

accessON

국가 오픈액세스 플랫폼

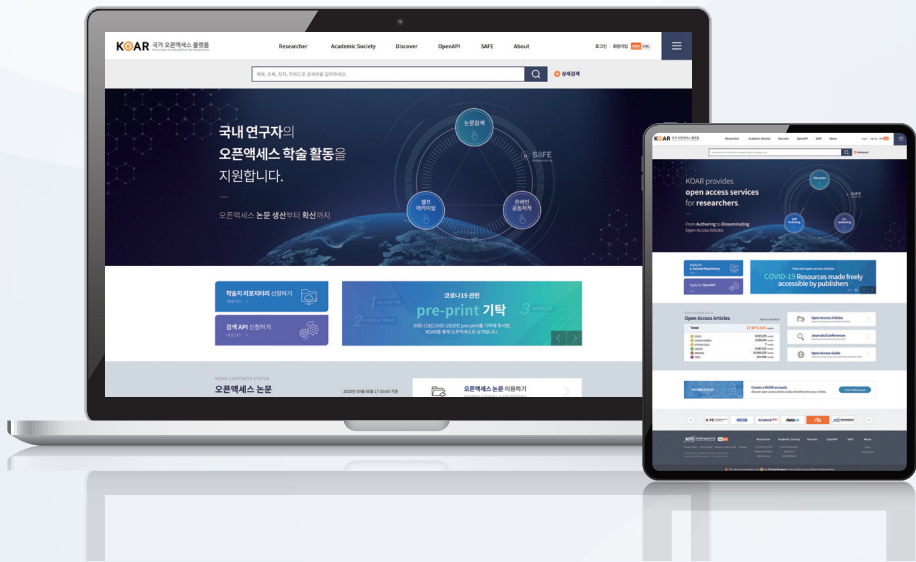


⊕ AccessON 소개	4
⊕ AccessON 주요 기능	
탐색(Discover)	6
공동저작(Collab)	8
셀프 아카이빙(Self-Archiving)	10
모니터링(Think & Check)	11
투고심사(Submit & Peer Review)	12
출판확산(Publish & Disseminate)	13
⊕ AccessON 활용	14

AccessON 국가 오픈액세스 플랫폼

오픈액세스 학술출판의 시작부터 끝까지
논문 검색, 저작, 출판, 공개, 모니터링을 한 곳에서

<https://accesson.kisti.re.kr>



AccessON은 국민 누구나 오픈액세스 콘텐츠를 자유롭게 활용하고 연구자들이 편리한 학술 출판을 할 수 있는 플랫폼으로 국가 차원의 오픈액세스 확대에 기여하고자 합니다.

AccessON 소개

● AccessON 개발 배경

학술 논문에 자유롭게 접근하고 활용할 수 있는 열린 학술 생태계 구축



일반 국민

- 전 세계 오픈액세스 학술 논문의 망라적 이용

연구자

- 개인 연구성과 공개 및 공유

학회

- 오픈액세스 학술지 투고심사시스템 활용
- 오픈액세스 학술지 출판 및 확산

Why AccessON?

01 전 세계 학술 논문의 자유로운 이용

- 전 세계 약 3천 6백만 편의 **오픈액세스 논문 무료 접근**
- 논문 출판본 뿐 아니라 Pre/Post-print까지 **망라적 이용**

02 편리하고, 신뢰성 있는 오픈액세스 출판 지원

- OA 논문식별을 위한 **크롬 익스텐션과 공동저작 지원**
- 개방형 동료심사를 포함한 **고품질 투고심사 지원**

03 오픈액세스 학술지의 글로벌 유통

- OA 학술지 온라인 출판을 위한 **학술지 리포지터리**
- **JATS XML Fulltext** 원문 서비스 지원
- 체계적 학술지 이용통계 관리

● AccessON 구성

「 학술출판 전주기의 오픈액세스와 디지털전환 지원 」



탐색

전 세계 OA 논문 검색 및 원문 무료 제공

👤 연구자, 연구기관

공동저작

논문 공동 저작, JATS XML 변환, 학술지별 논문 템플릿

👤 연구자, 학술단체

셀프 아카이빙

투고전논문(Pre-print), 동료심사본(Post-print), 출판본

👤 연구자

모니터링

학술지 참고 데이터 제공, 토론 및 검토 요청

👤 연구자, 연구기관, 학술단체

투고심사

고품질, 개방형 투고심사 지원 (Open Peer Review, Open Data)

👤 학술단체

출판확산

OA 학술지 출판 및 확산, 구글 검색, 글로벌 이용통계

👤 학술단체

● AccessON은 전 세계 오픈액세스 학술 논문 검색과 원문 이용을 지원합니다.

