

# Delavnica izdelave NRRP: naravoslovje in tehnika

Primer ravnanja s podatki od načrtovanja do objave s področja naravoslovja

dr. Maja ZAGORŠČAK in dr. Marko PETEK, Nacionalni inštitut za biologijo  
dr. Uroš KUNAVER in Petra DURINI, Centralna tehniška knjižnica Univerze v Ljubljani  
Jože HLADNIK, Zavod za gradbeništvo Slovenije

Ljubljana in online, Centralna tehniška knjižnica Univerze v Ljubljani,  
2. usposabljanje za podatkovne strokovnjake, 21.-23. 1. 2026





# NRRP predloge

- **ARIS**  
<https://www.aris-rs.si/sl/obvestila/24/novosti-odprta-znanost-okt24.asp>
  - **NRRP – načrt ravnanja z raziskovalnimi podatki**
    - Asistent za pripravo načrtov za ravnanje z raziskovalnimi podatki <https://nrrp.openscience.si/>
  - **ZVR – zaupanja vredni repozitoriji**
- **Horizont Evropa**  
<https://www.openaire.eu/images/Guides/HORIZON EUROPE Data-Management-Plan-Template.pdf>
- **ERC**  
[https://erc.europa.eu/sites/default/files/document/file/ERC\\_info\\_document-Open\\_Research\\_Data\\_and\\_Data\\_Management\\_Plans.pdf](https://erc.europa.eu/sites/default/files/document/file/ERC_info_document-Open_Research_Data_and_Data_Management_Plans.pdf)
- **ERA CoBioTech**  
[https://www.submission-cobiotech.eu/lw\\_resource/datapool/items/item\\_445/ERACoBioTech\\_3rdCall\\_Announcement\\_V2020\\_05\\_18.pdf](https://www.submission-cobiotech.eu/lw_resource/datapool/items/item_445/ERACoBioTech_3rdCall_Announcement_V2020_05_18.pdf) ANNEX 5: Data Management

[Načrt ravnanja z raziskovalnimi podatki - DiRROS Data](#)



# Predstavitev delavnice

	<b>14. dan (v živo)</b> <b>21.01.2026</b>	<b>15. dan (v živo)</b> <b>22.01.2026</b>	<b>16. dan (v živo)</b> <b>23.01.2026</b>
08:30			
08:45	Prihod v predavalnico	Prihod v predavalnico	Prihod v predavalnico
09:00	<b>Izdelava NRRP, 1. del</b> <b>Naravoslovje in tehnika</b> 9:00-10:30 (90 min)	<b>Izdelava NRRP, 4. del</b> <b>Naravoslovje in tehnika</b> 9:00-10:30 (90 min)	<b>Izdelava NRRP, 7. del</b> <b>Naravoslovje in tehnika</b> 9:00-10:30 (90 min)
09:15			
09:30			
09:45			
10:00			
10:15			
10:30	Odmor (15 min)	Odmor (15 min)	Odmor (15 min)
10:45	<b>Izdelava NRRP, 2. del</b> <b>Naravoslovje in tehnika</b> 10:45-12:15 (90 min)	<b>Izdelava NRRP, 5. del</b> <b>Naravoslovje in tehnika</b> 10:45-12:15 (90 min)	<b>Izdelava NRRP, 8. del</b> <b>Naravoslovje in tehnika</b> 10:45-12:15 (90 min)
11:00			
11:15			
11:30			
11:45			
12:00			
12:15	Odmor za kosilo (60 min)	Odmor za kosilo (60 min)	Odmor za kosilo (60 min)
12:30			
12:45			
13:00			
13:15			
13:30	<b>Izdelava NRRP, 3. del</b> <b>Naravoslovje in tehnika</b> 13:15-14:45 (90 min)	<b>Izdelava NRRP, 6. del</b> <b>Naravoslovje in tehnika</b> 13:15-14:45 (90 min)	<b>Izdelava NRRP, 9. del</b> <b>Naravoslovje in tehnika</b> 13:15-14:45 (90 min)
13:35			
13:45			
14:00			
14:15			
14:30			
14:45			
15:00			



# Predstavitev delavnice

1. Življenjski krog podatkov – kratka ponovitev
2. Podatki v sistemski biologiji
3. Resnična raziskava, ki je že zaključena
  - a) V okviru delavnice bomo „razmislili“, kaj bomo raziskovali, s kakšnimi metodami in inštrumenti ter kakšne podatke in rezultate bomo dobili, in si ogledali pogoje za objavo
  - b) Na podlagi tega bomo v drugem delu pripravili NRRP v skladu z zahtevami za izdelavo NRRP v okviru projektov ARIS
4. Podatki projektov udeležencev
  - a) Podatke udeležencev bomo pregledali (3 skupine)
  - b) po potrebi FAIRificirali
  - c) in jih pripravili za objavo v repozitorijih - področno specifičnem, ki ima točno določene zahteve za objavo, ali v splošnem repozitoriju
  - d) Na podlagi tega bomo pripravili NRRP v skladu z zahtevami za izdelavo NRRP v okviru projektov ARIS

Sledijo

5. Predstavitve NRRP-jev
6. Diskusija



# Življenjski krog podatkov – kratka ponovitev





# Življenjski krog podatkov – kratka ponovitev

Priročnik o načrtovanju ravnanja z raziskovalnimi podatki <https://nrrp.odprtaznamost.si/>

## Iskanje podatkov

Vključuje identifikacijo relevantnih podatkovnih virov v podatkovnih repozitorijih, podatkovnih katalogih, knjižnicah, arhivih in drugih zbirkah, oceno kakovosti in uporabnosti razpoložljivih podatkov za ponovno uporabo, preverjanje pogojev uporabe (dostopnost in morebitne omejitve) in zadostnosti informacij za citiranje podatkov.

## Zbiranje oziroma ustvarjanje podatkov

Aktivnosti te faze so upravičene, kadar sekundarnih podatkov ni ali ne zadoščajo za preverjanje postavljenih hipotez. Pred zbiranjem premislimo etične in zakonske okvire, načrtujemo metodologijo, vzorčenje oz. izbor, vrste in oblike podatkov ter proces zbiranja oz. ustvarjanja podatkov.





# Življenjski krog podatkov – kratka ponovitev

Priročnik o načrtovanju ravnanja z raziskovalnimi podatki <https://nrrp.odprtaznamost.si/>

## Organiziranje in dokumentiranje

Pomeni določitev sistema in standardov za delo s podatki in spreme dokumentacije, npr. sistem strukturiranja in poimenovanja map in datotek ter sledenje različic dokumentov, ki so v pomoč pri večji preglednosti, preprečitvi in odpravi morebitnih napak.

## Obdelava podatkov

Vključuje pripravo podatkov za analizo, pregled in preverjanje kakovosti podatkov ter uporabo različnih metod in/ali analitičnih orodij za odkrivanje novih informacij ali znanja v pridobljenih podatkih.





# Življenjski krog podatkov – kratka ponovitev

Priročnik o načrtovanju ravnanja z raziskovalnimi podatki <https://nrrp.odprtaznamost.si/>

## Ohranjanje podatkov

Se nanaša na shranjevanje/hrambo podatkov med raziskovanjem, izdelavo varnostnih preslikav in druge aktivnosti, ki preprečujejo izgubo podatkov in spremne dokumentacije, potrebne za razumevanje postopkov in vsebine dela.

## Zaščita podatkov

So aktivnosti za preprečitev razkritja informacij, ki so zaupne, občutljive oz. zanje veljajo omejitve, ter na splošno izvajanje politik varovanja zasebnosti, skladnosti s področno zakonodajo in določili o uporabi gradiva.





# Življenjski krog podatkov – kratka ponovitev

Priročnik o načrtovanju ravnanja z raziskovalnimi podatki <https://nrrp.odprtaznamost.si/>

## Objava podatkov

Pomeni izbor repozitorija ali druge storitve za arhiviranje in objavo podatkov, pri čemer je pomembno, da rešitev zagotavlja trajno dostopnost in uporabljivost podatkov ter ustrezno citiranje. Kadar podatki iz upravičenih razlogov ne morejo biti dostopni, morajo biti dostopni vsaj metapodatki in opisan postopek, kako lahko pridemo do zaščitenih podatkov.

[Nezaupanja vredne založniške prakse - Odprta knjižnica](#)

Seznam spornih revij, Beall's List

- [Beall's List – of Potential Predatory Journals and Publishers](#)

Zaupanja vredne revije

- [Identify trusted publishers for your research](#) • [Think. Check. Submit.](#)



Deljenje podatkov - izbira repozitorija, odprtost, omejitve...

**PONOVNA UPORABA**

Varnostno kopiranje  
Politika dostopa



Pregled in možnost uporabe obstoječih podatkov

Pregled metodologij, meritev, inštrumentov...

Eksperimentiranje, meritve, beleženje, opazovanje in simulacije

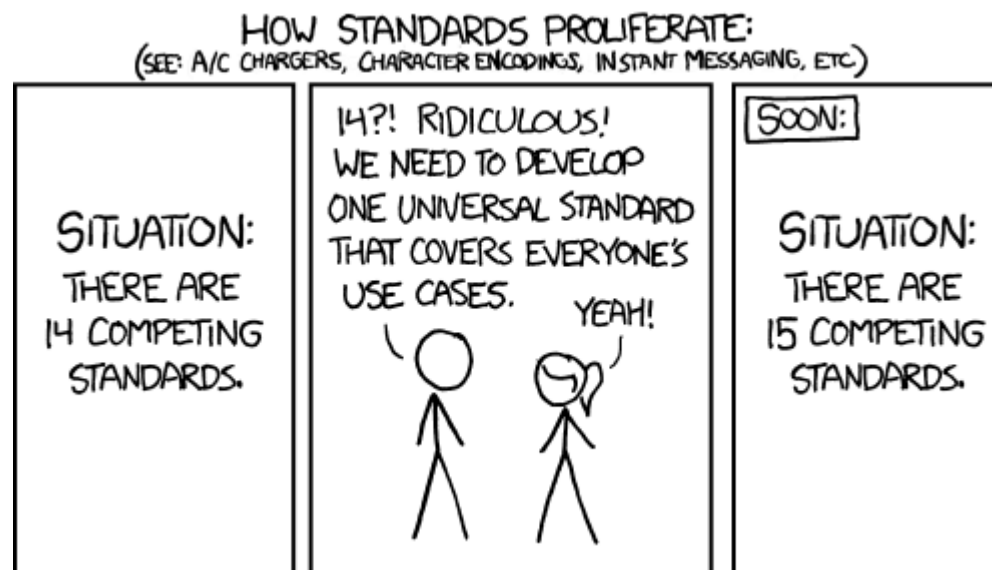
Sistem ravnanja z raziskovalnimi podatki in metapodatki

Pretvorba podatkov, priprava na analizo (\*), preverjanje kakovosti, psevdonimizacija /anonimizacija.

(\* ) metode, modeli, programska oprema, ...



# Standardi, ontologije, datotečni formati, ...





# Standardi, ontologije, datotečni formati, ...

## Datotečni formati - splošno

### Formati podatkov

Oblika oziroma format podatkov je ključnega pomena za trajno ohranjanje, saj lahko zastareli formati povzročijo, da podatkov v prihodnosti ni več mogoče prebrati ali uporabljati. Priporočeni formati za trajno ohranjanje so običajno odprti in standardizirani formati, ki omogočajo kompatibilnost in dostopnost. Tukaj navajamo nekaj pogosto uporabljenih formatov:

- **PDF/A:** standardiziran format za arhiviranje dokumentov, posebej primeren za trajno shranjevanje dokumentov.
- **TIFF ali PNG:** formata za trajno shranjevanje slikovnih podatkov, prvi ne stiska podatkov, drugi pa jih stisne brez izgube kakovosti.
- **JSON, CSV ali XML:** priporočeni formati za podatkovne baze, so berljivi in enostavni za migracijo.
- **WAV ali FLAC:** formati brez izgube kakovosti za zvočne datoteke, primerni za trajno ohranjanje.
- **MKV:** prilagodljiv, odprtokoden format za shranjevanje videa brez izgube kakovosti, združljiv z več kodeksi.

Poleg navedenih obstaja še vrsta priporočenih formatov, primernih za različne oblike digitalnih objektov, npr.: Cornell's Digital Repository: [Recommended file formats](#) ali National Archives: Federal Records Management. Appendix A: [Tables of File Formats](#).

Type of data	Recommended formats	Other acceptable formats
Quantitative tabular data with minimal metadata. A matrix of data with or without column headings or variable names, but no other metadata or labeling.	Comma-separated values (CSV) file (.csv). Tab-delimited file (.tab). Including delimited text of given character set with SQL data definition statements where appropriate.	Delimited text of given character set - only characters not present in the data may be used as delimiters (.txt). Widely-used formats: MS Excel (.xls/.xlsx), MS Access (.mdb/.accdB), OpenDocument Spreadsheet (.ods).
Qualitative data. Textual.	eXtensible Mark-up Language (XML) text according to an appropriate Document Type Definition (DTD) or schema (.xml). Rich Text Format (.rtf). Plain text data, ASCII (.txt).	Hypertext Mark-up Language (.html). Widely-used formats: MS Word (.doc/.docx). Some software-specific formats: NUD*IST, NVivo and ATLAS.ti.























# Standardi, ontologije, datotečni formati, ...

**Datotečni formati in več – področno specifični**

[https://rdmkit.elixir-europe.org/your\\_domain](https://rdmkit.elixir-europe.org/your_domain)



 Your domain <b>Biodiversity</b> Data management solutions for biodiversity data.	 Your domain <b>Bioimaging data</b> Data management solutions for bioimaging data.	 Your domain <b>Biomolecular simulation data</b> Data management solutions for biomolecular simulation data.
 Your domain <b>Cancer data</b> Data management solutions for human cancer data	 Your domain <b>Enzymology and biocatalysis</b> Data management solutions for enzymology and biocatalysis data.	 Your domain <b>Epitranscriptome data</b> Data management solutions for epitranscriptome data.
 Your domain <b>Health data</b> Data management solutions for human health data.	 Your domain <b>Human data</b> Data management solutions for human data.	 Your domain <b>Human pathogen genomics</b> Data management solutions for Human pathogen genomics
 Your domain <b>Intrinsically disordered proteins</b> Data management solutions for intrinsically disordered proteins data.	 Your domain <b>Machine learning</b> This page is about setting best practices for data towards enabling FAIR ML.	 Your domain <b>Marine metagenomics</b> Data management solutions for marine metagenomics data.
 Your domain <b>Microbial biotechnology</b> Data management solutions for microbial biotechnology data.	 Your domain <b>Plant sciences</b> Data management solutions for plant sciences data.	 Your domain <b>Proteomics</b> Data management solutions for proteomics data.
 Your domain <b>Rare disease data</b> Data management solutions for rare disease data.	 Your domain <b>Single-cell sequencing</b> Managing data generated from single-cell sequencing experiments.	 Your domain <b>Structural Bioinformatics</b> Data management solutions for structural bioinformatics data.
 Your domain <b>Toxicology data</b> Data management solutions for toxicology data.	 Your domain <b>Virology</b> Data management solutions for virology data.	



# Standardi, ontologije, datotečni formati, ...

**Datotečni formati in več – področno specifični**  
[https://rdmkit.elixir-europe.org/plant\\_sciences](https://rdmkit.elixir-europe.org/plant_sciences)

## On this page

### Introduction

Data management planning

Plant biological materials: (meta)data collection and sharing

Phenotyping: (meta)data collection and sharing

Genotyping: (meta)data collection and sharing

Validation of Plant Phenotypic and Genotypic Data

Packaging and contextualising data for reuse

Research Data Publication

Related pages

More information

## Genotyping: (meta)data collection and sharing

### Solutions

#### Checklists, ontologies, file formats

Sharing plant genotyping data files involves the use of the Variant Call Format (VCF) standard. Findability and reusability of [Variant Call Format \(VCF\)](#) files depend on the supplied metadata and, in particular, with MIAPPE-compliant biological material description: the [plant genomic and genetic variation data submission recipe](#) helps you on that topic. While metadata standards like MIAPPE and MCPD are described in the phenotyping and biological materials sections, respectively, genomic data relies on a range of standardised file formats to ensure interoperability. Depending on your research, you will encounter several other common formats:

- **FASTA:** The most fundamental format for representing nucleotide or protein sequences. Each sequence entry begins with a single-line description starting with a `>` character, followed by lines of sequence data.
- **General Feature Format (GFF3)** : A tab-delimited text file used to describe the functional features of a genome, such as genes, exons, and regulatory elements. It allows researchers to annotate a reference genome. GFF3 is a popular and more structured version of the format.
- **Browser Extensible Data (BED)** : A concise and flexible format for defining genomic regions. It is commonly used to provide annotation tracks for display in genome browsers and is simpler than GFF, requiring only the chromosome, start position, and end position for each feature.
- **A Golden Path (AGP)** : A file format used in genome assembly projects. It describes how larger sequences, like chromosomes, are constructed by ordering and orienting smaller sequence fragments (contigs or scaffolds).
- **HapMap Format** : A specific text-based format for storing genotypes from a population. It typically arranges single-nucleotide polymorphisms (SNPs) in rows and individual samples in columns, making it well-suited for population genetics and genome-wide association studies (GWAS).



# Standardi, ontologije, datotečni formati, ...

[https://rdmkit.elixir-europe.org/rare\\_disease\\_data](https://rdmkit.elixir-europe.org/rare_disease_data)

## Processing rare disease data

### Description

This section covers the processing of data as it is being collected. It covers the different **pseudonymisation tools** that could be used for registry data.

### Considerations

For data pseudonymization, it is recommended to use the **SPIDER pseudonymisation tool** offered by the European Platform on Rare Disease Registration. When making data FAIR retrospectively, it is recommended to follow the **retrospective FAIRification workflow**. On the other hand, when registry data must be FAIR right from when it is being collected by an EDC system, it is recommended to read two papers ([here](#) and [here](#)), to learn more about the denovo FAIRification process.

### Solutions

- SPIDER pseudonymisation tool**

[https://rdmkit.elixir-europe.org/toxicology\\_data](https://rdmkit.elixir-europe.org/toxicology_data)

## Data from animal assays - Existing data and vocabularies

### Solutions

- Use information about genes, and variants associated with human adverse effects, from platforms such as **DisGeNET**, **CTD**, and **PharmGKB**.
- Histopathology data requires the use of a **controlled vocabulary** like **CDISC/SEND**.
- The extension and curation of ontologies like CDISC/SEND to specific domains is facilitated by tools like **ONTOBROWSER**.

[https://rdmkit.elixir-europe.org/health\\_data](https://rdmkit.elixir-europe.org/health_data)

## Patient-generated health data from questionnaires

### Solutions

EDC: Electronic Data Capture  
COM: Clinical Outcome Measures

GDPR compliant EDC systems that support the capture of COMs:

- REDCap** - Academic licence
  - Check the licence terms carefully, as some uses in commercial research may not be allowed.
  - REDCap - online training videos**
- REDCap Cloud** - Commercial licence
  - A fully managed REDCap system based in the cloud, provided by nPhase.
- Castor** - Academic/commercial licence
- EU Survey** - SaaS provided by the EU Commission
- LimeSurvey** - Open source,
- Alchemer** - Commercial
- Jotform** - Commercial
- Data Integration System** - Commercial



# Standardi, ontologije, datotečni formati, ...

Standardi <https://fairsharing.org/>

FAIRsharing.org standards, databases, policies

search through all content

SEARCH ADVANCED SEARCH LOGIN

STANDARDS DATABASES POLICIES COLLECTIONS ORGANISATIONS ADD CONTENT STATS

transc SEARCH ADVANCED SEARCH

MATCH ALL TERMS MATCH ANY TERM

MAINTAINED NOT MAINTAINED

RECOMMENDED NOT RECOMMENDED

READY DEPRECATED UNCERTAIN IN DEV.

Registry

Search APPLY

Record Type

Search APPLY

Clear All Query string: transcriptomics Maintained: true Recommended: true

## MINSEQE Minimal Information about a high throughput SEQuencing Experiment

MINSEQE describes the Minimum Information about a high-throughput nucleotide SEQuencing Experiment that is needed to enable the unambiguous interpretation and facilitate reproduction of the results of the experiment. By analogy to the MIAME guidelines for microarray experiments, adherence to t...

Functional ... Phylogeno... Epigenomi... Resource ... Experiment... Sample An... All +7 more tags


- ▶ Linked Collections 9
- ▶ Linked Databases 10
- ▶ Linked Policies 5
- ▶ Linked Standards 9



# Standardi, ontologije, datotečni formati, ...

## Standard minimalnih informacij

MINSEQE **Minimal Information about a high throughput SEQuencing Experiment**



MINSEQE describes the Minimum Information about a high-throughput nucleotide SEQuencing Experiment that is needed to enable the unambiguous interpretation and facilitate reproduction of the results of the experiment. By analogy to the MIAME guidelines for microarray experiments, adherence to t...

Functional ... Phylogeno... Epigenomi... Resource ... Experiment... Sample An... All +7 more tags

### ▼ Standard minimalnih informacij

Standard minimalnih informacij določa najmanjši nabor podatkov in metapodatkov, ki jih je treba zbrati, dokumentirati in objaviti o raziskovalnem postopku ali eksperimentu, da bi zagotovili njegovo razumljivost, ponovljivost in uporabljivost. Služi kot navodilo za dosledno zajemanje ključnih informacij, ki vplivajo na kakovost in interpretacijo rezultatov ter omogočajo interoperabilnost. Vključujejo lahko tehnične parametre, opisne metapodatke, podatke o kontekstu, uporabljenih metodah, instrumentih, postopkih in virih. Primere najdemo na [fairsharing.org/Minimum Information](https://fairsharing.org/Minimum%20Information).

<https://nrrp.odprtaznanost.si/osnovni-pojmi/>

**MINSEQE** describes the **Minimum Information about a high-throughput nucleotide SEQuencing Experiment** that is needed to enable the unambiguous interpretation and facilitate reproduction of the results of the experiment. By analogy to the **MIAME** guidelines for microarray experiments, adherence to the **MINSEQE** guidelines will improve integration of multiple experiments across different modalities, thereby maximising the value of high-throughput research.

The five elements of experimental description considered essential when making data available supporting published high-throughput sequencing experiments are as follows:

- 1. The description of the biological system, samples, and the experimental variables being studied:**
  - “compound” and “dose” in dose-response experiments or “antibody” in ChIP-Seq experiments, the organism, tissue, and the treatment(s) applied.
- 2. The sequence read data for each assay:**
  - read sequences and base-level quality scores for each assay **FASTQ format is recommended**, with a description of the scale used for quality scores.
- 3. The ‘final’ processed (or summary) data for the set of assays in the study:**
  - the data on which the conclusions in the related publication are based, and descriptions of the data format.
- 4. General information about the experiment and sample-data relationships:**
  - a summary of the experiment and its goals, contact information, any associated publication, and a table specifying sample-data relationships.
- 5. Essential experimental and data processing protocols:**
  - how the nucleic acid samples were isolated, purified and processed prior to sequencing, a summary of the instrumentation used, library preparation strategy, labelling and amplification methodologies, alignment algorithms and data filtering plus data processing & analysis protocols.

The present document contains version 1.0 of the MINSEQE guidelines, which originated from discussions at an FGED-organized workshop held in Berkeley in March 2008.



# Standardi, ontologije, datotečni formati, ...

## Metapodatki

FAIRsharing.org standards, databases, policies search through all content

SEARCH ADVANCED SEARCH LOGIN

STANDARDS **DATABASES** POLICIES COLLECTIONS ORGANISATIONS ADD CONTENT STATS

transc SEARCH ADVANCED SEARCH

MATCH ALL TERMS MATCH ANY TERM

MAINTAINED NOT MAINTAINED

RECOMMENDED NOT RECOMMENDED

READY DEPRECATED UNCERTAIN IN DEV.

Registry

Search APPLY

Record Type

Clear All Registry: Database Maintained: true Recommended: true Query string: transcriptomics

### ENA European Nucleotide Archive

The European Nucleotide Archive (ENA) is a globally comprehensive data resource for nucleotide sequence, spanning raw data, alignments and assemblies, functional and taxonomic annotation and rich contextual data relating to sequenced samples and experimental design. Serving both as the database ...

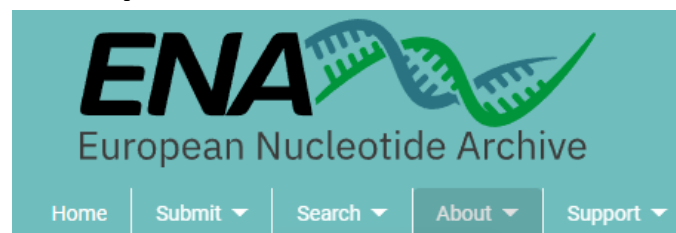
Dataset Image Functional ... Biodiversity Data Mana... DNA Sequ... Annotation Sequence ... All +12 more tags

- ▶ Linked Collections 19
- ▶ Linked Databases 40
- ▶ Linked Policies 59
- ▶ Linked Standards 19



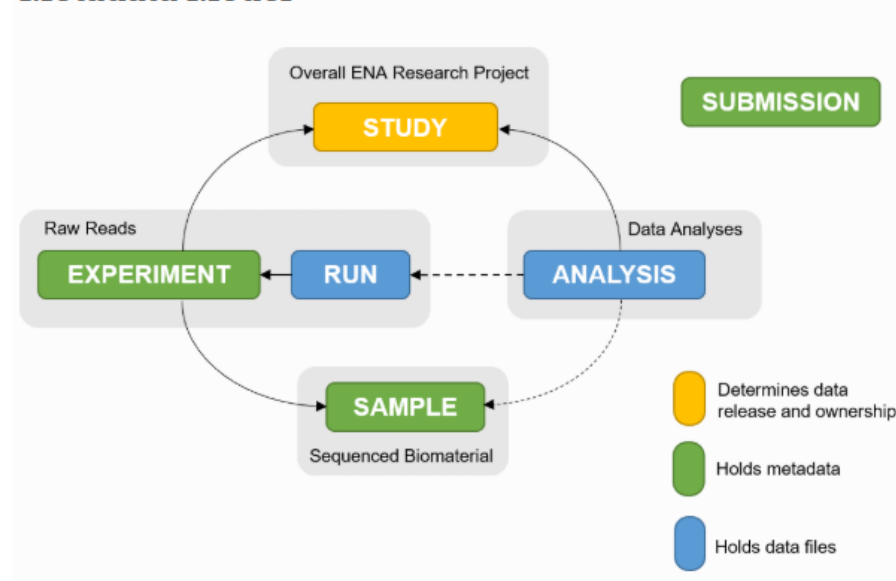
# Standardi, ontologije, datotečni formati, ...

## Metapodatki



General Guide On ENA Data Submission

## Metadata Model



### ▼ Metapodatki

So podatki o digitalnem objektu, ki na sistematičen način ponujajo informacije o tem objektu (Slovar odprte znanosti). Te informacije lahko opišejo format objekta ali vira, kje se nahaja in kakšne so pravice dostopa do njega, pa tudi druge relevantne vidike, kot so kakovost digitalnega objekta. Podatkovni repozitoriji uporabljajo metapodatkovne standarde, uveljavljene na njihovem področju. Več v poglavju 4.1 Metapodatki v Spoznaj FAIR. Priročnik o odprti znanosti v Sloveniji.

<https://nrrp.odprtaznanost.si/osnovni-pojmi/>

- **Study:** A study (project) groups together data submitted to the archive and controls its release date. A study accession is typically used when citing data submitted to ENA. Note that all associated data and other objects are made public when the study is released.
- **Sample:** A sample contains information about the sequenced source material. Samples are associated with checklists, which define the fields used to annotate the samples. Samples are always associated with a taxon.
- **Experiment:** An experiment contains information about a sequencing experiment including library and instrument details.
- **Run:** A run is part of an experiment and refers to data files containing sequence reads.
- **Analysis:** An analysis contains secondary analysis results derived from sequence reads (e.g. a genome assembly).
- **Submission:** A submission contains submission actions to be performed by the archive. A submission can add more objects to the archive, update already submitted objects or make objects publicly available.



# Standardi, ontologije, datotečni formati, ...

## Ontologije in besednjaki

### ▼ Nadzorovani besednjak

Je nabor terminov, ki se uporabljajo za opis določenega področja ali teme ([Slovar odprte znanosti](#)). Primere [nadzorovanih besednjakov](#) v družboslovju najdemo na spletni strani [CESSDA Vocabulary Service](#), npr. za [Postopek vzorčenja](#) so naštet in definirani različni pristopi, na voljo v trinajstih jezikih, vključno s slovenščino. Standarden nabor izrazov s področja biologije je npr. [Taxonomy Database](#), ki ponuja znanstvena imena organizmov, ki se dosledno uporabljajo v bioloških podatkih.

### ▼ Ontologija

Ontologija je formalna predstavitev znanja, namenjena opisu odnosov med predmeti ali pojmi na določenem področju. Omogoča sledenje povezavam med idejami ter podpira strukturirano in standardizirano razumevanje kompleksnih vsebin. Skoraj vse ontologije vključujejo štiri ključne značilnosti:

- uporabo standardnih identifikatorjev za razrede in relacije, ki predstavljajo pojave znotraj domene,
- vzpostavitev nadzorovanega besednjaka za izbrano področje,
- nabor metapodatkov, ki pojasnjujejo pomen razredov in relacij,
- ter strojno berljive aksiome in definicije, ki omogočajo računalniško obdelavo in analizo pomena teh pojmov in njihovih povezav.

Več o tezavrih, taksonomijah in ontologijah v [Flint \(2023\)](#).

<https://nrrp.odprtaznamost.si/osnovni-pojmi/>

### Browse

Browse the library of ontologies ?

Submit Ontology

Search... Showing 21 of 1447 Sort: Upload Date

<b>Plant Ontology (PO)</b>	instances 9	classes 2,028
The Plant Ontology is a structured vocabulary and database resource that links plant anatomy, morphology and growth and development to plant genomics data	projects 7	
Uploaded: 1/14/26		
<b>Plant Trait Ontology (PTO)</b>	projects 4	classes 1,722
A controlled vocabulary to describe phenotypic traits in plants	notes 1	
Uploaded: 1/14/26		
<b>Plant Stress Ontology (PLANTSO)</b>	instances 48	classes 4,900
This ontology describes biotic and abiotic stresses that a plant may encounter		
Uploaded: 1/14/26		

<https://bioportal.bioontology.org/ontologies>

<b>Category</b>	<b>Systems Biology Ontology (SBO)</b>	projects 6	classes 695
<input type="checkbox"/> Plant Development (7)	The Systems Biology Ontology is a set of controlled, relational vocabularies of terms commonly used in Systems Biology, and in particular in computational modeling		
<input type="checkbox"/> Protein (32)	Uploaded: 10/23/23		
<input type="checkbox"/> Subcellular (11)			
<input type="checkbox"/> Subcellular anatomy (4)			
<input type="checkbox"/> Taxonomic Classification			
<input type="checkbox"/> Upper Level Ontology (3)			
<input checked="" type="checkbox"/> Vocabularies (156)			
<input type="checkbox"/> Yeast (2)			



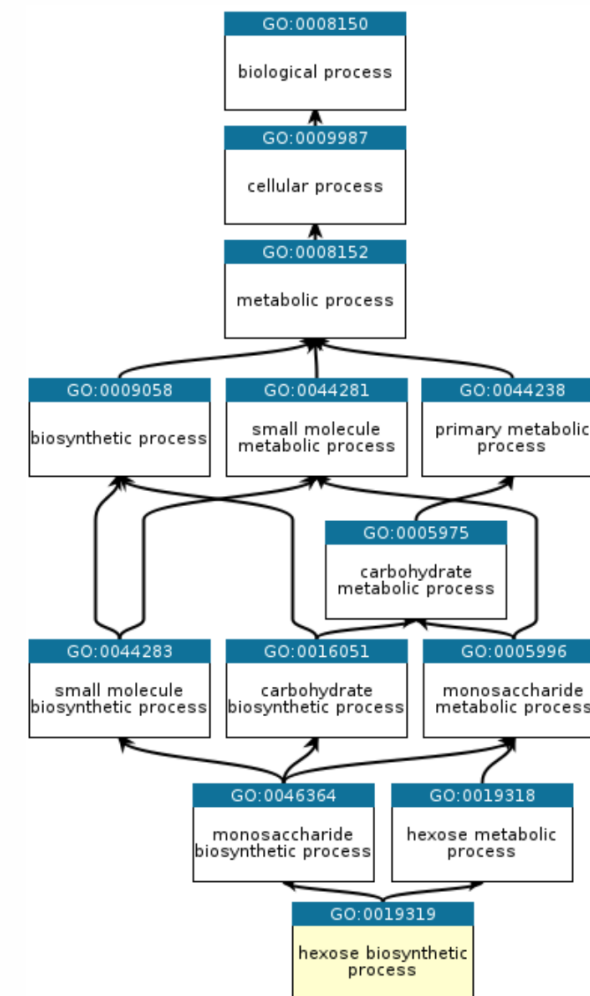
# Standardi, ontologije, datotečni formati, ...

