바이오 연구 데이터 표준 등록양식

2021. 12.

관계부처 합동

목 차

Part I. 서론

1. 등록양식 표준화 `21년 추진 사항 요약 ····· 6

Part II. 기본 데이터

2. BioProject 정보 ····· 8
3. BioSample 정보 ····· 13

Part III. 일반 데이터

4. 핵산 ····· 26
4.1. NGS(차세대시퀀싱) 데이터 ····· 26
4.2. Microarray(마이크로어레이) 데이터 ····· 36
4.3. Nucleotide sequence(염기서열) 데이터 ····· 40
4.4. PCR primer 데이터 ····· 56
5. Proteomics(단백체) 데이터 ····· 57
5.1. Proteomics(단백체) 데이터 ····· 57
6. Metabolomics(대사체) 데이터 ····· 69
6.1. Metabolomics(대사체) 데이터 ····· 69
7. 화합물 데이터 ····· 80
7.1. 화합물 활성(bioassay) 데이터 ····· 80
7.2. 화합물 구조 정보 데이터 ····· 84
7.3. 화합물 약효 평가 데이터 ····· 88
7.4. 화합물 profiling 데이터 ····· 92

8. 이미지 데이터 ····· 96
8.1. 뇌과학 연구 데이터 ····· 96
8.1.1. 뇌 MRI/fMRI 데이터 ····· 96
8.1.2. 뇌 PET 데이터 ····· 105
8.1.3. 뇌 EEG 데이터 ····· 109
8.1.4. 뇌 iEEG 데이터 ····· 114
8.1.5. 뇌 MEG 데이터 ····· 119
8.1.6. 뇌 광학현미경 데이터 ····· 125
8.1.7. 뇌 전자현미경 데이터 ····· 132
8.1.8. 동물 생체신호 데이터 ····· 137
8.2. 의료기기 연구 데이터 ····· 140
8.2.1. 의료기기 연구 기본 정보 ····· 140
8.2.2. MRI 데이터 ····· 148
8.2.3. PET 데이터 ····· 151
8.2.4. CT 데이터 ····· 154
8.2.5. 초음파 데이터 ····· 156
8.2.6. X-ray 데이터(`21년 신규 양식) ····· 158
9. 기타 데이터 ····· 161
9.1. 기타 데이터(`21년 신규 양식) ····· 161

Part IV. 연구 분야별 특화 데이터

10. 헬스(건강) ····· 163
10.1. 의료기기 연구 데이터 ····· 163
10.1.1. 체외진단기기 연구 데이터 ····· 163
10.1.2. 의료기기 생체재료 정보 ····· 170
10.1.3. 생체신호 측정장치 정보 ····· 173
10.2. 보건 연구 데이터 ····· 176

10.2.1. 보건 연구 과제 정보 ····· 176
10.2.2. 보건 데이터 정보 ····· 180
10.3. 신약 연구 데이터 ····· 189
10.3.1. 독성 시험 데이터 ····· 189
10.3.2. 항암약물의 임상 효능 데이터 ····· 191
10.3.3. 기허가약제 repositioning 연구 정보 ····· 192
10.3.4. IND(Investigational New Drug) 데이터 ····· 193
10.3.5. 바이오마커 데이터 ····· 195
11. 농생물 ····· 196
11.1. 가축 특성정보 ····· 196
11.1.1. 가축(한우) 특성정보 ····· 196
11.1.2. 가축(젖소) 특성정보 ····· 197
11.1.3. 가축(돼지) 특성정보 ····· 198
11.1.4. 가축(닭) 특성정보 ····· 199
11.2. 작물 특성정보 ····· 200
11.2.1. 작물(유전집단) 특성정보 ····· 200
11.2.2. 작물(돌연변이) 특성정보 ····· 201
11.2.3. 작물(품종) 특성정보 ····· 202
11.2.4. 작물(자원) 특성정보 ····· 204
11.2.5. 작물(GMO) 특성정보 ····· 205
11.2.6. 작물(Genome Editing) 특성정보 ····· 206
11.3. 수목(야생식물) 특성정보 ····· 207
11.3.1. 야생식물(자원) 특성정보 ····· 207
11.3.2. 야생식물(유전집단) 특성정보 ····· 208
11.4. 동식물 치료제 연구 데이터 ····· 209
11.4.1. 동물줄기세포주 정보 ····· 209
11.4.2. 화학농약 정보 ····· 210
11.4.3. 생물농약 정보 ····· 216
11.5. 식품 연구 데이터 ····· 217

11.5.1. 식품 샘플 정보 ····· 217
11.5.2. 식품 성분 데이터 ····· 218
11.5.3. 식품 기능성 데이터 ····· 219
11.5.4. 식품 가공 데이터 ····· 221
11.6. 지능형농업 데이터 ····· 222
11.6.1. 지능형 시설원예 분야 ····· 224
11.6.1.1. 시설원예 환경데이터 ····· 224
11.6.1.2. 작목별 데이터 ····· 229
11.6.2. 지능형 축산 분야 ····· 235
11.6.2.1. 돼지(모돈) 데이터 ····· 235
11.6.2.2. 젖소 데이터 ····· 237
12. 해양수산 ····· 240
12.1. 수산 특성정보 ····· 240
12.1.1. 수산(식물) 특성정보 ····· 240
12.1.2. 수산(동물) 특성정보 ····· 241
12.1.3. 수산(유전자가위) 특성정보 ····· 242
12.2. 수산 양식 데이터 ····· 243
12.3. 수산 질병 데이터 ····· 245
12.4. 수산 사료 정보 ····· 247
12.5. 수산 먹이생물 정보 ····· 250
13. 환경 ····· 252
13.1. 곤충 분포 데이터 ····· 252

Part I. 서론

1 등록양식 표준화 `21년 추진 사항 요약

□ **(기본 방향)** 기존(`20년) 양식 고도화 및 신규 양식 마련

○ **(기존 양식 고도화)** `20년 기 마련된 표준 등록양식 51건*을 등록자 편의성 및 등록정보의 충실성 향상을 위하여 고도화

* 본 책자의 목차 목록 중 제일 하위 목차의 개수를 합산하여 건수를 집계하되, 특성정보(가축, 작물, 수목, 수산) 4종의 하위 목차는 구분하지 아니함. 즉, 한우/젖소/돼지/닭 특성정보 등록양식 4건은 가축 특성정보 등록양식 1건으로 집계함.

○ **(신규 양식 마련)** 연구현장에서 필요성이 제기된 데이터 타입에 대한 신규 양식 마련

□ **(사전 수요 조사 실시)** 기존 양식 고도화 및 신규 양식 마련에 대한 수요 조사를 다양한 대상에 대하여 실시

○ **(부처 데이터센터 및 부처)** CODA(복지부/질병청), MAGIC(해수부), NABIC(농진청), 식약처, 환경부

○ **(연구 현장)** 총 31개 바이오 학회·협회·기관 및 바이오 데이터 엔지니어 양성사업

○ **(KOBIC 내부)** 자체 내부 수요 조사

○ **(표준화 실무작업반)** `20년 기 운영되었던 연구 분야별 실무작업반 총 12개*†

* 레드 6개 반(혁신형융복합, 뇌과학, 의료기기, 보건, 신약, 바이오제제), 그린 5개 반(종자/가축, 해양수산, 동식물치료제, 식품, 지능형농업), 화이트 1개 반(환경바이오)

† 15대 연구분야 중 화이트 3개 분야(바이오화학/에너지, 공정, 바이오 소재)는 `20년에 작업반 구성 없이 용역으로 진행되었기에, `21년에도 작업반 미 운영

□ **(작업반 운영)** 수요 조사 결과에 따라 총 8개 작업반 운영

○ **(기존 작업반 5개)** 혁신형 융복합, 의료기기, 뇌과학, 지능형농업, 환경바이오

○ **(신규 작업반 3개)** 단일세포 NGS 데이터*, 초저온전자현미경 데이터*, 감염병 전임상 데이터**

* 혁신형융복합 및 ** 신약 작업반의 분과 개념으로 운영

□ (`21년 표준화 작업 결과)

○ (작업반 운영 내역) 8개 작업반 총 16회 회의 운영

- (기존 작업반) 혁신형 융복합(3회), 의료기기(3회), 뇌과학(1회), 지능형농업(1회), 환경바이오(1회)
- (신규 작업반) 감염병 전임상(3회), 단일세포 NGS(2회), 초저온 전자현미경(2회)

○ (기존 양식 고도화) 기존 양식 대부분에 대한 고도화 개정 작업 완료

- 기존 양식 총 51건 중 47건(92%)**에 대한 고도화 개정 작업 완료를 통한 등록자 편의성 및 등록정보 충실성 향상

  * 나머지 4건은 농진청 주도로 진행하는 지능형농업 데이터 양식임

○ (신규 양식 마련 완료) 2건의 신규 양식 마련 완료

- 기타 데이터 범용 등록양식(혁신형융복합 작업반)
- X-ray 데이터 등록양식(의료기기 작업반)

○ (신규 양식 마련 진행 중) 5건 이상의 신규 양식 마련 진행 중 (`22년 완료 예정)

- 의료기기 작업반(3건 이상): 디지털치료기기(1건), 전자약(1건), 보행재활 의료기기(1건 이상*)
- 감염병 전임상 작업반(1건 이상*)
- 초저온 전자현미경 작업반(1건 이상*)

  * 확정 건수는 양식 간 유사성/상이성 검토 후 병합/분리 과정을 통해 추후 산정

Part II. 기본 데이터

2 BioProject 정보

□ **(작성자)** KOBIC 작성 후 다수 전문가 자문 의견 반영

□ **(설명)** 본 양식은 바이오 연구 데이터를 등록 시, 연구 프로젝트에 대한 개괄적인 정보를 등록할 때 쓰이며, **이 매뉴얼에 수록되어 있는 모든 각 데이터별 양식을 작성하기 전 첫 번째로 작성해야 하는 양식**임.

□ **(작성에 참고한 자료)** NCBI BioProject(https://ncbi.nlm.nih.gov/bioproject/)의 양식을 기반으로 작성되었음

파트 1. Submitter information (등록자 인적사항)

비고
□ Submitter는 등록시스템 상 데이터 수정권한의 명확화를 위하여 원칙적으로 PI(Principal Investigator; 연구책임자)이어야 함 □ PI가 아닌 사람(예: 연구실 소속 학생)이 submit을 하는 경우는 <표 2-1>에 PI의 인적사항을 입력한 후, PI의 계정을 사용하여 submit할 수 있음

M: Mandatory
O: Optional

<표 2-1>

No	항목	필수(M)/선택(O)	도움말
1	Name of submitter (등록자의 영문 이름)	M	**설명(영문):** Name of the submitter **설명(국문):** 등록자의 영문 이름 **포맷(영문):** Last name, First name, Middle name, where middle name is optional **포맷(국문):** 성, 이름의 순서로 입력 **예시:** Hong, Gil Dong, or Smith, John, F

No	항목	필수(M)/선택(O)	도움말
2	Name of submitter in Korean (등록자의 국문 이름)	M	**설명(국문):** 등록자의 국문 이름 **예시(국문):** 홍길동
3	Primary e-mail of submitter (등록자의 주 이메일 주소)	M	**설명(영문):** Submitter's primary e-mail of the submitter **설명(국문):** 등록자가 주로 사용하는 이메일 주소
4	Secondary e-mail of submitter (등록자의 부 이메일 주소)	O	**설명(영문):** Submitter's secondary e-mail of the submitter **설명(국문):** 등록자가 보조로 사용하는 이메일 주소
5	Name of submitter's organization (등록자 소속 기관의 영문명)	M	**설명(영문):** Name of organization of the submitter **설명(국문):** 등록자 소속 기관의 영문명 **예시:** Seoul National University
6	Name of submitter's organization in Korean (등록자 소속 기관의 국문명)	M	**예시(국문):** 서울대학교
7	Department of submitter (등록자 소속 학과/부서의 영문명)	M	**설명(영문):** Name of department of the submitter **설명(국문):** 등록자 소속 학과/부서의 영문명 **예시:** Department of Chemical Engineering
8	Department of submitter in Korean (등록자 소속 학과/부서의 국문명)	M	**예시(국문):** 화학공학과
9	Phone number of submitter (등록자의 전화번호)	O	**포맷:** +82-2-1111-2222
10	Address of submitter (등록자의 영문 주소)	M	**예시:** 125, Gwahak-ro, Yuseong-gu, Daejeon, 34141
11	Address of submitter in Korean (등록자의 국문 주소)	M	**예시(국문):** 34141 대전광역시 유성구 과학로 125
12	Country of submitter (등록자의 국가)	M	**예시:** Republic of Korea
13	Researcher ID of submitter (등록자의 연구자 고유번호)	M	**설명(국문):** 등록자의 연구자 고유번호 **예시(국문):** 10155792 **비고(국문):** 연구자 고유번호는 IRIS(범부처통합연구지원시스템)의 하위 사이트인 NRI(국가연구자정보, https://nri.iris.go.kr/)에서 발급 가능
14	Name of contributors (데이터 생산 기여자의 등록자의 영문 이름)	O	**설명(영문):** Name of contributors **설명(국문):** 등록자 외 데이터 생산에 기여한 사람의 영문 이름 **포맷(영문):** Last name, First name, Middle name, where middle name is optional. If there are more than one contributor, use // as delimiter. **포맷(국문):** 성, 이름의 순서로 입력. 기여자가 다수일 경우 //를 구분자로 사용하여 입력 **예시1:** Kim, Miyoung **예시2:** Kim, Miyoung//Lee, Chulsoo
15	Name of contributors in Korean (데이터 생산 기여자의 등록자의 국문 이름)	O	**설명(국문):** 등록자 외 데이터 생산에 기여한 사람의 국문 이름 **포맷(국문):** 기여자가 다수일 경우 //를 구분자로 사용하여 입력 **예시1:** 김미영 **예시2:** 김미영//이철수

파트 2. Title and description of the project (프로젝트의 제목 및 설명)

<표 2-2>

No	항목	필수(M)/선택(O)	도움말
1	Project title (프로젝트의 영문 제목)	M	**설명(영문):** A brief title of the project. This is different from the title of the grant that funded the project. **설명(국문):** 프로젝트의 간략한 영문 제목. 본 프로젝트를 연구비 지원한 과제(grant)의 제목이 아니라 프로젝트 자체의 제목이며, 본 연구의 내용을 가장 잘 표현할 수 있도록 등록자가 임의로 붙이는 제목임. **예시** Examples Chromosome Y sequencing Opportunistic pathogen that causes important food-bourne disease Global studies of microbial diversity on human skin
2	Project title in Korean (프로젝트의 국문 제목)	M	**설명(국문):** 프로젝트의 간략한 국문 제목. 본 프로젝트를 연구비 지원한 과제(grant)의 제목이 아니라 프로젝트 자체의 제목이며, 본 연구의 내용을 가장 잘 표현할 수 있도록 등록자가 임의로 붙이는 제목임. **예시(국문)** 예시 Y 염색체 시퀀싱 주요 식품매개질환을 일으키는 기회감염병원체 인간 피부에서의 미생물 다양성에 대한 포괄적 연구
3	Project description (프로젝트의 영문 설명)	M	**설명(영문):** A description of the project, about a paragraph long. **설명(국문):** 한 문단 정도 분량으로 프로젝트의 설명을 영문으로 기술
4	Project description in Korean (프로젝트의 국문 설명)	M	**설명(국문):** 한 문단 정도 분량으로 프로젝트의 설명을 국문으로 기술

파트 3. Grant information (연구 과제 정보)

<표 2-3>

No	항목	필수(M)/선택(O)	도움말
1	Major grant ID (주요 연구과제 번호)	M	**설명(영문):** ID of the major grant that funded this project **설명(국문):** 이 프로젝트를 연구비 지원한 주요 연구과제의 번호 **예시(국문):** 2014M3C9A3064681 **비고(영문):** Enter “Not applicable” when needed **비고(국문):** 해당 사항 없을 시, “Not applicable” 입력

No	항목	필수(M)/선택(O)	도움말
2	Major grant NTIS ID (주요 연구과제의 NTIS 번호)	M	**설명(영문):** NTIS ID of the major grant that funded this project **설명(국문):** 이 프로젝트를 연구비 지원한 주요 연구과제의 NTIS 번호 **예시(국문):** 1711043540 **비고(영문):** Enter “Not applicable” when needed **비고(국문):** 해당 사항 없을 시, “Not applicable” 입력
3	Major grant title (주요 연구과제의 영문 제목)	M	**설명(영문):** Title of the major grant that funded this project **설명(국문):** 이 프로젝트를 연구비 지원한 주요 연구과제의 영문 제목 **예시:** Next-generation Genome-InfraNET for the advancement of genome research and service **비고(영문):** Enter “Not applicable” when needed **비고(국문):** 해당 사항 없을 시, “Not applicable” 입력
4	Major grant title in Korean (주요 연구과제의 국문 제목)	M	**설명(국문):** 이 프로젝트를 연구비 지원한 주요 연구과제의 국문 제목 **예시(국문):** 유전체 연구기반 고도화 및 활용 서비스를 위한 차세대 게놈 인프라넷 구축 **비고(영문):** Enter “Not applicable” when needed **비고(국문):** 해당 사항 없을 시, “Not applicable” 입력
5	Funding agency (연구비 지원 기관)	M	**설명(국문):** 이 프로젝트를 연구비 지원한 연구관리전문기관 이름 **예시(국문):** 한국연구재단, 보건산업진흥원 **비고(영문):** Enter “Not applicable” when needed **비고(국문):** 해당 사항 없을 시, “Not applicable” 입력
6	Funding government department (연구비 지원 부처)	M	**설명(국문):** 이 프로젝트를 연구비 지원한 부처 이름 **예시(국문):** 과학기술정보통신부, 보건복지부, 질병관리청 **비고(영문):** Enter “Not applicable” when needed **비고(국문):** 해당 사항 없을 시, “Not applicable” 입력
7	Additional grant ID (추가적인 연구과제 번호)	O	**설명(영문):** ID of additional grant(s) that funded this project **설명(국문):** 이 프로젝트를 연구비 지원한 추가적인 연구과제의 번호. //를 구분자로 하여 복수 입력 가능 **예시(국문):** 2014M3C9A3064681

파트 4. Publication and patent information (논문 및 특허 성과 정보)

<표 2-4>

No	항목	필수(M)/ 선택(O)	도움말
1	PubMed ID of publication (논문의 PubMed ID)	O	**설명(영문):** PubMed ID of the publication from this project. Multiple publications can be entered. **설명(국문):** 이 프로젝트 수행의 결과로 산출된 논문의 PubMed ID. //를 구분자로 하여 복수 입력 가능 **예시:** 31974418//29321500
2	DOI of publication (논문의 DOI)	O	**설명(영문):** DOI(Digital Object Identifier) of the publication from this project. Multiple publications can be entered. **설명(국문):** 이 프로젝트 수행의 결과로 산출된 논문의 DOI(Digital Object Identifier)를 대신 입력. //를 구분자로 하여 복수 입력 가능 **예시:** 10.1038/s41598-020-57919-6//10.1038/s41598-017-16535-7
3	Domestic patent number (국내 특허 번호)	O	**설명(영문):** Domestic patent number from this project. **설명(국문):** 이 프로젝트 수행의 결과로 산출된 국내 특허의 번호. //를 구분자로 하여 복수 입력 가능 **예시:** 10-2017-0012076//10-1862285-0000
4	International patent number (해외 특허 번호)	O	**설명(영문):** International patent number from this project. **설명(국문):** 이 프로젝트 수행의 결과로 산출된 국외 특허의 번호. //를 구분자로 하여 복수 입력 가능 **예시:** US20170233479A1//JP6623353B2

3 BioSample 정보

□ **(작성자)** KOBIC 작성 후 다수 전문가 자문 의견 반영

□ **(설명)** 본 양식은 바이오 연구 데이터를 등록 시, **생물 유래 시료를 대상으로 실험을 했을 경우** 그 시료에 대한 개괄적인 정보를 등록할 때 쓰이며, **이 문서의 제4장부터 수록되어 있는 다수*의 각 데이터별 양식을 작성하기 전 필수로 작성해야 하는 양식**임

* 즉, 모든 데이터에 적용되는 것은 아니며, 적용되는 데이터는 각 섹션에 별도 표시

□ **(작성에 참고한 자료)** NCBI BioSample(https://ncbi.nlm.nih.gov/biosample/)의 양식을 기반으로 작성되었음

파트 1. Taxonomic type (생물군 종류)

<표 3-1>

<table>
<tr><th>No</th><th>항목</th><th>필수(M)/선택(O)</th><th>도움말</th></tr>
<tr><td>1</td><td>Taxonomic type
(생물군 종류)</td><td>M</td><td>
설명(영문): The organism group that best describes your sample
설명(국문): 등록하려는 샘플에 가장 적절한 생물군

가능한 값(영문): Select one from the following
<table>
<tr><th>No</th><th>Possible values</th><th>Description</th></tr>
<tr><td>1</td><td>Human</td><td>Human sample or cell line</td></tr>
<tr><td>2</td><td>Model organism or animal</td><td>Multicellular sample or cell line derived from common laboratory model organisms, e.g., mouse, rat, Drosophila, worm, fish, frog, or large mammals including zoo and farm animals.</td></tr>
<tr><td>3</td><td>Invertebrate</td><td>Invertebrate sample</td></tr>
<tr><td>4</td><td>Plant</td><td>Plant sample or cell line</td></tr>
<tr><td>5</td><td>Microbe</td><td>Use for Bacteria or other unicellular microbes. Select Microbe when it is not appropriate or advantageous to select Virus or Pathogen.</td></tr>
<tr><td>6</td><td>Virus</td><td>Virus samples. Viral pathogens should be submitted using the “Clinical or host-associated pathogen” form.</td></tr>
<tr><td>7</td><td>Clinical or host-associated pathogen</td><td>Use for pathogen samples that are relevant to public health. Such pathogens include (1) human pathogens, (2) animal pathogens that can potentially transmit to humans (e.g., avian influenza virus), and (3) animal pathogens that do not transmit to humans but still may have indirect public health implications (e.g., swine fever virus). Required attributes include those considered useful for the rapid analysis and trace back of pathogens.</td></tr>
<tr><td>8</td><td>Environmental, food, or other pathogen</td><td>Environmental, food, or other pathogen</td></tr>
<tr><td>9</td><td>Metagenome or environmental</td><td>Metagenome or environmental sample</td></tr>
</table>
가능한 값(국문): 다음 중 택일
<table>
<tr><th>No</th><th>가능한 값</th><th>설명</th></tr>
<tr><td>1</td><td>Human</td><td>인체 유래 샘플 또는 세포주</td></tr>
<tr><td>2</td><td>Model organism or animal</td><td>동물원/축산 동물, 혹은 일반적인 실험 모델 다세포 동물 (mouse, rat, Drosophila, worm, fish, frog등) 유래 샘플 또는 세포주</td></tr>
<tr><td>3</td><td>Invertebrate</td><td>무척추동물 샘플</td></tr>
<tr><td>4</td><td>Plant</td><td>식물 유래 샘플 또는 세포주</td></tr>
<tr><td>5</td><td>Microbe</td><td>박테리아 또는 기타 단세포 미생물 샘플. 아래의 Virus 혹은 Pathogen 생물군으로 지정하면 적절하지 않을 경우 Microbe로 지정할 것.</td></tr>
<tr><td>6</td><td>Virus</td><td>바이러스 샘플. 병원체 바이러스는 아래의 Clinical or host-associated pathogen을 지정할 것.</td></tr>
<tr><td>7</td><td>Clinical or host-associated pathogen</td><td>공중 보건과 관련된 다음과 같은 병원체인 경우: (1) 인간 병원체, (2) 인간으로의 감염 가능성이 있는 동물 병원체 (예: 조류독감 바이러스), (3) 인간에게 감염은 안 되지만 공중 보건에 간접적 영향이 있을 수 있는 동물 병원체 (예: 돼지열병 바이러스). 이러한 경우 병원체의 신속한 분석 및 추적에 필요한 샘플 특성에 관한 항목들을 입력해야 함.</td></tr>
<tr><td>8</td><td>Environmental, food, or other pathogen</td><td>숙주가 아닌 환경, 식품 및 기타 표본에서 확보한 병원체</td></tr>
<tr><td>9</td><td>Metagenome or environmental</td><td>샘플에 포함된 생물종의 구성을 사전에 알지 못하는 메타게놈 또는 환경 샘플</td></tr>
</table>
</td></tr>
</table>

파트 2. Sample attribute (샘플 특성)

비고

□ <표 3-2>의 각 항목의 필수(M)/선택(O) 값은 <표 3-1>에서 등록자가 지정하는 Sample type에 따라 <표 3-3>에 의하여 결정됨

<표 3-2>

No	항목	도움말
1	age (나이)	**설명(영문):** Age at the time of sampling; relevant scale depends on species and study, e.g., could be seconds for amoebae or centuries for trees **설명(국문):** 샘플링 시점의 나이. 생물종 및 연구에 따라 적절한 단위로 작성함(예: 아메바인 경우는 초, 나무인 경우는 세기)
2	altitude (고도)	**설명(영문):** The altitude of the sample is the vertical distance between Earth's surface above sea level and the sampled position in the air. **설명(국문):** 샘플의 고도(해수면 위 땅의 표면과 샘플링된 위치 사이의 수직거리)
3	biomaterial provider (생물질 제공자)	**설명(영문):** Name and address of the lab or PI, or a culture collection identifier **설명(국문):** 실험에 사용한 샘플의 출처를 적는 항목으로서, 소재은행명, 기관명, 개인 연구자명 중 해당되는 것을 기입. 샘플을 외부에서 획득하지 않은 등의 이유로 해당 없는 경우 NA라고 입력. **예시:** Korean Collection for Type Cultures(KCTC), Korean Cell Line Bank(KCBL), Dr. Gildong Hong from Seoul National University
4	birth date (출생일자)	**설명(영문):** Birth date of the subject **설명(국문):** 실험 대상의 출생일자
5	birth location (출생장소)	**설명(영문):** Birth location of the subject **설명(국문):** 실험 대상의 출생장소
6	breed (품종명)	**설명(영문):** Breed name - chiefly used in domesticated animals or plants **설명(국문):** 품종명 - 주로 가축이나 식물에 사용됨
7	breeding history (품종개량 이력)	**설명(영문):** Breeding history **설명(국문):** 품종개량 이력
8	breeding method (품종개량 방법)	**설명(영문):** Breeding method **설명(국문):** 품종개량 방법
9	broad-scale environmental context (주요 환경 유형)	**설명(영문):** Add terms that identify the major environment type(s) where your sample was collected. Recommend subclasses of biome [ENVO:00000428]. Multiple terms can be separated by one or more pipes e.g.: mangrove biome [ENVO:01000181]|estuarine biome [ENVO:01000020] **설명(국문):** 샘플이 수집된 주요 환경 유형. Environment Ontology(ENVO)에서 biome(생물군계)의 하위 클래스에 있는 용어 및 그 용어의 ID를 사용하는 것을 권함. biome의 하위 클래스에 있는 용어들은 http://purl.obolibrary.org/obo/ENVO_00000428/에서 열람할 수 있음. **포맷(국문):** 용어 [용어의id]. 만약 여러 용어를 사용해야 한다면 파이프(|) 기호로 용어들을 구분할 것. **예시:** mangrove biome [ENVO:01000181]|estuarine biome [ENVO:01000020]
10	cell line (세포주명)	**설명(영문):** Name of the cell line **설명(국문):** 세포주의 이름

No	항목	도움말
11	cell subtype (세포 서브타입)	**설명(영문):** Subtype of a cell **설명(국문):** 세포의 아형(subtype)
12	cell type (세포 타입)	**설명(영문):** Type of cell of the sample or from which the sample was obtained. **설명(국문):** 샘플의 세포형(cell type) 혹은 샘플이 얻어진 세포의 type
13	collected by (수집자)	**설명(영문):** Name of persons or institute who collected the sample **설명(국문):** 샘플을 수집한 사람 또는 기관의 이름
14	collection date (수집 일자)	**설명(영문):** The date (or date and time) on which the sample was collected **설명(국문):** 샘플을 수집한 날짜 혹은 날짜 및 시간 **포맷(영문):** Use ISO 8601 standard on date and time. For date, use the formats "YYYY", "YYYY-MM", "YYYY-MM-DD". For date and time, use the format "YYYY-mm-ddThh:mm:ssZ". In this format, time is in Coordinated Universal Time (UTC), otherwise known as Zulu time, the letter "T" is added between date and time, and the letter "Z" (indicating Zulu) is added after time. For a range of two date and time values, use the forward-slash character "/" as the delimiter. **포맷(영문):** 날짜와 시간 표기의 ISO 8601 국제 표준 규격 사용. 날짜 포맷은 "YYYY", "YYYY-MM", "YYYY-MM-DD"임. 날짜 및 시간 포맷은 "YYYY-mm-ddThh:mm:ss"인데, 시간 값은 Zulu 시간이라고도 불리는 협정세계시(UTC)를 사용하고, 날짜와 시간 간 알파벳 "T"를 붙이며, 시간 값의 뒤에는 알파벳 "Z"를 붙임. 두 개의 날짜 및 시간의 범위를 입력하려면 각 날짜 및 시간 값 간 "/"(슬래시)를 넣음. **예시:** 1990-10-30, 1990-10, 1990, 1952-10-21/1953-02-15, 2015-10-11T17:53:03Z
15	cultivar (재배품종명)	**설명(영문):** Cultivar name - cultivated variety of plant **설명(국문):** 식물의 재배품종명
16	culture collection (배양 콜렉션)	**설명(영문):** Name of source institute and unique culture identifier **설명(국문):** 샘플의 원 보유 기관 이름 및 고유 배양 ID **포맷(영문):** See http://www.insdc.org/controlled-vocabulary-culturecollection-qualifier/ for the description for the proper format and list of allowed institutes. **포맷(국문):** 적절한 포맷 및 입력 허용되는 원기관 리스트는 다음 링크 참고: http://www.insdc.org/controlled-vocabulary-culturecollection-qualifier/
17	death date (사망일자)	**설명(영문):** Death date of the subject **설명(국문):** 실험 대상의 사망일자
18	depth (깊이)	**설명(영문):** Depth is defined as the vertical distance below surface, e.g. for sediment or soil samples depth is measured from sediment or soil surface, respectively. Depth can be reported as an interval for subsurface samples. **설명(국문):** 깊이는 표면 아래의 수직 거리로 정의됨.
19	description (샘플 설명)	**설명(영문):** Description of the sample **설명(국문):** 샘플의 설명
20	development stage (발생 상태)	**설명(영문):** Developmental stage at the time of sampling. **설명(국문):** 샘플링 당시의 샘플 발생 상태

No	항목	도움말
21	disease (질병)	**설명(영문):** List of diseases diagnosed **설명(국문):** 진단된 질병 목록 **포맷(영문):** Can include multiple diagnoses. The value of the field depends on host; for humans the terms should be chosen from DO (Disease Ontology), free text for non-human. For DO terms in humans, see https://www.ebi.ac.uk/ols/ontologies/doid/ **포맷(국문):** 여러 진단을 포함 할 수 있음. 필드의 값은 호스트에 따라 다름. 인간의 경우 DO (Disease Ontology)에서 값을 선택하는데 https://www.ebi.ac.uk/ols/ontologies/doid/에서 검색/열람할 수 있음. 인간이 아닌 경우 자유롭게 기재.
22	disease stage (질병단계)	**설명(영문):** Stage of disease at the time of sampling. **설명(국문):** 샘플링 당시의 질병 단계
23	ecotype (생태형)	**설명(영문):** A population within a given species displaying genetically based, phenotypic traits that reflect adaptation to a local habitat. **설명(국문):** 생태형. 지역 서식지에 대한 적응을 반영하는 유전적 기반의 표현형 특성을 나타내는 특정 종 내의 개체군 **예시:** Columbia
24	ethnicity (민족)	**설명(영문):** Ethnicity of the subject **설명(국문):** 연구 대상의 민족성(ethnicity)
25	genotype (유전형)	**설명(영문):** Observed genotype **설명(국문):** 관찰된 유전형
26	geographic location (지리적 장소)	**설명(영문):** Geographical origin of the sample **설명(국문):** 샘플의 지리적 출처 **포맷(영문):** Use the appropriate name from the list shown in http://www.insdc.org/documents/country-qualifier-vocabulary/. Use a colon to separate the country or ocean from more detailed information about the location. **포맷(국문):** 사용 적절한 이름(국가, 해양 등)은 다음 리스트에 나와 있음: http://www.insdc.org/documents/country-qualifier-vocabulary/. 국가/해양 등의 이름 보다 더 자세한 지리적 위치는 국가/해양 등의 이름 다음에 콜론(:)을 붙인 후 입력함. **예시:** "Canada: Vancouver" or "Germany: halfway down Zugspitze, Alps"
27	growth protocol (배양 프로토콜)	**설명(영문):** Protocol for growth **설명(국문):** 배양 프로토콜 **예시:** 30 min egg collections of OreR and yw flies at 25°C were aged at room temperature (RT) according to the different temporal classes T0-T4.
28	health state (건강 상태)	**설명(영문):** Health or disease status of sample at time of collection **설명(국문):** 수집 당시 샘플의 건강 혹은 질병 상태
29	height or length (높이 또는 깊이)	**설명(영문):** Measurement of height or length **설명(국문):** 높이 또는 길이 측정값
30	host (숙주)	**설명(영문):** The natural (as opposed to laboratory) host to the organism from which the sample was obtained. Use the full taxonomic name. **설명(국문):** 샘플을 얻은 생명체의 자연감염 숙주(실험실에서의 숙주가 아니라)의 이름을 완전한 분류명으로 입력 **예시:** Homo sapiens
31	host age (숙주 나이)	**설명(영문):** Age of host at the time of sampling **설명(국문):** 샘플링 당시 숙주의 나이
32	host description (숙주 추가 정보)	**설명(영문):** Additional information not included in other defined vocabulary fields **설명(국문):** 호스트에 대한 설명 중, 다른 항목에는 없는 추가 정보 입력

<table>
<tr><th>No</th><th>항목</th><th>도움말</th></tr>
<tr><td>33</td><td>host disease
(숙주 질병)</td><td>설명(영문): Name of relevant disease
설명(국문): 감염으로 인해 호스트에 생기는 질병의 이름

포맷(영문): Controlled vocabulary from http://bioportal.bioontology.org/ontologies/1009/ or http://www.ncbi.nlm.nih.gov/mesh/
포맷(국문): 다음 두 종류의 controlled vocabulary 중 하나를 사용: (1) Human Disease Ontology (http://bioportal.bioontology.org/ontologies/1009/) (2) MeSH (Medical Subject Headings) (http://www.ncbi.nlm.nih.gov/mesh/)

예시: Salmonella gastroenteritis</td></tr>
<tr><td>34</td><td>host disease outcome
(숙주 질병 결과)</td><td>설명(영문): Final outcome of disease
설명(국문): 호스트에 생긴 질병의 최종 결과

예시: death, chronic disease, recovery</td></tr>
<tr><td>35</td><td>host disease stage
(숙주 질병 단계)</td><td>설명(영문): Stage of disease at the time of sampling
설명(국문): 호스트에 생긴 질병의 샘플링 당시의 단계</td></tr>
<tr><td>36</td><td>host health state
(숙주 건강 상태)</td><td>설명(영문): Information regarding health state of the individual sampled at the time of sampling
설명(국문): 샘플링 당시 호스트의 건강 상태 정보</td></tr>
<tr><td>37</td><td>host sex
(숙주 성별)</td><td>설명(영문): Gender or physical sex of the host
설명(국문): 숙주의 생물학적 성 또는 성별

가능한 값: 다음 중 택일
<table>
<tr><th>No</th><th>가능한 값</th></tr>
<tr><td>1</td><td>male</td></tr>
<tr><td>2</td><td>female</td></tr>
<tr><td>3</td><td>pooled male and female</td></tr>
<tr><td>4</td><td>neuter</td></tr>
<tr><td>5</td><td>hermaphrodite</td></tr>
<tr><td>6</td><td>intersex</td></tr>
<tr><td>7</td><td>not determined</td></tr>
<tr><td>8</td><td>missing</td></tr>
<tr><td>9</td><td>not applicable</td></tr>
<tr><td>10</td><td>not collected</td></tr>
</table></td></tr>
<tr><td>38</td><td>host subject id
(숙주 개체 ID)</td><td>설명(영문): A unique identifier by which each subject can be referred to, de-identified.
설명(국문): 각 숙주 개체를 나타낼 수 있는 비 식별화된(de-identified) ID

예시: #131</td></tr>
<tr><td>39</td><td>host tissue sampled
(숙주 조직)</td><td>설명(영문): Type of tissue the initial sample was taken from
설명(국문): 초기 샘플을 채취한 호스트 조직의 타입

포맷(영문): Controlled vocabulary from http://bioportal.bioontology.org/ontologies/1005/
포맷(국문): BRENDA Tissue and Enzyme Source Ontology (http://bioportal.bioontology.org/ontologies/1005/)에서 제공하는 controlled vocabulary 입력</td></tr>
<tr><td>40</td><td>identified by
(식별한 자)</td><td>설명(영문): Name of the taxonomist who identified the specimen
설명(국문): 표본을 식별한 분류학자의 이름</td></tr>
<tr><td>41</td><td>isolate</td><td>설명(영문): Identification or description of the specific individual from which this sample was obtained
설명(국문): 샘플이 얻어진 특정 개체의 식별 또는 설명

예시1: Stage 3 lung cancer patient #17
예시2: 2-year-old Panax ginseng</td></tr>
</table>

No	항목	도움말
42	isolation source (분리 소스)	**설명(영문):** Describes the physical, environmental and/or local geographical source of the biological sample from which the sample was derived **설명(국문):** 샘플이 유래된 생물 샘플의 물리적, 환경적 및/또는 지역적 지리 출처를 설명
43	karyotype (핵형)	**설명(영문):** Karyotype **설명(국문):** 염색체 핵형
44	lab host (실험실 숙주)	**설명(영문):** Scientific name and description of the laboratory host used to propagate the source organism or material from which the sample was obtained **설명(국문):** 샘플이 유래된 생명체 또는 물질을 전파하는데 사용된 실험실 숙주의 학명 및 설명 **예시:** Escherichia coli DH5a, or Homo sapiens HeLa cells
45	latitude and longitude (위도 및 경도)	**설명(영문):** The geographical coordinates of the location where the sample was collected **설명(국문):** 샘플이 수집된 위치의 지리적 좌표(위도와 경도) **포맷(영문):** Specify as degrees latitude and longitude in format "d[d.dddd] N|S d[dd.dddd] W|E". **포맷(국문):** "d [d.dddd] N | S d [dd.dddd] W | E" 형식으로 위도와 경도를 지정 **예시:** 38.98 N 77.11 W
46	mating type (교배 형태)	**설명(영문):** Mating type of microbe **설명(국문):** 미생물의 교배 형태
47	NCBI taxonomy ID (NCBI 분류 ID)	**설명(영문):** NCBI's taxonomy identifier of the organism for this sample. The NCBI taxonomy ID can be found at https://www.ncbi.nlm.nih.gov/taxonomy/. Enter "NA" for the following or similar cases: (1) when NCBI taxonomy ID is not available because NCBI taxonomy does not yet cover the organism, (2) when metagenome or environmental sample was used, whose organismal composition is unknown in advance. **설명(국문):** 이 샘플에 대한 가장 적절한 생명체에게 NCBI가 부여하는 분류 ID를 입력. The NCBI 분류 ID는 다음 페이지에서 검색하여 얻을 수 있음: https://www.ncbi.nlm.nih.gov/taxonomy/. 다음 등과 같은 경우 NA라고 입력: (1) NCBI 분류 ID가 아직 존재하지 않는 생물종의 경우, (2) 샘플에 포함된 생물종의 구성을 사전에 알지 못하는 메타게놈 또는 환경 샘플인 경우. **예시:** Homo sapiens의 경우 9606를 입력, Pseudomonas sp. UK4의 경우 452680를 입력
48	organism (생명체 명)	**설명(영문):** The most descriptive organism name for this sample (to the species, if possible). In the case of a new species, provide the desired organism name. In the case of unidentified species, choose the appropriate Genus and include 'sp.', e.g., "Escherichia sp.". When sequencing a genome from a non-metagenomic source, include a strain or isolate name too, e.g., "Pseudomonas sp. UK4". **설명(국문):** 이 샘플에 대한 가장 적절한 생명체 이름(가능하면 종 단위까지). 새로운 종의 경우 원하는 생물명을 입력. 미확인 종의 경우 적절한 속(genus)을 입력 후 'sp.'를 입력하면 됨(예: "Escherichia sp."). Virus 분류군에서의 미확인 종의 경우는 예외로 Taxonomy ID에 적합한 생명체명을 기입. 비-메타게놈 소스에서 게놈을 시퀀싱 할 때는 균주(strain) 또는 분리주(isolate)의 이름도 입력(예: "Pseudomonas sp. UK4"). **예시:** Homo sapiens, Pseudomonas sp. UK4
49	passage history (계대 배양 이력)	**설명(영문):** Number of passages and passage method **설명(국문):** Passage(계대배양)의 횟수 및 방법
50	pathotype (병원성)	**설명(영문):** Some bacterial specific pathotypes **설명(국문):** 병원체 샘플인 경우 병원성(pathotype) 입력 **예시:** Eschericia coli - STEC, UPEC

<table>
<tr><th>No</th><th>항목</th><th>도움말</th></tr>
<tr><td>51</td><td>phenotype
(표현형)</td><td>설명(영문): Phenotype of sampled organism
설명(국문): 샘플링 된 생명체의 표현형

포맷(영문): Controlled vocabulary from Phenotypic Quality Ontology (PATO) (http://bioportal.bioontology.org/visualize/44601/)
포맷(국문): Phenotypic Quality Ontology (PATO) (http://bioportal.bioontology.org/visualize/44601/)에서 제공하는 controlled vocabulary 입력</td></tr>
<tr><td>52</td><td>population
(집단)</td><td>설명(영문): Applicable for human and plants. Population is a summation of all the organisms of the same group or species, which live in a particular geographical area, and it can also indicate filial generation, number of progeny, or genetic structure.
설명(국문): 인간과 식물 샘플의 경우 해당. 특정한 지역에 서식하면서 개체 간 동일 그룹이나 종을 묶어 표현한 것이며, 자손 세대(filial generation), 자손(progeny)의 수, 유전적 구조 또한 표현할 수 있음.</td></tr>
<tr><td>53</td><td>race
(인종)</td><td>설명(영문): Race of the subject
설명(국문): 연구 대상의 인종(race)</td></tr>
<tr><td>54</td><td>reference for biomaterial
(생물질 참고문헌)</td><td>설명(영문): Primary publication or genome report
설명(국문): 해당 생물질에 대한 주요 논문 또는 유전체 리포트

포맷: PubMed ID, or DOI (Digital Object Identifier), or URL</td></tr>
<tr><td>55</td><td>relationship to oxygen
(산소 관련성)</td><td>설명(영문): Aerobic or anaerobic
설명(국문): 산소요구도(호기성, 혐기성 등)

가능한 값: 다음 중 택일
<table>
<tr><th>No</th><th>가능한 값</th></tr>
<tr><td>1</td><td>aerobe</td></tr>
<tr><td>2</td><td>anaerobe</td></tr>
<tr><td>3</td><td>facultative</td></tr>
<tr><td>4</td><td>microaerophilic</td></tr>
<tr><td>5</td><td>microanaerobe</td></tr>
<tr><td>6</td><td>obligate aerobe</td></tr>
<tr><td>7</td><td>obligate anaerobe</td></tr>
</table></td></tr>
<tr><td>56</td><td>sample collection device or method
(샘플 수집 장치 또는 방법)</td><td>설명(영문): Method or device employed for collecting sample
설명(국문): 샘플 수집에 사용된 방법 또는 장치</td></tr>
<tr><td>57</td><td>sample material processing
(샘플 물질 처리 방법)</td><td>설명(영문): Processing applied to the sample during or after isolation
설명(국문): 분리 중 또는 분리 후 샘플에 적용된 처리 방법</td></tr>
<tr><td>58</td><td>sample name
(샘플명)</td><td>설명(영문): A name that you choose for the sample. It can have any format, but we suggest that you make it concise, unique and consistent within your lab, and as informative as possible. Every sample name from a single submitter must be unique.
설명(국문): 연구자가 샘플에 대해 부여한 이름. 특별한 형식은 없지만 간결성, 고유성, 일관성이 있고 의미 있게 명명하면 좋음. 데이터 등록자 한명이 제출하는 모든 샘플들의 이름은 각각 고유해야 함.</td></tr>
<tr><td>59</td><td>sample size
(샘플 사이즈)</td><td>설명(영문): Amount or size of sample (volume, mass or area) that was collected
설명(국문): 수집 된 샘플의 양 또는 크기 (부피, 질량 또는 면적)</td></tr>
<tr><td>60</td><td>sample type
(샘플 타입)</td><td>설명(영문): Sample type, such as cell culture, mixed culture, tissue sample, whole organism, single cell, metagenomic assembly
설명(국문): 샘플의 유형이며, 예로 다음과 같은 유형들이 있음: 세포 배양, 혼합 배양, 조직 샘플, 전체 생명체, 단일 세포, 메타 게놈 어셈블리</td></tr>
</table>

<table>
<tr><th>No</th><th>항목</th><th>도움말</th></tr>
<tr><td>61</td><td>serotype
(항원형)</td><td>설명(영문): Taxonomy below subspecies; a variety (in bacteria, fungi or virus) usually based on its antigenic properties.
설명(국문): 항원형(serotype)이란 아종(subspecies) 아래 분류임. 박테리아, 진균 또는 바이러스에서 다양한 항원형이 있는데, 일반적으로 항원적 특성에 따름.

예시: serotype="H1N1" in Influenza A virus CY098518.</td></tr>
<tr><td>62</td><td>serovar
(혈청형)</td><td>설명(영문): Taxonomy below subspecies; a variety (in bacteria, fungi or virus) usually based on its antigenic properties. Sometimes used as species identifier in bacteria with shaky taxonomy.
설명(국문): 혈청형(serovar)란 아종(subspecies) 아래 분류임. 박테리아, 진균 또는 바이러스에서 다양한 혈청형이 있는데, 일반적으로 항원적 특성에 따름. 분류가 불안정한 박테리아에서 종 식별자로 사용되기도 함.

예시: Leptospira, serovar saopaolo S76607 (65357 in Entrez).</td></tr>
<tr><td>63</td><td>sex
(성별)</td><td>설명(영문): Physical sex of sampled organism
설명(국문): 샘플링 된 생명체의 생물학적 성

가능한 값: 다음 중 택일
<table>
<tr><th>No</th><th>가능한 값</th></tr>
<tr><td>1</td><td>male</td></tr>
<tr><td>2</td><td>female</td></tr>
<tr><td>3</td><td>pooled male and female</td></tr>
<tr><td>4</td><td>neuter</td></tr>
<tr><td>5</td><td>hermaphrodite</td></tr>
<tr><td>6</td><td>intersex</td></tr>
<tr><td>7</td><td>not determined</td></tr>
<tr><td>8</td><td>missing</td></tr>
<tr><td>9</td><td>not applicable</td></tr>
<tr><td>10</td><td>not collected</td></tr>
</table></td></tr>
<tr><td>64</td><td>source material identifiers
(원천 물질 ID)</td><td>설명(영문): Unique identifier assigned to a material sample used for extracting nucleic acids, and subsequent sequencing. The identifier can refer either to the original material collected or to any derived sub-samples.
설명(국문): 핵산 추출 및 후속 시퀀싱에 사용되는 재료 샘플에 할당 된 고유 식별자. 식별자는 수집된 원본 재료 또는 파생된 하위 샘플을 참조 할 수 있음</td></tr>
</table>

<table>
<tr><th>No</th><th>항목</th><th>도움말</th></tr>
<tr><td>65</td><td>specimen voucher
(표본 식별자)</td><td>**설명(영문):** Identifier for the physical specimen
설명(국문): 실험에 사용한 생물 표본의 식별자

포맷(영문): Use the format "[<institution-code>:[<collection-code>:]]<specimen_id>", in which collection-code is optional, along with a controlled vocabulary provided at http://www.insdc.org/controlled-vocabulary-specimenvoucher-qualifier/.
포맷(국문): http://www.insdc.org/controlled-vocabulary-specimenvoucher-qualifier/에서 제공되는 controlled vocabulary와 "[<institution-code> : [<collection-code> :]] <specimen_id>"의 포맷을 사용(collection-code는 해당될 경우에만 선택 입력).

비고: 상기의 institution-code를 적을 때 NCBI가 compile한 institution code의 목록을 ftp://ftp.ncbi.nlm.nih.gov/pub/taxonomy/coll_dump.txt에서 찾아볼 것.
국내 주요 생물 소재 분양기관의 institution code는 다음과 같음:

<table>
<tr><th>국문 기관명</th><th>영문 기관명</th><th>institution code</th></tr>
<tr><td>한국세포주은행</td><td>Korean Cell Line Bank</td><td>KCLB</td></tr>
<tr><td>한국생명공학연구원 생물자원센터</td><td>Korean Collection for Type Cultures</td><td>KCTC</td></tr>
<tr><td>농촌진흥청 농업미생물은행</td><td>Korean Agricultural Culture Collection</td><td>KACC</td></tr>
</table>

만약 ftp://ftp.ncbi.nlm.nih.gov/pub/taxonomy/coll_dump.txt에 institution code가 등재되지 않은 기관의 경우에는 영문기관명(영문기관약자)의 형태로 institution code를 입력.
만약 institution code 및 specimen id를 모르거나, 분양을 받지 않은 등의 이유로 해당 없는 경우 NA라고 입력.

예시: KCLB:30082, KCTC:6910, KACC:44679</td></tr>
<tr><td>66</td><td>storage conditions
(보관 조건)</td><td>**설명(영문):** Explain how and for how long the soil sample was stored before DNA extraction.
설명(국문): DNA를 추출하기 전에 토양 샘플을 어떻게 보관하였고 얼마나 오래 보관하였는지 설명.</td></tr>
<tr><td>67</td><td>strain
(균주, 계통)</td><td>**설명(영문):** Microbial or eukaryotic strain name
설명(국문): 미생물 또는 진핵생물의 strain(균주, 계통) 이름</td></tr>
<tr><td>68</td><td>stud book number
(혈통 번호)</td><td>**설명(영문):** A number of the captive animal individual in stud book
설명(국문): 동물의 혈통 번호</td></tr>
<tr><td>69</td><td>subgroup
(서브그룹)</td><td>**설명(영문):** Taxonomy below subspecies; sometimes used in viruses to denote subgroups taken from a single isolate.
설명(국문): 아집단(subgroup)은 아종(subspecies) 아래 분류임. 단일 분리에서 얻어진 하위 그룹들을 나타내기 위해 바이러스에서 가끔 사용됨.</td></tr>
<tr><td>70</td><td>subtype
(서브타입)</td><td>**설명(영문):** Used as classifier in viruses
설명(국문): 아형(subtype)은 바이러스에서 분류자로 사용됨.

예시: HIV type 1, Group M, Subtype A</td></tr>
<tr><td>71</td><td>temperature
(온도)</td><td>**설명(영문):** Temperature of the sample at time of sampling
설명(국문): 샘플링 당시 샘플의 온도</td></tr>
<tr><td>72</td><td>tissue
(조직)</td><td>**설명(영문):** Type of tissue the sample was taken from
설명(국문): 샘플이 추출된 조직의 타입</td></tr>
<tr><td>73</td><td>treatment
(처리 조건)</td><td>**설명(영문):** Describes how the sample was treated
설명(국문): 샘플 처리 조건

예시1: Embryos were dechorionated with 50% bleach, put on a cover slip and covered with Halocarbon oil 27 (Sigma). Embryos of the appropriate stage were manually selected under the dissecting scope. Selected embryos were transferred to a basket, rinsed with PBS with 0.7% NaCl, 0.04% triton-X100 and placed on ice in the Trizol solution (GibcoBRL).
예시2: The rats were treated with 150 mg phthalate per bodyweight kilogram for each day for 13 weeks.</td></tr>
</table>

No	항목	도움말
74	other characteristics (기타 특성)	**설명(영문):** Other characteristics needed to describe sample characteristics, which can be useful to enter the information on experimental factors. **설명(국문):** 샘플 특성을 설명하는데 필요한 기타 항목. 실험의 인자(factor) 정보를 기입함에 유용할 수 있는 항목임. **포맷(영문):** Use the format “Characteristics name:Characteristics value”. Use “//“ delimiter for m ultiple characteristics. **포맷(국문):** “특성명:특성값”이 형태로 입력하며, //를 구분자로 사용하여 여러 개의 특성을 입력할 수 있음. **예시1:** BRCA1 mutation status:Yes (한 개 특성만 입력한 경우) **예시2:** BRCA1 mutation status:Yes//Chemotherapy dosage:High (두 개 특성을 입력한 경우) **예시3:** organ:brain//subregion:hippocampus//neuronal type:GABAergic (세 개 특성을 입력한 경우) **비고(영문):** Enter ‘None’ if there are no other characteristics that are needed to describe the sample **비고(국문):** 만약 샘플의 특성을 설명함에 있어서 추가적인 기타 정보의 작성이 필요하지 않을 경우에는 None이라고 입력

참고표: 표 3-2의 항목들의 생물군별 필수/선택/해당없음 여부

□ <표 3-3>은 총 9가지 생물군에 따라 <표 3-2>의 각 항목들의 필수/선택/ 해당없음 여부를 요약한 것으로, 다음의 색깔 표시를 하였음

○ M : 필수(Mandatory) 입력 항목

○ G : 그룹(Group) 필수 입력 항목

※ 예: Model organism or animal 및 Plant 컬럼에서는 age(항목1) 및 development stage(항목 20)에 G 라고 표시되어 있음. 이들 생물군에서는 Age/Stage group에 속하는 이 두 항목 중 어느 하나만 필수로 입력하면 된다는 의미임.

○ O : 선택(Optional) 입력 항목

○ : 해당 생물군에는 적용 안 되는 항목

<표 3-3>

No	항목	항목그룹	Human	Model organism or animal	Invertebrate	Plant	Microbe	Virus	Clinical or host-associated pathogen	Environmental/food/other pathogen	Metagenome or environmental
1	age	Age/Stage group	M	G	O	G					
2	altitude	-			O		O	O			
3	biomaterial provider	-	M	M	M	M	M	M	M	M	
4	birth date	-		O							
5	birth location	-		O							
6	breed	Organism group		G	G						
7	breeding history	-		O							
8	breeding method	-		O							
9	broad-scale environmental context	-			O		O	O			
10	cell line	-	O	O		O					
11	cell subtype	-	O	O							
12	cell type	-	O	O		O					
13	collected by	-		O	O	O	O	O	M	M	
14	collection date	-		O	M	O	M	M	M	M	M
15	cultivar	Organism group		G		G					
16	culture collection	-	O	O		O	O	O	O	O	
17	death date	-		O							
18	depth	-			O		O	O			
19	description	-	O	O	O	O	O	O	O	O	O
20	development stage	Age/Stage group	O	G	O	G					
21	disease	-	O	O		O					
22	disease stage	-	O	O		O					
23	ecotype	Organism group		G		G	O				
24	ethnicity	-	O								
25	genotype	-		O		O		O	O	O	
26	geographic location	-		O	M	M	M	M	M	M	M
27	growth protocol	-	O	O	O	O	O	O	O	O	
28	health state	-	O	O							
29	height or length	-				O					

No	항목	항목그룹	Human	Model organism or animal	Invertebrate	Plant	Microbe	Virus	Clinical or host-associated pathogen	Environmental/food/other pathogen	Metagenome or environmental
30	host	Host group AND Source group			G		G	G	M		G
31	host age	-							O		
32	host description	-							O		
33	host disease	-							M		
34	host disease outcome	-							O		
35	host disease stage	-							O		
36	host health state	-							O		
37	host sex	-							O		
38	host subject id	-							O		
39	host tissue sampled	-			O		O	O	O		
40	identified by	-			O		O	O			
41	isolate	Organism group	M	G	G	G	G	M	G	G	
42	isolation source	Source group		O	G	O	G	M	M	M	G
43	karyotype		O								
44	lab host	Host group					O	G			
45	latitude and longitude	-		O	O	O	O	O	M	M	M
46	mating type	-					O				
47	NCBI taxonomy ID	-	M	M	M	M	M	M	M	M	M
48	organism	-	M	M	M	M	M	M	M	M	M
49	passage history	-					O	O	O	O	
50	pathotype	-							O	O	
51	phenotype	-	O	O		O					
52	population	-	O			O					
53	race	-	O								
54	reference for biomaterial	-									O
55	relationship to oxygen	-									O
56	sample collection device or method	-									O
57	sample material processing	-									O
58	sample name	-	M	M	M	M	M	M	M	M	M
59	sample size	-					O	O			O
60	sample type	-	O	O		O	M				O
61	serotype	-					O	O	O	O	
62	serovar	-					O		O	O	
63	sex	-	M	M	O	O					
64	source material identifiers	-									O
65	specimen voucher	-	M	M	M	M	M	M	M	M	
66	storage conditions	-		O							
67	strain	Organism group		G			G	O	G	G	
68	stud book number	-		O							
69	subgroup	-							O	O	
70	subtype	-							O	O	
71	temperature	-			O	O	O	O			
72	tissue	-	M	M	M	M					
73	treatment	-	O	O	O	O	O	O	O	O	
74	other characteristics	-	M	M	M	M	M	M	M	M	M

4 Omics(오믹스) 데이터

4.1 NGS(차세대 시퀀싱) 데이터

□ **(작성자)** KOBIC 작성 후 외부 전문가 검수

○ 연세대학교 김상우(혁신형융복합 작업반), 한양대학교 남진우(혁신형융복합 작업반), 분당서울대학교병원 이세준(혁신형융복합 작업반), 차의과학대학교 황소현(혁신형융복합 작업반)

□ **(설명)** DNA 및 RNA 서열의 NGS(Next-Generation Sequencing) 기반 high-throughput 시퀀싱 데이터를 등록할 때 쓰이는 양식

□ **(작성에 참고한 자료)** NCBI SRA*(https://ncbi.nlm.nih.gov/sra/)의 양식을 기반으로 작성되었음

* Sequence Read Archive

□ **(등록 구성)** NGS 데이터 세트의 등록은 다음 세 요소로 구성됨

○ **BioProject 정보:** <2. BioProject 정보>의 양식에 따라 등록

○ **BioSample 정보:** <3. BioSample 정보>의 양식에 따라 등록

○ **NGS 데이터:** 각 BioSample에 대한 실험에서 얻어진 NGS 데이터를 <4.1. NGS 데이터>의 양식에 따라 등록

파트 1. NGS metadata (차세대시퀀싱 속성정보)

<표 4-1-1>

<table>
<tr><th>No</th><th>항목</th><th>필수(M)/
선택(O)</th><th>도움말</th></tr>
<tr><td>1</td><td>Title
(제목)</td><td>M</td><td>설명(영문): Short description that will identify the dataset on public pages
설명(국문): 공개된 웹 페이지에서 데이터 세트를 식별함에 사용될 간단한 제목

포맷(영문): A clear and concise formula for the title would be like: {methodology} of {organism}: {sample info}
포맷(국문): 다음과 같은 포맷을 사용하여 제목을 만들면 명확하고 간결함. {서열 생산 방법} of {생물종} : {샘플 정보}

예시: RNA-Seq of Mus musculus: adult female spleen.</td></tr>
<tr><td>2</td><td>Data identifier
(데이터의 식별자)</td><td>M</td><td>설명(영문): A user-named identifier of the submitted data, which must be unique across the entire submitted dataset.
설명(국문): 제출하는 데이터에 대해 등록자가 자유로이 명명하는 식별자로서, 제출 대상의 전체 데이터세트 중 각 개별 데이터는 서로 다른 식별자를 가져야 함.

예시(영문):
- In case where two paired-end fastq files were produced per sample (e.g., ID0001_R1.fastq and ID0001_R2.fastq): Enter an identifier that corresponds to the sample (i.e., ID0001)
- In case where multiple technical replications were made for a sample followed by a production of a fastq file for each replication (e.g,: ID0002_rep1.fastq, ID0002_rep2.fastq): Enter an identifier that corresponds to the combination of the sample and the replicate (i.e., ID0002_rep1 or ID0002_rep2)
- In case where multiple library preparations were done for a sample followed by a production of a fastq file for each preparation (e.g,: ID0002_prep1.fastq, ID0002_prep2.fastq): Enter an identifier that corresponds to the combination of the sample and the library prep (i.e., ID0002_prep1 or ID0002_prep2)

예시(국문):
- 한 샘플에 대하여 두 개의 paired-end fastq 파일이 생산된 경우(예: ID0001_R1.fastq 및 ID0001_R2.fastq): 샘플에 해당하는 식별자를 입력(즉, ID0001)
- 동일 샘플에 대하여 여러 번의 technical replication이 이루어진 후 각 replicate별로 fastq 파일이 생산된 경우(예: ID0002_rep1.fastq, ID0002_rep2.fastq 등): 샘플 및 replicate 조합에 해당하는 식별자를 입력(즉, ID0002_rep1 또는 ID0002_rep2)
- 동일 샘플에 대하여 여러 번의 library prep이 이루어진 후 각 prep별로 fastq 파일이 생산된 경우(예: ID0002_prep1.fastq, ID0002_prep2.fastq 등): 샘플 및 prep 조합에 해당하는 식별자를 입력(즉, ID0002_prep1 또는 ID0002_prep2)</td></tr>
<tr><td>3</td><td>Release date
(공개날짜)</td><td>M</td><td>설명(영문): Data release date
설명(국문): 데이터 공개 날짜

양식: YYYY-MM-DD
예시: 2018-12-22</td></tr>
<tr><td>4</td><td>Library strategy
(시퀀싱 기법)</td><td>M</td><td>가능한 값: 다음 중 택일
<table>
<tr><th>No</th><th>가능한 값</th><th>설명</th></tr>
<tr><td>1</td><td>WGA</td><td>(영문) Random sequencing of the whole genome following non-PCR amplification
(국문) Non-PCR 증폭 후 전체 게놈의 무작위 서열 분석</td></tr>
<tr><td>2</td><td>WGS</td><td>(영문) Random sequencing of the whole genome
(국문) 전체 게놈의 무작위 서열 분석</td></tr>
<tr><td>3</td><td>WXS</td><td>(영문) Random sequencing of exonic regions selected from the genome
(국문) 게놈에서 선택된 엑손 영역의 무작위 서열 분석</td></tr>
<tr><td>4</td><td>RNA-Seq</td><td>(영문) Random sequencing of whole transcriptome
(국문) 전체 전사체의 무작위 서열 분석</td></tr>
</table></td></tr>
</table>

No	항목	필수(M)/선택(O)	도움말

No	가능한 값	설명
5	smallRNA-Seq	**(영문)** Random sequencing of small miRNAs (miRNA, siRNA, piRNA) with size selection **(국문)** Small RNAs(miRNA, siRNA, piRNA)의 무작위 서열 분석
6	WCS	**(영문)** Random sequencing of a whole chromosome or other replicon isolated from a genome **(국문)** 게놈에서 분리된 전체 염색체 또는 게놈에서 분리 된 기타 레플리콘의 무작위 서열 분석
7	CLONE	**(영문)** Genomic clone based (hierarchical) sequencing **(국문)** 게놈 클론 기반 (계층적) 서열 분석
8	POOLCLONE	**(영문)** Shotgun of pooled clones (usually BACs and Fosmids) **(국문)** 풀링된 클론의 산탄총 기법 서열 분석 (일반적으로 BAC 및 Fosmid)
9	AMPLICON	**(영문)** Sequencing of overlapping or distinct PCR or RT-PCR products **(국문)** 중복 또는 구별되는 PCR 또는 RT-PCR 제품의 서열 분석
10	CLONEEND	**(영문)** Clone end (5′, 3′, or both) sequencing **(국문)** 클론 말단 서열 분석 (5′, 3′, 또는 양쪽)
11	FINISHING	**(영문)** Sequencing intended to finish (close) gaps in existing coverage **(국문)** 기존 서열 분석 범위의 갭을 채우기 위한 서열 분석
12	ChIP-Seq	**(영문)** Direct sequencing of chromatin immunoprecipitates **(국문)** 염색질 면역 침전물의 직접 서열 분석
13	MNase-Seq	**(영문)** Direct sequencing following MNase digestion **(국문)** MNase 분해 후 직접 서열 분석
14	DNase-Hypersensitivity	**(영문)** Sequencing of hypersensitive sites, or segments of open chromatin that are more readily cleaved by DNaseI **(국문)** 과민성 부위의 서열 분석 또는 DNA 분해효소 I에 의해 더 쉽게 절단되는 개방 염색질 조각의 서열 분석
15	Bisulfite-Seq	**(영문)** Sequencing following treatment of DNA with bisulfite to convert cytosine residues to uracil depending on methylation status **(국문)** 메틸화 상태에 따라 시토신 잔기를 우라실로 전환하기 위해 중아 황산염으로 DNA를 처리 한 후 서열 분석
16	Tn-Seq	**(영문)** Sequencing from transposon insertion sites **(국문)** 이동성유전자 삽입 부위의 서열 분석
17	EST	**(영문)** Single pass sequencing of cDNA templates **(국문)** cDNA 주형의 단일 발현 서열 분석
18	FL-cDNA	**(영문)** Full-length sequencing of cDNA templates **(국문)** cDNA 주형 전체 길이 서열 분석
19	CTS	**(영문)** Concatenated Tag Sequencing **(국문)** 양 끝이 연결된 서열 분석
20	MRE-Seq	**(영문)** Methylation-Sensitive Restriction Enzyme Sequencing strategy **(국문)** 메틸화 민감 제한 효소 서열 분석 기법
21	MeDIP-Seq	**(영문)** Methylated DNA Immunoprecipitation Sequencing strategy **(국문)** 메틸화 DNA 면역 침강 서열 분석 기법
22	MBD-Seq	**(영문)** Methyl-CpG-Binding Domain Sequencing strategy **(국문)** 메틸 CpG 결합 도메인 서열 분석
23	Synthetic-Long-Read	**(영문)** A technique for analyzing synthetic long reads made by assembled short sequence reads **(국문)** 짧은 염기 조각들을 엮어 만든 긴 염기 조각 분석 기법
24	ATAC-seq	**(영문)** Assay for Transposase-Accessible Chromatin (ATAC) strategy is used to study genome-wide chromatin accessibility. Alternative method to DNase-seq that uses an engineered Tn5 transposase to cleave DNA and to integrate primer DNA sequences into the cleaved genomic DNA **(국문)** 게놈 전체의 염색질 접근성을 연구하기 위해 사용됨. 조작된 Tn5 유전자전위효소로 DNA를 절단하고 프라이머 DNA 서열을 절단된 게놈 DNA에 통합하여 접근 가능한 DNA 영역을 식별하는 기법
25	ChIA-PET	**(영문)** Direct sequencing of proximity-ligated chromatin immunoprecipitates **(국문)** 양 끝 연결 서열 분석을 이용한 염색질 상호작용 분석
26	FAIRE-seq	**(영문)** Formaldehyde Assisted Isolation of Regulatory Elements. reveals regions of open chromatin **(국문)** 염색질의 접근성을 밝히기 위한 포름알데히드 추출 기법

No	항목	필수(M)/선택(O)	도움말

No	가능한 값	설명
27	Hi-C	**(영문)** Chromosome Conformation Capture technique where a biotin-labeled nucleotide is incorporated at the ligation junction, enabling selective purification of chimeric DNA ligation junctions followed by deep sequencing **(국문)** 염색체 입체 형태 포착 기술, 비오틴이 표지된 뉴클레오티드의 접합과 분리에 관련된 물리적 상호작용의 정량 기법
28	Targeted ncRNA-Seq	**(영문)** Capture of other non-coding RNA types, including post-translation modification types such as snRNA (small nuclear RNA) or snoRNA (small nucleolar RNA), or expression regulation types such as siRNA (small interfering RNA) or piRNA/piwi/RNA (piwi-interacting RNA). **(국문)** siRNA(소핵 RNA), snoRNA(소핵소체 RNA)와 같은 번역 후 변형 종류나 siRNA(소간섭 RNA) 또는 piRNA/piwiRNA(피위 결합 RNA)와 같은 발현 조절 종류에 해당하는 비번역 RNA 종류의 캡처 서열 분석
29	RAD-Seq	**(영문)** A technique to analyze the sequence of the genome cut with restriction enzymes **(국문)** 제한효소로 자른 유전체 부분의 서열을 분석하는 기법
30	RIP-Seq	**(영문)** Direct sequencing of RNA immunoprecipitates (includes CLIP-Seq, HITS-CLIP and PAR-CLIP) **(국문)** RNA 면역 침전 서열 분석 기법 (CLIP-Seq,HITS-CLIP, PAR-CLIP)
31	SELEX	**(영문)** Systematic Evolution of Ligands by EXponential enrichment **(국문)** 시험 관내 진화; 지수적 농축에 의한 RNA 리간드의 체계적 합성법
32	Targeted-Capture	**(영문)** Random sequencing of targeted regions selected from the genome **(국문)** 게놈에서 선택된 타겟 영역의 무작위 서열 분석
33	Tethered Chromatin Conformation Capture	**(영문)** A technique to capture chromosomal structures by immobilizing them on a solid surface rather than a solution **(국문)** 용액이 아닌 고체 표면에 고정시켜 염색체 구조를 포착하는 방법
34	PolyA-Seq (or 3P-Seq)	**(영문)** PolyA cleavage site profiling by sequencing **(국문)** PolyA cleavage 사이트 서열 분석
35	DMS-Seq	**(영문)** Footprinting of structured RNA and RNA-protein interaction followed by sequencing **(국문)** RNA 구조, RBP 결합구조 지문영역 서열분석
36	Ribo-Seq	**(영문)** Ribosome footprinting of mRNAs followed by sequencing **(국문)** Ribosome 결합 지문영역 서열분석
37	OTHER	**(영문)** Library strategy not listed. Please include additional info in the field 14(Design description). **(국문)** 이 목록에 없는 다른 방법. 항목 14(Design description)에 추가 정보를 쓸 것)

No	항목	필수(M)/선택(O)	도움말
5	Library source (라이브러리 출처)	M	**가능한 값:** 다음 중 택일

No	Value	설명
1	GENOMIC	**(영문)** Genomic DNA (includes PCR products from genomic DNA) **(국문)** 게놈 DNA (게놈 DNA의 중합효소연쇄반응 산물 포함)
2	TRANSCRIPTOMIC	**(영문)** Transcription products or non-genomic DNA (EST, cDNA, RT-PCR, screened libraries) **(국문)** 전사 산물 또는 비게놈 DNA (EST, cDNA, RT-PCR, 스크리닝 된 라이브러리)
3	METAGENOMIC	**(영문)** Mixed material from metagenome **(국문)** 군유전체(메타게놈)의 혼합 물질
4	METATRANSCRIPTOMIC	**(영문)** Transcription products from community targets **(국문)** 공동체 표적군의 전사 산물
5	SYNTHETIC	**(영문)** Synthetic DNA **(국문)** 합성 DNA
6	VIRAL RNA	**(영문)** Viral RNA **(국문)** 바이러스성 RNA
7	GENOMIC SINGLE CELL	**(영문)** Single cell genomic DNA (includes PCR products from genomic DNA) **(국문)** 단일세포의 게놈 DNA (게놈 DNA의 PCR 산물 포함)
8	TRANSCRIPTOMIC	**(영문)** Single cell transcription products or non-genomic DNA (EST, cDNA, RT-PCR, screened libraries)

<table>
<tr><th>No</th><th>항목</th><th>필수(M)/
선택(O)</th><th>도움말</th></tr>
<tr><td></td><td></td><td></td><td>
<table>
<tr><td></td><td>SINGLE CELL</td><td>(국문) 단일세포의 전사 산물 또는 비게놈 DNA (EST, cDNA, RT-PCR, 스크리닝 된 라이브러리)</td></tr>
<tr><td>9</td><td>EPIGENOMIC</td><td>(영문) Epigenomic DNA
(국문) 후성유전체 DNA</td></tr>
<tr><td>10</td><td>EPIGENOMIC SINGLE CELL</td><td>(영문) Single cell epigenomic DNA
(국문) 단일세포의 후성유전체 DNA</td></tr>
<tr><td>11</td><td>OTHER</td><td>(영문) Other, unspecified, or unknown library source material. Please include additional info in the field 14(Design description).
(국문) 그 밖에 규정되지 않은, 알려지지 않은 물질 유래. 항목 14(Design description)에 추가 정보를 쓸 것.</td></tr>
</table>
</td></tr>
<tr><td>6</td><td>Library selection
(라이브러리 선택 방법)</td><td>M</td><td>
가능한 값: 다음 중 택일
<table>
<tr><th>No</th><th>가능한 값</th><th>설명</th></tr>
<tr><td>1</td><td>RANDOM</td><td>(영문) Random selection by shearing or other method
(국문) 절단 또는 기타 방법에 의한 무작위 선택</td></tr>
<tr><td>2</td><td>PCR</td><td>(영문) Source material was selected by designed primers
(국문) 설계된 프라이머에 의해 선택</td></tr>
<tr><td>3</td><td>RANDOM PCR</td><td>(영문) Source material was selected by randomly generated primers
(국문) 무작위로 형성된 프라이머에 의해 선택</td></tr>
<tr><td>4</td><td>RT-PCR</td><td>(영문) Source material was selected by reverse transcription PCR
(국문) 역전사 중합효소연쇄반응에 의해 선택</td></tr>
<tr><td>5</td><td>HMPR</td><td>(영문) Hypo-methylated partial restriction digest
(국문) 저메틸화 부분 제한효소 절단법</td></tr>
<tr><td>6</td><td>MF</td><td>(영문) Methyl Filtrated
(국문) 메틸 여과</td></tr>
<tr><td>7</td><td>CF-S</td><td>(영문) Cot-filtered single/low-copy genomic DNA
(국문) DNA 농축 여과를 통한 단일/저도 복제 서열 게놈 DNA</td></tr>
<tr><td>8</td><td>CF-M</td><td>(영문) Cot-filtered moderately repetitive genomic DNA
(국문) DNA 농축 여과를 통한 중도 복제 서열 게놈 DNA</td></tr>
<tr><td>9</td><td>CF-H</td><td>(영문) Cot-filtered highly repetitive genomic DNA
(국문) DNA 농축 여과를 통한 고도 복제 서열 게놈 DNA</td></tr>
<tr><td>10</td><td>CF-T</td><td>(영문) Cot-filtered theoretical single-copy genomic DNA
(국문) DNA 농축 여과를 통한 이론적 단일 복제 서열 게놈 DNA</td></tr>
<tr><td>11</td><td>MDA</td><td>(영문) Multiple displacement amplification
(국문) 다중 변위 증폭</td></tr>
<tr><td>12</td><td>MSLL</td><td>(영문) Methylation Spanning Linking Library
(국문) 비메틸화 부위 연결 라이브러리</td></tr>
<tr><td>13</td><td>cDNA</td><td>(영문) complementary DNA
(국문) 상보적 DNA</td></tr>
<tr><td>14</td><td>ChIP</td><td>(영문) Chromatin immunoprecipitation
(국문) 염색질 면역 침강 반응법</td></tr>
<tr><td>15</td><td>MNase</td><td>(영문) Micrococcal Nuclease (MNase) digestion
(국문) 미세구균 핵산분해효소 절단법</td></tr>
<tr><td>16</td><td>DNAse</td><td>(영문) Deoxyribonuclease (MNase) digestion
(국문) DNA분해효소 절단법</td></tr>
<tr><td>17</td><td>Hybrid Selection</td><td>(영문) Selection by hybridization in array or solution
(국문) 어레이나 용액에서의 혼성에 의한 선택</td></tr>
<tr><td>18</td><td>Reduced Representation</td><td>(영문) Reproducible genomic subsets, often generated by restriction fragment size selection, containing a manageable number of loci to facilitate re-sampling
(국문) 절편 크기 선택에 의해 생성되는, 재생산이 가능하고 관리 가능한 수의 유전자좌를 포함하는 게놈 하위 집합</td></tr>
<tr><td>19</td><td>Restriction Digest</td><td>(영문) DNA fractionation using restriction enzymes
(국문) 제한효소를 이용한 DNA 절단</td></tr>
<tr><td>20</td><td>5-methylcytidine antibody</td><td>(영문) Selection of methylated DNA fragments using an antibody raised against 5-methylcytosine or 5-methylcytidine (m5C)
(국문) 5- 메틸 cytosine 또는 5- 메틸 cytidine (m5C)에 대해 대응하는 항체를 사용하여 메틸화된 DNA 단편 선택</td></tr>
<tr><td>21</td><td>MBD2 protein methyl-CpG binding domain</td><td>(영문) Enrichment by methyl-CpG binding domain
(국문) 메틸-CpG 결합 도메인의 밀집 부분</td></tr>
<tr><td>22</td><td>CAGE</td><td>(영문) Cap-analysis gene expression
(국문) 메신저 RNA 5' 말단의 생성 포착을 이용한 유전자 발현 기술</td></tr>
</table>
</td></tr>
</table>

<table>
<tr><th>No</th><th>항목</th><th>필수(M)/
선택(O)</th><th>도움말</th></tr>
<tr><td></td><td></td><td></td><td>
<table>
<tr><th>No</th><th>가능한 값</th><th>설명</th></tr>
<tr><td>23</td><td>RACE</td><td>(영문) Rapid Amplification of cDNA Ends
(국문) RCR을 활용하여 cDNA의 말단을 증폭하여 서열을 확인하는 기술</td></tr>
<tr><td>24</td><td>size fractionation</td><td>(영문) Physical selection of size appropriate targets
(국문) 적합한 크기에 해당하는 물리적 선택</td></tr>
<tr><td>25</td><td>Padlock probes capture method</td><td>(영문) Circularized oligonucleotide probes
(국문) 원형화된 올리고뉴클레오티드 프로브를 사용</td></tr>
<tr><td>26</td><td>cDNA_oligo_dT</td><td>(영문) cDNA to analyze mRNA by binding to poly-A tail
(국문) poly-A tail에 결합하여 mRNA를 분석하기 위한 cDNA</td></tr>
<tr><td>27</td><td>cDNA_randomPriming</td><td>(영문) cDNA made up of random sequences so that it can attach anywhere to RNA
(국문) RNA에 아무 곳에나 붙을 수 있도록 무작위 서열로 구성된 dDNA</td></tr>
<tr><td>28</td><td>Inverse rRNA</td><td>(영문) Depletion of ribosomal RNA by oligo hybridization.
(국문) 올리고 혼성화에 의한 리보솜 RNA의 제거 기법</td></tr>
<tr><td>29</td><td>Oligo-dT</td><td>(영문) Enrichment of messenger RNA (mRNA) by hybridization to Oligo-dT
(국문) Oligo-dT에 대한 혼성화에 의한 메신저 RNA의 농축기법</td></tr>
<tr><td>30</td><td>PolyA</td><td>(영문) PolyA selection or enrichment for messenger RNA (mRNA); should replace cDNA enumeration.
(국문) 메신저 RNA 농축 또는 PolyA 선택 기법 ; cDNA 대체가 필요</td></tr>
<tr><td>31</td><td>Ribo depletion</td><td>(영문) Depletion of ribosomal RNAs (rRNA) using oligonucleotide or Total RNA-seq
(국문) Oligonucleotide를 사용한 rRNA 제거 또는 Total RNA-seq</td></tr>
<tr><td>32</td><td>repeat fractionation</td><td>(영문) Selection for less repetitive (and more gene rich) sequence through Cot filtration (CF) or other fractionation techniques based on DNA kinetics.
(국문) DNA 농축 여과나 DNA 동역학에 기반한 다른 분획 방법을 활용하여 덜 반복적인 서열 부분을 선택 (유전자 집약적인 부분)</td></tr>
<tr><td>33</td><td>other</td><td>(영문) Other library enrichment, screening, or selection process. Please include additional info in the field 14(Design description)
(국문) 다른 라이브러리 선택 방법. 항목 14(Design description)에 추가적인 정보 기입.</td></tr>
<tr><td>34</td><td>unspecified</td><td>(영문) Library enrichment, screening, or selection is not specified. Please include additional info in the field 14(Design description).
(국문) 특정되지 않는 라이브러리 선택 방법. 항목 14(Design description)에 추가적인 정보 기입.</td></tr>
</table>
</td></tr>
<tr><td>7</td><td>Library kit
(라이브러리 제작 키트)</td><td>M</td><td>설명(영문): Library preparation kits
설명(국문): 데이터 생산시 사용한 라이브러리 제작 키트

예시: TruSeq Stranded mRNA, TruSeq DNA PCR-Free, TrueSeq RNA Library Prep Kit V2, etc.</td></tr>
<tr><td>8</td><td>Library strandedness
(라이브러리 방향성)</td><td>O</td><td>가능한 값: 다음 중 택일
<table>
<tr><th>No</th><th>가능한 값</th></tr>
<tr><td>1</td><td>stranded</td></tr>
<tr><td>2</td><td>unstranded</td></tr>
</table>
</td></tr>
<tr><td>9</td><td>Library layout
(라이브러리 레이아웃)</td><td>M</td><td>가능한 값: 다음 중 택일
<table>
<tr><th>No</th><th>가능한 값</th></tr>
<tr><td>1</td><td>single-end</td></tr>
<tr><td>2</td><td>paired-end</td></tr>
<tr><td>3</td><td>Mate-pair</td></tr>
<tr><td>4</td><td>other configuration of reads (please specify)</td></tr>
</table>
비고(영문): Choose option 4 for long-read sequencing
비고(국문): Long-read sequencing인 경우 옵션 4를 선택</td></tr>
<tr><td>10</td><td>Nominal length
(액면 길이)</td><td>O</td><td>설명(영문): Average length of library fragments that were obtained by a size selection process (e.g., gel-based size selection)
설명(국문): Size selection 과정(예: gel-based size selection)을 통해 얻어진 library fragment들의 평균 길이</td></tr>
</table>

<table>
<tr><th>No</th><th>항목</th><th>필수(M)/
선택(O)</th><th>도움말</th></tr>
<tr><td></td><td></td><td></td><td>예시: 100 bp

비고(영문): Applicable for paired-end read data only
비고(국문): Paired-end read 데이터인 경우에만 해당</td></tr>
<tr><td>11</td><td>Nominal standard deviation
(액면 길이 표준편차)</td><td>O</td><td>설명(영문): Standard deviation of the lengths of library fragments that were obtained by a size selection process (e.g., gel-based size selection). Typically ~10% of nominal length.
설명(국문): Size selection 과정(예: gel-based size selection)을 통해 얻어진 library fragment들의 길이의 표준편차. 통상적으로 평균 길이의 약 10%임.

