

REIVINDICACIONES

SE REIVINDICA:

1. Una composición que comprende uno o más microbios *Streptomyces*, en donde el uno o más
5 microbios *Streptomyces* comprenden una secuencia de nucleótidos del gen 16S ARNr que es al menos
80, 85, 90, 95, 96, 97, 98, 99 o 99,5 idéntica, o 100 % idéntica, preferiblemente al menos 96 %, más
preferiblemente al menos 97 %, incluso más preferiblemente al menos 98 %, aún más preferiblemente
al menos 99 %, todavía aún más preferiblemente al menos 99,5 % de identidad con una secuencia de
ácido nucleico a una o más de SEQ ID NO: 68-109 y 120-196.
10
2. La composición de la reivindicación 1 que comprende microbios de al menos 2, 3, 4, 5, 6, 7,
8, 9, 10, 11, 12, 13, 14, 15, 16, 17, 18, 19, 20, 22, 25, 30, 35, 40, 50 o 60 y/o no más de 3, 4, 5, 6, 7,
8, 9, 10, 11, 12, 13, 14, 15, 16, 17, 18, 19, 20, 22, 25, 30, 35, 40, 50, 60, 70, 80 o 100, preferiblemente
2-100, más preferiblemente 5-100, incluso más preferiblemente 5-80, aún más preferiblemente 5-40,
15 todavía más preferiblemente 10-80, aún todavía más preferiblemente 10-70, incluso más
preferiblemente 10-60, todavía incluso más preferiblemente 10-30 cepas *Streptomyces* diferentes.
3. La composición de la reivindicación 1 o de la reivindicación 2 que además comprende uno o
más microbios no *Streptomyces*.
20
4. La composición de cualquiera de las reivindicaciones anteriores que comprende uno o más
microbios *Pseudomonas*.
5. La composición de cualquiera de las reivindicaciones anteriores que comprende uno o más
25 microbios *Microvirga*.
6. La composición de cualquiera de las reivindicaciones anteriores que comprende uno o más
microbios *Micrococcus*.
- 30 7. La composición de cualquiera de las reivindicaciones anteriores que comprende uno o más
microbios *Paenibacillus*
8. La composición de cualquiera de las reivindicaciones anteriores que comprende uno o más

microbios *Aureimonas*.

9. La composición de cualquiera de las reivindicaciones anteriores que comprende uno o más microbios *Bradyrhizobium*.

5

10. La composición de cualquiera de las reivindicaciones anteriores que comprende uno o más microbios *Rhodococcus*.

10 11. La composición de cualquiera de las reivindicaciones anteriores que comprende uno o más microbios *Amycolatopsis*.

12. La composición de cualquiera de las reivindicaciones anteriores que comprende uno o más microbios *Lysinibacillus*.

15 13. La composición de cualquiera de las reivindicaciones anteriores, en donde dos o más microbios son heterólogos entre sí.

20 14. Una composición que comprende al menos 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14, 15, 16, 17, 18, 19, 20, 22, 25, 30, 35, 40, 50 o 60 y/o no más de 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14, 15, 16, 17, 18, 19, 20, 22, 25, 30, 35, 40, 50, 60, 70, 80 o 100, preferiblemente 2-100, más preferiblemente 5-100, incluso más preferiblemente 5-80, aún más preferiblemente 5-40, todavía más preferiblemente 10-80, aún todavía más preferiblemente 10-70, incluso más preferiblemente 10-60, más preferiblemente 10-30 microbios *Streptomyces* diferentes.

25 15. La composición de la reivindicación 14 que además comprende uno o más microbios no *Streptomyces*.

16. La composición de la reivindicación 14 o de la reivindicación 15, en donde dos o más microbios son heterólogos entre sí.

30

17. La composición de la reivindicación 15 o de la reivindicación 16 en donde uno o más microbios no *Streptomyces* comprenden un microbio *Pseudomonas*, *Microvirga*, *Micrococcus*, *Paenibacillus*, *Aureimonas*, *Bradyrhizobium*, *Rhodococcus*, *Amycolatopsis* o *Lysinibacillus*, o una

combinación de estos.

18. La composición de la reivindicación 15 o de la reivindicación 16 en donde uno o más microbios no *Streptomyces* comprenden un microbio *Pseudomonas*, *Microvirga*, *Micrococcus*,
5 *Aureimonas*, *Bradyrhizobium*, *Rhodococcus*, *Amycolatopsis* o *Lysinibacillus*, o una combinación de estos.

19. La composición de la reivindicación 15 o de la reivindicación 16 en donde uno o más microbios no *Streptomyces* comprenden un microbio *Microvirga*, *Micrococcus*, *Paenibacillus*,
10 *Aureimonas*, *Bradyrhizobium*, *Rhodococcus*, *Amycolatopsis* o *Lysinibacillus*, o una combinación de estos.

20. La composición de la reivindicación 17 o de la reivindicación 18, en donde uno o más microbios no *Streptomyces* comprenden uno o más microbios *Pseudomonas*.

15 21. La composición de una cualquiera de las reivindicaciones 17 a 20, que comprende un microbio *Microvirga*.

22. La composición de una cualquiera de las reivindicaciones 17 a 21, en donde uno o más microbios no *Streptomyces* comprenden uno o más microbios *Micrococcus*.
20

23. La composición de una cualquiera de las reivindicaciones 17 a 22, en donde uno o más microbios no *Streptomyces* comprenden uno o más microbios *Paenibacillus*.

25 24. La composición de una cualquiera de las reivindicaciones 17 a 23, en donde uno o más microbios no *Streptomyces* comprenden uno o más microbios *Aureimonas*.

25. La composición de una cualquiera de las reivindicaciones 17 a 24, en donde uno o más microbios no *Streptomyces* comprenden uno o más microbios *Bradyrhizobium*.

30 26. La composición de una cualquiera de las reivindicaciones 17 a 25, en donde uno o más microbios no *Streptomyces* comprenden uno o más microbios *Rhodococcus*.

27. La composición de una cualquiera de las reivindicaciones 17 a 26, en donde uno o más microbios no *Streptomyces* comprenden uno o más microbios *Amycolatopsis*.
28. La composición de una cualquiera de las reivindicaciones 17 a 27, en donde el uno o más
5 microbios *Streptomyces* comprenden uno o más microbios *Lysinibacillus*.
29. Una composición que comprende *Streptomyces* spp. y microbios de al menos uno, dos, tres, cuatro, cinco, 6 o 7 y/o no más de uno, dos, tres, cuatro, cinco, 6, 7 u 8, preferiblemente 2-8, más preferiblemente 2-6, todavía más preferiblemente 3-8, tales como 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8 u 8 microbios
10 adicionales seleccionados del grupo que consiste en *Pseudomonas* spp., *Microvirga* spp., *Paenibacillus* spp., *Aureimonas* spp., *Bradyrhizobium* spp., *Rhodococcus* spp., *Amycolatopsis* spp. y *Lysinibacillus* spp.
30. La composición de la reivindicación [0028] que comprende al menos 2, 3, 5, 7, 10, 12, 15, 20,
15 30, 40 o 50 y/o no más de 3, 5, 7, 10, 12, 15, 20, 30, 40, 50, 60, 80 o 100 microbios *Streptomyces* diferentes, por ejemplo 2-100 microbios *Streptomyces* diferentes.
31. La composición de la reivindicación [0028] o de la reivindicación 30 que comprende microbios *Pseudomonas* spp.
20
32. La composición de la reivindicación 31 que comprende al menos 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 10, 12, 14, 16 o 18 y/o no más de 3, 4, 5, 6, 7, 8, 10, 12, 14, 16, 18, 20 o 24 microbios *Pseudomonas* diferentes, por ejemplo 2-24 microbios *Pseudomonas* diferentes.
- 25 33. La composición de cualquiera de las reivindicaciones [0028] a 32 que comprende microbios *Microvirga* spp.
34. La composición de una cualquiera de las reivindicaciones [0028] a 33, que comprende microbios *Micrococcus* spp.
30
35. La composición de la reivindicación 34 que comprende al menos 2, 3, 4, 5 y/o no más de 3, 4, 5 o 6 microbios *Micrococcus* diferentes, por ejemplo 2-6 microbios *Micrococcus* diferentes.