Ontologije in besednjaki – npr. Gene Ontology (GO)

## GO term elements

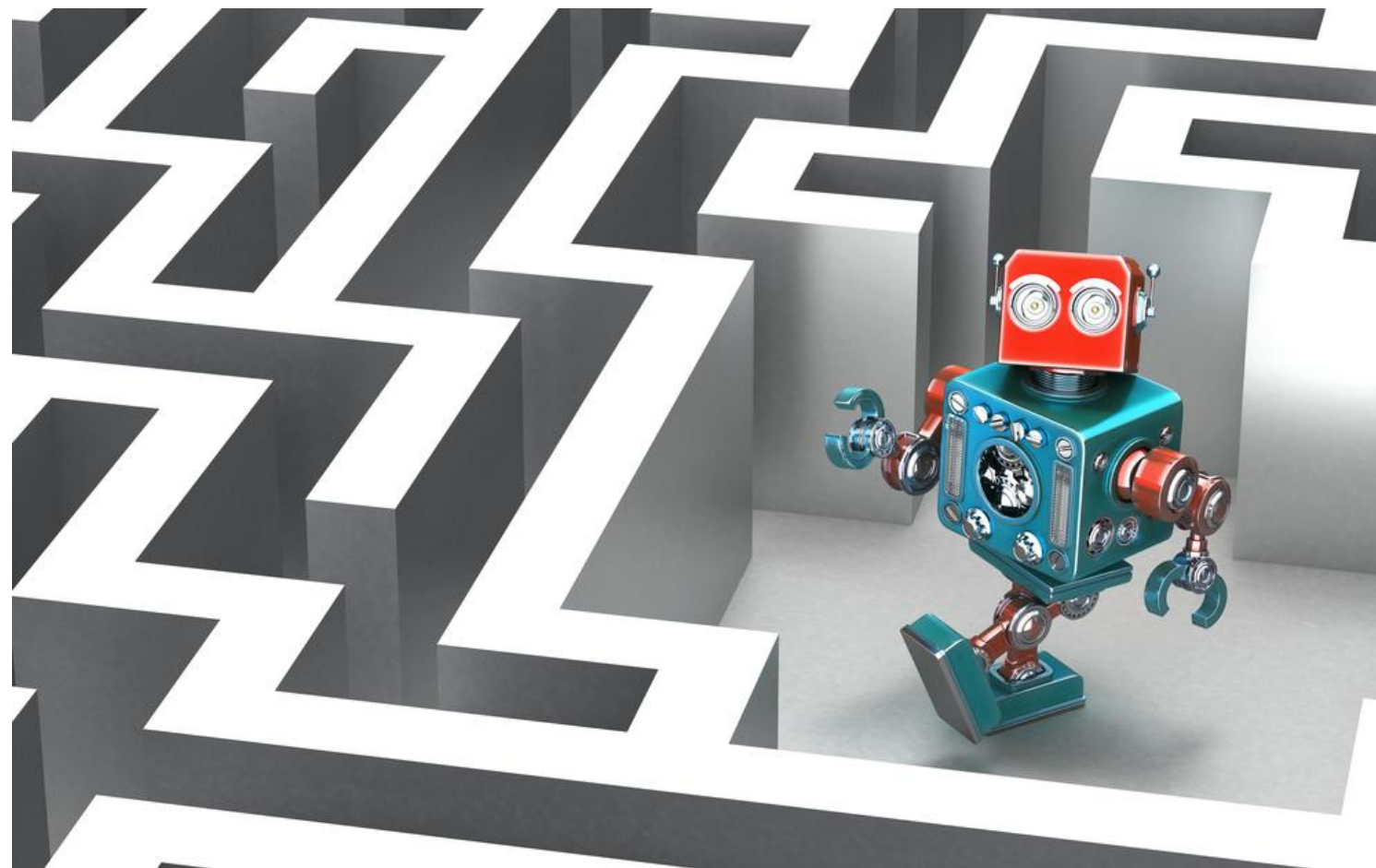
The different elements of a GO term are show in the image below (screen shot from the [AmiGO GO browser](#)).

<b>Accession</b>	GO:0016156	<b>obvezni elementi</b>
<b>Name</b>	fumarate reductase (NADH) activity	
<b>Ontology</b>	molecular_function	<b>neobvezni elementi</b>
<b>Synonyms</b>	NADH-dependent fumarate reductase activity	
<b>Alternate IDs</b>	None	
<b>Definition</b>	Catalysis of the reaction: $\text{NAD}^+ + \text{succinate} = \text{fumarate} + \text{H}^+ + \text{NADH}$ . Source: <a href="#">RHEA:18281</a>	
<b>Comment</b>	None	
<b>History</b>	See term <a href="#">history</a> for GO:0016156 at QuickGO	
<b>Chem. react.</b>	<i>has participant</i> <a href="#">NAD(1-)</a> <i>has participant</i> <a href="#">NADH(2-)</a> <i>has participant</i> <a href="#">fumarate(2-)</a> <i>has participant</i> <a href="#">succinate(2-)</a> <i>has participant</i> <a href="#">hydron</a>	
<b>Subset</b>	None	





## Primer priprave NRRP na področju sistemske biologije

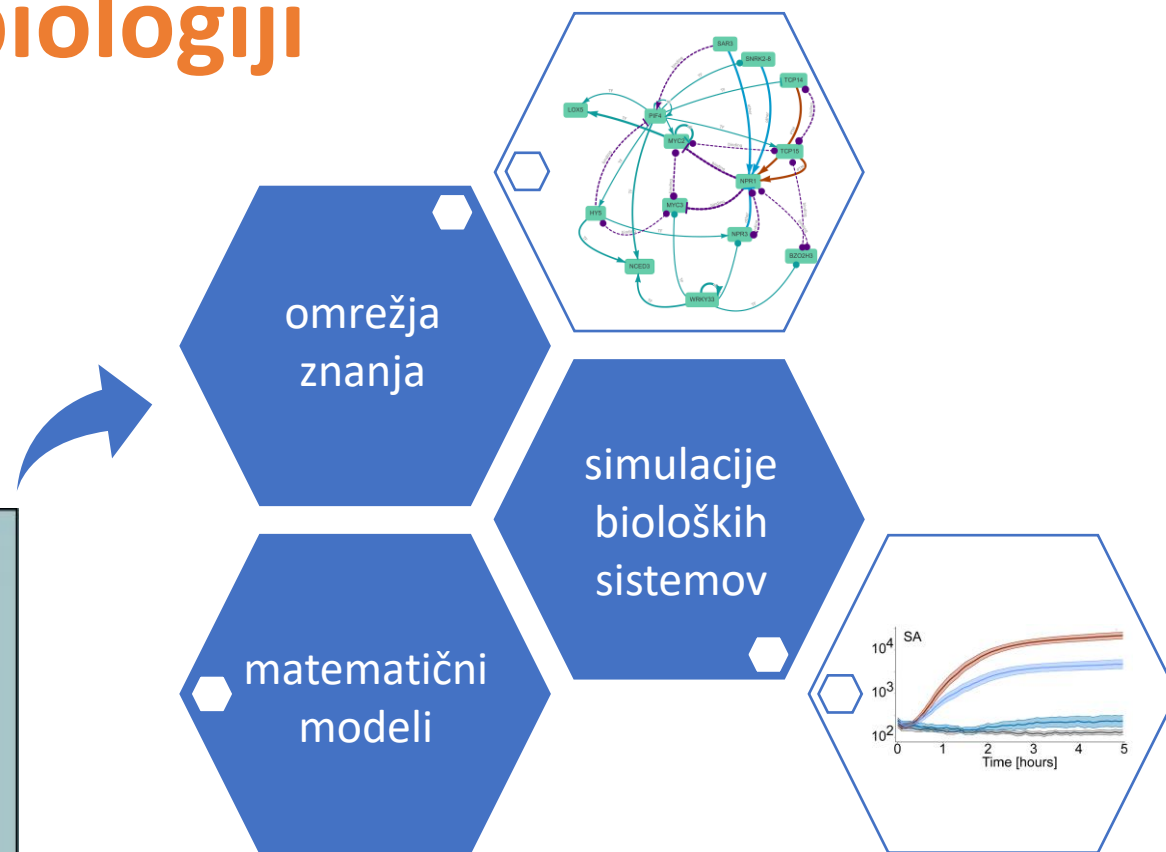
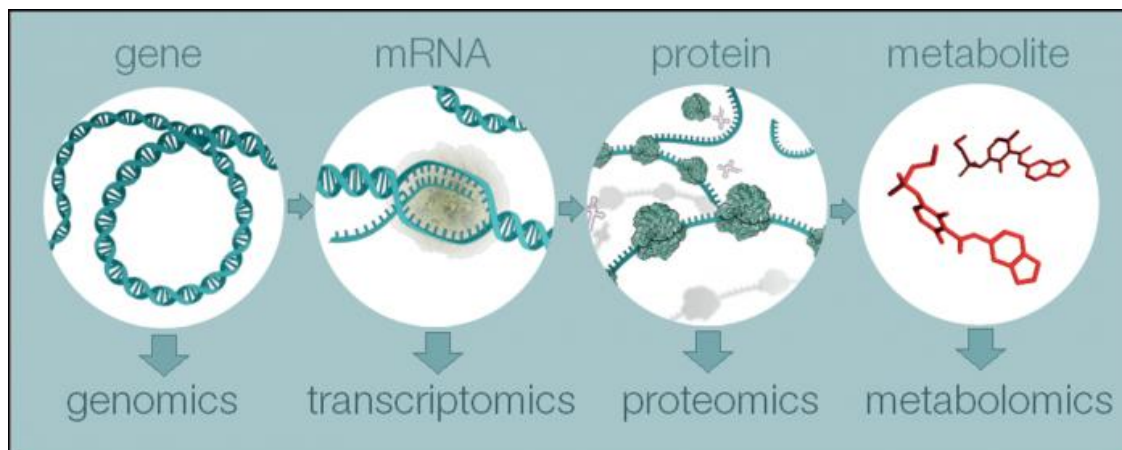


(Image credit: kirill\_makarov / Shutterstock.com)



# Tipi podatkov v sistemski biologiji

1. meritve bioloških molekul (predvsem količin)
2. gradnja omrežij znanja (povezave med molekulami na podlagi meritev in konceptualnih modelov delovanja celic)
3. matematično modeliranje in simulacije (sintetični podatki)



<https://www.ebi.ac.uk/training/online/courses/metabolomics-introduction/what-is-metabolomics/>

CC-BY 4.0

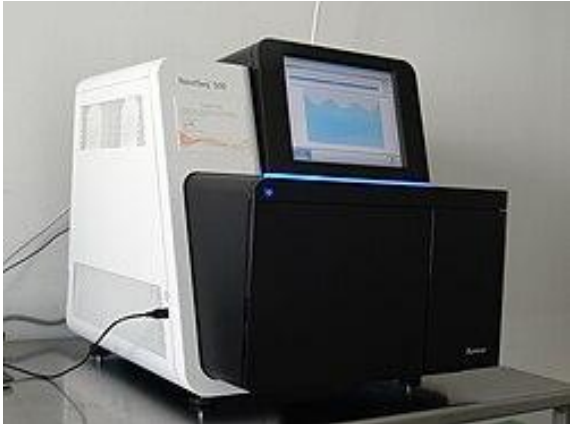


# Transkriptomika

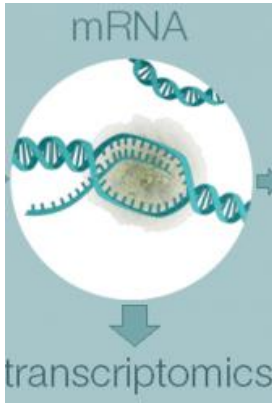
- transkriptomski odčitki (format FASTQ)



```
@A00183:363:HJF77DSXX:1:1101:1561:1000 1:N:0:GCTCGGTA+TGGAACAA
GGCTCGCTGCTCCTTCCCATAGCTCCTACACCTCCTCTGTTTGAAGCAGCTGCGCTTGTGACTGATCCACTGTGATGCTCTGTTCCAGATCGGAAGAGCACAGCTGTAAGTCCAGTACGCTCGGTAATCTCGGATGCCGTCTT
+
FFFFFFFFFFFF:FF,FFFF:,FFFFFF, ,F,FF,FF:F:F,FFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFF
@A00183:363:HJF77DSXX:1:1101:6677:1000 1:N:0:GCTCGGTA+TGGAACAA
ATTAATCCAAACCAATTTACACCACAATAACAATCCCTTACTGAACCCATAGCCCAAATGCAACAAAAGACCACCTTTTGGGGTTCATTACTACGTACAGTGCACACTACTGAAAATTAGAGATCAACTATTGTTAAATTCACCTT
+
FFFFFFFFFFFF:FF,FFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFF
@A00183:363:HJF77DSXX:1:1101:8287:1000 1:N:0:GCTCGGTA+TGGAACAA
GTTCCGGTTCAGGATGCATGAGTTTTAGCCATTTCGGATGCAATAACATCATTACCTAATGCATCCTTGGCAGGGTCCACCCTACCACCCCTGACCCAGGTGGTCAAAGAAAGTAGCATAAGGTACCAACATCCCAGCAGTGGGT
+
FFFFF:FFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFF
@A00183:363:HJF77DSXX:1:1101:9715:1000 1:N:0:GCTCGGTA+TGGAACAA
TGTGTTTGGATCCTGATCAACAGCTACAACCAACCCCTTGTACCAGTAAGACTCCTTCCTTAAACTCTCACTTTGGTTCCTCTCTGGTCCAAATGGAGTGGCTTGGTAGCTTGGCAGGAGGACTTACCTTCACGCGT
+
,FFFFFFFF:FFF:FFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFF
@A00183:363:HJF77DSXX:1:1101:12283:1000 1:N:0:GCTCGGTA+TGGAACAA
ATTGGCAAGAATTTCAATTCACCAAATAAGACTATTACAGCAATAGTATCAATATTCAGAACTAAGCCATCATGCAGCCAGTTTCTCATCATCAAGAAAGCCTCTTCTGCATCTTATCGTCGTCAAAGATTGGTGCATGGGCAC
+
FFF:FFFF:FFFFFFFF:FF:FFF:FF:FFFF:FFFF:FFFFFFFF:FFFF:FFFFFFFF:FF:FFF:FF:FFF:, :FFF, F, :FFFFFFFF:F:FFFF:F:FFFFF,FF,F:FFFF: :FF,FF,FFFF:FFF:,
@A00183:363:HJF77DSXX:1:1101:15176:1000 1:N:0:GCTCGGTA+TGGAACAA
GGTGCTCAAACCCCTTCTATATGTTTTGAACCAAGGGTGTCTCATTGGGCCAACATTTCTCGGATGACTAAGTACAGCAAGATTCTGTAGAGGCTGAATGTTGCTGCAACAATGTTGCGACCTGATAGTTGATTGCT
+
FFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFF
@A00183:363:HJF77DSXX:1:1101:16043:1000 1:N:0:GCTCGGTA+TGGAACAA
AAAAAGTGATATACTTGAGTCTCATTAGTCTAGATGCAGATACAAAATTTGTACCAACTTGCAGGTGCGAAGTGCAAAAAATCATGAGCTTTGCTGCAATTTTCGCCATTACGAAGCCCTCAAGCTTTCTCAGTCAAAAA
+
FFFFFFFFFFFF:FFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFFF
@A00183:363:HJF77DSXX:1:1101:17870:1000 1:N:0:GCTCGGTA+TGGAACAA
GTCAATATACAGTTAAGAAAAAAGAACCAATCTTTCAGGGAACATCTTTAGGGTGTCAACCCCTCCCACTAGCATATATTTAGGCGTAATAGGAAGAACTACTACAAAAGAAACGTAATAATACCAGCCCGGATATTGCAGAAC
```



Konrad Förstner, Wikimedia Commons, CC\_BY 2.0



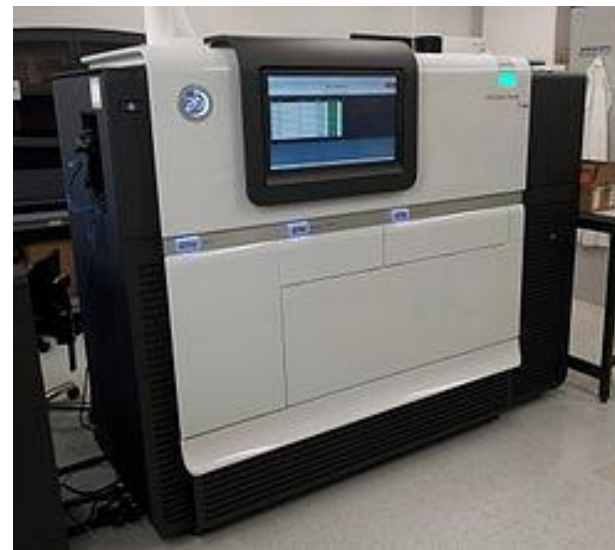


# Genomika

- genomski odčitki (format FASTQ – glej transkriptomiko)
- sestavljeni genomi (format FASTA) in genske anotacije (formati GFF, GTF)

```
>DMv6_1_chr01
TAGTCCACAGACTTTTTGTGATCTGGAATCTAACGATGTTTTCCCAAAATTTTCGT
GGACGTACGTTAAGACCTTAGCTATGGAGCCAGTTAGCCCTCACGGCCACAACGTCCTCA
TTTAAAGGTAAAATGTTCCAGACGAGGAAAACCCCAATTTTGCCGATTTAAGTTTCTG
ATAGTCCATGGATTGTTGGTGATCTGGGTCCGACGTAATTTGTCAAAAATTTTCAT
AGACGTCGTAAGACGTCAGCTATGGAGCCAGTTAGCCCTCACGGCCAAAACGTCCTCC
TTAAAAGGTCAAATGTGACCCAGAGTTGAAAACCCCAATTTTGCCGATTTTCGTGCGGT
ATAGTCCATGGACTTTTTGGTGAACATAGAAATCCGACAAAATTTTGTAAAAATTTTCG
TGGATGTCCTTAAGACATTAAGCTACGGAGCCAGTTAGCCCTCACGACCTAACCAATCTCA
TTTTGAAAGTCAAATCTGCCCGGAACAGGTAACCCCAATTTTGCCGAATATCGTGTG
TTATAGTCCATGGACTTTTTGGTGCTAGTATCCGACCTCATTTTGCAAAAGTTTT
CGTGGAGTCGCTTAAGACCTTAGCTATGGAGCCAGCTAGCCCTCACGGCCAAAATCTC
CATTTTGAAGGTCAAATCTGCCCGGATCAGTAAACCTCATTTTGGCCGATATCATGT
TCTATAGTCCATGGACTTTTTGGTGATCTGAAATCTGAACTCATTTTGCAAAAGTTTT
TCTTGGAGTCGCTTAACCTTTGCTATGGAGACGTTAGCCCTCACGGCTAAAACGTC
CCATTCGAAGGTCAAATTCAGCAGCAGGTAACCTCCACATTTTGCCAAATTTTCGTG
TGCTAATAGTCCACATACTTTTTGTGATCGGGAATCAAACATAATTTTCCAATTTT
TTTTGTATAGTCCGTTAAGACCTTAGCTATGGAGCCAAATTAACATCACAGCCAAAATA
TCCCATTTGAAGTCAAATATGCTATAGCAGGAAAACCTCTAATTTTGGCGATTTTCG
TGTACTATAGTTTTGGACTTTTTGGTAACTTGAATTCGAAATCATTTTGCACAAAA
TTTTATGAGCAGTCGCTTAAGACCTTAACCTATGGAGCCAGTTAGCCCTAAGGCGAAAAC
GTCTATTTAAAGGTTAAATGTACTCCAGACGAGGAAAAGCCACAATTTGCGCAATTTT
CGTGTGCTATAGTCCATCGACTTTTTGGTGATTTGGAATCTGACATAATTTTGTCAA
ATTTATCGTGGAGCTGTAAAGACCTCATGGCCAAAACATCCATTTTGGAGGTCAAAT
TGTCCATGGATCAGGTAAGCTTCCCAATTTACCGAATTTTGTGCTATAGCCATGGAC
TTTTGGGTGATCTGGAATTCGACATAATTTTGTCAAAAATTTCTGGACGACCGTAAA
GACGTGATTTAGGTCAGTTAGCTCTCAGCCGCAAAAACATCTCAATTTGAAAGGCCAAA
TGTGCCACAGCAGGAAAACCCCAATTTTCGATTTTCATTTTATAGCTCATGGAC
TTTTTGGTGTCTGGAATTCGACATGTTTTACCAAAAATTTTTTGGACGACCGTTA
ATAGTACGCTATGAGCTAGTAACTAGCCTACAGCCAGGAAAACATCCCAATTTGAAAGTCAA
ATCTACCCGAATCAAGTAAACCCCAATTTTGCCTAATTTTGTGCTATAGCTATAGG
ACTTTTTGGTGTCTAGATTTCCGAACTATTTTGCAAAACGTTTTCGAGGACGTCCTG
TAAGACCTTAACATATGTTGCGAGTTAGCCCAACGCAAAAACGTTCCATTTTGAAGGTT
AAATGTACCCAGACGAGGAAAACCCCAATTTTGCCGATTTTCGTGTGCTATAGTCCATG
TACTTTTTGGTGATTTGGAATTCGACATAATTTTGCAAAATTTTTCGTGGACGACCG
TTCAGACCTTATTCAGGAGCCAGTTAACTTATGAGCCAAAATCTCAATTTTGAAGGT
GAAATCTGCCCGAGTAGGTAACCCCAATTTTGGCGATATCATGTGTTATAGTCTA
TGACTTTTTGGTGATTTGGAATCTAATATAATTTTGCCTAATTTTTCGTGGACGAC
CGTTAAGACCTTACCTTTGGAGCTAGTTAGCCCTCACGACCAAAACGTTCCCAATTAAG
GTCAAATGTGCCAGACGAGGAAAACCCCAATTTTGCCGATTTTCGTGTCTATAGTC
CATGGACTTTTTGTGATCTGAAATCTGACATAATTTTAAACAATTTTTCGTGGACG
```

```
##gff-version X
# GFF-like GTF i.e. not checked against any GTF specification. Conversion based on GFF input, standardised by AGAT.
DMv6_1_chr01 MSU_DM_v6.1 gene 432461 449161 - gene_id "Soltu.DM.01G000010"; ID "Soltu.DM.01G000010"; Name "Soltu.DM.01G000010";
DMv6_1_chr01 MSU_DM_v6.1 mRNA 432461 449161 - gene_id "Soltu.DM.01G000010"; transcript_id "Soltu.DM.01G000010.1"; ID "Soltu.DM.01G000010.1"; Name "Soltu.DM.01G000010.1";
DMv6_1_chr01 MSU_DM_v6.1 exon 432461 432488 - gene_id "Soltu.DM.01G000010"; transcript_id "Soltu.DM.01G000010.1"; ID "exon-258918"; Parent "Soltu.DM.01G000010.1";
DMv6_1_chr01 MSU_DM_v6.1 exon 432715 433172 - gene_id "Soltu.DM.01G000010"; transcript_id "Soltu.DM.01G000010.1"; ID "exon-258917"; Parent "Soltu.DM.01G000010.1";
DMv6_1_chr01 MSU_DM_v6.1 exon 437498 437543 - gene_id "Soltu.DM.01G000010"; transcript_id "Soltu.DM.01G000010.1"; ID "exon-258916"; Parent "Soltu.DM.01G000010.1";
DMv6_1_chr01 MSU_DM_v6.1 exon 438421 438495 - gene_id "Soltu.DM.01G000010"; transcript_id "Soltu.DM.01G000010.1"; ID "exon-258915"; Parent "Soltu.DM.01G000010.1";
DMv6_1_chr01 MSU_DM_v6.1 exon 438583 438652 - gene_id "Soltu.DM.01G000010"; transcript_id "Soltu.DM.01G000010.1"; ID "exon-258914"; Parent "Soltu.DM.01G000010.1";
DMv6_1_chr01 MSU_DM_v6.1 exon 442616 442714 - gene_id "Soltu.DM.01G000010"; transcript_id "Soltu.DM.01G000010.1"; ID "exon-258913"; Parent "Soltu.DM.01G000010.1";
DMv6_1_chr01 MSU_DM_v6.1 exon 442852 442988 - gene_id "Soltu.DM.01G000010"; transcript_id "Soltu.DM.01G000010.1"; ID "exon-258912"; Parent "Soltu.DM.01G000010.1";
DMv6_1_chr01 MSU_DM_v6.1 exon 444506 444687 - gene_id "Soltu.DM.01G000010"; transcript_id "Soltu.DM.01G000010.1"; ID "exon-258911"; Parent "Soltu.DM.01G000010.1";
DMv6_1_chr01 MSU_DM_v6.1 exon 446783 446951 - gene_id "Soltu.DM.01G000010"; transcript_id "Soltu.DM.01G000010.1"; ID "exon-258910"; Parent "Soltu.DM.01G000010.1";
DMv6_1_chr01 MSU_DM_v6.1 exon 448597 448707 - gene_id "Soltu.DM.01G000010"; transcript_id "Soltu.DM.01G000010.1"; ID "exon-258909"; Parent "Soltu.DM.01G000010.1";
DMv6_1_chr01 MSU_DM_v6.1 exon 448775 448885 - gene_id "Soltu.DM.01G000010"; transcript_id "Soltu.DM.01G000010.1"; ID "exon-258908"; Parent "Soltu.DM.01G000010.1";
DMv6_1_chr01 MSU_DM_v6.1 exon 448964 449161 - gene_id "Soltu.DM.01G000010"; transcript_id "Soltu.DM.01G000010.1"; ID "exon-258907"; Parent "Soltu.DM.01G000010.1";
DMv6_1_chr01 MSU_DM_v6.1 CDS 433114 433172 - 2 gene_id "Soltu.DM.01G000010"; transcript_id "Soltu.DM.01G000010.1"; ID "cds-245806"; Parent "Soltu.DM.01G000010.1";
DMv6_1_chr01 MSU_DM_v6.1 CDS 437498 437543 - 0 gene_id "Soltu.DM.01G000010"; transcript_id "Soltu.DM.01G000010.1"; ID "cds-245805"; Parent "Soltu.DM.01G000010.1";
DMv6_1_chr01 MSU_DM_v6.1 CDS 438421 438495 - 0 gene_id "Soltu.DM.01G000010"; transcript_id "Soltu.DM.01G000010.1"; ID "cds-245804"; Parent "Soltu.DM.01G000010.1";
DMv6_1_chr01 MSU_DM_v6.1 CDS 438583 438652 - 1 gene_id "Soltu.DM.01G000010"; transcript_id "Soltu.DM.01G000010.1"; ID "cds-245803"; Parent "Soltu.DM.01G000010.1";
DMv6_1_chr01 MSU_DM_v6.1 CDS 442616 442714 - 1 gene_id "Soltu.DM.01G000010"; transcript_id "Soltu.DM.01G000010.1"; ID "cds-245802"; Parent "Soltu.DM.01G000010.1";
DMv6_1_chr01 MSU_DM_v6.1 CDS 442852 442988 - 0 gene_id "Soltu.DM.01G000010"; transcript_id "Soltu.DM.01G000010.1"; ID "cds-245801"; Parent "Soltu.DM.01G000010.1";
DMv6_1_chr01 MSU_DM_v6.1 CDS 444506 444687 - 2 gene_id "Soltu.DM.01G000010"; transcript_id "Soltu.DM.01G000010.1"; ID "cds-245800"; Parent "Soltu.DM.01G000010.1";
DMv6_1_chr01 MSU_DM_v6.1 CDS 446783 446951 - 0 gene_id "Soltu.DM.01G000010"; transcript_id "Soltu.DM.01G000010.1"; ID "cds-245799"; Parent "Soltu.DM.01G000010.1";
DMv6_1_chr01 MSU_DM_v6.1 CDS 448597 448707 - 0 gene_id "Soltu.DM.01G000010"; transcript_id "Soltu.DM.01G000010.1"; ID "cds-245798"; Parent "Soltu.DM.01G000010.1";
DMv6_1_chr01 MSU_DM_v6.1 CDS 448775 448885 - 0 gene_id "Soltu.DM.01G000010"; transcript_id "Soltu.DM.01G000010.1"; ID "cds-245797"; Parent "Soltu.DM.01G000010.1";
DMv6_1_chr01 MSU_DM_v6.1 five_prime_UTR 448859 448885 - gene_id "Soltu.DM.01G000010"; transcript_id "Soltu.DM.01G000010.1"; ID "five_prime utr-35197"; Parent "Soltu.DM.01G000010.1";
DMv6_1_chr01 MSU_DM_v6.1 five_prime_UTR 448964 449161 - gene_id "Soltu.DM.01G000010"; transcript_id "Soltu.DM.01G000010.1"; ID "five_prime utr-35196"; Parent "Soltu.DM.01G000010.1";
DMv6_1_chr01 MSU_DM_v6.1 three_prime_UTR 432461 432488 - gene_id "Soltu.DM.01G000010"; transcript_id "Soltu.DM.01G000010.1"; ID "three_prime utr-33546"; Parent "Soltu.DM.01G000010.1";
DMv6_1_chr01 MSU_DM_v6.1 three_prime_UTR 432715 433113 - gene_id "Soltu.DM.01G000010"; transcript_id "Soltu.DM.01G000010.1"; ID "three_prime utr-33545"; Parent "Soltu.DM.01G000010.1";
DMv6_1_chr01 MSU_DM_v6.1 mRNA 432509 449161 - gene_id "Soltu.DM.01G000010"; transcript_id "Soltu.DM.01G000010.3"; ID "Soltu.DM.01G000010.3"; Name "Soltu.DM.01G000010.3";
DMv6_1_chr01 MSU_DM_v6.1 exon 432509 433172 - gene_id "Soltu.DM.01G000010"; transcript_id "Soltu.DM.01G000010.3"; ID "exon-258939"; Parent "Soltu.DM.01G000010.3";
DMv6_1_chr01 MSU_DM_v6.1 exon 437498 437543 - gene_id "Soltu.DM.01G000010"; transcript_id "Soltu.DM.01G000010.3"; ID "exon-258938"; Parent "Soltu.DM.01G000010.3";
DMv6_1_chr01 MSU_DM_v6.1 exon 438421 438495 - gene_id "Soltu.DM.01G000010"; transcript_id "Soltu.DM.01G000010.3"; ID "exon-258937"; Parent "Soltu.DM.01G000010.3";
DMv6_1_chr01 MSU_DM_v6.1 exon 438583 438652 - gene_id "Soltu.DM.01G000010"; transcript_id "Soltu.DM.01G000010.3"; ID "exon-258936"; Parent "Soltu.DM.01G000010.3";
DMv6_1_chr01 MSU_DM_v6.1 exon 442616 442714 - gene_id "Soltu.DM.01G000010"; transcript_id "Soltu.DM.01G000010.3"; ID "exon-258935"; Parent "Soltu.DM.01G000010.3";
DMv6_1_chr01 MSU_DM_v6.1 exon 442852 442988 - gene_id "Soltu.DM.01G000010"; transcript_id "Soltu.DM.01G000010.3"; ID "exon-258934"; Parent "Soltu.DM.01G000010.3";
DMv6_1_chr01 MSU_DM_v6.1 exon 444506 444687 - gene_id "Soltu.DM.01G000010"; transcript_id "Soltu.DM.01G000010.3"; ID "exon-258933"; Parent "Soltu.DM.01G000010.3";
DMv6_1_chr01 MSU_DM_v6.1 exon 446783 446951 - gene_id "Soltu.DM.01G000010"; transcript_id "Soltu.DM.01G000010.3"; ID "exon-258932"; Parent "Soltu.DM.01G000010.3";
DMv6_1_chr01 MSU_DM_v6.1 exon 448498 448530 - gene_id "Soltu.DM.01G000010"; transcript_id "Soltu.DM.01G000010.3"; ID "exon-258931"; Parent "Soltu.DM.01G000010.3";
DMv6_1_chr01 MSU_DM_v6.1 exon 448597 448707 - gene_id "Soltu.DM.01G000010"; transcript_id "Soltu.DM.01G000010.3"; ID "exon-258930"; Parent "Soltu.DM.01G000010.3";
DMv6_1_chr01 MSU_DM_v6.1 exon 448775 448863 - gene_id "Soltu.DM.01G000010"; transcript_id "Soltu.DM.01G000010.3"; ID "exon-258929"; Parent "Soltu.DM.01G000010.3";
```