예시: 10

비고(영문): Applicable for paired-end read data only
비고(국문): Paired-end read 데이터인 경우에만 해당</td></tr>
<tr><td>12</td><td>Platform
(플랫폼)</td><td>M</td><td>가능한 값: 다음 중 택일
<table>
<tr><th>No</th><th>가능한 값</th></tr>
<tr><td>1</td><td>LS454</td></tr>
<tr><td>2</td><td>ABI_SOLID</td></tr>
<tr><td>3</td><td>BGISEQ</td></tr>
<tr><td>4</td><td>CAPILLARY</td></tr>
<tr><td>5</td><td>COMPLETE_GENOMICS</td></tr>
<tr><td>6</td><td>HELICOS</td></tr>
<tr><td>7</td><td>ILLUMINA</td></tr>
<tr><td>8</td><td>ION_TORRENT</td></tr>
<tr><td>9</td><td>OXFORD_NANOPORE</td></tr>
<tr><td>10</td><td>PACBIO_SMRT</td></tr>
<tr><td>11</td><td>OTHERS</td></tr>
</table></td></tr>
<tr><td>13</td><td>Instrument model
(기기모델)</td><td>M</td><td>가능한 값: 다음 중 택일
<table>
<tr><th>12번 항목(Platform) 값</th><th>가능한 값(Instrument model)</th></tr>
<tr><td>LS454</td><td>454 GS
454 GS 20
454 GS FLX
454 GS FLX+
454 GS FLX Titanium
454 GS Junior</td></tr>
<tr><td>ILLUMINA</td><td>HiSeq X Five
HiSeq X Ten
Illumina Genome Analyzer
Illumina Genome Analyzer II
Illumina Genome Analyzer IIx
Illumina HiScanSQ
Illumina HiSeq 1000
Illumina HiSeq 1500
Illumina HiSeq 2000
Illumina HiSeq 2500
Illumina HiSeq 3000
Illumina HiSeq 4000
Illumina iSeq 100
Illumina NovaSeq 6000
Illumina MiniSeq
Illumina MiSeq
NextSeq 500
NextSeq 550</td></tr>
<tr><td>HELICOS</td><td>Helicos HeliScope</td></tr>
</table></td></tr>
</table>

<table>
<tr><th>No</th><th>항목</th><th>필수(M)/
선택(O)</th><th>도움말</th></tr>
<tr><td></td><td></td><td></td><td>
<table>
<tr><td>ABI_SOLID</td><td>AB 5500 Genetic Analyzer
AB 5500xl Genetic Analyzer
AB 5500x-Wl Genetic Analyzer
AB SOLiD 3 Plus System
AB SOLiD 4 System
AB SOLiD 4hq System
AB SOLiD PI System
AB SOLiD System
AB SOLiD System 2.0
AB SOLiD System 3.0</td></tr>
<tr><td>COMPLETE_GENOMICS</td><td>Complete Genomics</td></tr>
<tr><td>PACBIO_SMRT</td><td>PacBio RS
PacBio RS II
PacBio Sequel
PacBio Sequel II</td></tr>
<tr><td>ION_TORRENT</td><td>Ion Torrent PGM
Ion Torrent Proton
Ion Torrent S5 XL
Ion Torrent S5</td></tr>
<tr><td>CAPILLARY</td><td>AB 310 Genetic Analyzer
AB 3130 Genetic Analyzer
AB 3130xL Genetic Analyzer
AB 3500 Genetic Analyzer
AB 3500xL Genetic Analyzer
AB 3730 Genetic Analyzer
AB 3730xL Genetic Analyzer</td></tr>
<tr><td>OXFORD_NANOPORE</td><td>GridION
MinION
PromethION</td></tr>
<tr><td>BGISEQ</td><td>BGISEQ-500</td></tr>
<tr><td>OTHERS</td><td>Please specify</td></tr>
</table>
</td></tr>
<tr><td>14</td><td>Design description
(디자인 설명)</td><td>M</td><td>설명(영문): Free-form description of the methods used to create the sequencing library; a brief 'materials and methods' section.
설명(국문): 서열 분석 라이브러리를 생성하기 위해 사용된 방법에 대해 자유롭게 기술. 논문의 'materials and methods' 섹션을 간결화 하여 기술 등.</td></tr>
</table>

파트 2. Files

<표 4-1-2>

<table>
<tr><th>No</th><th>항목</th><th>필수(M)/
선택(O)</th><th>도움말</th></tr>
<tr><td>1</td><td>Type of primary data file (주요 데이터 파일의 타입)</td><td>M</td><td>가능한 값: 다음 중 택일
<table>
<tr><th>No</th><th>가능한 값</th></tr>
<tr><td>1</td><td>fastq</td></tr>
<tr><td>2</td><td>fasta</td></tr>
</table>
비고(영문): Long-read sequences can be uploaded in fastq or fasta format. Short-read sequences must be uploaded in fastq format.
비고(국문): Long-read 데이터는 fastq 또는 fasta 형식 업로드 가능. Short-read 데이터는 fastq 형식으로 업로드.</td></tr>
<tr><td>2</td><td>Name of primary data file (주요 데이터 파일의 이름)</td><td>M</td><td>설명(영문): Exact file name, including the extension. After entering the file name, upload the file. A corresponding md5 file must be uploaded as well.
설명(국문): 확장자를 포함한 파일 이름을 적은 후, 파일을 업로드. 또한 md5 파일도 업로드.
비고(영문): If you entered “paired” in the “Library layout” field, please be sure to enter both matching filenames because paired-end data is usually submitted in two files. Compressed format only accepts gzip.
비고(국문): “Library layout” 항목의 값이 “paired” 인 경우, 쌍방향 서열 분석의 경우 두 개의 파일을 등록하게 되어 있으므로 파일 이름도 두 개를 입력. 압축형식은 gzip만 허용</td></tr>
<tr><td>3</td><td>Type of secondary data file (부가 데이터 파일의 타입)</td><td>O</td><td>가능한 값: 다음 중 택일
<table>
<tr><th>No</th><th>가능한 값</th></tr>
<tr><td>1</td><td>bam</td></tr>
<tr><td>2</td><td>cram</td></tr>
<tr><td>3</td><td>srf</td></tr>
<tr><td>4</td><td>sff</td></tr>
<tr><td>5</td><td>454_native</td></tr>
<tr><td>6</td><td>Helicos_native</td></tr>
<tr><td>7</td><td>SOLID_native</td></tr>
<tr><td>8</td><td>PacBio_HDF5</td></tr>
<tr><td>9</td><td>CompleteGenomics_native</td></tr>
<tr><td>10</td><td>OxfordNanopore_native</td></tr>
<tr><td>11</td><td>VCF</td></tr>
<tr><td>12</td><td>MAF</td></tr>
<tr><td>13</td><td>DEG matrix</td></tr>
<tr><td>14</td><td>Gene expression matrix</td></tr>
<tr><td>15</td><td>WIG</td></tr>
<tr><td>16</td><td>bigWig</td></tr>
<tr><td>17</td><td>bedGraph</td></tr>
<tr><td>18</td><td>Others</td></tr>
</table>
비고(영문): MItiple secondary data files can be added.
비고(국문): 여러 부가 테이터 파일 업로드 가능.</td></tr>
<tr><td>4</td><td>Name of secondary data file (주요 데이터 파일의 이름)</td><td>O</td><td>설명(영문): Exact file name, including the extension. After entering the file name, upload the file. A corresponding md5 file must be uploaded as well.
설명(국문): 확장자를 포함한 파일 이름을 적은 후, 파일을 업로드. 또한 md5 파일도 업로드해야 함.</td></tr>
</table>

<table>
<tr><th>No</th><th>항목</th><th>필수(M)/
선택(O)</th><th>도움말</th></tr>
<tr><td>5</td><td>Description of secondary data file (부가 데이터 파일 설명)</td><td>O</td><td>설명(영문): Free-form description of the methods used to create the secondary data file.
설명(국문): 부가 데이터 파일을 생성하기 위해 사용된 방법 등에 대해 자유롭게 기술.

비고(영문): Applicable only when your uploaded the secondary data file. Must specify method details such as removing chrX, chrY, and chrM when you using reference.
비고(국문): 부가 데이터 파일을 업로드 한 경우만 해당. Reference 사용 시 chrX, chrY, chrM 제거 등 특이 사항 명시</td></tr>
<tr><td>6</td><td>Reference (참조 서열)</td><td>O</td><td>가능한 값: 다음 중 택일
<table>
<tr><th>No</th><th>가능한 값</th><th>설명</th></tr>
<tr><td>1</td><td>Reference FASTA file</td><td>설명(영문): Please enter the file name, including extension, that contains the custom reference used during your alignment. After entering it, upload the file.
설명(국문): Sequence alignment(서열 정렬) 과정에서 custom reference(사용자 지정 참조 서열)을 사용한 경우, 사용된 참조 서열의 파일 이름을 확장자를 포함하여 입력. 그 후 파일 업로드.

예시: mouse.fasta</td></tr>
<tr><td>2</td><td>Reference assembly</td><td>설명(영문): Please provide NCBI name or accession number (e.g. GRCh37) of the assembly used during your alignment.
설명(국문): 표준 참조 서열을 사용한 경우, 서열 정렬에 사용된 참조 서열의 NCBI 버전이나 표준 등록 번호를 입력

예시: GRCh37</td></tr>
</table>
비고(영문): Applicable only when you uploaded the secondary data file.
비고(국문): 부가 데이터 파일을 업로드 한 경우만 해당.</td></tr>
<tr><td>7</td><td>Release date (공개날짜)</td><td>M</td><td>설명(영문): Data release date
설명(국문): 데이터 공개 날짜

양식: YYYY-MM-DD
예시: 2018-12-22</td></tr>
</table>

4.2 Microarray(마이크로어레이) 데이터

□ (작성자) KOBIC 작성 후 외부 전문가 검수

○ 한양대학교 남진우(혁신형융복합 작업반), 차의과학대학교 황소현(혁신형융복합 작업반)

□ (설명) DNA, RNA, protein을 microarray 기법으로 profiling한 실험 데이터*

* 모든 종류의 array 포함: 전사체(gene expression array), 후성유전체(methylation array), 유전체(SNP array), 단백체(protein array) 등

□ (작성에 참고한 자료) NCBI GEO*(https://ncbi.nlm.nih.gov/geo/)의 양식을 기반으로 작성

* Gene Expression Omnibus

□ (등록 구성) Microarray 데이터 세트의 등록은 다음 세 요소로 구성됨

○ BioProject 정보: <2. BioProject 정보>의 양식에 따라 등록

○ BioSample 정보: <3. BioSample 정보>의 양식에 따라 등록

○ Microarray 데이터: 각 BioSample에 대한 실험에서 얻어진 microarray 데이터를 <4.2. Microarray 데이터>의 양식에 따라 등록

파트 1. Series (시리즈)

<표 4-2-1>

No	항목	필수(M)/선택(O)	도움말
1	Title (제목)	M	**설명(영문):** Unique title (less than 120 characters) that describes the overall study **설명(국문):** 전체적인 연구 주제를 설명하는 제목 (120자 이내) **예시:** Expression data from early Drosophila embryo
2	Overall design (전반적 디자인)	M	**설명(영문):** Indicate how many samples are analyzed, if replicates are included, are there control and/or reference samples, etc. **설명(국문):** 얼마나 많은 샘플이 분석되었는지, 얼마나 많은 반복을 수행하였는지, 대조군이나 참조군이 있는지 등 실험 설계에 대한 전반적인 설명 **예시:** Drosophila embryos were selected at successive stages of early development for RNA extraction and hybridization on Affymetrix microarrays. We sought to obtain homogeneous populations of embryos at each developmental stage in order to increase the temporal resolution of expression profiles. To that end, we hand-selected embryos according to morphological criteria at five time-points: before pole cell formation, i.e. before zygotic transcription (T0), during the slow phase (T1) and the fast phase (T2) of cellularisation and at the beginning (T3) and the end (T4) of gastrulation.

파트 2. Sample detail (샘플 상세정보)

<표 4-2-2>

<table>
<tr><th>No</th><th>항목</th><th>필수(M)/
선택(O)</th><th>도움말</th></tr>
<tr><td>1</td><td>detailed sample title
(상세 샘플 제목)</td><td>M</td><td>설명(영문): Unique title that describes the sample
설명(국문): 샘플을 설명할 수 있는 상세한 제목

포맷(영문): We suggest that you use the convention: [biomaterial]-[condition(s)]-[replicate number]
포맷(국문): 다음과 같은 표기 방식을 추천함: [생물질]-[실험조건]-[반복회차]

예시: embryo at T0, biological rep1, Muscle_exercised_60min_rep2</td></tr>
<tr><td>2</td><td>source name
(소스 명)</td><td>M</td><td>설명(영문): Briefly identify the biological material and the experimental variable(s).
설명(국문): 생물 물질과 실험 변수를 간략하게 식별할 수 있도록 작성

예시: Drosophila embryos before nuclear cycle 9 (maternal transcripts), vastus lateralis muscle, exercised, 60 min.</td></tr>
<tr><td>3</td><td>molecule
(분자)</td><td>M</td><td>설명(영문): Type of molecule that was extracted from the biological material
설명(국문): 생물 물질에서 추출한 분자의 유형

가능한 값: 다음 중 택일
<table>
<tr><th>No</th><th>가능한 값</th></tr>
<tr><td>1</td><td>total RNA</td></tr>
<tr><td>2</td><td>polyA RNA</td></tr>
<tr><td>3</td><td>cytoplasmic DNA</td></tr>
<tr><td>4</td><td>nuclear RNA</td></tr>
<tr><td>5</td><td>genomic DNA</td></tr>
<tr><td>6</td><td>protein</td></tr>
<tr><td>7</td><td>other</td></tr>
</table></td></tr>
<tr><td>4</td><td>label
(라벨)</td><td>M</td><td>설명(영문): Compound used to label the extract
설명(국문): 추출물을 라벨링하는데 사용된 화합물

예시
<table>
<tr><th>예시</th></tr>
<tr><td>biotin</td></tr>
<tr><td>Cy3</td></tr>
<tr><td>Cy5</td></tr>
<tr><td>33P</td></tr>
</table></td></tr>
<tr><td>5</td><td>description
(설명)</td><td>M</td><td>설명(영문): Additional information not provided in the other fields, or paste in broad descriptions that cannot be easily dissected into the other fields
설명(국문): 다른 항목에서 언급되지 않은 정보나 부연 설명.

예시: Gene expression data from embryos younger than nuclear cycle 9, i.e. before zygotic genome activation.</td></tr>
<tr><td>6</td><td>platform
(플랫폼)</td><td>M</td><td>설명(영문): The GEO Platform (GPL) accession number (GPLxxx). The GPL accession number can be found at https://ncbi.nlm.nih.gov/geo/browse/?view=platforms.
설명(국문): GEO 플랫폼(GPL) 식별 번호 (GPLxxx). GPL 식별번호는 다음 링크에서 찾을 수 있음: https://ncbi.nlm.nih.gov/geo/browse/?view=platforms.

예시: GPL6805</td></tr>
</table>

파트 3. Protocol (실험 프로토콜)

<표 4-2-3>

No	항목	필수(M)/ 선택(O)	도움말
1	extract protocol (추출 프로토콜)	M	**설명(영문):** Describe the protocol used to isolate the extract material. **설명(국문):** 추출 재료를 분리하는데 사용된 프로토콜 **예시:** Trizol extraction of total RNA was performed according to the manufacturer's instructions.
2	label protocol (라벨링 프로토콜)	M	**설명(영문):** Describe the protocol used to label the extract. **설명(국문):** 추출물을 라벨링하는데 사용된 프로토콜 **예시:** Biotinylated cRNA were prepared according to the standard Affymetrix protocol from 6 ug total RNA (Expression Analysis Technical Manual, 2001, Affymetrix).
3	hybridization protocol (혼성화 프로토콜)	M	**설명(영문):** Describe the protocol used for hybridization, blocking and washing, and any post-processing steps such as staining. **설명(국문):** 혼성화, 차단 및 세척, 염색과 등 후처리 단계에 사용되는 프로토콜 **예시:** Following fragmentation, 10 ug of cRNA were hybridized for 16 hr at 45°C on GeneChip Drosophila Genome Array. GeneChips were washed and stained in the Affymetrix Fluidics Station 400.
4	scan protocol (스캔 프로토콜)	M	**설명(영문):** Describe the scanning and image acquisition protocols, including scanner model and core software/version (e.g. GCOS v1.x, AGCC) used for image processing. **설명(국문):** 이미지 처리에 사용되는 스캐너 모델 및 핵심 소프트웨어 및 버전(예: GCOS v1.x, AGCC)을 등 스캔 및 이미지 수집 프로토콜 **예시:** GeneChips were scanned using the Hewlett-Packard GeneArray Scanner G2500A.
5	data processing (데이터 프로세싱)	M	**설명(영문):** Provide details of how the primary data were generated. **설명(국문):** 데이터가 생성 된 방법에 대한 세부 사항 **예시:** The data were analyzed with Microarray Suite version 5.0 (MAS 5.0) using Affymetrix default analysis settings and global scaling as normalization method. The trimmed mean target intensity of each array was arbitrarily set to 100.

파트 4. Result files(결과 파일)

<표 4-2-4>

<table>
<tr><th>No</th><th>항목</th><th>필수(M)/선택(O)</th><th>도움말</th></tr>
<tr><td>1</td><td>raw data file
(원시 데이터 파일)</td><td>M</td><td>설명(영문): Raw data file upload
설명(국문): 원시 데이터 파일 업로드

파일 포맷(예시): The following is an example of the formats that are used for each of the vendor-specific platforms:
<table>
<tr><th>Vendor</th><th>Format</th></tr>
<tr><td>Affymetrix</td><td>CEL</td></tr>
<tr><td>Agilent</td><td>Agilent Feature Extraction result file. GPR files are also acceptable if they include the Agilent Probe Names. Depending on the platform, tab-delimited text files are also acceptable.</td></tr>
<tr><td>Nimblegen</td><td>PAIR</td></tr>
<tr><td>Illumina</td><td>IDAT and associated files or a Matrix worksheet containing non-normalized data</td></tr>
</table></td></tr>
<tr><td>2</td><td>processed data file
(가공 데이터 파일)</td><td>M</td><td>설명(영문): Processed data file upload
설명(국문): 가공된 데이터 파일 업로드

파일 포맷(예시): Description of processed data file for each vendor-specific platform
<table>
<tr><th>Vendor</th><th>Description</th></tr>
<tr><td>Affymetrix</td><td>Usually probe set summary data generated by the primary analysis software (e.g., Expression Console, Microarray Suite 5.0, Genotyping Console, GTYPE/CNAT, GTGS, Tiling Array Software, or GeneChip-compatible/other 3rd-party software). These data may be submitted either as CHP files or a tab-delimited text file (see examples in templates below). Please submit the data used to draw the conclusions of your study. For instance, do not submit CHP files analyzed with MAS5.0 if your submission is related to a publication based on GC-RMA data. In this case, you should submit the GC-RMA probe set summary data instead of MAS5.0 CHP files. (Taken from https://www.ncbi.nlm.nih.gov/geo/info/geo_affy.html)</td></tr>
<tr><td>Agilent</td><td>Processed/normalized data used to draw the conclusions from your study. Two-color experiments (e.g., Cy3/Cy5) will typically have log (test/control) ratios; one-color experiments will have normalized signal intensities. Processed data should be provided as a value matrix containing data for all Samples. Data can be provided in an Excel worksheet or a tab-delimited text file. The table should include the Agilent Probe Names (e.g., A_23_P158231). (Taken from https://www.ncbi.nlm.nih.gov/geo/info/geo_agil.html)</td></tr>
<tr><td>Nimblegen</td><td>A Matrix worksheet containing the processed/normalized data used to draw conclusions from your study (e.g., RMA-normalized signals, scaled log2 ChIP/Input ratios, etc.). If the processed data row count exceeds Excel's limit, please supply your Matrix as a tab-delimited, plain-text file (.txt). Alternatively, if your data were processed with Nimblescan software, the processed data may be supplied as native .gff files. (Taken from https://www.ncbi.nlm.nih.gov/geo/info/geo_nimb.html)</td></tr>
<tr><td>Illumina</td><td>A Matrix worksheet containing the final processed/normalized data used to draw the conclusions from your study (e.g., cubic spline). If the processed data row count exceeds Excel's limit, please supply your Matrix as a tab-delimited, plain-text file (.txt). If submitting a new Illumina Platform, also include Platform annotation columns. (Taken from https://www.ncbi.nlm.nih.gov/geo/info/geo_illu.html)</td></tr>
</table></td></tr>
<tr><td>3</td><td>Release date
(공개날짜)</td><td>M</td><td>설명(영문): Data release date
설명(국문): 데이터 공개 날짜

양식: YYYY-MM-DD
예시: 2018-12-22</td></tr>
</table>

4.3 Nucleotide sequence(염기서열) 데이터

□ (작성자) KOBIC 작성 후 외부 전문가 검수

○ 한국생명공학연구원 정해영, 분당서울대학교병원 이세준(혁신형융복합 작업반)

□ (설명) 본 양식은 nucleotide sequence(염기서열) 데이터의 등록에 사용됨. 예외적인 염기서열 데이터를 제외한 모든 새로운 염기서열 데이터의 등록이 가능함(등록불가 조건은 아래를 참고). 특히 NGS raw read sequence의 경우는 본 양식이 아니라 <4.1. NGS 데이터>의 양식을 사용함.

등록불가 조건

1. Noncontiguous sequences
2. Primer sequences
3. Protein sequences with no underlying nucleotide submission
4. Sequence containing a mix of genomic and mRNA sequence
5. Sequences without a physical counterpart (consensus sequences)
6. Sequences with length less than 200 nucleotides

□ (양식 출처) NCBI GenBank(https://ncbi.nlm.nih.gov/genbank/)의 양식을 기반으로 작성되었음

□ (등록 구성) Nucleotide sequence 데이터 세트의 등록은 다음 세 요소로 구성됨

○ BioProject 정보: <2. BioProject 정보>의 양식에 따라 등록

○ BioSample 정보: <3. BioSample 정보>의 양식에 따라 등록

○ Nucletide sequence 데이터: 각 BioSample에 대한 실험에서 얻어진 nucleotide sequence 데이터를 <4.3. Nucleotide sequence 데이터>의 양식에 따라 등록

파트 1. Nucleotide type

<표 4-3-1>

<table>
<tr><th>No</th><th>항목</th><th>필수(M)/
선택(O)</th><th>도움말</th></tr>
<tr><td>1</td><td>Assemble type
(염기서열 형식)</td><td>M</td><td>설명(영문): Assemble type of nucleotide (assembled or non-assembled)
설명(국문): 염기서열의 어셈블리 여부

가능한 값: 다음 중 택일
<table>
<tr><th>No</th><th>가능한 값</th></tr>
<tr><td>1</td><td>Non-assembled sequences</td></tr>
<tr><td>2</td><td>Assembled sequences (each sequence was assembled from two or more overlapping sequence reads)</td></tr>
</table></td></tr>
<tr><td>2</td><td>Submission type
(데이터 등록 형식)</td><td>M</td><td>설명(영문): submission type of nucleotide
설명(국문): 염기서열의 데이터 형식

가능한 값 다음 중 택일
<table>
<tr><th>No</th><th>가능한 값</th></tr>
<tr><td>1</td><td>Single sequence</td></tr>
<tr><td>2</td><td>Whole genome sequences</td></tr>
<tr><td>3</td><td>Transcriptome shotgun assembly (TSA) sequences</td></tr>
<tr><td>4</td><td>High-throughput genome (HTG) sequences</td></tr>
<tr><td>5</td><td>Third party annotation (해당 genome이 있는 경우)</td></tr>
<tr><td>6</td><td>Targeted locus study</td></tr>
<tr><td>7</td><td>Other (Please specify)</td></tr>
</table></td></tr>
</table>

□ 위 항목 #2(Submission type)의 값에 따라 두 케이스로 나뉘어져 등록이 진행됨

	Case 1	Case 2
해당 Submission type	1. Single sequence 6. Targeted locus study 7. Other (Please specify)	2. Whole genome sequence 3. Transcriptome shotgun assembly (TSA) sequences 4. High-throughput genome (HTG) sequences 5. Third party annotation (해당 genome이 있는 경우)
해당 등록 양식 및 작성 순서	<파트 3. Sequences/Nucleotide 정보> ⇨ <파트 4. Feature 정보> ⇨ <파트 5-1. 파일 정보 파트: Case 1>	<파트 2. Sequencing technology 정보> ⇨ <파트 4. Feature 정보> ⇨ <파트 5-2. 파일 정보 파트: Case 2>

파트 2. Sequencing technology 정보

<표 4-3-2>

<table>
<tr><th>No</th><th>항목</th><th>필수(M)/
선택(O)</th><th>도움말</th></tr>
<tr><td>1</td><td>Assembly date
(어셈블리 일자)</td><td>O</td><td>설명(영문): Year, month and day the assembly was made.
설명(국문): 어셈블리 데이터가 생성된 년도, 월, 일 날짜

포맷: YYYY-MM-DD</td></tr>
<tr><td>2</td><td>Assembly method
(어셈블리 방식)</td><td>M</td><td>설명(영문): Name of algorithm
설명(국문): 어셈블리 시 활용한 알고리즘 명

가능한 값 다음 중 택일
<table>
<tr><th>No</th><th>가능한 값</th></tr>
<tr><td>1</td><td>ABySS</td></tr>
<tr><td>2</td><td>AllPaths</td></tr>
<tr><td>3</td><td>Arachne</td></tr>
<tr><td>4</td><td>CLC NGS Cell</td></tr>
<tr><td>5</td><td>Celera Assembler</td></tr>
<tr><td>6</td><td>FALCON</td></tr>
<tr><td>7</td><td>FALCON-Unzip</td></tr>
<tr><td>8</td><td>GS De Novo Assembler</td></tr>
<tr><td>9</td><td>HGAP</td></tr>
<tr><td>10</td><td>JAZZ</td></tr>
<tr><td>11</td><td>MIRA</td></tr>
<tr><td>12</td><td>MaSuRCA</td></tr>
<tr><td>13</td><td>Newbler</td></tr>
<tr><td>14</td><td>SOAPdenovo</td></tr>
<tr><td>15</td><td>SPAdes</td></tr>
<tr><td>16</td><td>Velvet</td></tr>
<tr><td>17</td><td>Other (Please specify)</td></tr>
</table></td></tr>
<tr><td>3</td><td>Program version
(프로그램 버전)</td><td>M</td><td>설명(영문): Version of program used for assembly or date of execution
설명(국문): 어셈블리에 활용한 프로그램의 버전 혹은 실행 시 날짜

예시: 2.3 or MAY-2011</td></tr>
<tr><td>4</td><td>Assembly name
(어셈블리명)</td><td>O</td><td>설명(영문): This field is usually left blank, especially for prokaryotes, but is available for the name that you are using in your manuscript or abstract to describe this assembly.
설명(국문): 이 필드는 일반적으로 특히 원핵생물의 경우 비워 두지만, 이 어셈블리를 설명하기 위해 원고나 초록에서 사용하는 이름으로 사용 가능.

포맷(영문): A good assembly name generally includes: a short 3-4 letter abbreviation for the institution, a 4-6 letter abbreviation of the organism name, and a version.
For the organism name abbreviation, avoid the 3+3 "genus + species" format (e.g. "PanTro" for Pan troglodytes) since that could cause conflicts with the UCSC database name; we recommend formats such as 1+3 or 2+4 for the "genus + species" instead (e.g. PTro or PaTrog). Do not use the full scientific name, in case that name changes in the future.
If you have a meaningful assembly name like UCLA_Agam_2.1 (see naming recommendations), please provide it here, otherwise we will auto-generate it.
포맷(국문): 좋은 어셈블리 이름에는 일반적으로 다음이 포함됨: 기관에 대한 짧은 3-4 자 약어, 유기체 이름의 4-6 자 약어, 및 버전.
생명체 이름 약어의 경우 UCSC 데이터베이스 이름과 충돌을 일으킬 수 있으므로 3 + 3 "속 + 종"형식 (예 : Pan troglodytes의 경우 "PanTro")을 사용하지 말 것. 대신 '속 + 종'에 대해 1 + 3 또는 2 + 4와 같은 형식을 권장함 (예 : PTro 또는 PaTrog). 나중에 이름이 변경될 경우를 대비하여 전체 학명을 사용하지 말 것. UCLA_Agam_2.1 (이름 지정 권장 사항 참조)와 같은 의미 있는 어셈블리 이름이 있는 경우 여기에 입력. 그렇지 않으면 자동으로 생성됨.

예시: UCLA_Agam_2.1 for version 2.1 of the Anopheles gambiae genome from a lab in UCLA.</td></tr>
</table>

<table>
<tr><th>No</th><th>항목</th><th>필수(M)/
선택(O)</th><th>도움말</th></tr>
<tr><td>5</td><td>Genome coverage
(게놈 커버리지)</td><td>M</td><td>설명(영문): The estimated base coverage across the genome, eg 12x. This can be calculated by dividing the number of bases sequenced by the expected genome size and multiplying that by the percentage of bases that were placed in the final assembly. More simply it is the number of bases sequenced divided by the expected genome size.
설명(국문): 게놈 전반에 걸친 추정된 염기 범위 (예 : 12x). 이는 염기서열 수를 예상 게놈 크기로 나누고, 이를 최종 어셈블리에 배열된 염기의 백분율로 곱하여 계산할 수 있음. 더 간단하게는 염기서열의 수를 예상 게놈 크기로 나눈 값으로 나타낼 수 있음.

예시: 12x</td></tr>
<tr><td>6</td><td>Total raw read length
(전체 원시데이터 길이)</td><td>M</td><td>설명(영문): Total read length used for assembly
설명(국문): 조립에 사용된 전체 raw data 염기서열 길이</td></tr>
<tr><td>7</td><td>Read throughput
(총 염기서열 read 수)</td><td>M</td><td>설명(영문): Read throughput generated by sequencer
설명(국문): 생성된 유전체 조각(read)들의 개수</td></tr>
<tr><td>8</td><td>The number of contigs
(전체 contig 수)</td><td>M</td><td>설명(영문): The number of contigs in genome
설명(국문): 전체 게놈의 contig 수</td></tr>
<tr><td>9</td><td>Contig length
(전체 contig 길이)</td><td>M</td><td>설명(영문): Total length of contigs (bp)
설명(국문): 전체 contig의 길이 (bp)</td></tr>
<tr><td>10</td><td>N50</td><td>M</td><td>설명(영문): The value of N50 (bp)
설명(국문): N50 값 (bp)</td></tr>
<tr><td>11</td><td>Sequencing technology
(시퀀싱 기술)</td><td>M</td><td>설명(영문): The sequencing machine(s) used to generate the data
설명(국문): 데이터 생성 시 사용한 시퀀싱 기계

가능한 값: 다음 중 택일
<table>
<tr><th>No</th><th>가능한 값</th></tr>
<tr><td>1</td><td>ABI3730</td></tr>
<tr><td>2</td><td>Sanger</td></tr>
<tr><td>3</td><td>454</td></tr>
<tr><td>4</td><td>Illumina</td></tr>
<tr><td>5</td><td>Illumina GAII</td></tr>
<tr><td>6</td><td>Illumina GAIIx</td></tr>
<tr><td>7</td><td>Illumina HiSeq</td></tr>
<tr><td>8</td><td>Illumina iSeq</td></tr>
<tr><td>9</td><td>Illumina MiniSeq</td></tr>
<tr><td>10</td><td>Illumina MiSeq</td></tr>
<tr><td>11</td><td>Illumina NextSeq</td></tr>
<tr><td>12</td><td>Illumina NovaSeq</td></tr>
<tr><td>13</td><td>Ion Torrent</td></tr>
<tr><td>14</td><td>Oxford Nanopore</td></tr>
<tr><td>15</td><td>Oxford Nanopore GridION</td></tr>
<tr><td>16</td><td>Oxford Nanopore MinION</td></tr>
<tr><td>17</td><td>Oxford Nanopore PromethION</td></tr>
<tr><td>18</td><td>PacBio</td></tr>
<tr><td>19</td><td>PacBio RS</td></tr>
<tr><td>20</td><td>PacBio RSII</td></tr>
<tr><td>21</td><td>PacBio Sequel</td></tr>
<tr><td>22</td><td>Helicos</td></tr>
<tr><td>23</td><td>SOLiD</td></tr>
<tr><td>24</td><td>Complete Genomics</td></tr>
<tr><td>25</td><td>Other (Please specify)</td></tr>
</table></td></tr>
<tr><td>12</td><td>Confirm full genome
(전체 게놈 포함 여부 확인)</td><td>M</td><td>가능한 값: 다음 중 택일
<table>
<tr><th>No</th><th>가능한 값</th></tr>
<tr><td>1</td><td>Yes (even for draft genomes or if a prokaryotic genome assembly may not include plasmids)</td></tr>
<tr><td>2</td><td>No, I deliberately selected a subset of the genome (e.g. only one chromosome of a eukaryote or only the non-repetitive regions of the genom</td></tr>
</table></td></tr>
</table>

<table>
<tr><th>No</th><th>항목</th><th>필수(M)/
선택(O)</th><th>도움말</th></tr>
<tr><td>13</td><td>Description for subset of the genome
(게놈 영역 설명)</td><td>M</td><td>설명(영문): Describe what subset of the genome you are submitting
설명(국문): 제출하려는 게놈의 일부분이 무엇인지 기술

비고(영문): Applicable only when you answered “No” in the “Confirm full genome” field
비고(국문): “Confirm full genome” 항목 의 값이 “No”인 경우에만 해당</td></tr>
<tr><td>14</td><td>Confirm final version
(최종버전 여부)</td><td>M</td><td>설명(영문): Answer "Yes", if you do not expect to do more sequencing or reassembly of this genome.
설명(국문): 해당 게놈의 더 많은 시퀀싱 또는 어셈블리를 기대하지 않는 경우 "Yes"로 대답

가능한 값: 다음 중 택일
<table><tr><th>No</th><th>가능한 값</th></tr><tr><td>1</td><td>Yes</td></tr><tr><td>2</td><td>No</td></tr></table></td></tr>
<tr><td>15</td><td>Confirm de novo assembly
(드 노보 어셈블리 여부)</td><td>M</td><td>가능한 값: 다음 중 택일
<table><tr><th>No</th><th>가능한 값</th></tr><tr><td>1</td><td>Yes</td></tr><tr><td>2</td><td>No</td></tr></table></td></tr>
<tr><td>16</td><td>Reference assembly name or accession
(참조 어셈블리 이름)</td><td>M</td><td>비고(영문): Applicable only when you answered “No” in the “Confirm de novo assembly” field
비고(국문): “Confirm de novo assembly” 항목의 값이 No인 경우에만 해당</td></tr>
<tr><td>17</td><td>Confirm update of existing submission
(업데이트 여부)</td><td>M</td><td>설명(영문): Is it an update of existing submission?
설명(국문): 기존 존재하는 제출물의 업데이트 데이터인지에 대한 확인

가능한 값: 다음 중 택일
<table><tr><th>No</th><th>가능한 값</th></tr><tr><td>1</td><td>Yes</td></tr><tr><td>2</td><td>No</td></tr></table></td></tr>
<tr><td>18</td><td>Existing genome accession
(기존 게놈 등록번호)</td><td>M</td><td>비고(영문): Applicable only when you answered “Yes” in the “Confirm update of existing submission” field
비고(국문): “Confirm update of existing submission” 항목의 값이 Yes인 경우에만 해당</td></tr>
</table>

파트 3. Sequences/Nucleotide 정보

<표 4-3-3>

<table>
<tr><th>No</th><th>항목</th><th>필수(M)/
선택(O)</th><th>도움말</th></tr>
<tr><td>1</td><td>Molecule Type
(분자 유형)</td><td>M</td><td>설명(영문): Select the type of molecule that was isolated and sequenced.
설명(국문): 분리되어 시퀀싱된 분자 유형 선택

가능한 값: 다음 중 택일
<table>
<tr><th>No</th><th>가능한 값</th></tr>
<tr><td>1</td><td>genomic DNA</td></tr>
<tr><td>2</td><td>mRNA (cDNA)</td></tr>
<tr><td>3</td><td>genomic RNA</td></tr>
<tr><td>4</td><td>precursor RNA</td></tr>
<tr><td>5</td><td>tRNA</td></tr>
<tr><td>6</td><td>rRNA</td></tr>
<tr><td>7</td><td>cRNA</td></tr>
<tr><td>8</td><td>transcribed RNA</td></tr>
<tr><td>9</td><td>Other genetic: RNA</td></tr>
<tr><td>10</td><td>Other genetic: DNA</td></tr>
</table></td></tr>
<tr><td>2</td><td>Topology
(위상)</td><td>M</td><td>가능한 값: 다음 중 택일
<table>
<tr><th>No</th><th>가능한 값</th></tr>
<tr><td>1</td><td>Linear</td></tr>
<tr><td>2</td><td>Circular</td></tr>
<tr><td>3</td><td>Other</td></tr>
</table></td></tr>
<tr><td>3</td><td>Source Organelle/Location information
(원천 소기관/위치 정보)</td><td>M</td><td>가능한 값: 다음 중 택일
<table>
<tr><th>No</th><th>가능한 값</th></tr>
<tr><td>1</td><td>chromosomal</td></tr>
<tr><td>2</td><td>mitochondrion</td></tr>
<tr><td>3</td><td>mitochondrion:kinetoplast</td></tr>
<tr><td>4</td><td>plastid</td></tr>
<tr><td>5</td><td>plastid:chloroplast</td></tr>
<tr><td>6</td><td>plastid:apicoplast</td></tr>
<tr><td>7</td><td>plastid:chromoplast</td></tr>
<tr><td>8</td><td>plastid:cyanelle</td></tr>
<tr><td>9</td><td>plastid:leucoplast</td></tr>
<tr><td>10</td><td>plastid:protoplastid</td></tr>
<tr><td>11</td><td>nucleomorph</td></tr>
<tr><td>12</td><td>proviral</td></tr>
<tr><td>13</td><td>extrachromosomal</td></tr>
<tr><td>14</td><td>macronuclear</td></tr>
<tr><td>15</td><td>plasmid</td></tr>
<tr><td>16</td><td>Others (Please specify)</td></tr>
</table></td></tr>
<tr><td>4</td><td>Chimera check
(키메라 서열 확인)</td><td>M</td><td>설명(영문): Did you check and remove low-quality and chimeric sequences from your FASTA file prior to preparing this submission?
설명(국문): 이 제출물을 준비하기 전에, FASTA 파일에서 품질이 낮고 키메라인 시퀀스를 확인해서 제거했나요?
가능한 값: 다음 중 택일
<table>
<tr><th>No</th><th>가능한 값</th></tr>
<tr><td>1</td><td>Yes</td></tr>
<tr><td>2</td><td>No</td></tr>
</table></td></tr>
<tr><td>5</td><td>Chimera check program name
(키메라 확인 프로그램명)</td><td>O</td><td>설명(영문): Please provide the name and version of the chimera checking program. BLAST alone is not sufficient as a chimera checking program.
설명(국문): 키메라 검사 프로그램의 이름과 버전 입력. BLAST 만으로는 키메라 검사 프로그램으로 충분하지 않음.</td></tr>
</table>

<table>
<tr><th>No</th><th>항목</th><th>필수(M)/
선택(O)</th><th>도움말</th></tr>
<tr><td></td><td></td><td></td><td>비고(영문): Applicable only when you answered “Yes” in the “Chimera check” field
비고(국문): “Chimera check” 항목에서 Yes일 경우 해당되는 항목</td></tr>
<tr><td>6</td><td>Chimera check program version
(키메라 확인 프로그램 버전)</td><td>O</td><td>설명(영문): Please provide the name and version of the chimera checking program.
설명(국문): 키메라 검사 프로그램의 이름과 버전 입력

비고(영문): Applicable only when you answered “Yes” in the “Chimera check” field
비고(국문): “Chimera check” 항목에서 Yes일 경우 해당되는 항목</td></tr>
<tr><td>7</td><td>Cultured or Uncultured
(배양 여부)</td><td>M</td><td>설명(영문): Bacterial/archaeal Sequences: How were they obtained? Select whether your sequences were obtained from cultured or uncultured samples.
설명(국문): Bacteria 및 Archaea 시퀀스인 경우, 시퀀스를 배양된 샘플로부터 얻었는지 배양되지 않은 샘플로부터 얻었는지 선택

가능한 값: 다음 중 택일
<table>
<tr><th>No</th><th>가능한 값</th></tr>
<tr><td>1</td><td>Pure-cultured strains (axenic cultures containing only one microbial species each)</td></tr>
<tr><td>2</td><td>Uncultured, bulk environmental DNA (PCR-amplified directly from environmental sample or host; samples were not grown in culture)</td></tr>
</table></td></tr>
<tr><td>8</td><td>Primer Type
(프라이머 유형)</td><td>M</td><td>설명(영문): What type of primers were used to amplify your samples?
설명(국문): 샘플을 증폭하기 위해 사용한 프라이머 유형

가능한 값: 다음 중 택일
<table>
<tr><th>No</th><th>가능한 값</th></tr>
<tr><td>1</td><td>Universal primers (amplifies DNA from a broad taxonomic range of organisms)</td></tr>
<tr><td>2</td><td>Species-specific primers (amplifies DNA from a single species)</td></tr>
<tr><td>3</td><td>Not amplified with primers</td></tr>
</table>
비고(영문): Applicable only when you answered “Uncultured, bulk environmental DNA” in the “Cultured or uncultured” field
비고(국문): “Cultured or uncultured” 항목의 값이 “Uncultured, bulk environmental DNA”인 경우 해당되는 항목</td></tr>
<tr><td>9</td><td>Forward primer name
(포워드 프라이머명)</td><td>O</td><td>설명(영문): Name of forward primer
설명(국문): 포워드 프라이머의 명칭</td></tr>
<tr><td>10</td><td>Forward primer sequence
(포워드 프라이머 시퀀스)</td><td>O</td><td>설명(영문): The sequence of forward primer
설명(국문): 포워드 프라이머의 시퀀스</td></tr>
<tr><td>11</td><td>Reverse primer name
(리버스 프라이머명)</td><td>O</td><td>설명(영문): Name of reverse primer
설명(국문): 리버스 프라이머의 명칭</td></tr>
<tr><td>12</td><td>Reverse primer sequence
(리버스 프라이머 시퀀스)</td><td>O</td><td>설명(영문): The sequence of reverse primer
설명(국문): 리버스 프라이머의 시퀀스</td></tr>
</table>

파트 4. Feature 정보

비고
□ <표 4-3-4>의 각 항목에는 해당 엑셀 파일 양식으로 작성하여 업로드 □ 반드시 하나 이상의 feature가 있어야 등록 가능 □ 각 엑셀 파일에서는 location 정보가 반드시 들어가야 함(qualifier의 경우 optional)

<표 4-3-4>

No	항목	필수(M)/선택(O)	도움말
Coding region (CDS) / Gene / mRNA			
1	Providing intervals	O	**설명(영문):** CDS, Gene, mRNA sequences, with intron sequences **설명(국문):** 인트론 서열 포함 CDS, 유전자, mRNA 서열 **작성하여 업로드할 엑셀파일 양식:** PI.file.xlsx
2	Providing protein sequence data	O	**설명(영문):** CDS, Gene, mRNA sequences with protein sequences **설명(국문):** 단백질 서열 포함 CDS, 유전자, mRNA 서열 **작성하여 업로드할 엑셀파일 양식:** PP.file.xlsx
RNA			
3	precursor RNA	O	**설명(영문):** Any RNA species that is not yet the mature RNA product **설명(국문):** 번역이 일어나지 않는 서열을 포함한 premature RNA **작성하여 업로드할 엑셀파일 양식:** PreRNA.file.xlsx
4	messenger RNA	O	**설명(영문):** Messenger RNA; includes untranslated region after splicing **설명(국문):** Splicing 이후 비번역부위를 포함한 mRNA (cDNA) **작성하여 업로드할 엑셀파일 양식:** mRNA.file.xlsx
5	transfer RNA	O	**설명(영문):** Transfer RNA mediates the translation of a nucleic acid sequence into an amino acid sequence **설명(국문):** 핵산 서열을 아미노산 서열로 번역하는 역할을 하는 tRNA **작성하여 업로드할 엑셀파일 양식:** tRNA.file.xlsx
6	ribosomal RNA	O	**설명(영문):** RNA component of the ribonucleoprotein particle **설명(국문):** Ribonucleoprotein 구조의 RNA 서열 **작성하여 업로드할 엑셀파일 양식:** rRNA.file.xlsx
7	non-coding RNA		**설명(영문):** Non-protein-coding gene **설명(국문):** 비암호화 유전자 **작성하여 업로드할 엑셀파일 양식:** ncRNA.file.xlsx
8	transfer-messenger RNA	O	**설명(영문):** transfer messenger RNA; tmRNA acts as a tRNA first, and then as an mRNA that encodes a peptide tag **설명(국문):** tRNA와 rRNA의 특성을 모두 갖는 RNA 분자 **작성하여 업로드할 엑셀파일 양식:** tmRNA.file.xlsx

No	항목	필수(M)/선택(O)	도움말
9	miscellaneous RNA	O	**설명(영문):** Any transcript or RNA product that cannot be defined by other RNA keys **설명(국문):** 다른 RNA 항목로 정의할 수 없는 모든 전사체 또는 RNA **작성하여 업로드할 엑셀파일 양식:** miscRNA.file.xlsx
Repeat sequence / mobile element / satellites			
10	repeat region	O	**설명(영문):** Region of genome containing repeating units **설명(국문):** 반복 서열 단위를 포함하는 유전체 영역 **작성하여 업로드할 엑셀파일 양식:** repeat.file.xlsx
Regulatory feature			
11	-35 Signal	O	**설명(영문):** -35 box in prokaryotic promoters **설명(국문):** 원핵생물 프로모터의 -35 box **작성하여 업로드할 엑셀파일 양식:** 35Sig.file.xlsx
12	-10 Signal	O	**설명(영문):** Pribnow box in prokaryotic promoters **설명(국문):** 원핵생물 프로모터의 Pribnow 상자 **작성하여 업로드할 엑셀파일 양식:** 10Sig.file.xlsx
13	Attenuator	O	**설명(영문):** Sequence related to transcription termination **설명(국문):** 전사 종결에 관여된 서열 **작성하여 업로드할 엑셀파일 양식:** Attenuator.file.xlsx
14	CAAT_signal	O	**설명(영문):** CAAT box in eukaryotic promoters **설명(국문):** 진핵생물의 CAAT box **작성하여 업로드할 엑셀파일 양식:** CAAT.file.xlsx
15	DNase I Hypersensitive Site	O	**설명(영문):** Regions of chromatin that are sensitive to cleavage by the DNase I enzyme **설명(국문):** DNase I 효소에 의한 절단이 빈번히 일어나는 염색질 영역 **작성하여 업로드할 엑셀파일 양식:** DNaseHyp.file.xlsx
16	Enhancer	O	**설명(영문):** Cis-acting enhancer of promoter function **설명(국문):** 시스 위치에서 프로모터 기능을 하는 인핸서 **작성하여 업로드할 엑셀파일 양식:** Enhancer.file.xlsx
17	Enhancer Blocking Element	O	**설명(영문):** Enhancer Blocking Element **설명(국문):** **인핸서 억제 요소** **작성하여 업로드할 엑셀파일 양식:** EBE.file.xlsx
18	GC_signal	O	**설명(영문):** GC box in eukaryotic promoters **설명(국문):** 진핵생물 프로모터의 GC box **작성하여 업로드할 엑셀파일 양식:** GC.file.xlsx
19	Imprinting Control Region	O	**설명(영문):** Imprinting Control Region **설명(국문):** Need to Update / 부모 imprinting과 관련. **작성하여 업로드할 엑셀파일 양식:** ICR.file.xlsx
20	Insulator	O	**설명(영문):** Cis-regulatory element known as a long-range regulatory element **설명(국문):** 먼 영역에서 조절하는 전사조절요소 **작성하여 업로드할 엑셀파일 양식:** Insulator.file.xlsx
21	Locus Control Region	O	**설명(영문):** Long-range cis-regulatory element that enhances expression of linked genes **설명(국문):** 연관 유전자의 발현을 증가시키는 먼 영역의 전사조절 요소 **작성하여 업로드할 엑셀파일 양식:** LCR.file.xlsx

No	항목	필수(M)/선택(O)	도움말
22	Matrix Attachment Region	O	**설명(영문):** Sequences in the DNA of eukaryotic chromosomes where the nuclear matrix attaches **설명(국문):** 핵기질이 부착되는 진핵생물 염색체의 DNA 서열 **작성하여 업로드할 엑셀파일 양식:** MAR.file.xlsx
23	PolyA Signal	O	**설명(영문):** Signal for cleavage and polyadenylation **설명(국문):** 폴리아데닐화를 위한 절단 신호 **작성하여 업로드할 엑셀파일 양식:** PolyA.file.xlsx
24	Promoter	O	**설명(영문):** A region involved in transcription initiation **설명(국문):** 전사 개시에 관여하는 영역 **작성하여 업로드할 엑셀파일 양식:** Promoter.file.xlsx
25	Recoding Stimulatory Region	O	**설명(영문):** Recoding Stimulatory Region **설명(국문):** Need to Update **작성하여 업로드할 엑셀파일 양식:** RSR.file.xlsx
26	Replication Regulatory Region	O	**설명(영문):** Replication Regulatory Region **설명(국문):** 복제 조절 영역 **작성하여 업로드할 엑셀파일 양식:** RRR.file.xlsx
27	Response Element	O	**설명(영문):** Short sequences of DNA within a gene promoter or enhancer region that are able to bind specific transcription factors **설명(국문):** 특정 전사인자에 결합할 수 있는 프로모터 또는 인핸서 영역 내의 짧은 DNA 서열 **작성하여 업로드할 엑셀파일 양식:** RE.file.xlsx
28	Ribosome Binding Site	O	**설명(영문):** Sequence of nucleotides upstream of the start codon of an mRNA transcript **설명(국문):** mRNA 전사체의 시작 코돈 upstream의 염기 서열 **작성하여 업로드할 엑셀파일 양식:** RBS.file.xlsx
29	Riboswitch	O	**설명(영문):** Regulatory segment of a mRNA molecule that binds a small molecule **설명(국문):** 작은 분자구조에 결합하는 mRNA 분자의 조절 세그먼트 **작성하여 업로드할 엑셀파일 양식:** RiboSwi.file.xlsx
30	Silencer	O	**설명(영문):** Silencer **설명(국문):** 시스 위치에서 발현 억제를 하는 서열 **작성하여 업로드할 엑셀파일 양식:** Silencer.file.xlsx
31	TATA signal	O	**설명(영문):** TATA box in eukaryotic promoters **설명(국문):** 진핵생물의 TATA box **작성하여 업로드할 엑셀파일 양식:** TATA.file.xlsx
32	Terminator	O	**설명(영문):** Sequence causing transcription termination **설명(국문):** 전사 종결을 조절하는 서열 **작성하여 업로드할 엑셀파일 양식:** Terminator.file.xlsx
33	Transcriptional Cis Regulatory Region	O	**설명(영문):** Transcriptional Cis Regulatory Region **설명(국문):** 전사 조절을 하는 Cis 영역 **작성하여 업로드할 엑셀파일 양식:** TCRR.file.xlsx
34	Other Regulatory Region	O	**설명(영문):** Unclassified Regulatory Region **설명(국문):** 분류되지 않는 조절 영역 **작성하여 업로드할 엑셀파일 양식:** OtherRegul.file.xlsx
Others			

No	항목	필수(M)/선택(O)	도움말
35	C_region	O	**설명(영문):** Constant region of immunoglobulin light and heavy chains, and T-cell receptor alpha, beta, and gamma chains **설명(국문):** 면역글로불린 경쇄 및 중쇄 그리고 T 세포 수용체 알파, 베타 및 감마 사슬의 보존 영역 **작성하여 업로드할 엑셀파일 양식:** Cregion.file.xlsx
36	D-loop	O	**설명(영문):** DNA structure where the two strands of a double-stranded DNA molecule are separated for a stretch and held apart by a third strand of DNA **설명(국문):** Need to Update **작성하여 업로드할 엑셀파일 양식:** Dloop.file.xlsx
37	D_segment	O	**설명(영문):** Diversity segment of immunoglobulin heavy chain, and T-cell receptor beta chain **설명(국문):** 면역글로불린 경쇄 및 중쇄 그리고 T 세포 수용체 알파, 베타 및 감마 사슬의 다양한 영역 **작성하여 업로드할 엑셀파일 양식:** Dseg.file.xlsx
38	Exon	O	**설명(영문):** Exon sequence only **설명(국문):** 엑손 서열만 있는 경우 **작성하여 업로드할 엑셀파일 양식:** Exon.file.xlsx
39	Gap	O	**설명(영문):** Gap in the sequence **설명(국문):** 염기서열간의 비결정 서열영역 **작성하여 업로드할 엑셀파일 양식:** Gap.file.xlsx
40	Gene	O	**설명(영문):** Gene sequence only **설명(국문):** 유전자 서열만 있는 경우 **작성하여 업로드할 엑셀파일 양식:** Gene.file.xlsx
41	Intron	O	**설명(영문):** intron sequence only **설명(국문):** 인트론 서열만 있는 경우 **작성하여 업로드할 엑셀파일 양식:** Intron.file.xlsx
42	J_segment	O	**설명(영문):** Joining segment of immunoglobulin light and heavy chains, and T-cell receptor alpha, beta, and gamma chains **설명(국문):** 면역글로불린 경쇄 및 중쇄 그리고 T 세포 수용체 알파, 베타 및 감마 사슬의 연결 영역 **작성하여 업로드할 엑셀파일 양식:** Jseg.file.xlsx
43	Mature Peptide	O	**설명(영문):** Mature peptide or protein coding sequence **설명(국문):** 펩타이드 또는 단백질 코딩 서열 **작성하여 업로드할 엑셀파일 양식:** MatPep.file.xlsx
44	Misc.Binding	O	**설명(영문):** Site in nucleic acid which covalently or non-covalently binds another moiety that cannot be described by any other binding key (primer_bind or protein_bind) **설명(국문):** 다른 바인딩 항목(primer_bind 또는 protein_bind)로 설명할 수 없는 결합 영역 **작성하여 업로드할 엑셀파일 양식:** MiscBind.file.xlsx
45	Misc.Difference	O	**설명(영문):** Feature sequence is different from that presented in the entry and cannot be described by any other difference key (variation, or modified_base) **설명(국문):** 다른 서열 항목(variation, 또는 modified base)로 설명할 수 없는 영역 **작성하여 업로드할 엑셀파일 양식:** MiscDiff.file.xlsx
46	Misc.Feature	O	**설명(영문):** Region of biological significance that can't be described by any other feature **설명(국문):** 다른 항목으로 분류할 수 없는 서열 영역 **작성하여 업로드할 엑셀파일 양식:** MiscFeat.file.xlsx

No	항목	필수(M)/선택(O)	도움말
47	Misc.Recombination	O	**설명(영문):** Site of any generalized, site-specific or replicative recombination event **설명(국문):** 모든 일반화, 특이적 또는 복제 재조합이 일어나는 부위 **작성하여 업로드할 엑셀파일 양식:** MiscRecomb.file.xlsx
48	Misc.Signal	O	**설명(영문):** Miscellaneous signal **설명(국문):** 다른 신호 항목(으로 분류할 수 없는 서열 영역 **작성하여 업로드할 엑셀파일 양식:** MiscSig.file.xlsx
49	Misc.Structure	O	**설명(영문):** Any secondary or tertiary nucleotide structure or conformation that cannot be described by other Structure keys (stem_loop and D-loop) **설명(국문):** 다른 항목(stem_loop 및 D-loop)으로 설명할 수 없는 2차 또는 3차 염기서열 구조 **작성하여 업로드할 엑셀파일 양식:** MiscStruc.file.xlsx
50	Modified Base	O	**설명(영문):** Modified nucleotide substituted for by the indicated molecule **설명(국문):** 표시된 분자로 치환된 변형된 염기서열 **작성하여 업로드할 엑셀파일 양식:** ModBase.file.xlsx
51	N_Region	O	**설명(영문):** Extra nucleotides inserted between rearranged immunoglobulin segments **설명(국문):** 재배열된 면역글로불린 세그먼트 사이에 삽입된 추가 염기서열 **작성하여 업로드할 엑셀파일 양식:** Nregion.file.xlsx
52	Operon	O	**설명(영문):** Polycistronic transcript including a cluster of genes **설명(국문):** 유전자 클러스터를 포함하는 폴리시스트론 전사서열 **작성하여 업로드할 엑셀파일 양식:** Operon.file.xlsx
53	Origin of Trnasfer(oriT)	O	**설명(영문):** Origin of transfer; region of a DNA molecule where transfer is initiated in conjugation **설명(국문):** 원핵생물 접합시 transfer가 시작되는 염기서열 **작성하여 업로드할 엑셀파일 양식:** OriT.file.xlsx
54	PolyA Site	O	**설명(영문):** Site on an RNA transcript to which will be added adenine residues by post-transcriptional polyadenylation **설명(국문):** 전사 후 폴리아데닐화시 아데닌 잔기가 추가되는 RNA 전사체의 염기서열 **작성하여 업로드할 엑셀파일 양식:** PolyAsite.file.xlsx
55	Primer Bind	O	**설명(영문):** Non-covalent primer binding site for initiation of replication, transcription, or reverse transcription (PCR primer elements) **설명(국문):** 복제, 전사 또는 역전사 개시를 위한 프라이머 결합 부위 **작성하여 업로드할 엑셀파일 양식:** PrimBind.file.xlsx
56	Propeptide	O	**설명(영문):** Propeptide coding sequence **설명(국문):** 프로펩타이드 코딩 서열 **작성하여 업로드할 엑셀파일 양식:** Propep.file.xlsx
57	Protein Bind	O	**설명(영문):** Non-covalent protein binding site on nucleic acid **설명(국문):** 핵산의 단백질 결합 부위 **작성하여 업로드할 엑셀파일 양식:** ProtBind.file.xlsx
58	Replication Origin	O	**설명(영문):** Starting site for duplication of nucleic acid **설명(국문):** 염기서열 복제를 위한 시작지점 **작성하여 업로드할 엑셀파일 양식:** OriR.file.xlsx
59	S_Region	O	**설명(영문):** Switch region of immunoglobulin heavy chains **설명(국문):** 면역글로불린 중쇄의 스위치 영역 **작성하여 업로드할 엑셀파일 양식:** Sregion.file.xlsx

No	항목	필수(M)/선택(O)	도움말
60	Signal peptide	O	**설명(영문):** Signal peptide coding sequence **설명(국문):** 분비신호 펩타이드 코딩 염기서열 **작성하여 업로드할 엑셀파일 양식:** Sigpep.file.xlsx
61	Stem Loop	O	**설명(영문):** hairpin structure complementary sequences in a single strand of RNA or DNA **설명(국문):** RNA 또는 DNA의 단일 가닥에 있는 헤어핀 구조의 상보적 서열 **작성하여 업로드할 엑셀파일 양식:** StemLoop.file.xlsx
62	Transit Peptide	O	**설명(영문):** Proteins which have an N-terminal presequence which directs them to an organelle **설명(국문):** 세포 소기관으로 향하는 N-말단 서열이 있는 단백질 코딩 서열 **작성하여 업로드할 엑셀파일 양식:** TranPep.file.xlsx
63	V_Region	O	**설명(영문):** Variable region of immunoglobulin light and heavy chains, and T-cell receptor alpha, beta, and gamma chains **설명(국문):** 면역글로불린 경쇄 및 중쇄 그리고 T 세포 수용체 알파, 베타 및 감마 사슬의 가변 영역 **작성하여 업로드할 엑셀파일 양식:** Vregion.file.xlsx
64	V_Segment	O	**설명(영문):** Variable segment of immunoglobulin light and heavy chains, and T-cell receptor alpha, beta, and gamma chains **설명(국문):** 면역글로불린 경쇄 및 중쇄 그리고 T 세포 수용체 알파, 베타 및 감마 사슬의 가변 세그먼트 **작성하여 업로드할 엑셀파일 양식:** Vseg.file.xlsx
65	Variation	O	**설명(영문):** Related strain contains stable mutations from the same gene (e.g., RFLPs, polymorphisms, etc.) **설명(국문):** 근연종 동일한 유전자의 지속적 돌연변이(예: RFLP, 다형성 등)를 포함합니다. **작성하여 업로드할 엑셀파일 양식:** Var.file.xlsx
66	3'UTR	O	**설명(영문):** Region at the 3′ end of a mature transcript (following the stop codon) **설명(국문):** 성숙한 전사체의 3′ 말단 영역(stop codon 다음영역) **엑셀파일 업로드** **작성하여 업로드할 엑셀파일 양식:** 3UTR.file.xlsx
67	5'UTR	O	**설명(영문):** Region at the 5′ end of a mature transcript (preceding the initiation codon) **설명(국문):** 성숙한 전사체의 5′ 말단에 있는 영역(Start codon 앞) **작성하여 업로드할 엑셀파일 양식:** 5UTR.file.xlsx

파트 5. File 정보

비고

□ <표 4-3-1>의 항목#2(Submission type)의 값에 따라 두 케이스로 나뉘어져 File 정보 등록이 진행됨

	Case 1	Case 2
해당 Submission type	1. Single sequence 6. Targeted locus study 7. Other (Please specify)	2. Whole genome sequence 3. Transcriptome shotgun assembly (TSA) sequences 4. High-throughput genome (HTG) sequences 5. Third party annotation (해당 genome이 있는 경우)
해당 File 정보 등록 양식	<파트 5-1. 파일 정보 파트: Case 1>	<파트 5-2. 파일 정보 파트: Case 2>

파트 5-1. File 정보 (Case 1)

<표 4-3-5-1>

No	항목	필수(M)/ 선택(O)	도움말
1	Reference file	O	**설명(영문):** Did you have any reference genome file **설명(국문):** 염기서열이 해당하는 참조유전체의 유무 **가능한 값 :** Accession Number 기입
2	FASTA or SQN file (FASTA 또는 SQN 파일)	M	**설명(영문):** Upload FASTA or Sqn file **설명(국문):** FASTA 또는 Sqn 파일 업로드
3	Release date (공개날짜)	M	**설명(영문):** Data release date **설명(국문):** 데이터 공개 날짜 **양식:** YYYY-MM-DD **예시:** 2018-12-22

파트 5-2. File 정보 (Case 2)

<표 4-3-5-2>

<table>
<tr><th>No</th><th>항목</th><th>필수(M)/
선택(O)</th><th>도움말</th></tr>
<tr><td>1</td><td>Assembly state
(어셈블리 상태)</td><td>O</td><td>설명(영문): Which of these 3 options describes this genome submission?
설명(국문): 현재 게놈 제출물의 상태를 다음 3개 중 택일

가능한 값: 다음 중 택일
<table>
<tr><th>No</th><th>가능한 값</th></tr>
<tr><td>1</td><td>Each chromosome is in a single sequence and there are no extra sequences</td></tr>
<tr><td>2</td><td>One or more chromosomes are still in multiple pieces and/or some sequences are not assembled into chromosomes</td></tr>
<tr><td>3</td><td>We are submitting just the AGP file(s) for a genome assembly; the components of the AGP files are already in GenBank</td></tr>
</table></td></tr>
<tr><td>2</td><td>Confirm AGP file for unplaced scaffolds
(비배치 스캐폴드 AGP 파일 유무)</td><td>O</td><td>설명(영문): Do you have an AGP file for unplaced scaffolds (these are scaffolds without chromosome or plasmid information, so they have no genomic context)?
설명(국문): 배치되지 않은 스캐폴드(염색체 또는 플라스미드 정보가 없는 스캐폴드이므로 게놈 컨텍스트가 없음)에 대한 AGP 파일 존재 여부

가능한 값: 다음 중 택일
<table>
<tr><th>No</th><th>가능한 값</th></tr>
<tr><td>1</td><td>Yes</td></tr>
<tr><td>2</td><td>No</td></tr>
</table>
비고(영문): Applicable only when you answered “3” in the “Assembly state” field
비고(국문): “Assembly state” 항목의 값이 3번인 경우에만 해당</td></tr>
<tr><td>3</td><td>Confirm AGP file for unlocalized scaffolds
(비위치화 스캐폴드 AGP 파일 유무)</td><td>O</td><td>설명(영문): Are there also AGP files that assemble chromosomes, plasmids and/or unlocalized scaffolds?
설명(국문): 염색체, 플라스미드 및/또는 염색체 내 위치가 선정 되지 않은 스캐폴드를 조립하는 AGP 파일 존재 유무

가능한 값: 다음 중 택일
<table>
<tr><th>No</th><th>가능한 값</th></tr>
<tr><td>1</td><td>Yes</td></tr>
<tr><td>2</td><td>No</td></tr>
</table></td></tr>
<tr><td>4</td><td>How to assemble using AGP
(AGP 이용 조립방법)</td><td>O</td><td>설명(영문): How are the chromosomes and/or plasmids assembled?
설명(국문): 염색체 및/또는 플라스미드 조립 방법

가능한 값: 다음 중 택일
<table>
<tr><th>No</th><th>가능한 값</th></tr>
<tr><td>1</td><td>Directly from contigs in 1 AGP file (with or without scaffold breaking gaps)</td></tr>
<tr><td>2</td><td>Via explicit scaffolds, in 2 AGP files</td></tr>
<tr><td>3</td><td>I have only unlocalized scaffolds</td></tr>
</table>
비고(영문): Applicable only when you answered “Yes” in the “Confirm AGP file for unlocalized scaffold” field
비고(국문): “Confirm AGP file for unlocalized scaffold” 항목의 값이 Yes인 경우에만 해당</td></tr>
</table>

<table>
<tr><th>No</th><th>항목</th><th>필수(M)/
선택(O)</th><th>도움말</th></tr>
<tr><td>5</td><td>Confirm annotation in AGP
(AGP 주석 유무)</td><td>O</td><td>설명(영문): Did you annotate the scaffolds or chromosomes that are assembled in the AGP files?
설명(국문): AGP 파일에 조립된 스캐폴드 또는 염색체에 주석 유무

가능한 값: 다음 중 택일
<table>
<tr><th>No</th><th>가능한 값</th></tr>
<tr><td>1</td><td>Yes</td></tr>
<tr><td>2</td><td>No, I don't have these files OR I've already uploaded annotated gapped sequences in the first step</td></tr>
</table></td></tr>
<tr><td>6</td><td>AGP file
(AGP 파일)</td><td>O</td><td>설명(영문): Upload AGP file
설명(국문): AGP 파일 업로드</td></tr>
<tr><td>7</td><td>Annotation file
(주석 파일)</td><td>O</td><td>설명(영문): Upload gff file
설명(국문): gff 파일 업로드</td></tr>
<tr><td>8</td><td>Sequence file format
(염기서열 파일 포맷)</td><td>M</td><td>설명(영문): The format of sequence file to upload
설명(국문): 업로드 하고자 하는 염기서열 파일의 포맷

가능한 값: 다음 중 택일
<table>
<tr><th>No</th><th>가능한 값</th></tr>
<tr><td>1</td><td>FASTA</td></tr>
<tr><td>2</td><td>Sqn</td></tr>
</table>
비고:
- WGS 등의 단일 염기서열 (single feature)의 경우에는 FASTA 및 Sqn 선택 가능.
- WGS with third party annotation 등의 다중 염기서열 (multiple features)의 경우에는 Sqn만 선택 가능</td></tr>
<tr><td>9</td><td>Sequence file
(염기서열 파일)</td><td>M</td><td>설명(영문): Upload sequence file of selected format
설명(국문): 염기서열 파일 업로드</td></tr>
<tr><td>10</td><td>Release date
(공개날짜)</td><td>M</td><td>설명(영문): Data release date
설명(국문): 데이터 공개 날짜

양식: YYYY-MM-DD
예시: 2018-12-22</td></tr>
</table>

4.4 PCR 프라이머 데이터

□ **(작성자)** 국립생물자원관 최성호(환경바이오 작업반), 강원대학교 최익영(환경바이오 작업반), KOBIC

□ **(설명)** 본 양식은 PCR(중합효소 연쇄 반응) 기법을 통해 원하는 부분의 DNA를 증폭할 때 필요한 프라이머(합성된 짧은 유전자 서열) 데이터 양식임.

<표 14-2>

No	항목	필수(M)/선택(O)	도움말
1	Sequence source (서열 출처)	M	**설명(국문):** 증폭용 염기서열 출처 (종명/학명 등) **예시:** SARS-CoV-2, Universal 16S rRNA bacterial primers 27F, Synthetic construct, Unidentified species
2	Target class (타겟 유형)	M	**설명(국문):** 증폭 대상의 유형(gene name, SNP, SSR 등) **예시:** MYC gene, Noncoding region, SNP, SSR, Mitochondrial DNA, 5'-UTR
3	Target site (타겟 위치)	M	**설명(국문):** 증폭 위치, SNP 및 SSR 정보 표시 등 **예시1:** Chr1:22340-22447, **예시2:** ATCGGT[T/C]ACCTG **예시3:** ATGCCT$(ATT)_{25}$ACGT
4	Amplicon sequence name (증폭 서열 명칭)	M	**설명:** 증폭 위치에 대한 서열 명칭(마커, 바코드 등) **예시:** CHS4a_SNP101, At_SSR_702. Ht_Allele_SP_206
5	Reference sequence (표준염기서열)	M	**설명(국문):** Target 위치를 포함한 contig, gene 등 전체 염기서열 fasta 파일
6	Expected amplification length (예상 증폭 길이)	M	**설명(국문):** 증폭할 위치의 염기서열 길이 **예시:** 107 bp
7	Targeted DNA sequence (증폭 부위의 염기서열)	M	**설명(국문):** PCR 증폭할 위치의 DNA 염기서열 **예시:** CCCTACT--(중략)--AATCTTAC
8	Forward primer sequence (포워드 프라이머 염기서열)	M	**설명(국문):** Forward primer의 염기서열 **예시:** GCTGGTGCTGCAGCTTATTA
9	Reverse primer sequence (리버스 프라이머 염기서열)	M	**설명(국문):** Reverse primer의 염기서열 **예시:** AGGGTCAAGTGCACAGTCTA
10	Description (마커설명)	M	**설명(국문):** 해당 PCR 마커로 구분하는 방법 및 활용 등 설명 **예시(구분 방법):** SNP, 증폭부위의 DNA 변이 비교 // SSR, 증폭된 단편의 길이 // Amplification or not, 증폭 유무 **예시(활용):** 종피색소 관련 유전자의 DNA 변이(SNP) 확인을 위한 PCR 및 sequencing primer로 활용 // 매자나무과 종 구분 및 개체 식별을 위한 SSR 마커로 활용 // 병저항성 SNP 구분을 위한 allele specific primer를 이용한 DNA 증폭 유무로 확인
11	Release date (공개날짜)	M	**설명(영문):** Data release date **설명(국문):** 데이터 공개 날짜 **양식:** YYYY-MM-DD **예시:** 2018-12-22

5 Proteomics(단백체) 데이터

5.1 Proteomics(단백체) 데이터

□ **(작성자)** KOBIC 작성 후 외부 전문가 검수

○ 서울대학교 황대희, 기초과학지원연구원 김영혜(혁신형융복합 작업반), 전남대학교 박춘구(혁신형융복합 작업반)

□ **(설명)** 단백체(proteomics) 실험 데이터

□ **(작성에 참고한 자료)** EBI PRIDE(https://www.ebi.ac.uk/pride/)의 양식을 기반으로 작성

□ **(등록 구성)** Proteomics 데이터 세트의 등록은 다음 세 요소로 구성됨

○ BioProject 정보: <2. BioProject 정보>의 양식에 따라 등록

○ BioSample 정보: <3. BioSample 정보>의 양식에 따라 등록

○ Proteomics 데이터: 각 BioSample에 대한 실험에서 얻어진 proteomics 데이터를 <5.1. Proteomics 데이터>의 양식에 따라 등록

파트 1. Descriptors (설명자)

<표 5-1-1>

<table>
<tr><th>No</th><th>항목</th><th>필수(M)/선택(O)</th><th>도움말</th></tr>
<tr><td>1</td><td>Keywords
(키워드)</td><td>M</td><td>설명(영문): Terms that define your study, eg. technique, disease
설명(국문): 연구를 정의할 수 있는 핵심어(기술, 질병 등에 대한 용어)

예시: Cancer, Metastasis, SNAI1 Gene</td></tr>
<tr><td>2</td><td>Period of Creation
(데이터 생산 기간)</td><td>M</td><td>설명(영문): Creation period of proteomics data
설명(국문): 단백체 데이터 생산 기간

예시: 2020.1-2020.7</td></tr>
<tr><td>3</td><td>Submission Type
(데이터 완성도)</td><td>M</td><td>설명(영문): The level of completeness of the data based on the level of processing(refer to EBI PRIDE)
설명(국문): 단백체 데이터 processing에 따른 완성도(EBI PRIDE 기준 참고)

가능한 값: 다음 중 택일
<table>
<tr><th>No</th><th>가능한 값</th><th>설명</th></tr>
<tr><td>1</td><td>Complete</td><td>Any data types that cannot be converted into PRIDE XML or mzIdentM</td></tr>
<tr><td>2</td><td>Partial</td><td>Raw data, PRIDE XML, or mzIdentML</td></tr>
</table></td></tr>
</table>

파트 2. Sample details (샘플 상세정보)

<표 5-1-2>

No	항목	필수(M)/ 선택(O)	도움말
1	Subcellular isolation (세포소기관 분리)	M	**설명(영문):** Subcellular organelle from which samples were isolated **설명(국문):** (해당 시) 분리·확보된 샘플이 해당되는 세포소기관 **예시:** Whole cell, Mitochondria, Nucleus, Membrane 등

파트 3. Experimental details (실험 상세정보)

<표 5-1-3>

No	항목	필수(M)/ 선택(O)	도움말
1	Experiment type (실험 유형)	M	**설명(영문):** Type of proteomics strategy **설명(국문):** 단백질체학 전략의 유형 **가능한 값:** 다음 중 택일 No / 가능한 값 1 Top-down proteomics 2 Shotgun proteomics 3 Gel-based proteomics 4 Cross-linking (CX-MS) 5 Affinity purification (AP-MS) 6 Selected reaction monitoring (SRM) 7 Multiple reaction monitoring (MRM) 8 Parallel reaction monitoring (PRM) 9 Sequential window acquisition of all theoretical fragment ion spectra (SWATH) MS* 10 Mass spectrometry where E represents collision energy (MSE)* 11 High definition MSE (HDMSE)* 12 Peptide acquisition independent from ion count (PAcIFIC)* 13 All-ion fragmentation (AIF)* 14 RNA mass spectrometry 15 MS imaging 16 Others * Data-independent acquisition (DIA) method
2	Experimental factor/Technical replicate (실험 요인/반복실험)	O	**설명(영문):** Fill in your experimental factor or clarify whether the data consists of multiple technical replicates (recommended) **설명(국문):** 실험 요인 및 technical replicate 번호 (해당 시) 입력 **예시:** Drug A at 10 mM, technical replicate 2 **비고:** If the corresponding experimental data is one of the technical replicates from the same biological sample (i.e., the same biological replicate), please add an additional label (e.g., “technical replicate 2”) that are distinct from the other technical replicates.

파트 4. Sample preparation (샘플 준비)

<표 5-1-4>

No	항목	필수(M)/ 선택(O)	도움말
1	Sample processing protocol (샘플 처리 프로토콜)	M	**설명(영문):** A short description on the sample preparation steps, separation, enrichment strategies and mass spectrometry protocols included **설명(국문):** 샘플 준비 단계, 분리, 농축 전략 및 질량 분석 프로토콜에 대한 간략한 설명 **예시:** Analytical Sample Protocol - Alkylation: Chloroacetamide, Fractionation: hSAX, Fractions: 24, Proteolysis: Trypsin, Starting Amount: 300 ug; Chromatography Protocol - Column Length: 40 cm, Column Type: C18, Gradient Length: 110 min, Injected: 5 uL, Inside Diameter: 75 um, Particle Size: 5 um; Mass Spectrometry Protocol - Dissociation: HCD, Instrument: Thermo LTQ Orbitrap Velos, MS1 Resolution: 30000, Precursors: Top 10. **비고:** Please enter a summary of the information that will be entered in the following fields: Extraction protocol, Digestion protocol, and Enzyme.
2	Extraction protocol (추출 프로토콜)	O	**설명(영문):** Description of protein extraction protocol **설명(국문):** 단백질 추출 프로토콜에 대한 설명 **예시:** After tissues were carefully washed in PBS buffer on ice to remove blood, all pairs of tumor and adjacent normal tissues were individually cryopulverized using a Cryoprep device (CP02, Covaris). Briefly, each tissue piece (50-200 mg in wet tissue weight) was placed in a cryovial (Covaris, 430487) on dry ice, subsequently transferred to a Covaris tissue bag (TT1, Covaris), and pulverized by using different impact levels depending on the total weight of the tissue (<50 mg: impact level 2; 50-250 mg: level 3) after placing in the tissue bag into liquid nitrogen for 30 s. The tissue powder was then placed in a sonication tube (002109, Covaris) and mixed with lysis buffer [4% SDS, 0.1 M Tris-HCl pH 7.6 and one tablet phosphataseinhibitor (PhosSTOP, Roche) in 10 mL]. A different volume of lysis buffer was used according to the total tissue weight (ca. 1 mL for 20 mg). Tissue lysis was performed by sonication using a focused ultrasonicator (S220, Covaris) at a setting of 2 W (intensity 5) for 5 s followed by 36 W (intensity 10) for 20 s and 0 W (intensity 0) for 10 s. The sonication cycle was repeated for 20 times at 16°C. The homogenate was centrifuged at 16,000 g and 20°C for 10 min (5810 R, Eppendorf), and the supernatant was transferred to a new tube. Protein concentration was then measured using the BCA protein assay (BCA Protein Assay Kit, Pierce). **비고:** Please enter detailed information that has not been described in the “Sample processing protocol” field.
3	Digestion protocol (단백질 분절화 프로토콜)	O	**설명(영문):** Description of protein digestion protocol **설명(국문):** 단백질 분절화 프로토콜에 대한 설명 **예시:** Ca. 3.5 mg proteins of each tissue was divided into seven 500 µg portions, and each portion was digested separately using a filter aided sample preparation (FASP) method (Wisniewski et al., 2009). Briefly, 500 µg proteins was reduced with SDT buffer (4% SDS in 0.1M Tris-HCl pH 7.6 and 0.1 M DTT) at 37°C for 45 min with shaking at 300 rpm and boiled for 10 min at 95°C on a thermomixer (Thermomixer comfort, Eppendorf). The protein sample was transferred to a Microcon device (YM-30, Millipore Corporation), in which the protein sample was mixed with 8 M urea (in 0.1 M Tris-HCl, pH 8.5). The protein sample on the membrane filter was centrifuged at 14,000 g and 20°C for 60 min to remove SDS. After alkylation for 25 min with 0.05 M iodoacetamide in 8 M urea at room temperature in the dark and buffer exchange with 50 mM ammonium bicarbonate, pH 8.0, trypsin(Promega; Madison; WI) was added to the filter at an enzyme to protein ratio of 1: 50 (w/w), and the proteins were digested at 37°C for overnight. After the first digestion, the second digestion was carried out with trypsin (1:100 ratio) at 37°C for 6 hr. All peptide samples obtained from each tissue were pooled, and the final peptide concentration was determined by the BCA assay. **비고:** Please enter detailed information that has not been described in the “Sample processing protocol” field.
4	Enzyme (효소)	M	**설명(영문):** Enzyme used during the experiment for protein digestion and protein inhibitors used during sample preparation **설명(국문):** 시료 준비 중 단백질 분해 및 단백질 억제제 실험에 사용되는 효소

<table>
<tr><th>No</th><th>항목</th><th>필수(M)/
선택(O)</th><th>도움말</th></tr>
<tr><td></td><td></td><td></td><td>가능한 값: 다음 중 택일
<table>
<tr><th>No</th><th>가능한 값</th></tr>
<tr><td>1</td><td>No enzyme</td></tr>
<tr><td>2</td><td>alphaLP</td></tr>
<tr><td>3</td><td>Arg-C</td></tr>
<tr><td>4</td><td>Arg-N</td></tr>
<tr><td>5</td><td>Chymotrypsin</td></tr>
<tr><td>6</td><td>glutamyl endopeptidase</td></tr>
<tr><td>7</td><td>Lys-C</td></tr>
<tr><td>8</td><td>Lys-N</td></tr>
<tr><td>9</td><td>Trypsin</td></tr>
<tr><td>10</td><td>Others</td></tr>
</table></td></tr>
</table>

파트 5. Sample enrichment, separation, fractionation (샘플 강화, 분리 및 분획)

<표 5-1-5>

<table>
<tr><th>No</th><th>항목</th><th>필수(M)/
선택(O)</th><th>도움말</th></tr>
<tr><td>1</td><td>Enrichment
(단백질 동정 강화 방법)</td><td>M</td><td>설명(영문): Enrichment method to identify a comprehensive number of specific peptides/proteins including post-translational modifications during sample preparation.
설명(국문): 샘플 준비 과정에서 특정 타입(단백질 번역 후 변형 등)의 동정되는 펩타이드/단백질의 수를 늘리기 위해 적용한 강화 방법

예시: Phosphopeptide enrichment, Immunoprecipitation (IP)

비고: Enrichment를 수행하지 않은 경우에는 Not applicable 이라고 기입</td></tr>
<tr><td>2</td><td>Sample fraction
(샘플 분획)</td><td>M</td><td>설명(영문): Number of fractions analyzed (a positive integer)
설명(국문): 분석된 분획의 개수

예시: 12
포맷: 양의 정수</td></tr>
<tr><td>3</td><td>Protein fractionation
(단백질 분획)</td><td>M</td><td>설명(영문): Process for protein fractionation
설명(국문): 단백질 분획 과정

가능한 값: 다음 중 택일
<table>
<tr><th>No</th><th>가능한 값</th><th>예시</th></tr>
<tr><td>1</td><td>No</td><td>-</td></tr>
<tr><td>2</td><td>Yes (Please specify)</td><td>SDS-PAGE</td></tr>
</table></td></tr>
<tr><td>4</td><td>Peptide fractionation
(펩타이드 분획)</td><td>M</td><td>설명(영문): Process for peptide fractionation
설명(국문): 펩타이드 분획 과정

가능한 값: 다음 중 택일
<table>
<tr><th>No</th><th>가능한 값</th><th>예시</th></tr>
<tr><td>1</td><td>No</td><td>-</td></tr>
<tr><td>2</td><td>Yes (Please specify)</td><td>SCX</td></tr>
</table></td></tr>
<tr><td>5</td><td>Separation protocol
(분리 프로토콜)</td><td>O</td><td>설명(영문): Description about separation protocol
설명(국문): 분리 프로토콜에 대한 설명

예시: The pooled iTRAQ-labeled peptide sample was fractionated using Agilent 1260 Infinity HPLC system (Agilent, Palo Alto, CA), based on the fractionation method of basic pH reverse-phase liquid chromatography (Wang et al., 2011b). The Xbridge C18 analytical column (4.6 mm x 250 mm, 130 Å, 5 μm) and a guard column (4.6 mm x 20 mm, 130 Å, 5 μm) were used for the peptide separation. Solvents A and B were 10 mM triethylammonium bicarbonate (TEAB) in water (pH 7.5) and 10 mM TEAB in 90 % acetonitrile (ACN, pH7.5), respectively. The peptide fractionation was accomplished using a 115 min gradient at a flow rate of 500 μL/min: at 0 % solvent B for 10 min, from 0 % to 5 % solvent B over 10 min, from 5 % to 35 % solvent B over 60 min, from 35 % to 70 % solvent B over 15 min, 70 % solvent B for 10 min, from 70 % to 0 % solvent B over 10 min. A total of 96 fractions were collected in every 1 min from 15 min to 110 min, and they were pooled into 24 non-contiguously concatenated peptide fractions. The resultant 24 fractions were dried and stored at -80°C.

