRESS **BIODATA** minseo님환영합니다. | 마이페이지 | 로그아웃 | 관리자 검색

미래창조과학부 국가연구개발사업  
생명정보 연구성과물 등록시스템

등록 검색 다운로드 통계 개요

### minseo님의 페이지

| No. | 과제고유번호     | 세부과제번호         | 연도   | 과제명                      | 등록상<br>태 |
|-----|------------|----------------|------|--------------------------|----------|
| 1   | 1395030486 | PJ008197012013 | 2013 | 환경 스트레스 내성 동진 버 합질전환체 개발 | 진행중      |

회원정보 수정

#### 4. 연구성과물 등록번호

- 등록된 연구성과물에 대해서 검증 작업이 진행되고, 데이터의 오류가 있는 경우는 등록 의뢰자와의 긴밀한 연락을 통해 데이터 보정작업을 진행합니다. 관리자 검증 작업이 완료되면, 연구성과물 등록증을 등록자의 메일로 부여합니다. 등록증 부여는 2~3일 이내로 완료됩니다.

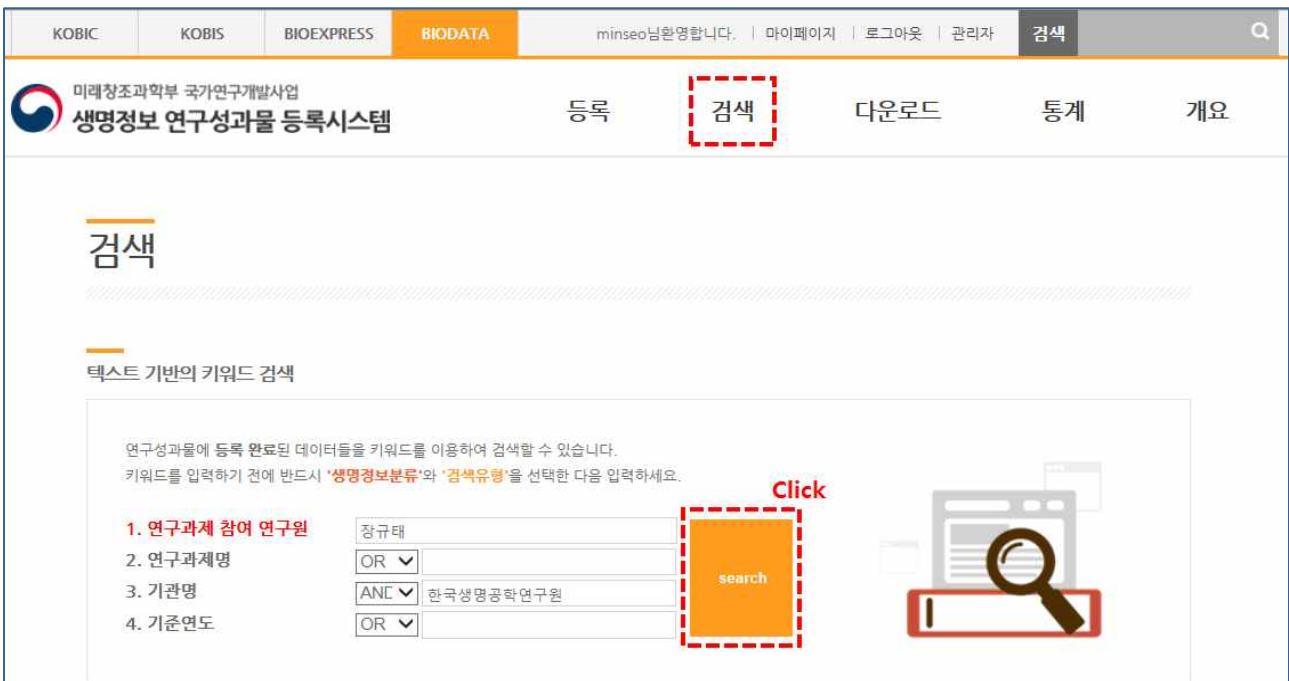
#### 5. 생명정보 연구성과물 검색

생명정보 연구성과물 등록시스템의 검색 시스템은 크게 통합 검색과 세부과제 검색으로 구분되어 제공됩니다.