- ⊕ 논문 단위의 서비스
- ⊕ 모든 논문에 대한 원문(PDF, XML), 이용가능 링크 제공
- ⊕ 출판본, Pre-print, Post-print 포괄 제공

⊕ AccessON 제공 논문 현황

2022년 10월 기준

Total	35,968,372 건
⊕ GOLD	12,812,309 건
⊕ GOLD(HYBRID)	3,338,223 건
⊕ GREEN	6,822,227 건
⊕ BRONZE	12,644,000 건
⊕ FREE	351,613 건

⊕ 오픈액세스 논문 유형

⊕ GOLD	오픈액세스 학술지에 출판된 논문
⊕ GOLD(HYBRID)	저자가 APC(Article Processing Charge)를 지불하고 Hybrid 저널에 오픈액세스로 출판한 논문
⊕ GREEN	저자가 공개 리포지터리에 출판본, Post-print, 또는 Pre-print를 셀프 아카이빙하여 자유로운 이용이 가능한 논문
⊕ BRONZE	출판사/학술단체 등이 한시적으로 특별한 프로모션 또는 일정기간 경과 후 접근을 허용하여, 출판사/학술단체 등의 사이트에서 이용 가능한 논문
⊕ FREE	Free Access. 출판사/학술단체 등이 허락한 무료 공개 사이트를 통해 자유로운 이용이 가능한 논문

📌 논문 상세정보 제공

- 주요 서지 정보(저널정보, DOI, 저자명)
- OA 유형, CCL 정보
- 초록, 주제어, 참고문헌, 원문 미리보기
- 원문 파일 및 원문 접근 경로

The screenshot shows a research article page with the following details:

- Title:** An integrated map of genetic variation from 1,092 human genomes
- Authors:** Auton, Adam, et al.
- Journal:** Nature
- DOI:** 10.1038/nature11268
- Abstract:** By characterizing the geographic and functional spectrum of human genetic variation, the 1000 Genomes Project aims to build a resource to help us understand the genetic contribution to disease. Here we describe the genomes of 1,092 individuals from 46 populations, constructed using a combination of low-coverage whole-genome and exome sequencing. By developing methods for integrative information across several algorithms and diverse data sources, we provide a validated haplotype map of 81.7 million single-nucleotide polymorphisms, 4.4 million short insertion and deletions, and more than 14,000 larger deletions. We show that individuals from different populations carry different profiles of rare and common variants, and that low-frequency variants show substantial geographic differentiation, which is further revealed by the pattern of purifying selection. We show that evolutionary conservation and coding conservation are key determinants of the strength of purifying selection. That rare-variant load varies substantially across biological pathways, and that such individual consumption levels of rare, low-frequency variants at conserved sites, such as those affecting changing transcription factor binding sites. This resource, which captures up to 90% of autosomal single-nucleotide polymorphisms at a frequency of 1% in related populations, enables analysis of common and rare frequency variants in individuals from absence, including admixed, populations.
- Keywords:** Genetic variation, human genomes, 1000 Genomes Project
- Open Access:** OA 유형, CC BY, CC BY-NC, CC BY-NC-ND, CC BY-ND, CC BY-SA, CC BY-SA-NC, CC BY-SA-ND, CC BY-NC-SA, CC BY-NC-SA-ND, CC BY-SA-NC-SA, CC BY-SA-NC-SA-ND

The screenshot shows the subject and reference list of the article:

