

NAČRT RAVNANJA Z RAZISKOVALNIMI PODATKI

projekta J4-70162

**EnviroViroSeq: Napredna HTS analiza viromov v hmelju in okolju
podprta z umetno inteligenco**

verzija dokumenta 1.0

Vodja projekta, glavni koordinator:

Dr. Tanja Guček, Inštitut za hmeljarstvo in pivovarstvo Slovenije

Žalec, 2026

NAČRT RAVNANJA Z RAZISKOVALNIMI PODATKI
projekta J4-70162

verzija dokumenta 1.0

Elektronska izdaja

Vodja projekta, glavni koordinator:
Dr. Tanja Guček, Inštitut za hmeljarstvo in pivovarstvo Slovenije

Založil Inštitut za hmeljarstvo in pivovarstvo Slovenije, Žalec

Žalec, 2026

Projekt financira Javna agencija za znanstvenoraziskovalno in inovacijsko dejavnost Republike Slovenije

NAČRT ZA RAVNANJE Z RAZISKOVALNIMI PODATKI

OBRAZEC ARIS

Ta obrazec je namenjen pripravi načrta za ravnanje z raziskovalnimi podatki (NRRP) za raziskovalne projekte, ki jih (so)financira Javna agencija za znanstvenoraziskovalno in inovacijsko dejavnost Republike Slovenije (ARIS), kot je določeno v 4. členu Uredbe o izvajanju znanstvenoraziskovalnega dela v skladu z načeli odprte znanosti (Uradni list RS, št. 59/23).

Raziskovalni podatki so opredeljeni kot zapisi o dejstvih (številčni podatki, besedilni, zvočni in slikovni zapisi), ki predstavljajo osnovno podlago za znanstveno raziskovanje in ki v okviru znanstvene skupnosti veljajo kot ustrezno sredstvo za preverjanje veljavnosti raziskovalnih spoznanj.

Prosimo vas, da izpolnite spodnji obrazec NRRP in ga posredujete ARIS **najkasneje v šestih mesecih od začetka izvajanja raziskovalnega projekta**. Priporočljivo je, da NRRP med izvajanjem raziskovalnega projekta po potrebi redno pregledujete in posodabljate. V primeru sprememb posodobljen NRRP priložite vmesnemu in zaključnem poročilu o rezultatih raziskovalnega projekta.

Pregled vsebine NRRP:

0. Splošne informacije
1. Povzetek in opis raziskovalnih podatkov
2. Shranjevanje in varnostno kopiranje podatkov
3. Zagotovitev podatkov na način FAIR
 - 3.1 Zagotavljanje najdljivosti podatkov (F)
 - 3.2 Zagotavljanje dostopnosti podatkov (A)
 - 3.3 Zagotavljanje interoperabilnosti podatkov (I)
 - 3.4 Zagotavljanje ponovne uporabe podatkov (R)
4. Etični in pravni vidiki
5. Drugi raziskovalni rezultati
6. Finančna sredstva

Uporabljene kratice:

- ADP – Arhiv družboslovnih podatkov
- GDPR – Splošna uredba o varstvu podatkov
- IT – informacijska tehnologija
- RO – raziskovalna organizacija
- ZVDAGA – Zakon o varstvu dokumentarnega in arhivskega gradiva ter arhivih
- ZVOP-2 – Zakon o varstvu osebnih podatkov

Navodilo za izpolnjevanje

Obrazec izpolnite tako, da vsebino vnašate v celice v skrajnem desnem stolpcu oz. tam označite eno od ponujenih možnosti. V teh celicah so sedaj v sivi barvi pisave navedeni razlage oz. navodila za vnos ustreznih podatkov in opisov. To pomožno besedilo lahko po vnosu vsebine izbrišete.

