

REIVINDICACIONES

1. Una cepa bacteriana aislada o un homólogo funcional de esta, caracterizada porque la cepa bacteriana aislada se selecciona del grupo que consiste en:

(1) cepa LAV58567, la cepa se selecciona del grupo que consiste en

a. una cepa depositada con el número de acceso 43954 en NCIMB;

b. una cepa que comprende una secuencia de 16S-rARN que comprende la secuencia de ácidos nucleicos establecida en la sec. con núm. de ident.:5;

c. una cepa que comprende al menos un marcador genómico que comprende la secuencia de ácidos nucleicos establecida en una cualquiera de las sec. con núms. de ident.:36-38;

y cualquier combinación de estas;

(2) cepa LAV104662, la cepa se selecciona del grupo que consiste en

a. una cepa depositada con el número de acceso 43955 en NCIMB;

b. una cepa que comprende una secuencia de 16S-rARN que comprende la secuencia de ácidos nucleicos establecida en la sec. con núm. de ident.:4;

- c. una cepa que comprende al menos un marcador genómico que comprende la secuencia de ácidos nucleicos establecida en una cualquiera de las sec. con núms. de ident.:33-35;
y cualquier combinación de estas;
- (3) cepa LAV104858, la cepa se selecciona del grupo que consiste en
- a. una cepa depositada con el número de acceso 43956 en NCIMB;
 - b. una cepa que comprende una secuencia de 16S-rARN que comprende la secuencia de ácidos nucleicos establecida en la sec. con núm. de ident.:3;
 - c. una cepa que comprende al menos un marcador genómico que comprende la secuencia de ácidos nucleicos establecida en una cualquiera de las sec. con núms. de ident.:30-32;
y cualquier combinación de estas;
- (4) cepa LAV104632, la cepa se selecciona del grupo que consiste en
- a. una cepa depositada con el número de acceso 43957 en NCIMB;
 - b. una cepa que comprende una secuencia de 16S-rARN que comprende la secuencia de ácidos nucleicos establecida en la sec. con núm. de ident.: 2;

- c. una cepa que comprende al menos un marcador genómico que comprende la secuencia de ácidos nucleicos establecida en la sec. con núm. de ident.: 29; y cualquier combinación de estas;
- (5) cepa LAV104629, la cepa se selecciona del grupo que consiste en
 - a. una cepa depositada con el número de acceso 43958 en NCIMB;
 - b. una cepa que comprende una secuencia de 16S-rARN que comprende la secuencia de ácidos nucleicos establecida en la sec. con núm. de ident.: 1;
 - c. una cepa que comprende al menos un marcador genómico que comprende la secuencia de ácidos nucleicos establecida en una cualquiera de las sec. con núms. de ident.: 27-28; y cualquier combinación de estas;
- (6) cepa LAV1000636, la cepa se selecciona del grupo que consiste en
 - a. una cepa depositada con el número de acceso 43964 en NCIMB;
 - b. una cepa que comprende una secuencia de 16S-rARN que comprende la secuencia de ácidos nucleicos establecida en la sec. con núm. de ident.: 6;

- c. una cepa que comprende al menos un marcador genómico que comprende la secuencia de ácidos nucleicos establecida en la sec. con núm. de ident.: 39; y cualquier combinación de estas;
- (7) cepa LAV1000506, la cepa se selecciona del grupo que consiste en
- a. una cepa depositada con el número de acceso 43965 en NCIMB;
 - b. una cepa que comprende una secuencia de 16S-rARN que comprende la secuencia de ácidos nucleicos establecida en la sec. con núm. de ident.: 39;
 - c. una cepa que comprende al menos un marcador genómico que comprende la secuencia de ácidos nucleicos establecida en una cualquiera de las sec. con núms. de ident.: 40-42; y cualquier combinación de estas;
- (8) cepa LAV1005101, la cepa se selecciona del grupo que consiste en:
- a. una cepa depositada con el número de acceso 43959 en NCIMB;
 - b. una cepa que comprende una secuencia de 16S-rARN que comprende la secuencia de ácidos nucleicos establecida en la sec. con núm. de ident.: 39;

- c. una cepa que comprende al menos un marcador genómico que comprende la secuencia de ácidos nucleicos establecida en una cualquiera de las sec. con núms. de ident.: 62-66;
y cualquier combinación de estas;
- (9) cepa LAV1001107, la cepa se selecciona del grupo que consiste en:
- a. una cepa depositada con el número de acceso 43960 en NCIMB;
 - b. una cepa que comprende una secuencia de 16S-rARN que comprende la secuencia de ácidos nucleicos establecida en la sec. con núm. de ident.: ١٢;
 - c. una cepa que comprende al menos un marcador genómico que comprende la secuencia de ácidos nucleicos establecida en una cualquiera de las sec. con núms. de ident.: 57-61;
y cualquier combinación de estas;
- (10) cepa LAV1001081, la cepa se selecciona del grupo que consiste en:
- a. una cepa depositada con el número de acceso 43961 en NCIMB;
 - b. una cepa que comprende una secuencia de 16S-rARN que comprende la secuencia de ácidos nucleicos establecida en la sec. con núm. de ident.: ١١;

