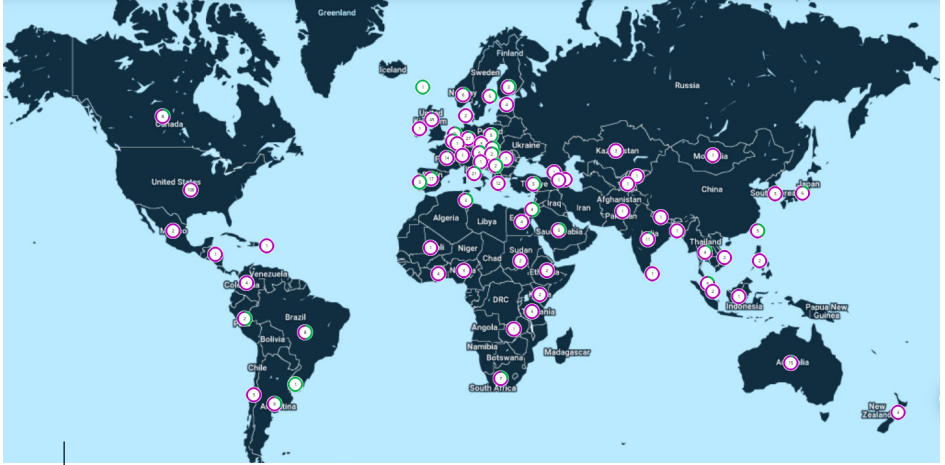


التصنيف الوراثي والبيانات السريرية من المجموعات العالمية المشاركة في البحث

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 ومواضع الخطر الجديدة المرتبطة باحتمالية الإصابة بالمرض. كما يمكن لهذه المعلومات أن تقود إلى معرفة جديدة تساعدنا على التنبؤ بداء باركنسون ومعدلاته والمتغيرات السريرية. ويُعد تفكيك البنية الجينية لداء باركنسون ضرورياً من أجل التوصل إلى أهداف علاجية.



وتُظهر لوحة إعدادات المشاركين في برنامج GP2 التقدم الذي أحرزه الجهد العالمي لجمع أكثر من 250 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 300 مجموعة في أكثر من 70 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). يمكنكم معرفة المزيد حول كيفية الوصول إلى البيانات من خلال الرابط التالي: www.gp2.org/dataaccess.

سؤال:

ما هي البيانات التي تمت مشاركتها؟

أ.

ملخص الإحصائيات:

* البيانات المحترقة والخام المصنفة حسب النموذج الوراثي

* البيانات السريرية التي تمت مواءمتها

* تسلسل الجينوم الكامل وبيانات الاكسوم السريرية

سؤال:

متى تتم مشاركة البيانات؟

أ.

سوف ينشر برنامج GP2 دفعات البيانات بعد الانتهاء من تصنيفها بحسب النماذج الوراثية. يمكنكم الإطلاع على البيانات اليوم وننصحكم بزيارة الموقع باستمرار لمتابعة المستجدات. يمكنكم الإطلاع على التقدم المحرز حتى اللحظة عبر الرابط التالي: www.gp2.org/cohort-dashboard.



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

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