36. La composición de cualquiera de las reivindicaciones [0028] a 35 que comprende microbios *Paenibacillus* spp.
- 5 37. La composición de la reivindicación 36 que comprende al menos 2, 3, 4, 5, 6 o 7 y/o no más de 3, 4, 5, 6, 7, 8 o 10 microbios *Paenibacillus* diferentes, por ejemplo, 2-10 microbios *Paenibacillus* diferentes.
- 10 38. La composición de cualquiera de las reivindicaciones [0028] a 37 que comprende microbios *Aureimonas* spp.
39. La composición de la reivindicación 38 que comprende al menos 2, 3, 4, 5, 6, o 7 y/o no más de 3, 4, 5, 6, 7, 8, o 10 microbios *Aureimonas* diferentes, por ejemplo 2-10 microbios *Aureimonas* diferentes.
- 15 40. La composición de cualquiera de las reivindicaciones [0028] a 39 que comprende microbios *Bradyrhizobium* spp.
- 20 41. La composición de la reivindicación 40 que comprende al menos 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 10, 12 o 14 y/o no más de 3, 4, 5, 6, 7, 8, 10, 12, 14 o 16 microbios *Bradyrhizobium* diferentes, por ejemplo 2-16 microbios *Bradyrhizobium* diferentes.
- 25 42. La composición de cualquiera de las reivindicaciones [0028] a 41 que comprende microbios *Rhodococcus* spp.
43. La composición de la reivindicación 42 que comprende al menos 2 microbios *Rhodococcus* diferentes.
- 30 44. La composición de cualquiera de las reivindicaciones [0028] a 43 que comprende microbios *Amycolatopsis* spp.
45. La composición de la reivindicación 44, que comprende al menos 2, 3, 4 o 5 y/o no más de 3, 4, 5 o 6 microbios *Amycolatopsis* diferentes, por ejemplo 2-6 microbios *Amycolatopsis* diferentes.

46. La composición de una cualquiera de las reivindicaciones [0028] a 45, que comprende microbios *Lysinibacillus* spp.
- 5 47. La composición de la reivindicación 46 que comprende al menos 2, 3, 4, 5, 6 o 7 y/o no más de 3, 4, 5, 6, 7, 8 o 10 microbios *Lysinibacillus* diferentes, por ejemplo, 2-10 microbios *Lysinibacillus* diferentes.
48. Una composición que comprende uno o más microbios *Streptomyces* y al menos un microbio no *Streptomyces*, en donde el microbio no *Streptomyces* es un microbio fijador de nitrógeno.
- 10 49. La composición de la reivindicación [0029] que comprende al menos 2, 3, 5, 7, 10, 12, 15, 20, 30, 40 o 50 y/o no más de 3, 5, 7, 10, 12, 15, 20, 30, 40, 50, 60, 80 o 100 cepas *Streptomyces* diferentes, por ejemplo 2-100 microbios *Streptomyces* diferentes.
- 15 50. La composición de la reivindicación [0029] o de la reivindicación 49, en donde el microbio no *Streptomyces* fijador de nitrógeno comprende un microbio *Pseudomonas* spp., *Microvirga* spp., *Bradyrhizobium* spp., *Aureimonas* spp., *Paenibacillus* spp. y/o *Lysinibacillus* spp.
- 20 51. La composición de la reivindicación 50 que comprende uno o más microbios *Pseudomonas* spp.
52. La composición de la reivindicación [0029] o 49, en donde el microbio no *Streptomyces* fijador de nitrógeno comprende un microbio *Microvirga* spp., *Bradyrhizobium* spp., *Aureimonas* spp.,
- 25 *Paenibacillus* spp. y/o *Lysinibacillus* spp.
53. La composición de cualquiera de las reivindicaciones [0029] a 52 que comprende uno o más microbios *Microvirga* spp.
- 30 54. La composición de cualquiera de las reivindicaciones [0029] a 53 que comprende uno o más microbios *Micrococcus* spp.
55. La composición de cualquiera de las reivindicaciones [0029] a 54 que comprende uno o más

microbios *Paenibacillus* spp.

56. La composición de cualquiera de las reivindicaciones [0029] a 55 que comprende uno o más microbios *Aureimonas* spp.

5

57. La composición de cualquiera de las reivindicaciones [0029] a 56 que comprende uno o más microbios *Bradyrhizobium* spp.

58. La composición de cualquiera de las reivindicaciones [0029] a 57 que comprende uno o más microbios *Lysinibacillus* spp.

10

59. La composición de cualquiera de las reivindicaciones anteriores, los microbios *Streptomyces* comprenden uno más de *Streptomyces antibioticus* B, *Streptomyces bacillaris*, *Streptomyces bikiniensis*, *Streptomyces cavourensis*, *Streptomyces fimbriatus*, *Streptomyces flavoviridis*,
15 *Streptomyces globosus*, *Streptomyces griseoaurantiacus*, *Streptomyces griseofuscus*, *Streptomyces griseoincarnatus*, *Streptomyces griseoviridis* A, *Streptomyces labedae*, *Streptomyces lydicus*,
Streptomyces misionensis, *Streptomyces nigra*, *Streptomyces rochei*, *Streptomyces* sp. OATH_5, *Streptomyces* sp. OATH_7, *Streptomyces* sp. OATH_8, *Streptomyces* sp. OATH_9, *Streptomyces* sp.
OATH_10, *Streptomyces* sp. OATH_11, *Streptomyces* sp. OATH_12, *Streptomyces* sp. OATH_13,
20 *Streptomyces* sp. OATH_17, *Streptomyces* sp. OATH_19, *Streptomyces* sp. OATH_20, *Streptomyces* sp. OATH_22A, *Streptomyces* sp. OATH_22B, *Streptomyces* sp. OATH_23, *Streptomyces* sp.
OATH_26, *Streptomyces* sp. OATH_27, *Streptomyces* sp. OATH_28, *Streptomyces* sp. OATH_30, *Streptomyces* sp. OATH_31, *Streptomyces* sp. OATH_34, *Streptomyces* sp. OATH_36, *Streptomyces* sp.
OATH_37, *Streptomyces* sp. OATH_38, *Streptomyces* sp. OATH_39, *Streptomyces* sp.
25 OATH_40, *Streptomyces* sp. OATH_41, *Streptomyces* sp. OATH_42, *Streptomyces* sp. OATH_43, *Streptomyces* sp. OATH_44, *Streptomyces* sp. OATH_46, *Streptomyces* sp. OATH_47, *Streptomyces* sp.
OATH_48, *Streptomyces* sp. OATH_49, *Streptomyces* sp. OATH_50, *Streptomyces* sp. OATH_52, *Streptomyces* sp. OATH_57, *Streptomyces* sp. OATH_58, *Streptomyces* sp. OATH_59, *Streptomyces* sp. OATH_60, *Streptomyces* sp. OATH_61, *Streptomyces* sp. OATH_62, *Streptomyces* sp.
30 OATH_63, *Streptomyces* sp. OATH_64, *Streptomyces* sp. OATH_65, *Streptomyces* sp. OATH_66, *Streptomyces* sp. OATH_A, *Streptomyces* sp. OATH_B, *Streptomyces* sp. OATH_C, *Streptomyces* sp. OATH_D, *Streptomyces* sp. OATH_E, *Streptomyces* sp. OATH_F, *Streptomyces* sp. OATH_G, *Streptomyces* sp001509795, *Streptomyces* sp900105755, y/o *Streptomyces violaceorectus*.

60. La composición de una cualquiera de las reivindicaciones anteriores que comprende uno o más microbios *Streptomyces* comprende uno o más de *Streptomyces* sp. OATH_5, *Streptomyces* sp. OATH_7, *Streptomyces* sp. OATH_8, *Streptomyces* sp. OATH_9, *Streptomyces* sp. OATH_10, *Streptomyces* sp. OATH_11, *Streptomyces* sp. OATH_12, *Streptomyces* sp. OATH_13, *Streptomyces* sp. OATH_17, *Streptomyces* sp. OATH_19, *Streptomyces* sp. OATH_20, *Streptomyces* sp. OATH_22A, *Streptomyces* sp. OATH_22B, *Streptomyces* sp. OATH_23, *Streptomyces* sp. OATH_26, *Streptomyces* sp. OATH_27, *Streptomyces* sp. OATH_28, *Streptomyces* sp. OATH_30, *Streptomyces* sp. OATH_31, *Streptomyces* sp. OATH_34, *Streptomyces* sp. OATH_36, *Streptomyces* sp. OATH_37, *Streptomyces* sp. OATH_38, *Streptomyces* sp. OATH_39, *Streptomyces* sp. OATH_40, *Streptomyces* sp. OATH_41, *Streptomyces* sp. OATH_42, *Streptomyces* sp. OATH_43, *Streptomyces* sp. OATH_44, *Streptomyces* sp. OATH_46, *Streptomyces* sp. OATH_47, *Streptomyces* sp. OATH_48, *Streptomyces* sp. OATH_49, *Streptomyces* sp. OATH_50, *Streptomyces* sp. OATH_52, *Streptomyces* sp. OATH_57, *Streptomyces* sp. OATH_58, *Streptomyces* sp. OATH_59, *Streptomyces* sp. OATH_60, *Streptomyces* sp. OATH_61, *Streptomyces* sp. OATH_62, *Streptomyces* sp. OATH_63, *Streptomyces* sp. OATH_64, *Streptomyces* sp. OATH_65, *Streptomyces* sp. OATH_66, *Streptomyces* sp. OATH_A, *Streptomyces* sp. OATH_B, *Streptomyces* sp. OATH_C, *Streptomyces* sp. OATH_D, *Streptomyces* sp. OATH_E, *Streptomyces* sp. OATH_F, *Streptomyces* sp. OATH_G.