- 주제어:** Multidisciplinary
- 참고문헌:**
 1. Tennessen, J. A. et al. Evolution and functional impact of rare coding variation from deep sequencing of human exomes. *Science* 337, 64–69 (2012).
 2. The 1000 Genomes Project Consortium. A map of human genome variation from population-scale sequencing. *Nature* 467, 1061–1073 (2010).
 3. Drmanac, R. et al. Human genome sequencing using unchained base reads on self-assembling DNA nanoarrays. *Science* 327, 78–81 (2010).
 4. Mills, R. E. et al. Mapping copy number variation by population-scale genome sequencing. *Nature* 470, 59–65 (2011).
 5. Manly, G. T. et al. The functional spectrum of low-frequency coding variation. *Genome Biol.* 12, 894 (2011).
 6. Nelson, M. R. et al. An abundance of rare functional variants in 202 drug target genes sequenced in 14,002 people. *Science* 337, 100–104 (2012).
 7. Mathison, L. & McVean, G. Differential confounding of rare and common variants in spatially structured populations. *Nature Genet.* 44, 243–246 (2012).
 8. Gravel, S. et al. Demographic history and rare allele sharing among human populations. *Proc. Natl Acad. Sci. USA* 108, 13983–13988 (2011).
 9. The International HapMap Consortium. A second generation human haplotype map of over 3.1 million SNPs. *Nature* 449, 851–861 (2007).
 10. Salmea, E. et al. Genome-wide analysis of single nucleotide polymorphisms uncovers population structure in Northern Europe. *PLoS One* 3, e3529 (2008).

📌 논문 관련 데이터 활용 지원

- OA 출판 논문 중 철회된 경우 관련 데이터 제공
- My Documents 저장 기능을 통한 즐겨찾기 기능 지원
- OpenAPI를 통해 각 기관에서 AccessON의 저널, 논문 메타데이터 공동 활용 가능

The screenshot shows a retraction notice for a research article:

- Title:** Retraction Notice to: Exosome miR-155 Derived from Gastric Carcinoma Promotes Angiogenesis by Targeting the c-MYB/VEGF Axis of Endothelial Cells
- Authors:** Deng Ting, Zhang Haiyang, Yang Haiou, Wang Huiyu, Bai Ming, Sun Wu, Wang Xinyi, Si Yifan, Ming Tao, Zhang Li, Li Hongli, Ge Sha...
- Journal:** MOLECULAR THERAPY NUCLEIC ACIDS
- DOI:** 10.1016/j.mtna.2022.02.014
- Abstract:** Retraction notice (2022-02-01)
 - Concerns/Issues/Notes/Date: Any questions, comments or dispute over the validity of the data.
 - Modification of Usage: This item is an "Open Access" item. Used when an image has been written by one or all authors of the original article is repeated in the original article without appropriate citation.

The screenshot shows the OpenAPI portal interface with the following steps:

- STEP 01: 로그인 (Login)
- STEP 02: OpenAPI 이용신청 (OpenAPI Application)
- STEP 03: 관리자 검토 (Admin Review)
- STEP 04: 서비스 발급 확인 (Service Issuance Confirmation)

Additional information:

- OpenAPI 운영부서는 로그인 후, 신청서 상태를 확인해 주세요.
- AccessON에 OpenAPI는 학술연구 및 목적 외의 이용을 지원하지 않습니다. 데이터 재가공을 통한 2차 3차 등 상업적 목적의 이용은 지원하지 않습니다.

철회 논문 표시 사례

OpenAPI 신청절차

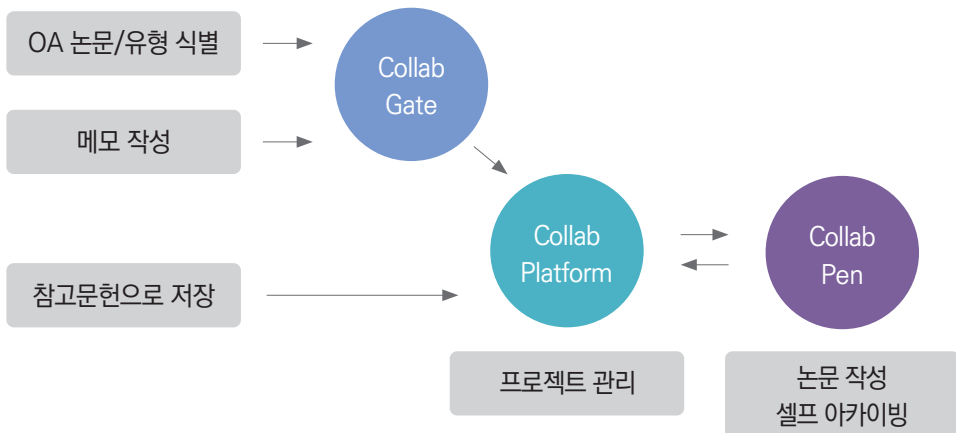
공동저작

- 온라인 공동저작도구(Collab)는 연구자들이 온라인 협업과 실시간 논문 공동 저작을 할 수 있도록 지원합니다.

