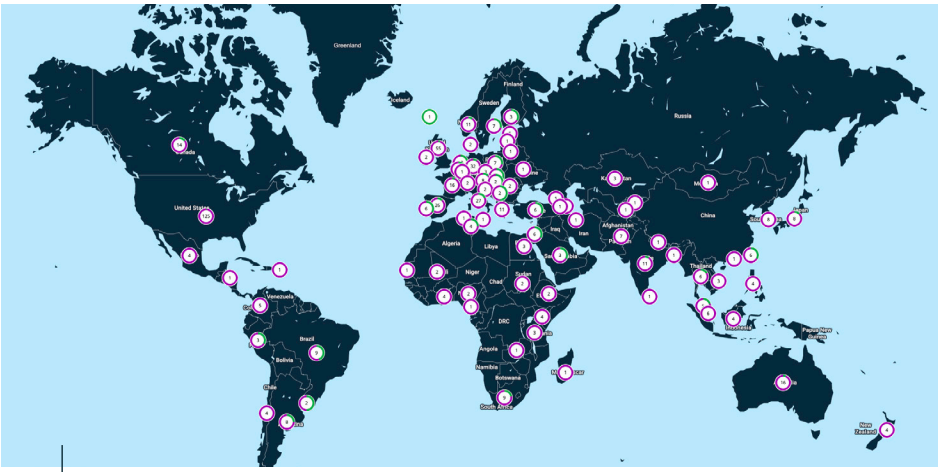
Génotypage intégré, séquençage et données cliniques de cohortes mondiales

Les données du Programme mondial sur la génétique de la maladie de Parkinson (GP2) sont accessibles aux chercheurs et cliniciens qualifiés du monde de la recherche et des entreprises, partout dans le monde. Ces données vont accélérer la découverte de nouveaux gènes liés à la maladie de Parkinson monogénique et aux nouveaux loci à risque associés à la prévalence de la maladie. Elles offrent également une meilleure compréhension des précurseurs de la maladie, du pronostic pathologique, des modificateurs de maladies et de la variabilité clinique ainsi que des facteurs environnementaux sur la maladie de Parkinson.



Le tableau de bord des cohortes du GP2 indique l'état d'avancement des efforts déployés dans le monde entier pour recueillir et réaliser le génotypage de plus de 250 000 échantillons variés.

L'analyse de l'architecture génique de la maladie de Parkinson est essentielle pour identifier les cibles thérapeutiques.

L'initiative de l'Aligning Science Across Parkinson's (ASAP), le Programme mondial sur la génétique de la maladie de Parkinson (GP2), est un programme ambitieux pour mieux comprendre l'architecture génique de la maladie de Parkinson grâce au génotypage divers et aux populations sous-représentées, qui élargit ainsi la recherche aux formes atypiques et prodromiques de la maladie de Parkinson et permet un partage ouvert et sécurisé des données et des ressources avec les chercheurs du monde entier.

Foire aux questions

Q. Qui participe au GP2 ?

R. L'appartenance au GP2 englobe aussi bien les nouvelles cohortes que les cohortes existantes apportées par les chercheurs du monde entier. Nous nous engageons à mobiliser la collaboration à l'échelle mondiale, les membres contribuant avec plus de 418 cohortes provenant de plus de 87 sites et sur six continents.

Q. Où peut-on avoir accès aux données du GP2 ?

R. Vous pouvez accéder aux données sur la plateforme du programme Accelerating Medicines Partnership in Parkinson's Disease (AMP® PD). En savoir plus et accéder aux données sur *www.gp2.org/dataaccess*

Q. Quel type de données est partagé ?

R.
- statistiques de synthèse
- données brutes et imputées du génotypage
- données cliniques harmonisées
- séquençage du génome entier et données cliniques de l'exome

---

Q. Où les données sont-elles partagées ?

R. Le GP2 publiera les dernières éditions des données, une fois le génotypage et le séquençage achevés. Accédez aux données déjà disponibles et vérifiez régulièrement les mises à jour. Accompagnez nos progrès sur *www.gp2.org/cohort-dashboard/*.

Suivez le code QR pour exploiter le tableau de bord du GP2, voyez comment accéder aux données et aux informations dans d'autres langues.

Il reste encore beaucoup à apprendre sur les facteurs de risque génétiques ; la voie vers une meilleure compréhension passe par la collaboration et le partage ouvert des données, des processus et des résultats.

Pour en savoir plus sur comment devenir membre du GP2, contactez-nous à **cohort@gp2.org.**