Reivindicaciones

1. Una composición que comprende:

(a) al menos una cepa bacteriana AIP61892, AIP27511, AIP35174, AIP25773, AIP15251, AIP79428, AIP14931, AIP39589, o AIP36895, o una variante activa de cualquiera de las mismas, en tanto la variante activa comprende una cepa bacteriana posee un genoma con una distancia de Mash de aproximadamente 0.015; y/o

(b) por lo menos una espora, o una pre-espora, o una combinación de células, pre-esporas y/o esporas de cualquiera entre AIP61892, AIP27511, AIP35174, AIP25773, AIP15251, AIP79428, AIP14931, AIP39589, o AIP36895, o una variante activa de cualquiera de las mismas, en tanto la variante activa comprende una cepa bacteriana posee un genoma con una distancia de Mash de aproximadamente 0.015;

en tanto dicha cepa bacteriana, espora, o pre-espora, o una combinación de células, pre-esporas y/o esporas o la variante activa de cualquiera de las mismas está presente entre aproximadamente 10^5 CFU/gramo y aproximadamente10^{12} CFU/gramo o entre aproximadamente 10^5 CFU/ml y aproximadamente 10^{12} CFU/ml, en tanto una cantidad efectiva de dicha composición de la cepa bacteriana mejora un rasgo agronómico de interés de la planta o controla un patógeno de planta que provoca una enfermedad de planta.

2. La composición de la Reivindicación 1, en tanto la enfermedad de planta es una enfermedad de planta fungal.

3. La composición de la Reivindicación 1 o 2, en tanto la enfermedad de planta es Roya Asiática de la Soja (ASR).

4. La composición de cualquiera de las Reivindicaciones 1-3, en tanto dicha cepa bacteriana o su variante activa está presente entre aproximadamente 10^5 CFU/gramo y aproximadamente10^{10} CFU/gramo o entre aproximadamente 10^5 CFU/ml y aproximadamente 10^{10} CFU/ml.

5. La composición de cualquiera de las Reivindicaciones 1-4, en tanto dicha composición comprende una pasta celular.

6. La composición de cualquiera de las Reivindicaciones 1-5, en tanto

dicha composición comprende un polvo humectable o una formulación secada por vaporización, o una formulación estable.

7. La composición de cualquiera de las Reivindicaciones 1-6, en tanto dicho patógeno de planta comprende al menos un patógeno fungal.

8. La composición de la Reivindicación 7, en tanto dicho patógeno de planta comprende uno o más patógenos fungales seleccionados del grupo integrado por *Botrytis cinerea, Cersospora spp, Cercospora sojina, Cercospora beticola, Alternaria solani, Rhizoctonia solani, Blumeria graminis f. sp. Tritici, Erysiphe necator, Podosphaera xanthii, Golovinomyces cichoracearum, Erysiphe lagerstroemiae, Sphaerotheca pannosa, Colletotrichum cereale, Apiognomonia errabunda, Apiognomonia veneta, Colletotrichum gloeosporiodes, Discula fraxinea, Plasmopara viticola, Pseudoperonospora cubensis, Peronospora belbahrii, Bremia lactucae, Peronospora lamii, Plasmopara obduscens, Pythium cryptoirregulare, Pythium aphanidermatum, Pythium irregulare, Pythium sylvaticum, Pythium myriotylum, Pythium ultimum, Phytophthora capsici, Phytophthora nicotianae, Phytophthora infestans, Phytophthora tropicalis, Phytophthora sojae, Fusarium graminearum, Fusarium solani, Fusarium oxysporum, Fusarium graminicola, Gibberella zeae, Colletotrichum graminicola, Phakopsora* sp., *Phakopsora meibomiae*, *Phakopsora pachyrizi, Puccinia triticina, Puccinia recondita, Puccinia striiformis, Puccinia graminis, Puccinia spp.,Venturia inaequalis, Verticillium spp, Erwinia amylovora, Monilinia fructicola, Monilinia lax, y Monilinia fructigena.*

9. La composición de la Reivindicación 8, en tanto dicho patógeno de planta comprende uno o más patógenos fungales seleccionados del grupo integrado por *Botrytis cinerea, Cercospora sojina, Alternaria solani, Rhizoctonia solani, Erysiphe necator, Podosphaera xanthii, Colletotrichum cereal, Plasmopara viticola, Peronospora belbahrii, Pythium aphanidermatum, Pythium sylvaticum, Pythium myriotylum, Pythium ultimum, Phytophthora nicotianae, Phytophthora infestans, Phytophthora tropicalis, Phytophthora sojae, Fusarium graminearum, Fusarium solani, Phakopsora pachyrizi*, y Venturia *inaequalisa.*