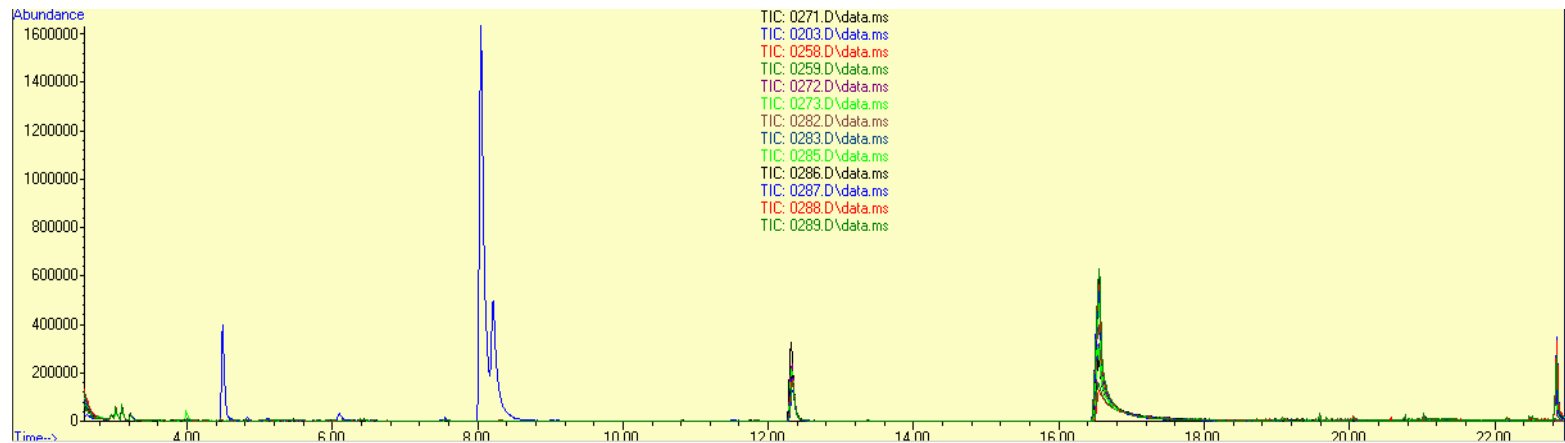
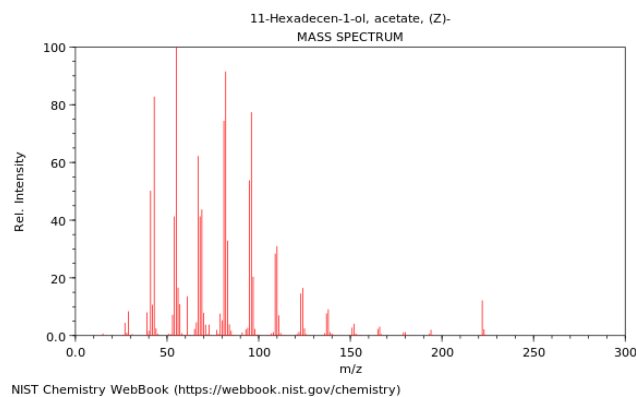
Konrad Förstner, Wikimedia Commons, CC0 1.0



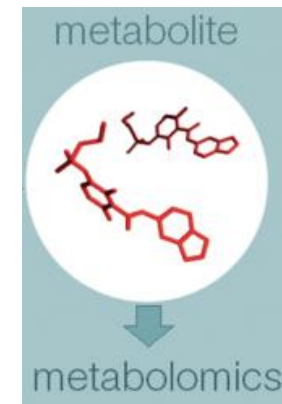


# Metabolomika

- analiza hlapnih organskih spojin (volatilov) z metodo s plinsko kromatografijo sklopljeno z masno spektrometrijo (GC-MS)
- odčitki GC-MS analize (suovi podatki):
  1. kromatogrami z ostrimi vrhovi, ki predstavljajo posamezne spojine in se uporabljajo za kvantifikacijo spojin
  2. masni spektri, ki se uporabljajo za identifikacijo spojin na podlagi podobnosti z spektri v knjižnici (npr. NIST)

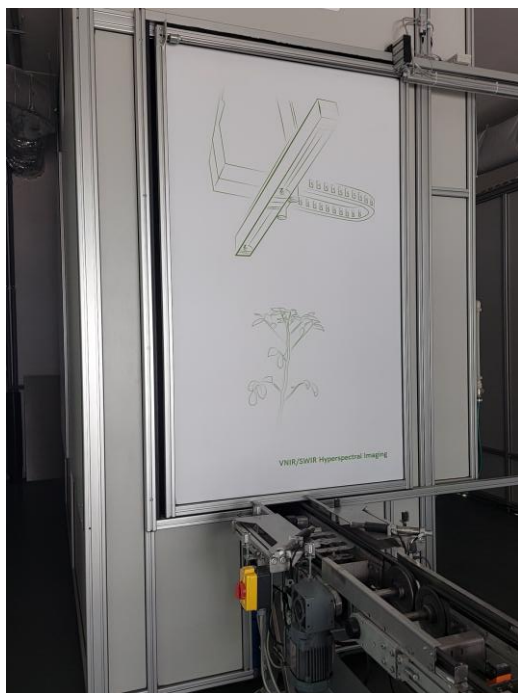


Polimerek, Wikimedia Commons, CC\_BY 4.0

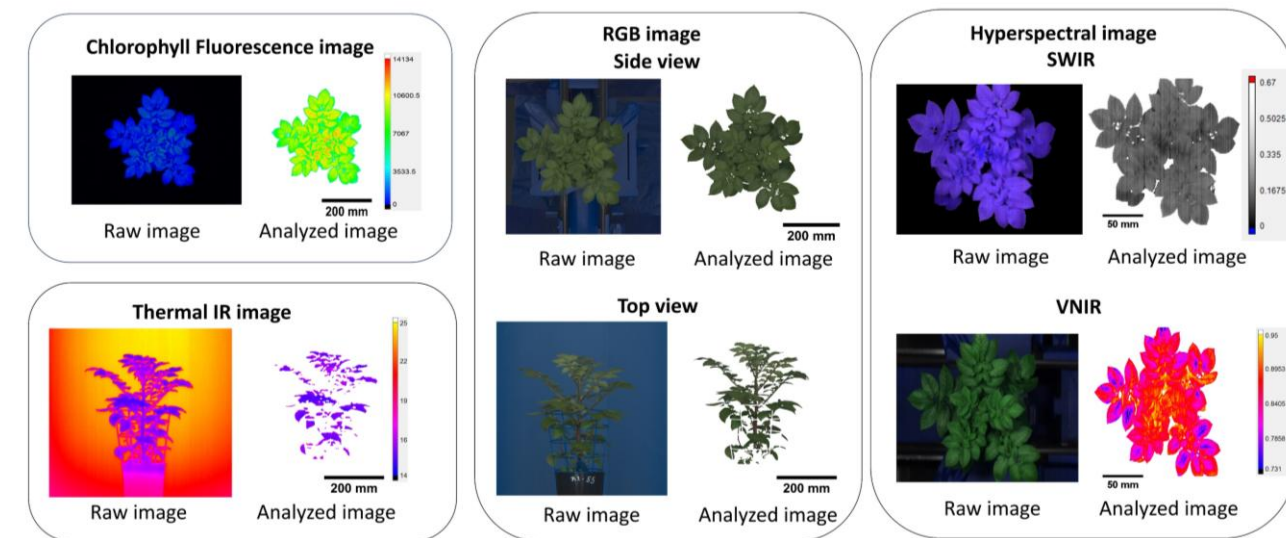




# Fenomika



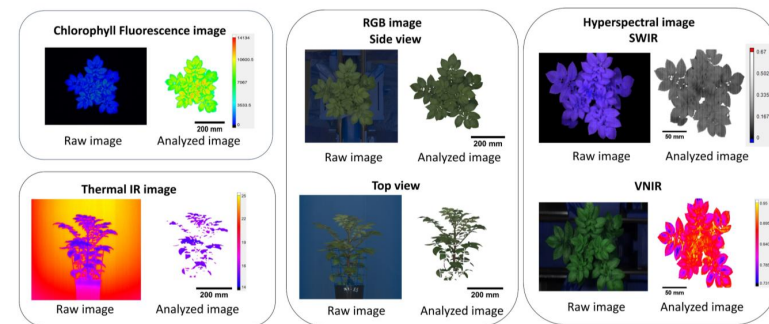
Avtomatsko zalivanje in dostava rastlin v fenotipizacijsko komoro za zajemanje fotografij



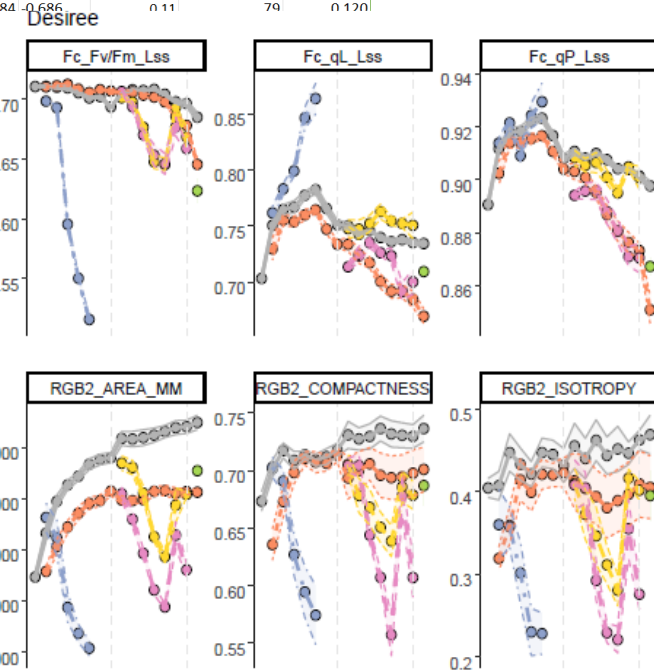
Fotografije posnete z različnimi kamerami omogočajo avtomatsko segmentiranje in pridobitev tabelarničnih meritev



# Fenomika

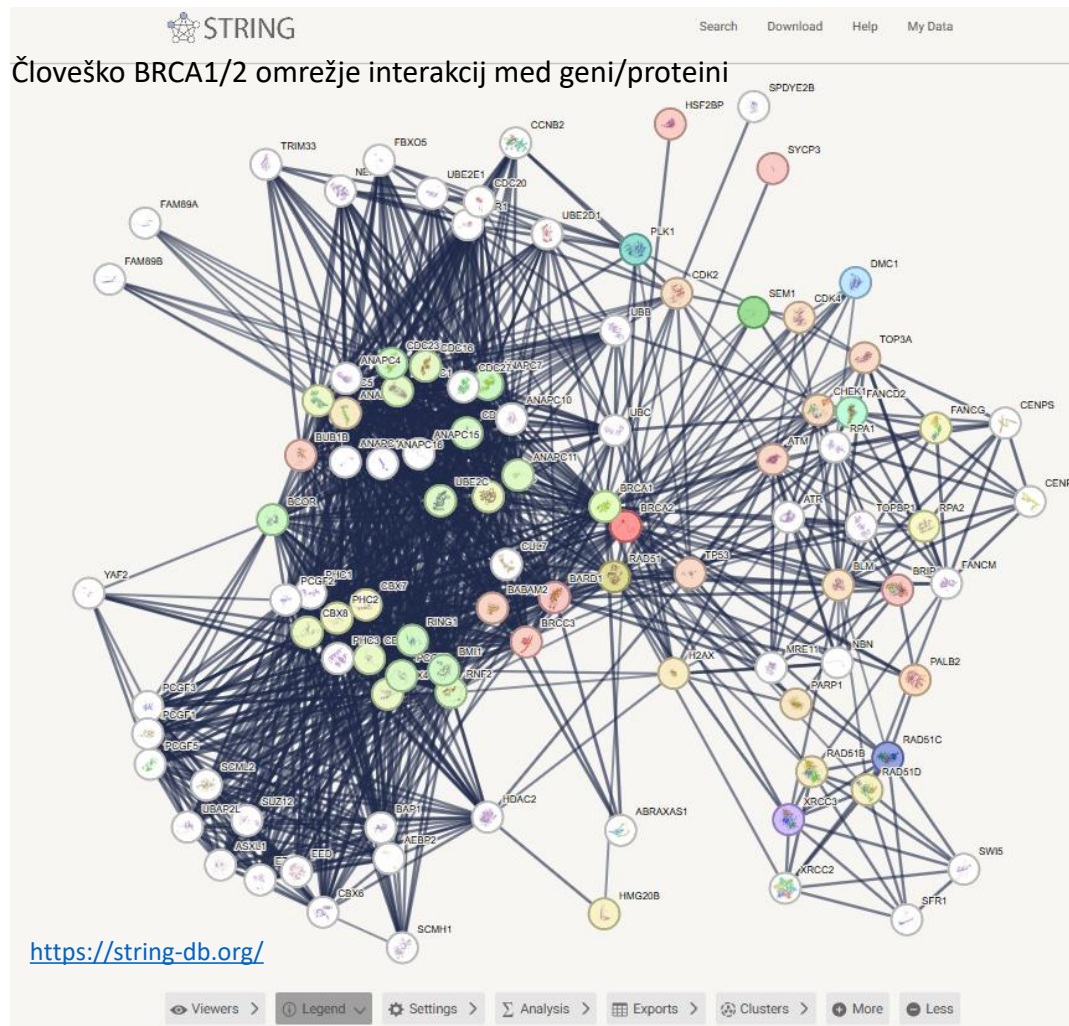


#	A	B	C	D	E	F	G	H	I	J	K	L	M	N	O	P	Q	R	S	T	U
a.u. = arbitrary unit																					
Day after Stress	Plant ID	Replica	Treatment	Side-area mm <sup>2</sup>	Width mm	Height mm	Top-area mm <sup>2</sup>	Compactness a.u.	Roundness a.u.	Isotropy a.u.	SOL a.u.	Plant volume mm <sup>3</sup>	Fv/Fm Ls s, a.u.	QY_Lss a.u.	qP_Lss a.u.	qL_Lss a.u.	ΔT, °C	RGR, mm <sup>2</sup> -2 d <sup>-1</sup>	Water consumption	WUE, dm <sup>3</sup> g <sup>-1</sup>	
75	2	C_P35_1	1	Control	29991.1	376.8	420.2	115540.6	0.713	0.156	0.436	213.5	10194352.0	0.705	0.678	0.962	0.879	0.057	0.14	77	0.132
76	2	C_P35_2	2	Control	29993.4	305.4	377.5	108001.8	0.698	0.113	0.353	149.5	9856930.8	0.702	0.669	0.954	0.855	-0.121	0.1	78	0.126
77	2	C_P35_3	3	Control	26282.9	330.6	366.3	92622.0	0.689	0.128	0.389	199.4	7998915.8	0.707	0.668	0.946	0.832	-0.025	0.1	34	0.235
78	2	C_P35_4	4	Control	26471.6	396.8	393.5	114967.6	0.711	0.136	0.365	229.4	8975703.2	0.698	0.675	0.967	0.893	0.065	0.13	68	0.132
79	2	C_P35_5	5	Control	26793.5	355.8	353.0	104831.2	0.699	0.151	0.496	194.9	8675121.3	0.700	0.672	0.960	0.876	-0.005	0.12	77	0.113
80	2	C_P35_6	6	Control	31043.4	333.6	378.3	121561.3	0.692	0.161	0.514	176.6	10823489.6	0.696	0.674	0.969	0.901	-0.094	0.11	94	0.115
81	2	D_P35_1	1	Drought	23809.8	324.6	360.6	94851.7	0.689	0.101	0.418	172.1	7332941.0	0.698	0.668	0.958	0.871	-0.017	0.12	17	0.431
82	2	D_P35_2	2	Drought	28802.9	347.8	353.9	108120.9	0.718	0.151	0.514	183.0	9470908.0	0.699	0.674	0.964	0.884	-0.086	0.11	70	0.120
83	2	D_P35_3	3	Drought	24498.5	313.6	358.4	104435.2	0.725	0.171	0.449	182.4	7917042.1	0.697	0.671	0.963					
84	2	D_P35_4	4	Drought	22460.8	313.1	386.2	94586.2	0.687	0.114	0.442	179.2	6907800.5	0.696	0.665	0.955					
85	2	D_P35_5	5	Drought	29503.7	351.4	401.7	116880.5	0.743	0.152	0.501	209.1	10086671.5	0.703	0.670	0.953					
86	2	D_P35_6	6	Drought	26872.9	350.6	389.3	117066.8	0.699	0.118	0.387	247.2	9194556.7	0.718	0.672	0.936					
87	2	H_P35_1	1	Heat	34229.6	322.4	394.9	97831.8	0.706	0.095	0.347	188.1	10706374.7	0.709	0.639	0.902					
88	2	H_P35_2	2	Heat	25471.0	296.1	401.7	68717.1	0.643	0.077	0.466	179.3	6676939.7	0.706	0.628	0.889					
89	2	H_P35_3	3	Heat	27192.7	309.2	400.8	99422.9	0.724	0.138	0.525	133.0	8574237.8	0.719	0.655	0.911					
90	2	H_P35_4	4	Heat	26320.7	275.0	408.1	97293.2	0.774	0.205	0.596	142.5	8209926.7	0.714	0.654	0.917					
91	2	H_P35_5	5	Heat	25438.6	259.4	372.2	98587.0	0.785	0.228	0.543	136.4	7987361.0	0.712	0.668	0.938					
92	2	H_P35_6	6	Heat	28440.9	315.3	365.7	94746.5	0.738	0.186	0.501	137.3	8754359.1	0.706	0.666	0.944					
93	2	HD_P35_1	1	Heat + Drought	25515.4	291.7	341.5	87656.0	0.740	0.140	0.406	128.6	7554269.7	0.708	0.664	0.938					
94	2	HD_P35_2	2	Heat + Drought	30145.8	291.7	400.8	98804.2	0.750	0.214	0.550	103.5	9475768.7	0.708	0.663	0.937					
95	2	HD_P35_3	3	Heat + Drought	24079.7	323.2	324.7	89923.0	0.757	0.137	0.521	167.0	7220829.9	0.701	0.665	0.949					
96	2	HD_P35_4	4	Heat + Drought	21603.6	246.0	391.6	66269.8	0.791	0.202	0.627	111.4	5561396.3	0.713	0.662	0.929					
97	2	HD_P35_5	5	Heat + Drought	25079.4	303.5	325.5	89048.8	0.733	0.208	0.505	117.9	7483969.5	0.703	0.676	0.962					
98	2	HD_P35_6	6	Heat + Drought	24498.3	288.4	332.8	92984.7	0.729	0.119	0.442	144.2	7470353.4	0.702	0.664	0.946					
99	2	HDW_P35_1	1	Heat + Drought	25837.8	338.8	335.6	88398.8	0.742	0.154	0.552	214.6	7682084.4	0.708	0.664	0.938					
100	2	HDW_P35_2	2	Heat + Drought	23859.4	306.5	352.8	99048.0	0.753	0.204	0.615	164.2	7509008.1	0.706	0.673	0.953					
101	2	HDW_P35_3	3	Heat + Drought	28069.8	341.5	369.3	98046.3	0.709	0.130	0.386	164.9	8789303.3	0.710	0.670	0.943					
102	2	HDW_P35_4	4	Heat + Drought	26794.3	304.0	344.9	95615.9	0.744	0.154	0.616	181.0	8285275.0	0.704	0.670	0.952					
103	2	HDW_P35_5	5	Heat + Drought	26530.2	351.4	349.7	102754.9	0.739	0.138	0.494	180.1	8504351.1	0.698	0.663	0.951					

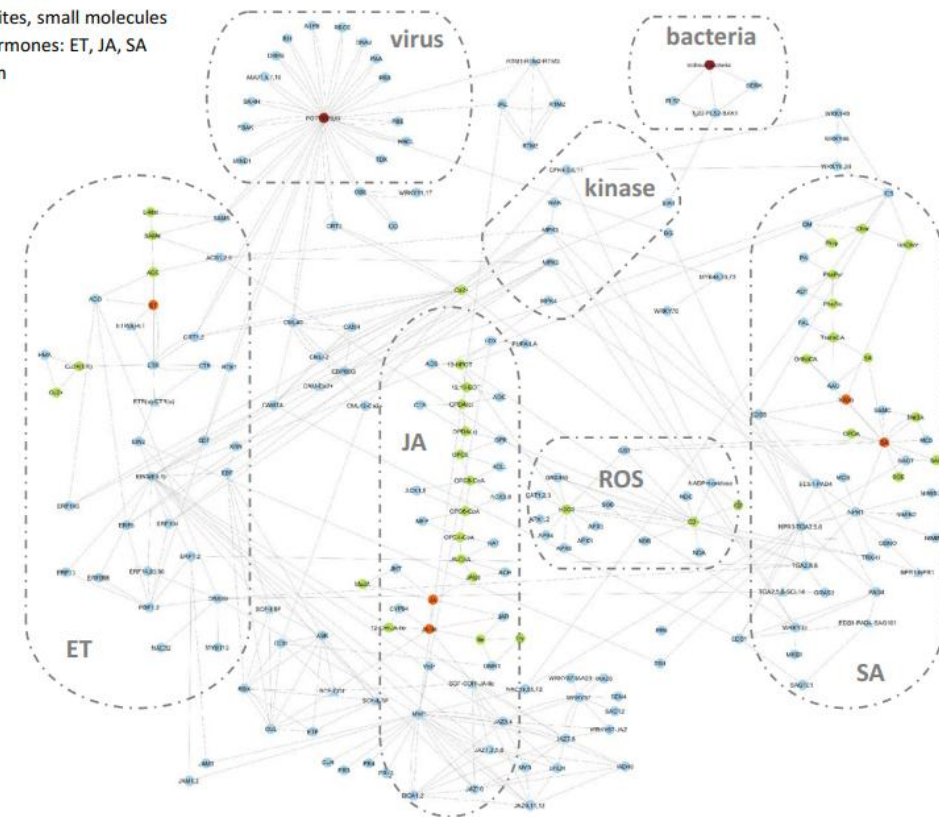




# Omrežja znanj



- Genes, proteins
- Metabolites, small molecules
- Phytohormones: ET, JA, SA
- Pathogen

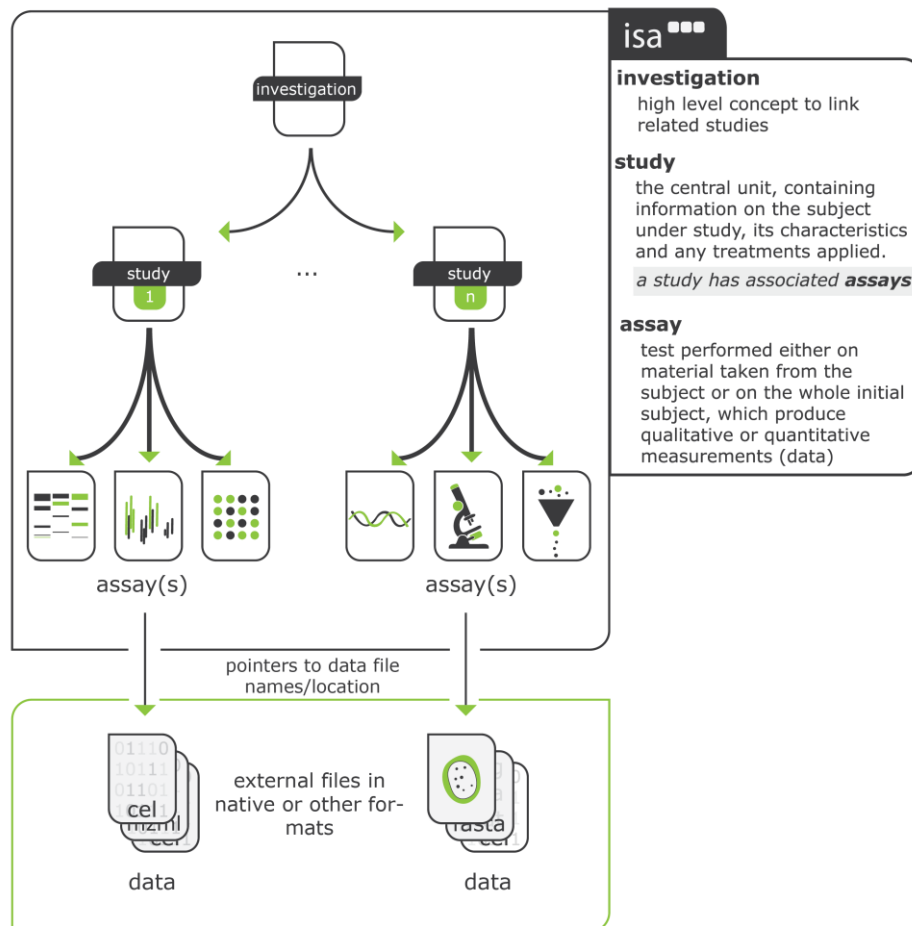


Primer omrežja znanj, ki povezuje molekule in signalne poti v rastlini, ki sodelujejo pri odzivu na biotski stres (virusi, bakterije)

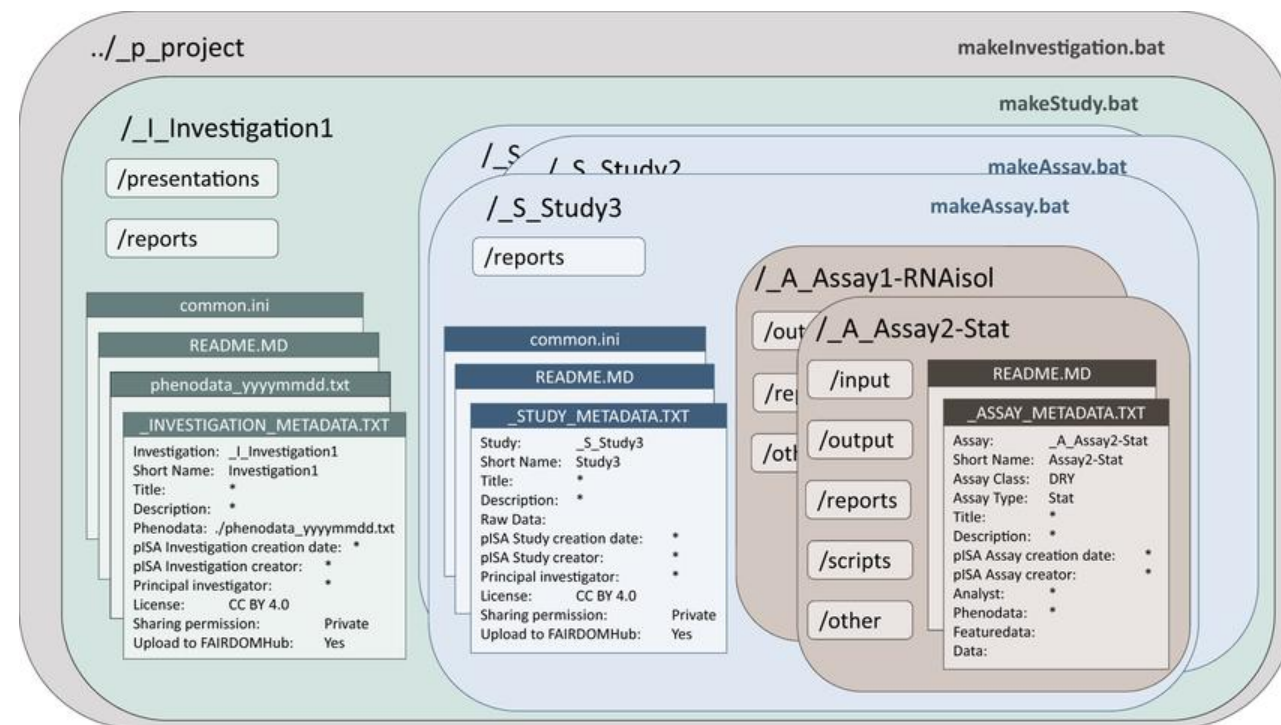
Bleker et al (2024) Stress Knowledge Map: A knowledge graph resource for systems biology analysis of plant stress responses, *Plant Communications*



# Sistemi za upravljanje podatkov v sistemski biologiji



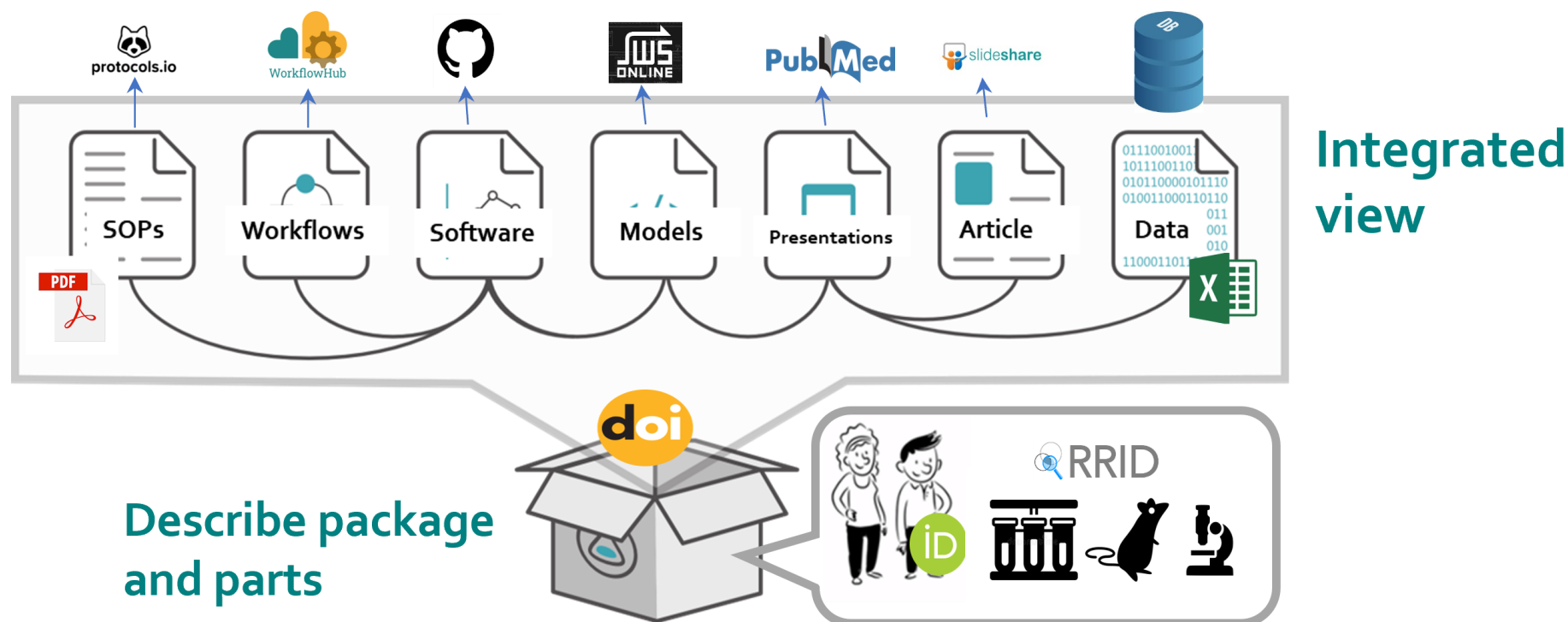
[ISA tools | Standardizing metadata for scientific experiments](#)



[GitHub - NIB-SI/pISA-tree: pISA-tree: Standard project directory tree \( ISA framework compliant \)](#)



# Sistemi za upravljanje podatkov v sistemski biologiji





# Tipi metapodatkov v sistemski biologiji

Key name	Key value
Measurement Type	<i>transcriptional profiling</i>
Technology Type	<i>quantitative PCR</i>
Lab manager	
<b>Assay optimisation/validation</b>	
Assay chemistry	<i>TaqMan Probe/MGB Probe/SYBRGreen/mixed</i>
Assay optimisation protocol (file path, link or citation)	
Pipetting	<i>liquid handling station/manual</i>
Reaction volume	
<b>qPCR</b>	
qPCR platform	<i>HT7900 Fast, ABI (SDS)/Via7, ABI (QuantStudio)/QuantStudio7 Flex, ABI (QuantStudio)/QuantStudio7 Pro, ABI (Design and Analysis)/LightCycler 480, Roche (LightCycler 480)</i>
qPCR protocol (file path, link or citation)	
One-step RT-PCR (RNA as input)	<i>No/Yes</i>
Well format	<i>384/96/tubes</i>
MasterMix	<i>FastStart Universal Probe Master (ROX), Roche (4914058001)/TaqMan Universal PCR Master mix, ABI (4318157)/Power SYBR®Green PCR Master Mix, ABI (4367659)</i>
No. sample technical replicates	
No. sample dilutions	
PCR controls used	<i>NTC only/NTC and PC/only PC/None</i>
No. standard curve dilutions (if using)	
Operator	
<b>Data analysis</b>	
Cq value determination software (if different from PCR platform)	
Quantification software	<i>quantGenius/Excel</i>
qPCR quantification method	<i>relative standard curve/absolute standard curve/ddCq</i>
Notes	

minimalne  
 informacije  
 o meritvi/testu

[GitHub - NIB-SI/pISA-tree-assay-types:](https://github.com/NIB-SI/pISA-tree-assay-types)  
 Collection of pISA-tree assay types.



