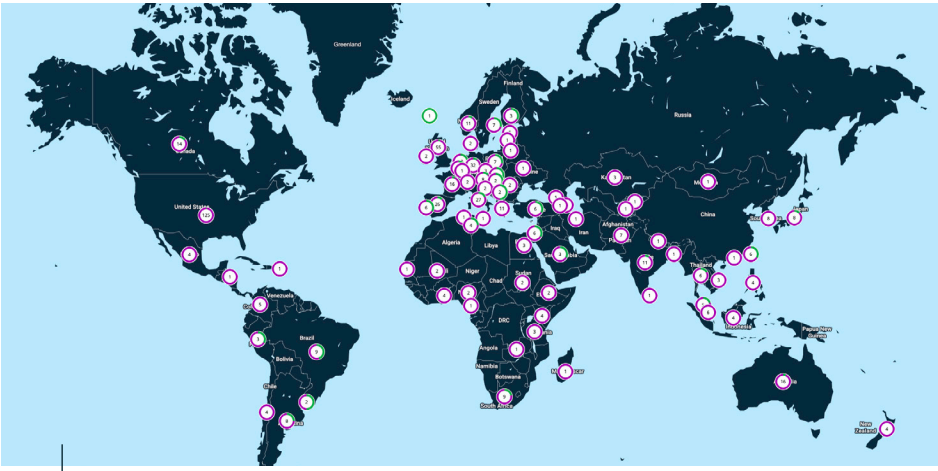
統合遺伝子同定、配列解析、グローバルコホートからの臨床データ

グローバルパーキンソン病遺伝学プログラム（GP2）のデータは、世界中の学術界・産業界の有資格研究者や臨床医が入手可能です。これらのデータは、モノジェニックパーキンソン病（PD）に関連する新規遺伝子や、疾患感受性に関連する新規リスク座の発見の加速につながります。またデータは、病気の予測、疾患修飾因子、臨床的変異、および環境要因に関する洞察も提供します。



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同定のグローバルな進捗を見ることができます。

パーキンソン病の遺伝的構造の解明は、治療標的を特定するために極めて重要
Aligning Science Across Parkinson's（ASAP）イニシアチブのグローバルパーキンソン病遺伝学プログラム（GP2）は、これまであまり研究されてこなかった多様な人口群の遺伝子同定を通じてPDの遺伝的構造を解明し、非典型・前駆型PDに関する研究を進展させるとともに、世界中の研究者とデータやリソースを安全で開かれた方法で共有するための野心的なプログラムです。

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が貢献し、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、87以上の専門拠点、418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ホ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
- 未加工およびインピュテーション済みの遺伝子型データ
- 調整済み臨床データ
- 全ゲノム配列解析と臨床エクソームデータ

Q. いつデータが共有されますか?

A. GP2は遺伝子型同定と配列解析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、様々な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まだ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。