

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

Renan Zanini Porto<sup>1 3</sup> Fernando Hayashi Sant'Anna<sup>2 3</sup> Luciane M. P. Passaglia<sup>2 3</sup>

<sup>1</sup>Graduando em Ciências Biológicas, Universidade Federal do Rio Grande do Sul – UFRGS

<sup>2</sup>Orientador, Universidade Federal do Rio Grande do Sul –UFRGS

<sup>3</sup>Núcleo de Microbiologia Agrícola, Departamento de Genética, Instituto de Biociências- IB, UFRGS

Contato: renanzaninporto@hotmail.com



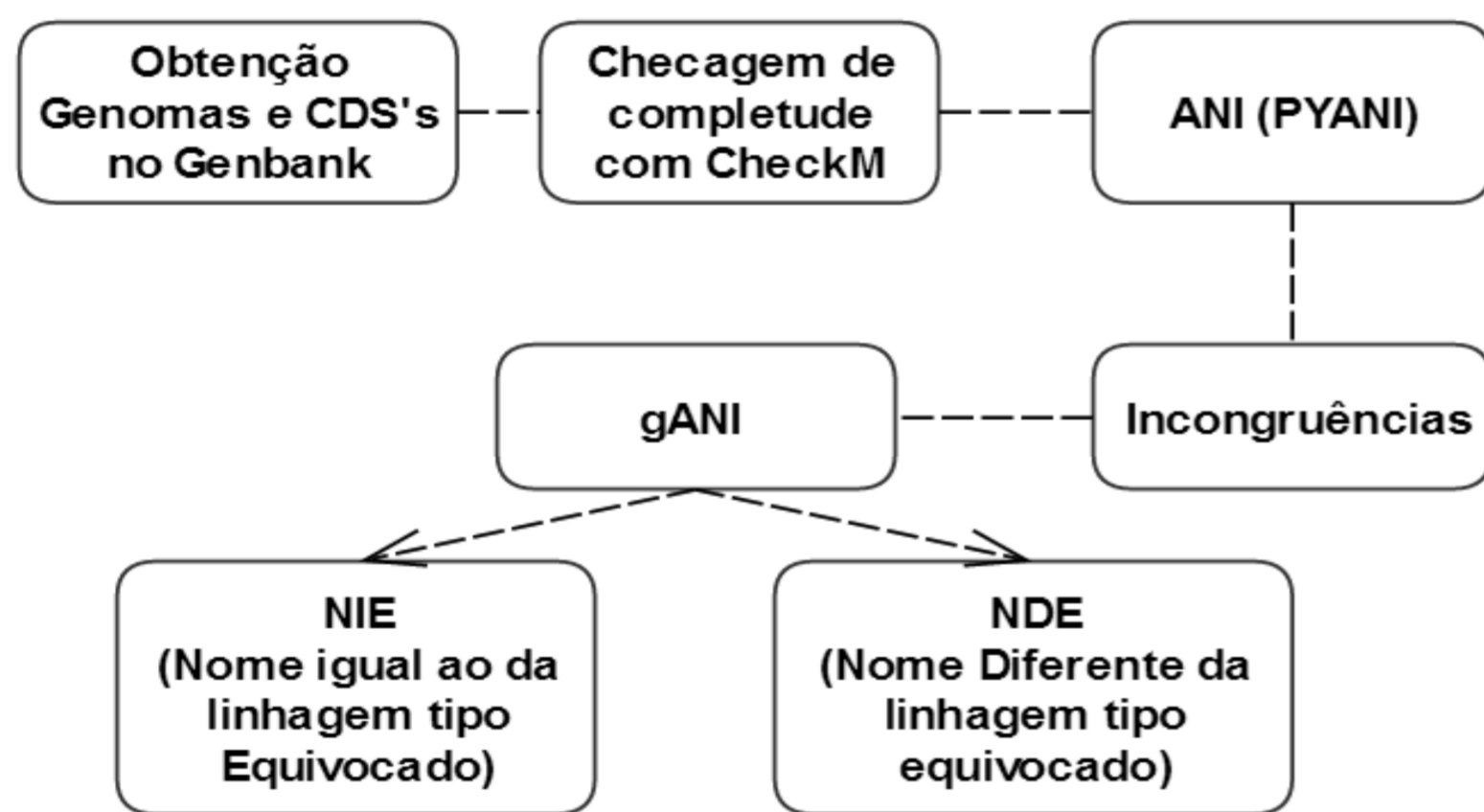
## INTRODUÇÃO

A identificação de isolados de *Paenibacillus spp.* em nível de espécie é fundamental para direcionar seu apropriado estudo e utilização. As bactérias do gênero, isoladas de locais variados como solo, água e rizosfera, apresentam um grande potencial