10. La composición de la Reivindicación 8, en tanto dicho patógeno de planta comprende *Phakopsora pachyrhizi o Phakopsora meibomiae.*

11. La composición de la Reivindicación 10, en tanto dicho patógeno comprende *Phakopsora pachyrhizi*.

12. Una composición que comprende una pasta celular que comprende:

(a) al menos una cepa bacteriana AIP61892, AIP27511, AIP35174, AIP25773, AIP15251, AIP79428, AIP14931, AIP39589, o AIP36895, o una variante activa de cualquiera de las mismas, en tanto la variante activa comprende una cepa bacteriana posee un genoma con una distancia de Mash de aproximadamente 0.015; y/o,

(b) por lo menos una espora, o una pre-espora, o una combinación de células, pre-esporas y/o esporas de cualquiera entre AIP61892, AIP27511, AIP35174, AIP25773, AIP15251, AIP79428, AIP14931, AIP39589, o AIP36895, o una variante activa de cualquiera de las mismas, en tanto la variante activa comprende una cepa bacteriana posee un genoma con una distancia de Mash de aproximadamente 0.015;

en tanto una cantidad efectiva de dicha composición de la cepa bacteriana mejora un rasgo agronómico de interés de la planta o controla un patógeno de planta que provoca una enfermedad de planta.

13. La composición de la Reivindicación 12, en tanto la enfermedad de planta es una enfermedad de planta fungal.

14. La composición de cualquiera de las Reivindicaciones 12-13, en tanto la enfermedad de planta es Roya Asiática de la Soja.

15. La composición de cualquiera de las Reivindicaciones 12-14, en tanto el patógeno de planta comprende al menos un patógeno fungal.

16. La composición de la Reivindicación 15, en tanto dicho patógeno de planta comprende uno o más patógenos fungales seleccionados del grupo integrado por *Botrytis cinerea, Cersospora spp, Cercospora sojina, Cercospora beticola, Alternaria solani, Rhizoctonia solani, Blumeria graminis f. sp. Tritici, Erysiphe necator, Podosphaera xanthii, Golovinomyces cichoracearum, Erysiphe lagerstroemiae, Sphaerotheca pannosa, Colletotrichum cereale, Apiognomonia errabunda, Apiognomonia veneta, Colletotrichum gloeosporiodes, Discula fraxinea, Plasmopara viticola, Pseudoperonospora cubensis, Peronospora belbahrii, Bremia lactucae, Peronospora lamii, Plasmopara obduscens, Pythium cryptoirregulare, Pythium aphanidermatum, Pythium irregulare, Pythium sylvaticum, Pythium myriotylum, Pythium ultimum, Phytophthora capsici, Phytophthora nicotianae,*

Phytophthora infestans, Phytophthora tropicalis, Phytophthora sojae, Fusarium graminearum, Fusarium solani, Fusarium oxysporum, Fusarium graminicola, Gibberella zeae, Colletotrichum graminicola, Phakopsora sp., *Phakopsora meibomiae, Phakopsora pachyrizi, Puccinia triticina, Puccinia recondita, Puccinia striiformis, Puccinia graminis, Puccinia spp.,Venturia inaequalis, Verticillium spp, Erwinia amylovora, Monilinia fructicola, Monilinia lax, y Monilinia fructigena.*

17. La composición de la Reivindicación 16, en tanto dicho patógeno de planta comprende uno o más patógenos fungales seleccionados del grupo integrado por *Botrytis cinerea, Cercospora sojina, Alternaria solani, Rhizoctonia solani, Erysiphe necator, Podosphaera xanthii, Colletotrichum cereal, Plasmopara viticola, Peronospora belbahrii, Pythium aphanidermatum, Pythium sylvaticum, Pythium myriotylum, Pythium ultimum, Phytophthora nicotianae, Phytophthora infestans, Phytophthora tropicalis, Phytophthora sojae, Fusarium graminearum, Fusarium solani, Phakopsora pachyrizi*, y Venturia *inaequalisa*.

