

**ESTRUCTURA SECUNDARIA DEL GEN 16S-ARNr DE *Pseudosuccinea columella* (SAY,1817) (GASTROPODA: LYMNAEIDAE)**S. Molina<sup>1,\*</sup>, L.B. Guzmán<sup>1</sup>, J.G. Peso<sup>2</sup>, R.E. Vogler<sup>1</sup> & A.A. Beltramino<sup>1,3</sup>

<sup>1</sup> Laboratorio del Grupo de Investigación en Genética de Moluscos (GIGeMol), Instituto de Biología Subtropical (IBS), CONICET – Universidad Nacional de Misiones, Posadas, Misiones, Argentina. <sup>2</sup> Cátedra de Biología Animal, Departamento de Biología, Facultad de Ciencias Exactas, Químicas y Naturales, Universidad Nacional de Misiones, Posadas, Misiones, Argentina. <sup>3</sup> Departamento de Biología, Facultad de Ciencias Exactas, Químicas y Naturales, Universidad Nacional de Misiones, Posadas, Misiones, Argentina.

\*E-mail: [sam12molina@gmail.com](mailto:sam12molina@gmail.com)**Palabras clave:** *Gen mitocondrial, caracterización estructural, haplotipos.*

*Pseudosuccinea columella* (Say, 1817) es un caracol dulciacuícola nativo de Estados Unidos. Debido a su éxito como invasor actualmente presenta una distribución cosmopolita y es considerado de importancia médico-veterinaria por ser hospedador intermediario de *Fasciola hepatica* (Linnaeus, 1758). Recientemente se caracterizó su variabilidad genética a escala global mediante marcadores mitocondriales y microsatélites, identificándose 10 haplotipos para el gen 16S-ARNr. En Latinoamérica predominó el haplotipo “F” ampliamente expandido en áreas invadidas, excepto para Argentina y Paraguay que presentaron exclusivamente el haplotipo “H”. El gen 16S-ARNr presenta una estructura secundaria que consta de seis dominios y su predicción brinda información útil para alineamientos de secuencias y posteriores reconstrucciones filogenéticas. En este estudio se generó un modelo de estructura secundaria del 16S-ARNr (dominios IV-V) en *Pseudosuccinea columella*. Para ello se extrajo ADN por protocolo CTAB y se amplificó por PCR una región del 16S-ARNr en individuos de siete localidades de Misiones, Argentina. Las secuencias obtenidas tuvieron una longitud de 423-424 pb y fueron comparadas con los haplotipos caracterizados globalmente. Esto último, permitió identificar cuatro haplotipos para Misiones, dos de los cuales corresponden a nuevas variantes. Posteriormente se generó un modelo de estructura secundaria mediante plegamiento manual y comparación con modelos de referencia. La estructura secundaria obtenida permitió valorar las restricciones estructurales y funcionales de la variación genética. Además, se constituye en el primer modelo para Lymnaeidae Rafinesque, 1815 por lo que se espera que esta información contribuya a futuros análisis comparativos intraespecíficos y reconstrucciones filogenéticas de la familia.

**Fuente de financiamiento:** FCEQyN-UNaM (16Q1227-PI). Asociación Argentina de Malacología (ASAM) por otorgarle al primer autor el Premio Estímulo a la Investigación Malacológica Juan José Parodiz (Estudiante de Grado 2020).

**Indicar categoría temática (borrar lo que no corresponda):**

4. Bioquímica, Biología Molecular y Genética

**Modalidad de exposición (borrar lo que no corresponda):** Oral

*El resumen empleado como ejemplo corresponde a Molina et al. (2020).  
Adaptado a efectos ilustrativos de aquel publicado en el Libro de resúmenes del XI CLAMA.*