(19)中华人民共和国国家知识产权局

(12)发明专利申请

(10)申请公布号 CN 110582205 A
(43)申请公布日 2019.12.17

(21)申请号 201780090246.4

(22)申请日 2017.12.01

(30)优先权数据
62/465,819 2017.03.01 US
62/465,797 2017.03.01 US
62/465,798 2017.03.01 US
62/466,253 2017.03.02 US
62/465,834 2017.03.02 US
62/466,256 2017.03.02 US
62/467,742 2017.03.06 US
62/467,740 2017.03.06 US
62/467,755 2017.03.06 US
62/556,288 2017.09.08 US

(85)PCT国际申请进入国家阶段日
2019.10.31

(86)PCT国际申请的申请数据
PCT/US2017/064361 2017.12.01

(87)PCT国际申请的公布数据
WO2018/160245 EN 2018.09.07

(71)申请人 靛蓝股份公司
地址 美国马萨诸塞州

(72)发明人 R·里莱

(74)专利代理机构 北京市金杜律师事务所 11256
代理人 陈文平 刘盈盈

(51)Int.Cl.
A01N 63/04(2006.01)
C12N 1/14(2006.01)
C05F 11/08(2006.01)
A01H 17/00(2006.01)

权利要求书12页 说明书118页
序列表43页 附图5页

(54)发明名称

内生植物组合物和用于改进植株性状的方法

(57)摘要

本发明涉及用于调节植株的特征的方法和材料，所述植株已经被异源安置至内生植物或多个内生植物上，或源自于被异源安置至内生植物或多个内生植物上的植株生殖元素。

CN 110582205 A

1.一种改进玉米植株的农艺学重要性状的方法,所述方法包括将内生植物以相对于源自于参考植株元素的植株来说有效地增加源自于所处理的植株元素的所述植株的产量的量异源安置至玉米植株元素,其中所述内生植物是突脐蠕孢属的成员且包含与选自由SEQ ID NO:60、61和62组成的组的多核苷酸序列至少97%同一的至少一个多核苷酸序列,其中所述玉米植株元素是品种Stine 9734或其密切相关的品种。

2.一种改进大豆植株的农艺学重要性状的方法,所述方法包括将内生植物以相对于源自于参考植株元素的植株来说有效地增加源自于所处理的植株元素的所述植株的产量的量异源安置至大豆植株元素,其中所述内生植物是突脐蠕孢属的成员且包含与选自由SEQ ID NO:60、61和62组成的组的多核苷酸序列至少97%同一的至少一个多核苷酸序列。

3.如权利要求2所述的方法,其中所述大豆植株是选自由Pfister 38R25、Dairyland DSR1808R2Y、Stine 3920和其密切相关的品种组成的组的品种。

4.一种改进小麦植株的农艺学重要性状的方法,所述方法包括将内生植物以相对于源自于参考植株元素的植株来说有效地增加源自于所处理的植株元素的所述植株的产量的量异源安置至小麦植株元素,其中所述内生植物是突脐蠕孢属的成员且包含与选自由SEQ ID NO:60、61和62组成的组的多核苷酸序列至少97%同一的至少一个多核苷酸序列。

5.如权利要求4所述的方法,其中所述小麦植株是选自由SDSU Focus、SDSU Select和其密切相关的品种组成的组的品种。

6.一种改进花生植株的农艺学重要性状的方法,所述方法包括将内生植物以相对于源自于参考植株元素的植株来说有效地增加源自于所处理的植株元素的所述植株的产量的量异源安置至花生植株元素,其中所述内生植物是突脐蠕孢属的成员且包含与选自由SEQ ID NO:60、61和62组成的组的多核苷酸序列至少97%同一的至少一个多核苷酸序列。

7.如权利要求6所述的方法,其中所述花生植株是选自由AT-9899、FloRun 107、Tamnut OL06、Georgia-06G和其密切相关的品种组成的组的品种。

8.一种改进大豆植株的农艺学重要性状的方法,所述方法包括将内生植物以相对于源自于参考植株元素的植株来说有效地改进源自于所处理的植株元素的所述植株的选自由根面积、根长和根干重组成的组的农艺学重要性状的量异源安置至大豆植株元素,其中所述内生植物是附球菌属的成员且包含与选自由SEQ ID NO:63、64和71组成的组的多核苷酸序列至少97%同一的至少一个多核苷酸序列。

9.如权利要求8所述的方法,其中所述大豆是品种Stine 33E22或其密切相关的品种。

10.一种改进花生植株的农艺学重要性状的方法,所述方法包括将内生植物以相对于源自于参考植株元素的植株来说有效地增加源自于所处理的植株元素的所述植株的产量的量异源安置至花生植株元素,其中所述内生植物是附球菌属的成员且包含与选自由SEQ ID NO:63、64和71组成的组的多核苷酸序列至少97%同一的至少一个多核苷酸序列。

11.如权利要求10所述的方法,其中所述花生植株是选自由FloRun 107、Georgia-06G和其密切相关的品种组成的组的品种。

12.一种改进水稻植株的农艺学重要性状的方法,所述方法包括将内生植物以相对于源自于参考植株元素的植株来说有效地增加源自于所处理的植株元素的所述植株的根长的量异源安置至水稻植株元素,其中所述内生植物是附球菌属的成员且包含与选自由SEQ ID NO:63、64和71组成的组的多核苷酸序列至少97%同一的至少一个多核苷酸序列。

13.一种改进小麦植株的农艺学重要性状的方法,所述方法包括将内生植物以相对于源自于参考植株元素的植株来说有效地增加源自于所处理的植株元素的所述植株的产量的量异源安置至小麦植株元素,其中所述内生植物是锥毛壳属的成员且包含与选自由SEQ ID NO:38、39、40和41组成的组的多核苷酸序列至少97%同一的至少一个多核苷酸序列。

14.一种改进油菜植株的农艺学重要性状的方法,所述方法包括将内生植物以相对于源自于参考植株元素的植株来说有效地增加源自于所处理的植株元素的所述植株的产量的量异源安置至油菜植株元素,其中所述内生植物是附球菌属的成员且包含与SEQ ID NO:70至少97%同一的至少一个多核苷酸序列,其中所述油菜植株是品种Brett Young 552或其密切相关的品种。

15.一种改进大豆植株的农艺学重要性状的方法,所述方法包括将内生植物以相对于源自于参考植株元素的植株来说有效地改进源自于所处理的植株元素的所述植株的选自由根面积、根长和产量组成的组的农艺学重要性状的量异源安置至大豆植株元素,其中所述内生植物是弯孢霉属的成员且包含与选自由SEQ ID NO:65和66组成的组的多核苷酸序列至少97%同一的至少一个多核苷酸序列。

16.如权利要求15所述的方法,其中所述农艺学重要性状是产量且其中所述大豆植株是选自由Pfister 38R25、Stine 3920和其密切相关的品种组成的组的品种。

17.一种改进小麦植株的农艺学重要性状的方法,所述方法包括将内生植物以相对于源自于参考植株元素的植株来说有效地增加源自于所处理的植株元素的所述植株的产量的量异源安置至小麦植株元素,其中所述内生植物是弯孢霉属的成员且包含与选自由SEQ ID NO:65和66组成的组的多核苷酸序列至少97%同一的至少一个多核苷酸序列。

18.如权利要求17所述的方法,其中所述小麦植株是选自由SDSU Focus、SDSU Select和其密切相关的品种组成的组的品种。

19.一种改进大豆植株的农艺学重要性状的方法,所述方法包括将内生植物以相对于源自于参考植株元素的植株来说有效地改进源自于所处理的植株元素的所述植株的选自由根面积、根长、干苗生物量和产量组成的组的农艺学重要性状的量异源安置至大豆植株元素,其中所述内生植物是弯孢霉属的成员且包含与选自由SEQ ID NO:42、43、44和45组成的组的多核苷酸序列至少97%同一的至少一个多核苷酸序列。

20.如权利要求19所述的方法,其中所述农艺学重要性状是产量且其中所述大豆植株是选自由Pfister 38R25、Stine 3920和其密切相关的品种组成的组的品种。

21.一种改进小麦植株的农艺学重要性状的方法,所述方法包括将内生植物以相对于源自于参考植株元素的植株来说有效地增加源自于所处理的植株元素的所述植株的产量的量异源安置至小麦植株元素,其中所述内生植物是弯孢霉属的成员且包含与选自由SEQ ID NO:42、43、44和45组成的组的多核苷酸序列至少97%同一的至少一个多核苷酸序列。

22.如权利要求21所述的方法,其中所述小麦植株是选自由SDSU Focus、SDSU Select和其密切相关的品种组成的组的品种。

23.一种改进玉米植株的农艺学重要性状的方法,所述方法包括将内生植物以相对于源自于参考植株元素的植株来说有效地增加源自于所处理的植株元素的所述植株的产量的量异源安置至玉米植株元素,其中所述内生植物是枝孢霉属的成员且包含与SEQ ID NO:67至少97%同一的至少一个多核苷酸序列,其中所述玉米植株元素是品种Stine 9734或其

密切相关的品种。

24.一种改进大豆植株的农艺学重要性状的方法，所述方法包括将内生植物以相对于源自于参考植株元素的植株来说有效地改进源自于所处理的植株元素的所述植株的选自由根面积、根长和产量组成的组的农艺学重要性状的量异源安置至大豆植株元素，其中所述内生植物是枝孢霉属的成员且包含与SEQ ID NO:67至少97％同一的至少一个多核苷酸序列。

25.如权利要求24所述的方法，其中所述农艺学重要性状是产量且其中所述大豆植株是选自由Pfister 38R25、Stine 3920和其密切相关的品种组成的组的品种。

26.一种改进小麦植株的农艺学重要性状的方法，所述方法包括将内生植物以相对于源自于参考植株元素的植株来说有效地增加源自于所处理的植株元素的所述植株的产量的量异源安置至小麦植株元素，其中所述内生植物是枝孢霉属的成员且包含与SEQ ID NO:67至少97％同一的至少一个多核苷酸序列。

27.如权利要求26所述的方法，其中所述小麦植株是选自由SDSU Focus、SDSU Select和其密切相关的品种组成的组的品种。

28.一种改进油菜植株的农艺学重要性状的方法，所述方法包括将内生植物以相对于源自于参考植株元素的植株来说有效地增加源自于所处理的植株元素的所述植株的产量的量异源安置至油菜植株元素，其中所述内生植物是拟青霉属的成员且包含与SEQ ID NO:69至少97％同一的至少一个多核苷酸序列。

29.如权利要求28所述的方法，其中所述油菜植株是品种NCC1015或其密切相关的品种。

30.一种改进大豆植株的农艺学重要性状的方法，所述方法包括将内生植物以相对于源自于参考植株元素的植株来说有效地改进源自于所处理的植株元素的所述植株的选自由根面积、根长和产量组成的组的农艺学重要性状的量异源安置至大豆植株元素，其中所述内生植物是枝顶孢霉属的成员且包含与选自由SEQ ID NO:46、47、48、49、50和51组成的组的多核苷酸序列至少97％同一的至少一个多核苷酸序列。

31.如权利要求30所述的方法，其中所述农艺学重要性状是产量且所述大豆植株是品种Pfister 38R25或其密切相关的品种。

32.一种改进小麦植株的农艺学重要性状的方法，所述方法包括将内生植物以相对于源自于参考植株元素的植株来说有效地改进源自于所处理的植株元素的所述植株的选自由降低谷粒水分和增加产量组成的组的农艺学重要性状的量异源安置至小麦植株元素，其中所述内生植物是枝顶孢霉属的成员且包含与选自由SEQ ID NO:46、47、48、49、50和51组成的组的多核苷酸序列至少97％同一的至少一个多核苷酸序列。

33.如权利要求32所述的方法，其中所述小麦植株是选自由SDSU Focus、SDSU Select和其密切相关的品种组成的组的品种。

34.一种改进花生植株的农艺学重要性状的方法，所述方法包括将内生植物以相对于源自于参考植株元素的植株来说有效地增加源自于所处理的植株元素的所述植株的产量的量异源安置至花生植株元素，其中：

a.所述内生植物是枝顶孢霉属的成员且包含与选自由SEQ ID NO:46、47、48、49、50和51组成的组的多核苷酸序列至少97％同一的至少一个多核苷酸序列，以及

b.所述花生植株是品种Georgia-06G或其密切相关的品种。

35.一种改进水稻植株的农艺学重要性状的方法,所述方法包括将内生植物以相对于源自于参考植株元素的植株来说有效地增加源自于所处理的植株元素的所述植株的干苗生物量的量异源安置至水稻植株元素,其中所述内生植物是枝顶孢霉属的成员且包含与选自由SEQ ID NO:46、47、48、49、50和51组成的组的多核苷酸序列至少97%同一的至少一个多核苷酸序列。

36.一种改进小麦植株的农艺学重要性状的方法,所述方法包括将第一内生植物和第二内生植物以相对于源自于参考植株元素的植株来说有效地改进源自于所处理的植株元素的所述植株的选自由株高、新鲜根重量和新鲜苗重量组成的农艺学重要性状的量异源安置至小麦植株元素,其中:

a.所述第一内生植物是枝顶孢霉属的成员且包含与选自由SEQ ID NO:46、47、48、49、50和51组成的组的多核苷酸序列至少97%同一的至少一个多核苷酸序列,以及

b.所述第二内生植物是锥毛壳属的成员且包含与选自由SEQ ID NO:38、39、40和41组成的组的多核苷酸序列至少97%同一的至少一个多核苷酸序列。

37.一种改进水稻植株的农艺学重要性状的方法,所述方法包括将第一内生植物和第二内生植物以相对于源自于参考植株元素的植株来说有效地增加源自于所处理的植株元素的所述植株的产量的量异源安置至水稻植株元素,其中:

a.所述第一内生植物是枝顶孢霉属的成员且包含与选自由SEQ ID NO:46、47、48、49、50和51组成的组的多核苷酸序列至少97%同一的至少一个多核苷酸序列,以及

b.所述第二内生植物是锥毛壳属的成员且包含与选自由SEQ ID NO:38、39、40和41组成的组的多核苷酸序列至少97%同一的至少一个多核苷酸序列。

38.一种改进大豆植株的农艺学重要性状的方法,所述方法包括将内生植物以相对于源自于参考植株元素的植株来说有效地增加源自于所处理的植株元素的所述植株的产量的量异源安置至大豆植株元素,其中所述内生植物是枝孢霉属的成员且包含与SEQ ID NO:68至少97%同一的至少一个多核苷酸序列。

39.如权利要求38所述的方法,其中所述大豆是选自由Pfister 38R25、Stine 3920和其密切相关的品种组成的组的品种。

40.一种改进小麦植株的农艺学重要性状的方法,所述方法包括将内生植物以相对于源自于参考植株元素的植株来说有效地增加源自于所处理的植株元素的所述植株的产量的量异源安置至小麦植株元素,其中所述内生植物是枝孢霉属的成员且包含与SEQ ID NO:68至少97%同一的至少一个多核苷酸序列。

41.如权利要求40所述的方法,其中所述小麦植株是选自由SDSU Focus、SDSU Select和其密切相关的品种组成的组的品种。

42.一种改进花生植株的农艺学重要性状的方法,所述方法包括将内生植物以相对于源自于参考植株元素的植株来说有效地增加源自于所处理的植株元素的所述植株的产量的量异源安置至花生植株元素,其中所述内生植物是枝孢霉属的成员且包含与SEQ ID NO:68至少97%同一的至少一个多核苷酸序列且所述花生植株是品种AT-9899或其密切相关的品种。

43.一种改进大豆植株的农艺学重要性状的方法,所述方法包括将第一内生植物和第

二内生植物以相对于源自于参考植株元素的植株来说有效地增加源自于所处理的植株元素的所述植株的干根生物量的量异源安置至大豆植株元素，其中：

a.所述第一内生植物是附球菌属的成员且包含与选自由SEQ ID NO:63、64和71组成的组的多核苷酸序列至少97％同一的至少一个多核苷酸序列，

b.所述第二内生植物是毛壳菌属的成员且包含与选自由SEQ ID NO:52、53、54、55、56、57、58和59组成的组的多核苷酸序列至少97％同一的至少一个多核苷酸序列，

c.且大豆植株是品种Stine 33E22或其密切相关的品种。

44.一种改进玉米植株的农艺学重要性状的方法，所述方法包括将内生植物以相对于源自于参考植株元素的植株来说有效地增加源自于所处理的植株元素的所述植株的产量的量异源安置至玉米植株元素，其中所述内生植物是毛壳菌属的成员且包含与选自由SEQ ID NO:52、53、54、55、56、57、58和59组成的组的多核苷酸序列至少97％同一的至少一个多核苷酸序列。

45.一种改进大豆植株的农艺学重要性状的方法，所述方法包括将内生植物以相对于源自于参考植株元素的植株来说有效地改进源自于所处理的植株元素的所述植株的选自由根面积、根长、干苗生物量和产量组成的组的农艺学重要性状的量异源安置至大豆植株元素，其中所述内生植物是毛壳菌属的成员且包含与选自由SEQ ID NO:52、53、54、55、56、57、58和59组成的组的多核苷酸序列至少97％同一的至少一个多核苷酸序列。

46.如权利要求45所述的方法，其中所述农艺学重要性状是产量且所述大豆植株是品种Pfister 38R25或其密切相关的品种。

47.一种改进小麦植株的农艺学重要性状的方法，所述方法包括将内生植物以相对于源自于参考植株元素的植株来说有效地改进源自于所处理的植株元素的所述植株的选自由根长和产量组成的组的农艺学重要性状的量异源安置至小麦植株元素，其中所述内生植物是毛壳菌属的成员且包含与选自由SEQ ID NO:52、53、54、55、56、57、58和59组成的组的多核苷酸序列至少97％同一的至少一个多核苷酸序列。

48.如权利要求47所述的方法，其中所述小麦植株是选自由SDSU Focus、SDSU Select和其密切相关的品种组成的组的品种。

49.如权利要求1、2、4、6、8、10、12、13、14、15、17、19、21、23、24、26、28、30、32、34、35、36、37、38、40、42、43、44、45和47中任一项所述的方法，其中所述植株元素是种子。

50.如权利要求49所述的方法，其中对所述种子进行了修饰。

51.如权利要求1、2、4、6、8、10、12、13、14、15、17、19、21、23、24、26、28、30、32、34、35、36、37、38、40、42、43、44、45和47中任一项所述的方法，其中所述内生植物在制剂中被异源安置至所述植株元素，所述制剂进一步包含以下中的一种或多种：稳定剂、防腐剂、载体、表面活性剂、杀真菌剂、杀线虫剂、杀菌剂、杀虫剂或除草剂，或其任何组合。

52.如权利要求1、2、4、6、8、10、12、13、14、15、17、19、21、23、24、26、28、30、32、34、35、36、37、38、40、42、43、44、45和47中任一项所述的方法，其中同一性百分比是至少98％。

53.如权利要求1、2、4、6、8、10、12、13、14、15、17、19、21、23、24、26、28、30、32、34、35、36、37、38、40、42、43、44、45和47中任一项所述的方法，其中同一性百分比是至少99％。

54.如权利要求1、2、4、6、8、10、12、13、14、15、17、19、21、23、24、26、28、30、32、34、35、36、37、38、40、42、43、44、45和47中任一项所述的方法，其中同一性百分比是100％。

55.如权利要求1、2、4、6、8、10、12、13、14、15、17、19、21、23、24、26、28、30、32、34、35、36、37、38、40、42、43、44、45和47中任一项所述的方法，其中在至少100个核苷酸的比对区域内确定同一性百分比。

56.如权利要求1、2、4、6、8、10、12、13、14、15、17、19、21、23、24、26、28、30、32、34、35、36、37、38、40、42、43、44、45和47中任一项所述的方法，其中在至少200个核苷酸的比对区域内确定同一性百分比。

57.如权利要求1、2、4、6、8、10、12、13、14、15、17、19、21、23、24、26、28、30、32、34、35、36、37、38、40、42、43、44、45和47中任一项所述的方法，其中在至少300个核苷酸的比对区域内确定同一性百分比。

58.如权利要求1、2、4、6、8、10、12、13、14、15、17、19、21、23、24、26、28、30、32、34、35、36、37、38、40、42、43、44、45和47中任一项所述的方法，其中在至少400个核苷酸的比对区域内确定同一性百分比。

59.如权利要求1、2、4、6、8、10、12、13、14、15、17、19、21、23、24、26、28、30、32、34、35、36、37、38、40、42、43、44、45和47中任一项所述的方法，其中在至少500个核苷酸的比对区域内确定同一性百分比。

60.一种具农业化学活性的微生物制剂，所述微生物制剂包含至少一种油、表面活性剂、聚合物和微生物活性成分，其中所述微生物活性成分包含突脐蠕孢属的第一内生植物且包含与选自由SEQ ID NO:60、61和62组成的组的多核苷酸序列至少97％同一的至少一个多核苷酸序列。

61.一种具农业化学活性的微生物制剂，所述微生物制剂包含至少一种油、表面活性剂、聚合物和微生物活性成分，其中所述微生物活性成分包含附球菌属的第一内生植物且包含与选自由SEQ ID NO:63、64和71组成的组的多核苷酸序列至少97％同一的至少一个多核苷酸序列。

62.如权利要求60所述的具农业化学活性的微生物制剂，所述微生物制剂进一步包含第二内生植物，其中所述第二内生植物属于毛壳菌属且包含与选自由SEQ ID NO:52、53、54、55、56、57、58和59组成的组的多核苷酸序列至少97％同一的至少一个多核苷酸序列。

63.一种具农业化学活性的微生物制剂，所述微生物制剂包含至少一种油、表面活性剂、聚合物和微生物活性成分，其中所述微生物活性成分包含锥毛壳属的第一内生植物且包含与选自由SEQ ID NO:38、39、40和41组成的组的多核苷酸序列至少97％同一的至少一个多核苷酸序列。

64.一种具农业化学活性的微生物制剂，所述微生物制剂包含至少一种油、表面活性剂、聚合物和微生物活性成分，其中所述微生物活性成分包含附球菌属的第一内生植物且包含与SEQ ID NO:70至少97％同一的至少一个多核苷酸序列。

65.一种具农业化学活性的微生物制剂，所述微生物制剂包含至少一种油、表面活性剂、聚合物和微生物活性成分，其中所述微生物活性成分包含弯孢霉属的第一内生植物且包含与选自由SEQ ID NO:42、43、44、45、65和66组成的组的多核苷酸序列至少97％同一的至少一个多核苷酸序列。

66.一种具农业化学活性的微生物制剂，所述微生物制剂包含至少一种油、表面活性剂、聚合物和微生物活性成分，其中所述微生物活性成分包含枝孢霉属的第一内生植物且

包含与选自由SEQ ID NO:67和68组成的组的多核苷酸序列至少97%同一的至少一个多核苷酸序列。

67.一种具农业化学活性的微生物制剂,所述微生物制剂包含至少一种油、表面活性剂、聚合物和微生物活性成分,其中所述微生物活性成分包含拟青霉属的第一内生植物且包含与SEQ ID NO:69至少97%同一的至少一个多核苷酸序列。

68.一种具农业化学活性的微生物制剂,所述微生物制剂包含至少一种油、表面活性剂、聚合物和微生物活性成分,其中所述微生物活性成分包含枝顶孢霉属的第一内生植物且包含与选自由SEQ ID NO:46、47、48、49、50和51组成的组的多核苷酸序列至少97%同一的至少一个多核苷酸序列。

69.如权利要求66所述的具农业化学活性的微生物制剂,其中所述微生物活性成分进一步包含第二内生植物,其中所述第二内生植物属于锥毛壳属且包含与选自由SEQ ID NO:38、39、40和41组成的组的多核苷酸序列至少97%同一的至少一个多核苷酸序列。

70.一种具农业化学活性的微生物制剂,所述微生物制剂包含至少一种油、表面活性剂、聚合物和微生物活性成分,其中所述微生物活性成分包含毛壳菌属的第一内生植物且包含与选自由SEQ ID NO:52、53、54、55、56、57、58和59组成的组的多核苷酸序列至少97%同一的至少一个多核苷酸序列。

71.如权利要求60至70中任一项所述的制剂,其中所述油是油菜籽油或NEEM油。

72.如权利要求60至70中任一项所述的制剂,其中所述油包含芥酸。

73.如权利要求60至70中任一项所述的制剂,其中所述油包含除草或杀虫特性。

74.如权利要求60至70中任一项所述的制剂,其中所述表面活性剂是非离子型洗涤剂。

75.如权利要求60至70中任一项所述的制剂,其中所述表面活性剂是Tween 20或Triton X-100。

76.如权利要求60至70中任一项所述的制剂,其中所述聚合物是FloRite®、DISCO™或Kannar® Universal Wonder。

77.如权利要求60至70中任一项所述的制剂,其中所述微生物活性成分包含孢子悬浮液。

78.如权利要求60至70中任一项所述的制剂,其中所述微生物活性成分包含喷雾干燥的孢子。

79.如权利要求60至70中任一项所述的制剂,其中所述微生物活性成分包含全细胞肉汤。

80.如权利要求60至70中任一项所述的制剂,所述制剂进一步包含以下中的一种或多种:杀真菌剂、杀线虫剂、杀菌剂、杀虫剂或除草剂。

81.如权利要求60至70中任一项所述的制剂,所述制剂进一步包含以下中的一种或多种:稳定剂、防腐剂、载体、抗络合剂或其任何组合。

82.如权利要求60至70中任一项所述的制剂,其中所述内生植物是耐贮存的。

83.如权利要求60至70中任一项所述的制剂,其中同一性百分比是至少98%。

84.如权利要求60至70中任一项所述的制剂,其中同一性百分比是至少99%。

85.如权利要求60至70中任一项所述的制剂,其中同一性百分比是100%。

86.如权利要求60至70中任一项所述的制剂,其中在至少100个核苷酸的比对区域内确

定同一性百分比。

87.如权利要求60至70中任一项所述的制剂,其中在至少200个核苷酸的比对区域内确定同一性百分比。

88.如权利要求60至70中任一项所述的制剂,其中在至少300个核苷酸的比对区域内确定同一性百分比。

89.如权利要求60至70中任一项所述的制剂,其中在至少400个核苷酸的比对区域内确定同一性百分比。

90.如权利要求60至70中任一项所述的制剂,其中在至少500个核苷酸的比对区域内确定同一性百分比。

91.一种合成组合物,所述合成组合物包含植株元素和异源安置的内生植物,其中所述内生植物是突脐蠕孢属的成员且包含与选自由SEQ ID NO:60、61和62组成的组的多核苷酸序列至少97%同一的至少一个多核苷酸序列,其中所述合成组合物能够提供与未进一步包含所述内生植物的参考植株元素相比改进的农艺学重要性状。

92.如权利要求91所述的合成组合物,其中所述植株元素是玉米植株元素且所述改进的农艺学重要性状是产量。

93.如权利要求91所述的合成组合物,其中所述植株元素是大豆植株元素。

94.如权利要求93所述的合成组合物,其中所述植株元素是选自由以下组成的组的大豆品种:Pfister 38R25、Dairyland DSR1808R2Y、Stine 3920和其密切相关的品种,且所述改进的农艺学重要性状是产量。

95.如权利要求91所述的合成组合物,其中所述植株元素是小麦植株元素且所述改进的农艺学重要性状是产量。

96.如权利要求91所述的合成组合物,其中所述植株元素是花生植株元素且所述改进的农艺学重要性状是产量。

97.如权利要求91所述的合成组合物,其中所述植株元素是选自由以下组成的组的花生品种:AT9899、FloRun 107、Georgia-06G、Tamnut OL06以及其密切相关的品种。

98.一种合成组合物,所述合成组合物包含植株元素和异源安置的内生植物,其中所述内生植物是附球菌属的成员且包含与选自由SEQ ID NO:63、64和71组成的组的多核苷酸序列至少97%同一的至少一个多核苷酸序列,其中所述合成组合物能够提供与未进一步包含所述内生植物的参考植株元素相比改进的农艺学重要性状。

99.如权利要求98所述的合成组合物,其中所述植株元素是大豆植株元素且所述改进的农艺学重要性状是选自由根面积、根长和根干重组成的组。

100.如权利要求98所述的合成组合物,其中所述植株元素是大豆品种Stine 33E22或其密切相关的品种。

101.如权利要求98所述的合成组合物,其中所述植株元素是花生植株元素且所述改进的农艺学重要性状是产量。

102.如权利要求101所述的合成组合物,其中所述花生植株元素选自由品种FloRun 107、Georgia-06G和其密切相关的品种组成的组。

103.如权利要求98所述的合成组合物,所述合成组合物进一步包含第二内生植物,其中所述第二内生植物属于毛壳菌属且包含与选自由SEQ ID NO:52、53、54、55、56、57、58和

59组成的组的多核苷酸序列至少97％同一的至少一个多核苷酸序列，其中所述合成组合物能够提供与未进一步包含所述内生植物的参考植株元素相比改进的农艺学重要性状。

104.如权利要求99所述的合成组合物，其中所述植株元素是大豆品种Stine 33E22且所述农艺学重要性状是干根生物量。

105.一种合成组合物，所述合成组合物包含植株元素和异源安置的内生植物，其中所述内生植物是锥毛壳属的成员且包含与选自由SEQ ID NO:38、39、40和41组成的组的多核苷酸序列至少97％同一的至少一个多核苷酸序列，其中所述合成组合物能够提供与未进一步包含所述内生植物的参考植株元素相比改进的农艺学重要性状。

106.如权利要求105所述的合成组合物，其中所述植株元素是小麦植株元素且所述农艺学重要性状是产量。

107.一种合成组合物，所述合成组合物包含植株元素和异源安置的内生植物，其中所述内生植物是附球菌属的成员且包含与SEQ ID NO:70至少97％同一的至少一个多核苷酸序列，其中所述合成组合物能够提供与未进一步包含所述内生植物的参考植株元素相比改进的农艺学重要性状。

108.如权利要求107所述的合成组合物，其中所述植株元素是油菜品种Brett Young 5525或其密切相关的品种。

109.一种合成组合物，所述合成组合物包含植株元素和异源安置的内生植物，其中所述内生植物是弯孢霉属的成员且包含与选自由SEQ ID NO:42、43、44、45、65和66组成的组的多核苷酸序列至少97％同一的至少一个多核苷酸序列，其中所述合成组合物能够提供与未进一步包含所述内生植物的参考植株元素相比改进的农艺学重要性状。

110.如权利要求109所述的合成组合物，其中所述植株元素是大豆植株元素且所述农艺学重要性状选自由根面积、根长和产量组成的组。

111.如权利要求110所述的合成组合物，其中所述植株元素是选自由Pfister 38R25、Stine 3920和其密切相关的品种组成的组的大豆品种。

112.如权利要求109所述的合成组合物，其中所述植株元素是小麦植株元素且所述农艺学重要性状是产量。

113.如权利要求112所述的合成组合物，其中所述植株元素是选自由SDSU Focus、SDSU Select和其密切相关的品种组成的组的小麦品种。

114.一种合成组合物，所述合成组合物包含植株元素和异源安置的内生植物，其中所述内生植物是枝孢霉属的成员且包含与SEQ ID NO:67至少97％同一的至少一个多核苷酸序列，其中所述合成组合物能够提供与未进一步包含所述内生植物的参考植株元素相比改进的农艺学重要性状。

115.如权利要求114所述的合成组合物，其中所述植株元素是大豆植株元素且所述农艺学重要性状选自由根面积、根长和产量组成的组。

116.如权利要求115所述的合成组合物，其中所述植株元素是选自由Pfister 38R25、Stine 3920和其密切相关的品种组成的组的大豆品种。

117.一种合成组合物，所述合成组合物包含植株元素和异源安置的内生植物，其中所述内生植物是枝孢霉属的成员且包含与选自由SEQ ID NO:67和68组成的组的多核苷酸序列至少97％同一的至少一个多核苷酸序列，其中所述合成组合物能够提供与未进一步包含

所述内生植物的参考植株元素相比改进的农艺学重要性状。

118.如权利要求117所述的合成组合物，其中所述植株元素是玉米植株元素且所述农艺学重要性状是产量。

119.如权利要求118所述的合成组合物，其中所述植株元素是玉米品种Stine 9734。

120.如权利要求117所述的合成组合物，其中所述植株元素是大豆植株元素且所述农艺学重要性状选自由根面积、根长和产量组成的组。

121.如权利要求120所述的合成组合物，其中所述植株元素是选自由Pfister 38R25、Stine 3920和其密切相关的品种组成的组的大豆品种且所述农艺学重要性状是产量。

122.如权利要求117所述的合成组合物，其中所述植株元素是小麦植株元素且所述农艺学重要性状是产量。

123.如权利要求122所述的合成组合物，其中所述植株元素是选自由SDSU Focus、SDSU Select和其密切相关的品种组成的组的小麦品种。

124.如权利要求117所述的合成组合物，其中所述内生植物包含与SEQ ID NO:68至少97％同一的至少一个多核苷酸序列，所述植株元素是品种AT9899的花生，且所述农艺学重要性状是产量。

125.一种合成组合物，所述合成组合物包含植株元素和异源安置的内生植物，其中所述内生植物是拟青霉属的成员且包含与SEQ ID NO:69至少97％同一的至少一个多核苷酸序列，其中所述合成组合物能够提供与未进一步包含所述内生植物的参考植株元素相比改进的农艺学重要性状。

126.如权利要求125所述的合成组合物，其中所述植株元素是油菜品种NCC1015且所述农艺学重要性状是产量。

127.一种合成组合物，所述合成组合物包含植株元素和异源安置的内生植物，其中所述内生植物是枝顶孢霉属的成员且包含与选自由SEQ ID NO:46、47、48、49、50和51组成的组的多核苷酸序列至少97％同一的至少一个多核苷酸序列，且其中所述合成组合物能够提供与未进一步包含所述内生植物的参考植株元素相比改进的农艺学重要性状。

128.如权利要求127所述的合成组合物，其中所述植株元素是大豆植株元素且所述农艺学重要性状是干苗生物量。

129.如权利要求127所述的合成组合物，其中所述植株元素是小麦植株元素且所述农艺学重要性状是谷粒水分或产量。

130.如权利要求129所述的合成组合物，其中所述植株元素是小麦品种SDSU Select且所述农艺学重要性状是产量。

131.如权利要求127所述的合成组合物，其中所述植株元素是花生品种Georgia-06G且所述农艺学重要性状是产量。

132.如权利要求127所述的合成组合物，其中所述植株元素是水稻植株元素且所述农艺学重要性状是干苗生物量。

133.如权利要求127所述的合成组合物，所述合成组合物进一步包含第二内生植物，其中所述第二内生植物属于锥毛壳属且包含与选自由SEQ ID NO:38、39、40和41组成的组的多核苷酸序列至少97％同一的至少一个多核苷酸序列，其中所述合成组合物能够提供与未进一步包含所述内生植物的参考植株元素相比改进的农艺学重要性状。

134.如权利要求133所述的合成组合物,其中所述植株元素是小麦植株元素且所述农艺学重要性状选自由株高、新鲜根重量和新鲜苗重量组成的组。

135.如权利要求133所述的合成组合物,其中所述植株元素是水稻植株元素且所述农艺学重要性状是产量。

136.一种合成组合物,所述合成组合物包含植株元素和异源安置的内生植物,其中所述内生植物是毛壳菌属的成员且包含与选自由SEQ ID NO:52、53、54、55、56、57、58和59组成的组的多核苷酸序列至少97%同一的至少一个多核苷酸序列,其中所述合成组合物能够提供与未进一步包含所述内生植物的参考植株元素相比改进的农艺学重要性状。

137.如权利要求136所述的合成组合物,其中所述植株元素是大豆植株元素且所述农艺学重要性状选自由根面积、根长、干苗生物量和产量组成的组。

138.如权利要求137所述的合成组合物,其中所述植株元素是选自由Pfister 38R25、Stine 3920和其密切相关的品种组成的组的大豆品种,且所述农艺学重要性状是产量。

139.如权利要求136所述的合成组合物,其中所述植株元素是小麦植株元素且所述农艺学重要性状是根长或产量。

140.如权利要求139所述的合成组合物,其中所述植株元素是选自由SDSU Focus、SDSU Select和其密切相关的品种组成的组的小麦品种且所述农艺学重要性状是产量。

141.如权利要求91至140中任一项所述的合成组合物,其中所述改进的农艺学重要性状是在正常灌溉条件下赋予的。

142.如权利要求91至140中任一项所述的合成组合物,其中所述植株元素是种子。

143.如权利要求142所述的合成组合物,其中对所述种子进行了修饰。

144.如权利要求91至140中任一项所述的合成组合物,其中所述植株元素被放置至促进植物生长的基质中。

145.如权利要求144所述的合成组合物,其中所述促进植物生长的基质是土壤。

146.多种如权利要求145所述的合成组合物,其中多个所述植株元素成排地放置至所述土壤中,其中每排内每个种子之间的间距基本上相等。

147.如权利要求91至140中任一项所述的合成组合物,所述合成组合物进一步包括包含以下中的一种或多种的制剂:稳定剂、防腐剂、载体、表面活性剂、抗络合剂或其任何组合。

148.如权利要求91至140中任一项所述的合成组合物,所述合成组合物进一步包括包含以下中的一种或多种的制剂:杀真菌剂、杀线虫剂、杀菌剂、杀虫剂或除草剂。

149.如权利要求91至140中任一项所述的合成组合物,其中所述组合物被限制在选自由以下组成的组的物体内:瓶、罐、安瓿、包装、器皿、袋子、盒子、箱子、包封物、纸板箱、容器、筒仓、装运容器、车厢或箱体。

150.如权利要求91至140中任一项所述的合成组合物,其中所述合成组合物是耐贮存的。

151.如权利要求91至140中任一项所述的合成组合物,其中同一性百分比是至少98%。

152.如权利要求91至140中任一项所述的合成组合物,其中同一性百分比是至少98%。

153.如权利要求91至140中任一项所述的合成组合物,其中同一性百分比是100%。

154.如权利要求91至140中任一项所述的合成组合物,其中在至少100个核苷酸的比对

区域内确定同一性百分比。

155.如权利要求91至140中任一项所述的合成组合物,其中在至少200个核苷酸的比对区域内确定同一性百分比。

156.如权利要求91至140中任一项所述的合成组合物,其中在至少300个核苷酸的比对区域内确定同一性百分比。

157.如权利要求91至140中任一项所述的合成组合物,其中在至少400个核苷酸的比对区域内确定同一性百分比。

158.如权利要求91至140中任一项所述的合成组合物,其中在至少500个核苷酸的比对区域内确定同一性百分比。

内生植物组合物和用于改进植株性状的方法

[0001] 相关申请的交叉引用

[0002] 本申请要求以下临时申请的优先权:2017年9月8日提交的临时申请No.62/556,288;2017年3月6日提交的临时申请No.62/467,740;2017年3月6日提交的临时申请No.62/467,742;2017年3月6日提交的临时申请No.62/467,755;2017年3月2日提交的临时申请No.62/466,253;2017年3月2日提交的临时申请No.62/465,834;2017年3月2日提交的临时申请No.62/466,256;2017年3月1日提交的临时申请No.62/465,797;2017年3月1日提交的临时申请No.62/465,819;以及2017年3月1日提交的临时申请No.62/465,798,其公开内容以引用的方式整体并入本文中。

[0003] 序列表

[0004] 本申请含有具有71个序列的序列表,其已经经由EFS-网提交并以引用的方式整体并入本文中。所述ASCII拷贝于2017年11月29日建立,名称是39061_10101_序列表.txt,且大小是54,920字节。