④ 온라인 기반의 연구자 협업 지원 도구

- 논문 저작에 필요한 필수 기능 무료 지원
- 논문 작성 이후의 OA 출판 프로세스 지원
 - Pre-Print의 셀프 아카이빙
 - OA 학술지 논문 투고 연계
- 논문 저작단계에서 Born Digital 콘텐츠 생산 지원
 - Docx to JATS XML 변환 지원

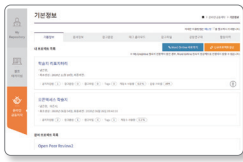
④ Collab 주요기능



주요기능

이용방법

Collab Platform



- 프로젝트 생성 및 관리
- 공저자 초대
- 참고파일 관리(문서, 이미지)
- 작성중인 논문으로 연계(Collab Pen)
- 프로젝트 히스토리 관리

- ① AccessON 로그인
- ② My Repository 내 온라인 공동 저작도구 메뉴에서 이용

Collab Gate



- OA 논문 유형 식별 (Gold, Hybrid, Bronze, Green, Free)
- AccessON 상세보기, 원문, 이용가능한 링크로 연결
- AccessON 로그인 시 프로젝트의 참고문헌으로 저장

- ① 크롬 웹스토어(<https://chrome.google.com/webstore/>)에서 AccessON 검색
- ② 크롬 확장도구 설치 및 이용

Collab Pen



- 프로젝트별 실시간 논문 공동작성 및 커뮤니케이션 지원
- Collab Platform, Collab Gate에서 수집된 이미지, 참고문헌 활용
- 논문 인용 스타일(APA, Chicago, MLA, Harvard, IEEE, Vancouver) 지원
- AccessON 셸프 아카이빙 연계
- AccessON 표준 템플릿 적용을 통한 JATS XML 변환 지원

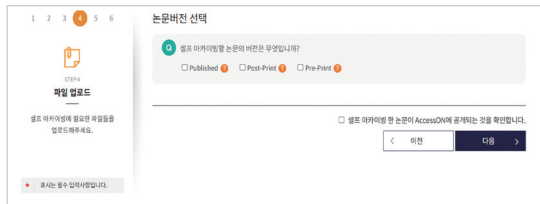
- ① MS 스토어 추가기능에서 검색 및 워드 플러그인(Word Plug In) 설치
- ② AccessON 리본 메뉴 생성

셀프 아카이빙

● 연구자들은 셀프 아카이빙을 통해 자신의 논문을 다른 연구자들과 공유할 수 있습니다.

🕒 연구자들을 위한 오픈 리포지터리 제공

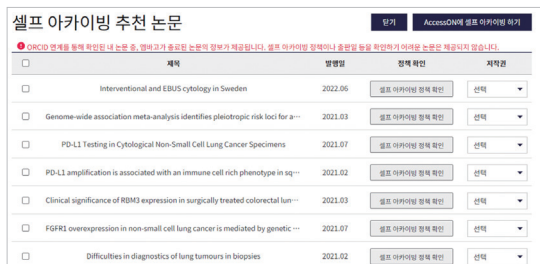
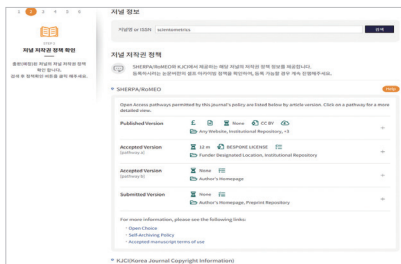
- 자신의 연구성과를 학술지 아카이빙 정책에 따라 셀프 아카이빙 할 수 있도록 지원
- Pre-print, Post-print 출판본에 대한 셀프 아카이빙 프로세스 지원



셀프 아카이빙 프로세스

🕒 셀프 아카이빙 관련 세부 기능 제공

- Sherpa/Romeo, KJCI 학술지 아카이빙 정책 연계 제공
- ORCID 연계 지원
- 연구자가 공개요청 시 AccessON 검색을 통해 공개 가능



학술지 아카이빙 정책 확인

ORCID 연계 셀프 아카이빙 지원

●● **건전한 연구문화 조성**과 연구자의 **부실 학술활동 예방**을 지원합니다.