# Tipi metapodatkov v sistemski biologiji

Legend	
position on the leaf	
1 lateral edge	
2 middle	
close to	
3 midrib	
4 tip edge	
5 base edge	
orientation	
1 parallel to vein, mid to edge	
2 parallel to vein, edge to mid	
perpendicular to closest	
3 vein, tip to base	
perpendicular to closest	
4 vein, base to tip	
5 any other angle	
6 on the vein	
lesion size	
1 small	
2 average	
3 large	

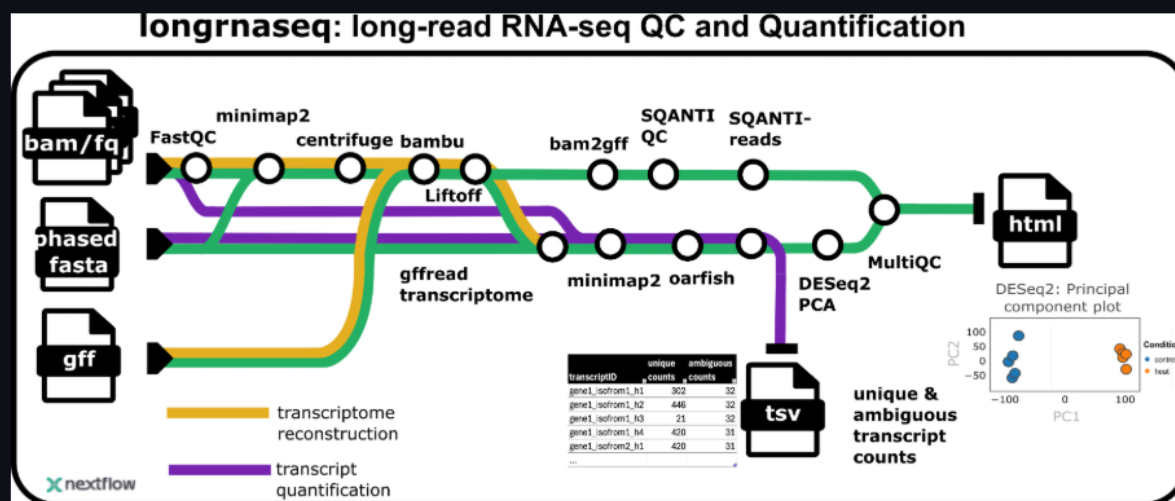
minimalne  
 informacije  
 o vzorcu

unique_sample_name	qPCRname	biological replicate	lesion no.	position in relation to the lesion	plant	leaf	position on the leaf	orientation	lesion size	sampling time	cultivar	PVY strain
5_R_W_2E	R_W_2E	5	2	A	8	2	3	1	3	lesion	Rywal	WIga
5_R_W_2F	R_W_2F	5	2	B	8	2	3	1	3	lesion	Rywal	WIga
5_R_W_2G	R_W_2G	5	2	C	8	2	3	1	3	lesion	Rywal	WIga
5_R_W_2H	R_W_2H	5	2	D	8	2	3	1	3	lesion	Rywal	WIga
5_R_W_8E	R_W_8E	5	8	A	4	3	2	5	2	lesion	Rywal	WIga
5_R_W_8F	R_W_8F	5	8	B	4	3	2	5	2	lesion	Rywal	WIga
5_R_W_8G	R_W_8G	5	8	C	4	3	2	5	2	lesion	Rywal	WIga
5_R_W_8H	R_W_8H	5	8	D	4	3	2	5	2	lesion	Rywal	WIga



# Tipi metapodatkov v sistemski biologiji

## longrnaseq



t.i.  
**README**  
datoteke

## Introduction

**longrnaseq** is a bioinformatics pipeline that processes long-read RNA sequencing data. The pipeline performs quality control, alignment, classification, contamination detection, and transcript quantification for long-read RNA-seq data from multiple samples. This pipeline is part of the [LongPolyASE](#) framework for long-read RNA-seq allele-specific expression analysis in polyploid organisms.

**Disclaimer:** this pipeline uses the nf-core template but it is not part of nf-core itself.

The pipeline includes the following main steps:

1. Read QC ( [FastQC](#) )
2. Present QC for samples ( [MultiQC](#) )
3. Genome alignment ( [Minimap2](#) )
4. Contamination detection ( [Centrifuge](#) )
5. Comparison of samples by transcript classification ( [SQANTI-reads](#) )
6. Transcript quantification ( [Oarfish](#) ) and gene-level summarization



SUSPHIRE

Sustainable Bioproduction of Pheromones  
for Insect Pest Control in Agriculture

SP<sup>o</sup>ZNAJ  
PODPORA PRI UVAJANJU NAČEL ODPRTE ZNANOSTI V SLOVENIJI



## Opis projekta

- Podatke, ki jih bomo pokazali na delavnici, so del projekta SUSPHIRE financiranega iz EU sheme [ERACoBiotech](#)
- Projektni konzorcij:
  - 1) CSIC IBMCP, Španija (koordinator)
  - 2) The Earlham Institute (EI), Združeno kraljestvo
  - 3) Technische Universität Darmstadt (TUDA), Nemčija
  - 4) Nacionalni inštitut za biologijo (NIB), Slovenija
  - 5) Ecologia y Protección Agrícola (EPA), Španija (podjetje, SME)
- Trajanje projekta: 2018 – 2021
- Celokupna vrednost financiranja: 1.6 €M



© SUSPHIRE consortium



# Opis projekta – delovni sklopi

**SUSPHIRE**

Sustainable Bioproduction of Pheromones  
for Insect Pest Control in Agriculture

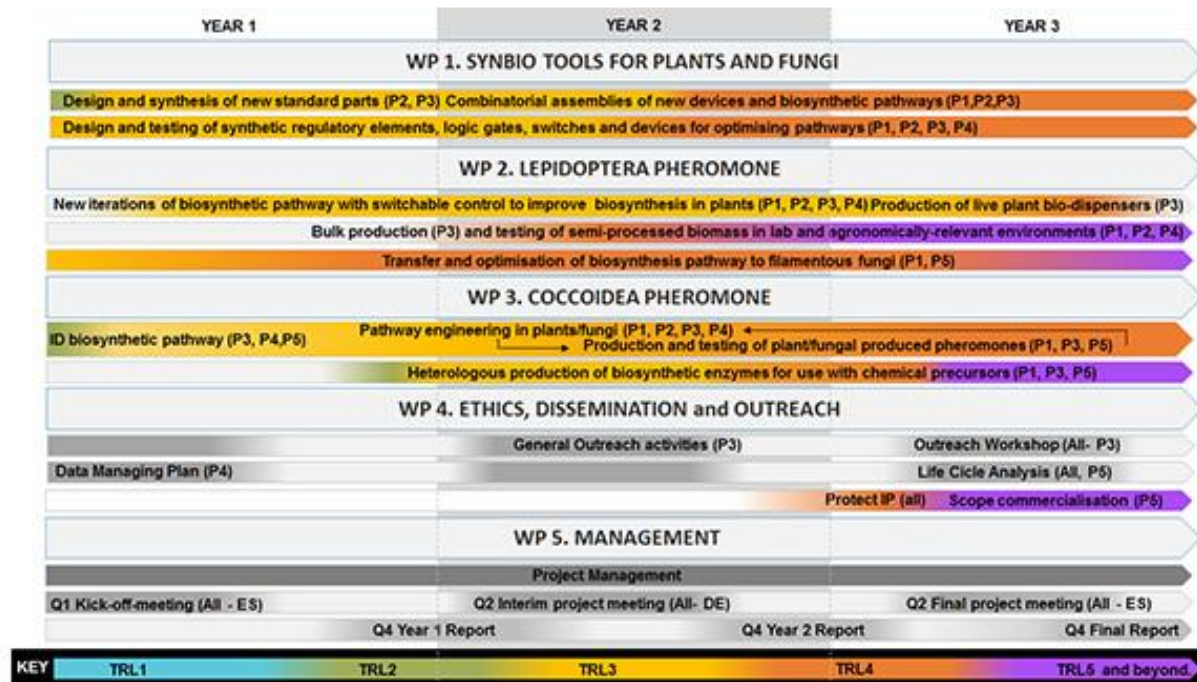
DS1 – Orodja sintezne biologije za rastline in glive

DS2 – Feromoni metuljev (Lepidoptera)

DS3 – Feromoni mokožev (Coccoidea)

DS4 – Etika, razširjanje in ozaveščanje

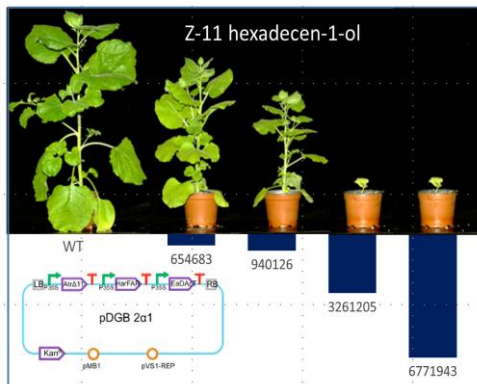
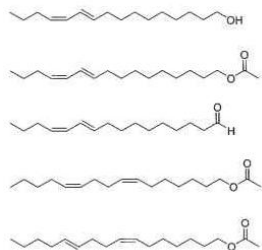
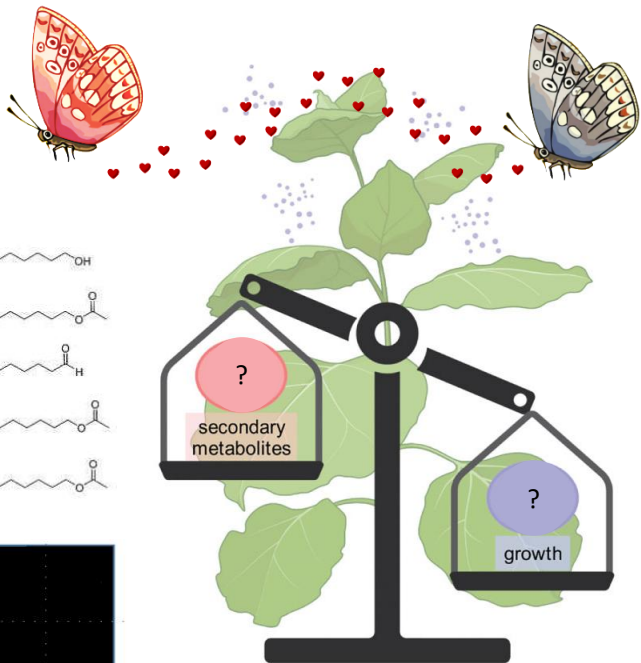
DS5 – Upravljanje projekta





# Opis projekta

## DS2 – Feromoni metuljev (Lepidoptera)

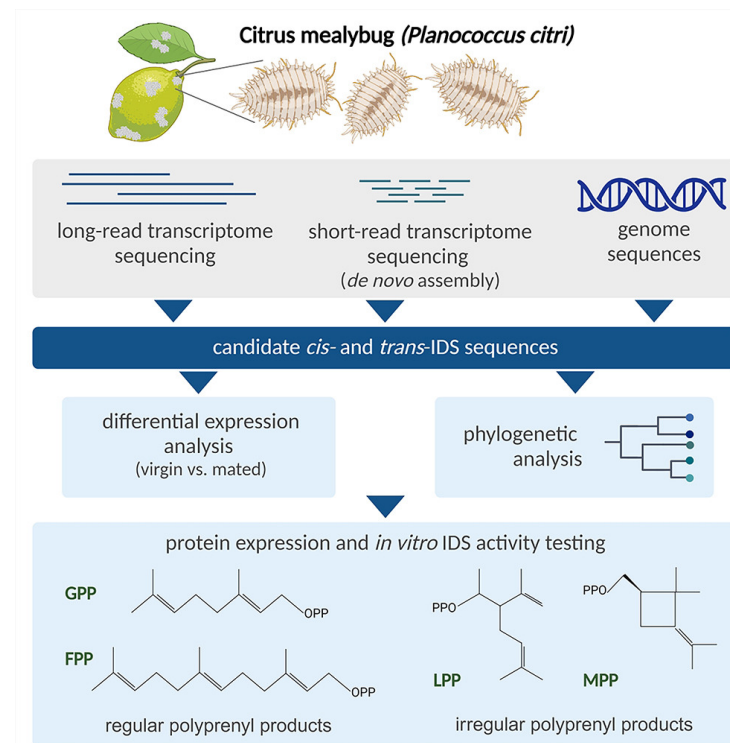


SUSPHIRE

Sustainable Bioproduction of Pheromones  
for Insect Pest Control in Agriculture



## DS3 – Feromoni mokaarjev (Coccoidea)





# Opis ravnanja z raziskovalnimi podatki ob prijavi

## GLAVNI POUČARKI BESEDILA V PROJEKTI PRIJAVI:

1. Odgovorne osebe:
  - a) DMP responsible person (Marko Petek, NIB) – je v funkciji podatkovnega svetovalca za projekt
  - b) PALS (project and area liaisons) – ena oseba pri vsakem konzorcijskem partnerju, so v funkciji podatkovnega skrbnika
2. Pri vsakem konzorcijskem partnerju je 10 dni/leto namensko za upravljanje s podatki, NIB 3 mesece/leto
3. Vsako leto se organizirata 2 sestanka podatkovnih skrbnikov (1 v živo, 1 preko spleta)
4. Priložena je tabela s podatkovnimi sklopi, ki jih bomo generirali tekom projekta (glej naslednjo prosojnico)
5. Predvideli smo, da bomo celokupno generirali do 2 TB podatkov
6. Eksperimentalni podatki bodo shranjeni v ISA strukturi; uporabljali bomo pISA-tree sistem za lokalno shranjevanje podatkov
7. Za dolgotrajno hranjenje podatkov smo izbrali splošni podatkovni repozitorij FAIRDOMHub v kombinaciji z področno-specifičnimi repozitoriji e.g. GEO, SRA
8. Podatke bodo na repozitorijih javno objavili podatkovni skrbniki po tem ko o tem odloči konzorcij





# 1. Ponovna uporaba obstoječih podatkov

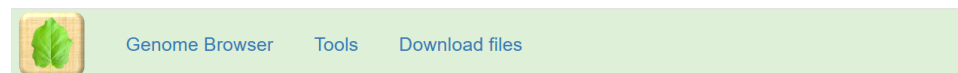
*Nicotiana benthamiana* genom za mapiranje



transkriptomskih odčitkov

Kurotani et al (2023) Genome Sequence and Analysis of *Nicotiana benthamiana*, the Model Plant for Interactions between Organisms, *Plant and Cell Physiology* 64(2):248-257, <https://doi.org/10.1093/pcp/pcac168>

<https://nbenthamiana.jp/downloads>



## NbenBase

Genome & Gene Expression Database for *Nicotiana benthamiana*

### ↓ Download



[N. benthamiana genome fasta \(Nbe\\_v1.1\\_scf.fa.gz\)](#)

[N. benthamiana chromosome 01-19 fasta \(Nbe.v1.1.chr01-19.fa.gz\)](#)

[N. benthamiana CDS fasta \(Nbe\\_v1.1\\_cds.fa.gz\)](#)

[N. benthamiana CDS\\_HC fasta \(Nbe\\_v1.1\\_cds\\_HC.fa.gz\)](#)

[N. benthamiana CDS\\_LC fasta \(Nbe\\_v1.1\\_cds\\_LC.fa.gz\)](#)

[N. benthamiana CDS\\_TE fasta \(Nbe\\_v1.1\\_cds\\_TE.fa.gz\)](#)

[N. benthamiana Peptide fasta \(Nbe\\_v1.1\\_pep.fa.gz\)](#)

[N. benthamiana Peptide\\_HC fasta \(Nbe\\_v1.1\\_pep\\_HC.fa.gz\)](#)

[N. benthamiana Peptide\\_LC fasta \(Nbe\\_v1.1\\_pep\\_LC.fa.gz\)](#)

[N. benthamiana Peptide\\_TE fasta \(Nbe\\_v1.1\\_pep\\_TE.fa.gz\)](#)



[N. benthamiana GFF3 file \(Nbe\\_v1.1.2.sorted.fixed.gff3.gz\)](#)

[N. benthamiana GFF3 file \(Nbe\\_v1.1.2\\_HC.fixed.gff3.gz\)](#)



## 2. Ustvarjanje podatkov – Experimentalni načrt

Za transkriptomiko in metabolomiko so partnerji v Španiji vzorčili liste rastlin

WT *N. benthamiana*



SxPv1 z nizko  
produkcijo feromovov

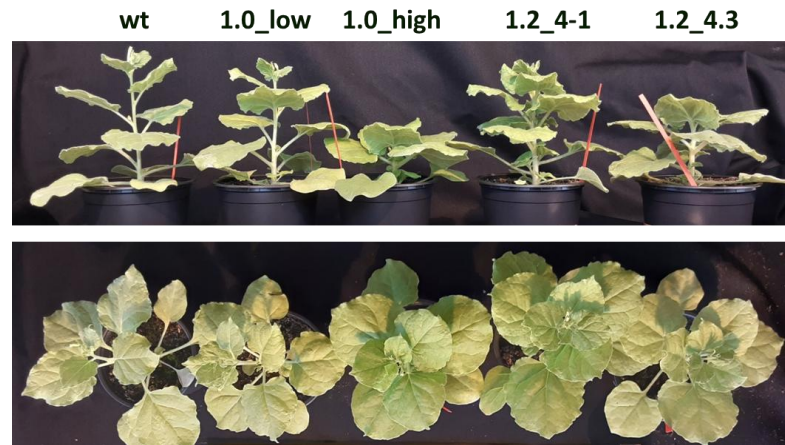


SxPv1 z visoko  
produkcijo feromovov





## 2. Ustvarjanje podatkov - fenomika



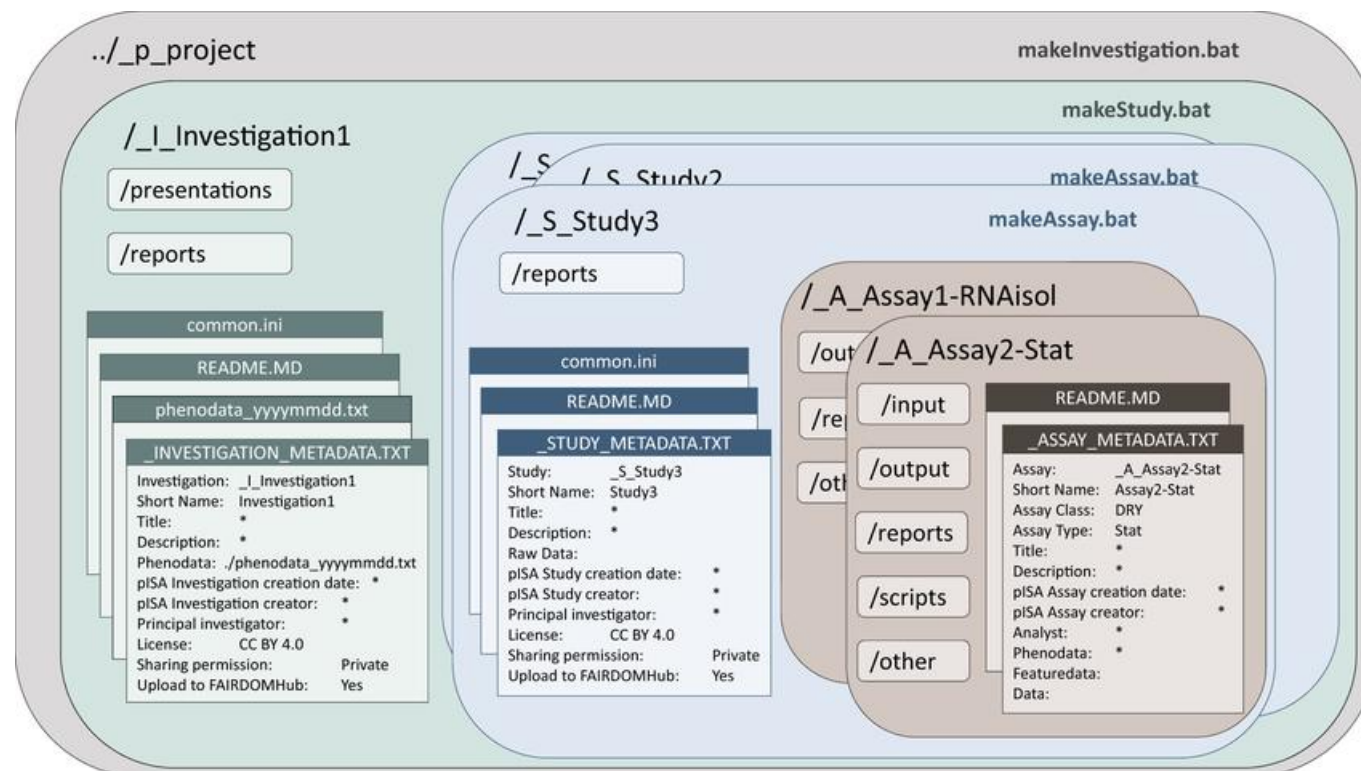
za zajem fotografij je bil  
uporabljen fotoaparatus na  
fiksni razdalji od podlage





## 3. Organiziranje in dokumentiranje podatkov

Uporabili smo sistem pISA-tree



- [Organiziranje in dokumentiranje podatkov – Priročnik o načrtovanju ravnanja z raziskovalnimi podatki](#)
- [GitHub - NIB-SI/pISA-tree: pISA-tree: Standard project directory tree \( ISA framework compliant \)](#)



## 3. Organiziranje in dokumentiranje podatkov

Podatke smo razporedili v Investigation direktorije po glavnih nalogah (Tasks) znotraj delovnih sklopov (WP), v katerih smo generirali raziskovalne podatke:

- WP1: T1.1\_dCasoSynProm, T1.2\_CuInducible
- WP2: T2.1\_SXPsysbio, T2.2\_SxPv2, T2.3\_SxF, T2.4\_phero
- WP3: T3.1\_mealybug, T3.2\_CandidateGeneExpressionTesting, T3.3MonoterpenoidsFungi, T3.3MonoterpenoidsPlants

Name	Date modified
_I_T11_dCas9SynProm	6. 01. 2022 11:21
_I_T12_CuInducible	10. 01. 2022 11:50
_I_T21_SXPsysbio	11. 06. 2024 12:13
_I_T22_SxPv2	16. 04. 2024 10:41
_I_T23_SxF	12. 04. 2022 17:47
_I_T24_phero	12. 04. 2022 18:13
_I_T31_mealybug	13. 05. 2022 16:00
_I_T32_CandidateGeneExpressionTesting	16. 05. 2022 15:38
_I_T33_MonoterpenoidsFungi	18. 05. 2022 11:41
_I_T33_MonoterpenoidsPlants	24. 05. 2022 10:17
dl_from_Partners	31. 12. 2021 11:21
presentations	5. 09. 2023 09:42
reports	18. 06. 2025 10:29
_PROJECT_METADATA.TXT	7. 12. 2021 14:14



## 3. Organiziranje in dokumentiranje podatkov

- metapodatki o projektu, raziskavah, poskusih in analizah so shranjeni v txt datotekah

The image shows four overlapping text editor windows, each displaying a different level of metadata for a project. The windows are titled as follows:

- \_PROJECT\_METADATA.TXT**:  
project: \_p\_SUSPHIRE  
Short Name: SUSPHIRE  
Title: Sus  
Description: production  
expand the  
pISA projec  
Principal i  
License:  
Sharing per  
Upload to F  
Institution  
Agrochemist  
(NIB), Slov  
Project sta  
Project end
- \_INVESTIGATION\_METADATA.TXT**:  
Investigation: \_I\_T21\_SXPsysbio  
Short Name: T21\_SXPsysbio  
Title: Use a systems biology approach to identify regulatory bottlenecks in SxPv1  
Description: Samples from SXPv1.0 plants as well as sister nulls (progeny from the original transgenic event in which the transgene has segregated) and wild type will be grown and leaf samples taken for RNA extraction and profiling of primary metabolites and volatiles (target pheromones as well as potential derivatives) (P1\_ P5). Phenotvpic and GC-MS data will be obtained and analysed from plants of the second and third generation of the (NIB). Comparative mapped to the late plants (Arabidops: enrichment analys: metabolic pathways: analysed using di  
These will be used biosynthesis path  
Phenodata: ./.  
Featuredata:  
Principal investig  
License: C  
Sharing permisio  
Upload to FAIRDOM
- \_STUDY\_METADATA.TXT**:  
Study: \_S\_P4\_SxP10-newG-DE  
Short Name: P4\_SxP10-newG-DE  
Title: SxPv1.0 RNA-seq analysis using the new Nb genome  
Description: Analysis of RNA-seq data (Illumina short reads) of two lines of SexyPlants (SxP v1.0) utilising the not yet published now  
Raw Data:  
Principal inves  
License:  
Sharing permis  
Upload to FAIRD
- \_Assay\_METADATA.TXT**:  
Assay: \_A\_limmavoomDE-R  
Short Name: limmavoomDE-R  
Assay Class: DRY  
Assay Type: R  
Title: Differential expression analysis of SxP mapping to the new genome  
Description: Data - total counts from mapping of SxPv1.0 reads to the NbV1 genome. Contrasting high-low, high-wt, low-wt  
pISA Assay creation date: 2020-01-31  
pISA Assay creator: Mojca Juteršek  
Analyst: Mojca Juteršek  
Phenodata: ../..phenodata\_20181212.xlsx

At the bottom of the windows, there is a status bar showing: Vrstica 6, stolpec 63 | 434 znakov | Navadno besedilo | 90% | Windows (CRLF) | UTF-8

