

## ISTITUTO ITALIANO DI ANTROPOLOGIA

### OPEN ACCESS POLICY: Pubblicazioni, dati scientifici e dati amministrativi (versione 1.0: 28/01/2015)

Riconoscendo all'Open Access (OA) un ruolo fondamentale e insostituibile nello sviluppo della ricerca scientifica, l'Istituto Italiano di Antropologia (ISItA) ha aderito alla dichiarazione di Berlino per la Scienza aperta. Coerentemente, l'ISItA ha deciso di sviluppare e adottare una serie di regole e raccomandazioni per favorire la fruizione delle pubblicazioni e la condivisione dei dati scientifici. In considerazione del valore sociale di estendere alla gestione delle risorse i principi di trasparenza alla base della filosofia OA, l'ISItA intende, inoltre, garantire l'accesso ai propri dati amministrativi. L'insieme delle azioni condotte a tali fini fanno parte dell'iniziativa OASIs (*Open Access Institutes*, [Destro Bisol et al. 2014](#)).

#### I. Accesso aperto alle pubblicazioni

In accordo con le raccomandazioni del "Budapest Open Access Initiative" (2002), l'ISItA vuole rendere disponibili le pubblicazioni di natura scientifica, e si impegna a:

- pubblicare il *Journal of Anthropological Sciences* (JASs) in OA senza costi per gli autori (Gold Road, no APC);
- rendere disponibili in OA le altre pubblicazioni scientifiche editate esclusivamente dall'ISItA;
- rendere disponibili in OA le pubblicazioni scientifiche la cui realizzazione sia stata finanziata esclusivamente dall'ISItA;
- promuovere l'OA a tutte le pubblicazioni scientifiche co-edite e/o finanziate parzialmente dall'ISItA.

L'ISItA invita i propri soci a pubblicare i loro contributi scientifici in OA.

#### II. Accesso aperto ai dati scientifici

Riconoscendo un ruolo essenziale all'OA ai dati della ricerca nel progresso delle conoscenze scientifiche\*, l'ISItA si impegna a:

- operare ai fini della condivisione piena e gratuita dei dati da parte degli autori dei lavori originali pubblicati nel JASs o in altri prodotti scientifici dell'ISItA, anche mettendo a disposizione il proprio archivio (Anthro-Digit<sup>data</sup>);
- sviluppare analisi e strumenti per favorire una condivisione robusta ed efficace di dati di interesse primario per l'Antropologia evoluzionistica\*\*
- condividere pienamente e gratuitamente tutti i dati prodotti da ricerche finanziate esclusivamente dall'Istituto stesso, richiedendo ai ricercatori di sviluppare e seguire un Data Management Plan (DMP)

L'ISItA invita i propri soci a condividere i dati della ricerca delle loro pubblicazioni.

#### III. Accesso aperto ai dati amministrativi

Allo scopo di garantire la massima trasparenza nella gestione dei finanziamenti, pubblici e privati, l'ISItA ha deciso di rendere accessibili al pubblico le proprie entrate e uscite\*\*\*, con informazioni relative alle voci di spesa e ai relativi prodotti. Le linee guida relative all'accesso aperto alle pubblicazioni (allegato 2) e alla condivisione dei dati (allegato 3), e le informazioni sui dati amministrativi sono disponibili alla pagina <https://sites.google.com/site/isitaamministrazione/>.

---

\*<http://eur-lex.europa.eu/LexUriServ/LexUriServ.do?uri=OJ:L:2012:194:0039:0043:EN:PDF>

\*\*vedi ANNESSO 1: "Condivisione dei dati genetici e genomici"

\*\*\* I dati verranno rilasciati con una licenza Creative Commons CC BY (<http://creativecommons.org/licenses/by/4.0/>).

## ALLEGATO 1

### LINEE GUIDA PER L'OPEN ACCESS: DEFINIZIONI

Per “Pubblicazione scientifica” si intende un contributo in forma di articolo pubblicato, a stampa o in forma digitale, in una rivista scientifica che usi una procedura di revisione paritaria (*peer review*).

Per “JASs” si intende la rivista *Journal of Anthropological Sciences* di cui l'Istituto Italiano di Antropologia è editore e proprietario.

Per “*Publisher*” si intende una società o Istituzione che svolge attività editoriale, realizzando e commercializzando\* testi in forma stampata e/o digitale.