- c. una cepa que comprende al menos un marcador genómico que comprende la secuencia de ácidos nucleicos establecida en la sec. con núm. de ident.: 56; y cualquier combinación de estas;
- (11) cepa LAV1000847, la cepa se selecciona del grupo que consiste en:
- a. una cepa depositada con el número de acceso 43962 en NCIMB;
 - b. una cepa que comprende una secuencia de 16S-rARN que comprende la secuencia de ácidos nucleicos establecida en la sec. con núm. de ident.: 4;
 - c. una cepa que comprende al menos un marcador genómico que comprende la secuencia de ácidos nucleicos establecida en una cualquiera de las sec. con núms. de ident.: 48-50; y cualquier combinación de estas;
- (12) cepa LAV1000965, la cepa se selecciona del grupo que consiste en:
- a. una cepa depositada con el número de acceso 43963 en NCIMB;
 - b. una cepa que comprende una secuencia de 16S-rARN que comprende la secuencia de ácidos nucleicos establecida en la sec. con núm. de ident.: 1;

- c. una cepa que comprende al menos un marcador genómico que comprende la secuencia de ácidos nucleicos establecida en una cualquiera de las sec. con núms. de ident.: 43-47;
y cualquier combinación de estas;

(13) cepa LAV1000933, la cepa se selecciona del grupo que consiste en:

- a. una cepa que comprende una secuencia de 16S-rARN que comprende la secuencia de ácidos nucleicos establecida en la sec. con núm. de ident.: 10;
- b. una cepa que comprende al menos un marcador genómico que comprende la secuencia de ácidos nucleicos establecida en una cualquiera de las sec. con núms. de ident.: 51-55;
y una combinación de estas;

(14) cepa LAV104661, la cepa se selecciona del grupo que consiste en

- d. una cepa que comprende una secuencia de 16S-rARN que comprende la secuencia de ácidos nucleicos establecida en la sec. con núm. de ident.: 14;
- e. una cepa que comprende al menos un marcador genómico que comprende la secuencia de ácido nucleico establecida en una cualquiera de las sec. con núms. de ident.: 67-68;

y cualquier combinación de estas;

(15) cepa LAV104665, la cepa se selecciona del grupo que consiste en

a. una cepa que comprende una secuencia de 16S-rARN que comprende la secuencia de ácidos nucleicos establecida en la sec. con núm. de ident.: 10;

b. una cepa que comprende al menos un marcador genómico que comprende la secuencia de ácidos nucleicos establecida en una cualquiera de las sec. con núms. de ident.: 69-71;

y una combinación de estas;

(16) cepa LAV104794, la cepa se selecciona del grupo que consiste en

a. una cepa que comprende una secuencia de 16S-rARN que comprende la secuencia de ácidos nucleicos establecida en la sec. con núm. de ident.: 11;

b. una cepa que comprende al menos un marcador genómico que comprende la secuencia de ácidos nucleicos establecida en una cualquiera de las sec. con núms. de ident.: 72-74;

y una combinación de estas;

(17) cepa LAV104618, la cepa se selecciona del grupo que consiste en

- a. una cepa que comprende una secuencia de 16S-rARN que comprende la secuencia de ácidos nucleicos establecida en la sec. con núm. de ident.: 17;
 - b. una cepa que comprende al menos un marcador genómico que comprende la secuencia de ácidos nucleicos establecida en una cualquiera de las sec. con núms. de ident.: 75-77;
y una combinación de estas;
- (18) cepa LAV104692, la cepa se selecciona del grupo que consiste en
- a. una cepa que comprende una secuencia de 16S-rARN que comprende la secuencia de ácidos nucleicos establecida en la sec. con núm. de ident.: 18;
 - b. una cepa que comprende al menos un marcador genómico que comprende la secuencia de ácido nucleico establecida en una cualquiera de las sec. con núms. de ident.: 78-80;
y una combinación de estas;
- (19) cepa LAV104891, la cepa se selecciona del grupo que consiste en
- a. una cepa que comprende una secuencia de 16S-rARN que comprende la secuencia de ácidos nucleicos establecida en la sec. con núm. de ident.: 19;

- b. una cepa que comprende al menos un marcador genómico que comprende la secuencia de ácido nucleico establecida en una cualquiera de las sec. con núms. de ident.: 81-83;
y una combinación de estas;
- (20) cepa LAV104630, la cepa se selecciona del grupo que consiste en
- a. una cepa que comprende una secuencia de 16S-rARN que comprende la secuencia de ácidos nucleicos establecida en la sec. con núm. de ident.: 20;
 - b. una cepa que comprende al menos un marcador genómico que comprende la secuencia de ácido nucleico establecida en una cualquiera de las sec. con núms. de ident.: 84-85;
y una combinación de estas;
- (21) cepa LAV104664, la cepa se selecciona del grupo que consiste en
- a. una cepa que comprende una secuencia de 16S-rARN que comprende la secuencia de ácidos nucleicos establecida en la sec. con núm. de ident.: 21;
 - b. una cepa que comprende al menos un marcador genómico que comprende la secuencia de ácido nucleico establecida en una cualquiera de las sec. con núms. de ident.: 86-88;

y una combinación de estas;

