

[登录](#)



**中山大學 医学院**  
SUN YAT-SEN UNIVERSITY SCHOOL OF MEDICINE

[中大首页](#) | [网站地图](#) | [内部网](#)

### 栏目页菜单

- [首页](#)
- [学院新闻](#)
- [学院概况](#)
- [师资力量](#)
- [基层党建](#)
- [教学教务](#)
- [学术科研](#)
- [学生工作](#)
- [生物医学夏令营](#)
- [人事工作](#)
- [校友基金](#)
- [实验室安全](#)
- [信息资源](#)

刘甘强



#### 个人简介:

刘甘强博士，现任中山大学医学院教授、博士生导师。2007年本科毕业于同济大学生命科学

与技术学院。2014年于澳大利亚The University of Queensland获得生物信息学博士学位（师从著名分子生物学家John Mattick 教授），同年赴哈佛大学医学院、布莱根妇女医院Clemens Scherzer神经基因组课题组(帕金森病高级研究中心)进行博士后研究。2017年10月起担任哈佛大学医学院神经病学系讲师。2018年获聘中山大学“百人计划”引进人才加入中山大学医学院。

### 学科专业:

生物信息学, 医学组学, 神经病学

### 研究概述:

刘甘强博士研究通过对组学和临床数据的整合与分析, 为疾病的诊断和进展发现潜在的生物标志物和提供相应的预测工具。特别在帕金森病进展和生物标志物的研究等方面取得了重要学术成果:

- 1) 揭示遗传变异与帕金森病进展之间的关联, 发现(b-葡萄糖脑苷脂酶) GBA基因突变和帕金森病患者的认知功能下降存在遗传关联, 并利用相关生物统计学算法开发出适用于临床应用的遗传认知风险评估预测帕金森病患者的全面认知障碍。
- 2) 探索帕金森病的生物标志物, 发现了与帕金森病发病早期相关的血液中的转录物可作为疾病诊断潜在的生物标志物。
- 3) 探索人类转录组和RNA相互作用, 发现每个单倍体基因组中非蛋白质编码DNA 的比例与生物学复杂性呈正相关; 利用第二代测序技术和全新算法来研究人类线粒体转录组中的RNA与蛋白质相互作用。

### 招生与招聘:

诚挚欢迎具有生物信息学、生物统计学、基础医学和临床神经病学背景专职科研人员, 博士后加盟。长期招收博士生, 硕士生。有意者请发详细个人简历到本人邮箱。研究生招生信息详见中山大学研究生招生网 (<http://graduate.sysu.edu.cn/gra02/>) 。

### 联系方式:

liugq3@mail.sysu.edu.cn

### 著作

1. Dong X, Liao Z, Gritsch D, Hadzhiev Y, Bai Y, Locascio JJ, Guennewig B, **Liu G**, Blauwendraat C, Wang T, Adler CH, Hedreen JC, Faull RLM, Frosch MP, Nelson PT, Rizzu P, Cooper AA, Heutink P, Beach TG, Mattick JS, Müller F & Scherzer CR. Enhancers active in dopamine neurons are a primary link between genetic variation and neuropsychiatric disease. **Nature Neuroscience**. 2018.
2. **Liu G**, Locascio JJ, Corvol JC, Boot B, Liao Z, Page K, Franco D, Burke K, Jansen IE, Trisini-Lipsanopoulos A, Winder-Rhodes S, Tanner CM, Lang AE, Eberly S, Elbaz A, Brice A, Mangone G, Ravina B, Shoulson I, Cormier-Dequaire F, Heutink P, van Hilten JJ, Barker RA, Williams-Gray CH, Marinus J, Scherzer CR, for the HBS, CamPaIGN, PICNICS, PROPARK, PSG, DIGPD and PDBP investigators. Prediction of cognition in Parkinson's disease with a clinical-genetic score: a longitudinal analysis of nine cohorts. **The Lancet Neurology**. 2017; 16(8): 620-629.
3. **Liu G**, Boot B, Locascio JJ, Jansen IE, Winder-Rhodes S, Eberly S, Elbaz A, Brice A, Ravina B, van Hilten JJ, Cormier-Dequaire F, Corvol JC, Barker RA, Heutink P, Marinus J, Williams-Gray CH, Scherzer CR; International Genetics of Parkinson Disease

- Progression (IGPP) Consortium. Specifically neuropathic Gaucher's mutations accelerate cognitive decline in Parkinson's. **Annals of Neurology**. 2016; 80(5): 674-685.
4. Azmanov DN, Siira SJ, Chamova T, Kaprelyan A, Guergueltcheva V, Shearwood AJ, **Liu G**, Morar B, Rackham O, Bynevelt M, Grudkova M, Kamenov Z, Svechtarov V, Tournev I, Kalaydjieva L, Filipovska A. Transcriptome-wide effects of a POLR3A gene mutation in patients with an unusual phenotype of striatal involvement. **Human Molecular Genetics**. 2016; 25(19): 4302-4314.
  5. Locascio JJ, Eberly S, Liao Z, **Liu G**, Hoelsing AN, Duong K, Trisini-Lipsanopoulos A, Dhima K, Hung AY, Flaherty AW, Schwarzschild MA, Hayes MT, Wills AM, Shivraj Sohur U, Mejia NI, Selkoe DJ, Oakes D, Shoulson I, Dong X, Marek K, Zheng B, Ivinson A, Hyman BT, Growdon JH, Sudarsky LR, Schlossmacher MG, Ravina B, Scherzer CR. Association between  $\alpha$ -synuclein blood transcripts and early, neuroimaging-supported Parkinson's disease. **Brain**. 2015; 138(9): 2659-2671.
  6. **Liu G**, Mercer TR, Shearwood AM, Siira SJ, Hibbs ME, Mattick JS, Rackham O, Filipovska A. Mapping of mitochondrial RNA-protein Interactions by digital RNase footprinting. **Cell Reports**. 2013; 5(3): 839-848.
  7. **Liu G**, Mattick JS, Taft RJ. A meta-analysis of the genomic and transcriptomic composition of complex life. **Cell Cycle**. 2013; 12(13): 2061-2072.
  8. Zou J, Li WQ, Li Q, Li XQ, Zhang JT, **Liu G**, Chen J, Qiu XX, Tian FJ, Wang ZZ, Zhu N, Qin YW, Shen B, Liu TX, Jing Q. Two functional microRNA-126s repress a novel target gene p21-activated kinase 1 to regulate vascular integrity in zebrafish. **Circulation Research**. 2011; 108(2): 201-209.
  9. Wang Y, Chen J, Li Q, Wang H, **Liu G**, Jing Q, Shen B. Identifying novel prostate cancer associated pathways based on integrative microarray data analysis. **Computational Biology and Chemistry**. 2011; 35(3): 151-158.
  10. **Liu G**, Ding M, Chen J, Huang J, Wang H, Jing Q, Shen B. Computational analysis of microRNA function in heart development. **Acta Biochim Biophys Sin**. 2010; 42(9): 662-670.
  11. **Liu G**, Ding M, Wang H, Huang J, Jing Q, Shen B. Pathway analysis of microRNAs in mouse heart development. **Int. J. Bioinform Res Appl**. 2010; 6(1): 12-20.

### 研究方向

神经退行性疾病精准医学；医学大数据和人工智能