Per “Open Access” si intende una forma di pubblicazione disponibile a tutti nelle forme definite di seguito:

- per “*archiving pre-print*” si intende la versione digitale della “pubblicazione scientifica” precedente alla revisione paritaria.
- per “*archiving post-print*” si intende la versione digitale della “pubblicazione scientifica” dopo la procedura di revisione paritaria
- per “*Publisher PDF o HTML*” si intende la versione finale del contributo nella forma pubblicata dall'editore.

Per “Embargo” si intende un periodo limitato di tempo durante il quale l'accesso aperto al Contributo è precluso.

Per “*Data Management Plan*” si intende un documento che descrive nel dettaglio la gestione dei dati dalla loro raccolta fino alla condivisione.

---

\* Come ente morale, l'Istituto Italiano di Antropologia non può commercializzare i propri prodotti Editoriali

## ALLEGATO 2

### LINEE GUIDA PER L'OPEN ACCESS: PUBBLICAZIONI SCIENTIFICHE

|                       | JASs o altri prodotti ISItA | Ricerche finanziate esclusivamente da ISItA   | Ricerche finanziate in parte da ISItA; pubblicazioni co-edite da ISItA   |
|-----------------------|-----------------------------|---|--|
| <b>Open Access a:</b> | <i>Publisher</i> PDF*       | Preferibilmente <i>Publisher</i> PDF o HTML o, in alternativa, archiving post-print | La modalità di Open access che permette la maggiore fruibilità (nell'ordine, <i>Publisher</i> PDF o HTML, post print o pre-print) in accordo con le politiche del <i>Publisher</i> |
| <b>Embargo</b>        | No                          | No  | No, ove possibile  |

\* Licenza Creative Commons CC BY-NC (<http://creativecommons.org/licenses/by-nc/4.0/>)

### ALLEGATO 3

#### LINEE GUIDA PER L'OPEN ACCESS: DATI DELLA RICERCA

|                               | Dati relativi a lavori pubblicati nel JASs o pubblicazioni ISItA  | Dati prodotti in ricerche finanziate esclusivamente da ISItA   | Dati prodotti in ricerche finanziate in parte da ISItA; pubblicazioni co-edite dall'ISItA. |
|-------------------------------|---|--|--|
| <b>Condivisione</b>           | Raccomandata: non applicabile solo in caso di specifiche restrizioni  | Raccomandata: Non applicabile solo in caso di specifiche restrizioni   | Suggesta   |
| <b>Restrizioni*</b>           | Di natura <b>etica</b> (rispetto della privacy), <b>legale</b> (diritti di propriet , diritti di commercializzazione, diritti di sfruttamento), <b>scientifica</b> (rischio di uso improprio) | Di natura <b>etica</b> (rispetto della privacy), <b>legale</b> (diritti di propriet ), <b>scientifica</b> (rischio di uso improprio) | -  |
| <b>Embargo</b>                | Su richiesta motivata, max 12 mesi  | Su richiesta motivata, max 12 mesi   | discrezionale  |
| <b>Database/Archivio</b>      | Database pubblico online e/o Anthro-Digit <sup>data</sup>   | Database pubblico online e/o Anthro-Digit <sup>data</sup>  | Suggesto l'uso di Database pubblico online e/o Anthro-Digit <sup>data</sup>                |
| <b>Data Management Plan**</b> | Raccomandato, da pubblicarsi come materiale supplementare   | Richiesta, preferibilmente sul modello dei progetti Horizon 2020**   | Suggesto   |

\* In caso i dati non vengano condivisi, si richiede uno *Statement* in cui vengono riportati i motivi della non-condivisione.

\*\* [http://ec.europa.eu/research/participants/data/ref/h2020/grants\\_manual/hi/oa\\_pilot/h2020-hi-oa-data-mgt\\_en.pdf](http://ec.europa.eu/research/participants/data/ref/h2020/grants_manual/hi/oa_pilot/h2020-hi-oa-data-mgt_en.pdf)

## ANNESSE 1

### CONDIVISIONE DEI DATI GENETICI E GENOMICI

#### Definizioni

Per dati genetici si intendono quelli relativi alla variabilità di polimorfismi dei cromosomi autosomici, dei cromosomi sessuali e del DNA mitocondriale, che diano informazioni su un numero limitato di siti nucleotidici o di regioni cromosomiche.

Per dati genomici si intendono quelli relativi alla variabilità di polimorfismi dei cromosomi autosomici, dei cromosomi sessuali e del DNA mitocondriale, che diano informazioni sulla totalità o su porzioni significative del genoma.