비고: Please enter detailed information that has not been described in other fields.</td></tr>
</table>

파트 6. Raw data acquisition and LC-MS analysis (원시데이터 획득 및 LC-MS 분석)

<표 5-1-6>

No	항목	필수(M)/ 선택(O)	도움말
1	LC operation method (LC 운용 방법)	O	**설명(영문):** Description of LC operation parameters(LC column, Gradient condition, Solvent, flow rate, etc.) **설명(국문):** LC 운용 파라미터에 관한 설명(LC 컬럼, Gradient 조건, 용매, 유속, etc.)
2	MS operation method (MS 운용 방법)	O	**설명(영문):** Description of MS operation parameters **설명(국문):** MS 운용 파타미터에 관한 설명 **예시:** The mass spectrometer was operated in data-dependent mode for both the MS2 and MS3 methods. For both methods we collected a survey scan of 300 – 1 500 m/z in the Orbitrap at a resolution of 60000 (FTMS1) and an AGC target of 1 × 106. During the MS2 analyses, precursors were fragmented by high-energy collision induced dissociation (HCD) followed by Orbitrap analysis (FTMS2). FTMS2 precursors were isolated using a width of 2.0 m/z and fragmented with a normalized collision energy of 40. Precursors were accumulated to an AGC target of 5 × 104 or a maximum injection time of 250 ms. During the MS3 analyses, the MS1 precursors were first interrogated by ITMS2 using CID. Precursors were isolated using a 1.2 m/z isolation window. They were accumulated to an AGC target of 5 000 or a maximum injection time of 125 ms. This ITMS2 spectrum was used to determine the conditions of the MS3 analysis (e.g., which fragments to interrogate). For the MS3 scan, the MS1 precursor was isolated using a 2.5 m/z wide window and fragmented with CID. Following fragmentation, the MS3 precursor population was isolated using the SPS waveform and then fragmented by HCD. The HCD normalized collision energy was set to 50. The m/z value used in the NCE calculation was the weighted average of all the MS3 precursor ions. During the MS3 analysis we used an online isolation specificity filter.
3	Acquisition protocol (획득 프로토콜)	O	**설명(영문):** Description of acquisition protocol **설명(국문):** 획득 프로토콜에 대한 설명 **예시:** The 24 fraction global peptide samples, the 12 fractions phosphopeptide samples and the 12 fractions N-glycopeptide samples from each tissue pair (tumor or adjacent normal tissue) were analyzed using a Q Exactive Orbitrap mass spectrometer (MS) coupled with a modified nanoACQUITY UPLC (Waters). The nanoACQUITY system was modified to construct a dual-online UPLC system (Lee et al., 2014) by means of a valves module of five nano-volume switching valves and operate two capillary analytical columns (75 μm x 100 cm) and two solid phase extraction (SPE) columns (150 μm x 3 cm), both of which were manufactured in-house by slurry packing of C18 resin (Jupiter, 3 μm, 300 Å, Phenomenex). The two sets of a capillary analytical column and a SPE column were used alternatively and automatically operated by the MassLinx data station (Waters) at 60°C, achieving near 100% duty cycle of LC-MS/MS experiment. Solvents A and B were 0.1 % formic acid in water and 0.1 % formic acid in acetonitrile, respectively. A 180 min gradient (from 1% to 40% solvent B over 160 min, from 40 % to 80 % solvent B over 5 min, 80 % solvent B for 10 min and 1% solvent B for 5 min) was used for the profiling of the global proteome and N-glycoproteome. For the phosphoproteome analysis, 240 min gradient (from 1% to 50% solvent B over 220 min, from 50 % to 80 % solvent B over 5 min, 80 % solvent B for 10 min and 1% solvent B for 5 min) was used. The flow rate of all experiments was set to 300 nL/min. The electric potential of electrospray ionization was kept at 2.4 kV, and the temperature of desolvation capillary was set to 250°C. Full MS scans were acquired for the mass range of 400 – 2000 Th at the resolution of 70,000. Ten most abundant ions were fragmented by data-dependent MS/MS experiments with an isolation window of ±0.8 Th, the exclusion duration of 30 s, and at a normalized collision energy (NCE) of 30 for higher-energy collisional dissociation (HCD). The charge state of 1 was discarded. The MS/MS scans were acquired at a resolution of 17,500 with a fixed first m/z of 100 Th. Maximum ion injection time was 20 ms and 60 ms for full MS and MS/MS scan, respectively. The automatic gain control (AGC) target value was set to 1.0 x 106 for both MS and MS/MS scans. **비고:** Please enter detailed information that has not been described in other fields.

No	항목	필수(M)/선택(O)	도움말
4	LC system (LC 시스템)	M	**설명(영문):** Name of LC system **설명(국문):** LC 시스템명 **예시:** Nanoacquity uplc
5	Instrument (장비)	M	**설명(영문):** Name of instrument **설명(국문):** 장비명 **가능한 값:** <Instrument list>의 기기 중 택일

□ Instrument list: `Instrument` 항목에 입력 가능한 값의 목록

1	AB SCIEX QSTAR XL
2	AB SCIEX QSTAR Pulsar
3	AB SCIEX 4700 Proteomics Analyzer
4	AB SCIEX 4800 Plus MALDI TOF/TOF Analyzer
5	AB SCIEX 4800 Proteomics Analyzer
6	AB SCIEX 6410 Triple Quadrupole LC/MS
7	AB SCIEX QTRAP
8	AB SCIEX QSTAR
9	AB SCIEX TOF/TOF 5800
10	AB SCIEX TripleTOF 5600
11	AB SCIEX TripleTOF 5600+
12	AB SCIEX TripleTOF 6600
13	AB SCIEX Voyager-DE PRO
14	AB SCIEX Voyager-DE STR
15	Agilent 6220 Time-of-Flight LC/MS
16	Agilent 6330 Ion Trap LC/MS
17	Agilent 6340 Ion Trap LC/MS
18	Agilent 6410 Triple Quadrupole LC/MS
19	Agilent 6520 Quadrupole Time-of-Flight LC/MS
20	Agilent 6538 Q-TOF LC/MS
21	Agilent 6540 Q-TOF LC/MS
22	Agilent 6550 iFunnel Q-TOF LC/MS
23	Bruker amaZon Speed ETD
24	Bruker Apex ultra
25	Bruker Daltonics AutoFlex
26	Bruker Autoflex MALDI
27	Bruker Daltonics maXis 4G
28	Bruker Daltonics UltraFlex
29	Bruker HCTultra
20	Bruker Impact II
21	Bruker Impact HD
22	Bruker micrOTOF II
23	Bruker solariX
24	Bruker timsTOF Pro
25	Bruker ultrafleXtreme
26	Thermo Scientific Q Exactive HF
27	Thermo Finnigan LCQ Classic
28	Thermo Finnigan LTQ
29	Thermo Finnigan LTQ FT
20	Thermo Finnigan LTQ Orbitrap
21	Thermo Finnigan LTQ Orbitrap Velos
22	Thermo Scientific LCQ Classic
23	Thermo Scientific Deca XP Plus
24	Thermo Scientific LTQ
25	Thermo Scientific LTQ FT
26	Thermo Scientific LTQ Ultra
27	Thermo Scientific LTQ Orbitrap Elite
28	Thermo Scientific LTQ Orbitrap Velos
29	Thermo Scientific LTQ XL ETD
30	Thermo Scientific Orbitrap Fusion
31	Thermo Scientific Orbitrap Fusion Lumos
32	Thermo Scientific Q Exactive
33	Thermo Scientific Q Exactive Plus

34	Thermo Scientific Q Exactive HF-X
35	Thermo Scientific TSQ Vantage
36	Thermo Scientific TSQ Quantiva
37	Waters MALDI Synapt
38	Waters Q-Tof Ultima
39	Waters Q-Tof Premier
40	Waters Synapt
41	Waters Synapt G2 HDMS
42	Waters Synapt G2-Si HDMS
43	Waters Xevo G2 Q-Tof
44	Waters Xevo G2-S Q-Tof
45	Other instrument

파트 7. Data analysis (데이터 분석)

<표 5-1-7>

No	항목	필수(M)/ 선택(O)	도움말
1	Data processing protocol (데이터 처리 프로토콜)	M	**설명(영문):** A couple of sentences on the bioinformatics pipeline used, main search parameters, quantitative analysis, software tools and versions included, as it is presented in the data analysis section of the manuscript. **설명(국문):** 사용 된 생물정보학 파이프라인에 대한 간단한 설명, 주요 검색 매개변수, 정량 분석, 소프트웨어 도구 및 버전 포함 작성. 원고의 데이터 분석 섹션과 유사한 범위로 기술 **예시:** MaxQuant v.1.5.3.30 was used to search our Full Proteome raw data, as well as the raw data from the original CPTAC publication on human colon and rectal cancer (Zhang et al., 2014) against UniProtKB (v25.11.2015; 92,011 sequences), concatenated with a list of common contaminants supplied by MaxQuant (245 sequences) in two separate runs with identical settings. Therefore, some data used in this publication were generated by the Clinical Proteomic Tumor Analysis Consortium (NCI/NIH). We set the digestion mode to fully tryptic, allowing for cleavage before proline (Trypsin/P) and a maximum of two missed cleavages. Carbamidomethylation of cysteines was set as a fixed modification and oxidation of methionines, as well as acetylation of protein N-termini were set as variable modifications, allowing for a maximum number of 5 modifications per peptide. Candidate peptides were required to have a length of at least 7 amino acids, with a maximum peptide mass of 4,600 Da. The fragment ion tolerance was set to 20 ppm for FTMS and 0.4 Da for ITMS spectra, respectively. A first search with a precursor ion tolerance of 20 ppm was used to recalibrate raw data based on all peptide-spectrum-matches (PSMs) without filtering using hard score cut-offs. After recalibration, the data were searched with a precursor ion tolerance of 4.5 ppm, while chimeric spectra were searched a second time using MaxQuant's "Second peptides" option to identify co-fragmented peptide precursors. We used "Match between runs" with an alignment time window of 30 min and a match time window of 1.1 min to transfer identifications between raw files of the same and neighbouring fractions (± 1 fraction). Using the classical target-decoy approach with a concatenated database of reversed peptide sequences, data were filtered using a PSM and protein false discovery rate (FDR) of 1%. Protein groups were required to have at least one unique or razor peptide, with each razor peptide being used only once during the calculation of the protein FDR. No score cut-offs were applied in addition to the target-decoy FDR. We used unique and razor peptides for quantification, discarding the unmodified counterparts of peptides harbouring oxidated methionines and acetylated protein N-termini.
2	Quantification method (정량화 방법)	O	**설명(영문):** Method of quantification **설명(국문):** 펩티드/단백질 정량화 방법 **가능한 값:** 다음 중 택일 No: 1 가능한 값: 18O

<table>
<tr><th>No</th><th>항목</th><th>필수(M)/
선택(O)</th><th>도움말</th></tr>
<tr><td></td><td></td><td></td><td>
<table>
<tr><td>2</td><td>AQUA</td></tr>
<tr><td>3</td><td>ICAT</td></tr>
<tr><td>4</td><td>ICPL</td></tr>
<tr><td>5</td><td>SILAC</td></tr>
<tr><td>6</td><td>TMT</td></tr>
<tr><td>7</td><td>iTRAQ</td></tr>
<tr><td>8</td><td>TIC</td></tr>
<tr><td>9</td><td>emPAI</td></tr>
<tr><td>10</td><td>Peptide counting</td></tr>
<tr><td>11</td><td>Spectrum counting</td></tr>
<tr><td>12</td><td>Protein Abundance Index (PAI)</td></tr>
<tr><td>13</td><td>Spectrum count/molecular weight</td></tr>
<tr><td>14</td><td>Spectral Abundance Factor (SAF)</td></tr>
<tr><td>15</td><td>Normalized Spectral Abundance Factor (NSAF)</td></tr>
<tr><td>16</td><td>Absolute Protein Expression (APEX)</td></tr>
<tr><td>17</td><td>Dimethyl Labeling (DML)</td></tr>
<tr><td>18</td><td>Other quantification methods</td></tr>
</table>
</td></tr>
<tr><td>3</td><td>Plex
(플렉스)</td><td>M</td><td>설명(영문): Number of samples per run (a positive integer)
설명(국문): 실행 당 샘플 수
포맷: 양의 정수

비고:
- applicable only if the study employed a quantification method with an isobaric labeling technology (e.g., AQUA, ICAT, ICPL, SILAC, TMT, iTRAQ)
- Not applicable for other quantification methods</td></tr>
<tr><td>4</td><td>Modification
(변형)</td><td>M</td><td>설명(영문): Protein modification used in your experiment
설명(국문): 실험에 사용된 단백질 변형

가능한 값: 다음 중 선택(다수 선택 가능)
<table>
<tr><th>No</th><th>가능한 값</th></tr>
<tr><td>1</td><td>No PTMs</td></tr>
<tr><td>2</td><td>13C(6) Silac label</td></tr>
<tr><td>3</td><td>Acetylation</td></tr>
<tr><td>4</td><td>ADP-ribosylation</td></tr>
<tr><td>5</td><td>Amidation</td></tr>
<tr><td>6</td><td>Biotylation</td></tr>
<tr><td>7</td><td>Carbamidomethyl</td></tr>
<tr><td>8</td><td>Carbamylation</td></tr>
<tr><td>9</td><td>Carboxylation</td></tr>
<tr><td>10</td><td>Carboxymethyl</td></tr>
<tr><td>11</td><td>Cation:Na</td></tr>
<tr><td>12</td><td>Deamidation</td></tr>
<tr><td>13</td><td>Deamination</td></tr>
<tr><td>14</td><td>Dehydratation</td></tr>
<tr><td>15</td><td>Dioxidation</td></tr>
<tr><td>16</td><td>Farnesylation</td></tr>
<tr><td>17</td><td>Flavin adenine dinucleotide</td></tr>
<tr><td>18</td><td>Formylation</td></tr>
<tr><td>19</td><td>Geranyl-geranyl</td></tr>
<tr><td>20</td><td>Guanidination</td></tr>
<tr><td>21</td><td>Homoserine</td></tr>
<tr><td>22</td><td>Homoserine lactone</td></tr>
<tr><td>23</td><td>ICAT-C</td></tr>
<tr><td>24</td><td>ICAT-C:13C(9)</td></tr>
<tr><td>25</td><td>ICAT-D</td></tr>
<tr><td>26</td><td>ICAT-D:2H(8)</td></tr>
<tr><td>27</td><td>iTRAQ4plex</td></tr>
<tr><td>28</td><td>iTRAQ8plex</td></tr>
</table>
</td></tr>
</table>

<table>
<tr><th>No</th><th>항목</th><th>필수(M)/
선택(O)</th><th>도움말</th></tr>
<tr><td></td><td></td><td></td><td>
<table>
<tr><td>29</td><td>Label:18O(2)</td></tr>
<tr><td>30</td><td>Lipoyl</td></tr>
<tr><td>31</td><td>Methylthio</td></tr>
<tr><td>32</td><td>Monomethylation</td></tr>
<tr><td>33</td><td>Myristoylation</td></tr>
<tr><td>34</td><td>NIPCAM(C)</td></tr>
<tr><td>35</td><td>Oxidation</td></tr>
<tr><td>36</td><td>Palmitoylation</td></tr>
<tr><td>37</td><td>Phosphopantetheine</td></tr>
<tr><td>38</td><td>Phosphorylation</td></tr>
<tr><td>39</td><td>Propionamide(C)</td></tr>
<tr><td>40</td><td>Pyridoxal phosphate</td></tr>
<tr><td>41</td><td>Pyridylethyl</td></tr>
<tr><td>42</td><td>Pyro-carbamidomethyl</td></tr>
<tr><td>43</td><td>SMA</td></tr>
<tr><td>44</td><td>Sulfo</td></tr>
<tr><td>45</td><td>Other modifications</td></tr>
</table>
</td></tr>
<tr><td>5</td><td>Search parameters
(검색 설정값)</td><td>M</td><td>설명(영문): List of search parameters used for the database search during the peptide/protein identification, such as fixed modification, variable modification, and mass tolerance
설명(국문): 고정 변형 변수, 가변 변형 변수 및 측정된 질량과 동정된 펩티드의 이론적 질량 차이 허용 범위 등의 펩티드/단백질 식별 중 데이터베이스 검색에 사용되는 검색 매개 변수 목록

예시: We set the digestion mode to fully tryptic, allowing for cleavage before proline (Trypsin/P) and a maximum of two missed cleavages. Carbamidomethylation of cysteines was set as a fixed modification and oxidation of methionines, as well as acetylation of protein N-termini were set as variable modifications, allowing for a maximum number of 5 modifications per peptide. Candidate peptides were required to have a length of at least 7 amino acids, with a maximum peptide mass of 4,600 Da. The fragment ion tolerance was set to 20 ppm for FTMS (CRC65) and 0.4 Da for ITMS spectra (CPTAC), respectively. A first search with a precursor ion tolerance of 20 ppm was used to recalibrate raw data based on all peptide spectrum matches (PSMs) without filtering using hard score cut offs. After recalibration, the data were searched with a precursor ion tolerance of 4.5 ppm, while chimeric spectra were searched a second time using MaxQuant's “Second peptides” option to identify co fragmented peptide precursors. We used “Match between runs” with an alignment time window of 30 min and a match time window of 1.1 min to transfer identifications between raw files of the same and neighbouring fractions (± 1 fraction). Using the classical target decoy approach with a concatenated database of reversed peptide sequences, data were filtered using a PSM and protein false discovery rate (FDR) of 1%. Protein groups were required to have at least one unique or razor peptide, with each razor peptide being used only once during the calculation of the protein FDR. No score cut offs were applied in addition to the target decoy FDR.

비고: Please enter detailed information that has not been described in the “Data processing protocol” field.</td></tr>
</table>

파트 8. Files (결과 파일)

□ 다음과 같은 파일을 작성하여 업로드할 수 있음

<표 5-1-8>

<table>
<tr><th>No</th><th>항목</th><th>필수(M)/
선택(O)</th><th>도움말</th></tr>
<tr><td>1</td><td>Raw
(원시데이터)</td><td>M</td><td>설명(영문): The MS instrument output files (e.g., RAW files from Thermo MS). As an alternative, the files converted to standard data formats (mzML, mzXML, mzData, PRIDE XML, and mzIdentML) are also acceptable if the files include MS1-level spectra information.
설명(국문): MS 기기의 출력 파일 (예 : Thermo MS의 RAW 파일). 또는 표준 데이터 형식 (mzML, mzXML mzData, PRIDE XML, and mzIdentML)으로 변환 된 파일도 파일에 MS1 수준 스펙트럼 정보가 포함 된 경우 허용

<table><tr><th>파일 포맷 예시</th></tr><tr><td>.raw</td></tr><tr><td>.mzML</td></tr><tr><td>.mzXML</td></tr><tr><td>.mzData</td></tr><tr><td>Others</td></tr></table></td></tr>
<tr><td>2</td><td>Peak list
(피크 목록)</td><td>M</td><td>설명(영문): Peak list files (e.g., mgf files) that were used for the original search and were referenced in the mzIdentML file.
설명(국문): 원래 검색에 사용되었으며 mzIdentML 파일에서 참조되는 피크 목록 파일 (예 : mgf 파일).

<table><tr><th>파일 포맷 예시</th></tr><tr><td>.mgf</td></tr><tr><td>Others</td></tr></table></td></tr>
<tr><td>3</td><td>Search list
(검색 목록)</td><td>M</td><td>설명(영문): The original output from your search engine or your analysis pipeline used for further post-processing, such as mzIdentML files, Mascot .dat files, Trans Proteomics Pipeline (TPP) pep.xml and/or prot.xml files among many others.
설명(국문): mzIdentML 파일, Mascot .dat 파일, Trans Proteomics Pipeline (TPP) pep.xml 및/또는 prot.xml 파일과 같이 추가 후 처리를 위해 사용하는 검색 엔진 또는 분석 파이프라인의 원본 출력 파일.

<table><tr><th>파일 포맷 예시</th></tr><tr><td>.mzid</td></tr><tr><td>.dat</td></tr><tr><td>.pep.xml</td></tr><tr><td>.prot.xml</td></tr><tr><td>Others</td></tr></table></td></tr>
<tr><td>4</td><td>Quantification
(정량화)</td><td>O</td><td>설명(영문): In many cases current mass spectrometry proteomics studies do involve a quantitative analysis on the peptides/proteins present in the samples. The result files reporting information on peptide/protein quantitative values/ratios can be provided
설명(국문): 많은 경우에 현재의 질량 분석 단백질체학 연구는 샘플에 존재하는 펩타이드/단백질에 대한 정량적 분석을 포함. 펩티드/단백질 정량 값/비율에 대한 정량화 관련 파일 제공 가능

<table><tr><th>파일 포맷 예시</th></tr><tr><td>.txt</td></tr><tr><td>.mzTab</td></tr><tr><td>Others</td></tr></table></td></tr>
</table>

<table>
<tr><th>No</th><th>항목</th><th>필수(M)/
선택(O)</th><th>도움말</th></tr>
<tr><td>5</td><td>Sequence database
(단백질 참조서열 데이터베이스)</td><td>M</td><td>설명(영문): Protein sequence database used for the database search. Customized databases constructed from mRNA-seq data could be used.
설명(국문): 데이터베이스 검색에 사용되는 단백질 서열 데이터베이스. mRNA-seq 데이터로 구성된 맞춤형 데이터베이스(FASTA 형식) 사용 가능.

포맷: Name of protein sequence database or .fasta file upload

비고: Enter protein sequence database version (e.g., uniprot human v25.11.2015) instead if the database is publically available.</td></tr>
<tr><td>6</td><td>Spectrum library
(스펙트럼 라이브러리)</td><td>O</td><td>설명(영문): Spectrum library used if the spectral library search was done for peptide identification
설명(국문): 펩타이드 식별을 위해 스펙트럼 라이브러리 검색이 수행 된 경우 사용되는 스펙트럼 라이브러리

<table><tr><th>파일 포맷 예시</th></tr><tr><td>.mgf</td></tr><tr><td>.msp</td></tr><tr><td>Others</td></tr></table></td></tr>
<tr><td>7</td><td>Gel image
(겔 이미지)</td><td>O</td><td>설명(영문): Gel image files if proteins on the gel were identified after gel electrophoresis.
설명(국문): 겔 전기영동 후 겔 상의 단백질이 확인 된 경우의 겔 이미지 파일.

<table><tr><th>파일 포맷 예시</th></tr><tr><td>*.tif</td></tr><tr><td>*.png</td></tr><tr><td>*.jpeg</td></tr><tr><td>Others</td></tr></table></td></tr>
<tr><td>8</td><td>Other
(이 외의 것)</td><td>O</td><td>설명(영문): Everything else that did not fit into the above categories. For instance, protein inference files generated by post-processing of the search engine results or R scripts used for data analysis.
설명(국문): 위의 카테고리에 해당되지 않는 다른 모든 것. 예를 들어, 단백질 서치 엔진 결과의 후 처리 또는 단백질 동정을 위한 추가 분석에 사용되는 R 스크립트를 통해 생성 된 추론된 단백질 리스트 및 추론 결과를 포함한 파일</td></tr>
<tr><td>9</td><td>Release date
(공개날짜)</td><td>M</td><td>설명(영문): Data release date
설명(국문): 데이터 공개 날짜

양식: YYYY-MM-DD
예시: 2018-12-22</td></tr>
</table>

6 Metabolomics(대사체) 데이터

6.1 Metabolomics(대사체) 데이터

□ (작성자) KOBIC 작성 후 외부 전문가 검수

○ 기초과학지원연구원 황금숙, 경북대학교 류광현, 전남대학교 박춘구(혁신형융복합 작업반), 광주과학기술원 남호정(혁신형융복합 작업반)

□ (설명) 대사체(metabolomics) 실험 데이터

□ (작성에 참고한 자료) EBI MetaboLights(https://www.ebi.ac.uk/metabolights/)의 양식을 기반으로 작성

□ (등록 구성) Metabolomics 데이터 세트의 등록은 다음 세 요소로 구성됨

○ BioProject 정보: <2. BioProject 정보>의 양식에 따라 등록

○ BioSample 정보: <3. BioSample 정보>의 양식에 따라 등록

○ Metabolomics 데이터: 각 BioSample에 대한 실험에서 얻어진 metabolomics 데이터를 <6.1. Metabolomics 데이터>의 양식에 따라 등록

파트 1. Descriptors (설명자)

<표 6-1-1>

No	항목	필수(M)/선택(O)	도움말
1	Keywords (키워드)	M	**설명(영문):** Terms that define your study, eg. technique, disease. **설명(국문):** 연구를 정의할 수 있는 용어(기술, 질병 등에 대한 용어) **예시:** Cancer, Metastasis, SNAI1 Gene, Targeted metabolomics, Untargeted metabolomics, Lipidomics
2	Factors (요인)	M	**설명(영문):** Description of study factors **설명(국문):** 연구 요인에 대한 설명 **예시:** Diet, Time post exposure
3	Period of Creation (데이터 생산 기간)	M	**설명(영문):** Creation period of metabolomics data **설명(국문):** 대사체 데이터 생산 기간 **예시:** 2021.9-2022.3

파트 2. Extraction

<표 6-1-2>

No	항목	필수(M)/ 선택(O)	도움말
1	Extraction protocol (추출 프로토콜)	M	**설명(영문):** Description of protocol for extraction **설명(국문):** 추출을 위한 프로토콜 설명 **예시:** To extract heart metabolites, 20 mg heart were transferred to each 1.5 ml microcentrifuge tube. 500 μl of 50% aqueous methanol (v/v) containing 0.1% formic acid and 0.05% trifluoroacetic acid were added and vigorously mixed for 30 s. Homogenization with 2.8 mm zirconium oxide beads was performed at 5000 rpm twice using a Precellys 24 tissue grinder (Bertin Technologies, France). 250 μl of chloroform was added to each sample tube and mixed for 30 s. After this, the sample solution was incubated at 4 °C for 10 min and centrifuged at 4 °C and 13,000g for 10 min. The solution under pellet was transferred to a 1.5-ml Eppendorf tube for lipidomic analysis of heart. Lipid extract of heart tissues was evaporated under a stream of nitrogen, diluted with an isopropanol/acetonitrile/water mixture (2/1/1, v/v/v), and transferred into autosampler vials after centrifugation for 10 min at 13,000g and 4 °C.
2	Derivatization (유도체화)	O	**설명(영문):** Description of the derivatization method **설명(국문):** 유도체화 방법에 대한 설명 **예시:** The dried metabolic extract was then oximated with 50 μL of MOX (20 mg/mL) at 60°C for 2 h. Following oximation, 100 μL of MSTFA with 1% TMCS was added and the mixture was incubated at 60°C for 45 min to form trimethylsilyl (TMS) derivatives.
3	Internal standard (내부표준물질)	O	**설명(영문):** Internal standards used to confirm analytical reproducibility **설명(국문):** 분석 재현성을 확인하기 위해 추가한 내부표준물질의 종류 및 농도 **예시:** 500 ng/mL betaine-D_{11} (500 ng/ml), cysteine-D_2 (200 ng/ml), methionine-D_3 (500 ng/ml), S-adenosylmethionine (SAM-D_3) (100 ng/ml)

파트 3. Platform

<표 6-1-3>

<table>
<tr><th>No</th><th>항목</th><th>필수(M)/
선택(O)</th><th>도움말</th></tr>
<tr><td>1</td><td>Technique type
(기술 유형)</td><td>M</td><td>
설명(영문): Type of technique
설명(국문): 기술의 유형

가능한 값: 다음 중 선택(다중선택 가능*)
<table>
<tr><th>No</th><th>가능한 값</th></tr>
<tr><td>1</td><td>Mass spectrometry</td></tr>
<tr><td>2</td><td>Nuclear magnetic resonance</td></tr>
<tr><td>3</td><td>Other</td></tr>
</table>

비고:
- 한 개의 프로젝트는 여러 종류의 실험들로 구성될 수 있음
- Other인 경우 기술의 유형 기재(예시: Infrared)
</td></tr>
<tr><td>2</td><td>Assay type
(어세이 유형)</td><td>M</td><td>
설명(영문): Type of assay
설명(국문): 어세이 유형

가능한 값: Technique type 항목의 값에 따라 다음 중 선택(다중선택 가능*)
<table>
<tr><th>Technique type</th><th>No</th><th>Assay type</th></tr>
<tr><td rowspan="5">Mass spectrometry</td><td>1</td><td>LCMS</td></tr>
<tr><td>2</td><td>GCMS</td></tr>
<tr><td>3</td><td>CEMS</td></tr>
<tr><td>4</td><td>Direct Injection</td></tr>
<tr><td>5</td><td>MS Imaging</td></tr>
<tr><td>Nuclear magnetic resonance</td><td>1</td><td>NMR</td></tr>
<tr><td>Other</td><td>1</td><td></td></tr>
</table>

비고:
- 한 개의 프로젝트는 여러 종류의 실험들로 구성될 수 있음
- Other인 경우 기술의 유형 기재(예시: IR)
</td></tr>
<tr><td>3</td><td>Assay definition
(어세이 정의)</td><td>M</td><td>
설명(영문): Definition of assay
설명(국문): 어세이 정의

가능한 값: Assay type 항목의 값에 따라 다음 중 택일
<table>
<tr><th>Assay type</th><th>No</th><th>Assay definition</th></tr>
<tr><td rowspan="2">LCMS</td><td>1</td><td>LC</td></tr>
<tr><td>2</td><td>Diode array detection (LC-DAD)</td></tr>
<tr><td rowspan="3">GCMS</td><td>1</td><td>GC</td></tr>
<tr><td>2</td><td>Tandem (GC-GC)</td></tr>
<tr><td>3</td><td>Flame ionization detector (GC-FID)</td></tr>
<tr><td rowspan="3">CEMS</td><td>1</td><td>Electrospray isonization (ESI)</td></tr>
<tr><td>2</td><td>Fast atom bombardment (FAB)</td></tr>
<tr><td>3</td><td>Matrix-assisted laser desorption-ionization (MALDI)</td></tr>
<tr><td rowspan="3">Direct Injection</td><td>1</td><td>Direct infusion (DI)</td></tr>
<tr><td>2</td><td>Flow injection analysis (FIA)</td></tr>
<tr><td>3</td><td>Matrix-assisted laser desorption-ionization (MALDI)</td></tr>
<tr><td>MS Imaging</td><td>1</td><td>MS Imaging</td></tr>
<tr><td>NMR</td><td>1</td><td>NMR</td></tr>
<tr><td>Other</td><td>1</td><td></td></tr>
</table>

비고:
- Other인 경우 어세이 정의 기재(예시: IR)
</td></tr>
</table>

파트 4. Chromatography

<표 6-1-4>

<table>
<tr><th>No</th><th>항목</th><th>필수(M)/
선택(O)</th><th>도움말</th></tr>
<tr><td>1</td><td>Chromatography protocol
(크로마토그래피 프로토콜)</td><td>M</td><td>설명(영문): Description of protocol for chromatography
설명(국문): 크로마토그래피를 위한 프로토콜 설명

예시: LC separations were carried out on an Acquity UPLC BEH C18 column (100 x 2.1 mm, particle size 1.7 μm, Waters, USA). Colum temperature and flow rate were set to 35 °C and 0.35 ml/min, respectively. The mobile phases used were 10 mM ammonium acetate in an acetonitrile:water mixture (40:60, v/v) (A) and acetonitrile:isopropanol mixture (10:90, v/v) (B). The linear gradients were as follows: 40 - 65% B for 5 min, 65–70% B for 7 min, 70–99% B for 3 min, 99% B for 2 min, 40% B for 3 min. The injection volume of the sample was 5 μl using partial loop mode for both positive and negative ionization polarity modes. Quality control (QC) samples, pooling identical aliquots of the samples, were measured regularly throughout the run for data reproducibility.</td></tr>
<tr><td>2</td><td>Chromatography instrument model
(크로마토그래피 장비 모델)</td><td>O</td><td>설명(영문): Specific model name of the analytical instruments
설명(국문): 분석 장비의 구체적 모델명

예시: Agilent 1290 Infinity LC (Agilent Technologies, USA)</td></tr>
<tr><td>3</td><td>Autosampler model
(오토샘플러 모델)</td><td>O</td><td>설명(영문): Specific model name of the autosampler
설명(국문): 오토샘플러의 구체적 모델명

예시: Waters WISP 710 autosampler (Waters, USA)</td></tr>
<tr><td>4</td><td>Column specification
(컬럼 사양)</td><td>O</td><td>설명(영문): Column specification
설명(국문): 컬럼 사양명

예시: Acquity UPLC BEH C18 column (100 x 2.1 mm, particle size 1.7 μm, Waters, USA)</td></tr>
<tr><td>5</td><td>Chromatography type
(크로마토그래피 유형)</td><td>O</td><td>설명(영문): The type of chromatography
설명(국문): 크로마토그래피의 유형

가능한 값: 다음 중 택일
<table>
<tr><th>No</th><th>가능한 값</th></tr>
<tr><td>1</td><td>HILIC</td></tr>
<tr><td>2</td><td>Reverse Phase</td></tr>
<tr><td>3</td><td>Normal Phase</td></tr>
<tr><td>4</td><td>Direct Infusion</td></tr>
<tr><td>5</td><td>Other</td></tr>
</table>

비고: Assay type 항목이 LCMS일 경우에만 해당됨</td></tr>
<tr><td>6</td><td>Guard column
(가드 컬럼)</td><td>O</td><td>설명(영문): Guard column specification
설명(국문): 가드 컬럼 사양

예시: C18 guard column (7.5 x 2.1 mm) (Alltech Associates Inc, USA)</td></tr>
<tr><td>7</td><td>Column temperature
(컬럼 온도)</td><td>O</td><td>설명(영문): Column temperature
설명(국문): 컬럼 온도

예시: 35
단위: °C</td></tr>
<tr><td>8</td><td>Flow rate
(유량)</td><td>O</td><td>설명(영문): Mobile phase flow rate
설명(국문): 이동상의 유량

예시: 0.35
단위: ml/min</td></tr>
</table>

<table>
<tr><th>No</th><th>항목</th><th>필수(M)/
선택(O)</th><th>도움말</th></tr>
<tr><td>9</td><td>Mobile phase
(이동상)</td><td>O</td><td>설명(영문): Mobile phase composition
설명(국문): 이동상 조성

예시1: 10 mM ammonium acetate in an acetonitrile/water mixture (40/60, v/v)
예시2: 10 mM ammonium acetate in an acetonitrile/isopropanol mixture (10/90, v/v)</td></tr>
<tr><td>10</td><td>Elution type
(용리 유형)</td><td>O</td><td>명(영문): Mobile phase elution type
설명(국문): 이동상 용리 유형

가능한 값: 다음 중 택일
<table>
<tr><th>No</th><th>가능한 값</th></tr>
<tr><td>1</td><td>Isocratic</td></tr>
<tr><td>2</td><td>Gradient</td></tr>
</table></td></tr>
<tr><td>11</td><td>Gradient elution
(기울기 용리)</td><td>O</td><td>설명(영문): Gradient elution. Steady changes of the mobile phase composition during the chromatographic run.
설명(국문): 기울기 용리 조건. 크로마토그래피 실행 중 이동상 조성의 변화 값

예시1: Isocratic: 50% B (0–15 min)
예시2: Gradient: 10% B (0–2 min), 40% B (5–8 min), 90% B (10–15 min), 10% B (15.1–20 min)</td></tr>
<tr><td>12</td><td>Injection
(주입)</td><td>O</td><td>설명(영문): Injection volume
설명(국문): 시료 주입량

예시: 5
단위: µl</td></tr>
</table>

파트 5. Mass spectrometry

<표 6-1-5>

<table>
<tr><th>No</th><th>항목</th><th>필수(M)/
선택(O)</th><th>도움말</th></tr>
<tr><td>1</td><td>Mass spectrometry protocol
(질량 분석 프로토콜)</td><td>M</td><td>설명(영문): Description of protocol for mass spectrometry
설명(국문): 질량 분석을 위한 프로토콜 설명

예시: To obtain MS spectral data, LC-ESI-MS/MS analyses of lipid extracts were performed on a triple TOF 5600 MS/MS System (AB Sciex, Canada) combined with a UPLC system (Waters, USA).</td></tr>
<tr><td>2</td><td>Scan polarity
(스캔 극성)</td><td>O</td><td>설명(영문): Scan polarity mode
설명(국문): 스캔 극성 모드

가능한 값: 다음 중 택일
<table>
<tr><th>No</th><th>가능한 값</th></tr>
<tr><td>1</td><td>Positive</td></tr>
<tr><td>2</td><td>Negative</td></tr>
<tr><td>3</td><td>Alternating</td></tr>
</table></td></tr>
<tr><td>3</td><td>Scan M/Z range
(스캔 M/Z 범위)</td><td>O</td><td>설명(영문): Scan range (m/z)
설명(국문): 스캔 범위 (m/z)

예시: 50–1500
단위: m/z</td></tr>
</table>

<table>
<tr><th>No</th><th>항목</th><th>필수(M)/
선택(O)</th><th>도움말</th></tr>
<tr><td>4</td><td>Mass spectrometer model
(질량분석기기 모델)</td><td>O</td><td>설명(영문): Specific model name of the analytical instruments
설명(국문): 분석 장비의 구체적 모델명

예시: TOF 5600 MS/MS System (AB Sciex, Canada)</td></tr>
<tr><td>5</td><td>Ion Source
(이온원)</td><td>O</td><td>설명(영문): Name of ion source
설명(국문): 이온원의 명칭

예시: ESI, APCI, MALDI 등</td></tr>
<tr><td>6</td><td>Mass analyzer
(질량 분석기)</td><td>O</td><td>설명(영문): Type of mass analyzer
설명(국문): 질량 분석기 유형

가능한 값: 다음 중 택일
<table>
<tr><th>No</th><th>가능한 값</th></tr>
<tr><td>1</td><td>Time-of-flight (TOF)</td></tr>
<tr><td>2</td><td>Quadrupole</td></tr>
<tr><td>3</td><td>Iontrap</td></tr>
<tr><td>4</td><td>Orbitrap</td></tr>
<tr><td>5</td><td>Triple quadrupole</td></tr>
<tr><td>6</td><td>Q-TOF</td></tr>
<tr><td>7</td><td>Other</td></tr>
</table>
비고:
- Other인 경우 질량분석기 유형 기재(예시: Magnetic sector)</td></tr>
<tr><td>7</td><td>Capillary voltage
(모세관 전압)</td><td>O</td><td>설명(영문): Ionization capillary voltage
설명(국문): 이온화 모세관 전압

예시: 3.5
단위: kV</td></tr>
<tr><td>8</td><td>Capillary source temperature
(모세관 소스 온도)</td><td>O</td><td>설명(영문): Capillary source temperature
설명(국문): 모세관 소스 온도

예시: 350
단위: °C</td></tr>
<tr><td>9</td><td>MS/MS data acquisition
(MS/MS 데이터 확보 방법)</td><td>O</td><td>설명(영문): MS/MS data acquisition method
설명(국문): MS/MS 데이터 확보 방법

예시: Data dependent/independent acquisition etc.</td></tr>
</table>

파트 6. NMR sample

<표 6-1-6>

<table>
<tr><th>No</th><th>항목</th><th>필수(M)/
선택(O)</th><th>도움말</th></tr>
<tr><td>1</td><td>NMR sample protocol
(NMR 샘플 프로토콜)</td><td>M</td><td>설명(영문): Description of protocol for NMR sample preparation
설명(국문): NMR 샘플 준비를 위한 프로토콜 설명

예시: For serum samples, 90 µl of serum was mixed with 510 µl of saline solution (0.9% w/v sodium chloride in deuterium oxide)</td></tr>
<tr><td>2</td><td>NMR tube type
(NMR 튜브 유형)</td><td>O</td><td>설명(영문): NMR tube type
설명(국문): NMR 튜브 유형

예시: 5-mm NMR tube</td></tr>
</table>

No	항목	필수(M)/ 선택(O)	도움말
3	Solvent for NMR (NMR 용매)	O	**설명(영문):** Solvent for NMR sample **설명(국문):** NMR 샘플 용 용매 **예시:** 0.154 M saline D_2O
4	Sample pH (샘플 산성도)	O	**설명(영문):** Sample pH **설명(국문):** 샘플 산성도 **예시:** pH 7
5	Temperature (온도)	O	**설명(영문):** Temperature during NMR spectrum acquisition **설명(국문):** NMR 스펙트럼 획득 중 온도 **예시:** 298 **단위:** K

파트 7. NMR spectroscopy

<표 6-1-7>

No	항목	필수(M)/ 선택(O)	도움말
1	NMR spectroscopy protocol (NMR 분광 프로토콜)	M	**설명(영문):** Description of protocol for NMR spectrometry **설명(국문):** NMR 분광을 위한 프로토콜 설명 **예시:** 1D-NMR: One-dimensional 1H NMR spectra of serum were acquired at 298 K on a Bruker Avance III HD 800 MHz NMR spectrometer (Bruker BioSpin, Germany) with a Bruker 5 mm CPTCI Z-GRD probe. MAS-NMR: All HR-MAS 1H NMR spectra of heart sample were acquired on a Bruker Avance III 700 MHz NMR spectrometer (Bruker BioSpin, Germany) with a Bruker 4 mm TXI HR-MAS probe with z-gradients at 278 K and a spinning rate of 6 kHz.
2	NMR instrument model (NMR 장비 모델)	O	**설명(영문):** Specific model name of the analytical instruments **설명(국문):** 분석 장비의 구체적 모델명 **예시:** Bruker Avance III HD 800 MHz NMR spectrometer (Bruker BioSpin, Germany)
3	NMR probe (NMR 프로브)	O	**설명(영문):** Name of NMR probe equipped NMR instrument **설명(국문):** NMR 프로브가 장착된 NMR 장비명 **예시:** Bruker 5 mm CPTCI Z-GRD probe
4	Number of transients (Transient의 개수)	O	**설명(영문):** Number of scan transients during NMR spectrum acquisition **설명(국문):** NMR 스펙트럼 획득 중 스캔 transient의 수 **예시:** 128
5	Pulse sequence name (펄스 시퀀스명)	O	**설명(영문):** Name of the pulse sequence **설명(국문):** 펄스 시퀀스의 명칭 **예시:** The water-suppressed CPMG spin-echo pulse sequence (RD-90°-[τ-180°-τ]n-ACQ)
6	Magnetic field strength (자기장 강도)	O	**설명(영문):** Magnetic field strength of NMR instrument **설명(국문):** NMR 장비의 자기장 강도 **예시:** 800 **단위:** MHz
7	Number of data points (데이터 포인트 수)	O	**설명(영문):** Number of data points during NMR spectrum acquisition **설명(국문):** NMR 스펙트럼 획득 중 데이터 포인트의 개수 **예시:** 64 **단위:** k

No	항목	필수(M)/선택(O)	도움말
8	Spectral width (스펙트럼 폭)	O	**설명(영문):** Acquisition spectral width **설명(국문):** 획득 스펙트럼 폭 **예시:** 16,025.641 **단위:** Hz
9	Relaxation delay (이완지연)	O	**설명(영문):** Relaxation delay time **설명(국문):** 이완 지연 시간 **예시:** 4 **단위:** s
10	Acquisition time (획득 시간)	O	**설명(영문):** Acquisition time **설명(국문):** 획득 시간 **예시:** 2.045 **단위:** s

파트 8. NMR assay

<표 6-1-8>

No	항목	필수(M)/선택(O)	도움말
1	NMR assay protocol (NMR 어세이 프로토콜)	M	**설명(영문):** Description of protocol for NMR assay **설명(국문):** NMR 어세이를 위한 프로토콜 설명 **예시:** 1D-NMR: The water-suppressed CPMG spin-echo pulse sequence (RD-90°-[τ-180°-τ]n-ACQ) was used to attenuate broad signals from proteins and lipoproteins with total T2 filter time of 32 ms. For all spectra of each serum sample, 128 transients were acquired with 64k data points, a spectral width of 16,025.641 Hz, and the relaxation delay of 4 s, and acquisition time of 2.045 s. MAS-NMR: The water-suppressed CPMG spin-echo pulse sequence (RD-90°-[τ-180°-τ]n-ACQ) was used to attenuate broad signals from proteins and lipoproteins with total T2 filter time of 37.8 ms. For all spectra of each heart sample, 128 transients were acquired with 32k data points, a spectral width of 14,097.744 Hz, and the relaxation delay of 4 s, and acquisition time of 1.162 s.
2	Data processing and software (데이터 처리 및 소프트웨어)	O	**설명(영문):** Description of the data processing method and software **설명(국문):** 데이터 처리 방법 및 소프트웨어에 대한 설명 **예시:** The spectral data were analyzed by MarkerView TM (AB Sciex, CanadaCanada), which was used to find peaks, perform the alignment, and generate peak tables of m/z and retention times (min).
3	Peak alignment (피크 정렬)	O	**설명(영문):** Peak alignment method **설명(국문):** 피크 정렬 방법 **예시:** ASCII format files to perform the alignment using the correlation-optimized warping (COW) method found in MATLAB (R2008a; The Mathworks, Natick, MA).
4	Peak deconvolution (피크 deconvolution 방법)	O	**설명(영문):** Peak deconvolution method **설명(국문):** 피크 deconvolution 방법 **예시:** Peak deconvolution was performed by AMDIS (automated mass spectral deconvolution and identification system, NIST).

파트 9. Data transformation

<표 6-1-9>

No	항목	필수(M)/선택(O)	도움말
1	Data transformation protocol (데이터 변환 프로토콜)	M	**설명(영문):** Description of protocol for data transformation **설명(국문):** 데이터 변환을 위한 프로토콜 설명 **예시:** LC-MS/MS: The spectral data were analyzed by MarkerView (AB Sciex, Canada), which was used to find peaks, perform the alignment, and generate peak tables of m/z value, retention times (min), and peak intensity. Spectra were normalized to the median fold-change normalization. To identify reliable peaks and remove instrumental bias, peaks whose intensity in QC sample is lower than those in a blank sample were eliminated, and peaks with coefficients of variation below 20 in QC sample were selected. (1D-NMR and MAS-NMR) Free induction decays were weighted by an exponential function with a 0.3 Hz line-broadening factor prior to Fourier transformation. All acquired 1H NMR spectra were phase- and baseline-corrected using TopSpin 3.1 software (Bruker BioSpin, Germany) and Chenomx NMR Suite Version 7.1 (Chenomx, Canada).
2	Normalization (정규화)	O	**설명(영문):** Normalization method **설명(국문):** 정규화 방법 **예시:** Spectra were normalized to the median fold-change normalization.

파트 10. Metabolite identification

<표 6-1-10>

No	항목	필수(M)/선택(O)	도움말
1	Metabolite identification protocol (대사물질 동정 프로토콜)	M	**설명(영문):** Description of protocol for metabolite identification **설명(국문):** 대사물질 동정을 위한 프로토콜 설명 **예시:** Lipids were tentatively identified by comparing the experimental data against various databases, including the METLIN (metlin.scripps.edu), Human Metabolome (www.hmdb.ca), MassBank (www.massbank.jp), and Lipid Maps (www.lipidmaps.org) databases. Fragment patterns (MS/MS spectra) were also used to identify lipid metabolites.
2	Metabolite quantification (대사물질 정량)	O	**설명(영문):** Description of how to quantify metabolites in mass spectrum **설명(국문):** 질량 스펙트럼에서 대사물질을 정량하는 방법에 대한 설명 **예시:** Quantification was performed in single reaction monitoring (SRM) mode and the optimized condition of each metabolite was performed using flow injection of individual standard compound solutions (100 ng/mL) into the mass spectrometer
3	Calibration standard (검량 표준물질)	M	**설명(영문):** Description of standard used calibration curve preparation **설명(국문):** 검량선 작성에 사용한 표준물질 설명 **예시:** Internal standard or external standard
4	Calibration method (검량법)	O	**설명(영문):** Number of standard points used for calibration curve preparation **설명(국문):** 검량선 작성에 사용된 검량점(calibration point)의 개수 **예시:** One-point calibration, six-point calibration etc.

파트 11. Files (결과 파일)

□ 다음과 같은 세 가지 레벨로 분류하여 업로드 되도록 해야 함

<표 6-1-11>

<table>
<tr><th>No</th><th>항목</th><th>필수(M)/
선택(O)</th><th>도움말</th></tr>
<tr><td>1</td><td>Acquired raw data files
(원시 데이터 파일)</td><td>M</td><td>설명(영문): The MS instrument output files (e.g., RAW files from Thermo MS). As an alternative, the files converted to standard data formats (mzML, mzXML, mzData, and so on) are also acceptable if the files include MS1-level spectra information.
설명(국문): MS 기기의 출력 파일 (예: Thermo MS의 RAW 파일). 또는 표준 데이터 형식 (mzML, mzXML, mzData 등)으로 변환 된 파일도 파일에 MS1 수준 스펙트럼 정보가 포함 된 경우 허용. MSconvert 이용 표준 데이터 형식으로 전환.

예시: MLM-cys_1.raw or MLM-cys_1..mzML 등</td></tr>
<tr><td>2</td><td>Data processed peak table
(각 peak에 대한 intensity data)</td><td>M</td><td>파일 타입: txt, csv, xlsx, xls, etc.

예시:
- NMR: binning data (ppm, intensity)
- MS: m/z, retention time, intensity

<table>
<tr><th rowspan="3">No</th><th rowspan="3">대사 물질</th><th rowspan="3">retention time</th><th colspan="6">peak intensity</th></tr>
<tr><th colspan="3">대조군</th><th colspan="3">처리군</th></tr>
<tr><th>시료1</th><th>시료2</th><th>시료3</th><th>시료4</th><th>시료5</th><th>시료6</th></tr>
<tr><td>1</td><td>alanine</td><td>2.40</td><td>100</td><td>105</td><td>120</td><td>78</td><td>65</td><td>59</td></tr>
<tr><td>2</td><td>palmitic acid</td><td>3.15</td><td>10.1</td><td>9.8</td><td>12.3</td><td>5.7</td><td>4.6</td><td>7.5</td></tr>
<tr><td>3</td><td>riboflavin</td><td>5.32</td><td>200</td><td>210</td><td>180</td><td>150</td><td>135</td><td>167</td></tr>
<tr><td>4</td><td>citric acid</td><td>6.78</td><td>1.23</td><td>1.31</td><td>1.15</td><td>0.34</td><td>0.23</td><td>0.45</td></tr>
<tr><td>5</td><td>LPC 16:0</td><td>7.80</td><td>56.2</td><td>45.3</td><td>48.2</td><td>12.3</td><td>11.1</td><td>10.9</td></tr>
<tr><td>6</td><td>...</td><td>...</td><td>...</td><td>...</td><td>...</td><td>...</td><td>...</td><td>...</td></tr>
<tr><td>7</td><td>...</td><td>...</td><td>...</td><td>...</td><td>...</td><td>...</td><td>...</td><td>...</td></tr>
</table>
</td></tr>
<tr><td>3</td><td>Concentration data
(대사물질 정량 값)</td><td>M</td><td>파일 타입: txt, csv, xlsx, xls, etc.

예시:

<table>
<tr><th rowspan="3">No</th><th rowspan="3">대사물질</th><th colspan="6">농도(ng/ml)</th></tr>
<tr><th colspan="3">대조군</th><th colspan="3">처리군</th></tr>
<tr><th>시료1</th><th>시료2</th><th>시료3</th><th>시료4</th><th>시료5</th><th>시료6</th></tr>
<tr><td>1</td><td>alanine</td><td>100</td><td>105</td><td>120</td><td>78</td><td>65</td><td>59</td></tr>
<tr><td>2</td><td>palmitic acid</td><td>10.1</td><td>9.8</td><td>12.3</td><td>5.7</td><td>4.6</td><td>7.5</td></tr>
<tr><td>3</td><td>riboflavin</td><td>200</td><td>210</td><td>180</td><td>150</td><td>135</td><td>167</td></tr>
<tr><td>4</td><td>citric acid</td><td>1.23</td><td>1.31</td><td>1.15</td><td>0.34</td><td>0.23</td><td>0.45</td></tr>
<tr><td>5</td><td>LPC 16:0</td><td>56.2</td><td>45.3</td><td>48.2</td><td>12.3</td><td>11.1</td><td>10.9</td></tr>
<tr><td>6</td><td>...</td><td>...</td><td>...</td><td>...</td><td>...</td><td>...</td><td>...</td></tr>
<tr><td>7</td><td>...</td><td>...</td><td>...</td><td>...</td><td>...</td><td>...</td><td>...</td></tr>
</table>

단위: μM, ng/ml, nmole/mg, nmole/10^6 cells, etc.</td></tr>
</table>

<table>
<tr><th>No</th><th>항목</th><th>필수(M)/
선택(O)</th><th>도움말</th></tr>
<tr><td>4</td><td>Normalized concentration data
(정규화 정량 값)</td><td>O</td><td>파일 타입: txt, csv, xlsx, xls, etc.

예시:

<table>
<tr><th rowspan="3">No</th><th rowspan="3">대사물질</th><th colspan="6">농도(ng/ml)</th></tr>
<tr><th colspan="3">대조군</th><th colspan="3">처리군</th></tr>
<tr><th>시료1</th><th>시료2</th><th>시료3</th><th>시료4</th><th>시료5</th><th>시료6</th></tr>
<tr><td>1</td><td>alanine</td><td>90</td><td>95</td><td>120</td><td>68</td><td>55</td><td>69</td></tr>
<tr><td>2</td><td>palmitic acid</td><td>10.1</td><td>9.8</td><td>12.3</td><td>5.7</td><td>4.6</td><td>7.5</td></tr>
<tr><td>3</td><td>riboflavin</td><td>100</td><td>105</td><td>90</td><td>75</td><td>78.5</td><td>83.5</td></tr>
<tr><td>4</td><td>citric acid</td><td>1.23</td><td>1.31</td><td>1.15</td><td>0.34</td><td>0.23</td><td>0.45</td></tr>
<tr><td>5</td><td>LPC 16:0</td><td>56.2</td><td>45.3</td><td>48.2</td><td>12.3</td><td>11.1</td><td>10.9</td></tr>
<tr><td>6</td><td>...</td><td>...</td><td>...</td><td>...</td><td>...</td><td>...</td><td>...</td></tr>
<tr><td>7</td><td>...</td><td>...</td><td>...</td><td>...</td><td>...</td><td>...</td><td>...</td></tr>
</table>

단위: μM, ng/ml, nmole/mg, nmole/10^6 cells, etc.</td></tr>
<tr><td>5</td><td>Release date
(공개날짜)</td><td>M</td><td>설명(영문): Data release date
설명(국문): 데이터 공개 날짜

양식: YYYY-MM-DD
예시: 2018-12-22</td></tr>
</table>

7 화합물 데이터

7.1 화합물 활성(bioassay) 데이터

□ (작성자) 광주과학기술원 남호정(혁신형융복합 작업반), 중앙대학교 나도균(혁신형융복합 작업반)

□ (설명) 본 등록양식은 대상 타겟에 대한 화합물의 활성실험(bioassay) 결과를 등록할 때 사용됨. 등록에 필요한 내용은 (1) 화합물/추출물별 활성 정보, (2) 대상 단백질 혹은 세포의 일반적인 정보, 그리고 (3) 실험 정보임.

□ 작성에 참고한 자료

○ NCBI PubChem(https://pubchem.ncbi.nlm.nih.gov/assay/) BioAssay

파트 1. ID information

<표 7-1-1>

<table>
<tr><th>No</th><th>항목</th><th>필수(M)/선택(O)</th><th>도움말</th></tr>
<tr><td>1</td><td>ID
(ID)</td><td>M</td><td>**설명(영문):** Enter CAS registry number, if there is any. Otherwise, a substance ID will be given automatically.
설명(국문): CAS registry number의 유무에 따라 선택 후 있는 경우 number 입력

가능한 값(영문): Select one from the following
<table>
<tr><th>No</th><th>Possible value</th><th>Description</th></tr>
<tr><td>1</td><td>CAS registry number is available</td><td>Enter the CAS registry number</td></tr>
<tr><td>2</td><td>CAS registry number is not available</td><td>A substance ID will be given automatically</td></tr>
</table>

가능한 값(국문): 다음 중 택일
<table>
<tr><th>No</th><th>가능한 값</th><th>추가 기술</th></tr>
<tr><td>1</td><td>CAS registry number 있음</td><td>CAS registry number 입력</td></tr>
<tr><td>2</td><td>없음</td><td>자동으로 substance ID 부여</td></tr>
</table>

비고(영문): If “CAS registry number is available” is selected, the CAS registry number must be entered. If “CAS registry number is not available” is selected, a substance ID will be given automatically.
비고(국문): CAS registry number 있음 선택 시 반드시 CAS registry number를 추가로 입력해야 하고, 없음을 선택 시 자동으로 ID가 부여되므로 별도로 입력할 필요 없음</td></tr>
<tr><td>2</td><td>Synonyms
(동의어)</td><td>O</td><td>**설명(영문):** Enter synonyms of the compound.
설명(국문): 화합물의 다른 이름을 문자열로 기입</td></tr>
</table>

No	항목	필수(M)/ 선택(O)	도움말
3	Description (설명)	M	**설명(영문):** Describe compound or extract. **설명(국문):** 화합물 혹은 추출물에 대한 설명을 기술함.
4	Molecular weight (분자량)	M	**설명(영문):** Molecular weight of the compound **설명(국문):** 화합물의 분자량
5	Molecular formula (분자식)	M	**설명(영문):** Molecular formula of the compound **설명(국문):** 화합]물의 분자식
6	Canonical SMILES (Canonical SMILES)	M	**설명(영문):** The SMILES format is a linear text format which can describe the connectivity and chirality of a molecule. Canonical SMILES gives a single 'canonical' form for any particular molecule. **설명(국문):** 화합물의 구조를 SMILES 형식으로 표현한 것
7	IUPAC name (IUPAC 명)	O	**설명(영문):** Name of the compound according to IUPAC nomenclature **설명(국문):** 화합물의 IUPAC 명명법에 따른 이름 **비고(영문):** Must fill out this field if you entered CAS registry number at the "ID" field. **비고(국문):** ID 항목의 CAS registry number가 있는 경우, 반드시 작성
8	InChl (InChl)	O	**설명(영문):** The IUPAC International Chemical Identifier (IhChl) of the compound **설명(국문):** 화합물의 구조를 InChl (International Chemical Identifier)으로 나타낸 것 **비고(영문):** Must fill out this field if you entered CAS registry number at the "ID" field. **비고(국문):** ID 항목의 CAS registry number가 있는 경우, 반드시 작성
9	InChl key (InChl 키)	O	**설명(영문):** The InChlKey of the compound **설명(국문):** 화합물의 구조를 InChl Key(International Chemical Identifier Hash)로 나타낸 것 **비고(영문):** Must fill out this field if you entered CAS registry number at the "ID" field. **비고(국문):** ID 항목의 CAS registry number가 있는 경우, 반드시 작성

파트 2. Activity information

비고

□ 파트 1의 정보에 대하여, 파트 2는 1번 이상 작성 가능

□ Group으로 묶인 항목들(#8~11)은 그 중 1개 항목 이상 반드시 작성되어야 함

<표 7-1-2>

<table>
<tr><th>No</th><th>항목</th><th>필수(M)/
선택(O)</th><th>도움말</th></tr>
<tr><td>1</td><td>Activity outcome
(활성 여부)</td><td>M</td><td>설명(영문): This field allows the submitter to make an expert judgment call about the activity of each test result. Using a number, the value is set to 1 (inactive) or 2 (active) based on whatever means appropriate. An explanation of that determination should be provided in the Assay description field. In addition to active/inactive, this field can also be set to 3(inconclusive), 4(unspecified) or 5(probe). The 'probe' designation indicates that the activity of the test result has been tested and confirmed through multiple rounds of experimental inquiry.
설명(국문): 활성 여부에 대한 정보로 데이터를 등록하는 기탁자가 정의하는 내용.

가능한 값(국문): 다음 중 택일
<table>
<tr><th>No</th><th>가능한 값</th></tr>
<tr><td>1</td><td>활성 없음(inactive)</td></tr>
<tr><td>2</td><td>활성 있음(active)</td></tr>
<tr><td>3</td><td>활성 결정 불가(inconclusive)</td></tr>
<tr><td>4</td><td>활성이 정의되지 않음(unspecified)</td></tr>
<tr><td>5</td><td>복수번의 실험 검증으로 활성 검증(probe)</td></tr>
</table></td></tr>
<tr><td>2</td><td>Activity value
(Assay 결과 수치)</td><td>M</td><td>설명(영문): A quantitative value or concentration about activity. This field allows all ranges of number as different assays have different ranges of values.
설명(국문): 활성에 대한 정량적 수치 혹은 농도. Assay마다 수치의 범위가 다르므로 전체 실수 범위를 허용함.</td></tr>
<tr><td>3</td><td>Term
(개념)</td><td>M</td><td>설명(영문): Type of the value. There can be many different types, such as IC50, EC50, half-life, toxicity, viability, and permeability.
설명(국문): Value 값이 의미하는 개념. IC50, EC50, half-life, toxicity, viability, permeability 등 다양할 수 있음.</td></tr>
<tr><td>4</td><td>Unit
(단위)</td><td>O</td><td>설명(영문): Various units are available to better define the measurement of a given result column.
설명(국문): Value 항목에 대한 unit 정보.</td></tr>
<tr><td>5</td><td>Result description
(결과 상세설명)</td><td>O</td><td>설명(영문): An optional description to explain what is being measured for a given result column.
설명(국문): 결과에 대한 부가적인 설명을 기술하는 항목.</td></tr>
<tr><td>6</td><td>Assay description
(실험 상세설명)</td><td>O</td><td>설명(영문): Description of the assay
설명(국문): 수행한 실험에 대한 설명을 기술하는 항목.</td></tr>
<tr><td>7</td><td>URL
(실험 프로토콜에 대한 외부 URL)</td><td>O</td><td>설명(영문): If the assay protocol is described in other databases or publications, enter the corresponding URL.
설명(국문): 수행한 실험 프로토콜에 대한 내용이 타 데이터베이스 혹은 논문에 기술되어 있다면 해당 URL을 기입함.</td></tr>
</table>

No	항목	필수(M)/ 선택(O)	도움말
8	Target protein (활성측정 대상 단백질)	G	**설명(영문):** Description of the target protein assayed **설명(국문):** 활성을 측정한 대상 단백질. 측정대상이 단백질이 아닌 경우 다른 항목을 입력.
9	Target cell (활성측정에 사용한 대상 세포)		**설명(영문):** The target cell in which the activity was measured **설명(국문):** 활성을 측정한 대상 세포.
10	Target phenotype (타겟 형질)		**설명(영문):** Fill out this field if the result of activity measurement was a phenotype such as symptoms. **설명(국문):** 활성 측정이 symptom과 같은 phenotype인 경우 여기에 작성.
11	Target species (타겟 생물종)		**설명(영문):** Information on the species of the proteins and cells that were used in the assay. Use NCBI Taxonomy ID. **설명(국문):** Assay에 사용한 단백질, 세포 등의 생물종 정보. NCBI Taxonomy ID를 사용하면 됨.
12	User defined fields (사용자 지정 정보)	O	**설명(영문):** User defined field for defining activity data **설명(국문):** 각 화합물 별로 다양한 기준의 활성 정보를 사용자가 자유롭게 기재하기 위해 필요한 정보 **예시:** 활성종류
13	Release date (공개날짜)	M	**설명(영문):** Data release date **설명(국문):** 데이터 공개 날짜 **양식:** YYYY-MM-DD **예시:** 2018-12-22

7.2 화합물 구조 데이터

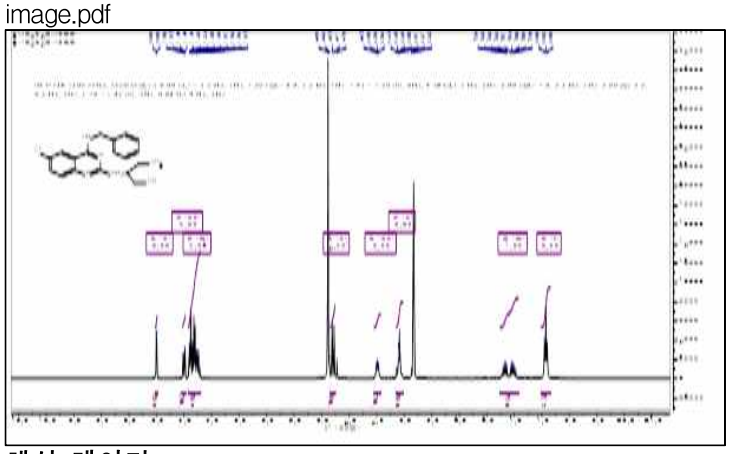
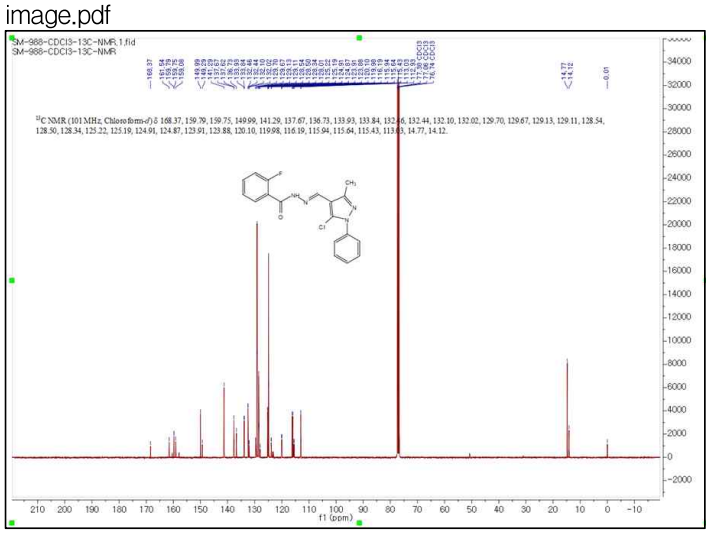
□ (작성자) 한국화학연구원 이선경(신약 작업반)

□ (설명) 화합물의 구조 및 특성을 확인할 수 있는 정보

파트 1. 화합물 구조 정보

<표 7-2-1>

No	항목	필수(M)/ 선택(O)	도움말
1	Structure (구조)	M	**설명(국문):** 화합물을 구성하고 있는 원자 및 원자들의 상호관계를 표현하여 분자 내부 구조를 나타냄. InChI로 기재 **예시:** dasatinib의 경우 아래와 같이 기재 InChI=1S/C22H26ClN7O2S/c1-14-4-3-5-16(23)20(14)28-21(32)17-13-24-22(33-17)27-18-12-19(26-15(2)25-18)30-8-6-29(7-9-30)10-11-31/h3-5,12-13,31H,6-11H2,1-2H3,(H,28,32)(H,24,25,26,27)
2	Structure file (구조 파일)	O	**설명(국문):** 화합물을 구성하고 있는 원자 및 원자들의 상호관계를 표현하여 분자 내부 구조를 나타냄. CDX나 SDF 파일 업로드
3	Molecular formula (화학식)	M	**설명(국문):** 화합물을 구성하고 있는 원자 및 원자의 수 **예시:** $C_{19}H_{21}ClN_4O$
4	Molecular weight (분자량)	M	**설명(국문):** 화합물 분자를 이루는 원자 질량의 합 **예시:** 356.85
5	Appearance (외관)	M	**설명(국문):** 화합물의 색 및 형태에 대한 표시 **예시:** 무정형 흰색 고체
6	Melting point/Boiling point (녹는 온도/끓는 온도)	O	**비고:** 물질이 고체인 경우 녹는 온도를, 액체인 경우는 끓는 온도를 기재 **단위:** ℃
7	Crystal structure (결정 구조)	O	**설명(국문):** 결정 구조 PDB 코드 기재 **예시:** 1v4s **비고:** 화합물의(단백질과 결합구조) 결정구조를 확인한 경우에만 제출

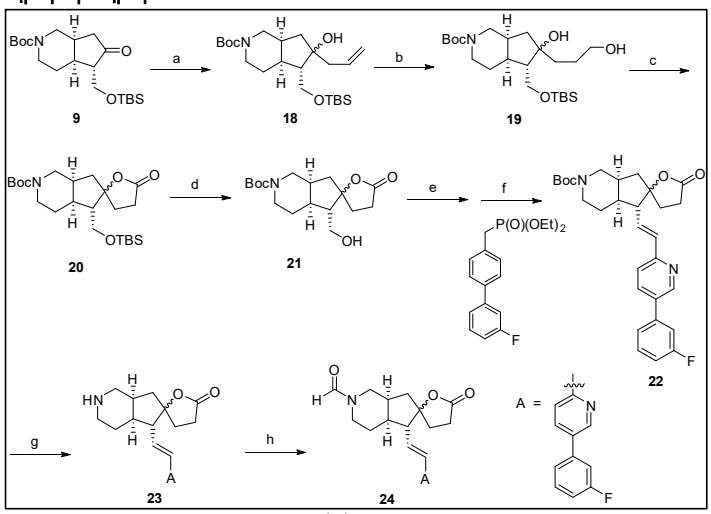
No	항목	필수(M)/ 선택(O)	도움말
8	^{1}HNMR spectra (수소 핵자기 공명스펙트럼)	M	**설명(국문):** ^{1}Hnmr 분석 데이터. 스펙트럼 이미지 파일 업로드 및 이에 대한 해석 데이터 작성 **예시:** image.pdf  **해석 데이터:** ^{1}H NMR (300 MHz, Methanol-d_4) δ 8.00 (d, J = 2.2 Hz, 1H), 7.50 (dd, J = 8.9, 2.2 Hz, 1H), 7.42 – 7.20 (m, 6H), 4.79 (d, J = 11.2 Hz, 2H), 3.99 (dd, J = 7.9, 5.3 Hz, 1H), 3.60 (q, J = 5.3, 4.5 Hz, 2H), 1.76 – 1.42 (m, 2H), 0.93 (t, J = 7.4 Hz, 3H).
9	^{13}CNMR spectra (탄소 핵자기 공명스펙트럼)	O	**설명(국문):** ^{13}Cnmr 분석 데이터. 스펙트럼 이미지 파일 업로드 및 이에 대한 해석 자료 작성 **예시:** image.pdf  **해석 데이터:** ^{13}C NMR (101 MHz, Chloroform-d) δ 168.37, 159.79, 159.75, 149.99, 141.29, 137.67, 136.73, 133.93, 133.84, 132.46, 132.44, 132.10, 132.02, 129.70, 129.67, 129.13, 129.11, 128.54, 128.50, 128.34, 125.22, 125.19, 124.91, 124.87, 123.91, 123.88, 120.10, 119.98, 116.19, 115.94, 115.64, 115.43, 113.03, 14.77, 14.12
10	Mass spectra (질량분석 스펙트럼)	O	**설명(국문):** 질량분석 데이터 작성 **예시:** $C_{18}H_{14}ClFN_4O$: 356.0840

No	항목	필수(M)/선택(O)	도움말
11	Solubility (용해도)	O	**설명(국문):** 용해도 일정량의 용매에 녹는 화합물의 양 **단위**: mg/mL **예시:** 3
12	Publication (논문)	O	**설명(국문):** 물질과 관련하여 출판된 논문의 DOI(Digital Object Identifier)를 입력. 복수 입력 가능. **예시**: 10.1038/s41598-020-57919-6, 10.1038/s41598-017-16535-7 **비고:** 논문이 출판된 경우에만 기재
13	Patent (특허)	O	**설명(국문):** 물질과 관련하여 출원 또는 등록된 특허의 출원 또는 등록번호 및 국가 입력 **예시**: 1915550 (대한민국) **비고:** 특허가 출원 또는 등록된 경우에만 제출

파트 2. 화합물 구조 실험 정보

<표 7-2-2>

No	항목	필수(M)/선택(O)	도움말
1	Exp_date (실험날짜)	M	**설명(국문):** 화합물 합성이 완료되어 구조가 규명된 날짜 **예시:** 2020-01-21
2	NMR (핵자기 공명 스펙트럼 기기)	M	**설명(국문):** NMR 분석에 사용된 장비명 및 해상도 **포맷(국문):** 회사명/기기명/해상도 **예시:** Bruker/AM-300/300 MHz
3	Mass (질량분석 장비)	M	**설명(국문):** Mass 분석에 사용된 장비명 및 이온화 방법 등 **포맷(국문):** 회사명/기기명/이온화방법 **예시:** Thermo Fisher/Q Exactive Focus Hybrid Quadrupole-Orbitrap/ESI
4	Method for solubility (용해도 측정장비 및 방법)	O	**설명(국문):** Solubility(용해도) 측정을 위해 활용한 방법 기술 **비고:** Solubility 항목 작성 시 반드시 작성 **가능한 값:** 다음 중 택일 No / 가능한 값 / 추가 기술 1 / kinetic solubility / 용매, 온도 2 / thermodynamic solubility / 용매, 온도 **예시:** 1 / kinetic solubility / 물, 20℃

No	항목	필수(M)/ 선택(O)	도움말
5	Synthetic procedure (합성방법)	O	**설명(국문):** 합성 Scheme, 조건(시약, 용매, 반응온도, 수율 등)이 포함된 *.cdx 파일 업로드 **데이터 예시:**  Reagents and conditions: (a) allylmagnesium bromide, THF, −78 °C− rt, 2 h, 81%; (b) i) $BH_3 \times SMe_2$, THF, ii) 3 N NaOH, H_2O_2, 0 °C− rt, 45%; (c) PCC, CH_2Cl_2, rt, 6 h, 74%; (d) TBAF, THF, 0 °C −rt, 1 h, 78%; (e) IBX, DMSO, rt, 1 h; (f) *n*-BuLi, THF, −−−78 °C− rt, 1 h, 35% (2 step yields); (g) TFA, CH_2Cl_2, °C− rt, 1 h, 78%; (h) Ac_2O, HCOOH, THF, 50 °C− rt, 1 h, 84%.
6	Reference (참고문헌)	O	**설명(국문):** 실험방법과 관련된 참고 문헌의 DOI(Digital Object Identifier)를 입력. 복수 입력 가능. **예시:** 10.1038/s41598-020-57919-6, 10.1038/s41598-017-16535-7
7	Release date (공개날짜)	M	**설명(영문):** Data release data **설명(국문):** 데이터 공개 날짜 **양식:** YYYY-MM-DD **예시:** 2018-12-22

7.3 화합물 약효 평가 데이터

□ (작성자) 한국화학연구원 이선경(신약 작업반)

□ (설명) 화합물을 활용하여 실시한 약효 평가 데이터

파트 1. 화합물 약효 정보

<표 7-3-1>

<table>
<tr><th>No</th><th>항목</th><th>필수(M)/
선택(O)</th><th>도움말</th></tr>
<tr><td>1</td><td>Assay name
(약효시험 명)</td><td>M</td><td>설명(국문): 약효시험 내용을 확인할 수 있는 약효시험 명

예시: PAR1 (Protease Activated Receptor 1) 길항효과</td></tr>
<tr><td>2</td><td>Targeting disease
(적응 질환)</td><td>M</td><td>설명(국문): 목표로 하는 적응 질환명 및 KEGG id 기재

예시: Hypertrophic cardiomyopathy (H00292)</td></tr>
<tr><td>3</td><td>Screening system
(스크리닝 시스템)</td><td>M</td><td>설명(국문): 약효 평가에 활용된 스크리닝 시스템

가능한 값: 다음 중 택일
<table>
<tr><th>No</th><th>가능한 값</th><th>추가 기술</th></tr>
<tr><td>1</td><td>in vivo</td><td>동물 종 및 strain, 암수</td></tr>
<tr><td>2</td><td>ex vivo</td><td>동물 종 및 적출 장기 명</td></tr>
<tr><td>3</td><td>in vitro</td><td>단백질(명칭, CHEMBL id)
세포주(명칭, CHEMBL id)
미생물(속명, 종명)</td></tr>
</table>

예시:
<table>
<tr><td>in vivo</td><td>balb c mouse, male</td></tr>
<tr><td>ex vivo</td><td>SD rat, heart</td></tr>
<tr><td>in vitro</td><td>SK-OV-3 (CHEMBL802201)</td></tr>
</table></td></tr>
<tr><td>4</td><td>Screening type
(스크리닝 타입)</td><td>M</td><td>설명(국문): 약효 스크리닝 평가 타입 선택

가능한 값: 다음 중 택일
<table>
<tr><th>No</th><th>가능한 값</th></tr>
<tr><td>1</td><td>타깃 기반(Target based) 스크리닝</td></tr>
<tr><td>2</td><td>기능 기반(Function based) 스크리닝</td></tr>
</table></td></tr>
</table>

<table>
<tr><th>No</th><th>항목</th><th>필수(M)/
선택(O)</th><th>도움말</th></tr>
<tr><td>5</td><td>Target class
(표적 분류)</td><td>O</td><td>설명(국문): 타깃 기능을 대분류 및 중분류의 2단계로 기재