0	Splošne informacije																						
0.1	Šifra projekta	J4-70162																					
0.2	Naziv projekta	EnviroViroSeq: Napredna HTS analiza viromov v hmelju in okolju podprta z umetno inteligenco																					
0.3	Šifra vodje projekta	36371																					
0.4	Ime in priimek vodje projekta	Tanja Guček																					
0.5	Ime in priimek osebe, ki je v RO zadolžena za podporo pri ravnanju z raziskovalnimi podatki	Žan Trošt, sestanek dne 04.08.2026 Tina Zorman, sodelovanje v avgustu 2026																					
0.6	Interna pravila RO za ravnanje z raziskovalnimi podatki	Ravnanje z raziskovalnimi podatki se izvaja v skladu z naslednjimi akti: • Internim pravilnikom »Odprta znanost na IHPS«. • Pravilnikom o stabilnem financiranju znanstvenoraziskovalne dejavnosti Univerze v Ljubljani (25. in 26. člen) (BF). • Zakonom o znanstvenoraziskovalni in inovacijski dejavnosti (40. - 42. člen) • Uredbo o izvajanju znanstvenoraziskovalnega dela v skladu z načeli odprte znanosti																					
0.7	Verzija NRRP	v1.0																					
1	Povzetek in opis raziskovalnih podatkov																						
1.1	Ali boste pri projektu ponovno uporabili že obstoječe podatke predhodnih raziskav?	☒ Da ☐ Ne V projektu bomo ponovno uporabili javno dostopne nukleotidne sekvence virusov in viroidov iz podatkovne zbirke GenBank (format FASTA) in repozitorija SRA (format FASTQ), ki bodo uporabljene kot referenčni podatki pri bioinformatiki analizi, identifikaciji in primerjavi virusov in viroidov. Nabor uporabljenih referenčnih sekvenc bo določen in po potrebi dopolnjen glede na rezultate analiz. Ponovno bomo uporabili tudi podatke pridobljene v predhodnih raziskavah projektnih partnerjev, ki še niso javno dostopni.																					
1.2	Katere vrste podatkov boste ustvarili oz. ponovno uporabili in v katerih formatih bodo shranjeni?	Podatki, ki jih bomo ustvarili: <table border="1"> <thead> <tr> <th>Vrsta podatkov</th><th>Opis / vsebina</th><th>Formati (delovni in končni)</th><th>Pričakovana velikost</th></tr> </thead> <tbody> <tr> <td>BESEDILNI PODATKI IN METAPODATKI</td><td>Seznami vzorcev ter spremljajoči podatki o vzorcih</td><td>TXT, CSV, PDF</td><td><1 MB</td></tr> <tr> <td>NUMERIČNI PODATKI</td><td>Rezultati metod (RT-PCR, RT-qPCR, ELISA) in drugi številčni podatki o vzorcih</td><td>CSV, PDF, TXT</td><td><1 GB</td></tr> <tr> <td>SLIKOVNI PODATKI</td><td>Slike vzorcev</td><td>JPG ali PNG</td><td><10 GB</td></tr> <tr> <td>GENOMSKI IN SEKVENČNI PODATKI</td><td></td><td></td><td></td></tr> </tbody> </table>		Vrsta podatkov	Opis / vsebina	Formati (delovni in končni)	Pričakovana velikost	BESEDILNI PODATKI IN METAPODATKI	Seznami vzorcev ter spremljajoči podatki o vzorcih	TXT, CSV, PDF	<1 MB	NUMERIČNI PODATKI	Rezultati metod (RT-PCR, RT-qPCR, ELISA) in drugi številčni podatki o vzorcih	CSV, PDF, TXT	<1 GB	SLIKOVNI PODATKI	Slike vzorcev	JPG ali PNG	<10 GB	GENOMSKI IN SEKVENČNI PODATKI			
Vrsta podatkov	Opis / vsebina	Formati (delovni in končni)	Pričakovana velikost																				
BESEDILNI PODATKI IN METAPODATKI	Seznami vzorcev ter spremljajoči podatki o vzorcih	TXT, CSV, PDF	<1 MB																				
NUMERIČNI PODATKI	Rezultati metod (RT-PCR, RT-qPCR, ELISA) in drugi številčni podatki o vzorcih	CSV, PDF, TXT	<1 GB																				
SLIKOVNI PODATKI	Slike vzorcev	JPG ali PNG	<10 GB																				
GENOMSKI IN SEKVENČNI PODATKI																							