(22) cepa LAV104922, la cepa se selecciona del grupo que consiste en

a. una cepa que comprende una secuencia de 16S-rARN que comprende la secuencia de ácidos nucleicos establecida en la sec. con núm. de ident.: 22;

b. una cepa que comprende al menos un marcador genómico que comprende la secuencia de ácido nucleico establecida en una cualquiera de las sec. con núms. de ident.: 89-91;

y una combinación de estas;

(23) cepa LAV59524, la cepa se selecciona del grupo que consiste en

a. una cepa que comprende una secuencia de 16S-rARN que comprende la secuencia de ácidos nucleicos establecida en la sec. con núm. de ident.: 23;

b. una cepa que comprende al menos un marcador genómico que comprende la secuencia de ácidos nucleicos establecida en una cualquiera de las sec. con núms. de ident.: 92-94;

y una combinación de estas;

(24) cepa LAV104961, la cepa se selecciona del grupo que consiste en

- a. una cepa que comprende una secuencia de 16S-rARN que comprende la secuencia de ácidos nucleicos establecida en la sec. con núm. de ident.: 25;
 - b. una cepa que comprende al menos un marcador genómico que comprende la secuencia de ácidos nucleicos establecida en una cualquiera de las sec. con núms. de ident.: 95-97;
- y una combinación de estas;
- (25) cepa LAV104960, la cepa que comprende una secuencia de 16S-rARN que comprende la secuencia de ácidos nucleicos establecida en la sec. con núm. de ident.: 24; y
- (26) cepa LAV104533, la cepa que comprende una secuencia de 16S-rARN que comprende la secuencia de ácidos nucleicos establecida en la sec. con núm. de ident.: 26.

2. La cepa bacteriana aislada o un homólogo funcional de esta de acuerdo con la reivindicación 1, caracterizada porque la cepa LAV58567 es del género *Lysobacter*; la cepa LAV104662 es del género *Sphingobium*; las cepas LAV104858, LAV1000636, LAV1001107, LAV1000847, LAV1000965, LAV104665, LAV104794, y LAV104664, cada una es del género *Pseudomonas*; las cepas LAV104632 y LAV59524, cada una es del género *Bacillus*; las

cepas LAV104629 y LAV104692, cada una es del género *Pantoea*; la cepa LAV1000506 es del género *Gordonia*; la cepa LAV1005101 es del género *Pseudoxanthomonas*; la cepa LAV1001081 es del género *Rahnella*; la cepa LAV1000933 es del género *Paenibacillus*; la cepa LAV104661 es del género *Erwinia*; la cepa LAV104618 es del género *Ensifer*; las cepas LAV104891 y LAV104922, cada una es del género *Acinetobacter*; la cepa LAV105630 es del género *Enterobacter*; las cepas LAV104960 y LAV104961, cada una es del género *Streptomyces*; y la cepa LAV104533 es del género *Actinokineospora*.

3. La cepa bacteriana aislada o el homólogo funcional de esta de acuerdo con una cualquiera de las reivindicaciones 1-2, caracterizada porque:

el homólogo funcional de la cepa bacteriana LAV58567 comprende una secuencia de 16S-rARN al menos 97 % idéntica a la sec. con núm. de ident.: 5; al menos un marcador genómico que tiene al menos 95 % de identidad local con una secuencia de ácidos nucleicos establecida en una cualquiera de las sec. con núms. de ident.: 36-38 con más de 90 % de cobertura; o una combinación de estos;

el homólogo funcional de la cepa bacteriana LAV104662 comprende una secuencia de 16S-rARN al menos 97 % idéntica a la sec. con núm. de ident.: 4; al menos un marcador

genómico que tiene al menos 95 % de identidad local con una secuencia de ácidos nucleicos establecida en una cualquiera de las sec. con núms. de ident.: 33-35 con más de 90 % de cobertura; o una combinación de estos;

el homólogo funcional de la cepa bacteriana LAV104858 comprende una secuencia de 16S-rARN al menos 97.9 % idéntica a la sec. con núm. de ident.: 3; al menos un marcador genómico que tiene al menos 95 % de identidad local con una secuencia de ácidos nucleicos establecida en una cualquiera de las sec. con núms. de ident.: 30-32 con más de 90 % de cobertura; o una combinación de estos;

