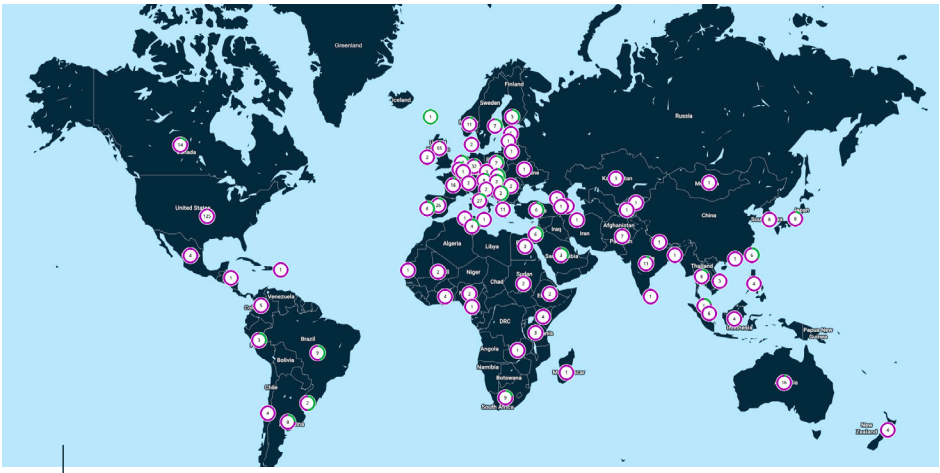
全球队列整合的基因分型、测序及临床数据

全球帕金森基因计划 (GP2) 的数据面向全球学术界和产业界符合资格的研究人员及临床医生开放。这些数据将加速发现与单基因帕金森病 (PD) 相关的新基因，以及与帕金森病易感性相关的新风险位点。这些数据还有助于深入了解帕金森病的疾病预测、疾病修饰因素、临床表现差异以及环境影响因素。



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。

解析帕金森病的遗传结构对于识别治疗靶点至关重要

帕金森科学联盟 (ASAP) 旗下的全球帕金森基因计划 (GP2) 是一项雄心勃勃的研究计划，旨在通过对具有多样性且在既往研究中代表性不足的人群开展基因分型、拓展对非典型及前驱期帕金森病的研究，以及以安全、开放的方式与全球研究人员共享数据和资源，进一步深入了解帕金森病的遗传结构。

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87多个地区，为418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
- 原始基因型数据及经过基因型填补的基因型数据
- 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： 随着基因分型和测序工作逐步完成，GP2将分批发布数据。您现在即可访问已开放的数据，并请定期查看后续更新。
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 .