18. La composición de la Reivindicación 16, en tanto dicho patógeno de planta comprende *Phakopsora pachyrhizi o Phakopsora meibomiae.*

19. La composición de la Reivindicación 18, en tanto dicho patógeno de planta comprende *Phakopsora pachyrhizi.*

20. Una composición que comprende un polvo humectable que comprende

(a) al menos una cepa bacteriana AIP61892, AIP27511, AIP35174, AIP25773, AIP15251, AIP79428, AIP14931, AIP39589, o AIP36895, o una variante activa de cualquiera de las mismas, en tanto la variante activa comprende una cepa bacteriana posee un genoma con una distancia de Mash de aproximadamente 0.015; y/o,

(b) por lo menos una espora, o una pre-espora, o una combinación de células, pre-esporas y/o esporas de cualquiera entre AIP61892, AIP27511, AIP35174, AIP25773, AIP15251, AIP79428, AIP14931, AIP39589, o AIP36895, o una variante activa de cualquiera de las mismas, en tanto la variante activa comprende una cepa bacteriana posee un genoma con una distancia de Mash de aproximadamente 0.015;

en tanto una cantidad efectiva de dicha composición de la cepa bacteriana mejora un rasgo agronómico de interés de la planta o controla un patógeno de planta

que provoca una enfermedad de planta.

21. La composición de la Reivindicación 20, en tanto la enfermedad de planta es una enfermedad de planta fungal.

22. La composición de la Reivindicación 20 o 21, en tanto el patógeno de planta comprende al menos un patógeno fungal.

23. La composición de la Reivindicación 22, en tanto dicho patógeno de planta comprende uno o más patógenos fungales seleccionados del grupo integrado por *Botrytis cinerea, Cersospora spp, Cercospora sojina, Cercospora beticola, Alternaria solani, Rhizoctonia solani, Blumeria graminis f. sp. Tritici, Erysiphe necator, Podosphaera xanthii, Golovinomyces cichoracearum, Erysiphe lagerstroemiae, Sphaerotheca pannosa, Colletotrichum cereale, Apiognomonia errabunda, Apiognomonia veneta, Colletotrichum gloeosporiodes, Discula fraxinea, Plasmopara viticola, Pseudoperonospora cubensis, Peronospora belbahrii, Bremia lactucae, Peronospora lamii, Plasmopara obduscens, Pythium cryptoirregulare, Pythium aphanidermatum, Pythium irregulare, Pythium sylvaticum, Pythium myriotylum, Pythium ultimum, Phytophthora capsici, Phytophthora nicotianae, Phytophthora infestans, Phytophthora tropicalis, Phytophthora sojae, Fusarium graminearum, Fusarium solani, Fusarium oxysporum, Fusarium graminicola, Gibberella zeae, Colletotrichum graminicola, Phakopsora* sp., *Phakopsora meibomiae, Phakopsora pachyrizi, Puccinia triticina, Puccinia recondita, Puccinia striiformis, Puccinia graminis, Puccinia spp.,Venturia inaequalis, Verticillium spp, Erwinia amylovora, Monilinia fructicola, Monilinia lax, y Monilinia fructigena.*

24. La composición de la Reivindicación 23, en tanto dicho patógeno de planta comprende uno o más patógenos fungales seleccionados del grupo integrado por *Botrytis cinerea, Cercospora sojina, Alternaria solani, Rhizoctonia solani, Erysiphe necator, Podosphaera xanthii, Colletotrichum cereal, Plasmopara viticola, Peronospora belbahrii, Pythium aphanidermatum, Pythium sylvaticum, Pythium myriotylum, Pythium ultimum, Phytophthora nicotianae, Phytophthora infestans, Phytophthora tropicalis, Phytophthora sojae, Fusarium graminearum, Fusarium solani, Phakopsora pachyrizi*, y Venturia *inaequalisa.*

25. La composición de la Reivindicación 23, en tanto dicho patógeno de planta comprende *Phakopsora pachyrhizi o Phakopsora meibomiae.*

26. La composición de la Reivindicación 25, en tanto dicho patógeno de planta comprende *Phakopsora pachyrhizi.*

27. La composición de cualquiera de las Reivindicaciones 20-26, en tanto dicha variante activa es resistente a por lo menos un herbicida, fungicida, pesticida, u otro químico protector de cultivos.

28. La composición de la Reivindicación 27, en tanto dicha variante activa se selecciona entre un herbicida, fungicida, pesticida, u otro químico protector de cultivos y es resistente a dicho herbicida, fungicida, pesticida, u otro químico protector de cultivos.

29. La composición de cualquiera de las Reivindicaciones 27-29, en tanto dicha variante activa ha sido transformada con un gen de resistencia a un herbicida que torna a la cepa bacteriana provista o su variante activa resistente al herbicida, en tanto dicha cepa bacteriana controla un patógeno de planta que provoca una enfermedad de planta.

30. La composición de la Reivindicación 29, en tanto el patógeno de planta provoca ASR.

31. La composición de cualquiera de las Reivindicaciones 27-30, en tanto dicho herbicida es seleccionado del grupo integrado por glifosato, glufosinato (inhibidor de glutamina sintasa), sulfonilurea e imidazolinona (inhibidores de la síntesis de aminoácidos de cadena ramificada).