el homólogo funcional de la cepa bacteriana LAV104632 comprende una secuencia de 16S-rARN al menos 97 % idéntica a la sec. con núm. de ident.: 2; al menos un marcador genómico que tiene al menos 95 % de identidad local con una secuencia de ácidos nucleicos establecida en la sec. con núm. de ident.: 29 con más de 90 % de cobertura; o una combinación de estos;

el homólogo funcional de la cepa bacteriana LAV104629 comprende una secuencia de 16S-rARN al menos 97 % idéntica a la sec. con núm. de ident.: 1; al menos un marcador genómico que tiene al menos 95 % de identidad local con una secuencia de ácidos nucleicos establecida en una

cualquiera de las sec. con núms. de ident.: 27-28 con más de 90 % de cobertura; o una combinación de estos;

el homólogo funcional de la cepa bacteriana LAV1000636 comprende una secuencia de 16S-rARN al menos 98.7 % idéntica a la sec. con núm. de ident.: 6; al menos un marcador genómico que tiene al menos 95 % de identidad local con una secuencia de ácidos nucleicos establecida en la sec. con núm. de ident.: 39 con más de 90 % de cobertura, o una combinación de estos;

el homólogo funcional de la cepa bacteriana LAV1000506 comprende una secuencia de 16S-rARN al menos 97 % idéntica a la sec. con núm. de ident.: 7; al menos un marcador genómico que tiene al menos 95 % de identidad local con una secuencia de ácidos nucleicos establecida en una cualquiera de las sec. con núms. de ident.: 40-42 con más de 90 % de cobertura; o una combinación de estos;

el homólogo funcional de la cepa bacteriana LAV1005101 comprende una secuencia de 16S-rARN al menos 97 % idéntica a la sec. con núm. de ident.: 13; al menos un marcador genómico que tiene al menos 95 % de identidad local con una secuencia de ácidos nucleicos establecida en una cualquiera de las sec. con núms. de ident.: 62-66 con más de 90 % de cobertura; o una combinación de estos;

el homólogo funcional de la cepa bacteriana LAV10011071 comprende una secuencia de 16S-rARN al menos 97 % idéntica a la sec. con núm. de ident.: 12; al menos un marcador genómico que tiene al menos 95 % de identidad local con una secuencia de ácidos nucleicos establecida en una cualquiera de las sec. con núms. de ident.: 57-61 con más de 90 % de cobertura; o una combinación de estos;

el homólogo funcional de la cepa bacteriana LAV1001081 comprende una secuencia de 16S-rARN al menos 97 % idéntica a la sec. con núm. de ident.: 11; un marcador genómico que tiene al menos 95 % de identidad local con la secuencia de ácidos nucleicos establecida en la sec. con núm. de ident.: 56 con más de 90 % de cobertura; o una combinación de estos;

el homólogo funcional de la cepa bacteriana LAV1000847 comprende una secuencia de 16S-rARN al menos 99.5 % idéntica a la sec. con núm. de ident.: 9; al menos un marcador genómico que tiene al menos 95 % de identidad local con una secuencia de ácidos nucleicos establecida en una cualquiera de las sec. con núms. de ident.: 48-50 con más de 90 % de cobertura; o una combinación de estos;

el homólogo funcional de la cepa bacteriana LAV1000965 comprende una secuencia de 16S-rARN al menos 97.6 % idéntica a la sec. con núm. de ident.: 8; al menos un

marcador genómico que tiene al menos 95 % de identidad local con una secuencia de ácidos nucleicos establecida en una cualquiera de las sec. con núms. de ident.: 43-47 con más de 90 % de cobertura; o una combinación de estos;

el homólogo funcional de la cepa bacteriana LAV1000933 comprende una secuencia de 16S-rARN al menos 97 % idéntica a la sec. con núm. de ident.: 10; al menos un marcador genómico que tiene al menos 95 % de identidad local con una secuencia de ácidos nucleicos establecida en una cualquiera de las sec. con núms. de ident.: 51-55 con más de 90 % de cobertura; o una combinación de estos;

el homólogo funcional de la cepa bacteriana LAV104661 comprende una secuencia de 16S-rARN al menos 97 % idéntica a la sec. con núm. de ident.: 14; al menos un marcador genómico que tiene al menos 95 % de identidad local con una secuencia de ácidos nucleicos establecida en una cualquiera de las sec. con núms. de ident.: 67-68 con más de 90 % de cobertura; o una combinación de estos;

el homólogo funcional de la cepa bacteriana LAV104665 comprende una secuencia de 16S-rARN al menos 97 % idéntica a la sec. con núm. de ident.: 15; al menos un marcador genómico que tiene al menos 95 % de identidad local con una secuencia de ácidos nucleicos establecida en una

cualquiera de las sec. con núms. de ident.: 69-71 con más de 90 % de cobertura; o una combinación de estos;

el homólogo funcional de la cepa bacteriana LAV104794 comprende una secuencia de 16S-rARN al menos 97 % idéntica a la sec. con núm. de ident.: 16; al menos un marcador genómico que tiene al menos 95 % de identidad local con una secuencia de ácidos nucleicos establecida en una cualquiera de las sec. con núms. de ident.: 72-74 con más de 90 % de cobertura; o una combinación de estos;

el homólogo funcional de la cepa bacteriana LAV104618 comprende una secuencia de 16S-rARN al menos 97.1 % idéntica a la sec. con núm. de ident.: 17; al menos un marcador genómico que tiene al menos 95 % de identidad local con una secuencia de ácidos nucleicos establecida en una cualquiera de las sec. con núms. de ident.: 75-77 con más de 90 % de cobertura.