		Surovi sekvenčni podatki	Surovi HTS sekvenčni odčitki viromov hmelja in povezanih okoljskih vzorcev	FASTQ/BAM	<1 TB
		Referenčni sekvenčni podatki – ponovno uporabljeni	Referenčne sekvence virusov in viroidov iz NCBI	FASTA, GB/GBK	<100 GB
		Obdelani sekvenčni podatki	Obdelane oziroma poravnane sekvence in drugi rezultati obdelave sekvenčnih podatkov	FASTA, BAM, GB/GBK	<1 TB
		Anotacijski podatki	Anotacije sekvenc/genomov	GFF	<1 GB
		IZPELJANI BIOINFORMATSKI PODATKI			
		Filogenetski podatki	Poravnave in rezultati filogenetskih analiz	FASTA, NEX, TRE, NWK	<1 GB
		Genetske variante	Filtrirane variante	VCF, CSV	<10 GB
		Sekundarne strukture	Rezultati oziroma prikazi sekundarnih struktur	PDF, SVG, PNG	<10 GB
		KODA, SKRIPTE IN DELOVNI POSTOPKI	Skripte, konfiguracijske datoteke ter bioinformatiki in AI delovni postopki	BASH, PY, CWL	<1 GB
		Opomba: Izbrani formati so standardni oziroma uveljavljeni v raziskovalni skupnosti ali jih določajo uporabljeni instrumenti, programska oprema oziroma področni repozitoriji; kjer je mogoče, bodo uporabljeni odprti in standardni formati, primerni za izmenjavo, dolgoročno hrambo in ponovno uporabo podatkov.			
1.3	Kakšen je namen ustvarjanja, zbiranja oz. ponovne uporabe podatkov in njihova povezava s cilji projekta?	Namen ustvarjanja, zbiranja in ponovne uporabe podatkov je podpreti cilje projekta, ki so usmerjeni v analizo viromov hmelja in okoljskih vzorcev v Sloveniji. HTS sekvenčni podatki projekta, vključno z metagenomskimi podatki in podatki molekularnih metod bodo omogočili zaznavanje in identifikacijo virusov in viroidov v analiziranih vzorcih ter s tem zagotovili vpogled v zdravstveno stanje rastlin in prisotnosti virusnih patogenov v širšem okolju.			
1.4	Kakšna je pričakovana velikost podatkov, ki	☐ 0–10 GB ☐ 10–100 GB			

	jih nameravate ustvariti oz. ponovno uporabiti?	☐ 100–1000 GB ☒ >1000 GB
2	Shranjevanje in varnostno kopiranje podatkov	
2.1	Kje bodo podatki med izvajanjem projekta shranjeni in varnostno kopirani?	Podatki bodo shranjeni na strežniku IHPS, delovne kopije pa tudi na službenih osebnih računalnikih izvajalcev projekta. Podatki shranjeni na strežniku IHPS se dnevno varnostno kopirajo in arhivirajo, kot je opredeljeno v internem pravilniku »Zahteve za informacijsko tehnologijo na IHPS«. Prenos varnostnih kopij iz osebnih računalnikov poteka dnevno, tedensko in mesečno. Hkrati potek mesečno tudi fizični prenos zunanjega trdega diska na oddaljeno lokacijo. Izmenjava podatkov med zunanjimi partnerji projekta bo potekala po elektronski pošti in OneDrive oblaku (službeni uporabniški računi). Podatki pridobljeni s sekvenciranjem bodo shranjeni na strežniku Univerze v Ljubljani, Biotehniške fakultete (UL BF), ki ima ustrezno urejen sistem varnostnega kopiranja in arhiviranja. Dostop do podatkov na strežniku je varovan in omejen samo na določene člane projektne skupine.
2.2	Kako boste izbrali podatke za dolgoročno hrambo?	Za dolgoročno hrambo bodo izbrani podatki, ki so pomembni za preverljivost in ponovno uporabo rezultatov projekta, zlasti podatki, ki podpirajo znanstvene objave in druge končne rezultate projekta. To bodo predvsem sekvenčni podatki in relevantni rezultati analiz, podatki molekularnih metod ter pripadajoči metapodatki in dokumentacija, potrebni za njihovo razumevanje in ponovno uporabo. Delovne, vmesne in podvojene datoteke, ki niso potrebne za preverljivost rezultatov in nimajo vrednosti za nadaljnjo uporabo, praviloma ne bodo vključene v dolgoročno hrambo. Pri izboru bodo upoštevane tudi zahteve financerja, izbranih repozitorijev, interne politike sodelujočih institucij ter morebitne pogodbene obveznosti. Podatki, izbrani za dolgoročno hrambo, bodo hranjeni najmanj 5 let po zaključku projekta oziroma dlje, kadar to zahtevajo institucionalne, pogodbene ali druge relevantne zahteve.
2.3	Ali bodo podatki shranjeni v zaupanja vrednem repozitoriju?	☒ Da ☐ Ne Raziskovalni podatki bodo glede na vrsto deponirani v ustreznih institucionalnih oziroma področnih repozitorijih. Numerični, besedilni in slikovni podatki ter drugi spremljajoči raziskovalni podatki, skupaj s pripadajočimi metapodatki in dokumentacijo, bodo deponirani v Repozitoriju Univerze v Ljubljani (RUL) oziroma v Digitalni repozitorij raziskovalnih organizacij v Sloveniji, ki ga upravlja CTK v Ljubljani (DiRROS). Sekvenčni podatki bodo deponirani v ustreznih področnih repozitorijih NCBI. Surovi HTS sekvenčni odčitki bodo deponirani v Sequence Read Archive (SRA), sestavljene oziroma anotirane

