

Folder zawiera dane zgromadzone podczas realizacji działania naukowego pt.
„Identyfikacja i potencjalny wpływ mikrobioty na rozwój i skuteczność leczenia raka
płaskonabłonkowego jamy ustnej” finansowanego z środków w ramach 7 edycji konkursu
NCN MINIATURA.

Osoba realizująca działanie: dr n. med. Jakub Spątek

Plik 1

Plik o nazwie *Dane próbek i pacjentów* w formacie .pdf zawiera informacje dotyczące pochodzenia próbek wykorzystywanych w badaniu:

15 pacjentów (P1-P15) z rozpoznaniem rakiem płaskonabłonkowym jamy ustnej (OSCC) od których pobrano 15 wymazów z jamy ustnej (W1-W15) oraz śródoperacyjnie 15 próbek tkanki nowotworu (G1-G15)

15 osób zdrowych od których pobrano wymazy z jamy ustnej stanowiące Kontrolę (K1-K15)

Folder 2

Folder o nazwie *pliki FASTQ* zawiera dane źródłowe otrzymane podczas analizy z wykorzystaniem sekwencjonowania 16s NGS Illumina. Do otwarcia plików należy wykorzystać oprogramowanie producenta *BaseSpace* lub inne umożliwiające otwarcie tych rozszerzeń np. *NextGen Sequence Workbench*

Plik 2

Plik o nazwie *Guzy OSCC* w formacie .xlsx zawiera przeanalizowane wyniki otrzymane z badania tkanek nowotworów w formie tabeli. W wierszach tabeli znajdują się nazwy gatunkowe zidentyfikowanych bakterii wraz liczbą odczytów (*reads*) w danej próbce.

Plik 3

Plik o nazwie *Pacjenci z OSCC wymazy* w formacie .xlsx zawiera przeanalizowane wyniki otrzymane z badania wymazów z jamy ustnej pacjentów z OSCC w formie tabeli. W wierszach tabeli znajdują się nazwy gatunkowe zidentyfikowanych bakterii wraz liczbą odczytów (*reads*) w danej próbce.

Plik 4

Plik o nazwie *Kontrola wymazy* w formacie .xlsx zawiera przeanalizowane wyniki otrzymane z badania wymazów z jamy ustnej osób zdrowych w formie tabeli. W wierszach tabeli znajdują się nazwy gatunkowe zidentyfikowanych bakterii wraz liczbą odczytów (*reads*) w danej próbce.

Protokoły wykonywanych badań

Wszystkie badania wykonano zgodnie z opisaną w protokole procedurą i zalecanymi odczynnikami przez producenta sprzętu. Poniżej załączono link do w/w protokołów.

1. Pobieranie materiału: <https://share.google/Lye7BfgXYCZEmr0Vj>
2. Izolacja materiału genetycznego z tkanek guzów: <https://www.invitek.com/en/Search#q=RTP%20pathogeen%20kit%20instruction&sort=relevancy>
3. Izolacja materiału genetycznego z wymazów: <https://share.google/mVxQHTv2XEDb7ziJL>
4. Sekwencjonowanie NGS Illumina: <https://share.google/mt0DldoSZc9mc9bf5>