el homólogo funcional de la cepa bacteriana LAV104692 comprende una secuencia de 16S-rARN al menos 97 % idéntica a la sec. con núm. de ident.: 18; al menos un marcador genómico que tiene al menos 95 % de identidad local con una secuencia de ácidos nucleicos establecida en una cualquiera de las sec. con núms. de ident.: 78-80 con más de 90 % de cobertura; o una combinación de estos;

el homólogo funcional de la cepa bacteriana LAV104891 comprende una secuencia de 16S-rARN al menos 97 % idéntica a la sec. con núm. de ident.: 19; al menos un marcador genómico que tiene al menos 95 % de identidad local con una secuencia de ácidos nucleicos establecida en una cualquiera de las sec. con núms. de ident.: 81-83 con más de 90 % de cobertura; o una combinación de estos;

el homólogo funcional de la cepa bacteriana LAV104630 comprende una secuencia de 16S-rARN al menos 97 % idéntica a la sec. con núm. de ident.: 20; al menos un marcador genómico que tiene al menos 95 % de identidad local con una secuencia de ácidos nucleicos establecida en una cualquiera de las sec. con núms. de ident.: 84-85 con más de 90 % de cobertura; o una combinación de estos;

el homólogo funcional de la cepa bacteriana LAV104664 comprende una secuencia de 16S-rARN al menos 97 % idéntica a la sec. con núm. de ident.: 21; al menos un marcador genómico que tiene al menos 95 % de identidad local con una secuencia de ácidos nucleicos establecida en una cualquiera de las sec. con núms. de ident.: 86-88 con más de 90 % de cobertura; o una combinación de estos;

el homólogo funcional de la cepa bacteriana LAV104922 comprende una secuencia de 16S-rARN al menos 97 % idéntica a la sec. con núm. de ident.: 22; al menos un marcador

genómico que tiene al menos 95 % de identidad local con una secuencia de ácidos nucleicos establecida en una cualquiera de las sec. con núms. de ident.: 89-91 más de 90 % de cobertura; o una combinación de estos;

el homólogo funcional de la cepa bacteriana LAV59524 comprende una secuencia de 16S-rARN al menos 97 % idéntica a la sec. con núm. de ident.: 23; al menos un marcador genómico que tiene al menos 95 % de identidad local con una secuencia de ácidos nucleicos establecida en una cualquiera de las sec. con núms. de ident.: 92-94 con más de 90 % de cobertura; o una combinación de estos;

el homólogo funcional de la cepa bacteriana LAV104961 comprende una secuencia de 16S-rARN al menos 97 % idéntica a la sec. con núm. de ident.: 25; al menos un marcador genómico que tiene al menos 95 % de identidad local con una secuencia de ácidos nucleicos establecida en una cualquiera de las sec. con núms. de ident.: 95-97 con más de 90 % de cobertura; o una combinación de estos;

el homólogo funcional de la cepa bacteriana LAV104960 comprende una secuencia de 16S-rARN al menos 97.9 % idéntica a la sec. con núm. de ident.: 24; y

el homólogo funcional de la cepa bacteriana LAV104533 comprende una secuencia de 16S-rARN al menos 97 % idéntica a la sec. con núm. de ident.: 26.

4. La cepa bacteriana aislada o el homólogo funcional de esta de acuerdo con una cualquiera de las reivindicaciones 1-3, caracterizada porque la cepa u homólogo funcional se caracteriza por una capacidad para inhibir el crecimiento y/o el desarrollo y/o la actividad de al menos un hongo y/u oomiceto patógeno de plantas.

5. La cepa bacteriana aislada o el homólogo funcional de esta de acuerdo con una cualquiera de las reivindicaciones 1-4, caracterizada porque la cepa bacteriana u homólogo funcional es efectiva para proteger una planta de al menos un hongo y/u oomiceto patógeno.

6. Una preparación bacteriana que comprende una pluralidad de bacterias de al menos una cepa bacteriana aislada o un homólogo funcional de esta de acuerdo con una cualquiera de las reivindicaciones 1-5.

7. La preparación bacteriana de acuerdo con la reivindicación 6, caracterizada porque la preparación bacteriana comprende la pluralidad de bacterias de al menos una cepa bacteriana o un homólogo funcional de esta a una concentración que excede la encontrada en la naturaleza.