- 통합 검색 : 입력된 키워드를 통해 등록된 데이터들을 검색하는 통합 검색 기능입니다. 과제명, 학명, 기관명, 과제 책임자, 생명정보 유형 등에서 키워드를 포함한 데이터를 검색 할 수 있습니다.



- 세부과제 검색 : 연구성과물에 등록 완료된 데이터들을 키워드를 이용하여 검색할 수 있습니다. 연구과제 참여 연구원 란에 과제 책임자 또는 참여자를 입력하고, 추가로 연구과제명, 기관명, 기준연도로 검색 가능합니다.

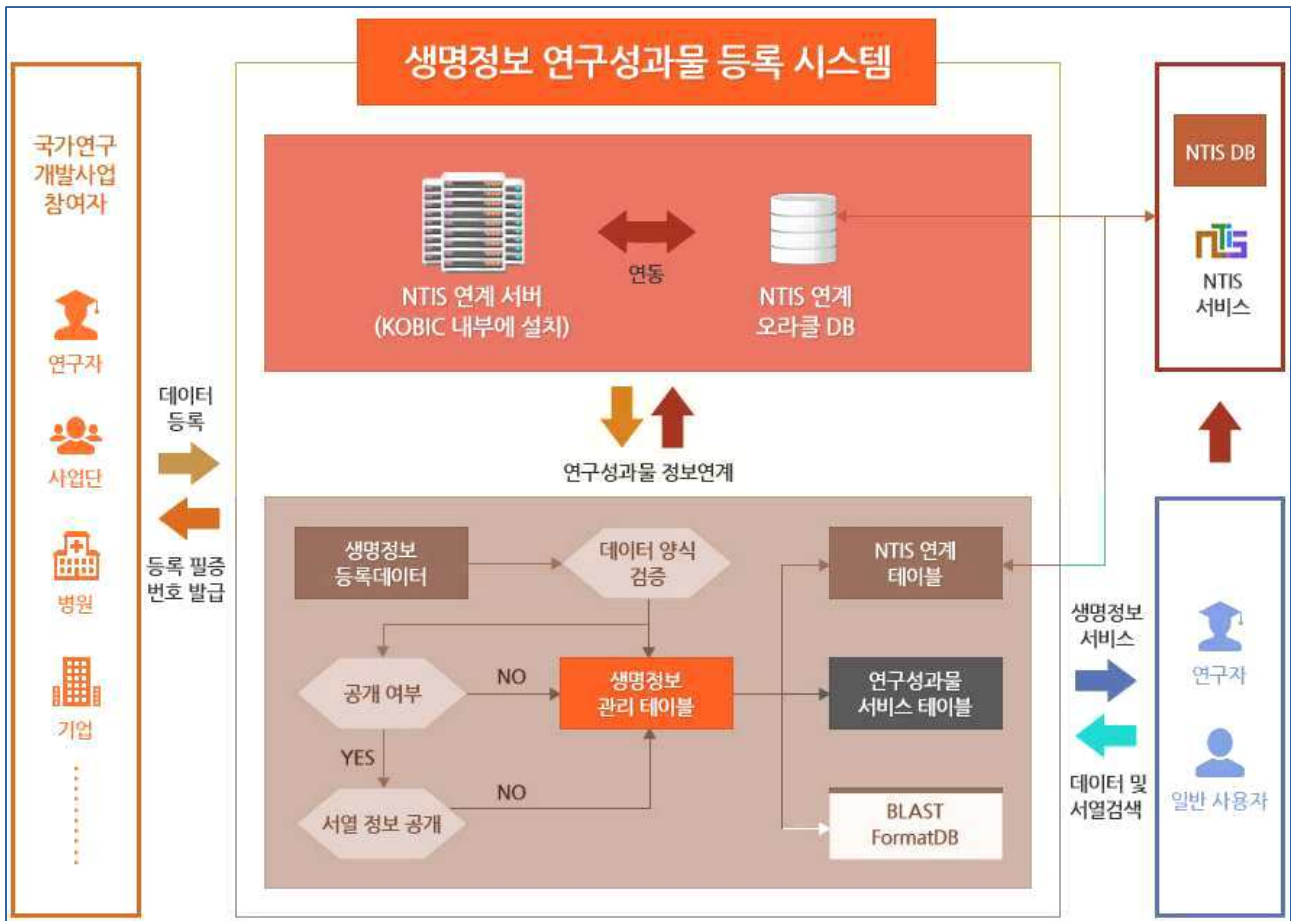




- 키워드 입력 후 search 버튼을 click하면 등록 완료된 연구성과물 정보를 볼 수 있고, 상세조회 클릭 시 과제 정보 및 데이터를 확인 할 수 있습니다.