가능한 값: 다음 중 택일
<table>
<tr><th>No</th><th>대분류</th><th>중분류</th></tr>
<tr><td>1</td><td rowspan="6">효소</td><td>kinase</td></tr>
<tr><td>2</td><td>protease</td></tr>
<tr><td>3</td><td>dehydrogenase</td></tr>
<tr><td>4</td><td>esterase</td></tr>
<tr><td>5</td><td>phosphatase</td></tr>
<tr><td>6</td><td>기타 입력</td></tr>
<tr><td>7</td><td rowspan="3">수용체</td><td>GPCR</td></tr>
<tr><td>8</td><td>nuclear receptor</td></tr>
<tr><td>9</td><td>기타 입력</td></tr>
<tr><td>10</td><td rowspan="4">이온 통로</td><td>voltage-gated</td></tr>
<tr><td>11</td><td>extracellular ligand-gated</td></tr>
<tr><td>12</td><td>intracellular ligand-gated</td></tr>
<tr><td>13</td><td>기타 입력</td></tr>
<tr><td>14</td><td rowspan="4">transporter</td><td>channels</td></tr>
<tr><td>15</td><td>electrochemical potential-driven</td></tr>
<tr><td>16</td><td>primary active transporter</td></tr>
<tr><td>17</td><td>기타 입력</td></tr>
<tr><td>18</td><td colspan="2">PPI (protein-protein interaction)</td></tr>
<tr><td>19</td><td colspan="2">기타 입력</td></tr>
</table>

비고: 스크리닝 타입이 target based인 경우 반드시 기재</td></tr>
<tr><td>6</td><td>Classification of Target mechanism
(표적 기전 분류)</td><td>O</td><td>설명(국문): 치료효과를 보이는 타깃 기전을 기재

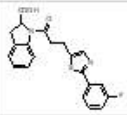
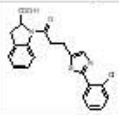
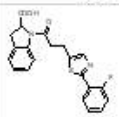
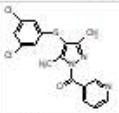
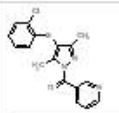
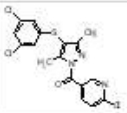
예시: 후생 유전체 조절, 바이러스 entry 억제

비고: 스크리닝 타입이 target based인 경우 반드시 기재</td></tr>
<tr><td>7</td><td>ID of target
(표적명)</td><td>O</td><td>설명(국문): 타깃명과 ChEMBL id 기재

예시: HDAC6 (CHEMBL1865)

비고: 스크리닝 타입이 target based인 경우 반드시 기재</td></tr>
</table>

<table>
<tr><th>No</th><th>항목</th><th>필수(M)/
선택(O)</th><th>도움말</th></tr>
<tr><td>8</td><td>Single dose experiment
(단일 농도 실험)</td><td>M</td><td>**설명(국문):** 단일 농도로 실험한 경우, 농도와 활성값을 % inhibition (또는 % increase) 값으로 기재(단위: %)한 엑셀 파일 업로드

데이터 예시:
<table>
<tr><th>code</th><th>structure</th><th>mol weight</th><th>% activation(10 μM)</th></tr>
<tr><td>KC-D0237</td><td>  </td><td>396.44364</td><td>48.9</td></tr>
<tr><td>KC-D0238</td><td>  </td><td>412.89824</td><td>53.6</td></tr>
<tr><td>KC-D0239</td><td>  </td><td>396.44364</td><td>81.9</td></tr>
<tr><td>KC-D0263</td><td>  </td><td>378.28266</td><td>68.2</td></tr>
<tr><td>KC-D0264</td><td>  </td><td>343.83763</td><td>107.1</td></tr>
<tr><td>KC-D0265</td><td>  </td><td>412.72769</td><td>-1.3</td></tr>
</table></td></tr>
<tr><td>9</td><td>Multiple dose experiment
(농도-활성 실험)</td><td>O</td><td>**설명(국문):** 농도-반응 실험을 한 경우, 활성값이 IC_{50} 또는 EC_{50}로 기재(단위: μM, nM 등)된 엑셀 파일 업로드

데이터 예시:
<table>
<tr><th rowspan="2">Compound</th><th colspan="6">% Activation*</th><th rowspan="2">EC50 (μM)</th></tr>
<tr><th>@ 10 μM</th><th>@ 3.2 μM</th><th>@ 1 μM</th><th>@ 0.32 μM</th><th>@ 0.1 μM</th><th>@ 32 nM</th></tr>
<tr><td>KC-D0322</td><td>140.4</td><td>123.5</td><td>105.9</td><td>95.3</td><td>51.7</td><td>7.5</td><td>0.16</td></tr>
<tr><td>KC-D0323</td><td>146.3</td><td>129.6</td><td>118.4</td><td>96.3</td><td>58.6</td><td>5.8</td><td>0.16</td></tr>
<tr><td>KC-D0324</td><td>37.6</td><td>8.0</td><td>8.3</td><td>8.1</td><td>6.4</td><td>7.4</td><td>>10</td></tr>
<tr><td>KC-D0325</td><td>32.0</td><td>9.3</td><td>9.4</td><td>7.1</td><td>5.8</td><td>6.8</td><td>>10</td></tr>
<tr><td>KC-D0327</td><td>32.4</td><td>11.1</td><td>9.8</td><td>9.2</td><td>7.2</td><td>10.7</td><td>>10</td></tr>
<tr><td>KC-D0328</td><td>46.8</td><td>10.5</td><td>11.2</td><td>4.8</td><td>7.5</td><td>12.3</td><td>>10</td></tr>
<tr><td>KC-D0329</td><td>37.3</td><td>18.2</td><td>11.7</td><td>2.5</td><td>-3.9</td><td>-9.7</td><td>>10</td></tr>
<tr><td>KC-D0350</td><td>135.7</td><td>128.5</td><td>123.5</td><td>110.4</td><td>61.3</td><td>25.4</td><td>0.1</td></tr>
<tr><td>KC-D0351</td><td>136.6</td><td>129.3</td><td>121.0</td><td>115.3</td><td>92.0</td><td>39.1</td><td>0.057</td></tr>
<tr><td>KC-D0352</td><td>103.9</td><td>66.9</td><td>24.8</td><td>24.4</td><td>24.1</td><td>3.6</td><td>3.1</td></tr>
<tr><td>KC-D0353</td><td>135.7</td><td>132.3</td><td>129.1</td><td>107.7</td><td>79.0</td><td>23.7</td><td>0.086</td></tr>
</table>
비고: 농도별 약효시험을 실시한 경우에만 제출</td></tr>
</table>

파트 2. 화합물 약효 평가 실험 정보

<표 7-3-2>

No	항목	필수(M)/ 선택(O)	도움말
1	Exp_date (실험날짜)	O	**설명(국문):** 화합물 합성이 완료되어 구조가 규명된 날짜 **예시:** 2021-08-27
2	Screening system (약효 스크리닝 시스템)	O	**설명(국문):** 스크리닝에 사용된 실험동물, 조직, 세포, 단백질, 미생물에 대해 아래와 같이 기술 **포맷(국문):** 동물: 종 및 strain 세포: 세포 이름 및 CHEMBL id 단백질: 이름 및 CHEMBL id 미생물: 속명 종명 **예시:** 동물: mouse, balb c, female 세포: SK-OV-3, CHEMBL614925 미생물: Pseudomonas aeruginosa
3	Measurement method (약효 측정장비 및 방법 기술)	O	**설명(국문):** 약효시험의 방법 및 장비에 대한 간단한 기술 **예시:** - 측정 장비(EM, plate reader, SPR 등): microplate reader - 측정 방법: luminescence. fluorescence, absorbance, 종양크기, western, PCR 등
4	Experimental method (약효 실험 방법)	O	**설명(국문):** 실험에 사용된 재료의 종류 및 양(농도), 온도, 시간 등 실험방법 기술 **예시:** 배양한 세포 50 μL384-well 플레이트에 50~60%의 밀도로 분주한 후 각각의 배지를 넣어 하루 동안 안정화시킨다. 배지를 교체하고 화합물(5 mM stock)을 10 μM, 30 μM (final DMSO 0.6%)로 처리한 후 24시간, 48시간 동안 37℃, 5% CO2 배양기에서 배양한다. 대조물질로 doxorubicin을 사용하며 대조군의 DMSO농도도 0.6%로 화합물을 처리한 well과 동일하게 한다. WST-1 (a soluble tetrazolium salt) 시약 (Cyto X, LPS solution) 5 μl (배지 부피의 1/10)를 처리하고 1 ~ 4시간 더 배양한 후 450 nm의 흡광을 Envision에서 읽는다.
5	Statistics (데이터 통계 처리 방법)	O	**설명(국문):** 반복 실험 획수 및 각 실험 당 개체 수, 통계처리 방법 및 통계적 유의성 **예시:** 2농도 (30 μM, 10 μM), single-point 실험을 5 종의 세포주에 대하여 3회 반복 실시하여 평균값을 얻고, 독성이 있는 화합물에 대하여 GI_{50} (50% 성장저해농도) 값을 결정한다.
6	Reference (참고문헌)	O	**설명(국문):** 실험방법과 관련된 참고 문헌의 DOI (Digital Object Identifire)를 입력, 복수 입력 가능 **예시:** 10.1038/s41598-020-57919-6, 10.1038/s41598-017-16535-7
7	Release date (공개날짜)	M	**설명(영문):** Data release date **설명(국문):** 데이터 공개 날짜 **양식:** YYYY-MM-DD **예시:** 2018-12-22

7.4 화합물 profiling 데이터

□ (작성자) 한국화학연구원 이선경(신약 작업반)

□ (설명) Discovery 단계 화합물의 약효/DMPK/독성의 profiling 정보

파트 1. 화합물 profiling 정보

<표 7-4-1>

<table>
<tr><th>No</th><th>항목</th><th>필수(M)/
선택(O)</th><th>도움말</th></tr>
<tr><td>1</td><td>Efficacy data
(유효성 데이터)</td><td>O</td><td>**설명(국문):** 아래와 같은 화합물의 유효성 평가 데이터가 포함된 엑셀 파일 업로드
<table>
<tr><td>in vitro</td><td>생화학 데이터/ 기능 데이터 (IC_{50}, EC_{50})</td></tr>
<tr><td>ex vivo</td><td>적출 장기 데이터 (EC_{50})</td></tr>
<tr><td>in vivo</td><td>약효 데이터 (dose, activity, pharmacodynamic)</td></tr>
</table>
데이터 예시:
<table>
<tr><th></th><th colspan="2">Evaluation</th><th>KC-A0777</th></tr>
<tr><td rowspan="6">Efficacy</td><td>In vitro</td><td>Binding, IC_{50} (μM)</td><td>0.021</td></tr>
<tr><td>In vitro</td><td>Platelet aggregation(PRP), IC_{50} (μM)</td><td>0.44</td></tr>
<tr><td>In vitro</td><td>Time dependency (PRP Platelet aggregation)</td><td>Weak</td></tr>
<tr><td>Ex vivo</td><td>Monkey ex vivo[(ED_{50} (mg/Kg), 12hr, haTRAP]</td><td>~ 10</td></tr>
<tr><td>In vivo</td><td>A/V shunt Model [ED_{50} (mg/Kg), ~T_{max}]</td><td>3 ~ 10</td></tr>
<tr><td>In Vitro</td><td>Neuroprotection (μM), In vivo (mg/Kg)</td><td>0.010, 0.050</td></tr>
</table>
</td></tr>
</table>

<table>
<tr><th>No</th><th>항목</th><th>필수(M)/
선택(O)</th><th>도움말</th></tr>
<tr><td>2</td><td>DMPK data
(약동력학
데이터)</td><td>M</td><td>

설명(국문): 아래와 같은 화합물의 흡수/분포/대사/배설 실험 데이터가 포함된 엑셀 파일 업로드

<table>
<tr><td rowspan="4">in vitro</td><td>간 대사(Phase I 대사) 안정성 (liver microsomal stability); 종(mouse, human 등), R_{50} (분): 간 microsome과 화합물을 함께 배양하여 화합물의 50%가 대사되어 분해되는 시간</td></tr>
<tr><td>혈장 안정성: R% (30분) 혈장과 화합물을 배양하여 30분 후에 존재하는 화합물의 %</td></tr>
<tr><td>혈장 단백 결합: %</td></tr>
<tr><td>CYP; 간 대사효소의 억제효과 IC_{50}</td></tr>
<tr><td rowspan="8">in vivo PK</td><td>종(Species): 사용 동물</td></tr>
<tr><td>투여방법: iv (정맥주사), ip (근육주사), po</td></tr>
<tr><td>투여량: mg/Kg</td></tr>
<tr><td>$T_{1/2}$ (min): 반감기</td></tr>
<tr><td>Clearance (CL): L/Kg·h, 체내 소실량(노출과 반비례)</td></tr>
<tr><td>AUC (μg·h/mL): 체내 노출량</td></tr>
<tr><td>V_d: volume of distribution 체내 분포면적</td></tr>
<tr><td>Oral bioavailability (F) (%): 경구 흡수율</td></tr>
</table>

비고: 실시한 실험에 대해서만 제출

데이터 예시:

<table>
<tr><th></th><th>Evaluation</th><th>compound</th></tr>
<tr><td rowspan="5">DM/PK</td><td>PK (Rat, Oral, 5mpk): Cmax (ug/ml), AUC (ug·hr/ml), Tmax (hr)
Brain Conc. (ug/ g tissue @ 4hr), B/P</td><td>0.87, 2.76, 1.0
0.20, 0.34</td></tr>
<tr><td>Metabolic stability: Half-life (human, rat, monkey microsome), min</td><td>999 / 305 / 23</td></tr>
<tr><td>CYP inhibition % at 20 μM (3A4, 2D6)</td><td>-46 / -8</td></tr>
<tr><td>Protein binding (Human, Rat, Dog and Monkey, %)</td><td>>90</td></tr>
<tr><td>Plasma stability (~4hours)</td><td>stable</td></tr>
</table>

in vitro 대사 안정성

<table>
<tr><th colspan="2">Percentage of remained compound after incubation for 1h at 37°C</th></tr>
<tr><th>Human liver microsomes</th><th>Rat liver microsomes</th></tr>
<tr><td>68.5</td><td>91.5</td></tr>
</table>

in vivo PK: iv or oral administration (3 mg/kg) to male SD rats (n=3)

<table>
<tr><th>Parameters</th><th>i.v.</th><th>p.o.</th></tr>
<tr><td>$AUC_{0\text{-}8h}$ (μg·h/mℓ)</td><td>1.55 ± 0.50</td><td>0.56 ± 0.24</td></tr>
<tr><td>Cmax (μg/mℓ)</td><td>-</td><td>0.28 ± 0.06</td></tr>
<tr><td>Tmax (h)</td><td>-</td><td>0.67 ± 0.14</td></tr>
<tr><td>$t_{\lambda 1/2}$ (h)</td><td>1.04 ± 0.30</td><td>2.25 ± 1.89</td></tr>
<tr><td>Cl (L/kg·h)</td><td>2.05 ± 0.58</td><td>-</td></tr>
<tr><td>MRT (h)</td><td>0.81 ± 0.37</td><td>2.24 ± 0.90</td></tr>
<tr><td>Vss (L/kg)</td><td>1.57 ± 0.31</td><td>-</td></tr>
<tr><td>Amount in $Urine_{24h}$ (% of dose)</td><td>0.33 ± 0.16</td><td>0.09 ± 0.08</td></tr>
<tr><td>Amount in GI_{24h} (% of dose)</td><td>0.14 ± 0.22</td><td>2.72 ± 4.28</td></tr>
<tr><td>F (%)</td><td></td><td>35.2 ± 5.58</td></tr>
</table>

</td></tr>
</table>

<table>
<tr><th>No</th><th>항목</th><th>필수(M)/
선택(O)</th><th>도움말</th></tr>
<tr><td>3</td><td>Toxicity data
(독성 데이터)</td><td>M</td><td>

설명(국문): 아래와 같은 화합물의 독성 실험 결과가 포함된 엑셀 파일 업로드

<table>
<tr><td rowspan="3">in vitro</td><td>세포독성: CC_{50} (세포주, 측정방법, 배양시간)</td></tr>
<tr><td>심장독성(hERG): IC_{50} 측정방법(binding, patch clamp etc)</td></tr>
<tr><td>유전독성</td></tr>
<tr><td rowspan="3">in vivo</td><td>급성독성: LD50</td></tr>
<tr><td>7 day DRF (dose range finding)</td></tr>
<tr><td>Core battery: 호흡기, 중추신경계, 심순환계 독성</td></tr>
</table>

비고: 실시한 실험에 대해서만 제출

데이터 예시:

in vitro 독성

<table>
<tr><th></th><th colspan="2">Evaluation</th><th>compound</th></tr>
<tr><td rowspan="5">Safety</td><td>In vitro</td><td>Cellular toxicity (hepatocyte, CC_{50}, μM)</td><td>> 50</td></tr>
<tr><td>In vitro</td><td>Cellular toxicity (6 other cell-lines, CC_{50}, μM)</td><td>> 30</td></tr>
<tr><td>In vitro</td><td>Mini-Ames (S9 mix -/+ : 31 ~1000 μg/ well)</td><td>Negative</td></tr>
<tr><td>In vitro</td><td>Chromosomal Aberration (S9 mix -/+ : 40 ~320 μM)</td><td>Negative</td></tr>
<tr><td>In vitro</td><td>hERG binding (Patch-Clamp, IC_{50}, μM)</td><td>3.4</td></tr>
</table>

in vivo 독성

<table>
<tr><td>In vivo 독성</td><td>급성독성; mouse po LD_{50} > 2 g/kg
일반독성(비글견): 심혈관계 부작용 없음(No QT prolongation)
생화학적 독성 없음</td></tr>
</table>

</td></tr>
</table>

파트 2. 화합물 profiling 실험 정보

<표 7-4-2>

No	항목	필수(M)/ 선택(O)	도움말
1	Exp_date (실험날짜)	O	**설명(국문):** 실험 실시 날짜, 또는 데이터 분석일 **양식:** YYYY-MM-DD **예시:** 2018-12-22
2	Bio-material (생체시료)	M	**설명(국문):** 실험에 사용된 생체유래 시료(단백질, 세포주, 유전자 등), 단백질 및 세포주는 CHEMBL id, 유전자는 Uniprot id 로 기재 **예시:** SK-OV-3 (CHEMBL614925)
3	Experimental animal (실험 동물)	M	**설명(국문):** 실험에 사용된 동물의 종 및 strain, 암수 기재 **예시**: mouse, balb c, male
4	Materials (실험 재료)	O	**설명(국문):** 스크리닝에 사용된 재료 **포맷(국문):** 재료명/회사/카탈로그 No **예시**: FBS/Thermo/16000-004
5	Experimental method (실험 방법)	O	**설명(국문):** 유효성/안전성/약물성 평가 방법 기재 **예시**: 20 mM Tris-HCl pH8.0, 10 mM DTT, 0.01% Triton X-100 으로 이루어진 buffer 용액과 5 μM 6,8-difluoro-4-methylumbelliferyl phosphate (DiFMUP) 를 섞어서 reaction mixture로 사용했으며, 총 반응부피는 200 μl 이다. 535 nM PRL-3 와 5 μM DiFMUP 를 상온에서 반응하여 fluorometer를 이용하여 fluorescence 증가를 측정하였고, control로는 그냥 535 nM PRL-3와 5 μM DiFMUP 만을 따로 reaction mixture에 넣고 측정하였다. Fluorometer의 exitation wavelength는 355 nm 그리고 emission wavelength는 460 nm로 조정하여 측정하였다
6	Statistics (데이터 통계 처리 방법)	O	**설명(국문):** 통계처리 방법 기재 **예시**: Prism (GraphPad)으로 통계처리. 통계적 유의성은 $P < 0.05$ 이며, error bar는 S.D.로 표시
7	Reference (참고문헌)	O	**설명(국문):** 실험방법과 관련된 참고 문헌의 DOI(Digital Object Identifier)를 입력. 복수 입력 가능. **예시:** 10.1038/s41598-020-57919-6, 10.1038/s41598-017-16535-7
8	Release date (공개날짜)	M	**설명(영문):** Data release date **설명(국문):** 데이터 공개 날짜 **양식:** YYYY-MM-DD **예시:** 2018-12-22

8 이미지 데이터

8.1 뇌과학 연구 데이터

8.1.1 뇌 MRI/fMRI 데이터

□ (작성자) 성균관대학교 우충완(뇌과학 작업반)

□ (설명) 본 등록양식은 뇌과학 연구를 위하여 모인 MRI 및 fMRI 영상 데이터를 등록 시 사용되며, Brain Imaging Data Structure(BIDS)를 기반으로 만들어짐.

□ 작성에 참고한 자료

○ BIDS: https://bids-specification.readthedocs.io/en/stable/04-modality-specific-files/01-magnetic-resonance-imaging-data.html

○ DICOM: https://www.dicomstandard.org/

○ fMRI: https://thewinnower.com/papers/977-a-checklist-for-fmri-acquisition-methods-reporting-in-the-literature

파트 1. Sample details for macro imaging (매크로 이미징용 샘플 상세정보)

<표 8-1-1-1>

<table>
<tr><th>No</th><th>항목</th><th>필수(M)/
선택(O)</th><th>도움말</th></tr>
<tr><td>1</td><td>Organism
(생물종)</td><td>M</td><td>설명(국문): 실험에 사용된 생물의 학명
예시: Homo sapiens</td></tr>
<tr><td>2</td><td>Brain region
(뇌 영역)</td><td>M</td><td>설명(국문): 기록된 뇌 영역
예시: whole brain, visual cortex</td></tr>
<tr><td>3</td><td>PatientID
(환자 ID)</td><td>O</td><td>설명(영문): ID of the patient
설명(국문): 환자의 ID</td></tr>
<tr><td>4</td><td>PatientSex
(환자 성별)</td><td>O</td><td>설명(영문): Sex of the patient
설명(국문): 환자의 성별(M or F)
가능한 값: 다음 중 택일
<table>
<tr><th>No</th><th>가능한 값</th></tr>
<tr><td>1</td><td>M</td></tr>
<tr><td>2</td><td>F</td></tr>
</table></td></tr>
<tr><td>5</td><td>PatientAge
(환자 나이)</td><td>O</td><td>설명(영문): Age of the patient
설명(국문): 환자의 나이
단위: year
예시: 26</td></tr>
<tr><td>6</td><td>PatientSize
(환자 사이즈)</td><td>O</td><td>설명(영문): Size of the patient
설명(국문): 환자의 키
단위: cm
예시: 172.3</td></tr>
<tr><td>7</td><td>PatientWeight
(환자 몸무게)</td><td>O</td><td>설명(영문): Weight of the patient
설명(국문): 환자의 몸무게
단위: kg
예시: 60.2</td></tr>
<tr><td>8</td><td>Disease Type
(질환명)</td><td>O</td><td>설명(영문): Disease name
설명(국문): 질병의 이름</td></tr>
</table>

파트 2. 뇌 MRI/fMRI 실험정보

<표 8-1-1-2>

<table>
<tr><th>No</th><th>항목</th><th>필수(M)/
선택(O)</th><th>도움말</th></tr>
<tr><td>1</td><td>Exp_title
(실험제목)</td><td>M</td><td>설명(국문): 실험성격이 잘 드러나는 짧은 제목</td></tr>
<tr><td>2</td><td>Exp_date
(실험날짜)</td><td>M</td><td>설명(국문): 실험이 수행된 날짜
양식: YYYY-MM-DD
예시: 2020-02-23</td></tr>
<tr><td>3</td><td>Exp_place
(실험장소)</td><td>M</td><td>설명(국문): 실험이 수행된 장소
예시: Brain Mapping Center at UCLA</td></tr>
<tr><td>4</td><td>Data type
(뇌영상 데이터타입)</td><td>M</td><td>설명(국문): 기록한 데이터 타입

예시: MRI, fMRI, PET, EEG, iEEG, MEG</td></tr>
<tr><td>5</td><td>Manufacturer
(제조사)</td><td>M</td><td>설명(영문): Manufacturer
DICOM Tag 0008, 0070 Manufacturer
설명(국문): MRI/fMRI 기기 제조사
예시: SIEMENS</td></tr>
<tr><td>6</td><td>ManufacturersModelName
(실험장치모델명)</td><td>M</td><td>설명(영문): Manufacturers Model Name
DICOM Tag 0008, 1090 Manufacturers Model Name
설명(국문): MRI/fMRI 기기 모델명
예시: Prisma</td></tr>
<tr><td>7</td><td>DeviceSerialNumber
(실험장치시리얼넘버)</td><td>M</td><td>설명(영문): The serial number of the equipment
DICOM Tag 0018, 1000 DeviceSerialNumber
A pseudonym can also be used to prevent the equipment from being identifiable, so long as each pseudonym is unique within the dataset
설명(국문): MRI/fMRI 기기 시리얼넘버
예시: 35016</td></tr>
<tr><td>8</td><td>StationName
(설치장소확인번호)</td><td>M</td><td>설명(영문): Institution defined name of the machine that produced the composite instances.
DICOM Tag 0008, 1010 Station Name
설명(국문): MRI/fMRI 기기 설치장소확인번호
예시: AWP63011</td></tr>
<tr><td>9</td><td>SoftwareVersions
(실험소프트웨어버전)</td><td>M</td><td>설명(영문): Manufacturer’s designation of software version of the equipment
DICOM Tag 0018, 1020 Software Versions
설명(국문): 소프트웨어 버전
예시: syngo MR E11</td></tr>
<tr><td>10</td><td>Dataset type
(데이터셋의 성격)</td><td>M</td><td>설명(영문): The interpretation of the dataset. MUST be one of "raw" or "derivative".
설명(국문): 데이터셋 타입. raw데이터인지, derivative 데이터인지 명시.

가능한 값: 다음 중 택일
<table><tr><th>No</th><th>가능한 값</th></tr><tr><td>1</td><td>raw</td></tr><tr><td>2</td><td>derivative</td></tr></table></td></tr>
<tr><td>11</td><td>BIDSVersion
(BIDS 버전)</td><td>M</td><td>설명(영문): The version of the BIDS standard that was used
설명(국문): 사용된 BIDS 표준의 버전</td></tr>
</table>

No	항목	필수(M)/ 선택(O)	도움말
12	MagneticFieldStrength (자성강도)	M	**설명(영문):** Nominal field strength of MR magnet in Tesla DICOM Tag 0018,0087 Magnetic Field Strength **설명(국문):** MRI/fMRI 기기의 자성강도 **예시:** 3
13	ReceiveCoilName (코일명)	M	**설명(영문):** Information describing the receiver coil. DICOM Tag 0018, 1250 Receive Coil Name Although not all vendors populate that DICOM Tag, in which case this field can be derived from an appropriate private DICOM field **설명(국문):** MRI/fMRI 기기의 리시브 코일명 **예시:** Siemens 64c head coil
14	ReceiveCoilActiveElements	O	**설명(영문):** Information describing the active/selected elements of the receiver coil. This doesn't correspond to a tag in the DICOM ontology. The vendor-defined terminology for active coil elements can go in this field. As an example, for Siemens, coil channels are typically not activated/selected individually, but rather in pre-defined selectable "groups" of individual channels, and the list of the "groups" of elements that are active/selected in any given scan populates the Coil String entry in Siemens' private DICOM fields (e.g., HEA;HEP for the Siemens standard 32 ch coil when both the anterior and posterior groups are activated). This is a flexible field that can be used as most appropriate for a given vendor and coil to define the "active" coil elements. Since individual scans can sometimes not have the intended coil elements selected, it is preferable for this field to be populated directly from the DICOM for each individual scan, so that it can be used as a mechanism for checking that a given scan was collected with the intended coil elements selected **설명(국문):** MRI/fMRI 기기의 리시브 코일 요소. 시멘스의 경우 DICOM의 Private_0051_100f항목을 보면 내용이 나와있음. **예시:** HC1-7;NC1
15	GradientSetType	O	**설명(영문):** It should be possible to infer the gradient coil from the scanner model. If not, e.g. because of a custom upgrade or use of a gradient insert set, then the specifications of the actual gradient coil should be reported independently **설명(국문):** 그래디언트 타입 **예시:** PrismaFit
16	MRTransmitCoilSequence	O	**설명(영문):** Relevant field if a non-standard transmit coil is used. DICOM Tag 0018, 9049 MR Transmit Coil Sequence **설명(국문):** MRI 트랜스미트 코일 시퀀스 **예시:** "GRAPPA"
17	MatrixCoilMode	O	**설명(영문):** (If used) A method for reducing the number of independent channels by combining in analog the signals from multiple coil elements. There are typically different default modes when using un-accelerated or accelerated (e.g. GRAPPA, SENSE) imaging **설명(국문):** MRI 매트릭스 코일 모드 **예시:** "GRAPPA"
18	CoilCombinationMethod	O	**설명(영문):** Almost all fMRI studies using phased-array coils use root-sum-of-squares (rSOS) combination, but other methods exist. The image reconstruction is changed by the coil combination method (as for the matrix coil mode above), so anything non-standard should be reported **설명(국문):** 코일 컴비네이션 방법
19	PulseSequenceType	M	**설명(영문):** A general description of the pulse sequence used for the scan **설명(국문):** 스캔에 사용된 펄스 시퀀스의 일반적 설명 **예시:** MPRAGE, Gradient Echo EPI, Spin Echo EPI, Multiband gradient echo EPI

No	항목	필수(M)/ 선택(O)	도움말
20	ScanningSequence	M	**설명(영문):** Description of the type of data acquired. DICOM Tag 0018, 0020 Scanning Sequence. **설명(국문):** 스캐닝 시퀀스 **예시:** SE, IR, GR, EP, RM
21	SequenceVariant	M	**설명(영문):** Variant of the Scanning Sequence. DICOM Tag 0018, 0021 Sequence Variant. **설명(국문):** 스캐닝 시퀀스의 종류 **예시:** OSP
22	ScanOptions	M	**설명(영문):** Parameters of Scanning Sequence. DICOM Tag 0018, 0022 Scan Options. **설명(국문):** 스캐닝 시퀀스 파라미터 **예시:** HELICAL MODE
23	SequenceName	M	**설명(영문):** Manufacturer's designation of the sequence name. DICOM Tag 0018, 0024 Sequence Name. **설명(국문):** 스캐닝 시퀀스 파라미터 **예시:** *spcir_242
24	PulseSequenceDetails	O	**설명(영문):** Information beyond pulse sequence type that identifies the specific pulse sequence used (i.e. "Standard Siemens Sequence distributed with the VB17 software," "Siemens WIP ### version #.##," or "Sequence written by X using a version compiled on MM/DD/YYYY"). **설명(국문):** 펄스 시퀀스 정보 **예시:** "Standard Siemens Sequence distributed with the VB17 software", "Siemens WIP ### version #.##," or "Sequence written by X using a version compiled on MM/DD/YYYY"
25	NonlinearGradientCorrection	O	**설명(영문):** Boolean stating if the image saved has been corrected for gradient nonlinearities by the scanner sequence. **설명(국문):** 저장된 이미지가 스캐너 시퀀스에 의해 gradient nonlinearity에 대해 보정되었는지의 여부 **가능한 값:** 다음 중 택일 No / 가능한 값 1 / True 2 / False
26	NumberShots	M	**설명(영문):** The number of RF excitations need to reconstruct a slice or volume. Please mind that this is not the same as Echo Train Length which denotes the number of lines of k-space collected after an excitation. **설명(국문):** 슬라이스나 볼륨을 리컨하는 데 필요한 RF 수
27	ParallelReductionFactorInPlane	M	**설명(영문):** The parallel imaging (e.g, GRAPPA) factor. Use the denominator of the fraction of k-space encoded for each slice. For example, 2 means half of k-space is encoded. DICOM Tag 0018, 9069 Parallel Reduction Factor In-plane. **설명(국문):** 패럴랠 이미징 팩터 수 **예시:** 2
28	ParallelAcquisitionTechnique	M	**설명(영문):** The type of parallel imaging used (e.g. GRAPPA, SENSE) DICOM Tag 0018, 9078 Parallel Acquisition Technique. **설명(국문):** 패럴랠 이미징 타입 **예시:** PILS
29	PartialFourier	M	**설명(영문):** The fraction of partial Fourier information collected. DICOM Tag 0018, 9081 Partial Fourier. **설명(국문):** Partial 푸리에 비율 정보 **예시:** YES or NO

<table>
<tr><th>No</th><th>항목</th><th>필수(M)/
선택(O)</th><th>도움말</th></tr>
<tr><td>30</td><td>PartialFourierDirection</td><td>M</td><td>설명(영문): The direction where only partial Fourier information was collected.
DICOM Tag 0018, 9036 Partial Fourier Direction.
설명(국문): Partial 푸리에 방향 정보
예시: PHASE, FREQUENCY, SLICE_SELECT, COMBINATION</td></tr>
<tr><td>31</td><td>PhaseEncodingDirection</td><td>M</td><td>설명(영문): Possible values: i, j, k, i-, j-, k-.
The letters i, j, k correspond to the first, second and third axis of the data in the NIFTI file. The polarity of the phase encoding is assumed to go from zero index to maximum index unless - sign is present (then the order is reversed - starting from the highest index instead of zero). PhaseEncodingDirection is defined as the direction along which phase is was modulated which may result in visible distortions. Note that this is not the same as the DICOM term InPlanePhaseEncodingDirection which can have ROW or COL values. This parameter is REQUIRED if corresponding fieldmap data is present or when using multiple runs with different phase encoding directions (which can be later used for field inhomogeneity correction).
설명(국문): 페이즈 인코딩 방향

가능한 값: 다음 중 택일
<table><tr><th>No</th><th>가능한 값</th></tr><tr><td>1</td><td>i</td></tr><tr><td>2</td><td>j</td></tr><tr><td>3</td><td>k</td></tr><tr><td>4</td><td>i-</td></tr><tr><td>5</td><td>j-</td></tr><tr><td>6</td><td>k-</td></tr></table></td></tr>
<tr><td>32</td><td>EffectiveEchoSpacing</td><td>O</td><td>설명(영문): The "effective" sampling interval, specified in seconds, between lines in the phase-encoding direction, defined based on the size of the reconstructed image in the phase direction. It is frequently, but incorrectly, referred to as "dwell time" (see DwellTime parameter below for actual dwell time). It is required for unwarping distortions using field maps. Note that beyond just in-plane acceleration, a variety of other manipulations to the phase encoding need to be accounted for properly, including partial fourier, phase oversampling, phase resolution, phase field-of-view and interpolation. This parameter is REQUIRED if corresponding fieldmap data is present.
설명(국문): 실질적인 페이즈 인코딩 샘플링 간격 (초).
단위: seconds
예시: 0.00049</td></tr>
<tr><td>33</td><td>TotalReadoutTime</td><td>M</td><td>설명(영문): This is actually the "effective" total readout time , defined as the readout duration, specified in seconds, that would have generated data with the given level of distortion. It is NOT the actual, physical duration of the readout train. If EffectiveEchoSpacing has been properly computed, it is just EffectiveEchoSpacing * (ReconMatrixPE - 1). This parameter is REQUIRED if corresponding "field/distortion" maps acquired with opposing phase encoding directions are present.
설명(국문): 실질적인 페이즈 인코딩 전체 읽기 시간 (초). EffectiveEchoSpacing 곱하기 ReconMatrixPE - 1로 계산할 수 있음.
단위: seconds
예시: 0.0396</td></tr>
</table>

<table>
<tr><th>No</th><th>항목</th><th>필수(M)/
선택(O)</th><th>도움말</th></tr>
<tr><td>34</td><td>EchoTime</td><td>M</td><td>설명(영문): The echo time (TE) for the acquisition, specified in seconds. This parameter is REQUIRED if corresponding fieldmap data is present or the data comes from a multi echo sequence. DICOM Tag 0018, 0081 Echo Time (please note that the DICOM term is in milliseconds not seconds).
설명(국문): 에코타임
단위: milliseconds
예시: 4.2</td></tr>
<tr><td>35</td><td>InversionTime</td><td>M</td><td>설명(영문): The inversion time (TI) for the acquisition, specified in seconds. Inversion time is the time after the middle of inverting RF pulse to middle of excitation pulse to detect the amount of longitudinal magnetization.
DICOM Tag 0018, 0082 Inversion Time (please note that the DICOM term is in milliseconds not seconds).
설명(국문): 인버전 타임
단위: milliseconds
예시: 15</td></tr>
<tr><td>36</td><td>SliceTiming</td><td>M</td><td>설명(영문): The time at which each slice was acquired within each volume (frame) of the acquisition. Slice timing is not slice order -- rather, it is a list of times (in JSON format) containing the time (in seconds) of each slice acquisition in relation to the beginning of volume acquisition. The list goes through the slices along the slice axis in the slice encoding dimension (see below). Note that to ensure the proper interpretation of the SliceTiming field, it is important to check if the OPTIONAL SliceEncodingDirection exists. In particular, if SliceEncodingDirection is negative, the entries in SliceTiming are defined in reverse order with respect to the slice axis (i.e., the final entry in the SliceTiming list is the time of acquisition of slice 0). This parameter is REQUIRED for sparse sequences that do not have the DelayTime field set. In addition without this parameter slice time correction will not be possible.
설명(국문): 슬라이스 타이밍
단위: seconds
예시: [0.0,0.2,0.4,0.6,0.0,0.2,0.4,0.6,0.0,0.2,0.4,0.6,0.0,0.2,0.4,0.6]</td></tr>
<tr><td>37</td><td>SliceEncodingDirection</td><td>M</td><td>설명(영문): Possible values: i, j, k, i-, j-, k- (the axis of the NIfTI data along which slices were acquired, and the direction in which SliceTiming is defined with respect to). i, j, k identifiers correspond to the first, second and third axis of the data in the NIfTI file. A - sign indicates that the contents of SliceTiming are defined in reverse order - that is, the first entry corresponds to the slice with the largest index, and the final entry corresponds to slice index zero. When present, the axis defined by SliceEncodingDirection needs to be consistent with the ‘slice_dim’ field in the NIfTI header. When absent, the entries in SliceTiming must be in the order of increasing slice index as defined by the NIfTI header.
설명(국문): 슬라이스 인코딩 방향

가능한 값: 다음 중 택일
<table>
<tr><th>No</th><th>가능한 값</th></tr>
<tr><td>1</td><td>i</td></tr>
<tr><td>2</td><td>j</td></tr>
<tr><td>3</td><td>k</td></tr>
<tr><td>4</td><td>i-</td></tr>
<tr><td>5</td><td>j-</td></tr>
<tr><td>6</td><td>k-</td></tr>
</table></td></tr>
</table>

No	항목	필수(M)/ 선택(O)	도움말
38	DwellTime	M	**설명(영문):** Actual dwell time (in seconds) of the receiver per point in the readout direction, including any oversampling. For Siemens, this corresponds to DICOM field (0019,1018) (in ns). This value is necessary for the optional readout distortion correction of anatomicals in the HCP Pipelines. It also usefully provides a handle on the readout bandwidth, which isn't captured in the other metadata tags. Not to be confused with EffectiveEchoSpacing, and the frequent mislabeling of echo spacing (which is spacing in the phase encoding direction) as "dwell time" (which is spacing in the readout direction). **설명(국문):** 실질적인 드웰 타임 (초) **단위:** seconds **예시:** 0.8
39	FlipAngle	M	**설명(영문):** Flip angle for the acquisition, specified in degrees. DICOM Tag 0018, 1314 Flip Angle. **설명(국문):** 플립 각도 **예시:** 78
40	MultibandAccelerationFactor	M	**설명(영문):** The multiband factor, for multiband acquisitions. **설명(국문):** 멀티밴드 팩터 **예시:** 4
41	AnatomicalLandmarkCoordinates	M	**설명(영문):** valuepairs of any number of additional anatomical landmarks and their coordinates in voxel units (where first voxel has index 0,0,0) relative to the associated anatomical MRI. **설명(국문):** 해부학적 랜드마크 코디네이트 **예시:** {"AC": [127,119,149], "PC": [128,93,141], "IH": [131,114,206]}, 혹은 {"NAS": [127,213,139], "LPA": [52,113,96], "RPA": [202,113,91]}
42	RepetitionTime	M	**설명(영문):** The time in seconds between the beginning of an acquisition of one volume and the beginning of acquisition of the volume following it (TR). Please note that this definition includes time between scans (when no data has been acquired) in case of sparse acquisition schemes. This value needs to be consistent with the pixdim[4] field (after accounting for units stored in xyzt_units field) in the NIfTI header. This field is mutually exclusive with VolumeTiming and is derived from DICOM Tag 0018, 0080 and converted to seconds. **설명(국문):** 반복 시간(TR) **단위:** seconds **예시:** 2
43	VolumeTiming	O	**설명(영문):** The time at which each volume was acquired during the acquisition. It is described using a list of times (in JSON format) referring to the onset of each volume in the BOLD series. The list must have the same length as the BOLD series, and the values must be non-negative and monotonically increasing. This field is mutually exclusive with RepetitionTime and DelayTime. If defined, this requires acquisition time (TA) be defined via either SliceTiming or AcquisitionDuration be defined. **설명(국문):** 각각의 볼륨을 얻는 동안의 시간 **단위:** seconds **예시:** 2

No	항목	필수(M)/ 선택(O)	도움말
44	TaskName	O	**설명(영문):** Name of the task. No two tasks should have the same name. The task label included in the file name is derived from this TaskName field by removing all non-alphanumeric ([a-zA-Z0-9]) characters. For example TaskName faces n-back will correspond to task label facesnback. A RECOMMENDED convention is to name resting state task using labels beginning with rest. **설명(국문):** 연구대상자가 수행하는 과제의 이름. 각 과제의 이름은 서로 달라야 함. 파일명에 포함된 과제 라벨은 이 TaskName 항목의 값에서 모든 비 alphanumeric 문자를 제거하여 얻어짐. 예를 들면 “faces n-back”이라는 TaskName에 해당하는 과제 label은 “facesnback”임. resting state 과제는 rest로 시작하는 라벨을 사용하여 이름짓는 것을 추천함.
45	Raw data (원시데이터)	M	**설명(영문):** Raw data (DICOM or BIDS format) **설명(국문):** DICOM 혹은 BIDS 포맷으로 정리된 원시데이터 파일 **양식:** 압축 파일 (DICOM or BIDS format) **예시:** ABC.zip
46	md5 value (원시데이터의 MD5 checksum)	M	**설명(영문):** MD5 checksum of raw data **설명(국문):** 원시데이터의 MD5 checksum **양식:** text (MD5 checksum value) **예시:** bc527343c7ffc103111f3a694b004e2f
47	Release date (공개날짜)	M	**설명(영문):** Data release date **설명(국문):** 데이터 공개 날짜 **양식:** YYYY-MM-DD **예시:** 2018-12-22

5.1.2 뇌 PET 데이터

□ (작성자) 한국뇌연구원 김기범(뇌과학 작업반), 한국뇌연구원 이동하

□ (설명) PET으로 촬영한 뇌영상 데이터

□ 작성에 참고한 자료

○ PET: https://bids-specification.readthedocs.io/en/bep-009/04-modality-specific-files/09-positron-emission-tomography.html

파트 1. Sample details for macro imaging (매크로 이미징용 샘플 상세정보)

<표 8-1-2-1>

No	항목	필수(M)/ 선택(O)	도움말
1	Organism (생물종)	M	**설명(국문):** 실험에 사용된 생물의 학명 **예시:** Homo sapiens
2	Brain region (뇌 영역)	M	**설명(국문):** 기록된 뇌 영역 **예시:** whole brain, visual cortex
3	PatientID (환자 ID)	O	**설명(영문):** ID of the patient **설명(국문):** 환자의 ID
4	PatientSex (환자 성별)	O	**설명(영문):** Sex of the patient **설명(국문):** 환자의 성별(M or F) **가능한 값:** 다음 중 택일 No: 1 가능한 값: M No: 2 가능한 값: F
5	PatientAge (환자 나이)	O	**설명(영문):** Age of the patient **설명(국문):** 환자의 나이 **단위:** year **예시:** 26
6	PatientSize (환자 사이즈)	O	**설명(영문):** Size of the patient **설명(국문):** 환자의 키 **단위:** cm **예시:** 172.3
7	PatientWeight (환자 몸무게)	O	**설명(영문):** Weight of the patient **설명(국문):** 환자의 몸무게 **단위:** kg **예시:** 60.2

파트 2. 뇌 PET 실험정보

<표 8-1-2-2>

No	항목	필수(M)/ 선택(O)	도움말
General information(일반 정보)			
1	Exp_title (실험제목)	M	**설명(국문):** 실험성격이 잘 드러나는 짧은 제목
2	Exp_date (실험날짜)	M	**설명(국문):** 실험이 수행된 날짜 **양식:** YYYY-MM-DD **예시:** 2020-02-23
3	Exp_place (실험장소)	M	**설명(국문):** 실험이 수행된 장소
4	Data type (데이터 타입)	M	**설명(국문):** 기록한 데이터 타입 **예시:** MRI, fMRI, PET, EEG, iEEG, MEG
5	Manufacturer (제조사)	M	**설명(영문):** Scanner manufacturer **설명(국문):** 스캐너 제조사 **예시:** Siemens
6	ManufacturersModelName (실험장치모델명)	M	**설명(영문):** PET scanner model name **설명(국문):** 스캐너 모델명 **예시:** mMR Biograph
7	Unit	M	**설명(영문):** Unit of the image file; please see BIDS main spec section 6. SI unit for radioactivity (Becquerel) should be used. Corresponds to DICOM Tag 0054, 1001 Units. **예시:** Bq/mL
8	TracerName	M	**설명(영문):** Name of the tracer compound used **설명(국문):** 사용된 tracer 화합물명 **예시:** CIMBI-36
9	TracerRadionuclide	M	**설명(영문):** Radioisotope labelling tracer **설명(국문):** 방사성동위원소 라벨링 tracer **예시:** C11, O15, F18, N13
10	InstitutionName	M	**설명(영문):** The name of the institution in charge of the equipment that produced the composite instances. Corresponds to DICOM Tag 0008, 0080 InstitutionName. **설명(국문):** Composite instance를 만든 기기를 관리하는 기관의 이름. DICOM Tag 0008, 0080 InstitutionName에 해당함
11	InstitutionalDepartmentName	O	**설명(영문):** The department in the institution in charge of the equipment that produced the composite instances. Corresponds to DICOM Tag 0008, 1040 Institutional Department Name **설명(국문):** Composite instance를 만든 기기를 관리하는 기관의 부서 이름. DICOM Tag 0008, 1040 InstitutionName에 해당함
12	BodyPart	M	**설명(영문):** Name of the organ / body region scanned. **설명(국문):** 스캔한 기관/신체 부위의 이름 **예시:** brain, neck, torso, cardiac, gut, hip, leg, knee, foot, hand, arm, lung

13	PharmaceuticalNam	M	**설명(영문):** Name of pharmaceutical coadministered with tracer. **설명(국문):** Tracer와 함께 투여된 약품의 이름
14	PharmaceuticalDoseAmount	M	**설명(영문):** Dose amount of pharmaceutical coadministered with tracer. **설명(국문):** Tracer와 함께 투여된 약품의 용량
15	PharmaceuticalDoseUnit	M	**설명(영문):** Unit format relating to pharmaceutical dose. **설명(국문):** 약품 용량의 단위 **예시:** mg, mg/kg, ug, ug/kg
16	PharmaceuticalDoseTime	O	**설명(영문):** Time of administration of pharmaceutical dose, relative to time zero (please see below). For an infusion, this should be a vector with two elements specifying the start and end of the infusion period. For more complex dose regimens, the regimen description should be complete enough to enable unambiguous interpretation of the DoseTime vector. Unit format of the specified pharmaceutical dose time should be seconds.
Radiochemistry(방사 화학)			
17	InjectedRadioactivity	M	**설명(영문):** Total amount of radioactivity injected into subject. Corresponds to DICOM Tag (0018,1074) Radionuclide Total Dose. **설명(국문):** 연구대상에게 주입된 방사능의 총량
18	InjectedRadioactivityUnit	M	**설명(영문):** Unit format of the specified injected radioactivity. **설명(국문):** 주입된 방사능량의 단위 **예시:** MBq
19	InjectedMass	M	**설명(영문):** Total mass of radiolabeled compound injected into subject (for example, 10). This can be derived as the ratio of the InjectedRadioactivity and MolarRadioactivity. Note for an FDG acquisition this is not available and should be set to -1. **설명(국문):** 연구대상자에게 주입된 radiolabeled 화합물의 전체 질량. 이는 MolarRadioactivity 대비 InjectedRadioactivity의 비율로 구할 수 있음. FDG acquisition의 경우 이는 해당이 안되며, -1로 지정해야 함. **예시:** 10
20	InjectedMassUnit	M	**설명(영문):** Unit format of the mass of compound injected (for example, "ug" or "umol"). Note this is not required for an FDG acquisition, since it is not available, and can be set to "-1". **설명(국문):** 연구대상자에게 주입된 radiolabeled 화합물의 전체 질량의 단위. FDG acquisition의 경우 이는 해당이 안되며, -1로 지정해야 함. **예시:** ug, umol
21	SpecificRadioactivity	M	**설명(영문):** Specific activity of compound injected. Note this is not required for an FDG acquisition, since it is not available, and can be set to -1. **설명(국문):** 주입된 화합물의 specific radioactivity. FDG acquisition의 경우 이는 해당이 안되며, -1로 지정해야 함.
22	SpecificRadioactivityUnit	M	**설명(영문):** Unit format of specified specific radioactivity. Note this is not required for an FDG acquisition, since it is not available, and can be set to "-1". **설명(국문):** 주입된 화합물의 specific radioactivity 값의 단위. FDG acquisition의 경우 이는 해당이 안되며, -1로 지정해야 함. **예시:** Bq/g
Time(시간)			
23	TimeZero	M	**설명(영문):** Time zero to which all scan and/or blood measurements have been adjusted to, in the unit "hh:mm:ss". This should be equal to InjectionStart or ScanStart.

24	ScanStart	M	**설명(영문):** Time of start of scan wrt TimeZero in the default unit seconds.
25	InjectionStart	M	**설명(영문):** Time of start of injection wrt TimeZero in the default unit seconds. This corresponds to DICOM Tag (0018,1042) converted to seconds relative to timezero.
26	FrameTimesStart	M	**설명(영문):** Start times for all frames relative to TimeZero in default unit seconds.
27	FrameDuration	M	**설명(영문):** Time duration of each frame in default unit seconds. This corresponds to DICOM Tag (0018,1242) converted to seconds. **설명(국문):** 각 프레임의 지속 시간(초)
28	InjectionEnd	O	**설명(영문):** Time of end of injection wrt TimeZero in the default unit seconds.
29	ScanDate	O	**설명(영문):** Date of scan in the default unit "yyyy:mm:dd". **설명(국문):** 스캔 날짜
Reconstruction(재구성)			
30	AcquisitionMode	M	**설명(영문):** Type of acquisition of the PET data. **설명(국문):** PET 데이터의 획득 타입 **예시:** list mode
31	ImageDecayCorrected	M	**설명(영문):** Boolean flag specifying whether the image data have been decay-corrected. **설명(국문):** 이미지 데이터가 붕괴 교정 여부 **가능한 값:** 다음 중 택일 No / 가능한 값 1 / True 2 / False
32	ImageDecayCorrectionTime	M	**설명(영문):** Point in time from which the decay correction was applied wrt TimeZero in the default unit seconds.
33	ReconMethodName	M	**설명(영문):** Reconstruction method or algorithm **설명(국문):** 영상 재구성 방법 또는 알고리즘 **예시:** 3d-op-osem
34	AttenuationCorrection	M	**설명(영문):** Short description of the attenuation correction method used. **설명(국문):** 사용된 감쇠 보정법의 짧은 설명
35	Raw data (원시데이터)	M	**설명(영문):** Raw data (DICOM or BIDS format) **설명(국문):** DICOM 혹은 BIDS 포맷으로 정리된 원시데이터 파일 **양식:** 압축 파일 (DICOM or BIDS format) **예시:** ABC.zip
36	md5 value (원시데이터의 MD5 checksum)	M	**설명(영문):** MD5 checksum of raw data **설명(국문):** 원시데이터의 MD5 checksum **양식:** text (MD5 checksum value) **예시:** bc527343c7ffc103111f3a694b004e2f
37	Release date (공개날짜)	M	**설명(영문):** Data release date **설명(국문):** 데이터 공개 날짜 **양식:** YYYY-MM-DD **예시:** 2018-12-22

8.1.3 뇌 EEG 데이터

□ (작성자) 성균관대학교 우충완(뇌과학 작업반)

□ (설명) 본 등록양식은 뇌과학 EEG 영상 데이터를 등록 시 사용됨

□ 작성에 참고한 자료

○ EEG: https://bids-specification.readthedocs.io/en/stable/04-modality-specific-files/03-electroencephalography.html

파트 1. Sample details for macro imaging (매크로 이미징용 샘플 상세정보)

<표 8-1-3-1>

No	항목	필수(M)/선택(O)	도움말
1	Organism (생물종)	M	**설명(국문):** 실험에 사용된 생물의 학명 **예시:** Homo sapiens
2	Brain region (뇌 영역)	M	**설명(국문):** 기록된 뇌 영역 **예시:** whole brain, visual cortex
3	PatientID (환자 ID)	O	**설명(영문):** ID of the patient **설명(국문):** 환자의 ID
4	PatientSex (환자 성별)	O	**설명(영문):** Sex of the patient **설명(국문):** 환자의 성별(M or F) **가능한 값:** 다음 중 택일 No / 가능한 값 1 / M 2 / F
5	PatientAge (환자 나이)	O	**설명(영문):** Age of the patient **설명(국문):** 환자의 나이 **단위:** year **예시:** 26
6	PatientSize (환자 사이즈)	O	**설명(영문):** Size of the patient **설명(국문):** 환자의 키 **단위:** cm **예시:** 172.3
7	PatientWeight (환자 몸무게)	O	**설명(영문):** Weight of the patient **설명(국문):** 환자의 몸무게 **단위:** kg **예시:** 60.2
8	Disease Type (질환명)	O	**설명(영문):** Disease name **설명(국문):** 질병의 이름

파트 2. 뇌 EEG 실험정보

<표 8-1-3-2>

No	항목	필수(M)/ 선택(O)	도움말
1	Exp_title (실험제목)	M	**설명(국문):** 실험성격이 잘 드러나는 짧은 제목
2	Exp_date (실험날짜)	M	**설명(국문):** 실험이 수행된 날짜 **양식:** YYYY-MM-DD **예시:** 2020-02-23
3	Exp_place (실험장소)	M	**설명(국문):** 실험이 수행된 장소
4	Data type (뇌영상 데이터타입)	M	**설명(국문):** 기록한 데이터 타입 **예시:** MRI, fMRI, PET, EEG, iEEG, MEG
5	TaskName (과제명)	M	**설명(영문):** Name of the task (for resting state use the rest prefix). No two tasks should have the same name. The task label included in the file name is derived from this TaskName field by removing all non-alphanumeric ([a-zA-Z0-9]) characters. For example TaskName faces n-back will correspond to task label facesnback. **설명(국문):** 연구대상자가 수행하는 과제의 이름. 각 과제의 이름은 서로 달라야 함. 파일명에 포함된 과제 라벨은 이 TaskName 항목의 값에서 모든 비 alphanumeric 문자를 제거하여 얻어짐. 예를 들면 “faces n-back”이라는 TaskName에 해당하는 과제 label은 “facesnback”임. resting state 과제는 rest로 시작하는 라벨을 사용하여 이름짓는 것을 추천함.
6	InstitutionName	M	**설명(영문):** The name of the institution in charge of the equipment that produced the composite instances. **설명(국문):** Composite instance를 만든 기기를 관리하는 기관의 이름
7	InstitutionAddress	M	**설명(영문):** The address of the institution in charge of the equipment that produced the composite instances. **설명(국문):** Composite instance를 만든 기기를 관리하는 기관의 주소
8	Manufacturer (제조사)	M	**설명(영문):** Manufacturer of the EEG system **설명(국문):** EEG 시스템 제조사 **예시:** Biosemi, Brain Products, Neuroscan
9	ManufacturersModelName (제조모델)	M	**설명(영문):** Manufacturer’s designation of the EEG system model **설명(국문):** EEG 시스템 모델명 **예시:** BrainAmp DC
10	SoftwareVersions (소프트웨어 버전)	M	**설명(영문):** Manufacturer’s designation of the acquisition software. **설명(국문):** Acquisition 소프트웨어의 버전
11	TaskDescription (과제 상세설명)	M	**설명(영문):** Description of the task. **설명(국문):** 연구대상자가 수행해야 하는 과제의 설명
12	Instructions (지시문)	M	**설명(영문):** Text of the instructions given to participants before the scan. This is not only important for behavioral or cognitive tasks but also in resting state paradigms (e.g., to distinguish between eyes open and eyes closed). **설명(국문):** 스캔 전에 연구대상자에게 주어진 지시문. 이는 행동/인지 과제에만 중요할 뿐 아니라 휴식 상태 패러다임에서도 중요함(예: 눈을 뜨고 감은 상태의 구분)

13	DeviceSerialNumber (시리얼넘버)	M	**설명(영문):** The serial number of the equipment that produced the composite instances. A pseudonym can also be used to prevent the equipment from being identifiable, as long as each pseudonym is unique within the dataset. **설명(국문):** 기기시리얼넘버
14	EEGReference (EEG레퍼런스)	M	**설명(영문):** General description of the reference scheme used and (when applicable) of location of the reference electrode in the raw recordings. If different channels have a different reference, this field should have a general description and the channel specific reference should be defined in the _channels.tsv file. **예시:** left mastoid, Cz, CMS **설명(국문):** EEG 레퍼런스 타입
15	SamplingFrequency	M	**설명(영문):** Sampling frequency (in Hz) of all the data in the recording, regardless of their type **예시:** 2400 **설명(국문):** 샘플링 주파수 (Hz)
16	PowerLineFrequency	M	**설명(영문):** Frequency (in Hz) of the power grid at the geographical location of the EEG instrument **예시:** 50 **설명(국문):** 지형학적 위치에 따른 파워그리드 주파수 (Hz)
17	SoftwareFilters	M	**설명(영문):** A JSON object of temporal software filters applied, or "n/a" if the data is not available. Each key:value pair in the JSON object is a name of the filter and an object in which its parameters are defined as key:value pairs. **예시:** {"Anti-aliasing filter": {"half-amplitude cutoff (Hz)": 500, "Roll-off": "6dB/Octave"}} **설명(국문):** 시간축 소프트웨어 필터 정보
18	CapManufacturer (캡 제조사)	M	**설명(영문):** Name of the cap manufacturer **설명(영문):** EEG 캡 제조사 **예시:** EasyCap
19	CapManufacturersModelName (캡 모델명)	M	**설명(영문):** Manufacturer's designation of the EEG cap model **설명(영문):** EEG 캡 모델명 **예시:** actiCAP 64 Ch Standard-2
20	EEGChannelCount (EEG 채널개수)	M	**설명(영문):** Number of EEG channels included in the recording **설명(국문):** 리코딩에 포함된 EEG 채널의 개수 **예시:** 128
21	ECGChannelCount (ECG 채널개수)	M	**설명(영문):** Number of ECG channels. **설명(국문):** EEG 채널 개수
22	EMGChannelCount (EMG 채널개수)	M	**설명(영문):** Number of EMG channels. **설명(국문):** EMG 채널 개수
23	EOGChannelCount (EOG 채널개수)	M	**설명(영문):** Number of EOG channels. **설명(국문):** EOG 시스템 제조사
24	MiscChannelCount (기타 채널개수)	M	**설명(영문):** Number of miscellaneous analog channels for auxiliary signals. **설명(국문):** 보조 시그널을 위한 각종 아날로그 채널의 개수
25	TriggerChannelCount (트리거 채널개수)	M	**설명(영문):** Number of channels for digital (TTL bit level) trigger.

26	RecordingDuration	M	**설명(영문):** Length of the recording in seconds **설명(국문):** 리코딩 길이(초) **예시:** 3600
27	RecordingType	M	**설명(영문):** Defines whether the recording is continuous, discontinuous or epoched. **설명(국문):** 리코딩이 연속적인지, 불연속적인지, epoced인지 선택
28	EpochLength	M	**설명(영문):** Duration of individual epochs in seconds (e.g., 1) in case of epoched data. **설명(국문):** Epoched 데이터인 경우 각 epoch의 지속 시간(초)
29	EEGGround	M	**설명(영문):** Description of the location of the ground electrode **설명(국문):** 접지 전극 위치의 설명 **예시:** placed on right mastoid (M2)
30	HeadCircumference	M	**설명(영문):** Circumference of the participants head, expressed in cm **설명(국문):** 연구대상자 머리 둘레(cm) **예시:** 58
31	EEGPlacementScheme	M	**설명(영문):** Placement scheme of EEG electrodes. Either the name of a standardized placement system (e.g., "10-20") or a list of standardized electrode names (e.g., ["Cz", "Pz"]). **예시:** 10-20, [Cz, Pz] **설명(국문):** EEG 전극 위치 타입
32	HardwareFilters	M	**설명(영문):** A JSON object of temporal hardware filters applied, or "n/a" if the data is not available. Each key:value pair in the JSON object is a name of the filter and an object in which its parameters are defined as key:value pairs. **예시:** {"Highpass RC filter": {"Half amplitude cutoff (Hz)": 0.0159, "Roll-off": "6dB/Octave"}} **설명(국문):** 시간축 하드웨어 필터 정보
33	SubjectArtefactDescription	M	**설명(영문):** Free-form description of the observed subject artifact and its possible cause. If this field is set to n/a, it will be interpreted as absence of major source of artifacts except cardiac and blinks. **예시:** Vagus Nerve Stimulator, non-removable implant **설명(국문):** 피험자의 아티팩트 정보에 대한 자유형식 텍스트
34	EOGPlacement	O	**설명(영문):** Description of the location of the placement of EOG electrodes. **예시:** vEOG, hEOG **설명(국문):** EOG 전극의 위치
35	ElectrodeType	M	**설명(영문):** Description of the circuit type of EEG electrodes. It contains the information about whether electrodes are active or passive and wet or dry. **설명(국문):** EEG 회로 타입
36	CommunicationLink	M	**설명(영문):** Description of the communication via either wired or wireless links. **설명(국문):** 유선 혹은 무선 링크를 통한 통신의 설명

37	Raw data (원시데이터)	M	**설명(영문):** Raw data (DICOM or BIDS format) **설명(국문):** DICOM 혹은 BIDS 포맷으로 정리된 원시데이터 파일 **양식:** 압축 파일 (DICOM or BIDS format) **예시:** ABC.zip
38	md5 value (원시데이터의 MD5 checksum)	M	**설명(영문):** MD5 checksum of raw data **설명(국문):** 원시데이터의 MD5 checksum **양식:** text (MD5 checksum value) **예시:** bc527343c7ffc103111f3a694b004e2f
39	Release date (공개날짜)	M	**설명(영문):** Data release date **설명(국문):** 데이터 공개 날짜 **양식:** YYYY-MM-DD **예시:** 2018-12-22

8.1.4 뇌 iEEG 데이터

□ (작성자) 성균관대학교 우충완(뇌과학 작업반)

□ (설명) 본 등록양식은 뇌과학 iEEG 영상 데이터를 등록 시 사용됨

□ 작성에 참고한 자료

○ iEEG: https://bids-specification.readthedocs.io/en/stable/04-modality-specific-files/04-intracranial-electroencephalography.html

파트 1. Sample details for macro imaging (매크로 이미징용 샘플 상세정보)

<표 8-1-4-1>

No	항목	필수(M)/선택(O)	도움말
1	Organism (생물종)	M	**설명(국문):** 실험에 사용된 생물의 학명 **예시:** Homo sapiens
2	Brain region (뇌 영역)	M	**설명(국문):** 기록된 뇌 영역 **예시:** whole brain, visual cortex
3	PatientID (환자 ID)	O	**설명(영문):** ID of the patient **설명(국문):** 환자의 ID
4	PatientSex (환자 성별)	O	**설명(영문):** Sex of the patient **설명(국문):** 환자의 성별(M or F) **가능한 값:** 다음 중 택일 No / 가능한 값 1 / M 2 / F
5	PatientAge (환자 나이)	O	**설명(영문):** Age of the patient **설명(국문):** 환자의 나이 **단위:** year **예시:** 26
6	PatientSize (환자 사이즈)	O	**설명(영문):** Size of the patient **설명(국문):** 환자의 키 **단위:** cm **예시:** 172.3
7	PatientWeight (환자 몸무게)	O	**설명(영문):** Weight of the patient **설명(국문):** 환자의 몸무게 **단위:** kg **예시:** 60.2
8	Disease Type (질환명)	O	**설명(영문):** Disease name **설명(국문):** 질병의 이름

파트 2. 뇌 iEEG 실험정보

<표 8-1-4-2>

No	항목	필수(M)/ 선택(O)	도움말
1	Exp_title (실험제목)	M	**설명(국문):** 실험성격이 잘 드러나는 짧은 제목
2	Exp_date (실험날짜)	M	**설명(국문):** 실험이 수행된 날짜 **양식:** YYYY-MM-DD **예시:** 2020-02-23
3	Exp_place (실험장소)	M	**설명(국문):** 실험이 수행된 장소
4	Data type (뇌영상 데이터타입)	M	**설명(국문):** 기록한 데이터 타입 **예시:** MRI, fMRI, PET, EEG, iEEG, MEG
5	TaskName (과제명)	M	**설명(영문):** Name of the task (for resting state use the rest prefix). No two tasks should have the same name. The task label included in the file name is derived from this TaskName field by removing all non-alphanumeric ([a-zA-Z0-9]) characters. For example TaskName faces n-back will correspond to task label facesnback. **설명(국문):** 연구대상자가 수행하는 과제의 이름. 각 과제의 이름은 서로 달라야 함. 파일명에 포함된 과제 라벨은 이 TaskName 항목의 값에서 모든 비 alphanumeric 문자를 제거하여 얻어짐. 예를 들면 “faces n-back”이라는 TaskName에 해당하는 과제 label은 “facesnback”임. resting state 과제는 rest로 시작하는 라벨을 사용하여 이름짓는 것을 추천함.
6	InstitutionName	M	**설명(영문):** The name of the institution in charge of the equipment that produced the composite instances. **설명(국문):** Composite instance를 만든 기기를 관리하는 기관의 이름
7	InstitutionAddress	M	**설명(영문):** The address of the institution in charge of the equipment that produced the composite instances. **설명(국문):** Composite instance를 만든 기기를 관리하는 기관의 주소
8	Manufacturer (제조사)	M	**설명(영문):** Manufacturer of the EEG system **설명(국문):** EEG 시스템의 제조사 **예시:** Biosemi, Brain Products, Neuroscan
9	ManufacturersModelName (제조모델)	M	**설명(영문):** Manufacturer’s designation of the EEG system model **설명(국문):** EEG 시스템의 모델 번호 **예시:** BrainAmp DC
10	SoftwareVersions (소프트웨어 버전)	M	**설명(영문):** Manufacturer’s designation of the acquisition software. **설명(국문):** Acquisition 소프트웨어의 버전
11	TaskDescription (과제 상세설명)	M	**설명(영문):** Description of the task. **설명(국문):** 연구대상자가 수행해야 하는 과제의 설명
12	Instructions (지시문)	M	**설명(영문):** Text of the instructions given to participants before the scan. This is not only important for behavioral or cognitive tasks but also in resting state paradigms (e.g., to distinguish between eyes open and eyes closed). **설명(국문):** 스캔 전에 연구대상자에게 주어진 지시문. 이는 행동/인지 과제에만 중요할 뿐 아니라 휴식 상태 패러다임에서도 중요함(예: 눈을 뜨고 감은 상태의 구분)
13	DeviceSerialNumber (시리얼 넘버)	M	**설명(영문):** The serial number of the equipment that produced the composite instances. A pseudonym can also be used to prevent the equipment from being identifiable, as long as each pseudonym is unique within the dataset.

14	iEEGReference (iEEG 레퍼런스)	M	**설명(영문):** General description of the reference scheme used and (when applicable) of location of the reference electrode in the raw recordings. If different channels have a different reference, this field should have a general description and the channel specific reference should be defined in the _channels.tsv file. **설명(국문):** iEEG 기준 레퍼런스 정보 **예시:** "left mastoid", "bipolar", "T01" for electrode with name T01, "intracranial electrode on top of a grid, not included with data", "upside down electrode"
15	SamplingFrequency	M	**설명(영문):** Sampling frequency (in Hz) of all the data in the recording, regardless of their type **설명(국문):** iEEG 샘플링 주파수 (Hz) **예시:** 2400
16	PowerLineFrequency	M	**설명(영문):** Frequency (in Hz) of the power grid at the geographical location of the EEG instrument **설명(국문):** 지형학적 위치에 따른 파워그리드 주파수 (Hz) **예시:** 50
17	SoftwareFilters	M	**설명(영문):** A JSON object of temporal software filters applied, or "n/a" if the data is not available. Each key:value pair in the JSON object is a name of the filter and an object in which its parameters are defined as key:value pairs. **설명(국문):** 시간축 소프트웨어 필터 정보 **예시:** {"Anti-aliasing filter": {"half-amplitude cutoff (Hz)": 500, "Roll-off": "6dB/Octave"}}
18	DCOffsetCorrection	M	**설명(영문):** A description of the method (if any) used to correct for a DC offset. If the method used was subtracting the mean value for each channel, use "mean". **설명(국문):** DC 오프셋을 보정하기 위한 방법에 대한 정보
19	HardwareFilters	M	**설명(영문):** A JSON object of temporal hardware filters applied, or "n/a" if the data is not available. Each key:value pair in the JSON object is a name of the filter and an object in which its parameters are defined as key:value pairs. **설명(국문):** 시간축 하드웨어 필터 정보 **예시:** "Highpass RC filter": {"Half amplitude cutoff (Hz)": 0.0159, "Roll-off": "6dB/Octave"}}
20	ElectrodeManufacturer	M	**설명(영문):** can be used if all electrodes are of the same manufacturer. If electrodes of different manufacturers are used, please use the corresponding table in the _electrodes.tsv file. **설명(국문):** 전극 제조사 정보 **예시:** AD-TECH, DIXI
21	ElectrodeManufacturersModelName	M	**설명(영문):** If different electrode types are used, please use the corresponding table in the _electrodes.tsv file. **설명(국문):** 전극의 제조사 모델 정보
22	ECOGChannelCount (ECOG 채널개수)	M	**설명(영문):** Number of iEEG surface channels included in the recording **설명(국문):** ECOG 채널개수 **예시:** 120

23	SEEGChannelCount (SEEG 채널개수)	M	**설명(영문):** Number of iEEG depth channels included in the recording **설명(국문):** SEEG 채널개수 **예시:** 8
24	EEGChannelCount (EEG 채널개수)	M	**설명(영문):** Number of EEG channels included in the recording **설명(국문):** 리코딩에 포함된 EEG 채널의 개수 **예시:** 128
25	ECGChannelCount (ECG 채널개수)	M	**설명(영문):** Number of ECG channels. **설명(국문):** ECG 채널의 개수
26	EMGChannelCount (EMG 채널개수)	M	**설명(영문):** Number of EMG channels. **설명(국문):** EMG 채널의 개수
27	EOGChannelCount (EOG 채널개수)	M	**설명(영문):** Number of EOG channels. **설명(국문):** EOG 채널의 개수
28	MiscChannelCount (기타 채널개수)	M	**설명(영문):** Number of miscellaneous analog channels for auxiliary signals. **설명(국문):** 보조 시그널을 위한 각종 아날로그 채널의 개수
29	TriggerChannelCount (트리거 채널개수)	M	**설명(영문):** Number of channels for digital (TTL bit level) trigger.
30	RecordingDuration	M	**설명(영문):** Length of the recording in seconds **설명(국문):** 리코딩 길이(초) **예시:** 3600
31	RecordingType	M	**설명(영문):** Defines whether the recording is continuous, discontinuous or epoched. **설명(국문):** 리코딩이 연속적인지, 불연속적인지, epoced인지 선택
32	EpochLength	M	**설명(영문):** Duration of individual epochs in seconds (e.g., 1) in case of epoched data. **설명(국문):** Epoched 데이터인 경우 각 epoch의 지속 시간(초)
33	iEEGGround	M	**설명(영문):** Description of the location of the ground electrode **설명(국문):** 접지 전극 위치의 설명 **예시:** placed on right mastoid (M2)
34	iEEGPlacementScheme	M	**설명(영문):** Freeform description of the placement of the iEEG electrodes. Left/right/bilateral/depth/surface **설명(국문):** iEEG 전극 위치 타입 정보 **예시:** "left frontal grid and bilateral hippocampal depth", "surface strip and STN depth", "clinical indication bitemporal, bilateral temporal strips and left grid"
35	iEEGElectrodeGroups	M	**설명(영문):** Field to describe the way electrodes are grouped into strips, grids or depth probes **설명(국문):** iEEG 전극의 그룹핑 정보 **예시:** {'grid1': "10x8 grid on left temporal pole", 'strip2': "1x8 electrode strip on xxx"}
36	SubjectArtefactDescription	M	**설명(영문):** Freeform description of the observed subject artefact and its possible cause (e.g., "door open", "nurse walked into room at 2 min", "seizure at 10 min"). If this field is left empty, it will be interpreted as absence of artifacts. **예시:** "door open", "nurse walked into room at 2 min", "seizure at 10 min" **설명(국문):** 피험자의 아티팩트 정보에 대한 자유형식 텍스트

<table>
<tr><td>37</td><td>ElectricalStimulation</td><td>O</td><td>설명(영문): Boolean field to specify if electrical stimulation was done during the recording (options are "true" or "false"). Parameters for event-like stimulation should be specified in the _events.tsv file (see example below).

설명(국문): 레코딩 동안 전기자극을 했는지 여부

가능한 값: 다음 중 택일
<table><tr><th>No</th><th>가능한 값</th></tr><tr><td>1</td><td>True</td></tr><tr><td>2</td><td>False</td></tr></table></td></tr>
<tr><td>38</td><td>ElectricalStimulationParameters</td><td>O</td><td>설명(영문): Free form description of stimulation parameters, such as frequency, shape etc. Specific onsets can be specified in the _events.tsv file. Specific shapes can be described here in freeform text.
설명(국문): 전기자극에 대한 자유형식 정보</td></tr>
<tr><td>39</td><td>Raw data
(원시데이터)</td><td>M</td><td>설명(영문): Raw data (DICOM or BIDS format)
설명(국문): DICOM 혹은 BIDS 포맷으로 정리된 원시데이터 파일

양식: 압축 파일 (DICOM or BIDS format)
예시: ABC.zip</td></tr>
<tr><td>40</td><td>md5 value
(원시데이터의 MD5 checksum)</td><td>M</td><td>설명(영문): MD5 checksum of raw data
설명(국문): 원시데이터의 MD5 checksum

양식: text (MD5 checksum value)
예시: bc527343c7ffc103111f3a694b004e2f</td></tr>
<tr><td>41</td><td>Release date
(공개날짜)</td><td>M</td><td>설명(영문): Data release date
설명(국문): 데이터 공개 날짜

양식: YYYY-MM-DD
예시: 2018-12-22</td></tr>
</table>

8.1.5 뇌 MEG 데이터

□ (작성자) 성균관대학교 우충완(뇌과학 작업반), UNIST 김성필(뇌과학 작업반)

□ (설명) 본 등록양식은 뇌과학 MEG 영상 데이터를 등록 시 사용됨

□ 작성에 참고한 자료

○ MEG: https://bids-specification.readthedocs.io/en/stable/04-modality-specific-files/02-magnetoencephalography.html

파트 1. Sample details for macro imaging (매크로 이미징용 샘플 상세정보)

<표 8-1-5-1>

No	항목	필수(M)/선택(O)	도움말
1	Organism (생물종)	M	**설명(국문):** 실험에 사용된 생물의 학명 **예시:** Homo sapiens
2	Brain region (뇌 영역)	M	**설명(국문):** 기록된 뇌 영역 **예시:** whole brain, visual cortex
3	PatientID (환자 ID)	O	**설명(영문):** ID of the patient **설명(국문):** 환자의 ID
4	PatientSex (환자 성별)	O	**설명(영문):** Sex of the patient **설명(국문):** 환자의 성별(M or F) **가능한 값:** 다음 중 택일 No: 1 가능한 값: M No: 2 가능한 값: F
5	PatientAge (환자 나이)	O	**설명(영문):** Age of the patient **설명(국문):** 환자의 나이 **단위:** year **예시:** 26
6	PatientSize (환자 사이즈)	O	**설명(영문):** Size of the patient **설명(국문):** 환자의 키 **단위:** cm **예시:** 172.3
7	PatientWeight (환자 몸무게)	O	**설명(영문):** Weight of the patient **설명(국문):** 환자의 몸무게 **단위:** kg **예시:** 60.2
8	Disease Type (질환명)	O	**설명(영문):** Disease name **설명(국문):** 질병의 이름

파트 2. 뇌 MEG 실험정보

<표 8-1-5-2>

No	항목	필수(M)/ 선택(O)	도움말
1	Exp_title (실험제목)	M	**설명(국문):** 실험성격이 잘 드러나는 짧은 제목 **예시:** 일화성 기억과정과 연관된 해마 신경정보처리 기전 연구를 위한 MEG 실험
2	Exp_date (실험날짜)	M	**설명(국문):** 실험이 수행된 날짜 **양식:** YYYY-MM-DD **예시:** 2020-02-23
3	Exp_place (실험장소)	M	**설명(국문):** 실험이 수행된 장소 **예시:** 한국대학교병원 신경외과 뇌영상 실험실
4	Data type (뇌영상 데이터 종류)	M	**설명(국문):** 기록한 데이터 타입 **예시:** MRI, fMRI, PET, EEG, iEEG, MEG
5	TaskName (과제명)	M	**설명(영문):** Name of the task (for resting state use the rest prefix). No two tasks should have the same name. The task label included in the file name is derived from this TaskName field by removing all non-alphanumeric ([a-zA-Z0-9]) characters. For example TaskName faces n-back will correspond to task label facesnback. **설명(국문):** 연구대상자가 수행하는 과제의 이름. 휴지 상태(resting state) 과제는 rest로 시작하는 라벨을 사용하여 이름짓는 것을 추천함. 각 과제의 이름은 서로 달라야 함. 파일명에 포함된 과제 라벨은 이 TaskName 항목의 값에서 알파벳이 아닌 모든 다른 문자를 제거하여 얻어짐. **예시:** “faces n-back”이라는 TaskName에 해당하는 과제 label은 “facesnback”임.
6	InstitutionName	M	**설명(영문):** The name of the institution in charge of the equipment that produced the composite instances. **설명(국문):** 복합영상정보(Composite instance)를 생성한 장비를 관리하는 기관 명
7	InstitutionAddress	M	**설명(영문):** The address of the institution in charge of the equipment that produced the composite instances. **설명(국문):** 복합영상정보(Composite instance)를 생성하는 기기를 관리하는 기관의 주소
8	Manufacturer (제조사)	M	**설명(영문):** Manufacturer of the MEG system **설명(국문):** MEG 시스템의 제조사
9	ManufacturersModelName (제조모델)	M	**설명(영문):** Manufacturer’s designation of the MEG system model **설명(국문):** MEG 시스템의 모델명
10	SoftwareVersions (소프트웨어 버전)	M	**설명(영문):** Manufacturer’s designation of the acquisition software. **설명(국문):** MEG 데이터를 획득하는 소프트웨어의 버전
11	TaskDescription (과제 상세설명)	M	**설명(영문):** Description of the task. **설명(국문):** 연구대상자가 수행해야 하는 과제에 대한 상세 설명
12	Instructions (지시문)	M	**설명(영문):** Text of the instructions given to participants before the scan. This is not only important for behavioral or cognitive tasks but also in resting state paradigms (e.g., to distinguish between eyes open and eyes closed). **설명(국문):** 스캔 전에 연구대상자에게 주어진 과제 관련 지시문. 이는 행동/인지 과제뿐만 아니라 휴지 상태 패러다임에서도 중요함(예: 눈을 뜨거나 감은 상태의 구분을 위해 필요)

<table>
<tr><td>13</td><td>DeviceSerialNumber
(시리얼 넘버)</td><td>M</td><td>설명(영문): The serial number of the equipment that produced the composite instances. A pseudonym can also be used to prevent the equipment from being identifiable, as long as each pseudonym is unique within the dataset.
설명(국문): MEG 복합영상정보(composite instances)를 생성하는 장비의 시리얼 번호. 장비 정보 노출 방지가 필요한 경우 익명을 이용하는 것도 가능하나 각 데이터마다 고유의 익명을 지정해야 함</td></tr>
<tr><td>14</td><td>SamplingFrequency
(샘플링 주파수)</td><td>M</td><td>설명(영문): Sampling frequency (in Hz) of all the data in the recording, regardless of their type
설명(국문): 데이터 유형과 상관없이 기록된 모든 데이터의 샘플링 주파수(단위 Hz)

예시: 2400</td></tr>
<tr><td>15</td><td>PowerLineFrequency
(전력 라인 주파수)</td><td>M</td><td>설명(영문): Frequency (in Hz) of the power grid at the geographical location of the MEG instrument
설명(국문): MEG 장비가 위치한 지역의 전력 라인 파워 주파수 (단위: Hz)

예시: 60</td></tr>
<tr><td>16</td><td>DewarPosition
(듀어 용기 위치)</td><td>M</td><td>설명(영문): Position of the dewar during the MEG scan: upright, supine or degrees of angle from vertical
설명(국문): MEG 스캔을 하는 동안 센서를 담은 듀어 용기의 위치: 수직, 수평 혹은 수직으로부터의 각도 정보

예시: CTF 시스템, upright=15°, supine= 90°</td></tr>
<tr><td>17</td><td>SoftwareFilters
(소프트웨어 필터)</td><td>M</td><td>설명(영문): A JSON object of temporal software filters applied, or "n/a" if the data is not available. Each key:value pair in the JSON object is a name of the filter and an object in which its parameters are defined as key:value pairs.
설명(국문): 사용된 시간적 소프트웨어형 필터의 JSON 오프젝트 정보. 없는 경우 “n/a”로 표기. JSON 오프벡트 내 각 항목의 키:값에는 필터명과 파라미터명:파라미터값 형식으로 입력.