32. Un cultivo biológicamente puro aislado de una cepa bacteriana que comprende:

(a) AIP61892, AIP27511, AIP35174, AIP25773, AIP15251, AIP79428, AIP14931, AIP39589, o AIP36895, o una variante activa de cualquiera de las mismas, en tanto la variante activa comprende una cepa bacteriana posee un genoma con una distancia de Mash de aproximadamente 0.015; o,

(b) una espora, o una pre-espora, o una combinación de células, pre-esporas y/o esporas de cualquiera entre AIP61892, AIP27511, AIP35174, AIP25773, AIP15251, AIP79428, AIP14931, AIP39589, o AIP36895, o una variante activa de cualquiera de las mismas, en tanto la variante activa comprende una cepa bacteriana posee un genoma con una distancia de Mash de aproximadamente 0.015.

33. El cultivo biológicamente puro aislado de la Reivindicación 33, en tanto dicha cepa bacteriana es resistente a un biocida seleccionado entre un herbicida, un fungicida, un pesticida, o un químico de protección de cultivos, en tanto dicho cultivo se produce cultivando en presencia de dicho biocida, en tanto dicha cepa bacteriana controla un patógeno que provoca una enfermedad de planta.

34. El cultivo biológicamente puro aislado de la Reivindicación 33, en tanto dicho cultivo biológicamente puro es capaz de crecer en presencia de glifosato.

35. El cultivo biológicamente puro aislado de cualquiera de las Reivindicaciones 33-34, en tanto la enfermedad de planta es una enfermedad de planta fungal.

36. El cultivo biológicamente puro aislado de la realización 35, en tanto la enfermedad de planta es ASR.

37. El cultivo biológicamente puro aislado de cualquiera de las realizaciones 33-36, en tanto el patógeno de planta comprende al menos un patógeno fungal.

38. El cultivo biológicamente puro aislado de la Reivindicación 37, en tanto dicho patógeno de planta comprende uno o más patógenos fungales seleccionados del grupo integrado por *Botrytis cinerea, Cersospora spp, Cercospora sojina, Cercospora beticola, Alternaria solani, Rhizoctonia solani, Blumeria graminis f. sp. Tritici, Erysiphe necator, Podosphaera xanthii, Golovinomyces cichoracearum, Erysiphe lagerstroemiae, Sphaerotheca pannosa, Colletotrichum cereale, Apiognomonia errabunda, Apiognomonia veneta, Colletotrichum gloeosporiodes, Discula fraxinea, Plasmopara viticola, Pseudoperonospora cubensis, Peronospora belbahrii, Bremia lactucae, Peronospora lamii, Plasmopara obduscens, Pythium cryptoirregulare, Pythium aphanidermatum, Pythium irregulare, Pythium sylvaticum, Pythium myriotylum, Pythium ultimum, Phytophthora capsici, Phytophthora nicotianae, Phytophthora infestans, Phytophthora tropicalis, Phytophthora sojae, Fusarium graminearum, Fusarium solani, Fusarium oxysporum, Fusarium graminicola, Gibberella zeae, Colletotrichum graminicola, Phakopsora* sp., *Phakopsora meibomiae, Phakopsora pachyrizi, Puccinia triticina, Puccinia recondita, Puccinia striiformis, Puccinia graminis, Puccinia spp.,Venturia inaequalis, Verticillium spp, Erwinia amylovora,*

Monilinia fructicola, Monilinia lax, y Monilinia fructigena.

39. El cultivo biológicamente puro aislado de la Reivindicación 38, en tanto dicho patógeno de planta comprende uno o más patógenos fungales seleccionados del grupo integrado por *Botrytis cinerea, Cercospora sojina, Alternaria solani, Rhizoctonia solani, Erysiphe necator, Podosphaera xanthii, Colletotrichum cereal, Plasmopara viticola, Peronospora belbahrii, Pythium aphanidermatum, Pythium sylvaticum, Pythium myriotylum, Pythium ultimum, Phytophthora nicotianae, Phytophthora infestans, Phytophthora tropicalis, Phytophthora sojae, Fusarium graminearum, Fusarium solani, Phakopsora pachyrizi*, y Venturia *inaequalisa.*

40. El cultivo biológicamente puro aislado de la Reivindicación 38, en tanto dicho patógeno de planta comprende *Phakopsora pachyrhizi o Phakopsora meibomiae.*

41. El cultivo biológicamente puro aislado de la Reivindicación 40, en tanto dicho patógeno de planta comprende *Phakopsora pachyrhizi.*

