



附图4.5 根据SEE算法在Rheumatoid Arthritis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Rheumatoid Arthritis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12。图中的网络表明，对于Rheumatoid Arthritis这种疾病，LOC101929163、C6orf10、CACNG1、FRMPD4等基因(大节点)有着较大的研究价值。