| 연구성과물검색 |            |          |        |        |           |      |               |   |
|---------|------------|----------|--------|--------|-----------|------|---------------|---|
| No.     | 과제고유번호     | 과제등록번호   | 성과발생년도 | 생명정보명  | 등록기관명     | 등록자명 | 과제명           | 상세정보 <span style="color:red">Click</span>                       |
| 1       | 1345165712 | 45225288 | 2012   | Animal | 한국생명공학연구원 | 장규태  | 영장류 뇌졸중 모델 개발 | <span style="border: 2px dashed red; padding: 2px;">상세조회</span> |
| 2       | 1345165712 | 45230383 | 2012   | Animal | 한국생명공학연구원 | 장규태  | 영장류 뇌졸중 모델 개발 | 상세조회  |

## 6. 시스템 개요



## 7. 생명정보 유형

| 대분류                                | 중분류  | 소분류   | Type   | Description   |
|------------------------------------|--|---|--|---|
| Simple Sequencing                  | Small size gDNAs   | Bacteria, Virus, Archaea, Fungal, Animal, Plant, Insect | Nucleotide sequence                          | Genomic DNA 단편 (Sanger sequencing)  |
|                                    | Single nucleotide submission                             | Bacteria, Virus, Archaea, Fungal, Animal, Plant, Insect | gDNA/cDNA                                    | gDNA 또는 cDNA로 부터 획득한 단일 유전자 염기서열  |
|                                    | Several nucleotide sequences                             | Bacteria, Virus, Archaea, Fungal, Animal, Plant, Insect | Same locus/ Random loci nucleotide sequences | Same locus나 Random loci 염기서열들   |
|                                    | Group of nucleotide sequences for the same gene or locus | Bacteria, Virus, Archaea, Fungal, Animal, Plant, Insect | Nucleotide sequences                         | 집단 연구 (Population studies), 계통 연구 (Phylogenetic studies)  |
|                                    | Batches of Sequences                                     | Bacteria, Virus, Archaea, Fungal, Animal, Plant, Insect | Short length nucleotide sequences            | GSSs (Genome Survey Sequences), STS (Short DNA sequences; 200~500 bp)   |
|                                    | BAC/cosmid /fosmid sequence                              | Bacteria, Virus, Archaea, Fungal, Animal, Plant, Insect | Full length nucleotide sequence              | BAC/Cosmid/Fosmid의 Full length sequence를 등록   |
| Genome (Assembled Genome Sequence) | Raw data   | Bacteria, Virus, Archaea, Fungal, Animal, Plant, Insect | Short DNA sequencing resds                   | Sequencing 기계로 생산된 동일한 sequence length를 가진 short DNA nucleotide sequence  |
|                                    | Virus Genome   | None  | Complete/ Draft                              | NGS 기술을 이용하여 생성된 short read를 이용하여 genome sequence (genome assembly) 및 유전자 정보 (genome annotation)<br>Prokaryotic genome의 경우 단일유전체의 서열정보만을 대상으로함<br>Metagenome의 경우 별도의 등록 탭을 이용 |
|                                    | Archaea Genome   | None  | Complete/ Draft                              |   |
|                                    | Bacterial Genome   | None  | Complete/ Draft                              |   |
|                                    | Fungal Genome  | Mitochondira/ NuclearGenome                             | Complete/ Draft/BACend                       |   |
|                                    | Animal Genome  | Mitochondira/ NuclearGenome                             | Complete/ Draft/BACend                       |   |
|                                    | Plant Genome   | Mitochondira/ Chloroplast/ NuclearGenome                | Complete/ Draft/BACend                       |   |
|                                    | Insect Genome  | Mitochondira/ NuclearGenome                             | Complete/ Draft/BACend                       |   |
|                                    | Metagenome   | None  | Complete/ Draft/BACend                       |   |
|                                    | Resequencing Genome                                      | Mitochondira/ NuclearGenome/                            | 5X coverage Genome/Single nucleotide         |   |
| Transcriptome                      | RNA-seq Assembly (NGS기반)                                 | Rawdata   | Short DNA sequencing resds                   | 자체적인 DEG 분석 및 Data 재가공을 위해서 필요  |
|                                    |  | Transcriptome Assembly                                  | Annotation/ not                              | NGS 기술을 이용하여 생성된 short read를 이용하여 생성된 transcript의 정보  |
|                                    |  | EST   | Validate/ Non-validate                       | Expressed Sequence Tag  |
|                                    | EST (Sanger Type)  | Bacteria, Virus, Archaea, Fungal, Animal, Plant, Insect | Short length nucleotide sequences            | Expressed Sequence Tag  |
|                                    | Different Expression Gene                                | Gene Expression   | None   | 유전자의 발현량에 대한 분석 데이터.  |
|                                    | Microarray DATA  | Bacteria, Virus, Archaea, Fungal, Animal, Plant, Insect | None   | NGS 기술 이전의 방법으로써, 유전자 전체 또는 일부의 유전자 발현을 측정할 수 있는 데이터이다. 이미지 혹은 텍스트 형태로 존재   |