发明领域

[0005] 本发明涉及用于改进植株性状的组合物和方法,所述植株尤其是对人或动物食用来说具有重要意义的植株,例如稻(稻(Oryza sativa)和相关品种)、大豆(大豆(Glycine max)和相关品种)、小麦(小麦(Triticum aestivum)和相关品种)和玉米(玉蜀黍(Zea mays)和相关品种)。举例来说,本发明描述了能够在植株内生存或异源安置至植株并可以用于赋予被异源安置或已经异源安置的植株以改进的性状的微生物。所公开的发明还描述了通过将微生物引入亲本植株而改进植株元素特征的方法。此外,本发明还提供了用能够在植株、尤其是稻、大豆、小麦和玉米内生存的微生物处理植株元素以赋予所述植株以改进的产量和其它农艺学特征的方法。

[0006] 发明背景

[0007] 据联合国粮农组织,至2050年,世界人口将超过96亿,这将需要农业有显著的改进,以满足增长的食物需求。需要能够满足食物产量几乎加倍的需求,利用更少的资源且投入更具环境可持续性的改进农业植株,对各种非生物胁迫的反应有所改善的植株。

[0008] 今天,作物性能主要经由针对作物基因型(例如植物育种、遗传修饰(genetically-modified,GM)作物)与其周围环境(例如肥料、合成除草剂、农药)之间的相互作用的技术来优化。虽然这些范例在过去的五十年中已经帮助食物整体生产量翻番,但在许多主要作物中产量增长速度已经停止,且气候的变化以及变化的害虫和疾病压力引起生产量不稳定,因此,急需改进作物的新颖解决方案。除了其长期的发展和监管的时间线外,公众对GM作物和合成化学品的担忧已经挑战其在许多重要作物和国家中的使用,导致对许多GM性状不接受,并从一些全球市场除去GM作物和许多合成化学品。因此,非常需要创新、有效、具环境可持续性且公众可接受的改进植株的产量和其它农艺学重要特征的方法。

[0009] 本文中提供了通过将那些植株与所公开的内生植物相关联而用于改进植株的农艺学重要特征的方法和组合物。

发明概要

[0010] 在一方面，本发明提供了一种改进玉米植株的农艺学重要性状的方法，所述方法包括将内生植物以相对于源自于参考植株元素的植株来说有效地增加源自于所处理的植株元素的所述植株的产量的量异源安置至玉米植株元素，其中所述内生植物是突脐蠕孢属(Exserohilum)的成员且包含与选自由SEQ ID NO:60、61和62组成的组的多核苷酸序列至少97％同一的至少一个多核苷酸序列，其中所述玉米植株元素是品种Stine 9734或其密切相关的品种。

[0011] 在一方面，本发明提供了一种改进大豆植株的农艺学重要性状的方法，所述方法包括将内生植物以相对于源自于参考植株元素的植株来说有效地增加源自于所处理的植株元素的所述植株的产量的量异源安置至大豆植株元素，其中所述内生植物是突脐蠕孢属的成员且包含与选自由SEQ ID NO:60、61和62组成的组的多核苷酸序列至少97％同一的至少一个多核苷酸序列。

[0012] 在一方面，本发明提供了一种改进大豆植株的农艺学重要性状的方法，所述方法包括将内生植物以相对于源自于参考植株元素的植株来说有效地增加源自于所处理的植株元素的所述植株的产量的量异源安置至大豆植株元素，其中所述内生植物是突脐蠕孢属的成员且包含与选自由SEQ ID NO:60、61和62组成的组的多核苷酸序列至少97％同一的至少一个多核苷酸序列且其中所述大豆植株是选自由Pfister 38R25、Dairyland DSR1808R2Y、Stine 3920和其密切相关的品种组成的组的品种。

[0013] 在一方面，本发明提供了一种改进小麦植株的农艺学重要性状的方法，所述方法包括将内生植物以相对于源自于参考植株元素的植株来说有效地增加源自于所处理的植株元素的所述植株的产量的量异源安置至小麦植株元素，其中所述内生植物是突脐蠕孢属的成员且包含与选自由SEQ ID NO:60、61和62组成的组的多核苷酸序列至少97％同一的至少一个多核苷酸序列。

[0014] 在一方面，本发明提供了一种改进小麦植株的农艺学重要性状的方法，所述方法包括将内生植物以相对于源自于参考植株元素的植株来说有效地增加源自于所处理的植株元素的所述植株的产量的量异源安置至小麦植株元素，其中所述内生植物是突脐蠕孢属的成员且包含与选自由SEQ ID NO:60、61和62组成的组的多核苷酸序列至少97％同一的至少一个多核苷酸序列，且其中所述小麦植株是选自由SDSU Focus、SDSU Select和其密切相关的品种组成的组的品种。

[0015] 在一方面，本发明提供了一种改进花生植株的农艺学重要性状的方法，所述方法包括将内生植物以相对于源自于参考植株元素的植株来说有效地增加源自于所处理的植株元素的所述植株的产量的量异源安置至花生植株元素，其中所述内生植物是突脐蠕孢属的成员且包含与选自由SEQ ID NO:60、61和62组成的组的多核苷酸序列至少97％同一的至少一个多核苷酸序列。

[0016] 在一方面，本发明提供了一种改进花生植株的农艺学重要性状的方法，所述方法包括将内生植物以相对于源自于参考植株元素的植株来说有效地增加源自于所处理的植株元素的所述植株的产量的量异源安置至花生植株元素，其中所述内生植物是突脐蠕孢属的成员且包含与选自由SEQ ID NO:60、61和62组成的组的多核苷酸序列至少97％同一的至少一个多核苷酸序列且其中所述花生植株是选自由AT-9899、FloRun 107、Tamnut OL06、

Georgia-06G和其密切相关的品种组成的组的品种。

[0017] 在一方面，本发明提供了一种改进大豆植株的农艺学重要性状的方法，所述方法包括将内生植物以相对于源自于参考植株元素的植株来说有效地改进源自于所处理的植株元素的所述植株的选自由根面积、根长和根干重组成的组的农艺学重要性状的量异源安置至大豆植株元素，其中所述内生植物是附球菌属(Epicoccum)的成员且包含与选自由SEQ ID NO:63、64和71组成的组的多核苷酸序列至少97％同一的至少一个多核苷酸序列。

[0018] 在一方面，本发明提供了一种改进大豆植株的农艺学重要性状的方法，所述方法包括将内生植物以相对于源自于参考植株元素的植株来说有效地改进源自于所处理的植株元素的所述植株的选自由根面积、根长和根干重组成的组的农艺学重要性状的量异源安置至大豆植株元素，其中所述内生植物是附球菌属的成员且包含与选自由SEQ ID NO:63、64和71组成的组的多核苷酸序列至少97％同一的至少一个多核苷酸序列，且其中所述大豆是品种Stine 33E22或其密切相关的品种。

[0019] 在一方面，本发明提供了一种改进花生植株的农艺学重要性状的方法，所述方法包括将内生植物以相对于源自于参考植株元素的植株来说有效地增加源自于所处理的植株元素的所述植株的产量的量异源安置至花生植株元素，其中所述内生植物是附球菌属的成员且包含与选自由SEQ ID NO:63、64和71组成的组的多核苷酸序列至少97％同一的至少一个多核苷酸序列。

[0020] 在一方面，本发明提供了一种改进花生植株的农艺学重要性状的方法，所述方法包括将内生植物以相对于源自于参考植株元素的植株来说有效地增加源自于所处理的植株元素的所述植株的产量的量异源安置至花生植株元素，其中所述内生植物是附球菌属的成员且包含与选自由SEQ ID NO:63、64和71组成的组的多核苷酸序列至少97％同一的至少一个多核苷酸序列，且其中所述花生植株是选自由FloRun 107、Georgia-06G和其密切相关的品种组成的组的品种。

[0021] 在一方面，本发明提供了一种改进水稻植株的农艺学重要性状的方法，所述方法包括将内生植物以相对于源自于参考植株元素的植株来说有效地增加源自于所处理的植株元素的所述植株的根长的量异源安置至水稻植株元素，其中所述内生植物是附球菌属的成员且包含与选自由SEQ ID NO:63、64和71组成的组的多核苷酸序列至少97％同一的至少一个多核苷酸序列。

[0022] 在一方面，本发明提供了一种改进小麦植株的农艺学重要性状的方法，所述方法包括将内生植物以相对于源自于参考植株元素的植株来说有效地增加源自于所处理的植株元素的所述植株的产量的量异源安置至小麦植株元素，其中所述内生植物是锥毛壳属(Coniochaeta)的成员且包含与选自由SEQ ID NO:38、39、40和41组成的组的多核苷酸序列至少97％同一的至少一个多核苷酸序列。

[0023] 在一方面，本发明提供了一种改进油菜植株的农艺学重要性状的方法，所述方法包括将内生植物以相对于源自于参考植株元素的植株来说有效地增加源自于所处理的植株元素的所述植株的产量的量异源安置至油菜植株元素，其中所述内生植物是附球菌属的成员且包含与SEQ ID NO:70至少97％同一的至少一个多核苷酸序列，其中所述油菜植株是品种Brett Young 552或其密切相关的品种。

[0024] 在一方面，本发明提供了一种改进大豆植株的农艺学重要性状的方法，所述方法

包括将内生植物以相对于源自于参考植株元素的植株来说有效地改进源自于所处理的植株元素的所述植株的选自由根面积、根长和产量组成的组的农艺学重要性状的量异源安置至大豆植株元素，其中所述内生植物是弯孢霉属(Curvularia)的成员且包含与选自由SEQ ID NO:65和66组成的组的多核苷酸序列至少97％同一的至少一个多核苷酸序列。

[0025] 在一方面，本发明提供了一种改进大豆植株的农艺学重要性状的方法，所述方法包括将内生植物以相对于源自于参考植株元素的植株来说有效地改进源自于所处理的植株元素的所述植株的选自由根面积、根长和产量组成的组的农艺学重要性状的量异源安置至大豆植株元素，其中所述内生植物是弯孢霉属的成员且包含与选自由SEQ ID NO:65和66组成的组的多核苷酸序列至少97％同一的至少一个多核苷酸序列，且其中所述农艺学重要性状是产量且其中所述大豆植株是选自由Pfister 38R25、Stine 3920和其密切相关的品种组成的组的品种。

[0026] 在一方面，本发明提供了一种改进小麦植株的农艺学重要性状的方法，所述方法包括将内生植物以相对于源自于参考植株元素的植株来说有效地增加源自于所处理的植株元素的所述植株的产量的量异源安置至小麦植株元素，其中所述内生植物是弯孢霉属的成员且包含与选自由SEQ ID NO:65和66组成的组的多核苷酸序列至少97％同一的至少一个多核苷酸序列。

[0027] 在一方面，本发明提供了一种改进小麦植株的农艺学重要性状的方法，所述方法包括将内生植物以相对于源自于参考植株元素的植株来说有效地增加源自于所处理的植株元素的所述植株的产量的量异源安置至小麦植株元素，其中所述内生植物是弯孢霉属的成员且包含与选自由SEQ ID NO:65和66组成的组的多核苷酸序列至少97％同一的至少一个多核苷酸序列，其中所述小麦植株是选自由SDSU Focus、SDSU Select和其密切相关的品种组成的组的品种。

[0028] 在一方面，本发明提供了一种改进大豆植株的农艺学重要性状的方法，所述方法包括将内生植物以相对于源自于参考植株元素的植株来说有效地改进源自于所处理的植株元素的所述植株的选自由根面积、根长、干苗生物量和产量组成的组的农艺学重要性状的量异源安置至大豆植株元素，其中所述内生植物是弯孢霉属的成员且包含与选自由SEQ ID NO:42、43、44和45组成的组的多核苷酸序列至少97％同一的至少一个多核苷酸序列。

[0029] 在一方面，本发明提供了一种改进大豆植株的农艺学重要性状的方法，所述方法包括将内生植物以相对于源自于参考植株元素的植株来说有效地改进源自于所处理的植株元素的所述植株的选自由根面积、根长、干苗生物量和产量组成的组的农艺学重要性状的量异源安置至大豆植株元素，其中所述内生植物是弯孢霉属的成员且包含与选自由SEQ ID NO:42、43、44和45组成的组的多核苷酸序列至少97％同一的至少一个多核苷酸序列，其中所述农艺学重要性状是产量且所述大豆植株是选自由Pfister 38R25、Stine 3920和其密切相关的品种组成的组的品种。

[0030] 在一方面，本发明提供了一种改进小麦植株的农艺学重要性状的方法，所述方法包括将内生植物以相对于源自于参考植株元素的植株来说有效地增加源自于所处理的植株元素的所述植株的产量的量异源安置至小麦植株元素，其中所述内生植物是弯孢霉属的成员且包含与选自由SEQ ID NO:42、43、44和45组成的组的多核苷酸序列至少97％同一的至少一个多核苷酸序列。

[0031] 在一方面，本发明提供了一种改进小麦植株的农艺学重要性状的方法，所述方法包括将内生植物以相对于源自于参考植株元素的植株来说有效地增加源自于所处理的植株元素的所述植株的产量的量异源安置至小麦植株元素，其中所述内生植物是弯孢霉属的成员且包含与选自由SEQ ID NO:42、43、44和45组成的组的多核苷酸序列至少97％同一的至少一个多核苷酸序列，其中所述小麦植株是选自由SDSU Focus、SDSU Select和其密切相关的品种组成的组的品种。

[0032] 在一方面，本发明提供了一种改进玉米植株的农艺学重要性状的方法，所述方法包括将内生植物以相对于源自于参考植株元素的植株来说有效地增加源自于所处理的植株元素的所述植株的产量的量异源安置至玉米植株元素，其中所述内生植物是枝孢霉属(Cladosporium)的成员且包含与SEQ ID NO:67至少97％同一的至少一个多核苷酸序列，其中所述玉米植株元素是品种Stine 9734或其密切相关的品种。

[0033] 在一方面，本发明提供了一种改进大豆植株的农艺学重要性状的方法，所述方法包括将内生植物以相对于源自于参考植株元素的植株来说有效地改进源自于所处理的植株元素的所述植株的选自由根面积、根长和产量组成的组的农艺学重要性状的量异源安置至大豆植株元素，其中所述内生植物是枝孢霉属的成员且包含与SEQ ID NO:67至少97％同一的至少一个多核苷酸序列。

[0034] 在一方面，本发明提供了一种改进大豆植株的农艺学重要性状的方法，所述方法包括将内生植物以相对于源自于参考植株元素的植株来说有效地改进源自于所处理的植株元素的所述植株的选自由根面积、根长和产量组成的组的农艺学重要性状的量异源安置至大豆植株元素，其中所述内生植物是枝孢霉属的成员且包含与SEQ ID NO:67至少97％同一的至少一个多核苷酸序列，其中所述农艺学重要性状是产量且所述大豆植株是选自由Pfister 38R25、Stine 3920和其密切相关的品种组成的组的品种。

[0035] 在一方面，本发明提供了一种改进小麦植株的农艺学重要性状的方法，所述方法包括将内生植物以相对于源自于参考植株元素的植株来说有效地增加源自于所处理的植株元素的所述植株的产量的量异源安置至小麦植株元素，其中所述内生植物是枝孢霉属的成员且包含与SEQ ID NO:67至少97％同一的至少一个多核苷酸序列。

[0036] 在一方面，本发明提供了一种改进小麦植株的农艺学重要性状的方法，所述方法包括将内生植物以相对于源自于参考植株元素的植株来说有效地增加源自于所处理的植株元素的所述植株的产量的量异源安置至小麦植株元素，其中所述内生植物是枝孢霉属的成员且包含与SEQ ID NO:67至少97％同一的至少一个多核苷酸序列，其中所述小麦植株是选自由SDSU Focus、SDSU Select和其密切相关的品种组成的组的品种。

[0037] 在一方面，本发明提供了一种改进油菜植株的农艺学重要性状的方法，所述方法包括将内生植物以相对于源自于参考植株元素的植株来说有效地增加源自于所处理的植株元素的所述植株的产量的量异源安置至油菜植株元素，其中所述内生植物是拟青霉属(Paecilomyces)的成员且包含与SEQ ID NO:69至少97％同一的至少一个多核苷酸序列。

[0038] 在一方面，本发明提供了一种改进油菜植株的农艺学重要性状的方法，所述方法包括将内生植物以相对于源自于参考植株元素的植株来说有效地增加源自于所处理的植株元素的所述植株的产量的量异源安置至油菜植株元素，其中所述内生植物是拟青霉属的成员且包含与SEQ ID NO:69至少97％同一的至少一个多核苷酸序列，其中所述油菜植株是

品种NCC1015或其密切相关的品种。

[0039] 在一方面，本发明提供了一种改进大豆植株的农艺学重要性状的方法，所述方法包括将内生植物以相对于源自于参考植株元素的植株来说有效地改进源自于所处理的植株元素的所述植株的选自由根面积、根长和产量组成的组的农艺学重要性状的量异源安置至大豆植株元素，其中所述内生植物是枝顶孢霉属的成员且包含与选自由SEQ ID NO:46、47、48、49、50和51组成的组的多核苷酸序列至少97％同一的至少一个多核苷酸序列。

[0040] 在一方面，本发明提供了一种改进大豆植株的农艺学重要性状的方法，所述方法包括将内生植物以相对于源自于参考植株元素的植株来说有效地改进源自于所处理的植株元素的所述植株的选自由根面积、根长和产量组成的组的农艺学重要性状的量异源安置至大豆植株元素，其中所述内生植物是枝顶孢霉属的成员且包含与选自由SEQ ID NO:46、47、48、49、50和51组成的组的多核苷酸序列至少97％同一的至少一个多核苷酸序列，其中所述农艺学重要性状是产量且所述大豆植株是品种Pfister 38R25或其密切相关的品种。

[0041] 在一方面，本发明提供了一种改进小麦植株的农艺学重要性状的方法，所述方法包括将内生植物以相对于源自于参考植株元素的植株来说有效地改进源自于所处理的植株元素的所述植株的选自由降低谷粒水分和增加产量组成的组的农艺学重要性状的量异源安置至小麦植株元素，其中所述内生植物是枝顶孢霉属的成员且包含与选自由SEQ ID NO:46、47、48、49、50和51组成的组的多核苷酸序列至少97％同一的至少一个多核苷酸序列。

[0042] 在一方面，本发明提供了一种改进小麦植株的农艺学重要性状的方法，所述方法包括将内生植物以相对于源自于参考植株元素的植株来说有效地改进源自于所处理的植株元素的所述植株的选自由降低谷粒水分和增加产量组成的组的农艺学重要性状的量异源安置至小麦植株元素，其中所述内生植物是枝顶孢霉属的成员且包含与选自由SEQ ID NO:46、47、48、49、50和51组成的组的多核苷酸序列至少97％同一的至少一个多核苷酸序列，其中所述小麦植株是选自由SDSU Focus、SDSU Select和其密切相关的品种组成的组的品种。

[0043] 在一方面，本发明提供了一种改进花生植株的农艺学重要性状的方法，所述方法包括将内生植物以相对于源自于参考植株元素的植株来说有效地增加源自于所处理的植株元素的所述植株的产量的量异源安置至花生植株元素，其中所述内生植物是枝顶孢霉属的成员且包含与选自由SEQ ID NO:46、47、48、49、50和51组成的组的多核苷酸序列至少97％同一的至少一个多核苷酸序列，且所述花生植株是品种Georgia-06G或其密切相关的品种。

[0044] 在一方面，本发明提供了一种改进水稻植株的农艺学重要性状的方法，所述方法包括将内生植物以相对于源自于参考植株元素的植株来说有效地增加源自于所处理的植株元素的所述植株的干苗生物量的量异源安置至水稻植株元素，其中所述内生植物是枝顶孢霉属的成员且包含与选自由SEQ ID NO:46、47、48、49、50和51组成的组的多核苷酸序列至少97％同一的至少一个多核苷酸序列。

[0045] 在一方面，本发明提供了一种改进小麦植株的农艺学重要性状的方法，所述方法包括将第一内生植物和第二内生植物以相对于源自于参考植株元素的植株来说有效地改进源自于所处理的植株元素的所述植株的选自由株高、新鲜根重量和新鲜苗重量组成的农

艺学重要性状的量异源安置至小麦植株元素，其中所述第一内生植物是枝顶孢霉属的成员且包含与选自由SEQ ID NO:46、47、48、49、50和51组成的组的多核苷酸序列至少97％同一的至少一个多核苷酸序列，且所述第二内生植物是锥毛壳属的成员且包含与选自由SEQ ID NO:38、39、40和41组成的组的多核苷酸序列至少97％同一的至少一个多核苷酸序列。

[0046] 在一方面，本发明提供了一种改进水稻植株的农艺学重要性状的方法，所述方法包括将第一内生植物和第二内生植物以相对于源自于参考植株元素的植株来说有效地增加源自于所处理的植株元素的所述植株的产量的量异源安置至水稻植株元素，其中所述第一内生植物是枝顶孢霉属的成员且包含与选自由SEQ ID NO:46、47、48、49、50和51组成的组的多核苷酸序列至少97％同一的至少一个多核苷酸序列，且所述第二内生植物是锥毛壳属的成员且包含与选自由SEQ ID NO:38、39、40和41组成的组的多核苷酸序列至少97％同一的至少一个多核苷酸序列。

[0047] 在一方面，本发明提供了一种改进大豆植株的农艺学重要性状的方法，所述方法包括将内生植物以相对于源自于参考植株元素的植株来说有效地增加源自于所处理的植株元素的所述植株的产量的量异源安置至大豆植株元素，其中所述内生植物是枝孢霉属的成员且包含与SEQ ID NO:68至少97％同一的至少一个多核苷酸序列。

[0048] 在一方面，本发明提供了一种改进大豆植株的农艺学重要性状的方法，所述方法包括将内生植物以相对于源自于参考植株元素的植株来说有效地增加源自于所处理的植株元素的所述植株的产量的量异源安置至大豆植株元素，其中所述内生植物是枝孢霉属的成员且包含与SEQ ID NO:68至少97％同一的至少一个多核苷酸序列，其中所述大豆是选自由Pfister 38R25、Stine 3920和其密切相关的品种组成的组的品种。

[0049] 在一方面，本发明提供了一种改进小麦植株的农艺学重要性状的方法，所述方法包括将内生植物以相对于源自于参考植株元素的植株来说有效地增加源自于所处理的植株元素的所述植株的产量的量异源安置至小麦植株元素，其中所述内生植物是枝孢霉属的成员且包含与SEQ ID NO:68至少97％同一的至少一个多核苷酸序列。

[0050] 在一方面，本发明提供了一种改进小麦植株的农艺学重要性状的方法，所述方法包括将内生植物以相对于源自于参考植株元素的植株来说有效地增加源自于所处理的植株元素的所述植株的产量的量异源安置至小麦植株元素，其中所述内生植物是枝孢霉属的成员且包含与SEQ ID NO:68至少97％同一的至少一个多核苷酸序列，其中所述小麦植株是选自由SDSU Focus、SDSU Select和其密切相关的品种组成的组的品种。

[0051] 在一方面，本发明提供了一种改进花生植株的农艺学重要性状的方法，所述方法包括将内生植物以相对于源自于参考植株元素的植株来说有效地增加源自于所处理的植株元素的所述植株的产量的量异源安置至花生植株元素，其中所述内生植物是枝孢霉属的成员且包含与SEQ ID NO:68至少97％同一的至少一个多核苷酸序列且所述花生植株是品种AT-9899或其密切相关的品种。

[0052] 在一方面，本发明提供了一种改进大豆植株的农艺学重要性状的方法，所述方法包括将第一内生植物和第二内生植物以相对于源自于参考植株元素的植株来说有效地增加源自于所处理的植株元素的所述植株的干根生物量的量异源安置至大豆植株元素，其中所述第一内生植物是附球菌属的成员且包含与选自由SEQ ID NO:63、64和71组成的组的多核苷酸序列至少97％同一的至少一个多核苷酸序列，所述第二内生植物是毛壳菌属

(Chaetomium)的成员且包含与选自由SEQ ID NO:52、53、54、55、56、57、58和59组成的组的多核苷酸序列至少97％同一的至少一个多核苷酸序列,且大豆植株是品种Stine 33E22或其密切相关的品种。

[0053] 在一方面,本发明提供了一种改进玉米植株的农艺学重要性状的方法,所述方法包括将内生植物以相对于源自于参考植株元素的植株来说有效地增加源自于所处理的植株元素的所述植株的产量的量异源安置至玉米植株元素,其中所述内生植物是毛壳菌属的成员且包含与选自由SEQ ID NO:52、53、54、55、56、57、58和59组成的组的多核苷酸序列至少97％同一的至少一个多核苷酸序列。

[0054] 在一方面,本发明提供了一种改进大豆植株的农艺学重要性状的方法,所述方法包括将内生植物以相对于源自于参考植株元素的植株来说有效地改进源自于所处理的植株元素的所述植株的选自由根面积、根长、干苗生物量和产量组成的组的农艺学重要性状的量异源安置至大豆植株元素,其中所述内生植物是毛壳菌属的成员且包含与选自由SEQ ID NO:52、53、54、55、56、57、58和59组成的组的多核苷酸序列至少97％同一的至少一个多核苷酸序列。

[0055] 在一方面,本发明提供了一种改进大豆植株的农艺学重要性状的方法,所述方法包括将内生植物以相对于源自于参考植株元素的植株来说有效地改进源自于所处理的植株元素的所述植株的选自由根面积、根长、干苗生物量和产量组成的组的农艺学重要性状的量异源安置至大豆植株元素,其中所述内生植物是毛壳菌属的成员且包含与选自由SEQ ID NO:52、53、54、55、56、57、58和59组成的组的多核苷酸序列至少97％同一的至少一个多核苷酸序列,其中所述农艺学重要性状是产量且所述大豆植株是品种Pfister 38R25或其密切相关的品种。

[0056] 在一方面,本发明提供了一种改进小麦植株的农艺学重要性状的方法,所述方法包括将内生植物以相对于源自于参考植株元素的植株来说有效地改进源自于所处理的植株元素的所述植株的选自由根长和产量组成的组的农艺学重要性状的量异源安置至小麦植株元素,其中所述内生植物是毛壳菌属的成员且包含与选自由SEQ ID NO:52、53、54、55、56、57、58和59组成的组的多核苷酸序列至少97％同一的至少一个多核苷酸序列。

[0057] 在一方面,本发明提供了一种改进小麦植株的农艺学重要性状的方法,所述方法包括将内生植物以相对于源自于参考植株元素的植株来说有效地改进源自于所处理的植株元素的所述植株的选自由根长和产量组成的组的农艺学重要性状的量异源安置至小麦植株元素,其中所述内生植物是毛壳菌属的成员且包含与选自由SEQ ID NO:52、53、54、55、56、57、58和59组成的组的多核苷酸序列至少97％同一的至少一个多核苷酸序列,其中所述小麦植株是选自由SDSU Focus、SDSU Select和其密切相关的品种组成的组的品种。

[0058] 在一方面,本发明提供了一种改进玉米植株的农艺学重要性状的方法,所述方法包括将内生植物以相对于源自于参考植株元素的植株来说有效地增加源自于所处理的植株元素的所述植株的产量的量异源安置至玉米植株元素,其中所述内生植物是突脐蠕孢属的成员且包含与选自由SEQ ID NO:60、61和62组成的组的多核苷酸序列至少97％同一的至少一个多核苷酸序列,其中所述玉米植株元素是品种Stine 9734或其密切相关的品种,其中所述植株元素是种子,任选地经修饰种子。

[0059] 在一方面,本发明提供了一种改进大豆植株的农艺学重要性状的方法,所述方法

包括将内生植物以相对于源自于参考植株元素的植株来说有效地增加源自于所处理的植株元素的所述植株的产量的量异源安置至大豆植株元素，其中所述内生植物是突脐蠕孢属的成员且包含与选自由SEQ ID NO:60、61和62组成的组的多核苷酸序列至少97％同一的至少一个多核苷酸序列，其中所述植株元素是种子，任选地经修饰种子。

[0060] 在一方面，本发明提供了一种改进小麦植株的农艺学重要性状的方法，所述方法包括将内生植物以相对于源自于参考植株元素的植株来说有效地增加源自于所处理的植株元素的所述植株的产量的量异源安置至小麦植株元素，其中所述内生植物是突脐蠕孢属的成员且包含与选自由SEQ ID NO:60、61和62组成的组的多核苷酸序列至少97％同一的至少一个多核苷酸序列，其中所述植株元素是种子，任选地经修饰种子。

[0061] 在一方面，本发明提供了一种改进花生植株的农艺学重要性状的方法，所述方法包括将内生植物以相对于源自于参考植株元素的植株来说有效地增加源自于所处理的植株元素的所述植株的产量的量异源安置至花生植株元素，其中所述内生植物是突脐蠕孢属的成员且包含与选自由SEQ ID NO:60、61和62组成的组的多核苷酸序列至少97％同一的至少一个多核苷酸序列，其中所述植株元素是种子，任选地经修饰种子。

[0062] 在一方面，本发明提供了一种改进大豆植株的农艺学重要性状的方法，所述方法包括将内生植物以相对于源自于参考植株元素的植株来说有效地改进源自于所处理的植株元素的所述植株的选自由根面积、根长和根干重组成的组的农艺学重要性状的量异源安置至大豆植株元素，其中所述内生植物是附球菌属的成员且包含与选自由SEQ ID NO:63、64和71组成的组的多核苷酸序列至少97％同一的至少一个多核苷酸序列，其中所述植株元素是种子，任选地经修饰种子。

[0063] 在一方面，本发明提供了一种改进花生植株的农艺学重要性状的方法，所述方法包括将内生植物以相对于源自于参考植株元素的植株来说有效地增加源自于所处理的植株元素的所述植株的产量的量异源安置至花生植株元素，其中所述内生植物是附球菌属的成员且包含与选自由SEQ ID NO:63、64和71组成的组的多核苷酸序列至少97％同一的至少一个多核苷酸序列，其中所述植株元素是种子，任选地经修饰种子。

[0064] 在一方面，本发明提供了一种改进水稻植株的农艺学重要性状的方法，所述方法包括将内生植物以相对于源自于参考植株元素的植株来说有效地增加源自于所处理的植株元素的所述植株的根长的量异源安置至水稻植株元素，其中所述内生植物是附球菌属的成员且包含与选自由SEQ ID NO:63、64和71组成的组的多核苷酸序列至少97％同一的至少一个多核苷酸序列，其中所述植株元素是种子，任选地经修饰种子。

[0065] 在一方面，本发明提供了一种改进小麦植株的农艺学重要性状的方法，所述方法包括将内生植物以相对于源自于参考植株元素的植株来说有效地增加源自于所处理的植株元素的所述植株的产量的量异源安置至小麦植株元素，其中所述内生植物是锥毛壳属的成员且包含与选自由SEQ ID NO:38、39、40和41组成的组的多核苷酸序列至少97％同一的至少一个多核苷酸序列，其中所述植株元素是种子，任选地经修饰种子。

[0066] 在一方面，本发明提供了一种改进油菜植株的农艺学重要性状的方法，所述方法包括将内生植物以相对于源自于参考植株元素的植株来说有效地增加源自于所处理的植株元素的所述植株的产量的量异源安置至油菜植株元素，其中所述内生植物是附球菌属的成员且包含与SEQ ID NO:70至少97％同一的至少一个多核苷酸序列，其中所述油菜植株是

品种Brett Young 552或其密切相关的品种,其中所述植株元素是种子,任选地经修饰种子。

[0067] 在一方面,本发明提供了一种改进大豆植株的农艺学重要性状的方法,所述方法包括将内生植物以相对于源自于参考植株元素的植株来说有效地改进源自于所处理的植株元素的所述植株的选自由根面积、根长和产量组成的组的农艺学重要性状的量异源安置至大豆植株元素,其中所述内生植物是弯孢霉属的成员且包含与选自由SEQ ID NO:65和66组成的组的多核苷酸序列至少97%同一的至少一个多核苷酸序列,其中所述植株元素是种子,任选地经修饰种子。

[0068] 在一方面,本发明提供了一种改进小麦植株的农艺学重要性状的方法,所述方法包括将内生植物以相对于源自于参考植株元素的植株来说有效地增加源自于所处理的植株元素的所述植株的产量的量异源安置至小麦植株元素,其中所述内生植物是弯孢霉属的成员且包含与选自由SEQ ID NO:65和66组成的组的多核苷酸序列至少97%同一的至少一个多核苷酸序列,其中所述植株元素是种子,任选地经修饰种子。

[0069] 在一方面,本发明提供了一种改进大豆植株的农艺学重要性状的方法,所述方法包括将内生植物以相对于源自于参考植株元素的植株来说有效地改进源自于所处理的植株元素的所述植株的选自由根面积、根长、干苗生物量和产量组成的组的农艺学重要性状的量异源安置至大豆植株元素,其中所述内生植物是弯孢霉属的成员且包含与选自由SEQ ID NO:42、43、44和45组成的组的多核苷酸序列至少97%同一的至少一个多核苷酸序列,其中所述植株元素是种子,任选地经修饰种子。

[0070] 在一方面,本发明提供了一种改进小麦植株的农艺学重要性状的方法,所述方法包括将内生植物以相对于源自于参考植株元素的植株来说有效地增加源自于所处理的植株元素的所述植株的产量的量异源安置至小麦植株元素,其中所述内生植物是弯孢霉属的成员且包含与选自由SEQ ID NO:42、43、44和45组成的组的多核苷酸序列至少97%同一的至少一个多核苷酸序列,其中所述植株元素是种子,任选地经修饰种子。

[0071] 在一方面,本发明提供了一种改进玉米植株的农艺学重要性状的方法,所述方法包括将内生植物以相对于源自于参考植株元素的植株来说有效地增加源自于所处理的植株元素的所述植株的产量的量异源安置至玉米植株元素,其中所述内生植物是枝孢霉属的成员且包含与SEQ ID NO:67至少97%同一的至少一个多核苷酸序列,其中所述玉米植株元素是品种Stine 9734或其密切相关的品种,其中所述植株元素是种子,任选地经修饰种子。

[0072] 在一方面,本发明提供了一种改进大豆植株的农艺学重要性状的方法,所述方法包括将内生植物以相对于源自于参考植株元素的植株来说有效地改进源自于所处理的植株元素的所述植株的选自由根面积、根长和产量组成的组的农艺学重要性状的量异源安置至大豆植株元素,其中所述内生植物是枝孢霉属的成员且包含与SEQ ID NO:67至少97%同一的至少一个多核苷酸序列,其中所述植株元素是种子,任选地经修饰种子。

[0073] 在一方面,本发明提供了一种改进小麦植株的农艺学重要性状的方法,所述方法包括将内生植物以相对于源自于参考植株元素的植株来说有效地增加源自于所处理的植株元素的所述植株的产量的量异源安置至小麦植株元素,其中所述内生植物是枝孢霉属的成员且包含与SEQ ID NO:67至少97%同一的至少一个多核苷酸序列,其中所述植株元素是种子,任选地经修饰种子。

[0074] 在一方面，本发明提供了一种改进油菜植株的农艺学重要性状的方法，所述方法包括将内生植物以相对于源自于参考植株元素的植株来说有效地增加源自于所处理的植株元素的所述植株的产量的量异源安置至油菜植株元素，其中所述内生植物是拟青霉属的成员且包含与SEQ ID NO:69至少97％同一的至少一个多核苷酸序列，其中所述植株元素是种子，任选地经修饰种子。

[0075] 在一方面，本发明提供了一种改进大豆植株的农艺学重要性状的方法，所述方法包括将内生植物以相对于源自于参考植株元素的植株来说有效地改进源自于所处理的植株元素的所述植株的选自由根面积、根长和产量组成的组的农艺学重要性状的量异源安置至大豆植株元素，其中所述内生植物是枝顶孢霉属的成员且包含与选自由SEQ ID NO:46、47、48、49、50和51组成的组的多核苷酸序列至少97％同一的至少一个多核苷酸序列，其中所述植株元素是种子，任选地经修饰种子。

[0076] 在一方面，本发明提供了一种改进小麦植株的农艺学重要性状的方法，所述方法包括将内生植物以相对于源自于参考植株元素的植株来说有效地改进源自于所处理的植株元素的所述植株的选自由降低谷粒水分和增加产量组成的组的农艺学重要性状的量异源安置至小麦植株元素，其中所述内生植物是枝顶孢霉属的成员且包含与选自由SEQ ID NO:46、47、48、49、50和51组成的组的多核苷酸序列至少97％同一的至少一个多核苷酸序列，其中所述植株元素是种子，任选地经修饰种子。

[0077] 在一方面，本发明提供了一种改进花生植株的农艺学重要性状的方法，所述方法包括将内生植物以相对于源自于参考植株元素的植株来说有效地增加源自于所处理的植株元素的所述植株的产量的量异源安置至花生植株元素，其中所述内生植物是枝顶孢霉属的成员且包含与选自由SEQ ID NO:46、47、48、49、50和51组成的组的多核苷酸序列至少97％同一的至少一个多核苷酸序列，且所述花生植株是品种Georgia-06G或其密切相关的品种，其中所述植株元素是种子，任选地经修饰种子。

[0078] 在一方面，本发明提供了一种改进水稻植株的农艺学重要性状的方法，所述方法包括将内生植物以相对于源自于参考植株元素的植株来说有效地增加源自于所处理的植株元素的所述植株的干苗生物量的量异源安置至水稻植株元素，其中所述内生植物是枝顶孢霉属的成员且包含与选自由SEQ ID NO:46、47、48、49、50和51组成的组的多核苷酸序列至少97％同一的至少一个多核苷酸序列，其中所述植株元素是种子，任选地经修饰种子。

[0079] 在一方面，本发明提供了一种改进小麦植株的农艺学重要性状的方法，所述方法包括将第一内生植物和第二内生植物以相对于源自于参考植株元素的植株来说有效地改进源自于所处理的植株元素的所述植株的选自由株高、新鲜根重量和新鲜苗重量组成的农艺学重要性状的量异源安置至小麦植株元素，其中所述第一内生植物是枝顶孢霉属的成员且包含与选自由SEQ ID NO:46、47、48、49、50和51组成的组的多核苷酸序列至少97％同一的至少一个多核苷酸序列，且所述第二内生植物是锥毛壳属的成员且包含与选自由SEQ ID NO:38、39、40和41组成的组的多核苷酸序列至少97％同一的至少一个多核苷酸序列，其中所述植株元素是种子，任选地经修饰种子。

[0080] 在一方面，本发明提供了一种改进水稻植株的农艺学重要性状的方法，所述方法包括将第一内生植物和第二内生植物以相对于源自于参考植株元素的植株来说有效地增加源自于所处理的植株元素的所述植株的产量的量异源安置至水稻植株元素，其中所述第

一内生植物是枝顶孢霉属的成员且包含与选自由SEQ ID NO:46、47、48、49、50和51组成的组的多核苷酸序列至少97%同一的至少一个多核苷酸序列,且所述第二内生植物是锥毛壳属的成员且包含与选自由SEQ ID NO:38、39、40和41组成的组的多核苷酸序列至少97%同一的至少一个多核苷酸序列,其中所述植株元素是种子,任选地经修饰种子。

[0081] 在一方面,本发明提供了一种改进大豆植株的农艺学重要性状的方法,所述方法包括将内生植物以相对于源自于参考植株元素的植株来说有效地增加源自于所处理的植株元素的所述植株的产量的量异源安置至大豆植株元素,其中所述内生植物是枝孢霉属的成员且包含与SEQ ID NO:68至少97%同一的至少一个多核苷酸序列,其中所述植株元素是种子,任选地经修饰种子。