42. Un cultivo bacteriano que crece a partir de

(a) AIP61892, AIP27511, AIP35174, AIP25773, AIP15251, AIP79428, AIP14931, AIP39589, o AIP36895, o una variante activa de cualquiera de las mismas, en tanto la variante activa comprende una cepa bacteriana posee un genoma con una distancia de Mash de aproximadamente 0.015; o,

(b) una espora, o una pre-espora, o una combinación de células, pre-esporas y/o esporas de cualquiera entre AIP61892, AIP27511, AIP35174, AIP25773, AIP15251, AIP79428, AIP14931, AIP39589, o AIP36895, o una variante activa de cualquiera de las mismas, en tanto la variante activa comprende una cepa bacteriana posee un genoma con una distancia de Mash de aproximadamente 0.015;

en tanto dicho cultivo bacteriano posee actividad antipatogénica contra un patógeno de planta que provoca una enfermedad de planta y es capaz de crecer en presencia de glufosinato o una cantidad efectiva de dicho cultivo bacteriano mejora un rasgo agronómico de interés de la planta.

43. El cultivo bacteriano de la Reivindicación 42, en tanto la enfermedad de planta es una enfermedad de planta fungal.

44. El cultivo bacteriano de la Reivindicación 43, en tanto la enfermedad de planta es ASR.

45. El cultivo bacteriano de cualquiera de las Reivindicaciones 42-44, en tanto el patógeno de planta comprende al menos un patógeno fungal.

46. El cultivo bacteriano de la Reivindicación 45, en tanto dicho patógeno de planta comprende uno o más patógenos fungales seleccionados del grupo integrado por *Botrytis cinerea, Cersospora spp, Cercospora sojina, Cercospora beticola, Alternaria solani, Rhizoctonia solani, Blumeria graminis f. sp. Tritici, Erysiphe necator, Podosphaera xanthii, Golovinomyces cichoracearum, Erysiphe lagerstroemiae, Sphaerotheca pannosa, Colletotrichum cereale, Apiognomonia errabunda, Apiognomonia veneta, Colletotrichum gloeosporiodes, Discula fraxinea, Plasmopara viticola, Pseudoperonospora cubensis, Peronospora belbahrii, Bremia lactucae, Peronospora lamii, Plasmopara obduscens, Pythium cryptoirregulare, Pythium aphanidermatum, Pythium irregulare, Pythium sylvaticum, Pythium myriotylum, Pythium ultimum, Phytophthora capsici, Phytophthora nicotianae, Phytophthora infestans, Phytophthora tropicalis, Phytophthora sojae, Fusarium graminearum, Fusarium solani, Fusarium oxysporum, Fusarium graminicola, Gibberella zeae, Colletotrichum graminicola, Phakopsora* sp., *Phakopsora meibomiae*, *Phakopsora pachyrizi, Puccinia triticina, Puccinia recondita, Puccinia striiformis, Puccinia graminis, Puccinia spp.,Venturia inaequalis, Verticillium spp, Erwinia amylovora, Monilinia fructicola, Monilinia lax, y Monilinia fructigena.*

47. El cultivo bacteriano de la Reivindicación 46, en tanto dicho patógeno de planta comprende uno o más patógenos fungales seleccionados del grupo integrado por *Botrytis cinerea, Cercospora sojina, Alternaria solani, Rhizoctonia solani, Erysiphe necator, Podosphaera xanthii, Colletotrichum cereal, Plasmopara viticola, Peronospora belbahrii, Pythium aphanidermatum, Pythium sylvaticum, Pythium myriotylum, Pythium ultimum, Phytophthora nicotianae, Phytophthora infestans, Phytophthora tropicalis, Phytophthora sojae, Fusarium graminearum, Fusarium solani, Phakopsora pachyrizi*, y Venturia *inaequalisa.*

48. El cultivo bacteriano de la Reivindicación 46, en tanto dicho patógeno de planta comprende *Phakopsora pachyrhizi o Phakopsora meibomiae.*

49. El cultivo bacteriano de la Reivindicación 48, en tanto dicho patógeno

de planta comprende *Phakopsora pachyrhizi.*

50. Un método de cultivo de una planta susceptible a una enfermedad de planta o que mejora un rasgo agronómico de interés en una planta que comprende aplicar a la planta

(a) una cantidad efectiva de al menos una cepa bacteriana AIP61892, AIP27511, AIP35174, AIP25773, AIP15251, AIP79428, AIP14931, AIP39589, o AIP36895, o una variante activa de cualquiera de las mismas en tanto la variante activa comprende una cepa bacteriana posee un genoma con una distancia de Mash de aproximadamente 0.015; y/o,