20

61. La composición cualquiera de las reivindicaciones anteriores en donde el uno o más microbios *Streptomyces* tienen una secuencia o secuencias de nucleótidos del gen 16S ARNr con al menos 80, 85, 90, 95, 96, 97, 98, 99 o 99,55 de identidad, o 100 % de identidad, preferiblemente al menos 96 %, más preferiblemente al menos 97 %, incluso más preferiblemente al menos 98 %, aún más preferiblemente al menos 99 %, aún todavía más preferiblemente al menos 99,5 % de identidad con cualquiera de las SEQ ID NO: 68-109 y 120-196.

25

62. La composición de cualquiera de las reivindicaciones 4-13, 17-47 o 50-61, en donde uno o más microbios *Pseudomonas* comprenden una primera cepa *Pseudomonas*.

30

63. La composición de la reivindicación 62 en donde uno o más microbios *Pseudomonas* comprenden una segunda cepa *Pseudomonas*, en donde la segunda cepa *Pseudomonas* es diferente de la primera cepa *Pseudomonas*.

64. La composición de la reivindicación 63 en donde uno o más microbios *Pseudomonas* comprenden una tercera cepa *Pseudomonas*, en donde la tercera cepa *Pseudomonas* es diferente de la primera y segunda cepas *Pseudomonas*.

5

65. La composición de la reivindicación 64 en donde uno o más microbios *Pseudomonas* comprenden una cuarta cepa *Pseudomonas*, en donde la cuarta cepa *Pseudomonas* es diferente de la primera, segunda y tercera cepas *Pseudomonas*.

10 66. La composición de la reivindicación 65 en donde uno o más microbios *Pseudomonas* comprenden una quinta cepa *Pseudomonas*, en donde la quinta cepa *Pseudomonas* es diferente de la primera, segunda, tercera y cuarta cepas *Pseudomonas*.

15 67. La composición de cualquiera de las reivindicaciones 62 a 66 en donde la primera, segunda, tercera, cuarta y/o quinta cepas de *Pseudomonas* comprenden uno o más de *Pseudomonas* E sp003253735, *Pseudomonas fluorescens*, *Pseudomonas koreensis*, *Pseudomonas poae*, *Pseudomonas* sp. OATH_2, *Pseudomonas* sp. OATH_3, *Pseudomonas* sp. OATH_4, *Pseudomonas* sp. OATH_6, *Pseudomonas* sp. OATH_14, *Pseudomonas* sp. OATH_15, *Pseudomonas* sp. OATH_16, *Pseudomonas* sp. OATH_45 *Pseudomonas* sp. OATH_51 *Pseudomonas* sp. OATH_53, 20 *Pseudomonas* sp. OATH_55, *Pseudomonas* sp. OATH_56, *Pseudomonas* sp.002836515, y/o *Pseudomonas straminea*.

25 68. La composición de una cualquiera de las reivindicaciones 62 a 67 en donde la primera, segunda, tercera, cuarta y/o quinta cepas de *Pseudomonas* tienen una secuencia o secuencias de nucleótidos del gen 16S ARNr con al menos 80, 85, 90, 95, 96, 97, 98, 99 o 99,55 de identidad, o 100 % de identidad, preferiblemente al menos 96 %, más preferiblemente al menos 97 %, incluso más preferiblemente al menos 98 %, aún más preferiblemente al menos 99 %, todavía aún más preferiblemente al menos 99,5 % de identidad con cualquiera de las SEQ ID NO: 39-67.

30 69. La composición de una cualquiera de las reivindicaciones 5-13, 21-28, 33-47 o 53-61, en donde el microbio *Microvirga* comprende una primera cepa *Microvirga* que comprende *Microvirga* sp. OATH1.

70. La composición la reivindicación 69 en donde la cepa *Microvirga* tiene una secuencia o secuencias de nucleótidos del gen 16S ARNr con al menos 80, 85, 90, 95, 96, 97, 98, 99 o 99,55 de identidad, o 100 % de identidad, preferiblemente al menos 96 %, más preferiblemente al menos 97 %, incluso más preferiblemente al menos 98 %, aún más preferiblemente al menos 99 %, todavía aún más preferiblemente al menos 99,5 % de identidad con SEQ ID NO: 38.
71. La composición de una cualquiera de las reivindicaciones 6-13, 22-28, 34-47 o 54-61, en donde uno o más microbios *Micrococcus* comprenden una primera cepa *Micrococcus*.
72. La composición de la reivindicación 71 en donde uno o más microbios *Micrococcus* comprenden una segunda cepa *Micrococcus*, en donde la segunda cepa *Micrococcus* es diferente de la primera cepa.
73. La composición de la reivindicación 71 o de la reivindicación 72, en donde la primera o segunda cepa *Micrococcus* comprende *Micrococcus luteus*.
74. La composición de una cualquiera de las reivindicaciones 71 a 73 en donde la primera y/o segunda cepa de *Micrococcus* tienen una secuencia o secuencias de nucleótidos del gen 16S ARNr con al menos 80, 85, 90, 95, 96, 97, 98, 99 o 99,55 de identidad, o 100 % de identidad, preferiblemente al menos 96 %, más preferiblemente al menos 97 %, incluso más preferiblemente al menos 98 %, aún más preferiblemente al menos 99 %, aún todavía más preferiblemente al menos 99,5 % de identidad con cualquiera de las SEQ ID NO: 118-119.
75. La composición de una cualquiera de las reivindicaciones 7-13, 17, 19-28, 36-47 o 55-61, en donde uno o más microbios *Paenibacillus* comprenden una primera cepa *Paenibacillus*.
76. La composición de la reivindicación 75 en donde uno o más microbios *Paenibacillus* comprenden una segunda cepa *Paenibacillus*, en donde la segunda cepa *Paenibacillus* es diferente de la primera cepa *Paenibacillus*.
77. La composición de la reivindicación 76 en donde uno o más microbios *Paenibacillus* comprenden una tercera cepa *Paenibacillus*, en donde la tercera cepa *Paenibacillus* es diferente de la primera y segunda cepas *Paenibacillus*.

78. La composición de la reivindicación 77 en donde uno o más microbios *Paenibacillus* comprenden una cuarta cepa *Paenibacillus*, en donde la cuarta cepa *Paenibacillus* es diferente de la primera, segunda y tercera cepas *Paenibacillus*.

5

79. La composición de la reivindicación 78 en donde uno o más microbios *Paenibacillus* comprenden una quinta cepa *Paenibacillus*, en donde la quinta cepa *Paenibacillus* es diferente de la primera, segunda, tercera y cuarta cepas *Paenibacillus*.

10 80. La composición de una cualquiera de las reivindicaciones 75 a 79 en donde la primera, segunda, tercera, cuarta y/o quinta cepas *Paenibacillus* comprenden *Paenibacillus cellulositrophicus* A y/o *Paenibacillus illinoisensis*.

15 81. La composición de una cualquiera de las reivindicaciones 75 a 80 en donde la primera, segunda, tercera, cuarta y/o quinta cepas de *Paenibacillus* tienen una secuencia o secuencias de nucleótidos del gen 16S ARNr con al menos 80, 85, 90, 95, 96, 97, 98, 99 o 99,55 de identidad, o 100 % de identidad, preferiblemente al menos 96 %, más preferiblemente al menos 97 %, incluso más preferiblemente al menos 98 %, aún más preferiblemente al menos 99 %, todavía aún más preferiblemente al menos 99,5 % identidad con cualquiera de las SEQ ID NO: 10-17.