[0082] 在一方面,本发明提供了一种改进小麦植株的农艺学重要性状的方法,所述方法包括将内生植物以相对于源自于参考植株元素的植株来说有效地增加源自于所处理的植株元素的所述植株的产量的量异源安置至小麦植株元素,其中所述内生植物是枝孢霉属的成员且包含与SEQ ID NO:68至少97%同一的至少一个多核苷酸序列,其中所述植株元素是种子,任选地经修饰种子。

[0083] 在一方面,本发明提供了一种改进花生植株的农艺学重要性状的方法,所述方法包括将内生植物以相对于源自于参考植株元素的植株来说有效地增加源自于所处理的植株元素的所述植株的产量的量异源安置至花生植株元素,其中所述内生植物是枝孢霉属的成员且包含与SEQ ID NO:68至少97%同一的至少一个多核苷酸序列且所述花生植株是品种AT-9899或其密切相关的品种,其中所述植株元素是种子,任选地经修饰种子。

[0084] 在一方面,本发明提供了一种改进大豆植株的农艺学重要性状的方法,所述方法包括将第一内生植物和第二内生植物以相对于源自于参考植株元素的植株来说有效地增加源自于所处理的植株元素的所述植株的干根生物量的量异源安置至大豆植株元素,其中所述第一内生植物是附球菌属的成员且包含与选自由SEQ ID NO:63、64和71组成的组的多核苷酸序列至少97%同一的至少一个多核苷酸序列,所述第二内生植物是毛壳菌属的成员且包含与选自由SEQ ID NO:52、53、54、55、56、57、58和59组成的组的多核苷酸序列至少97%同一的至少一个多核苷酸序列,且大豆植株是品种Stine 33E22或其密切相关的品种,其中所述植株元素是种子,任选地经修饰种子。

[0085] 在一方面,本发明提供了一种改进玉米植株的农艺学重要性状的方法,所述方法包括将内生植物以相对于源自于参考植株元素的植株来说有效地增加源自于所处理的植株元素的所述植株的产量的量异源安置至玉米植株元素,其中所述内生植物是毛壳菌属的成员且包含与选自由SEQ ID NO:52、53、54、55、56、57、58和59组成的组的多核苷酸序列至少97%同一的至少一个多核苷酸序列,其中所述植株元素是种子,任选地经修饰种子。

[0086] 在一方面,本发明提供了一种改进大豆植株的农艺学重要性状的方法,所述方法包括将内生植物以相对于源自于参考植株元素的植株来说有效地改进源自于所处理的植株元素的所述植株的选自由根面积、根长、干苗生物量和产量组成的组的农艺学重要性状的量异源安置至大豆植株元素,其中所述内生植物是毛壳菌属的成员且包含与选自由SEQ ID NO:52、53、54、55、56、57、58和59组成的组的多核苷酸序列至少97%同一的至少一个多核苷酸序列,其中所述植株元素是种子,任选地经修饰种子。

[0087] 在一方面,本发明提供了一种改进小麦植株的农艺学重要性状的方法,所述方法

包括将内生植物以相对于源自于参考植株元素的植株来说有效地改进源自于所处理的植株元素的所述植株的选自由根长和产量组成的组的农艺学重要性状的量异源安置至小麦植株元素，其中所述内生植物是毛壳菌属的成员且包含与选自由SEQ ID NO:52、53、54、55、56、57、58和59组成的组的多核苷酸序列至少97％同一的至少一个多核苷酸序列，其中所述植株元素是种子，任选地经修饰种子。

[0088] 在一些实施方案中，内生植物中的任一种在制剂中被异源安置至所述植株元素，所述制剂进一步包含以下中的一种或多种:稳定剂、防腐剂、载体、表面活性剂、杀真菌剂、杀线虫剂、杀菌剂、杀虫剂或除草剂，或其任何组合。

[0089] 在一方面，本发明提供了一种改进玉米植株的农艺学重要性状的方法，所述方法包括将内生植物以相对于源自于参考植株元素的植株来说有效地增加源自于所处理的植株元素的所述植株的产量的量异源安置至玉米植株元素，其中所述内生植物是突脐蠕孢属的成员且包含与选自由SEQ ID NO:60、61和62组成的组的多核苷酸序列97％、至少98％、至少99％或100％同一的至少一个多核苷酸序列，其中所述玉米植株元素是品种Stine 9734或其密切相关的品种，其中在至少100个、200个、300个、400个或至少500个核苷酸的比对区域内确定同一性百分比。

[0090] 在一方面，本发明提供了一种改进大豆植株的农艺学重要性状的方法，所述方法包括将内生植物以相对于源自于参考植株元素的植株来说有效地增加源自于所处理的植株元素的所述植株的产量的量异源安置至大豆植株元素，其中所述内生植物是突脐蠕孢属的成员且包含与选自由SEQ ID NO:60、61和62组成的组的多核苷酸序列至少97％、至少98％、至少99％或100％同一的至少一个多核苷酸序列，其中在至少100个、200个、300个、400个或至少500个核苷酸的比对区域内确定同一性百分比。

[0091] 在一方面，本发明提供了一种改进小麦植株的农艺学重要性状的方法，所述方法包括将内生植物以相对于源自于参考植株元素的植株来说有效地增加源自于所处理的植株元素的所述植株的产量的量异源安置至小麦植株元素，其中所述内生植物是突脐蠕孢属的成员且包含与选自由SEQ ID NO:60、61和62组成的组的多核苷酸序列97％、至少98％、至少99％或100％同一的至少一个多核苷酸序列，其中在至少100个、200个、300个、400个或至少500个核苷酸的比对区域内确定同一性百分比。

[0092] 在一方面，本发明提供了一种改进花生植株的农艺学重要性状的方法，所述方法包括将内生植物以相对于源自于参考植株元素的植株来说有效地增加源自于所处理的植株元素的所述植株的产量的量异源安置至花生植株元素，其中所述内生植物是突脐蠕孢属的成员且包含与选自由SEQ ID NO:60、61和62组成的组的多核苷酸序列至少97％、至少98％、至少99％或100％同一的至少一个多核苷酸序列，其中在至少100个、200个、300个、400个或至少500个核苷酸的比对区域内确定同一性百分比。

[0093] 在一方面，本发明提供了一种改进大豆植株的农艺学重要性状的方法，所述方法包括将内生植物以相对于源自于参考植株元素的植株来说有效地改进源自于所处理的植株元素的所述植株的选自由根面积、根长和根干重组成的组的农艺学重要性状的量异源安置至大豆植株元素，其中所述内生植物是附球菌属的成员且包含与选自由SEQ ID NO:63、64和71组成的组的多核苷酸序列至少97％、至少98％、至少99％或100％同一的至少一个多核苷酸序列，其中在至少100个、200个、300个、400个或至少500个核苷酸的比对区域内确定

同一性百分比。

[0094] 在一方面，本发明提供了一种改进花生植株的农艺学重要性状的方法，所述方法包括将内生植物以相对于源自于参考植株元素的植株来说有效地增加源自于所处理的植株元素的所述植株的产量的量异源安置至花生植株元素，其中所述内生植物是附球菌属的成员且包含与选自由SEQ ID NO:63、64和71组成的组的多核苷酸序列至少97％、至少98％、至少99％或100％同一的至少一个多核苷酸序列，其中在至少100个、200个、300个、400个或至少500个核苷酸的比对区域内确定同一性百分比。

[0095] 在一方面，本发明提供了一种改进水稻植株的农艺学重要性状的方法，所述方法包括将内生植物以相对于源自于参考植株元素的植株来说有效地增加源自于所处理的植株元素的所述植株的根长的量异源安置至水稻植株元素，其中所述内生植物是附球菌属的成员且包含与选自由SEQ ID NO:63、64和71组成的组的多核苷酸序列至少97％、至少98％、至少99％或100％同一的至少一个多核苷酸序列，其中在至少100个、200个、300个、400个或至少500个核苷酸的比对区域内确定同一性百分比。

[0096] 在一方面，本发明提供了一种改进小麦植株的农艺学重要性状的方法，所述方法包括将内生植物以相对于源自于参考植株元素的植株来说有效地增加源自于所处理的植株元素的所述植株的产量的量异源安置至小麦植株元素，其中所述内生植物是锥毛壳属的成员且包含与选自由SEQ ID NO:38、39、40和41组成的组的多核苷酸序列至少97％、至少98％、至少99％或100％同一的至少一个多核苷酸序列，其中在至少100个、200个、300个、400个或至少500个核苷酸的比对区域内确定同一性百分比。

[0097] 在一方面，本发明提供了一种改进油菜植株的农艺学重要性状的方法，所述方法包括将内生植物以相对于源自于参考植株元素的植株来说有效地增加源自于所处理的植株元素的所述植株的产量的量异源安置至油菜植株元素，其中所述内生植物是附球菌属的成员且包含与SEQ ID NO:70至少97％、至少98％、至少99％或100％同一的至少一个多核苷酸序列，其中所述油菜植株是品种Brett Young 552或其密切相关的品种，其中在至少100个、200个、300个、400个或至少500个核苷酸的比对区域内确定同一性百分比。

[0098] 在一方面，本发明提供了一种改进大豆植株的农艺学重要性状的方法，所述方法包括将内生植物以相对于源自于参考植株元素的植株来说有效地改进源自于所处理的植株元素的所述植株的选自由根面积、根长和产量组成的组的农艺学重要性状的量异源安置至大豆植株元素，其中所述内生植物是弯孢霉属的成员且包含与选自由SEQ ID NO:65和66组成的组的多核苷酸序列至少97％、至少98％、至少99％或100％同一的至少一个多核苷酸序列，其中在至少100个、200个、300个、400个或至少500个核苷酸的比对区域内确定同一性百分比。

[0099] 在一方面，本发明提供了一种改进小麦植株的农艺学重要性状的方法，所述方法包括将内生植物以相对于源自于参考植株元素的植株来说有效地增加源自于所处理的植株元素的所述植株的产量的量异源安置至小麦植株元素，其中所述内生植物是弯孢霉属的成员且包含与选自由SEQ ID NO:65和66组成的组的多核苷酸序列至少97％、至少98％、至少99％或100％同一的至少一个多核苷酸序列，其中在至少100个、200个、300个、400个或至少500个核苷酸的比对区域内确定同一性百分比。

[0100] 在一方面，本发明提供了一种改进大豆植株的农艺学重要性状的方法，所述方法

包括将内生植物以相对于源自于参考植株元素的植株来说有效地改进源自于所处理的植株元素的所述植株的选自由根面积、根长、干苗生物量和产量组成的组的农艺学重要性状的量异源安置至大豆植株元素，其中所述内生植物是弯孢霉属的成员且包含与选自由SEQ ID NO:42、43、44和45组成的组的多核苷酸序列至少97％、至少98％、至少99％或100％同一的至少一个多核苷酸序列，其中在至少100个、200个、300个、400个或至少500个核苷酸的比对区域内确定同一性百分比。

[0101] 在一方面，本发明提供了一种改进小麦植株的农艺学重要性状的方法，所述方法包括将内生植物以相对于源自于参考植株元素的植株来说有效地增加源自于所处理的植株元素的所述植株的产量的量异源安置至小麦植株元素，其中所述内生植物是弯孢霉属的成员且包含与选自由SEQ ID NO:42、43、44和45组成的组的多核苷酸序列至少97％、至少98％、至少99％或100％同一的至少一个多核苷酸序列，其中在至少100个、200个、300个、400个或至少500个核苷酸的比对区域内确定同一性百分比。

[0102] 在一方面，本发明提供了一种改进玉米植株的农艺学重要性状的方法，所述方法包括将内生植物以相对于源自于参考植株元素的植株来说有效地增加源自于所处理的植株元素的所述植株的产量的量异源安置至玉米植株元素，其中所述内生植物是枝孢霉属的成员且包含与SEQ ID NO:67至少97％、至少98％、至少99％或100％同一的至少一个多核苷酸序列，其中所述玉米植株元素是品种Stine 9734或其密切相关的品种，其中在至少100个、200个、300个、400个或至少500个核苷酸的比对区域内确定同一性百分比。

[0103] 在一方面，本发明提供了一种改进大豆植株的农艺学重要性状的方法，所述方法包括将内生植物以相对于源自于参考植株元素的植株来说有效地改进源自于所处理的植株元素的所述植株的选自由根面积、根长和产量组成的组的农艺学重要性状的量异源安置至大豆植株元素，其中所述内生植物是枝孢霉属的成员且包含与SEQ ID NO:67至少97％、至少98％、至少99％或100％同一的至少一个多核苷酸序列，其中在至少100个、200个、300个、400个或至少500个核苷酸的比对区域内确定同一性百分比。

[0104] 在一方面，本发明提供了一种改进小麦植株的农艺学重要性状的方法，所述方法包括将内生植物以相对于源自于参考植株元素的植株来说有效地增加源自于所处理的植株元素的所述植株的产量的量异源安置至小麦植株元素，其中所述内生植物是枝孢霉属的成员且包含与SEQ ID NO:67至少97％、至少98％、至少99％或100％同一的至少一个多核苷酸序列，其中在至少100个、200个、300个、400个或至少500个核苷酸的比对区域内确定同一性百分比。

[0105] 在一方面，本发明提供了一种改进油菜植株的农艺学重要性状的方法，所述方法包括将内生植物以相对于源自于参考植株元素的植株来说有效地增加源自于所处理的植株元素的所述植株的产量的量异源安置至油菜植株元素，其中所述内生植物是拟青霉属的成员且包含与SEQ ID NO:69至少97％、至少98％、至少99％或100％同一的至少一个多核苷酸序列，其中在至少100个、200个、300个、400个或至少500个核苷酸的比对区域内确定同一性百分比。

[0106] 在一方面，本发明提供了一种改进大豆植株的农艺学重要性状的方法，所述方法包括将内生植物以相对于源自于参考植株元素的植株来说有效地改进源自于所处理的植株元素的所述植株的选自由根面积、根长和产量组成的组的农艺学重要性状的量异源安置

至大豆植株元素，其中所述内生植物是枝顶孢霉属的成员且包含与选自由SEQ ID NO:46、47、48、49、50和51组成的组的多核苷酸序列至少97％、至少98％、至少99％或100％同一的至少一个多核苷酸序列，其中在至少100个、200个、300个、400个或至少500个核苷酸的比对区域内确定同一性百分比。

[0107] 在一方面，本发明提供了一种改进小麦植株的农艺学重要性状的方法，所述方法包括将内生植物以相对于源自于参考植株元素的植株来说有效地改进源自于所处理的植株元素的所述植株的选自由降低谷粒水分和增加产量组成的组的农艺学重要性状的量异源安置至小麦植株元素，其中所述内生植物是枝顶孢霉属的成员且包含与选自由SEQ ID NO:46、47、48、49、50和51组成的组的多核苷酸序列至少97％、至少98％、至少99％或100％同一的至少一个多核苷酸序列，其中在至少100个、200个、300个、400个或至少500个核苷酸的比对区域内确定同一性百分比。

[0108] 在一方面，本发明提供了一种改进花生植株的农艺学重要性状的方法，所述方法包括将内生植物以相对于源自于参考植株元素的植株来说有效地增加源自于所处理的植株元素的所述植株的产量的量异源安置至花生植株元素，其中所述内生植物是枝顶孢霉属的成员且包含与选自由SEQ ID NO:46、47、48、49、50和51组成的组的多核苷酸序列至少97％、至少98％、至少99％或100％同一的至少一个多核苷酸序列，且所述花生植株是品种Georgia-06G或其密切相关的品种，其中在至少100个、200个、300个、400个或至少500个核苷酸的比对区域内确定同一性百分比。

[0109] 在一方面，本发明提供了一种改进水稻植株的农艺学重要性状的方法，所述方法包括将内生植物以相对于源自于参考植株元素的植株来说有效地增加源自于所处理的植株元素的所述植株的干苗生物量的量异源安置至水稻植株元素，其中所述内生植物是枝顶孢霉属的成员且包含与选自由SEQ ID NO:46、47、48、49、50和51组成的组的多核苷酸序列至少97％、至少98％、至少99％或100％同一的至少一个多核苷酸序列，其中在至少100个、200个、300个、400个或至少500个核苷酸的比对区域内确定同一性百分比。

[0110] 在一方面，本发明提供了一种改进小麦植株的农艺学重要性状的方法，所述方法包括将第一内生植物和第二内生植物以相对于源自于参考植株元素的植株来说有效地改进源自于所处理的植株元素的所述植株的选自由株高、新鲜根重量和新鲜苗重量组成的农艺学重要性状的量异源安置至小麦植株元素，其中所述第一内生植物是枝顶孢霉属的成员且包含与选自由SEQ ID NO:46、47、48、49、50和51组成的组的多核苷酸序列至少97％、至少98％、至少99％或100％同一的至少一个多核苷酸序列，且所述第二内生植物是锥毛壳属的成员且包含与选自由SEQ ID NO:38、39、40和41组成的组的多核苷酸序列至少97％、至少98％、至少99％或100％同一的至少一个多核苷酸序列，其中在至少100个、200个、300个、400个或至少500个核苷酸的比对区域内确定同一性百分比。

[0111] 在一方面，本发明提供了一种改进水稻植株的农艺学重要性状的方法，所述方法包括将第一内生植物和第二内生植物以相对于源自于参考植株元素的植株来说有效地增加源自于所处理的植株元素的所述植株的产量的量异源安置至水稻植株元素，其中所述第一内生植物是枝顶孢霉属的成员且包含与选自由SEQ ID NO:46、47、48、49、50和51组成的组的多核苷酸序列至少97％、至少98％、至少99％或100％同一的至少一个多核苷酸序列，且所述第二内生植物是锥毛壳属的成员且包含与选自由SEQ ID NO:38、39、40和41组成的

组的多核苷酸序列至少97％、至少98％、至少99％或100％同一的至少一个多核苷酸序列，其中在至少100个、200个、300个、400个或至少500个核苷酸的比对区域内确定同一性百分比。

[0112] 在一方面，本发明提供了一种改进大豆植株的农艺学重要性状的方法，所述方法包括将内生植物以相对于源自于参考植株元素的植株来说有效地增加源自于所处理的植株元素的所述植株的产量的量异源安置至大豆植株元素，其中所述内生植物是枝孢霉属的成员且包含与SEQ ID NO:68至少97％、至少98％、至少99％或100％同一的至少一个多核苷酸序列，其中在至少100个、200个、300个、400个或至少500个核苷酸的比对区域内确定同一性百分比。

[0113] 在一方面，本发明提供了一种改进小麦植株的农艺学重要性状的方法，所述方法包括将内生植物以相对于源自于参考植株元素的植株来说有效地增加源自于所处理的植株元素的所述植株的产量的量异源安置至小麦植株元素，其中所述内生植物是枝孢霉属的成员且包含与SEQ ID NO:68至少97％、至少98％、至少99％或100％同一的至少一个多核苷酸序列，其中在至少100个、200个、300个、400个或至少500个核苷酸的比对区域内确定同一性百分比。

[0114] 在一方面，本发明提供了一种改进花生植株的农艺学重要性状的方法，所述方法包括将内生植物以相对于源自于参考植株元素的植株来说有效地增加源自于所处理的植株元素的所述植株的产量的量异源安置至花生植株元素，其中所述内生植物是枝孢霉属的成员且包含与SEQ ID NO:68至少97％、至少98％、至少99％或100％同一的至少一个多核苷酸序列且所述花生植株是品种AT-9899或其密切相关的品种，其中在至少100个、200个、300个、400个或至少500个核苷酸的比对区域内确定同一性百分比。

[0115] 在一方面，本发明提供了一种改进大豆植株的农艺学重要性状的方法，所述方法包括将第一内生植物和第二内生植物以相对于源自于参考植株元素的植株来说有效地增加源自于所处理的植株元素的所述植株的干根生物量的量异源安置至大豆植株元素，其中所述第一内生植物是附球菌属的成员且包含与选自由SEQ ID NO:63、64和71组成的组的多核苷酸序列至少97％、至少98％、至少99％或100％同一的至少一个多核苷酸序列，所述第二内生植物是毛壳菌属的成员且包含与选自由SEQ ID NO:52、53、54、55、56、57、58和59组成的组的多核苷酸序列至少97％、至少98％、至少99％或100％同一的至少一个多核苷酸序列，且大豆植株是品种Stine 33E22或其密切相关的品种，其中在至少100个、200个、300个、400个或至少500个核苷酸的比对区域内确定同一性百分比。

[0116] 在一方面，本发明提供了一种改进玉米植株的农艺学重要性状的方法，所述方法包括将内生植物以相对于源自于参考植株元素的植株来说有效地增加源自于所处理的植株元素的所述植株的产量的量异源安置至玉米植株元素，其中所述内生植物是毛壳菌属的成员且包含与选自由SEQ ID NO:52、53、54、55、56、57、58和59组成的组的多核苷酸序列至少97％、至少98％、至少99％或100％同一的至少一个多核苷酸序列，其中在至少100个、200个、300个、400个或至少500个核苷酸的比对区域内确定同一性百分比。

[0117] 在一方面，本发明提供了一种改进大豆植株的农艺学重要性状的方法，所述方法包括将内生植物以相对于源自于参考植株元素的植株来说有效地改进源自于所处理的植株元素的所述植株的选自由根面积、根长、干苗生物量和产量组成的组的农艺学重要性状

的量异源安置至大豆植株元素，其中所述内生植物是毛壳菌属的成员且包含与选自由SEQ ID NO:52、53、54、55、56、57、58和59组成的组的多核苷酸序列至少97％、至少98％、至少99％或100％同一的至少一个多核苷酸序列，其中在至少100个、200个、300个、400个或至少500个核苷酸的比对区域内确定同一性百分比。

[0118] 在一方面，本发明提供了一种改进小麦植株的农艺学重要性状的方法，所述方法包括将内生植物以相对于源自于参考植株元素的植株来说有效地改进源自于所处理的植株元素的所述植株的选自由根长和产量组成的组的农艺学重要性状的量异源安置至小麦植株元素，其中所述内生植物是毛壳菌属的成员且包含与选自由SEQ ID NO:52、53、54、55、56、57、58和59组成的组的多核苷酸序列至少97％、至少98％、至少99％或100％同一的至少一个多核苷酸序列，其中在至少100个、200个、300个、400个或至少500个核苷酸的比对区域内确定同一性百分比。

[0119] 在一方面，本发明提供了一种具农业化学活性的微生物制剂，所述微生物制剂包含至少一种油、表面活性剂、聚合物和微生物活性成分，其中所述微生物活性成分包含突脐蠕孢属的第一内生植物且包含与选自由SEQ ID NO:60、61和62组成的组的多核苷酸序列至少97％同一的至少一个多核苷酸序列。

[0120] 在一方面，本发明提供了一种具农业化学活性的微生物制剂，所述微生物制剂包含至少一种油、表面活性剂、聚合物和微生物活性成分，其中所述微生物活性成分包含附球菌属的第一内生植物且包含与选自由SEQ ID NO:63、64和71组成的组的多核苷酸序列至少97％同一的至少一个多核苷酸序列。

[0121] 在一方面，本发明提供了一种具农业化学活性的微生物制剂，所述微生物制剂包含至少一种油、表面活性剂、聚合物和微生物活性成分，其中所述微生物活性成分包含突脐蠕孢属的第一内生植物且包含与选自由SEQ ID NO:60、61和62组成的组的多核苷酸序列至少97％同一的至少一个多核苷酸序列，所述微生物活性成分进一步包含第二内生植物，其中所述第二内生植物属于毛壳菌属且包含与选自由SEQ ID NO:52、53、54、55、56、57、58和59组成的组的多核苷酸序列至少97％同一的至少一个多核苷酸序列。

[0122] 在一方面，本发明提供了一种具农业化学活性的微生物制剂，所述微生物制剂包含至少一种油、表面活性剂、聚合物和微生物活性成分，其中所述微生物活性成分包含锥毛壳属的第一内生植物且包含与选自由SEQ ID NO:38、39、40和41组成的组的多核苷酸序列至少97％同一的至少一个多核苷酸序列。

[0123] 在一方面，本发明提供了一种具农业化学活性的微生物制剂，所述微生物制剂包含至少一种油、表面活性剂、聚合物和微生物活性成分，其中所述微生物活性成分包含附球菌属的第一内生植物且包含与SEQ ID NO:70至少97％同一的至少一个多核苷酸序列。

[0124] 在一方面，本发明提供了一种具农业化学活性的微生物制剂，所述微生物制剂包含至少一种油、表面活性剂、聚合物和微生物活性成分，其中所述微生物活性成分包含弯孢霉属的第一内生植物且包含与选自由SEQ ID NO:42、43、44、45、65和66组成的组的多核苷酸序列至少97％同一的至少一个多核苷酸序列。

[0125] 在一方面，本发明提供了一种具农业化学活性的微生物制剂，所述微生物制剂包含至少一种油、表面活性剂、聚合物和微生物活性成分，其中所述微生物活性成分包含枝孢霉属的第一内生植物且包含与选自由SEQ ID NO:67和68组成的组的多核苷酸序列至少

97％同一的至少一个多核苷酸序列。

[0126] 在一方面，本发明提供了一种具农业化学活性的微生物制剂，所述微生物制剂包含至少一种油、表面活性剂、聚合物和微生物活性成分，其中所述微生物活性成分包含拟青霉属的第一内生植物且包含与SEQ ID NO:69至少97％同一的至少一个多核苷酸序列。

[0127] 在一方面，本发明提供了一种具农业化学活性的微生物制剂，所述微生物制剂包含至少一种油、表面活性剂、聚合物和微生物活性成分，其中所述微生物活性成分包含枝顶孢霉属的第一内生植物且包含与选自由SEQ ID NO:46、47、48、49、50和51组成的组的多核苷酸序列至少97％同一的至少一个多核苷酸序列。

[0128] 在一方面，本发明提供了一种具农业化学活性的微生物制剂，所述微生物制剂包含至少一种油、表面活性剂、聚合物和微生物活性成分，其中所述微生物活性成分包含枝孢霉属的第一内生植物且包含与选自由SEQ ID NO:67和68组成的组的多核苷酸序列至少97％同一的至少一个多核苷酸序列且其中所述微生物活性成分进一步包含第二内生植物，其中所述第二内生植物属于锥毛壳属且包含与选自由SEQ ID NO:38、39、40和41组成的组的多核苷酸序列至少97％同一的至少一个多核苷酸序列。

[0129] 在一方面，本发明提供了一种具农业化学活性的微生物制剂，所述微生物制剂包含至少一种油、表面活性剂、聚合物和微生物活性成分，其中所述微生物活性成分包含毛壳菌属的第一内生植物且包含与选自由SEQ ID NO:52、53、54、55、56、57、58和59组成的组的多核苷酸序列至少97％同一的至少一个多核苷酸序列。

[0130] 在一些实施方案中，所述制剂油包含油菜籽油、NEEM油或芥酸，或者包含除草或杀虫特性。在一些实施方案中，所述制剂表面活性剂是非离子型洗涤剂、Tween 20或Triton X-100。在一些实施方案中，所述制剂聚合物是FloRite®、DISCOTM或Kannar®Universal Wonder。在一些实施方案中，所述制剂微生物活性成分包含孢子悬浮液、喷雾干燥的孢子或全细胞肉汤。在一些实施方案中，所述制剂进一步包含以下中的一种或多种：杀真菌剂、杀线虫剂、杀菌剂、杀虫剂、除草剂、稳定剂、防腐剂、载体、抗络合剂或其任何组合。在一些实施方案中，所述制剂的内生植物是耐贮存的。

[0131] 在一方面，本发明提供了一种具农业化学活性的微生物制剂，所述微生物制剂包含至少一种油、表面活性剂、聚合物和微生物活性成分，其中所述微生物活性成分包含突脐蠕孢属的第一内生植物且包含与选自由SEQ ID NO:60、61和62组成的组的多核苷酸序列至少97％、至少98％、至少99％或100％同一的至少一个多核苷酸序列，其中在至少100个、200个、300个、400个或至少500个核苷酸的比对区域内确定同一性百分比。

[0132] 在一方面，本发明提供了一种具农业化学活性的微生物制剂，所述微生物制剂包含至少一种油、表面活性剂、聚合物和微生物活性成分，其中所述微生物活性成分包含附球菌属的第一内生植物且包含与选自由SEQ ID NO:63、64和71组成的组的多核苷酸序列至少97％、至少98％、至少99％或100％同一的至少一个多核苷酸序列，其中在至少100个、200个、300个、400个或至少500个核苷酸的比对区域内确定同一性百分比。

[0133] 在一方面，本发明提供了一种具农业化学活性的微生物制剂，所述微生物制剂包含至少一种油、表面活性剂、聚合物和微生物活性成分，其中所述微生物活性成分包含突脐蠕孢属的第一内生植物且包含与选自由SEQ ID NO:60、61和62组成的组的多核苷酸序列至少97％、至少98％、至少99％或100％同一的至少一个多核苷酸序列，所述微生物活性成分

进一步包含第二内生植物，其中所述第二内生植物属于毛壳菌属且包含与选自由SEQ ID NO:52、53、54、55、56、57、58和59组成的组的多核苷酸序列至少97％、至少98％、至少99％或100％同一的至少一个多核苷酸序列，其中在至少100个、200个、300个、400个或至少500个核苷酸的比对区域内确定同一性百分比。

[0134] 在一方面，本发明提供了一种具农业化学活性的微生物制剂，所述微生物制剂包含至少一种油、表面活性剂、聚合物和微生物活性成分，其中所述微生物活性成分包含锥毛壳属的第一内生植物且包含与选自由SEQ ID NO:38、39、40和41组成的组的多核苷酸序列至少97％、至少98％、至少99％或100％同一的至少一个多核苷酸序列，其中在至少100个、200个、300个、400个或至少500个核苷酸的比对区域内确定同一性百分比。

[0135] 在一方面，本发明提供了一种具农业化学活性的微生物制剂，所述微生物制剂包含至少一种油、表面活性剂、聚合物和微生物活性成分，其中所述微生物活性成分包含附球菌属的第一内生植物且包含与SEQ ID NO:70至少97％、至少98％、至少99％或100％同一的至少一个多核苷酸序列，其中在至少100个、200个、300个、400个或至少500个核苷酸的比对区域内确定同一性百分比。

[0136] 在一方面，本发明提供了一种具农业化学活性的微生物制剂，所述微生物制剂包含至少一种油、表面活性剂、聚合物和微生物活性成分，其中所述微生物活性成分包含弯孢霉属的第一内生植物且包含与选自由SEQ ID NO:42、43、44、45、65和66组成的组的多核苷酸序列至少97％、至少98％、至少99％或100％同一的至少一个多核苷酸序列，其中在至少100个、200个、300个、400个或至少500个核苷酸的比对区域内确定同一性百分比。

[0137] 在一方面，本发明提供了一种具农业化学活性的微生物制剂，所述微生物制剂包含至少一种油、表面活性剂、聚合物和微生物活性成分，其中所述微生物活性成分包含枝孢霉属的第一内生植物且包含与选自由SEQ ID NO:67和68组成的组的多核苷酸序列至少97％、至少98％、至少99％或100％同一的至少一个多核苷酸序列，其中在至少100个、200个、300个、400个或至少500个核苷酸的比对区域内确定同一性百分比。

[0138] 在一方面，本发明提供了一种具农业化学活性的微生物制剂，所述微生物制剂包含至少一种油、表面活性剂、聚合物和微生物活性成分，其中所述微生物活性成分包含拟青霉属的第一内生植物且包含与SEQ ID NO:69至少97％、至少98％、至少99％或100％同一的至少一个多核苷酸序列，其中在至少100个、200个、300个、400个或至少500个核苷酸的比对区域内确定同一性百分比。

[0139] 在一方面，本发明提供了一种具农业化学活性的微生物制剂，所述微生物制剂包含至少一种油、表面活性剂、聚合物和微生物活性成分，其中所述微生物活性成分包含枝顶孢霉属的第一内生植物且包含与选自由SEQ ID NO:46、47、48、49、50和51组成的组的多核苷酸序列至少97％、至少98％、至少99％或100％同一的至少一个多核苷酸序列，其中在至少100个、200个、300个、400个或至少500个核苷酸的比对区域内确定同一性百分比。

[0140] 在一方面，本发明提供了一种具农业化学活性的微生物制剂，所述微生物制剂包含至少一种油、表面活性剂、聚合物和微生物活性成分，其中所述微生物活性成分包含枝孢霉属的第一内生植物且包含与选自由SEQ ID NO:67和68组成的组的多核苷酸序列至少97％、至少98％、至少99％或100％同一的至少一个多核苷酸序列且其中所述微生物活性成分进一步包含第二内生植物，其中所述第二内生植物属于锥毛壳属且包含与选自由SEQ ID

NO:38、39、40和41组成的组的多核苷酸序列至少97％、至少98％、至少99％或100％同一的至少一个多核苷酸序列，其中在至少100个、200个、300个、400个或至少500个核苷酸的比对区域内确定同一性百分比。

[0141] 在一方面，本发明提供了一种具农业化学活性的微生物制剂，所述微生物制剂包含至少一种油、表面活性剂、聚合物和微生物活性成分，其中所述微生物活性成分包含毛壳菌属的第一内生植物且包含与选自由SEQ ID NO:52、53、54、55、56、57、58和59组成的组的多核苷酸序列至少97％、至少98％、至少99％或100％同一的至少一个多核苷酸序列，其中在至少100个、200个、300个、400个或至少500个核苷酸的比对区域内确定同一性百分比。

[0142] 在一方面，本发明提供了一种合成组合物，所述合成组合物包含植株元素和异源安置的内生植物，其中所述内生植物是突脐蠕孢属的成员且包含与选自由SEQ ID NO:60、61和62组成的组的多核苷酸序列至少97％同一的至少一个多核苷酸序列，其中所述合成组合物能够提供与未进一步包含所述内生植物的参考植株元素相比改进的农艺学重要性状。

[0143] 在一方面，本发明提供了一种合成组合物，所述合成组合物包含植株元素和异源安置的内生植物，其中所述内生植物是突脐蠕孢属的成员且包含与选自由SEQ ID NO:60、61和62组成的组的多核苷酸序列至少97％同一的至少一个多核苷酸序列，其中所述合成组合物能够提供与未进一步包含所述内生植物的参考植株元素相比改进的农艺学重要性状，其中所述植株元素是玉米植株元素且所述改进的农艺学重要性状是产量。

[0144] 在一方面，本发明提供了一种合成组合物，所述合成组合物包含植株元素和异源安置的内生植物，其中所述内生植物是突脐蠕孢属的成员且包含与选自由SEQ ID NO:60、61和62组成的组的多核苷酸序列至少97％同一的至少一个多核苷酸序列，其中所述合成组合物能够提供与未进一步包含所述内生植物的参考植株元素相比改进的农艺学重要性状，其中所述植株元素是大豆植株元素。

[0145] 在一方面，本发明提供了一种合成组合物，所述合成组合物包含植株元素和异源安置的内生植物，其中所述内生植物是突脐蠕孢属的成员且包含与选自由SEQ ID NO:60、61和62组成的组的多核苷酸序列至少97％同一的至少一个多核苷酸序列，其中所述合成组合物能够提供与未进一步包含所述内生植物的参考植株元素相比改进的农艺学重要性状，其中所述植株元素是选自由以下组成的组的大豆品种:Pfister 38R25、Dairyland DSR1808R2Y、Stine 3920和其密切相关的品种，且所述改进的农艺学重要性状是产量。

[0146] 在一方面，本发明提供了一种合成组合物，所述合成组合物包含植株元素和异源安置的内生植物，其中所述内生植物是突脐蠕孢属的成员且包含与选自由SEQ ID NO:60、61和62组成的组的多核苷酸序列至少97％同一的至少一个多核苷酸序列，其中所述合成组合物能够提供与未进一步包含所述内生植物的参考植株元素相比改进的农艺学重要性状，其中所述植株元素是小麦植株元素且所述改进的农艺学重要性状是产量。

[0147] 在一方面，本发明提供了一种合成组合物，所述合成组合物包含植株元素和异源安置的内生植物，其中所述内生植物是突脐蠕孢属的成员且包含与选自由SEQ ID NO:60、61和62组成的组的多核苷酸序列至少97％同一的至少一个多核苷酸序列，其中所述合成组合物能够提供与未进一步包含所述内生植物的参考植株元素相比改进的农艺学重要性状，其中所述植株元素是花生植株元素且所述改进的农艺学重要性状是产量。

[0148] 在一方面，本发明提供了一种合成组合物，所述合成组合物包含植株元素和异源

安置的内生植物，其中所述内生植物是突脐蠕孢属的成员且包含与选自由SEQ ID NO:60、61和62组成的组的多核苷酸序列至少97％同一的至少一个多核苷酸序列，其中所述合成组合物能够提供与未进一步包含所述内生植物的参考植株元素相比改进的农艺学重要性状，其中所述植株元素是选自由以下组成的组的花生品种:AT9899、FloRun 107、Georgia-06G、Tamnut OL06以及其密切相关的品种。

[0149] 在一方面，本发明提供了一种合成组合物，所述合成组合物包含植株元素和异源安置的内生植物，其中所述内生植物是附球菌属的成员且包含与选自由SEQ ID NO:63、64和71组成的组的多核苷酸序列至少97％同一的至少一个多核苷酸序列，其中所述合成组合物能够提供与未进一步包含所述内生植物的参考植株元素相比改进的农艺学重要性状。

[0150] 在一方面，本发明提供了一种合成组合物，所述合成组合物包含植株元素和异源安置的内生植物，其中所述内生植物是附球菌属的成员且包含与选自由SEQ ID NO:63、64和71组成的组的多核苷酸序列至少97％同一的至少一个多核苷酸序列，其中所述合成组合物能够提供与未进一步包含所述内生植物的参考植株元素相比改进的农艺学重要性状，其中所述植株元素是大豆植株元素且所述改进的农艺学重要性状是选自由根面积、根长和根干重组成的组。

[0151] 在一方面，本发明提供了一种合成组合物，所述合成组合物包含植株元素和异源安置的内生植物，其中所述内生植物是附球菌属的成员且包含与选自由SEQ ID NO:63、64和71组成的组的多核苷酸序列至少97％同一的至少一个多核苷酸序列，其中所述合成组合物能够提供与未进一步包含所述内生植物的参考植株元素相比改进的农艺学重要性状，其中所述植株元素是大豆品种Stine 33E22或其密切相关的品种。

[0152] 在一方面，本发明提供了一种合成组合物，所述合成组合物包含植株元素和异源安置的内生植物，其中所述内生植物是附球菌属的成员且包含与选自由SEQ ID NO:63、64和71组成的组的多核苷酸序列至少97％同一的至少一个多核苷酸序列，其中所述合成组合物能够提供与未进一步包含所述内生植物的参考植株元素相比改进的农艺学重要性状，其中所述植株元素是花生植株元素且所述改进的农艺学重要性状是产量。

[0153] 在一方面，本发明提供了一种合成组合物，所述合成组合物包含植株元素和异源安置的内生植物，其中所述内生植物是附球菌属的成员且包含与选自由SEQ ID NO:63、64和71组成的组的多核苷酸序列至少97％同一的至少一个多核苷酸序列，其中所述合成组合物能够提供与未进一步包含所述内生植物的参考植株元素相比改进的农艺学重要性状，其中所述植株元素是选自由品种FloRun 107、Georgia-06G和其密切相关的品种组成的组的花生植株元素且所述改进的农艺学重要性状是产量。