# 3. Organiziranje in dokumentiranje podatkov transkriptomike

- surove transkriptomske velepodatke shranjujemo v internem NIB repozitoriju:
- uporabljamo standardne formate za podatke (FASTQ) in metapodatke (txt ali xlsx)
- varnost: podatki so varnostno kopirani, datoteke z md5 kodami
- podatkom poleg metapodatkov o vzorcih in poskusih dodamo tudi poročila servisa za sekvenciranje, ki vsebujejo tudi podatke o kontroli kvalitete

```
(base) heron:markop[/data-repository/raw_data/ngs_omics]$ ls *SUSPHIRE*
NGS_nbe_rna-seq_2019_markop_SUSPHIRE-benthamiana:
Phenodata_NGS_nbe_rna-seq_2019_markop_SUSPHIRE-benthamiana.xlsx data/ reports/

NGS_nbe_rna-seq_2021_mojcaj_SUSPHIRE-sxp-v12:
Phenodata_NGS_nbe_rna-seq_2021_mojcaj_SUSPHIRE-sxp-v12.txt data/ reports/

NGS_pci_rna-seq_2018_markop_SUSPHIRE-Pcitra:
Phenodata_NGS_pci_rna-seq_2018_markop_SUSPHIRE-Pcitra.xlsx data/ reports/

NGSexternal_pci_rna-seq_2019_markop_SUSPHIRE-Edinburgh:
Phenodata_NGSexternal_pci_rna-seq_2019_markop_SUSPHIRE-Edinburgh.xlsx data/ reports/
```

```
(base) heron:markop[/data-repository/raw_data/ngs_omics/NGS_nbe_rna-seq_2021_mojcaj_SUSPHIRE-sxp-v12/data]$ ll
total 42G
drwxr-xr-x 2 datarepo datarepo 4.0K Nov  8 2021 ./
drwxr-xr-x 4 datarepo datarepo 4.0K Jan 15 2024 ../
-rwxr-xr-x 1 datarepo datarepo 2.6G Oct  8 2021 Nb_WT1_1.fq.gz
-rwxr-xr-x 1 datarepo datarepo 2.6G Oct  9 2021 Nb_WT1_2.fq.gz
-rwxr-xr-x 1 datarepo datarepo 1.8G Oct  8 2021 Nb_WT2_1.fq.gz
-rwxr-xr-x 1 datarepo datarepo 1.8G Oct  9 2021 Nb_WT2_2.fq.gz
-rwxr-xr-x 1 datarepo datarepo 1.9G Oct  8 2021 Nb_WT3_1.fq.gz
-rwxr-xr-x 1 datarepo datarepo 1.9G Oct  9 2021 Nb_WT3_2.fq.gz
-rwxr-xr-x 1 datarepo datarepo 1.7G Oct  8 2021 Nb_WT4_1.fq.gz
-rwxr-xr-x 1 datarepo datarepo 1.7G Oct  9 2021 Nb_WT4_2.fq.gz
-rwxr-xr-x 1 datarepo datarepo 1.4G Oct  8 2021 SXP12_411_1.fq.gz
-rwxr-xr-x 1 datarepo datarepo 1.5G Oct  9 2021 SXP12_411_2.fq.gz
-rwxr-xr-x 1 datarepo datarepo 1.5G Oct  8 2021 SXP12_413_1.fq.gz
-rwxr-xr-x 1 datarepo datarepo 1.6G Oct  9 2021 SXP12_413_2.fq.gz
-rwxr-xr-x 1 datarepo datarepo 1.7G Oct 12 2021 SXP12_416_1.fq.gz
-rwxr-xr-x 1 datarepo datarepo 1.7G Oct 12 2021 SXP12_416_2.fq.gz
-rwxr-xr-x 1 datarepo datarepo 1.7G Oct  8 2021 SXP12_418_1.fq.gz
-rwxr-xr-x 1 datarepo datarepo 1.8G Oct  9 2021 SXP12_418_2.fq.gz
-rwxr-xr-x 1 datarepo datarepo 1.5G Oct  8 2021 SXP12_4310_1.fq.gz
-rwxr-xr-x 1 datarepo datarepo 1.5G Oct  9 2021 SXP12_4310_2.fq.gz
-rwxr-xr-x 1 datarepo datarepo 1.7G Oct 12 2021 SXP12_432_1.fq.gz
-rwxr-xr-x 1 datarepo datarepo 1.8G Oct 12 2021 SXP12_432_2.fq.gz
-rwxr-xr-x 1 datarepo datarepo 2.0G Oct  8 2021 SXP12_434_1.fq.gz
-rwxr-xr-x 1 datarepo datarepo 2.1G Oct  9 2021 SXP12_434_2.fq.gz
-rwxr-xr-x 1 datarepo datarepo 1.5G Oct  8 2021 SXP12_439_1.fq.gz
-rwxr-xr-x 1 datarepo datarepo 1.6G Oct  9 2021 SXP12_439_2.fq.gz
```

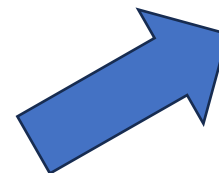
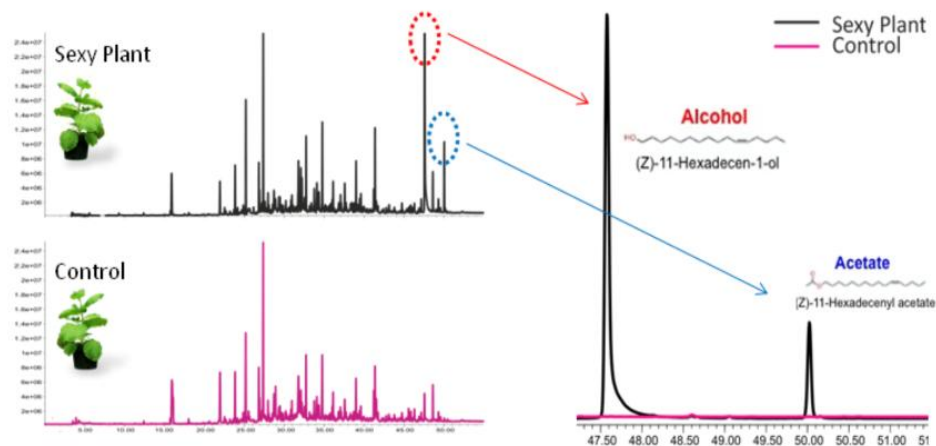
```
(base) heron:markop[/data-repository/raw_data/ngs_omics/NGS_nbe_rna-seq_2021_mojcaj_SUSPHIRE-sxp-v12/reports]$ ll
total 3.0M
drwxr-xr-x 2 datarepo datarepo 4.0K Feb  1 2022 ./
drwxr-xr-x 4 datarepo datarepo 4.0K Jan 15 2024 ../
-rwxr-xr-x 1 datarepo datarepo 182K Oct 12 2021 NGS_nbe_rna-seq_2021_mojcaju_SUSPHIRE-sxp-v12_RAWDATA-README.pdf
-rwxr-xr-x 1 datarepo datarepo 2.8M Nov  8 2021 NGS_nbe_rna-seq_2021_mojcaju_SUSPHIRE-sxp-v12_REPORT.zip
-rwxr-xr-x 1 datarepo datarepo 1.2K Nov  8 2021 NGS_nbe_rna-seq_2021_mojcaju_SUSPHIRE-sxp-v12_md5-provider.txt
-rwxr-xr-x 1 datarepo datarepo 1.4K Nov  8 2021 NGS_nbe_rna-seq_2021_mojcaju_SUSPHIRE-sxp-v12_md5-ziva.txt
```

# 3. Organiziranje in dokumentiranje podatkov metabolomike

surovi podatki in metapodatki za vsak vzorec generiran z GC-MS aparaturom:

- odprti formati -> TXT, INI
- zaprti formati -> MS, (XLS)

Iz kromatogramov (\*.MS) dobimo retencijske čase na koloni, višine vrhov in AUC, ki jih izvozimo v TXT in XLS datoteke



Name	Type
acqmeth.txt	Dokument z besedilom
audit.txt	Dokument z besedilom
cnorm.ini	Nastavitve konfiguracije
DATA.MS	MS File
DATASIM.MS	MS File
epatemp.txt	Dokument z besedilom
fileinfo.txt	Dokument z besedilom
IGEM 2018 short Q.RES	RES File
IGEM 2018 short Q.XLS	Microsoft Excel 97-2003 Worksheet
PRE_POST.INI	Nastavitve konfiguracije
RESULTS.CSV	Microsoft Excel Comma Separated Values File
rteres.txt	Dokument z besedilom



## 3. Organiziranje in dokumentiranje podatkov

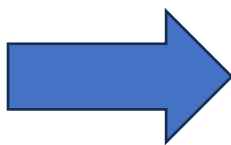
Ustvarjeni podatki	Transkriptomika	Metabolomika	Fenotipizacija
Format	fastq	Surovi podatki, ms	csv, txt, tiff, surovi podatki
Pričakovana velikost	< 500 GB	< 10 GB	500 GB
Standard minimalnih informacij	<a href="#">MINSEQE</a> , <a href="#">MIQUE</a>	MIAPE	MIAPPE
Podatkovni standard*	<a href="#">MAGE-TAB</a>	mzidenML, mzQuantML	/
Ontologije in nadzorovani besednjaki	<a href="#">GO</a> , <a href="#">KEGG</a> , <a href="#">MapMan</a>	<a href="#">GO</a> , <a href="#">KEGG</a> , <a href="#">MapMan</a>	CropOntology, PO, PTO
Repozitorij za dolgotrajno hrambo	<a href="#">GEO</a> , <a href="#">SRA</a>	PRIDE	GitHub & Zenodo, FAIRDOMHub



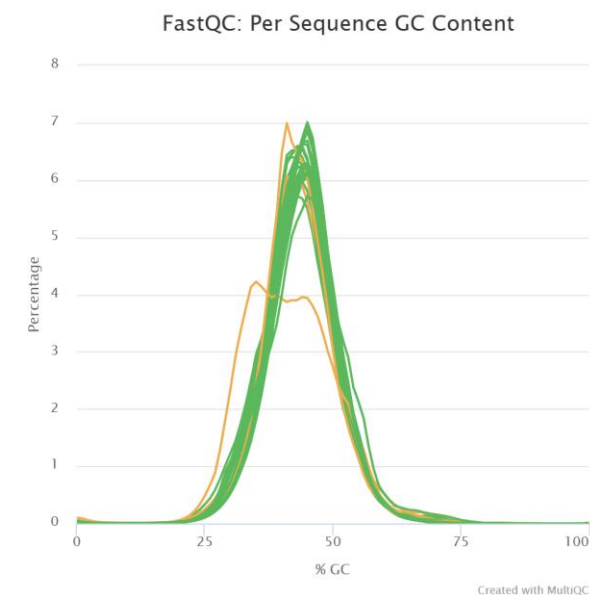
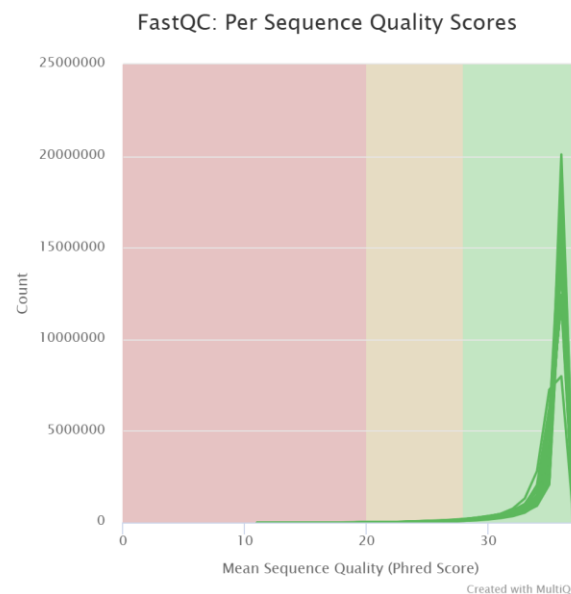
# 4. Obdelava podatkov transkriptomike

- Obdelava podatkov sekvenciranja RNA (RNA-seq)

```
total 69G
drwxr-xr-x 2 datarepo datarepo 4.0K Apr 19 2019 /
drwxr-xr-x 4 datarepo datarepo 4.0K Nov 30 2021 ../
-rwxr-xr-x 1 datarepo datarepo 1.7G Feb 20 2019 5_1_10_1_1.fastq.gz
-rwxr-xr-x 1 datarepo datarepo 1.8G Feb 20 2019 5_1_10_1_2.fastq.gz
-rwxr-xr-x 1 datarepo datarepo 1.7G Feb 20 2019 5_1_10_2_1.fastq.gz
-rwxr-xr-x 1 datarepo datarepo 1.8G Feb 20 2019 5_1_10_2_2.fastq.gz
-rwxr-xr-x 1 datarepo datarepo 1.4G Feb 25 2019 5_1_10_3_1.fastq.gz
-rwxr-xr-x 1 datarepo datarepo 1.6G Feb 25 2019 5_1_10_3_2.fastq.gz
-rwxr-xr-x 1 datarepo datarepo 1.8G Feb 20 2019 5_1_10_4_1.fastq.gz
-rwxr-xr-x 1 datarepo datarepo 1.9G Feb 20 2019 5_1_10_4_2.fastq.gz
-rwxr-xr-x 1 datarepo datarepo 1.8G Feb 20 2019 5_1_7_1_1.fastq.gz
-rwxr-xr-x 1 datarepo datarepo 1.8G Feb 20 2019 5_1_7_1_2.fastq.gz
-rwxr-xr-x 1 datarepo datarepo 2.1G Feb 20 2019 5_1_7_3_1.fastq.gz
-rwxr-xr-x 1 datarepo datarepo 2.2G Feb 20 2019 5_1_7_3_2.fastq.gz
-rwxr-xr-x 1 datarepo datarepo 1.6G Feb 20 2019 5_1_7_4_1.fastq.gz
-rwxr-xr-x 1 datarepo datarepo 1.7G Feb 20 2019 5_1_7_4_2.fastq.gz
-rwxr-xr-x 1 datarepo datarepo 1.8G Feb 20 2019 5_1_7_7_1.fastq.gz
-rwxr-xr-x 1 datarepo datarepo 1.9G Feb 20 2019 5_1_7_7_2.fastq.gz
-rwxr-xr-x 1 datarepo datarepo 2.1G Feb 20 2019 5_2_4_3_1.fastq.gz
-rwxr-xr-x 1 datarepo datarepo 2.2G Feb 20 2019 5_2_4_3_2.fastq.gz
-rwxr-xr-x 1 datarepo datarepo 1.5G Feb 20 2019 5_2_4_4_1.fastq.gz
-rwxr-xr-x 1 datarepo datarepo 1.5G Feb 20 2019 5_2_4_4_2.fastq.gz
-rwxr-xr-x 1 datarepo datarepo 1.5G Feb 26 2019 5_2_4_6_1.fastq.gz
-rwxr-xr-x 1 datarepo datarepo 1.6G Feb 26 2019 5_2_4_6_2.fastq.gz
-rwxr-xr-x 1 datarepo datarepo 2.0G Feb 20 2019 5_2_4_7_1.fastq.gz
-rwxr-xr-x 1 datarepo datarepo 2.0G Feb 20 2019 5_2_4_7_2.fastq.gz
-rwxr-xr-x 1 datarepo datarepo 1.8G Feb 20 2019 5_2_5_4_1.fastq.gz
-rwxr-xr-x 1 datarepo datarepo 1.8G Feb 20 2019 5_2_5_4_2.fastq.gz
-rwxr-xr-x 1 datarepo datarepo 1.9G Feb 20 2019 5_2_5_5_1.fastq.gz
-rwxr-xr-x 1 datarepo datarepo 2.0G Feb 20 2019 5_2_5_5_2.fastq.gz
-rwxr-xr-x 1 datarepo datarepo 1.6G Feb 20 2019 5_2_5_6_1.fastq.gz
-rwxr-xr-x 1 datarepo datarepo 1.6G Feb 20 2019 5_2_5_6_2.fastq.gz
-rwxr-xr-x 1 datarepo datarepo 1.6G Mar 4 2019 5_2_5_8_1.fastq.gz
-rwxr-xr-x 1 datarepo datarepo 1.6G Mar 4 2019 5_2_5_8_2.fastq.gz
-rwxr-xr-x 1 datarepo datarepo 1.6G Feb 20 2019 WT1_1.fastq.gz
-rwxr-xr-x 1 datarepo datarepo 1.6G Feb 20 2019 WT1_2.fastq.gz
-rwxr-xr-x 1 datarepo datarepo 1.7G Feb 20 2019 WT2_1.fastq.gz
-rwxr-xr-x 1 datarepo datarepo 1.8G Feb 20 2019 WT2_2.fastq.gz
-rwxr-xr-x 1 datarepo datarepo 1.7G Feb 20 2019 WT3_1.fastq.gz
-rwxr-xr-x 1 datarepo datarepo 1.8G Feb 20 2019 WT3_2.fastq.gz
-rwxr-xr-x 1 datarepo datarepo 1.8G Feb 20 2019 WT5_1.fastq.gz
-rwxr-xr-x 1 datarepo datarepo 1.8G Feb 20 2019 WT5_2.fastq.gz
```



Kontrola kvalitete sekvenciranja





# 4. Obdelava podatkov transkriptomike

- Obdelava podatkov sekvenciranja RNA (RNA-seq)

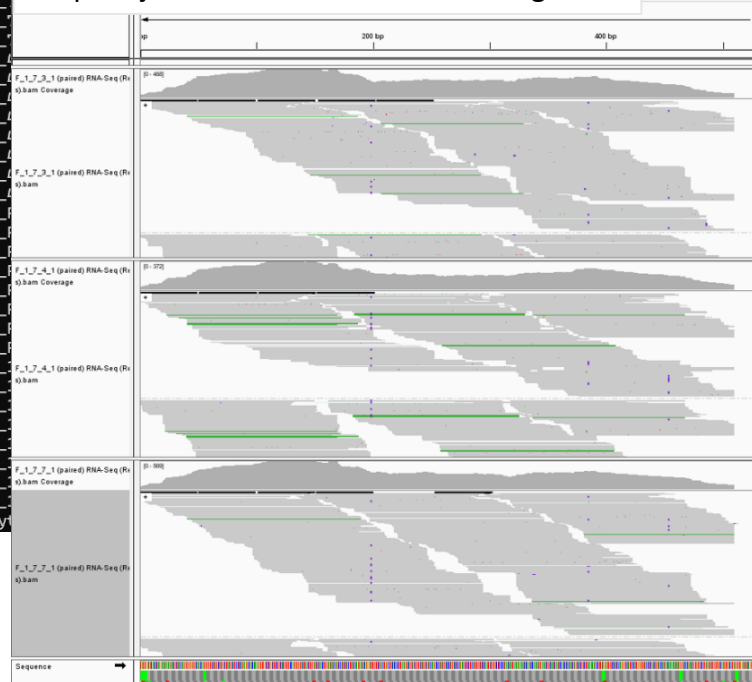
```

datarepo datarepo 1.7G Feb 20 2019 5_1_10_1_1.fastq.gz
datarepo datarepo 1.8G Feb 20 2019 5_1_10_1_2.fastq.gz
datarepo datarepo 1.7G Feb 20 2019 5_1_10_2_1.fastq.gz
datarepo datarepo 1.8G Feb 20 2019 5_1_10_2_2.fastq.gz
datarepo datarepo 1.4G Feb 25 2019 5_1_10_3_1.fastq.gz
datarepo datarepo 1.6G Feb 25 2019 5_1_10_3_2.fastq.gz
datarepo datarepo 1.8G Feb 20 2019 5_1_10_4_1.fastq.gz
datarepo datarepo 1.9G Feb 20 2019 5_1_10_4_2.fastq.gz
datarepo datarepo 1.8G Feb 20 2019 5_1_7_1_1.fastq.gz
datarepo datarepo 1.8G Feb 20 2019 5_1_7_1_2.fastq.gz
datarepo datarepo 2.1G Feb 20 2019 5_1_7_3_1.fastq.gz
datarepo datarepo 2.2G Feb 20 2019 5_1_7_3_2.fastq.gz
datarepo datarepo 1.6G Feb 20 2019 5_1_7_4_1.fastq.gz
datarepo datarepo 1.7G Feb 20 2019 5_1_7_4_2.fastq.gz
datarepo datarepo 1.8G Feb 20 2019 5_1_7_7_1.fastq.gz
datarepo datarepo 1.9G Feb 20 2019 5_1_7_7_2.fastq.gz
datarepo datarepo 2.1G Feb 20 2019 5_2_4_3_1.fastq.gz
datarepo datarepo 2.2G Feb 20 2019 5_2_4_3_2.fastq.gz
datarepo datarepo 1.5G Feb 20 2019 5_2_4_4_1.fastq.gz
datarepo datarepo 1.5G Feb 20 2019 5_2_4_4_2.fastq.gz
datarepo datarepo 1.5G Feb 26 2019 5_2_4_6_1.fastq.gz
datarepo datarepo 1.6G Feb 26 2019 5_2_4_6_2.fastq.gz
datarepo datarepo 2.0G Feb 20 2019 5_2_4_7_1.fastq.gz
datarepo datarepo 2.0G Feb 20 2019 5_2_4_7_2.fastq.gz
datarepo datarepo 1.8G Feb 20 2019 5_2_5_4_1.fastq.gz
datarepo datarepo 1.8G Feb 20 2019 5_2_5_4_2.fastq.gz
datarepo datarepo 1.9G Feb 20 2019 5_2_5_5_1.fastq.gz
datarepo datarepo 2.0G Feb 20 2019 5_2_5_5_2.fastq.gz
datarepo datarepo 1.6G Feb 20 2019 5_2_5_6_1.fastq.gz
datarepo datarepo 1.6G Feb 20 2019 5_2_5_6_2.fastq.gz
datarepo datarepo 1.6G Mar 4 2019 5_2_5_8_1.fastq.gz
datarepo datarepo 1.6G Mar 4 2019 5_2_5_8_2.fastq.gz
datarepo datarepo 1.6G Feb 20 2019 WT1_1.fastq.gz
datarepo datarepo 1.6G Feb 20 2019 WT1_2.fastq.gz
datarepo datarepo 1.7G Feb 20 2019 WT2_1.fastq.gz
datarepo datarepo 1.8G Feb 20 2019 WT2_2.fastq.gz
datarepo datarepo 1.7G Feb 20 2019 WT3_1.fastq.gz
datarepo datarepo 1.8G Feb 20 2019 WT3_2.fastq.gz
datarepo datarepo 1.8G Feb 20 2019 WT5_1.fastq.gz
datarepo datarepo 1.8G Feb 20 2019 WT5_2.fastq.gz
  
```

```

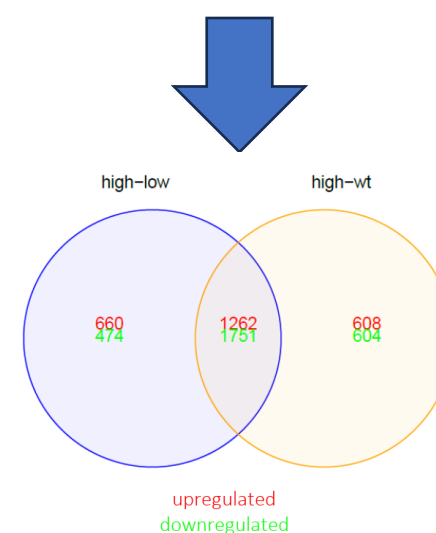
15,835,613 F_1_10_1_1 (paired) RNA-Seq (Reads).bam
616 F_1_10_1_1 (paired) RNA-Seq (Reads).bam
14,099,105 F_1_10_2_1 (paired) RNA-Seq (Reads).bam
632 F_1_10_2_1 (paired) RNA-Seq (Reads).bam
16,012,039 F_1_10_3_1 (paired) RNA-Seq (Reads).bam
600 F_1_10_3_1 (paired) RNA-Seq (Reads).bam
16,110,404 F_1_10_4_1 (paired) RNA-Seq (Reads).bam
600 F_1_10_4_1 (paired) RNA-Seq (Reads).bam
15,752,253 F_1_7_1_1 (paired) RNA-Seq (Reads).bam
600 F_1_7_1_1 (paired) RNA-Seq (Reads).bam
20,120,277 F_1_7_3_1 (paired) RNA-Seq (Reads).bam
600 F_1_7_3_1 (paired) RNA-Seq (Reads).bam
16,093,053 F_1_7_4_1 (paired) RNA-Seq (Reads).bam
17,264,613 F_1_7_4_2 (paired) RNA-Seq (Reads).bam
14,329,221 F_1_7_7_1 (paired) RNA-Seq (Reads).bam
11,782,047 F_1_7_7_2 (paired) RNA-Seq (Reads).bam
17,600,421 F_2_4_3_1 (paired) RNA-Seq (Reads).bam
17,972,672 F_2_4_3_2 (paired) RNA-Seq (Reads).bam
17,210,472 F_2_4_4_1 (paired) RNA-Seq (Reads).bam
15,304,329 F_2_4_4_2 (paired) RNA-Seq (Reads).bam
17,972,672 F_2_4_6_1 (paired) RNA-Seq (Reads).bam
17,210,472 F_2_4_6_2 (paired) RNA-Seq (Reads).bam
15,304,329 F_2_4_7_1 (paired) RNA-Seq (Reads).bam
14,214,522 F_2_4_7_2 (paired) RNA-Seq (Reads).bam
18,467,265 F_2_5_4_1 (paired) RNA-Seq (Reads).bam
19,793,101 F_2_5_4_2 (paired) RNA-Seq (Reads).bam
16,288,833 F_2_5_5_1 (paired) RNA-Seq (Reads).bam
16,794,729 F_2_5_5_2 (paired) RNA-Seq (Reads).bam
15,030,620 F_2_5_6_1 (paired) RNA-Seq (Reads).bam
322,447,189 WT1_1 (paired) RNA-Seq (Reads).bam
  
```

mapiranje odčitkov RNA na referenčni genom



	A	B	C	D	E	F	G
1	<b>GeneID</b>	<b>F_1_10_1_1</b>	<b>F_1_10_2_1</b>	<b>F_1_10_3_1</b>	<b>F_1_10_4_1</b>	<b>F_1_7_1_1</b>	<b>F_1_7_3_1</b>
2	Nbv0.5scaffold7832_20706-24614	57	54	63	66	46	
3	Nbv0.5scaffold4748_119314-121854	4	0	2	0	0	
4	Nbv0.5scaffold3998_83039-85513	1937	1652	1537	2235	2130	
5	Nbv0.5scaffold6102_106408-117520	46	35	0	77	30	
6	Nbv0.5scaffold9138_1754-5916	1	3	5	7	8	
7	Nbv0.5scaffold3011_178310-180981	0	0	9	7	0	
8	Nbv0.5scaffold9503_10185-14469	0	0	0	0	0	
9	Nbv0.5scaffold1786_334361-375674	66	73	6	60	101	
10	Nbv0.5scaffold155_541768-548598	78	62	62	106	141	
11	Nbv0.5scaffold2465_108418-114698	0	0	0	0	0	
12	Nbv0.5scaffold8476_11899-21925	79	81	76	100	59	
13	Nbv0.5scaffold1283_2051-13533	316					
14	Nbv0.5scaffold8020_42865-52081	99					
15	Nbv0.5scaffold327_267390-275140	0					
16	Nbv0.5scaffold3166_208680-217784	0					
17	Nbv0.5scaffold5712_3404-11141	52					
18	Nbv0.5scaffold9159_14776-19006	1					
19	Nbv0.5scaffold503_609871-624067	86	131	103	94	130	
20	Nbv0.5scaffold3798_88232-92015	6	5	8	13	25	

štetje odčitkov RNA (kvantifikacija genske ekspresije)

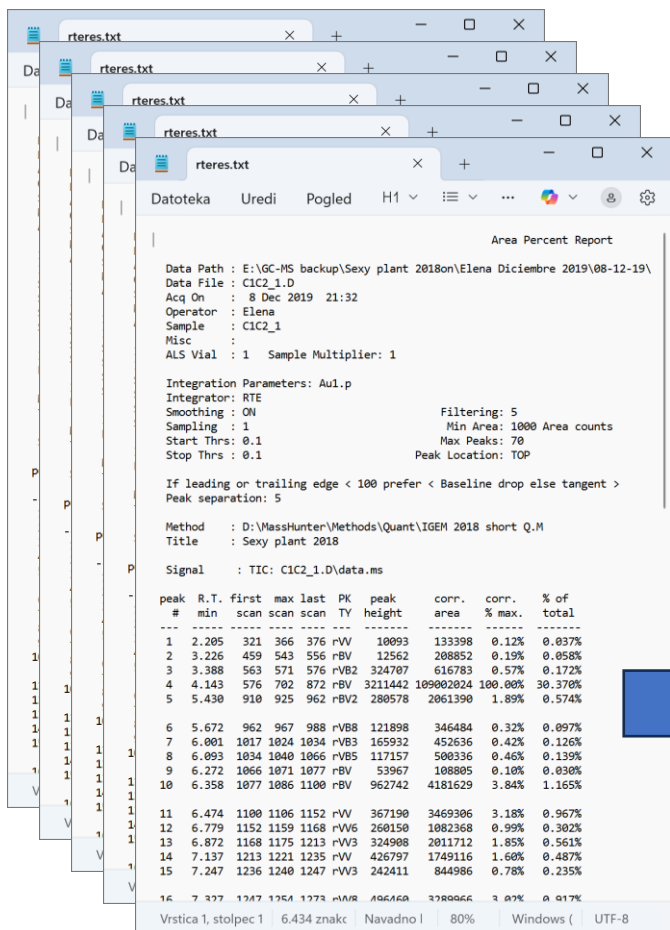


statistična obdelava podatkov



# 4. Obdelava podatkov metabolomike

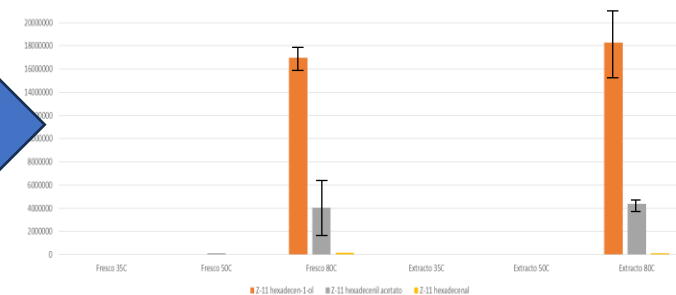
- Obdelava podatkov GC-MS



identifikacija in kvantifikacija vrhov

	A	B	C	D	E	F	G
1	Quantitation Report (QT Reviewed)						
2							
3	Data Path : D:\Data MS\Jose Luis\Sexy plant 2018on\Elena Diciembre 2019\ Data File : C1C2_1.D						
4	Acq On : 8 Dec 2019 21:32						
5	Operator : Elena						
6	Sample : C1C2_1						
7	Misc :						
8	ALS Vial : 1 Sample Multiplier: 1						
9							
10							
11	Quant Time: Dec 11 19:16:29 2019						
12	Quant Method : C:\msdchem\1\METHODS con MACRO\RTL Quantitation Methods\IGEM 2018 sho ... rt Q.M						
13							
14	Quant Title : Sexy plant 2018						
15	QLast Update : Mon Sep 10 10:57:32 2018						
16	Response via : Initial Calibration						
17							
18	Compound	R.T.	Qlon	Response	Conc Units	Dev(Min)	
19							
20							
21	Target Compounds						
22	1) Dodecanoic acid TI	14.63	129	38927	No Calib #		
23	2) (Z)-11-hexadecenal	18.93	82	42325	No Calib		
24	3) (Z)-11-hexadecen-1-ol	19.957	95	2043727	No Calib		
25	4) (Z)-11-hexadecenyl ace	21.878	95	2187	No Calib		
26	5) Unkown 22.49	0		0	N.D.		
27							
28							
29	#) = qualifier out of range (m) = manual integration (+) = signals summed						
30							
31	IGEM 2018 short Q.M Wed Dec 11 19:17:59 2019						
32							