20

82. La composición de cualquiera de las reivindicaciones 8-13, 24-28, 38-47 o 56-61, en donde uno o más microbios *Aureimonas* comprenden una primera cepa *Aureimonas*.

25 83. La composición de la reivindicación 82 en donde uno o más microbios *Aureimonas* comprenden una segunda cepa *Aureimonas*, en donde la segunda cepa *Aureimonas* es diferente de la primera cepa *Aureimonas*.

30 84. La composición de la reivindicación 83 en donde uno o más microbios *Aureimonas* comprenden una tercera cepa *Aureimonas*, en donde la tercera cepa *Aureimonas* es diferente de la primera y segunda cepas *Aureimonas*.

85. La composición de la reivindicación 84 en donde uno o más microbios *Aureimonas* comprenden una cuarta cepa *Aureimonas*, en donde la cuarta cepa *Aureimonas* es diferente de la

primera, segunda y tercera cepas *Aureimonas*.

86. La composición de cualquiera de las reivindicaciones 82 a 85, en donde la primera, segunda, tercera y/o cuarta cepas *Aureimonas* comprenden *Aureimonas* A sp001425485.

5

87. La composición de una cualquiera de las reivindicaciones 82 a 86 en donde la primera, segunda, tercera y/o cuarta cepas de *Aureimonas* tienen una secuencia o secuencias de nucleótidos del gen 16S ARNr con al menos 80, 85, 90, 95, 96, 97, 98, 99 o 99,55 de identidad, o 100 % de identidad, preferiblemente al menos 96 %, más preferiblemente al menos 97 %, incluso más preferiblemente al menos 98 %, aún más preferiblemente al menos 99 %, aún todavía más preferiblemente al menos 99,5 % identidad con cualquiera de las SEQ ID NO: 18-21.

10

88. La composición de una cualquiera de las reivindicaciones 9-13, 25-28, 40-47 o 57-61, en donde uno o más microbios *Bradyrhizobium* comprenden una primera cepa *Bradyrhizobium*.

15

89. La composición de la reivindicación 88 en donde uno o más microbios *Bradyrhizobium* y una segunda cepa *Bradyrhizobium*, en donde la segunda cepa *Bradyrhizobium* es diferente de la primera cepa *Bradyrhizobium*.

20

90. La composición de la reivindicación 89 en donde uno o más microbios *Bradyrhizobium* comprende una tercera cepa *Bradyrhizobium*, en donde la tercera cepa *Bradyrhizobium* es diferente de la primera y segunda cepas *Bradyrhizobium*.

25

91. La composición de la reivindicación 90 en donde uno o más microbios *Bradyrhizobium* comprende una cuarta cepa *Bradyrhizobium*, en donde la cuarta cepa *Bradyrhizobium* es diferente de la primera, segunda y tercera cepas *Bradyrhizobium*.

30

92. La composición de la reivindicación 91 en donde uno o más microbios *Bradyrhizobium* comprende una quinta cepa *Bradyrhizobium*, en donde la quinta cepa *Bradyrhizobium* es diferente de la primera, segunda, tercera y cuarta cepas *Bradyrhizobium*.

93. La composición de una cualquiera de las reivindicaciones 88 a 92 en donde primera, segunda, tercera, cuarta y/o quinta cepas *Bradyrhizobium* comprenden *Bradyrhizobium denitrificans* y/o

Bradyrhizobium elkanii.

94. La composición de una cualquiera de las reivindicaciones 88 a 93 en donde la primera, segunda, tercera, cuarta y/o quinta cepas *Bradyrhizobium* tienen una secuencia o secuencias de nucleótidos del gen 16S ARNr con al menos 80, 85, 90, 95, 96, 97, 98, 99 o 99,55 de identidad, o 100 % de identidad, preferiblemente al menos 96 %, más preferiblemente al menos 97 %, incluso más preferiblemente al menos 98 %, aún más preferiblemente al menos 99 %, aún todavía más preferiblemente al menos 99,5 % identidad con cualquiera de las SEQ ID NO: 22-37.
95. La composición de una cualquiera de las reivindicaciones 10-13, 26-28, 42-47 o 59-61, en donde uno o más microbios *Rhodococcus* comprenden una primera cepa *Rhodococcus*.
96. La composición de la reivindicación 95 en donde uno o más microbios *Rhodococcus* comprenden una segunda cepa *Rhodococcus*, en donde la segunda cepa *Rhodococcus* es diferente de la primera cepa *Rhodococcus*.
97. La composición de la reivindicación 95 o 96, en donde la primera y/o segunda cepas *Rhodococcus* comprenden *Rhodococcus erythropoli* y/o *Rhodococcus qingshengii*.
98. La composición de una cualquiera de las reivindicaciones 95 a 97 en donde la primera y/o segunda cepa de *Rhodococcus* tienen una secuencia o secuencias de nucleótidos del gen 16S ARNr con al menos 80, 85, 90, 95, 96, 97, 98, 99 o 99,55 de identidad, o 100 % de identidad, preferiblemente al menos 96 %, más preferiblemente al menos 97 %, incluso más preferiblemente al menos 98 %, aún más preferiblemente al menos 99 %, aún todavía más preferiblemente al menos 99,5 % de identidad con cualquiera de las SEQ ID NO: 116-117.
99. La composición de cualquiera de las reivindicaciones 11-13, 27-28, 44-47 o 59-61, en donde uno o más microbios *Amycolatopsis* comprenden una primera cepa *Amycolatopsis*.
100. La composición de la reivindicación 99 en donde uno o más microbios *Amycolatopsis* comprenden una segunda cepa *Amycolatopsis*, en donde la segunda cepa *Amycolatopsis* es diferente de la primera cepa *Amycolatopsis*.

101. La composición de la reivindicación 100 en donde uno o más microbios *Amycolatopsis* comprenden una tercera cepa *Amycolatopsis*, en donde la tercera cepa *Amycolatopsis* es diferente de la primera y segunda cepas *Amycolatopsis*.
- 5 102. La composición de la reivindicación 101 en donde uno o más microbios *Amycolatopsis* comprenden una cuarta cepa *Amycolatopsis*, en donde la cuarta cepa *Amycolatopsis* es diferente de la primera, segunda y tercera cepas *Amycolatopsis*.
- 10 103. La composición de la reivindicación 102 en donde uno o más microbios *Amycolatopsis* comprenden una quinta cepa *Amycolatopsis*, en donde la quinta cepa *Amycolatopsis* es diferente de la primera, segunda, tercera y cuarta cepas *Amycolatopsis*.
- 15 104. La composición de una cualquiera de las reivindicaciones 99-103 en donde la primera, segunda, tercera, cuarta y/o quinta cepas *Amycolatopsis* comprenden *Amycolatopsis lurida* y/o *Amycolatopsis_OATH_54*.
- 20 105. La composición de una cualquiera de las reivindicaciones 99 a 104 en donde la primera, segunda, tercera, cuarta y/o quinta cepas de *Amycolatopsis* tienen una secuencia o secuencias de nucleótidos del gen 16S ARNr con al menos 80, 85, 90, 95, 96, 97, 98, 99 o 99,55 de identidad, o 100 % de identidad, preferiblemente al menos 96 %, más preferiblemente al menos 97 %, incluso más preferiblemente al menos 98 %, aún más preferiblemente al menos 99 %, aún todavía más preferiblemente al menos 99,5 % identidad con cualquiera de las SEQ ID NO: 110-115.
- 25 106. La composición de cualquiera de las reivindicaciones 12-13, 28, 46-47 o 58-61, en donde uno o más microbios *Lysinibacillus* comprenden una primera cepa de *Lysinibacillus*.
- 30 107. La composición de la reivindicación 106 en donde uno o más microbios *Lysinibacillus* comprenden una segunda cepa *Lysinibacillus*, en donde la segunda cepa *Lysinibacillus* es diferente de la primera cepa *Lysinibacillus*.
108. La composición de la reivindicación 107 en donde uno o más microbios *Lysinibacillus* comprenden una tercera cepa *Lysinibacillus*, en donde la tercera cepa *Lysinibacillus* es diferente de la primera y segunda cepas *Lysinibacillus*.

109. La composición de la reivindicación 108 en donde uno o más microbios *Lysinibacillus* comprenden una cuarta cepa *Lysinibacillus*, en donde la cuarta cepa *Lysinibacillus* es diferente de la primera, segunda y tercera cepas *Lysinibacillus*.