[0154] 在一方面，本发明提供了一种合成组合物，所述合成组合物包含植株元素和异源安置的内生植物，其中所述内生植物是附球菌属的成员且包含与选自由SEQ ID NO:63、64和71组成的组的多核苷酸序列至少97％同一的至少一个多核苷酸序列，其中所述合成组合物能够提供与未进一步包含所述内生植物的参考植株元素相比改进的农艺学重要性状，且进一步包含第二内生植物，其中所述第二内生植物属于毛壳菌属且包含与选自由SEQ ID NO:52、53、54、55、56、57、58和59组成的组的多核苷酸序列至少97％同一的至少一个多核苷酸序列，其中所述合成组合物能够提供与未进一步包含所述内生植物的参考植株元素相比改进的农艺学重要性状。

[0155] 在一方面，本发明提供了一种合成组合物，所述合成组合物包含植株元素和异源安置的内生植物，其中所述内生植物是附球菌属的成员且包含与选自由SEQ ID NO:63、64和71组成的组的多核苷酸序列至少97％同一的至少一个多核苷酸序列，其中所述合成组合物能够提供与未进一步包含所述内生植物的参考植株元素相比改进的农艺学重要性状，其中所述植株元素是大豆品种Stine 33E22且所述农艺学重要性状是干根生物量。

[0156] 在一方面，本发明提供了一种合成组合物，所述合成组合物包含植株元素和异源安置的内生植物，其中所述内生植物是锥毛壳属的成员且包含与选自由SEQ ID NO:38、39、40和41组成的组的多核苷酸序列至少97％同一的至少一个多核苷酸序列，其中所述合成组合物能够提供与未进一步包含所述内生植物的参考植株元素相比改进的农艺学重要性状。

[0157] 在一方面，本发明提供了一种合成组合物，所述合成组合物包含植株元素和异源安置的内生植物，其中所述内生植物是锥毛壳属的成员且包含与选自由SEQ ID NO:38、39、40和41组成的组的多核苷酸序列至少97％同一的至少一个多核苷酸序列，其中所述合成组合物能够提供与未进一步包含所述内生植物的参考植株元素相比改进的农艺学重要性状，其中所述植株元素是小麦植株元素且所述农艺学重要性状是产量。

[0158] 在一方面，本发明提供了一种合成组合物，所述合成组合物包含植株元素和异源安置的内生植物，其中所述内生植物是附球菌属的成员且包含与SEQ ID NO:70至少97％同一的至少一个多核苷酸序列，其中所述合成组合物能够提供与未进一步包含所述内生植物的参考植株元素相比改进的农艺学重要性状。

[0159] 在一方面，本发明提供了一种合成组合物，所述合成组合物包含植株元素和异源安置的内生植物，其中所述内生植物是附球菌属的成员且包含与SEQ ID NO:70至少97％同一的至少一个多核苷酸序列，其中所述合成组合物能够提供与未进一步包含所述内生植物的参考植株元素相比改进的农艺学重要性状，其中所述植株元素是油菜品种Brett Young 5525或其密切相关的品种。

[0160] 在一方面，本发明提供了一种合成组合物，所述合成组合物包含植株元素和异源安置的内生植物，其中所述内生植物是弯孢霉属的成员且包含与选自由SEQ ID NO:42、43、44、45、65和66组成的组的多核苷酸序列至少97％同一的至少一个多核苷酸序列，其中所述合成组合物能够提供与未进一步包含所述内生植物的参考植株元素相比改进的农艺学重要性状。

[0161] 在一方面，本发明提供了一种合成组合物，所述合成组合物包含植株元素和异源安置的内生植物，其中所述内生植物是弯孢霉属的成员且包含与选自由SEQ ID NO:42、43、44、45、65和66组成的组的多核苷酸序列至少97％同一的至少一个多核苷酸序列，其中所述合成组合物能够提供与未进一步包含所述内生植物的参考植株元素相比改进的农艺学重要性状，其中所述植株元素是大豆植株元素且所述农艺学重要性状选自由根面积、根长和产量组成的组。

[0162] 在一方面，本发明提供了一种合成组合物，所述合成组合物包含植株元素和异源安置的内生植物，其中所述内生植物是弯孢霉属的成员且包含与选自由SEQ ID NO:42、43、44、45、65和66组成的组的多核苷酸序列至少97％同一的至少一个多核苷酸序列，其中所述合成组合物能够提供与未进一步包含所述内生植物的参考植株元素相比改进的农艺学重要性状，其中所述植株元素是选自由Pfister 38R25、Stine 3920和其密切相关的品种组成

的组的大豆品种，且所述农艺学重要性状选自由根面积、根长和产量组成的组。

[0163] 在一方面，本发明提供了一种合成组合物，所述合成组合物包含植株元素和异源安置的内生植物，其中所述内生植物是弯孢霉属的成员且包含与选自由SEQ ID NO:42、43、44、45、65和66组成的组的多核苷酸序列至少97％同一的至少一个多核苷酸序列，其中所述合成组合物能够提供与未进一步包含所述内生植物的参考植株元素相比改进的农艺学重要性状，其中所述植株元素是小麦植株元素且所述农艺学重要性状是产量。

[0164] 在一方面，本发明提供了一种合成组合物，所述合成组合物包含植株元素和异源安置的内生植物，其中所述内生植物是弯孢霉属的成员且包含与选自由SEQ ID NO:42、43、44、45、65和66组成的组的多核苷酸序列至少97％同一的至少一个多核苷酸序列，其中所述合成组合物能够提供与未进一步包含所述内生植物的参考植株元素相比改进的农艺学重要性状，其中所述植株元素是选自由SDSU Focus、SDSU Select和其密切相关的品种组成的组的小麦品种，且所述农艺学重要性状是产量。

[0165] 在一方面，本发明提供了一种合成组合物，所述合成组合物包含植株元素和异源安置的内生植物，其中所述内生植物是枝孢霉属的成员且包含与SEQ ID NO:67至少97％同一的至少一个多核苷酸序列，其中所述合成组合物能够提供与未进一步包含所述内生植物的参考植株元素相比改进的农艺学重要性状。

[0166] 在一方面，本发明提供了一种合成组合物，所述合成组合物包含植株元素和异源安置的内生植物，其中所述内生植物是枝孢霉属的成员且包含与SEQ ID NO:67至少97％同一的至少一个多核苷酸序列，其中所述合成组合物能够提供与未进一步包含所述内生植物的参考植株元素相比改进的农艺学重要性状，其中所述植株元素是大豆植株元素且所述农艺学重要性状选自由根面积、根长和产量组成的组。

[0167] 在一方面，本发明提供了一种合成组合物，所述合成组合物包含植株元素和异源安置的内生植物，其中所述内生植物是枝孢霉属的成员且包含与SEQ ID NO:67至少97％同一的至少一个多核苷酸序列，其中所述合成组合物能够提供与未进一步包含所述内生植物的参考植株元素相比改进的农艺学重要性状，其中所述植株元素是选自由Pfister 38R25、Stine 3920和其密切相关的品种组成的组的大豆品种，且所述农艺学重要性状选自由根面积、根长和产量组成的组。

[0168] 在一方面，本发明提供了一种合成组合物，所述合成组合物包含植株元素和异源安置的内生植物，其中所述内生植物是枝孢霉属的成员且包含与选自由SEQ ID NO:67和68组成的组的多核苷酸序列至少97％同一的至少一个多核苷酸序列，其中所述合成组合物能够提供与未进一步包含所述内生植物的参考植株元素相比改进的农艺学重要性状。

[0169] 在一方面，本发明提供了一种合成组合物，所述合成组合物包含植株元素和异源安置的内生植物，其中所述内生植物是枝孢霉属的成员且包含与选自由SEQ ID NO:67和68组成的组的多核苷酸序列至少97％同一的至少一个多核苷酸序列，其中所述合成组合物能够提供与未进一步包含所述内生植物的参考植株元素相比改进的农艺学重要性状，其中所述植株元素是玉米植株元素且所述农艺学重要性状是产量。

[0170] 在一方面，本发明提供了一种合成组合物，所述合成组合物包含植株元素和异源安置的内生植物，其中所述内生植物是枝孢霉属的成员且包含与选自由SEQ ID NO:67和68组成的组的多核苷酸序列至少97％同一的至少一个多核苷酸序列，其中所述合成组合物能

够提供与未进一步包含所述内生植物的参考植株元素相比改进的农艺学重要性状,其中所述植株元素是玉米品种Stine 9734且所述农艺学重要性状是产量。

[0171] 在一方面,本发明提供了一种合成组合物,所述合成组合物包含植株元素和异源安置的内生植物,其中所述内生植物是枝孢霉属的成员且包含与选自由SEQ ID NO:67和68组成的组的多核苷酸序列至少97%同一的至少一个多核苷酸序列,其中所述合成组合物能够提供与未进一步包含所述内生植物的参考植株元素相比改进的农艺学重要性状,其中所述植株元素是大豆植株元素且所述农艺学重要性状选自由根面积、根长和产量组成的组。

[0172] 在一方面,本发明提供了一种合成组合物,所述合成组合物包含植株元素和异源安置的内生植物,其中所述内生植物是枝孢霉属的成员且包含与选自由SEQ ID NO:67和68组成的组的多核苷酸序列至少97%同一的至少一个多核苷酸序列,其中所述合成组合物能够提供与未进一步包含所述内生植物的参考植株元素相比改进的农艺学重要性状,其中所述植株元素是选自由Pfister 38R25、Stine 3920和其密切相关的品种组成的组的大豆品种且所述农艺学重要性状是产量。

[0173] 在一方面,本发明提供了一种合成组合物,所述合成组合物包含植株元素和异源安置的内生植物,其中所述内生植物是枝孢霉属的成员且包含与选自由SEQ ID NO:67和68组成的组的多核苷酸序列至少97%同一的至少一个多核苷酸序列,其中所述合成组合物能够提供与未进一步包含所述内生植物的参考植株元素相比改进的农艺学重要性状,其中所述植株元素是小麦植株元素且所述农艺学重要性状是产量。

[0174] 在一方面,本发明提供了一种合成组合物,所述合成组合物包含植株元素和异源安置的内生植物,其中所述内生植物是枝孢霉属的成员且包含与选自由SEQ ID NO:67和68组成的组的多核苷酸序列至少97%同一的至少一个多核苷酸序列,其中所述合成组合物能够提供与未进一步包含所述内生植物的参考植株元素相比改进的农艺学重要性状,其中所述植株元素是选自由SDSU Focus、SDSU Select和其密切相关的品种组成的组的小麦品种且所述农艺学重要性状是产量。

[0175] 在一方面,本发明提供了一种合成组合物,所述合成组合物包含植株元素和异源安置的内生植物,其中所述内生植物是枝孢霉属的成员且包含与选自由SEQ ID NO:67和68组成的组的多核苷酸序列至少97%同一的至少一个多核苷酸序列,其中所述合成组合物能够提供与未进一步包含所述内生植物的参考植株元素相比改进的农艺学重要性状,其中所述内生植物包含与SEQ ID NO:68至少97%同一的至少一个多核苷酸序列,所述植株元素是品种AT9899的花生,且所述农艺学重要性状是产量。

[0176] 在一方面,本发明提供了一种合成组合物,所述合成组合物包含植株元素和异源安置的内生植物,其中所述内生植物是拟青霉属的成员且包含与SEQ ID NO:69至少97%同一的至少一个多核苷酸序列,其中所述合成组合物能够提供与未进一步包含所述内生植物的参考植株元素相比改进的农艺学重要性状。

[0177] 在一方面,本发明提供了一种合成组合物,所述合成组合物包含植株元素和异源安置的内生植物,其中所述内生植物是拟青霉属的成员且包含与SEQ ID NO:69至少97%同一的至少一个多核苷酸序列,其中所述合成组合物能够提供与未进一步包含所述内生植物的参考植株元素相比改进的农艺学重要性状,其中所述植株元素是油菜品种NCC1015且所述农艺学重要性状是产量。

[0178] 在一方面，本发明提供了一种合成组合物，所述合成组合物包含植株元素和异源安置的内生植物，其中所述内生植物是枝顶孢霉属的成员且包含与选自由SEQ ID NO:46、47、48、49、50和51组成的组的多核苷酸序列至少97％同一的至少一个多核苷酸序列，且其中所述合成组合物能够提供与未进一步包含所述内生植物的参考植株元素相比改进的农艺学重要性状。

[0179] 在一方面，本发明提供了一种合成组合物，所述合成组合物包含植株元素和异源安置的内生植物，其中所述内生植物是枝顶孢霉属的成员且包含与选自由SEQ ID NO:46、47、48、49、50和51组成的组的多核苷酸序列至少97％同一的至少一个多核苷酸序列，且其中所述合成组合物能够提供与未进一步包含所述内生植物的参考植株元素相比改进的农艺学重要性状，其中所述植株元素是大豆植株元素且所述农艺学重要性状是干苗生物量。

[0180] 在一方面，本发明提供了一种合成组合物，所述合成组合物包含植株元素和异源安置的内生植物，其中所述内生植物是枝顶孢霉属的成员且包含与选自由SEQ ID NO:46、47、48、49、50和51组成的组的多核苷酸序列至少97％同一的至少一个多核苷酸序列，且其中所述合成组合物能够提供与未进一步包含所述内生植物的参考植株元素相比改进的农艺学重要性状，其中所述植株元素是小麦植株元素且所述农艺学重要性状是谷粒水分或产量。

[0181] 在一方面，本发明提供了一种合成组合物，所述合成组合物包含植株元素和异源安置的内生植物，其中所述内生植物是枝顶孢霉属的成员且包含与选自由SEQ ID NO:46、47、48、49、50和51组成的组的多核苷酸序列至少97％同一的至少一个多核苷酸序列，且其中所述合成组合物能够提供与未进一步包含所述内生植物的参考植株元素相比改进的农艺学重要性状，其中所述植株元素是小麦品种SDSU Select且所述农艺学重要性状是产量。

[0182] 在一方面，本发明提供了一种合成组合物，所述合成组合物包含植株元素和异源安置的内生植物，其中所述内生植物是枝顶孢霉属的成员且包含与选自由SEQ ID NO:46、47、48、49、50和51组成的组的多核苷酸序列至少97％同一的至少一个多核苷酸序列，且其中所述合成组合物能够提供与未进一步包含所述内生植物的参考植株元素相比改进的农艺学重要性状，其中所述植株元素是花生品种Georgia-06G且所述农艺学重要性状是产量。

[0183] 在一方面，本发明提供了一种合成组合物，所述合成组合物包含植株元素和异源安置的内生植物，其中所述内生植物是枝顶孢霉属的成员且包含与选自由SEQ ID NO:46、47、48、49、50和51组成的组的多核苷酸序列至少97％同一的至少一个多核苷酸序列，且其中所述合成组合物能够提供与未进一步包含所述内生植物的参考植株元素相比改进的农艺学重要性状，其中所述植株元素是水稻植株元素且所述农艺学重要性状是干苗生物量。

[0184] 在一方面，本发明提供了一种合成组合物，所述合成组合物包含植株元素和异源安置的内生植物，其中所述内生植物是枝顶孢霉属的成员且包含与选自由SEQ ID NO:46、47、48、49、50和51组成的组的多核苷酸序列至少97％同一的至少一个多核苷酸序列，且其中所述合成组合物能够提供与未进一步包含所述内生植物的参考植株元素相比改进的农艺学重要性状，且进一步包含第二内生植物，其中所述第二内生植物属于锥毛壳属且包含与选自由SEQ ID NO:38、39、40和41组成的组的多核苷酸序列至少97％同一的至少一个多核苷酸序列，其中所述合成组合物能够提供与未进一步包含所述内生植物的参考植株元素相比改进的农艺学重要性状。

[0185] 在一方面，本发明提供了一种合成组合物，所述合成组合物包含植株元素和异源安置的内生植物，其中所述内生植物是枝顶孢霉属的成员且包含与选自由SEQ ID NO:46、47、48、49、50和51组成的组的多核苷酸序列至少97％同一的至少一个多核苷酸序列，且其中所述合成组合物能够提供与未进一步包含所述内生植物的参考植株元素相比改进的农艺学重要性状，且进一步包含第二内生植物，其中所述第二内生植物属于锥毛壳属且包含与选自由SEQ ID NO:38、39、40和41组成的组的多核苷酸序列至少97％同一的至少一个多核苷酸序列，其中所述合成组合物能够提供与未进一步包含所述内生植物的参考植株元素相比改进的农艺学重要性状，其中所述植株元素是小麦植株元素且所述农艺学重要性状选自由株高、新鲜根重量和新鲜苗重量组成的组。

[0186] 在一方面，本发明提供了一种合成组合物，所述合成组合物包含植株元素和异源安置的内生植物，其中所述内生植物是枝顶孢霉属的成员且包含与选自由SEQ ID NO:46、47、48、49、50和51组成的组的多核苷酸序列至少97％同一的至少一个多核苷酸序列，且其中所述合成组合物能够提供与未进一步包含所述内生植物的参考植株元素相比改进的农艺学重要性状，且进一步包含第二内生植物，其中所述第二内生植物属于锥毛壳属且包含与选自由SEQ ID NO:38、39、40和41组成的组的多核苷酸序列至少97％同一的至少一个多核苷酸序列，其中所述合成组合物能够提供与未进一步包含所述内生植物的参考植株元素相比改进的农艺学重要性状，其中所述植株元素是水稻植株元素且所述农艺学重要性状是产量。

[0187] 在一方面，本发明提供了一种合成组合物，所述合成组合物包含植株元素和异源安置的内生植物，其中所述内生植物是毛壳菌属的成员且包含与选自由SEQ ID NO:52、53、54、55、56、57、58和59组成的组的多核苷酸序列至少97％同一的至少一个多核苷酸序列，其中所述合成组合物能够提供与未进一步包含所述内生植物的参考植株元素相比改进的农艺学重要性状。

[0188] 在一方面，本发明提供了一种合成组合物，所述合成组合物包含植株元素和异源安置的内生植物，其中所述内生植物是毛壳菌属的成员且包含与选自由SEQ ID NO:52、53、54、55、56、57、58和59组成的组的多核苷酸序列至少97％同一的至少一个多核苷酸序列，其中所述合成组合物能够提供与未进一步包含所述内生植物的参考植株元素相比改进的农艺学重要性状，其中所述植株元素是大豆植株元素且所述农艺学重要性状选自由根面积、根长、干苗生物量和产量组成的组。

[0189] 在一方面，本发明提供了一种合成组合物，所述合成组合物包含植株元素和异源安置的内生植物，其中所述内生植物是毛壳菌属的成员且包含与选自由SEQ ID NO:52、53、54、55、56、57、58和59组成的组的多核苷酸序列至少97％同一的至少一个多核苷酸序列，其中所述合成组合物能够提供与未进一步包含所述内生植物的参考植株元素相比改进的农艺学重要性状，其中所述植株元素是选自由Pfister 38R25、Stine 3920和其密切相关的品种组成的组的大豆品种，且所述农艺学重要性状是产量。

[0190] 在一方面，本发明提供了一种合成组合物，所述合成组合物包含植株元素和异源安置的内生植物，其中所述内生植物是毛壳菌属的成员且包含与选自由SEQ ID NO:52、53、54、55、56、57、58和59组成的组的多核苷酸序列至少97％同一的至少一个多核苷酸序列，其中所述合成组合物能够提供与未进一步包含所述内生植物的参考植株元素相比改进的农

艺学重要性状，其中所述植株元素是小麦植株元素且所述农艺学重要性状是根长或产量。

[0191] 在一方面，本发明提供了一种合成组合物，所述合成组合物包含植株元素和异源安置的内生植物，其中所述内生植物是毛壳菌属的成员且包含与选自由SEQ ID NO:52、53、54、55、56、57、58和59组成的组的多核苷酸序列至少97％同一的至少一个多核苷酸序列，其中所述合成组合物能够提供与未进一步包含所述内生植物的参考植株元素相比改进的农艺学重要性状，其中所述植株元素是选自由SDSU Focus、SDSU Select和其密切相关的品种组成的组的小麦品种且所述农艺学重要性状是产量。

[0192] 在一些实施方案中，本文中所述的任一合成组合物进一步包含植株元素是种子，任选地其中对所述种子进行了修饰。在一些实施方案中，其中所述改进的农艺学重要性状是在正常灌溉条件下赋予的。在一些实施方案中，所述植株元素被放置至促进植物生长的基质、任选地土壤中。在一些实施方案中，多个所述植株元素成排地放置至所述土壤中，其中每排内每个种子之间的间距基本上相等。

[0193] 在一些实施方案中，本文中所述的任一合成组合物进一步包含一种制剂，所述制剂包含以下中的一种或多种:稳定剂、防腐剂、载体、表面活性剂、防络合剂或其任何组合，和/或以下中的一种或多种:杀真菌剂、杀线虫剂、杀菌剂、杀虫剂或除草剂。在一些实施方案中，本文中所述的任一合成组合物被限制在选自由以下组成的组的物体内:瓶、罐、安瓿、包装、器皿、袋子、盒子、箱子、包封物、纸板箱、容器、筒仓、装运容器、车厢或箱体。在一些实施方案中，本文中所述的任一合成组合物是耐贮存的。

[0194] 在一方面，本发明提供了一种合成组合物，所述合成组合物包含植株元素和异源安置的内生植物，其中所述内生植物是突脐蠕孢属的成员且包含与选自由SEQ ID NO:60、61和62组成的组的多核苷酸序列至少97％、至少98％、至少99％或100％同一的至少一个多核苷酸序列，其中所述合成组合物能够提供与未进一步包含所述内生植物的参考植株元素相比改进的农艺学重要性状，其中在至少100个、200个、300个、400个或至少500个核苷酸的比对区域内确定同一性百分比。

[0195] 在一方面，本发明提供了一种合成组合物，所述合成组合物包含植株元素和异源安置的内生植物，其中所述内生植物是附球菌属的成员且包含与选自由SEQ ID NO:63、64和71组成的组的多核苷酸序列至少97％、至少98％、至少99％或100％同一的至少一个多核苷酸序列，其中所述合成组合物能够提供与未进一步包含所述内生植物的参考植株元素相比改进的农艺学重要性状，其中在至少100个、200个、300个、400个或至少500个核苷酸的比对区域内确定同一性百分比。

[0196] 在一方面，本发明提供了一种合成组合物，所述合成组合物包含植株元素和异源安置的内生植物，其中所述内生植物是锥毛壳属的成员且包含与选自由SEQ ID NO:38、39、40和41组成的组的多核苷酸序列至少97％、至少98％、至少99％或100％同一的至少一个多核苷酸序列，其中所述合成组合物能够提供与未进一步包含所述内生植物的参考植株元素相比改进的农艺学重要性状，其中在至少100个、200个、300个、400个或至少500个核苷酸的比对区域内确定同一性百分比。

[0197] 在一方面，本发明提供了一种合成组合物，所述合成组合物包含植株元素和异源安置的内生植物，其中所述内生植物是附球菌属的成员且包含与SEQ ID NO:70至少97％、至少98％、至少99％或100％同一的至少一个多核苷酸序列，其中所述合成组合物能够提供

与未进一步包含所述内生植物的参考植株元素相比改进的农艺学重要性状，其中在至少100个、200个、300个、400个或至少500个核苷酸的比对区域内确定同一性百分比。

[0198] 在一方面，本发明提供了一种合成组合物，所述合成组合物包含植株元素和异源安置的内生植物，其中所述内生植物是弯孢霉属的成员且包含与选自由SEQ ID NO:42、43、44、45、65和66组成的组的多核苷酸序列至少97％、至少98％、至少99％或100％同一的至少一个多核苷酸序列，其中所述合成组合物能够提供与未进一步包含所述内生植物的参考植株元素相比改进的农艺学重要性状，其中在至少100个、200个、300个、400个或至少500个核苷酸的比对区域内确定同一性百分比。

[0199] 在一方面，本发明提供了一种合成组合物，所述合成组合物包含植株元素和异源安置的内生植物，其中所述内生植物是枝孢霉属的成员且包含与SEQ ID NO:67至少97％、至少98％、至少99％或100％同一的至少一个多核苷酸序列，其中所述合成组合物能够提供与未进一步包含所述内生植物的参考植株元素相比改进的农艺学重要性状，其中在至少100个、200个、300个、400个或至少500个核苷酸的比对区域内确定同一性百分比。

[0200] 在一方面，本发明提供了一种合成组合物，所述合成组合物包含植株元素和异源安置的内生植物，其中所述内生植物是枝孢霉属的成员且包含与选自由SEQ ID NO:67和68组成的组的多核苷酸序列至少97％、至少98％、至少99％或100％同一的至少一个多核苷酸序列，其中所述合成组合物能够提供与未进一步包含所述内生植物的参考植株元素相比改进的农艺学重要性状，其中在至少100个、200个、300个、400个或至少500个核苷酸的比对区域内确定同一性百分比。

[0201] 在一方面，本发明提供了一种合成组合物，所述合成组合物包含植株元素和异源安置的内生植物，其中所述内生植物是拟青霉属的成员且包含与SEQ ID NO:69至少97％、至少98％、至少99％或100％同一的至少一个多核苷酸序列，其中所述合成组合物能够提供与未进一步包含所述内生植物的参考植株元素相比改进的农艺学重要性状，其中在至少100个、200个、300个、400个或至少500个核苷酸的比对区域内确定同一性百分比。

[0202] 在一方面，本发明提供了一种合成组合物，所述合成组合物包含植株元素和异源安置的内生植物，其中所述内生植物是枝顶孢霉属的成员且包含与选自由SEQ ID NO:46、47、48、49、50和51组成的组的多核苷酸序列至少97％、至少98％、至少99％或100％同一的至少一个多核苷酸序列，且其中所述合成组合物能够提供与未进一步包含所述内生植物的参考植株元素相比改进的农艺学重要性状，其中在至少100个、200个、300个、400个或至少500个核苷酸的比对区域内确定同一性百分比。

[0203] 在一方面，本发明提供了一种合成组合物，所述合成组合物包含植株元素和异源安置的内生植物，其中所述内生植物是毛壳菌属的成员且包含与选自由SEQ ID NO:52、53、54、55、56、57、58和59组成的组的多核苷酸序列至少97％、至少98％、至少99％或100％同一的至少一个多核苷酸序列，其中所述合成组合物能够提供与未进一步包含所述内生植物的参考植株元素相比改进的农艺学重要性状，其中在至少100个、200个、300个、400个或至少500个核苷酸的比对区域内确定同一性百分比。

[0204] 图式简要描述

[0205] 图1A展示如实施例29中所述生长的例示性水稻植株。左边的花盆含有未经处理的对照水稻植株。右边的花盆展示用MIC-68178处理的水稻植株。

[0206] 图2展示如实施例29中所述生长的例示性水稻植株的经过洗涤的根。未经处理的对照水稻植株的根在左边。用MIC-68178处理的水稻植株的根在右边。

[0207] 图3展示如实施例29中所述生长的大豆植株的例示性大豆根。未经处理的对照水稻植株的根在左边。用MIC-68178与MIC-33414的组合处理的大豆植株的根在右边。

[0208] 图4展示小麦品种SDSU Focus的谱系。

[0209] 图5展示小麦品种SDSU Select的谱系。

[0210] 发明详细说明

[0211] 如本文中所示，农业植株被异源安置至对植株存活、性能和特征有影响的共生微生物，称为内生植物，尤其是细菌和真菌。

[0212] 本文描述了能够在植株内生存或以其它方式异源安置至植株以改进植株特征的内生植物。本文描述了使用内生植物的方法，所述内生植物被异源安置至植株以赋予寄主植株以及寄主植株的不同植株元素新颖的特征。在一些实施方案中，内生植物组合物从植株或真菌来源分离和纯化，并异源安置于植株元素以赋予寄主植物改进的农艺学潜能和/或改进的农艺性状。在一些实施方案中，能够在植株内生存的内生植物从其天然来源分离和纯化，并异源安置于植株元素，例如手动、机械或人工地与植株元素组合，以赋予寄主植株或寄主植株的元素改进的农艺学潜能和/或改进的农艺性状。这类能够在植株内生存的内生植物在与植株元素组合前可以进一步操控或与额外元素组合。

[0213] 如本文所述，内生植物可以从异源、同源或工程化来源粗获得，任选地培养、手动、机械或人工地异源施加至植株元素，例如异源安置，且作为手动、机械或人工施加的结果，赋予多种有益的特性。鉴于本领域中在内生植物微生物分离方面观察到的变化性和先前观察到植株寄主组织的植株元素病原体定殖的效率低，这是令人意外的。

[0214] 部分地，本发明提供了能够在植株内生存的内生植物的制剂，和植株元素和/或幼苗与异源安置的内生植物的合成组合物和包含所述合成组合物的制剂的建立，以及认识到这类合成组合物显示农业植株和/或异源内生植物群体中存在的多种有益和意外的特性。有益特性包括(但不限于)代谢、转录本表达、蛋白质组改变、形态、对多种环境应力的适应和这类特性的任何组合。本发明还提供了使用本文所述的内生植物，有益于其异源安置的寄主植株的方法。

[0215] 定义

[0216] 除非另作说明，否则权利要求书和说明书中所用的术语如下所述定义。

[0217] 必须指出，除非上下文另外清楚规定，否则如说明书和随附权利要求书中所用，单数形式“一种(a/an)”和“所述”包括多个指示物。

[0218] “内生植物”是能够在植株元素(例如根围或叶围)上或在植株元素内生存，或在表面上与植株元素在物理上非常接近，例如根际，或例如在种子上生存的生物体。“有益”内生植物不会另外引起疾病或伤害寄主植株。内生植物可以占据植株组织的细胞内或细胞外空间，包括叶、茎、花、果实、种子或根。内生植物可以是例如细菌或真菌生物体，并能够赋予寄主植株有益的特性，例如增加产量、生物量、抗性或适应性。内生植物可以是真菌或细菌。如本文所用，术语“微生物”有时用于描述内生植物。

[0219] 内生植物“群体”或“内生植物群体”是指共享共同的遗传起源的一种或多种内生植物，例如单个内生植物的一种或多种繁殖体，即由单个挑选菌落长成的内生植物。在一些

实施方案中，群体是指相同分类的内生植物。在一些情况下，内生植物群体是指相同种属的一种或多种内生植物。在一些情况下，内生植物群体是指相同OTU的一种或多种内生植物。

[0220] “多种内生植物”意指两种或更多种类型的内生植物实体，例如细菌或真菌，或其组合。在一些实施方案中，两种或更多种类型的内生植物实体是两种或更多种个别的内生植物生物体，不管遗传起源或分类学关系如何。在一些实施方案中，两种或更多种类型的内生植物实体是两个或更多个内生植物群体。在其它实施方案中，两种或更多种类型的内生植物实体是两个或更多个内生植物物种。在其它实施方案中，两种或更多种类型的内生植物实体是两个或更多个内生植物种属。在其它实施方案中，两种或更多种类型的内生植物实体是两个或更多个内生植物家族。在其它实施方案中，两种或更多种类型的内生植物实体是两个或更多个内生植物目。在其它实施方案中，两种或更多种类型的内生植物实体是两个或更多个内生植物类别。在其它实施方案中，两种或更多种类型的内生植物实体是两个或更多个内生植物门。在一些实施方案中，多种是指三种或更多种内生植物，即不同的个别生物体或不同的遗传起源或分类的不同成员。在一些实施方案中，多种是指四种或更多种内生植物，即不同的个别内生植物生物体或不同的遗传起源或分类的不同成员。在一些实施方案中，多种是指五种或更多种、十种或更多种或甚至更大数目的不同的个别内生植物生物体或不同的遗传起源或分类的不同成员。在一些实施方案中，当描述内生植物超过一个的群体、物种、种属、家族、目、类别或门时，术语“同生群(consortium)”或“同生群(consortia)”可以用作与“多种”同义的集合名词。

[0221] 如本文所用，术语“微生物(microbe)”或“微生物(microorganism)”是指微生物的任何物种或分类群，包括(但不限于)古菌、细菌、微藻类、真菌(包括霉菌和酵母物种)、支原体、小孢子、纳米细菌、卵菌和原生动物。在一些实施方案中，微生物或微生物是内生植物，例如细菌或真菌内生植物，其能够在植株内生存。在一些实施方案中，微生物或微生物涵盖个别细胞(例如单细胞微生物)或超过一个细胞(例如多细胞微生物)。因此，“微生物群体”可以指单个微生物的多个细胞，其中细胞共享共同的遗传起源。

[0222] 如本文所用，术语“细菌(bacterium)”或“细菌(bacteria)”一般是指任何原核生物，且可以涉及从真细菌界(细菌)、古细菌界(古菌)或者两者。在一些情况下，细菌种属由于种种原因(例如但不限于全基因组测序的发展领域)而再分配，且应了解此类命名再分配在任何主张的种属的范围内。举例来说，欧文氏菌属(Erwinia)的某些物种已经在文献中描述为属于泛菌属(Pantoea)(Zhang,Y.和Qiu,S.Antonie van Leeuwenhoek(2015)108:1037)。

[0223] 术语16S是指细菌的16S核蛋白体RNA(rRNA)序列的DNA序列。16S rRNA基因测序是公认的用于研究细菌的发展史和分类学的方法。

[0224] 如本文所用，术语“真菌(fungus)”或“真菌(fungi)”一般是指来自真菌界的任何生物体。历史上已经根据形态呈现对真菌进行系统分类。从19世纪中期开始，认识到一些真菌具有多晶生命周期，且不同的命名法正用于相同真菌的不同形式。1981年，国际真菌学协会悉尼大会(Sydney Congress of the International Mycological Association)展示将真菌根据其状态命名为无性型、有性型或全形的规则(Taylor JW.One Fungus＝One Name:DNA and fungal nomenclature twenty years after PCR.IMA Fungus 2(2):113-120.2011.)。随着基因组测序的发展，显而易见，基于分子系统发生学的系统分类与基于形

态学的命名法一致(Shenoy BD,Jeewon R,Hyde KD.Impact of DNA sequence-data on the taxonomy of anamorphic fungi.Fungal Diversity 26(10)1-54.2007)。因此,2011年,国际植物学大会采用一项决议,其批准藻类、真菌和植物的国际命名代码(墨尔本代码(Melbourne Code))(藻类、真菌和植物的国际命名代码,第十八届国际植物学大会采用,澳大利亚墨尔本,2011年7月),其中所述结果为指定“一种真菌=一个名称”(Hawksworth DL.Managing and coping with names of pleomorphic fungi in a period of transition.IMA Fungus 3(1):15-24.2012.)。然而,分类学专家对所有真菌的习惯命名不一致,包括更新的分类学在内的所有现有的数据库和信息资源也是一样。因而,本文中提及的许多真菌可以通过其无性型描述,但应了解,基于相同的基因组测序,该真菌的任何多晶状态可以视为相同生物体。举例来说,链格孢属(Alternaria)是有性型李维菌属(Lewia)的无性型(Kwasna H和Kosiak B.Lewia avenicola sp.nov.and its Alternaria anamorph from oat grain,with a key to the species of Lewia.Mycol Res 2003;107(Pt 3):371-6.),因此应了解两者是具有相同DNA序列的相同生物体。举例来说,应了解,枝顶孢属(枝顶孢霉属)在文献中也报道为帚枝霉属(Sarocladium)以及多头束霉属(Tilachilidium)(Summerbell R.C.,C.Gueidan,H-J.Schroers3,G.S.de Hoog,M.Starink,Y.Arocha Rosete,J.Guarro和J.A.Scott.枝顶孢霉属phylogenetic overview and revision of Gliomastix,Sarocladium,and Trichothecium.Studies in Mycology 68:139-162.2011.)。举例来说,芽枝霉属(枝孢霉属)是有性型小戴卫霉属(Davidiella)的无性型(Bensch K,Braun U,Groenewald JZ,Crous PW.The genus Cladosporium.Stud Mycol.2012 Jun 15;72(1):1-401.),且应了解其描述相同生物体。在一些情况下,真菌种属已经由于种种原因而再分配,且应了解此类命名再分配在任何主张的种属的范围内。

[0225] “内部转录间隔区”(Internal Transcribed Spacer,ITS)是指位于染色体中或多顺反子rRNA前体转录本中的对应转录区中的小亚基核蛋白体RNA(rRNA)与大亚基(LSU)rRNA基因之间的间隔DNA(非编码DNA)。ITS基因测序是公认的用于研究真菌的发展史和分类学的方法。在一些情况下,“大亚基”(LSU)序列用于鉴定真菌。LSU基因测序是公认的用于研究真菌的发展史和分类学的方法。一些真菌内生植物可以通过ITS序列描述且一些可以通过LSU序列描述。应了解两者是同等描述和准确地确定分类学。

[0226] 如本文关于真菌和细菌所用,术语“标记基因”是指相关生物体中包含序列变异的保守基因,例如生物体的16S(细菌)或ITS(真菌)多核苷酸序列、fusA基因或独特基因组区域,通过其可以特别地鉴定微生物并分配分类学命名。在一些实施方案中,标记基因包括(但不限于)肌动蛋白、延伸因子G(fusA)、微管蛋白、RNA聚合酶II的最大亚基(RPB1)、长亚基rRNA基因(LSU)、RNA聚合酶II的第二最大亚基(RPB2)、小亚基rRNA基因(SSU)、磷酸甘油酸激酶、β-微管蛋白和其组合。

[0227] 在提及细菌或真菌时术语“病原体”和“病原性”包括能够引起或影响包含生物体的寄主的疾病、病症或病状的任何此类生物体。

[0228] “孢子”或“孢子”群体是指一般能存活,相比于相同细菌或真菌的其它形式对例如热和杀菌剂或杀真菌剂的环境影响更具有抗性,且典型地能够发芽和长出的细菌或真菌。“能够形成孢子”的细菌和真菌是包含在合适环境条件下产生孢子的基因和其它必要能力的那些细菌和真菌。

[0229] “生物量”意指在给定时间，植株组织、多个植株组织、整个植株或植株群体的总质量或重量(新鲜或干燥)。生物量通常作为每一单位面积的重量给出。术语也可能指群落中的所有植株或物种(群落生物量)。

[0230] 术语“分离”意图特别提及从其原始来源移出的生物体、细胞、组织、多核苷酸或多肽。

[0231] 如本文所用，分离的内生植物或微生物是已经从天然环境移出的内生植物或微生物。“纯培养物”或“分离的培养物”是其中存在的生物体仅仅属于一种具体的种属和物种的培养物。这与“混合培养物”形成对比，混合培养物是存在微生物的超过一种种属和/或物种的培养物。因而，术语“分离”不一定反映微生物已经纯化到的程度。微生物的“基本上纯培养物”是指基本上不含除所需内生植物或微生物外的其它内生植物或微生物的培养物。换句话说，基本上纯的内生植物或微生物培养物基本上不含可以包括微生物污染物的其它污染物。此外，如本文所用，“生物学上纯”意图指与在自然界中通常发现在一起的物质分离的内生植物或微生物。被异源安置至其它微生物或内生植物或与在自然界中通常未发现的化合物或物质一起异源安置的微生物或内生植物然而定义为“生物学上纯”。当然，单一培养物是“生物学上纯”的。如本文所用，术语分离微生物或内生植物的“富集培养物”是指含有超过50％、60％、70％、80％、90％或95％的分离内生植物或微生物的培养物。

[0232] “寄主植株”包括例如内生植物的微生物异源安置的任何植株，尤其是具有农艺重要性的植株。如本文所用，当微生物可以在植株或微生物的生命周期的至少一部分期间作为与植株或植株元素相关的内生植物存在时，称其定殖植株、植株元素或种子。在一些实施方案中，当在例如一天或多天、一周或多周、一个月或多个月或一年或多年的时间段内，可以在植株或植株元素内稳定地检测到内生植物时，称其“定殖”植株或植株元素。本文所述的一些组合物和方法包括有效定殖植株的量的多个微生物。