예시: {"Anti-aliasing filter": {"half-amplitude cutoff (Hz)": 500, "Roll-off": "6dB/Octave"}}</td></tr>
<tr><td>18</td><td>DigitizedLandmarks
(디지털 랜드마크)</td><td>M</td><td>설명(영문): Boolean ("true" or "false") value indicating whether anatomical landmark points (i.e. fiducials) are contained within this recording.
설명(국문): 기록된 정보 내 해부학적 랜드마크 포인트 (즉 해부학적 기준점들) 포함 여부에 대한 불리언형 정보. (“참” 또는 “거짓”)

가능한 값: 다음 중 택일
<table><tr><th>No</th><th>가능한 값</th></tr><tr><td>1</td><td>True</td></tr><tr><td>2</td><td>False</td></tr></table></td></tr>
<tr><td>19</td><td>DigitizedHeadPoints
(디지털 머리 형태 정보)</td><td>M</td><td>설명(영문): Boolean (true or false) value indicating whether head points outlining the scalp/face surface are contained within this recording.
설명(국문): 기록된 정보 내 두피/얼굴 표면 등의 머리 형태 포함 여부에 대한 불리언형 정보. (“참” 또는 “거짓”)

가능한 값: 다음 중 택일
<table><tr><th>No</th><th>가능한 값</th></tr><tr><td>1</td><td>True</td></tr><tr><td>2</td><td>False</td></tr></table></td></tr>
</table>

20	MEGChannelCount (MEG 채널개수)	M	**설명(영문):** Number of MEG channels **설명(국문):** MEG 채널의 개수 **예시:** 275
21	MEGREFChannelCount (MEG 레퍼런스 채널개수)	M	**설명(영문):** Number of MEG reference channels. For systems without such channels (e.g. Neuromag Vectorview), MEGREFChannelCount=0 **설명(국문):** MEG 레퍼런스 채널의 개수. 그러한 채널이 없는 시스템의 경우(예:. Neuromag Vectorview)는 0으로 표기. **예시:** 23
22	EEGChannelCount (EEG 채널개수)	M	**설명(영문):** Number of EEG channels recorded simultaneously **설명(국문):** 동시에 기록된 EEG 채널 개수 **예시:** 21
23	ECOGChannelCount (ECOG 채널개수)	M	**설명(영문):** Number of ECoG channels **설명(국문):** ECoG 채널의 개수 **예시:** 64
24	SEEGChannelCount (SEEG 채널개수)	M	**설명(영문):** Number of SEEG channels **설명(국문):** SEEG 채널의 개수 **예시:** 32
25	EOGChannelCount (EOG 채널개수)	M	**설명(영문):** Number of EOG channels. **설명(국문):** EOG 채널의 개수 **예시:** 4
26	ECGChannelCount (ECG 채널개수)	M	**설명(영문):** Number of ECG channels. **설명(국문):** ECG 채널의 개수 **예시:** 8
27	EMGChannelCount (EMG 채널개수)	M	**설명(영문):** Number of EMG channels. **설명(국문):** EMG 채널의 개수 **예시:** 8
28	MiscChannelCount (기타 채널개수)	M	**설명(영문):** Number of miscellaneous analog channels for auxiliary signals. **설명(국문):** 보조 신호 등을 위한 각종 아날로그 채널의 개수 **예시:** 2
29	TriggerChannelCount (트리거 채널개수)	M	**설명(영문):** Number of channels for digital (TTL bit level) trigger. **설명(국문):** 디지털 (TTL 비트 활용) 트리거 신호용 채널 개수 **예시:** 2
30	RecordingDuration (기록 시간)	M	**설명(영문):** Length of the recording in seconds **설명(국문):** 데이터 기록 시간 길이(초) **예시:** 3600
31	RecordingType (기록 유형)	M	**설명(영문):** Defines whether the recording is continuous, discontinuous or epoched. **설명(국문):** 기록된 데이터가 연속적인지, 불연속적인지, 아니면 구간으로 분리된 형태인지 유형 선택 **가능한 값:** 다음 중 택일 No / 가능한 값 1 / continuous 2 / discontinuous 3 / epched

32	EpochLength (데이터 구간 길이)	M	**설명(영문):** Duration of individual epochs in seconds in case of epoched data. **설명(국문):** 구간 별 분리된 데이터인 경우 각 구간의 시간 길이(초) **예시:** 1
33	ContinuousHeadLocalization (연속 머리 위치 측정)	M	**설명(영문):** Boolean (true or false) value indicating whether continuous head localisation was performed. **설명(국문):** 연속적인 머리 위치 측정 여부에 대한 불리언형 정보. (“참” 또는 “거짓”) **가능한 값:** 다음 중 택일 No: 1 — 가능한 값: True No: 2 — 가능한 값: False
34	HeadCoilFrequency (헤드 코일 주파수)	M	**설명(영문):** List of frequencies (in Hz) used by the head localisation coils (‘HLC’ in CTF systems, ‘HPI’ in Elekta, ‘COH’ in BTi/4D) that track the subject’s head position in the MEG helmet **설명(국문):** MEG 헬멧 내 머리 위치 추적을 위해 헤드 위치 추적 코일에서 사용된 주파수 목록 (단위 Hz) (예: (‘HLC’ in CTF systems, ‘HPI’ in Elekta, ‘COH’ in BTi/4D) **예시:** [293, 307, 314, 321]
35	MaxMovement (최대 머리 움직임)	M	**설명(영문):** Maximum head movement (in mm) detected during the recording, as measured by the head localisation coils **설명(국문):** 데이터 기록 시 헤드 위치 추적 코일에서 측정한 머리 움직임 최대값 (단위 mm) **예시:** 4.8
36	SubjectArtefactDescription (개인별 잡음)	M	**설명(영문):** Freeform description of the observed subject artefact and its possible cause. If this field is set to n/a, it will be interpreted as absence of major source of artifacts except cardiac and blinks. **설명(국문):** 실험 중 피험자로부터 관찰된 각종 잡음 요소 및 잠재원인에 대해 자유롭게 기술. 심장박동 및 안구운동 잡음 외 다른 주요 잡음이 관찰되지 않은 경우 “n/a”로 표기. **예시:** "Vagus Nerve Stimulator", "non-removable implant"
37	AssociatedEmptyRoom (관련 empty room 정보)	M	**설명(영문):** Relative path in BIDS folder structure to empty-room file associated with the subject’s MEG recording. The path needs to use forward slashes instead of backward slashes (e.g. sub-emptyroom/ses-/meg/sub-emptyroom_ses-_task-noise_run-_meg.ds). **설명(국문):** 피험자의 MEG 데이터와 관련된 환경 잡음 측정 데이터가 담긴 empty-room 파일의 위치를 나타내는 BIDS 폴더 내 경로 정보. 경로 표기 시 “/”를 사용하여야 함. **예시:** sub-emptyroom/ses-/meg/sub-emptyroom_ses-_task-noise_run-_meg.ds
38	HardwareFilters (하드웨어 필터)	M	**설명(영문):** A JSON object of temporal hardware filters applied, or "n/a" if the data is not available. Each key:value pair in the JSON object is a name of the filter and an object in which its parameters are defined as key:value pairs. **설명(국문):** 사용된 시간적 하드웨어형 필터의 JSON 오프젝트 정보. 없는 경우 “n/a”로 표기. JSON 오프벡트 내 각 항목의 키:값에는 필터명과 파라미터명:파라미터값 형식으로 입력. **예시:** {"Highpass RC filter": {"Half amplitude cutoff (Hz)": 0.0159, "Roll-off": "6dB/Octave"}}

39	EEGPlacementScheme (EEG 전극 부착 형식)	O	**설명(영문):** Placement scheme of EEG electrodes. Either the name of a standardized placement system (e.g., "10-20") or a list of standardized electrode names (e.g., ["Cz", "Pz"]). **설명(국문):** EEG 전극 부착 형식. 표준 부착 시스템 명을 기입하거나 표준 전극 명 목록을 기입 **예시:** "10-20", ["Cz", "Pz"]
40	CapManufacturer (EEG 캡 제조사)	O	**설명(영문):** Manufacturer of the EEG cap **설명(국문):** EEG 캡 제조사 **예시:** EasyCap
41	CapManufacturersModelName (EEG 캡 모델명)	O	**설명(영문):** Manufacturer's designation of the EEG cap model **설명(국문):** EEG 캡 모델명 **예시:** M10
42	EEGReference (EEG 레퍼런스)	O	**설명(영문):** Description of the type of EEG reference used **설명(국문):** 사용한 EEG 레퍼런스 타입 기재 **예시:** left mastoid, average, or longitudinal bipolar
43	Raw data (원시데이터)	M	**설명(영문):** Raw data (DICOM or BIDS format) **설명(국문):** DICOM 혹은 BIDS 포맷으로 정리된 원시데이터 파일 **양식:** 압축 파일 (DICOM or BIDS format) **예시:** ABC.zip
44	md5 value (원시데이터의 MD5 checksum)	M	**설명(영문):** MD5 checksum of raw data **설명(국문):** 원시데이터의 MD5 checksum **양식:** text (MD5 checksum value) **예시:** bc527343c7ffc103111f3a694b004e2f
45	Release date (공개날짜)	M	**설명(영문):** Data release date **설명(국문):** 데이터 공개 날짜 **양식:** YYYY-MM-DD **예시:** 2018-12-22

8.1.6 뇌 광학현미경 데이터

□ (작성자) 한국뇌연구원 김기범(뇌과학 작업반)

□ (설명) 광학현미경으로 획득되는 cell에서 tissue까지 수준의 raw 이미지 데이터. 이미징 방식이 다양해서 필수정보들은 등록 시 입력하고, 세부정보들은 파일 내 메타정보 활용

□ 작성에 참고한 자료

○ Nature TECHNOLOGY FEATURE: https://www.nature.com/articles/d41586-020-00594-4

○ IDR: http://idr.openmicroscopy.org/tissue/

○ BioImage Archive: https://www.ebi.ac.uk/bioimage-archive/

○ OME Data Model and XML file

-https://genomebiology.biomedcentral.com/articles/10.1186/gb-2005-6-5-r47

-https://www.openmicroscopy.org/Schemas/OME/2016-06/ome.xsd

○ All metadata fields

-https://docs.openmicroscopy.org/bio-formats/6.5.1/metadata-summary.html#metadata-fields

-https://docs.openmicroscopy.org/bio-formats/6.5.1/about/index.html#bio-formats-metadata-processing

파트 1. Sample details for light microscopy

<표 8-1-6-1>

No	항목	필수(M)/ 선택(O)	도움말
1	Organism (생물종)	M	**설명(국문):** 실험에 사용된 생물의 학명 **예시:** Homo sapiens
2	Brain region (뇌 영역)	M	**설명(국문):** 기록된 뇌 영역 **예시:** whole brain, visual cortex
3	Category (분류)	M	**설명(국문):** 시료의 종류 **예시:** Molecule: 단백질종류 Cell: 세포종류 Tissue: 조직 내 층별 위치 또는 세포타입 정보
4	Sample prep method (샘플 준비 방법)	M	**설명(국문):** 시료의 준비 방법 기술 **예시:** Tissue was fixed with 2% glutaraldehyde and 2% formaldahyde in cacodylate buffer.

파트 2. 광학현미경 실험정보

<표 8-1-6-2>

No	항목	필수(M)/ 선택(O)	도움말
1	Exp_title (실험제목)	M	**설명(국문):** 실험성격이 잘 드러나는 짧은 제목 **예시:** 미토콘드리아 항상성 연구
2	Exp_date (실험날짜)	M	**설명(국문):** 데이터 생성 날짜 **양식:** YYYY-MM-DD **예시:** 2021-08-30
3	InstitutionName (기관명)	M	**설명(국문):** 실험이 수행된 기관 이름 **예시:** 한국뇌연구원
4	InstitutionAddress (기관주소)	M	**설명(국문):** 실험이 수행된 기관 주소
5	Imaging Contrast (이미징 방식)	M	**설명(국문):** 이미지를 얻는데 사용된 광학적 방식 **예시:** 예시 Bright-field Polarized Light Dark-field Fluorescence Other

<table>
<tr><th>No</th><th>항목</th><th>필수(M)/
선택(O)</th><th>도움말</th></tr>
<tr><td>6</td><td>Imaging mode
(이미징 방법)</td><td>M</td><td>설명(국문): 이미지를 얻는데 사용된 광학적 방법

예시:
<table><tr><th>예시</th></tr><tr><td>Wide-Field</td></tr><tr><td>Laser Scanning Confocal Microscopy</td></tr><tr><td>Spinning Disk Confocal</td></tr><tr><td>Slit Scan Confocal</td></tr><tr><td>Multi-Photon Microscopy</td></tr><tr><td>Structured Illumination</td></tr><tr><td>Structured Illumination</td></tr><tr><td>Single Molecule Imaging</td></tr><tr><td>TIRF</td></tr><tr><td>Fluorescence Lifetime</td></tr><tr><td>Spectral Imaging</td></tr><tr><td>FCS</td></tr><tr><td>Near Field Scanning Optical Microscopy</td></tr><tr><td>Second Harmonic Generation Imaging</td></tr><tr><td>PALM</td></tr><tr><td>STORM</td></tr><tr><td>STED</td></tr><tr><td>LCM</td></tr><tr><td>Bright-Field</td></tr><tr><td>Swept Field Confocal</td></tr><tr><td>SPIM</td></tr><tr><td>Other</td></tr></table></td></tr>
<tr><td>7</td><td>Microscope - Manufacturer
(현미경 종류 - 제조사)</td><td>M</td><td>설명(국문): 이미지를 얻는데 사용된 현미경의 제조사

예시: Nikon</td></tr>
<tr><td>8</td><td>Microscope - Model
(현미경 종류 - 모델)</td><td>M</td><td>설명(국문): 이미지를 얻는데 사용된 현미경의 제조사 모델

예시: A1R</td></tr>
<tr><td>9</td><td>LightSoure - Type
(광원 종류)</td><td>O</td><td>설명(국문): 이미지를 얻는데 사용된 현미경의 광원 종류

예시: 레이저</td></tr>
<tr><td>10</td><td>LightSoure - Manufacturer
(광원 제조사)</td><td>O</td><td>설명(국문): 이미지를 얻는데 사용된 현미경의 광원 제조사

예시: coherent</td></tr>
<tr><td>11</td><td>LightSoure - Model
(광원 제조사 모델)</td><td>O</td><td>설명(국문): 이미지를 얻는데 사용된 현미경의 광원 제조사 모델

예시: Chameleon Ultra</td></tr>
<tr><td>12</td><td>LightSoure - Wavelength
(광원 파장)</td><td>O</td><td>설명(국문): 이미지를 얻는데 사용된 현미경의 광원 파장

예시: 980 nm</td></tr>
<tr><td>13</td><td>LightSoure - Power
(광원 파워)</td><td>O</td><td>설명(국문): 이미지를 얻는데 사용된 현미경의 광원 파워

예시: 1 Watt</td></tr>
</table>

<table>
<tr><th>No</th><th>항목</th><th>필수(M)/
선택(O)</th><th>도움말</th></tr>
<tr><td>14</td><td>Dectector - Type
(이미징센서 종류)</td><td>O</td><td>설명(국문): 이미지를 얻는데 사용된 이미징센서의 종류
예시:
<table><tr><th>예시</th></tr><tr><td>CCD</td></tr><tr><td>Intensified CCD</td></tr><tr><td>Analog video</td></tr><tr><td>PMT</td></tr><tr><td>Photodiode</td></tr><tr><td>Spectroscopy</td></tr><tr><td>EMCCD</td></tr><tr><td>APD</td></tr><tr><td>CMOS</td></tr><tr><td>EBCCD</td></tr></table></td></tr>
<tr><td>15</td><td>Dectector - Manufacturer
(이미징센서 제조사)</td><td>O</td><td>설명(국문): 이미지를 얻는데 사용된 이미징센서의 제조사
예시: Andor</td></tr>
<tr><td>16</td><td>Dectector - Model
(이미징센서 제조사 모델)</td><td>O</td><td>설명(국문): 이미지를 얻는데 사용된 이미징센서의 제조사 모델
예시: iXon Ultra 897</td></tr>
<tr><td>17</td><td>Objective - Magnification
(대물렌즈 배율)</td><td>O</td><td>설명(국문): 이미지를 얻는데 사용된 대물렌즈 배율
예시: 60x</td></tr>
<tr><td>18</td><td>Objective - Numerical aperture
(대물렌즈 배율)</td><td>O</td><td>설명(국문): 이미지를 얻는데 사용된 대물렌즈 배율(N.A.)
예시: 1.49</td></tr>
<tr><td>19</td><td>Objective - Correction
(대물렌즈 보정 방법)</td><td>O</td><td>설명(국문): 이미지를 얻는데 사용된 대물렌즈 보정 방법
예시:
<table><tr><th>예시</th></tr><tr><td>UV</td></tr><tr><td>PlanApo</td></tr><tr><td>PlanFluor</td></tr><tr><td>SuperFluor</td></tr><tr><td>VioletCorrected</td></tr><tr><td>Achro</td></tr><tr><td>Fluor</td></tr><tr><td>Fl</td></tr><tr><td>Fluar</td></tr><tr><td>Apo</td></tr><tr><td>PlanNeofluar</td></tr></table></td></tr>
<tr><td>20</td><td>Objective - Immersion
(대물렌즈 이멀젼 종류)</td><td>O</td><td>설명(국문): 이미지를 얻는데 사용된 대물렌즈 이멀젼 종류
예시:
<table><tr><th>예시</th></tr><tr><td>Oil</td></tr><tr><td>Water</td></tr><tr><td>Water Dipping</td></tr><tr><td>Air</td></tr><tr><td>Multi</td></tr><tr><td>Glycerol</td></tr></table></td></tr>
</table>

<table>
<tr><th>No</th><th>항목</th><th>필수(M)/
선택(O)</th><th>도움말</th></tr>
<tr><td>21</td><td>Objective - Manufacturer
(대물렌즈 제조사)</td><td>O</td><td>설명(국문): 이미지를 얻는데 사용된 대물렌즈 제조사

예시: Nikon</td></tr>
<tr><td>22</td><td>Objective - Model
(대물렌즈 제조사 모델)</td><td>O</td><td>설명(국문): 이미지를 얻는데 사용된 대물렌즈 제조사 모델

예시: CFI Apochromat TIRF 60XC Oil</td></tr>
<tr><td>23</td><td>Optical section (Z)
(부피차원 여부)</td><td>M</td><td>설명(국문): Z-section 여부

가능한 값: 다음 중 택일
<table>
<tr><th>No</th><th>가능한 값</th></tr>
<tr><td>1</td><td>Yes</td></tr>
<tr><td>2</td><td>No</td></tr>
</table></td></tr>
<tr><td>24</td><td>Optical section (Z) thickness
(부피차원 두께)</td><td>M</td><td>설명(국문): 섹션두께

예시: 50

단위: um

비고: 항목 23의 값이 Yes인 경우에만 해당</td></tr>
<tr><td>25</td><td>Timelapse (T)
(시간차원 여부)</td><td>M</td><td>설명(국문): Timelapse 여부

가능한 값: 다음 중 택일
<table>
<tr><th>No</th><th>가능한 값</th></tr>
<tr><td>1</td><td>Yes</td></tr>
<tr><td>2</td><td>No</td></tr>
</table></td></tr>
<tr><td>26</td><td>Timelapse (T) - fps
(시간차원 프레임 속도)</td><td>M</td><td>설명(국문): Timelapse 프레임속도

예시: 5

단위: fps

비고: 항목 25의 값이 Yes인 경우에만 해당</td></tr>
<tr><td>27</td><td>Sepctral coding (C)
(멀티컬러 여부)</td><td>M</td><td>설명(국문): 다중컬러 여부

가능한 값: 다음 중 택일
<table>
<tr><th>No</th><th>가능한 값</th></tr>
<tr><td>1</td><td>Yes</td></tr>
<tr><td>2</td><td>No</td></tr>
</table></td></tr>
<tr><td>28</td><td>Sepctral coding (C) - number of colors
(멀티컬러 컬러 수)</td><td>M</td><td>설명(국문): 컬러 수

예시: 2 (525, 595)

단위: nm

비고: 항목 27의 값이 Yes인 경우에만 해당</td></tr>
<tr><td>29</td><td>Num_dataset
(데이터 개수)</td><td>M</td><td>설명(국문): 데이터 셋의 개수(파일 또는 폴더)
예시: 폴더 2개 (폴더 1: 20개, 폴더 2: 30개)</td></tr>
</table>

파트 3. 이미지 포맷 정보

<표 8-1-6-3>

<table>
<tr><th>No</th><th>항목</th><th>필수(M)/
선택(O)</th><th>도움말</th></tr>
<tr><td>1</td><td>Data_type
(데이터 종류)</td><td>M</td><td>설명(국문): 이미지 처리 유무

가능한 값: 다음 중 택일
<table>
<tr><th>No</th><th>가능한 값</th></tr>
<tr><td>1</td><td>Raw</td></tr>
<tr><td>2</td><td>Process</td></tr>
</table></td></tr>
<tr><td>2</td><td>Data_type - description
(데이터 종류)</td><td>M</td><td>설명(국문): 이미지 처리 방법

예시: 처리 방법 작성

비고: 항목 1의 값이 Process인 경우에만 해당</td></tr>
<tr><td>3</td><td>Image format
(이미지 포맷)</td><td>M</td><td>설명(국문): 이미지 포맷

예시:
TIFF, PNG, HDF5, DICOM, NIfTY, ND2, IMS 등</td></tr>
<tr><td>4</td><td>Image width X
(이미지 폭)</td><td>M</td><td>설명(국문): 이미지의 가로 크기

단위: 픽셀수</td></tr>
<tr><td>5</td><td>Image height Y
(이미지 높이)</td><td>M</td><td>설명(국문): 이미지의 세로 크기

단위: 픽셀수</td></tr>
<tr><td>6</td><td>Pixel size
(픽셀 크기)</td><td>M</td><td>설명(국문): 픽셀의 실제 크기

단위: um</td></tr>
<tr><td>7</td><td>Pixel type
(픽셀 타입)</td><td>M</td><td>설명(국문): 픽셀세기의 타입

예시:
<table>
<tr><th>예시</th></tr>
<tr><td>int8</td></tr>
<tr><td>int16</td></tr>
<tr><td>int32</td></tr>
<tr><td>uint8</td></tr>
<tr><td>uint16</td></tr>
<tr><td>unit32</td></tr>
<tr><td>float</td></tr>
<tr><td>double</td></tr>
<tr><td>complex</td></tr>
<tr><td>double-complex</td></tr>
<tr><td>bit</td></tr>
</table></td></tr>
<tr><td>8</td><td>Number of images
(이미지 수)</td><td>M</td><td>설명(국문): 데이터셋 당 이미지 장수
예시: 이미지 1: 20개, 이미지 2: 30개</td></tr>
<tr><td>9</td><td>Color channels
(컬러 체널 방식)</td><td>M</td><td>설명(국문): 이미지 컬러의 표현 방식

예시: RGB</td></tr>
<tr><td>10</td><td>Color channel number
(컬러 체널 개수)</td><td>M</td><td>설명(국문): 이미지 컬러 채널 개수

예시: 3</td></tr>
</table>

<table>
<tr><th>No</th><th>항목</th><th>필수(M)/
선택(O)</th><th>도움말</th></tr>
<tr><td>11</td><td>Spatial dimensions
(공간 차원)</td><td>M</td><td>설명(국문): 이미지의 공간차원

가능한 값: 다음 중 택일
<table>
<tr><th>No</th><th>가능한 값</th></tr>
<tr><td>1</td><td>2D</td></tr>
<tr><td>2</td><td>3D</td></tr>
</table></td></tr>
<tr><td>12</td><td>Spatial dimensions - Serial section
(공간 차원 - Serial section)</td><td>M</td><td>설명(국문): 이미지의 공간차원 - Serial section(section thickness)

단위: um

비고: 항목 11의 값이 3D인 경우에만 해당</td></tr>
<tr><td>13</td><td>Spatial dimensions - Tilt series
(공간 차원 - Tilt series)</td><td>M</td><td>설명(국문): 이미지의 공간차원 - Tilt series(tilt angle)

단위: degree

비고: 항목 11의 값이 3D인 경우에만 해당</td></tr>
<tr><td>14</td><td>Time dimensions
(시간 차원)</td><td>M</td><td>설명(국문): Timelapse 여부

가능한 값: 다음 중 택일
<table>
<tr><th>No</th><th>가능한 값</th></tr>
<tr><td>1</td><td>Yes</td></tr>
<tr><td>2</td><td>No</td></tr>
</table></td></tr>
<tr><td>15</td><td>Time dimensions - fps
(시간 차원 - 프레임 속도)</td><td>M</td><td>설명(국문): Timelapse 프레임 속도

예시: 5

단위: fps

비고: 항목 14의 값이 Yes인 경우에만 해당</td></tr>
<tr><td>16</td><td>Raw data
(원시데이터)</td><td>M</td><td>설명(영문): Raw data (Image format)
설명(국문): 항목 3의 이미지 포맷으로 정리된 원시데이터 파일

양식: 압축 파일 (Image format)
예시: ABC.zip</td></tr>
<tr><td>17</td><td>md5 value
(원시데이터의 MD5 checksum)</td><td>M</td><td>설명(영문): MD5 checksum of raw data
설명(국문): 원시데이터의 MD5 checksum

양식: text (MD5 checksum value)
예시: bc527343c7ffc103111f3a694b004e2f</td></tr>
<tr><td>18</td><td>Release date
(공개날짜)</td><td>M</td><td>설명(영문): Data release date
설명(힌글): 데이터 공개 날짜

양식: YYYY-MM-DD

예시: 2018-12-22</td></tr>
</table>

8.1.7 뇌 전자현미경 데이터

□ (작성자) 한국뇌연구원 김기범(뇌과학 작업반), 한국뇌연구원 문지영

□ (설명) 전자현미경으로 획득되는 molecule에서 cell까지 수준의 raw 이미지 데이터

□ 작성에 참고한 자료

○ Nature TECHNOLOGY FEATURE: https://www.nature.com/articles/d41586-020-00594-4

○ BioImage Archive: https://www.ebi.ac.uk/bioimage-archive/

○ EMPIAR schema: https://www.dropbox.com/s/w7544khbv6cerd1/empiar.html?dl=0

○ The Open Microscopy Environment: https://www.openmicroscopy.org

○ Cell Centered Database: https://calisphere.org/collections/26960/

파트 1. Sample details for electron microscopy

<표 8-1-7-1>

No	항목	필수(M)/선택(O)	도움말
1	Organism (생물종)	M	**설명(국문):** 실험에 사용된 생물의 학명 **예시:** Homo sapiens
2	Brain region (뇌 영역)	M	**설명(국문):** 기록된 뇌 영역 **예시:** whole brain, visual cortex layer V ※섹션 방향 명기 (sagittal, coronal, horizontal plane)
3	Category (분류)	M	**설명(국문):** 시료의 종류 **예시:** Molecule: 단백질종류 Cell: 세포종류 Tissue: 조직 내 층별 위치 또는 세포타입 정보
Sample prep method(시료 준비 방법)			
4	Fix solution (고정용액)	M	**설명(국문):** 시료 준비를 위해 사용된 고정용액에 대하여 기술 (Paraformaldehyde와 glutaraldehyde의 농도 등).
5	Buffer solution (버퍼용액)	M	**설명(국문):** 시료 준비를 위해 사용된 버퍼용액에 대하여 기술 (Solution 종류 등).
6	En bloc staining method (En bloc 염색방법)	M	**설명(국문):** 시료 준비를 위해 사용된 En bloc 염색방법에 대하여 기술 (OTO 농도와 반응시간 등)
7	Resin embedding method (Resin embedding 방법)	M	**설명(국문):** 시료 준비를 위해 사용된 resin embedding 방법에 대하여 기술 (Resin 종류 등).
8	Post-staining method (Post-staining 방법)	M	**설명(국문):** 시료 준비를 위해 사용된 post-staining 방법에 대하여 기술 (종류 및 여부 등)

파트 2. 전자현미경 실험정보

<표 8-1-7-2>

<table>
<tr><th>No</th><th>항목</th><th>필수(M)/
선택(O)</th><th>도움말</th></tr>
<tr><td>1</td><td>Exp_title
(실험제목)</td><td>M</td><td>설명(국문): 실험성격이 잘 드러나는 짧은 제목</td></tr>
<tr><td>2</td><td>Exp_date
(실험날짜)</td><td>M</td><td>설명(국문): 데이터 생성 날짜

양식: YYYY-MM-DD

예시: 2021-08-30</td></tr>
<tr><td>3</td><td>InstitutionName
(기관명)</td><td>M</td><td>설명(국문): 실험이 수행된 기관 이름

예시: 한국뇌연구원</td></tr>
<tr><td>4</td><td>InstitutionAddress
(기관주소)</td><td>M</td><td>설명(국문): 실험이 수행된 기관 주소</td></tr>
<tr><td>5</td><td>Frame Type - Micrograpе
(프레임 타입 - Micrograpе)</td><td>M</td><td>설명(국문): 영상의 각 프레임의 특성을 설명 - Micrograpе

예시: SingleFrame, MultiFrame, TiltSeries, FocalPairs, StichedFame</td></tr>
<tr><td>6</td><td>Frame Type - Particle
(프레임 타입 - Particle)</td><td>M</td><td>설명(국문): 영상의 각 프레임의 특성을 설명 - Particle

예시: SingleFrame, MultiFrame</td></tr>
<tr><td>7</td><td>Imaging method
(이미징 방법)</td><td>M</td><td>설명(국문): 이미지를 얻는데 사용된 광학적 방법

예시:
<table>
<tr><th>예시</th></tr>
<tr><td>INSILICO</td></tr>
<tr><td>SXT</td></tr>
<tr><td>FIB-SEM</td></tr>
<tr><td>IHM</td></tr>
<tr><td>SBF-SEM</td></tr>
<tr><td>CLXM</td></tr>
<tr><td>CLEM</td></tr>
<tr><td>MicroED</td></tr>
<tr><td>serial section-SEM</td></tr>
<tr><td>serial section-TEM</td></tr>
<tr><td>TEM</td></tr>
<tr><td>SEM</td></tr>
<tr><td>High voltage EM</td></tr>
<tr><td>Cryo-ET</td></tr>
<tr><td>Cryo-TEM</td></tr>
</table></td></tr>
<tr><td>8</td><td>Microscope - Manufacturer
(현미경 종류 - 제조사)</td><td>M</td><td>설명(국문): 이미지를 얻는데 사용된 현미경의 제조사

예시: ZEISS</td></tr>
<tr><td>9</td><td>Microscope - Model
(현미경 종류 - 모델)</td><td>M</td><td>설명(국문): 이미지를 얻는데 사용된 현미경의 모델

예시: GeminiSEM 360</td></tr>
<tr><td>10</td><td>BeamSource - Power
(전자빔 조건 - 파워)</td><td>M</td><td>설명(국문): 이미지를 얻는데 사용된 전자빔의 조건 - 파워(Electronenergy(KeV)).</td></tr>
<tr><td>11</td><td>BeamSource - Scan speed per pixel
(전자빔 조건 - 픽셀 당 스캔 속도)</td><td>M</td><td>설명(국문): 이미지를 얻는데 사용된 전자빔의 조건 - 픽셀 당 스캔 속도(SEM).</td></tr>
</table>

<table>
<tr><th>No</th><th>항목</th><th>필수(M)/
선택(O)</th><th>도움말</th></tr>
<tr><td>12</td><td>BeamSource - Exposure time
(전자빔 조건 - 노출시간)</td><td>M</td><td>설명(국문): 이미지를 얻는데 사용된 전자빔의 조건 - 노출시간(TEM)</td></tr>
<tr><td>13</td><td>ScanType
(전자빔 스캔 타입)</td><td>O</td><td>설명(국문): 이미지를 얻는데 사용된 전자빔 스캔 타입

예시: Beam scan</td></tr>
<tr><td>14</td><td>Detector - Type
(Detector 종류)</td><td>M</td><td>설명(국문): 이미지를 얻는데 사용된 센서의 종류

예시:
<table><tr><th>예시</th></tr><tr><td>CCD</td></tr><tr><td>CMOS</td></tr><tr><td>Direct electron detector</td></tr></table></td></tr>
<tr><td>15</td><td>Detector - Manufacturer
(Detector 제조사)</td><td>M</td><td>설명(국문): 이미지를 얻는데 사용된 센서의 제조사</td></tr>
<tr><td>16</td><td>Instrument - Model
(Detector 제조사 모델)</td><td>M</td><td>설명(국문): 이미지를 얻는데 사용된 센서의 모델</td></tr>
<tr><td>17</td><td>Serial section (Z)</td><td>M</td><td>설명(국문): Z-section 여부

가능한 값: 다음 중 택일
<table><tr><th>No</th><th>가능한 값</th></tr><tr><td>1</td><td>Yes</td></tr><tr><td>2</td><td>No</td></tr></table></td></tr>
<tr><td>18</td><td>Serial section (Z) - thickness</td><td>M</td><td>설명(국문): Z-section 두께

예시: 10

단위: nm

비고: 항목 17의 값이 1인 경우에만 해당</td></tr>
<tr><td>19</td><td>Tilt series
(Tilt 여부)</td><td>M</td><td>설명(국문): Tilt 여부

가능한 값: 다음 중 택일
<table><tr><th>No</th><th>가능한 값</th></tr><tr><td>1</td><td>Yes</td></tr><tr><td>2</td><td>No</td></tr></table></td></tr>
<tr><td>20</td><td>Tilt angle
(Tilt 각도)</td><td>M</td><td>설명(국문): Tilt 각도

예시: 1

단위: degree

비고: 항목 19의 값이 1인 경우에만 해당</td></tr>
<tr><td>21</td><td>Num_dataset
(데이터 개수)</td><td>M</td><td>설명(국문): 데이터 셋의 개수(파일 또는 폴더)

예시: 폴더 2개 (폴더 1: 파일 20개, 폴더 2: 파일 30개)

* 타 장비와 연동되는 데이터일 경우 (CLEM 등)는 연계되는 데이터의 등록코드 필요</td></tr>
</table>

파트 3. 이미지 포맷 정보

<표 8-1-7-3>

<table>
<tr><th>No</th><th>항목</th><th>필수(M)/
선택(O)</th><th>도움말</th></tr>
<tr><td>1</td><td>Data_type</td><td>M</td><td>설명(국문): 이미지 처리 유무

가능한 값: 다음 중 택일
<table>
<tr><th>No</th><th>가능한 값</th></tr>
<tr><td>1</td><td>Raw</td></tr>
<tr><td>2</td><td>Processed</td></tr>
</table></td></tr>
<tr><td>2</td><td>Description of image processing</td><td>M</td><td>설명(국문): 이미지 처리 설명

비고: 항목 1의 값이 Processed인 경우에만 해당</td></tr>
<tr><td>3</td><td>Image format</td><td>M</td><td>설명(국문): 이미지 포맷

예시:
<table>
<tr><th>예시</th></tr>
<tr><td>TIFF</td></tr>
<tr><td>DM4</td></tr>
<tr><td>PNG</td></tr>
<tr><td>MRC</td></tr>
<tr><td>IMAGIC</td></tr>
<tr><td>HDF5</td></tr>
<tr><td>EER</td></tr>
</table></td></tr>
<tr><td>4</td><td>Image width (X)</td><td>M</td><td>설명(국문): 이미지의 가로 크기

단위: 픽셀수</td></tr>
<tr><td>5</td><td>Image height (Y)</td><td>M</td><td>설명(국문): 이미지의 세로 크기

단위: 픽셀수</td></tr>
<tr><td>6</td><td>Serial section (Z)</td><td>M</td><td>설명(국문): Z-section 여부

가능한 값: 다음 중 택일
<table>
<tr><th>No</th><th>가능한 값</th></tr>
<tr><td>1</td><td>Yes</td></tr>
<tr><td>2</td><td>No</td></tr>
</table></td></tr>
<tr><td>7</td><td>Serial section (Z) - thickness</td><td>M</td><td>설명(국문): Z-section 두께

예시: 10

단위: nm

비고: 항목 17의 값이 1인 경우에만 해당</td></tr>
<tr><td>8</td><td>Pixel size</td><td>M</td><td>설명(국문): 픽셀의 실제 크기

단위: nm</td></tr>
</table>

<table>
<tr><th>No</th><th>항목</th><th>필수(M)/
선택(O)</th><th>도움말</th></tr>
<tr><td>9</td><td>Pixel type</td><td>M</td><td>설명(국문): 픽셀세기의 타입

예시:
<table><tr><th>예시</th></tr><tr><td>int8</td></tr><tr><td>int16</td></tr><tr><td>int32</td></tr><tr><td>uint8</td></tr><tr><td>uint16</td></tr><tr><td>unit32</td></tr><tr><td>float32</td></tr><tr><td>bit</td></tr></table></td></tr>
<tr><td>10</td><td>Number of images</td><td>M</td><td>설명(영문): Number of images
설명(국문): 이미지 개수</td></tr>
<tr><td>11</td><td>Color channels
(컬러 체널 방식)</td><td>M</td><td>설명(국문): 이미지 컬러의 표현 방식

예시: RGB</td></tr>
<tr><td>12</td><td>Color channel number
(컬러 체널 개수)</td><td>M</td><td>설명(국문): 이미지 컬러 채널 개수

예시: 3</td></tr>
<tr><td>13</td><td>Raw data
(원시데이터)</td><td>M</td><td>설명(영문): Raw data (Image format)
설명(국문): 항목 3의 이미지 포맷으로 정리된 원시데이터 파일

양식: 압축 파일 (Image format)
예시: ABC.zip</td></tr>
<tr><td>14</td><td>md5 value
(원시데이터의 MD5 checksum)</td><td>M</td><td>설명(영문): MD5 checksum of raw data
설명(국문): 원시데이터의 MD5 checksum

양식: text (MD5 checksum value)
예시: bc527343c7ffc103111f3a694b004e2f</td></tr>
<tr><td>15</td><td>Release date
(공개날짜)</td><td>M</td><td>설명(영문): Data release date
설명(국문): 데이터 공개 날짜

양식: YYYY-MM-DD

예시: 2018-12-22</td></tr>
</table>

8.1.8 동물 생체신호 데이터

□ (작성자) 서울대학교 이용석(뇌과학 작업반), 한국뇌연구원 구자욱(뇌과학 작업반), UNIST 김성필(뇌과학 작업반), UNIST 김형

□ (설명) 실험동물의 뇌에서 측정한 전기-화학적 생체신호 데이터. 세포에서 측정하거나, 뇌절편에서 측정하거나, 또는 행동 중에 측정하는 경우를 포함함

□ 참고 자료

○ Neurotycho (http://neurotycho.org/)

-일본 RIKEN Dr. Naotaka Fujii가 개발하고 주로 원숭이 ECoG 결과를 수집

-다양한 행동 수행 중 얻어진 ECoG 결과 수록

○ Collaborative Research in Computational Neuroscience (https://crcns.org/)

-여러 동물 모델에서 얻어진 extracellular recording, ECog, EEG 결과 수집

-상위 분류 level에서는 포유류 뇌 부위, 기타 동물(조류, 곤충, 군소 등)

-하위 분류는 개별 실험 별로 분류

-개별 실험 안에는 다음 내용 포함: 실험에 대한 정보(세포, 자극, 데이터 포맷), Conditions(데이터 사용에 대한 조건), 데이터 다운로드

파트 1. Sample details

<표 8-1-8-1>

No	항목	필수(M)/ 선택(O)	도움말
1	Organism (생물명)	M	**설명(국문):** 실험에 사용된 생물의 학명 **예시:** Homo sapiens
2	Brain region (뇌 영역)	O	**설명(국문):** 기록된 뇌 영역 **예시:** whole brain, visual cortex
3	Sample type (샘플 종류)	M	**설명(국문):** 실험에 적용된 시료의 속성 **예시:** Cell, Tissue, in vivo

<table>
<tr><td>4</td><td>Dimension
(측정 항목)</td><td>O</td><td>가능한 값: 다음 중 택일
<table><tr><th>No</th><th>가능한 값</th></tr><tr><td>1</td><td>전기신호</td></tr><tr><td>2</td><td>화학신호(Dopamine, BDNF, calcium, etc)</td></tr><tr><td>3</td><td>활성이미지</td></tr><tr><td>4</td><td>분광이미지</td></tr><tr><td>5</td><td>기타</td></tr></table></td></tr>
<tr><td>5</td><td>Range
(측정 범위)</td><td>O</td><td>가능한 값: 다음 중 택일
<table><tr><th>No</th><th>가능한 값</th></tr><tr><td>1</td><td>LFP</td></tr><tr><td>2</td><td>Single unit multi-channel</td></tr><tr><td>3</td><td>기타</td></tr></table></td></tr>
</table>

파트 2. 동물 생체신호 실험정보

<표 8-1-8-2>

No	항목	필수(M)/ 선택(O)	도움말
1	Exp_title (실험제목)	M	**설명(국문):** 실험성격이 잘 드러나는 짧은 제목
2	Exp_date (실험날짜)	M	**설명(국문):** 실험이 수행된 날짜 **양식:** YYYY-MM-DD **예시:** 2018-12-22
3	Exp_place (실험장소)	M	**설명(국문):** 실험이 수행된 장소
4	Exp_apparatus - Manufacturer (실험기기 - 제조사)	M	**설명(국문):** 실험기기 제조사
5	Exp_apparatus - Model (실험기기 - 모델)	M	**설명(국문):** 실험기기 모델
6	Exp_apparatus - Description (실험기기 - 설명)	M	**설명(국문):** 실험기기 설명
7	Pretreatment or Taskname (전처리 및 행동실험)	O	**설명(국문):** 측정 전 전처리 실험 및 수행한 행동 실험 **예시:** Visual grating task

No	항목	필수(M)/ 선택(O)	도움말
8	Pretreatment or Taskname - Description (전처리 및 행동실험 설명)	O	**설명(국문):** 측정전 전처리 실험 및 수행한 행동 실험 설명 **예시:** Monkey was sitting with head fixed. His armmotion was also restrained. ECoG data and eye position were recorded. There was a monitor in front of the monkey. Grating pattern that moves in eight direction was presented on the screen. There was no fixation required. Blank and stimulus pattern were switched alternatively every 2sec. Stimulus events can be decoded from 129 th channel by analog value. ECoG data were sampled at 1KHz. One cycle of sinusoid pattern was 27mm with speed at 108mm/sec(4Hz). Distance between monkey and screen was 490mm.
9	Recording probe - Manufacturer (기록 전극 - 제조사)	M	**설명(국문):** 기록 전극 - 제조사 **예시:** 10x10 extra cellular electrode arrays
10	Recording probe - Model (기록 전극 - 모델)	M	**설명(국문):** 기록 전극 - 모델 **예시:** 10x10 extra cellular electrode arrays
11	Amplifier - Manufacturer (증폭기 - 제조사)	M	**설명(국문):** 증폭기 - 제조사 **예시:** Neuralynx
12	Amplifier - Model (증폭기 - 모델)	M	**설명(국문):** 증폭기 - 모델 **예시:** Digital Lynx 16SX
13	Acquisition software (데이터 수집 프로그램)	M	**설명(국문):** 사용한 수집 프로그램 **예시:** custom Matlab code
14	Data type (전기생리 데이터 타입)	M	**설명(국문):** 기록한 데이터 타입 **예시:** ECoG
15	Data file type (전기생리 데이터 파일 타입)	M	**설명(국문):** 기록한 데이터 파일 형식 **예시:** Matlab
16	Raw data (원시데이터)	M	**설명(영문):** Raw data (Matlab format) **설명(국문):** Matlab 포맷으로 정리된 원시데이터 파일 **양식:** 압축 파일 (Matlab format) **예시:** ABC.zip
17	md5 value (원시데이터의 MD5 checksum)	M	**설명(영문):** MD5 checksum of raw data **설명(국문):** 원시데이터의 MD5 checksum **양식:** text (MD5 checksum value) **예시:** bc527343c7ffc103111f3a694b004e2f
18	Release date (공개날짜)	M	**설명(영문):** Data release date **설명(국문):** 데이터 공개 날짜 **양식:** YYYY-MM-DD **예시:** 2018-12-22

8.2 의료기기 연구 데이터

8.2.1 의료기기 연구 기본 정보

□ (작성자) 헬스올 도형호(의료기기 작업반), 범부처전주기의료기기사업단 김법민(의료기기 작업반)

□ (설명) 본 등록양식은 **의료기기 및 이를 이용한 시험연구에 대한 기본적인 정보를 등록할 때 사용**되며, 생체신호/의료영상 등 특정 실험 데이터가 어떤 기기 및 연구 디자인에 따라 생성되었는지를 알려주는 기초 정보를 수록함

□ 작성에 참고한 자료

구분	참고 자료
ClinicalTrials.gov (NIH의 임상시험 DB)의 등록 데이터 양식	임상시험 등록 및 결과정보 제출 요건: https://clinicaltrials.gov/ct2/manage-recs/fdaaa#WhenDoINeedToRegister
	임상시험 결과 제출 방법: https://clinicaltrials.gov/ct2/manage-recs/how-report
	임상시험 결과 데이터 요소 정의: https://prsinfo.clinicaltrials.gov/results_definitions.html#Result_ParticipantFlow
	(예시1) 우울증에 대한 모바일 중재 인공지능 임상시험(AIM) https://clinicaltrials.gov/ct2/show/results/NCT02801877?rslt=With&cond=artificial+intelligence&draw=2&rank=1
	(예시2) 응급실 폐렴 진단을 위한 흉부 X-ray와 폐 초음파 무작위 대조 비교시험 https://clinicaltrials.gov/ct2/show/results/NCT01909180?rslt=With&cond=x-ray&draw=2&rank=2
	(예시3) ENABLEMRI(Magnetic Resonance Imaging) (ENABLE-MRI) https://clinicaltrials.gov/ct2/show/results/NCT02652481?rslt=With&cond=MRI&draw=2&rank=9
비임상시험 관련 데이터 등록 항목	국내 식약처 비임상시험 제도(GLP)
	생물학적 안전성 시험(ISO10993)

<표 8-2-1>

<table>
<tr><th>No</th><th>항목</th><th>필수(M)/
선택(O)</th><th>도움말</th></tr>
<tr><td>1</td><td>Study name
(연구제목)</td><td>M</td><td>설명(국문): 연구 제목

예시: 신속진단이 지원되는 RT-PCR방식의 분자진단기기 개발</td></tr>
<tr><td>2</td><td>Summary
(연구요약)</td><td>M</td><td>설명(국문): 연구에 대한 요약

예시: 본 연구에서는 신속진단이 지원되고 다양한 분자진단이 지원되는 RT-PCR방식의 분자진단기기의 개발을 수행함. 특히 등온증폭방식과 TR-PCR방식을 동시에 진행할 수 있고 여러 가지 정량 테스트를 진행할 수 있도록 연구를 진행함</td></tr>
<tr><td>3</td><td>Medical devices
(시험/연구용 의료기기)</td><td>O</td><td>설명(국문): 안전성·유효성을 확인하고자 하는 시험 또는 연구용 의료기기의 제품명/모델명. 프로토타입 등의 경우, 개발 중인 제품명/모델명 기입

예시: 신속분자진단기기/KOPCT-K200 (프로토타입)</td></tr>
<tr><td>4</td><td>Type of medical devices
(의료기기 분류)</td><td>M</td><td>설명(국문): 의료기기 분류

가능한 값: 다음 중 선택(택일)
<table>
<tr><th>No</th><th>대분류명</th></tr>
<tr><td>1</td><td>방사선 영상진단기기</td></tr>
<tr><td>2</td><td>생체계측기기</td></tr>
<tr><td>3</td><td>체외진단기기</td></tr>
<tr><td>4</td><td>진료장치</td></tr>
<tr><td>5</td><td>마취 및 호흡기기</td></tr>
<tr><td>6</td><td>전동식(active) 수술 및 치료기기</td></tr>
<tr><td>7</td><td>비전동식(non-active) 수술 및 치료기구</td></tr>
<tr><td>8</td><td>정형용품</td></tr>
<tr><td>9</td><td>내장기능대용기(인공장기)</td></tr>
<tr><td>10</td><td>의료영 경</td></tr>
<tr><td>11</td><td>의료용품</td></tr>
<tr><td>12</td><td>치과용 기기·기계</td></tr>
<tr><td>13</td><td>치과재료</td></tr>
<tr><td>14</td><td>가정용 치료기기</td></tr>
<tr><td>15</td><td>재활기기</td></tr>
<tr><td>16</td><td>체외진단용 시약</td></tr>
</table>
* 한국보건산업진흥원의 의료기기 유형별 분류에 따름</td></tr>
<tr><td>5</td><td>Classification of medical devices
(의료기기 품목 및 등급)</td><td>O</td><td>설명(국문): 식약처 의료기기 품목 및 품목별 등급이 나와 있는 경우만 입력

예시:
<table>
<tr><th>대분류</th><th>대분류 명</th><th>중분류</th><th>중분류 명</th><th>소분류</th><th>소분류 명</th><th>등급</th></tr>
<tr><td rowspan="2">A</td><td rowspan="2">기구·기계
Medical Instruments</td><td rowspan="2">A01000</td><td rowspan="2">진료대와 수술대</td><td>A01010.01</td><td>범용수동식진료대</td><td>1</td></tr>
<tr><td>A01010.02</td><td>범용수동유압식진료대</td><td>1</td></tr>
<tr><td>…</td><td>…</td><td>…</td><td>…</td><td>…</td><td>…</td><td>…</td></tr>
</table>
예시1: (복수일 경우) 복수일 경우 품목사이에 ‘&’표시
A90010.01 1등급 유헬스케어 게이트웨이 [1등급] &
E01020.01 심전도분석소프트웨어 [2등급]
예시2: (단일 값일 경우)
A01010.01 범용수동식진료대 [1등급]
예시3: (의료기기 품목에 없을 경우) 품목으로 분류할 수 없는 기기
N/A</td></tr>
<tr><td>6</td><td>Manufacturer
(제조소)</td><td>O</td><td>설명(국문): 시험/연구용 의료기기 제조소

예시: ㈜ 코리아위탁테크놀로지</td></tr>
</table>

<table>
<tr><th>No</th><th>항목</th><th>필수(M)/
선택(O)</th><th>도움말</th></tr>
<tr><td>7</td><td>UDI type
(의료기기
고유식별코드 타입)</td><td>O</td><td>설명(국문): 의료기기 표준식별코드 종류. UDI(Unique Device Identifier)는 의료기기 제조 및 수입업자가 의료기기에 표시하는 자동식별코드로서 제조/수입/유통/사용 등 의료기기 제품 전주기에 대한 정보를 수집 및 관리하는 시스템임. UDI는 UDI-DI(Device Identifier)와 UDI-PI(Production Identifier)의 조합으로 구성되는데, 우리나라의 경우 대한상공회의소 유통물류진흥원에서 발급함(GS1의 경우). UTI type은 UDI 코드체계 정보를 작성

예시: GS1-128, EAN-13, GS1 Datamatrix, HIBCC, ICCBBA 등</td></tr>
<tr><td>8</td><td>UDI code
(의료기기
고유식별코드)</td><td>O(M)</td><td>설명(국문): 의료기기 표준식별코드 입력(DI/PI). 도입한 등급의 의료기기부터 우선. UDI 사용 의무적용 기간이 의료기기 등급에 따라 상이하며, 국외 제조 의료기기의 경우 UDI를 우선 적용한 제품이 있어 Optional 또는 국내 의무 적용 후는 Mandatory로 기입

예시: (01)8801234560016(17)221231(10)TEST12345</td></tr>
<tr><td>9</td><td>Dept in healthcare organization used in
(의료기관에서
사용되는 부서)</td><td>O</td><td>설명(국문): 다음 등과 같은 값을 입력(복수 입력 가능)
<table><tr><th>예시</th></tr><tr><td>호흡기 내과</td></tr><tr><td>순환기 내과</td></tr><tr><td>소화기 내과</td></tr><tr><td>진단검사의학과</td></tr><tr><td>방사선종양학과</td></tr><tr><td>가정</td></tr><tr><td>운동시설</td></tr><tr><td>기타</td></tr></table>
예시1: (복수일 경우): 복수일 경우 항목사이에 ‘&’표시
호흡기 내과&순환기 내과&운동시설
예시2: (단일값일 경우)
비뇨기과</td></tr>
<tr><td>10</td><td>Target body site or specimen
(대상이 되는
신체부위 혹은
검체)</td><td>M</td><td>설명(국문): 다음 등과 같은 값을 입력(복수 입력 가능)
<table><tr><th>예시</th></tr><tr><td>혈액</td></tr><tr><td>소변</td></tr><tr><td>타액</td></tr><tr><td>머리</td></tr><tr><td>가슴</td></tr><tr><td>해당 없음</td></tr></table>
예시1: (복수일 경우): 복수일 경우 사이에 ‘&’표시
혈액&타액
예시2: (단일값일 경우)
머리</td></tr>
<tr><td>11</td><td>Data
(측정 데이터)</td><td>M</td><td>설명(국문): 의료기기를 통해 수집하고자 하는 데이터

예시: ECG, 의료영상, 혈당 등</td></tr>
<tr><td>12</td><td>Data type
(데이터 표준)</td><td>O</td><td>설명(국문): 수집되는 데이터의 종류 및 표준

예시: DICOM, HL7, 자체규약(company proprietary) 등</td></tr>
<tr><td>13</td><td>Data exchange with computer systems
(데이터 연동 여부)</td><td>O</td><td>설명(국문): 병원정보시스템(HIS) 등과 수집 데이터의 연동 여부

예시: O, X</td></tr>
<tr><td>14</td><td>Publications
(간행물(논문 등))</td><td>O</td><td>설명(국문): 해당 시험/연구를 통해 발행한 논문 등

예시1: (논문) 홍길동, “비침습 의료기기 성능향상에 대한 연구”, 대한의용공학회지, 8권(2021), p25-40
예시2: (인터넷) medical equipment, 2021.7.11., www.medicaleq.com
예시3: (단행본) 홍길동, “의용전자공학”, 홍길동출판사(2012)</td></tr>
</table>

<table>
<tr><th>No</th><th>항목</th><th>필수(M)/
선택(O)</th><th>도움말</th></tr>
<tr><td>15</td><td>Advance research
(사전 연구)</td><td>O</td><td>설명(국문): 수행한 (또는 수행 예정인) 시험/연구 관련 선행 연구

예시1: (정부지원 유) “의료기기 비침습 사전 연구” 2019, 한국대학교, 산업통상자원부
예시2: (정부지원 무 자체) “의료기기 비침습 효용성 검증 연구” 2020, 주식회사 의료혁신</td></tr>
<tr><td>16</td><td>Trial type
(시험/연구 종류)</td><td>M</td><td>설명(국문): 시험/연구 종류

가능한 값: 다음 중 선택(택일)
<table>
<tr><th>No</th><th>시험 종류</th></tr>
<tr><td>1</td><td>임상시험(IIT)</td></tr>
<tr><td>2</td><td>임상시험(SIT)</td></tr>
<tr><td>3</td><td>임상시험(PMS)</td></tr>
<tr><td>4</td><td>비임상시험(또는 성능평가)</td></tr>
</table>

비고: 이 항목의 값이 임상시험이면 이 테이블의 항목 17-39를 입력하며, 비임상시험이면 항목 40-46을 입력함</td></tr>
<tr><td>17</td><td>Clinical study design
(임상시험 설계)</td><td>M</td><td>설명(국문): 임상시험 설계에 대한 요약. 다음과 같은 사항을 작성

예시:
<table>
<tr><th>구분</th><th>내용</th></tr>
<tr><td>샘플링 방법</td><td>무작위 추출 등</td></tr>
<tr><td>검증방법</td><td>비열등성 시험 등</td></tr>
<tr><td>시험 방법</td><td>교차설계/평행설계 등</td></tr>
</table>

예시: 샘플링방법(무작위 추출)</td></tr>
<tr><td>18</td><td>Study stage
(임상시험 단계)</td><td>O</td><td>설명(국문): 임상시험 단계

가능한 값: 다음 중 선택(택일)
<table>
<tr><th>No</th><th>가능한 값</th><th>설명</th></tr>
<tr><td>1</td><td>PoC study</td><td>개념입증연구</td></tr>
<tr><td>2</td><td>Feasibility study</td><td>탐색연구</td></tr>
<tr><td>3</td><td>Pivotal study</td><td>확증연구(허가목적)</td></tr>
<tr><td>4</td><td>PMS</td><td>시판 후 연구</td></tr>
</table></td></tr>
<tr><td>19</td><td>Participants
(임상시험 대상자)</td><td>M</td><td>설명(국문): 임상시험 대상 질환/연령 및 인원(개체 수) 등

예시: 알츠하이머성 치매군/ 60~75세 /남여구분없음/ 100명</td></tr>
<tr><td>20</td><td>Initial participants
(최초 등록된 피험자)</td><td>M</td><td>설명(국문): 임상시험 참가자(피험자) 수 (남·여/연령 등 기본사항 기입)

예시:
<table>
<tr><th colspan="2">기준</th><th>피험자 수</th></tr>
<tr><td rowspan="4">연령</td><td>총 합</td><td></td></tr>
<tr><td><= 18세</td><td></td></tr>
<tr><td>18~65세</td><td></td></tr>
<tr><td>>= 65세</td><td></td></tr>
<tr><td rowspan="2">성별</td><td>남</td><td></td></tr>
<tr><td>여</td><td></td></tr>
</table></td></tr>
</table>

<table>
<tr><th>No</th><th>항목</th><th>필수(M)/
선택(O)</th><th>도움말</th></tr>
<tr><td>21</td><td>Completed participants
(최종 완료한 피험자)</td><td>M</td><td>설명(국문): 임상시험 참가자(피험자) 수 (남·여/연령 등 기본사항 기입)

예시:
<table>
<tr><th colspan="2">기준</th><th>피험자 수</th></tr>
<tr><td rowspan="4">연령</td><td>총 합</td><td></td></tr>
<tr><td><= 18세</td><td></td></tr>
<tr><td>18~65세</td><td></td></tr>
<tr><td>>= 65세</td><td></td></tr>
<tr><td rowspan="2">성별</td><td>남</td><td></td></tr>
<tr><td>여</td><td></td></tr>
</table></td></tr>
<tr><td>22</td><td>Inclusion criteria
(선정기준)</td><td>M</td><td>설명(국문): 임상시험 피험자 선정 기준

예시: 국소 진행성 또는 전의성 비소세포함이 조작학적 또는 세포학적으로 확진한 환자</td></tr>
<tr><td>23</td><td>Exclusion criteria
(제외기준)</td><td>M</td><td>설명(국문): 임상시험 피험자 제외 기준

예시: 미성년자와 의사결정 능력이 결여 또는 저하된 성인</td></tr>
<tr><td>24</td><td>Start date
(임상시험 시작일자)</td><td>M</td><td>설명(국문): 임상시험 첫 실시 날짜(첫 번째 피험자 시작)

예시: 2021.5.1</td></tr>
<tr><td>25</td><td>End date
(임상시험 종료일자)</td><td>M</td><td>설명(국문): 임상시험 실시 최종 날짜(마지막 피험자 시험 종료)

예시: 2021.7.1</td></tr>
<tr><td>26</td><td>Sponsor
(의뢰자)</td><td>O</td><td>설명(국문): SIT/PMS 등 의뢰자가 있을 시 입력

예시1: (사람일 경우) 홍길동
예시2: (기관일 경우) 주식회사 의뢰사</td></tr>
<tr><td>27</td><td>Clinical trial institution
(실시기관)</td><td>M</td><td>설명(국문): 임상시험 실시기관

예시: 한국대학교 병원</td></tr>
<tr><td>28</td><td>IRB
(Institutional Review Board)
(임상시험연구윤리위원회)</td><td>M</td><td>설명(국문): 단일/다기관 임상시험 시 임상시험 계획서를 승인받은 IRB

예시: 한국대학교병원 의학연구윤리심의위원회</td></tr>
<tr><td>29</td><td>CRO
(Contract Research Organization)
(임상시험 수탁기관)</td><td>O</td><td>설명(국문): CRO 연계 실시 경우, 위탁한 CRO 입력

예시: XXX-CRO</td></tr>
</table>

<table>
<tr><th>No</th><th>항목</th><th>필수(M)/
선택(O)</th><th>도움말</th></tr>
<tr><td>30</td><td>Adversed event
(이상사례)</td><td>M</td><td>설명(국문): 임상시험 실시 중(또는 실시 후) 발생한 부작용 및 이상사례

<table>
<tr><th>구분</th><th>세부내용</th></tr>
<tr><td>이상사례 종류</td><td>- 사망이나 생명에 위협을 주는 부작용을 초래한 경우
- 입원 또는 입원기간의 연장이 필요한 경우
- 회복이 불가능하거나 심각한 불구 또는 기능 저하를 초래하는 경우
- 선천적 기형 또는 이상을 초래하는 경우
- 기타</td></tr>
<tr><td>최초 발견</td><td>최초 발견 일자</td></tr>
<tr><td>조치사항</td><td>연구책임자의 조치사항</td></tr>
<tr><td>결과</td><td>조치 후 결과</td></tr>
</table>

예시:
<table>
<tr><th>구분</th><th>세부내용</th></tr>
<tr><td>이상사례 종류</td><td>- 기기 사용시 아주 낮은 확률으로 생물학적 피부 트러블이 발생할 수 있음</td></tr>
<tr><td>최초 발견</td><td>- 2021.5.5</td></tr>
<tr><td>조치사항</td><td>- 생물학적 피부 트러블 발생 사항 분석 및 안내서 작성</td></tr>
<tr><td>결과</td><td>- 발생분석의 결과로 소아(10세 미만) 사용을 지양하도록 조치</td></tr>
</table></td></tr>
<tr><td>31</td><td>Control devices UDI type
(대조군 고유식별코드 종류)</td><td>O</td><td>설명(국문): GS1-128/Datamatrix, HIBCC, ICCBBA 등 (1차원/2차원 바코드 및 RFID 포함)

예시: ICCBBA</td></tr>
<tr><td>32</td><td>Control devices UDI code
(대조군 고유식별코드)</td><td>O(M)</td><td>설명(국문): 의료기기 표준식별코드 입력(DI/PI). 도입한 등급의 의료기기부터 우선. UDI 사용 의무적용 기간이 의료기기 등급에 따라 상이하며, 국외 제조 의료기기의 경우 UDI를 우선 적용한 제품이 있어 Optional 또는 국내 의무 적용 후는 Mandatory로 기입

예시: (01) 880 1234 56001 6 (17) 221231 (10) COMPARE12345</td></tr>
<tr><td>33</td><td>Control devices
(대조군 의료기기)</td><td>O</td><td>설명(국문): 임상시험에서 안전성·유효성을 확인하고자 하는 의료기기의 대조군으로 지정된 의료기기의 제품명/모델명

예시: ONETIME(휴대용 소변분석기) /PUA-X1000</td></tr>
<tr><td>34</td><td>Classification of control devices
(대조군 품목 및 등급)</td><td>O</td><td>설명(국문): 식약처 의료기기 품목 및 품목별 등급이 나와 있는 경우만 입력

예시:
<table>
<tr><th>대분류</th><th>대분류 명</th><th>중분류</th><th>중분류 명</th><th>소분류</th><th>소분류 명</th><th>등급</th></tr>
<tr><td rowspan="2">A</td><td rowspan="2">기구·기계
Medical Instruments</td><td rowspan="2">A01000</td><td rowspan="2">진료대와 수술대</td><td>A01010.01</td><td>범용수동식진료대</td><td>1</td></tr>
<tr><td>A01010.02</td><td>범용수동유압식진료대</td><td>1</td></tr>
<tr><td>…</td><td>…</td><td>…</td><td>…</td><td>…</td><td>…</td><td>…</td></tr>
</table>

예시1: (복수일 경우) 복수일 경우 품목사이에 ‘&’표시
A90010.01 1등급 유헬스케어 게이트웨이 [1등급] &
E01020.01 심전도분석소프트웨어 [2등급]
예시2: (단일 값일 경우)
A01010.01 범용수동식진료대 [1등급]
예시3: (의료기기 품목에 없을 경우) 품목으로 분류할 수 없는 기기 N/A</td></tr>
<tr><td>35</td><td>Control device manufacturer
(대조군 제조소)</td><td>O</td><td>설명: 대조군 제품 제조사(또는 수입사)

예시: Philips healthcare</td></tr>
</table>

<table>
<tr><th>No</th><th>항목</th><th>필수(M)/
선택(O)</th><th>도움말</th></tr>
<tr><td>36</td><td>CRF (Case Report Form)
(증례기록서)</td><td>O</td><td>설명: 임상시험에 사용된 증례기록서 파일 업로드</td></tr>
<tr><td>37</td><td>Questionnaire
(설문지)</td><td>O</td><td>설명: 임상시험에 사용된 설문지 파일 업로드</td></tr>
<tr><td>38</td><td>Software
(소프트웨어)</td><td>O</td><td>설명: 임상시험에 사용되는 의료기기와 연동되는 소프트웨어(제품명/제조소/설명)

예시: K진단소프트웨어/의료기기주식회사/진단 아날로그 값을 디지털값으로 변환하여 진단정확도를 볼 수 있도록 도와주는 소프트웨어</td></tr>
<tr><td>39</td><td>Statistical test
(통계분석법)</td><td>M</td><td>설명: 임상시험 결과를 분석한 통계분석법

예시: 일월배치 분산분석법</td></tr>
<tr><td>40</td><td>Non-Clinical trial institution
(비임상시험 실시기관)</td><td>O</td><td>설명: 비임상시험 실시기관명(식약처 지정 기관)

예시:
<table>
<tr><th>No</th><th>비임상시험 실시기관(20.08.28 기준)</th></tr>
<tr><td>1</td><td>(재)한국화학융합시험연구원 화순</td></tr>
<tr><td>2</td><td>한국산업기술시험원(KTL)</td></tr>
<tr><td>3</td><td>㈜켐온 비임상연구소</td></tr>
<tr><td>4</td><td>대구경북첨단의료산업진흥재단 첨단의료기기개발지원센터</td></tr>
<tr><td>5</td><td>(재)한국건설생활환경시험연구원 바이오본부</td></tr>
<tr><td>6</td><td>(재)오송첨단의료산업진흥재단</td></tr>
<tr><td>7</td><td>(재)한국기계전기전자시험연구원</td></tr>
<tr><td>8</td><td>(재)한국화학융합시험연구원</td></tr>
<tr><td>9</td><td>㈜디티앤씨알오</td></tr>
<tr><td>10</td><td>서울대학교치과병원 치의생명과학연구원 치과재료기기평가센터</td></tr>
</table></td></tr>
<tr><td>41</td><td>Performance evaluation institution
(성능평가 검사기관)</td><td>O</td><td>설명: 성능평가 검사기관명

예시: 한국산업기술시험원(KTL)</td></tr>
<tr><td>42</td><td>Object animal
(비임상시험 대상)</td><td>M</td><td>설명: 비임상시험 대상

예시: 영장류, 토끼, 돼지 등</td></tr>
<tr><td>43</td><td>Classification by contact type with subject
(대상과의 접촉방식에 따른 분류)</td><td>M</td><td>설명: 비임상시험에 사용되는 의료기기 종류

예시:
<table>
<tr><th>No</th><th>구분</th></tr>
<tr><td>1</td><td>표면접촉 의료기기</td></tr>
<tr><td>2</td><td>체내외 연결 의료기기</td></tr>
<tr><td>3</td><td>이식 의료기기</td></tr>
<tr><td>4</td><td>비접촉 의료기기</td></tr>
</table></td></tr>
</table>

<table>
<tr><th>No</th><th>항목</th><th>필수(M)/
선택(O)</th><th>도움말</th></tr>
<tr><td>44</td><td>Contact area
(접촉부위)</td><td>M</td><td>설명: 비임상시험에 사용되는 의료기기의 본래 의도된 용도에 따라 사용되는(접촉되는) 부위

예시:
<table>
<tr><th>분류</th><th>접촉부위</th></tr>
<tr><td rowspan="3">표면접촉
의료기기</td><td>피부</td></tr>
<tr><td>점막</td></tr>
<tr><td>파열 또는 외상 표면</td></tr>
<tr><td rowspan="3">체내외 연결
의료기기</td><td>간접적 혈액경로</td></tr>
<tr><td>조직, 뼈 및 상아질</td></tr>
<tr><td>순환혈액</td></tr>
<tr><td rowspan="2">이식 의료기기</td><td>조직, 뼈</td></tr>
<tr><td>혈액</td></tr>
<tr><td>비접촉 의료기기</td><td>기타</td></tr>
</table>

예시: 이식의료기기 - 뼈</td></tr>
<tr><td>45</td><td>Contact period
(접촉기간)</td><td>M</td><td>설명: 비임상시험에 사용되는 의료기기의 본래 의도된 용도에 따라 사용되는 접촉기간

가능한 값: 다음 중 선택(택일)
<table>
<tr><th>No</th><th>구 분</th></tr>
<tr><td>1</td><td>제한적(24시간 이하)</td></tr>
<tr><td>2</td><td>연장(24시간 초과 ~ 30일 이하)</td></tr>
<tr><td>3</td><td>영구적(30일 초과)</td></tr>
<tr><td>4</td><td>비접촉(기타)</td></tr>
</table></td></tr>
<tr><td>46</td><td>Non-clinical study design
(비임상시험 설계)</td><td>M</td><td>설명: 비임상시험 설계에 대한 요약

예시:
<table>
<tr><th>구분</th><th>내용</th></tr>
<tr><td>유전·발암·생식 독성 시험</td><td>- 유전독성시험
- 발암성시험
- 생식·발생독성시험</td></tr>
<tr><td>혈액 적합성 시험</td><td>- 체내시험
- 체내·외 순환시험
- 체외시험</td></tr>
<tr><td>세포 독성 시험</td><td>- 용출물시험
- 직접 접촉에 의한 시험
- 간접 접촉에 의한 시험</td></tr>
<tr><td>이식시험</td><td>- 피하조직 내 이식 시험
- 근육 내 이식 시험
- 골조직 내 이식 시험</td></tr>
<tr><td>잠재적 분해산물의 확인 및 정량</td><td>- 생분해 시험</td></tr>
<tr><td>자극성과 피부감작성 시험</td><td>- 자극성 시험 (피내 반응포함)
- 피부감작성 시험 (지연성 과민반응)</td></tr>
<tr><td>전신 독성시험</td><td>- 급성전신독성시험
- 반복노출전신독성시험
- 발열성시험</td></tr>
<tr><td>분해산물과 용출물에 관한 독성동태 시험</td><td>- 독성동태시험</td></tr>
<tr><td>기타시험</td><td>- 면역독성시험
- 기타 국제적으로 인정하는 시험</td></tr>
</table></td></tr>
<tr><td>47</td><td>Release date
(공개날짜)</td><td>M</td><td>설명(영문): Data release date
설명(국문): 데이터 공개 날짜

양식: YYYY-MM-DD
예시: 2018-12-22</td></tr>
</table>

8.2.2 MRI 데이터

□ (작성자) 고려대학교 성준경(의료기기 작업반)

□ (설명) 본 등록양식은 MRI 의료영상 데이터를 등록할 때 쓰임

□ 작성에 참고한 자료

○ ADNI* 데이터 양식

* Alzheimer's Disease Neuroimaging Initiative; http://adni.loni.usc.edu/

□ (등록 구성) MRI 데이터의 등록은 다음 세 요소로 구성됨

○ BioProject 정보: <2. BioProject 정보>의 양식에 따라 등록

○ 의료기기 연구 기본 정보: <8.2.1. 의료기기 연구 기본 정보>의 양식에 따라 등록

○ MRI 데이터: <8.2.2. MRI 데이터>의 양식에 따라 등록

<표 8-2-2>

<table>
<tr><th>No</th><th>항목</th><th>필수(M)/
선택(O)</th><th>도움말</th></tr>
<tr><td colspan="4">MRI/PET 공통 정보</td></tr>
<tr><td>1</td><td>ColorType</td><td>M</td><td>예시: grayscale</td></tr>
<tr><td>2</td><td>AcquisitionDate/Time</td><td>M</td><td>설명(영문): date and time of image acquisition</td></tr>
<tr><td>3</td><td>Modality</td><td>M</td><td>가능한 값:
<table><tr><th>예시</th></tr><tr><td>MR</td></tr><tr><td>PT</td></tr></table></td></tr>
<tr><td>4</td><td>Manufacturer</td><td>M</td><td>예시: SIEMENS</td></tr>
<tr><td>5</td><td>InstitutionName</td><td>M</td><td>예시: OHSU AIRC</td></tr>
<tr><td>6</td><td>StudyDescription</td><td>M</td><td>예시: ADNI3 Basic Prisma^ADNI3 Basic</td></tr>
<tr><td>7</td><td>SeriesDescription</td><td>M</td><td>예시: Accelerated Sagittal MPRAGE</td></tr>
<tr><td>8</td><td>ManufacturerModelName</td><td>M</td><td>예시: Prisma_fit</td></tr>
<tr><td>9</td><td>PatientID</td><td>O</td><td>설명(영문): ID of the patient
설명(국문): 환자의 ID</td></tr>
<tr><td>10</td><td>PatientSex</td><td>M</td><td>설명(영문): Sex of the patient
설명(국문): 환자의 성별

가능한 값: 다음 중 택일
<table><tr><th>No</th><th>가능한 값</th></tr><tr><td>1</td><td>M</td></tr><tr><td>2</td><td>F</td></tr></table></td></tr>
</table>

No	항목	필수(M)/ 선택(O)	도움말
11	PatientAge	M	**설명(영문):** Age of the patient **설명(국문):** 환자의 나이 **단위:** year **예시:** 26
12	PatientSize	O	**설명(영문):** Size of the patient **설명(국문):** 환자의 키 **단위:** cm **예시:** 172.3
13	PatientWeight	O	**설명(영문):** Weight of the patient **설명(국문):** 환자의 몸무게 **단위:** kg **예시:** 60.2
14	BodyPartExamined	M	**비고:** DICOM tags - (0018,0015) **예시:** BRAIN
15	SliceThickness	M	**설명(영문):** Thickness of each slice **설명(국문):** 슬라이스의 두께 **비고:** DICOM tags - (0018,0050) **단위:** mm **예시:** 1.2
16	DeviceSerialNumber	O	**예시:** 4X3InxozVe8I
17	SoftwareVersion	O	**예시:** 9.5.1\PMSPT1.44
MRI 특이 정보			
18	ScanningSequence	M	**비고:** DICOM tags - (0018,0020) **예시:** GR\IR
19	SequenceVariant	O	**비고:** DICOM tags - (0018,0021) **예시:** SK\SP\MP
20	ScanOptions	O	**비고:** DICOM tags - (0018,0022) **예시:** IR
21	MRIAcquisitionType	M	**비고:** DICOM tags - (0018,0023) **예시:** 3D
22	SequenceName	O	**비고:** DICOM tags - (0018,0024) **예시:** *tfl3d1_16ns
23	RepetitionTime	M	**비고:** DICOM tags - (0018,0080) **예시:** 2300 **단위:** msec
24	EchoTime	M	**비고:** DICOM tags - (0018,0081) **예시:** 2.9500 **단위:** msec
25	InversionTime	M	**비고:** DICOM tags - (0018,0082) **예시:** 900 **단위:** msec
26	ImagingFrequency	M	**비고:** DICOM tags - (0018,0084) **예시:** 123.2581 **단위:** Mhz

No	항목	필수(M)/ 선택(O)	도움말
27	EchoNumber	M	**비고:** DICOM tags - (0018,0086) **예시:** 1
28	MagneticFieldStrength	M	**비고:** DICOM tags - (0018,0087) **예시:** 3 **단위:** Tesla
29	NumberOfPhaseEncodingSteps	M	**비고:** DICOM tags - (0018,0089) **예시:** 239
30	ProtocolName	M	**비고:** DICOM tags - (0018,1030) **예시:** Accelerated Sagittal MPRAGE
31	Raw data (원시데이터)	M	**설명(영문):** Raw data (DICOM format) **설명(국문):** DICOM 포맷으로 정리된 원시데이터 파일 **양식:** 압축 파일 (DICOM format) **예시:** ABC.zip
32	md5 value (원시데이터의 MD5 checksum)	M	**설명(영문):** MD5 checksum of raw data **설명(국문):** 원시데이터의 MD5 checksum **양식:** text (MD5 checksum value) **예시:** bc527343c7ffc103111f3a694b004e2f
33	Release date (공개날짜)	M	**설명(영문):** Data release date **설명(국문):** 데이터 공개 날짜 **양식:** YYYY-MM-DD **예시:** 2018-12-22

8.2.3 PET 데이터

□ (작성자) 고려대학교 성준경(의료기기 작업반)

□ (설명) 본 등록양식은 PET 의료영상 데이터를 등록할 때 쓰임

□ 작성에 참고한 자료

○ ADNI* 데이터 양식

* Alzheimer's Disease Neuroimaging Initiative; http://adni.loni.usc.edu/

□ (등록 구성) PET 데이터의 등록은 다음 세 요소로 구성됨

○ BioProject 정보: <2. BioProject 정보>의 양식에 따라 등록

○ 의료기기 연구 기본 정보: <8.2.1. 의료기기 연구 기본 정보>의 양식에 따라 등록

○ PET 데이터: <8.2.3. PET 데이터>의 양식에 따라 등록

<표 8-2-3>

No	항목	필수(M)/ 선택(O)	도움말
MRI/PET 공통 정보			
1	ColorType	M	**예시:** grayscale
2	AcquisitionDate/Time	M	**설명(영문):** date and time of image acquisition
3	Modality	M	**가능한 값:** 예시 MR PT
4	Manufacturer	M	**예시:** SIEMENS
5	InstitutionName	M	**예시:** OHSU AIRC
6	StudyDescription	M	**예시:** ADNI3 Basic Prisma^ADNI3 Basic
7	SeriesDescription	M	**예시:** Accelerated Sagittal MPRAGE
8	ManufacturerModelName	M	**예시:** Prisma_fit
9	PatientID	O	**설명(영문):** ID of the patient **설명(국문):** 환자의 ID
10	PatientSex	M	**설명(영문):** Sex of the patient **설명(국문):** 환자의 성별 **가능한 값:** 다음 중 택일 No / 가능한 값 1 / M 2 / F

No	항목	필수(M)/ 선택(O)	도움말
11	PatientAge	M	**설명(영문):** Age of the patient **설명(국문):** 환자의 나이 **단위:** year **예시:** 26
12	PatientSize	O	**설명(영문):** Size of the patient **설명(국문):** 환자의 키 **단위:** cm **예시:** 172.3
13	PatientWeight	O	**설명(영문):** Weight of the patient **설명(국문):** 환자의 몸무게 **단위:** kg **예시:** 60.2
14	BodyPartExamined	M	**비고:** DICOM tags - (0018,0015) **예시:** BRAIN
15	SliceThickness	M	**설명(영문):** Thickness of each slice **설명(국문):** 슬라이스의 두께 **비고:** DICOM tags - (0018,0050) **단위:** mm **예시:** 1.2
16	DeviceSerialNumber	O	**예시:** 4X3lnxozVe8l
17	SoftwareVersion	O	**예시:** 9.5.1\PMSPT1.44
PET 특이 정보			
18	ReconstructionDiameter	M	**설명(영문):** Diameter of the region within which the data was used in creating the reconstruction of the image **비고:** DICOM tags - (0018,1100) **예시:** 180
19	FieldOfViewShape	M	**설명(영문):** Shape of the field of view of the PET camera **비고:** DICOM tags - (0018,1147)
20	FieldOfViewDimensions	M	**설명(영문):** Dimension of the field of view of the PET camera **비고:** DICOM tags - (0018,1149) **예시:** 예시 CYLINDRICAL RING HEXAGONAL MULTIPLE PLANAR