5

110. La composición de la reivindicación 109 en donde uno o más microbios *Lysinibacillus* comprenden una quinta cepa *Lysinibacillus*, en donde la quinta cepa *Lysinibacillus* es diferente de la primera, segunda, tercera y cuarta cepas *Lysinibacillus*.

10 111. La composición de cualquiera de las reivindicaciones 106 a 110, en donde la primera, segunda, tercera, cuarta y/o quinta cepas *Lysinibacillus* comprenden *Lysinibacillus capsici*.

112. La composición de una cualquiera de las reivindicaciones 106 a 111 en donde la primera, segunda, tercera, cuarta y/o quinta cepas de *Lysinibacillus* tienen una secuencia o secuencias de
15 nucleótidos del gen 16S ARNr con al menos 80, 85, 90, 95, 96, 97, 98, 99 o 99,55 de identidad, o 100 %, preferiblemente al menos 96 %, más preferiblemente al menos 97 %, incluso más preferiblemente al menos 98 %, aún más preferiblemente al menos 99 %, aún todavía más preferiblemente al menos 99,5 % identidad con cualquiera de las SEQ ID NO: 1-9.

20 113. Una composición que comprende uno o más microbios de depósitos ATCC designados 1-45, depositados como ATCC N.º PTA-127367-127413, respectivamente, como se muestra en la Tabla 2.

114. La composición de cualquiera de las reivindicaciones anteriores que comprende uno o más microbios de depósitos ATCC designados 1-45, depositados como ATCC N.º PTA-127367-127413,
25 respectivamente, como se muestra en la Tabla 2.

115. La composición de una cualquiera de las reivindicaciones anteriores que comprende además un medio líquido en el que se distribuyen uno o más microbios.

30 116. Una composición que comprende una pluralidad de partículas, en donde cada partícula comprende una composición de cualquiera de las reivindicaciones 1 a 115.

117. Una composición de liberación retardada que comprende una pluralidad de partículas, en

donde la partícula comprende uno o más microbios, y en donde la pluralidad de partículas comprende una primera población de partículas en donde cada partícula de la primera población comprende uno o más primeros componentes configurados para confinar al menos una porción de los microbios a las partículas, y en donde el uno o más primeros componentes son tales que el uno o más primeros componentes pierden suficiente integridad tras la exposición a uno o más desencadenantes ambientales que al menos una parte de los microbios confinados se liberen de las partículas.

118. La composición de cualquiera de las reivindicaciones anteriores que comprende además uno o más adyuvantes agrícolamente aceptables.

119. Una población de semillas, plántulas u otros propágulos de plantas que comprende al menos 10, 12, 15, 17, 20, 25, 30, 35, 40, 45, 50, 60, 70, 80, 90, o y/o no más de 12, 15, 17, 20, 25, 30, 35, 40, 45, 50, 60, 70, 80, 90, 100 o 120 microbios diferentes, en donde al menos 10, 20, 30, 40, 50, 60, 70, 80, 90 o 95 % o 100 % de los microbios son heterólogos de las semillas, plántulas u otros propágulos de plantas, en donde al menos una porción de los microbios de la composición están asociados con las semillas, plántulas u otros propágulos de plantas.

120. Una composición que comprende suelo en el que crecen o han crecido plantas, en donde el suelo comprende al menos 1, 2, 5, 10, 15, 20, 30, 35, 40, 45, 50, 60, 70, 80, 90 o 100 y/o no más de 2, 5, 10, 15, 20, 30, 35, 40, 45, 50, 60, 70, 80, 90, 100 o 150 microbios diferentes que sean heterólogos al suelo y/o plantas, por ejemplo, al menos 1, preferiblemente al menos 5, más preferiblemente al menos 10, incluso más preferiblemente al menos 15, todavía más preferiblemente al menos 25, aún más preferiblemente al menos 40, o 1-150, preferiblemente 1-100, más preferiblemente 2-80, incluso más preferiblemente 2.

121. Una composición que comprende suelo en el que crecen o han crecido plantas, en donde el suelo comprende al menos 1, 2, 5, 10, 15, 20, 30, 35, 40 o 45 microbios diferentes que comprenden una composición de cualquiera de cualquiera de las reivindicaciones 1 a 115.

122. Una planta o parte de planta que comprende uno o más microbios de la composición de cualquiera de las reivindicaciones 1 a 115 dispuestos sobre o dentro de la planta o parte de planta.

123. Una composición que comprende una población de plantas en donde las plantas o parte de las

plantas comprenden el microbio o microbios de la composición de una cualquiera de las reivindicaciones 1 a 115 dispuestas sobre o dentro de la planta o parte de la planta.

124. Un método que comprende aplicar la composición de una cualquiera de las reivindicaciones 1 a [00633], o un derivado de esta, a una planta, o una parte de esta, y/o al suelo u otro medio de crecimiento en donde la planta crece o crecerá, en una primera aplicación.

125. Un método que comprende aplicar una composición que comprende una pluralidad de microbios a un área que comprende suelo mediante aplicación aérea.

10

126. Un método que comprende aplicar a un medio de crecimiento de plantas.

(a) una pluralidad de microbios, y

(b) uno o más macronutrientes,

(c) uno o más micronutrientes, y/o

15 (d) una o más fuentes de carbono,

en donde una composición y/o cantidad efectiva de (a), (b), (c) y/o (d) se determina al menos en parte mediante uno o más resultados de una primera prueba en una o más muestras que comprenden medio de crecimiento al que se va a aplicar o se ha aplicado la pluralidad de microbios y/o un componente de una planta o plantas que crecen en el medio de crecimiento.

20

127. Un método que comprende poner en contacto una superficie de una semilla, plántula u otro propágulo de planta con una composición de una cualquiera de las reivindicaciones 1 a 115, o un derivado producido a partir de la composición.

25 128. Un método que comprende poner en contacto superficies de una población de semillas, plántulas u otros propágulos de planta con una composición de una cualquiera de las reivindicaciones 1 a 115, o un derivado producido a partir de la composición.

129. Uso de la composición de cualquiera de las reivindicaciones 1 a 115 para reducir la producción de metano en el suelo en el que crecen las plantas en comparación con antes del uso de la composición.

30

130. Uso de la composición de cualquiera de las reivindicaciones 1 a 115 para recubrir una superficie de semillas, plántulas u otros propágulos de plantas con uno o más microbios de la

composición.

- 5 131. Uso de la composición de cualquiera de las reivindicaciones 1 a 115 para aumentar los organismos benéficos en el suelo en el que crecen las plantas y al que se aplica la composición, en comparación con sin ella.
132. Uso de la composición de cualquiera de las reivindicaciones 1 a 115 en la transición a la agricultura orgánica en 3 años o menos, o 2 años o menos, o 1,5 años o menos.
- 10 133. Uso de la composición de cualquiera de las reivindicaciones 1 a 115 para mejorar la densidad del suelo, la capacidad de almacenamiento de agua del suelo, la capacidad de retención de agua del suelo, en el suelo en el que crecen las plantas, en comparación con sin ellos.
- 15 134. Uso de la composición de cualquiera de las reivindicaciones 1 a 115 para aumentar los hongos micorrízicos en o dentro de las raíces de una planta, en comparación con una planta de referencia.
135. Uso de la composición de cualquiera de las reivindicaciones 1 a 115 para prevenir o reducir inundaciones.
- 20 136. Uso de la composición de cualquiera de las reivindicaciones 1 a 115 para disminuir el uso de fertilizantes, herbicidas y/o pesticidas sintéticos en plantas o en el suelo en el que crecen las plantas, en comparación con sin ellos.
- 25 137. Uso de la composición de cualquiera de las reivindicaciones 1 a 115 para aumentar la absorción de nutrientes por una planta cultivada en el suelo al que se aplica la composición en comparación con el suelo al que se aplica la composición.
- 30 138. Uso de la composición de cualquiera de las reivindicaciones 1 a 115 para disminuir la absorción de una o más toxinas, por ejemplo, metales pesados, por plantas cultivadas en el suelo que comprende la composición.
139. Uso de la composición de cualquiera de las reivindicaciones 1 a 115 para aumentar la densidad de nutrientes de planta por una planta cultivada en el suelo al que se aplica la composición en

comparación con el suelo al que se aplica la composición.

140. Uso de la composición de cualquiera de las reivindicaciones 1 a 115 para reducir la huella de carbono en la cría de ganado.