[0233] “非寄主目标”意指在接触包含内生植物的寄主植株之后，由于内生植物赋予寄主植株的特性而在某些方面有所改变的生物体或化合物。

[0234] 如本文所用，如果一核酸序列的序列与第二核酸序列类似，那么该核酸具有与第二核酸的“同源性”或与第二核酸“同源”。在核酸序列的背景下术语“同一性”、“同一性百分比”、“序列同一性百分比”或“同一”是指两个序列在为求最大对应而进行比对时其中相同的核苷酸。本领域中已知不同的可以用于测量核苷酸序列同一性的算法。核苷酸序列同一性可以通过局部或整体比对，优选执行最佳局部或最佳整体比对算法来测量。举例来说，可以执行Needleman-Wunsch算法产生整体比对(Needleman，S.B.和Wunsch，C.D.(1970)Journal of Molecular Biology.48(3)：443-53)。举例来说，可以执行Smith-Waterman算法产生局部比对(Smith T.F和Waterman，M.S.(1981)Journal of Molecular Biology.147(1)：195-197)。使用Needleman-Wunsch算法的最佳整体比对和使用Smith-Waterman算法的最佳局部比对在USEARCH，例如USEARCH版本v8.1.1756_i86osx32中执行。

[0235] 缺口是比对的一个区域，其中序列不与比对的另一序列中的位置对准。在整体比对中，在计算同一性前排除末端缺口染。对于局部与整体比对，内部缺口算作差异。末端缺口是从比对的序列的末端开始的其中该序列末端位置中的核苷酸不与比对的另一序列中的核苷酸位置对应的区域，并且延续该序列中其中该序列的核苷酸不与比对的另一序列中的核苷酸位置对应的所有相邻位置。内部缺口是比对中在3’和5’末端上由比对的序列同一

的位置侧接的缺口。

[0236] 在一些实施方案中，待比对的核酸序列是完整的基因。在一些实施方案中，待比对的核酸序列是基因片段。在一些实施方案中，待比对的核酸序列是基因间的序列。在一个优选的实施方案中，在比对的区域占查询序列长度的至少85％的情况下，从序列比对推断同源性。

[0237] 当提及核酸或其片段时，术语“基本上同源”或“基本上类似”指示当在适当核苷酸插入或缺失下与另一核酸(或其互补链)最佳比对时，比对的位置存在至少约76％、80％、85％或至少约90％或至少约95％、96％、至少97％、98％、99％或100％的核苷酸序列同一性，其中比对的区域占查询序列长度的至少约50％、60％、70％、75％、85％或至少约90％或至少约95％、96％、97％、98％、99％或100％。在一个优选的实施方案中，比对的区域含有至少100个位置，包括任何内部缺口。在一些实施方案中，比对的区域包含查询序列的至少100个核苷酸。在一些实施方案中，比对的区域包含查询序列的至少200个核苷酸。在一些实施方案中，比对的区域包含查询序列的至少300个核苷酸。在一些实施方案中，比对的区域包含查询序列的至少400个核苷酸。在一些实施方案中，比对的区域包含查询序列的至少500个核苷酸。在一些实施方案中，查询序列是选自由SEQ ID NO 38-59组成的组。

[0238] 如本文所用，术语“操作分类单位”、“OTU”、“分类群”、“分级簇”和“簇”可互换使用。操作分类单元(OTU)是指一组包含聚类树的节点的一个或多个生物体。簇的水平由其层级秩序决定。在一些实施方案中，OTU是暂时被假定为有效分类群以进行系统发生分析的组。在另一个实施方案中，OTU是在研究中的任一现存的分类单元。在又一个实施方案中，OTU以名称和等级给出。举例来说，OTU可以表示域、亚域、界、亚界、门、亚门、纲、亚纲、目、亚目、科、亚科、属、亚属或种。在一些实施方案中，OTU可以表示来自界真细菌、细菌、原生生物或真菌的在层级秩序的任何水平下的一种或多种生物体。在一些实施方案中，OTU表示原核或真菌目。

[0239] 在一些实施方案中，本发明涵盖包含植株元素、幼苗或整个植株和内生植物群体的组合的合成组合物，其中所述内生植物群体是“异源安置”的。在一些实施方案中，当合成组合物的一种或多种内生植物用机械方法或手动施加、人工接种或安置至植株元素、幼苗植株上或植株元素、幼苗植株中或者植物生长培养基上或植物生长培养基中或者治疗制剂上或治疗制剂中时，其是异源安置的，使得内生植物以在施加一种或多种内生植物前在自然界中未发现的方式存在于所述植株元素、幼苗、植株、植物生长培养基或治疗制剂上或植株元素、幼苗、植株、植物生长培养基或治疗制剂中，例如在自然界中未发现所述组合。在一些实施方案中，预期此类方式选自由以下组成的组：存在内生植物；内生植物存在于不同数目的细胞、浓度或量；内生植物存在于植株中或植株上不同的植株元素、组织、细胞类型或其它实际位置中；内生植物存在于不同时间段，例如植株或植株元素的发育期、一天中的时间、一季的时间和其组合。在一些实施方案中，当相比于天然发现一种或多种内生植物的情况下，一种或多种内生植物人工接种，例如手动或用机械方法接种，或人工施加，例如手动或用机械方法施加至不同的植株元素或在不同的发育阶段施加，或以浓度、数目或量大于在所述植株元素、幼苗或植株中或所述植株元素、幼苗或植株上天然发现的浓度、数目或量存在时，合成组合物的一种或多种内生植物是异源安置的。在一些实施方案中，”异源安置“是指与所述内生植物通常相关联的寄主植株类型相比内生植物与接种的寄主植株之间的

关系。在一个实例中，用于合成组合物中的内生植物可以从相同品种的不同个别植株，例如其异源安置的寄主接种植株获得，从不同品种但相同属和种的植株、不同栽培品种的植株或不同属的植株获得。在一个实施方案中，内生植物是从不同于接种植株的植株分离的内生植物微生物。举例来说，在一个实施方案中，内生植物是从与接种植株相同物种的不同植株分离的内生植物。在一些情况下，内生植物从与接种植株有关的物种分离。在另一个实例中，用于合成组合物中的内生植物可以从相同品种的不同个别植株处获得，每个植株经受不同的生长条件。举例来说，源自于一种品种受干旱影响的植株的内生植物可以进行分离并涂布至源自于相同品种的植株但未经受干旱的植株元素上。在此类情况下，内生植物被认为是异源安置至其被手动、用机械方法或人工施加至的植株元素。在一些实施方案中，“异源安置”意指施加至与其中天然发现微生物的组织或细胞类型不同的植株元素的组织或细胞类型。在一些实施方案中，如果通常在植株的开花期发现内生植物而非幼苗期，那么内生植物被异源安置在幼苗上。在一些实施方案中，内生植物被异源安置，通常在植株元素的根组织而非叶组织中发现内生植物，且内生植物施加于叶。在又一个非限制性实例中，如果在叶组织的叶肉层中天然发现内生植物但正施加至上皮层，那么内生植物将视为是异源安置的。在一些实施方案中，“异源安置”意指天然植株元素、幼苗或植株在相同的植株元素、幼苗或植株中不含可检测的水平的微生物。举例来说，如果所述植株元素或幼苗或植株不天然地具有异源安置至其的内生植物且施加内生植物，那么内生植物将视为是异源安置的。在一些实施方案中，“异源安置”意指内生植物施加至植株元素、幼苗或植株的浓度、数目或量超过自然界中在所述植株元素、幼苗或植株中发现的浓度、数目或量。举例来说，当内生植物以比在所述内生植物安置前存在的浓度大至少1.5倍、1.5倍与2倍之间、2倍、2倍与3倍之间、3倍、3倍与5倍之间、5倍、5倍与7倍之间、7倍、7倍与10倍之间、10倍或甚至超过10倍的数目、量或浓度存在时其是异源安置的。在一些实施方案中，“异源安置”意指内生植物施加于植株元素、幼苗或植株的发育阶段，其中在自然界中未发现所述内生植物，但在其它阶段可能相关联。在一些实施方案中，“异源安置”意指在不同于通常发现的环境条件(例如但不限于：不同的土壤pH值、不同的平均气温、不同的土壤温度、不同的降雨条件、不同的土壤养分组成或不同的环境盐度)下从植株或植株元素分离内生植物。在一个实例中，如果通常在植株的开花期发现内生植物而其它阶段没有，那么在幼苗期施加的内生植物可以视为是异源安置的。在另一个实例中，通常异源安置至植株的叶组织的内生植物被认为对天然缺乏所述内生植物的另一植株的叶组织来说是异源的。在另一个实例中，通常在植株中发现低水平的内生植物在较高浓度的内生植物引入植株中时被认为对该植株来说是异源的。在又一个实例中，被异源安置至热带草物种的内生植物将被认为对天然缺乏所述内生植物的不同的草物种来说是异源的。

[0240] 在植株或植株元素生长或发育期间的一些时刻(包括营养期或生殖期)“接种”的植株或植株元素人工地引入异源内生植物。在一些实施方案中，异源内生植物短暂或永久地掺入植株或植株元素中，并使用本领域中已知或本文所述的方法可检测。在一些实施方案中，通过手动或用机械方法使种子与包含所述内生植物的制剂接触，将种子接种内生植物，所述内生植物在种子中或种子上可检测。在一些实施方案中，如果植株由自身手动或用机械方法与包含内生植物的制剂接触的生殖元素(例如种子)长成，那么称其用所述内生植物接种，随后能够在植株中或在植株上检测到所述内生植物。在一些实施方案中，如果植株

元素(例如叶、茎或根)手动或用机械方法与包含内生植物的制剂接触,那么称植株用所述内生植物(如果有一种或多种)接种,随后能够在最初与所述制剂接触的相同植株元素中或在该植株的不同植株元素中检测到所述内生植物。术语“接种”还可以指内生植物群体与任何物质的手动或机械接触,在接触内生植物后能够在所述物质中或在所述物质上检测到所述内生植物。在一个实例中,所述物质是土壤或其它的植物生长培养基。在另一个实例中,所述物质是保存培养基,例如丙三醇。在一些情况下,“接种”可以指内生植物群体与非植株活生物、例如但不限于昆虫或真菌接触。

[0241] 术语“等值线”是比较术语,且涉及基因相同但在处理方面可以不同的生物体。在一个实例中,两个基因相同的玉蜀黍植株胚芽可以分成两个不同的组,一组接受处理(例如用异源多核苷酸转化,以建立遗传修饰的植株),且一组是不接受这类处理的对照物,例如参考。因此,两组之间的任何表型差异只能归因于处理,而非植株的基因组成的任何基本属性。在另一个实例中,两个基因相同的大豆种子可以用制剂处理,一个引入内生植物组合物,而另一个则没有。源自于那些种子(例如由其长成或从其获得)的植株之间的任何表型差异可以归因于内生植物处理,因此形成等值线比较。

[0242] 类似地,术语“参考农业植株”意指施用/接触如本文所述的处理、制剂、组合物或内生植物制剂的相同物种、品种或栽培品种的农业植株。因此,除存在内生植物外,参考农业植株与所处理的植株相同,并可以用作检测内生植物赋予植株的作用的对照物。在一些实施方案中,短语“参考等值线植株”在本文中用以描述相比于所处理的植株,基因相同并经受相同条件的参考植株,即对照植株。

[0243] “参考环境”是指在其中进行测量的植株的环境、处理或条件。举例来说,被异源安置至内生植物的植株中化合物的产生可以在干旱胁迫的参考环境中进行测量,并与干旱胁迫的相同条件下参考农业植株中化合物的水平相比较。可替代地,被异源安置至内生植物的植株和参考农业植株中的化合物的水平可以在无胁迫的相同条件下测量。

[0244] “植株元素”意图一般地提及整个植株或者植株组分,包括但不限于植株组织、部分和细胞类型。植株元素优选是以下中的一种:整个植株、幼苗、分生组织、基本组织、维管组织、皮组织、种子、叶、根、苗、茎、花、果实、匍匐枝、球茎、块茎、球根、无性繁殖植株(keikis)、苗、芽。如本文所用,“植株元素”与植株的“部分”同义,且是指植株的任何一部分,且可以包括不同的组织和/或器官,并可以通篇与术语“组织”互换使用。

[0245] 类似地,“植株生殖元素”意图一般地提及能够经由植株的有性或无性生殖开启其它植株的植株的任何一部分,例如但不限于:种子、幼苗、根、苗、插枝、接穗、嫁接物、匍匐枝、球茎、块茎、球根、无性繁殖植株或芽。

[0246] 如本文所用,“子代种子”是指由经内生植物接种或异源安置了内生植物的寄主植株产生的种子。举例来说,在本发明中,种子、植株元素或整个植株可以异源安置至内生植物,且由所述种子长成的植株或与所述内生植物以异源相关的方式生长的植株本身可以产生营养组成与从不是由异源安置至内生植物的植株元素长成的植株获得或从在生命周期中的一些时刻异源安置至内生植物的亲本(寄主)植株获得的种子相比有所改变的子代种子。一般意义上,短语“子代种子”可以解释为表示由寄主植株产生的能够变成该相同植株物种的另一个体的任何植株繁殖单元。

[0247] 植株“群体”是指属于相同分类范畴、典型地属于相同物种而且还典型地共享共同

的遗传起源的超过一个植株。

[0248] 如本文所用，“农业种子”是用于长成典型地用于农业中的植株(“农业植株”)的种子。种子可以是单子叶植植株，且可以种植用于产生农产品，例如饲料、食物、纤维、燃料、工业用途等等。如本文所用，农业种子是准备种植在例如农场中进行生长的种子。

[0249] “农业植株”或“农艺学重要植株”包括由人培养的为了获得食物、饲料、纤维、燃料和/或达成工业目的的植株。在一些实施方案中，根据本发明处理的植株(包括种子和其它植株元素)是单子叶植物。在一些实施方案中，根据本发明处理的植株(包括种子或其它植株元素)是除棉花和高粱外的双子叶植物。在一些实施方案中，根据本发明处理的植株包括(但不限于)：农业用地、农业草场或其它农作物：小麦、水稻、大麦、荞麦、豆(大豆、食荚菜豆、干菜豆)、玉米(颗粒、种子、甜玉米、青贮料、爆米花、高油玉米)、油菜、豌豆(干豌豆、多汁豌豆)、花生、红花、向日葵、苜蓿干草、饲草作物(苜蓿、三叶草、野豌豆和车轴草)、浆果和小果类(黑莓、蓝莓、黑醋栗、接骨木果、醋栗、越橘类、大杨莓、覆盆子、草莓、香蕉和葡萄)、球茎作物(大蒜、韭菜、洋葱、青葱和观赏球茎)、柑桔类水果(柑桔杂交种、葡萄柚、金橘、新品种、橙和柚子)、葫芦科植物(黄瓜、甜瓜、葫芦、南瓜和西葫芦)、花、花坛植物、观赏植物、果菜类(茄子、甜椒和辣椒、粘果酸浆和番茄)、草本植物、香料、薄荷、水培作物(黄瓜、番茄、莴苣、草本植物和香料)、叶菜类和甘蓝类作物(芝麻菜、芹菜、山萝卜、菊苣、茴香、莴苣(头和叶)、欧芹、红菊苣、大黄、菠菜、厚皮菜、茎椰菜、孢子甘蓝、卷心菜、花椰菜、羽衣甘蓝、不结球甘蓝、大头菜和芥菜叶)、芦笋、豆科植物和农作物(食荚菜豆和干菜豆、小扁豆、多汁豌豆和干豌豆以及花生)、仁果类(梨和榲桲)、根用作物(甜菜、糖用甜菜、红甜菜、胡萝卜、块根芹、菊苣、辣根、欧洲防风草、萝卜、婆罗门参和芜菁)、落叶树(枫树和橡树)、松树、黑麦、小麦、小米、核果类(杏、樱桃、油桃、桃、李和干梅子)、木本坚果(杏仁、山毛榉坚果、巴西坚果、灰胡桃、腰果、栗子、榛子、山核桃、夏威夷坚果、美国山核桃、阿月浑子和胡桃)和块茎作物(马铃薯、甘薯、山药、朝鲜蓟、木薯和姜)。在一个具体实施方案中，农业植株选自由以下组成的组：水稻(稻和相关品种)、大豆(大豆和相关品种)、小麦(小麦和相关品种)、玉米(玉蜀黍和相关品种)、花生(花生(Arachis hypogaea)和相关品种)、油菜(芜菁甘蓝(Brassica napus)、芜菁(Brassica rapa)和相关品种)、咖啡(咖啡属(Coffea spp.))、可可(可可(Theobroma cacao))、甜瓜和番茄(番茄(Solanum lycopsersicum)和相关品种)。

[0250] “密切相关的品种”包含与植株品种共同的遗传起源。在一些实施方案中，密切相关的品种具有至少一个与植株品种共同的祖本品系。在一些实施方案中，密切相关的品种具有至少一个与植株品种共同的母本品系。在一些实施方案中，密切相关的品种具有至少60％、70％、80％、90％、91％、92％、93％、94％、95％、96％、97％、98％、99％、99.5％、99.7％、99.9％、99.99％的在植株品种中检测到的相同SNP。在一些实施方案中，密切相关的品种具有至少1个、至少2个、至少3个、至少4个、至少5个、至少6个、至少7个、至少8个、至少9个、至少10个、至少11个、至少12个、至少13个、至少14个、至少15个、至少16个、至少17个、至少18个、至少19个或20个或更多个在植株品种中检测到的相同SNP。在一些实施方案中，密切相关的品种具有至少20个、至少30个、至少40个、至少50个、至少60个、至少70个、至少80个、至少90个、至少100个、至少200个、至少300个、至少400个、至少500个、至少600个、至少700个、至少800个、至少900个或100个或更多在植株品种中检测到的相同SNP。在一些实施方案中，密切相关的品种具有至少1000个、至少2000个、至少3000个、至少4000个、至少

5000个、至少6000个、至少7000个、至少8000个、至少9000个或10000个或更多个在植株品种中检测到的相同SNP。在一些实施方案中，密切相关的品种具有至少10000个、至少20000个、至少30000个、至少40000个、至少50000个、至少60000个、至少70000个、至少80000个、至少90000个或100000个或更多个在植株品种中检测到的相同SNP。

[0251] “合成组合物”包含一种或多种内生植物，所述一种或多种内生植物在人的努力下与异源安置的植株元素或处理制剂组合，所述组合是在自然界中未发现的。在一些实施方案中，术语“合成组合物”意指在人的努力下与分离的经过纯化的内生植物组合物组合的一种或多种植株元素或制剂组分。在一些实施方案中，所述经过纯化的内生植物组合物以在经过纯化的内生植物组合物施加前在植株元素上或植株元素中未发现其，例如所述组合或联合是在自然界中未发现的方式，用机械方法或手动施加、人工接种或安置在植株元素上。

[0252] 在一些实施方案中，“合成组合物”用于指包含分离的经过纯化的被异源安置至植株元素的内生植物群体的处理制剂。在一些实施方案中，“合成组合物”是指包含在自然界中未发现与所述内生植物一起的其它组合物的处理制剂中纯化的内生植物群体。

[0253] “处理制剂”是指有助于内生植物组合物的稳定性、存储和/或施加的化学物质的混合物。处理制剂可以包含如下任一种或多种剂：表面活性剂、缓冲剂、粘合剂、微生物稳定剂、杀真菌剂、防络合剂、除草剂、杀线虫剂、杀虫剂、植物生长调节剂、灭鼠剂、干燥剂、养分、赋形剂、润湿剂、盐。

[0254] 在一些实施方案中，“农业上相容的载体”可以用于配制农业制剂或包括经过纯化的内生植物制剂的其它组合物。如本文所用，“农业上相容的载体”是指除水以外的可以加入植株元素中而对植株元素(例如减少种子发芽)或由所述植株元素长成的植株等未引起或无副作用的任何物质。

[0255] “植株健康”体现在与参考植株或植株元素相比在植株或植株元素中发现农艺学重要形状存在或改进。本文中的组合物和方法可以为寄主植株提供相比于源自于种子但无所述种子处理制剂的参考植物来说改进的“农艺特性”或“农艺学重要性状”，包括(但不限于)疾病抗性、耐旱性、耐热性、耐寒性、耐盐性、耐金属性、耐除草剂性、提高用水效率、改善氮利用、改善固氮作用、抗虫性、抗草食动物性、抗病原体性、提高产量、增强健康、提升活力、改善生长、提高光合作用能力、增强营养、改变蛋白质含量、改变含油量、增加生物量、增加苗长、增加根长、增加根面积、改进根构造、调节代谢物、调节蛋白质组、增加种子重量、改变种子碳水化合物组成、改变种子油组成、改变种子蛋白质组成、改变种子养分组成以及其组合。

[0256] 在一些实施方案中，处理是以有效改进农艺学重要形状的量异源安置在植株元素上。在一些实施方案中，能够改善植株健康的处理以相比于未进一步包含所述内生植物的参考植株元素来说有效改进农艺学重要形状或耐性达至少0.1％、至少0.5％、至少1％、至少2％、至少3％、介于3％与5％之间、至少5％、介于5％与10％之间、至少10％、介于10％与15％之间，例如至少15％、介于15％与20％之间、至少20％、介于20％与30％之间、至少30％、介于30％与40％之间、至少40％、介于40％与50％之间、至少50％、介于50％与60％之间、至少60％、介于60％与75％之间、至少75％、介于75％与100％之间、至少100％、介于100％与150％之间、至少150％、介于150％与200％之间、至少200％、介于200％与300％之间、至少300％或更多的量施加。

[0257] 在一些实施方案中，农艺学重要形状的改进通过“胜率”来测量。胜率是其中处理展示相对于参考重复实验改进农艺学重要形状的重复实验的比例。在一些实施方案中，重复实验是个别的植株。在一些实施方案中，重复实验是地块，例如随机化的完整区块设计田间试验内的重复地块。在一些实施方案中，重复实验是在不同的地形进行的田间试验。

[0258] 在一些实施方案中，内生植物能够以在所处理的植株元素上或植株元素中检测到的如下浓度改进农艺学重要形状：每个植株元素至少10^2CFU或孢子、每个植株元素介于10^2与10^3CFU或孢子之间、每个植株元素约10^3CFU或孢子、每个植株元素介于10^3与10^4CFU或孢子之间、每个植株元素约10^4CFU或孢子或每个植株元素介于10^4与约10^5CFU或孢子之间、每个植株元素至少10^5CFU或孢子、每个植株元素介于10^5与10^6CFU或孢子之间、每个植株元素约10^6CFU或孢子、每个植株元素介于10^6与10^7CFU或孢子之间、每个植株元素约10^7CFU或孢子、每个植株元素介于10^7与10^8CFU或孢子之间、每个植株元素约10^8CFU或孢子或甚至每个植株元素超过10^8CFU或孢子。在一些实施方案中，植株元素是种子。

[0259] 短语“营养质量性状”包括种子的直接或间接影响所述种子的价值(营养或经济)的任何可测量的参数，例如但不限于：蛋白质、脂肪、碳水化合物、灰分、水分、纤维和卡路里。在一些情况下，“营养质量性状”与“营养质量性状”或“种子营养质量性状”同义，并可以指相关植株元素的任何组合物，最尤其是向其它食用或利用所述植株元素的生物体提供益处的组合物。如本文所用，术语“油”和“脂肪”可互换使用。

[0260] 增加的“种子产量”可以指每单位的量度，例如每个植株、每一数量的植株、每块植株、每英亩植株、收割的每英亩的种子或果实重量、尺寸或丰度的任何增加。在一些实施方案中，种子产量报告为收割的每英亩所产生的种子的磅数或蒲式耳。术语种子和颗粒在本文中可互换使用。产量还可以指在加工时植株组织的具体组分的回收率，例如每单位种子可以提取的油的量。典型地，当提及增加的产量，例如增加的种子产量或增加的油产量时，指定具体的特征。在未指定特征的情况下，可以假定产量是指种子产量且术语可互换使用。

[0261] 如本文所用，术语“限水条件”和“干旱条件”或“限水”和“干旱”可互换使用。举例来说，用于改进植株在干旱条件下生长的能力的方法或组合物意指在限水条件中生长的能力。在此类情况下，可以进一步地称植株显示改进的耐干旱胁迫性。

[0262] 如本文所用，术语“正常浇灌”和“充分浇灌”可互换使用，用以描述在不限水下在典型的生长条件下生长的植株。

[0263] 另外，“改变的代谢功能”或“改变的酶功能”可以包括但不限于以下：改变的植物生长素的产生、改变的固氮作用、改变的抗微生物化合物的产生、改变的含铁细胞的产生、改变的无机磷酸盐溶解、改变的纤维素酶的产生、改变的壳多糖酶的产生、改变的木聚糖酶的产生、改变的乙偶姻的产生、改变的碳源利用。

[0264] “养分”与“种子养分”是指相关植株元素的任何组合物，最尤其是向其它食用或利用所述植株元素的生物体提供益处的组合物。

[0265] “农艺性状潜能”意图指植株元素在其生命周期期间的一些时刻展现表型、优选改进的农艺性状或将所述表型传递至在同一植株中其相关联的另一植株元素的能力。举例来说，植株元素可以包含向植株元素生长的植株的叶组织提供益处的内生植物；在此情况下，包含此类内生植物的植株元素具有具体表型(例如植株的生物量增加)的农艺性状潜能，即

使植株元素本身不显示所述表型。

[0266] 在一些情况下，本发明涵盖与农用化学品“相容”的组合物的使用，包括但不限于杀真菌剂、防络合化合物、杀菌剂、杀病毒剂、除草剂、杀线虫剂、杀寄生物剂、农药或广泛用于农业中的具有杀死或以其它方式干扰另一生物体的最佳生长的作用的任何其它剂。如本文所用，当生物体例如通过遗传修饰进行修饰，例如含有赋予抗除草剂性的转基因或适应在浓缩的用于农业中的农用化学品中生长或以其它方式残存时，组合物与农用化学品“相容”。举例来说，如果安置在植株元素表面上的内生植物能够从施加在植株元素表面上的浓度中残存下来，那么与杀真菌剂甲霜灵(metalaxyl)相容。

[0267] 如本文所用，“菌落形成单位”(“CFU”)用作样品中活微生物的量度。CFU是能够在固体培养基上形成可见菌落的个别活细胞，所述菌落的个别细胞通过从一个亲本细胞进行细胞分裂获得。在一些实施方案中，细胞是真菌孢子。

[0268] 如本文所用，术语“减少”、“更少”、“更慢”和“增加”、“更快”、“增强”、“更大”是指与未经处理的植株元素或所得植株相比经内生植物处理的植株元素或所得植株的特征的减少或增加。举例来说，特征减少可以为比未经处理的对照物低至少1％、至少2％、至少3％、至少4％、至少5％、介于5％与10％之间、至少10％、介于10％与20％之间、至少15％、至少20％、介于20％与30％之间、至少25％、至少30％、介于30％与40％之间、至少35％、至少40％、介于40％与50％之间、至少45％、至少50％、介于50％与60％之间、至少约60％、介于60％与70％之间、介于70％与80％之间、至少75％、至少约80％、介于80％与90％之间、至少约90％、介于90％与100％之间、至少100％、介于100％与200％之间、至少200％、至少约300％、至少约400％或更多，且增加可以为比未经处理的对照物高至少1％、至少2％、至少3％、至少4％、至少5％、介于5％与10％之间、至少10％、介于10％与20％之间、至少15％、至少20％、介于20％与30％之间、至少25％、至少30％、介于30％与40％之间、至少35％、至少40％、介于40％与50％之间、至少45％、至少50％、介于50％与60％之间、至少约60％、介于60％与70％之间、介于70％与80％之间、至少75％、至少约80％、介于80％与90％之间、至少约90％、介于90％与100％之间、至少100％、介于100％与200％之间、至少200％、至少约300％、至少约400％或更多。

[0269] 如本文所用，当微生物或植株或植株元素包含人工引入的遗传或表观遗传“修饰”时其经“修饰”。在一些实施方案中，修饰通过染色体组工程技术引入。在一些实施方案中，修饰通过靶向核酸酶引入。在一些实施方案中，靶向核酸酶包括(但不限于)类转录激活因子效应物核酸酶(transcription activator-like effector nuclease，TALEN)、锌指核酸酶(zinc finger nuclease，ZNF)、规律间隔成簇短回文重复序列(clustered regulatory interspaced short palindromic repeats，CRISPR)、CRISPR/Cas9、CRISPR/CPF1和其组合。在一些实施方案中，修饰是表观遗传修饰。在一些实施方案中，修饰通过用DNA甲基转移酶抑制剂如5-氮胞苷，或组蛋白脱乙酰酶抑制剂如2-氨基-7-甲氧基-3H-吩噁嗪-3-酮处理而引入。在一些实施方案中，修饰经由组织培养引入。在一些实施方案中，经修饰微生物或植株或植株元素包含转基因。

[0270] 内生植物组合物

[0271] 本文所述的内生植物为农业植株提供了若干意外的和显著的优点，超越其它的植株相关微生物，如实施例中所显示。

[0272] 本文中描述了新颖的内生植物组合物。在一些实施方案中，内生植物选自表4。在一些实施方案中，内生植物选自表6。

[0273] 在一些实施方案中，内生植物包含与选自由SEQ ID NO:67组成的组的至少一个序列至少97％同一的多核苷酸序列。在一些实施方案中，内生植物包含与选自由SEQ ID NO:67组成的组的至少一个序列介于97％与98％之间同一、至少98％同一、介于98.0％与99.5％之间同一、至少99.5％同一或100％同一的多核苷酸序列。

[0274] 在一些实施方案中，内生植物包含与选自由SEQ ID NO:68组成的组的至少一个序列至少97％同一的多核苷酸序列。在一些实施方案中，内生植物包含与选自由SEQ ID NO:68组成的组的至少一个序列介于97％与98％之间同一、至少98％同一、介于98.0％与99.5％之间同一、至少99.5％同一或100％同一的多核苷酸序列。

[0275] 在一些实施方案中，内生植物包含与选自由SEQ ID NO:69组成的组的至少一个序列至少97％同一的多核苷酸序列。在一些实施方案中，内生植物包含与选自由SEQ ID NO:69组成的组的至少一个序列介于97％与98％之间同一、至少98％同一、介于98.0％与99.5％之间同一、至少99.5％同一或100％同一的多核苷酸序列。

[0276] 在一些实施方案中，内生植物包含与选自由SEQ ID NO:70组成的组的至少一个序列至少97％同一的多核苷酸序列。在一些实施方案中，内生植物包含与选自由SEQ ID NO:70组成的组的至少一个序列介于97％与98％之间同一、至少98％同一、介于98.0％与99.5％之间同一、至少99.5％同一或100％同一的多核苷酸序列。

[0277] 在一些实施方案中，内生植物包含与选自由SEQ ID NO:65和66组成的组的至少一个序列至少97％同一的多核苷酸序列。在一些实施方案中，内生植物包含与选自由SEQ ID NO:65和66组成的组的至少一个序列介于97％与98％之间同一、至少98％同一、介于98.0％与99.5％之间同一、至少99.5％同一或100％同一的多核苷酸序列。在一些实施方案中，内生植物包含与选自由SEQ ID NO:65和66组成的组的至少两个序列至少97％同一的至少两个多核苷酸序列。在一些实施方案中，内生植物包含与选自由SEQ ID NO:65和66组成的组的至少两个序列介于97％与98％之间同一、至少98％同一、介于98.0％与99.5％之间同一或至少99.5％同一或100％同一的至少两个多核苷酸序列。

[0278] 在一些实施方案中，内生植物包含与选自由SEQ ID NO:63、64和71组成的组的至少一个序列至少97％同一的多核苷酸序列。在一些实施方案中，内生植物包含与选自由SEQ ID NO:63、64和71组成的组的至少一个序列介于97％与98％之间同一、至少98％同一、介于98.0％与99.5％之间同一、至少99.5％同一或100％同一的多核苷酸序列。在一些实施方案中，内生植物包含与选自由SEQ ID NO:63、64和71组成的组的至少两个序列至少97％同一的至少两个多核苷酸序列。在一些实施方案中，内生植物包含与选自由SEQ ID NO:63、64和71组成的组的至少两个序列介于97％与98％之间同一、至少98％同一、介于98.0％与99.5％之间同一或至少99.5％同一或100％同一的至少两个多核苷酸序列。在一些实施方案中，内生植物包含与选自由SEQ ID NO:63、64和71组成的组的至少三个序列至少97％同一的至少三个多核苷酸序列。在一些实施方案中，内生植物包含与选自由SEQ ID NO:63、64和71组成的组的至少三个序列介于97％与98％之间同一、至少98％同一、介于98.0％与99.5％之间同一或至少99.5％同一或100％同一的至少三个多核苷酸序列。

[0279] 在一些实施方案中，内生植物包含与选自由SEQ ID NO:60、61和62组成的组的至

少一个序列至少97%同一的多核苷酸序列。在一些实施方案中，内生植物包含与选自由SEQ ID NO:60、61和62组成的组的至少一个序列介于97%与98%之间同一、至少98%同一、介于98.0%与99.5%之间同一、至少99.5%同一或100%同一的多核苷酸序列。在一些实施方案中，内生植物包含与选自由SEQ ID NO:60、61和62组成的组的至少两个序列至少97%同一的至少两个多核苷酸序列。在一些实施方案中，内生植物包含与选自由SEQ ID NO:60、61和62组成的组的至少两个序列介于97%与98%之间同一、至少98%同一、介于98.0%与99.5%之间同一或至少99.5%同一或100%同一的至少两个多核苷酸序列。在一些实施方案中，内生植物包含与选自由SEQ ID NO:60、61和62组成的组的至少三个序列至少97%同一的至少三个多核苷酸序列。在一些实施方案中，内生植物包含与选自由SEQ ID NO:60、61和62组成的组的至少三个序列介于97%与98%之间同一、至少98%同一、介于98.0%与99.5%之间同一或至少99.5%同一或100%同一的至少三个多核苷酸序列。

[0280] 在一些实施方案中，内生植物包含与选自由SEQ ID NO:38、39、40和41组成的组的至少一个序列至少97%同一的多核苷酸序列。在一些实施方案中，内生植物包含与选自由SEQ ID NO:38、39、40和41组成的组的至少一个序列介于97%与98%之间同一、至少98%同一、介于98.0%与99.5%之间同一、至少99.5%同一或100%同一的多核苷酸序列。在一些实施方案中，内生植物包含与选自由SEQ ID NO:38、39、40和41组成的组的至少两个序列至少97%同一的至少两个多核苷酸序列。在一些实施方案中，内生植物包含与选自由SEQ ID NO:38、39、40和41组成的组的至少两个序列介于97%与98%之间同一、至少98%同一、介于98.0%与99.5%之间同一或至少99.5%同一或100%同一的至少两个多核苷酸序列。在一些实施方案中，内生植物包含与选自由SEQ ID NO:38、39、40和41组成的组的至少三个序列至少97%同一的至少三个多核苷酸序列。在一些实施方案中，内生植物包含与选自由SEQ ID NO:38、39、40和41组成的组的至少三个序列介于97%与98%之间同一、至少98%同一、介于98.0%与99.5%之间同一或至少99.5%同一或100%同一的至少三个多核苷酸序列。在一些实施方案中，内生植物包含与选自由SEQ ID NO:38、39、40和41组成的组的至少四个序列至少97%同一的至少四个多核苷酸序列。在一些实施方案中，内生植物包含与选自由SEQ ID NO:38、39、40和41组成的组的至少四个序列介于97%与98%之间同一、至少98%同一、介于98.0%同一与99.5%同一之间或至少99.5%同一或100%同一的至少四个多核苷酸序列。

[0281] 在一些实施方案中，内生植物包含与选自由SEQ ID NO:42、43、44和45组成的组的至少一个序列至少97%同一的多核苷酸序列。在一些实施方案中，内生植物包含与选自由SEQ ID NO:42、43、44和45组成的组的至少一个序列介于97%与98%之间同一、至少98%同一、介于98.0%与99.5%之间同一、至少99.5%同一或100%同一的多核苷酸序列。在一些实施方案中，内生植物包含与选自由SEQ ID NO:42、43、44和45组成的组的至少两个序列至少97%同一的至少两个多核苷酸序列。在一些实施方案中，内生植物包含与选自由SEQ ID NO:42、43、44和45组成的组的至少两个序列介于97%与98%之间同一、至少98%同一、介于98.0%与99.5%之间同一或至少99.5%同一或100%同一的至少两个多核苷酸序列。在一些实施方案中，内生植物包含与选自由SEQ ID NO:42、43、44和45组成的组的至少三个序列至少97%同一的至少三个多核苷酸序列。在一些实施方案中，内生植物包含与选自由SEQ ID NO:42、43、44和45组成的组的至少三个序列介于97%与98%之间同一、至少98%同一、

介于98.0%与99.5%之间同一或至少99.5%同一或100%同一的至少三个多核苷酸序列。在一些实施方案中，内生植物包含与选自由SEQ ID NO:42、43、44和45组成的组的至少四个序列至少97%同一的至少四个多核苷酸序列。在一些实施方案中，内生植物包含与选自由SEQ ID NO:42、43、44和45组成的组的至少四个序列介于97%与98%之间同一、至少98%同一、介于98.0%同一与99.5%同一之间或至少99.5%同一或100%同一的至少四个多核苷酸序列。

[0282] 在一些实施方案中，内生植物包含与选自由SEQ ID NO:46、47、48、49、50和51组成的组的至少一个序列至少97%同一的多核苷酸序列。在一些实施方案中，内生植物包含与选自由SEQ ID NO:46、47、48、49、50和51组成的组的至少一个序列介于97%与98%之间同一、至少98%同一、介于98.0%与99.5%之间同一、至少99.5%同一或100%同一的多核苷酸序列。在一些实施方案中，内生植物包含与选自由SEQ ID NO:46、47、48、49、50和51组成的组的至少两个序列至少97%同一的至少两个多核苷酸序列。在一些实施方案中，内生植物包含与选自由SEQ ID NO:46、47、48、49、50和51组成的组的至少两个序列介于97%与98%之间同一、至少98%同一、介于98.0%与99.5%之间同一或至少99.5%同一或100%同一的至少两个多核苷酸序列。在一些实施方案中，内生植物包含与选自由SEQ ID NO:46、47、48、49、50和51组成的组的至少三个序列至少97%同一的至少三个多核苷酸序列。在一些实施方案中，内生植物包含与选自由SEQ ID NO:46、47、48、49、50和51组成的组的至少三个序列介于97%与98%之间同一、至少98%同一、介于98.0%与99.5%之间同一或至少99.5%同一或100%同一的至少三个多核苷酸序列。在一些实施方案中，内生植物包含与选自由SEQ ID NO:46、47、48、49、50和51组成的组的至少四个序列至少97%同一的至少四个多核苷酸序列。在一些实施方案中，内生植物包含与选自由SEQ ID NO:46、47、48、49、50和51组成的组的至少四个序列介于97%与98%之间同一、至少98%同一、介于98.0%同一与99.5%同一之间或至少99.5%同一或100%同一的至少四个多核苷酸序列。在一些实施方案中，内生植物包含与选自由SEQ ID NO:46、47、48、49、50和51组成的组的至少五个序列至少97%同一的至少五个多核苷酸序列。在一些实施方案中，内生植物包含与选自由SEQ ID NO:46、47、48、49、50和51组成的组的至少五个序列介于97%与98%之间同一、至少98%同一、介于98.0%同一与99.5%同一之间或至少99.5%同一或100%同一的至少五个多核苷酸序列。在一些实施方案中，内生植物包含与选自由SEQ ID NO:46、47、48、49、50和51组成的组的至少六个序列至少97%同一的至少六个多核苷酸序列。在一些实施方案中，内生植物包含与选自由SEQ ID NO:46、47、48、49、50和51组成的组的至少六个序列介于97%与98%之间同一、至少98%同一、介于98.0%同一与99.5%同一之间或至少99.5%同一或100%同一的至少六个多核苷酸序列。

