

## Koblingsuligevægt

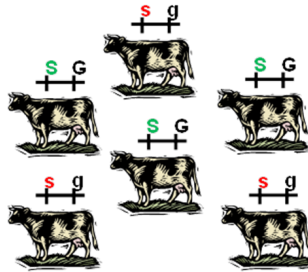
*Koblingsuligevægt er nødvendigt for at genomisk selektion kan virke, og jo stærkere koblingsuligevægten er desto bedre.*

Koblingsuligevægt beskriver det forhold, at en given variant af et bestemt gen oftere nedarves sammen med en given variant af et nabo-gen end ved tilfældigheder. Koblingsuligevægt nedbrydes kontinuerligt som følge af udvekslingen af kromosomstykker i forbindelse med dannelsen af kønsceller.

Når koblingsuligevægten er fuldstændig, vil dyr, der bærer den samme SNP-variant (f.eks. S i figur 1), i alle tilfælde bære den samme udgave af det gen, vi ønsker at fremme (G i figur 1). Dette er fordelagtigt, hvis vi ønsker at udvælge dyr, der bærer bestemte gener, ud fra genomiske test, der kun giver os information om, hvilke SNP'er dyrene bærer. Hvis eksempelvis SNP'en er en del af det gen, vi er interesserede i, vil koblingsuligevægten være fuldstændig.



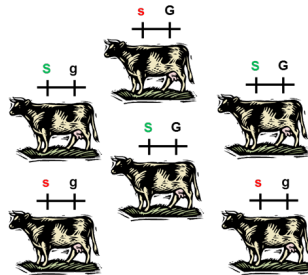
Den Europæiske Union ved Den Europæiske Fond for Udvikling af Landdistrikter og Ministeriet for Fødevarer, Landbrug og Fiskeri har deltaget i finansieringen af projektet.



Figur 1:

*Fuldstændig koblingsuligevægt. Dyrene, der bærer SNP'en S bærer i alle tilfælde genet G, dvs. hvis vi udvælger dyr på baggrund af S, udvælger vi samtidig dyr, der bærer G. Bemærk at vi kun ved, hvilken SNP dyret bærer ikke hvilket gen.*

Omvendt vil dyr, der bærer den samme SNP-variant (f.eks. S i figur 2), ikke nødvendigvis bære den samme udgave af det gen, vi ønsker at fremme, hvis koblingsuligevægten er ufuldstændig (både G og g i figur 2). Dette er tilfældet, hvis der er afstand mellem SNP'en og genet. Jo større afstanden er, jo mindre er koblingsuligevægten.



Figur 2:

*Ufuldstændig koblingsuligevægt. Dyrene, der bærer SNP'en S bærer kun i nogle tilfælde genet G, dvs. hvis vi udvælger dyr på baggrund af S, kan vi ikke være sikre på, at vi udvælger dyr, der bærer G. Bemærk at vi kun ved, hvilken SNP dyret bærer ikke hvilket gen.*