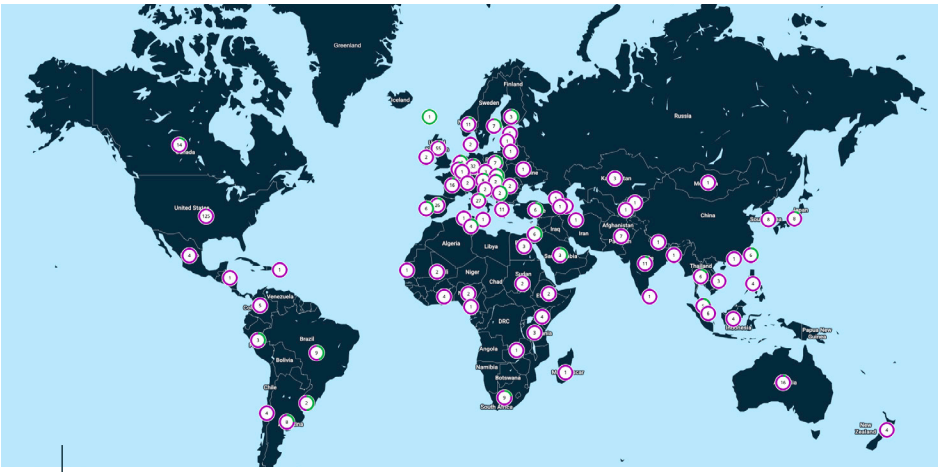
Ganzheitliche Genotypisierung und Sequenzierung sowie klinische Daten von globalen Kohorten

Die Daten des Global Parkinson's Genetics Program (GP2) werden qualifizierten Forschenden und Kliniker*innen aus Wissenschaft und Industrie weltweit zur Verfügung gestellt. Dank dieser Daten wird sich die Entdeckung neuer Gene, die mit der monogenen Parkinson-Krankheit (PD) in Verbindung stehen, sowie neuer Risiko-Loci, die mit der Anfälligkeit für die Krankheit assoziiert sind, beschleunigen lassen. Sie können zudem Aufschluss über Krankheitsvorhersage, Krankheitsmodifikatoren, klinische Variationen und begünstigende Umweltfaktoren geben.



Das Kohorten-Dashboard von GP2 zeigt, welche Fortschritte weltweit im Bemühen darum, mehr als 250.000 verschiedene Proben zu sammeln und zu genotypisieren, erzielt wurden.

Die Erforschung der genetischen Architektur von Morbus Parkinson ist von entscheidender Bedeutung für die Identifizierung therapeutischer Ansatzpunkte.

Das Global Parkinson's Genetics Program (GP2) der Initiative Aligning Science Across Parkinson's (ASAP) ist ein ambitioniertes Programm mit dem Ziel, die genetische Architektur der Parkinson-Krankheit besser zu verstehen, und zwar durch die Genotypisierung vielfältiger und unterrepräsentierter Bevölkerungsgruppen, die Ausweitung der Forschung auf atypische und prodromale Formen von Morbus Parkinson sowie den sicheren und offenen Austausch von Daten und Ressourcen mit Forschenden weltweit.

Häufig gestellte Fragen:

F: Wer wirkt bei GP2 mit?

A: GP2 setzt sich aus neuen und bestehenden Forschungskohorten zusammen, die von Forschenden aus der ganzen Welt beigesteuert werden. Eines unserer Kernanliegen ist die globale Zusammenarbeit mit den Mitgliedern, die bislang mehr als 418 Kohorten an über 87 individuellen Standorten auf sechs Kontinenten eingebracht haben.

F: Wo kann ich auf GP2-Daten zugreifen?

A: Der Zugriff auf die Daten erfolgt über die Programmplattform Accelerating Medicines Partnership in Parkinson's Disease (AMP® PD). Weitere Informationen zum Datenzugriff finden Sie unter: *www.gp2.org/dataaccess*.

F:: Welche Daten werden geteilt?

A:
- Zusammenfassende Statistiken
- Rohdaten sowie imputierte Daten zu Genotypen
- Harmonisierte klinische Daten
- Daten aus der Gesamtgenomsequenzierung und klinische Exomdaten

---

F: Wann werden Daten geteilt?

A: Nach Abschluss der Genotypisierung und Sequenzierung wird GP2 Datenveröffentlichungen vornehmen. Sie können jederzeit auf die aktuell verfügbaren Daten zugreifen und prüfen, ob seit Ihrem letzten Besuch ein Update bereitgestellt wurde. Unsere bisherigen Fortschritte können Sie einsehen unter: *www.gp2.org/cohort-dashboard/*.

Über den QR-Code können Sie das Kohorten-Dashboard von GP2 erkunden und erfahren, wie Sie auf die Daten zugreifen können. Sie finden diese Informationen dort auch in anderen Sprachen.

Es gibt nach wie vor viel über genetische Risikofaktoren zu lernen, und der Weg zu einem besseren Verständnis erfordert einen kooperativen Arbeitsansatz sowie einen offenen Austausch von Daten, Prozessen und Ergebnissen.

Wenn Sie mehr darüber erfahren möchten, wie man Mitglied von GP2 wird, kontaktieren Sie uns bitte unter: **cohort@gp2.org.**