#### Analisi delle pratiche correnti di condivisione

Un'analisi approfondita degli articoli del periodo 2008-2011 che utilizzano dati genetici ha rivelato che il livello di condivisione relativamente basso (78,1%). Inoltre, i livelli di condivisione sono risultati significativamente diversi nei tre campi di ricerca presi in considerazione: genetica medica, evolutiva e forense, con i valori più elevati osservati per quest'ultimo (86,1%) e quelli più bassi tra i genetisti medici (63,7%) (vedi [Milia et al 2012](#), [Anagnostou et al 2013](#)). È stata, inoltre, analizzata la condivisione dei dati nell'ambito dello studio del DNA antico. Tale analisi ha rivelato che la condivisione è la più alta finora rilevata, sfiorando il 100% (97,6%) (vedi [Anagnostou et al 2015](#)).

Seguendo lo stesso protocollo di analisi, è stata avviata un'analisi della condivisione dei dati in ambito genomico per le pubblicazioni fino al dicembre 2013. I risultati evidenziano una tendenza prevalente a "nascondere" i dati. Infatti, solo il 23% dei *dataset* genomici è risultato in qualche modo condiviso, di cui il 65% è risultato accessibile senza nessuna restrizione. Si è riscontrata, inoltre, una diversa tendenza per quanto riguarda le varie tipologie considerate, con i dati di espressione genica più frequentemente condivisi rispetto a quelli prodotti nell'ambito degli studi di associazione (78,6% contro 8,1%, rispettivamente) (vedi [documento esteso](#)).

I ricercatori nell'ambito dell'antropologia molecolare, che lavorino con dati genetici o genomici, hanno a disposizione diverse soluzioni e strumenti per rendere i propri dati liberamente accessibili. Quelli più utilizzati sono i *database online*. In ambito genetico, vanno considerati [Empop](#) e [YHRD](#) (riservati rispettivamente ai dati del DNA mitocondriale e del cromosoma Y). La caratteristica che rende questi due archivi di particolare interesse è che attuano una serie di procedure per il controllo qualità dei dati sottomessi dai ricercatori. Inoltre, forniscono la possibilità di accompagnare i dati con una, seppur ristretta, serie di metadati utili per gli studi antropologici. Tuttavia, in entrambi i casi l'accesso ai dati è possibile solo su autorizzazione degli amministratori del sito (vedi [Congiu et al 2012](#)). Un'alternativa che permette la libera condivisione dei dati è rappresentata dai database primari ([NCBI](#), [EMBL](#) e [DDBJ](#)). Questi tre database, che raccolgono diversi sotto-archivi specifici per le diverse tipologie di dati, permettono la condivisione sia di dati genetici che genomici (e.g. in NCBI: nucleotide o Popset per i dati genetici e DbGap o GEO per quelli genomici). Tuttavia, hanno anch'essi delle limitazioni che riducono il potenziale utilizzo dei dati in ambito antropologico. Infatti, non prevedono metadati specifici per gli studi antropologici, e non effettuano un accurato controllo di qualità

come i due database descritti in precedenza. Infine, non sono predisposti per la condivisione dei dati relativi ai polimorfismi microsatellite del cromosoma Y, marcatori diffusamente utilizzati in ambito antropologico.

### **Implementazione del sito Anthro Digit<sup>data</sup>**

Viste le caratteristiche dei database attualmente a disposizione dei ricercatori per condividere i dati genetici e genomici di interesse antropologico, l'ISItA ha sviluppato un proprio archivio, [Anthro Digit<sup>data</sup>](#), disegnato tenendo conto delle analisi compiute sulla condivisione dei dati sia genetici che genomici (vedi [documento esteso](#)). Esso permette la sottomissione e la completa condivisione di tutte le tipologie di dati genetici e genomici. Il pregio maggiore di questo archivio, che lo contraddistingue dagli altri database disponibili nel web, è l'adozione di una griglia di metadati specifici per gli studi antropologici. Infatti, ai ricercatori è richiesta la compilazione di una *form* su cui vanno riportate informazioni relative alla popolazione analizzata. Queste informazioni comprendono: (i) le coordinate geografiche del luogo di campionamento; (ii) la/e lingue parlate dalla popolazione in questione; (iii) la struttura sociale adottata dalla popolazione; (iv) strategia di campionamento; (v) il censo; (vi) l'economia di sussistenza. Le informazioni raccolte tramite il *form* permettono di riutilizzare i dati genetici e genomici presenti in Anthro Digit<sup>data</sup> sfruttandone in maniera più completa i relativi metadati di quanto non facciano gli altri *database*.