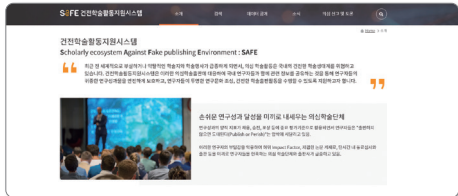
Ⓞ **건전학술활동지원시스템, SAFE** (<https://safe.koar.kr>)

- 투명하고 건전한 연구문화 조성 및 연구자들의 연구환경 자정 활동 지원
- 학술지 정보 및 부실 학술행사 검색
- 부실 의심 학술지, 학술행사 검토요청 및 토론 기능 제공

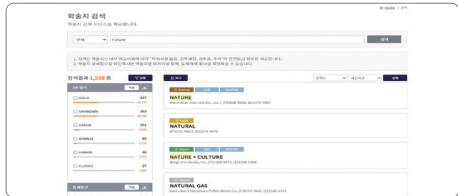
부실 의심 학술정보 공유를 통해 건강한 학술 출판 생태계 구현을 위한
“**건전한 학술활동 지원 및 연구자 보호를 위한 자원 체제 구축**”

SAFE 건전학술활동지원시스템

소개 SAFE 소개, 부실 학술활동 개념, 특징 및 관련 동향 제공



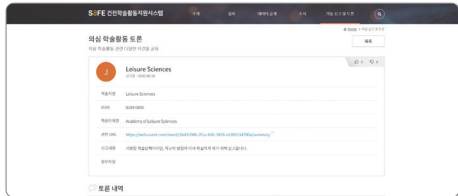
학술정보 검색 학술지, 부실 학술행사 검색 기능 제공



검토요청 부실이 의심되는 학술지, 학술행사 검토 기능 제공



토론방 신고된 의심 학술지, 학술행사에 대한 토론 공간

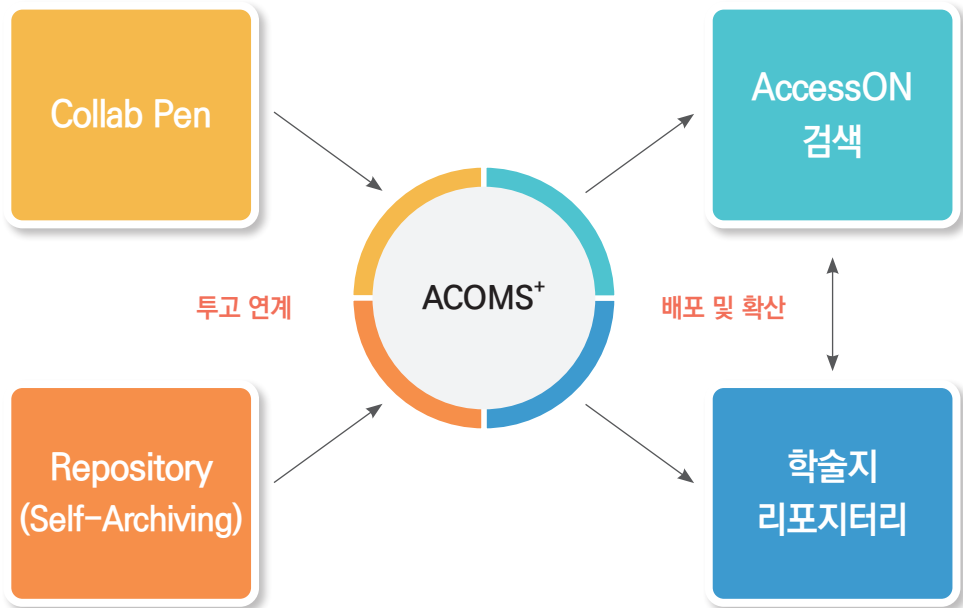


투고심사

● 오픈엑세스 학술지 출판을 위한 논문 투고심사시스템을 지원합니다.