<table>
<tr><th>No</th><th>항목</th><th>필수(M)/
선택(O)</th><th>도움말</th></tr>
<tr><td>21</td><td>CollimatorType</td><td>O</td><td>설명(영문): Type of the collimator
설명(국문): 시준기(collimator)의 타입
비고: DICOM tags - (0018,1181)
예시:
<table><tr><th>예시</th></tr><tr><td>PARA</td></tr><tr><td>PINH</td></tr><tr><td>FANB</td></tr><tr><td>CONE</td></tr><tr><td>SLNT</td></tr><tr><td>ASTG</td></tr><tr><td>DIVG</td></tr><tr><td>NONE</td></tr><tr><td>UNKN</td></tr></table></td></tr>
<tr><td>22</td><td>ActuralFrameDuration</td><td>M</td><td>설명(영문): Elapsed time of the data acquisition
설명(국문): 데이터 획득에 걸린 시간
비고: DICOM tags - (0018,1242)
예시: 180000</td></tr>
<tr><td>23</td><td>PatientPosition</td><td>M</td><td>설명(영문): Patient position descriptor relative to the equipment
설명(국문): 기기를 기준으로 한 환자의 포지션에 대한 설명
비고: DICOM tags - (0018,5100)
예시:
<table><tr><th>예시</th></tr><tr><td>HFS</td></tr><tr><td>FFP</td></tr><tr><td>FFS</td></tr></table></td></tr>
<tr><td>24</td><td>Raw data
(원시데이터)</td><td>M</td><td>설명(영문): Raw data (DICOM format)
설명(국문): DICOM 포맷으로 정리된 원시데이터 파일

양식: 압축 파일 (DICOM format)
예시: ABC.zip</td></tr>
<tr><td>25</td><td>md5 value
(원시데이터의 MD5 checksum)</td><td>M</td><td>설명(영문): MD5 checksum of raw data
설명(국문): 원시데이터의 MD5 checksum

양식: text (MD5 checksum value)
예시: bc527343c7ffc103111f3a694b004e2f</td></tr>
<tr><td>26</td><td>Release date
(공개날짜)</td><td>M</td><td>설명(영문): Data release date
설명(국문): 데이터 공개 날짜

양식: YYYY-MM-DD
예시: 2018-12-22</td></tr>
</table>

8.2.4 CT 데이터

□ (작성자) KAIST 예종철(의료기기 작업반)

□ (설명) 본 등록양식은 CT 의료영상 데이터를 등록할 때 쓰임

□ 작성에 참고한 자료

○ ADNI* 데이터 양식

* Alzheimer's Disease Neuroimaging Initiative; http://adni.loni.usc.edu/

□ (등록 구성) CT 데이터의 등록은 다음 세 요소로 구성됨

○ BioProject 정보: <2. BioProject 정보>의 양식에 따라 등록

○ 의료기기 연구 기본 정보: <8.2.1. 의료기기 연구 기본 정보>의 양식에 따라 등록

○ CT 데이터: <8.2.4. CT 데이터>의 양식에 따라 등록

<표 8-2-4>

No	항목	필수(M)/ 선택(O)	도움말
1	KVP	O	**설명(국문):** X-ray 제너레이터 출력 전압의 최고값 **비고:** DICOM tags - (0018,0060) **예시:** 120KVP
2	DataCollectionDiameter (데이터 획득 지름)	O	**설명(국문):** 데이터를 획득한 지름 **비고:** DICOM tags - (0018,1030) **예시:** 500mm
3	ReconstructionDiameter (복원 지름)	O	**설명(국문):** 복원에 사용된 부분의 지름 **비고:** DICOM tags - (0018,1100) **예시:** 303mm
4	Distance Source to Detector (소스와 디텍터간의 거리)	O	**설명(국문):** 소스와 디텍터 간의 거리 **비고:** DICOM tags - (0018,1110) **예시:** 1040mm
5	Distance Source to Patient (소스와 환자간의 거리)	O	**설명(국문):** 소스와 환자간의 거리 **비고:** DICOM tags - (0018,1111) **예시:** 570mm
6	Exposure Time (노출 시간)	O	**설명(국문):** X-ray 노출 시간 **비고:** DICOM tags - (0018,1150) **예시:** 326ms
7	X-Ray Tube Current (X-ray 튜브 전류)	O	**설명(국문):** X-ray 튜브 전류 **비고:** DICOM tags - (0018,1151) **예시:** 282mA
8	Revolution Time (회전 시간)	O	**설명(국문):** 갠트리의 총 회전 시간 **비고:** DICOM tags - (0018,1030) **예시:** 0.3300s
9	Table Speed (테이블 속도)	O	**설명(국문):** 1초당 이동한 테이블의 거리 **비고:** DICOM tags - (0018,9305) **예시:** 123mm

No	항목	필수(M)/ 선택(O)	도움말
10	Table Feed per Rotation (회전 당 테이블 이동)	O	**설명(국문):** 소스의 한 바퀴 회전 당 테이블의 이동 거리 **비고:** DICOM tags - (0018,9310) **예시:** 64,96mm
11	Rescale Intercept (리스케일 절편)	M	**설명(국문):** 저장된 값과 출력간의 관계에서의 절편 **비고:** DICOM tags - (0028,1052) **예시:** -1024
12	Rescale Slope (리스케일 기울기)	M	**설명(국문):** 저장된 값과 출력간의 관계에서의 기울기 **비고:** DICOM tags - (0028,1053) **예시:** 1
13	Rescale Type (리스케일 타입)	M	**설명(국문):** 출력 값의 단위 **비고:** DICOM tags - (0028,1054) **예시:** OD (optical density), HU (Hounsfield Units)
14	Slice Thickness (슬라이스 두께)	M	**설명(국문):** 슬라이스 두께 **비고:** DICOM tags - (0018,0050) **예시:** 1mm
15	Image Position (이미지 위치)	M	**설명(국문):** 왼쪽 위 voxel의 x, y, z 좌표 **비고:** DICOM tags - (0020,0032) **예시:** (-156.6510, 9.0380, 497.4700)
16	Pixel Spacing (픽셀 간격)	M	**설명(국문):** 인접한 픽셀간의 물리적 거리 **비고:** DICOM tags - (0028,0030) **예시:** (0.5918, 0.5918) mm
17	Rows (행)	M	**설명(국문):** 이미지의 행의 수 **비고:** DICOM tags - (0028,0010) **예시:** 512
18	Columns (열)	M	**설명(국문):** 이미지의 열의 수 **비고:** DICOM tags - (0028,0011) **예시:** 512
19	Acquisition Type (획득 종류)	M	**설명(국문):** 획득 방법에 대한 설명 **비고:** DICOM tags - (0018,0023) **예시:** 예시 SEQUENCED SPIRAL
20	Raw data (원시데이터)	M	**설명(영문):** Raw data (DICOM format) **설명(국문):** DICOM 포맷으로 정리된 원시데이터 파일 **양식:** 압축 파일 (DICOM format) **예시:** ABC.zip
21	md5 value (원시데이터의 MD5 checksum)	M	**설명(영문):** MD5 checksum of raw data **설명(국문):** 원시데이터의 MD5 checksum **양식:** text (MD5 checksum value) **예시:** bc527343c7ffc103111f3a694b004e2f
22	Release date (공개날짜)	M	**설명(영문):** Data release date **설명(국문):** 데이터 공개 날짜 **양식:** YYYY-MM-DD **예시:** 2018-12-22

8.2.5 초음파 데이터

□ (작성자) KAIST 예종철(의료기기 작업반)

□ (설명) 본 등록양식은 초음파 의료영상 데이터를 등록할 때 쓰임

□ 작성에 참고한 자료

○ ADNI* 데이터 양식

* Alzheimer's Disease Neuroimaging Initiative; http://adni.loni.usc.edu/

□ (등록 구성) 초음파 데이터의 등록은 다음 세 요소로 구성됨

○ BioProject 정보: <2. BioProject 정보>의 양식에 따라 등록

○ 의료기기 연구 기본 정보: <8.2.1. 의료기기 연구 기본 정보>의 양식에 따라 등록

○ 초음파 데이터: <8.2.5. 초음파 데이터>의 양식에 따라 등록

<표 8-2-5>

No	항목	필수(M)/ 선택(O)	도움말
1	Manufacturer (제조사)	M	**설명(국문):** 초음파기기 제조사 **예시:** Alpinion
2	Machine model (기기 모델)	M	**설명(국문):** 초음파기기 모델 **예시:** E-Cube12R
3	Probe model (프로브 모델)	M	**설명(국문):** 트랜스듀서 모델 **예시:** L3-12H
4	Scan wave mode (스캔 모드)	M	**설명(국문):** 스캐닝 방식 **예시:** Focus
5	Element number (송/수신기 개수)	M	**설명(국문):** 센서의 개수 **예시:** 192
6	Tx element number (송신기 개수)	M	**설명(국문):** 송신기 개수 **예시:** 128
7	Rx element number (수신기 개수)	M	**설명(국문):** 수신기 개수 **예시:** 64
8	Element pitch (송/수신기 중심 간격)	M	**설명(국문):** 센서 중심사이 거리 **예시:** 0.2mm
9	Element height (송/수신기 높이)	O	**설명(국문):** 센서 높이 **예시:** 0.3mm
10	Element width (송/수신기 넓이)	M	**설명(국문):** 센서 넓이 **예시:** 0.14mm
11	Element kerf (송/수신기 간격)	O	**설명(국문):** 센서 사이 거리 **예시:** 0.06mm
12	Transmit event number (송신 횟수)	M	**설명(국문):** 송신 횟수 **예시:** 96
13	Speed of sound (사운드 스피드)	M	**설명(국문):** 사운드의 속도 **예시:** 1540m/s
14	Center frequency (중심 주파수)	M	**설명(국문):** 송신 주파수 **예시:** 8.5MHz

No	항목	필수(M)/ 선택(O)	도움말
15	Sampling frequency (샘플링 주파수)	M	**설명(국문):** 샘플링 주파수 **예시:** 40MHz
16	Axial depth (축 방향 깊이)	M	**설명(국문):** 스캔 깊이 **예시:** 45mm
17	Lateral length (측면 길이)	M	**설명(국문):** 스캔 측면 길이 **예시:** 38.4mm
18	Focal depth (포커스 깊이)	O	**설명(국문):** 포커스 부분 위치 **예시:** 15.0mm
19	Power (파워)	M	**설명(국문):** 송신 파워 **예시:** 60V
20	Dynamic range (동적 범위)	O	**설명(국문):** 이미지 동적 범위 **예시:** 60dB
21	Other technique (다른 기술)	O	**설명(국문):** 다른 기술 **예시:** Spatial Compounding
22	Raw data (원시데이터)	M	**설명(영문):** Raw data (DICOM format) **설명(국문):** DICOM 포맷으로 정리된 원시데이터 파일 **양식:** 압축 파일 (DICOM format) **예시:** ABC.zip
23	md5 value (원시데이터의 MD5 checksum)	M	**설명(영문):** MD5 checksum of raw data **설명(국문):** 원시데이터의 MD5 checksum **양식:** text (MD5 checksum value) **예시:** bc527343c7ffc103111f3a694b004e2f
24	Release date (공개날짜)	M	**설명(영문):** Data release date **설명(국문):** 데이터 공개 날짜 **양식:** YYYY-MM-DD **예시:** 2018-12-22

8.2.6 X-ray 데이터

□ (작성자) KAIST 예종철(의료기기 작업반)

□ (설명) 본 등록양식은 X-ray 의료영상 데이터를 등록할 때 쓰임

□ 작성에 참고한 자료

○ DICOM* standard 데이터 양식

* DICOM standard; https://www.dicomstandard.org/

□ (등록 구성) X-ray 데이터의 등록은 다음 세 요소로 구성됨

○ BioProject 정보: <2. BioProject 정보>의 양식에 따라 등록

○ 의료기기 연구 기본 정보: <8.2.1. 의료기기 연구 기본 정보>의 양식에 따라 등록

○ X-ray 데이터: <8.2.6. X-ray 데이터>의 양식에 따라 등록

<표 8-2-6>

No	항목	필수(M)/선택(O)	도움말
1	KVP	O	**설명(국문):** X-ray 제너레이터 출력 전압의 최고값 **예시:** 120KVP
2	Distance Source to Detector (소스와 디텍터간의 거리)	O	**설명(국문):** 소스와 디텍터 간의 거리 **예시:** 1040mm
3	Distance Source to Patient (소스와 환자간의 거리)	O	**설명(국문):** 소스와 환자간의 거리 **예시:** 570mm
4	Filter Type (필터 종류)	O	**설명(국문):** x-ray 빔에 적용된 필터 종류 **예시:** WEDGE
5	Exposure Time (노출 시간)	O	**설명(국문):** X-ray 노출 시간 **예시:** 326ms
6	X-Ray Tube Current (X-ray 튜브 전류)	O	**설명(국문):** X-ray 튜브 전류 **예시:** 282mA
7	Grid (그리드 적용 여부)	O	**설명(국문):** 그리드 적용 여부 **예시:** Grid/Non-Grid
8	Image Position (이미지 위치)	M	**설명(국문):** 왼쪽 위 pixel의 x, y 좌표 **예시:** (-156.6510, 9.0380)
9	Pixel Spacing (픽셀 간격)	M	**설명(국문):** 인접한 픽셀간의 물리적 거리 **예시:** (0.5918, 0.5918) mm
10	Rows (행)	M	**설명(국문):** 이미지의 행의 수 **예시:** 512
11	Columns (열)	M	**설명(국문):** 이미지의 열의 수 **예시:** 512
12	Bits Allocated Attribute (할당 비트수)	M	**설명(국문):** 각 픽셀 샘플에 할당된 비트 수 **예시:** 16

No	항목	필수(M)/ 선택(O)	도움말
13	Bits Stored (저장 비트수)	M	**설명(국문):** 각 픽셀 샘플에 대해 저장된 비트 수 **예시:** 15
14	High Bit (최상위 비트)	M	**설명(국문):** 픽셀 샘플 데이터의 최상위 비트 **예시:** 15
15	Rescale Intercept (리스케일 절편)	M	**설명(국문):** 저장된 값과 출력간의 관계에서의 절편 **예시:** -1024
16	Rescale Slope (리스케일 기울기)	M	**설명(국문):** 저장된 값과 출력간의 관계에서의 기울기 **예시:** 1
17	Rescale Type (리스케일 타입)	M	**설명(국문):** 출력 값의 단위 **예시:** OD (optical density), HU (Hounsfield Units)
18	Exposure (노출)	M	**설명(영문):** The exposure expressed in mAs, for example calculated from Exposure Time and X-Ray Tube Current **설명(국문):** 노출시간과 X선 튜브 전류로 계산된 노출값(mAs) **예시:** 30
19	ExposureInuAs (노출(uAs))	O	**설명(영문):** The exposure expressed in μAs **설명(국문):** uAs로 표현된 노출값 **예시:** 2350
20	FieldOfViewShape(FOV 모양)	O	**설명(영문):** Shape of the Field of View **설명(국문):** FOV의 모양 **예시:** RECTANGLE
21	FieldOfViewDimensions(FOV 크기)	O	**설명(영문):** Data release data **설명(국문):** 데이터 공개 날짜 **예시:** [403, 403]
22	ImageAndFluoroscopyAreaDoseProduct(영상투시면적및방사선량의곱)	M	**설명(영문):** X-Ray dose, measured in dGy*cm*cm **설명(국문):** dGy*cm*cm로 표현된 X선량 **예시:** 3.327864
23	RelativeXRayExposure (상대적X선노출)	O	**설명(영문):** Indication of the applied dose, in manufacturer specific units. **설명(국문):** 측정장비의 단위를 사용하여 표시된 X선량 **예시:** 126
24	CollimatorShape(콜리메이터모양)	M	**설명(영문):** Shape of the collimator **설명(국문):** 콜리메이터모양 **예시:** POLYGONAL
25	Viewposition(시야위치)	O	**설명(영문):** Radiographic view of the image relative to the imaging subject's orientation. **설명(국문):** 방사선영상에 나타난 환자의 방향 **예시:** PA
26	Sensitivity(민감도)	O	**설명(영문):** Detector sensitivity in manufacturer specific units. **설명(국문):** 디텍터의 민감도 **예시:** 0.10086478
27	DetectorType(디텍터종류)	M	**설명(영문):** The type of detector used to acquire this image. **설명(국문):** 디텍터의 종류 **예시:** SCINTILLATOR
28	DetectorConfuguration (디텍터 배열)	O	**설명(영문):** The physical configuration of the detector. **설명(국문):** 디텍터의 물리적 배열 **예시:** AREA
29	DetectorBinning(디텍터 비닝)	O	**설명(영문):** Number of active detectors used to generate a single pixel. Specified as number of row detectors per pixel then column. **설명(국문):** 한 픽셀을 나타내기 위한 활성 디텍터 수 **예시:** [1, 1]
30	DetectorPhysicalSize(디텍터의 물리적 크기)	O	**설명(영문):** Physical dimensions of each detector element that comprises the detector matrix, in mm. **설명(국문):** 한 디텍터의 물리적 크기 (mm) **예시:** [0.2, 0.2]
31	DetectorElementSpacing(디텍터간거리)	O	**설명(영문):** Physical distance between the center of each detector element, specified by a numeric pair - row spacing value(delimiter) column spacing value in mm **설명(국문):** 디텍터의 중심간의 물리적 거리 (mm) **예시:** [0.2, 0.2]

No	항목	필수(M)/ 선택(O)	도움말
32	FilterMaterial (필터물질)	O	**설명(영문):** The X-Ray absorbing material used in the filter **설명(국문):** 필터의 X선 흡수물질 **예시:** COPPER
33	PixelIntensityRelationship(픽셀-강도 관계)	M	**설명(영문):** The relationship between the Pixel sample values and the X-Ray beam intensity. **설명(국문):** 픽셀값과 X선세기간의 관계 **예시:** LOG
34	Raw data (원시데이터)	M	**설명(영문):** Raw data (DICOM format) **설명(국문):** DICOM 포맷으로 정리된 원시데이터 파일 **양식:** 압축 파일 (DICOM format) **예시:** ABC.zip
35	md5 value (원시데이터의 MD5 checksum)	M	**설명(영문):** MD5 checksum of raw data **설명(국문):** 원시데이터의 MD5 checksum **양식:** text (MD5 checksum value) **예시:** bc527343c7ffc103111f3a694b004e2f
36	Release date (공개날짜)	M	**설명(영문):** Data release date **설명(국문):** 데이터 공개 날짜 **양식:** YYYY-MM-DD **예시:** 2018-12-22

9 기타 데이터

9.1 기타 데이터

□ (작성자) KOBIC 작성 후 다수 전문가(혁신형 융복합 작업반) 검수

□ (설명) 본 양식은 바이오 연구 데이터를 등록 시, 데이터 스테이션에 해당 데이터 유형에 맞는 특정 등록양식이 구비되지 않았을 경우 사용하는 **범용 등록양식**임.

□ (작성에 참고한 자료) 생명과학 분야 혹은 과학 전 분야 모든 데이터를 등록받는 범용(generalist) repository들*의 양식을 기반으로 작성되었음

* NIH 및 다수 저널에서 추천하는 repository들임(https://www.nlm.nih.gov/NIHbmic/generalist_repositories.html)

- BioStudies: https://www.ebi.ac.uk/biostudies/
- Dryad: https://datadryad.org/
- Figshare: https://figshare.com/
- Zenodo: https://zenodo.org/
- Mendeley Data: https://data.mendeley.com/
- OSF: https://osf.io/

□ (등록 구성) 기타 데이터 세트의 등록은 다음 세 요소로 구성됨

- BioProject 정보: <2. BioProject 정보>의 양식에 따라 등록
- BioSample 정보: <3. BioSample 정보>의 양식에 따라 등록(해당 시)
- 기타 데이터: 기타 데이터를 <9.1. 기타 데이터>의 양식에 따라 등록

<표 9-1>

No	항목	필수(M)/선택(O)	도움말
1	Keywords (키워드)	M	**설명(영문):** Terms that define your study and data **설명(국문):** 연구 및 데이터를 정의할 수 있는 용어 **비고:** //를 구분자로 하여 다수의 키워드 입력 가능 **예시:** DNA methylation//MBD sequencing//Chronic lymphocytic leukemia
2	Additional notes (추가 설명)	O	**설명(영문):** Any additional description of your study and data, which are not covered by the information that you entered in your BioProject/BioSample submission., but helpful to understand and re-use your data. This may include the experimental/analysis methods and samples that were used to produce your data, the steps to reproduce your study, etc. **설명(국문):** 연구 및 데이터에 관한 추가 설명. BioProject/BioSample 등록 시 작성한 정보 외에 타인이 이 데이터를 재사용함에 도움이 되는 정보를 기입(데이터 생산을 위해 사용한 실험/분석 방법 및 샘플 정보, 연구 결과를 재현할 수 있는 절차 등)
3	Description of files	M	**설명(영문):** Description of files that you are upload. **설명(국문):** 업로드 하는 파일에 대한 설명 **비고:** 업로드 하는 모든 파일에 대하여 각각 설명 작성 필요. Excel 및 텍스트 포맷의 테이블 형태 텍스트/수치 데이터 파일인 경우, 데이터를 사용할 사람들이 이해할 수 있도록 각 컬럼의 타이틀을 알기 쉽게 명명하고 각 컬럼의 의미 및 값들의 설명에 대한 기술 권장. **예시1:** Result of network analysis of identified genes in Cytoscape session format(cys). **예시2:** The list of differential methylated genes. Column 1(ID): Entrez Gene ID. Column 2(symbol): Official NCBI gene symbol. Column 3(type): Type of gene, which can be of the following five types: Long noncoding, Protein coding, Pseudogene, Short noncoding, Unannotated. Columns 4(Distal) through 9(Downstream): The number of differentially methylated windows of 250bp that overlaps with each of the gene features for each gene. No overlap was denoted as '---'.
4	Files	M	**설명(영문):** Upload your data files. **설명(국문):** 파일 업로드 **비고1:** 성격이 다른 다수의 파일을 업로드 시, 하나의 zip 파일로 압축하지 말고 개별 파일 각각 업로드 권장 **비고2:** 하기의 외부 데이터베이스에 이미 업로드 한 파일이라 할지라도 이 항목에 또 업로드 필수
5	Links to external databases	O	**설명(영문):** URL of your data that you uploaded to external databases, if applicable. **설명(국문):** 외부 데이터베이스에 업로드 한 데이터의 웹 주소(해당 시) **비고:** ,를 구분자로 하여 다수의 링크 입력 가능 **예시:** https://www.rcsb.org/structure/6ZUE
6.	Description of links	O	**설명(영문):** Description of your data that you uploaded to external databases, if applicable. **설명(국문):** 외부 데이터베이스에 업로드 한 데이터에 대한 설명(해당 시) **비고:** //를 구분자로 하여 다수의 설명 입력 가능 **예시:** Crystal structure of human DDB1 bound to human DCAF1 (amino acid residues 1046-1396), which was uploaded to the Protein Data Bank (PDB) under pdb_id 5ZUE.
7	Release date (공개날짜)	M	**설명(영문):** Data release date **설명(국문):** 데이터 공개 날짜 **양식:** YYYY-MM-DD **예시:** 2018-12-22

Part Ⅳ. 연구 분야별 특화 데이터

10 헬스(건강)

10.1 의료기기 연구 데이터

10.1.1 체외진단기기 연구 데이터

□ (작성자) 헬스올 도형호(의료기기 작업반), 가천대학교 김광기(의료기기 작업반)

□ (설명) 본 등록양식은 체외진단기기(IVD: In Vitro Diagnostics)를 포함한 임상검사용 의료기기 데이터를 등록할 때 쓰임

□ 작성에 참고한 자료

구분	참고 자료
LOINC	LOINC (Logical Observation Identifiers Names and Codes): https://loinc.org/
임상검사실 데이터 관련 표준	CLSI (Clinical & Laboratory Standards Institute): https://clsi.org/
	POCT1A (Point-of-Care Test Connectivity)
	IHE (Integrating the Healthcare enterprise): https://ihe.net/
	LAW (Laboratory Analytical Workflow)

□ (등록 구성) 체외진단기기 연구 데이터의 등록은 다음 세 요소로 구성됨

- ○ BioProject 정보: <2. BioProject 정보>의 양식에 따라 등록
- ○ 의료기기 연구 기본 정보: <8.2.1. 의료기기 연구 기본 정보>의 양식에 따라 등록
- ○ 체외진단기기 연구 데이터: <10.1.1. 체외진단기기 연구 데이터>의 양식에 따라 등록

파트 1. 체외진단기기 device type

<표 10-1-1-1>

<table>
<tr><th>No</th><th>항목</th><th>필수(M)/
선택(O)</th><th>도움말</th></tr>
<tr><td>1</td><td>Purpose of medical devices
(기기의 용도)</td><td>M</td><td>설명: 기기의 용도

가능한 값: 다음 중 선택(택일)
<table>
<tr><th>No</th><th>분류</th></tr>
<tr><td>1</td><td>진단용</td></tr>
<tr><td>2</td><td>치료용</td></tr>
<tr><td>3</td><td>건강관리</td></tr>
<tr><td>4</td><td>미용</td></tr>
<tr><td>5</td><td>기타(직접 입력)</td></tr>
</table></td></tr>
<tr><td>2</td><td>Classification of medical devices
(의료기기 품목 및 등급)</td><td>M</td><td>설명: 식약처 의료기기 품목에 따른 분류

예시:
<table>
<tr><th>대분류</th><th>대분류명</th><th>중분류</th><th>중분류명</th><th>소분류</th><th>소분류명</th><th>등급</th></tr>
<tr><td>A</td><td>기구
기계[기구·기계]</td><td>A58060</td><td>의료용
소식자</td><td>A58060.01</td><td>체외형의료용
전극</td><td>1</td></tr>
<tr><td>...</td><td>...</td><td>...</td><td>...</td><td>...</td><td>...</td><td>...</td></tr>
</table>
예시1: (복수일 경우) 복수일 경우 품목사이에 ‘&’표시
A90010.01 1등급 유헬스케어 게이트웨이 [1등급] &
E01020.01 심전도분석소프트웨어 [2등급]
예시2: (단일 값일 경우)
A01010.01 범용수동식진료대 [1등급]
예시3: (의료기기 품목에 없을 경우) 품목으로 분류할 수 없는 기기
N/A</td></tr>
<tr><td>3</td><td>Physical agent used in device
(디바이스에서 센싱을 위해 사용되는 물리적 에너지 형태)</td><td>M</td><td>설명: 진단기기에서 센싱/분석/분해/검출 등을 위해 사용되는 source 정보

가능한 값: 다음 중 선택(택일)
<table>
<tr><th>No</th><th>분류</th></tr>
<tr><td>1</td><td>적외선</td></tr>
<tr><td>2</td><td>고주파</td></tr>
<tr><td>3</td><td>LED</td></tr>
<tr><td>4</td><td>Micro current</td></tr>
<tr><td>5</td><td>초음파</td></tr>
<tr><td>6</td><td>Laser</td></tr>
<tr><td>7</td><td>온열</td></tr>
<tr><td>8</td><td>원적외선</td></tr>
<tr><td>9</td><td>체외충격파</td></tr>
<tr><td>10</td><td>저주파</td></tr>
<tr><td>11</td><td>기타(직접 입력)</td></tr>
<tr><td>12</td><td>해당 없음</td></tr>
</table></td></tr>
</table>

<table>
<tr><th>No</th><th>항목</th><th>필수(M)/
선택(O)</th><th>도움말</th></tr>
<tr><td>4</td><td>Wearable type
(착용형태)</td><td>M</td><td>설명: 진단기기의 착용 형태

가능한 값: 다음 중 선택(택일)
<table>
<tr><th>No</th><th>분류</th></tr>
<tr><td>1</td><td>목걸이</td></tr>
<tr><td>2</td><td>안경</td></tr>
<tr><td>3</td><td>머리밴드</td></tr>
<tr><td>4</td><td>반지</td></tr>
<tr><td>5</td><td>벨트</td></tr>
<tr><td>6</td><td>손목밴드</td></tr>
<tr><td>7</td><td>패치</td></tr>
<tr><td>8</td><td>기타(직접 입력)</td></tr>
<tr><td>9</td><td>해당 없음</td></tr>
</table></td></tr>
<tr><td>5</td><td>Measured parameters
(측정파라미터)</td><td>M</td><td>설명: 진단기기의 측정 종류

가능한 값: 다음 중 선택(택일)
<table>
<tr><th>No</th><th>분류</th></tr>
<tr><td>1</td><td>체온</td></tr>
<tr><td>2</td><td>심박수</td></tr>
<tr><td>3</td><td>심전도</td></tr>
<tr><td>4</td><td>산소포화도</td></tr>
<tr><td>5</td><td>혈당</td></tr>
<tr><td>6</td><td>혈압</td></tr>
<tr><td>7</td><td>혈류</td></tr>
<tr><td>8</td><td>호흡수</td></tr>
<tr><td>9</td><td>피부전기반응</td></tr>
<tr><td>10</td><td>안압</td></tr>
<tr><td>11</td><td>분자진단</td></tr>
<tr><td>12</td><td>기타(직접 입력)</td></tr>
</table></td></tr>
<tr><td>6</td><td>Clinical trials
(임상시험 단계 등)</td><td>M</td><td>설명: 임상시험 여부 및 단계 등

가능한 값: 다음 중 선택(택일)
<table>
<tr><th>No</th><th>가능한 값</th><th>설명</th></tr>
<tr><td>1</td><td>PoC study</td><td>개념입증연구</td></tr>
<tr><td>2</td><td>Feasibility study</td><td>탐색연구</td></tr>
<tr><td>3</td><td>Pivotal study</td><td>확증연구(허가목적)</td></tr>
<tr><td>4</td><td>PMS</td><td>시판 후 연구</td></tr>
<tr><td>5</td><td>비임상시험</td><td>성능평가</td></tr>
</table></td></tr>
<tr><td>7</td><td>Target disease
(타겟 질병 등)</td><td>O</td><td>설명: 타겟 질병 코드

비고: 한국표준질병·사인분류(KCD-8) 분류법에 따름

예시: U07.1</td></tr>
<tr><td>8</td><td>Product name/model number
(제품명/모델명)</td><td>M</td><td>설명: 진단기기의 제품명/모델명 기입

예시: 제품명: MFDS-1, 모델명: MD-01</td></tr>
<tr><td>9</td><td>Product size
(본체치수)</td><td>M</td><td>설명: 진단기기 본체의 가로, 세로, 높이 그리고 질량에 관한 정보

예시:
<table>
<tr><th>구분</th><th>내용 (예시)</th></tr>
<tr><td>본체 치수 (W*D*H), (mm)</td><td>316 * 325 * 188 (mm)</td></tr>
<tr><td>본체 중량 (kg)</td><td>5kg</td></tr>
</table></td></tr>
</table>

<table>
<tr><th>No</th><th>항목</th><th>필수(M)/
선택(O)</th><th>도움말</th></tr>
<tr><td>10</td><td>Component size
(구성품 치수)</td><td>O</td><td>설명: 구성품의 치수 및 중량

예시:
<table>
<tr><th>구성품명 칭</th><th>구분</th><th>내용 (예시)</th></tr>
<tr><td>본체배터리
(튬폴리머배터리)</td><td>구성품 치수 / 질량</td><td>120 * 80 * 20 (mm) / 0.2kg</td></tr>
<tr><td>...</td><td>...</td><td>...</td></tr>
</table></td></tr>
<tr><td>11</td><td>Electrical rating
(전기적 정격)</td><td>O</td><td>설명: 해당 진단기기가 전자 진단기기일 경우 전기적 정격 사항

예시:
<table>
<tr><th>항목</th><th>내용 (예시)</th></tr>
<tr><td>정격전압 (V)</td><td>DC 00V</td></tr>
<tr><td>소비전력 (W)</td><td>00W</td></tr>
</table></td></tr>
<tr><td>12</td><td>Purpose of use
(사용목적)</td><td>M</td><td>설명: 기기의 사용목적을 근거자료에 따라 기재 (Text)

예시: 환자의 각종 생체정보 현상을 감시하는 기구로서 유해한 경우에 시·청각 경보를 발생</td></tr>
<tr><td>13</td><td>Working conditions
(작동조건)</td><td>M</td><td>설명: 안정성이 보장될 수 있는 작동조건

예시:
<table>
<tr><th>항목</th><th>내용 (예시)</th></tr>
<tr><td>온도 (℃)</td><td>10~30℃</td></tr>
<tr><td>기압 (hPa)</td><td>700~1060 hPa</td></tr>
</table></td></tr>
<tr><td>14</td><td>Storage conditions
(보관 및 운송조건)</td><td>M</td><td>설명: 안정성이 보장될 수 있는 보관 및 운송조건

예시:
<table>
<tr><th>항목</th><th>내용 (예시)</th></tr>
<tr><td>온도 (℃)</td><td>10~30℃</td></tr>
<tr><td>습도 (%)</td><td>0~95%</td></tr>
<tr><td>기압 (hPa)</td><td>700~1060 hPa</td></tr>
</table></td></tr>
<tr><td>15</td><td>Expiration date
(사용기간)</td><td>M</td><td>설명: 체외진단기기 사용 가능 기간(유효기간)

가능한 값: 다음 중 선택(택일)
<table>
<tr><th>No</th><th>분류</th></tr>
<tr><td>1</td><td>6 개월</td></tr>
<tr><td>2</td><td>1 년</td></tr>
<tr><td>3</td><td>3 년</td></tr>
<tr><td>4</td><td>5 년</td></tr>
<tr><td>5</td><td>해당사항 없음</td></tr>
</table></td></tr>
<tr><td>16</td><td>Manufacturer informations
(제조원)</td><td>M</td><td>설명: 제조사 정보 기재 (실험실의 경우 실험실 정보 기재)

예시:
<table>
<tr><th>제조국</th><th>상호</th><th>주소</th></tr>
<tr><td>한국</td><td>(주)오송의료기기</td><td>서울시 은평구 불광동 123번지</td></tr>
</table></td></tr>
<tr><td>17</td><td>Power
(본체전원)</td><td>O</td><td>설명: 전자 의료기기일 경우 본체에 공급되는 전원의 형태와 배터리일 경우 충전시간과 동작시간

예시1: Wall power (12V DC)
예시2: 리튬 폴리머 배터리 / 충전시간 : 약 1시간 / 동작시간 : 약 5시간</td></tr>
<tr><td>18</td><td>Data storage capacity
(측정신호 저장용량 (Mb))</td><td>O</td><td>설명: 기기에 저장기능이 있는 경우 저장용량

예시: 0000 Mb</td></tr>
</table>

No	항목	필수(M)/ 선택(O)	도움말
19	Data output port (출력포트)	O	**설명:** 기기에 출력기능이 있는 경우 출력기기를 지원하는 포트 **예시:** 프린터 포트, USB 802, 무선(Bluetooth)
20	Display type (디스플레이 타입)	O	**설명:** 디스플레이가 지원되는 경우 디스플레이 타입 **예시:** 컬러 VGA 리퀴드 크리스탈 디스플레이, 5-wire 터치스크린
21	Display screen size (디스플레이 스크린크기 (인치))	O	**설명:** 디스플레이가 지원되는 경우 디스플레이의 사이즈 **예시:** 00인치, W*D*H mm
22	Display resolution (디스플레이 해상도)	O	**설명:** 디스플레이가 지원되는 경우 디스플레이의 해상도 **예시:** 640 × 480 픽셀
23	Display sweep speed (디스플레이 스윕속도)	O	**설명:** 디스플레이가 지원되는 경우 디스플레이의 스윕속도 **예시:** 00mm/s, 디스플레이 00초
24	Alarm dB (알림신호 음량 (dB))	O	**설명:** 알림이 지원되는 경우 알림의 음량 정보 **예시:** 40~70 dB

<표 10-1-1-2>

<table>
<tr><th>No</th><th>항목</th><th>필수(M)/
선택(O)</th><th>도움말</th></tr>
<tr><td>1</td><td>Analyte/Component
(분석 성분의 이름)</td><td>M</td><td>설명: 체외진단기기에서 지원하는 기본적인 분석 성분의 이름

예시: SARS coronavirus+SARS coronavirus 2 Ag</td></tr>
<tr><td>2</td><td>Kind of property of observation or measurement
(제공하는 분석의 속성)</td><td>O</td><td>설명: 제공하는 분석결과의 속성을 표현

예시:
<table><tr><th>예시</th></tr><tr><td>질량 중심(Mass concentration)</td></tr><tr><td>물질 중심(Substance concentration)</td></tr><tr><td>유무 혹은 임계치(Presence or threshold)</td></tr></table></td></tr>
<tr><td>3</td><td>Time aspect
(검사 시간)</td><td>O</td><td>설명: 체외진단의 시점 혹은 시간 간격

예시:
<table><tr><th>예시</th></tr><tr><td>특정시점(point in time)</td></tr><tr><td>시점1회(Episode)</td></tr><tr><td>5분(5 min)</td></tr></table>비고: 복수 입력 가능</td></tr>
<tr><td>4</td><td>System/Sample
(검체 종류)</td><td>O</td><td>설명: 검사기기에 사용되는 검체의 종류

예시:
<table><tr><th>예시</th></tr><tr><td>동맥혈(Arterial blood)</td></tr><tr><td>전혈(Whole blood)</td></tr><tr><td>제대혈(Cood blood)</td></tr><tr><td>머리카락(Hair)</td></tr><tr><td>소변(Urine)</td></tr><tr><td>혈청(Serum)</td></tr><tr><td>호흡(Respiration)</td></tr><tr><td>타액(Saliva)</td></tr></table>비고: 복수 입력 가능</td></tr>
<tr><td>5</td><td>Scale type
(측정 스케일)</td><td>O</td><td>설명: 검사의 측정값에 대한 단위 혹은 스케일

예시:
<table><tr><th>예시</th></tr><tr><td>양(Quantitative)</td></tr><tr><td>범주형 응답, 서수(Ordinal)</td></tr><tr><td>서술형(Narrative)</td></tr></table>비고: 복수 입력 가능</td></tr>
<tr><td>6</td><td>Method type
(검사방법)</td><td>O</td><td>설명: 검사 및 분석 방법

예시:
<table><tr><th>예시</th></tr><tr><td>IA.rapid</td></tr><tr><td>RNA probe</td></tr><tr><td>Probe.amp.tar</td></tr><tr><td>Test strip</td></tr></table>비고: 복수 입력 가능</td></tr>
<tr><td>7</td><td>Reagent type
(시약의 종류)</td><td>O</td><td>설명: 시약의 종류

예시: 스트립
비고: 복수 입력 가능</td></tr>
</table>

<table>
<tr><th>No</th><th>항목</th><th>필수(M)/
선택(O)</th><th>도움말</th></tr>
<tr><td>8</td><td>Amplification
(증폭 기술)</td><td>O</td><td>설명: 증폭 기술

예시: 등온증폭방식, 핵산증폭
비고: 복수 입력 가능</td></tr>
<tr><td>9</td><td>Preprocessing
(전처리 기술 분류)</td><td>O</td><td>설명: 핵산 추출 등 검체 전처리 기술

예시:
<table><tr><th>예시</th></tr><tr><td>용해(Lysis)</td></tr><tr><td>용출(Elution)</td></tr></table>비고: 복수 입력 가능</td></tr>
<tr><td>10</td><td>Analysis tech
(분석 기술)</td><td>O</td><td>설명: 분석에 사용되는 기술

예시:
<table><tr><th>예시</th></tr><tr><td>전기 화학(Electro-chemical)</td></tr><tr><td>면역 크로마토그래피(Immuno-chromatography)</td></tr></table>비고: 복수 입력 가능</td></tr>
<tr><td>11</td><td>Utilized sensor
(사용된 센서)</td><td>O</td><td>설명: 체외진단기기에 포함된 센서 종류

예시:
<table><tr><th>예시</th></tr><tr><td>광학센서</td></tr><tr><td>분석센서</td></tr><tr><td>광분할센서</td></tr></table>비고: 복수 입력 가능</td></tr>
<tr><td>12</td><td>Format for representing observation value
(관찰값 표현 포맷)</td><td>O</td><td>설명: 관찰값 표현을 위해서 사용되는 포맷

예시:
<table><tr><th>예시</th></tr><tr><td>요약한 데이터(Encapsulated Data)</td></tr><tr><td>개체 식별자(Entity Identifier)</td></tr><tr><td>수(Numeric)</td></tr><tr><td>참조 포인터(Reference Pointer)</td></tr><tr><td>구조화된 수(Structured Numeric)</td></tr><tr><td>문자열 데이터(String Data)</td></tr><tr><td>텍스트 데이터(전시)(Text Data(Display))</td></tr><tr><td>그래프(Graph)</td></tr><tr><td>원시값(Raw data)</td></tr><tr><td>이미지(Image)</td></tr></table>비고: 복수 입력 가능</td></tr>
<tr><td>13</td><td>Release date
(공개날짜)</td><td>M</td><td>설명: 데이터 공개 날짜

양식: YYYY-MM-DD
예시: 2018-12-22</td></tr>
</table>

10.1.2 의료기기 생체재료 정보

□ (작성자) 서울대학교 황석연(의료기기 작업반), POSTECH 장진아(의료기기 작업반)

□ (설명) 본 등록양식은 의료기기의 생체재료 구성 및 구조에 대한 정량적 항목들로 구성됨

□ 작성에 참고한 자료

○ 미국 FDA medical device databases: https://www.fda.gov/medical-devices/device-advice-comprehensive-regulatory-assistance/medical-device-databases

○ 조직수복용생체재료의 국제표준화기술문서 작성 가이드라인(식약처 의료기기심사부, 2018.8)

□ (등록 구성) 의료기기 생체재료 정보의 등록은 다음 세 요소로 구성됨

○ BioProject 정보: <2. BioProject 정보>의 양식에 따라 등록

○ 의료기기 연구 기본 정보: <8.2.1. 의료기기 연구 기본 정보>의 양식에 따라 등록

○ 의료기기 생체재료 정보: <10.1.2. 의료기기 생체재료 정보>의 양식에 따라 등록

<표 10-1-2>

No	항목	필수(M)/선택(O)	도움말
화학적 구성 요소 (Chemical Composition)			
1	Main Ingredients	M	**설명(국문):** Main Ingredients의 company information, catalog number를 기입
2	Purity of Trace Elements	M	**설명(국문):** 생체재료 합성후 purity를 나타내는 값으로 ppm(part per million) 단위로 기재
3	Catalysis	M	**설명(국문):** 생체재료 합성에 사용한 촉매 종류 및 정보를 기입
4	Low MW components	M	**설명(국문):** Water, solvent 정보를 기입
5	Test method for chemical composition	M	**설명(국문):** 생체재료 고유의 화학적 구성 요소 측정 방법을 기입 **예시:** 예시 NMR GC HPLC
분자 구조 (Molecular Structure)			
6	Polymer bending	M	**설명(국문):** 생체재료의 ductility 특성을 측정한 값
7	Branched, Linear, or Crosslinked	M	**설명(국문):** 분자 구조가 linear, branched, 또는 crosslinked 된 것인지에 대한 내용
8	Copolymer branch length	O	**설명(국문):** 공중합체 특성을 가진 생체재료의 경우 branch의 길이(크기)에 대한 정보를 기입
9	Copolymer conversion	O	**설명(국문):** FTIR등을 이용하여 획득한 degree of conversion 정보를 기입
10	Mn, MW, Polydispersity	M	**설명(국문):** 고분자 size를 알기 위한 Mn, Mw, Polydispersity

No	항목	필수(M)/ 선택(O)	도움말
11	Test method for molecular structure	M	**설명(국문):** 생체재료의 분자구조 분석 방법을 기입 **예시:** 예 시 NMR GOC Solubility Swelling Viscosity NMR
형태 (초분자 구조)(Morphology (Supermolecular Structure))			
12	% Crystallinity	M	**설명(국문):** X-ray diffraction등의 측정 방법을 통해 확보한 값을 % 단위로 기입
13	Types and amount of phases	M	**설명(국문):** 생체재료의 상(phase) 타입 및 상평형에 대한 정보를 기입
14	Test method for morphology	M	**설명(국문):** 생체재료의 분자구조 분석 방법을 기입 **예시:** 예 시 NMR GOC Solubility Swelling Viscosity NMR
복합구조(Composite Structure)			
15	Types of structure	M	**설명(국문):** 복합구조 생체재료의 종류를 기입 예 시 Laminate structure Reinforcement structure Coating
16	Laminate structure: Thickness each polymer	M/O	**설명(국문):** laminate구조의 생체재료의 각 재료의 두께를 기입
17	Laminate structure: Orientation and stacking sequence	M/O	**설명(국문):** laminate구조의 생체재료의 각 재료의 적층 순서 및 방향 정보를 기입
18	Laminate structure: Number of Plies	M/O	**설명(국문):** laminate구조의 생체재료의 각 재료의 층수를 기입
19	Reinforcement structure: position-Location	M/O	**설명(국문):** reinforcement 생체재료의 강화 위치 기입
20	Reinforcement structure: position-Orientation	M/O	**설명(국문):** reinforcement 생체재료의 삽입된 방향 정보를 기입
21	Reinforcement structure: position-Volume	M/O	**설명(국문):** reinforcement 생체재료의 삽입된 부피 정보를 기입
22	Reinforcement structure: Cross-sectional shape	M/O	**설명(국문):** reinforcement 생체재료의 단면정보를 기입
23	Reinforcement structure: Dimensions	M/O	**설명(국문):** reinforcement 생체재료의 차원을 기입
24	Coating: Total number of coating and thickness	M/O	**설명(국문):** coating된 수치 및 두께 정보를 기입
Physical Properties (물리적 특성)			
25	Water absorption	M	**설명(국문):** 수분함유량 정보를 기입
26	Density	M	**설명(국문):** 생체재료내 고분자의 밀도
27	Porosity distribution (size and distribution)	M	**설명(국문):** 생체재료내 고분자의 밀도에 따른 기공 분포

No	항목	필수(M)/선택(O)	도움말
28	Roughness	M	**설명(국문):** 생체재료 표면의 roughness depth(Rz) 및 roughness value(Ra)를 기입
29	Swelling property	M	**설명(국문):** 생체재료의 팽윤현상 평가 지수
30	Stiffness	M	**설명(국문):** 생체재료내 고분자의 밀도에 따른 강성
Thermal Properties (열적 특성)			
31	Crystallization temperature (Tc)	M	**설명(국문):** 생체재료의 결정화 온도 측정값 및 시험 방법을 작성
32	Glass transition temperature (Tg)	M	**설명(국문):** 생체재료의 유리전이 온도 측정값 및 시험 방법을 작성
33	Melting temperature (Tm)	M	**설명(국문):** 생체재료의 용융 온도 측정값 및 시험 방법을 작성
34	Test method for thermal property	M	**예시:** ASTM
Cyclic Fatigue (순환 피로)			
35	Fracture	M	**설명(국문):** ASTM기준에 따라 측정한 생체재료 시편의 fracture 특성을 기입
36	Deformation	M	**설명(국문):** ASTM기준에 따라 측정한 생체재료 시편의 deformation 특성을 기입
37	Wear and loosening	M	**설명(국문):** ASTM기준에 따라 혹은 시뮬레이터 등을 이용하여 측정한 생체재료 시편의 wear and loosening 특성을 기입
Local Stress Risers, Residual Stress (국소적인 물성)			
38	Stress analysis	M	**설명(국문):** tensile test, dynamic mechanical analysis 등을 이용하여 측정한 생체재료의 stress-strain analysis 결과를 기입
39	Mechanical testing	M	**설명(국문):** tensile, compressive test 등의 방법을 이용하여 측정한 생체재료의 물성값을 기입
Viscoelasticity (점탄성)			
40	Creep	M	**설명(국문):** 동일한 stress하에서의 생체재료의 거동 분석 결과를 기입
41	Stress relaxation	M	**설명(국문):** 동일한 strain하에서의 생체재료의 거동 분석 결과를 기입
Stability (안정성)			
42	Sterilization method	M	**설명(국문):** 멸균 방법 **예시:** e-beam, gamma ray, chemical treatment 등
43	MW change after sterilization	M	**설명(국문):** 멸균 이전 및 이후의 분자량 측정 결과 기입
44	Test method for effect of sterilization	O	**설명(국문):** 멸균 효과를 검증한 방법 및 결과에 대해 기입 **예시:** Use sterilized samples for all evaluation or demonstrate no significant effect on all properties
45	Shelf life	O	**설명(국문):** 생체소재의 장기간 보관전/후 분자량 변화 정보를 기입
Biocompatibility (생체적합성)			
46	Cytotoxicity	M	**설명(국문):** 세포독성 시험평가 결과를 기입
47	Endotoxin level	M	**설명(국문):** 엔도톡신 레벨 측정 결과를 기입
48	Breakdown by-products	M/O	**설명(국문):** 생분해성 생체재료의 경우 부산물 정보를 기입
49	Metabolic pathways	M/O	**설명(국문):** 생분해성 생체재료의 경우 체내 흡수/배출 경로를 기입
기타 정보			
50	승인여부	O	**설명(국문):** 생체재료 기반 FDA 및 kFDA 허가 사례 유무를 기입
51	임상적 발견	O	**설명(국문):** 임상결과 특이사항 기입
52	Other	O	**설명(국문):** 기타 정보를 자유롭게 기입
53	Release date (공개날짜)	M	**설명(영문):** Data release date **설명(국문):** 데이터 공개 날짜 **양식:** YYYY-MM-DD **예시:** 2018-12-22

10.1.3 생체신호 측정장치 정보

□ (작성자) 서울대학교 공현중(의료기기 작업반)

□ (설명) 본 등록양식은 다음과 같은 생체신호 의료기기 데이터를 등록할 때 쓰임

○ 다음과 같은 품목 분류의 환자감시장치(Patient monitor)

- A26090.01 환자감시장치 (Patient monitor)
- A26090.02 모듈식환자감시장치 (Patient monitoring system, transportable)

○ 다음과 같은 품목 분류의 심전계(ECG)

- A26010.01 심전계
- A26010.02 다기능심전계
- A26010.03 무선심전계시스템
- A26010.04 실시간해석심전계
- A90100.01 유헬스케어심전계

□ 작성에 참고한 자료

○ 펄스옥시미터 기술문서 작성을 위한 가이드라인 (2015.2, 식품의약품안전평가원)

○ 환자감시장치의 기술문서 작성을 위한 가이드라인 (2018.8, 식품의약품안전평가원)

○ 심전계의 기술문서 작성을 위한 가이드라인 (2018.8, 식품의약품안전평가원)

□ (등록 구성) 생체신호 측정장치 정보의 등록은 다음 세 요소로 구성됨

○ BioProject 정보: <2. BioProject 정보>의 양식에 따라 등록

○ 의료기기 연구 기본 정보: <8.2.1. 의료기기 연구 기본 정보>의 양식에 따라 등록

○ 생체신호 측정장치 정보: <10.1.3. 생체신호 측정장치 정보>의 양식에 따라 등록

<표 10-1-3>

No	항목	필수(M)/ 선택(O)	도움말
산소포화도(Oxygen saturation, SpO_2)			
1	SpO_2 Measuring range (SpO_2 측정범위 (%))	M	**설명:** 기기가 측정할 수 있는 SpO_2의 최소 및 최대값 **예시:** 98 **단위:** %
2	SpO_2 resolution (SpO_2 해상도 (%))	M	**설명:** SpO_2의 해상도 **예시:** 1 **단위:** %
3	SpO_2 accuracy (SpO_2 정확도)	M	**설명:** SpO2 수용 기준값과 시험 결과 사이 일치의 근접도 **예시:** ±3 **단위:** %
4	SpO_2 Pleth waveform sampling rate (샘플링 속도 (sps))	M	**설명:** 샘플링 속도 **예시:** 125 **단위:** sps
5	Wavelength range (측정파장범위 (nm))	M	**설명:** 기기가 측정하는 파장범위 **예시:** 500~1000 **단위:** nm
6	SpO_2 Numerics-Averaging (초)	O	**설명:** 평균값을 구하기 위한 time window **예시:** 5 **단위:** 초
7	SpO_2 alarm range (SpO_2 알람범위)	O	**설명:** SpO_2 수치의 알람 설정 최대·최소 범위 **예시:** 50~90(최소), 70~99(최대)
8	SpO_2 update rate (SpO_2 갱신속도)	O	**설명:** 새로운 SpO_2 데이터를 제공하는 알고리즘 간격 **예시:** 매초 1회
맥박수(Pulse Rate)			
9	Measuring range (측정범위 (bpm))	M	**설명:** 기기가 측정할 수 있는 맥박수의 최소 및 최대값 **예시:** 40-199 **단위:** bpm
10	Resolution (해상도 (bpm))	M	**설명:** 맥박수의 해상도 **예시:** 1 **단위:** bpm
11	Accuracy (정확도 (%, bpm))	M	**설명:** 맥박수 수용 기준값과 시험 결과 사이 일치의 근접도 **예시:** ±2% 또는 1 bpm 중 큰 쪽
12	Alarm range (알람범위)	O	**설명:** 맥박수 수치의 알람 설정 최대·최소 범위 **예시:** 20~200(최소), 80~300(최대) **단위:** bpm
심전도(ECG)			
13	Measurement Lead (측정 리드)	M	**설명:** 측정 리드 **예시:** 12-lead
14	Sampling Rate (샘플링률)	M	**설명:** 샘플링률 **예시:** 2,000 **단위:** samples/second/channel
15	Dynamic range (다이나믹 레인지)	M	**설명:** 신호의 다이나믹 레인지 **예시:** AC Dierential ± 5mV, DC oset ±300 mV
16	Resolution (해상도)	M	**설명:** 신호 세기의 해상도 **예시:** 4.88 **단위:** µV/LSB
17	Frequency response (주파수 응답)	M	**설명:** 주파수 응답 **예시:** -3 (0.01~150 Hz) **단위:** dB
18	Low cut-off frequency (저역차단 주파수)	M	**설명:** 저역차단 주파수 **예시:** 0.01 **단위:** Hz

No	항목	필수(M)/ 선택(O)	도움말
19	High cut-off frequency (고역차단 주파수)	M	**설명:** 고역차단 주파수 **예시:** 20 **단위:** Hz
비관혈식혈압(NIBP)			
20	BP measuring range (혈압측정범위)	M	**설명:** 기기가 측정할 수 있는 혈압의 최소 및 최대값 **예시:** 40～ 260 **단위:** ㎜Hg
21	BP accuracy (정확도)	M	**설명:** 혈압의 수용 기준값과 시험 결과 사이 일치의 근접도 **예시:** ±3 **단위:** ㎜Hg
22	Time for rapid exhaust (급속배기 소요시간)	M	**설명:** 급속배기 소요시간 **예시:** (200㎜Hg에서 40㎜Hg에 급속배기하기 위하여 필요한 시간) : 1.5초 이하
23	Stability of cuff pressure (커프 내 압력표시 안정성)	M	설명: 커프 내 압력표시 안정성 **예시:** 압력차 ±3㎜Hg 이내.
24	Acceptable arm circumference (측정가능 팔둘레)	M	**설명:** 측정 가능한 팔둘레 **예시:** 170 ㎜～360㎜ **단위:** mm
25	Minimum scale (최소눈금단위)	M	**설명:** 기기의 최소 눈금 단위 **예시:** 2 **단위:** ㎜Hg
26	Measuring type (측정방법)	M	**설명:** 혈압계의 혈압측정 방식 **예시:** 오실로메트릭 방식
27	Pressurization time (가압시간)	M	**설명:** 가압시간 **예시:** 10초 이내
28	Measuring time (측정시간)	M	**설명:** 측정시간 **예시:** 30초 이내
29	Ballooning type (송기방식)	O	**설명:** 압박대에 공기를 공급하는 송기방식 **예시:** 자동가압펌프에 의한 가압
30	Ventilation type (배기방식)	O	**설명:** 송기 후 감압을 위한 배기방식 **예시:** 미속배기밸브(기계식)에 의해 서서히 감압 및 전자밸브에 의해 급속배기
31	Release date (공개날짜)	M	**설명(영문):** Data release date **설명(국문):** 데이터 공개 날짜 **양식:** YYYY-MM-DD **예시:** 2018-12-22

10.2 보건 연구 데이터

10.2.1 보건 연구 과제 정보

□ (작성자) 김포우리병원 염형선(보건 작업반)

□ 작성에 참고한 자료

○ NCD-RisC (NCD Risk Factor Collaboration)

○ WHO-STEPS (STEPwise approach to surveillance)

○ KoGES (Korean Genome and Epidemiology Study)

○ National Health Insurance Service-Health Screening Cohort

파트 1. 보건 연구 과제 프로젝트 정보

<표 10-2-1-1>

No	항목	필수(M)/ 선택(O)	도움말
1	Study start(연구시작 연도)	M	**양식:** YYYY-MM-DD **예시:** 2018-12-22
2	Study end(연구종료 연도)	M	**양식:** YYYY-MM-DD **예시:** 2018-12-22
3	Release date (공개날짜)	M	**설명(영문):** Data release date **설명(국문):** 데이터 공개 날짜 **양식:** YYYY-MM-DD **예시:** 2018-12-22

파트 2. 연구대상자 정보

<표 10-2-1-2>

No	항목	필수(M)/ 선택(O)	도움말
1	Response rate (응답률)	M	**설명(국문):** 추적조사 참여자 수 / 기반조사 참여자 수 x 100 **예시:** 60% **단위:** %

<table>
<tr><th>No</th><th>항목</th><th>필수(M)/
선택(O)</th><th>도움말</th></tr>
<tr><td>2</td><td>Sex
(성별)</td><td>M</td><td>설명(국문): 연구 대상의 성별 조건

가능한 값: 다음 중 택일
<table>
<tr><th>No</th><th>가능한 값</th></tr>
<tr><td>1</td><td>남자</td></tr>
<tr><td>2</td><td>여자</td></tr>
<tr><td>3</td><td>모두</td></tr>
</table></td></tr>
<tr><td>3</td><td>Minimum age range
(연령대 최소값)</td><td>M</td><td>설명(국문): 연구 대상의 최소 연령 조건
예시: 20세
단위: 세</td></tr>
<tr><td>4</td><td>Maximum age range
(연령대 최대값)</td><td>M</td><td>설명(국문): 연구 대상의 최대 연령 조건
예시: 65세
단위: 세</td></tr>
<tr><td>5</td><td>Sampling method
(추출방법)</td><td>M</td><td>설명(국문): 연구 대상의 표본 추출 방법

가능한 값: 다음 중 택일
<table>
<tr><th>No</th><th>가능한 값</th><th>추가 작성</th></tr>
<tr><td>1</td><td>simple random</td><td></td></tr>
<tr><td>2</td><td>one stage stratified random</td><td></td></tr>
<tr><td>3</td><td>multistage stratified random</td><td></td></tr>
<tr><td>4</td><td>multistage cluster sample</td><td></td></tr>
<tr><td>5</td><td>multistage stratified cluster sample</td><td></td></tr>
<tr><td>6</td><td>other</td><td>추출방법 서술</td></tr>
</table></td></tr>
<tr><td>6</td><td>Study population
(연구범위)</td><td>M</td><td>설명(국문): 연구 대상 집단의 범위

가능한 값: 다음 중 택일
<table>
<tr><th>No</th><th>가능한 값</th><th>설명</th></tr>
<tr><td>1</td><td>national</td><td>전국 대표성 학보</td></tr>
<tr><td>2</td><td>subnational</td><td>3-5개 이상의 지역을 포함한 경우</td></tr>
<tr><td>3</td><td>community</td><td>참여지역이 제한적이거나
1 또는 2에 해당되지 않는 경우</td></tr>
</table></td></tr>
<tr><td>7</td><td>Population location
(연구지역)</td><td>M</td><td>설명(국문): 연구 대상의 거주 지역 특성

가능한 값: 다음 중 택일
<table>
<tr><th>No</th><th>가능한 값</th></tr>
<tr><td>1</td><td>도시지역만 포함</td></tr>
<tr><td>2</td><td>농촌지역만 포함</td></tr>
<tr><td>3</td><td>도시 및 농촌 모두 포함</td></tr>
</table></td></tr>
</table>

파트 3. 측정 정보

<표 10-2-1-3>

<table>
<tr><th>No</th><th>항목</th><th>필수(M)/
선택(O)</th><th>도움말</th></tr>
<tr><td>1</td><td>Cuff size
(커프 사이즈)</td><td>M</td><td>설명(국문): 혈압 측정 시 커프 사용 방법

가능한 값: 다음 중 택일
<table>
<tr><th>No</th><th>가능한 값</th></tr>
<tr><td>1</td><td>참여자 모두 한 사이즈의 커프 사용</td></tr>
<tr><td>2</td><td>참여자 팔둘레에 맞는 커프 사용</td></tr>
</table></td></tr>
<tr><td>2</td><td>BP measurements
(혈압 측정 횟수)</td><td>M</td><td>설명(국문): 혈압 측정 횟수
예시: 3회
단위: 회</td></tr>
<tr><td>3</td><td>BP device
(혈압계 명)</td><td>M</td><td>설명(국문): 혈압계 명
예시: 오므론 HEM-7121
비고: 회사명 및 모델명 기입</td></tr>
<tr><td>4</td><td>Lipid method
(혈중 지질 측정 방법)</td><td>M</td><td>설명(국문): 혈중 지질 측정 방법

가능한 값: 다음 중 택일
<table>
<tr><th>No</th><th>가능한 값</th></tr>
<tr><td>1</td><td>혈청(serum)</td></tr>
<tr><td>2</td><td>혈장(plasma)</td></tr>
<tr><td>3</td><td>간이측정(portable device)</td></tr>
<tr><td>4</td><td>대상자마다 다름</td></tr>
<tr><td>5</td><td>측정 지질마다 다름</td></tr>
</table></td></tr>
<tr><td>5</td><td>TC method
(총 클레스테롤 측정 방법)</td><td>M</td><td>설명(국문): 총 클레스테롤 측정 방법

가능한 값: 다음 중 택일
<table>
<tr><th>No</th><th>가능한 값</th></tr>
<tr><td>1</td><td>enzymatic</td></tr>
<tr><td>2</td><td>extraction</td></tr>
<tr><td>3</td><td>other</td></tr>
</table></td></tr>
<tr><td>6</td><td>HDL method
(HDL 콜레스테롤 측정 방법)</td><td>M</td><td>설명(국문): HDL 콜레스테롤 측정 방법

가능한 값: 다음 중 택일
<table>
<tr><th>No</th><th>가능한 값</th><th>예시</th></tr>
<tr><td>1</td><td>separation technique</td><td>Heparin-Manganese, Dextran sulphate_Magnesium, Polyethylene glycol, etc</td></tr>
<tr><td>2</td><td>quantification method</td><td>enzymatic, etc</td></tr>
</table></td></tr>
<tr><td>7</td><td>LDL fasting
(LDL 콜레스테롤 측정 시 공복여부)</td><td>M</td><td>설명(국문): LDL 콜레스테롤 측정 시 공복여부

가능한 값: 다음 중 택일
<table>
<tr><th>No</th><th>가능한 값</th></tr>
<tr><td>1</td><td>공복</td></tr>
<tr><td>2</td><td>비공복</td></tr>
</table></td></tr>
<tr><td>8</td><td>LDL method
(LDL 콜레스테롤 측정 방식)</td><td>M</td><td>설명(국문): LDL 콜레스테롤 측정 방식

가능한 값: 다음 중 택일
<table>
<tr><th>No</th><th>가능한 값</th></tr>
<tr><td>1</td><td>직접 측정</td></tr>
<tr><td>2</td><td>계산 (Friedewald equation 등)</td></tr>
</table></td></tr>
</table>

<table>
<tr><th>No</th><th>항목</th><th>필수(M)/
선택(O)</th><th>도움말</th></tr>
<tr><td>9</td><td>Lipid standardization
(혈중 지질 표준화 여부)</td><td>M</td><td>설명(국문): 혈중 지질 표준화 여부

가능한 값: 다음 중 택일<table><tr><th>No</th><th>가능한 값</th></tr><tr><td>1</td><td>표준화</td></tr><tr><td>2</td><td>비표준화</td></tr></table></td></tr>
<tr><td>10</td><td>Lipid standardization method
(혈중 지질 표준화 방법)</td><td>M</td><td>설명(국문): 혈중 지질 표준화 방법
예시: CDC/Cholesterol Reference Method Laboratory Network, WHO Lipid Reference Centre in Prague</td></tr>
<tr><td>11</td><td>Height method
(신장 조사 방법)</td><td>M</td><td>설명(국문): 신장 조사 방법

가능한 값: 다음 중 택일<table><tr><th>No</th><th>가능한 값</th></tr><tr><td>1</td><td>측정</td></tr><tr><td>2</td><td>자가응답</td></tr></table></td></tr>
<tr><td>12</td><td>Weight method
(체중 조사 방법)</td><td>M</td><td>설명(국문): 체중 조사 방법

가능한 값: 다음 중 택일<table><tr><th>No</th><th>가능한 값</th></tr><tr><td>1</td><td>측정</td></tr><tr><td>2</td><td>자가응답</td></tr></table></td></tr>
<tr><td>13</td><td>Glucose method
(혈당 측정 방식)</td><td>M</td><td>설명(국문): 혈당 측정 방식

가능한 값: 다음 중 택일<table><tr><th>No</th><th>가능한 값</th></tr><tr><td>1</td><td>plasma</td></tr><tr><td>2</td><td>간이측정</td></tr><tr><td>3</td><td>둘 다 사용</td></tr></table></td></tr>
<tr><td>14</td><td>Glucose convert
(혈당 간이측정 시 혈장수준 변환 여부)</td><td>O</td><td>설명(국문): 혈당 간이측정 시 혈장수준 변환 여부

가능한 값: 다음 중 택일<table><tr><th>No</th><th>가능한 값</th></tr><tr><td>1</td><td>측정한 전혈 혈당 기준으로 혈장 혈당으로 변환</td></tr><tr><td>2</td><td>변환 없이 전혈 혈당 수준으로 보고</td></tr></table></td></tr>
<tr><td>15</td><td>Glucose device
(혈당 측정 기기)</td><td>M</td><td>설명(국문): 혈당 측정 기기
비고: 회사명, 모델명 기입</td></tr>
<tr><td>16</td><td>HbA1c device
(당화혈색소 측정 기기)</td><td>M</td><td>설명(국문): 당화혈색소 측정 기기
비고: 회사명, 모델명 기입</td></tr>
<tr><td>17</td><td>fasting (공복 여부)</td><td>M</td><td>설명(국문): 혈당 측정 시 8시간 이상 공복 여부

가능한 값: 다음 중 택일<table><tr><th>No</th><th>가능한 값</th></tr><tr><td>1</td><td>공복</td></tr><tr><td>2</td><td>비공복</td></tr></table></td></tr>
</table>

10.2.2 보건 데이터 정보

□ (작성자) 김포우리병원 염형선(보건 작업반)

□ 작성에 참고한 자료

○ NCD_RisC, WHO STEPS, 공단 검진 코호트 자료를 비교 분석하여 핵심 등록 항목 작성

파트 1. 일반 정보

<표 10-2-2-1>

<table>
<tr><th>No</th><th>항목</th><th>필수(M)/
선택(O)</th><th>도움말</th></tr>
<tr><td>1</td><td>ID
(아이디)</td><td>M</td><td>설명(국문): 데이터 식별 번호
예시: ABC0001</td></tr>
<tr><td>2</td><td>Age
(연령)</td><td>M</td><td>설명(국문): 연구 참여자의 만 나이 (세)
예시: 30세
단위: 세</td></tr>
<tr><td>3</td><td>Sex
(성별)</td><td>M</td><td>설명(국문): 연구 참여자의 성별

가능한 값: 다음 중 택일
<table>
<tr><th>No</th><th>가능한 값</th></tr>
<tr><td>1</td><td>남자</td></tr>
<tr><td>2</td><td>여자</td></tr>
<tr><td>3</td><td>알 수 없음</td></tr>
</table></td></tr>
<tr><td>4</td><td>Birth date
(출생년월일)</td><td>O</td><td>설명(국문): 연구 참여자의 출생년월일
예시: 20010601
양식: YYYYMMDD</td></tr>
<tr><td>5</td><td>Birth year
(출생연도)</td><td>O</td><td>설명(국문): 연구 참여자의 출생년도
예시: 2001
비고: YYYY</td></tr>
<tr><td>6</td><td>Residential environment
(거주지)</td><td>O</td><td>설명(국문): 연구 참여자의 거주지역 특성

가능한 값: 다음 중 택일
<table>
<tr><th>No</th><th>가능한 값</th></tr>
<tr><td>1</td><td>도시</td></tr>
<tr><td>2</td><td>농촌</td></tr>
<tr><td>3</td><td>도농복합지역</td></tr>
</table></td></tr>
<tr><td>7</td><td>Extent of education
(교육정도)</td><td>O</td><td>설명(국문): 연구 참여자의 교육 수준

가능한 값: 다음 중 택일
<table>
<tr><th>No</th><th>가능한 값</th></tr>
<tr><td>1</td><td>초졸 이하</td></tr>
<tr><td>2</td><td>중졸 이하</td></tr>
<tr><td>3</td><td>고졸 이하</td></tr>
<tr><td>4</td><td>대졸 이상</td></tr>
</table>
비고: 국민건강영양조사 참고</td></tr>
</table>

<table>
<tr><th>No</th><th>항목</th><th>필수(M)/
선택(O)</th><th>도움말</th></tr>
<tr><td>8</td><td>Individual income
(수입(개인))</td><td>O</td><td>설명(국문): 연구 참여자의 연 소득
예시: 3000만원
단위: 원</td></tr>
<tr><td>9</td><td>Family income
(수입(가정))</td><td>O</td><td>설명(국문): 연구 참여자의 연 가구 총 소득
예시: 5000만원
단위: 원</td></tr>
<tr><td>10</td><td>Number of family members
(가족 구성원)</td><td>O</td><td>설명(국문): 가족 구성원 수
예시: 4인 가정의 경우 --> 4</td></tr>
<tr><td>11</td><td>Occupation
(직업)</td><td>O</td><td>설명(국문): 연구 참여자의 직업분류

가능한 값: 다음 중 택일
<table>
<tr><th>No</th><th>가능한 값</th></tr>
<tr><td>1</td><td>관리자</td></tr>
<tr><td>2</td><td>전문가 및 관련 종사자</td></tr>
<tr><td>3</td><td>사무 종사자</td></tr>
<tr><td>4</td><td>서비스 종사자</td></tr>
<tr><td>5</td><td>판매 종사자</td></tr>
<tr><td>6</td><td>농림·어업 숙련 종사자</td></tr>
<tr><td>7</td><td>기능원 및 관련 기능 종사자</td></tr>
<tr><td>8</td><td>장치·기계조작 및 조립 종사자</td></tr>
<tr><td>9</td><td>단순노무종사자</td></tr>
<tr><td>10</td><td>군인</td></tr>
<tr><td>11</td><td>없음</td></tr>
</table>
비고: 표준직업분류코드, 국민건강영양조사 참고</td></tr>
<tr><td>12</td><td>Marital status
(현재 결혼 상태)</td><td>O</td><td>설명(국문): 연구 참여자의 현재 결혼 상태

가능한 값: 다음 중 택일
<table>
<tr><th>No</th><th>가능한 값</th></tr>
<tr><td>1</td><td>미혼</td></tr>
<tr><td>2</td><td>기혼(동거)</td></tr>
<tr><td>3</td><td>별거</td></tr>
<tr><td>4</td><td>이혼</td></tr>
<tr><td>5</td><td>사별</td></tr>
<tr><td>6</td><td>기타</td></tr>
</table></td></tr>
</table>

파트 2. 과거력

<표 10-2-2-2>

<table>
<tr><th>No</th><th>항목</th><th>필수(M)/
선택(O)</th><th>도움말</th></tr>
<tr><td>1</td><td>Hypertension diagnosis
(고혈압 진단 여부)</td><td>O</td><td>설명(국문): 고혈압 의사 진단 여부

가능한 값: 다음 중 택일
<table>
<tr><th>No</th><th>가능한 값</th></tr>
<tr><td>1</td><td>예</td></tr>
<tr><td>2</td><td>아니오</td></tr>
</table></td></tr>
<tr><td>2</td><td>Age at hypertension diagnosis
(고혈압 진단받은 나이)</td><td>O</td><td>설명(국문): 고혈압을 처음 진단받은 나이 (세)
예시: 50세
단위: 세</td></tr>
</table>

<table>
<tr><th>No</th><th>항목</th><th>필수(M)/
선택(O)</th><th>도움말</th></tr>
<tr><td>3</td><td>Hypertension drug treatment
(고혈압 약물치료 여부)</td><td>O</td><td>설명(국문): 고혈압 치료 약물 복용 여부

가능한 값: 다음 중 택일<table><tr><th>No</th><th>가능한 값</th></tr><tr><td>1</td><td>예</td></tr><tr><td>2</td><td>아니오</td></tr></table></td></tr>
<tr><td>4</td><td>Diabetes diagnosis
(당뇨병 진단 여부)</td><td>O</td><td>설명(국문): 당뇨병 의사 진단 여부

가능한 값: 다음 중 택일<table><tr><th>No</th><th>가능한 값</th></tr><tr><td>1</td><td>예</td></tr><tr><td>2</td><td>아니오</td></tr></table></td></tr>
<tr><td>5</td><td>Age at diabetes diagnosis
(당뇨병 진단받은 나이)</td><td>O</td><td>설명(국문): 당뇨병을 처음 진단받은 나이 (세)
예시: 50세
단위: 세</td></tr>
<tr><td>6</td><td>Diabetes treatment (drug)
(당뇨병 치료(약물복용) 여부)</td><td>O</td><td>설명(국문): 당뇨병 치료 약물 복용 여부

가능한 값: 다음 중 택일<table><tr><th>No</th><th>가능한 값</th></tr><tr><td>1</td><td>예</td></tr><tr><td>2</td><td>아니오</td></tr></table></td></tr>
<tr><td>7</td><td>Diabetes treatment (insulin)
(당뇨병 치료(인슐린) 여부)</td><td>O</td><td>설명(국문): 인슐린 투여 여부

가능한 값: 다음 중 택일<table><tr><th>No</th><th>가능한 값</th></tr><tr><td>1</td><td>예</td></tr><tr><td>2</td><td>아니오</td></tr></table></td></tr>
<tr><td>8</td><td>Hyperlipidemia (dyslipidemia) diagnosis
(고지혈증(이상지질혈증) 진단 여부)</td><td>O</td><td>설명(국문): 고지혈증(이상지질혈증) 의사 진단 여부

가능한 값: 다음 중 택일<table><tr><th>No</th><th>가능한 값</th></tr><tr><td>1</td><td>예</td></tr><tr><td>2</td><td>아니오</td></tr></table></td></tr>
<tr><td>9</td><td>Age at hyperlipidemia (dyslipidemia) diagnosis
(고지혈증(이상지질혈증) 진단받은 나이)</td><td>O</td><td>설명(국문): 고지혈증(이상지질혈증)을 처음 진단 받은 나이 (세)
예시: 50세
단위: 세</td></tr>
<tr><td>10</td><td>Hyperlipidemia (dyslipidemia) drug treatment
(이상지질혈중 약물치료 여부)</td><td>O</td><td>설명(국문): 고지혈증(이상지질혈증) 치료 약물 복용 여부

가능한 값: 다음 중 택일<table><tr><th>No</th><th>가능한 값</th></tr><tr><td>1</td><td>예</td></tr><tr><td>2</td><td>아니오</td></tr></table></td></tr>
<tr><td>11</td><td>Stroke
(뇌졸중 유무)</td><td>O</td><td>설명(국문): 뇌졸중(뇌경색, 뇌졸중 포함) 의사 진단 여부

가능한 값: 다음 중 택일<table><tr><th>No</th><th>가능한 값</th></tr><tr><td>1</td><td>예</td></tr><tr><td>2</td><td>아니오</td></tr></table></td></tr>
<tr><td>12</td><td>Heart disease
(심장병 유무)</td><td>O</td><td>설명(국문): 허혈성 심장질환(심근경색, 협심증 포함) 의사 진단 여부

가능한 값: 다음 중 택일<table><tr><th>No</th><th>가능한 값</th></tr><tr><td>1</td><td>예</td></tr><tr><td>2</td><td>아니오</td></tr></table></td></tr>
</table>

<table>
<tr><th>No</th><th>항목</th><th>필수(M)/
선택(O)</th><th>도움말</th></tr>
<tr><td>13</td><td>Tuberculosis
(폐결핵 유무)</td><td>O</td><td>설명(국문): 폐결핵 의사 진단 여부

가능한 값: 다음 중 택일<table><tr><th>No</th><th>가능한 값</th></tr><tr><td>1</td><td>예</td></tr><tr><td>2</td><td>아니오</td></tr></table></td></tr>
<tr><td>14</td><td>Cancer
(암질환 유무)</td><td>O</td><td>설명(국문): 암 의사 진단 여부

가능한 값: 다음 중 택일<table><tr><th>No</th><th>가능한 값</th></tr><tr><td>1</td><td>예</td></tr><tr><td>2</td><td>아니오</td></tr></table></td></tr>
<tr><td>15</td><td>Other diseases
(기타질환 유무)</td><td>O</td><td>설명(국문): 기타 질환 의사 진단 여부

가능한 값: 다음 중 택일<table><tr><th>No</th><th>가능한 값</th></tr><tr><td>1</td><td>예</td></tr><tr><td>2</td><td>아니오</td></tr></table></td></tr>
<tr><td>16</td><td>Pregnancy status
(임신 여부)</td><td>O</td><td>설명(국문): 현재 임신 여부

가능한 값: 다음 중 택일<table><tr><th>No</th><th>가능한 값</th></tr><tr><td>1</td><td>예</td></tr><tr><td>2</td><td>아니오</td></tr></table></td></tr>
</table>

파트 3. 가족력

<표 10-2-2-3>

<table>
<tr><th>No</th><th>항목</th><th>필수(M)/
선택(O)</th><th>도움말</th></tr>
<tr><td>1</td><td>Family history of stroke
(뇌졸중 환자 유무)</td><td>O</td><td>설명(국문): 뇌졸중 가족력 유무

가능한 값: 다음 중 택일<table><tr><th>No</th><th>가능한 값</th></tr><tr><td>1</td><td>예</td></tr><tr><td>2</td><td>아니오</td></tr></table></td></tr>
<tr><td>2</td><td>Family history of heart disease
(심장병 환자 유무)</td><td>O</td><td>설명(국문): 허혈성 심장질환 가족력 유무

가능한 값: 다음 중 택일<table><tr><th>No</th><th>가능한 값</th></tr><tr><td>1</td><td>예</td></tr><tr><td>2</td><td>아니오</td></tr></table></td></tr>
<tr><td>3</td><td>Family history of hypertension
(고혈압 환자 유무)</td><td>O</td><td>설명(국문): 고혈압 가족력 유무

가능한 값: 다음 중 택일<table><tr><th>No</th><th>가능한 값</th></tr><tr><td>1</td><td>예</td></tr><tr><td>2</td><td>아니오</td></tr></table></td></tr>
</table>

No	항목	필수(M)/선택(O)	도움말
4	Family history of diabetes (당뇨병 환자 유무)	O	**설명(국문):** 당뇨병 가족력 유무 **가능한 값:** 다음 중 택일 No: 1 예 2 아니오
5	Family history of other diseases including cancer (기타(암 포함) 환자 유무)	O	**설명(국문):** 기타 질환(암 등) 가족력 유무 **가능한 값:** 다음 중 택일 No: 1 예 2 아니오

파트 4. 생활습관

<표 10-2-2-4>

No	항목	필수(M)/선택(O)	도움말
1	Smoking status (현재 흡연 여부)	O	**설명(국문): 현재 흡연 여부** **가능한 값:** 다음 중 택일 No: 1 현재 흡연 2 과거 흡연 3 비흡연
2	Smoking duration (흡연 기간)	O	**설명(국문):** 총 흡연 기간 **예시:** 30년 **단위:** 년
3	Daily level of smoking (평균 흡연량)	O	**설명(국문):** 하루 평균 흡연량 **예시:** 20 개비 **단위:** 개비
4	Smoking pack years (총 흡연량)	O	**설명(국문):** 총 흡연량 (일평균 흡연량(갑) x 총 흡연기간(년)) **예시:** 30 갑년 **단위:** 갑년(pack-year)
5	Alcohol drinking frequency (음주 빈도)	O	**설명(국문):** 알코올 섭취 빈도 **가능한 값:** 다음 중 택일 No: 1 월 1회 2 월 2-3회 3 주 1회 4 주 2-3회 5 주 4회 이상
6	Alcohol drinking amount (음주량)	O	**설명(국문):** 1회 음주 시 마시는 평균 잔 수 (잔) **예시:** 7잔 **단위:** 잔

<table>
<tr><th>No</th><th>항목</th><th>필수(M)/
선택(O)</th><th>도움말</th></tr>
<tr><td>7</td><td>High-intensity physical activity
(고강도 신체활동)</td><td>O</td><td>설명(국문): 고강도 신체활동 여부
비고: 달리기, 에어로빅, 빠른 속도의 자전거, 건설현장 노동, 계단으로 물건 나르기 등

가능한 값: 다음 중 택일<table><tr><th>No</th><th>가능한 값</th></tr><tr><td>1</td><td>있음</td></tr><tr><td>2</td><td>없음</td></tr></table></td></tr>
<tr><td>8</td><td>Frequency of high-intensity physical activity
(고강도 신체활동 빈도)</td><td>O</td><td>설명(국문): 1주 동안 고강도 신체활동 한 번에 최소 10분 이상 시행한 일수
예시: 3일
단위: 일</td></tr>
<tr><td>9</td><td>Duration of high-intensity physical activity
(고강도 신체활동 시간)</td><td>O</td><td>설명(국문): 1회 고강도 신체활동 시 걸리는 평균 시간 (시간)
예시: 2시간
단위: 시간</td></tr>
<tr><td>10</td><td>Medium-intensity physical activity
(중강도 신체활동)</td><td>O</td><td>설명(국문): 중강도 신체활동 여부
비고: 빠르게 걷기, 복식 테니스, 보통 속도의 자전거, 가벼운 물건 나르기, 청소 등

