

التصنيف الوراثي والبيانات السريرية من مجموعات المشاركين في البحث العالمية

تتوفر الآن بيانات من برنامج GP²، وهي متاحة للباحثين المؤهلين في السلك الأكاديمي والعاملين في المجال بشكل عام. سوف تستخدم هذه المعلومات لتسريع اكتشاف الجينات الجديدة المرتبطة بداء باركنسون أحادي الجينة ومواقع الخطر الجديدة المرتبطة باحتمالية الإصابة بالمرض. كما يمكن لهذه المعلومات أن تقود إلى رؤى جديدة بخصوص التنبؤ بداء باركنسون ومعدلاته والمتغيرات السريرية. ويُعدّ تفكيك البنية الجينية لداء الباركنسون ضرورياً من أجل التوصل إلى أهداف علاجية.



وتُظهر لوحة إعدادات المشاركين في برنامج GP² التقدم الذي أحرزته الجهد العالمي لجمع أكثر من ٢٥٠ ألف عينة متنوعة وتصنيفها بحسب النموذج الوراثي.

البرنامج العالمي حول الجينات المرتبطة بداء باركنسون GP² هو برنامج طموح يهدف إلى تحسين فهمنا للبنية الجينية لداء باركنسون، وذلك من خلال دراسة النماذج الوراثية لمجموعات متنوعة من المرضى بالإضافة إلى الأشكال الوراثية النادرة للمرض.

سؤال:

من هم المشاركون في برنامج GP2؟

أ.

يضم برنامج GP2 في عضويته مجموعات جديدة وأخرى قائمة ساهم بها الباحثون من حول العالم. نحن ملتزمون بالتشاركية على مستوى العالم، إذ يساهم الأعضاء بأكثر من ١٨٠ مجموعة في أكثر من ٦٠ موقعاً من مختلف أنحاء القارات الست.

سؤال:

أين يمكنني الاطلاع على بيانات GP2؟

أ.

يمكن الدخول إلى البيانات عن طريق منصة برنامج تعزيز شراكة تطوير أدوية مرض باركنسون (AMP-PD). اعرف المزيد حول كيفية الوصول إلى البيانات على الرابط التالي: www.gp2.org/dataaccess

سؤال:

ما هي البيانات التي تمت مشاركتها؟

أ.

ملخص الإحصائيات:

* البيانات المنسوبة والخام المصنفة حسب النموذج الوراثي

* البيانات السريرية التي تمت مواءمتها

سؤال:

متى تتم مشاركة البيانات؟

أ.

سوف ينشر برنامج GP2 دفعات البيانات بعد الانتهاء من تصنيفها بحسب النماذج الوراثية. يمكنك الدخول إلى البيانات اليوم وننصحك بزيارة الموقع باستمرار لمتابعة المستجدات. يمكنك مشاهدة التقدم المحرز حتى اللحظة على الرابط التالي: www.gp2.org/dataaccess



اتبع رمز QR لاستكشاف لوحة إعدادات المشاركين في برنامج GP2، ومعرفة كيفية الدخول إلى البيانات والوصول إلى هذه المعلومات بلغات أخرى.

ما يزال أماننا الكثير لتتعلمه حول عوامل الخطر الجينية، ويتطلب تطوير فهمنا لهذه العوامل التعاون المنفتح ومشاركة البيانات والإجراءات والنتائج.