[0283] 在一些实施方案中，内生植物包含与选自由SEQ ID NO:52、53、54、55、56、57、58和59组成的组的至少一个序列至少97%同一的多核苷酸序列。在一些实施方案中，内生植物包含与选自由SEQ ID NO:52、53、54、55、56、57、58和59组成的组的至少一个序列介于97%与98%之间同一、至少98%同一、介于98.0%与99.5%之间同一、至少99.5%同一或100%同一的多核苷酸序列。在一些实施方案中，内生植物包含与选自由SEQ ID NO:52、53、54、55、56、57、58和59组成的组的至少两个序列至少97%同一的至少两个多核苷酸序列。在一些实施方案中，内生植物包含与选自由SEQ ID NO:52、53、54、55、56、57、58和59组成的组的

至少两个序列介于97％与98％之间同一、至少98％同一、介于98.0％与99.5％之间同一或至少99.5％同一或100％同一的至少两个多核苷酸序列。在一些实施方案中，内生植物包含与选自由SEQ ID NO:52、53、54、55、56、57、58和59组成的组的至少三个序列至少97％同一的至少三个多核苷酸序列。在一些实施方案中，内生植物包含与选自由SEQ ID NO:52、53、54、55、56、57、58和59组成的组的至少三个序列介于97％与98％之间同一、至少98％同一、介于98.0％与99.5％之间同一或至少99.5％同一或100％同一的至少三个多核苷酸序列。在一些实施方案中，内生植物包含与选自由SEQ ID NO:52、53、54、55、56、57、58和59组成的组的至少四个序列至少97％同一的至少四个多核苷酸序列。在一些实施方案中，内生植物包含与选自由SEQ ID NO:52、53、54、55、56、57、58和59组成的组的至少四个序列介于97％与98％之间同一、至少98％同一、介于98.0％同一与99.5％同一之间或至少99.5％同一或100％同一的至少四个多核苷酸序列。在一些实施方案中，内生植物包含与选自由SEQ ID NO:52、53、54、55、56、57、58和59组成的组的至少五个序列至少97％同一的至少五个多核苷酸序列。在一些实施方案中，内生植物包含与选自由SEQ ID NO:52、53、54、55、56、57、58和59组成的组的至少五个序列介于97％与98％之间同一、至少98％同一、介于98.0％同一与99.5％同一之间或至少99.5％同一或100％同一的至少五个多核苷酸序列。在一些实施方案中，内生植物包含与选自由SEQ ID NO:52、53、54、55、56、57、58和59组成的组的至少六个序列至少97％同一的至少六个多核苷酸序列。在一些实施方案中，内生植物包含与选自由SEQ ID NO:52、53、54、55、56、57、58和59组成的组的至少六个序列介于97％与98％之间同一、至少98％同一、介于98.0％同一与99.5％同一之间或至少99.5％同一或100％同一的至少六个多核苷酸序列。在一些实施方案中，内生植物包含与选自由SEQ ID NO:52、53、54、55、56、57、58和59组成的组的至少七个序列至少97％同一的至少七个多核苷酸序列。在一些实施方案中，内生植物包含与选自由SEQ ID NO:52、53、54、55、56、57、58和59组成的组的至少七个序列介于97％与98％之间同一、至少98％同一、介于98.0％同一与99.5％同一之间或至少99.5％同一或100％同一的至少七个多核苷酸序列。

[0284] 在一些实施方案中，内生植物是长喙突脐蠕孢(Exserohilum rostrata)。在一些实施方案中，内生植物是穗状弯孢霉(Curvularia spicifera)。在一些实施方案中，内生植物是突弯孢霉(Curvularia protuberata)。在一些实施方案中，内生植物是交替枝顶孢霉(Acremonium alternatum)。在一些实施方案中，内生植物是尖孢枝孢霉(Cladosporium oxysporum)。在一些实施方案中，内生植物是球毛壳菌(Chaetomium globosum)。在一些实施方案中，内生植物是黑附球菌(Epicoccum nigrum)。在一些实施方案中，内生植物是膨大拟青霉(Paecilomyces inflatus)。在一些实施方案中，内生植物属于栖李锥毛壳(Coniochaeta prunicola)分类。

[0285] 在一些情况下，内生植物或其一种或多种组分是单克隆来源，这提供了内生植物群体在农业制剂中或与内生植物的植株元素或合成组合内的高度遗传均一性。

[0286] 在一些实施方案中，内生植物可以在培养基上培养，或可以适应在培养基上培养。

[0287] 本文提供的合成组合物优选是稳定的。内生植物可以是耐贮存的，其中在以干燥形式(即30％或更少的水分含量)在4℃下或在室温下存储1周、2周、3周、4周、5周、6周、7周、8周、9周、10周或超过10周后至少0.01％的CFU是活的。任选地，耐贮存的制剂呈干燥制剂、粉末制剂或冻干制剂。在一些实施方案中，制剂被配制成为内生植物群体提供稳定性。在一

个实施方案中，制剂在介于约-20℃与约50℃之间的温度下基本上稳定至少约1天、2天、3天、4天、5天或6天，或者1周、2周、3周或4周，或者1个月、2个月、3个月、4个月、5个月、6个月、7个月、8个月、9个月、10个月、11个月或12个月，或者一年或多年。在另一个实施方案中，制剂在介于约4℃与约37℃之间的温度下基本上稳定至少约5天、10天、15天、20天、25天、30天或超过30天。

[0288] 用于植株和植株元素的内生植物和合成组合物

[0289] 预期方法和合成组合物可以用于改进植株的农艺学重要特征。

[0290] 本文所述的方法还可以与包含一种或多种外源性转基因的转基因植株一起使用，例如以产生由新引入的内生植物微生物所赋予的其它性状益处。

[0291] 举例来说，与在相同条件下生长的未接种的植株相比，内生植物可以向植株提供改进至少3％、介于3％与5％之间、至少5％、介于5％与10％之间、至少10％、介于10％与15％之间，例如至少15％、介于15％与20％之间、至少20％、介于20％与30％之间、至少30％、介于30％与40％之间、至少40％、介于40％与50％之间、至少50％、介于50％与60％之间、至少60％、介于60％与75％之间、至少75％、介于75％与100％之间、至少100％、介于100％与150％之间、至少150％、介于150％与200％之间、至少200％、介于200％与300％之间、至少300％或更多的益处或耐受性。

[0292] 在一个实施例中，预期本发明的植株是水稻(稻属)，尤其稻和光稃稻(O.glaberrima)，以及主要稻亚种的成员粳稻(japonica)、爪哇稻(javanica)和籼稻(indica)。在一个实施方案中，预期本发明的植株是水稻品种Rex和其密切相关的品种。在一些实施方案中，本发明涵盖内生植物的使用，所述内生植物可以赋予其异源安置至的水稻植株元素或水稻植株有益的农艺性状。

[0293] 在一个实施例中，预期本发明的植株是玉米(玉蜀黍属)，尤其是如马牙玉米(Zea mays indenata)、印度玉米(Zea mays indurata)、粉质玉米(Zea mays amylacea)、甜玉米(Zea mays saccharata)和爆裂玉米(Zea mays everta)的玉蜀黍种类。在一个实施方案中，预期本发明的植株是玉米品种Stine 9734和其密切相关的品种。在一些实施方案中，本发明涵盖内生植物的使用，所述内生植物可以赋予其异源安置至的玉米植株元素或玉米植株有益的农艺性状。

[0294] 在一个实施例中，预期本发明的植株是小麦(小麦属)，包括物种普通小麦(T.aestivum)和硬粒小麦(T.durum)。在一个实施方案中，预期本发明的植株是硬质红皮冬小麦(HRW)、硬质红皮春小麦(HRS)、硬质白色小麦(HW)、硬粒小麦、软质白色小麦(SW)或软粒红小麦(SRW)。在一个实施方案中，预期本发明的植株是小麦品种SDSU Focus、SDSU Select和其密切相关的品种。在一些实施方案中，本发明涵盖内生植物的使用，所述内生植物可以赋予其异源安置至的小麦植株元素或小麦植株有益的农艺性状。

[0295] 在一个实施方案中，预期本发明的植株是大豆(大豆)。在一个实施方案中，预期本发明的植株是大豆品种Dairyland DSR1808R2Y、Pfister 38R25、Stine 3920、Stine 33E22和其密切相关的品种。

[0296] 在一些实施方案中，本发明涵盖内生植物的使用，所述内生植物可以赋予其异源安置至的大豆植株元素或大豆植株有益的农艺性状。

[0297] 在一个实施方案中，预期本发明的植株是花生(花生(Arachis hypogaea))。在一

个实施方案中，预期本发明的植株是花生品种AT9899、FloRun 107、Georgia-06G、Tamnut OL06或其密切相关的品种。在一些实施方案中，本发明涵盖内生棉株的使用，所述内生棉株可以赋予其异源安置至的花生植株元素或花生植株有益的农艺性状。

[0298] 在一个实施方案中，预期本发明的植株是芸苔属成员(Brassica)。在一个实施方案中，预期本发明的植株是芜菁甘蓝(Brassica napus)。在一个实施方案中，预期本发明的植株是芜菁甘蓝的低芥酸和低含硫配糖体栽培品种。在一个实施方案中，预期本发明的植株是油菜。在一个实施方案中，预期本发明的植株是油菜品种Brett Young 5525、NCC1015或其密切相关的品种。在一些实施方案中，本发明涵盖内生植物的使用，所述内生棉株可以赋予其异源安置至的油菜植株元素或油菜植株有益的农艺性状。

[0299] 在一些情况下，本文所述的内生植物能够从一个组织类型移至另一个。举例来说，在植株元素的外部上涂布后本发明对植株成熟组织内的内生植物的检测和分离显示其能够从植株元素移至成熟植株的营养组织。因此，在一些实施方案中，内生植物群体能够从植株元素外部移至植株的营养组织。在一些实施方案中，涂布至植株的植株元素上的内生植物在植株元素发芽至营养状态后能够定位至植株的不同组织。举例来说，内生植物能够定位至植株中的任一组织，包括：根、不定根、种子根、根毛、苗、叶、花、芽、穗、分生组织、花粉、雌蕊、子房、雄蕊、果实、匍匐枝、根茎、小结、块茎、毛状体、保卫细胞、排水孔、花瓣、萼片、颖片、花轴、维管形成层、韧皮部和木质部。在一个实施方案中，内生植物能够定位至植株的根和/或根毛。在另一个实施方案中，内生植物能够定位至光合组织，例如植株的叶和苗。在其它情况下，内生植物定位至植株的维管组织，例如木质部和韧皮部。在又一个实施方案中，内生植物能够定位至植株的生殖组织(花、花粉、雌蕊、子房、雄蕊、果实)。在另一个实施方案中，内生植物能够定位至植株的根、苗、叶和生殖组织。在又一个实施方案中，内生植物定殖植株的果实或植株元素组织。在又一个实施方案中，内生植物能够定殖植株，使得其存在于植株表面上(即在植株外部上或在植株的上半球上能够检测到其存在)。在其它实施方案中，内生植物能够定位至植株的基本上所有或所有组织。在某些实施例中，内生植物不定位至植株的根。在其它情况下，内生植物不定位至植株的光合组织。

[0300] 在一些情况下，内生植物能够在寄主植株内复制并定殖植株。

[0301] 本文所述的内生植物群体能够定殖寄主植株。可以通过检测植株内内生植物群体的存在证实成功的定殖。举例来说，在将内生植物施加至植株元素后，可以在从所述植株元素萌发的植株的根和苗中检测到高效价的内生植物。检测植株内内生植物的存在可以通过在植株元素或植株表面灭菌后测量内生植物的活力来实现：内生植物定殖引起内生植物在内部定位，使得其对表面灭菌条件具有抗性。内生植物的存在和量还可以使用本领域中已知的其它方式确定，所述方式例如使用微生物特异性抗体的免疫荧光显微术或荧光原位杂交。可替代地，识别来自内生植物的保存序列的特异性核酸探针可以用以例如通过定量PCR扩增区域，并借助于标准曲线与CFU相关。

[0302] 在另一个实施方案中，内生植物以有效地在成熟农业植株中检测到的量异源安置在例如农业植株的生殖元素的表面上。在一些实施方案中，内生植物以有效地在成熟农业植株中检测到至少约100CFU、介于100与200CFU之间、至少约200CFU、介于200与300CFU之间、至少约300CFU、介于300与400CFU之间、至少约500CFU、介于500与1,000CFU之间、至少约1,000CFU、介于1,000与3,000CFU之间、至少约3,000CFU、介于3,000与10,000CFU之间、至少

约10,000CFU、介于10,000与30,000CFU之间、至少约30,000CFU、介于30,000与100,000CFU之间、至少约100,000CFU或更多的量的量异源安置。

[0303] 在一些情况下，内生植物能够定殖植株具体的植株元素或组织类型。在一个实施方案中，内生植物以有效地在选自果实、种子、叶或根或其部分的成熟农业植株的靶组织内检测到的量异源安置在植株元素或幼苗上。举例来说，可以在成熟农业植株的靶组织中检测到至少约100CFU、至少约200CFU、至少约300CFU、至少约500CFU、至少约1,000CFU、至少约3,000CFU、至少约10,000CFU、至少约30,000CFU、至少约100,000CFU或更多的量的内生植物。

[0304] 与农用化学品相容的内生植物

[0305] 在某些实施方案中，根据与常用的农用化学品的相容性选择内生植物。如本文所述，植株、尤其是农业植株可以用大量农用化学品处理，所述农用化学品包括杀真菌剂、杀生物剂(防络合剂)、除草剂、杀虫剂、杀线虫剂、灭鼠剂、杀菌剂、杀病毒剂、肥料和其它剂。

[0306] 在一些实施方案中，内生植物显示对选自由以下组成的组的农用化学品的耐受性：Aeris®、Avicta® DuoCot 202、Cruiser®、Syntenta CCB ®(A)、Clariva®、Albaugh、Dynasty®、Apron®、Maxim®、Gaucho®、Provoke® ST、Syngenta CCB®、Trilex®、WG Purple、WG Silver、嘧菌酯(Azoxystrobin)、萎锈灵(Carboxin)、苯醚甲环唑(Difenoconazole)、咯菌腈(Fludioxonil)、氟唑菌酰胺(fluxapyroxad)、种菌唑(Ipconazole)、精甲霜灵(Mefenoxam)、甲霜灵(Metalaxyl)、腈菌唑(Myclobutanil)、氟唑菌苯胺(Penflufen)、唑菌胺酯(pyraclostrobin)、氟唑环菌胺(Sedaxane)、TCMTB、戊唑醇(Tebuconazole)、福美双(Thiram)、三唑醇(Triadimenol)(Baytan®)、肟菌酯(Trifloxystrobin)、灭菌唑(Triticonazole)、甲基立枯磷(Tolclofos-methyl)、PCNB、阿维菌素(Abamectin)、毒死蜱(Chlorpyrifos)、噻虫胺(Clothianidin)、吡虫啉(Imidacloprid)、噻虫嗪(Thiamethoxam)、硫双威(Thiodicarb)。

[0307] 在一些情况下，内生植物与农用化学品、尤其是具有防络合特性的农用化学品相容可能是重要的，以继续存在于植株中，不过如本文所述，许多此类防络合剂至少在足以干扰内生植物的浓度下不渗透植株。因此，在全身性防络合剂用于植株中的情况下，待接种的内生植物与此类剂的相容性将是重要的一项标准。

[0308] 在一个实施方案中，与农用化学品相容的内生植物的天然分离物可以根据本文所述的方法用于接种植株。举例来说，与农业上采用的防络合剂相容的内生植物可以通过以下步骤来分离：将内生植物的培养物涂铺在包含有效浓度的防络合剂的皮氏培养皿上，并分离与防络合剂相容的内生植物的菌落。在另一个实施方案中，与防络合剂相容的内生植物用于本文所述的方法中。

[0309] 与杀菌剂相容的内生植物也可以通过在液体培养基上选择来分离。内生植物的培养物可以涂铺在皮氏培养皿上，没有任何形式诱变；可替代地，内生植物可以使用本领域中已知的任何方式进行诱变。举例来说，内生植物培养物可以在包含杀真菌剂的培养基上进行选择前暴露于紫外光、γ-照射或化学诱变剂，如甲烷磺酸乙酯(EMS)、溴化乙锭(EtBr)、敌敌畏(dichlovos，DDVP)、甲烷磺酸甲酯(MMS)、磷酸三乙酯(TEP)、磷酸三甲酯(TMP)、亚硝酸或DNA碱基类似物。最终，在已知具体杀菌剂的作用机制的情况下，可以特别地使靶基因

突变(通过基因缺失、基因替换、定点诱变等)以产生可抵御具体化学品的内生植物。注意到上述方法可以用于分离与抑菌和杀菌化合物相容的内生植物。

[0310] 本领域的技术人员还了解,植株可以同时或例如在植株生长的不同阶段相继暴露于多种类型的防络合化合物。在靶植株可能暴露于多种防络合剂的情况下,与许多或所有这些农用化学品相容的内生植物可以用于接种植株。与若干剂相容的内生植物可以例如通过连续选择来分离。与第一剂相容的内生植物可以如上所述来分离(有或者没有先前的诱变)。接着针对在包含第二剂的液体或固体培养基上生长的能力,选择所得内生植物的培养物(再一次,有或者没有先前的诱变)。接着测试从第二选择分离的菌落,以证实其与两种剂的相容性。

[0311] 同样地,与农业上采用的杀生物剂(包括除草剂,例如草甘膦或防络合化合物,无论抑菌还是杀菌)相容的内生植物可以使用类似于针对分离相容内生植物所述的方法的方法分离。在一些实施方案中,内生植物群体的诱变可以在用防络合剂进行选择前进行。在另一个实施方案中,在先前未诱变下对内生植物群体进行选择。在又一实施方案中,对内生植物进行连续选择:首先针对与第一防络合剂的相容性选择内生植物。接着培养分离的相容内生植物并针对与第二防络合剂的相容性进行选择。测试由此分离的任何菌落彼此的相容性,对两种防络合剂的相容性,以证实与这两种剂的相容性。

[0312] 可以通过本领域中已知的许多方式确定与抗微生物剂的相容性,所述方式包括比较未经修饰和经修饰内生植物的最小抑制浓度。在一些实施方案中,本发明公开了一种分离的经修饰内生植物,其中对所述内生植物进行修饰,以使得其在与未经修饰内生植物比较时展现大至少3倍,例如大至少5倍、大介于5与10倍之间、大至少10倍、大介于10与20倍之间、大至少20倍、大介于20与30倍之间、大至少30倍或更多的对抗微生物剂的最小抑制浓度。

[0313] 在一个具体实施方案中,本文公开了具有增强的与除草剂草甘膦的相容性的内生植物。在一些实施方案中,内生植物在包含至少1mM草甘膦、例如介于1mM与2mM之间的草甘膦、至少2mM草甘膦、介于2mM与5mM之间的草甘膦、至少5mM草甘膦,例如介于5mM与10mM之间的草甘膦、至少10mM草甘膦、介于10mM与15mM之间的草甘膦、至少15mM草甘膦或更多草甘膦的生长培养基中的倍增时间是内生植物在不包含草甘膦的相同生长培养基中的倍增时间的至多250%、介于250%与100%之间、例如至多200%、介于200%与175%之间、至多175%、介于175%与150%之间、至多150%、介于150%与125%之间或至多125%。在一个具体实施方案中,内生植物在包含5mM草甘膦的生长培养基中的倍增时间是内生植物在不包含草甘膦的相同生长培养基中的倍增时间的至多150%。

[0314] 在另一个实施方案中,内生植物在包含至少10ppm草甘膦、介于10ppm与15ppm之间的草甘膦、例如至少15ppm草甘膦、介于15ppm与10ppm之间的草甘膦、至少20ppm草甘膦、介于20ppm与30ppm之间的草甘膦、至少30ppm草甘膦、介于30ppm与40ppm之间的草甘膦、至少40ppm草甘膦或更多草甘膦的植株组织中的倍增时间是内生植物在不包含草甘膦的参考植株组织中的倍增时间的至多250%、介于250%与200%之间、例如至多200%、介于200%与175%之间、至多175%、介于175%与150%之间、至多150%、介于150%与125%之间或至多125%。在一个具体实施方案中,内生植物在包含40ppm草甘膦的植株组织中的倍增时间是内生植物在不包含草甘膦的参考植株组织中的倍增时间的至多150%。

[0315] 可以重复上述选择过程以鉴定与多种剂相容的内生植物的分离物。

[0316] 可以测试候选分离物以确保针对农用化学品相容性进行的选择不会引起所需生物活性的损失。与常用剂相容的内生植物的分离物可以如上所述进行选择。所得相容内生植物可以与植株上的亲本内生植物在其促进发芽的能力上进行比较。

[0317] 可以在样品中检测如上所述产生的农用化学品相容的内生植物。举例来说，在引入转基因以使内生植物与农用化学品相容的情况下，转基因可以用作通过PCR进行扩增和检测的靶基因。此外，在特定基因的一部分或许多基因的点突变或缺失引起与农用化学品的相容性的情况下，独特点突变同样可以通过PCR或本领域中已知的其它方式检测。即使内生植物不再是活的，此类方法也允许检测内生植物。因此，使用本文所述的农用化学品相容的内生植物产生的商用植株产品容易通过采用检测核酸的这些和相关方法来鉴定。

[0318] 植株元素与内生植物的合成组合物的有益特性

[0319] 本发明涵盖共生体与之间的植株元素的关系的建立。在一些实施方案中，内生植物的关联对植株元素或整个植株引起可检测的变化。可检测的变化可以是许多农艺性状的改进(例如改进的整体健康、增加的对生物或非生物胁迫的反应或增强的植株或植株元素的特性，包括果实和颗粒)。可替代地，可检测的变化可以是可以通过本领域中已知的方法测量的生理或生物学变化。以下章节中更详细地描述可检测的变化。如本文所用，无论改进的性状是否由植株、内生植物还是植株与内生植物之间的协同动作产生，都认为内生植物赋予了改进的农业性状。因此，举例来说，无论植株还是内生植物产生有益的激素或化学品，为达成目的，都认为与没有异源安置至所述内生植物的等值线植株相比，内生植物赋予寄主植株改进的农艺性状。

[0320] 在一些实施方案中，本文中提供了用于产生具有遗传改变的性状的植株的植株元素的方法。可以在植株基因组没有已知的遗传修饰下改变植株的性状，且包含以下步骤。首先，提供被异源安置至植株的植株元素的分离的内生植物的制剂，且任选地进行加工以产生内生植物制剂。接着内生植物制剂与植株接触。接着使植株花谢结籽，并收集种子。

[0321] 改进的整体健康

[0322] 本文还描述了植株和植株田地，其被异源安置至有益的内生植物，以使得在一段时间内维持、增加和/或改进植株或其一部分的总适应性、生产能力或健康。可以使用许多生理参数评定总植株健康的改进，所述生理参数包括(但不限于)高度、总生物量、根和/或苗生物量、突出、种子发芽、幼苗存活、光合效率、蒸腾速度、种子/果实数目或质量、植株颗粒产量、叶子的叶绿素含量、光合速率、根长或其任何组合。

[0323] 耐旱性

[0324] 在一些情况下，由用内生植物处理的种子或其它植株元素产生的植株可以展现生理变化，例如补偿胁迫诱导的光合活动减少。Fv/Fm测试在适应黑暗的状态下植株胁迫是否影响光合体系II。Fv/Fm是最常使用的叶绿素荧光测量参数之一。Fv/Fm测试被设计成允许最大量的光能走荧光路径。其将适应黑暗的叶子光合前的荧光状态(称为最小荧光)或Fo与称为Fm的最大荧光比较。在最大荧光中，饱和光源已经使最大数目的反应中心减少或关闭。一般说来，植株胁迫越大，可利用的开口反应中心越少，且Fv/Fm比率越低。Fv/Fm是用于许多类型植株胁迫的测量方案。举例来说，在已经经受热冲击或干旱条件的经内生植物处理的植株暴露后，与对应的对照物，即在相同条件下生长的不含内生植物的遗传上相同的植

株相比，Fv/Fm存在差异。在一些情况下，如本文公开的接种植株在热冲击或干旱胁迫处理后，例如在热冲击或干旱胁迫处理后1天、2天、3天、4天、5天、6天、7天或更多天直至光合作用停止，可以展现与类似发育阶段但不含内生植物的对应对照植株相比增加的光合活动ΔFv(ΔFv/Fm)变化。举例来说，具有能够赋予耐热性和/或耐干旱性的内生植物的植株在暴露于热冲击或干旱胁迫后，可以展现约0.1至约0.8的ΔFv/Fm，或在热冲击或干旱胁迫处理后一天内或1天、2天、3天、4天、5天、6天、7天或超过7天，或直至光合作用停止，展现约0.03至约0.8的ΔFv/Fm范围。在一些实施方案中，与热冲击条件后对应参考农业植株的光合活性下降相比，胁迫诱导的光合活性的减少可以补偿至少约0.25％(例如至少约0.5％、介于0.5％与1％之间、至少约1％、介于1％与2％之间、至少约2％、介于2％与3％之间、至少约3％、介于3％与5％之间、至少约5％、介于5％与10％之间、至少约8％、至少约10％、介于10％与15％之间、至少约15％、介于15％与20％之间、至少约20％、介于20％与25％之间、至少约25％、介于25％与30％之间、至少约30％、介于30％与40％之间、至少约40％、介于40％与50％之间、至少约50％、介于50％与60％之间、至少约60％、介于60％与75％之间、至少约75％、介于75％与80％之间、至少约80％、介于80％与85％之间、至少约85％、介于85％与90％之间、至少约90％、介于90％与95％之间、至少约95％、介于95％与99％之间、至少约99％或至少100％)。接种农业植株与参考农业植株之间的差异显著性可以在基于接种植株和参考农业植株具有相同或近乎相同的基因组的假定或已知事实(等值线比较)，利用适当的参数或非参数统计资料，例如x^2检验、学生t检验、曼恩-惠特尼检验(Mann-Whitney test)或F检验，显示统计显著性时确定，例如$p<0.05$。

[0325] 在一些实施方案中，植株包含能够使耐热性和/或耐旱性增加足够量，以至于观察到在热或干旱胁迫的条件下增加的生长或改善的从枯萎的恢复的内生植物。举例来说，本文所述的内生植物群体可以呈足够量存在于植株中，引起与不含内生植物的植株相比当在干旱条件或热冲击条件下或在此类条件之后生长时生长增加。可以利用生理参数评定与在相似条件下生长的参考农业植株相比增加的耐热性和/或耐旱性，所述生理参数包括(但不限于)增加的高度、总生物量、根和/或苗生物量、种子发芽、幼苗存活、光合效率、蒸腾速度、种子/果实数目或质量、植株颗粒或果实产量、叶子的叶绿素含量、光合速率、根长、枯萎恢复、膨压或其任何组合。举例来说，与在相同条件下生长的未接种的植株相比，内生植物可以向植株提供改进至少至少3％、介于3％与5％之间、至少5％、介于5％与10％之间、至少10％、介于10％与15％之间，例如至少15％、介于15％与20％之间、至少20％、介于20％与30％之间、至少30％、介于30％与40％之间、至少40％、介于40％与50％之间、至少50％、介于50％与60％之间、至少60％、介于60％与75％之间、至少75％、介于75％与100％之间、至少100％、介于100％与150％之间、至少150％、介于150％与200％之间、至少200％、介于200％与300％之间、至少300％或更多的益处或耐受性。

[0326] 在多个实施方案中，被异源安置至植物的内生植物可以赋予植株各种益处，包括但不限于：耐热性、耐除草剂性、抗旱性、抗虫性、抗霉性、抗病毒性、抗细菌性、雄性不育、耐寒性、耐盐性、产量增加、养分利用效率增强、氮利用效率增加、蛋白质含量增加、发酵性碳水化合物含量增加、木素含量减少、抗氧化剂含量增加、用水效率增强、活力增加、发芽效率增加、更早开花或开花增加、生物量增加、根与苗生物量比率改变、土壤持水性增强或其组合。接种植株(例如已经异源安置一种或多种内生植物的植株)与参考农业植株之间的差异

也可以使用本领域中已知的其它方法测量。

[0327] 供农业使用的制剂

[0328] 本文所述的内生植物群体意图用于改进农业植株，因而可以利用其它组合物作为农业上相容的载体的一部分进行配制。预期此类载体可以包括但不限于：种子处理、根洗涤、幼苗浸泡、叶面施加、土壤接种物、条施、侧施、土壤预处理、伤口接种、滴灌带、经由传粉者介导载体、注射、渗透激发、水培、共生系统、气培。载体与内生植物群体的组合物可以制备成液体、固体或气体制剂用于农业应用。施加至植株可以例如呈粉末表面沉积至植株叶子上，喷雾至整个植株或所选择的植株元素，作为滴液的一部分滴至土壤或根，或在种植前涂布至植株元素上。此类实例意指例示性的且不限制本发明的范围。

[0329] 可用于这些实施方案的制剂一般且典型地包括至少一种选自由以下组成的组的成员：缓冲剂、粘合剂、微生物稳定剂、杀真菌剂、防络合剂、除草剂、杀线虫剂、杀虫剂、杀菌剂、杀病毒剂、植物生长调节剂、灭鼠剂、干燥剂和养分。

[0330] 载体可以是固体载体或液体载体，并呈各种形式，包括微球体、粉末、乳液等等。载体可以是赋予多种特性，例如增加的稳定性、可湿性或可分散性的许多载体中的任一种或多种。例如可以是非离子型或离子型表面活性剂的天然或合成表面活性剂或其组合的润湿剂可以包括于本发明的组合物中。油包水乳液也可以用于配制包括纯化群体的组合物(参见例如美国专利No.7,485,451)。可以制备的合适制剂包括可湿性粉剂、颗粒、凝胶、琼脂条或琼脂粒、增稠剂、生物聚合物等、微囊密封的粒子等、例如可流动水性物、水性悬浮液、油包水乳液等液体。制剂可以包括谷类或豆类产品，例如谷粉或豆粉、源自于谷物或豆的肉汤或面粉、淀粉、糖或油。

[0331] 在一些实施方案中，农业载体可以是土壤或植物生长培养基。其它可以使用的农业载体包括水、肥料、基于植株的油、湿润剂或其组合。可替代地，农业载体可以是固体，例如硅藻土、肥土、硅石、海藻酸盐、粘土、斑脱土、蛭石、种壳、其它植物和动物产品或组合，包括颗粒、团粒或悬浮液。还涵盖上述成分中任何成分的混合物为载体，例如(但不限于)佩斯塔(pesta)(面粉和高岭粘土)、肥土、沙或粘土中基于琼脂或面粉的团粒等。制剂可以包括培养生物体的食物来源，例如大麦、水稻、小麦或其它生物材料，例如种子、植株元素、甘蔗渣、来自谷物加工的壳或秆、来自建筑工地垃圾的碎植物材料或木材、来自纸、织物或木材再循环的锯屑或细纤维。其它合适的制剂是本领域的技术人员已知的。

[0332] 在一个实施方案中，制剂可以包括粘合剂或粘附剂。此类剂可用于将本发明的复合群体与可以含有其它化合物(例如不是生物制品的控制剂)的载体组合，得到涂料组合物。此类组合物帮助建立植物或植株元素周围的涂层，以保持内生植物和其它剂与植株或之间的植株元素的接触。在一些实施方案中，粘附剂选自由以下组成的组：海藻酸盐、树胶、淀粉、卵磷脂、芒柄花黄素、聚乙烯醇、碱性芒柄花黄素、橙皮素、聚乙酸乙烯酯、脑磷脂、阿拉伯树胶、黄原胶、卡拉胶、PGA、其它生物聚合物、矿物油、聚乙二醇(PEG)、聚乙烯吡咯烷酮(PVP)、阿拉伯半乳聚糖、甲基纤维素、PEG 400、几丁聚糖、聚丙烯酰胺、聚丙烯酸酯、聚丙烯腈、丙三醇、三乙二醇、乙酸乙烯酯、结冷胶、聚苯乙烯、聚乙烯、羧甲基纤维素、印度胶和聚氧化乙烯-聚氧化丁烯嵌段共聚物。可以用于合成制剂中的粘附组合物的其它实例包括EP 0818135、CA 1229497、WO 2013090628、EP 0192342、WO 2008103422和CA 1041788中所述的粘附组合物。

[0333] 还预期制剂可以进一步包含防结块剂。

[0334] 制剂还可以含有表面活性剂、润湿剂、乳化剂、稳定剂或消泡剂。表面活性剂的非限制性实例包括氮-表面活性剂掺合物，例如Prefer 28(Cenex)、Surf-N(US)、Inhance(Brandt)、P-28(Wilfarm)和Patrol(Helena)；酯化籽油包括Sun-It II(AmCy)、MSO(UAP)、Scoil(Agsco)、Hasten(Wilfarm)和Mes-100(Drexel)；和有机硅氧烷表面活性剂包括Silwet L77(UAP)、Silikin(Terra)、Dyne-Amic(Helena)、Kinetic(Helena)、Sylgard 309(Wilbur-Ellis)和Century(Precision)、聚山梨酸酯20、聚山梨酸酯80、Tween 20、Tween 80、Scattics、Alktest TW20、Canarcel、Peogabsorb 80、Triton X-100、Conco NI、Dowfax 9N、Igebapl CO、Makon、Neutronyx 600、Nonipol NO、Plytergent B、Renex 600、Solar NO、Sterox、Serfonic N、T-DET-N、Tergitol NP、Triton N、IGEPAL CA-630、Nonident P-40、Pluronic。在一些实施方案中，表面活性剂以介于0.01％v/v至10％v/v之间的浓度存在。在另一个实施方案中，表面活性剂以介于0.1％v/v至1％v/v之间的浓度存在。消泡剂的一实例是消泡剂C。

[0335] 在某些情况下，制剂包括微生物稳定剂。此类剂可以包括干燥剂。如本文所用，“干燥剂”可以包括被分类为干燥剂的任何化合物或化合物的混合物，不管所述化合物是否以使其实际上对液体接种物具有干燥作用的浓度使用。此类干燥剂理想地与所使用的群体相容，且应该促进内生植物群体在施加至种子上后存活和干燥后存活的能力。合适干燥剂的实例包括海藻糖、蔗糖、丙三醇和甲二醇中的一种或多种。其它合适的干燥剂包括(但不限于)非还原糖和糖醇(例如甘露糖醇或山梨糖醇)。引入制剂中的干燥剂的量可以在按重量/体积计约5％至约50％范围内，例如介于约10％至约40％之间、介于约15％与约35％之间或介于约20％与约30％之间。在一些实施方案中，基于糖的微生物稳定剂的组分包括(但不限于)葡萄糖、蔗糖、聚乙烯吡咯烷酮K30(PVP30K)、矿物油、大豆卵磷脂、胨、磷酸二氢钾(KH2PO4)和磷酸氢二钾(K2HPO4)。在一替代实施方案中，非基于糖的微生物稳定剂的组分包括(但不限于)聚乙烯吡咯烷酮K30(PVP30K)、聚乙烯吡咯烷酮/乙酸乙烯酯(PVP-VA)、大豆卵磷脂、胨、矿物油、羟丙基-瓜尔胶(HP-Guar)、磷酸二氢钾(KH2PO4)和磷酸氢二钾(K2HPO4)。供本文所述的本发明使用的例示性微生物稳定剂的组分描绘于表1和表2中。

[0336] 表1.例示性的基于糖的微生物稳定剂

[0337]

组分	按重量计的百分比(％)
葡萄糖	11.4
蔗糖	11.4
PVP30K	2.8
矿物油	5.7
大豆卵磷脂	0.3
胨	11.4
KH2PO4	0.78
K2HPO4	0.99
非氯化水	55

[0338] 表2:例示性的非基于糖的微生物稳定剂

[0339]

组分	按重量计的百分比(%)
PVP30K	3.8
PVP-VA	3.8
大豆卵磷脂	0.4
胨	15.4

[0340]

矿物油	6.0
HP-Guar	0.2
KH2PO4	0.96
K2HP04	1.23
非氯化水	68

[0341] 在一些情况下，制剂宜含有例如杀真菌剂、防络合剂、除草剂、杀线虫剂、杀虫剂、植物生长调节剂、灭鼠剂、杀菌剂、杀病毒剂或养分等剂。此类剂理想地与制剂所施加的农业植株元素或幼苗相容(例如对植株的生长或健康来说不应是有害的)。此外，剂理想地是对人、动物或工业用途来说不会引起对安全的担心的剂(例如没有安全问题，或者化合物足够地不稳定，使得源自于植株的商用植物产品含有可忽略量的化合物)。

[0342] 内生植物群体可以呈液体形式，例如溶液或悬浮液混合或悬浮在水中或水溶液中。合适的液体稀释剂或载体包括水、水溶液、石油馏分或其它液体载体。

[0343] 固体组合物可以通过将本发明的内生植物群体分散在适当分开的固体载体中和固体载体上来制备，所述固体载体例如泥煤、小麦、糠、蛭石、粘土、滑石、斑脱土、硅藻土、漂白土、消毒土壤等等。当此类制剂用作可湿性粉剂时，可以使用生物学上相容的分散剂，例如非离子型、阴离子型、两性或阳离子型分散剂和乳化剂。

[0344] 在一些情况下，流动性聚合物也称为可种植性聚合物，例如Flo Rite®，如Flo-Rite® 1706(BASF,Ludwigshafen,Germany)。在一些实施方案中，流动性或可种植性聚合物是DISCO™ AG(Incotec,Enkhuizen,the Netherlands)。在一些实施方案中，流动性或可种植性聚合物是Kannar® Universal Wonder(Kannar Earth Science有限公司，Buford,GA)。

[0345] 在配制时使用的固体载体包括例如矿物载体，例如高岭粘土、叶蜡石、斑脱土、蒙脱石、硅藻土、酸性白土、蛭石和珠光体；以及无机盐，例如硫酸铵、磷酸铵、硝酸铵、尿素、氯化铵和碳酸钙。此外，可以使用有机精细粉末，例如小麦粉、麦麸和米糠。液体载体包括植物油，例如大豆油、印度楝树油、棉籽油和其它组合物，例如丙三醇、乙二醇、聚乙二醇、丙二醇、聚丙二醇等。

[0346] 在一个实施方案中，制剂理想地适合于将内生植物群体涂布至植株元素上。本发明中所述的内生植物群体能够赋予寄主植株许多健康益处。通过群体涂布在植株元素表面上赋予此类益处的能力具有许多潜在优点，尤其在以商业(农业)规模使用时。

[0347] 本文中的内生植物群体可以与一或多种上述剂组合，得到适合于与农业植株元素、幼苗或其它植株元素组合的制剂。内生植物群体可以通过例如使用合成生长培养基培养生长来获得。此外，内生植物可以在固体培养基上培养，例如在皮氏培养皿上培养，刮去

并悬浮至制剂中。可以使用处于不同生长阶段的内生植物。举例来说，可以使用停滞期、对数生长早期、对数生长中期、对数生长晚期、稳定期、死亡早期或死亡期的内生植物。内生植物孢子可以用于本发明，例如但不限于：节孢子、芽孢囊、分生孢子、厚垣孢子、器孢子、孢子内壁、游动孢子。