grafični prikaz





# 4. Obdelava podatkov fenomike

- Obdelava meritev in fotografij

wt      1.0\_low      1.0\_high      1.2\_4-1      1.2\_4.3

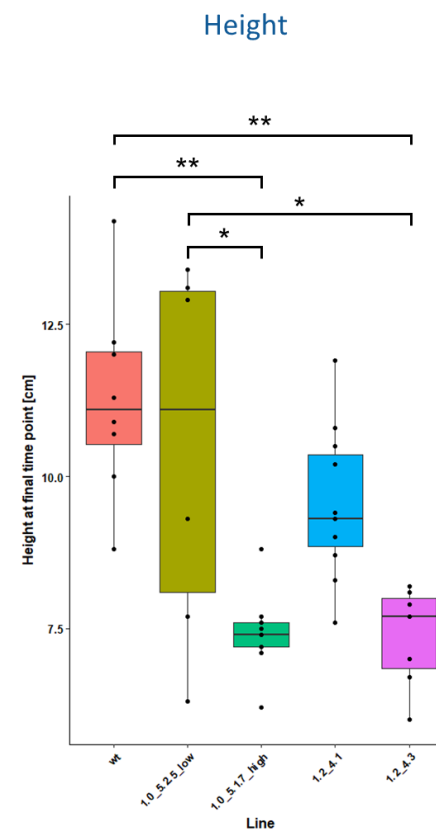


tabeliranje podatkov

E	F	G	H	I	J	M	N	O	P	Q	R	S	T		
iPhoto	Line	Vers	Tray	Treatment	Group	03/08_Photo	06/08_photo	09/08_Photo	10/08_photo	09/08_Height [cm]	13/08_Height [cm]	16/08_Height [cm]	20/08_Height [cm]		
1	141732	2021082	wt	/	1	C	wt_C	20210803_120209	20210806_150730	20210809_110703	20210810_094241	2.8	4.1	5.2	7.6
2	142034	wt	/	1	C	wt_C	20210803_120222	20210806_150730	20210809_110703	20210810_094241	4	4.8	6.9	8.4	
3	142307	wt	/	1	C	wt_C	20210803_120229	20210806_150730	20210809_110703	20210810_094241	3.5	4	5.9	7.8	
4	142641	2021082	wt	/	1	C	wt_C	20210803_120236	20210806_150730	20210809_110703	20210810_094241	3	3.7	5.2	6.5
5	142940	wt	/	2	C	wt_C	20210803_120244	20210806_150730	20210809_110703	20210810_094241	2.8	4.6	6	7.3	
6	143138	2021082	wt	/	2	C	wt_C	20210803_120252	20210806_150730	20210809_110703	20210810_094241	3.3	4.6	5.9	6.4
7	143405	2021082	wt	/	2	C	wt_C	20210803_120259	20210806_150730	20210809_110703	20210810_094241	3.2	4	5.8	5.3
8	143609	wt	/	2	C	wt_C	20210803_120307	20210806_150730	20210809_110703	20210810_094241	3.3	4.6	5.8	6.7	
9	143948	wt	/	1	wt_1	20210803_122536	/	20210809_110703	20210810_094241	4	4.6	6.5	8.4		
10	144021	wt	/	1	wt_1	20210803_122548	/	20210809_110703	20210810_094241	3.2	4.3	5.5	7.2		
11	144228	wt	/	1	wt_1	20210803_122601	/	20210809_110703	20210810_094241	4.3	5.7	7.2	10.1		
12	144441	wt	/	1	wt_1	20210803_122610	/	20210809_110703	20210810_094241	3.6	5.4	8.2	9.6		
13	145137	wt	/	2	1	wt_1	20210803_122618	/	20210809_110703	20210810_094241	4.4	5.1	6.1	7.6	
14	145324	wt	/	2	1	wt_1	20210803_122625	/	20210809_110703	20210810_094241	3.2	4.7	6.1	7.8	
15	145627	wt	/	2	1	wt_1	20210803_122634	/	20210809_110703	20210810_094241	3.3	4.8	6.8	8.8	
16	145732	wt	/	2	1	wt_1	20210803_122641	/	20210809_110703	20210810_094241	3.6	5.9	7.2	9	
17	145957	wt	/	1	10	wt_10	20210803_124513	/	20210809_110703	20210810_094241	4.3	5.4	8.9	10.9	
18	150147	wt	/	1	10	wt_10	20210803_124522	/	20210809_110703	20210810_094241	5.5	8.6	10.9	14.6	
19	150337	2021082	wt	/	1	10	wt_10	20210803_124533	/	20210809_110703	20210810_094241	5.1	8	10.4	14.4
20	150563	wt	/	1	10	wt_10	20210803_124558	/	20210809_110703	20210810_094241	4.8	7.1	10	13	
21	150819	wt	/	2	10	wt_10	20210803_124609	/	20210809_110703	20210810_094241	5.9	8.6	12.2	17.2	
22	151018	wt	/	2	10	wt_10	20210803_124618	/	20210809_110703	20210810_094241	4.8	8.2	9.7	11	
23	151257	wt	/	2	10	wt_10	20210803_124626	/	20210809_110703	20210810_094241	5.9	7.9	10.4	13.8	
24	151418	wt	/	2	10	wt_10	20210803_124632	/	20210809_110703	20210810_094241	2.4	7	/	6.5	
25	151553	wt	/	1	100	wt_100	20210803_131010	20210806_150730	20210809_110703	20210810_094241	4.2	6.6	8.8	13.4	
26	151927	wt	/	1	100	wt_100	20210803_131010	20210806_150730	20210809_110703	20210810_094241	4.2	6.8	13.5	18	
27	152126	wt	/	1	100	wt_100	20210803_131032	20210806_150730	20210809_110703	20210810_094241	4.8	8.3	8.7	14.8	
28	152346	wt	/	1	100	wt_100	20210803_131032	20210806_150730	20210809_110703	20210810_094241	5.6	9	12.2	18.4	



izris grafov in izračun statistik





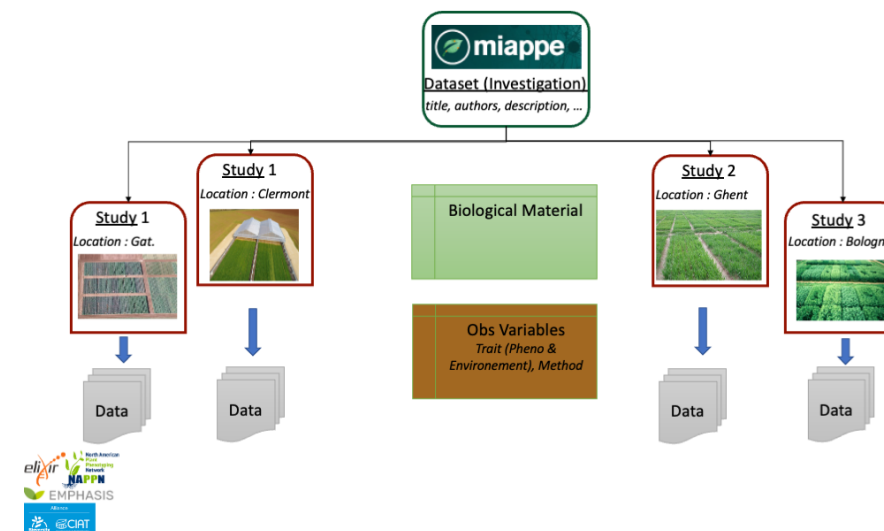
# Zagotovitev podatkov na način FAIR

„Minimal information“ priporočila/standard za poročanje o poskusih

- transkriptomika: Minimum Information About a High-throughput Nucleotide Sequencing Experiment (MINSEQE)
- fenomika: Minimal Information About Plant Phenotyping Experiment (MIAPPE)

Ontologije

- biološki procesi v rastlinah: GoMapMan (<https://gomapman.nib.si/>)
- fenomika: plant ontology (PO; <https://planteome.org/node/1>)





## 5. Ohranjanje in 6. Zaščita podatkov

- Podatki, se hranijo na mrežnih diskih znotraj inštituta
- Vse lokacije so avtomatsko varnostno kopirane
- Podatki so dostopni samo iz določenih uporabniških računov
- Ne bomo pridobivali občutljivih podatkov
- [00S-Opr09-01-Pravilnik-o-ravnanju-z-raziskovalnimi-podatki-po-naelih-odprte-znanosti\\_002.pdf](#).

Na podlagi Zakona o dostopu do informacij javnega značaja (ZDIJZ, Uradni list RS, št. 51/06 – uradno prečiščeno besedilo, 117/06 – ZDavP-2, 23/14, 50/14, 19/15 – odl. US, 102/15, 7/18 in 141/22), Zakona o znanstvenoraziskovalni in inovacijski dejavnosti (ZZrID, Uradni list RS, št. 186/21 in 40/23), Zakona o avtorski in sorodnih pravicah (ZASP-UPB3, Uradni list RS, št. 16/2007, 68/08, 110/13, 56/15, 63/16 in 59/19 in 130/22), Uredbe o izvajanju znanstvenoraziskovalnega dela v skladu z načeli odprte znanosti (Uradni list RS, št. 59/2023) in Sklepa o ustanovitvi javnega raziskovalnega zavoda Nacionalni inštitut za biologijo (Uradni list RS, št. 114/2022) je Upravni odbor Nacionalnega inštituta za biologijo na ... seji dne ... 2025 sprejel naslednji



## 7. Objava podatkov

### Podatkovna objava

Je objava v podatkovnem repozitoriju, ki vsebuje celovito dokumentirane podatke, opremljene z bibliografskimi informacijami in s trajnim identifikatorjem ter pri kateri je opravljen pregled kakovosti (Slovar odprte znanosti). Več o dokumentiranju raziskav na strani ORGANIZIRANJE IN DOKUMENTIRANJE.

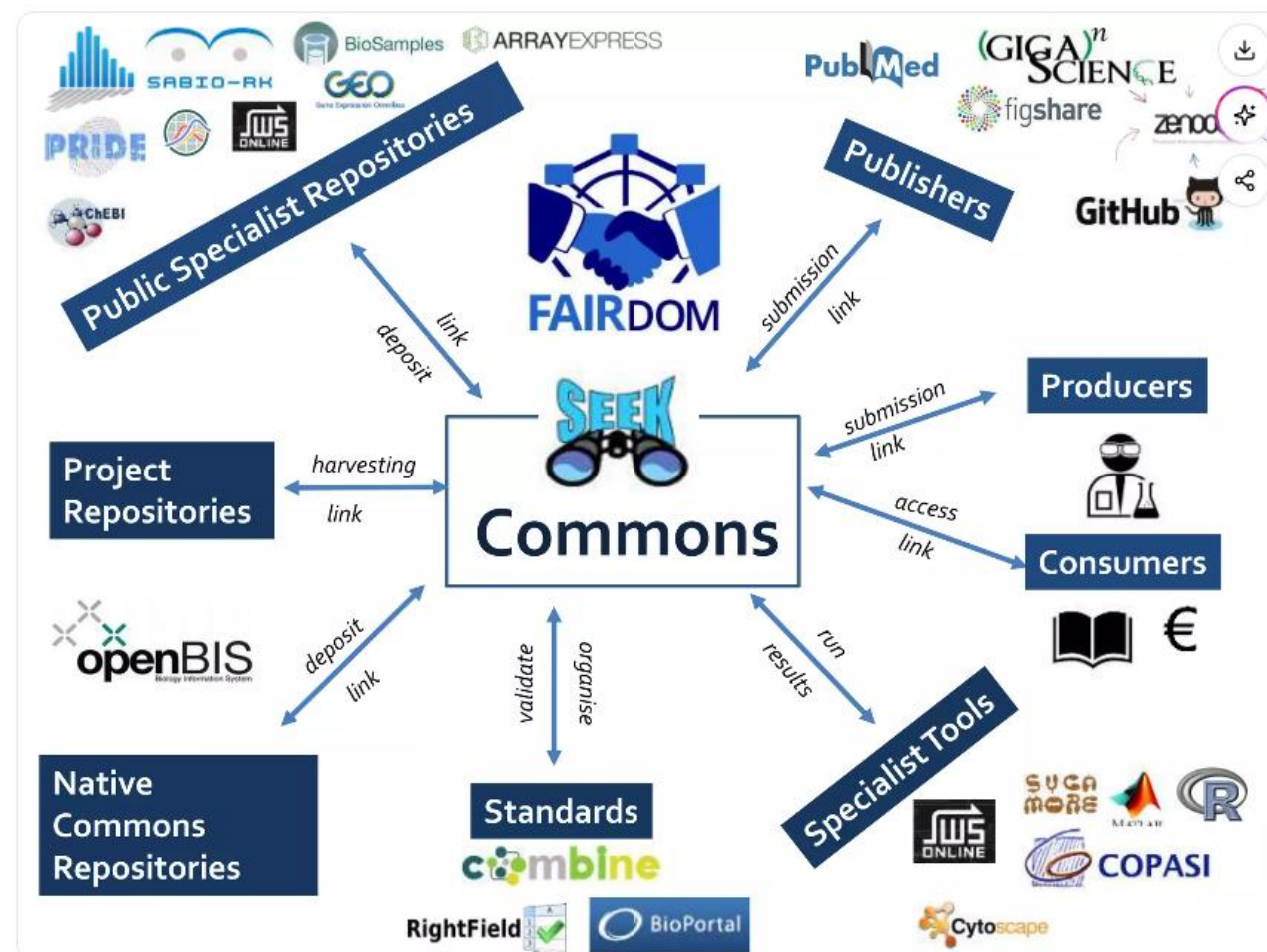
Dobra praksa je, da podatke objavimo v podatkovnem repozitoriju. To je repozitorij, ki omogoča shranjevanje in dostop do različnih vrst podatkov, npr. raziskovalnih, podatkov javnega sektorja, in pripadajoče dokumentacije (Slovar odprte znanosti).

V fazi načrtovanja ravnanja z raziskovalnimi podatki moramo preveriti, kateri repozitoriji so uveljavljeni na našem področju in izbrati tistega, ki ustreza našim potrebam. Če z repozitoriji še nimamo izkušenj, je treba preveriti, ali obstajajo posebne zahteve ali pogoji, ki jih moramo izpolniti. Nekateri repozitoriji, zlasti področni, zagotavljajo tudi strokovnjakinje in strokovnjake (npr. podatkovne arhiviste in arhivistke, podatkovne menedžerje in menedžerke), ki nam lahko pomagajo pri razreševanju odprtih vprašanj in dilem.

### Podatkovni članek

Podatkovne objave ne gre zamenjati s podatkovnim člankom. To je članek, ki je povezan z določeno podatkovno objavo in vsebuje predstavitev podatkov ter metodologijo njihovega zbiranja in obdelave, vključno z nestandardnimi podatki, odkloni in redkimi dogodki, ki se izkažejo za zanimive glede na doslej zbrane podatke ali uveljavljene metode. Podatkovni članki so objavljeni v podatkovni reviji. (Slovar odprte znanosti) Praviloma podatkovni članki ne vsebujejo podatkov, temveč so to članki o podatkih in s sklicem na lokacijo, kjer so podatki trajno dostopni.

<https://nrrp.odprtaznamost.si/objava-podatkov/podatkovna-objava-in-podatkovni-clanek/>





# 7. Objava podatkov

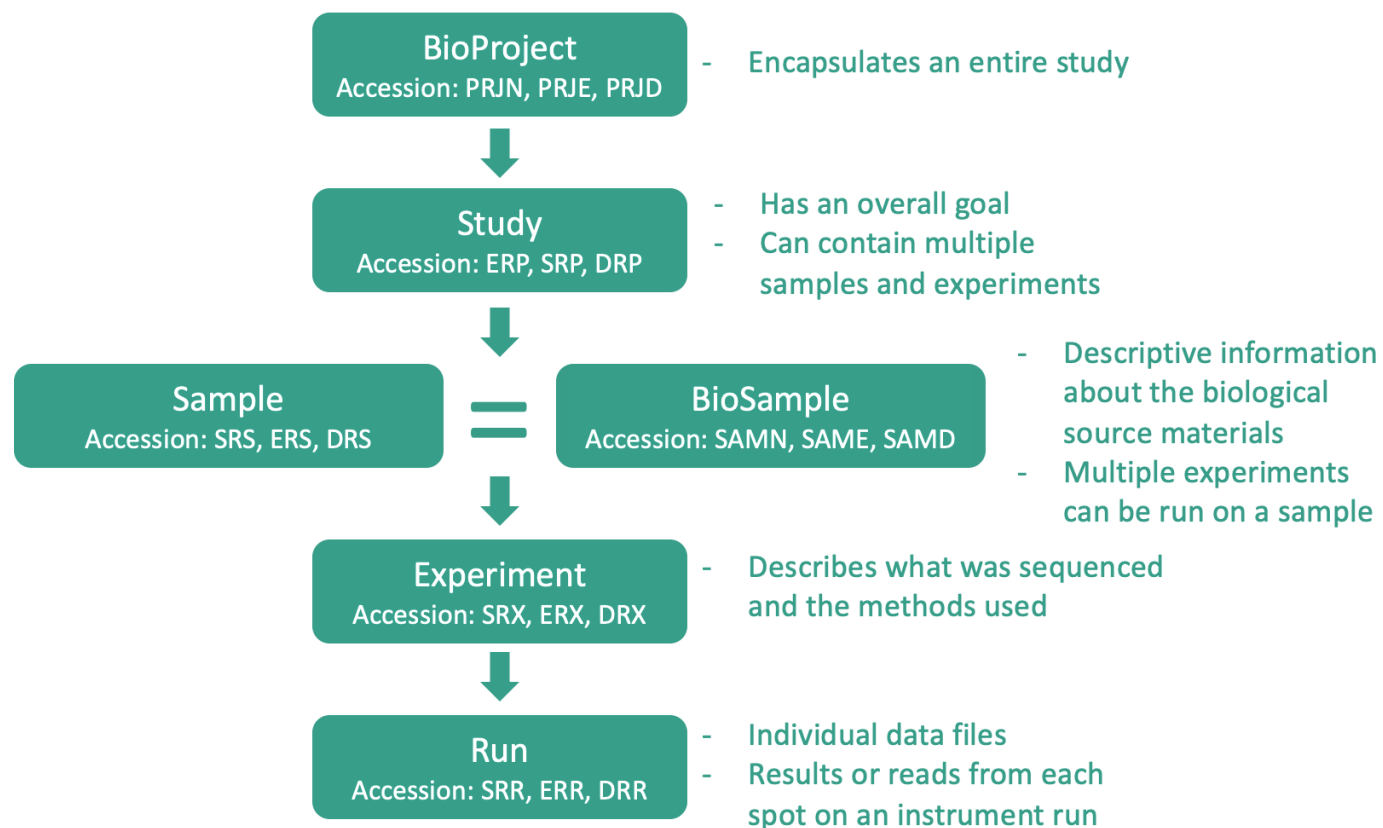
Zenodo is a multi-disciplinary repository that can be used for the long-tail of research data

- An OpenAIRE-CERN joint effort
- Multidisciplinary repository accepting
  - Multiple data types
  - Publications
  - Software
- Assigns a Digital Object Identifier (DOI)
- Links funding, publications, data & software



[www.zenodo.org](http://www.zenodo.org)

## Sequence Read Archive





## 7. Objava podatkov

- Kjer ni področno specifičnih repozitorijev - objava v splošnem repozitoriju npr. Zenodo
- FAIRDOMHub za celotno pISA-tree strukturo skupaj z metapodatki



### SUSPHIRE - Sustainable Bioproduction of Pheromones for Insect Pest Control in Agriculture

Overview **Related items**

SUSPHIRE aims to provide a sustainable, low-cost biomanufacturing platform for the commercial production of insect pheromones.

Synthetic biology data management spreadsheet: [https://fairdomhub.org/data\\_files/6036](https://fairdomhub.org/data_files/6036)

Programme: [NIBSys](#)

SEEK ID: <https://fairdomhub.org/projects/106>

Funding codes:

- H2020 grant agreement No 722361

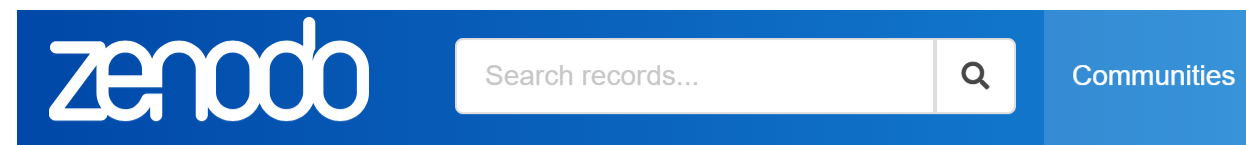
Public web page: <http://susphire.info/susphireproject/>

Organisms: [Planococcus citri](#), [Nicotiana benthamiana](#), [Penicillium chrysogenum](#)

FAIRDOM PALs: *No PALs for this Project*

Project start date: 1st Apr 2018

Project end date: 30th Sep 2021



### SUSPHIRE ERA CoBioTech H2020 project

<https://www.cobiotech.eu/funded-projects/1st-call/susphire>

Records

Members

About

28 results found



# + Objava znanstvenega članka



► Front Plant Sci. 2022 Oct 26;13:941338. doi: [10.3389/fpls.2022.941338](https://doi.org/10.3389/fpls.2022.941338)

## Transcriptional deregulation of stress-growth balance in *Nicotiana benthamiana* biofactories producing insect sex pheromones

[Mojca Juteršek](#)<sup>1,2,\*</sup>, [Marko Petek](#)<sup>1</sup>, [Živa Ramšak](#)<sup>1</sup>, [Elena Moreno-Giménez](#)<sup>3</sup>, [Silvia Gianoglio](#)<sup>3</sup>, [Rubén Mateos-Fernández](#)<sup>3</sup>, [Diego Orzáez](#)<sup>3</sup>, [Kristina Gruden](#)<sup>1</sup>, [Špela Baebler](#)<sup>1</sup>

► [Author information](#) ► [Article notes](#) ► [Copyright and License information](#)

PMCID: PMC9645294 PMID: [36388501](#)

Transcriptional deregulation of stress-growth balance in *Nicotiana benthamiana* biofactories producing insect sex pheromones  
Mojca Juteršek, Marko Petek, Živa Ramšak, Elena Moreno Giménez, Silvia Gianoglio, Rubèn Mateos Fernández, Diego Orzaez, Kristina Gruden, Špela Baebler, 2022

**Ključne besede:** transcriptomics, plant biotechnology, jasmonic acid, growthstress tradeoffs, network analysis, growth penalty, insect sex pheromone

**Objavljeno:** 17.07.2024; **Ogledov:** 1135; **Prenosov:** 636

**Celotno besedilo** (7,68 MB)

Gradivo ima več datotek! [Več...](#)

DIRROS

Digitalni repozitorij raziskovalnih organizacij Slovenije

### Data availability statement

---

The data presented in the study are deposited in the Gene Expression Omnibus (GEO, <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/geo/>) repository, accession numbers [GSE192369](#), [GSE191269](#) and [GSE192368](#).

### Supplementary material

---

The Supplementary Material for this article can be found online at: <https://www.frontiersin.org/articles/10.3389/fpls.2022.941338/full#supplementary-material>



# + Objava znanstvenega članka

ELSEVIER  
iScience



► [iScience](#). 2024 Mar 6;27(4):109441. doi: [10.1016/j.isci.2024.109441](https://doi.org/10.1016/j.isci.2024.109441)

## Transcriptome-informed identification and characterization of *Planococcus citri* cis- and trans-isoprenyl diphosphate synthase genes

[Mojca Juteršek](#)<sup>1,2,10,11,\*</sup>, [Iryna M Gerasymenko](#)<sup>3,4,10,\*\*</sup>, [Marko Petek](#)<sup>1</sup>, [Elisabeth Haumann](#)<sup>3,4</sup>, [Sandra Vacas](#)<sup>5</sup>, [Kalyani Kallam](#)<sup>6</sup>, [Silvia Gianoglio](#)<sup>7</sup>, [Vicente Navarro-Llopis](#)<sup>5</sup>, [Michael Heethoff](#)<sup>8</sup>, [Ismael Navarro Fuertes](#)<sup>9</sup>, [Nicola Patron](#)<sup>6</sup>, [Diego Orzáez](#)<sup>7</sup>, [Kristina Gruden](#)<sup>1</sup>, [Heribert Warzecha](#)<sup>3,4</sup>, [Špela Baebler](#)<sup>1</sup>

► [Author information](#) ► [Article notes](#) ► [Copyright and License information](#)

PMCID: PMC10960109 PMID: [38523795](#)

- Raw Illumina reads from *P. citri* virgin and mated females, along with results of the differential expression analysis (as given in [Table S3B](#) as well), were deposited at GEO under accession [GSE179660](#). Raw Iso-Seq reads were deposited at SRA under accession SRR15093694. *P. citri* short reads provided by the University of Edinburgh and used in the second *de novo* transcriptome assembly are deposited at SRA under accession numbers SRR11260462, SRR11260463, SRR11260468, SRR11260469, SRR11260470, and SRR11260471. *P. citri* consolidated transcriptome FASTA file is available at FAIRDOMHub ([https://fairdomhub.org/data\\_files/6316/content\\_blobs/17124/download](https://fairdomhub.org/data_files/6316/content_blobs/17124/download) ) , together with an annotation file ([https://fairdomhub.org/data\\_files/6317/content\\_blobs/17125/download](https://fairdomhub.org/data_files/6317/content_blobs/17125/download) ) , also included in the Supplemental Files ([Table S3A](#)). All listed datasets are publicly available as of the date of publication. All accession numbers and links are given in the Deposited Data section of the [key resources table](#). All other data presented in this paper is given in the [supplemental information](#).
- This paper does not report original code. All software packages and code were run with standard parameters, unless otherwise stated in [STAR Methods](#).

Transcriptome-informed identification and characterization of *Planococcus citri* cis- and trans-isoprenyl diphosphate synthase genes

Mojca Juteršek, Iryna Gerasymenko, Marko Petek, Kristina Gruden, Špela Baebler, 2024

**Ključne besede:** insect pheromones, isoprenyl diphosphate synthase, monoterpenes, phylogenetic analysis

**Objavljeno:** 29.03.2024; **Ogledov:** 1780; **Prenosov:** 759

[Celotno besedilo](#) (2,04 MB)

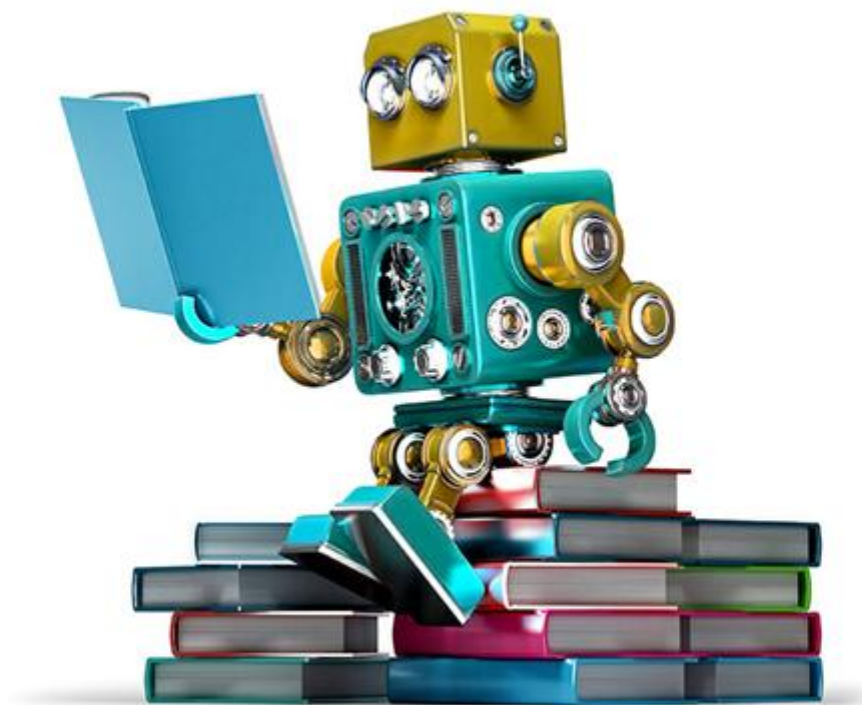
Gradivo ima več datotek! [Več...](#)

DiRROS

Digitalni repozitorij raziskovalnih organizacij Slovenije



# ARIS NRRP



# Splošne informacije

---



0	Splošne informacije	
0.1	Šifra projekta	European Union's Horizon 2020 research and innovation programme under grant agreement No [722361].
0.2	Naziv projekta	Sustainable Bioproduction of Pheromones for Insect Pest Control in Agriculture
0.3	Šifra vodje projekta	12688
0.4	Ime in priimek vodje projekta	Kristina Gruden
0.5	Ime in priimek osebe, ki je v RO zadolžena za podporo pri ravnanju z raziskovalnimi podatki	XY, podatkovni svetovalec  Datum sestanka:  ARIS: Če je v RO oseba, zadolžena za podporo pri ravnanju z raziskovalnimi podatki (t. i. podatkovni svetovalec oz. angl. <i>data steward</i> ), se pričakuje, da se načrt pripravi v sodelovanju z njo. Zaželeno je, da poleg imena in priimka te osebe navedete tudi datum sestanka pripravljavca načrta s to osebo.
0.6	Interna pravila RO za ravnanje z raziskovalnimi podatki	Pravilnik o ravnanju z raziskovalnimi podatki po načelih odprte znanosti  Vsebina Pravilnika je dostopna na spletni strani Nacionalnega inštituta za biologijo: <a href="https://www.nib.si/images/datoteke/00S-Opr09-01-Pravilnik-o-ravnanju-z-raziskovalnimi-podatki-po-naelih-odprte-znanosti_002.pdf">https://www.nib.si/images/datoteke/00S-Opr09-01-Pravilnik-o-ravnanju-z-raziskovalnimi-podatki-po-naelih-odprte-znanosti_002.pdf</a>  ARIS: Če ta obstajajo, navedite sklic na interna pravila o ravnanju z raziskovalnimi podatki, npr. povezavo na spletno stran, kjer so ta pravila objavljena.

# Splošne informacije

---

0.7	Verzija NRRP	<p>ARIS: Navedite verzijo načrta (npr. 1.0). V odvisnosti od števila posodobitev načrta med izvajanjem projekta bo verzija načrta, ki bo oddan z zaključnim projektnim poročilom, npr. 1.3.</p> <p><b>NIB:</b> Predlog verzioniranja – 1.0 -1.9 (prva verzija in posodobitve do naslednjega obdobja poročanja)... ; 2.0-2.9 (drugo poročilo in nadaljnje posodobitve) , 3.0 (končno poročilo)</p> <p>Pri izpolnjevanju NRRP imejte v mislih, da gre za živ dokument, ki se bo posodabljal skladno s potekom raziskave.</p> <p>V prvi verziji predvsem napoveste, kakšni podatki bodo ustvarjeni, kje bodo shranjeni in kako jih boste delili.</p> <p>V sledečih verzijah zabeležite dejansko stanje - končna verzija mora odražati dejansko stanje po zaključku projekta.</p> <p>Spremembe in odstopanja od zadnje verzije NRRP zabeležite, shranite kot novo verzijo (npr. v1.1), pošljite v pregled podatkovnemu svetovalcu in po pregledu (in morebitnih korekcijah) objavite na spletni strani projekta.</p> <p>(Primer: med izvajanjem projekta ugotovite, da bo treba določene rezultate pridobiti z metodologijo, ki je niste predvideli v verziji v1.0. V verziji NRRP v1.1 dopolnite polje 1.2 (vrsta podatkov, format), ter skladno s spremembo polja 1.4 (velikost podatkov), 2.1-2.3 (lokalno hranjenje, repozitoriji za objavo podatkov), 3.1-3.4 (metapodatki, metapodatkovni standardi, dostopnost podatkov, uporabljeni geslovniki in šifranti, pogoji dostopa / izbrane licence), 5. (programska oprema, protokoli, ...)</p> <p>Vse verzije NRRP morajo biti objavljene na spletni strani projekta.</p>
-----	--------------	--

# Povzetek in opis raziskovalnih podatkov

1	Povzetek in opis raziskovalnih podatkov													
1.1	Ali boste pri projektu ponovno uporabili že obstoječe podatke predhodnih raziskav?	<p><input type="checkbox"/> Da <input type="checkbox"/> Ne</p> <p>V raziskavi bomo pridobili in ponovno uporabili obstoječe podatke nukleotidnih sekvenc <i>Nicotiana benthamiana</i> pridobljenih iz repozitorija <i>NbenBase - Genome &amp; Gene Expression Database for Nicotiana benthamiana</i> v FASTA formatu. Obseg podatkov, ki jih bomo ponovno uporabili tekom raziskave še ni znan in bo objavljen skladno s potekom raziskave v sledečih verzijah NRRP.</p> <p>Če označite »Da«, navedite, katere podatke (npr. glede na določeno temo) boste ponovno uporabili in s kakšnim namenom.</p> <p>Če označite »Ne«, opišite, kakšne so ovire glede ponovne uporabe že obstoječih podatkov in kakšni so razlogi, da se za ponovno uporabo niste odločili.</p> <p><b>NIB:</b> Tu so mišljeni predvsem že objavljeni podatki, zbirke podatkov in podatki, povezani z objavami. Primer: nukleotidne sekvence pridobljene iz ENA ali GenBank, ki jih uporabimo za primerjavo z rezultati našega sekvenciranja (v tem primeru vpišite uporabljene Accession no.) in format (npr. FASTA).</p> <p>V kolikor boste tekom projekta uporabili več različnih vrst podatkov, jih lahko navedete tudi v obliki tabele (oz. glej točko 1.2):</p> <table border="1" data-bbox="1592 885 2331 1006"><thead><tr><th>Vrsta pod.</th><th>Vir</th><th>Format</th><th>PID</th></tr></thead><tbody><tr><td>Nukleotidne sekvence</td><td>GenBank</td><td>FASTA</td><td>YOL086C, ...</td></tr><tr><td>...</td><td>...</td><td>...</td><td>...</td></tr></tbody></table> <p>Najverjetneje v verziji v1.0 še ne bo povsem znan obseg podatkov, ki jih boste uporabili tekom raziskave. V tem primeru opišite podatke oz. tip podatkov za katere že veste, da jih boste uporabili in obrazložitev.</p> <p>Primer: V raziskavi bomo pridobili in ponovno uporabili obstoječe podatke nukleotidnih sekvenc [organizem] pridobljenih iz repozitorijev [npr. ENA / GenBank] v formatu [npr. FASTA]. Obseg podatkov, ki jih bomo ponovno uporabili tekom raziskave še ni znan in bo objavljen skladno s potekom raziskave v sledečih verzijah NRRP.</p> <p>Namesto vpisovanja identifikatorjev sekundarnih podatkov (DOI, Accession, number, ...) lahko identifikatorje shranite v obliki seznama in jih priložite ločeno, v tem polju pa se sklicujete na prilogo.</p>	Vrsta pod.	Vir	Format	PID	Nukleotidne sekvence	GenBank	FASTA	YOL086C, ...	...	...	...	...
Vrsta pod.	Vir	Format	PID											
Nukleotidne sekvence	GenBank	FASTA	YOL086C, ...											
...	...	...	...											