5

141. Uso de la composición de cualquiera de las reivindicaciones 1 a 115 para aumentar la producción de aceite de una planta que no sea cannabis.

142. Uso de la composición de cualquiera de las reivindicaciones 1 a 115 en la regeneración de
10 suelos degradados.

143. Un método que comprende combinar una primera población de microbios que comprende microbios de cualquiera de las designaciones de *Streptomyces* 1-45 (depositadas como ATCC N.º PTA-127367-127413, respectivamente) como se muestra en la Tabla 2 y una segunda población de
15 microbios, diferente de la primera.

144. Un método para cultivar uno o más microbios que comprende inocular un medio heterólogo con una primera población de microbios que comprende microbios de la composición de una cualquiera de las reivindicaciones 1 a 115 y proporcionar condiciones adecuadas para que uno o más
20 microbios crezcan.

145. Una composición que comprende una población pura de microbios de la composición de cualquiera de las reivindicaciones 1 a 115 y un medio de crecimiento heterólogo.

25 146. Una composición que consiste esencialmente de una población pura de microbios de la composición de cualquiera de las reivindicaciones 1 a 115 y un medio de crecimiento heterólogo.

147. Un método para mejorar la velocidad a la que el carbono atmosférico se convierte en productos de carbono en el suelo en el que se cultivan las plantas y/o en las plantas, que comprende aplicar una
30 composición que comprende uno o más microbios a las plantas y/o al suelo en una primera aplicación, en donde la tasa es mayor que la del suelo de referencia y/o plantas en la que las plantas se cultivan sin la composición.

148. Un método para aumentar el contenido de carbono del suelo que comprende permitir que las plantas crezcan en el suelo durante un período de tiempo, en donde el suelo y/o las plantas han sido tratados por

(i) aplicar al suelo en el que se cultivan o se cultivarán las plantas, y/o las plantas, una primera aplicación de una composición que comprende una pluralidad de microbios diferentes; y

(ii) proporcionar condiciones adecuadas para que las plantas crezcan en el suelo durante el período de tiempo;

aumentando así el contenido de carbono del suelo.

149. Una composición que comprende suelo y plantas que crecen en el suelo, en donde las plantas comprenden partes del suelo, *por ejemplo*, raíces, y en la que el suelo y las partes de la planta comprenden

(i) un contenido de carbono de al menos 0,5, 2, 3, 5, 7, 10, 12, 15, 20, 25, 30 o 35 kg/m³ y/o no más de 0,5, 2, 3, 5, 7, 10, 12, 15, 20, 25, 30, 35 o 40 kg/m³, por ejemplo 0,5-40, preferiblemente 2-40, más preferiblemente 5-40, incluso más preferiblemente 7-35, todavía más preferiblemente 7-30, aún más preferiblemente 7-25 kg/m³ de suelo; y

(ii) al menos 1, 2, 5, 10, 15, 20, 30, 35, 40, o microbios que son heterólogos del suelo y/o de las plantas, por ejemplo, al menos 1, preferiblemente al menos 5, más preferiblemente al menos 10, incluso más preferiblemente al menos 15, aún más preferiblemente al menos 25, aún más preferiblemente al menos 40.

150. Un método para obtener un crédito de carbono que comprende permitir que las plantas crezcan en un área de suelo durante un período de tiempo, en donde el suelo y/o las plantas han sido tratados por

(i) aplicar al suelo en el que se cultivan o se cultivarán las plantas, las plantas y/o las semillas de las plantas una primera aplicación de una composición que comprende una pluralidad de microbios diferentes; y

(ii) proporcionar condiciones para que las plantas crezcan en el suelo;

(iii) determinar el aumento en el contenido de carbono del suelo durante el período de tiempo en el área de suelo; y

(iv) basado, al menos en parte, en (iii), la obtención de un crédito de carbono.

151. Un método para reducir la producción de carbono del suelo que comprende permitir que las

plantas crezcan en el suelo durante un período de tiempo, en donde el suelo y/o las plantas han sido tratados por

(i) aplicar al suelo en el que se cultivan o se cultivarán las plantas, las plantas y/o las semillas de las plantas una primera aplicación de una composición que comprende una pluralidad de microbios

5 diferentes; y

(ii) proporcionar condiciones para que las plantas crezcan en el suelo; aumentando así la disminución de la producción de metano del suelo.

152. Un método para transferir carbono atmosférico al suelo en el que crecen las plantas que
10 comprende

(i) aplicar una composición que comprende una pluralidad de microbios diferentes al suelo, plantas, partes de plantas y/o semillas de las plantas, en donde la composición se aplica sobre un área de al menos 1000, 10 000, 100 000, 1 M, 10 M, 50 M, 100 M, 250 M o 500 M hectáreas y/o no más de 10 000, 100 000, 1 M, 10 M, 50 M, 100 M, 250 M, 500 M o 1 B hectáreas, por ejemplo de 1000 a 1 B,
15 preferentemente de 10 000 a 1 B, más preferentemente de 100 000 a 1 B, incluso más preferiblemente de 1 M a 1 B hectáreas, aún más preferiblemente de 10 M a 1 B de hectáreas, aún más preferiblemente de 50 M a 1 B de hectáreas; y

(ii) proporcionar condiciones adecuadas para el crecimiento de las plantas durante un período de tiempo, transfiriendo así carbono atmosférico al suelo para aumentar el contenido de carbono del
20 suelo.

153. Un método para reducir una huella de carbono general para criar animales domesticados que comprende alimentar a los animales y/o permitir que los animales se alimenten de plantas o partes de plantas, en donde las plantas han estado o están creciendo en un suelo al que se ha aplicado una
25 composición que comprende una pluralidad de microbios diferentes, en donde la composición

(i) aumenta la transferencia de dióxido de carbono de la atmósfera al suelo, aumentando así el contenido de carbono del suelo, en comparación con sin la composición;

(ii) aumenta la biomasa de las plantas en un área determinada, en comparación con sin la composición, de modo que el carbono producido por unidad de biomasa de las plantas disminuye; y

(iii) aumenta la densidad de nutrientes de las plantas, en comparación con sin la composición, de modo que se utiliza menos biomasa de plantas para producir una cantidad dada de aumento en el atributo económicamente valioso de los animales domesticados

o una combinación de los mismos, disminuyendo así la huella de carbono general de la cría de

animales domesticados.

154. Un método para obtener créditos de carbono u otro beneficio económico que comprende

(i) determinar un aumento en el contenido de carbono del suelo en el que crecen las plantas después
5 de

(a) aplicar una composición que comprende una pluralidad de microbios diferentes al suelo, plantas, partes de plantas y/o semillas de las plantas, en donde la composición se aplica sobre un área de al menos 1000, 10 000, 100 000, 1 M, 10 M, 50 M, 100 M, 250 M o 500 M hectáreas y/o no más de 10 000, 100 000, 1 M, 10 M, 50 M, 100 M, 250 M, 500 M o 1 B hectáreas, por ejemplo de 1000 a 1 B, preferentemente de 10 000 a 1 B, más preferentemente de 100 000 a 1 B, incluso más preferiblemente de 1 M a 1 B hectáreas, todavía más preferiblemente de 10 M a 1 B de hectáreas, aún más preferiblemente de 50 M a 1 B de hectáreas, y

(b) proporcionar condiciones adecuadas para el crecimiento de las plantas durante un período de tiempo, transfiriendo así carbono atmosférico al suelo para aumentar el contenido de carbono del
15 suelo; y

(ii) obtener el crédito de carbono y/u otro beneficio económico basado, al menos en parte, en el aumento del contenido de carbono determinado en (i).

155. Un sistema que comprende

(i) una primera entidad que produce, distribuye o de otro modo suministra una o más composiciones que comprenden una pluralidad de microbios diferentes a una o más segundas entidades;

(ii) la segunda entidad, o una pluralidad de segundas entidades, que

(a) posee, controla o de otro modo tiene derechos sobre la tierra en un área de tierra en la que crecen plantas y

(b) usa la una o más composiciones de una manera que comprende aplicar la una o más composiciones a las plantas, partes de plantas, semillas de las plantas y/o suelo en el que crecen las plantas, por lo que uno o más beneficios económicos, atribuibles en su totalidad o en parte, para el uso de una o más composiciones, se logran para la segunda entidad o cada una de la pluralidad de segundas entidades, en donde el área de tierra es de al menos 1000, 10 000, 100 000, 1 M, 10 M, 50 M, 100 M, 250 M o 500 M hectáreas y/o no más de 10 000, 100 000, 1 M, 10 M, 50 M, 100 M, 250 M, 500 M, o 1B de hectáreas, por ejemplo, de 1000 a 1 B, preferiblemente de 10 000 a 1 B, más preferiblemente de 100 000 a 1 B, incluso más preferiblemente de 1 M a 1B de hectáreas, todavía más preferiblemente de 10 M a 1 B de hectáreas, aún más preferiblemente de 50 M a 1 B de hectáreas.