(b) una cantidad efectiva de por lo menos una espora, o una pre-espora, o una combinación de células, pre-esporas y/o esporas de cualquiera entre AIP61892, AIP27511, AIP35174, AIP25773, AIP15251, AIP79428, AIP14931, AIP39589 o AIP36895 o una variante activa de cualquiera de las mismas, en tanto la variante activa comprende una cepa bacteriana posee un genoma con una distancia de Mash de aproximadamente 0.015; en tanto dicha cantidad efectiva comprende por lo menos aproximadamente entre 10^{12} y 10^{16} unidades formadoras de colonias (CFU) por hectárea, en tanto dicha cantidad efectiva controla un patógeno de planta que provoca la enfermedad de planta o mejora el rasgo agronómico de interés.

51. El método de la Reivindicación 50, en tanto dicho método incrementa el rendimiento de la planta susceptible a la enfermedad de planta.

52. El método de la Reivindicación 50 o 51, en tanto la enfermedad de plantaes una enfermedad de planta causada por un patógeno fungal.

53. El método de la Reivindicación 52, en tanto la enfermedad de planta es Roya Asiática de la Soja (ASR).

54. El método de cualquiera de las Reivindicaciones 50-53, en tanto el patógeno de planta comprende al menos un patógeno fungal.

55. El método de la Reivindicación 54, en tanto dicho patógeno de planta comprende uno o más patógenos fungales seleccionados del grupo integrado por *Botrytis cinerea, Cersospora spp, Cercospora sojina, Cercospora beticola, Alternaria solani, Rhizoctonia solani, Blumeria graminis f. sp. Tritici, Erysiphe necator, Podosphaera xanthii, Golovinomyces cichoracearum, Erysiphe lagerstroemiae, Sphaerotheca pannosa, Colletotrichum cereale, Apiognomonia errabunda, Apiognomonia veneta, Colletotrichum gloeosporiodes, Discula fraxinea, Plasmopara viticola, Pseudoperonospora cubensis, Peronospora belbahrii, Bremia*

lactucae, Peronospora lamii, Plasmopara obduscens, Pythium cryptoirregulare, Pythium aphanidermatum, Pythium irregulare, Pythium sylvaticum, Pythium myriotylum, Pythium ultimum, Phytophthora capsici, Phytophthora nicotianae, Phytophthora infestans, Phytophthora tropicalis, Phytophthora sojae, Fusarium graminearum, Fusarium solani, Fusarium oxysporum, Fusarium graminicola, Gibberella zeae, Colletotrichum graminicola, Phakopsora sp., *Phakopsora meibomiae, Phakopsora pachyrizi, Puccinia triticina, Puccinia recondita, Puccinia striiformis, Puccinia graminis, Puccinia spp.,Venturia inaequalis, Verticillium spp, Erwinia amylovora, Monilinia fructicola, Monilinia lax, y Monilinia fructigena.*

56. El método de la Reivindicación 55, en tanto dicho patógeno de planta comprende uno o más patógenos fungales seleccionados del grupo integrado por *Botrytis cinerea, Cercospora sojina, Alternaria solani, Rhizoctonia solani, Erysiphe necator, Podosphaera xanthii, Colletotrichum cereal, Plasmopara viticola, Peronospora belbahrii, Pythium aphanidermatum, Pythium sylvaticum, Pythium myriotylum, Pythium ultimum, Phytophthora nicotianae, Phytophthora infestans, Phytophthora tropicalis, Phytophthora sojae, Fusarium graminearum, Fusarium solani, Phakopsora pachyrizi*, y Venturia *inaequalisa.*

57. El método de la Reivindicación 55, en tanto dicho patógeno de planta comprende *Phakopsora pachyrhizi o Phakopsora meibomiae.*

58. El método de la Reivindicación 57, en tanto dicho patógeno de planta comprende *Phakopsora pachyrhizi.*

59. Un método de control de un patógeno de planta que provoca una enfermedad de planta en un área de cultivo que comprende:

(a) sembrar el área de cultivo con semillas o plantas susceptibles a la enfermedad de planta; y

(b) aplicar a la planta susceptible a la enfermedad de planta una cantidad efectiva de por lo menos una cepa bacteriana que comprende

(c) AIP61892, AIP27511, AIP35174, AIP25773, AIP15251, AIP79428, AIP14931, AIP39589, o AIP36895, o una variante activa de cualquiera de las mismas; o,

(d) una espora, o una pre-espora, o una combinación de células, pre-esporas y/o esporas de cualquiera entre AIP61892, AIP27511, AIP35174, AIP25773, AIP15251, AIP79428, AIP14931, AIP39589, o AIP36895, o una variante activa de cualquiera de las mismas, en tanto la variante activa comprende una cepa bacteriana posee un genoma con una distancia de Mash de aproximadamente 0.015; en tanto dicha cantidad efectiva comprende por lo menos aproximadamente entre 10^5 y 10^{16} unidades formadoras de colonias (CFU) por hectárea.