8. La preparación bacteriana de acuerdo con una cualquiera de las reivindicaciones 6-7, caracterizada porque la preparación bacteriana que comprende la pluralidad de bacterias de al menos una cepa bacteriana o un homólogo funcional de esta está en una forma seleccionada del grupo que consiste en forma viable y forma no viable.

9. La preparación bacteriana de acuerdo con una cualquiera de las reivindicaciones 6-8, caracterizada porque la preparación bacteriana es sustancialmente estable durante al menos 30 días a un rango de temperatura de aproximadamente 4 °C a aproximadamente 37 °C.

10. Un lisado de al menos una célula bacteriana de la al menos una cepa bacteriana aislada o el homólogo funcional de esta de acuerdo con una cualquiera de las reivindicaciones 1-5.

11. El lisado de acuerdo con la reivindicación 10, caracterizado porque el lisado se selecciona del grupo que consiste en el al menos un lisado completo de célula y un lisado que comprende una fracción soluble de la al menos una célula.

12. Un extracto de al menos una célula bacteriana de la al menos una cepa bacteriana aislada o el homólogo funcional de esta de acuerdo con una cualquiera de las reivindicaciones 1-5.

13. Un caldo de células completas recolectado de la fermentación de una pluralidad de células bacterianas de la al menos una cepa bacteriana aislada o el homólogo funcional de esta de acuerdo con una cualquiera de las reivindicaciones 1-5.

14. Una composición agrícola que comprende al menos una cepa bacteriana aislada o un homólogo funcional de esta de acuerdo con una cualquiera de las reivindicaciones 1-5, una preparación bacteriana de acuerdo con una cualquiera de las reivindicaciones 6-9, un lisado de acuerdo con una cualquiera de las reivindicaciones 10-11, un extracto de acuerdo con la reivindicación 12, o un caldo de células completas de acuerdo con la reivindicación 13, que comprende además diluyentes o portadores aceptables en la agricultura.

15. La composición agrícola de acuerdo con la reivindicación 14, caracterizada porque la composición agrícola comprende al

menos dos, al menos tres, al menos cuatro, al menos cinco o más cepas bacterianas distintas y/o homólogos funcionales de estas.

16. La composición agrícola de acuerdo con una cualquiera de las reivindicaciones 14-15, caracterizada porque el portador es una semilla de planta.

17. La composición agrícola de acuerdo con una cualquiera de las reivindicaciones 14-16, caracterizada porque la composición agrícola es un producto de protección de plantas efectivo para prevenir o tratar al menos una enfermedad de las plantas causada por un hongo y/u oomiceto patógeno.

18. La composición agrícola de acuerdo con una cualquiera de las reivindicaciones 14-17, caracterizada porque la composición agrícola es sustancialmente estable durante al menos 180 días a un rango de temperatura de aproximadamente 4 °C a aproximadamente 37 °C.

19. Una semilla recubierta con una composición agrícola de acuerdo con una cualquiera de las reivindicaciones 14-15.

20. Un recipiente adaptado para un sistema de riego de un campo de plantas que comprende la composición agrícola de acuerdo con una cualquiera de las reivindicaciones 14-15.

21. Un kit que comprende (i) la composición agrícola de una cualquiera de las reivindicaciones 14-18; opcionalmente (ii) un sistema de suministro para aplicar la composición agrícola a una planta o una parte de esta o al hábitat de crecimiento de la planta; y (iii) instrucciones para usar la composición agrícola.

22. Un método para mejorar y/o conferir resistencia a una planta o una parte de esta a una enfermedad causada por un hongo y/u oomiceto fitopatógeno, que comprende poner en contacto la planta, una parte de esta o el hábitat de la planta con al menos una cepa bacteriana o un homólogo funcional de esta de acuerdo con una cualquiera de las reivindicaciones 1-5, una preparación bacteriana de acuerdo con una cualquiera de las reivindicaciones 6-9, un lisado de acuerdo con una cualquiera de las reivindicaciones 10-11, un extracto de acuerdo con la reivindicación 12, un caldo de célula completa de acuerdo con la reivindicación 13, o una composición agrícola que los comprende de acuerdo con una cualquiera de las reivindicaciones 14-18.

23. El método de acuerdo con la reivindicación 22, caracterizado porque el método comprende además identificar una planta que sea susceptible a la al menos una enfermedad causada por el hongo y/u oomiceto fitopatógeno antes de poner en contacto la planta, una parte de esta o el hábitat de la planta con la al menos una cepa bacteriana o un homólogo funcional de esta.

24. Un método para prevenir o tratar una enfermedad de una planta causada por un hongo y/u oomiceto fitopatógeno, que comprende poner en contacto una planta, una parte de esta o el hábitat de la planta con al menos una cepa bacteriana o un homólogo funcional de esta de acuerdo con una cualquiera de las reivindicaciones 1-5, una preparación bacteriana de acuerdo con una cualquiera de las reivindicaciones 6-9, un lisado de acuerdo con una cualquiera de las reivindicaciones 10-11, un extracto de acuerdo con la reivindicación 12, un caldo de célula completa de acuerdo con la reivindicación 13, o una composición agrícola que los comprende de acuerdo con una cualquiera de las reivindicaciones 14-18.