(iii) un acuerdo entre la primera y la segunda entidad o entre la primera entidad y cada una de la pluralidad de segundas entidades que delinea un reparto de los beneficios económicos entre la primera y la segunda entidad o entre la primera entidad y cada una de la pluralidad de segundas entidades; y
(iv) un procesador que recibe información sobre el acuerdo e información sobre el uno o más
5 beneficios económicos, determina un reparto entre la primera y la segunda entidad o entre la primera entidad y cada una de la pluralidad de segundas entidades y comunica información que comprende el reparto a la primera y/o segunda entidades.

156. Un método para obtener un beneficio económico de la tierra en la que se cultivan plantas, en
10 donde la tierra comprende al menos 10, 100, 1000, 10 000, 100 000, 1 M o 10 M de hectáreas, que comprende

(i) obtener y usar una o más composiciones que comprenden un consorcio microbiano, en donde
(a) la una o más composiciones son suministradas por una primera entidad que produce, distribuye o
de otro modo suministra la una o más composiciones a una segunda entidad, o una pluralidad de
15 segundas entidades que poseen, controlan, administran o tienen derechos sobre la tierra en un área de tierra en la que crecen plantas, o una tercera entidad controlada directa o indirectamente, al menos en parte, por la segunda entidad

(b) la segunda entidad o pluralidad de segundas entidades usa la una o más composiciones de una manera que comprende aplicar la una o más composiciones a las plantas, partes de plantas, semillas
20 de las plantas y/o suelo en el que crecen las plantas, por lo que uno o más beneficios económicos, atribuibles en su totalidad o en parte, para el uso de una o más composiciones, se logran para la segunda entidad o cada una de la pluralidad de segundas entidades;

(ii) determinar una cantidad de uno o más beneficios económicos; y

(iii) repartir la cantidad de uno o más beneficios económicos entre la primera y segunda entidades o
25 entre la primera entidad y cada una de la pluralidad de segundas entidades.

157. Un método para reducir el uso de agua para el crecimiento y/o mantenimiento de plantas en el suelo que comprende permitir que las plantas crezcan y/o se mantengan en el suelo durante un período de tiempo, en donde el suelo y/o las plantas han sido tratados por

30 (i) aplicar al suelo, a las plantas, una primera aplicación de una composición que comprende una pluralidad de microbios diferentes o un derivado de los mismos; y

(ii) proporcionar condiciones adecuadas para que las plantas crezcan y/o se mantengan en el suelo durante un período de tiempo;

disminuyendo así la cantidad de agua necesaria para producir una cantidad determinada de biomasa a partir de las plantas y/o mantener las plantas en un estado deseado, en comparación con la cantidad de agua necesaria para producir la biomasa y/o mantener las plantas en un estado deseado para suelo y plantas de referencia, para el periodo de tiempo.

5

158. Un método para aumentar la capacidad de retención de agua del suelo en el que se cultivan plantas que comprende permitir que las plantas crezcan en el suelo durante un período de tiempo, en donde el suelo y/o las plantas han sido tratados por

10 (i) aplicar al suelo en el que se cultivan o se cultivarán las plantas y/o las plantas, una primera aplicación de una composición que comprende una pluralidad de microbios diferentes o un derivado de esta; y

(ii) proporcionar condiciones adecuadas para que las plantas crezcan en el suelo durante un período de tiempo;

15 aumentando así la capacidad de retención de agua del suelo, por ejemplo, WHC en comparación con el suelo y las plantas de referencia.

159. Una composición que comprende suelo en el que crecen o han crecido plantas, en donde el suelo comprende

20 (i) una capacidad de retención de agua de al menos 20, 25, 30, 35, 40, 45, 50, 55, 60, 65 o 70 % peso/peso y/o no más del 25, 30, 35, 40, 45, 50, 55, 60, 65 o 70 % peso/peso, por ejemplo, 20-70 %, preferiblemente 25-65 %, más preferiblemente 25-55 %, aún más preferiblemente 30-65 %, aún más preferiblemente 35-65 %, aún más preferiblemente 35-55 %; y

25 (ii) al menos 1, 2, 5, 10, 15, 20, 30, 35, 40, 45, 50, 70 o 100 y/o no más de 2, 5, 10, 15, 20, 30, 35, 40, 45, 50, 70, 100 o 150 microbios diferentes que sean heterólogos al suelo y/o plantas, por ejemplo, al menos 1, preferiblemente al menos 5, más preferiblemente al menos 10, incluso más preferiblemente al menos 15, aún más preferiblemente al menos 25, aún más preferiblemente al menos 40, o preferiblemente 1-150, más preferiblemente 1-100, incluso más preferiblemente 1-70, todavía más preferiblemente 1-50.

30 160. Una composición que comprende suelo en el que crecen o han crecido plantas, en donde el suelo comprende

(i) una densidad promedio de al menos 0,8, 0,9, 1,0, 1,05, 1,10, 1,15, 1,20, 1,25, 1,30, 1,35, 1,40, 1,45, 1,50, 1,55, 1,60, 1,65 o 1,70 y/o no más de 0,9, 1,0, 1,05, 1,10, 1,15, 1,20, 1,25, 1,30, 1,35, 1,40, 1,45,

1,50, 1,55, 1,60, 1,65, 1,70, 1,75, 1,80, 1,85, 1,90 o 1,95, por ejemplo, 1,0-1,90, preferiblemente 1,05 a 1,85, más preferiblemente 1,10 a 1,50, incluso más preferiblemente 1,20-1,75, aún más preferiblemente 1,35-1,70, aún más preferiblemente 1,55-1,85 g/cm³ de peso seco de suelo; y

(ii) al menos 1, 2, 5, 10, 15, 20, 30, 35, 40, 45, 50, 70, o 100 y/o no más de 2, 5, 10, 15, 20, 30, 35, 40, 45, 50, 70, 100 o 150 microbios diferentes que sean heterólogos al suelo y/o plantas, por ejemplo, al menos 1, preferiblemente al menos 5, más preferiblemente al menos 10, incluso más preferiblemente al menos 15, aún más preferiblemente al menos 25, aún más preferiblemente al menos 40 o preferiblemente 1-150, más preferiblemente 1-100, incluso más preferiblemente 1-70, todavía más preferiblemente 1-50;

10

161. Un método para modular, por ejemplo, mejorar, una o más características del suelo en el que crecen y/o se mantienen las plantas, que comprende permitir que las plantas crezcan en el suelo durante un período de tiempo, en donde el suelo y/o las plantas han sido tratados por

(i) aplicar al suelo en el que se cultivan o se cultivarán las plantas y/o las plantas, una primera aplicación de una composición que comprende una pluralidad de microbios diferentes; y

(ii) proporcionar condiciones adecuadas para que las plantas crezcan en el suelo durante el período de tiempo

modulando así, por ejemplo, mejorando una o más características en comparación con el suelo y las plantas de referencia.

20

162. Un método para regenerar vegetación en un suelo que ha sido parcial o completamente agotado de uno o más tipos de vegetación y/o tiene una capacidad reducida para crecer y/o mantener nueva vegetación, que comprende

(i) aplicar al suelo, a las plantas que crecen o van a crecer en el suelo y/o a las semillas de las plantas una primera aplicación de una composición que comprende una pluralidad de microbios diferentes; y

(ii) proporcionar condiciones adecuadas para que las plantas crezcan en el suelo durante un período de tiempo.

163. Un método para reparar suelo dañado o degradado que comprende

(i) aplicar al suelo una primera aplicación de una composición que comprende una pluralidad de microbios diferentes; y

(ii) proporcionar condiciones adecuadas para que crezcan plantas en el suelo durante el período de tiempo.

30

164. Un método para disminuir o eliminar inundaciones en tierras que han experimentado o es probable que experimenten inundaciones, en donde el suelo de la tierra ha crecido, está creciendo o crecerán plantas, que comprende

- 5 (i) aplicar al suelo, a las plantas y/o a las semillas de las plantas una primera aplicación de una composición que comprende una pluralidad de microbios diferentes; y
- (ii) proporcionar condiciones adecuadas para que las plantas crezcan en el suelo durante el período de tiempo;
- disminuyendo o eliminando así las inundaciones en el terreno.