가능한 값: 다음 중 택일<table><tr><th>No</th><th>가능한 값</th></tr><tr><td>1</td><td>있음</td></tr><tr><td>2</td><td>없음</td></tr></table></td></tr>
<tr><td>11</td><td>Frequency of medium-intensity physical activity
(중강도 신체활동 빈도)</td><td>O</td><td>설명(국문): 1주 동안 중강도 신체활동 한 번에 최소 10분 이상 시행한 일수
예시: 3일
단위: 일</td></tr>
<tr><td>12</td><td>Duration of high-intensity physical activity
(중강도 신체활동 시간)</td><td>O</td><td>설명(국문): 1회 중강도 신체활동 시 걸리는 평균 시간 (시간)
예시: 2시간
단위: 시간</td></tr>
<tr><td>13</td><td>Walking
(걷기 신체활동)</td><td>O</td><td>설명(국문): 걷는 신체활동 여부

가능한 값: 다음 중 택일<table><tr><th>No</th><th>가능한 값</th></tr><tr><td>1</td><td>있음</td></tr><tr><td>2</td><td>없음</td></tr></table></td></tr>
<tr><td>14</td><td>Frequency of walking
(걷기 신체활동 빈도)</td><td>O</td><td>설명(국문): 1주 동안 한 번에 최소 10분 이상 걸은 일수
예시: 3일
단위: 일</td></tr>
<tr><td>15</td><td>Duration of walking
(걷기 신체활동 시간)</td><td>O</td><td>설명(국문): 한 번에 걷는 시간
예시: 2시간
단위: 시간</td></tr>
</table>

파트 5. 임상정보

<표 10-2-2-5>

No	항목	필수(M)/ 선택(O)	도움말
1	Height (신장)	O	**설명(국문):** 신장 **예시:** 170 cm **단위:** cm

No	항목	필수(M)/선택(O)	도움말
2	Date of height measurement (신장 측정일)	O	**설명(국문):** 신장 측정일 **예시:** 20210601 **양식:** YYYYMMDD
3	Weight (체중)	O	**설명(국문):** 체중 **예시:** 70 kg **단위:** kg
4	Date of weight measurement (체중 측정일)	O	**설명(국문):** 체중 측정일 **예시:** 20210601 **양식:** YYYYMMDD
5	Body mass index (체질량지수)	O	**설명(국문):** 체질량지수 (체중(kg) / (신장(m) x 신장(m)) **예시:** 25 kg/m2 **단위:** kg/m2
6	Waist circumference (허리둘레)	O	**설명(국문):** 허리둘레 **예시:** 80cm **단위:** cm
7	Date of waist circumference measurement (허리둘레 측정일)	O	**설명(국문):** 허리둘레 측정일 **예시:** 20210601 **양식:** YYYYMMDD
8	Hip circumference (엉덩이 둘레)	O	**설명(국문):** 엉덩이 둘레 **예시:** 90cm **단위:** cm
9	Date of hip circumference measurement (엉덩이 둘레 측정일)	O	**설명(국문):** 엉덩이 둘레 측정일 **예시:** 20210601 **양식:** YYYYMMDD
10	Systolic blood pressure (수축기 혈압)	O	**설명(국문):** 수축기 혈압 **예시:** 120 mmHg **단위:** mmHg
11	Date of systolic blood pressure measurement (수축기 혈압 측정일)	O	**설명(국문):** 수축기 혈압 측정일 **예시:** 20210601 **양식:** YYYYMMDD
12	Diastolic blood pressure (이완기 혈압)	O	**설명(국문):** 이완기 혈압 **예시:** 80 mmHg **단위:** mmHg
13	Date of diastolic blood pressure measurement (이완기 혈압 측정일)	O	**설명(국문):** 이완기 혈압 측정일 **예시:** 20210601 **양식:** YYYYMMDD
14	Fasting blood sugar (공복혈당)	O	**설명(국문):** 공복 혈당 **예시:** 100 mg/dL **단위:** mg/dL
15	Date of fasting blood sugar measurement (공복혈당 측정일)	O	**설명(국문):** 공복혈당 측정일 **예시:** 20210601 **양식:** YYYYMMDD
16	Fasting (공복 여부)	O	**설명(국문):** 8시간 이상 공복을 유지했는지 여부 **가능한 값:** 다음 중 택일 No / 가능한 값 1 / 예 2 / 아니오
17	Glycosylated hemoglobin (HbA1c) (당화혈색소(HbA1c))	O	**설명(국문): 당화혈색소**(Glycosylated hemoglobin (HbA1c)) **예시:** 6.5 % **단위:** %

No	항목	필수(M)/선택(O)	도움말
18	Date of glycosylated hemoglobin (HbA1c) measurement (당화혈색소(HbA1c) 측정일)	O	**설명(국문):** 당화혈색소(HbA1c) 측정일 **예시:** 20210601 **양식:** YYYYMMDD
19	Total cholesterol (총 콜레스테롤)	O	**설명(국문):** 총 콜레스테롤(Total cholesterol) **예시:** 200 mg/dL **단위:** mg/dL
20	Date of total cholesterol measurement (총 콜레스테롤 측정일)	O	**설명(국문):** 총 콜레스테롤(Total cholesterol) 측정일 **예시:** 20210601 **양식:** YYYYMMDD
21	Triglyceride (중성지방)	O	**설명(국문):** 중성지방(Triglyceride, TG) **예시:** 150 mg/dL **단위:** mg/dL
22	Date of triglyceride measurement (중성지방 측정일)	O	**설명(국문):** 중성지방(TG) 측정일 **예시:** 20210601 **양식:** YYYYMMDD
23	HDL cholesterol (HDL 콜레스테롤)	O	**설명(국문):** 고밀도 지단백 콜레스테롤(High Density Lipoprotein cholesterol, HDL cholesterol) **예시:** 50 mg/dL **단위:** mg/dL
24	Date of HDL cholesterol measurement (HDL 콜레스테롤 측정일)	O	**설명(국문):** HDL 콜레스테롤 측정일 **예시:** 20210601 **양식:** YYYYMMDD
25	LDL cholesterol (LDL 콜레스테롤)	O	**설명(국문):** 저밀도 지단백 콜레스테롤(Low Density Lipoprotein cholesterol, LDL cholesterol) **예시:** 150 mg/dL **단위:** mg/dL
26	Date of LDL cholesterol measurement (LDL 콜레스테롤 측정일)	O	**설명(국문):** LDL 콜레스테롤 측정일 **예시:** 20210601 **양식:** YYYYMMDD
27	Serum AST ((혈청지오티)AST)	O	**설명(국문):** 혈청 아스파테이트 아미노전이효소 (Aspartate Aminotransferase, AST) **예시:** 20 U/L **단위:** U/L
28	Date of serum AST measurement ((혈청지오티)AST 측정일)	O	**설명(국문):** 혈청 AST 측정일 **예시:** 20210601 **단위:** YYYYMMDD
29	Serum ALT ((혈청지피티)ALT)	O	**설명(국문):** 혈청 알라닌 아미노전이효소(Alanine Aminotransferase, ALT) **예시:** 20 U/L **단위:** U/L
30	Date of serum ALT measurement ((혈청지피티)ALT 측정일)	O	**설명(국문):** 혈청 ALT 측정일 **예시:** 20210601 **양식:** YYYYMMDD
31	Gamma glutamyl transferase, GGT (감마글루타밀전이효소)	O	**설명(국문):** 감마글루타밀전이효소(Gamma glutamyl transferase, GGT) **예시:** 40 U/L **단위:** U/L
32	Date of GGT measurement (GGT 측정일)	O	**설명(국문):** 혈청 GGT 측정일 **예시:** 20210601 **양식:** YYYYMMDD
33	Serum creatinine (혈청크레아티닌)	O	**설명(국문):** 혈청 크레아티닌(Serum creatinine) **예시:** 1.0 mg/dL **단위:** mg/dL

<table>
<tr><th>No</th><th>항목</th><th>필수(M)/
선택(O)</th><th>도움말</th></tr>
<tr><td>34</td><td>Date of serum creatinine measurement
(혈청크레아티닌 측정일)</td><td>O</td><td>설명(국문): 혈청 크레아티닌 측정일
예시: 20210601
양식: YYYYMMDD</td></tr>
<tr><td>35</td><td>Urine protein
(요단백)</td><td>O</td><td>설명(국문): 소변 간이검사 상 요단백

가능한 값: 다음 중 택일
<table>
<tr><th>No</th><th>가능한 값</th></tr>
<tr><td>1</td><td>음성(-)</td></tr>
<tr><td>2</td><td>약양성(±)</td></tr>
<tr><td>3</td><td>양성(+1)</td></tr>
<tr><td>4</td><td>양성(+2)</td></tr>
<tr><td>5</td><td>양성(+3)</td></tr>
<tr><td>6</td><td>양성(+4)</td></tr>
</table></td></tr>
<tr><td>36</td><td>Date of urine protein measurement
(요단백 측정일)</td><td>O</td><td>설명(국문): 요단백 측정일
예시: 20210601
양식: YYYYMMDD</td></tr>
</table>

10.3 신약 연구 데이터

10.3.1 독성 시험 데이터

□ (작성자) 안전성평가연구소 강선웅(신약 작업반)

□ (설명) 독성 시험 데이터란 신약의 안전성 검사를 위한 독성 실험에서 생산되는 데이터로, non-GLP에서의 in vitro 및 in vivo, GLP에서 생산된 독성 데이터로 구분

파트 1. 샘플 물질 정보

<표 10-3-1-1>

No	항목	필수(M)/선택(O)	도움말
1	Test item (물질정보)	M	**설명(국문):** 시험물질 및 대조물질의 조성, 생산 및 기타 특성에 대한 자료 **예시:** 시험물질: 시험물질명, 대조물질: 대조물질명
2	Dose formulation (외관 및 성상)	O	**비고:** 해당 없으면 삭제해도 상관없음 **예시:** 고체, 파우더, 액체 등
3	Homogeneity (순도)	O	**비고:** 해당 없으면 삭제해도 상관없음 **예시:** 0.5% methylcellulose
4	Storage condition (보관조건)	O	**설명(국문):** 냉동, 냉장, 실온 및 차광, 방습 등
5	Control item (대조물질)	O	

파트 2. 독성 실험 정보

<표 10-3-1-2>

No	항목	필수(M)/선택(O)	도움말
1	Objective (목적)	M	**예시1:** 본 시험은 시험물질을 동물에 4주간 반복 투여 후 발현되는 독성 및 독성동태와 회복성 여부를 조사하기 위해 실시하였음. **예시2:** In vitro상에서 세포에 독성이 없는 시료의 농도를 확인하기 위해 실시하였음.
2	Test guidelines (시험법)	M	**예시1:** 식품의약품안전처 고시 제 2011-xxx호 의약품등의 독성기준 반복투여 독성 시험 **예시2:** ISO 10993-5 Biological evaluation of medical devices, Part 5: Tests for invitro cytotoxicity **예시3:** 식약처 고시 제2020-12호, 의료기기의 생물학적 안전에 관한 공통기준규격 제5장: 세포독성시험 **예시4:** 식약처 고시 제 2020-20호, 의료기기 기준규격

No	항목	필수(M)/ 선택(O)	도움말
3	Method of analysis (분석법)	M	**설명(국문):** 시험물질 분석은 어떤 검증된 방법에 따라 실시하였는지 기재 **예시1:** WST-1 assay: in vitro상에서 세포 생존율 확인 - 연속희석(serial dilution)한 시료를 처리한 세포를 일정 기간 배양한 뒤 세포 내 기관인 미토콘드리아가 가지고 있는 탈수효소와 반응하는 시약인 EZ-CYTOX를 이용하여 색 변화 정도를 측정, 세포 생존율을 확인함 - 결과(단위): % of control **예시2:** MTT assay: in vitro상에서 세포 생존을 확인 - 연속희석(serial dilution)한 시료를 처리한 세포를 일정 기간 배양한 뒤 세포 내 기관인 미토콘드리아가 가지고 있는 탈수효소와 반응하는 시약인 MTT를 이용하여 색 변화 정도를 측정, 세포 생존율을 확인함 - 결과(단위): % of control **예시3:** CCK-8 assay: in vitro상에서 세포 생존을 확인 - 연속희석(serial dilution)한 시료를 처리한 세포를 일정 기간 배양한 뒤 세포 내에서 생성된 dehydrogenase 활성에 반응하는 시약인 WST-8을 이용하여 색변화 정도를 측정, 세포 생존율을 확인함 - 결과(단위): % of control **예시4:** Neutral red assay: in vitro상에서 세포에 축적시킨 neutral dye의 용출을 측정하여 간접적으로 세포 생존율을 확인 - 연속희석(serial dilution)한 시료를 처리한 세포를 일정 기간 배양한 뒤 상해를 입지 않은 세포의 리소좀에 흡수되어 축적되는 특징을 가진 neutral red dye의 양을 측정하여 세포 생존율을 확인함 - 결과(단위): % of control
4	Test system (시험계)	M	**설명(국문):** 어떤 동물 또는 어떤 세포를 사용했는지 기제 **예시1:** 세포독성시험은 인체유래정상폐세포주인 MRC-5 또는 WI-38으로 수행하고 세포주에 시료처리 후 세포 사멸 정도를 판단하였음. **예시2:** 본 시험은 시험물질을 암수 랫트(Sprague-Dawley) 또는 마우스(ICR)에서 반복 흡입 노출 후 발현되는 독성 여부를 조사하였음.
5	Justification of test system (시험계 선택이유)	O	**예시 1:** 현재는 동물 이외의 다른 대체 실험법이 확립되지 않아 xx동물 사용 **예시 2: 랫드는** 다양한 종류의 화학물질 독성을 평가하는데 널리 사용되고 있으며 풍부한 시험 기초자료가 존재함
6	Exposure (노출경로)	M	**설명(국문):** 흡입, 주사, 체외에서 세포내 처리 등등 예시1: 대조물질과 시험물질은 하루에 한 번씩 4주간 약 6시간 동안 비부(또는 전신) 흡입노출하여 주 5회, 암컷 및 수컷을 총 20회 노출시킨다. - Mist generator를 이요하여 발생시킨 시험물질을 희석공기를 공급하여 혼합한 후 목적 농도에 맞게 비부노출 흡입독성챔버에 노출시켰다. 예시2: 세포배양배지에 시험물질과 대조물질을 연속희석(serial dilution: 1nM, 10nM, 20nM, 50nM, 100nM, 200nM, 500nM, 1000nM)한 시료를 48시간 노출(처리)
7	Results (평가 결과)	M	**예시1:** 100nM에서부터 대조군대비 생존율 감소를 보임 **예시2:** xx농도에서 독성 또는 이상소견(폐섬유증) 나타남 **예시3:** 실험물질의 IC50는 500nM임 **예시4:** 생존율 그래프, 조직학 스캔사진 등 핵심자료(이미지) 제시
8	Reference (참고문헌)	O	**설명(국문):** 실험방법과 관련된 참고 문헌 예시: 특허 (출원번호 또는 등록번호) 또는 논문 (저널이름, 출간년도, 볼륨, 페이지), 보고서 (보고서제목, 책임자, 주관부처, 발행년도)
9	Release date (공개날짜)	M	**설명(영문):** Data release date **설명(국문):** 데이터 공개 날짜 **양식:** YYYY-MM-DD **예시:** 2018-12-22

10.3.2 항암약물의 임상 효능 데이터

□ (작성자) ㈜지피씨알 신동승(신약 작업반)

□ (설명) 암환자의 진단, 약물처방 및 이에 따른 약물 반응의 최소한의 데이터

파트 1. 환자 정보

<표 10-3-2-1>

No	항목	필수(M)/ 선택(O)	도움말
1	Patient ID (환자 ID)	M	**설명(국문):** 환자의 ID
2	Year of birth (출생년도)	M	**설명(국문):** 환자의 출생년도
3	Gender (성별)	M	**설명(국문):** 환자의 성별
4	Race (인종)	M	**설명(국문):** 환자의 인종
5	Ethnicity (민족)	M	**설명(국문):** 환자의 민족

파트 2. 진단 및 처방 정보

<표 10-3-2-1>

No	항목	필수(M)/ 선택(O)	도움말
1	Diagnosis (진단정보)	M	**설명(국문):** 진단된 암의 종류
2	Tissue (조직)	M	**설명(국문):** 환자의 암 조직의 보관 여부
3	Blood (혈액)	M	**설명(국문):** 환자의 혈액의 보관 여부
4	(Mutation (변이)	M	**설명(국문):** 유전자 분석을 통한 돌연변이 유전자 정보
5	Over-expression (과발현)	M	**설명(국문):** RNA 분석을 통한 과발현 유전자 정보
6	Target (표적)	M	**설명(국문):** 결정된 항암 치료의 표적
7	Drug (약물)	M	**설명(국문):** 선택된 처방 약물의 정보
8	Drug response (약물 반응)	M	**설명(국문):** 약물 투여에 대한 약물 반응 정보
9	PFS	M	**설명(국문):** 무진행 생존기간
10	OS	O	**설명(국문):** 전체 생존기간
11	CT	O	**설명(국문):** 환자의 CT 촬영 사진 정보
12	MRI	O	**설명(국문):** 환자의 MRI 촬영 사진 정보
13	Release date (공개날짜)	M	**설명(영문):** Data release date **설명(국문):** 데이터 공개 날짜 **양식:** YYYY-MM-DD **예시:** 2018-12-22

10.3.3 기허가약제 repositioning 연구 정보

□ (작성자) 서울성모병원 주지현(신약 작업반)

□ (설명) 기존에 개발되고 허가된 약제에 대해서 기본자료 및 추가적으로 연구되어 생산되는 데이터

○ (약제의 기본자료) 기존 화합물 구조 데이터는 별도의 입력양식 사용

○ (약제의 추가 입력자료) 타 적응증 연구자료

<표 10-3-3>

No	항목	필수(M)/ 선택(O)	도움말
1	Patient ID (환자 ID)	M	**설명(국문):** 환자의 ID
2	Year of birth (출생년도)	M	**설명(국문):** 환자의 출생년도 (여러 명인 경우 평균)
3	Gender (성별)	M	**설명(국문):** 환자의 성별 (여러 명인 경우 M/F 기술)
4	Race (인종)	M	**설명(국문):** 환자의 인종 (여러 명인 경우 Caucasian/African/Asian등 기술)
5	Ethnicity (민족)	M	**설명(국문):** 환자의 민족 (여러 명인 경우 각각 기술)
6	Diagnosis (진단명)	M	**설명(국문):** 새로 시도되는 적응증 질환정보
7	Exclusion criteria (연구배제대상)	O	**설명(국문):** 임상연구에 포함이 되지 않아야 하는 질환상태 정보
8	Drug (약물)	M	**설명(국문):** 연구에서 활용된 약물명
9	Dose (투여량)	M	**설명(국문):** 연구에서 투여된 용량
10	Route (투여경로)	M	**설명(국문):** 연구에서 투여된 경로(경구/정주/피부 등)
11	Interval (투여간격)	M	**설명(국문):** 연구에서 투여된 간격
12	Duration (투여기간)	M	**설명(국문):** 연구에서 투여된 기간
13	Efficacy (유효성)	M	**설명(국문):** 연구에서 관찰된 약제의 효과
14	Toxicity (독성)	M	**설명(국문):** 연구에서 발견된 약제의 부작용 및 독성
15	Clinical trial stage (임상연구단계)	M	전임상 (preclinical) 연구자주도임상 (IIT) 상업임상 (SIT): Phase 1/2/3
16	Publication (발행논문)	O	**설명(국문):** 연구결과가 발표된 논문
17	Reference (참고논문)	O	**설명(국문):** 연구에 참고가 되거나 기반이 된 연구논문
18	Official registration (국제임상연구 등록사이트)	O	**설명(국문):** 연구가 등록된 공인 site (clinicaltrial.gov 등)
18	Release date (공개날짜)	M	**설명(영문):** Data release date **설명(국문):** 데이터 공개 날짜 **양식:** YYYY-MM-DD **예시:** 2018-12-22

10.3.4 IND(Investigational New Drug) 데이터

□ (작성자) Connect Clinical Sciences 지동현(신약 작업반)

□ (설명) IND/CTA/임상시험승인

<표 10-3-4>

<table>
<tr><th>No</th><th>항목</th><th>필수(M)/
선택(O)</th><th>도움말</th></tr>
<tr><td>1</td><td>Indication
(적응증)</td><td>M</td><td>설명(국문): 임상시험 대상 질환 혹은 환자군 기재/ 유방암, TNBC. 기존치료에 저항성이 있는 환자군 등</td></tr>
<tr><td>2</td><td>Phase
(임상단계)</td><td>M</td><td>가능한 값: 다음 중 택일
<table>
<tr><th>No</th><th>가능한 값</th></tr>
<tr><td>1</td><td>0상</td></tr>
<tr><td>2</td><td>1상</td></tr>
<tr><td>3</td><td>1b상</td></tr>
<tr><td>4</td><td>1/2상</td></tr>
<tr><td>5</td><td>2상</td></tr>
<tr><td>6</td><td>2/3상</td></tr>
<tr><td>7</td><td>3상</td></tr>
<tr><td>8</td><td>4상</td></tr>
<tr><td>9</td><td>기타(직접 기재)</td></tr>
</table></td></tr>
<tr><td>3</td><td>IND type
(임상시험 사용 목적)</td><td>M</td><td>설명(국문): 임상시험의 목적

가능한 값: 다음 중 택일
<table>
<tr><th>No</th><th>가능한 값</th></tr>
<tr><td>1</td><td>연구용</td></tr>
<tr><td>2</td><td>상업용</td></tr>
<tr><td>3</td><td>치료적 사용</td></tr>
<tr><td>4</td><td>기타(직접 기재)</td></tr>
</table></td></tr>
<tr><td>4</td><td>Study title
(연구제목)</td><td>M</td><td>설명(국문): 연구계획서(protocol)에 나온 공식적인 제목 기재</td></tr>
<tr><td>5</td><td>Study design
(연구디자인)</td><td>O</td><td>가능한 값: 다음 중 택일
<table>
<tr><th>No</th><th>가능한 값</th></tr>
<tr><td>1</td><td>단일군 공개 임상시험</td></tr>
<tr><td>2</td><td>무작위배정 이중눈가림 비교시험</td></tr>
<tr><td>3</td><td>공개 비교시험</td></tr>
<tr><td>4</td><td>교차시험</td></tr>
<tr><td>5</td><td>기타(직접 기재)</td></tr>
</table></td></tr>
<tr><td>6</td><td>Target sample size
(목표대상자수)</td><td>M</td><td>설명(국문): 프로토콜에 있는 시험군 및 대조군 각각 목표대상자수 기재 (명)</td></tr>
<tr><td>7</td><td>Regulatory approval
(규제기관 승인여부)</td><td>M</td><td>설명(국문): 국내 및 해외 IND에 대해 다음 중 택일

가능한 값: 다음 중 택일
<table>
<tr><th>No</th><th>가능한 값</th></tr>
<tr><td>1</td><td>제출 후 검토 중</td></tr>
<tr><td>2</td><td>승인</td></tr>
<tr><td>3</td><td>해당 없음</td></tr>
</table></td></tr>
</table>

No	항목	필수(M)/ 선택(O)	도움말
8	Regulatory agency (승인국가 및 규제기관)	M	**설명(국문):** 위에서, 제출 혹은 승인 된 국가와 규제기관 기재. 복수 기재 가능 **예시:** 미국 FDA, 유럽 EMA 등
9	Authorization date (IND 승인일자)	M	**설명(국문):** IND 별 승인 날짜 기재 **비고:** 복수기재 가능(양식: YYYY.MM.DD)
10	Participating countries (임상시험참여 국가)	O	**설명(국문):** 임상시험에 참여하는 나라 이름 기재. 복수기재 가능
11	Number of sites (참여 실시기관 수)	O	**설명(국문):** 임상시험이 실시된(되는) 실시기관의 총 수 기재
12	Clinical Trial registration (임상시험 레지스트리 및 등록번호)	M	**설명(국문):** 임상시험이 등록된 일차 레지스트리의 이름과 등록번호 기술. 복수기재 가능 **예시:** Clinicaltrials.gov, NCT 12345
13	Outsourcing (IND.용역기관 사용)	O	**설명(국문):** 국내 및 해외 IND 진행을 위한 용역기관 (CRO 등) 사용여부. .'예' 또는 '아니오' 중 선택 '예' 선택 시, 국가 별로 사용 CRO 명 기재
14	Release date (공개날짜)	M	**설명(영문):** Data release date **설명(국문):** 데이터 공개 날짜 **양식:** YYYY-MM-DD **예시:** 2018-12-22

10.3.5 바이오마커 데이터

□ (작성자) Connect Clinical Sciences 지동현(신약 작업반)

□ (설명) 바이오마커* 정보 등록

* 바이오마커란 여러 생물학적 상태 또는 질병에 대한 측정 가능한 지표를 말하며, 임상적으로 사용되는 바이오마커는 분자바이오마커, 세포바이오마커, 이미지바이오마커 등으로 분류됨.

<표 10-3-5>

<table>
<tr><th>No</th><th>항목</th><th>필수(M)/
선택(O)</th><th>도움말</th></tr>
<tr><td>1</td><td>Biomarker
(바이오마커)</td><td>M</td><td>설명(국문): 연구 중 사용되거나 개발하고 있는 바이오마커의 이름 기재</td></tr>
<tr><td>2</td><td>Development stage
(연구단계)</td><td>M</td><td>가능한 값: 다음 중 택일
<table>
<tr><th>No</th><th>가능한 값</th></tr>
<tr><td>1</td><td>비임상시험</td></tr>
<tr><td>2</td><td>중개연구</td></tr>
<tr><td>3</td><td>임상 제1상</td></tr>
<tr><td>4</td><td>임상 제2상</td></tr>
<tr><td>5</td><td>임상 제3상</td></tr>
<tr><td>6</td><td>기타(직접 기재)</td></tr>
</table></td></tr>
<tr><td>3</td><td>Potential use
(용도)</td><td>M</td><td>설명(국문): 바이오마커의 용도 직접기재(복수기재 가능)

예시: 타겟 증명, MOA,진단, 효과예측, 독성예측 등</td></tr>
<tr><td>4</td><td>Target indication
(목표 적응증)</td><td>M</td><td>설명(국문): 질병 혹은 유전자 변이 기술. 환자 그룹 등 직접 기재. (복수기재 가능)

예시: 당뇨, 대장암, MSI-H 등</td></tr>
<tr><td>5</td><td>Methodology
(관련 기술)</td><td>M</td><td>설명(국문): 직접기재(복수기재 가능). 이미징, 생화학적 기술, 오믹스 기술 (유전체학, proteomics, metabolomics 및 lipoomics) 및 장기 기능의 생물 생리학적 측정 등 바이오마커 개발과 관련된 기술을 구체적으로 기재.</td></tr>
<tr><td>6</td><td>Analytical method
(분석방법)</td><td>O</td><td>설명(국문): 분석방법 구체적 기재</td></tr>
<tr><td>7</td><td>Analytical validity
(분석 검증)</td><td>O</td><td>설명(국문): 분석의 정확도 및 재현성에 대한 검증의 유무
‘예’ 또는 ‘아니오’중 선택
‘예’인 경우 검증 기관, 검증 결과 기재</td></tr>
<tr><td>8</td><td>Clinical validity(Quantification)
(임상적 검증)</td><td>O</td><td>설명(국문): ‘예’ 또는 ‘아니오’중 선택
‘예’인 경우 임상적 검증 방법과 결과 기술,
임상시험명, 임상시험 registry 번호, US FDA qualification 제출 혹은 등재 날짜 (YYYY.MM.DD), qualification 규제기관명

예시: An Exploratory Study to Investigate the Immunomodulatory Activity of Various Dose Levels of Anti Programmed-Death-1 (PD-1) Antibody (BMS-936558) in Subjects With Metastatic Clear Cell Renal Cell Carcinoma (RCC).NCT01358721, Qualified 2016.09.14., US FDA</td></tr>
<tr><td>9</td><td>Release date
(공개날짜)</td><td>M</td><td>설명(영문): Data release date
설명(국문): 데이터 공개 날짜

양식: YYYY-MM-DD
예시: 2018-12-22</td></tr>
</table>

11 농생물

11.1 가축 특성정보

11.1.1 가축(한우) 특성정보

□ (작성자) 충남대학교 이승환(종자/가축 작업반)

<표 11-1-1>

No	카테고리	항목	필수(M)/선택(O)	도움말
1	기본정보	Species name (종명)	M	**예시:** Bos taurus
2		Breed (pedigree) name (품종(계통)명)	M	**예시:** 한우/칡소/흑우
3	이력정보	ID (식별번호)	M	
4		Birth date (출생 연월일)	M	
5		Sex (성별)	M	**가능한 값:** 다음 중 택일 No / 가능한 값 1 수소 2 암소 3 거세
6		Farming location (사육지)	M	
7		Slaughter date (도축 연월일)	M	
8		Slaughter location (도축 장소)	M	
9	가계(혈통) 정보	ID of sire (부의 개체(식별번호))	M	
10		ID of dam (모의 개체(식별번호))	M	
11	도체정보	Carcass weight (kg) (도체중량(kg))	O	
12		Backfat thickness (mm) (등지방두께(mm))	O	
13		Loin muscle area (cm2) (등심단면적(cm2))	O	
14		Marbling score (근내지방도)	O	**가능한 값:** 1-9의 숫자 중 택일
15		Other carcass information(그 외 도체정보)	O	**비고:** free text로 자유롭게 서술
16	외모정보	Coat color (모색)	O	**가능한 값:** 다음 중 택일 No / 가능한 값 1 황색(갈색) 2 흑색 3 호반무늬 4 그 외(free text)
17	생육정보	Weight by age (kg) (성장단계별 체중(kg))	O	**설명(국문):** 개월, 체중 작성
18		Length by age (cm) (성장단계별 체장(cm))	O	**설명(국문):** 개월, 체장 작성
19		Other growth information (그 외 생육정보)	O	**비고:** free text로 자유롭게 서술
20	Release date (공개날짜)		M	**설명(영문):** Data release date **설명(국문):** 데이터 공개 날짜 **양식:** YYYY-MM-DD **예시:** 2018-12-22

11.1.2 가축(젖소) 특성정보

□ (작성자) 충남대학교 이승환(종자/가축 작업반)

<표 11-1-2>

No	카테고리	항목	필수(M)/선택(O)	도움말
1	기본정보	Species name (종명)	M	
2		Breed name (품종명)	M	**예시:** 홀스타인/저어지
3	이력정보	REGNO (등록번호)	M	
		ID (식별번호)	M	
4		Birth date (출생 연월일)	M	
5		Farming location (사육지)	M	**설명:** 농장번호, 주소 혹은 위치
6	가계(혈통)정보	ID of sire (부의 개체(식별번호))	M	**설명:** 부 식별번호
7		정액 코드(sire)	O	**설명:** 정액코드
8		ID of dam (모의 개체(식별번호))	M	**설명:** 모 이력번호
9		Dam Regno(모 등록번호)	O	**설명:** 모 등록번호
10	생산형질	Parity (산차)	O	
11		Milk yield (kg) (유량(kg))	O	
12		Milk fat amount (kg) (유지량(kg))	O	
13		Milk fat percentage (%) (유지율(%))	O	
14		Milk protein amount (kg) (단백량(kg))	O	
15		Milk protein percentage (%) (단백율(%))	O	
16		Mean somatic cell counts of each milking (평균 체세포수)	O	
17		Calibrated Mean somatic cell counts of each milking (보정체세포수)	O	
18		Times of services per conception (종부횟수(수정횟수))	O	
19		Other production-related phenotype (그 외 생산형질)	O	**비고:** free text로 자유롭게 서술
20	Release date (공개날짜)		M	**설명(영문):** Data release date **설명(국문):** 데이터 공개 날짜 **양식:** YYYY-MM-DD **예시:** 2018-12-22

11.1.3 가축(돼지) 특성정보

□ (작성자) 충남대학교 이승환(종자/가축 작업반)

<표 11-1-3>

No	카테고리	항목	필수(M)/선택(O)	도움말
1	기본 정보	Species name (종명)	M	
2		Breed (pedigree) name (품종(계통)명)	M	**예시:** L 렌드레이스, Y 요크셔, D 듀록, K 한국재래돼지, B 버크셔 등
3	이력정보	ID (식별번호)	O	**설명:** 개체 식별번호(Free text 형식에 포함)
4		Birth date (출생 연월일)	M	
5		Sex (성별)	M	**가능한 값:** 다음 중 택일 No / 가능한 값 1 수돼지 2 암돼지 3 거세
6		Farming location (사육지)	M	**설명:** 농장식별번호(Free text 형식)
7		Slaughter date (도축 연월일)	M	**설명:** 도축년월일(Free text 형식에 포함)
8		Slaughter location (도축 장소)	M	**설명:** 도축장
9	가계(혈통) 정보	ID of sire (부의 개체(식별번호))	O	
10		ID of dam (모의 개체(식별번호))	O	
11	검정정보	Measurement periods (검정기간)	O	
12		Measurement number (검정차수)	O	
13		Initial weight, Final weight (개시체중, 종류체중)	O	
14		Other measurement information (그 외 생육/번식 정보)	O	**비고:** free text로 자유롭게 서술
15	도체(생산) 정보	Backfat thickness (mm) (등지방두께(mm))	O	
16		Loin muscle area (cm2) (등심단면적(cm2))	O	
17		Lean meat percentage (%) (정육률(%))	O	
18		Other carcass (production) information (그 외 도체(생산) 정보)	O	**비고:** free text로 자유롭게 서술
19	생육/번식 정보	Weight by age (kg) (성장단계별 체중(kg))	O	**설명(국문):** 개월, 체중 작성
20		Length by age (cm) (성장단계별 체장(cm))	O	**설명(국문):** 개월, 체장 작성
21		Days to reach 90kg (90kg 도달 일령)	O	
22		Litter size (산자수)	O	
		Other growth/reproduction information (그 외 생육/번식 정보)	O	**비고:** free text로 자유롭게 서술
23	Release date (공개날짜)		M	**설명(영문):** Data release date **설명(국문):** 데이터 공개 날짜 **양식:** YYYY-MM-DD **예시:** 2018-12-22

11.1.4 가축(닭) 특성정보

□ (작성자) 충남대학교 이승환(종자/가축 작업반)

<표 11-1-4>

No	카테고리	항목	필수(M)/선택(O)	도움말
1	기본정보	Species name (종명)	M	
2		Breed (pedigree) name (품종(계통)명)	M	
3	이력정보	Birth date (출생 연월일)	M	
4		Farming location (사육지(농장명))	M	
5		Purpose of farming (사육목적)	M	**가능한 값:** 다음 중 택일 No / 가능한 값 1 산란 2 육계 3 종계
6	가계(혈통) 정보	Breed (pedigree) of sire (부계품종(계통))	M	
7		Breed (pedigree) of dam (모계품종(계통))	M	
8	집단정보	Population size (female, male) (집단 규모(암, 수)	M	**예시:** 암 : 00수, 수 : 00수
9	외형정보 (집단 기준)	Feather color (깃털색)	O	
10		Shank color (정강이색)	O	
11		Comb shape (볏형태)	O	
12		Other appearance information (그 외 외형정보)	O	
13	산란정보 (집단 평균 기준)	Number of egg production (산란수)	O	
14		Average egg weight (평균난중)	O	
15		Other egg production information (그 외 산란정보)	O	
16	성장단계별 생육정보 (집단 평균 기준)	Weight by age (성장단계별 체중)	O	**설명(국문):** 주령, 체중 작성
17		Shank length by age (성장단계별 정강이길이)	O	**설명(국문):** 주령, 정강이길이 작성
18		Other growth information (그 외 생육정보)	O	
19	Other analysis information (기타 분석정보)		O	**비고:** free text로 자유롭게 서술
20	Release date (공개날짜)		M	**설명(영문):** Data release date **설명(국문):** 데이터 공개 날짜 **양식:** YYYY-MM-DD **예시:** 2018-12-22

11.2 작물 특성정보

11.2.1 작물(유전집단) 특성정보

□ **(작성자)** 서울대학교 강병철(종자/가축 작업반), 단국대학교 강성택(종자/가축 작업반), 경상대 강양제(종자/가축 작업반)

<표 11-2-1>

No	카테고리	항목	필수(M)/선택(O)	도움말
1	기본 정보	Crop name (작물명)	M	**설명(국문):** 국가표준식물목록 등재 작물명 표기 **예시:** 벼, 콩, 보리, 고추, 배추
2		Species name (종명)	M	**설명(국문):** 국가표준식물목록 등재 학명 표기 **예시:** *Capsicum annuum*
3		Population name (집단명)	M	**설명(국문):** 교배집단, 선발집단 등 보유한 자원의 집단명 명칭 표기
4	부모계 정보	Paternal information (부계 정보(PI, IT, 품종명 등))	M	**설명(국문):** PI, IT, 품종명 등의 부계정보 **예시:** PI159236
5		Maternal information (모계 정보(PI, IT, 품종명 등))	M	**설명(국문):** PI, IT, 품종명 등의 부계정보 **예시:** PI159236
6	부모계 특성	Paternal characteristics (부계 특성)	M	**설명(국문):** 병 저항성 등 모계와 다른 특성 **예시:** CMV 저항성이 강한 고추
7		Maternal characteristics (모계 특성)	M	**설명(국문):** 병 저항성 등 부계와 다른 특성 **예시:** 역병 저항성이 강한 고추
8	분리집단 정보	Generation (세대 수)	M	**설명(국문):** 교배 후 몇 번째 세대인지 표기 **예시:** F2, F3, BC2F2, BC3F5
9		Segregation population size (분리 개체 수)	M	**설명(국문):** 조성된 집단의 개체 수 **예시:** 각 세대별 선발에 사용된 개체 수
10	분리집단의 조사 형질	Cultivation location (재배지 정보)	M	**설명(국문):** 선발지역의 식재 위치 **예시:** 경기도 수원시 권선구 서호동로 13
11		Period of phenotype examination (형질 조사 시기(년, 월))	M	**설명(국문):** 분리집단의 표현형 조사 날짜(기간)
12		Individual phenotype assessment data (개체별 조사형질 data)	M	**비고:** Excel 형식의 표 data
13	Release date (공개날짜)		M	**설명(영문):** Data release date **설명(국문):** 데이터 공개 날짜 **양식:** YYYY-MM-DD **예시:** 2018-12-22

11.2.2 작물(돌연변이) 특성정보

□ **(작성자)** 서울대학교 강병철(종자/가축 작업반), 단국대학교 강성택(종자/가축 작업반), 경상대 강양제(종자/가축 작업반)

<표 11-2-2>

No	카테고리	항목	필수(M)/ 선택(O)	도움말
1	기본 정보	Crop name (작물명)	M	**설명(국문):** 국가표준식물목록 등재 작물명 표기 **예시:** 벼, 콩, 보리, 고추, 배추
2		Species name (종명)	M	**설명(국문):** 국가표준식물목록 등재 학명 표기 **예시:** *Capsicum annuum*
3		Mutant ID (돌연변이 식별정보)	M	**설명(국문):** 돌연변이의 개체 식별번호 **예시:** CS29067
4	원자원 정보	Source resource information (원자원 정보(PI, IT, 품종명 등))	M	**설명(국문):** PI, IT, 품종명 등의 부계정보 **예시:** PI159236
5	돌연변이원 정보	Mutagen information (EMS, 방사선 등 돌연변이원의 종류 등)	M	**설명(국문):** 돌연변이 유발에 사용된 변이원 **예시:** 화학물질 EMS 등 물리적 돌변변이원 감마선 등
6	돌연변이 유전정보	Genetic characteristics of mutated gene) (돌연변이 유전자의 유전 특성)	O	**설명(국문):** 암호화하는 유전자의 기능 및 genebank 유전자ID **예시:** eukaryotic translation initiation factor (eIF4e) AY723733
7		Mutated gene locus (돌연변이 유전자 자리)	O	**설명(국문):** 유전자 자리의 이름 **예시:** *pvr1*
8		Mutated gene name (돌연변이 유전자 이름)	O	**설명(국문):** 돌연변이가 일어난 유전자의 이름 **예시:** *pvr1*[1], *pvr1*[2], *pvr1*[3] 등
9		Mutated nucleotide sequence (돌연변이 염기서열)	O	**설명(국문):** 돌연변이가 일어난 유전자 염기서열 **예시:** 유전자의 돌연변이 염기서열 표시 및 특성(치환, 결실)
10	Release date (공개날짜)		M	**설명(영문):** Data release date **설명(국문):** 데이터 공개 날짜 **양식:** YYYY-MM-DD **예시:** 2018-12-22

11.2.3 작물(품종) 특성정보

□ **(작성자)** 서울대학교 강병철(종자/가축 작업반), 단국대학교 강성택(종자/가축 작업반), 경상대학교 강양제(종자/가축 작업반)

<표 11-2-3>

<table>
<tr><th>No</th><th>카테고리</th><th>항목</th><th>필수(M)/
선택(O)</th><th>도움말</th></tr>
<tr><td>1</td><td rowspan="3">기본 정보</td><td>Crop or forest crop name
(작물명(또는 산림작물명))</td><td>M</td><td>설명(국문): 국가표준식물목록 등재 작물명 표기
예시: 벼, 콩, 보리, 고추, 배추</td></tr>
<tr><td>2</td><td>Species name
(종명)</td><td>M</td><td>설명(국문): 국가표준식물목록 등재 학명 표기
예시: Capsicum annuum</td></tr>
<tr><td>3</td><td>Cultivar name
(품종명)</td><td>M</td><td>설명(국문): 출원 혹은 등록된 품종명
예시: 칼라짱, 드셔보라</td></tr>
<tr><td>4</td><td colspan="2">Cultivar type
(품종의 종류)</td><td>M</td><td>가능한 값: 다음 중 택일
<table>
<tr><th>No</th><th>가능한 값</th></tr>
<tr><td>1</td><td>고정종</td></tr>
<tr><td>2</td><td>F1</td></tr>
<tr><td>3</td><td>합성품종</td></tr>
<tr><td>4</td><td>GMO</td></tr>
<tr><td>5</td><td>GE 품종</td></tr>
<tr><td>6</td><td>기타</td></tr>
</table></td></tr>
<tr><td>5</td><td rowspan="2">육종소재 정보</td><td>Paternal information
(부계 정보(PI, IT, 품종명 등))</td><td>M</td><td>설명(국문): PI, IT, 품종명 등의 부계정보
예시: PI159236</td></tr>
<tr><td>6</td><td>Maternal information
(모계 정보(PI, IT, 품종명 등))</td><td>M</td><td>설명(국문): PI, IT, 품종명 등의 부계정보
예시: PI159236</td></tr>
<tr><td>7</td><td colspan="2">Breeding method
(육종방법)</td><td>M</td><td>가능한 값: 다음 중 택일
<table>
<tr><th>No</th><th>가능한 값</th></tr>
<tr><td>1</td><td>계통육종법</td></tr>
<tr><td>2</td><td>집단육종법</td></tr>
<tr><td>3</td><td>SSD</td></tr>
<tr><td>4</td><td>기타</td></tr>
</table></td></tr>
<tr><td>8</td><td colspan="2">Phenotypic characteristics
(형질특성)</td><td>M</td><td>설명(국문): 품종을 구별할 수 있는 작물별 UPOV 필수 조사항목(형태특성 및 병저항성)
예시: 하배축의 색, 주간의 길이, 마디부위의 솜털</td></tr>
<tr><td>9</td><td colspan="2">Seed production method
(종자생산 방법)</td><td>O</td><td>가능한 값: 다음 중 택일
<table>
<tr><th>No</th><th>가능한 값</th></tr>
<tr><td>1</td><td>자가수정</td></tr>
<tr><td>2</td><td>MS</td></tr>
<tr><td>3</td><td>SSI</td></tr>
<tr><td>4</td><td>인공교배</td></tr>
<tr><td>5</td><td>기타(please specify)</td></tr>
</table></td></tr>
<tr><td>10</td><td colspan="2">Other phenotypic characteristics
(기타형질 특성)</td><td>O</td><td>설명(국문): 품종을 구별할 수 있는 기타 UPOV 작물별 형태적 특성*, 병저항성*, 재해저항성 및 수량 및 품질 특성

* ”형질 특성“ 항목에서 기술되지 않은 특성</td></tr>
<tr><td>11</td><td colspan="2">Seedling multiplication method
(증식방법)</td><td>M/O</td><td>설명(국문): 묘목 증식 방법 기술

비고: 산림작물의 경우에만 해당(Mandatory). 다른 작물인 경우에는 기입하지 않음.</td></tr>
</table>

<table>
<tr><td>12</td><td>Rootstock type
(사용한 대목)</td><td>M/O</td><td>가능한 값: 다음 중 택일
<table><tr><th>No</th><th>가능한 값</th></tr><tr><td>1</td><td>접목</td></tr><tr><td>2</td><td>삽목</td></tr><tr><td>3</td><td>기타(please specify)</td></tr></table>
비고: 산림작물의 경우에만 해당(Mandatory). 다른 작물인 경우에는 기입하지 않음.</td></tr>
<tr><td>13</td><td>Release date
(공개날짜)</td><td>M</td><td>설명(영문): Data release date
설명(국문): 데이터 공개 날짜

양식: YYYY-MM-DD
예시: 2018-12-22</td></tr>
</table>

11.2.4 작물(자원) 특성정보

□ **(작성자)** 서울대학교 강병철(종자/가축 작업반), 단국대학교 강성택(종자/가축 작업반), 경상대 강양제(종자/가축 작업반)

<표 11-2-4>

No	카테고리	항목	필수(M)/ 선택(O)	도움말
1	기본 정보	Crop name (작물명)	M	**설명(국문):** 국가표준식물목록 등재 작물명 표기 **예시:** 벼, 콩, 보리, 고추, 배추
2		Species name (종명)	M	**설명(국문):** 국가표준식물목록 등재 학명 표기 **예시:** *Capsicum annuum*
3		Resource ID (자원번호)	M	**설명(국문):** 도입한 국가나 기관의 자원번호 **예시:** AVRDC accession No C00796
4	자원의 수집지 정보	Collection location (country) (국가)	M	**설명(국문):** 자원을 수집한 국가 예시: 대한민국
5		Collection location (latitude and longitude) (지역(위도 및 경도))	M	**설명(국문):** 수집한 위치를 정확히 표기 **예시:** GPS 좌표
6	자원의 특성 (농업유전자원센터 작물별 특성 조사 기준)	Appearance characteristics (형태적 특성)	M	**설명(국문):** 외형적 특징을 기술 **예시:** 잎의 모양, 수, 꽃의 모양, 색깔, 무늬, 수고, 흉고직경
7		Stress resistance (재해 저항성)	M	**설명(국문):** 내재적 특징을 기술 **예시:** 병충해 저항성, 가뭄 저항성
8		Productivity (수량성)	M	**설명(국문):** 대상작물의 이용부위 생산량 **예시:** 벼 생산량 ton/ha
9		Characteristics of quality (품질 특성)	M	**설명(국문):** 특정 성분의 함량 등 **예시:** 캡사이신 함량 ug/100gDW
10	Release date (공개날짜)		M	**설명(영문):** Data release date **설명(국문):** 데이터 공개 날짜 **양식:** YYYY-MM-DD **예시:** 2018-12-22

11.2.5 작물(GMO) 특성정보

□ **(작성자)** 서울대학교 강병철(종자/가축 작업반), 경북대학교 박순기(종자/가축 작업반)

<표 11-2-5>

No	카테고리	항목	필수(M)/선택(O)	도움말
1	기본 정보	Crop name (작물명)	M	**설명(국문):** 국가표준식물목록 등재 작물명 표기 **예시:** 벼, 콩, 보리, 고추, 배추
2		Species name (종명)	M	**설명(국문):** 국가표준식물목록 등재 학명 표기 **예시:** *Capsicum annuum*
3		Mutant ID (돌연변이 식별번호)	M	**설명(국문):** GMO품종을 만들기 위한 이벤트 번호 **예시:** MON-ØØ1Ø1-8
4	원자원 정보	Resource information (원자원 정보(PI, IT, 품종명 등))	M	**설명(국문):** PI, IT, 품종명 등의 유전자원 정보 **예시:** PI159236
5	도입유전자 정보	Organism for gene source (유전자 공여생명체 정보(학명 및 계통명))	M	**설명(국문):** 형질도입 유전자 공여생명체의 학명 예: *Escherichia coli* (대장균) 등
6		Introduced trait (도입형질특성)	M	**설명(국문):** 도입되는 유전자의 특성 **예시:** 해충저항성, 제초제 저항성
7		Introduced gene (도입유전자)	M	**설명(국문):** 도입 유전자의 고유 번호 **예시:** GenBank AY723733
8	운반체 정보	Vector (벡터 정보)	M	**설명(국문):** 형질도입에 이용되는 plasmid vector명 **예시:** pCAMBIA1300
9		Promoter (프로모터)	M	**설명(국문):** 도입유전자의 발현 프로모터 **예시:** 35S promoter
10		Terminator (터미네이터)	M	**설명(국문):** 도입유전자의 도입 터미네이터 **예시:** 35S promoter
11		Selectable marker (선발마커의 종류	M	**설명(국문):** 형질전환체 선발에 사용된 마커 **예시:** kanamycin등 항생제
12	작물의 생물학적 특성	Modified characteristics after gene introduction (유전자 도입 후 변형된 특성)	M	**설명(국문):** 도입 후 GMO에서 발현되는 특성 예시: 해충저항성, 제초제 저항성
13		세대명	M	**설명(국문):** 유전자 도입 후 선발이 끝난 세대 **예시:** T1, T2, T3 등
14		Copy number of introduced gene (도입유전자의 copy 수)	M	**설명(국문):** 도입된 유전자의 숫자 **예시:** 1 copy, 2 copy 등
15		Chromosomal location of introduced gene (도입유전자의 염색체 상 위치)	M	**설명(국문):** 도입 유전자의 염색체내 위치 **예시:** chromosome 5, 120 Mbp
16	유전자 변형 방법	Gene alteration method (유전자 변형 방법)	O	**가능한 값:** 다음 중 택일 No / 가능한 값 1 아그로박테리움법 2 유전자총 3 PEG 4 유전자 교정 5 기타
17	평가 결과	Environmental hazard assessment result (환경유해성 평가 결과)	O	**설명(국문):** GMO환경유해성 평가 일시 및 승인 여부
18		Food safety assessment result (식품안전성 평가 결과)	O	**설명(국문):** GMO식품안전성 평가 일시 및 승인 여부
19	Release date (공개날짜)		M	**설명(영문):** Data release date **설명(국문):** 데이터 공개 날짜 **양식:** YYYY-MM-DD **예시:** 2018-12-22

11.2.6 작물(Genome Editing) 특성정보

□ **(작성자)** 서울대학교 강병철(종자/가축 작업반), 경북대학교 박순기(종자/가축 작업반)

<표 11-2-6>

<table>
<tr><th>No</th><th>카테고리</th><th>항목</th><th>필수(M)/
선택(O)</th><th>도움말</th></tr>
<tr><td>1</td><td rowspan="3">기본 정보</td><td>Crop name
(작물명)</td><td>M</td><td>설명(국문): 국가표준식물목록 등재 작물명 표기
예시: 벼, 콩, 보리, 고추, 배추</td></tr>
<tr><td>2</td><td>Species name
(종명)</td><td>M</td><td>설명(국문): 국가표준식물목록 등재 학명 표기
예시: Capsicum annuum</td></tr>
<tr><td>3</td><td>Mutant ID
(돌연변이 식별번호)</td><td>M</td><td>유전자교정 품종을 만들기 위한 이벤트 번호
예시: MON-ØØ1Ø1-8</td></tr>
<tr><td>4</td><td>원자원 정보</td><td>Resource information
(원자원 정보(PI, IT, 품종명 등))</td><td>M</td><td>설명(국문): PI, IT, 품종명 등의 유전자원 정보
예시: PI159236</td></tr>
<tr><td>5</td><td rowspan="3">목표 유전자 정보</td><td>Target gene
(목표 유전자)</td><td>M</td><td>설명(국문): 목표 유전자의 고유 번호
예시: GenBank AY723733</td></tr>
<tr><td>6</td><td>Target gene characteristics
(목표 유전자 특성)</td><td>M</td><td>설명(국문): 목표유전자의 기능에 대하여 설명
예시: 캡사이신 합성 유전자</td></tr>
<tr><td>7</td><td>Position of variation
(유전자 내 변이 위치)</td><td>M</td><td>설명(국문): 도입 유전자의 변형부위
예시: eIF4e 120 – 130 bp</td></tr>
<tr><td>8</td><td>GE module의 도입 방법</td><td>Delivery method for GE module
(Genome editing 모듈의 도입 방법)</td><td>O</td><td>가능한 값: 다음 중 택일
<table>
<tr><th>No</th><th>가능한 값</th></tr>
<tr><td>1</td><td>아그로박테리움법</td></tr>
<tr><td>2</td><td>유전자총</td></tr>
<tr><td>3</td><td>Virus vector</td></tr>
<tr><td>4</td><td>직접 도입 (RNP)</td></tr>
<tr><td>5</td><td>기타</td></tr>
</table></td></tr>
<tr><td>9</td><td rowspan="3">변형유전자의 특성</td><td>Characteristics of modification
(유전자 도입 후 변형된 특성)</td><td>M</td><td>설명(국문): 도입 후 GE 식물에서 발현되는 특성
예시: 가바함량 증가, 제초제 저항성</td></tr>
<tr><td>10</td><td>Generation
(세대명)</td><td>O</td><td>설명(국문): 유전자 교정 후 선발이 끝난 세대
예시: E1, E2, E3</td></tr>
<tr><td>11</td><td>Type of modification
(변형 유전자의 종류)</td><td>O</td><td>가능한 값: 다음 중 택일
<table>
<tr><th>No</th><th>가능한 값</th></tr>
<tr><td>1</td><td>치환</td></tr>
<tr><td>2</td><td>삽입 (bp)</td></tr>
<tr><td>3</td><td>결실 (bp)</td></tr>
</table></td></tr>
<tr><td>12</td><td colspan="2">Release date
(공개날짜)</td><td>M</td><td>설명(영문): Data release date
설명(국문): 데이터 공개 날짜

양식: YYYY-MM-DD
예시: 2018-12-22</td></tr>
</table>

11.3 수목(야생식물) 특성정보

11.3.1 야생식물(자원) 특성정보

□ (작성자) 충남대학교 심동환(종자/가축 작업반)

<표 11-3-1>

No	카테고리	항목	필수(M)/선택(O)	도움말
1	기본 정보	Korean name (야생식물명)	M	**설명(국문):** 국가표준식물목록에 등재된 이름 표기 **예시:** 소나무, 구상나무
2		Species name (종명)	M	**설명(국문):** 국가표준식물목록에 등재된 학명 표기 **예시:** *Pinus densiflora*
3		Resource ID (자원번호)	M	**설명(국문):** 품종등록 및 보유한 자원의 고유식별번호 **예시:** 강원139호
4	자원의 수집지 정보	Collection location (country) (국가)	M	**설명(국문):** 자원을 수집한 국가 **예시:** 대한민국
5		Collection location (latitude and longitude) (지역(위도 및 경도))	M	**설명(국문):** 수집한 위치를 정확히 표기 **예시:** GPS 좌표
6	자원의 특성 (농업유전자원센터 작물별 특성 조사 기준)	Appearance characteristics (형태적 특성)	M	**설명(국문):** 외형적 특징을 기술 **예시:** 잎의 모양, 수, 꽃의 모양, 색깔, 무늬, 수고, 흉고직경
7		Stress resistance (재해 저항성)	M	**설명(국문):** 내재적 특징을 기술 **예시:** 병충해 저항성, 가뭄 저항성
8		Productivity (수량성)	M	**설명(국문):** 종자(과실) 및 바이오매스의 생산량 표기 **예시:** 1톤/ha, $1m^3$
9		Quality characteristics (품질 특성)	M	**설명(국문):** 목재의 재질이나 상품의 특징 **예시:** 단단함, 무름, 향, 브릭스
10	Release date (공개날짜)		M	**설명(영문):** Data release date **설명(국문):** 데이터 공개 날짜 **양식:** YYYY-MM-DD **예시:** 2018-12-22

11.3.2 야생식물(유전집단) 특성정보

□ (작성자) 충남대학교 심동환(종자/가축 작업반)

<표 11-3-2>

No	카테고리	항목	필수(M)/선택(O)	도움말
1	기본 정보	Korean name (야생식물명)	M	**설명(국문):** 국가표준식물목록에 등재된 이름 표기 **예시:** 소나무, 구상나무
2		Species name (종명)	M	**설명(국문):** 국가표준식물목록에 등재된 학명 표기 **예시:** *Pinus densiflora*
3		Population name (집단명)	M	**설명(국문):** 교배집단, 선발집단 등 보유한 자원의 시험림 명칭 표기 **예시:** '87풍매차대검정림
4	부모계 정보	Paternal information (부계 정보(PI, IT 등))	M	**설명(국문):** 교배집단 또는 차대검정림의 부계 정보 **예시:** 경북4호
5		Maternal information (모계 정보(PI, IT 등))	M	**설명(국문):** 교배집단 또는 차대검정림의 모계 정보 **예시:** 강원1호
6	부모계 특성	Paternal characteristics (부계 특성)	M	**설명(국문):** 병 저항성, 스트레스 등 모계와 다른 특성 **예시:** 내한성이 강한 리기다소나무
7		Maternal characteristics (모계 특성)	M	**설명(국문):** 병 저항성, 스트레스 등 부계와 다른 특성 **예시:** 성장이 빠르고 재질이 좋은 테다소나무
8	분리집단 정보	Generation (세대 수)	M	**설명(국문):** 몇 번째 세대인지 표기 **예시:** 2세대 채종원
9		Segregation population size (분리 개체 수)	M	**설명(국문):** 조성된 집단의 개체 수(반복 포함) **예시:** 50가계 X 10개체 X 6반복 X 6지역
10	분리집단의 조사 형질	Cultivation location for isolated population (재배지 정보)	M	**설명(국문):** 시험림의 식재 위치 **예시:** 경기도 수원시 권선구 온정로 39
11		Period of phenotype examination for isolated population (형질 조사 시기(년, 월))	M	**설명(국문):** 유전집단의 표현형 조사 날짜(기간) **비고:** 3D 라이다 촬영 날짜 표기
12		Individual phenotype data for isolated population (개체별 조사형질 data)	M	**설명(국문):** 개체별 표현형 특성 평가 표기 **예시:** 수고 23m, 흉고직경 40cm, 재적 $9m^3$
13	현지 내 보존	Habitat location (집단 서식 장소)	M	**설명(국문):** 고유자생수종 서식지 표기 **예시:** 지리산 노고단(GPS 좌표 표기)
14		Habitat size (집단 서식 개체수)	M	**설명(국문):** 고유자생수종 서식 개체수 표기 **예시:** 365개체/ha
15	현지 외 보존	Generation for off-site preservation (세대 수)	M	**설명(국문):** 보유한 자원의 세대진전 표기 **예시:** 2세대, 3세대
16		Segregation population size for off-site preservation (분리 개체 수)	M	**설명(국문):** 유전자원의 세대별 개체수 표기 **예시:** 1세대 X 450개체 X 3지역
17		Cultivation location for off-site preservation (재배지 정보)	M	**설명(국문):** 현지 외 식재한 장소 정보 **예시:** 경기도 수원시 권선구 온정로 39
18		Period of phenotype examination for off-site preservation (형질 조사 시기(년, 월))	O	**설명(국문):** 유전집단의 표현형 조사 날짜(기간) **비고:** 3D 라이다 촬영 날짜 표기
19		Individual phenotype data for off-site preservation (개체별 조사형질 data)	O	**설명(국문):** 개체별 표현형 특성 평가 표기 **예시:** 수고 23m, 흉고직경 40cm, 재적 $9m^3$
20	Release date (공개날짜)		M	**설명(영문):** Data release date **설명(국문):** 데이터 공개 날짜 **양식:** YYYY-MM-DD **예시:** 2018-12-22

11.4 동식물 치료제 연구 데이터

11.4.1 동물줄기세포주 정보

□ (작성자) 농림축산검역본부 이윤희(동식물치료제 작업반)

□ (설명) 동물의 치료에 활용될 수 있는 동물줄기세포주의 특성정보 양식

□ (관련 현황) 농림축산검역본부는 KVCC(한국수의유전자원은행)의 일환으로 동물줄기세포은행을 운영 중임

□ (작성에 참고한 자료) 한국세포주은행(서울대학교 암연구소), 한국세포주연구재단, 한국연구재단

□ 줄기세포 특성정보(일부 예시)

<표 11-4-1>

No	항목	필수(M)/선택(O)	도움말
1	Management No. (데이터 관리기관 고유번호)	M	**예시:** MS1800003
2	Possession No. (보유기관 고유번호)	M	**예시:** MS1800003
3	Name (세포주명)	M	**예시:** FeAD7
4	Distributability (분양가능 여부)	M	**가능한 값:** 다음 중 택일 No / 가능한 값 1 / 비영리(연구 목적) 2 / 영리(상업적 목적)
5	Species (축종 등)	M	**예시:** 축종: 고양이, 성별: 암컷, 품종: 코리아숏헤어
6	Cellular morphology (세포 종류)	M	**예시:** Mesenchymal stem cell
7	Production (생산 시 처리방법)	M	**예시:** Collagenase type 1
8	Growth pattern (성장 패턴)	M	**예시:** Monolayer
9	Freezing media (보존 배지)	M	**예시:** DMEM low glucose
10	Original media (원 배지)	M	**예시:** DMEM low glucose
11	KVCC media (은행 사용 배지)	M	**예시:** 0.25% trypsin으로 소화하고 수확하고 계대(Fe AD7-2P)
12	Subculture (계대 방법)	M	**예시:** J Vet Sci, 2017 18(3), 299-306
13	References (관련 정보)	O	- 과제정보: 주관연구책임자, 소속기관, 과제번호, 과제명 - 논문정보 - 기타(특허 등)
14	Note (주의 사항)	M	- 확인된 표면 단백질 발현 유무: **예시:** CD29, CD44 - 그간의 연구분야: **예시:** 관절염, 아토피
15	Release date (공개날짜)	M	**설명(영문):** Data release date **설명(국문):** 데이터 공개 날짜 **양식:** YYYY-MM-DD **예시:** 2018-12-22

11.4.2 화학농약 정보

□ (작성자) 국립농업과학원 박상원(동식물치료제 작업반)

□ 작성에 참고한 자료

○ PPDB: Pesticide Properties Database (http://sitem.herts.ac.uk/aeru/ppdb/) 양식 중 일부 항목들 제외

□ 화학농약 정보 양식(예시는 endosulfan의 예임*)

* 상기 PPDB 사이트에서 해당 페이지 링크: http://sitem.herts.ac.uk/aeru/ppdb/en/Reports/264.htm

파트 1. GENERAL INFORMATION (일반 정보)

<표 11-4-2-1>

No	항목명	등록정보 예시(endosulfan의 예)
1	Description (설명)	An isomer mixture of alpha- and beta-endosulfan which is an insecticide and acaricide used to control sucking, chewing and boring insects
2	Example pests controlled (방제되는 해충의 예)	Whiteflies; Aphids; Leafhoppers; Colorado beetle; Cabbage worms; Ticks; Mites; Tstetse flies.
3	Example applications (활용 예)	Vegetable crops; Cotton; Potatoes; Tomatoes; Apples
4	Release date (공개날짜)	**설명(영문):** Data release date **설명(국문):** 데이터 공개 날짜 **양식:** YYYY-MM-DD **예시:** 2018-12-22

파트 2. Chemical structure (화학 구조)

<표 11-4-2-2>

No	항목명	등록정보 예시(endosulfan의 예)
1	Isomerism (이성질)	A molecule with 4 chiral centres, endosulfan is is a mixture of the alpha- and beta-forms.
2	Chemical formula (화학식)	$C_9H_6Cl_6O_3S$
3	Canonical SMILES (정규 SMILES 표기법)	C1C2C(COS(=O)O1)C3(C(=C(C2(C3(Cl)Cl)Cl)Cl)Cl)Cl
4	Isomeric SMILES (이성질 SMILES 표기법)	C1[C@@H]2[C@H](COS(=O)O1)[C@@]3(C(=C([C@]2(C3(Cl)Cl)Cl)Cl)Cl)Cl
5	International Chemical Identifier key (InChIKey) (국제 화학 ID 키)	RDYMFSUJUZBWLH-UHFFFAOYSA-N

No	항목명	등록정보 예시(endosulfan의 예)
6	International Chemical Identifier (InChI) (국제 화학 ID)	InChI=1S/C9H6Cl6O3S/c10-5-6(11)8(13)4-2-18-19(16)17-1-3(4)7(5,12)9(8,14)15/h3-4H,1-2H2
7	2D structure diagram/image available? (2차원 구조 다이어그램 및 이미지 유무 여부)	Yes

파트 3. General status (일반 상태)

<표 11-4-2-3>

No	항목명	등록정보 예시(endosulfan의 예)
8	Pesticide type (농약 타입)	Insecticide, Acaricide
9	Substance group (물질 그룹)	Organochlorine
10	Mode of action (작용 기전)	Non-systemic with contact and stomach action, acts as a non-competitive GABA antagonist
11	CAS RN	115-29-7
12	EC number	204-079-4
13	CIPAC number	89
14	US EPA chemical code	079401
15	Molecular mass (분자 질량)	406.93
16	IUPAC name	1,4,5,6,7,7-hexachloro-8,9,10-trinorborn-5-en-2,3-ylenebismethylene sulfite
17	CAS name	6,7,8,9,10,10-hexachloro-1,5,5a,6,9,9a-hexahydro-6,9-methano-2,4,3-benzodioxathiepin 3-oxide
18	Other status information (기타 상태 정보)	POP - regulated by Stockholm Convention; OSPAR pfa/soc; WFD priority substance; Severe Marine Pollutant; Global ban (2011); Chemical subject to PIC regulation
19	Relevant Environmental Water Quality Standards (관련된 환경 수질 표준)	EU Directive 2008/105/EC EQS surface waters: annual average 0.005 $\mu g\ l^{-1}$; max measured 0.01 $\mu g\ l^{-1}$ UK Statutory standard for the protection of aquatic life in inland waters, coastal and territorial waters: 0.003 $\mu g\ l^{-1}$ as annual average
20	Herbicide Resistance Classification (HRAC)	Not applicable
21	Herbicide Resistance Classification (WSSA)	Not applicable
22	Insecticide Resistance Classification (IRAC)	2A
23	Fungicide Resistance Classification (FRAC)	Not applicable
24	Examples of recorded resistance (기록된 저항성의 예)	Many recorded cases, Aphis gossypii, Bemisia tabaci, Dasineura tetensi, Leptinotarsa decemlineata, Myzus persicae, many others
25	Physical state (물리적 상태)	Colourless to brown coloured crystals

파트 4. ENVIRONMENTAL FATE (환경적 거동)

<표 11-4-2-4>

Property	등록정보 예시(endosulfan의 예)	Interpretation
Solubility - In water at 20 °C (mg l^{-1}) (용해성: 섭씨 20도 물에서)	0.32	Low
Solubility - In organic solvents at 20 °C (mg l^{-1}) (용해성: 섭씨 20도 유기 용매에서)	200000(Ethyl acetate), 65000(Ethanol), 24000(Hexane), 200000(Toluene)	-
Melting point (°C) (녹는점)	80	-
Boiling point (°C) (끓점)	-	-
Degradation point (°C) (분해점)	-	-
Flashpoint (°C) (인화점)	-	-
Octanol-water partition coefficient at pH 7, 20 °C	$5.62X10^{04}$(LogP=4.75)	High
Bulk density (g ml^{-1}) (겉보기 밀도)	1.8	-
Dissociation constant pKa) at 25 °C (섭씨 25도에서 해리 상수)	-	-
Vapour pressure at 20 °C (mPa) (섭씨 20도에서 증기 압력)	0.83	Low volatility
Henry's law constant at 25 °C (Pa m^3 mol^{-1})	1.48	Moderately volatile
GUS leaching potential index	5.28	High leachability
SCI-GROW groundwater index (µg l^{-1}) for a 1 kg ha^{-1} or 1 l ha^{-1} application rate	$5.86X10^{00}$	-

파트 5. Degradation (분해)

<표 11-4-2-5>

Property		등록정보 예시(endosulfan의 예)	Interpretation
General biodegradability (일반적 생분해성)		-	
Soil degradation (days) (aerobic) (토양 분해 (일)(호기성))	DT_{50} (typical)	50	Moderately persistent
	DT_{50} (lab at 20 °C)	39	Moderately persistent
	DT_{50} (field)	86	Moderately persistent
	DT_{90} (lab at 20 °C)	-	-
	DT_{90} (field)	-	-
	DT_{50} modelling endpoint	-	-
	Note	EU dossier lab studies DT_{50} range 28-50 days, field studies DT_{50} range 62-126 days for summer applications, 68-87 days for autumn applications (UK); FAO state DT_{50} 60-800 days	

Property		등록정보 예시(endosulfan의 예)	Interpretation
Dissipation rate RL_{50} on plant matrix	Value	3.7	-
	Note	Published literature RL_{50} range 0.1-5.5 days, 19 field crops, various matrices, n=23	
Dissipation rate RL_{50} on and in plant matrix	Value	4.3	-
	Note	Published literature RL_{50} range 0.4-14.5 days, 19 field & undercover grown crops, various matrices, n=41	
Aqueous photolysis DT_{50} (days) at pH 7	Value	-	-
	Note	-	
Aqueous hydrolysis DT_{50} (days) at 20 °C and pH 7	Value	20	Non-persistent
	Note	-	
Water-sediment DT_{50} (days)		-	-
Water phase only DT_{50} (days)		-	-

파트 6. Soil absorption and mobility (토양 흡수 및 이동성)

<표 11-4-2-6>

Property		등록정보 예시(endosulfan의 예)	Interpretation
Linear	K_d	-	Non-mobile
	K_{oc}	11500	
	Notes and range	-	
Freundlich	K_f	0.28	Mobile
	K_{foc}	18.6	
	$^1/_n$	0.558	
	Notes and range	LiteraturedataK_f range0.08-0.52mLg^{-1},K_{foc} range5.7-38.5mLg^{-1}, $^1/_n$ range0.500-0.648,soils=4	
pH sensitivity (pH 민감성)		-	

파트 7. Key metabolites (주요 대사 물질)

<표 11-4-2-7>

Property	등록정보 예시(endosulfan의 예)	Interpretation
Metabolite name	endosulfan sulfate	-
Formation medium	Soil	-
Estimated maximum occurrence fraction	-	-
1107/2009 relevancy	-	-

파트 8. Ecotoxicology (생태독성)

<표 11-4-2-8>

Property		등록정보 예시 (endosulfan의 예)	Interpretation
Bio-concentration factor	BCF (l kg^{-1})	2755	Threshold for concern
	CT_{50} (days)	Not available	–
Mammals – Acute oral LD_{50} (mg kg^{-1})		38	High
Mammals – Short term dietary NOEL	(mg kg^{-1})	–	–
	(ppm diet)	15	–
Birds – Acute LD_{50} (mg kg^{-1})		> 111	Moderate
Birds – Short term dietary (LC_{50}/LD_{50})		–	–
Fish – Acute 96 hour LC_{50} (mg l^{-1})		0.002	High
Fish – Chronic 21 day NOEC (mg l^{-1})		0.0000005	High
Aquatic invertebrates – Acute 48 hour EC_{50} (mg l^{-1})		0.44	Moderate
Aquatic invertebrates – Chronic 21 day NOEC (mg l^{-1})		–	–
Aquatic crustaceans – Acute 96 hour LC_{50} (mg l^{-1})		0.24	Moderate
Sediment dwelling organisms – Acute 96 hour LC_{50} (mg l^{-1})		0.1	Moderate
Sediment dwelling organisms – Chronic 28 day NOEC, static, water (mg l^{-1})		–	–
Sediment dwelling organisms – Chronic 28 day NOEC, sediment (mg kg^{-1})		–	–
Aquatic plants – Acute 7 day EC_{50}, biomass (mg l^{-1})		–	–
Non-target plants		–	–
Algae – Acute 72 hour EC_{50}, growth (mg l^{-1})		2.15	Moderate
Algae – Chronic 96 hour NOEC, growth (mg l^{-1})		–	–
Honeybees(*Apis* spp.)	Contact acute LD_{50} (worst case from 24, 48 and 72 hour values – µg bee^{-1})	> 7.81	Moderate
	Oral acute LD_{50} (worst case from 24, 48 and 72 hour values – µg bee^{-1})	> 15.6	Moderate
	Unknown mode acute LD_{50} (worst case from 24, 48 and 72 hour values – µg bee^{-1})	–	–
Bumblebees(*Bombus* spp.)	Contact acute LD_{50} (worst case from 24, 48 and 72 hour values – µg bee^{-1})	–	–
		–	
	Oral acute LD_{50} (worst case from 24, 48 and 72 hour values – µg bee^{-1})	> 1.72	Moderate
Masonbees(*Osmia* spp.)	Contact acute LD_{50} (worst case from 24, 48 and 72 hour values – µg bee^{-1})	–	–
	Oral acute LD_{50} (worst case from 24, 48 and 72 hour values – µg bee^{-1})	–	–
Other pollinators (1)	Acute LD_{50} (worst case from 24, 48 and 72 hour values – µg $insect^{-1}$)	0.21	High
	Mode of exposure	Contact	
Other pollinators (2)	Acute LD_{50} (worst case from 24, 48 and 72 hour values – µg $insect^{-1}$)	–	–
	Mode of exposure	–	
Earthworms – Acute 14 day LC_{50} (mg kg^{-1})		> 14	Moderate
Earthworms – Chronic NOEC, reproduction (mg kg^{-1})		–	–
Other soil macro-organisms	Acute LC_{50} (mg kg^{-1})	–	–
	Chronic NOEC (mg kg^{-1})	–	–
Other arthropod (1)	LR_{50} g ha^{-1}	–	–
	% Effect	Harmless	–
Other arthropod (2)	LR_{50} g ha^{-1}	–	–
	% Effect	–	–
Soil micro-organisms		–	–
Mesocosm study data	NOEAEC mg l^{-1}	–	–

파트 9. HUMAN HEALTH AND PROTECTION (General) (인간 건강 및 보호 (일반))

<표 11-4-2-9>

Property	등록정보 예시 (endosulfan의 예)	Interpretation
Threshold of Toxicological Concern (Cramer Class)	High (class III)	–
Mammals – Acute oral LD_{50} (mg kg^{-1})	38	High
Mammals – Dermal LD_{50} (mg kg^{-1} body weight)	500	–
Mammals – Inhalation LC_{50} (mg l^{-1})	0.013	–
Other Mammal toxicity endpoints	–	–
ADI – Acceptable Daily Intake (mg kg^{-1} bw day^{-1}) (일일섭취허용량)	0.006	–
ARfD – Acute Reference Dose (mg kg^{-1} bw day^{-1}) (급성독성참고치)	0.02	–
AAOEL – Acute Acceptable Operator Exposure Level (mg kg^{-1} bw day^{-1}) (급성농작업자노출허용량)	–	–
AOEL – Acceptable Operator Exposure Level – Systemic (mg kg^{-1} bw day^{-1}) (농작업자노출허용량)	–	–
Dermal penetration studies (%) (피부 침투)	–	–
Dangerous Substances Directive 76/464	List II	–
Exposure Routes (노출 경로)	–	
European MRLs (유럽 최대잔류허용기준)	EU MRL pesticide database	
Drinking Water Standards (음용수 표준)	–	–
Drinking Water MAC (µg l^{-1}) (음용수 최대허용농도)	–	–

11.4.3 생물농약 정보

□ (작성자) 전북대학교 김재수(동식물치료제 작업반)

□ (작성에 참고한 자료) BCPC Biopesticide Manual, 2018

<표 11-4-3>

No	항목		필수(M)/선택(O)	데이터 등록 예시
1	Nomenclature	Species name (학명)	M	*Beauveria bassiana*
2		Material name (물질명)	O	-
3		CAN RN	O	-
4		Strain name (균주 정보)	M	ERL836
5	분리	Isolation location (장소)	M	-
6		Isolation source (분리대상)	M	나비목 곤충(밤나방류)
7	Production method (생산 방법)		M	고체배양
8	Target diseases, pests and weeds (대상 병해충잡초)		M	꽃노랑총채벌레
9	Effects on plants (식물에 주는 영향)		O	생육촉진
10	Applicable plants (대상 작물)		M	오이
11	Biological control mechanism (생물학적 기작)		O	균사의 곤충 큐티클 침입 및 살충성 대사산물 생성을 통한 해충 치사
12	Formulation and content (제형 및 함량)		O	5% GR
13	Product name (상표명)		O	총채싹 입제
14	Application method (적용방법)		M	정식전 토양처리
15	Mixed usage with chemical or biological pesticides (화학, 생물농약과의 혼용성)		O	살균제와 혼용 주의
16	Mammalian toxicity (포유독물 독성)		O	저독성(IV)
17	Environmental toxicity (환경독성)		O	꿀벌 및 누에에 사용 주의
18	Release date (공개날짜)		M	**설명(영문):** Data release date **설명(국문):** 데이터 공개 날짜 **양식:** YYYY-MM-DD **예시:** 2018-12-22

11.5 식품 연구 데이터

11.5.1 식품 샘플 정보

□ **(작성자)** 국립농업과학원 최용민(식품 작업반), 국립수산과학원 윤나영(식품 작업반), 한국식품연구원 홍승표(식품 작업반), 경희대학교 백무열(식품 작업반)

□ **(설명)** 식품 샘플에 대한 정보이며, 성분·기능성·가공 연구 데이터 등록에 **공통 적용**됨

<표 11-5-1>

No	항목	필수(M)/선택(O)	도움말
1	소재명_국문 일반명	M	**비고:** 동일 식품이어도 연구자에 따라 명칭이 달라 식품원재료 DB(식약처) 연계하거나 직접 입력 **예시 1:** 히비스커스 **예시 2:** 쌀
2	소재명_국문 이명	O	**예시 1:** 부상화
3	소재명_영문	M	**비고:** 타 분야 정보와 연계를 위해 국문명 이외 keycode가 될 수 있는 식별 명칭(영문, 학명 등) 추가 입력 필요 **예시 1:** Hibiscus
4	소재명_학명	O	**예시 1:** Hibiscus Sabdariffa L.
5	소재명_품종	O	
6	사용부위	M	**비고:** 연구자에 따라 동일식품에 대해서 사용 부위 상이하므로 입력 **예시 1:** 꽃잎 **예시 2:** 쌀가루
7	전처리(가공)법	M	**비고:** 기능성/가공/성분 분야에 따라 '전처리'에 대한 정의 혹은 의미 차이 가공 조건에 따라 성분 분석하는 연구 존재 가공, 추출, 조리 조건은 직접 입력하거나 참고문헌 입력해도 무방 **예시 1:** 에탄올 추출, 열수추출 수 동결건조, 찐 것, 분획 등. 참고문헌 입력 예시 : 1저자명, 저널, 연도, 권호, 첫페이지 **예시 2:** 1) 습식멥쌀가루 300 g을 수분함량이 45%가 되도록 물과 섞어 반죽 2) 반죽을 12-mesh 통과시킨 후, 찜기를 이용하여 20분간 완전히 호화. 3) 증자 처리 후 55℃까지 냉각시켜 준 후에 국내에서 시판중인 중력분 5종을 각각 0.7% (w/w) 첨가. 4) 가정용 녹즙기(MS-30000, Oscarelectronic Co., Gimhae, Korea)를 이용하여 2회 반복압출. 5) NYLON/TIE/PE로 적층된 vacuum bag으로 포장 및 상온저장.
8	최종 가공품	M	**설명(국문):** 위 소재와 가공법에 의해 제조된 산물 **비고:** 가공품일때만 해당 **예시 2:** 가래떡
9	수집정보_지역	O	**비고:** 수산소재일 경우 필수 **예시:** 중국산
10	수집정보_연도	O	**비고:** 수산소재일 경우 구입시기 채집시기 구분 **예시:** 2020.10.
11	암수	O	**비고:** 수산소재는 필수 항목
12	레시피(재료량)	O	**비고:** 혼합 식품일 경우(예 비빔밥)
13	Release date (공개날짜)	M	**설명(영문):** Data release date **설명(국문):** 데이터 공개 날짜 **양식:** YYYY-MM-DD **예시:** 2018-12-22

11.5.2 식품 성분 데이터

□ **(작성자)** 국립농업과학원 최용민(식품 작업반), 국립수산과학원 윤나영(식품 작업반), 한국식품연구원 홍승표(식품 작업반)

□ **(설명)** 식품 성분의 정성분석 및 정량분석 결과 데이터

파트 1. 실험 정보

<표 11-5-2-1>

No	항목	필수(M)/ 선택(O)	도움말
1	분석성분_영명	M	**비고:** 연구자에 따라 성분 명칭을 다르게 표시하므로 혼동을 방지하고자 영명으로 통일하고 CAS No. 입력 **예시:** quercetin
2	분석항목_CAS No.	O	**비고:** CAS No. 입력 할 수 없는 상황이 있으므로 선택 항목 처리. 예)총당, 총 폴리페놀 **예시:** 117-39-5
3	분석법	M	**비고:** 공인법 및 참고문헌 정보 입력 **예시:** J. chromatography. 2020. 1. 100p

파트 2. 실데이터

<표 11-5-2-2>

No	항목	필수(M)/ 선택(O)	도움말
1	분석결과_평균	M	**비고:** 엑셀파일, csv, txt 파일 등, 단위 표기 **예시:** 50mg/100g
2	분석결과_표준편차	O	**비고:** 엑셀파일, csv, txt 파일 등 **예시:** 5
3	분석결과_성분 프로파일정보	M	**비고:** 대사체프로파일 엑셀파일, csv, txt 파일 등 성분명, 분자량, 화학식 **예시:** quercetin-o-glucodside, 302, C15H1O7
4	Release date (공개날짜)	M	**설명(영문):** Data release date **설명(국문):** 데이터 공개 날짜 **양식:** YYYY-MM-DD **예시:** 2018-12-22

11.5.3 식품 기능성 데이터

□ **(작성자)** 서울대학교 신동미(식품 작업반), 국립농업과학원 장환희(식품 작업반), 국립산림과학원 최식원(식품 작업반), 한국식품연구원 홍승표(식품 작업반)

□ **(설명)** 식품의 기능성을 시험하기 위한 각종 assay 데이터

파트 1. 실험 정보

<표 11-5-3-1>

<table>
<tr><th>No</th><th>항목</th><th>필수(M)/
선택(O)</th><th>도움말</th></tr>
<tr><td>1</td><td>실험 디자인</td><td>M</td><td>설명(국문): 실험유형, 실험군, 실험모델 설명</td></tr>
<tr><td>2</td><td>모델유형</td><td>M</td><td>설명(국문): 모델의 종류
가능한 값: 다음 중 택일
<table>
<tr><th>No</th><th>가능한 값</th></tr>
<tr><td>1</td><td>인체대상시험</td></tr>
<tr><td>2</td><td>동물실험</td></tr>
<tr><td>3</td><td>세포실험</td></tr>
</table></td></tr>
<tr><td>3</td><td>실험그룹</td><td>M</td><td>설명(국문): 실험대상이 속하는 집단 (실험군, 대조군 등)
예시: 실험군</td></tr>
<tr><td>4</td><td>실험모델</td><td>M</td><td>설명(국문): 모델에 대한 정보 (인체대상시험, 동물실험, 세포실험)
예시:
인체실험 경우 - 대상자: 노인, 나이: 65세 이상, 성별: male/female/both 등
동물모델 경우 - 종 (strain): SD rat, 주령: 10주령, 성별: male/female/bot
세포실험 경우 - HeLa</td></tr>
<tr><td>5</td><td>처치기간</td><td>M</td><td>설명(국문): 소재를 섭취 혹은 처치하는 시간
예시: 12주 (8주, 24시간 등)</td></tr>
<tr><td>6</td><td>처치방법</td><td>M</td><td>설명(국문): 소재를 처치하는 방법
예시: 캡슐 경구섭취</td></tr>
<tr><td>7</td><td>처치량</td><td>M</td><td>설명(국문): 소재를 처치하는 양
예시: 250mg</td></tr>
<tr><td>8</td><td>평가항목</td><td>O</td><td>비고: 어떤 기능성을 평가할 것인가에 대한 내용도 필요하나, 한 기능성을 처음부터 목표하고 실험하는 경우 큰 문제가 없으나 오믹스 등 스크리닝 실험에는 한 기능성을 특정하지 않으므로 선택 항목 처리함
예시: 항당뇨</td></tr>
</table>

파트 2. 실데이터

<표 11-5-3-2>

No	항목	필수(M)/ 선택(O)	도움말
1	데이터파일	M	**설명(국문):** Raw data: FASTQ 파일, CEL 파일, csv, txt 파일 등 **예시:** 혈당 농도 결과 테스트 **비고:** 유전체, 발현체, 단백체, 대사체 등의 오믹스 데이터 파일은 구축될 데이터 스테이션의 해당 DB에 deposit하고 그 파일의 링크로 대체
2	분석명	M	**설명(국문):** 분석 방법 이름 **예시:** SPOT 혈액자동분석기
3	분석방법	M	**설명(국문):** 분석 방법에 대한 자세한 기술 **예시:** Assay protocol: Illumina MiSeq, 시료 (혈액, 조직)
4	Release date (공개날짜)	M	**설명(영문):** Data release date **설명(국문):** 데이터 공개 날짜 **양식:** YYYY-MM-DD **예시:** 2018-12-22

11.5.4 식품 가공 데이터

□ (작성자) 경희대학교 백무열(식품 작업반)

□ (설명) 가공 식품의 경도 등 평가 항목 시험 데이터

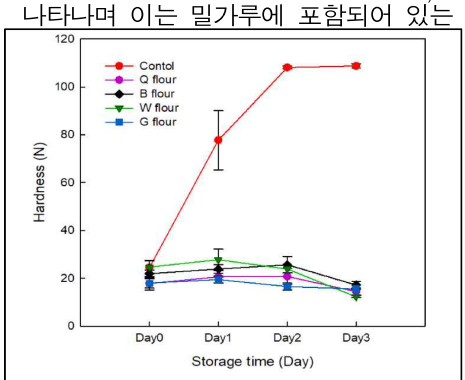
파트 1. 실험 정보

<표 11-5-4-1>

No	항목	필수(M)/선택(O)	도움말
1	평가항목	M	**예시:** 경도
2	평가방법	M	**설명(국문):** 가공분야 해당 평가 항목에 대한 측정방법 입력. 참고 문헌을 링크도 가능 **예시:** 1) 실온에서 저장된 가래떡을 지름 1.8 cm, 높이 2 cm로 잘라 분석에 사용. 2) Rheometer (CR-200D & CR-1150, Sun Scientific Co., Tokyo, Japan)를 사용하여 경도 측정하였으며 다음의 분석조건을 사용. • Full scale force: 20 kgf • 프로브 크기: 지름 2 cm • Cross head speed: 300 mm/min • Chart speed: 300 mm/min • Deformation level: 60% 3) 결과 차트를 이용하여 경도(N) 계산.