25. El método de acuerdo con la reivindicación 24, caracterizado porque el método comprende además identificar

los síntomas de la enfermedad dentro de una planta antes de poner en contacto la planta, una parte de esta o el hábitat de la planta con la al menos una cepa bacteriana o un homólogo funcional de esta.

26. El método de acuerdo con una cualquiera de las reivindicaciones 22-25, caracterizado porque la parte de la planta se selecciona del grupo que consiste en una semilla, una raíz, un brote, una hoja, una rama, una flor, un fruto y cualquier combinación de estos.

27. El método de una cualquiera de las reivindicaciones 22-26, caracterizado porque la planta o parte de esta se pone en contacto con la preparación bacteriana, el lisado, el extracto, el caldo de célula completa o la composición agrícola que los comprende mediante un método seleccionado del grupo que consiste en infiltración, inmersión, sumersión, incubación, pulverización, fumigación y cualquier combinación de estos.

28. El método de acuerdo con una cualquiera de las reivindicaciones 22-26, caracterizado porque la planta o parte de esta se pone en contacto con la preparación bacteriana, el lisado, el extracto, el caldo de célula

completa o la composición agrícola que los comprende indirectamente, mediante la administración de la preparación bacteriana, lisado, extracto, caldo de célula completa o composición agrícola que los comprende al hábitat y/o medio de crecimiento de la planta.

29. El método de acuerdo con la reivindicación 26, caracterizado porque la parte de la planta es una semilla y la preparación bacteriana, el lisado, el extracto, el caldo de célula completa o la composición agrícola que los comprende se aplica mediante recubrimiento de semillas.

30. El método de una cualquiera de las reivindicaciones 22-28, caracterizado porque la planta o parte de esta se pone en contacto con la al menos una célula bacteriana a una concentración de aproximadamente 10^2 CFU/ml a aproximadamente 10^{10} CFU/ml.

31. El método de la reivindicación 29, caracterizado porque el recubrimiento de semillas comprende de aproximadamente 10^2 CFU/semilla a aproximadamente 10^{10} CFU/semilla.

32. El método de acuerdo con una cualquiera de las reivindicaciones 22-31, caracterizado porque el hongo

fitopatógeno es de un género seleccionado del grupo que consiste en *Fusarium*, *Botrytis*, *Erysiphe*, *Aspergillus*, y *Rhizopus*.

33. El método de la reivindicación 32, caracterizado porque el hongo fitopatógeno es de una especie seleccionada del grupo que consiste en *Fusarium graminearum*, *Fusarium verticillioides*, *Fusarium oxysporum*, *Botrytis cinerea*, *Erysiphe necator*, *Aspergillus niger*, y *Rhizopus stolonifera*.

34. El método de una cualquiera de las reivindicaciones 22-31, caracterizado porque el oomiceto es de un género seleccionado del grupo que consiste en *Plasmopara*, *Pythium*, *Phytophthora*, y *Pseudoperonospora*.

35. El método de la reivindicación 34, caracterizado porque el oomiceto es de una especie seleccionada del grupo que consiste en *Plasmopara viticola*, *Pythium aphanidermatum* y *Pythium irregulare*.

36. El método de la reivindicación 33, caracterizado porque el hongo patógeno es *Fusarium graminearum*, y la cepa bacteriana se selecciona del grupo que consiste en LAV58567, LAV104794, LAV104632, LAV104664, LAV104630, LAV104891,

LAV104922, LAV59524, LAV1000965, LAV1000847, LAV1000933, LAV1001081, LAV1001107, y LAV1005101, los homólogos funcionales de estas y cualquier combinación de estas.

37. El método de la reivindicación 33, caracterizado porque el hongo patógeno es *Fusarium verticillioides*, y la cepa bacteriana se selecciona del grupo que consiste en LAV58567, LAV104794, LAV104661, LAV104662, LAV104629, LAV104665, LAV104664, LAV104692, LAV104630, LAV104618, LAV104891, LAV104922, LAV59524, LAV104960, LAV104961, LAV1000965, LAV1000847, LAV1000933, LAV1001081, LAV1001107, y LAV1005101, homólogos funcionales y cualquier combinación de estos.

38. El método de la reivindicación 33, caracterizado porque el hongo patógeno es *Botrytis cinerea*, y la cepa bacteriana se selecciona del grupo que consiste en LAV104794, LAV104661, LAV104662, LAV104632, LAV104665, LAV104858, LAV104692, LAV104630, LAV104618, LAV104891, LAV104922, LAV59524, LAV104960, LAV104961, LAV1000965, LAV1000847, LAV1000933, LAV1001081, LAV1001107, y LAV1005101, homólogos funcionales de estas y cualquier combinación de estas.