60. El método de la Reivindicación 59, en tanto dicha planta es susceptible a

una enfermedad de planta fungal.

61. El método de la Reivindicación 60, en tanto dicha planta es susceptible a Roya Asiática de la Soja (ASR).

62. El método de la Reivindicación 61, donde dicha planta susceptible a ASR es soja.

63. El método de cualquiera de las Reivindicaciones 59-62, en tanto dicha composición controla uno o más patógenos fungales.

64. El método de la Reivindicación 63, en tanto el único o más patógenos fungales son seleccionados del grupo integrado por *Botrytis cinerea, Cersospora spp, Cercospora sojina, Cercospora beticola, Alternaria solani, Rhizoctonia solani, Blumeria graminis f. sp. Tritici, Erysiphe necator, Podosphaera xanthii, Golovinomyces cichoracearum, Erysiphe lagerstroemiae, Sphaerotheca pannosa, Colletotrichum cereale, Apiognomonia errabunda, Apiognomonia veneta, Colletotrichum gloeosporiodes, Discula fraxinea, Plasmopara viticola, Pseudoperonospora cubensis, Peronospora belbahrii, Bremia lactucae, Peronospora lamii, Plasmopara obduscens, Pythium cryptoirregulare, Pythium aphanidermatum, Pythium irregulare, Pythium sylvaticum, Pythium myriotylum, Pythium ultimum, Phytophthora capsici, Phytophthora nicotianae, Phytophthora infestans, Phytophthora tropicalis, Phytophthora sojae, Fusarium graminearum, Fusarium solani, Fusarium oxysporum, Fusarium graminicola, Gibberella zeae, Colletotrichum graminicola, Phakopsora* sp., *Phakopsora meibomiae*, *Phakopsora pachyrizi, Puccinia triticina, Puccinia recondita, Puccinia striiformis, Puccinia graminis, Puccinia spp.,Venturia inaequalis, Verticillium spp, Erwinia amylovora, Monilinia fructicola, Monilinia lax, y Monilinia fructigena.*

65. El método de la Reivindicación 64, en tanto dicha composición controla uno o más patógenos fungales seleccionados del grupo integrado por *Botrytis cinerea, Cercospora sojina, Alternaria solani, Rhizoctonia solani, Erysiphe necator, Podosphaera xanthii, Colletotrichum cereal, Plasmopara viticola, Peronospora belbahrii, Pythium aphanidermatum, Pythium sylvaticum, Pythium myriotylum, Pythium ultimum, Phytophthora nicotianae, Phytophthora infestans, Phytophthora tropicalis, Phytophthora sojae, Fusarium graminearum, Fusarium solani, Phakopsora pachyrizi*, y Venturia *inaequalisa.*

66. El método de la Reivindicación 64, en tanto el único o más patógenos fungales comprenden *Phakopsora pachyrhizi o Phakopsora meibomiae.*

67. El método de la Reivindicación 66, en tanto el único o más patógenos fungales comprenden *Phakopsora pachyrhizi.*

68. El método de cualquiera entre la Reivindicación 59-67, en tanto dicho método además comprende aplicar una cantidad efectiva de un biocida, en tanto dicha cantidad efectiva del biocida selectivamente controla un organismo de interés sin dañar significativamente el cultivo.

69. El método de la Reivindicación 68, en tanto la cepa bacteriana o variante activa de la misma y el biocida se aplican en forma simultánea.

70. El método de la Reivindicación 68, en tanto la cepa bacteriana o variante activa de la misma y el biocida se aplican en forma secuencial.

71. El método de cualquiera de las Reivindicaciones 68-70 donde el biocida es un fungicida.

72. Un método de preparación de una cepa bacteriana modificada que comprende:

(a) proveer una población de por lo menos una cepa bacteriana que comprende AIP61892, AIP27511, AIP35174, AIP25773, AIP15251, AIP79428, AIP14931, AIP39589, o AIP36895, o una variante activa de cualquiera de las mismas, en tanto la variante activa comprende una cepa bacteriana posee un genoma con una distancia de Mash de aproximadamente 0.015, en tanto dicha cepa bacteriana es susceptible a un biocida de interés;

(b) cultivar dicha cepa bacteriana en presencia del biocida de interés; y,

(c) seleccionar una cepa bacteriana modificada que posee una mayor resistencia a dicho biocida de interés.

