El Grupo de Investigación en Genética de Moluscos (IBS, CONICET – UNaM) nos encargó desarrollar un modelo para predecir la variabilidad genética de cierta especie de gasterópodo exótico invasor (*Bradybaena similaris*) a partir de variables cuantitativas (7) y cualitativas (1) de la concha de estos individuos. Si bien la obtención de datos genéticos es posible, la secuenciación de un gran número de especímenes se vuelve extremadamente costosa dada la devaluación de la moneda nacional con respecto al dólar americano (aprox. 6 USD por individuo), divisa en la que se paga el servicio de secuenciación llevado a cabo por *Macrogen Inc.* (Seoul, Korea). Por otro lado, utilizando solamente una cámara, una computadora y un microscopio estereoscópico (lupa) es posible obtener ocho variables morfológicas a partir de un gran número de especímenes, entre los que se cuentan aquellos (aprox. 100) que poseen datos genéticos caracterizados (genes mitocondriaes parciales *cox1* y *lsu-rrna*).

Contando con un dataset de 1600 registros nos propusimos aplicar métodos de *clustering* para separar a los individuos de acuerdo con sus caracteres morfológicos y observar dónde se ubican las distintas variables genéticas. De haber una correlación positiva entre dichos *clusters* y los linajes genéticos divergentes, procederemos a entrenar un modelo de clasificación para predecir a qué grupo genético pertenecería un individuo del cual sólo poseemos medidas de conchilla. De esta manera sería posible obtener un panorama general de la diversidad genética inter e intrapoblacional sin invertir grandes cantidades de dinero.