		nukleotidne sekvence pa, kadar bo to ustrezno glede na vrsto podatkov, v GenBank. Podatki bodo opremljeni s pripadajočimi metapodatki in identifikatorji, ki jih zagotavljajo posamezni repozitoriji oziroma podatkovne zbirke. Za razvoj kode, skript ter bioinformatičnih oziroma AI delovnih postopkov in upravljanje njihovih različic bo uporabljeno okolje GitHub. Različice, izbrane za dolgoročno hrambo in ponovno uporabo, bodo arhivirane v ustreznem repozitoriju, npr. Zenodo, kjer jim bo dodeljen trajni identifikator DOI. Izbrani repozitoriji omogočajo dolgoročno hrambo, najdljivost, dostopnost in ponovno uporabo deponiranih raziskovalnih podatkov in drugih raziskovalnih rezultatov.
3.	Zagotovitev podatkov na način FAIR	
3.1	Zagotavljanje najdljivosti podatkov (F)	
3.1.1	Ali bodo podatki označeni s trajnim identifikatorjem (PID)?	☒ Da ☐ Ne Podatki, deponirani v RUL in DiRROS – trajni identifikator: Handle Sekvenčni podatki, deponirani v NCBI (SRA/GenBank) – trajni identifikator: accession number Koda, skripte in delovni postopki, arhivirani v Zenodu – trajni identifikator: DOI
3.1.2	Kateri metapodatki bodo ustvarjeni in kateri metapodatkovni standardi bodo pri tem upoštevani?	Metapodatki bodo ustvarjeni na več ravneh, da bo zagotovljena sledljivost in ustrezen kontekst raziskovalnih podatkov: Projektni in opisni metapodatki podatkovnega niza bodo vključevali osnovne informacije o projektu, opis podatkovnega niza, ustvarjalce podatkov, uporabljene metode, povezane raziskovalne rezultate, pogoje dostopa in informacije o licenci. Metapodatki na ravni vzorca oziroma eksperimenta bodo glede na vrsto podatkov vključevali zlasti enolično oznako, izvor in tip vzorca, podatke o vzorčenju ter informacije o uporabljenih eksperimentalnih metodah, instrumentih in sekvenčnih platformah. Metapodatki o bioinformatični in računalniški obdelavi bodo vključevali uporabljeno programsko opremo in njene različice, uporabljene bioinformatične oziroma AI postopke, ključne parametre analiz ter druge informacije, potrebne za sledljivost in ponovljivost obdelave podatkov. Metapodatki na ravni repozitorija bodo pripravljene skladno z metapodatkovnimi zahtevami posameznih izbranih repozitorijev. Za podatkovne nize, deponirane v Repozitoriju Univerze v Ljubljani (RUL), bodo metapodatki pripravljene skladno z metapodatkovno shemo repozitorija, ki temelji na prilagojeni