# Povzetek in opis raziskovalnih podatkov



1.2 Katere vrste podatkov boste ustvarili oz. ponovno uporabili in v katerih formatih bodo shranjeni?

Ustvarjeni podatki	Transkriptomika	Metabolomika	Fenotipizacija
Format	fastq	Surovi podatki, ms	csv, txt, tiff, surovi podatki
Pričakovana velikost	< 500 GB	< 10 GB	500 GB
Standard minimalnih informacij	MINSEQE, MIQUE	MIAPE	MIAPPE
Podatkovni standard*	MAGE-TAB	mzidenML, mzQuantML	/
Ontologije in nadzorovani besednjaki	GO, KEGG, MapMan	GO, KEGG, MapMan	CropOntology, PO, PTO
Repozitorij za dolgotrajno hrambo	GEO, SRA	PRIDE	GitHub & Zenodo, FAIRDOMHub

ARIS:  
Opišite vrste podatkov, ki jih boste ustvarili oz. ponovno uporabili. Vrste podatkov so lahko naslednje: številčni (podatkovne zbirke, preglednice), besedilni (dokumenti), slikovni, avdio, video, geoprostorski, interaktivni ipd.

Opišite formate podatkov, ki jih boste ustvarili oz. ponovno uporabili, tj. kako so kodirani za shranjevanje (npr. CSV, XLS, PDF, DOC, TXT, JPG, RDF, SHP). Navedite tudi, zakaj ste izbrali določen format, npr.: format se pogosto uporablja pri raziskavah, razširjena raba v raziskovalni skupnosti, format določa izbrana programska oprema ali instrument, format določa področni repozitorij ipd. Po možnosti izberite odprte in standardne formate, ki omogočajo deljenje in ponovno uporabo podatkov.

**NIB:**  
V kolikor boste imeli več različnih vrst podatkov, lahko relevantne informacije vpišete v obliki tabele (izpolnite relevantne kategorije, vendar najmanj vrsto, format in kje bodo trajno hranjeni (repozitorij)).

V kolikor sodeluje več projektnih partnerjev lahko dodate vrstico, pri katerem partnerju bo določen tip podatkov nastal.

Primer tabele povzet po <https://nrrp.odprtaznanost.si/izpolni-svoj-nrrp/> (Primer s področja naravoslovja in ved o življenju)

Ustvarjeni podatki	Transkriptomika	(Fosfo)proteomika	Fenotipizacija
Format	fastq	Surovi podatki, ms	csv, txt, tiff, surovi podatki
Pričakovana velikost	< 500 GB	< 10 GB	500 GB
Standard minimalnih informacij	<u>MINSEQE</u> , <u>MIQUE</u>	MIAPE	MIAPPE
Podatkovni standard*	<u>MAGE-TAB</u>	mzidenML, mzQuantML	/
Ontologije in nadzorovani besednjaki	<u>GO</u> , <u>KEGG</u> , <u>MapMan</u>	<u>GO</u> , <u>KEGG</u> , <u>MapMan</u>	CropOntology, PO, PTO
Repozitorij za dolgotrajno hrambo	<u>GEO</u> , <u>SRA</u>	PRIDE	GitHub & Zenodo, FAIRDOMHub

(če bo sistem omogočal oddajo prilog, lahko tabelo shranite v prilogo in se v tem polju sklicujete nanjo)

\*Informacijo o zahtevanem podatkovnem standardu najdete med pogoji za objavo podatkov posameznega področnega repozitorija.

# Povzetek in opis raziskovalnih podatkov

---

1.3	Kakšen je namen ustvarjanja, zbiranja oz. ponovne uporabe podatkov in njihova povezava s cilji projekta?	<p>Pristopi sintezne biologije za proizvodnjo spolnih feromonov žuželk v rastlinah in glivah: uporaba sintezne biologije za feromone metuljev, identifikacija in potrditev ključnih encimom za biosintezo feromonov kaparjev (Coccoidea).</p> <p>Podrobno opišite namen ustvarjanja, zbiranja oz. ponovne uporabe podatkov ter vsebinsko opredelite pomen ustvarjenih, zbranih oz. ponovno uporabljenih podatkov v povezavi s cilji projekta.</p> <p><b>NIB:</b> Kratek opis kakšen je cilj projekta in kako ga bodo zbrani podatki pomagali doseči.</p>
1.4	Kakšna je pričakovana velikost podatkov, ki jih nameravate ustvariti oz. ponovno uporabiti?	<p><input type="checkbox"/> 0–10 GB</p> <p><input type="checkbox"/> 10–100 GB</p> <p><input checked="" type="checkbox"/> 100–1000 GB (glej polje 1.2)</p> <p><input type="checkbox"/> &gt;1000 GB</p> <p><b>NIB:</b> Lahko se sklicujete še na polje 1.2.</p>

# Shranjevanje in varnostno kopiranje podatkov

---

2	Shranjevanje in varnostno kopiranje podatkov	
2.1	<b>Kje bodo podatki med izvajanjem projekta shranjeni in varnostno kopirani?</b>	<p>Opišite, ali bo shranjevanje podatkov s samodejnim varnostnim kopiranjem urejeno znotraj omrežja RO, za katerega skrbi notranja IT služba (npr. z uporabo certificirane shrambe), ali se načrtuje tudi uporabo drugih rešitev (npr. bodoče podatkovno središče ARNES), če potrebujete več prostora, če želite omogočiti lažjo izmenjavo podatkov z morebitnimi partnerji, če podatki zahtevajo dodatno varnost ipd.</p> <p><b>NIB:</b> <u>Splošno:</u> Ustvarjeni in pridobljeni podatki se bodo tekom trajanja projekta hranili na strežnikih Nacionalnega inštituta za biologijo. Skrbništvo, varnost in dostop do strežnikov na NIB je urejen z internim pravilnikom »Varnostna politika IS NIB«.</p> <p><u>Uporabniki oddelčnih strežnikov:</u> Podatki bodo/so shranjeni na oddelčnem strežniku. Podatki, shranjeni na strežniku se dnevno varnostno kopirajo in arhivirajo, kot je opredeljeno v internem pravilniku »Varnostna politika IS NIB«.</p> <p>Podatki, shranjeni na službenih osebnih računalnikih, se dnevno varnostno kopirajo na namenski interni strežnik.</p> <p>Podatki, shranjeni v repozitoriju internih raziskovalnih (Linux) strežnikov, se dnevno varnostno kopirajo na namenski interni strežnik.</p> <p><u>Splošne možnosti:</u></p> <ul style="list-style-type: none"><li>→ Podatki, shranjeni na službenih osebnih računalnikih, so preko službenega uporabniškega račun sinhronizirani v Microsoftovo oblako storitev OneDrive.</li><li>→ Podatki so varnostno kopirani preko ARNES-ove storitve Arnes shramba (<a href="https://podpora.arnes.si/arnes-shramba/">https://podpora.arnes.si/arnes-shramba/</a>)</li><li>→ Podatke se kmalu po nastanku odloži v namenski področni / splošni repozitorij [ime repozitorija], javna objava bo sledila po zaključku recenzentskega procesa z namenom zagotavljanja ustreznosti podatkov.</li></ul> <p>[Drugo]</p> <p><u>Izmenjava podatkov s projektnimi partnerji:</u> Predhodno razmislite in se dogovorite, kako bo potekala izmenjava podatkov med projektnimi partnerji. Nekaj možnosti:</p> <ul style="list-style-type: none"><li>→ Namenski (ali obstoječi) MS Team / SharePoint za projekte z ustrezno definiranimi dostopi</li><li>→ Uporaba ARNESovih storitev (npr. FileSender <a href="https://podpora.arnes.si/filesender/">https://podpora.arnes.si/filesender/</a>)</li><li>→ Uporaba plačljivih storitev (npr. WeTransfer)</li><li>→ Google Drive (manj priporočljivo)</li><li>→ Uporaba brezplačnih storitev <a href="https://fair-dom.org/">https://fair-dom.org/</a>, <a href="https://github.com/">https://github.com/</a>, <a href="https://zenodo.org/">https://zenodo.org/</a>, ki ponujajo prilagojen omejen dostop</li></ul>

# Shranjevanje in varnostno kopiranje podatkov

---

2.2	<b>Kako boste izbrali podatke za dolgoročno hrambo?</b>	<p>Navedite, po kateri pravni podlagi boste odločali o tem, katere podatke boste hranili dolgoročno in katerih ne (zaradi pogodbenih, pravnih ali regulativnih razlogov oziroma zaradi drugačnih smernic na posameznem raziskovalnem področju).</p> <p><b>NIB:</b> Napišite, kako dolgo bodo hranjeni podatki - navadno pogodba s financirjem navaja minimalni predpisan rok hranjenja, po Pravilniku o ravnanju z raziskovalnimi podatki po načelih odprte znanosti (NIB) pa se vse raziskovalne podatke hrani najmanj 10 let. V kolikor je dolgoročno hranjenje predpisano v pogodbi o financiranju, predlagamo, da se sklicujete na pogodbo, v kolikor pa je rok za hranjenje krajši od 10 let, oziroma ni opredeljen pa se sklicujte na Pravilnik.</p> <p>Predlogi (obdržite relevantne in ustrezno prilagodite / dopolnite):</p> <p>Podatke za dolgoročno hrambo bomo izbirali na podlagi smernic, ki jih določa <b>Pravilnik o ravnanju z raziskovalnimi podatki po načelih odprte znanosti</b> (v celoti objavljen na spletni strani NIB <a href="https://www.nib.si/images/datoteke/00S-Opr09-01-Pravilnik-o-ravnanju-z-raziskovalnimi-podatki-po-naelih-odprte-znanosti_002.pdf">https://www.nib.si/images/datoteke/00S-Opr09-01-Pravilnik-o-ravnanju-z-raziskovalnimi-podatki-po-naelih-odprte-znanosti_002.pdf</a>) in sicer:</p> <p><b>14. člen</b> <b>Hramba raziskovalnih podatkov na NIB</b> Med izvajanjem raziskav se vsi zbrani raziskovalni podatki primarno hranijo na NIB z omejenim dostopom. Objavo v javno dostopnem podatkovnem repozitoriju mora odobriti vodja projekta. Raziskovalni podatki se morajo hraniti najmanj za časovno obdobje določeno v projektne razpisu ali 10 let od nastanka (kar nastopi kasneje). Izjemno pomembnim podatkom, če so v Evidenci raziskovalnih podatkov opredeljeni kot taki, mora vedno biti zagotovljeno dolgoročno hranjenje. Pod pogojem, da so podatki shranjeni v zaupanju vrednem repozitoriju in lokacija zavedena v Evidenci raziskovalnih podatkov, fizična hramba na NIB ni potrebna.</p> <p>V primeru, da zaradi obsega raziskovalnih podatkov infrastruktura ne omogoča dolgotrajnega hranjenja, vodja projekta lahko predlaga izbris podatkov. Izbris mora potrditi vodja raziskovalne enote in mora biti zaveden v Evidenci raziskovalnih podatkov. Izbris izjemno pomembnih podatkov mora potrditi Znanstveni svet ali Direktor inštituta.</p> <p><b>16. člen</b> <b>Dolgotrajna hramba in objava v javno dostopnih podatkovnih repozitorijih</b> Vsi raziskovalni podatki morajo biti shranjeni v ustreznem javnem podatkovnem repozitoriju najmanj v obsegu, ki zagotavlja ponovljivost rezultatov in ugotovitev, pridobljenih na osnovi teh podatkov.</p> <p>Podatki morajo biti shranjeni v ustreznem javnem podatkovnem repozitoriju čim prej po nastanku, in objavljeni najkasneje ob objavi znanstvenega prispevka oziroma ob zaključku raziskovalnega projekta, odvisno od tega kaj nastane prej.</p> <p>Podatki naj bodo prednostno predani v hrambo v področni podatkovni repozitorij, namenjen določenim vrstam podatkov pred splošnimi in z vidika znanstvenih področij nespecifičnimi repozitoriji raziskovalnih podatkov, razen v primeru izjem, ki jih določa 18. člen tega pravilnika.</p> <p>Raziskovalni podatki in pripadajoča dokumentacija, shranjeni v repozitorijih raziskovalnih podatkov, morajo biti v čim večji meri odprti in dostopni s čim manj omejitvami. Za ta namen je priporočeno, da so podatki ponujeni pod pogoji javne rabe prosti vseh licenc (CC0), ali z licencami Creative Commons CC-BY ali CC-BY-SA oz. podobnimi, razen v primeru uveljavljanja izjem (18. člen).</p>
-----	---	--

# Shranjevanje in varnostno kopiranje podatkov

---

2.3	Ali bodo podatki shranjeni v zaupanja vrednem repozitoriju?	<p><input type="checkbox"/> Da (glej polje 1.2)</p> <p><input type="checkbox"/> Ne</p> <p>Če označite »Da«, navedite ime (in povezavo do) zaupanja vrednega repozitorija, v katerem bodo podatki shranjeni. Navedite tudi, ali bo ta repozitorij omogočil trajno hrambo in izvajanje digitalnega skrbništva.</p> <p>Zaupanja vredni repozitoriji so certificirani repozitoriji (npr. po standardih CoreTrustSeal, DIN31644 ali ISO16363), področni repozitoriji, ki jih priznava in uporablja raziskovalna skupnost na določenem znanstvenem področju, ter splošni in institucionalni repozitoriji, ki imajo značilnosti zaupanja vrednih repozitorijev. Pri izbiri in vrednotenju repozitorijev si lahko pomagate z mednarodnim seznamom repozitorijev v registru repozitorijev raziskovalnih podatkov Re3data <a href="https://www.re3data.org/">https://www.re3data.org/</a>. V Sloveniji obstajata dva uveljavljena področna podatkovna repozitorija, ADP in CLARIN.SI, ter več institucionalnih repozitorijev. ARIS pripravlja pregled repozitorijev, ki jih uporablja slovenska znanstvenoraziskovalna skupnost.</p> <p>Če označite »Ne«, opišite načine varovanja podatkov, vključno z arhiviranjem in restavriranjem, načinom varne hrambe ter prenosom posebnih vrst osebnih podatkov.</p> <p><b>NIB:</b> Priporočamo, da označite »DA« in objavite vsaj del podatkov v enem izmed repozitorijev. V kolikor obstaja utemeljen razlog, zakaj raziskovalnih podatkov ne boste objavili, ga navedite in obrazložite ter objavite vsaj metapodatke.</p> <p>V kolikor je možno najti informacijo, kako dolgo repozitorij hrani informacijo jo navedite, sicer lahko dopišete:</p> <p>Repozitorij [ime repozitorija] ne navaja informacij o dolgotrajnem hranjenju in / ali izvajanju dolgotrajnega skrbništva. (Lahko dodate še: Podatke bomo objavili v izbranem repozitoriju, ker ga priznava raziskovalna skupnost na področju [ime področja] in bo na ta način najbolj zagotovljena vidnost in dostopnost podatkov zainteresirani strokovni in splošni javnosti.)</p> <p>Opomba: GitHub ne spada med ustrezne repozitorije, saj je možno objavo kadarkoli umakniti; v kolikor ga boste uporabljali ga navedite, priporočamo pa, da podatke arhivirate v repozitorij Zenodo.</p> <p>Seznam repozitorijev priporočen s strani ARIS se nahaja na povezavi: <a href="https://www.aris-rs.si/sl/akti/24/inc/Seznam%20repozitorijev.pdf">https://www.aris-rs.si/sl/akti/24/inc/Seznam%20repozitorijev.pdf</a></p>
-----	---	---

# Zagotovitev podatkov na način FAIR

---

3. Zagotovitev podatkov na način FAIR	
3.1	Zagotavljanje najdljivosti podatkov (F)
3.1.1	<p>Ali bodo podatki označeni s trajnim identifikatorjem (PID)?</p> <p><input type="checkbox"/> Da DOI in Accession number <input type="checkbox"/> Ne</p> <p>Če označite »Da«, opišite, s katerim od PID-ov bodo podatki označeni.</p> <p>Trajni identifikatorji oz. PID (npr. DOI, Handle, URN) predstavljajo enolične in trajne povezave do različnih digitalnih objektov (npr. znanstvenih objav, raziskovalnih podatkov, programske opreme).</p> <p><b>NIB:</b> Poleg omenjenih DOI, handle, URN med trajne identifikatorje spadajo še ARK, PURL in SWHID.</p> <p>Navedete lahko tudi Accession number (NCBI, EMBL).</p>
3.1.2	<p>Kateri metapodatki bodo ustvarjeni in kateri metapodatkovni standardi bodo pri tem upoštevani?</p> <p>Glej polje 1.2</p> <p>Opišite, katere metapodatke boste ustvarili (npr. oznaka vzorca, datum, operater, tip instrumenta).</p> <p>Če ti obstajajo, navedite splošne ali področne (glede na znanstveno področje) standarde, ki jih boste uporabili pri ustvarjanju metapodatkov. Pri tem si lahko pomagate npr. z imenikom standardov metapodatkov, ki ga nudi Research Data Alliance: <a href="https://rd-alliance.github.io/metadata-directory/standards/">https://rd-alliance.github.io/metadata-directory/standards/</a>.</p> <p>Če metapodatkovni standardi ne obstajajo oz. niso primerni, opišite, na kakšen način boste v tem primeru ustvarili metapodatke.</p> <p><b>NIB:</b> (sledite navodilom v sivem tekstu)</p> <p>V kolikor ste v polju 1.2 te informacije že navedli, se sklicujte nanj (oziroma iz njega prepišite relevantne informacije).</p> <p>Opišite (čimbolj specifično), za katere vrste podatkov se bodo zbirali metapodatki in kateri metapodatkovni standard bo upoštevan. (V kolikor nameravate podatke objaviti v področno specifičnem repozitoriju, si lahko pomagate s predlogami teh repozitorijev; npr. <a href="#">GenBank</a>, <a href="#">GFIB</a>, oziroma te informacije najdete na spletni strani repozitorija.)</p> <p>Nekaj primerov, za katere se lahko (ločeno) beležijo metapodatki: vrsta, voucher, vzorčenje, vzorec, eksperiment, projekt, uporabljene aparature, materiali, fotografije, slike / risbe, sekundarni podatki, ipd..</p> <p>V kolikor v prvi verziji NRRP te informacije še niso znane, skušajte vseeno biti karseda specifični (oz. izpolnite vsaj osnovni nabor informacij, za katere že veste, da jih boste zbirali).</p>

# Zagotovitev podatkov na način FAIR

---

3.1.3	Ali bodo metapodatki vsebovali ključne besede za izboljšanje najdljivosti in možnosti ponovne uporabe?	<input type="checkbox"/> Da Susphire, Planococcus citri, Nicotiana benthamiana, Penicillium chrysogenum <input type="checkbox"/> Ne <p>Če označite »Da«, opišite, na kakšen način boste z metapodatki izboljšali najdljivost (npr. v metapodatke vključite čim boljše (vsebinsko) opredeljene ključne besede, na podlagi katerih bodo drugi raziskovalci ob ponovni uporabi prepoznali vsebinski kontekst).</p> <p>Pri izbiri ključnih besed si lahko npr. pomagata z Googlovimi orodji Google Trends, Google Ngram Viewer ali Dataset Search.</p> <p><b>NIB:</b> Če je možno, vključite ključne besede v metapodatke in jih navedite v tem oknu. S ključnimi besedami lahko opremito README datoteko, polje za ključne besede v Zenodo (Github), DiRROS, ....</p>
<b>3.2 Zagotavljanje dostopnosti podatkov (A)</b>		
3.2.1	Ali bodo vsi podatki odprto dostopni?	<input type="checkbox"/> Da Oprto dostopni bodo podatki, ki bodo šli skozi neodvisen proces recenzije, saj bo tako potrjena ustrezna kakovost objavljenih podatkov. <input type="checkbox"/> Ne <p>Če označite »Ne«, navedite razloge, zakaj podatki v celoti ali deloma ne bodo v odprtem dostopu oz. zakaj bo dostop do podatkov omejen. Pri tem ločite pravne in pogodbene razloge (varstvo intelektualne lastnine, varstvo osebnih podatkov, varnost oseb ali države ali druge zakonske omejitve) od drugih omejitev. Navedite, kateri ukrepi bodo sprejeti za odpravo ali zmanjšanje teh omejitev.</p> <p><b>NIB:</b> Priporočamo, da so odprto dostopni samo podatki, ki so šli skozi kakršnokoli obliko recenzije (notranja, strojni pregled, priporočena pa je neodvisna – npr. podatkov, ki so pripadajo objavi in so bili pregledani v procesu recenzije; ali pa podatki, ki so bili odloženi v repozitorij, ki ima recenzijski proces objave podatkov).</p> <p>Primer teksta: Oprto dostopni bodo podatki, ki bodo šli skozi neodvisen proces recenzije, saj bo tako potrjena ustrezna kakovost objavljenih podatkov.</p> <p>Skladno s tekstom v sivem, se glede upravičenih izjem lahko sklicuje na Uredbo ali na Pravilnik (18. člen; <a href="https://www.nib.si/images/datoteke/00S-Opr09-01-Pravilnik-o-ravnanju-z-raziskovalnimi-podatki-po-naelih-odprte-znanosti_002.pdf">https://www.nib.si/images/datoteke/00S-Opr09-01-Pravilnik-o-ravnanju-z-raziskovalnimi-podatki-po-naelih-odprte-znanosti_002.pdf</a>) z ustrezno obrazložitvijo (in po potrebi priloži izjavo o dostopnosti raziskovalnih podatkov).</p>

# Zagotovitev podatkov na način FAIR

---

3.2.2	<b>Kdaj bodo podatki odprto dostopni in za koliko časa?</b>	<p>Zenodo se zavezuje, da bo podatke hranil ves čas obstoja repozitorija, ki ga podpira CERN, z eksperimentalnim programom, zagotovljenim za najmanj naslednjih 20 let na podlagi izjav o politiki. V primeru zaprtja repozitorija načrti za nasledstvo zagotavljajo migracijo v alternativne repozitorije. Datoteke s podatki se vsak večer varnostno kopirajo, replicirajo in redno preverjajo za celovitost.</p> <p>FAIRDOMHub poudarja dolgoročno ohranjanje za ohranjanje rezultatov in zagotavljanje reproduktivnosti v skladu z načeli FAIR, čeprav v razpoložljivih politikah ni določena fiksna trajanje. Podpira arhiviranje podatkov, modelov in protokolov sistemske biologije za stalno dostopnost med projekti in po njihovem zaključku.</p> <p>Gene Expression Omnibus (GEO) neomejeno hrani javne podatke kot trajni arhiv podatkov funkcionalne genomike z visoko zmogljivostjo. Ni izrecne politike poteka veljavnosti; podatki ostanejo na voljo po predložitvi in obdelavi.</p> <p>Navedite, kdaj bodo podatki odprto dostopni (npr. ob objavi znanstvene publikacije, ob zaključku izvajanja projekta, s časovno zaporo oz. embargom). Pojasnite, zakaj boste uporabili morebitno časovno zaporo oz. embargo (npr. zaradi varstva intelektualne lastnine, varstva osebnih podatkov, varnosti oseb ali države ali drugih zakonskih omejitev) in kako dolgo bo trajala. Upoštevajte, da morajo biti podatki, ki podpirajo znanstveno publikacijo, v primeru, da ne obstajajo kakršnikoli od zgoraj navedenih razlogov, odprto dostopni najpozneje ob objavi znanstvene publikacije, v kateri morajo biti citirani s stalno oznako mesta dostopa oziroma s trajnim identifikatorjem.</p> <p>Navedite tudi, do kdaj bodo podatki dostopni in ali bodo po tem, ko podatki ne bodo več na voljo, metapodatki še vedno dostopni.</p> <p><b>NIB:</b> (dopolnite skladno z zgornjim tekstom)</p> <p>Priporočamo, da so odprto dostopni samo podatki, ki so šli skozi kakršnokoli obliko recenzije (notranja, strojni pregled, priporočena pa je neodvisna – npr. podatkov, ki so pripadajo objavi in so bili pregledani v procesu recenzije; ali pa podatki, ki so bili odloženi v repozitorij, ki ima recenzijski proces objave podatkov).</p> <p>Primer teksta: Podatki bodo odprto dostopni, ko bodo šli prešli neodvisen proces recenzije, saj bo tako potrjena ustreznost kakovost objavljenih podatkov.</p> <p>Čas trajanja - pogoji, navedeni za posamezni repozitorij (če je možno bodite specifični in navedite informacijo; v kolikor repozitorij seveda nudi te informacije, sicer ustrezno prilagodite in vpišite tekst, predlagan v polju 3.2.1).</p>
-------	---	--

# Zagotovitev podatkov na način FAIR

---

3.2.3	<b>Na kakšen način bo v primeru omejitev pri uporabi omogočen dostop do podatkov med izvajanjem projekta in po njegovem zaključku?</b>	<p>Če obstajajo omejitve pri uporabi, opišite, na kakšen način bo omogočen dostop do podatkov med izvajanjem projekta in po njegovem zaključku. Navedite na primer:</p> <ul style="list-style-type: none"><li>→ ali bo možen dostop na daljavo z avtentikacijo;</li><li>→ ali bo za dostop do podatkov potreben podpis določene izjave in katere;</li><li>→ ali bo zaradi narave in vsebine podatkov potrebno, da dostop odobri pooblaščenca oseba ali organ (npr. pooblaščenec za varstvo osebnih podatkov v RO ali etična komisija);</li><li>→ ali bo dostop do podatkov možen le v prostorih vaše RO in na kakšen način (npr. varna soba).</li></ul> <p><b>NIB:</b> (dopolnite skladno z zgornjim tekstom, oziroma napišite tudi, če omejitev ne bo)</p> <p>Primer teksta: Ne predvidevamo strogih omejitev v dostopu do podatkov, v času izvajanja projekta bodo podatki na voljo samo članom projektne skupine, ki so podatke pridobili oziroma z njihovim privoljenjem tudi drugim zainteresiranim uporabnikom. Pridobljeni podatki niso podatki, ki bi jih morala odobriti etična komisija ali pooblaščenec za varstvo osebnih podatkov.</p>
3.2.4	<b>Ali bo za dostop do podatkov oz. njihovo branje potrebna dodatna dokumentacija oz. informacija o ustrezni programski opremi?</b>	<p><input type="checkbox"/> Da <input type="checkbox"/> Ne</p> <p>Če označite »Da«, ustrezno navedite, ali bo za uporabo podatkov potrebna manj znana, nestandardna ali specifična programska oprema oz. bodo za uporabo potrebna dodatna navodila. Navedite tudi, ali boste k podatkom priložili ustrezno programsko opremo (zaželeno v obliki odprte izvorne kode).</p> <p><b>NIB:</b> V kolikor je odgovor DA, vpišite katera (čim bolj podrobno - ime, proizvajalec, verzija).</p> <p>Napišite tudi obrazložitev, zakaj je potrebna uporaba tovrstne programske opreme - npr. primer digitalnega PCR:</p> <p>Gre za novo hitro razvijajoče področje, kjer standardizirani formati še niso bili določeni in so vezani na proizvajalca opreme. Enako velja za programsko opremo, ki je v lasti proizvajalca opreme. Za namen ponovne analize bo deljena izvorna datoteka, informacija o programski opremi (ime, proizvajalec, verzija) ter postopek analize podatkov.</p>

# Zagotovitev podatkov na način FAIR

---

3.3 Zagotavljanje interoperabilnosti podatkov (I)	
3.3.1	<p><b>Katere geslovnike oz. šifrante boste uporabili pri pripravi podatkov in metapodatkov?</b></p>
	<p><b>Glej polje 1.2</b></p> <p>Navedite, katere geslovnike, šifrante, ontologije oz. nadzorovane besednjake, ki so v uporabi na vašem ožjem ali širšem raziskovalnem področju, boste uporabili, da bo omogočena izmenjava in ponovna uporaba podatkov znotraj posameznega raziskovalnega področja ali med njimi. Preverite, katere najboljše prakse za to se uporabljajo in jim po možnosti sledite.</p> <p><b>NIB:</b> (opišite skladno z zgornjim tekstom)</p> <p>V kolikor ste to informacijo izpolnili v točki 1.2 se lahko sklicujete tudi na to točko.</p> <p>Opišite za katere tipe podatkov (npr. vzorci, meritve, ...); bodite karseda natančni.</p> <p>V kolikor ne boste uporabljali standardnih geslovnikov / šifrantov, lahko pripravite preprost lasten geslovník. Za več informacij se lahko v tem primeru sklicujete na točko 3.3.2.</p>
3.3.2	<p><b>Ali boste primorani uporabiti manj poznane ali lastne geslovnike oz. šifrante?</b></p>
	<p><input type="checkbox"/> Da <input type="checkbox"/> Ne</p> <p>Če označite »Da«, opišite uporabljene manj poznane ali lastne geslovnike, šifrante, ontologije oz. nadzorovane besednjake. Manj poznane primerjajte z bolj poznanimi in uporabljanimi, pri lastnih geslovnikih, šifrantih, ontologijah oz. nadzorovanih besednjakih pa navedite, ali jih boste odprto objavili in s tem omogočili ponovno uporabo, izboljšave in razširitve.</p> <p><b>NIB:</b> V primeru, da ne boste uporabljali standardnih geslovnikov in ontologij, pripravite lastnega - lahko je preprosta txt datoteka, ki vsebuje npr. podrobnejšo razlago poimenovanj stolpcev v tabeli in osnovnih pojmov, ki se pojavljajo v vaših podatkih. V tem primeru dopišite, da bosta geslovník in/ali morebiten šifrant, objavljena skupaj s podatki v [ime repozitorija]. Relevantno predvsem za splošne repozitorije, kjer ni postopka recenzije podatkov pri njihovi objavi (npr. Zenodo).</p>