73. El método de la Reivindicación 72, donde dicho cultivo comprende incrementar la concentración del biocida en el tiempo.

74. El método de la Reivindicación 72 o 73, donde dicho biocida es glifosato o glufosinato.

75. Un método de tratamiento o prevención de una enfermedad de planta que comprende aplicar a una planta que posee una enfermedad de planta o en riesgo de desarrollar una enfermedad de planta una cantidad efectiva de:

(a) por lo menos uno entre AIP61892, AIP27511, AIP35174, AIP25773, AIP15251, AIP79428, AIP14931, AIP39589, o AIP36895 o una variante activa de cualquiera de las mismas, en tanto la variante activa comprende una cepa bacteriana posee un genoma con una distancia de Mash de aproximadamente 0.015; y/o

(b) por lo menos una espora o una pre-espora, o una combinación de células, pre-esporas y/o esporas de cualquiera entre AIP61892, AIP27511, AIP35174, AIP25773, AIP15251, AIP79428, AIP14931, AIP39589, o AIP36895 o una variante activa de cualquiera de las mismas, en tanto la variante activa comprende una cepa bacteriana posee un genoma con una distancia de Mash de aproximadamente 0.015; en tanto dicha cantidad efectiva comprende por lo menos aproximadamente entre 10^{12} y 10^{16} CFU por hectárea, en tanto dicha cepa bacteriana controla un patógeno de planta que provoca la enfermedad de planta.

76. El método de la Reivindicación 75, en tanto la cepa bacteriana o variante activa de la misma trata o previene una o más enfermedades de planta.

77. El método de la Reivindicación 76, en tanto la única o más enfermedades de planta comprenden una o más enfermedades de planta fungales.

78. El método de la Reivindicación 77, en tanto la única o más enfermedades de planta fungales comprenden Roya Asiática de la Soja (ASR).

79. El método de cualquiera de las Reivindicaciones 75-78, en tanto la cepa bacteriana o variante activa de la misma controla uno o más patógenos.

80. El método de la Reivindicación 79, en tanto el único o más patógenos comprenden uno o más patógenos fungales.

81. El método de la Reivindicación 80, en tanto el único o más patógenos fungales son seleccionados del grupo integrado por *Botrytis cinerea, Cersospora spp, Cercospora sojina, Cercospora beticola, Alternaria solani, Rhizoctonia solani, Blumeria graminis f. sp. Tritici, Erysiphe necator, Podosphaera xanthii, Golovinomyces cichoracearum, Erysiphe lagerstroemiae, Sphaerotheca pannosa,*

Colletotrichum cereale, Apiognomonia errabunda, Apiognomonia veneta, Colletotrichum gloeosporiodes, Discula fraxinea, Plasmopara viticola, Pseudoperonospora cubensis, Peronospora belbahrii, Bremia lactucae, Peronospora lamii, Plasmopara obduscens, Pythium cryptoirregulare, Pythium aphanidermatum, Pythium irregulare, Pythium sylvaticum, Pythium myriotylum, Pythium ultimum, Phytophthora capsici, Phytophthora nicotianae, Phytophthora infestans, Phytophthora tropicalis, Phytophthora sojae, Fusarium graminearum, Fusarium solani, Fusarium oxysporum, Fusarium graminicola, Gibberella zeae, Colletotrichum graminicola, Phakopsora sp., *Phakopsora meibomiae*, *Phakopsora pachyrizi, Puccinia triticina, Puccinia recondita, Puccinia striiformis, Puccinia graminis, Puccinia spp.,Venturia inaequalis, Verticillium spp, Erwinia amylovora, Monilinia fructicola, Monilinia lax, y Monilinia fructigena.*

82. El método de la Reivindicación 81, en tanto dicha composición controla uno o más patógenos fungales seleccionados del grupo integrado por *Botrytis cinerea, Cercospora sojina, Alternaria solani, Rhizoctonia solani, Erysiphe necator, Podosphaera xanthii, Colletotrichum cereal, Plasmopara viticola, Peronospora belbahrii, Pythium aphanidermatum, Pythium sylvaticum, Pythium myriotylum, Pythium ultimum, Phytophthora nicotianae, Phytophthora infestans, Phytophthora tropicalis, Phytophthora sojae, Fusarium graminearum, Fusarium solani, Phakopsora pachyrizi*, y Venturia *inaequalisa.*

83. El método de la Reivindicación 81, en tanto el único o más patógenos fungales comprenden *Phakopsora pachyrhizi o Phakopsora meibomiae.*

84. El método de la Reivindicación 83, en tanto el único o más patógenos fungales comprenden *Phakopsora pachyrhizi.*