		različici standarda Dublin Core. Za sekvenčne podatke, deponirane v NCBI SRA oziroma GenBank, bodo metapodatki pripravljeni skladno z metapodatkovnimi zahtevami teh področnih repozitorijev in ustreznimi uveljavljenimi standardi za opis sekvenčnih podatkov. Pri sekvenčnih oziroma metagenomskih podatkih bodo upoštevani ustrezni standardi minimalnih informacij (MINSEQE), pri podatkih molekularnih metod pa ustrezne smernice, npr. MIQE 2.0 za RT-qPCR. Podatkovnim nizom bo priložena tudi ustrezna dokumentacija, npr. README datoteke, z informacijami, potrebnimi za razumevanje, interpretacijo in ponovno uporabo podatkov.
3.1.3	Ali bodo metapodatki vsebovali ključne besede za izboljšanje najdljivosti in možnosti ponovne uporabe?	☒ Da ☐ Ne Ključne besede bodo vključene v metapodatke podatkovnih nizov in izbranih repozitorijev ter po potrebi v spremljajočo dokumentacijo (kot je npr. README). Izbrane bodo tako, da bodo čim natančneje opisovale vsebino podatkov, raziskovalni predmet in uporabljene metode ter s tem izboljšale njihovo najdljivost in možnost ponovne uporabe. Kjer bo mogoče, bodo uporabljeni uveljavljeni oziroma nadzorovani izrazi. Med ključnimi besedami bodo npr. hop, virome, plant viruses, viroids, high-throughput sequencing (HTS), Nanopore sequencing, environmental samples, bioinformatics, AI.
3.2	Zagotavljanje dostopnosti podatkov (A)	
3.2.1	Ali bodo vsi podatki odprto dostopni?	☒ Da ☐ Ne Raziskovalni podatki bodo obravnavani v skladu z veljavnimi zahtevami odprte znanosti in internim pravilnikom »Odprta znanost na IHPS«. Raziskovalni podatki, izbrani za dolgoročno hrambo in ponovno uporabo, bodo odprto dostopni v ustreznih področnih oziroma institucionalnih repozitorijih. Pred objavo podatkov bo zagotovljena ustrezna kontrola kakovosti in validacija. Ponovno uporabljeni nejavni podatki projektnih partnerjev bodo objavljeni, kadar bodo za to izpolnjeni pravni, pogodbeni in znanstveni pogoji; sicer bodo pogoji njihove uporabe določeni skladno s pravicami izvirnega nosilca podatkov.
3.2.2	Kdaj bodo podatki odprto dostopni in za koliko časa?	Raziskovalni podatki bodo po ustrezni kontroli kakovosti in pripravi za objavo odprto dostopni čim prej, ko bo to izvedljivo. Podatki, ki podpirajo znanstvene publikacije, bodo, če ne bodo obstajali utemeljeni razlogi za omejitev dostopa, odprto dostopni najpozneje ob objavi pripadajoče znanstvene publikacije. Kadar bo revija zahtevala shranitev podatkov že ob oddaji rokopisa, bodo podatki shranjeni v skladu z zahtevami revije.

		Podatki bodo dostopni skladno s pogoji dolgoročne hrambe posameznega izbranega repozitorija. Metapodatki bodo trajno dostopni.
3.2.3	Na kakšen način bo v primeru omejitev pri uporabi omogočen dostop do podatkov med izvajanjem projekta in po njegovem zaključku?	Med izvajanjem projekta bodo podatki dostopni članom projektne skupine skladno z njihovimi nalogami in pristojnostmi. Dostop do podatkov, shranjenih na strežnikih sodelujočih institucij oziroma v skupnih delovnih okoljih, bo omogočen po ustrezno zaščitene poteh in omejen na pooblaščen uporabnike. Pred javno objavo se lahko dostop do podatkov omogoči tudi drugim zainteresiranim raziskovalcem na podlagi utemeljene zahteve in po dogovoru z odgovornim partnerjem oziroma nosilcem podatkov, ob upoštevanju morebitnih omejitev glede njihove uporabe. Po zaključku projekta bodo podatki javno dostopni v izbranih repozitorijih.
3.2.4	Ali bo za dostop do podatkov oz. njihovo branje potrebna dodatna dokumentacija oz. informacija o ustrezni programski opremi?	☒ Da ☐ Ne Za pregled osnovnih tabelaričnih, besedilnih in slikovnih podatkov posebna programska oprema praviloma ne bo potrebna. Za branje, obdelavo in ponovno analizo sekvenčnih, bioinformatičkih in filogenetskih podatkov pa bo potrebna ustrezna specializirana programska oprema. Podatkom bo priložena dokumentacija (npr. README), ki bo glede na vrsto podatkov vsebovala informacije o uporabljenih programskih orodjih in njihovih različicah, ključnih parametrih analiz, formatih datotek ter postopkih obdelave podatkov. Kjer bo relevantno, bodo za zagotavljanje ponovljivosti analiz dostopne tudi uporabljene skripte oziroma bioinformatički in AI delovni postopki.
3.3	Zagotavljanje interoperabilnosti podatkov (I)	
3.3.1	Katere geslovnike oz. šifrante boste uporabili pri pripravi podatkov in metapodatkov?	Pri pripravi in anotaciji podatkov bomo uporabljali uveljavljene področne ontologije, nadzorovane besednjake in klasifikacijske sisteme. Za taksonomsko poimenovanje virusov in viroidov bomo uporabljali taksonomijo ICTV, za taksonomsko opredelitev organizmov pa NCBI Taxonomy. Pri funkcionalni anotaciji in interpretaciji sekvenčnih oziroma bioinformatičkih podatkov bomo, glede na vrsto analize, uporabljali uveljavljene vire, kot so Gene Ontology (GO), KEGG in MapMan. Pri pripravi metapodatkov za deponiranje sekvenčnih podatkov bomo uporabljali tudi ustrezne nadzorovane izraze in klasifikacije, ki jih zahtevajo NCBI SRA/GenBank in BioSample.
3.3.2	Ali boste primorani uporabiti manj poznane ali lastne geslovnike oz. šifrante?	☐ Da ☒ Ne

