



## Minimización de los riesgos de consanguinidad en cuatro razas ovinas españolas en riesgo en un esquema obligatorio de selección para la disminución de la susceptibilidad a las Encefalitis Espongiformes Transmisibles

Referencia: RZ20004-00007-C02. Organismo financiador: Instituto Nacional de Investigación y Tecnología Agraria y Alimentaria (INIA). Importe: 52.200 €. Duración: 2006–2008.

<i>Equipo investigador</i>	<i>Organismo</i>
Félix M <sup>a</sup> Goyache Goñi	SERIDA
Luis José Royo Martín	SERIDA
Isabel Álvarez Fernández	SERIDA
Iván Fernández Suárez	SERIDA
Juan Pablo Gutiérrez García	Universidad Complutense de Madrid

### *Equipo técnico*

Iván Fernández Suárez                      SERIDA

### *Entidad colaboradora*

Asociación de Criadores d'Oveya Xalda Asturiana (ACOX), Asociación de Criadores de ganado Ovino de Raza Colmenareña, Asociación de Criadores de ganado Ovino de Raza Rubia del Molar y Associació de Ramaders de l'Ovella de Raça Mallorquina.

## Resumen y avance de resultados

El objetivo general del proyecto es la implantación de una metodología de monitorización de los libros genealógicos y la aplicación de técnicas de coascendencia molecular sobre los animales susceptibles de ser utilizados como reproductores en cuatro razas ovinas españolas en riesgo para asegurar la conservación de su variabilidad genética.

El proyecto se inició en el último tercio del año 2005. Se puso a punto el software necesario para los cálculos de las coascendencias moleculares entre individuos. El programa (MolKin) se puso, además, a disposición internacional tras su publicación en la revista *Journal of Heredity*, y puede accederse a él en la dirección de Internet <http://www.ucm.es/info/prodanim/Molkin2.zip>. Este programa permite llevar a cabo varios análisis genéticos a partir de información *multilocus* con una interfaz muy sencilla y fácil de utilizar, incluso para usuarios

no especializados. Sus principales funciones son el cálculo de las coascendencias moleculares ( $f_{ij}$ ) y la distancia de parentesco ( $Dk$ ) entre individuos y poblaciones. MolKin puede calcular otras medidas de distancia genética entre poblaciones de uso común y permite a investigadores y responsables de poblaciones de censo reducido, el manejo de la variabilidad genética de estas poblaciones con un bajo coste de preparación de datos.

Se realizaron los trámites necesarios, con el apoyo de las asociaciones de ganaderos afectadas, para obtener la autorización que permita utilizar las muestras recogidas por esas entidades para la realización de diagnósticos en programas de selección contra la susceptibilidad a las Encefalopatías Espongiformes Transmisibles en ganado ovino y que se encuentran custodiadas en el Laboratorio Central de Veterinaria de Algete. Esta actuación permitirá optimizar esfuerzos en cuanto al muestreo a realizar en el marco del proyecto.

