

# Informacja interakcyjna i jej wykorzystanie w Genome Wide Interaction Studies

**Jan Mielniczuk**

Instytut Podstaw Informatyki Polskiej Akademii Nauk

miel@ipipan.waw.pl, <https://home.ipipan.waw.pl/j.mielniczuk/>

Istotną rolę w badaniach genetycznych człowieka odgrywa poszukiwanie istotnych interakcji między genami i ocena ich znaczenia w etiologii chorób, realizowane w szczególności w Genome Wide Interaction Studies (por. Cordell (2002)). Jednym z narzędzi do bezmodelowego badania siły interakcji jest informacja interakcyjna wykorzystywana w systemach do ich wykrywania (por. np. Wan i inni (2010)). Uzyskane ostatnio wyniki (Mielniczuk i Kubkowski (2020)) pozwalają na konstrukcję dokładniejszych metod wykrywania istotnych interakcji w sytuacji występowania zależności między genami. Celem projektu jest analiza własności takich metod, w szczególności kontrola przez nie False Discovery Rate (FDR) oraz ich praktyczne zastosowanie. Analiza będzie dokonywana przy użyciu narzędzi wnioskowania statystycznego i teorii informacji, a w części praktycznej metodami uczenia maszynowego. Zostaną zbadane również możliwości wykorzystania informacji interakcyjnej do selekcji istotnych genów przy wykorzystaniu m.in. rozkładu Möbiusa, będące kontynuacją pracy Mielniczuk i Teisseyre (2019).

## Literatura

- [1] H. Cordell (2002), *Epistasis: what it means, what it doesn't mean, and statistical methods to detect it in humans*, Human Molecular Genetics. 111, 2463-2468
- [2] X. Wan et al (2010), *BOOST: a fast Approach to detecting Gene-Gene interactions in Genome-wide Case-Control Studies*, American Journal of Human Genetics. 87, 325-340
- [3] M. Kubkowski, J. Mielniczuk (2020), *Asymptotic distributions of empirical Interaction Information*, Methodology and Computing in Applied Probability
- [4] J. Mielniczuk, P. Teisseyre (2019), *Stopping rules for mutual information-based feature selection*, Neurocomputing, 358, 255-274