|                       |   |   |                        |   |
|-----------------------|---|---|------------------------|---|
|                       |   |   |                        |   |
| Proteome              | Protein sequence  | None  | None                   | 염기 서열이 없는, 단백질 서열 해독 결과로 나온 단백질 서열  |
|                       | Protein Structures                                      | Crystal/NMR   | Full/Partial           | 단백질의 4차 구조에 대한 정보   |
|                       | Quantitative Protein                                    | None  | None                   | 조직별 단백질 발현량에 관한 data  |
|                       | Modification Protein                                    | None  | None                   | 단백질이 가지고 있던 아미노산 서열 중 일부가 다른 아미노산으로 치환된 서열정보를 의미  |
|                       | Protein-protein interaction                             | None  | None                   | 상호 작용을 하는 단백질에 대한 정보  |
| Molecular Marker      | Barcode of Life sequences                               | None  | None                   | 유전자 염기서열을 이용하여 종 정보를 검색할수 있는 생물분류정보 기술  |
|                       | Genetic Marker  | None  | RFLP/AFLP/VNTR/STR/SSR | RFLP(Restriction fragment length polymorphism), SSLP(Simple sequence length polymorphism), AFLP(Amplified fragment length polymorphism), VNTR(Variable number tandem repet), STR(Short tandem repeat), SSR (Simple Sequence Repeat) |
|                       | SNPs  | None  | None                   | DNA 염기서열에서 하나의 염기서열의 차이를 보이는 유전적 변이   |
|                       | In/Del  | None  | Insertion/Deletion     | <50bp 미만의 insertion, deletions등을 말함   |
| Other Type            | Primer  | None  | None                   | DNA 합성의 시작점이 되는 짧은 유전자 서열   |
|                       | SiRNAs  | None  | None                   | Target organism에서 유전자의 발현을 감소시키기 위해 쓰이는 siRNA 서열 등  |
|                       | DNA probe   | None  | None                   | Southern, Northern 등의 분석에 쓰이는 DNA fragment (500 ~ 2000 bp)  |
|                       | Metabolome information                                  | Bacteria, Virus, Archaea, Fungal, Animal, Plant, Insect | None                   | 현재 시점에서 등록 예상 숫자가 적으므로 당분간 이 체제로 가며, 추후 등록 상황에 맞춰 별도의 category 체제로 재편 가능  |
|                       | Degradome information                                   | Bacteria, Virus, Archaea, Fungal, Animal, Plant, Insect | None                   |   |
| Methylome information | Bacteria, Virus, Archaea, Fungal, Animal, Plant, Insect | None  |                        |   |

## 8. 담당 연락처

- 연구성과물 등록 시 문의사항 있으면 [biodata@kobic.kr](mailto:biodata@kobic.kr)로 연락주세요.