10

165. Un método para aumentar la densidad de uno o más nutrientes en plantas o partes de plantas, por ejemplo, plantas o partes de plantas para ser consumidas por animales, que comprende

- (i) aplicar una composición que comprende una pluralidad de microbios diferentes al suelo en el que se cultivan o se cultivarán las plantas y/o las plantas; y
- 15 (ii) proporcionar condiciones adecuadas para el crecimiento de las plantas durante un período de tiempo, por ejemplo, un período de tiempo suficiente para que las plantas o partes de las plantas sean adecuadas para el consumo de los animales;
- aumentando así la densidad de uno o nutrientes en las plantas o partes de plantas en comparación con plantas o partes de plantas de referencia.

20

166. Un método para aumentar la absorción de uno o más nutrientes vegetales por plantas cultivadas en el suelo que comprende

- (i) aplicar una composición que comprende una pluralidad de microbios diferentes al suelo en el que se cultivan o se cultivarán las plantas y/o las plantas; y
- 25 (ii) proporcionar condiciones adecuadas para el crecimiento de las plantas y la proliferación y/u otras acciones de los microbios durante un período adecuado para que aumente la absorción de nutrientes de las plantas;
- por lo que aumenta la absorción de nutrientes por parte de las plantas.

167. Un método para convertir uno o más nutrientes vegetales en el suelo en el que se cultivan plantas de una forma no biodisponible a una forma biodisponible (i) aplicar una composición que comprende una pluralidad de microbios diferentes al suelo en el que se cultivan o se cultivarán las plantas y/o las plantas; y

30

(ii) proporcionar condiciones adecuadas para el crecimiento de las plantas y la proliferación y/u otras

acciones de los microbios durante un tiempo suficiente para que uno o más nutrientes de las plantas en el suelo se conviertan de una forma no biodisponible a una forma biodisponible; mediante el cual uno o más nutrientes vegetales se convierten de una forma no biodisponible a una forma biodisponible.

5

168. Una composición que comprende una planta que comprende

(i) una parte aérea; y

(ii) una porción subterránea, en donde la porción subterránea comprende raíces de la planta y suelo asociado con las raíces, en donde la porción subterránea comprende

10 (a) uno o más microbios heterólogos del suelo y/o planta; y

(b) una concentración de nutriente biodisponible mayor que la planta y el suelo de referencia.

169. Una composición que comprende una planta, por ejemplo, en donde la planta o parte de la planta es para consumo animal, y suelo en el que crece la planta, en donde

15 (i) el suelo y/o las raíces de la planta en el suelo comprenden uno o más microbios heterólogos del suelo y/o la planta; y

(ii) la planta o parte de la planta comprende una densidad de uno o más nutrientes, por ejemplo, uno o más nutrientes para el animal, que es mayor que la planta o parte de la planta de referencia

20 170. Un método para convertir una práctica agrícola no orgánica en una práctica agrícola orgánica que comprende

(i) aplicar una composición que comprende una pluralidad de microbios a plantas, y/o al suelo en el que las plantas crecen o crecerán, en una primera aplicación en una primera vez, en donde hasta la primera vez las plantas y el suelo estaban sujetos a prácticas agrícolas no orgánicas;

25 (ii) proporcionar condiciones adecuadas para el crecimiento de las plantas y la proliferación y otras acciones de los microbios durante un período de tiempo en donde después del período de tiempo la práctica agrícola no orgánica se ha convertido en una práctica agrícola orgánica.

30 171. Un método para reducir la concentración de una toxina en un suelo, reducir la absorción de la toxina por las plantas que crecen en el suelo y/o reducir la concentración de la toxina en las plantas o partes de la planta, que comprende

(i) aplicar una composición que comprende una pluralidad de microbios a las plantas, o partes de las

mismas, y/o al suelo, en una primera aplicación;

(ii) proporcionar condiciones adecuadas para el crecimiento de las plantas y la proliferación y otras acciones de los microbios durante un período de tiempo

5 en donde después del período de tiempo de concentración de la toxina en el suelo, la absorción de la toxina por las plantas que crecen en el suelo y/o la concentración de la toxina en las plantas o partes de la planta se reduce en comparación con antes de la primera aplicación.

172. Un sistema que comprende

10 (i) una primera entidad que produce, distribuye o de otro modo suministra una o más composiciones que comprenden una pluralidad de microbios diferentes a una o más otras entidades;

(ii) una segunda entidad, o una tercera entidad controlada directa o indirectamente, al menos en parte, por la segunda entidad, que obtiene, directa o indirectamente, la una o más composiciones que comprenden un consorcio microbiano de la primera entidad, y utiliza la una o más composiciones de una manera que comprende aplicar una o más composiciones a las plantas, partes de plantas, semillas
15 de las plantas y/o suelo en el que crecen las plantas, por lo que uno o más beneficios económicos, atribuibles, en su totalidad o en parte, al uso de una o más composiciones, se logran para la segunda entidad;

(iii) un acuerdo entre la primera y la segunda entidad que delimite un reparto de los beneficios económicos entre la primera y la segunda entidad; y

20 (iv) un procesador que recibe información sobre el acuerdo e información sobre uno o más beneficios económicos, determina el reparto entre la primera y la segunda entidad y comunica información que comprende el reparto a la primera y/o segunda entidades.

173. Un método para obtener un beneficio económico de la tierra en donde se cultivan plantas que
25 comprende

(i) obtener y usar una o más composiciones que comprenden una pluralidad de microbios diferentes, en donde

(a) la una o más composiciones son suministradas por una primera entidad que produce, distribuye o de otro modo suministra la una o más composiciones a una segunda entidad que poseen, controlan,
30 administran o tienen derechos sobre la tierra en un área de tierra en la que crecen plantas, o una tercera entidad controlada directa o indirectamente, al menos en parte, por la segunda entidad, y

(b) la segunda entidad usa la una o más composiciones de una manera que comprende aplicar la una o más composiciones a las plantas, partes de plantas, semillas de las plantas y/o suelo en el que crecen

las plantas, por lo que uno o más beneficios económicos, atribuibles en su totalidad o en parte, para el uso de una o más composiciones, se logran para la segunda entidad;

(ii) determinar una cantidad de uno o más beneficios económicos; y

(iii) repartir la cantidad de uno o más beneficios económicos entre la primera y segunda entidades o entre la primera entidad y cada una de la pluralidad de segundas entidades.

174. Un método para mejorar una o más características de un árbol enraizado en el suelo que comprende

(i) proporcionar uno o más nutrientes al suelo en el que tiene sus raíces el árbol; y

(ii) proporcionar una composición que comprende al menos 1, 2, 5, 10, 15, 20, 25, 30, 35, 40, 45, 50, 60, 70, 80, 90, 100, 120 o 150 y/ o no más de 2, 5, 10, 15, 20, 25, 30, 35, 40, 45, 50, 60, 70, 80, 90, 100, 120, 150 o 200 microbios diferentes al suelo y/o el árbol en una primera aplicación.

175. Un método para revitalizar un árbol inactivo que comprende aplicar al suelo en el que el árbol tiene sus raíces y/o al árbol una composición que comprende al menos 1, 2, 5, 10, 15, 20, 25, 30, 35, 40, 45, 50, 60, 70, 80, 90, 100, 120 o 150 y/o no más de 2, 5, 10, 15, 20, 25, 30, 35, 40, 45, 50, 60, 70, 80, 90, 100, 120, 150 o 200 microbios diferentes al suelo en el que la composición microbiana del árbol está enraizado en una primera aplicación y permite que el árbol crezca durante un período de tiempo.

176. Un kit que comprende

(i) una composición que comprende al menos 1, 2, 5, 10, 15, 20, 25, 30, 35, 40, 45, 50, 60, 70, 80, 90, 100, 120 o 150 y/ o no más de 2, 5, 10, 15, 20, 25, 30, 35, 40, 45, 50, 60, 70, 80, 90, 100, 120, 150 o 200 microbios diferentes en un primer paquete; y

(ii) una composición que comprende al menos 1, 2, 3, 4, 5, 7, 10, 15, 20, 30, 40, 50, 100 o 200 y/o no más de 2, 3, 4, 5, 7, 10, 15, 20, 30, 40, 50, 100, 200 o 500 nutrientes en un segundo paquete diferente al primero.