



<b>Evento</b>	Salão UFRGS 2018: SIC - XXX SALÃO DE INICIAÇÃO CIENTÍFICA DA UFRGS
<b>Ano</b>	2018
<b>Local</b>	Campus do Vale - UFRGS
<b>Título</b>	Identificação de incongruências na atribuição taxonômica de genomas de Paenibacillus spp. depositados no Genbank
<b>Autor</b>	RENAN ZANINI PORTO
<b>Orientador</b>	LUCIANE MARIA PEREIRA PASSAGLIA

## **Identificação de incongruências na atribuição taxonômica de genomas de *Paenibacillus* spp. depositados no Genbank**

**Aluno: Renan Zanini Porto**

**Orientadores: Dra. Luciane M. P. Passaglia e Dr. Fernando Hayashi Sant'Anna**

**Universidade Federal do Rio Grande do Sul**

O gênero *Paenibacillus* é composto por bactérias de vida livre. Algumas de suas espécies são diazotróficas, intimamente associadas a raízes de plantas de importância econômica e promotoras do crescimento vegetal. Por essa razão, esse gênero possui potencial para ser utilizado na agricultura como uma alternativa ecologicamente sustentável aos fertilizantes convencionais. A correta identificação de isolados de *Paenibacillus* é essencial para orientar seu estudo e uso apropriados. O gene do rRNA 16S é um marcador taxonômico que não apresenta resolução suficiente para discriminar as linhagens de *Paenibacillus* em nível de espécie. Com o advento das tecnologias de sequenciamento de alto rendimento, surgiu a possibilidade de identificar e classificar organismos por meio de métricas genômicas, como a identidade nucleotídica média (ANI – Average Nucleotide Identity). Análises genômicas demonstram que muitas atribuições taxonômicas não expressam corretamente as relações filogenéticas entre as espécies do gênero *Paenibacillus*. Portanto, o objetivo deste trabalho é validar as atribuições taxonômicas de linhagens do gênero *Paenibacillus* depositadas no Genbank. Foram adquiridas 319 sequências atribuídas ao gênero *Paenibacillus* disponíveis no GenBank, e então todas foram comparadas entre si através do cálculo do ANI, utilizando o software PYANI. As linhagens-tipo, que definem as espécies de *Paenibacillus*, foram usadas como referência. As linhagens foram classificadas como falso-positivas (FP) quando possuíam nomenclatura igual, mas valor de ANI inferior à 95% (limiar de circunscrição de espécie) em relação a uma linhagem-tipo. Linhagens falso-negativas (FN) apresentavam valores de ANI superiores à 95%, mas nomenclatura diferente em relação à linhagem-tipo. A espécie *Paenibacillus polymyxa*, por exemplo, apresentou precisão de 37,5% e taxa de falsos-negativos de 10%, na atribuição taxonômica de suas linhagens. Muitos erros de atribuição foram encontrados no GenBank, portanto recomenda-se o uso de métricas genômicas para a correta classificação antes de se submeter sequências genômicas a este banco de dados.

Apoio financeiro: CNPq