3.4	Zagotavljanje ponovne uporabe podatkov (R)
3.4.1	Na kakšen način boste zagotovili dokumentacijo, potrebno za ponovno uporabo podatkov? Ob deponiranju bodo podatkovni nizi opremljeni z metapodatki, opisanimi v točki 3.1.2, ter dokumentacijo, potrebno za njihovo razumevanje in ponovno uporabo. Podatkovnim nizom bodo glede na vrsto podatkov priložene README oziroma druge ustrezne dokumentacijske datoteke, ki bodo vsebovale opis vsebine in strukture podatkov, uporabljenih formatov in metodologije ter druge informacije, potrebne za pravilno interpretacijo podatkov. Pri sekvenčnih in bioinformatičkih podatkih bodo dokumentirane tudi uporabljene metode in programska orodja, njihove različice ter ključni parametri analiz. Kjer bo relevantno, bodo za zagotavljanje ponovljivosti analiz dostopne tudi uporabljene skripte oziroma bioinformatički in AI delovni postopki.
3.4.2	Ali bodo vaši podatki javno dostopni in licencirani z odprtima licencama CC BY oz. CC BY-SA, da bo s tem omogočena čim širša ponovna uporaba? ☒ Da ☐ Ne Raziskovalni podatki, deponirani v Repozitoriju Univerze v Ljubljani (RUL), bodo javno dostopni pod odprto licenco CC BY, ki omogoča njihovo deljenje in ponovno uporabo ob ustreznem navajanju avtorstva in vira. Sekvenčni podatki, deponirani v področnih repozitorijih NCBI SRA oziroma GenBank, bodo javno dostopni in ponovno uporabljivi skladno s pogoji uporabe teh repozitorijev. Programska koda, skripte ter bioinformatički oziroma AI delovni postopki bodo, kadar bodo objavljeni kot samostojni raziskovalni rezultati, opremljeni z ustrežno odprtokodno programsko licenco.
3.4.3	Kakšne postopke zagotavljanja kakovosti podatkov boste uporabili? Kakovost podatkov bomo zagotovili z: - uporabo standardiziranih geslovnikov in ontologij - uporabo standardiziranih protokolov in metod za izvajanje raziskav - dokumentiranje eksperimentov z ustreznimi metapodatki - uporabo programov in programskih paketov za urejanje in obdelavo podatkov - preverjanje podatkov pred oddajo v repozitorije in v okviru objave znanstvenih rezultatov v raziskovalne revije - interno recenzijo podatkov s strani več članov projektne skupine - izobraževanjem članov projektne skupine o vodenju metapodatkov Kakovost podatkov bomo preverjali tudi z vidika njihove popolnosti, konsistentnosti, sledljivosti in ponovljivosti, glede na vrsto podatkov in uporabljeno metodo.