39. El método de la reivindicación 34, caracterizado porque el oomiceto patógeno es *Pythium aphanidermatum*, y la cepa

bacteriana se selecciona del grupo que consiste en LAV104794, LAV104629, LAV104665, LAV104858, LAV104664, LAV104692, LAV104630, LAV104891, LAV104922, LAV59524, LAV104961, LAV58567, LAV104661, LAV104662, LAV104632 LAV104618, LAV1000965, LAV1000847, LAV1000933, LAV1001081, LAV1001107, y LAV1005101, homólogos funcionales y cualquier combinación de estos.

40. El método de la reivindicación 34, caracterizado porque el oomiceto patógeno es *Pythium irregulare*, y la cepa bacteriana se selecciona del grupo que consiste en LAV104661, LAV104662, LAV104632, LAV104629, LAV104665, LAV104664, LAV104630, LAV104618, LAV104618, LAV1000506, LAV1000636, LAV1000847, LAV1000933, LAV1001081, LAV1001107, y LAV1005101, los homólogos funcionales de estas y cualquier combinación de estas.

41. El método de la reivindicación 34, caracterizado porque el oomiceto patógeno es *Plasmopara viticola*, y la cepa bacteriana se selecciona del grupo que consiste en LAV59524, LAV104960, LAV104961, LAV104533, y LAV58567, homólogos funcionales y cualquier combinación de estas.

42. El método de una cualquiera de las reivindicaciones 22-41, caracterizado porque la planta es de una familia seleccionada del grupo que consiste en *Actinidiaceae*, *Amaranthaceae*, *Anacardiaceae*, *Apiaceae*, *Apocynaceae*, *Araceae*, *Araliaceae*, *Arecaceae*, *Asteraceae*, *Begoniaceae*, *Brassicaceae*, *Cactaceae*, *Cannabaceae*, *Cannaceae*, *Caprifoliaceae*, *Caryophyllaceae*, *Casuarinaceae*, *Chenopodiaceae*, *Cucurbitaceae*, *Cyperaceae*, *Ericaceae*, *Euphorbiaceae*, *Fabaceae*, *Geraniaceae*, *Gesneriaceae*, *Ginkgoaceae*, *Hydrangeaceae*, *Iridaceae*, *Juglandaceae*, *Lamiaceae*, *Magnoliaceae*, *Malvaceae*, *Moraceae*, *Musaceae*, *Myrtaceae*, *Oleaceae*, *Papaveraceae*, *Passifloraceae*, *Pedaliaceae*, *Piperaceae*, *Platanaceae*, *Poaceae*, *Poaceae*, *Polygonaceae*, *Portulacaceae*, *Proteaceae*, *Punicaceae*, *Ranunculaceae*, *Rosaceae*, *Rubiaceae*, *Rutaceae*, *Salicaceae*, *Scrophulariaceae*, *Solanaceae*, *Sterculiaceae*, *Taxodiaceae*, *Theaceae*, *Tiliaceae*, *Verbenaceae*, *Violaceae*, *Vitaceae*, y *Zingiberaceae*.

43. El método de una cualquiera de las reivindicaciones 22-42, caracterizado porque la planta se selecciona de uva (*Vitis vinifera*), tomate (*Solanum lycopersicum*), trigo (*Triticum aestivum*), y maíz (*Zea mays*).

44. Un método para obtener una cepa bacteriana modificada que tiene una capacidad mejorada para conferir o mejorar la resistencia de una planta hacia hongos y/u oomicetos patógenos, o para proteger la planta de una enfermedad causada por los hongos y/u oomicetos patógenos en comparación con una cepa bacteriana no modificada parental, que comprende:

- (a) cultivar una cepa bacteriana parental que tiene una capacidad de conferir o mejorar la resistencia de una planta hacia hongos y/u oomicetos patógenos, o para proteger la planta de una enfermedad causada por los hongos y/u oomicetos patógenos en condiciones adecuadas para expandir una población de la cepa bacteriana y permitir el desarrollo de al menos un mutante bacteriano; y
- (b) seleccionar al menos un mutante bacteriano resultante de la etapa (a) para una capacidad mejorada para conferir o mejorar la resistencia de una planta hacia los hongos y/u oomicetos patógenos, o para proteger la planta de una enfermedad causada por los hongos y/u oomicetos patógenos, y así obtener la cepa bacteriana modificada que tiene la capacidad mejorada para conferir o mejorar la resistencia de una planta hacia los hongos y/u

oomicetos patógenos, o para proteger la planta de una enfermedad causada por los hongos y/u oomicetos patógenos en comparación con la cepa bacteriana parental no modificada.

45. El método de la reivindicación 44, caracterizado porque la cepa bacteriana modificada es LAV58567.

46. El método de la reivindicación 44, caracterizado porque la cepa bacteriana parental es una cepa bacteriana de acuerdo con una cualquiera de las reivindicaciones 1-2.