biotecnológico, podendo ser utilizadas na promoção do crescimento vegetal, na proteção contra ataques de fitopatógenos, na produção de antibióticos e no controle microbiológico e populacional de insetos e pragas. Os marcadores taxonômicos, comumente utilizados em muitos casos, não discriminam isolados desse gênero em nível de espécie, assim, ocasionando classificações equivocadas que não expressam corretamente as relações filogenéticas entre os indivíduos.

## OBJETIVOS

Este estudo objetiva validar as atribuições taxonômicas de genomas de *Paenibacillus spp.* depositados no GenBank, através de métricas genômicas.

## METODOLOGIA



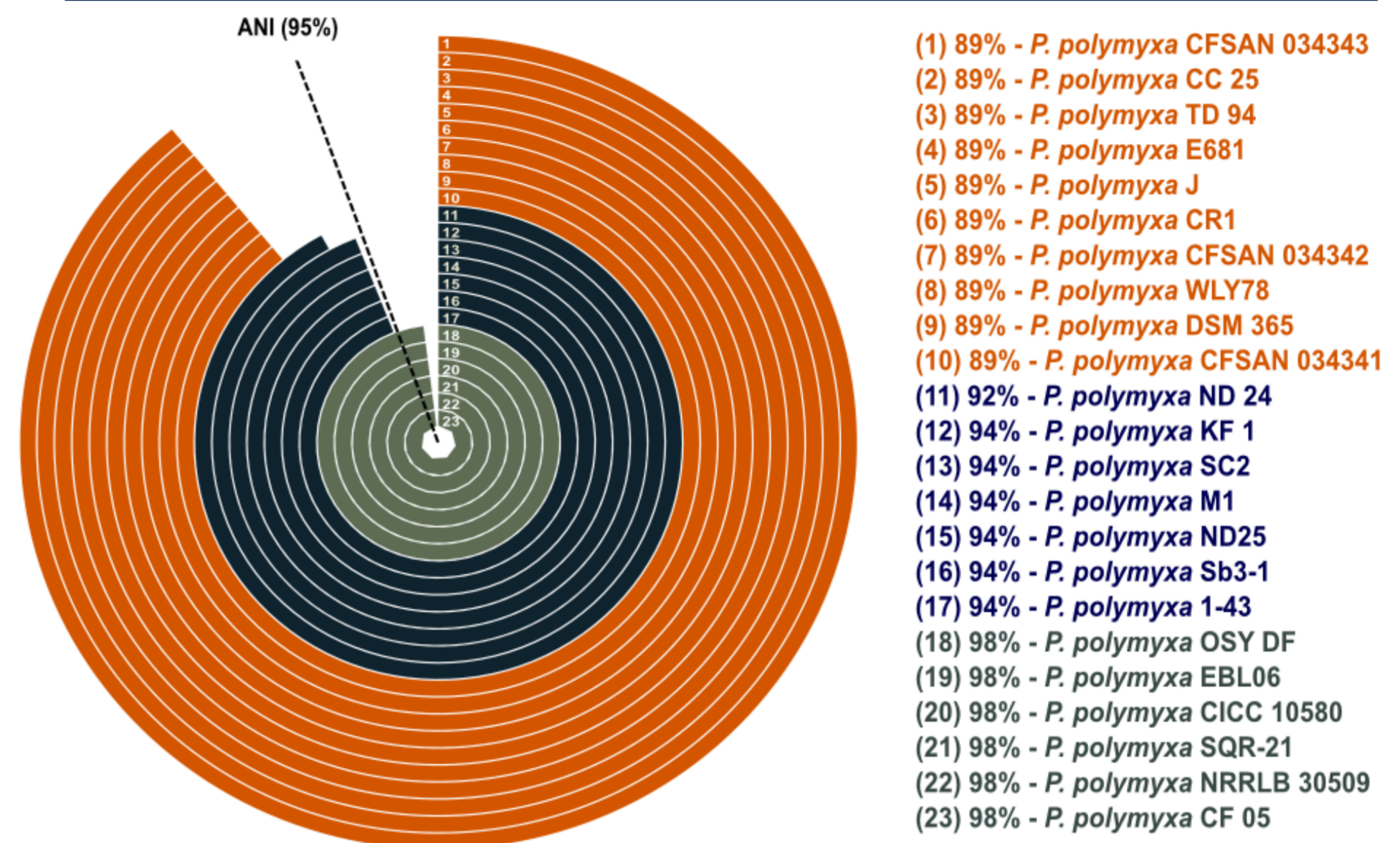
Resultados	Nome igual ao da linhagem tipo	
	Sim	Não
ANI /gANI > = 95% / 96%	NIC (VP)	NDE (FN)
ANI /gANI < 95% / 96%	NIE (FP)	NDC (VN)