4.	Etični in pravni vidiki	
4.1	Ali obstajajo etična ali pravna vprašanja, ki bi lahko vplivala na deljenje podatkov?	☐ Da ☒ Ne
4.2	Ali boste med izvajanjem projekta obdelovali oz. hranili osebne podatke?	☐ Da ☒ Ne
4.3	Ali bodo med projektom ustvarjene oz. ponovno uporabljene posebne vrste osebnih podatkov?	☐ Da ☒ Ne
4.4	Kako boste uredili lastništvo podatkov in morebitne avtorske pravice na podatkih, ki jih boste ustvarili ali ponovno uporabili?	Avtorske pravice in druge pravice intelektualne lastnine na rezultatih, ustvarjenih v okviru projekta, bodo urejene v skladu s konzorcijskim sporazumom ter veljavnimi pravili sodelujočih institucij. Pravice na raziskovalnih podatkih bodo pripadale oziroma se bodo upravljale v okviru institucije, pri kateri bodo podatki nastali, skladno z določili konzorcijskega sporazuma. Pri ponovni uporabi obstoječih podatkov bodo upoštevani licenčni pogoji in druge pravice, ki veljajo za izvirne podatke oziroma podatkovne zbirke.
5.	Drugi raziskovalni rezultati	
5.1	Ali boste poleg podatkov ustvarili ali ponovno uporabili tudi druge raziskovalne rezultate?	☒ Da ☐ Ne Poleg raziskovalnih podatkov bomo ustvarili tudi druge raziskovalne rezultate, zlasti analitične in eksperimentalne protokole, skripte ter bioinformatične oziroma AI delovne postopke, uporabljene pri obdelavi in analizi podatkov. Ponovno bomo uporabljali tudi obstoječo programsko opremo, bioinformatična orodja in delovne postopke, potrebne za izvedbo analiz. Ustvarjeni digitalni raziskovalni rezultati bodo ustrezno dokumentirani, vključno z informacijami o različicah, ključnih nastavitvah oziroma parametrih in načinu uporabe, kjer bo to relevantno za njihovo ponovljivost. Za razvoj kode in upravljanje njenih različic bo uporabljeno okolje GitHub, končne različice, izbrane za dolgoročno hrambo in ponovno uporabo, pa bodo arhivirane v ustreznem repozitoriju, npr. Zenodo, in opremljene z ustrežno odprtokodno licenco. Analitični in eksperimentalni protokoli ter drugi rezultati bodo, kjer bo mogoče, javno dostopni in dokumentirani tako, da bo omogočena njihova ponovna uporaba v skladu z načeli FAIR.

6.	Finančna sredstva	
6.1	Kakšni bodo stroški ravnanja s podatki in drugimi rezultati projekta po načelih FAIR in kako bodo kriti?	Stroški ravnanja s podatki in drugimi rezultati po načelih FAIR bodo nastali zaradi zagotavljanja ustrezne IT infrastrukture za lokalno shrambo podatkov do objave rezultatov, priprave in dokumentiranja metapodatkov in deponiranja podatkov v ustrezne repozitorije. Za lokalno hrambo bomo uporabili obstoječo infrastrukturo IHPS in projektnega partnerja ULBF, pri čemer bo po potrebi predvideno povečanje kapacitet, kar bo načrtovano kot neposredni strošek projekta. Stroški ustrezne priprave podatkov, metapodatkov ter priprave podatkov za objavo v repozitorijih bodo vključeni v stroške dela in bodo obsegali predvidoma 0,1 FTE. Pri ravnanju z raziskovalnimi podatki bo na voljo tudi podatkovno svetovanje v okviru redne institucionalne podpore. Shranjevanje in hramba podatkov v repozitorijih v večini primerov ne bo prineslo neposrednih stroškov, saj bodo uporabljene brezplačne institucionalne in mednarodne rešitve v skladu z nacionalnimi smernicami za ravnanje z raziskovalnimi podatki po načelih FAIR.
6.2	Kdo bo odgovorna oseba za ravnanje z raziskovalnimi podatki pri projektu?	Tanja Guček (vodja projekta) ob podpori projektnih partnerjev in IT služb.

Uporabljeni viri:

- *Anotirana predloga načrta za ravnanje s raziskovalnimi podatki za projekte Obzorja Evropa*. CTK UL. Dostopno na: <https://dirrosdata.ctlk.uni-lj.si/raziskovalni-podatki/nacrt-ravnanja-z-raziskovalnimi-podatki/>.
- Bezjak, Sonja (ur.) (2024). *Spoznaj FAIR: Priročnik o odprti znanosti v Sloveniji*. Univerza na Primorskem. Dostopno na: <https://www.hippocampus.si/ISBN/978-961-293-328-9.pdf>.
- *Horizon Europe Data management plan template*. Dostopno na: <https://www.openaire.eu/images/Guides/HORIZON EUROPE Data-Management-Plan-Template.pdf>.
- *NWO Template Data management plan*. Dostopno na: <https://www.nwo.nl/en/research-data-management>.

Verzija dokumenta: 1.0

Datum: 27.08.2026