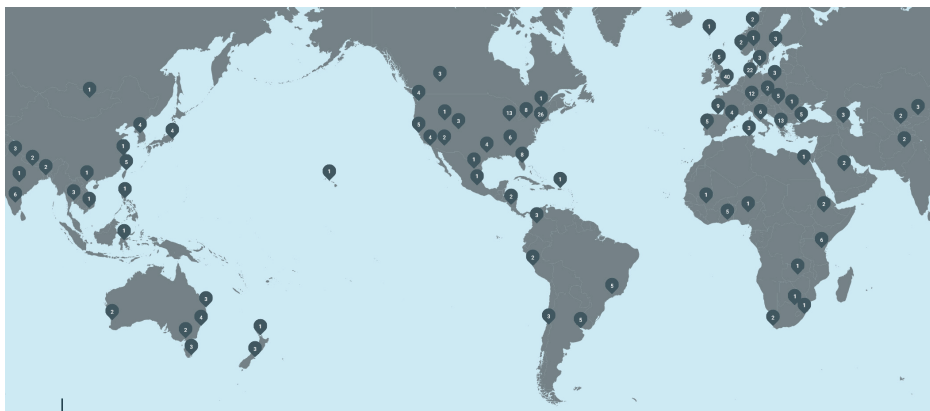


グローバルコホートからの遺伝子型同定と臨床データ

GP2のデータは、業界の学術分野の有資格研究者が利用することができます。この情報はモノジェニックパーキンソン病(PD)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、疾患予測、疾患治療、臨床変異の知見をもたらします。パーキンソン病の遺伝的構造を解明することは、治療標的の特定にとって重要です。



GP2コホートダッシュボードでは、25万以上の多様なサンプルの収集と遺伝子型同定のグローバルな取り組み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、多様な患者グループの遺伝子型を特定し、希少家族性PDを研究することにより、パーキンソン病の遺伝的構造をさらに理解することを目的としたプログラムです。

よくある質問

Q. GP2に参加しているのは誰ですか？

- A. GP2のメンバーは世界中の研究者の貢献により、新旧の研究コホートから構成されています。私たちは6大陸、60以上の拠点、180以上のコホートが貢献するグローバルな協働に取り組んでいます。

Q. どこからGP2のデータにアクセスできますか？

- A. データはAccelerating Medicines Partnership in Parkinson's Disease (AMP PD) プログラムのプラットフォームからアクセスできます。データアクセスの方法についてはwww.gp2.org/dataaccessをご覧ください。

Q. 何のデータが共有されていますか？

- A. ・統計まとめ
・インビュート済および生遺伝子型同定データ
・調整済み臨床データ

Q. いつデータが共有されますか？

- A. GP2は遺伝子型同定が完了した時点でデータをリリースをします；現在すでに利用可能なデータにアクセスし、アップデートをチェックしましょう。これまでの進捗はwww.gp2.org/cohort-dashboard/でご覧いただけます。



QRコードからGP2コホートを探し、データのアクセス方法を知り、英語以外の言語で情報を見ることができます。

遺伝的リスク因子については解明されていないことが多く、共同研究そしてデータ、プロセス、結果をオープンに共有することが求められます。

GP2メンバーになるための詳細はcohort@gp2.orgまでご連絡ください。