Global Parkinson's Genetics Program

グローバルコホートで得られた遺伝子型と臨床データ

学界や産業界の有資格研究者はGP2のデータを利用できます。この情報はモノジェニックパーキンソン病に関連する新しい遺伝子と、疾患感受性に関連する新しいリスク遺伝子座の発見を加速するために活用されます。また、疾病予測や修飾子、臨床変化に関する知見にもつながります。**パーキンソン病の遺伝子構造の解明は、治療標的の特定に非常に重要です。**

GP2コホートダッシュボードでは、15万以上の多様なサンプルの採取と遺伝子型同定のグローバルな取り組みにおける進捗を見ることができます。

Aligning Science Across Parkinson' s (ASAP)のグローバルパーキンソン病遺伝学プログラム (GP2) は、多様な患者群の遺伝子型解析や稀な遺伝性パーキンソン病 (PD) の研究を通じて、PDの遺伝子構造をさらに理解することを目的とした意欲的なプログラムです。

よくある質問:

Q. GP2には誰が関与していますか?

A. GP2は現在、ロンドン大学 (UCL) でのリモートあるいは対面でのMSc Clinical Neurologyプログラム、またボルチモア郡メリーランド大学 (UMBC) のバーチャルMPS Data Scienceプログラムへの、アフリカ、アジア、ラテンアメリカ出身の学生の入学をサポートしています。

Q. GP2のデータはどこで入手できますか?

A. データは、Accelerating Medicines Partnership in Parkinson' s Disease (AMP® PD) Programのプラットフォームからアクセスできます。データへのアクセス方法については、**www.gp2.org/dataaccess** で詳細をご覧ください。

Q. どのようなデータが共有されますか?

A.
- 統計データの要約
- 入力済または加工前の遺伝子解析データ
- 整合性のある臨床データ

Q. データはいつ公開されますか?

A. GP2は、遺伝子解析が完了した時点で、順次データを公開していきます。すぐにでも利用可能なデータにアクセスし、頻繁に更新を確認することができます。これまでの進捗状況は、**www.gp2.org/cohort-dashboard/** でご覧いただけます。

GP2コホートダッシュボードを調べ、データのアクセス方法を学び、他言語で情報にアクセスするには、このQRコードを読み取ってください。

遺伝的危険因子について学ぶことはまだたくさんあり、さらなる理解への道には、データ、プロセス、結果をオープンに共有し、協力し合うことが必要です。

GP2 メンバーになるための詳細については、**cohort@gp2.org** までお問い合わせください。