파트 2. 실데이터

<표 11-5-4-2>

No	항목	필수(M)/선택(O)	도움말
1	측정결과	M	**설명(국문):** 처리조건에 따른 반응 그래프, 세부적인 측정 결과 값, 데이터 해석 정보 입력 **예시:** - 밀가루 첨가 않고 제조한 가래떡은 저장 초기에 빠른 노화 현상으로 경도가 급격 증가 - 밀가루를 첨가한 가래떡의 경도 증가율은 급격히 감소 - 밀가루를 첨가한 일부 가래떡의 경우, 만든 직후의 경도보다 더 낮아지는 현상이 나타나며 이는 밀가루에 포함되어 있는 amylase 계통의 효소에 의한 것으로 사료됨  Fig. 1. Changes in hardness of garaetteok with 0.7% (w/w) of different wheat flours during storage at room temperature.
2	Release date (공개날짜)	M	**설명(영문):** Data release date **설명(국문):** 데이터 공개 날짜 **양식:** YYYY-MM-DD **예시:** 2018-12-22

11.6 지능형농업 데이터

□ (작성자) 농촌진흥청 조용빈(지능형농업 작업반), 농촌진흥청 황정환(지능형농업 작업반), 국립축산과학원 김종복(지능형농업 작업반) 등

□ 추진내용

○ 바이오 연구데이터를 통합 수집·제공을 위한 지능형 농업 분야 R&D 데이터 등록양식

- **시설원예 분야**

▪ 환경데이터 등록양식(시설원예 공통)

- **환경정보(24개 항목)**
  - · 내부환경 : 온도, 습도(절대/상대), CO_2, 광량, 일사량
  - · 외부환경 : 온도, 풍향, 풍속, 강우감지, 일사량
  - · 토경 : 지습, 지온, 관수량, 토양EC, 토양pH
  - · 수경(양액) : 배지온도, 배지습도, 급액량, 급액EC, 급액pH, 배액량, 배액EC, 배액pH, 함수율
- **제어정보(19개 항목)**
  - · 시설장비 : 천창, 측창, 보온커튼, 차광커튼, 유동팬, 보광등, 3Way밸브, 배기팬, 환기구, 관수작동상태(토경), 양액기작동상태(수경), 습관리장치, 난방기, 냉방기, 냉난방기, 훈증기, 수막시스템, CO_2발생기, CO_2발생기+난방기
- **재배시설정보(11개 항목)**
  - · 기본정보 : 시설유형, 재배형태, 재배면적, 시설형태, 배지형태, 시설위치
  - · 시설정보 : 통합제어기, 양액/관수기, 냉난방장치, 센서, 구동기

▪ 작목별 데이터 등록양식(토마토, 파프리카, 딸기 등 3품목)

- **토마토(25개 항목)**
  - · 생육정보 : 초장, 생장길이, 화방높이, 경경(줄기굵기), 엽장, 엽폭, 엽수, 개화군, 착과군, 착과수, 과중, 과고, 과폭, 경도, 상품과율, 과실등급, 과실 당도, 과실 산도, 과실 색상
  - · 생산량정보 : 농가명(시설명), 일자, 출하량, 판매금액, 평당수량, 재배면적
- **파프리카(25개 항목)**

· 생육정보 : 초장, 생장길이, 엽수, 엽장, 엽폭, 줄기굵기, 화방높이, 개화마디(개화화방), 착과마디(착과화방), 수확마디(수확화방), 착과수, 수확수, 과폭, 과고, 무게, 상품과율, 과실등급, 과실 당도, 과실 색상

· 생산량정보 : 농가명(시설명), 일자, 출하량, 판매금액, 평당수량, 재배면적

- **딸기(28개 항목)**

· 생육정보 : 초장, 엽장, 엽폭, 엽병장, 엽수, 관부직경, 출뢰기, 개화기, 수확기, 화방꽃수(소화수), 개화수, 미개화수, 착과수, 액아 발생시기, 과중, 과폭, 과실 당도, 과실 경도, 과실 산도

· 수량정보 : 상품과, 비상품과, 상품과율

· 생산량정보 : 농가명(시설명), 출하일자, 등급, 출하수량, 출하중량, 단가

• 축산 분야

▪ 돼지(모돈) 등록양식

- **모돈사 환경, 사양, 생산성적 정보(18개 항목)**

· 환경 : 온도, 습도, 환기량

· 사양 : 모돈번호, 급이설정량, 급이섭취량

· 생산성적 : 모돈번호, 산차, 교배일, 분만일, 총산, 실산, 이유두수, 이유체중, 발정재귀일, 분만율, 수태율, PSY, MSY

▪ 젖소 등록양식

- **젖소 생체, 번식정보(6개 항목)**

· 생체 : 개체번호, 체온, 위내산도, 활동량

· 번식 : 개체번호, 발정일, 분만일

11.6.1 지능형 시설원예 분야

11.6.1.1 시설원예 환경데이터

1 환경데이터 등록양식(공통)

❍ 환경 및 제어정보 관련 수집항목 및 측정방법

분류	항목		단위	수집방식	수집주기	비고
내부 환경	내부온도		℃	자동	1분	낮평균, 밤평균 온도 계산
	내부 습도	절대습도	g/m^3	자동	1분	
		상대습도	%	자동	1분	
	내부CO^2		ppm	자동	1분	
	광량		μmol·m-2·s-1	자동	1분	
	일사량		W/m^2	자동	1분	
외부 환경	외부온도		℃	자동	1분	최저, 최고, 평균 온도, 주/야 평균 온도는 수집데이터로 계산
	외부풍향		E/W/S/N	자동	1분	
	외부풍속		m/s	자동	1분	
	강우감지		Y/N	자동	1분	
	일사량		W/m^2	자동	1분	누적 일사량(J/cm^2)은 수집데이터로 계산
토경 정보	지습		%	자동	1분	
	지온		도	자동	1분	
	관수량		ℓ	자동	1분	
	EC		dS/m^{-1}	자동	1분	
	pH		ph	자동	1분	
수경 (양액) 정보	배지온도		℃	자동	1분	
	배지습도		%	자동	1분	
	급액량		ℓ	자동	1분	
	급액EC		dS/m^{-1}	자동	1분	
	급액pH		ph	자동	1분	
	배액량		ℓ	자동	1분	
	배액EC		dS/m^{-1}	자동	1분	
	배액pH		ph	자동	1분	
	수분함수율		%	자동	1분	
제어 정보	천창 (일/이/삼중)	작동시간	TIME	자동	1분	CO_2 농도, 습도, 풍향, 풍속 조건에 영향받음
		작동여부	ON/OFF	자동	1분	
		작동상태	Y/N	자동	1분	
		설정지원	DATA	자동	1분	
		설정온도	℃	자동	1분	
		열림값	%	자동	1분	

분류	항목		단위	수집방식	수집주기	비고
		닫힘값	%	자동	1분	
		온도폭	℃	자동	1분	
		개도	%	자동	1분	
제어 정보	측창 (일/이/삼중)	작동시간	TIME	자동	1분	CO_2 농도, 습도, 풍향, 풍속 조건에 영향받음
		작동여부	ON/OFF	자동	1분	
		작동상태	Y/N	자동	1분	
		설정정보	DATA	자동	1분	
		설정온도	℃	자동	1분	
		열림값	%	자동	1분	
		닫힘값	%	자동	1분	
		온도폭	℃	자동	1분	
		개도	%	자동	1분	
	보온 커튼	작동시간	TIME	자동	1분	습도, 온도, 광량 조건에 영향받음
		작동여부	ON/OFF	자동	1분	
		작동상태	Y/N	자동	1분	
		설정정보	DATA	자동	1분	
	차광 커튼	작동시간	TIME	자동	1분	습도, 온도, 광량 조건에 영향받음
		작동여부	ON/OFF	자동	1분	
		작동상태	Y/N	자동	1분	
		설정정보	DATA	자동	1분	
	유동팬	작동시간	TIME	자동	1분	CO_2 농도, 습도 조건에 영향 받음
		작동여부	ON/OFF	자동	1분	
		작동상태	Y/N	자동	1분	
		설정정보	DATA	자동	1분	
		작동온도	℃	자동	1분	
		정지온도	℃	자동	1분	
		작동습도	℃	자동	1분	
		정지습도	℃	자동	1분	
	보광등	작동시간	TIME	자동	1분	
		작동여부	ON/OFF	자동	1분	
		작동상태	Y/N	자동	1분	
		설정정보	DATA	자동	1분	
	3WAY벨브	작동시간	TIME	자동	1분	
		작동여부	ON/OFF	자동	1분	
		작동상태	Y/N	자동	1분	
		설정정보	DATA	자동	1분	
	배기팬	작동시간	TIME	자동	1분	온도, 습도, 풍향, 풍속 조건에 영향받음

분류	항목		단위	수집방식	수집주기	비고
		작동여부	ON/OFF	자동	1분	
		작동상태	Y/N	자동	1분	
		설정정보	DATA	자동	1분	
	환기구	작동시간	TIME	자동	1분	
		작동여부	ON/OFF	자동	1분	
		작동상태	Y/N	자동	1분	
		설정정보	DATA	자동	1분	
제어 정보	관수 작동 상태 (토경)	작동시간	TIME	자동	1분	
		작동여부	ON/OFF	자동	1분	
		작동상태	Y/N	자동	1분	
		설정정보	DATA	자동	1분	
	양액기 작동 상태 (수경)	작동시간	TIME	자동	1분	
		작동여부	ON/OFF	자동	1분	
		작동상태	Y/N	자동	1분	
		설정정보	DATA	자동	1분	
	습관리 장치	작동구분	제습/가습	자동	1분	
		작동시간	TIME	자동	1분	
		작동여부	ON/OFF	자동	1분	
		작동상태	Y/N	자동	1분	
		설정정보	DATA	자동	1분	
	난방기	작동시간	TIME	자동	1분	
		작동여부	ON/OFF	자동	1분	
		작동상태	Y/N	자동	1분	
		설정정보	DATA	자동	1분	
		작동온도	℃	자동	1분	
		정지온도	℃	자동	1분	
	냉방기	작동시간	TIME	자동	1분	
		작동여부	ON/OFF	자동	1분	
		작동상태	Y/N	자동	1분	
		설정정보	DATA	자동	1분	
		작동온도	℃	자동	1분	
		정지온도	℃	자동	1분	
	냉난방기	작동구분	냉방/난방	자동	1분	
		작동시간	TIME	자동	1분	
		작동여부	ON/OFF	자동	1분	
		작동상태	Y/N	자동	1분	

분류	항목			단위	수집방식	수집주기	비고
		설정정보		DATA	자동	1분	
		작동온도		℃	자동	1분	
		정지온도		℃	자동	1분	
	훈증기	작동시간		TIME	자동	1분	
		작동여부		ON/OFF	자동	1분	
		작동상태		Y/N	자동	1분	
		설정정보		DATA	자동	1분	
	수막 시스템	작동시간		TIME	자동	1분	
		작동여부		ON/OFF	자동	1분	
		작동상태		Y/N	자동	1분	
		설정정보		DATA	자동	1분	
제어 정보	CO2 발생기	작동시간		TIME	자동	1분	
		작동여부		ON/OFF	자동	1분	
		작동상태		Y/N	자동	1분	
		설정정보		DATA	자동	1분	
	CO2 발생기 +난방기	작동시간		TIME	자동	1분	
		작동여부		ON/OFF	자동	1분	
		작동상태		Y/N	자동	1분	
		설정정보		DATA	자동	1분	
재배 시설 정보	기본 정보	재배시설유형			수동	필요시	(예 : 단동, 연동, 유리온실, 기타)
		재배형태			수동	필요시	(예 : 토경재배, 수경재배)
		재배면적			수동	필요시	(예 : 남북100 동서50 높이5)
		시설형태	방향		수동	필요시	(예 : 남북)
			길이		수동	필요시	(예 : 100m)
			폭		수동	필요시	(예 : 50m)
			측고		수동	필요시	(예 : 5m)
		배지형태			수동	필요시	(예 : 사용안함, 펄라이트, 코이어, 암면, 유기재배, 기타)
		재배시설위치 (경위도)			수동	필요시	
		자동 수집 센서정보			수동	필요시	(예 : 내부온도 센서 1개, 외부온도 센서 2개)
	시설 정보	통합 제어기	제조사		수동	필요시	(예 : 우성, 그린CS, 동우 등)
			유형		수동	필요시	(예 : 단순, 복합환경제어, 기타)
			모델		수동	필요시	
			설치위치		수동	필요시	(예 : 온실내부, 온실외부, 별도건물 등)
			수량		수동	필요시	

분류	항목			단위	수집방식	수집주기	비고
		양액/관수기	제조사		수동	필요시	
			유형		수동	필요시	(예 : 양액기, 관수기)
			모델		수동	필요시	
			설치위치		수동	필요시	(예 : 온실내부, 온실외부, 별도건물 등)
			수량		수동	필요시	
		냉난방장치	제조사		수동	필요시	
			유형		수동	필요시	(예 : 냉방기, 난방기, 냉난방기, 수막시스템, CO_2발생기+난방기, 기타)
			모델		수동	필요시	
			설치위치		수동	필요시	
			수량		수동	필요시	
	센서정보	센서유형			수동	필요시	(예 : 내부온도센서, 내부습도센서, 외부온도센서, 기타)
		센서위치			수동	필요시	(예 : 센터기준 - 북40 / 서20 / 높이3)
		센서정상범위			수동	필요시	정상수치 범위 또는 이상알림 기준
	구동기정보	구동기 유형			수동	필요시	(예 : 통합구동, 개별구동1-측창/천장, 개별구동2-보온커튼/차광커튼, 기타)
		구동기 수량			수동	필요시	
		구동기 위치			수동	필요시	(예 : 동측창, 천창, 동측커튼 등)
		구동기 자동유무			수동	필요시	(예 : 자동제어, 타이머, 수동 등)

※ 시설(온실)에 설치된 장비 및 상황에 따라 수집정보/항목 등은 달라질 수 있음.

❍ 환경 및 제어데이터 DB 구축 방법

- 시설(온실)에 설치된 센서 및 장비의 상황에 따라 DB에 자동으로 수집

  ※ [참고1] 지능형 농업 분야 데이터베이스 정의서 예시 참조

- 재배시설정보의 경우 데이터 수집 전 수동 입력을 통해 DB 저장

2 작목별 데이터 등록양식

(1) 완숙토마토

❍ 생육정보 수집항목 및 측정방법

항목	단위	측정주기	측정방법
초 장	cm	1회	지표면에서의 생장점까지의 길이
생장길이	cm	1주	지난주 생장점에서 이번주 생장점까지 길이
화방높이	cm	1주	생장점에서 개화화방까지의 거리
경경(줄기굵기)	cm	1주	개화화방(생장점 첫 화방)에서 아래 2cm의 줄기 굵기
엽 장	cm	1주	개화 화방에서 아래 3번째 잎의 길이
엽 폭	cm	1주	개화 화방에서 아래 3번째 잎의 폭
엽 수	개	1주	1cm 이상 잎의 수
개화군	화방	1주	각 화방에 작은 꽃이 핀 개수를 세어서 결정
착과군	화방	1주	각 화방에 수정되어 착과된 열매수를 세어 결정
수확군	화방	1주	각 화방의 착과수와 수확한 개수를 세어 결정
착과수	개	1주	착과된 과실의 수, 수확된 과실 포함
과 중	g	1주	수확한 열매의 1개당 무게 측정
과 고	cm	1주	수확한 열매의 높이 측정
과 폭	cm	1주	수확한 열매의 너비 측정
경 도	N	1주	수확한 열매의 경도 측정(3반복)
상품과율	%	1주	수확한 열매의 상품과 비율
과실등급(상)	%	1주	과중 120~150g, KAMIS 가격 조사기준
과실등급(중)	%	1주	과중 150~170g, KAMIS 가격 조사기준
과실등급(하)	%	1주	과중 120g 이하, 170g 이상, KAMIS 가격 조사기준
과실 당도	Brix	1주	수확한 과실의 당도
과실 산도	%	1주	수확한 과실의 산도
과실 색상	Hunt	1주	수확한 과실의 색상(Hunt L, A, B)

○ **생육데이터 DB 구축 방법 : 엑셀 또는 ABMS 시스템을 통해 입력 저장 보관**

- 생육조사

농가명	조사일 (년월일)	개체 번호	생장 길이 (cm)	화방높이 (cm)	경경 (mm)	엽장 (cm)	엽폭 (cm)	엽수 (장)	개화군	착과군	수확군

- 과채특성조사

농가명	조사일 (년월일)	개체 번호	화방 번호	수확과 번호	과중 (g)	과고 (cm)	과폭 (cm)	경도 (g)

- 생산량조사

농가명	일자 (년월일)	출하량	판매금액	평당수량	재배면적

(2) 파프리카

❍ 생육정보 수집항목 및 측정방법

항목	단위	측정주기	측정방법
초 장	cm	1주	지표면에서 생장점까지 길이
생장길이	cm	1주	지난주 생장점에서 금주 생장점 길이
엽 수	개/주	1주	1cm 이상 잎의 수
엽 장	cm	1주	착과된 파프리카의 바로 위 엽장 혹은 맨 위에 개화 화방에서 3번째 아래 있는 길이, 폭
엽 폭	cm	1주	
줄기굵기	mm	1주	개화화방(생장점 첫 화방) 바로 아래의 줄기 굵기 (낙화된 경우 추정하여 측정)
화방높이	cm	1주	생장점에서 개화화방까지의 거리 (낙화된 경우 추정하여 계산)
개화마디(개화화방)	마디	1주	현재 꽃이 피는 위치(마디) (낙화된 경우 추정하여 계산)
착과마디(착과화방)	마디	1주	과일이 보이고(씨방이 보이면) 착과로 간주
수확마디(수확화방)	마디	1주	파프리카를 수확한 위치
착과수	개	1주	착과된 과실의 수, 수확된 과실 포함
수확수	개	1주	수확한 개수(딴 개수)
과폭	cm	1주	착과된 파프리카의 과폭, 높이
과고	cm	1주	
무게	g	1회	수확한 파프리카의 무게
상품과율	%	1주	수확한 열매의 상품과 비율
과실등급(상)	%	1주	과중 120~150g, KAMIS 가격 조사기준
과실등급(중)	%	1주	과중 150~170g, KAMIS 가격 조사기준
과실 당도	Brix	1주	수확한 과실의 당도
과실 색상	Hunt	1주	수확한 과실의 색상(Hunt L, A, B)

❍ 생육데이터 DB 구축 방법 : 엑셀 또는 ABMS 시스템을 통해 입력 저장 보관

- 생육조사

농가명	조사일 (월일)	개체번호	줄기 번호	초장 (생장길이)	엽수	엽길이	엽폭	줄기 굵기	화방 높이

개화마디	착과마디	수확마디	착과수	꽃 수	열매수	수확수	과폭	과고	무게

- 생산량조사

농가명	일자 (년월일)	출하량	판매금액	평당수량	재배면적

(3) 딸기

○ 생육정보 수집항목 및 측정방법

항목	단위	측정주기	측정방법
초장	cm	1주	관부의 지제부로부터 가장 긴 잎의 선단까지의 길이를 세워서 측정
엽장	cm	1주	완전히 전개된 최근 3번째 잎을 대상으로 하며, 엽육이 시작되는 지점부터 잎 끝부분까지 길이
엽폭	cm	1주	완전히 전개된 최근 3번째 잎을 대상으로 하며, 가장 폭이 넓은 부분 측정(엽장과 수직 방향이 되도록)
엽병장	cm	1주	관부에서 초장을 측정하는 잎의 하단까지의 길이 (초장-엽장)
엽수	매	1주	한 개체의 잎의 수(완전히 전개한 잎만 측정) ※ 잎색이 연하거나 특별한 이상 증상 없이 잎표면이 쭈굴거리면 미전개 잎으로 판단
관부직경	mm	1주	원줄기 관부에서 가장 굵은 부분의 길이
출뢰기	월일	수시	1cm 이상의 화방이 40% 이상 출뢰한 시기 (100개체 이상)
개화기	월일	수시	1화방의 소화가 40% 이상 피었을 시기 (100개체 이상)
수확기	월일	수시	조사개체 중 1번과의 약 40%가 수확 되었을 시기
화방꽃수 (소화수)	개	1주	화방에 달린 꽃의 수
개화수	개	1주	화방에 달린 전개된 작은 꽃 수
미개화수	개	1주	화방에 달린 미전개된 작은 꽃 수
착과수	개	1주	화방에 달린 열매의 수(꽃잎이 떨어진 개수)
액아 발생시기	월일	수시	액아가 40% 이상 출뢰한 시기(액아1, 액아2)
과중	g	1주	성숙과 한 개의 무게
과장	cm	1주	성숙과 한 개의 가장 긴 부분의 길이
과폭	cm	1주	성숙과 한 개의 가장 폭이 넓은 부분의 길이
과실 당도	Brix	1주	90% 착색과를 종단으로 절단 후 중간 부위를 손으로 눌러 5-10방울 내외 착즙(간이 당도계 활용)
과실 경도	N	1주	경도계를 이용하여 90% 이상 착색과의 중간 부위 표면과 수직 방향으로 동일한 압력으로 과실 중앙 부위 값 측정
과실 산도	%	1주	성숙과의 산도(산도계 활용)

❍ 수량정보 수집항목 및 측정방법

항목	단위	측정주기	측정방법
상품과	g/주	1주	과중 12g 이상 특과 25g 이상, 대과 17-25g, 중과 12-17g * 포기당 상품과 수량으로 환산
비상품과	g/주	1주	과중 12g 미만 * 포기당 비상품과 수량으로 환산
상품과율	%	1주	상품수량/주당 수량 비율

❍ 생육데이터 DB 구축 방법 : 엑셀 또는 ABMS 시스템을 통해 입력 저장 보관

- 생육조사

농가명	조사일 (년월일)	개체 (번호)	본주 /액아 (구분)	초장 (cm)	엽수 (개)	엽장 (cm)	엽폭 (cm)	엽병장 (cm)	관부직경 (cm)

화방 번호	화방출뢰기 (년월일)	개화기 (년월일)	소화수 (개)	착과수 (개)	액아 발생시기 (년월일)	이미지 (엽)	이미지 (화방)

- 착과과조사

농가명	조사일 (년월일)	개체번호	수확번호	과중 (g)	과장 (mm)	과폭 (mm)	무게 (g)	당도 (Brix)	산도 (%)	당산비 (%)

- 생산량조사

농가명	출하일자 (년월일)	등급	출하수량 (개)	출하중량 (kg)	단가

11.6.2 지능형 축산 분야

11.6.2.1 돼지(모돈) 데이터

1 돼지(모돈)

○ 모돈사 환경, 사양, 생산성적 정보 수집항목 및 측정방법

항목	단위	측정주기	측정방법
온도	℃	1시간	온도센서로 돈방별 수집
습도	%	1시간	습도센서로 돈방별 수집
환기량	%	1시간	환기팬 컨트롤러로 최대 환기 대비 비율 수집
모돈번호	ID	1시간	이표, 전자이표로 개체식별 번호 수집
급이설정량	kg	1시간	자동급이기에 설정된 급이량 수집
급이섭취량	kg	1시간	자동급이기로 급이 섭취량 수집
산차	횟수	1개월	분만 총 횟수
교배일	일	1개월	교배한 날짜
분만일	일	1개월	분만한 날짜
총산	두수	1개월	총 산자 수
실산	두수	1개월	총 산자 수 중 포유개시 가능한 생존 두수
이유두수	두수	1개월	이유한 자돈의 수
이유체중	kg	1개월	이유한 자돈의 체중
발정재귀일	일	1개월	이유 후 교배 실시하기까지의 기간
분만율	%	1개월	교배한 모돈 수 대비 실제 분만한 모돈 수
수태율	%	1개월	교배한 모돈 수 대비 교배 후 21일 까지 임신이 유지되고 있는 모돈 수
PSY	두수	1개월	모돈 당 연간 이유 자돈 수
MSY	두수	1개월	모돈 당 연간 출하두수

○ 모돈사 정보 DB 구축 방법 : 엑셀 또는 ABMS 시스템을 통해 저장 보관

- 환경정보 수집

농장번호 (농장명)	장비번호	수신일시	온도	습도	환기량

- 급이기 정보수집

농장번호 (농장명)	장비번호	수신일시	개체번호	급이설정량	급이섭취량

- 생산성적

농장번호 (농장명)	개체번호	수집일시	산차	교배일	분만일	총산	실산

이유두수	이유체중	발정재귀일	분만율	수태율	PSY	MSY

11.6.2.2 젖소 데이터

2 젖소

❍ 젖소 생체정보, 번식정보 수집항목 및 측정방법

항목	단위	측정주기	측정방법
개체번호	ID	10분	생체정보 수집장치로 개체번호 수집
체온	℃	10분	생체정보 수집장치로 위내 체온 수집
위내 산도	pH	10분	생체정보 수집장치로 위내 pH 수집
활동량	지수	10분	가속도센서, 실시간위치측위 시스템(RTLS)을 통한 활동량 수집
발정일	일	일	개체별 발정 일자
분만일	일	일	개체별 분만 일자

❍ 젖소 생체정보, 번식정보 DB 구축 방법 : 엑셀 또는 ABMS 시스템을 통해 저장 보관

- 생체정보 수집

농장번호 (농장명)	개체번호	수신일시	체온	위내 산도	활동량

- 번식정보 수집

농장번호 (농장명)	개체번호	발정일	분만일

참고	지능형 농업 분야 데이터베이스 정의서 예시

❍ 지능형 농업 분야 환경 데이터베이스 정의서 예시(시설원예 공통)

엔 티 티 명	환경데이터
테 이 블 명	ENVRN_STUS
테이블 설명	온실 환경데이터
비 고	

속 성 명	컬 럼 명	유 형	길이	필수	초기값	키	비고/무결성
시설ID	GH_ID	CHAR	9	Y		PK	
저장일시	STRE_DT	CHAR	14	Y		PK	
품목코드	PRDLST_CD	CHAR	8	Y		PK	
구역	ZONE	INT	-				
제어온도	CTRL_TP	DOUBLE	-				
내부온도1	INNER_TP1	DOUBLE	-				
내부온도2	INNER_TP2	DOUBLE	-				
내부온도3	INNER_TP3	DOUBLE	-				
제어습도	CTRL_HD	DOUBLE	-				
내부습도1	INNER_HD1	DOUBLE	-				
내부습도2	INNER_HD2	DOUBLE	-				
내부습도3	INNER_HD3	DOUBLE	-				
지온	GR_TP	DOUBLE	-				
지습	GR_HD	DOUBLE	-				
관수량	AI	DOUBLE					
토양EC	GR_EC	DOUBLE					
토양PH	GR_PH	DOUBLE					
공급EC	SS_EC	DOUBLE					
공급PH	SS_PH	DOUBLE					
총배액	DS_AVG	DOUBLE					
배액EC	DS_EC	DOUBLE					
배액PH	DS_PH	DOUBLE					
순환온도	RT_TP	DOUBLE	-				
이슬점	DWPN	DOUBLE	-				
CO2농도	CO2_DNSTY	DOUBLE	-				
외부온도	EXTRL_TP	DOUBLE	-				
풍속	ARVLTY	DOUBLE	-				
일사량	SOLRAD_YLD	DOUBLE	-				
누적일사량	ACC_SOL_YLD	DOUBLE	-				
제어환기온도	CTRL_VENTL_TP	DOUBLE	-				
제어난방온도	CTRL_HEAT_TP	DOUBLE	-				
상대습도	PARTN_HD	DOUBLE	-				
절대습도	ABSLT_HD	DOUBLE	-				

Index 정의				
번호	Index명	컬럼ID	Order	용도
1	PK_ENVRN_STUS	GH_ID	1	
		STRE_DT	2	
		PRDLST_CD	3	

❍ 지능형 농업 분야 품목별 데이터베이스 정의서 예시(토마토)

엔 티 티 명	생육데이터
테 이 블 명	GRWH_STUS
테이블 설명	토마토 생육데이터
비 고	

속 성 명	컬 럼 명	유 형	길이	필수	초기값	키	비고/무결성
시설ID	GH_ID	CHAR	9	Y		PK	
저장일시	STRE_DT	CHAR	14	Y		PK	
품목코드	PRDLST_CD	CHAR	8	Y		PK	
주차	WEEK_ODR	INT					
생장길이	GRWH_LT	DOUBLE	-				
누적생장길이	ACC_GRWH_LT	DOUBLE	-				
엽장(잎길이)	LEF_LT	DOUBLE	-				
잎폭	LEF_ARA	DOUBLE	-				
잎수	LEF_YLD	DOUBLE	-				
경경(줄기굵기)	STEM_THCK	DOUBLE	-				
화방높이	FCLU_HG	DOUBLE	-				
개화군	FLAN_GRUP	DOUBLE	-				
착과군	FRTST_GRUP	DOUBLE	-				
수확군	HVST_GRUP	DOUBLE	-				
수확일수	HVST_DAYCNT	DOUBLE	-				
열매수	FRUT_YLD	DOUBLE	-				
열매수(평당㎡)	FRUT_YLD_M2	DOUBLE	-				
개화속도	FLAN_VE	DOUBLE	-				
개화속도설정	FLAN_VE_SET	DOUBLE	-				
엽면적	FLG_AR	DOUBLE	-				
열매의팩터	FLG_FTR	DOUBLE	-				
투광량	PENTR_LGT	DOUBLE	-				
수광량	RCV_LGT	DOUBLE	-				
페드(PED)	PED_GRUP	DOUBLE	-				

Index 정의				
번호	Index명	컬럼ID	Order	용도
1	PK_ENVRN_STUS	GH_ID	1	
		STRE_DT	2	
		PRDLST_CD	3	

12 해양수산

12.1 수산 특성정보

12.1.1 수산(식물) 특성정보

□ (작성자) 국립수산과학원 황일기(종자/가축 작업반)

<표 12-1-1>

<table>
<tr><th>No</th><th>카테고리</th><th>항목</th><th>필수(M)/
선택(O)</th><th>도움말</th></tr>
<tr><td>1</td><td rowspan="3">기본정보</td><td>Crop name
(작물명)</td><td>M</td><td>예시: 김류 (Pyropia spp.)</td></tr>
<tr><td>2</td><td>Species name
(종명)</td><td>M</td><td>예시: 방사무늬김 (P. yezoensis)</td></tr>
<tr><td>3</td><td>Cultivar (line) name
(품종(계통)명)</td><td>M</td><td>예시: 수과원119 (Sugwawon NO. 119)</td></tr>
<tr><td>4</td><td colspan="2">Cultivar type
(품종의 종류)</td><td>M</td><td>가능한 값: 다음 중 택일
<table>
<tr><th>No</th><th>가능한 값</th></tr>
<tr><td>1</td><td>자연산</td></tr>
<tr><td>2</td><td>분양</td></tr>
<tr><td>3</td><td>원종</td></tr>
<tr><td>4</td><td>기타</td></tr>
</table></td></tr>
<tr><td>5</td><td rowspan="2">자원의 정보</td><td>Collection location
(채집지역 정보)</td><td>O</td><td>설명(국문): 국가, 지역(위·경도)</td></tr>
<tr><td>6</td><td>Resource characteristics
(자원의 특성)</td><td>O</td><td></td></tr>
<tr><td>7</td><td colspan="2">Breeding method
(육종 방법)</td><td>M</td><td>가능한 값: 다음 중 택일
<table>
<tr><th>No</th><th>가능한 값</th></tr>
<tr><td>1</td><td>선발</td></tr>
<tr><td>2</td><td>교잡</td></tr>
<tr><td>3</td><td>돌연변이</td></tr>
<tr><td>4</td><td>기타</td></tr>
</table></td></tr>
<tr><td>8</td><td>형질정보</td><td>Phenotypic characteristics
(형질특성)</td><td>M</td><td>설명(국문): 품종을 구별할 수 있는 수산식물 특성조사요령 (또는 UPOV)에 따른 조사항목</td></tr>
<tr><td>9</td><td colspan="2">Seed production method
(종자생산 방법)</td><td>O</td><td>가능한 값: 다음 중 택일
<table>
<tr><th>No</th><th>가능한 값</th></tr>
<tr><td>1</td><td>유주자 채묘</td></tr>
<tr><td>2</td><td>육상채묘</td></tr>
<tr><td>3</td><td>해상채묘</td></tr>
<tr><td>4</td><td>인공교배</td></tr>
<tr><td>5</td><td>기타</td></tr>
</table></td></tr>
<tr><td>10</td><td colspan="2">Release date
(공개날짜)</td><td>M</td><td>설명(영문): Data release date
설명(국문): 데이터 공개 날짜

양식: YYYY-MM-DD
예시: 2018-12-22</td></tr>
</table>

12.1.2 수산(동물) 특성정보

□ (작성자) 국립수산과학원 황일기(종자/가축 작업반), 국립수산과학원 김현철

<표 12-1-2>

<table>
<tr><th>No</th><th>카테고리</th><th>항목</th><th>필수(M)/
선택(O)</th><th>도움말</th></tr>
<tr><td>1</td><td rowspan="4">기본정보</td><td>Species name
(종명)</td><td>M</td><td></td></tr>
<tr><td>2</td><td>Korean name
(국명)</td><td>M</td><td></td></tr>
<tr><td>3</td><td>Breed (pedigree) name
(품종(계통)명)</td><td>M</td><td></td></tr>
<tr><td>4</td><td>Sex
(성별)</td><td>M</td><td></td></tr>
<tr><td>5</td><td colspan="2">Breed type
(품종의 종류)</td><td>M</td><td>가능한 값: 다음 중 택일
<table>
<tr><th>No</th><th>가능한 값</th></tr>
<tr><td>1</td><td>자연산</td></tr>
<tr><td>2</td><td>분양</td></tr>
<tr><td>3</td><td>원종</td></tr>
<tr><td>4</td><td>기타</td></tr>
</table></td></tr>
<tr><td>6</td><td rowspan="2">자원의 정보</td><td>Collection or production location
(채집 또는 생산지역)</td><td>O</td><td>설명(국문): 국가, 지역(위·경도)</td></tr>
<tr><td>7</td><td>Collection or production date
(채집 또는 생년월일)</td><td>O</td><td>설명(국문): 채집년월일 또는 생년월일</td></tr>
<tr><td>8</td><td colspan="2">Breeding method
(육종 방법)</td><td>M</td><td>가능한 값: 다음 중 택일
<table>
<tr><th>No</th><th>가능한 값</th></tr>
<tr><td>1</td><td>선발</td></tr>
<tr><td>2</td><td>교잡</td></tr>
<tr><td>3</td><td>돌연변이</td></tr>
<tr><td>4</td><td>기타</td></tr>
</table></td></tr>
<tr><td>9</td><td>형질 정보</td><td>Appearance characteristics
(외형 특성)</td><td>M</td><td>설명(국문): 전장(체장, 각장, 갑장, 외투장), 체중 등 조사항목 기술</td></tr>
<tr><td>10</td><td colspan="2">Seed production method
(종자생산 방법)</td><td>O</td><td>가능한 값: 다음 중 택일
<table>
<tr><th>No</th><th>가능한 값</th></tr>
<tr><td>1</td><td>자연채집</td></tr>
<tr><td>2</td><td>자연산란</td></tr>
<tr><td>3</td><td>인공수정</td></tr>
<tr><td>4</td><td>성성숙 촉진법</td></tr>
<tr><td>5</td><td>기타</td></tr>
</table></td></tr>
<tr><td>11</td><td colspan="2">Release date
(공개날짜)</td><td>M</td><td>설명(영문): Data release date
설명(국문): 데이터 공개 날짜

양식: YYYY-MM-DD
예시: 2018-12-22</td></tr>
</table>

12.1.3 수산(유전자가위) 특성정보

□ (작성자) 국립수산과학원 황일기(종자/가축 작업반)

<표 12-1-3>

No	카테고리	항목	필수(M)/선택(O)	도움말
1	기본 정보	Species name (종명)	M	
2		Breed (pedigree) name (품종(계통)명)	M	
3		Sex (성별)	M	
4		Birth date (생년월일)	M	
5	유전자가위 정보	Guide RNA sequence) (유전자가위 서열)	M	
6		Target gene (유전자가위 대상 유전자)	M	
7	생물학적 특성	Generation (세대명)	M	
8		Nucleotide sequence after editing (유전자 편집 후 염기서열)	M	**설명(국문):** 추가, 삭제 염기서열
9		Modified characteristics after editing (유전자 편집 후 변형된 특성)	M	
10	Environment hazard pre-assessment (환경유해성 사전 검토)		M	**비고:** 현재 LMO법에서 사전검토를 통해 위해성평가를 받지 않도록 법 개정 검토 중
11	Release date (공개날짜)		M	**설명(영문):** Data release date **설명(국문):** 데이터 공개 날짜 **양식:** YYYY-MM-DD **예시:** 2018-12-22

12.2 수산 양식 데이터

□ **(작성자)** 목포대학교 임한규(해양수산 작업반), 부경대학교 김도형(해양수산 작업반)

<표 12-2>

<table>
<tr><th>No</th><th>카테고리</th><th>항목</th><th>필수(M)/
선택(O)</th><th>도움말</th></tr>
<tr><td>1</td><td>기본정보</td><td>Species name
(종명)</td><td>M</td><td>설명(국문): 모든 생물의 종명은 국문과 학명 두 가지 사용을 원칙으로 하며, 종을 특정하기 어려운 경우, 국명은 XX류와 같이 표기하고 학명 대신 속명을 표기
예시: 넙치 Paralichthys olivaceus
넙치류 Paralichthys sp.</td></tr>
<tr><td>2</td><td></td><td>ID
(식별번호)</td><td>M</td><td>설명(국문): 자체적으로 부여한 식별 번호
예시: 제주 1 또는 J20210001</td></tr>
<tr><td>3</td><td>원종(또는 어미) 정보</td><td>Source
(출처)</td><td>M</td><td>가능한 값: 다음 중 택일
<table>
<tr><th>No</th><th>가능한 값</th></tr>
<tr><td>1</td><td>자연산</td></tr>
<tr><td>2</td><td>양식산</td></tr>
</table>
설명(국문): 대상 생물이나 어미가 자연에서 채집했는지, 사육한 것인지 표시
예시: 2</td></tr>
<tr><td>4</td><td></td><td>Collection location (country)
(채집지(국가))</td><td>M</td><td>비고: 3번 항목(출처)의 값이 자연산인 경우에만 해당
설명(국문): 채집 장소(국가 포함)로 표시
예시: 거문도 해역</td></tr>
<tr><td>5</td><td></td><td>Collection location (latitude and longitude)
(채집지(위도 및 경도))</td><td>M</td><td>비고: 3번 항목(출처)의 값이 자연산인 경우에만 해당
설명(국문): 채집 장소의 위도와 경도
예시: 위도 xxxxx° 경도 yyyyy°</td></tr>
<tr><td>6</td><td></td><td>Collection period
(채집시기)</td><td>M</td><td>비고: 3번 항목(출처)의 값이 자연산인 경우에만 해당
설명(국문): 채집 시기를 구체적으로 표시
예시: YYYY-MM-DD H:M 2021-03-01 15:10</td></tr>
<tr><td>7</td><td></td><td>Collection method
(채집방법)</td><td>M</td><td>비고: 3번 항목(출처)의 값이 자연산인 경우에만 해당
설명(국문): 대상 생물을 채집한 방법
예시: 플랑크톤 네트</td></tr>
<tr><td>8</td><td></td><td>Producer information
(생산기관(업체) 정보)</td><td>M</td><td>비고: 3번 항목(출처)의 값이 양식산인 경우에만 해당
설명(국문): 대상 생물을 사육한 기관(업체)에 관한 기본 정보(업체명, 소재지 등)를 기록하지만 개인 정보는 제외
예시: 가나다수산, 제주도 서귀포시 남원읍</td></tr>
<tr><td>9</td><td></td><td>Production period
(생산시기)</td><td>M</td><td>비고: 3번 항목(출처)의 값이 양식산인 경우에만 해당
설명(국문): 대상 생물의 사육을 시작한 시기
예시: 종자인 경우 수정란 입식 시기나 채묘 시기, 양성인 경우 종자 입식 시기</td></tr>
<tr><td>10</td><td></td><td>Production method
(생산방법)</td><td>M</td><td>비고: 3번 항목(출처)의 값이 양식산인 경우에만 해당
설명(국문): 대상 생물의 사육 방법
예시: 유수식 육상 수조</td></tr>
<tr><td>11</td><td></td><td>Appearance characteristics
(종의 형태적 특징)</td><td>M</td><td>비고: 텍스트 입력
설명(국문): 대상 생물의 외형 특징을 기술
예시: 몸은 납작하고 긴 타원형이고 눈이 있는 쪽의 색은 갈색이고 반대쪽은 흰색이지만 검은 반점이 있음</td></tr>
<tr><td>12</td><td></td><td>Image of appearance characteristics
(종의 형태적 특징 이미지)</td><td>O</td><td>비고: 이미지 업로드
설명(국문): 대상 생물의 외형 특징 이미지 첨부</td></tr>
<tr><td>13</td><td>사육 정보</td><td>Seed production method
(종자생산방법)</td><td>M</td><td>가능한 값: 다음 중 택일
<table>
<tr><th>No</th><th>가능한 값</th></tr>
<tr><td>1</td><td>인공수정</td></tr>
<tr><td>2</td><td>자연산란</td></tr>
<tr><td>3</td><td>기타(please specify)</td></tr>
</table></td></tr>
</table>

<table>
<tr><td></td><td></td><td></td><td></td><td>설명(국문): 3번 항목(출처)의 값이 양식산인 경우에 해당되지만 자연에서 채집한 경우 실험을 위해 사육한 경우도 포함됨
예시: 2</td></tr>
<tr><td>14</td><td></td><td>Culture method
(양성방법)</td><td>M</td><td>비고: 텍스트 입력 혹은 이미지 업로드
설명(국문): 대상 생물을 사육한 방법 기술 또는 이미지
예시: 순환여과식 수조</td></tr>
<tr><td>15</td><td></td><td>Image of culture method
(양성방법 이미지)</td><td>O</td><td>비고: 이미지 업로드
설명(국문): 대상 생물을 사육한 방법의 이미지
예시: 순환여과식 수조</td></tr>
<tr><td>16</td><td></td><td>Culture environment
(양성환경)</td><td>M</td><td>비고: 수온, 염분 등의 정보를 free text로 입력
설명(국문): 대상 생물을 사육한 환경
예시: 시간 경과와 함께 기록(2021-08-01 25.1℃, 33.2 psu 등)하거나, 수온 11～15℃, 30～33 psu, 용존산소 4～6 ppm 등과 같이 기록</td></tr>
<tr><td>17</td><td></td><td>Feeding
(사료 섭이율)</td><td>O</td><td>설명(국문): 일간 투여 횟수, 일간 사료 섭식량, 먹이 반응 등 관련 특이 사항
예시: 사료 공급량과 잔존량 및 섭식 특성 기술</td></tr>
<tr><td>18</td><td></td><td>Mortality
(누적 폐사율)</td><td>O</td><td>설명(국문): 기간, 임상증상 등 특이 사항
예시: 사육기간동안 폐사율, 폐사한 개체의 임상 증상</td></tr>
<tr><td>19</td><td></td><td>Medical treatment
(의약품 사용 정보)</td><td>O</td><td>설명(국문): 의약품명, 투약 기간
예시: 의약품이나 첨가제 투약 정보, OTC xxx ppm 5일 경구 투약</td></tr>
<tr><td>20</td><td colspan="2">Breeding
(육종정보)</td><td>O</td><td>가능한 값: 다음 중 택일
<table>
<tr><th>No</th><th>가능한 값</th></tr>
<tr><td>1</td><td>선발</td></tr>
<tr><td>2</td><td>교잡</td></tr>
<tr><td>3</td><td>돌연변이육종</td></tr>
<tr><td>4</td><td>기타(please specify)</td></tr>
<tr><td>5</td><td>해당사항 없음</td></tr>
</table>
설명(국문): 대상 생물의 육종 정보
예시: 5</td></tr>
<tr><td>21</td><td>성장정보</td><td>Length
(전장)</td><td>O</td><td>설명(국문): 대상 생물을 채집한 시기의 전장, 장기간 사육인 경우 처음과 마지막 전장 크기
예시: 12.2～16.5 cm (평균 14.1 cm)</td></tr>
<tr><td>22</td><td></td><td>Weight
(체중)</td><td>O</td><td>설명(국문): 대상 생물을 채집한 시기의 체중, 장기간 사육인 경우 처음과 마지막 체중
예시: 5.1～6.5 g (평균 5.9 g)</td></tr>
<tr><td>23</td><td>품종구분
유전자 정보</td><td>Genetic marker
(유전자 마커)</td><td>O</td><td>비고: 염기서열 등
설명(국문): 유전자마커의 염기서열
예시: CGCAAATGGGCGGTAGGCGTG</td></tr>
<tr><td>24</td><td></td><td>Nucleotide information
(염기서열 정보)</td><td>O</td><td>비고: 염기서열 등
설명(국문): 대상 생물의 염기서열
예시: CGCAAATGGGCGGTAGGCGTG</td></tr>
<tr><td>25</td><td></td><td>Other genetic information
(기타 유전 정보)</td><td>O</td><td>비고: 염기서열 등
설명(국문): 기타 유전 정보
예시: CGCAAATGGGCGGTAGGCGTG</td></tr>
<tr><td>26</td><td>실험 정보</td><td>Experimental results
(각종 실험 결과)</td><td>O</td><td>비고: 텍스트 파일 혹은 이미지 업로드
설명(국문): 대상 생물관련 실험 결과의 형식에 따라 엑셀, 문서, 이미지 파일 등을 업로드
예시: 수산양식_실험정보.xlsx 등</td></tr>
<tr><td>27</td><td colspan="2">Release date
(공개날짜)</td><td>M</td><td>설명(영문): Data release date
설명(국문): 데이터 공개 날짜
양식: YYYY-MM-DD
예시: 2018-12-22</td></tr>
</table>

12.3 수산 질병 데이터

□ (작성자) 제주대학교 이제희(해양수산 작업반)

<표 12-3>

No	카테고리	항목	필수(M)/선택(O)	도움말
1	질병명	Disease name (질병명)	M	**설명(국문):** 국명/영문명 **예시:** 바이러스성 출혈성 패혈증/Viral hemorrhagic septicemia (VHS) **비고:** 텍스트 입력
2	질병 특성	Internal and external symptom (내부·외부증상)	M	**설명(국문):** 질병이 발병했을 때 숙주생물의 내·외부에서 나타나는 증상에 대한 설명 **예시:** 외부 증상: 아가미 빈혈, 근출혈, 체색 흑화, 복부 팽만 내부 증상: 신장 비대, 비장 비대, 복강 내 복수 **비고:** 텍스트 입력
3		Image of Internal and external symptom (내부·외부증상 이미지)	O	**설명(국문):** 질병이 발병했을 때 숙주생물의 내·외부에서 나타나는 증상에 대한 이미지 **예시:** 수산질병데이터_내외부증상.png **비고:** 이미지 업로드
4		Disease occurrence season or condition (발병 시기 또는 발병 조건)	M	**설명(국문):** 특이적으로 질병이 나타나는 시기(ex: 겨울철), 수온, 염분 등의 정보 **예시:** 저수온기 질병, 주로 겨울~봄 수온 14℃ 이하에서 발병됨 **비고:** 텍스트 입력
5		Mortality information (폐사율 정보)	O	**설명(국문):** 양식현장에서 나타나는 폐사율 정보 **예시:** 치어기 발생시 약 80%이상의 폐사율을 나타내며 최대 100% 폐사까지 일어날 수 있음 **비고:** 텍스트 입력
6		Histopathological examination (병리·조직학적 관찰)	O	**설명(국문):** 병리·조직학적 특성에 대한 설명 **예시:** 신장, 비장 조직 내에서 광범위한 세포 괴사 확인 **비고:** 텍스트 입력
7		Image of histopathological examination (병리·조직학적 관찰 이미지)	O	**설명(국문):** 병리·조직학적 특성에 대한 설명 **예시:** 수산질병데이터_조직관찰.png **비고:** 이미지 업로드
8	숙주생물	Host organism name (숙주생물명)	M	**설명(국문):** 국명/영문명/학명 **예시:** 전세계적으로 약 80종이 감염 가능한 것으로 보고되어 있음 - 넙치/ Olive flounder/ *Paralichthys olivaceus* - 대서양 연어/ Atlantic salmon/ *Salmo salar* - 무지개송어/ Rainbow trout/ *Oncorhynchus mykiss* **비고:** 텍스트 입력
9	질병 원인체	Species name (종명)	M	**설명(국문):** 영문명/학명 **예시:** Viral hemorrhagic septicaemia virus (VHSV) **비고:** 텍스트 입력
10		Morphological characteristics of disease agent (원인체의 형태학적 특징)	M	**설명(국문):** 원인체의 형태학적 특징에 대한 설명 **예시:** - 70 nm의 지름, 180 nm의 길이를 가지는 탄환형태를 가짐 - Negative-sense (anti-sense), single strand RNA 바이러스 - 약 11,000 bp의 염기서열로 구성되어 있으며, 총 6개의 단백질을 번역함. **비고:** 텍스트 입력

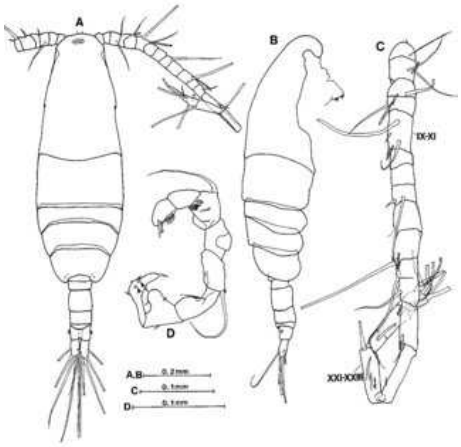
<table>
<tr><td>11</td><td></td><td>Pathogenicity of disease agent
(병원성)</td><td>O</td><td>설명(국문): 원인체의 인위감염실험 조건 접종량, 수온, 기간 등)과 결과에 대한 설명
예시:
- 인위감염실험 조건 접종량: 3 X 10^6 $TCID_{50}$/fish
- 수온: 14℃
- 기간: 2주
- 결과: 실험기간 동안 80%의 누적 폐사율 확인
비고: 텍스트 입력</td></tr>
<tr><td>12</td><td></td><td>Culture method of disease agent
(원인체 배양방법)</td><td>M</td><td>설명(국문): 원인체 배양에 필요한 배양온도, 배지, 숙주세포, 배양시간 등의 조건 설명
예시:
- 배양 온도: 15~25℃
- 배지: L-15 supplmented with 10% FBS
- 숙주 세포: Fat head minnow (FHM)
- 배양시간: 약 5~7일
비고: 텍스트 입력</td></tr>
<tr><td>13</td><td></td><td>Identification method of disease agent
(원인체 진단방법)</td><td>M</td><td>설명(국문): 진단방법에 대한 설명
예시: PCR 기반 진단 방법
- 감염된 어류로부터 신장 혹은 비장 조직 분리
- 분리한 조직으로부터 RNA 분리 정제
- cDNA 합성 이후 PCR 또는 qPCR 진행
비고: 텍스트 입력</td></tr>
<tr><td>14</td><td></td><td>Marker gene or nucleotide sequence of disease agent
(원인체 유전자 마커 또는 염기서열 정보)</td><td>O</td><td>설명(국문): 유전자 마커 또는 염기서열 정보
예시: NC_000855.1 Viral hemorrhagic septicemia virus Fil3, complete genome
비고: 텍스트 입력</td></tr>
<tr><td>15</td><td>질병
예방법</td><td>Availability of vaccine
(백신개발여부)</td><td>O</td><td>가능한 값: 다음 중 택일
<table><tr><th>No</th><th>가능한 값</th></tr><tr><td>1</td><td>백신 개발됨 (백신 제품명 및 제조사)</td></tr><tr><td>2</td><td>백신 개발 안 됨</td></tr></table></td></tr>
<tr><td>16</td><td></td><td>Vaccination information
(백신투여시기)</td><td>O</td><td>설명(국문): 백신품목명, 투여시기, 투여방법 등에 대한 정보
예시: 백신품목명: 대성 VHS 피쉬백 주
- 투여 시기: 치어기 (평균 체장 15 cm 이상)
- 투여 방법: 주사법, 개체당 0.1 ml씩 투여
비고: 텍스트 입력</td></tr>
<tr><td>17</td><td>질병
치료방법</td><td>Treatment information
(의약품명, 투여시기, 투여방법)</td><td>M</td><td>설명(국문): 의약품명, 투여시기, 투여방법 등에 대한 정보
예시: 치료방법은 전무함, 백신을 사용한 예방이나 수온 상승을 통한 자연 치료 기대
비고: 텍스트 입력</td></tr>
<tr><td>18</td><td>실험정보</td><td>Experimental method
(실험방법)</td><td>M</td><td>설명(국문): 실험방법에 대한 설명
예시: VHSV 공격실험
- 체장 13~17 cm의 VHSV 항체 음성인 넙치 사용
- 접종 전 14℃에서 3일간 순치 및 24시간 절식
- 0.1 ㎖씩 넙치 20마리에 복강 접종 후 21일간 일일폐사수를 기록
- 누적폐사율을 계산
비고: 텍스트 입력</td></tr>
<tr><td>19</td><td></td><td>Experimental explanation
(실험설명)</td><td>M</td><td>설명(국문): 실험결과에 대한 설명
예시: VHSV 공격실험 결과
- 3 X 10^6 $TCID_{50}$/fish 접종 결과 20%, 1 X 10^7 $TCID_{50}$/fish 접종 결과 50%, 3 X 10^7 $TCID_{50}$/fish 접종 결과 90%의 누적폐사율을 기록하였음.
비고: 텍스트 입력</td></tr>
<tr><td>20</td><td></td><td>Experimental result
(실험결과)</td><td>M</td><td>설명(국문): 실험결과에 대한 데이터
비고: 표·그림 업로드
예시: 수산질병_실험결과파일.xlsx</td></tr>
<tr><td>21</td><td colspan="2">Release date
(공개날짜)</td><td>M</td><td>설명(영문): Data release date
설명(국문): 데이터 공개 날짜
양식: YYYY-MM-DD
예시: 2018-12-22</td></tr>
</table>

12.4 수산 먹이생물 정보

□ (작성자) 국립수산과학원 윤석현(해양수산 작업반)

<표 12-4>

<table>
<tr><th>No</th><th>카테고리</th><th>항목</th><th>필수(M)/
선택(O)</th><th>도움말</th></tr>
<tr><td>1</td><td>기본정보</td><td>Classification
(분류군)</td><td>M</td><td>가능한 값: 다음 중 택일
<table><tr><th>No</th><th>가능한 값</th></tr><tr><td>1</td><td>식물플랑크톤</td></tr><tr><td>2</td><td>동물플랑크톤</td></tr><tr><td>3</td><td>원생생물</td></tr><tr><td>4</td><td>기타</td></tr></table>
설명: 관찰된 대분류군의 구분
예시: 1
단위: 없음</td></tr>
<tr><td>2</td><td></td><td>Species name
(종명)</td><td>M</td><td>설명: 관찰된 대분류군에 속하는 종명
예시: Acartia hongi</td></tr>
<tr><td>3</td><td></td><td>Korean name
(국명)</td><td>O</td><td>설명: 관찰된 대분류군에 속하는 국명
예시: 홍작은노벌레</td></tr>
<tr><td>4</td><td>원종 정보</td><td>Source
(출처)</td><td>M</td><td>가능한 값: 다음 중 택일
<table><tr><th>No</th><th>가능한 값</th></tr><tr><td>1</td><td>자연산</td></tr><tr><td>2</td><td>배양종</td></tr></table>설명: 관찰된 수산먹이생물을 채집(획득)한 출처로 자연 상태에서 채집한 먹이생물은 자연산, 배양된 생물은 배양종으로 구분
예시: 1</td></tr>
<tr><td>5</td><td></td><td>Collection location (country)
(채집지(국가))</td><td>M</td><td>비고: 3번 항목(출처)의 값이 자연산인 경우에만 해당
설명: 자연 상태에서 채집한 수산먹이생물의 채집국가명을 표기
예시: 대한민국</td></tr>
<tr><td>6</td><td></td><td>Collection location (latitude and longitude)
(채집지(위도 및 경도))</td><td>M</td><td>비고: 3번 항목(출처)의 값이 자연산인 경우에만 해당
설명: 자연 상태에서 채집한 수산먹이생물의 채집해역을 위·경도로 표기
예시: 34°10′25″N, 126°30′15″E
단위: 예시 참조</td></tr>
<tr><td>7</td><td></td><td>Collection date
(채집시기)</td><td>M</td><td>비고: 3번 항목(출처)의 값이 자연산인 경우에만 해당
설명: 자연 상태에서 채집한 수산먹이생물의 채집시기를 표기
양식: YYYY-MM-DD
예시: 2020-05-01</td></tr>
<tr><td>8</td><td></td><td>Collection method
(채집방법)</td><td>M</td><td>비고: 3번 항목(출처)의 값이 자연산인 경우에만 해당
설명: 자연 상태에서 채집한 수산먹이생물의 채집기, 채집기 제원 및 채집방법을 간단히 표기
예시: 네트(망목 200㎛, 망구 45cm, 원추형) 채집 또는 채수기(Niskin bottle) 이용 표층 채수 등</td></tr>
<tr><td>9</td><td></td><td>Other information on wild foundation stock
(기타 자연산 원종 관련 정보)</td><td>O</td><td>비고: 3번 항목(출처)의 값이 자연산인 경우에만 해당
설명: 자연 상태에서 채집한 수산먹이생물의 특이사항 표기
예시: 서해연안 수괴지표종</td></tr>
<tr><td>10</td><td></td><td>Culture institute
(배양기관 정보)</td><td>M</td><td>비고: 3번 항목(출처)의 값이 배양종인 경우에만 해당
설명: 배양된 수산먹이생물의 배양기관명을 표기
예시: 국립수산과학원</td></tr>
<tr><td>11</td><td></td><td>Procurement period
(분양시기)</td><td>M</td><td>비고: 3번 항목(출처)의 값이 배양종인 경우에만 해당
설명: 배양기관에서 확보된 수산먹이생물의 분양시기
예시: 2020-07-01
양식: YYYY-MM-DD</td></tr>
</table>

12		Other information on cultured foundation stock (기타 양식산 원종 관련 정보)	O	**비고:** 3번 항목(출처)의 값이 배양종인 경우에만 해당 **설명:** 배양된 수산먹이생물 원종의 채집해역, 시기 및 특이사항 표기 **예시:** 서해 인천연안에서 2015년 1월 채집, 서해연안 수괴 지표종 등
13		Appearance characteristics (종의 형태적 특징)	M	**비고:** 텍스트 입력 **설명:** 확보된 수산먹이생물의 형태적 특징에 대한 기술 및 형태 제시 **예시:** *Acartia hongi* closely resembles *Acartia bifilosa*, from which it can be easily distinguished by the co-occurrence of the following morphological characters: the absence of rostral filaments in both genders; the terminal spine on the female fifth leg toothed only on the inner side; the first exopodal segment of the male right fifth leg with a long seta; the distal segment of the male left fifth leg with a rod-like appendage. Its distribution was discussed in comparison with two sibling species, *Acartia omorii* and *Acartia hudsonica*. 또는 < 요각류 *Acartia hongi,* male (Soh and Suh(2000) >
14		Image of appearance characteristics (종의 형태적 특징 이미지)	M	**비고:** 이미지 업로드 **설명:** 확보된 수산먹이생물의 형태적 특징에 대한 기술 및 형태 이미지 제시 예시 업로드 파일 참조 
15	배양 정보	Water temperature (수온)	M	**비고:** 텍스트 입력 **설명:** 배양되고 있는 수산먹이생물의 수온 조건 **예시:** 15.0±1.0℃ **단위:** ℃
16		Salinity (염분)	M	**비고:** 텍스트 입력 **설명:** 배양되고 있는 수산먹이생물의 염분 조건 **예시:** 32.0±1.0 **비고:** 통상 염분 표기 시 psu (practical salinity unit)을 표기하는데 염분은 차원이 없어 psu, ‰와 같은 단위를 표기하지 않음
17		Light condition (빛조건)	M	**비고:** 텍스트 입력 **설명:** 배양되고 있는 수산먹이생물의 빛조건 **예시:** 300±30 μE m^{-2} s^{-1} 또는 3,000~4,000 lux **단위:** μE m^{-2} s^{-1} 또는 lux **비고:** 빛 조건을 나타내는 단위의 경우 배양조건에 따라 다양하게 사용될 수 있어 대표적으로 많이 사용되는 2개의 단위를 제시함
18		Light cycle (광주기)	M	**비고:** 시간:시간 형태의 텍스트 입력 **설명:** 배양되고 있는 수산먹이생물의 일일 광주기(light:dark cycle) **예시:** 14:10(L:D) **단위:** hour
19		Media (사용배지)	M	**비고:** 텍스트 입력 **설명:** 배양되고 있는 식물플랑크톤에 첨가되는 배지의 종류 또는 제품명을 표기 **예시:** F/2

				비고: 연구자들이 다양한 배지가 사용될 수 있기 때문에 일반적인 배지 외에 사용된 배지는 제품명, 간단한 성분 등을 표기하는 것이 필요함
20		Live feed (먹이생물)	M	**비고:** 텍스트 입력 **설명(국문):** 타가영양생물의 경우, 제공하는 먹이생물 종명 입력 **설명:** 배양되고 있는 동물성 플랑크톤의 먹이원으로 투여되는 생물종(또는 분류군)을 표기 **예시:** 식물플랑크톤 *Thalassiosira weissflogii, Isochrysis galbana*
21		Other culture information (기타 배양정보)	O	**비고:** 텍스트 입력 **설명:** 배양에 요구되는 특이한 배양조건 및 배양생물의 독특한 생리적 특성 등을 표기 **예시:** 독성생물
22	성장정보	Maximum growth rate per day (최대 성장률(day^{-1}))	O	**비고:** 텍스트 입력 **설명:** 배양되는 수산먹이생물의 최대성장률 **예시:** 0.8 day^{-1} (수온 18.5℃, 염분 32.0) **단위:** day^{-1} **비고:** 가능하다면 최대 성장률이 나타나는 성장조건을 추가로 표기하는 것이 성장률 정보를 활용하는데 도움이 될 수 있음
23		Other growth information (기타 성장정보)	O	**비고:** 텍스트 입력 **설명:** 배양되는 수산먹이생물의 성장 관련 특이사항 표기 **예시:** 투여되는 먹이원에 따라 최대성장률의 차이가 큼 단위: 없음
24	유전자 정보	Nucleotide sequence information (염기서열 정보)	O	**비고:** 텍스트 입력 설명: 배양되는 수산먹이생물의 염기서열 분석정보 유·무 및 검색기관을 표기 **예시:** 요각류 *Acartia tonsa*의 염기서열 NCBI 기재 **비고:** 최근 염기서열 분석은 매우 광범위하고 다양하게 진행되고 있어 염기서열에 대한 정보 자체를 제시하기는 어렵기 때문에 배양종의 염기서열 분석 유무 및 정보의 출처를 표기하는 것이 타당함
25		Other genetic information (기타 유전 정보)	O	**비고:** 텍스트 입력 **설명:** 배양되는 수산먹이생물의 염기서열 분석정보 외 , Microsatellite, 유전체 및 기타 유전정보 유·무에 대한 표기 **예시:** 요각류 *Acartia tonsa*의 유전체 정보 NCBI 기재
26	Release date (공개날짜)		M	**설명(영문):** Data release date **설명(국문):** 데이터 공개 날짜 **양식:** YYYY-MM-DD **예시:** 2018-12-22

12.5 수산 사료 정보

□ (작성자) 국립수산과학원 이봉주(해양수산 작업반)

<표 12-5>

<table>
<tr><th>No</th><th>카테고리</th><th>항목</th><th>필수(M)/선택(O)</th><th>도움말</th></tr>
<tr><td>1</td><td>기본정보</td><td>Origin
(원산지)</td><td>M</td><td>가능한 값: 다음 중 택일
<table><tr><th>No</th><th>가능한 값</th></tr><tr><td>1</td><td>국산</td></tr><tr><td>2</td><td>수입(일본)</td></tr></table>수입 사료일 경우 수입국가명 입력</td></tr>
<tr><td>2</td><td></td><td>Maker
(제조회사명)</td><td>M</td><td>설명(국문): 수입 사료일 경우 영문명 입력
예시: 수협사료</td></tr>
<tr><td>3</td><td></td><td>Product name
(제품명)</td><td>M</td><td>설명(국문): 제품의 명칭
예시: 해뜰자리</td></tr>
<tr><td>4</td><td></td><td>Product date
(제조 년월일)</td><td>M</td><td>설명(국문): 제품 제조 년월일
예시: 2020년 10월 17일</td></tr>
<tr><td>5</td><td></td><td>Feed size
(사료크기)</td><td>M</td><td>설명(국문): 사료 직경 및 길이 입력
예시: 직경 1.0 mm, 길이 1.0 mm</td></tr>
<tr><td>6</td><td></td><td>Fish type
(대상어종)</td><td>M</td><td>설명(국문): 사료의 대상어종, 국명(학명) 병기
예시: 넙치(Paralichthys olivaceus)</td></tr>
<tr><td>7</td><td></td><td>Feed usage
(사료의 용도)</td><td>O</td><td>설명(국문): 사료공급 대상 어종의 크기
예시: 어체중 10g 이상(육성용)</td></tr>
<tr><td>8</td><td>등록성분 함량</td><td>Crude protein
(조단백질)</td><td>M</td><td>설명(국문): 사료 배합비에서 조단백질이 차지하는 함량(%)
예시: 50% 이상</td></tr>
<tr><td>9</td><td></td><td>Crude fat
(조지방)</td><td>M</td><td>설명(국문): 사료 배합비에서 조지방이 차지하는 함량(%)
예시: 10% 이상</td></tr>
<tr><td>10</td><td></td><td>Crude fiber
(조섬유)</td><td>M</td><td>설명(국문): 사료 배합비에서 조섬유가 차지하는 함량(%)
예시: 3% 이하</td></tr>
<tr><td>11</td><td></td><td>Crude ash
(조회분)</td><td>M</td><td>설명(국문): 사료 배합비에서 조회분이 차지하는 함량(%)
예시: 15% 이하</td></tr>
<tr><td>12</td><td></td><td>Calcium
(칼슘)</td><td>M</td><td>설명(국문): 사료 배합비에서 칼슘이 차지하는 함량(%)
예시: 1% 이하</td></tr>
<tr><td>13</td><td></td><td>Phosphorus
(인)</td><td>M</td><td>설명(국문): 사료 배합비에서 인이 차지하는 함량(%)
예시: 1% 이하</td></tr>
<tr><td>14</td><td></td><td>Water
(수분)</td><td>M</td><td>설명(국문): 사료 배합비에서 수분이 차지하는 함량(%)
예시: 5% 이하</td></tr>
<tr><td>15</td><td>사용한 원료</td><td>Animal protein
(동물성 단백질류)</td><td>M</td><td>설명(국문): 원료 명칭은 배합비율이 높은 순으로 2개 이상 표시
예시: 어분, 수지박, 가금부산물</td></tr>
<tr><td>16</td><td></td><td>Animal protein fraction
(동물성 단백질류 배합비율)</td><td>M</td><td>설명(국문): 배합비율 표시 %
예시: 73% 이상</td></tr>
<tr><td>17</td><td></td><td>Plant protein
(식물성 단백질류)</td><td>M</td><td>설명(국문): 원료 명칭은 배합비율이 높은 순으로 2개 이상 표시
예시: 대두박, 밀글루텐</td></tr>
<tr><td>18</td><td></td><td>Plant protein fraction
(식물성 단백질류 배합비율)</td><td>M</td><td>설명(국문): 배합비율 표시 %
예시: 5% 이하</td></tr>
</table>

19		Grain (곡류)	M	**설명(국문):** 원료 명칭은 배합비율이 높은 순으로 2개 이상 표시 **예시:** 밀1차 가공품
20		Grain fraction (곡류 배합비율)	M	**설명(국문):** 배합비율 표시 % **예시:** 20% 이하
21		Fat and oil (유지류)	M	**설명(국문):** 원료 명칭은 배합비율이 높은 순으로 1개 이상 표시 **예시:** 어유, 대두유
22		Fat and oil fraction (유지류 배합비율)	M	**설명(국문):** 배합비율 표시 % **예시:** 3% 이상
23		Complementary feed (보조사료 등)	M	**설명(국문):** 원료 명칭은 배합비율이 높은 순으로 2개 이상 표시 **예시:** 비타민, 미네랄, 인산1칼슘, 염화콜린 ...
24		Complementary feed fraction (보조사료 등 배합비율)	M	**설명(국문):** 배합비율 표시 % **예시:** 1% 이상
25	Release date (공개날짜)		M	**설명(영문):** Data release date **설명(국문):** 데이터 공개 날짜 **양식:** YYYY-MM-DD **예시:** 2018-12-22

13 환경

13.1 곤충 분포 데이터

□ (작성자) 목포대학교 최세웅

□ (설명) 환경부 전국자연환경조사 및 전국단위 자연자원조사에서 생산되는 생물 종 분포정보 데이터

□ (세부 설명) 본 양식은 다음의 곤충 분포 연구 데이터의 양식임

○ (해당논문) Choi S and Na S (2020) Quantitative data from six years (2013–2018) of light trap sampling of macromoths (Lepidoptera) in Mt. Hallasan National Park, South Korea. *Biodiversity Data Journal*, 8:e51490

○ (해당 데이터의 Dryad* 링크) https://doi.org/10.5061/dryad.d7wm37pxq

* Dryad는 주로 진화생물학·유전학·생태학 연구 논문의 데이터를 등록 받는 repository임

○ (연구의 요약) 한라산 내 11개 site에서 6년 간 5–10월에 매달 한번 자외선 유아등(light trap)으로 곤충을 채집하여 동정하였음(생물종 및 개체 수 확인)

파트 1. 채집 개괄 정보

<표 13-1-1>

No	항목	필수(M)/ 선택(O)	도움말
1	Sampling site district (조사장소 행정구역(시군))	M	**설명(국문):** 도엽명 또는 국립공원 등 특정지 행정시군
2	Sampling method (채집방법)	O	**설명(국문):** 야외조사에 사용된 방법 관찰, 트랩사용(트랩 종류)
3	Sample type (샘플 종류)	M	**예시:** 성충, 번데기, 유충, 알, 사체, 울음소리, 기타

파트 2. 분포데이터

<표 13-1-2>

No	항목	필수(M)/ 선택(O)	도움말
1	Upload data file for site information (조사지 정보 데이터 파일 업로드)	M	**설명(국문):** 조사지에 대한 상세 정보를 정리한 파일 **포맷:** <표 13-1-3>에 기술된 양식으로 엑셀 파일을 만들어 업로드
2	Upload data file for sampling result (채집 결과 데이터 파일 업로드)	M	**설명(국문):** 채집 결과를 정리한 파일 **포맷:** <표 13-1-4>에 기술된 양식으로 엑셀 파일을 만들어 업로드
3	Upload data file for taxa information (분류군 정보 데이터 파일 업로드)	M	**설명(국문):** 채집된 생물종의 분류군 정보를 정리한 파일 **포맷:** <표 13-1-5>에 기술된 양식으로 엑셀 파일을 만들어 업로드
4	Release date (공개날짜)	M	**설명(영문):** Data release date **설명(국문):** 데이터 공개 날짜 **양식:** YYYY-MM-DD **예시:** 2018-12-22

엑셀 파일 작성 요령: site information

□ 엑셀 파일의 각 column에는 다음 항목들을 기입

□ 엑셀 파일의 각 row에는 각 조사지별 정보를 기입

<표 13-1-3>

Column 명	필수(M)/ 선택(O)	도움말
Sampling site name (조사장소(격자명))	M	**설명(국문):** 도엽 또는 국립공원 등 특정지명으로 여러 개로 나누어 조사하여 값을 얻은 경우 순차적으로 번호를 매기고 각 번호마다 gps와 해발고도를 따로 표기
Sampling site GPS (조사지 GPS)	M	**설명(국문):** 조사 장소, WGS84 **예시:** N. 38.000000, E 125.000000
Sampling site elevation (조사지 고도)	M	**설명(국문):** 야외조사 장소 (해발고도 m)
Habitat type (조사지 서식지 유형)	O	**설명(국문):** 조사지 서식지 유형 - 육상 (산림_ 활엽수림, 침엽수림, 혼효림/경작지_과수원, 밭, 논/초지/나대지, 키가 낮은 초원식생_골프장, 묘지 목장, 키가 큰 초원식생, 도심공원, 주택지/시가지) - 수계 (하천_하중도, 수변부, 해안사구, 자연호소, 염습지, 연못/저수지, 묵논) - 기타(텍스트 입력)

엑셀 파일 작성 요령: sampling result

□ 엑셀 파일의 각 column에는 다음 항목들을 기입

□ 엑셀 파일의 각 row에는 조사지별 및 날짜별로 생성된 채집 결과를 기입

<표 13-1-4>

Column 명	필수(M)/ 선택(O)	도움말
Sampling site name (조사장소(격자명))	M	**설명(국문):** 도엽 또는 국립공원 등 특정지명으로 여러 개로 나누어 조사하여 값을 얻은 경우 순차적으로 번호를 매기고 각 번호마다 gps와 해발고도를 따로 표기
Sample id (샘플명)	M	**설명(국문):** 야외실험에서 얻어진 샘플번호 예시: 지리산1
Sampling date (야외조사일)	M	**설명(국문):** 야외조사에서 얻어진 샘플링 일자
Weather (야외조사 당시 기상)	O	**예시:** 맑음, 흐림, 비, 눈, 안개, 바람(강,약)
organism (생물명)	M	**설명(국문):** 확인된 생물의 scientific name **예시:** Alcis angulifera
Abundance (개체수)	O	**설명(국문):** 채집에서 얻어진 개체수

엑셀 파일 작성 요령: taxa information

□ 엑셀 파일의 각 column에는 다음 항목들을 기입

□ 엑셀 파일의 각 row에는 채집된 생물종의 분류정보를 기입

<표 13-1-5>

Column 명	필수(M)/ 선택(O)	도움말
organism (생물명)	M	**설명(국문):** 확인된 생물의 scientific name **예시:** Alcis angulifera
Korean name (생물의 국명)	O	**설명(국문):** 생물의 국명 **예시:** 털뿔가지나방
taxonomic data (family) (분류정보(과명))	M	**설명(국문):** 확인된 생물의 분류학적 정보, 과명
taxonomic data (order) (분류정보(목명))	M	**설명(국문):** 확인된 생물의 분류학적 정보, 목명
taxonomic data (class) (분류정보(강명))	O	**설명(국문):** 확인된 생물의 분류학적 정보, 강명
taxonomic data (phylum) (분류정보(문명))	O	**설명(국문):** 확인된 생물의 분류학적 정보, 문명

－ 끝 －