④ 신규 투고심사시스템(ACOMS⁺)

- Open Access, Open data, Open Peer Review 지원
- 게재 승인된 논문의 Pre-print와 Post-print의 셀프 아카이빙 지원
- AccessON과의 연계를 통한 확장 활용 지원
- 2023년 하반기 기존 ACOMS 활용 학회의 데이터 마이그레이션 예정



● 학술지 리포지터리는 학술지의 온라인 출판, 유통, 아카이빙을 지원합니다.

Ⓞ 오픈액세스 학술지 출판 플랫폼

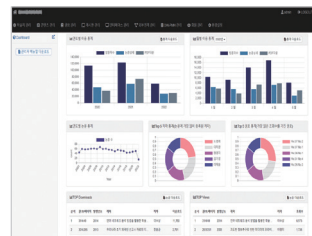
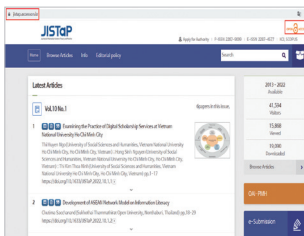
- 국내 오픈액세스 학술지 지원
- 온라인 활용 신청 시 무료 이용

Ⓞ 학술지 홈페이지, DOI 랜딩 페이지 제공

Ⓞ 관리자 사이트 제공

- 권호별 논문의 서지정보와 원문등록(PDF, XML), 권호 수정 및 삭제
- 학술지 이용통계 확인
- 구글, 네이버 검색엔진 최적화
- OAI-PMH 제공
- 다양한 개별화 옵션 지원 : 템플릿, 메뉴, 언어(한/영) 선택

Ⓞ 45개 학술지 활용 중(2022년 10월 기준)



JISaP 저널 리포지터리


XML 원문 공개

이용통계 대시보드


●● 일반 국민

- 전 세계 무료 학술 콘텐츠의 자유로운 활용


●● 연구자

 Discover


- 오픈액세스 논문 검색 및 원문 이용
- 논문 즐겨찾기 저장

 SAFE

- 학술지, 학술행사 검색
- 부실 학술 활동 관련 동료 연구자와의 토론 및 공유

 Collab





- 공저자와의 협업
- 프로젝트 생성 및 관리
- 논문 동시 작성 및 이미지 삽입
- 프로젝트별 참고문헌 저장 및 인용
- 셀프 아카이빙 연계
- 논문 투고 연계

 My Repository

- 셀프 아카이빙
- 내 논문 공개 현황 확인
- 나의 AccessON 활동 이력 확인

●● 학회



-  **Collab Pen**
학회 투고양식 등록 및 투고 연계
-  **ACOMS+**
원고 접수 및 심사 프로세스 진행
-  **학술지 리포지터리**
학술지 홈페이지, DOI 랜딩 페이지, 온라인 출판, 관리
-  **AccessON Discover**
학술지 배포 및 확산

● AccessON 주요 장점

학술정보 이용장벽 해소	전 세계 무료 접근 가능 오픈액세스 논문 망라적 제공
학술출판 전주기 디지털화 지원	전주기 지원 플랫폼을 통해 각 출판 프로세스의 디지털화 지원
비대면 협업, 저작 지원	온라인 공동저작도구로 참고문헌/데이터 공동관리, 실시간 공동 작성, 인용스타일 자동 생성 지원
오픈액세스 출판비용 절감	Word to XML 변환, 투고심사시스템, 학술지 리포지터리 지원
데이터 개방, 공유 확대	API/PMH 제공, 기계가독형 XML, 동료평가 근거 데이터 공개, 동료평가 결과 공개를 통한 투명성 강화
연구자 이력관리 및 편의 강화	ORCID 활용(투고/심사 이력), 각 프로세스별 생산 데이터 연계 최적화로 중복작업 최소화
학술논문 이용/인용 촉진	구글, 네이버, DOAJ, ScienceON, AccessON 등을 통한 논문 이용/인용 촉진



AccessON 사무국
accesson@kisti.re.kr