**Tabela 1:** Nomenclatura utilizada para classificar as incongruências baseadas na proximidade do organismo com a linhagem tipo de cada espécie. NIC, nome igual à linhagem-tipo correto (verdadeiro positivo); NDE, nome diferente da linhagem-tipo equivocado (falso negativo); NIE, nome igual ao da linhagem tipo equivocado (falso positivo); NDC, nome diferente da espécie tipo correto (verdadeiro negativo).

## RESULTADOS

Foram identificadas incongruências na classificação em 30 (16%) dos genomas analisados, ao cruzar bidirecionalmente cada linhagem-tipo entre si e contra todos os outros genomas. Dos genomas verificados, 11 (6%) foram identificados como NDE e 19 (10%) como NIE. Dentre os NIE, destacam-se algumas linhagens de *Paenibacillus polymyxa*, que, dos 24 genomas analisados dessa espécie, 17 (71%) não tem similaridade suficiente com a espécie-tipo, portanto, não deveriam ser nomeados como pertencentes a tal espécie.

## RESULTADOS



**Figura 1:** ANI das linhagens de *P. polymyxa* em relação a linhagem tipo da espécie, *P. polymyxa* ATCC 842. Em Laranja (NIE-FP), ANI<90%, em Azul (NIE-FP), ANI >=90% e <95%, e em Cinza (NIC-VP), ANI>=95%.

Classificação	Linhagem-tipo	Linhagem	ANI	gANI
NIE (FALSO POSITIVO)	<i>Paenibacillus alvei</i> DSM-29	<i>Paenibacillus alvei</i> TS-15	84%	85%
		<i>Paenibacillus alvei</i> A6-6i	84%	85%
NDE (FALSO NEGATIVO)	<i>Paenibacillus dauci</i> H9	<i>Paenibacillus sp.</i> A9*	97%	98%
	<i>Paenibacillus glucanolyticus</i> S93	<i>Paenibacillus vortex</i>	98%	99%
	<i>Paenibacillus massiliensis</i> 2301.06	<i>Paenibacillus sp.</i> FSLRS-808	99%	99%
		<i>Paenibacillus panacisoli</i> DSM2.1345	95%	96%
	<i>Paenibacillus odorifer</i> TOD-45	<i>Paenibacillus sp.</i> FSLH8-237	99%	99%
	<i>Paenibacillus sonchi</i> X19-5	<i>Paenibacillus riograndensis</i> SBR5	96%	97%
		<i>Paenibacillus riograndensis</i> CAR 114	96%	97%
		<i>Paenibacillus riograndensis</i> CAS 34	96%	97%

**Tabela 2:** Incongruências de identidade identificadas dentre os 189 genomas de *Paenibacillus spp.*, exceto *P. polymyxa*. Os genomas em negrito indicam as linhagens-tipo a que pertencem as linhagens com a nomenclatura equivocada, de acordo com a identidade do ANI.

## CONCLUSÃO

Conclui-se que existem muitos erros no GenBank que poderiam ser evitados se a análise de métricas genômicas de classificação fossem compulsórias antes da submissão de sequências.

## PERSPECTIVAS

Validar os resultados obtidos pelas métricas utilizadas através de métodos filogenéticos.

## REFERÊNCIAS

- Bach, E. *et al.* Detection of misidentifications of species from the *Burkholderia cepacia* complex and description of a new member, the soil bacterium *Burkholderia catarinensis* sp. nov. *Pathogens and Disease, volume 75.*(2017)
- Varghese, N. J. *et al.* Microbial species delineation using whole genome sequences. *Nucleic Acids Res.*(2015).
- Goris, Jet *al.* DNA-DNA hybridization values and their relationship to whole-genome sequence similarities. *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology* (2007).