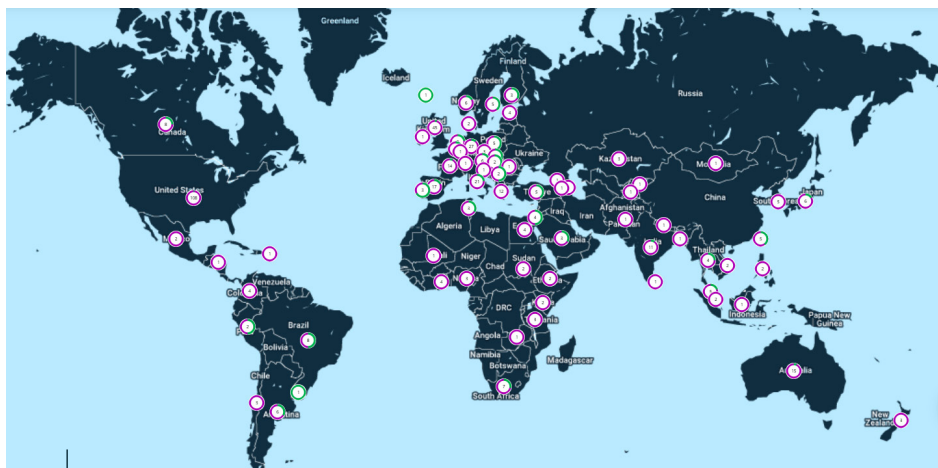


来自全球队列的基因分型和临床数据

GP2 的数据现在可供学术界和业界的合格研究人员使用。这些信息将用于加速发现与单基因帕金森病 (PD) 相关的新基因以及与疾病易感性相关的新风险位点。GP2的数据还能为疾病预测、疾病调节因素和临床变异提供见解。剖析帕金森病的基因结构对于确定治疗目标至关重要。



GP2的队列看板显示了全球在收集25万余份不同样本并对其进行基因分型方面所取得的进展。

全球帕金森基因计划 (GP2) 是一项雄心勃勃的计划,旨在通过对不同患者群体进行基因分型和研究罕见的帕金森病家族性形式,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: GP2成员由世界各地研究人员贡献的新研究队列和现有研究队列组成。我们致力于全球合作, 成员遍布六大洲70多个地区, 为300多个队列做出了贡献。

问: 从哪里可以获取GP2数据?

答: 数据可通过帕金森病加速药物合作计划 (AMP® PD) 平台获取。有关如何获取数据的更多信息, 请访问 www.gp2.org/dataaccess

问: 哪些数据是共享的?

答:

- 统计信息摘要
- 估算和原始基因分型数据
- 统一临床数据
- 全基因组测序和临床外显子组数据

问: 数据何时共享?

答: GP2将根据基因分型和测序的完成情况逐步发布数据; 您现在即可访问现有数据, 并请经常回来查看更新。您可以在 www.gp2.org/cohort-dashboard/上看到我们迄今为止取得的进展。



请关注二维码浏览GP2的队列仪表板, 了解如何访问数据, 并以其他语言访问这些信息。

我们对于遗传风险因素的了解还远远不够, 要想增进理解, 就需要共同合作, 公开分享数据、流程和结果。

欲了解如何成为GP2成员, 请通过以下的邮箱联系我们: cohort@gp2.org.