



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