[0348] 包含内生植物群体的制剂典型地含有根据湿重按重量计介于约0.1至95％之间，例如介于约1％与90％之间、介于约3％与75％之间、介于约5％与60％之间、介于约10％与50％之间的群体。制剂优选每毫升制剂含有至少约10^3CFU，例如每毫升制剂至少约10^4、至少约10^5、至少约10^6、至少约10^7CFU、至少约10^8CFU。制剂优选以每颗种子约10^2CFU、介于10^2与10^3CFU之间、至少约10^3CFU、介于10^3与10^4CFU之间、至少约10^4CFU、介于10^4与10^5CFU之间、至少约10^5CFU、介于10^5与10^6CFU之间、至少约10^6CFU、介于10^6与10^7CFU之间、至少约10^7CFU、介于10^7与10^8CFU之间或每颗种子甚至超过10^8CFU施加于植株元素。

[0349] 植株元素群体

[0350] 在另一个实施方案中，本发明提供了包含植株元素(PE)的合成组合物的基本上均一群体，其包括包含如上文所述的内生植物群体的两种或更多种PE。基本上均一性可以通过许多方式测定。在一些情况下，群体中至少10％、介于10％与20％之间、例如至少20％、介于20％与30％之间、至少30％、介于30％与40％之间、至少40％、介于40％与50％之间、至少50％、介于50％与60％之间、至少60％、介于60％与70％之间、至少70％、介于70％与75％之间、至少75％、介于75％与80％之间、至少80％、介于80％与90％之间、至少90％、介于90％与95％之间、至少95％或更多的PE包含当安置在PE表面上时有效定殖在源自于所述PE的植株上的量的内生植物群体。在其它情况下，群体中至少10％、介于之间10％与20％、例如至少20％、介于20％与30％之间、至少30％、介于30％与40％之间、至少40％、介于40％与50％之间、至少50％、介于50％与60％之间、至少60％、介于60％与70％之间、至少70％、介于70％与75％之间、至少75％、介于75％与80％之间、至少80％、介于80％与90％之间、至少90％、介于90％与95％之间、至少95％或更多的植株元素在植株元素表面上或每克植株元素含有至少1CFU、介于10与10CFU之间、10、介于10与100CFU之间或100CFU，例如每个植株要素介于100与200CFU之间、至少200CFU、介于200与300CFU之间、至少300CFU、介于300与1,000CFU之间、至少1,000CFU、介于1,000与3,000CFU之间、至少3,000CFU、介于3,000与10,000CFU之间、至少10,000CFU、介于10,000与30,000CFU之间、至少30,000CFU、介于30,000与100,000CFU之间、至少100,000CFU、介于100,000与300,000CFU之间、至少300,000CFU、介于300,000与1,000,000CFU之间或至少1,000,000CFU或更多。

[0351] 在一个具体实施例中，植株元素群体包装在适合于商业销售的袋子或容器中。此类袋子含有单位重量或单位数的包含如本文所述的内生植物群体的植株元素，且进一步包含标签。在一个实施方案中，袋子或容器含有至少100个植株元素、介于100个与1,000个之间的植株元素、1,000个植株元素、介于1,000个与5,000个之间的植株元素，例如至少5,000个植株元素、介于5,000个与10,000个之间的植株元素、至少10,000个植株元素、介于10,000个与20,000个之间的植株元素、至少20,000个植株元素、介于20,000个与30,000个之间的植株元素、至少30,000个植株元素、介于30,000个与50,000个之间的植株元素、至少50,000个植株元素、介于50,000个与70,000个之间的植株元素、至少70,000个植株元素、介于

70,000个与80,000个之间的植株元素、至少80,000个植株元素、介于80,000个与90,000之间、至少90,000个植株元素或更多。在另一个实施方案中，袋子或容器可以包含离散重量的植株元素，例如至少1磅、介于1磅与2磅之间、至少2磅、介于2磅与5磅之间、至少5磅、介于5磅与10磅之间、至少10磅、介于10磅与30磅之间、至少30磅、介于30磅与50磅之间、至少50磅、介于50磅与70磅之间、至少70磅或更多。袋子或容器包含描述植株元素和/或所述内生植物群体的标签。标签可以含有附加信息，例如选自由以下组成的组的信息：净重、批号、植株元素的地理来源、测试日期、发芽率、惰性物质含量和毒草量(如果有的话)。合适的容器或包装包括传统上用于植株种子商业化的那些容器或包装。本发明还涵盖具有更复杂的存储能力(例如具有防微生物包裹或具有防气或防水外壳)的其它容器。

[0352] 在一些情况下，根据增加的均一性，例如根据微生物群体的均一性，进一步选择包含内生植物群体的种子亚群。举例来说，可以测试从个别玉米穗轴、个别植株、个别地块(代表在同一天接种的植株)或个别田地收集的池的个别植株元素的微生物密度均一性，且只有满足具体要求(例如如通过别处描述的定量方法所测定，测试植株元素中至少80％具有最小密度)的那些池进行组合，从而提供农业种子亚群。

[0353] 本文所述的方法还可以包含验证步骤。验证步骤会需要例如一些从接种的植株收集的一些植株元素生长成成熟的农业植株，并测试那些个别植株的均一性。此类验证步骤可以在从玉米穗轴、个别植株、个别地块(代表在同一天接种的植株)或个别田地收集的个别种子上进行，并如上所述进行测试，以鉴定满足所需具体要求的池。

[0354] 在一些实施方案中，本文所述的方法包括种植本文所述的合成组合物。合适的种植器包括用于农业操作中以在种植操作期间将包括以下中的一种或多种的微粒物质施加至土壤中的空中播种机和/或施肥机：种子、肥料和/或接种物。播种机/施肥机可以包括上面具有接地开沟器的刀杆，后面牵引轮式手推车，所述轮式手推车包括一个或多个保存槽或箱和相关计量工具，分别容纳微粒物质和计量微粒物质。

[0355] 在某些实施方案中，本文所述的组合物可以呈液体、浆液、固体或粉末(可湿性粉末或干粉)形式。在另一个实施方案中，组合物可以呈种衣剂形式。呈液体、浆液或粉末(例如可湿性粉末)形式的组合物适合于涂布种植元素。当用于涂布植株元素时，组合物可以施加至植株并使之干燥。在组合物是粉末(例如可湿性粉末)的实施方案下，例如水等液体可能需要在施加至种子前加入粉末中。

[0356] 在又一实施方案中，方法可以包括将一种或多种本文所述的内生植物群体的接种物引入土壤中。此类方法可以包括将一种或多种本文所述的组合物引入土壤中。接种物或组合物可以根据本领域的技术人员已知的方法引入土壤中。非限制性实例包括沟内引入、喷雾、涂布种子、叶引入等。在一个具体实施方案中，引入步骤包括沟内引入本文所述的接种物或组合物。

[0357] 在一个实施方案中，植株元素可以用本文所述的组合物以若干方式但优选经由喷雾或滴注来处理。喷雾和滴注处理可以通过配制本文所述的组合物并经由连续处理系统(经校准以与连续种子流成比例的预先确定的速率施加处理)，例如滚筒型处理器将组合物喷雾或滴注至种子上来进行。还可以采用间歇式系统，其中预定批量大小的如本文所述的种子和组合物被递送至混合器。

[0358] 在另一个实施方案中，处理需要涂布植株元素。一个此类方法包括用本文所述的

组合物涂布圆形容器的内壁，加入植株元素，接着使容器旋转以使植株元素接触墙壁和组合物，这是本领域中称为“容器镀层”的方法。植株元素可以通过涂布方法的组合来涂布。浸泡典型地需要使用所述组合物的液体形式。举例来说，植株元素可以浸泡约1分钟至约24小时（例如至少1分钟、介于1分钟与5分钟之间、介于5分钟与10分钟之间、10分钟、介于10分钟与20分钟之间、20分钟、介于20分钟与40分钟之间、40分钟、介于40分钟与80分钟之间、80分钟、介于80分钟与3小时之间、3小时、介于3小时与6小时之间、6小时、介于6小时与12小时之间、12小时、介于12小时与24小时之间、24小时）。

[0359] 植株群体/农业田地

[0360] 作物改进工作的主要焦点是选择具有给与除最高回报外最大的同质性和均一性的性状的品种。虽然近亲繁殖可以产生遗传上基本同一的植株，但关于株高、开花期和播种时间的异质性仍然是获得均质植株田地的障碍。不可避免的植株与植株之间的变化性是由许多因素引起，所述因素包括不稳定的环境条件和管理实践。在一些情况下，另一可能的变化性来源可能是由于寄居植株的内生植物群体的异质性。通过提供内生植物群体至植株生殖元素上，由植株生殖元素萌发产生的所得植株具有更一致的内生植物收集，因此预期产生更均一的植株群体。

[0361] 因此，在另一个实施方案中，本发明提供了基本上均一的植株群体。群体可以包括至少5个植株、介于5个与10个植株之间、至少10个植株、介于10个与100个植株之间、例如至少100个植株、介于100个与300个植株之间、至少300个植株、介于300个与1,000个植株之间、至少1,000个植株、介于1,000个与3,000个植株之间、至少3,000个植株、介于3,000个与10,000个植株之间、至少10,000个植株、介于10,000个与30,000个植株之间、至少30,000个植株、介于30,000个与100,000个植株之间、至少100,000个植株或更多。植株可以源自于包含如本文所述的内生植物群体的植株生殖元素。植株呈基本上均一的组，例如成排、成丛、成块、成环或其它种植布局载培。

[0362] 植株的均一性可以用许多不同的方式测量。在一些实施方案中，植株群体内内生植物的均一性增加。举例来说，在一些实施方案中，植株群体的实质部分，例如群体中至少10％、介于10％与20％之间、至少20％、介于20％与30％之间、至少30％、介于30％与40％之间、至少40％、介于40％与50％之间、至少50％、介于50％与60％之间、至少60％、介于60％与70％之间、至少70％、介于70％与75％之间、至少75％、介于75％与80％之间、至少80％、介于80％与90％之间、至少90％、介于90％与95％之间、至少95％或更多的植株元素或植株，含有阈值数目的内生植物群体。植株或植株一部分中阈值数目可以是至少10CFU、介于10与100CFU之间、至少100CFU、介于100与300CFU之间、例如至少300CFU、介于300与1,000CFU之间、至少1,000CFU、介于1,000与3,000CFU之间、至少3,000CFU、介于3,000与10,000CFU之间、至少10,000CFU、介于10,000与30,000CFU之间、至少30,000CFU、介于30,000与100,000CFU之间、至少100,000CFU或更多。可替代地，在实质部分的植株群体中，例如在群体中的至少1％、介于1％与10％之间、至少10％、介于10％与20％之间、至少20％、介于20％与30％之间、至少30％、介于30％与40％之间、至少40％、介于40％与50％之间、至少50％、介于50％与60％之间、至少60％、介于60％与70％之间、至少70％、介于70％与75％之间、至少75％、介于75％与80％之间、至少80％、介于80％与90％之间、至少90％、介于90％与95％之间、至少95％或更多植株中，被提供至种子或幼苗的内生植物群体占植株/种子中总内生

植物群体的至少0.1％、介于0.1％与1％之间、至少1％、介于1％与5％之间、至少5％、介于5％与10％之间、至少10％、介于10％与20％之间、至少20％、介于20％与30％之间、至少30％、介于30％与40％之间、至少40％、介于40％与50％之间、至少50％、介于50％与60％之间、至少60％、介于60％与70％之间、至少70％、介于70％与80％之间、至少80％、介于80％与90％之间、至少90％、介于90％与95％之间、至少95％、介于95％与99％之间、至少99％、介于99％与100％之间或100％。

[0363] 在一个实施方案中，相对于未接种的对照，组分的分类群、种属或物种内实质比例或所有可检测的内生植物的遗传均一性增加。此增加的均一性可以是单克隆来源或以其它方式源自基因组序列和质粒谱系比主要经由各种土壤共生体的同化获得内生植物群落的植物的内生植物群体中存在的基因组序列和质粒谱系更均一的群体的内生植物的结果。

[0364] 在另一个实施方案中，群体内植株的生理参数的均一性增加。在一些情况下，与在相同条件下生长的参考农业植株群体相比，植株高度的均一性增加。举例来说，与在相同条件下生长的参考农业植株群体相比，群体中植株高度的标准偏差减少至少5％、介于5％与10％之间、例如至少10％、介于10％与15％之间、至少15％、介于15％与20％之间、至少20％、介于20％与30％之间、至少30％、介于30％与40％之间、至少40％、介于40％与50％之间、至少50％、介于50％与60％之间、至少60％或更多。在其它情况下，与在相同条件下生长的参考农业植株群体相比，群体中植株开花期的标准偏差减少至少5％、介于5％与10％之间、例如至少10％、介于10％与15％之间、至少15％、介于15％与20％之间、至少20％、介于20％与30％之间、至少30％、介于30％与40％之间、至少40％、介于40％与50％之间、至少50％、介于50％与60％之间、至少60％或更多。

[0365] 商用植株产品

[0366] 本发明提供了一种商用植株产品以及用于产生源自于植株的商用植株产品的方法。如本文所用，“商用植株产品”是指由源自于本发明的植株、种子、植株细胞或植株元素的物质构成的任何组合物或产品。商用植株产品可以卖给消费者且可以是活的或不能存活的。不能存活的商品产品包括但不限于不能存活的植株元素和颗粒；加工种子、种子部分和植株元素；脱水植株组织、冷冻植株组织和加工植株组织；加工成动物饲料供陆地和/或水生动物食用的种子和植株元素、油、粗粉、面粉、薄片、糠、纤维、纸、茶叶、咖啡、青饲料、全粒压碎和任何其它供人或动物食用的食品，例如果实或植株的其它可食用部分；以及生物量和燃料产品；以及工业原料。

[0367] 源自于本文所述的农业植株的油的工业用途包括用于油漆、塑料、纤维、清洁剂、化妆品、润滑剂和生物柴油燃料的成分。植物油可以分离、互酯化、硫化、环氧化、聚合、乙氧化或裂解。设计和生产具有改进的功能性和改进的油脂化学的植物油衍生物是一个迅速增长的领域。举例来说，甘油三酯的混合物通常分离和分成纯的脂肪酸，然后所述脂肪酸与源自石油的醇或酸、氮、磺酸酯、氯或与源自于油脂的脂肪醇组合，产生所需类型的油或脂肪。商用植株产品还包括工业化合物，例如用于配制粘合剂、薄膜、塑料、油漆、涂料和泡沫的多种树脂。

[0368] 内生植物和包含内生植物的合成组合物的使用方法

[0369] 如本文所述，纯化的内生植物群体和包含其的合成组合物(例如制剂)可以用于赋予寄主植株有益的性状。

[0370] 将在以下实施例中进一步描述本发明，所述实施例不限制权利要求书中描述的本发明的范围。每个专利申请、杂志文章、引用和其它参考文献以引用的方式整体并入本文中，如同每一个个别地以引用的方式并入本文中一样。

实施例

[0371] 实施例1.内生植物的分离和鉴定

[0372] 使用本领域中众所周知的方法从农业植株分离内生植物微生物并培养。使用DNeasy DNA提取试剂盒(Qiagen,Hilden,Germany)，根据制造商说明书从地面组织提取DNA。内生植物通过基因组区域的序列表征，这些序列在表4中列出。扩增本发明的内生植物的基因组区域的引物在表3中列出。

[0373] 表3.可用于鉴定本发明的微生物的引物序列

[0374]

引物	基因座
27f (5' - AGAGTTTGATYMTGGCTCAG- 3') (SEQ ID NO: 1) 1492r (5' - GGTTACCTTGTTACGACTT - 3') (SEQ ID NO: 2)	16S
515f (5' - GTGYCAGCMGCCGCGGTAA - 3') (SEQ ID NO: 3) 806r (5' - GGACTACNVGGGTWTCTAAT - 3') (SEQ ID NO: 4)	16S
ITS_1 (5' - CTTGGTCATTTAGAGGAAGTAA - 3') (SEQ ID NO: 5) LR5 (5' - TCCTGAGGGAAACTTCG - 3') (SEQ ID NO:8)	ITS
ITS_2 (5' -GCTGCGTTCTTCATCGATGC - 3') (SEQ ID NO: 6) ITS_3 (5' - GCATCGATGAAGAACGCAGC - 3') (SEQ ID NO: 7)	ITS
MIC-19994，独特基因组区域，引物-扩增子 F (5' - TGCTGGTAGTGCGAATGAAA - 3') (SEQ ID NO: 9), MIC-19994，独特基因组区域，引物-扩增子 R (5' - CTTTCGGGTTCCATCAGGT - 3') (SEQ ID NO: 10)	独特基因组区域
MIC-31593，独特基因组区域，引物-扩增子 F (5' - CTACCGCAAGAGCAACTGTG - 3') (SEQ ID NO: 11) MIC-31593，独特基因组区域，引物-扩增子 R (5' - ACTTCCTCCTCCTCCTCCTC - 3') (SEQ ID NO: 12)	独特基因组区域
MIC-96038，独特基因组区域，引物-扩增子 F (5' - GTCCTCGCCTAATCAGGAGTC -3') (SEQ ID NO: 13) MIC-96038，独特基因组区域，引物-扩增子 R (5' - TCCTATTCCCTGACGTGCTAC -3') (SEQ ID NO: 14)	独特基因组区域

[0375]

引物	基因座
MIC-33414，独特基因组区域，引物-扩增子 F (5' - GAGGAGGAGGAGGAGAGGTT - 3') (SEQ ID NO: 15) MIC-33414，独特基因组区域，引物-扩增子 R (5' - CGTCCGTCTCCCAGACTATT - 3') (SEQ ID NO: 16)	独特基因组区域
MIC-68178，引物-扩增子 F (5' - CTCCTCCTCCTCCTCCTGAT - 3') (SEQ ID NO: 36) MIC-68178，引物-扩增子 R (5' - TCACAGAGCTACGCGACTTG - 3') (SEQ ID NO: 37)	独特基因组区域
MIC-68390 (5' – CTTCCAGGCATAGTAATGTGGA – 3') (SEQ ID NO: 34) MIC-68390 (5' – ACTTCCACTACCATGAGCAATTC – 3') (SEQ ID NO: 35)	独特基因组区域
PGK (5' – GTYGAYTTCAAYGTYCC – 3') (SEQ ID NO: 32) PGK (5' – ACACCDGGDGGRCCGTTCCA – 3') (SEQ ID NO: 33)	磷酸甘油酸激酶
ACT512f，肌动蛋白，引物-扩增子 F (5' - ATGTGCAAGGCCGGTTTCG - 3') (SEQ ID NO: 17) ACT783r，肌动蛋白，引物-扩增子 R (5' - TACGAGTCCTTCTGGCCCAT - 3') (SEQ ID NO: 18)	肌动蛋白
fusA-f2，延伸因子 G，引物-扩增子 F (5' - TCGCGTTCGTTAACAAAATGGACCGTAT -3') (SEQ ID NO: 19) fusA-R2，延伸因子 G，引物-扩增子 R (5' - TCGCCAGACGGCCCAGAGCCAGACCCAT - 3') (SEQ ID NO: 20)	延伸因子 G
RPB1-Af，RNA 聚合酶 II 的最大亚基，引物-扩增子 F (5' - GARTGYCCDGGDCAYTTYGG - 3') (SEQ ID NO: 21) RPB1-Cr，RNA 聚合酶 II 的最大亚基，引物-扩增子 R (5' - CCNGCDATNTCRTTRTCCATRTA - 3') (SEQ ID NO: 22)	RNA 聚合酶 II 的最大亚基
LR0R，长亚基 rRNA 基因，引物-扩增子 F (5' - ACCCGCTGAACTTAAGC - 3') (SEQ ID NO: 23) LR5，长亚基 rRNA 基因，引物-扩增子 R (5' -	长亚基 rRNA 基因

[0376]

引物	基因座
TCCTGAGGGAAACTTCG - 3') (SEQ ID NO: 24)	
bRPB2-7.1R，第二 RNA 聚合酶 II 的最大亚基，引物-扩增子 R (5' - CCCATRGCYTGYTTMCCCATDGC - 3') (SEQ ID NO: 25) fRPB2-5F，第二 RNA 聚合酶 II 的最大亚基，引物-扩增子 F (5' - GAYGAYMGWGATCAYTTYGG - 3') (SEQ ID NO: 26)	第二 RNA 聚合酶 II 的最大亚基
NS1 (5'- GTAGTCATATGCTTGTCTC -3') (SEQ ID NO: 27) NS4 (5' – CTTCCGTCAATTCCTTTAAG -3') (SEQ ID NO: 28)	SSU，小亚基 rRNA 基因
SR1R (5' - TACCTGGTTGATQCTGCCAGT - 3') (SEQ ID NO: 29) NS4 (5' – CTTCCGTCAATTCCTTTAAG -3') (SEQ ID NO: 28)	SSU，小亚基 rRNA 基因
Btub2Fd，β-微管蛋白，引物-扩增子 F (5' - GTBCACCTYCARACCGGYCARTG - 3') (SEQ ID NO: 30) Btub4Rd，β-微管蛋白，引物-扩增子 R (5' - CCRGAYTGRCCRAARACRAAGTTGTC - 3') (SEQ ID NO: 31)	β-微管蛋白

[0377]

表 4. 本发明的内生植物的例示性序列

SEQ ID	MIC ID	基因/基因座	序列
38	MIC-19994	ITS	TCTTGGTCATTTAGAGGAAGTAAAAGTCGTAACAAGGTCTCCGTTGGTGAACCAGCGGAG GGATCATTACAAGAAGCCGAAAGGCTACTTCAAACCATCGTGAACTTATCCAAGTTGCTTC GGCGGCGCGGCTCCCCCTCGCGGGGTGCCGCAGCCCCCGCCCCTCGGGGGTGGTGGGCGCC CGCCGGAGGTATTAAACTCTCCCGTATTATAGTGGTATTTCTGAGTAAAAACAAATAAGTT AAAACTTTCAACAACGGATCTCTTGGTTCTGGCATCGATGAAGAACGCAGCGAAATGCGAT AAGTAATGTGAATTGCAGAATTCAGTGAATCATCGAATCTTTGAACGCACATTGCGCCCGC TAGTATTCTAGCGGGCATGCCTGTTCGAGCGTCATTTCAACCCTCAAGCCCTGCTTGGTGTT GGGGCCCTACGGCTGCCGTAGGCCCTGAAAAGAAGTGGCGGGCTCGCTGCAACTCCGAGC GTAGTAATTCATTATCTCGCTAGGGAGGCGCGGCGGTGCTCCTGCCGTTAAAGACCATCTT TAACCAAAGGTTGACCTCGGATCAGGTAGGAATACCCGCTGAACTTAAGCATATCAATAA GCGGAGGAAAAGAAACCAACAGGGATTGCCCTAGTAACGGCGAGTGAAGCGGCAACAGC TCAAATTTGAAATCTGGCTTCGGCCCGAGTTGTAATTTGTAGAGGATGCTTTTGGTGAGGT GCCTTCTGAGTTCCCTGGAACGGGACGCCAGAGAGGGTGAGAGCCCCGTATAGTCGGCCA CCGATCCTCTCTGTAAAGCTCCTTCGACGAGTCGAGTAGTTTGGGAATGCTGCTCAAAATGGG AGGTATATCTCTTCTAAAGCTAAATATAGGCCAGAGACCGATAGCGCACAAGTAGAGTGA TCGAAAGATGAAAAGCACTTTGAAAAAGAGGGTTAAATAGCACGTGAAATTGTTGAAAGGG AAGCGCTTGTGACCAGACTTGCGCCGGGCTGATCATCCAGTGTTCTCACTGGTGCACTCGA CCCGGCTCAGGCCAGCGTCGGTTCTCGCAGGGGGATAAAAGCTTCGGGAACGTGGCACCT TCGGGTGTGTTATAGCCCGCTGCTTAATACCCCGGTGGGGACCGAGGTTCGCGCTCTGCAA GGACGCTGGCATAATGGTCATCAGCGACCCGTCTTGAAACACGGACCAAGGAGTCGAGGT TTTGCGCGAGTGTTTGGGTGTAAAACCCGCACGCGTAATGAAAGTGAACGTAGGTGAGAG CTTCGGCGCATCATCGACCGATCCTGATGTATTCGGATGGATTTGAGTAAGAGCGTATAGC CTCGGACCCGAAAGATGGTGAACTATGCCTGAATAGGGGGAAGCCAGAGGAAACTCTGGT GGAGGCTCGCAGCGGTTCTGACGTGCAAATCGATCGTCAAATTTGGGCA

[0378]

SEQ ID	MIC ID	基因/基因座	序列
39	MIC-19994	LSU	TCCTGAGGGAAACTTCGGCGGTAACCAGCTACTAGATGGTTCGATTAGTCTTTCGCCCCCA TGCCCAAATTTGACGATCGATTTGCACGTCAGAACCGCTGCGAGCCTCCACCAGAGTTTCC TCTGGCTTCACCCTATTCAGGCATAGTTCACCATCTTTCGGGTCCGAGGCTATACGCTCTTA CTCAAATCCATCCGAATACATCAGGATCGGTCGATGATGCGCCCGAAGCTCTCACCTACGTT CACTTTCATTACGCGTGCGGGTTTTACACCCAAACACTCGCGCAAAACCTCGACTCCTTGG TCCGTGTTTCAAGACGGGTCGCTGATGACCATTATGCCAGCGTCCTTGCAGAGCGCGAACC TCGGTCCCCACAGGGGTATTAAGCAGCGGGCTATAACACACCCGAAGGTGCCACGTTCCC GAAGCTTTTATCCCCCTGCGAGAACCGACGCTGGCCTGAGCCGGGTCGAGTGCACCAGTGA GAACACTGGATGATCAGCCCGGCGCAAGTCTGGTCACAAGCGCTTCCCTTTCAACAATTTC ACGTGCTATTTAACCCTCTTTTCAAAGTGCTTTTCATCTTTCGATCACTCTACTTGTGCGCTA TCGGTCTCTGGCCTATATTTAGCTTTAGAAGAGATATACCTCCCATTTTGAGCAGCATTCCC AAACTACTCGACTCGTCGAAGGAGCTTTACAGAGGATCGGTGGCCGACTATACGGGGCTCT CACCCTCTCTGGCGTCCCGTTCCAGGGAACTCAGAAGGCACCTCACCAAAAGCATCCTCTA CAAATTACAACTCGGGCCGAAGCCAGATTTCAAATTTGAGCTGTTGCCGCTTCACTCGCCG TTACTAGGGCAATCCCTGTTGGTTTCTTTTCCTCCGCTTATTGATATGCTTAAGTTCAGCGG GTA

[0379]

SEQ ID	MIC ID	基因/基因座	序列
40	MIC-19994	SSU	CTTCCGTCAATTTCTTTAAGTTTCAGCCTTGCGACCATACTACTCCCCCCAGAACCCAGAAACTT TACTTTCGTGTAAGGTGCCGAACGAGTCAAAATATAACATCGTCCGATCCCTAGTCGGCAT AGTTTATGGTTAAGACTACGACGGTATCTGATCGTCTTCGATCCCCTAACTTTCGTTCCTGA TTAATGAAAACATCCTTGGCAAATGCTTTCGCAGTAGTTAGTCTTCAATAAATCCAAGAAT TTCACCTCTGACAATTGAATACTGATGCCCCCGACTGTCCCTATTAATCATTACGGCGGTCC TAGAAACCAACAAAATAGAACCACACGTCCTATTCTATTATTCCATGCTAATGTATTCGAG CATAGGCCTTCTTTAAGCGATCTAATTTGTTCAAAGTAAAAGTCCTGGTTCCCCGACACAC CCAGTGAAGGGCATGCGGTTCCCCAGAGGGAAAGGCCCGGCCGGACCAGTGCACGCGGTG AGGCGGACCGGCCAGCCAGGCCCAAGGTTCAACTACGAGCTTTTTTAACTGCAACAACTTTA ATATACGCTATTGGAGCTGGAATTACCGCGGCTGCTGGCACCAGACTTGCCCTCCAATTGT TCCTCGTTAAGGGATTTAAATTGTGTACTCATTCCAATTACAAGACCCAAAAGAGCCCTGTAT CAGTATTTATTGTCACTACCTCCCCGAATCGGGATTGGGTAATTTGCGCGCCTGCTGCCTTC CTTGGATGTAGTAGCCGTTTCTCAGGCTCCTTCTCCGGGGTCGAGCCCTAACCCTCCGTTAC CCGTTGTCACCATGGCTGGCCAAGACCCAGCCGTCGAAAGTTGATAGGGCAGAAATTTGA ATGAACCATCGCCGGCGCAAGGCCGTGCGATTCGAGAAGTTATTATGAATCACCAGAGAG CCCCGAAGGGCATTGGTTTTTAATCTAATAAATACATCCCTTCCGAAGTCGGGATTTTTAGC ATGTATTAGCTCTAGAATTACCACGGTTATCCAAGTAGTAAGGTACTATCAAATAAACGAT AACTGATTTAATGAGCCATTCGCAGTTTCGCGGTATAATTGCTTATACTTAGACATGCATG GCTTAATCTTTGAGACAAGCATATGACTACTGGCAGAATCAACCAGGTAA

[0380]

SEQ ID	MIC ID	基因/基因座	序列
41	MIC-19994	独特基因组区域	TGCTGGTAGTGCGAATGAAAATGGCTGGTTCCAGGATATAACGGGTAATCGACTGCACTTT AACAAGGCTATGCGAGTACTTTGCGACCATGGTCTTGCAGAAGCAGATCCGCCGACGAAA GAGCACGGTTCGGAGTCTGGAGGGTACAGTGTGCACGGATGTGTGCACTCCTGGATGGTA AACGTCCTCAACCAGACAGGAGATGCGGAGATGGCACGTCTGGCTTTGAGGTGTGTGGCT AGCCATGTGCCAAGCACGGAGGAGGGTGAGTATTGGCGGGTACAGCGGCGCCTCCTTCTG CACGCAGACCAATGCTTGAAATTGATGGAAGAGAGGGTCAGGAGGAGGAAGGCAATGGATG GGTATTCCATAATCTAGGAGATCTCTCTACAAAGCCCAAGGGCGGTTCAAGGAAGCAGAAGC CATGTACGAGCGGGCGCTTCGAGGCAAGGAGAAGGCATGGGGACCAGACCACACGTCGAC ACTCGACACAGTCAACAATCTGGGTCTCGTCGCCGACAACAAAGCCAGCCACACCAAACA TCAAGTTCCATTCTCGTTCCCCGTCTTTGTCGTGTGGCAGACAAAACCTGATGGAACCCGA AAG

[0381]

SEQ ID	MIC ID	基因/基因座	序列
42	MIC-31593	ITS	AGGTGAACCTGCGGAGGGATCATTACACAATAAATACGAAGGCCGTTCGCGGCTGGACT ATTTATTACCCTTGTCTTTTGCGCACTTGTTGTTTCCTGGGCGGGTTCGCTCGCCACCAGGA CCACAATATAAACCTTTTTTATGCAGTTGCAATCAGCGTCAGTATAACAAATGTAAATCAT TTACAACTTTCAACAACGGATCTCTTGGTTCTGGCATCGATGAAGAACGCAGCGAAATGCG ATACGTAGTGTGAATTGCAGAATTCAGTGAATCATCGAATCTTTGAACGCACATTGCGCCC TTTGGTATTCCAAAGGGCATGCCTGTTCGAGCGTCATTTGTACCCTCAAGCTTTGCTTGGTG TTGGGCGTTTTTGTCTTTGGCCCGCCAAAGACTCGCCTTAAAATGATTGGCAGCCGGCCTA CTGGTTTCGCAGCGCAGCACATTTTTGCGCTTGCAATCAGCAAAAGAGGACGGCAATCCAT CAAGACTCCTTCTCACGTTTGACCTCGGATCAGGTAGGGATACCCGCTGAACTTAAGCATA TCAATAAGCGGAGGAAAAGAAACCAACAGGGATTGCCCTAGTAACGGCGAGTGAAGCGG CAACAGCTCAAATTTGAAATCTGGCTCTTTCAGAGTCCGAGTTGTAATTTGCAGAGGGCGC TTTGGCTTTGGCAGCGGTCCAAGTTCCTTGGAACAGGACGTCACAGAGGGTGAGAATCCCG TACGTGGTCGCTAGCTATTGCCGTGTAAAGCCCCTTCGACGAGTCGAGTTGTTTGGGAATG CAGCTCTAAATGGGAGGTAAATTTCTTCTAAAGCTAAATATTGGCCAGAGACCGATAGCGC ACAAGTAGAGTGATCGAAAGATGAAAAGCACTTTGGAAAGAGAGTCAAACAGCACGTGA AATTGTTGAAAGGGAAGCGCTTGCAGCCAGACTTGCTTGCAGTTGCTCATCCGGGCTTTTG CCCGGTGCACTCTTCTGCAGGCAGGCCAGCATCAGTTTGGGCGGTGGGATAAAGGTCTCTG TCACGTACCTTCCTTCGGGTTGGCCTTATAGGGGAGACGCCATACCACCAGCCTGGACTGA GGTCCGCGCATCTGCTAGGATGCTGGCGTAATGGCTGTAAGCGGCCCGTCTTGAAACACGG ACCAAGGAGTCTAACATCTATGCGAGTGTTTGGGTGTCAAGCCCGAGCGCGTAATGAAAG TGAACGGAGGTGGGAACCCGCAAGGGTGCACCATCGACCGATCCTGAAGTTTACGGAAGG ATTTGAGTAAGAGCATGGCTGTTGGGACCCGAAAGATGGTGAACTATGCTTGAATAGGGT GAAGCCAGAGGAAACTCTGGTGGAGGCTCGCAGCGGTTCTGACGTGCAAATCGATCGTCA AATTTGGGCATAGGGGCGAAAGACTAATCGAA

[0382]

SEQ ID	MIC ID	基因/基因座	序列
43	MIC-31593	RPB2	CCCATAGCTTGCTTACCCATAGCAGATTGGTATGTGTTACGGGGGCGACTGGTTGTGATCTG GGAAGGGAATGATACTGGCGCGCAAATACCCAAGATCATAGCTGGGTGAATCTCACAATGGG TGTAGGCGTGGATGCGAGGATCCGGTAGTGGCTTGAGACGGCGGAGTCGATCCTTGCCTTC AGTAGATCGCTCAGCTGCAGGCAAGCCCATCTTCATTTCTCGCCATTCTTCCAAGTCCTCGG GAGAGAATGTTATCATTGCAGTTTCTTCTTCCTCGGCATCGAGGTATTCAACGACACCGTCT TGAATGAGACCTCTCCAGCCGTATGTAGCCTGCTCGACTTCCTCTTGACTCCAGCCTTGTCT TGTACTGGTCTCTTGCTGTTCAGCCTTGAGCTTGTTGCTGATTTCCTTGGTAAAGATGAGGT GGTTCCGGTTTGGCTTTCGAATATCGTTTTCTACAACGAACAAAGGCCTCATGACACGACC CGCATCTGTGAATATCTTGAACTCTCTGTCGCGAATATCACGAATCAAACTCATCTCGTAA GACAGAGTACCATTGCGGCGAAGCTCCTGCACGACTGTGACAAGCTGCTGAGCATTTGAAT GAACACCAACCCAGACACCGTTAACGAAGACCTTGGTCGCATCCGGGTTCTGGTTCTGGTC GTACTCCTCGAGAAGTTGCATGTTACGTTGTGTCATGAAGTCGATAATGGGCGATGCATCG CTACCAACACTGACATAACACATAAGAGACAAGTTCTTGACCAGACCGCAAGCCTGTCCTT CGGGCGTCTCAGCAGGGCAGACAAGACCCCAATGAGAGTTGTGAAGCTGTCGCGGCTTTG CCAACTTACCATCACGTCCAACGGGGGTGTTCGTTCGACGCAGATGGGATAGTGTGGAGGC ATAGGTGTATCGGTTCAACACCTGCGAAACACCAGCCTTGGCAGATGCAGCCTTCTTCTGA TCACCCCAATTGCCTGTAGCCAGAGAGTACTTCAGGCCGTTTGTGATGATGCTGGCTTTCA CAGCCATTTGAACATTGAAGTCTTGGTTGTTTTCCACGCACCGCTGGAGGTACTTGTAGAC ATCCTTGGTGAGCTTCAGGAACAAGATTCGGAACAAGTTGGCAATCAGAGGTCCAGCCAG ATCTAGTCGCTTCTTTCCAAAGTGATCACGATCGTCC
44	MIC-31593	β-微管蛋白	GTTCACCTCCAGACCGGTCAATGCGTAAGTCTCGCGCCGCCTGAAAACACCACGGGAACG ACTGCTAACAGCCGCTACAGGGTAACCAAATTGGTGCCGCCTTCTGGCAGACCATTTCCGG CGAGCATGGCCTCGACGGCTCTGGTGTCTACAACGGCACCTCTGACCTTCAGCTCGAGCGC ATGAACGTCTACTTCAACGAAGTACGTCCCTCGGTGAAGCTCCAACAGACAAAAGACCAA TACTGATGTGCAGCAGGCTTCCAACACAACAAGTTCGTGCCCCGTCCTCGTCGATCTC GAGCCTGGTACTATGGACGCTGTCCGCGCTGGTCCCTTTGGTCAGCTCTTCCGCCCCGACA ACTTCGTCTTCGGCCAGTCGGGT

[0383]

SEQ ID	MIC ID	基因/基因座	序列
45	MIC-31593	独特基因组区域	CTACCGCAAGAGCAACTGTGCAAGTCCAGCTTCAGTCCCTTTCGATCCCCCTCGCCCAGGA AGAGATTCACCCACGAGCGCAACCAGTCCGAGGCGGTCCAGCGTCCTATGAGCG TTTGCAGCAACTCGCCAGCAGTTCAGCACACCAAAAGAGCCTCCATCTACGTCTCCGACGC TTCCATCATCCTAGCGCAACGCTCACCCATGGCTTCTCCGGTTTCCCCACCAGACTCCATGT CCTCCCCCATCCATGAATCGTCTGATGCCGTCGACCACTATGCTATCCTGGAGATCACCCCT AGAGCAACTACCGATGAGGTCAAGGCTGCCTACCGCCGACTACGGGTCGTCTACTTCTCAA GTGACGCGAAGAAGTACCGAGCACTGCAGGCGGCCTTCGACGTCTTGATGGACCCGCAAT CCCGCGAAGCTTACGACGCAACCTATCAACCAACTGCCGCAGCACCAGTATCGCTCGCTAG CATTGGTGAGATCCTGGACTCGGGGAAGCTATGGCGACAGGACAGCGCCCACGGAGACGA CCCAGTAATCCCAGAAGAGGAAGAGGAGGAGGAGGAAGT

[0384]

