



附图5.13 根据SHEIB算法在Bipolar Disorder的GWAS数据上检测上位性的结果绘制的基因网络。每一个节点代表一个基因，位于它上面的一些SNP与Bipolar Disorder在我们的结果中有显著的关系，节点的度越大，代表这个基因在这种疾病中的作用越大。两个节点上的边，代表在我们的结果中至少存在k个上位性，它们对应的两个SNP分别位于这两个基因上，为了网络良好的可读性，这里k设置为4。图中的网络表明，对于Bipolar Disorder这种疾病，NELFA、CCAR1、NCAPG2、ATAD1等基因（大节点）有着较大的研究价值。