

SALÃO DE
INICIAÇÃO CIENTÍFICA
XXIX SIC




múltipla 
UNIVERSIDADE
inovadora  inspiradora

Evento	Salão UFRGS 2017: SIC - XXIX SALÃO DE INICIAÇÃO CIENTÍFICA DA UFRGS
Ano	2017
Local	Campus do Vale
Título	Identificação de incongruências na atribuição taxonômica de Paenibacillus spp. depositadas no Genbank
Autor	RENAN ZANINI PORTO
Orientador	LUCIANE MARIA PEREIRA PASSAGLIA

Identificação de incongruências na atribuição taxonômica de *Paenibacillus* spp. depositadas 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 identificação de isolados de *Paenibacillus* em nível de espécie é fundamental para direcionar seu apropriado estudo e utilização. O gene do rRNA 16S, um marcador compulsório amplamente utilizado na taxonomia bacteriana, em muitos casos não possui resolução suficiente para discriminar isolados de *Paenibacillus* em nível de espécie. Com o advento das tecnologias de sequenciamento de alto rendimento, surgiu a possibilidade de se classificar os organismos através de métricas genômicas, que possuem maior resolução interespecífica e estão sendo paulatinamente incorporadas à taxonomia bacteriana. Entretanto, análises genômicas vêm demonstrando que muitas atribuições taxonômicas, de modo geral, estão equivocadas, pois não expressam corretamente as relações filogenéticas entre os organismos. O objetivo do projeto é validar as atribuições taxonômicas de genomas de *Paenibacillus* spp. depositados no GenBank, utilizando como base métricas genômicas. Todas as sequências genômicas de *Paenibacillus* spp. foram recuperadas do GenBank e foram analisadas através do software CheckM, que avalia a completude genômica. Os 189 genomas disponíveis foram comparados entre si, par a par, através da computação das médias de identidade nucleotídica, ANI (95%), com o software PYANI (Python Module for Average Nucleotide Identity). Além disso, as CDS's de cada genoma foram utilizadas para computar o valor de gANI (96%), através do software gANI Calculator (genome-wide Average Nucleotide Identity), que avalia a fração de alinhamento (AF) entre pares de genomas pela média de identidade nucleotídica de genes ortólogos identificados como *best hits bidirecionais* (BBHs). Foram identificadas incongruências na classificação em 31 (16%) dos 189 genomas do gênero *Paenibacillus* spp. analisados, ao cruzar bidirecionalmente cada linhagem-tipo entre si e contra todos os outros genomas. Genomas de nomenclatura distinta do genoma da espécie-tipo, mas que apresentaram valor de gANI e ANI maior ou igual a 96% e 95%, respectivamente, foram considerados como NDE (Nome Diferente da linhagem-tipo Equivocado). Os genomas com nomenclatura igual ao da espécie-tipo, mas com valores gANI e ANI menores que 96% e 95%, no valor de gANI e ANI, respectivamente em relação à espécie-tipo, foram nomeados como NIE (Nome Igual ao da linhagem-tipo Equivocado) não fazendo parte daquela espécie. Dos genomas verificados, 12 (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. Conclui-se que existem muitos erros no GenBank e recomenda-se o uso de métricas genômicas para evitá-los.

Apoio financeiro: CNPq