# Zagotovitev podatkov na način FAIR

---

3.4	Zagotavljanje ponovne uporabe podatkov (R)	
3.4.1	<b>Na kakšen način boste zagotovili dokumentacijo, potrebno za ponovno uporabo podatkov?</b>	<p>Opišite, na kakšen način boste zagotovili dokumentacijo v zvezi s ponovno uporabo podatkov. Dokumentacija bi morala vključevati vsaj osnovne podrobnosti, ki bi uporabnikom pomagale najti raziskovalne podatke (npr. kdo je ustvaril podatke, datum nastanka, pod katerimi pogoji je mogoče dostopati do njih). Dokumentacija lahko vključuje tudi informacije o metodologiji, uporabljeni za zbiranje podatkov, analitične in postopkovne informacije, definicije spremenljivk, merske enote ipd.</p> <p>Dokumentacija je lahko zagotovljena v obliki podatkovnega članka ali opisa izvora podatkov v enem od standardnih formatov (npr. XML). Namesto tega lahko k podatkom dodate datoteko »preberi me« oz. »<i>readme</i>« v strojno berljivem formatu (npr. TXT), ki vsebuje informacije o uporabljenih standardih, formatih ali metodologijah pri ustvarjanju podatkov in metapodatkov ipd.</p> <p><b>NIB:</b> (navedite skladno z zgornjim tekstom – sem spadajo med drugim <b>README datoteka, dokumentacija kode, protokoli</b>, če boste za strojno analizo podatkov uporabili »workflow managerje«, lahko navedete tudi njihovo uporabo in način deljenja)</p> <p><b>Podatki naj bodo opremljeni vsaj z README (txt ali md) datoteko, ki vključuje ključne informacije o projektu, avtorjih, metodologiji, uporabljenih (metapodatkovnih) standardih in standardnih geslovnih, citiranju podatkov, licencah, in v primeru omejenega dostopa do podatkov, razloge za omejitve, način dostopa in kontaktno osebo.</b> Osnutek datoteke je v pripravi.</p> <p>V kolikor ste uporabljali / pripravili lasten geslovnik (imena stolpcev v tabelah, način označevanja vzorcev), priložite kot ločeno datoteko v txt formatu.</p> <p>Nekatere možnosti:</p> <ul style="list-style-type: none"><li>• → Objava verzionirana v GitHub in arhivirana v Zenodo.</li><li>• → Objava protokolov na protocols.io ali kakem drugem repozitoriju oz skupaj s podatki.</li><li>• → Objava v obliki podatkovnega članka.</li></ul>
3.4.2	<b>Ali bodo vaši podatki javno dostopni in licencirani z odprtimi licencama CC BY oz. CC BY-SA, da bo s tem omogočena čim širša ponovna uporaba?</b>	<p><input checked="" type="checkbox"/> <b>Da CC BY 4.0 (MIT za programsko opremo)</b></p> <p><input type="checkbox"/> Ne</p> <p>Če označite »Ne«, opišite, s katerimi drugimi odprtimi licencami boste opremili svoje podatke, da boste na tak način zagotovili možnost ponovne uporabe, in opišite način ponovne uporabe skladno z navedeno licenco. Navedite na primer, ali bodo podatke lahko uporabljale tretje osebe, še zlasti po zaključku projekta.</p> <p>Več o odprtih licencah lahko preberete v šestem poglavju Priručnika o odprti znanosti v Sloveniji.</p> <p><b>NIB:</b> Izbrana licenca CC-BY - navedite katera (če se bo razlikovala za različne vrste podatkov, navedite katera licenca se bo uporabljala za katero vrsto podatkov – lahko tudi v obliki tabele).</p> <p>Bodite pozorni - izbira licence je lahko omejena tudi z izbiro repozitorija; nekateri repozitoriji omogočajo objavo samo pod določenimi licencami (npr. Dryad pod licenco CC0).</p> <p>Za pomoč pri odločanju, si lahko pomagate z naslednjimi povezavami: <a href="https://creativecommons.org/chooser/">https://creativecommons.org/chooser/</a> <a href="https://dirrosdata.ctk.uni-lj.si/raziskovalni-podatki/licenciranje-podatkov/">https://dirrosdata.ctk.uni-lj.si/raziskovalni-podatki/licenciranje-podatkov/</a></p> <p>Za programsko kodo pa: <a href="https://www.hippocampus.si/ISBN/978-961-293-329-6/index.html">https://www.hippocampus.si/ISBN/978-961-293-329-6/index.html</a></p>

# Zagotovitev podatkov na način FAIR

---

3.4.3	<b>Kakšne postopke zagotavljanja kakovosti podatkov boste uporabili?</b>	<p>Opišite, kako boste zagotavljali kakovost podatkov in kako jo nameravate oceniti oz. meriti. Več o tem si lahko preberete npr. na:</p> <ul style="list-style-type: none"><li>→ <a href="https://researchdata.wisc.edu/uncategorized/quality-assurance-in-research/">https://researchdata.wisc.edu/uncategorized/quality-assurance-in-research/</a>; ali</li><li>→ <a href="https://www5.open.ac.uk/library-research-support/research-data-management/data-quality">https://www5.open.ac.uk/library-research-support/research-data-management/data-quality</a>.</li></ul> <p><b>NIB:</b></p> <p>Kar od spodaj naštetega bo predvidoma veljalo oziroma boste dejansko uporabili (velja za naslednje verzije NRRP). Kjer je relevantno, vpišite informacije karseda podrobno (npr. kateri metapodatkovni standard bo uporabljen in v kakšnem obsegu). Lahko se sklicujete tudi na prejšnje že izpolnjene točke, ki vsebujejo te informacije.</p> <ul style="list-style-type: none"><li>• → Uporaba standardnih geslovnikov</li><li>• → Priprava in uporaba lastnih geslovnikov (ter njihova objava skupaj s podatki)</li><li>• → Uporaba standardiziranih protokolov in metod za izvajanje raziskave</li><li>• → Dokumentiranje eksperimentov z ustreznimi metapodatki</li><li>• → Uporaba predhodno pripravljenih obrazcev ali baz za vnašanje podatkov</li><li>• → Izobraževanje sodelujočih na projektu o ustreznem / standardiziranem vpisovanju in beleženju podatkov in metapodatkov</li><li>• → Uporaba programov ali programskih paketov za urejanje podatkov</li></ul> <p>Splošno relevantna informacija, ki se lahko vpiše je tudi recenzija podatkov:</p> <ul style="list-style-type: none"><li>• → Recenzija podatkov pri oddaji podatkov in njihovi objavi v področno specifičnem repozitoriju [GenBank, Dyad, Pangaea, ... ]</li><li>• → Recenzija podatkovne zbirke pri objavi podatkov / baze podatkov v obliki znanstvenega članka</li><li>• → Recenzija podatkov v sklopu objave znanstvenega članka (podatkov, ki so priloženi ali povezani z objavo)</li><li>• → Interna recenzija (npr. s strani več avtorjev pri pripravi znanstvene objave)</li></ul>
-------	--	--

# Etični in pravni vidiki

4. Etični in pravni vidiki		
4.1	Ali obstajajo etična ali pravna vprašanja, ki bi lahko vplivala na deljenje podatkov?	<input type="checkbox"/> Da <input type="checkbox"/> Ne  Če označite »Da«, navedite, ali ste v okviru projekta pripravili poseben dokument o etičnih in pravnih vprašanjih ali pa je o tem sklepal pristojni organ (npr. komisija za etična vprašanja, pravna služba ipd.).
4.2	Ali boste med izvajanjem projekta obdelovali oz. hranili osebne podatke?	<input type="checkbox"/> Da <input type="checkbox"/> Ne  Če označite »Da«, opišite, kako bo zagotovljena skladnost z zakonodajo na področju varstva osebnih podatkov (npr. GDPR, ZVOP-2) in relevantnimi internimi predpisi (npr. pridobivanje privolitve za obdelavo osebnih podatkov). Navedite tudi, ali boste osebne podatke anonimizirali ali psevdonimizirali.
4.3	Ali bodo med projektom ustvarjene oz. ponovno uporabljene posebne vrste osebnih podatkov?	<input type="checkbox"/> Da <input type="checkbox"/> Ne  Če označite »Da«, opišite varnostne ukrepe, ki jih boste uporabili za varstvo posebnih vrst osebnih podatkov, tj. za zagotavljanje njihovega varnega shranjevanja in prenosa (npr. pravilno upoštevanje zakonodaje na področju varovanja osebnih podatkov, pridobivanje soglasij za obdelavo podatkov ipd.). Opišite, katera so glavna tveganja in kako jih boste obvladovali.

# Etični in pravni vidiki

**4.4** Kako boste uredili lastništvo podatkov in morebitne avtorske pravice na podatkih, ki jih boste ustvarili ali ponovno uporabili?

Lastništvo podatkov je urejeno s konzorcijsko pogodbo:  
8.1.1. Prednostno znanje je last stranke, ki opravlja delo, iz katerega izhaja to prednostno znanje.  
8.1.2. Če sta dve ali več strank skupaj opravile delo, iz katerega izhaja prednostno znanje, in če ni mogoče ugotoviti njihovega deleža pri tem delu, imajo skupno lastništvo nad takim prednostnim znanjem v sorazmerju z njihovim intelektualnim prispevkom. O razporeditvi in pogojih uveljavljanja tega skupnega lastništva sklenejo sporazum.

Navedite, kdo bo lastnik raziskovalnih podatkov in kako bodo razdeljene pravice do uporabe in objave podatkov med sodelujočimi raziskovalci ali institucijami.

Če uporabljate že obstoječe podatke, pojasnite njihovo lastništvo in morebitne pogoje ponovne uporabe.

**NIB:**

(dopolnite skladno z zgornjim tekstom)

Priporočeno je, da je to vprašanje urejeno v konzorcijskem sporazumu ( oz. konzorcijsko pogodbo, s katero se določijo medsebojna razmerja in odgovornosti, npr. kdo bodo lastniki podatkov, kdo bo imel pravico do nadzora dostopa do podatkov ali do dela podatkov, kakšni bodo pogoji dostopa do podatkov (prosto dostopni ali bodo veljale določene omejitve dostopa. Več informacij na [povezavi](#)) v primeru, da na projektu sodeluje več partnerjev.

Lahko se tudi vsebinsko bolj podrobno opiše:

Skladno s konzorcijskim sporazumom se projektni partnerji strinjajo, da je [organizacija / oseba], na kateri bodo nastali [podatek1] lastnik omenjenih podatkov, ki se bo delili pod [licenca1] , ...  
(lahko se opiše tudi v obliki tabele)

Za ponovno uporabljene podatke se lahko napiše:

Podatki, ki so bili ponovno uporabljeni se delijo skladno z licenco oz. pogoji uporabe avtorjev podatkov [lahko sledi tudi bolj podroben opis].

V primeru, ko bodo pri zbiranju podatkov sodelovali tudi zunanji sodelujoči (npr. Občanska znanost), dodatno razmislite, kako boste uredili lastništvo avtorskih pravic oziroma pridobili dovoljenja za objavo podatkov (npr. fotografij). Priporočamo, da se posvetujete tudi s pravno pisarno. Pri tem razmislite tudi, ali bodo tekom raziskave zbrani tudi osebni podatki in na to ustrezno odgovorite na vprašanji 4.1 in 4.2.

# Drugi raziskovalni rezultati

---

5. Drugi raziskovalni rezultati		
5.1	Ali boste poleg podatkov ustvarili ali ponovno uporabili tudi druge raziskovalne rezultate?	<input type="checkbox"/> <b>Da</b> Programska oprema objavljena na GitHubu, arhivirana na Zanodu (DOI), opremljena z MIT licencom, navodili za citiranje in README datotekom <input type="checkbox"/> Ne <p>Če označite »Da«, navedite, katere druge pričakovane raziskovalne rezultate boste ustvarili oz. ponovno uporabili. Drugi raziskovalni rezultati so lahko digitalni (npr. programska oprema, delovni postopki, protokoli, modeli) ali fizični (npr. novi materiali, protitelesa, reagenti vzorci).</p> <p>Opišite, kako boste ravnali z navedenimi drugimi raziskovalnimi rezultati. Priporočljivo je, da tudi te rezultate delite in omogočate njihovo ponovno uporabo v skladu z načeli FAIR.</p> <p><b>NIB:</b> Če jih nameravate deliti, opišite na kakšen način (zapis / kontakt in pogoji pridobitve v README datoteki in/ali <b>znanstveni objavi</b>), oziroma pod kakšno licenco in kje bodo drugi rezultati objavljeni, shranjeni - npr. (<b>GitHub &amp; Zenodo</b>, GitHub &amp; Software Heritage za programsko kodo, protocols.io ali Zenodo za protokole, Addgene za plazmide in plazmidne mape, opis možnosti dostopa do fizičnih vzorcev; pdf, tabela, tsv, txt seznam sekundarnih podatkov, ki ste jih v raziskavah uporabili ...).</p> <p>GitHub ne dodeljuje trajnih identifikatorjev, ga je pa možno arhivirati v Zenodo ali pa Software Heritage, ki ga dodelijo.</p> <p>V kolikor pogoji ponovne uporabe niso navedeni (npr. nima licence), je potrebno avtorja kontaktirati in pridobiti ustrezno dovoljenje, sicer ponovna uporaba drugih raziskovalnih rezultatov ni dovoljena. Pri ponovni uporabi drugih raziskovalnih rezultatov (tudi lastnih) je obvezno citiranje.</p>

# Finančna sredstva

---

6. Finančna sredstva		
6.1	<b>Kakšni bodo stroški ravnanja s podatki in drugimi rezultati projekta po načelih FAIR in kako bodo kriti?</b>	<p>Opišite vse predvidene stroške ravnanja s podatki in drugimi rezultati raziskave, tj. tako posredne kot neposredne stroške, povezane s pripravo, shranjevanjem, arhiviranjem, ponovno uporabo, varnostjo ipd. To so lahko npr. stroški hrambe, strojne opreme, osebja, priprave podatkov za arhiviranje in storitev repozitorijev. Navedite tudi, kako boste krili te stroške.</p> <p><b>NIB:</b> <u>Primer / predlog:</u> Stroški ravnanja s podatki po načelih FAIR bodo nastali s hranjenjem podatkov na strežnikih inštituta za čas trajanja projekta (+ 10 let) oziroma do njihove objave v podatkovnem repozitoriju. Ocenjen strošek hranjenja podatkov je [cena], ki je bil pripravljen na podlagi časa hranjenja podatkov in njihove velikosti z orodjem DSW Storage Cost Evaluator (Elixir; <a href="https://storage-costs-evaluator.ds-wizard.org/">https://storage-costs-evaluator.ds-wizard.org/</a>).</p> <p>Ustrezna priprava podatkov, pripadajočih metapodatkov, geslovnikov in obrazcev ter objava v izbranih podatkovnih repozitorijih bo obsegala predvidoma [število] raziskovalnih ur.</p> <p>Stroški ravnanja z rezultati projekta po načelih FAIR bodo kriti iz projekta.</p> <p><u>Razmislite tudi:</u> Ali nastanejo z objavo podatkov kakšni drugi stroški, npr. plačilo objave v repozitoriju, članarina za dostop / objavo v repozitoriju, kamor oddajate podatke.</p> <p>Ali se podatki hranijo v oblaku proizvajalca fizične in/ali programske opreme (npr. CLC Genomics) in kako so kriti stroški.</p>
6.2	<b>Kdo bo odgovorna oseba za ravnanje z raziskovalnimi podatki pri projektu?</b>	<p>Dr. Marko Petek</p> <p>Navedite odgovorno osebo za ravnanje z raziskovalnimi podatki pri projektu. Ta oseba je običajno vodja projekta, ni pa to nujno.</p> <p>Opomba: Smiselno odgovorite glede na to, kaj ste odgovorili pri vprašanju št. 0.5, ki se nanaša na podatkovno svetovanje na ravni celotne RO.</p> <p><b>NIB:</b> Praviloma vodja projekta ali oseba pooblaščen v ta namen s strani vodje projekta.</p>



# Predstavitev delavnice

1. Življenjski krog podatkov – kratka ponovitev
2. Podatki v sistemski biologiji
3. Resnična raziskava, ki je že zaključena
  - a) V okviru delavnice bomo „razmislili“, kaj bomo raziskovali, s kakšnimi metodami in inštrumenti ter kakšne podatke in rezultate bomo dobili, in si ogledali pogoje za objavo
  - b) Na podlagi tega bomo v drugem delu pripravili NRRP v skladu z zahtevami za izdelavo NRRP v okviru projektov ARIS
4. Podatki projektov udeležencev
  - a) Podatke udeležencev bomo pregledali (3 skupine)
  - b) po potrebi FAIRficirali
  - c) in jih pripravili za objavo v repozitorijih - področno specifičnem, ki ima točno določene zahteve za objavo, ali v splošnem repozitoriju
  - d) Na podlagi tega bomo pripravili NRRP v skladu z zahtevami za izdelavo NRRP v okviru projektov ARIS

Sledijo

5. Predstavitve NRRP-jev
6. Diskusija



## Uporabni linki

- <https://www.nib.si/knjiznica/odprta-znanost> -> zavihek *Ravnanje s podatki* -> *NRRP anotirana predloga NIB*
- [https://www.nib.si/images/datoteke/00S-Opr09-01-Pravilnik-o-ravnanju-z-raziskovalnimi-podatki-po-naelih-odprte-znanosti\\_002.pdf](https://www.nib.si/images/datoteke/00S-Opr09-01-Pravilnik-o-ravnanju-z-raziskovalnimi-podatki-po-naelih-odprte-znanosti_002.pdf) *Pravilnik o ravnanju z raziskovalnimi podatki po načelih odprte znanosti NIB*
- <https://www.hippocampus.si/ISBN/978-961-293-328-9.pdf> *SPOZNAJ Priročnik 1*
- <https://nrrp.odprtaznanost.si/> *SPOZNAJ Priročnik 2*
- <https://terminoloski.slovenscina.eu/slovarji/48/o-slovarju> *SPOZNAJ Slovar odprte znanosti*
- <https://nrrp.openscience.si/> *NRRP asistent*



## Uporabni linki

- <https://ukdataservice.ac.uk/learning-hub/research-data-management/format-your-data/recommended-formats/>
- <https://rdmkit.elixir-europe.org/>
- <https://fairsharing.org/>
- <https://commons.datacite.org/>
- <https://www.re3data.org/>
- <https://www.aris-rs.si/sl/akti/24/inc/Seznam%20repozitorijev.pdf>
- <https://github.com/UB-Mannheim/awesome-RDM> *Curated list of awesome RDM resources for researchers and organizations*
- <https://faircookbook.elixir-europe.org/content/home.html>



## Uporabni linki

- [https://research-and-innovation.ec.europa.eu/document/download/2b6cf7e5-36ac-41cb-aab5-0d32050143dc\\_en?filename=ec\\_rtd\\_ai-guidelines.pdf](https://research-and-innovation.ec.europa.eu/document/download/2b6cf7e5-36ac-41cb-aab5-0d32050143dc_en?filename=ec_rtd_ai-guidelines.pdf) »Žive smernice za odgovorno rabo generativne umetne inteligence v raziskavah«
- <https://allea.org/wp-content/uploads/2023/06/European-Code-of-Conduct-Revised-Edition-2023.pdf>  
Evropski kodeks ravnanja za poštenost raziskav
- [https://commission.europa.eu/law/law-topic/data-protection/eu-data-protection-rules\\_en](https://commission.europa.eu/law/law-topic/data-protection/eu-data-protection-rules_en) Pravila EU o varstvu podatkov
- [Zakon o avtorski in sorodnih pravicah](#) (Uradni list RS, št. [16/07](#) – uradno prečiščeno besedilo, [68/08](#), [110/13](#), [56/15](#), [63/16](#) – ZKUASP, [59/19](#) in [130/22](#))
- Evropska unija: [Etične smernice za uporabo umetne inteligence in podatkov](#)
- European Research Council. [Current position of the ERC Scientific Council on Artificial Intelligence](#)
- Notice Number NOT-OD-23-149. [The Use of Generative Artificial Intelligence Technologies is Prohibited for the NIH Peer Review Process](#). NIH Office of Extramural Research, Department of Health and Human Services (HHS).



## Uporabni tekst

At the beginning of the project, a Data Management Plan (**DMP**), following the recommendations for Open Science and according to the Horizon 2020 guidelines on FAIR Data management will be defined and related intellectual property rights (**IPR**) issues will be integrated in the consortium agreement (**CA**).

The DMP Responsible Person and Project Area Liaisons (**PAL**; nominated by the partners generating or analysing data within the project), will coordinate curation and uploading of selected data sets to XY.

The DMP establishes a central data management structure among the partners. It will regulate (1) data generation and storage, (2) use and access rights as well as ownership of the data, (3) publication and usage of generated data, and (4) data management and licensing of intellectual properties (**IPs**).

Detailed information describing the basic data management including the formats and ontologies used for dataset description are available in table Q.

Data transfer is ensured as partners will be able to share raw and analysed data together with all needed metadata as sufficient storage space is provided.

Versioning of scripts and standard operating procedures (**SOPs**) will be performed according to the data management policies of each partner and catalogued within XY.

Long term storage for the analysed data together with metadata, SOPs and scripts in an interlinked form is planned in XY. Data transfer integrity will be guaranteed using MD5 checksums.

Different levels of data accessibility will be managed through XY.

Intellectual property (IP) rights will be assured by all partners agreeing not to disclose data or ideas of other partners without previous written consent. In general, generated IP will belong to the inventing partner(s). When more than one partner has contributed significantly to the invention, ownership will be shared.

Name	Description
4DN-BINA-OME	Minimum Information guidelines for fluorescence microscopy OME - Open Microscopy Environment model, a specification for storing data on biological imaging
BioPAX	Biological PATHway eXchange standard language for integration, exchange and analysis of biological pathway data
CellML	Describes how semantic annotations should be made about mathematical models encoded in the CellML ( <a href="http://www.cellml.org">www.cellml.org</a> ) format, and their elements.
COMBINE archive	COmputational Modeling in Biology NETWORK" (COMBINE) community standards and formats for computational models.
FAIR Computational Workflows	FAIR Computational Workflows
LEMS	Low Entropy Model Specification
MIACA	Minimum Information About a Cellular Assay A standardized description of cell-based functional assay projects
MIAME	Minimum Information about a Microarray Experiment
MIAPA	Minimum Information About a Phylogenetic Analysis
MIAPE	Minimum information about a proteomics experiment
MIAPPE	Minimum Information About Plant Phenotyping Experiments
MIARE	Minimum Information About an RNAi Experiment A checklist describing the information that should be reported for an RNA interference experiment.
MIASE	Minimum Information about a Simulation Experiment
MIFlowCyt	Minimum Information about a Flow Cytometry Experiment
minSCe	Minimum Information about a Single-Cell Experiment
MINSEQE	Minimum Information About a Next-generation Sequencing Experiment
MIQE	Minimum Information for Quantitative Real-Time PCR Experiments
MIQE 2.0	MIQE 2.0: Revision of the Minimum Information for Publication of Quantitative Real-Time PCR Experiments Guidelines
dMIQE	Minimum Information for Publication of Quantitative Digital PCR Experiments
dMIQE2020	Minimum Information for Publication of Quantitative Digital PCR Experiments for 2020
MIRAGE	Minimum Information Required About a Glycomics Experiment
MIRIAM	Minimum Information Required in the Annotation of Models
MISFISHIE	Minimum information specification for in situ hybridization and immunohistochemistry experiments
MixS	Minimum Information about any Sequence
MixS - MIMARKS	Minimum information about a marker gene sequence (MIMARKS) and minimum information about any (x) sequence (MixS) specifications
NeuroML	Language for describing neuronal systems
REMBI	Recommended Metadata for Biological Images—enabling reuse of microscopy data in biology
SBGN	Systems Biology Graphical Notation
SBML	Systems Biology Mark-up Language
SBOI	Synthetic Biology Open Language

Acronym	Name	Description
	BioSchemas	Improve the Findability on the Web of life sciences resources such as datasets, software, and training materials.
CLO	Cell Line Ontology	Standardize and integrate cell line information.
ChEBI	Chemical Entities of Biological Interest	Classification of molecular entities of biological interest focusing on 'small' chemical compounds.
	CropOntology	Agronomic, morphological, physiological, quality, and stress traits
	DataCite Metadata	Metadata properties for resource identification
	Dublin Core	Resources
ERO	eagle-i resource ontology	Research resources such as instruments, protocols, reagents, animal models and biospecimens.
EDAM	EDAM	Ontology of data analysis and management
EDAM-BIOIMAGING	<u>EDAM-BIOIMAGING</u>	Bioimage analysis, bioimage informatics, and bioimaging (extension to EDAM)
EFO	Experimental Factor Ontology	Experimental variables, combines parts of several biological ontologies
FBbi	FBbi	Biological Imaging Methods Ontology
GO	<u>Gene Ontology</u>	Gene and gene product attributes
	<u>NCBI taxonomy</u>	Curated nomenclature for all of the organisms in the public sequence databases
PATO	<u>Phenotype and Attribute Ontology</u>	Phenotypic qualities (properties, attributes or characteristics)
PECO	Plant Experimental Conditions Ontology	Describes the treatments, growing conditions, and/or study types used in plant biology experiments.
PSO	Plant Stress Ontology	Biotic and abiotic stresses that a plant may encounter
TO	Plant Trait Ontology	A controlled vocabulary to describe phenotypic traits in plants.
PO	<u>PlantOntology</u>	A controlled vocabulary (ontology) that describes plant anatomy and morphology and stages of development for all plants.
PROV	PROV Ontology	Data Provenance
	<u>schema.org</u>	Structured data on the Internet
SBO	<u>Systems Biology Ontology</u>	Terms commonly used in Systems Biology, and in particular in computational modeling
BAO	<u>The BioAssay Ontology</u>	Biological assays
EFO	<u>The Experimental Factor Ontology</u>	Aspects of disease, anatomy, cell type, cell lines, chemical compounds and assay information.
IAO	<u>The Information Artifact Ontology</u>	Information entities
OBI	<u>The Ontology for Biomedical Investigations</u>	Life-science and clinical investigations.
EXACT	The ontology of experimental actions	Experimental actions
EXPO	<u>The ontology of experiments</u>	Scientific experiments.
UBERON	<u>Uberon multi-species anatomy ontology</u>	Cross-species anatomy, covering animals and bridging multiple species-specific ontologies.

Name	Type	Description
<a href="#">ArrayExpress</a>	data/functional genomics	Array Express—archive of functional genomics data
<a href="#">BioImage Archive</a>	data/imaging	
<a href="#">BioModels</a>	data/models	Database for storing curated and non-curated systems biology computational models
<a href="#">BioStudies</a>	data/generalist	
<a href="#">BitBucket</a>	code/generalist	
<a href="#">Cell Image Library</a>	data/imaging	
<a href="#">Database of Interacting Proteins (DIP)</a>	data/ppi	
<a href="#">Dataverse</a>	data/generalist	
<a href="#">Dryad</a>	data/generalist	
<a href="#">e!DAL</a>	data/generalist	
<a href="#">Electron Microscopy Public Image Archive (EMPIAR)</a>	data/imaging	
<a href="#">Environmental Data Initiative (EDI)</a>	data/taxonomy&diversity	
<a href="#">European Nucleotide Archive (ENA)</a>	data/nucleic acids	European Nucleotide Archive -- a comprehensive record of nucleotide sequences
<a href="#">European Variation Archive (EVA)</a>	data/genetic variation	
<a href="#">FAIRdomHub</a>	data/generalist	
<a href="#">Figshare</a>	data/generalist	
<a href="#">Figshare+</a>	data/generalist	
<a href="#">Gene Expression Omnibus (GEO)</a>	data/gene expression	Gene Expression Omnibus—repository for functional genomics data
<a href="#">Genome Sequence Archive (GSA)</a>	data/nucleic acids	
<a href="#">Genomic Expression Archive (GEA)</a>	data/functional genomics	
<a href="#">GitHub</a>	code/generalist	
<a href="#">GitLab</a>	code/generalist	
<a href="#">Global Biodiversity Information Facility (GBIF)</a>	data/taxonomy&diversity	
<a href="#">GnpIS</a>		Plant genetic and genomic data system
<a href="#">IEEE Dataport</a>	data/generalist	
<a href="#">Image Data Resource</a>	data/imaging	
<a href="#">Image Data Resource (IDR)</a>	data/imaging	
<a href="#">INSDC BioProject</a>		Database of research projects Public project data are exchanged with EBI and NCBI
<a href="#">INSDC BioSample</a>		capture and store descriptive information about the biological source materials, or samples, used to generate experimental data
<a href="#">INSDC DDBJ</a>	data/nucleic acids	DDBJ (DNA Data Bank of Japan)
<a href="#">INSDC repositories</a>		

Name	Type	Description
<a href="#">IntAct</a>	data/ppi	
<a href="#">Integrated Taxonomic Information System (ITIS)</a>	data/taxonomy&diversity	
<a href="#">Kinetic Models of Biological Systems (KiMoSys)</a>	data/models	
<a href="#">KNB: The Knowledge Network for Biocomplexity</a>	data/taxonomy&diversity	
<a href="#">Knowledge Graph Hub</a>	data/models	
<a href="#">MassIVE</a>	data/proteomics	
<a href="#">Mendeley Data</a>	data/generalist	
<a href="#">MeRy-B: Metabolomics Repository Bordeaux</a>	data/metabolomics	
<a href="#">MetaboLights</a>	data/metabolomics	
<a href="#">Metabolomics Workbench</a>	data/metabolomics	
<a href="#">MetaPhen: Metabolic Phenotype Database</a>	data/metabolomics	
<a href="#">Morphobank.org</a>	data/taxonomy&diversity	
<a href="#">Movebank Data Repository</a>	data/taxonomy&diversity	
<a href="#">NCBI PubChem BioAssay</a>	data/chemical	
<a href="#">Network Data Exchange (NDex)</a>	data/models	
<a href="#">NMRShiftDB</a>	data/chemical	NMR database (web database) for organic structures and their nuclear magnetic resonance (nmr) spectra
<a href="#">Open Science Framework</a>	data/generalist	
<a href="#">Panorama Public</a>	data/proteomics	
<a href="#">PeptideAtlas</a>	data/proteomics	
<a href="#">PRIDE</a>	data/proteomics	
<a href="#">Synapse</a>	data/generalist	
<a href="#">The Network Data Exchange (NDEX)</a>	data/models	
<a href="#">UniProtKB</a>	data/protein sequence	
<a href="#">Vivli</a>	data/generalist	
<a href="#">Yoda</a>	data/generalist	
<a href="#">Zenodo</a>	data/generalist	

Repozitoriji



# SPŌZNAJ

PODPORA PRI UVAJANJU NAČEL ODPRTE ZNANOSTI V SLOVENIJI

Centralna tehniška knjižnica Univerze v Ljubljani  
*Central Technical Library at the University of Ljubljana*  
Trg republike 3, SI-1000 Ljubljana  
Slovenija / *Slovenia*

