

全球队列的基因分型及临床数据

现在, GP²的数据已向学界和业内合格研究人员开放。该信息可用于加速发现与单基因帕金森病相关的新基因以及帕金森病相关的新风险基因位点。在疾病预测、疾病调节和临床差异方面,它也能为相关研究带来启发。剖析帕金森病的遗传结构是找到治疗靶点的关键工作。



GP² 的队列面板显示全球收集和基因分型超过 150,000 个不同样本任务的进展。

帕金森病科学联盟 (ASAP) 旗下的全球帕金森病遗传学研究计划 (GP²) 设定了远大的目标: 它旨在通过对各类患者群体进行基因分型及对罕见家族性帕金森病进行研究, 进一步了解帕金森病的基因结构。

常见问题：

问 谁参与了GP2?

答 我们致力于推进全球协作，目前正与六大洲50多个地点的160多个队列合作。

问 我在哪儿获取GP2的数据?

答 您可以通过帕金森病药物加速合作伙伴关系 (AMP® PD) 计划平台获得数据。访问www.gp2.org/dataaccess，进一步了解如何获取数据。

问 共享了哪些数据?

答

- 统计汇总
- 填补及原始基因分型数据
- 标准统一的临床数据

问 何时共享数据?

答 GP2将在完成基因分型后陆续进行数据发布；您可以立即访问现有数据并随时查看更新。请访问www.gp2.org/cohort-dashboard/，了解我们的最新进展。



关注二维码，了解更多GP2的培训机会，以及如何用其他语言访问此信息。

我们对遗传风险因素尚且知之甚少，要加深对它的了解需要各方通力协作，并开放共享数据、处理流程和结果。

如需就如何成为GP2的成员了解更多信息，请联系 cohort@gp2.org。