SEQ ID	MIC ID	基因/基因座	序列
46	MIC-96038	ITS	TCTTGGTCATTTAGAGGAAGTAAAAGTCGTAACAAGGTCTCCGTTGGTGAACCAGCGGAG GGATCATTACCGAGTGTAAAAAACTCCCAAACCATTGTGAACTTACCACTGTTGCTTCGGCG GCCTCGCCCCGGGCGCGTTCGCGCGGCCCGGACCCAGGCGTCCGCCGGAGGCTCCAAACT CTTGTCTTTTAGTGTATTTCTGAGTGGCATAAGCAAATAAATCAAAACTTTCAGCAACGGA TCTCTTGGTTCTGGCATCGATGAAGAACGCAGCAAAATGCGATAAGTAATGTGAATTGCAG AATTCAGTGAATCATCGAATCTTTGAACGCACATTGCGCCCCGCCAGTATTCTGGCGGGCAT GCCTGTCTGAGCGTCATTTTCAACCCTCAGGACCCGTTCGCGGGACCTGGCGTTGGGGATCA GCCTGCCCCTGGCGGCGGCTGGCCCTGAAATCCAGTGGCGGTTCCCTCGCGAACTCCTCCG TGCAGTAATTAAACCTCTCGCGGCAGGATAGCGGTTGAACCACGCCGTTAAACCCCCCACT TCTCAAGGTTGACCTCAGATCAGGTAGGAATACCCGCTGAACTTAAGCATATCAATAAGCG GAGGAAAAGAAACCAACAGGGATTGCCCTAGTAACGGCGAGTGAAGCGGCAACAGCTCA AATTTGAAATCTGGCCTCACGGTCCGAATTGTAATTTGTAGAGGATGTTTCTGGCGACGTG TCTTCCGAGTTCCCTGGAACGGGACGCCATAGAGGGTGAGAGCCCCGTCCGGTCGTACACC TAGCCTCTGTGAAACTCCCTTCGACGAGTCGAGTAGTTTGGGAATGCTGCTCTCTAAATGGGAG GTATACGTCTTCTAAAGCTAAATACCGGCCAGAGACCGATAGCGCACAAGTAGAGTGATC GAAAGATGAAAAGCACTTTGAAAAGAGGGTTAAATAGTACGTGAAATTGCTGAAAGGGAA GCGCTTATGACCAGACTTGGGCTCGGTGAATCATCCGGCGTTCTCGCCGGTGCACTTTGCC GTCCCAGGCCAGCATCAGTTCGCGCCGGGGGGATAAAGGTTTCGGGAATGTAGCTCCTTCGG GAGTGTTATAGCCCGTTGCGTAATACCCTGGCGTGGACTGAGGTCCGCGCTCTCTGCAAGGAT GCTGGCGTAATGGTCATCAGTGACCCGTCTTGAAACACGGACCAAGGAGTCGTCTTCGTAT GCGAGTGTTCGGGTGTCAAACCCCTACGCGTAATGAAAGTGAACGTAGGAGAGAGCTTCG GCGCATCTCCGACCGATCCTGATGTTCTCGGATGGATTTGAGTAAGAGCATACGGGGCCGG ACCCGAAAGAAGGTGAACTATGCCTGTATAGGGTGAAGCCAGAGGAAACTCTGGTGGAGG CTCGCAGCGGTTCTGACGTGCAAATCGATCGTCAAATATGGGCATGGGGGCGAAAGACTA ATC

[0385]

SEQ ID	MIC ID	基因/基因座	序列
47	MIC-96038	肌动蛋白	ATGTGCAAGGCCGGTTTCGCCGGTGACGATGCTCCCCGAGCTGTTTTCCGTAAGTCAACCC CACTTTCGCTTCCCAAGCTCCTAATCGCCCACACCTGGCGATATGGGCTTTGGGGGCCTGT AAGCAGCCGACACAAGACTAACGCGATGCCGCCAGCTTCCATTGTCGGTCGCCCCCGTCACC ATGGGTAAGTACGCCGCCGCAAATGACACCTGTCAGCCCCCTCGACGAGCGGCACAGGCTCT GACCATTCGATAGTATCATGATTGGTATGGGACAGAAGGACTCGTAC
48	MIC-96038	β-微管蛋白	CCGGACTGGCCGAAGACGAAGTTGTCGGGACGGAAGAGCTGACCGAAAGGACCGGCGCG GACGGCATCCATGGTACCGGGCTCGAGATCGACGAGGACAGCGCGAGGAACGTACTTGTT GCCAGAGGCCTACAGAGGGTCAGCTTGGCCACAGACTGCGGGATACTCCAAATTGCTCAC CTCGTTGAAGTAGACGCTCATGCGCTCGAGCTGGAGCTCAGAGGTGCCGTTGTAGACACCG TTGCTGTCGAGGCCATGCTCGCCAGAGATGGTCTGCCAGAAGGCAGCACCAATCTGGTTAC CCTGCTCGGAGGTTAGACATGGTAGGCGATATCACATATGGCGGAAGTACTTACGCACTGA CCGGTCTGGAGGTGAACC

[0386]

SEQ ID	MIC ID	基因/基因座	序列
49	MIC-96038	RPB2	GATGATCGTGATCACTTCGGGAAAAAGCGCCTTGACCTGGCTGGGCCCCTCTTAGCTAAAT TGTTCCGCAACATTATTCGCAGGATCAACAACGAGCTGTCGACCTACCTCAGGCGATGTGT CGAGGGCGGCAGGAACTTCAACCTCGCTGTCGGCATCAAGCCTGGCACACTGTCGAACGG GTTGAAGTACTCTTTGGCAACAGGCAACTGGGGAGACCAAAAGAAGGCAATGAGCTCGGT TGCTGGAGTGTCCCAGGTTCTCAACCGCTACACATTTGCGTCAACCTTGTCTCATTTGAGGC GCACCAACACCCCCATTGGCCGTGATGGAAAGCTGGCGAAGCCTCGGCAGCTACACAACA CGCATTGGGGTCTTGTGTGTCCCGCCGAGACCCCCCGAGGGTCAGGCTTGTGGTTTGGTGAA GAACCTGTCACTGATGTGTCACGTTTCCGTTGGCACACCTAGCGAACCTCTCTACGGATAC TTCATCAACCGTGGCATGGAAGTGCTCGAAGAGTACGAGCCCCAGCGGTTCCCCAACGCC ACCAAGGTGTTCATCAACGGTGCCTGGGTCGGTGTGCACACAAGCCCGAAAGATCTCGTG GATAGCATCATGCATCTGCGGCGCTATGGTGACCTGAACCATGAAGCTTCCGTCATCCGCG ACATTCGGGATCGAGAGTTCAGGGTCGTCACGGATGCTGGTCGTGTTATGCGCCCAGTATT CACCGTGCAGCAAGAAGACAAGCTAGACGGGCCCGAGAAGGGCTCGTTGTGCATGACCAA GGAGCATCTTGCCGGTTTGGATGACTGGCATCTGGTCAACGAGGAGAGGAAGATGGC CACGGGCTGGGAGTACCTCGTGAAGAGTGGGTGTATTGAGTACTTGGACGCCGAAGAAGA AGAGACGGCAATGATTTGCATGACACCAGAAGACTTGGAGTCTTACCGCAAGGAGAAGTA CCTCGATCAGAAACCCCAGGAGCACAACGTGGAAGCCGAGCCCAACAAGCGACTCAAGAC GAAGACCAACCCGACGACACACATGTACACCCACTGCGAGATTCATCCCAGTATGATCCTC GGTATCTGCGCCAGCATCATCCCCTTCCCGGATCATAACCAGGCATGTCTCTACGCCACCA GACCTCGAGATTACTTACTAATATTGCATCTAGTCGCCCCCGTAATACTTACCAATCTGCCAT GGGCAAGCAGGCCATGGGC

[0387]

SEQ ID	MIC ID	基因/基因座	序列
50	MIC-96038	RPB1	GAATGCCCCGGTCATTTTGGTCACATCGAGCTGGCAAAGCCCGTTTACCACCCCGGCTTCA TCAAGAAAGTCAAGAAGATTTTGGAGATTGTCTGCCACAACTGCAGCAAGGTCTTGGCCG ATGAAGTTGGTCTCACCTGATCCATGTCTTGTTCCTTAGATGCTAACATGGACCTCTCAGAG CGACCCCGAGTTTGTCACTGCGATCCGTACGGCGCGACCCGAAAGTCCGCTTCCAGCGAGTC TGGGCTGTGTGCAAGAAGAAGCGGAAGTGTGAGAACGAGGATCGCCAAGACAAGAAGGA AGAGGAGTTCGCGCCCGGCATGAAGCCGCAGACGCACAACCACGGCGGCTGTGGAAACGA GATGCCCGCGGTTCGTCAAGCTGTGTTTGCGTCTCAACGCGCAGTTCGAGATCAAGGAAGAG GGCGGAGCTAAGCGCAAGGATACTCAAGTTATCCTGCCCGACCAAGCTCACACAATCCTG CGGCGGATATCGGAACAGGACCTCCGACACATGGGCCTCAACTCAGAGTATGCCCGCCCA GAGTGGATGGTTCTTACCGTCCTTCCGGTCCCCCCGCCTCCCGTTCGTCCAAGTATTTCCAT GGACGGCACTGGCACGGGAATGCGGAACGAGGATGATTTGACTTACAAGCTTGGTGATAT CATCCGAGCCAACGGAAACGTCAAGCAGGCTATCCGCGAAGGCTCGCCGGCCCACATTGC TCGCGATTTCGAAGAGCTGCTCCAGTACCATGTAGCCACCTACATGGATAATGATATTGCT GGA
51	MIC-96038	独特基因组区域	GTCCTCGCCTAATCAGGAGTCACTAGACGACATACCCGAGGACGACATGATGGGCGACCT TGCGCTTGGCCTTTCGAGCAGCTTCAAGCAACACGCCCTCCGGAACTCAAAGGGCAAGACC TTCTGGGATACCTTCTCCGAGACGAGCAGTGTCGCAGGACCGAGAACCACGCCACCTCCGC CGGGAGTGATGGCTCGACGTCCATCGTCCGGCAGGAGTGAGGATGTGACCATGGATTCGC CGCTCCAGCAAAGCAGCATGCCTTGGCTACAAACACGGCACCTTTCCGACTCCCAGCGCTC GGACTCGGCACCTGCGGCCAAGGAGAAGGACTCCCCCGGCCCAGCCACCCACCGCTGCAGA GATAACGCGCCGAATCAACAACAAACGCCGCCGTGACGATGACTTCGACCCGGTGAGCTT CAAACGCCGCGCAGTGAGTCCCGGGCTCAGCGTCCACACAACTCGCCGCTCCCGCAGAGCCC AATGCAGCAGAGCGGTGCGCCATGGGGTTCCAGGCCGGGAAGCAATGGGGGCGACAAGG CGGGAAGCAGTGCACCTAGCGAATCTGGTGGTAGCACGTCAGGGAATAGGA

[0388]

SEQ ID	MIC ID	基因/基因座	序列
52	MIC-33414	ITS	TCTTGGTCATTTAGAGGAAGTAAAAGTCGTAACAAGGTCTCCGTTGGTGAACCAGCGGAG GGATCATTACAGAGTTGCAAAACTCCCTAAACCATTGTGAACGTTACCTATACCGTTGCTT CGGCGGGCGGCCCCGGGGTTTACCCCCCCGGGGCGCCCCTGGGCCCCACCGCGGGGCGCCCGC CGGAGGTCACCAAACTCTTGATAATTTATGGCCTCTCTCTGAGTCTTCTGTACTGAATAAGTCA AAACTTTCAACAACGGATCTCTTGGTTCTGGCATCGATGAAGAACGCAGCGAAATGCGATA AGTAATGTGAATTGCAGAATTCAGTGAATCATCGAATCTTTGAACGCACATTGCGCCCGCC AGCATTCTGGCGGGCATGCCTGTTCGAGCGTCATTTCAACCATCAAGCCCCCGGGCTTGTG TTGGGGACCTGCGGCTGCCGCAGGCCCTGAAAAGCAGTGGCGGGCTCGCTGTCGCACCGA GCGTAGTAGCATACATCTCGCTCTGGTCGCGCCGCGGGTTCCGGCCGTTAAACCACCTTTT AACCCAAGGTTGACCTCGGATCAGGTAGGAAGACCCGCTGAACTTAAGCATATCAATAAG CGGAGGAAAAGAAACCAACAGGGATTGCCCTAGTAACGGCGAGTGAAGCGGCAACAGCT CAAATTTGAAATCTGGCTTCGGCCCGAGTTGTAATTTGCAGAGGAAGCTTTAGGCGCGGCA CCTTCTGAGTCCCCTGGAACGGGGCGCCATAGAGGGTGAGAGCCCCGTATAGTTGGATGCC TAGCCTGTGTAAAGCTCCTTCGACGAGTCGAGTAGTTTGGGAATGCTGCTCAAAATGGGAG GTAAATTTCTTCTAAAGCTAAATACCGGCCAGAGACCGATAGCGCACAAGTAGAGTGATC GAAAGATGAAAAGCACTTTGAAAAGAGGGTTAAATAGCACGTGAAATTGTTGAAAGGGAA GCGCTTGTGACCAGACTTGCGCCGGGCGGATCATCCGGTGTTCTCACCGGTGCACTCCGCC CGGCTCAGGCCAGCATCGGTTCTCGCGGGGGGGATAAAGGTCCTGGGAACGTAGCTCCTCC GGGAGTGTTATAGCCCGGGGCGTAATGCCCTCGCGGGGACCGAGGTTCGCGCATCTGCAA GGATGCTGGCGTAATGGTCATCAGCGACCCGTCTTGAAACACGGACCAAGGAGTCAAGGT TTTGCGCGAGTGTTTGGGTGTAAAACCCGCACGCGTAATGAAAGTGAACGTAGGTGAGAG CTTCGGCGCATCATCGACCGATCCTGATGTTTTCGGATGGATTTGAGTAGGAGCGTTAAGC CTTGGACCCGAAAGATGGTGAACTATGCTTGGATAGGGTGAAGCCAGAGGAAACTCTGGT GGAGGCTCGCAGCGGTTCTGACGTGCAAATCGATCGTCAAATCTGAGCATGGGGGCGAAA GA

[0389]

SEQ ID	MIC ID	基因/基因座	序列
53	MIC-33414	肌动蛋白	ATGTGCAAGGCCGGTTTCGCCGGTGATGATGCACCCCGCGCTGTTTTCCGTAAGTCTCCCA GCCCCGGCCCCGGCCCGGTCGGCGATAAGCCGAGCTCCGGACGCTCGTTGGCACAAACAG ACAAGCTAACAGCGCCGTTTAGCGTCGATTGTCGGTCGTCCCCGTCACCATGGGTAGGCTT TCAGTTCCGGTATCTCTGCGATATGGGGTCGCTGGCTAACGGCGCCGCTAGTATTATGATCG GTATGGGGCAGAAGGACTCGTAC
54	MIC-33414	LSU	TCCTGAGGGAAACTTCGGCGGTAACCAGCTACTAGATGGTTCGATTAGTCTTTCGCCCCCA TGCTCAGATTTGACGATCGATTTGCACGTCAGAACCGCTGCGAGCCTCCACCAGAGTTTCC TCTGGCTTCACCCTATCCAAGCATAGTTCACCATCTTTCGGGTCCCAAGGCTTAACGCTCCTA CTCAAATCCATCCGAAAACATCAGGATCGGTCGATGATGCGCCGAAGCTCTCACCTACGTT CACTTTCATTACGCGTGCGGGTTTTACACCCAAACACTCGCGCAAAACCTTGACTCCTTGGT CCGTGTTTCAAGACGGGTCGCTGATGACCATTACGCCAGCATCCTCTTGCAGATGCGCGAACC TCGGTCCCCGCGAGGGCATTACGCCCCGGGCTATAACACTCCCGGAGGAGCTACGTTCCCA GGACCTTTATCCCCCCGCGAGAACCGATGCTGGCCTGAGCCGGGCGGAGTGCACCGGTGA GAACACCGGATGATCCCGCCCGGCGCAAGTCTGGTCACAAGCGCTTCCCTTTCAACAATTTC ACGTGCTATTTAACCCTCTTTTTCAAAGTGCTTTTCATCTTTCGATCACTCTACTTGTGCGCTA TCGGTCTCTGGCCGGTATTTAGCTTTAGAAGAAATTTACCTCCCATTTTGAGCAGCATTCCC AAACTACTCGACTCGTCGAAGGAGCTTTACACAGGCTAGGCATCCAACTATACGGGGCTCT CACCCTCTATGGCGCCCCGTTCCAGGGGACTCAGAAGGTGCCGCGCCTAAAGCTTCCTCTG CAAATTACAACTCGGGCCGAAGCCAGATTTCAAATTTGAGCTGTTGCCGCTTCACTCGCCG TTACTAGGGCAATCCCTGTTGGTTTCTTTTCCTCCGCTTATTGATATGCTTAAGTTCAGCGG GTC

[0390]

SEQ ID	MIC ID	基因/基因座	序列
55	MIC-33414	RPB1	GAGTGTCCAGGTCACTTTGGCCACATTGAGCTATCCAGACCCGTTTTCCACCCCGGGTTCAT CAGGCGTGTCAAAAAGTTGCTCGAGATGGTCTGCCACAACTGCAGCAAGGTGTTGGCTGAT CGTGTTAGTGCACCTTGCCTGACCGAGTGATGATTTGTTTTGGCATGCTAACTCTTCACCAG GAGGACGAGCAATATGCTGCTGCCATGCGGATTCGGGACCCCAAAGTACGCTTCAAGCGA GTTTGGGATATTTGCAAGAGTAAGAAGCGCTGCGAAAAACGAAGTGCGCAAGGGGAAAGAT GGCGAGTTCAAACCCGACAGCGAAAACCAAGCCGCAGAGGGTGGCCATGGAGGATGTGG CAACACGCAGCCAGTCATTCGCCAGCAGGCTCTCACCCTGTGGGGCAGCGTCGAGACCAA GGACGAGGATGGTGTGTGAAGACCAAGGAGAAGAAGGTCATCACCCCAGAAATGGCCCTGA ACATCTTCCGTCGCATGTCGGACGACGAGATGATTGACATTGGCCTCAATATTTCCCAAGC TCGTCCGGAATGGATGATCATCACGGTTCTTCCTGTCCCGCCTCCTCCGGTGCGCCCCAGTA TTTCCATGGACGGAACTGGAACAGGCTTGCGGAATGAGGACGATCTGACGTATAAACTCG GCGATATCATCCGCGCCAATGGCAACGTCCGCCAGGCTATTGCCGAGGGCTCTCCTCAGCA TATCATCACCGACTTTGAGAACCTACTCCAGTACCACGTCGCTACGTACATGGATAATGAC ATCGCCGGT

[0391]

SEQ ID	MIC ID	基因/基因座	序列
56	MIC-33414	SSU	CTTCCGTCAATTTCTTTAAGTTTCAGCCTTGCGACCATACTCCCCCAGGAGCCCAAACATTT TGATTTATCGTAAGGTGCCGAACGGGTCAAAAAATAACGCCGTCCGATCCCTAATCGGCAT AGTTTAGGTTAAGACTACGACGGTATCTGATCGTATTCGATCCCCTAACTTTCGTTCCTGAT TAATGAAAACATCCTTGGCAAATGCTTTCGCAGTAGTTAGTCTTCAATAAATCCAAGAATT TCACCTCTGACAATTGAATACTGATGCCCCCGACTGTCCCTATTAATCATTACGGCGGTCCT AGAAACCAACAAATAGAACCACACCGTCCTATTCTATTATTCCATGCTAATGTATTCGAGC ATAGGCCTTCTTTAAGCGATCTAATTTGTTCAGAGTAAAAGTCCTGGTTCCCCGGCACACC CAGTGAAGGGCATGCGGTTCTCCAGAAGGAAAGACCCAGCCGAGCCAGTGCACGCGGTGA GGCGGACCGGCCGGCTAGGCCCAAGGTTCAACTACGAGCTTTTTAACCTCAACAACTTTAA TATACGCTATTGGAGCTGGAATTACCGCGGCTGCTGGCACCAGACTTGCCCTCCAATTGTT CCTCGTTAAGGGATTTAAATTGTACTCATTCCAATTACAAGACCCGAAAGAGCCCTGTATC AGTATTTATTGTCACTACCTCCCCGTGTCGGGATTGGGTAATTTGCGCGCCTGCTGCCTTCC TTTGGATGTAGTAGCCGTTTCTCAGGCTCCTTCTCCGGGGTCGAGCCCTAACCCTCCGTTAC CCGTTGTCACCACGGCTGGCCAAGACCCAGCCGTCGAAAGTTGATAGGGCAGAAATTTGA ATGAACCATCGCCGGCGCAAGGCCGTGCGATTCGAGAAGTTATTATGAATCACCAGAGAG CCCCGAAGGGCATTGGTTTTTAATCTAATAAATACATCCCTTCCGAAGTCGGGATTTTTAGC ATGTATTAGCTCTAGAATTACCACGGTTATCCATGTAGTAAGGTACTATCAAATAAACGAT AACTGATTTAATGAGCCATTCGCAGTTTCGCGGTATAATTGCTTATACTTAGACATGCATG GCTTAATCTTTGAGACAAGCATATGACTACT

[0392]

SEQ ID	MIC ID	基因/基因座	序列
57	MIC-33414	SSU	CTTCCGTCAATTTCTTTAAGTTTCAGCCTTGCGACCATACTCCCCCAGGAGCCCAAACATTT TGATTTATCGTAAGGTGCCGAACGGGTCAAAAAATAACGCCGTCCGATCCCTAATCGGCAT AGTTTAGGTTAAGACTACGACGGTATCTGATCGTATTCGATCCCCTAACTTTCGTTCCTGAT TAATGAAAACATCCTTGGCAAATGCTTTCGCAGTAGTTAGTCTTCAATAAATCCAAGAATT TCACCTCTGACAATTGAATACTGATGCCCCCGACTGTCCCTATTAATCATTACGGCGGTCCT AGAAACCAACAAATAGAACCACACGTCCTATTCTATTATTCCATGCTAATGTATTCGAGC ATAGGCCTTCTTTAAGCGATCTAATTTGTTCAGAGTAAAAGTCCTGGTTCCCCGGCACACC CAGTGAAGGGCATGCGGTTCTCCAGAAGGAAAGACCCAGCCGAGCCAGTGCACGCGGTGA GGCGGACCGGCCGGCTAGGCCCAAGGTTCAACTACGAGCTTTTTAACCTCAACAACTTTAA TATACGCTATTGGAGCTGGAATTACCGCGGCTGCTGGCACCAGACTTGCCCTCCAATTGTT CCTCGTTAAGGGATTTAAATTGTACTCATTCCAATTACAAGACCCGAAAGAGCCCTGTATC AGTATTTATTGTCACTACCTCCCCGTGTCGGGATTGGGTAATTTGCGCGCCTGCTGCCTTCC TTTGGATGTAGTAGCCGTTTCTCTCAGGCTCCTTCTCCGGGGTCGAGCCCTAACCCTCCGTTAC CCGTTGTCACCACGGCTGGCCAAGACCCAGCCGTCGAAAGTTGATAGGGCAGAAATTTGA ATGAACCATCGCCGGCGCAAGGCCGTGCGATTCGAGAAGTTATTATGAATCACCAGAGAG CCCCGAAG
58	MIC-33414	β-微管蛋白	GTTCACCTCCAGACCGGCCAGTGCGTAAGTTGGACCGAATCGAACATTACGACCGACCGG CCGCGCAGGATAACTGACATGGAGCTCTCTAGGGTAACCAAATCGGTGCCGCTTTCTGGTA CGTCCAAGCAAAGCAAACACTCTTGGCTGATGACAATCGAGACTGACTTCTTTTCAGGCAG ACCATCTCTGGCGAGCACGGCCTCGACAGCAATGGCGTGTATGTGGGCATGACAGTTCCCA ACCGATAAATCCCCGCTCACCGCTTCGATAGGTACAACGGCACCTCCGAGCTCCAGCTCGA GCGTATGAACGTGTACTTCAACGAGGTCAGTCGGGTCAAATAATTTTACACGACCGAGTGA TGGCGTGCTCATAGTATTATACAGGCTTCCGGCAACAAGTATGTTCCTCGCGCTGTCCTCGT CGACTTGGAGCCCGGCACCATGGATGCCGTCCGTGCCGGCCCCTTCGGCCAGCTCTTCCGC CCGGACAACTTCGTCTTCGGCCAGTCGGGT

[0393]

SEQ ID	MIC ID	基因/基因座	序列
59	MIC-33414	独特基因组区域	GAGGAGGAGGAGGAGAGGTTGGAGAGGGAGGCGTTGCGTGCCGAGGCGCTTTGTGAGGT CAGGCGGGTTATGGCGCTGCTGGAGGATACGCTGCTTGCGGACGGGCGGGAGTGGGTTTT GGGCGGTGGTGGTGGCGGTGATGGTGGTGGCAGTGAGGGTGCGAGAAAAGGGCCGACGTT GGCGGATATCGAGGCCGTGTGGGTGCTTCACTGGATGATTGGCATTCCTGGTGCGCTGTTC AACGCCGGGTATGTGAGCGCCGAGCGGTTTCCGCGGGTGTATGCGTGGGTGGCGCGGTTTC AGGCGGCGGTTGGGGCGGCGAAGGCCGGGGTGGTGGTGAAGGGCATGAGCGGGGAGGAG GCGGCGGTAGTGTTGAAGGGGCAGAGAGAAGGGGTAGGATATTTTGAGAAGGAGGGGGA GGTGGACGCCGCGGACCCGATCGTCAAGGTGTACGGATTGGAGAAAGGGAGCAGGGTCGA GGTGTGGCCGACGGACTCCGGGGCTGGGCATCGGGATCAGGGCTGCCTGGTGAGCCTCGA CGCCGAGGAAATAGTCTGGGAGACGGACG

[0394]

SEQ ID	MIC ID	基因/基因座	序列
60	MIC-68390	ITS	TCTTGGTCATTTAGAGGAAGTAAAAGTCGTAACAAGGTCTCCGTAGGTGAACCTGCGGAG GGATCATTACACAACAAAAATATGAGGGTGTGGTTTGCTGGCAACAGCGTCCGCCCCAAG TATTTTTCACCCATGTCTTTTTGCGCACTTTTTGTTTCCTGGGCGAGTTCGCTCGCCACCAGG ACCCAACCATAAACCTTTTTTTTATGCAGTTGCAATCAGCGTCAGTATAATAATTCAATTTAT TAAAACTTTCAACAACGGATCTCTTGGTTCTGGCATCGATGAAGAACGCAGCGAAATGCGA TACGTAGTGTGAATTGCAGAATTCAGTGAATCATCGAATCTTTGAACGCACATTGCGCCCCT TTGGTATTCCAAAGGGCATGCCTGTTCGAGCGTCATTTGTACCCTCAAGCTTTGCTTGGTGT TGGGCGTCTTTTTTGTCTCTCCCCTTGTTGGGGGAGACTCGCCTTAAAACGATTGGCAGCCGA CCTACTGGTTTTCGGAGCGCAGCACACAAATTTGCGCCTTCCAATCCACGGGGCGGCATCCAG CAAGCCTTTGTTTTCTATAACAAATCCACATTTTGACCTCGGATCAGGTAGGGATACCCGCT GAACTTAAGCATATCAATAAGCGGAGGAAAAGAAACCAACAGGGATTGCCCTAGTAACGG CGAGTGAAGCGGCAACAGCTCAAATTTGAAATCTGGCTCTTTCAGAGTCCGAGTTGTAATT TGCAGAGGGCGCTTTGGCTTTGGCAGCGGTCCAAGTTCCTTGGAACAGGACGTCACAGAG GGTGAGAATCCCGTACGTGGTCGCTAGCTATTGCCGTGTAAAGCCCCTTCGACGAGTCGAG TTGTTTGGGAATGCAGCTCTAAATGGGAGGTAAATTTCTTCTAAAGCTAAATATTGGCCAG AGACCGATAGCGCACAAGTAGAGTGATCGAAAGATGAAAAGCACTTTGGAAAGAGAGTC AAACAGCACGTGAAATTGTTGAAAGGGAAGCGCTTGCAGCCAGACTTGCTTGCAGTTGCTC ATCCGGGCTTTTGCCCGGTGCACTCTTCTGCAGGCAGGCCAGCATCAGTTTGGGCGGTGGG ATAAAGGTCTCTGTCATGTACCTCTCTTCGGGGAGGCCTTATAGGGGAGGCGACATACCAC CAGCCTAGACTGAGGTCCGCGCATCTGCTAGGATGCTGGCGTAATGGCTGTAAGCGGCCCG TCTTGAAACACGGACCAAGGAGTCTAACATCTATGCGAGTGTTTGGGTGTCAAGCCCGAGC GCGTAATGAAAGTGAACGGAGGTGGGAACCCGCAAGGGTGCACCATCGACCGATCCTGAA GTTTACGGAAGGATTTGAGTAAGAGCATGGCTGTTGGGACCCGAAAGATGGTGAACTATG CTTGAATAGGGTGAAGCCAGAGGAAACTCTGGTGGAGGCTCGCAGCGGTTCTGACGTGCA AATCGATCGTCAAATTTGGGCATAGGGGCGAAAGACTAATCGA

[0395]

SEQ ID	MIC ID	基因/基因座	序列
61	MIC-68390	RNA 聚合酶 II 的第二最大亚基	CCCATGGCTTGCTTGCCCATAGCAGATTGGTAGGTGTTACGAGGCGACTGGTTGTGATCTG GGAAAGGAATGATACTGGCGCGCAAATACCCAGAATCATGGCCGGATGGATTTCACAGTGAG TGTAGGCATGGATACGAGGATCTGGTAGGGGCTTGAGACGGCGAAGACGGTCCTTACCCT CTGTGGAGCGCTCCGCTGCAGGTAGGCCCATCTTCATCTCTCGCCATTCTTCTAAGTCCTCG GGAGAGAATGTAATCATGGCAGTCTCTTCCTCCTCAGCATCGAGGTATTCGACAACACCAT CTTGGATAAGACCTCTCCAGCCATAAGTAGCCTGCTCAACCTCCTCCTGACTCCATCCTTGC CTTGTGCTAGTCTCTTGTTGTTCAGCCTTGAGCTTGTTACTAATCTCCTTGGTGAAGATGAG GTGGTTTCGGTTTGGCTTTCGAATATCGTTCTCTACAACAAATAGAGGTCTCATGACACGA CCAGCATCTGTGAAGATCTTGAACTCTCGGTCACGAATGTCACGAATCAAACTCATCTCGT AAGATAGAGTTCCGTTTCGTCGAAGCTCCTGCACGACCGTAACAAGTTGTTGAGCATTGGA ATGAACCCCAACCCAAACACCATTAACGAAAACCTTGGTCGCATCGGGGTTTTGGTTCTGG TCGTATTCCTCGAGCAGCTGCATGTTACGTTGCGTCATGAAGTCGATAATGGGCGACGCAT CGCTACCGACACTGACGTAACACATGAGAGACAAGTTCTTGACCAGACCGCAAGCCTGTC CTTCAGGCGTCTCAGCAGGGCAGACAAGACCCCAGTGGGAGTTGTGCAGTTGACGGGGCT TGGCCAATTTACCATCACGTCCAACAGGAGTATTTGTTCGACGAAGATGGGACAATGTGGA GGCGTAAGTGTATCGGTTCAACACCTGCGAGACACCAGCCTTGGCAGATGCTGCCTTCTTC TGGTCACCCCAGTTGCCTGTAGCCAGAGAGTACTTCAATCCGTTCGTGATGATGCTGGCTTT TACAGCCATCTGAACGTTAAAGTCCTGGTTGTTCTCAACGCACCGCTGGAGGTACTTGTAG ACGTCCTTGGTAAGCTTCAAGAAGAGGATACGGAACAAGTTGGCGATTAAAGGTCCAGCA AGATCCAGGCGCTTCTTTCCGAAATGATCACGGTCATCC
62	MIC-68390	独特基因组区域	CTTCCAGGCATAGTAATGTGGATATTAGGTGAGAGCGAAATATAAGTGTCCCTAGAAGTG ATAGTGAGAAGGCTATGGTGAGGTTGAAGAAGGTAGATGGCATATTGGTAATTATGAACA TCATCATAATCTAATGAGTCGAAATCATTAATTTTTTTTTAAACTAATTACCATTTACTCTG TTCATTCTAATCCTTTTTGTGTTCATTCATATGCTAGGCCTAGAGATAGAATTGTGACTAGA ATAAAGGCTATAATTATTATAGTAGAGGTTTTAATTGTTTGAATTGCTCATGGTAGTGGAA GT

[0396]

SEQ ID	MIC ID	基因/基因座	序列
63	MIC-68178	ITS	TCTTGGTCATTTAGAGGAAGTAAAAGTCGTAACAAGGTTTCCGTAGGTGAACCTGCGGAAG GATCATTACCTAGAGTTTGTGGACTTCGGTCTGCTACCTCTTACCCATGTCTTTTGAGTACC TTCGTTTCCTCGGCGGGTCCGCCCGGCCGGTTGGACAACATTCAAACCCTTTGCAGTTGCAAT CAGCGTCTGAAAAAACTTAATAGTTACAACTTTCAACAACGGATCTCTTGGTTCTGGCATC GATGAAGAACGCAGCGAAATGCGATAAGTAGTGTGAATTGCAGAATTCAGTGAATCATCG AATCTTTGAACGCACATTGCGCCCCTTGGTATTCCATGGGGCATGCCTGTTCGAGCGTCATT TGTACCTTCAAGCTCTGCTTGGTGTTGGGTGTTTTGTCTCGCCTCCGCGCGCAGACTCGCCT TAAAACAATTGGCAGCCGGCGTATTGATTTCGGAGGCGCAGTACATCTCGCGCTTTGCACTC ATAACGACGACGTCCAAAAGTACATTTTTACACTCTTGACCTCGGATCAGGTAGGGATACC CGCTGAACTTAAGCATATCAATAAGCGGAGGAAAAGAAACCAACAGGGATTGCCCTAGTA ACGGCGAGTGAAGCGGCAACAGCTCAAATTTGAAATCTGGCGTCTTTGGCGTCCGAGTTGT AATTTGCAGAGGGCGCTTTGGCATTGGCAGCGGTCCAAGTTCCTTGGAACAGGACGTCACA GAGGGTGAGAATCCCGTACGTGGTCGCTAGCCTTTACCGTGTAAAGCCCCTTCGACGAGTC GAGTTGTTTGGGAATGCAGCTCTAAATGGGAGGTAAATTTCTTCTAAAGCTAAATACTGGC CAGAGACCGATAGCGCACAAGTAGAGTGATCGAAAGATGAAAAGCACTTTGGAAAGAGA GTTAAAAAGCACGTGAAATTGTTGAAAGGGAAGCGCTTGCAGCCAGACTTGCCTGTAGTT GCTCATCCGGGTTTCTACCCGGTGCACTCTTCTACGGGCAGGCCAGCATCAGTTTGGGCGG TTGGATAAAGGTCTCTGTCATGTACCTCCCTTCGGGGAGATCTTATAGGGGAGACGACATG CAACCAGCCTGGACTGAGGTCCGCGCATCTGCTAGGATGCTGGCGTAATGGCTGTAAGCG GCCCGTCTTGAAACACGGACCAAGGAGTCTAACATCTATGCGAGTGTTTGGGTGTCAAGCC CGAGCGCGTAATGAAAGTGAACGGAGGTGGGAACCTTTCGGGGTGCACCATCGACCGATC CTGATGTCTTCGGATGGATTTGAGTAAGAGCATAGCTGTTGGGACCCGAAAGATGGTGAAC TATGCTTGAATAGGGTGAAGCCAGAGGAAACTCTGGTGGAGGCTCGCAGCGGTTCTGACG TGCAAATCGATCGTCAAATTTGGGCATAGGGGCGAAAGAC

[0397]

SEQ ID	MIC ID	基因/基因座	序列
64	MIC-68178	微管蛋白	CCAGACTGGCCGAAGACGAAGTTATCGGGACGGAAGAGCTGGCCGAAGGGGGCCGGCGCG GACAGCGTCCATTGTACCGGGCTCCAAGTCGACGAGGACGGCACGGGGAACGAACTTGTT GCCAGAGGCCTGCGGGAGGTCAGCACTCGCAGTCCGTCTCAGGAAAGCGTGTCGTTTCTAG TACCTCGTTGAAGTAGACGTTCATGCGCTCGAGCTGGAGGTCCGAGGTGCCGTTGTAGACA CCGGAGCCGTCGAGGCCATGCTCGCCGGAGATGGTCTGCCAGAAGGCAGCACCGATTTGG TTACCCTGTCCCTTGTGAGCTGCCGTCCATGAGAGAACATGCAAGTGGTGTACTTACGCAC TGACCGGTCTGGAGGTGAACC

[0398]

SEQ ID	MIC ID	基因/基因座	序列
65	MIC-07010	ITS	TCTTGGTCATTTAGAGGAAGTAAAAGTCGTAACAAGGTCTCCGTAGGTGAACCTGCGGAG GGATCATTACACAATAACATATGAAGGCTGTACGCCGCTGCGCCCCCGGGCCAGTTGGCTG AGGCTGGATTATTATTACCCTTGTCTTTTGCGCACTTGTTGTTCCTGGGCGGGTTCGCCC GCCTCCAGGACCACACCATAAACCTTTTTTATGCAATTGCAGTCAGCGTCAGTACAACAAA TGTAAATCATTTACAACTTTCAACAACGGATCTCTTGGTTCTGGCATCGATGAAGAACGCA GCGAAATGCGATACGTAGTGTGAATTGCAGAATTCAGTGAATCATCGAATCTTTGAACGCA CATTGCGCCCTTTGGTATTCCAAAGGGCATGCCTGTTCGAGCGTCATTTGTACCCTCAAGCT TTGCTTGGTGTTGGGCGTTTTTGTCTTTGGTTTGCCAAAGACTCGCCTTAAAACGATTGGCA GCCGGCCTCCTGGTTACGCAGCGCAGCACACATTTTTGCGCTTGCAATCAGCAAGAGGGCGGC ACTCCATCAAGACTCCTTCTCACGTTTGACCTCGGATCAGGTAGGGATACCCGCTGAACTT AAGCATATCAATAAGCGGAGGAAAAGAAACCAACAGGGATTGCCCTAGTAACGGCGAGT GAAGCGGCAACAGCTCAAATTTGAAATCTGGCTCTTTTAGGGTCCGAGTTGTAATTTGCAG AGGGCGCTTTGGCTTTGGCAGCGGTCCAAGTTCCTTGGAACAGGACGTCACAGAGGGTGA GAATCCCGTACGTGGTCGCTAGCTATTGCCGTGTAAAGCCCCTTCGACGAGTCGAGTTGTT TGGGAATGCAGCTCTAAATGGGAGGTAAATTTCTTCTAAAGCTAAATATTGGCCAGAGACC GATAGCGCACAAGTAGAGTGATCGAAAGATGAAAAGCACTTTGGAAAGAGAGTCAAACA GCACGTGAAATTGTTGAAAGGGAAGCGCTTGCAGCCAGACTTGCTTGCAGTTGCTCATCCG GGCTTTGCCCGGTGCACTCTCTTCTGTAGGCAGGCCAGCATCAGTTTGGGCGGTGGGATAAA GGTCTCTGACACGTTCCTTCCTTCGGGTTGGCCATATAGGGGAGACGTCATACCACCAGCC TGGACTGAGGTCCGCGCATCTGCTAGGATGCTGGCGTAATGGCTGTAAGCGGCCCGTCTTG AAACACGGACCAAGGAGTCTAACATCTATGCGAGTGTGTTTGGGTGTCAAGCCCGAGCGCGT AATGAAAGTGAACGGAGGTGGGAACCCGCAAGGGCGCACCATCGACCGATCCTGAAGTTT ACGGAAGGATTTGAGTAAGAGCATGGCTGTTGGGACCCGAAAGATGGTGAACTATGCTTG AATAGGGTGAAGCCAGAGGAAACTCTGGTGGAGGCTCGCAGCGGTTCTGACGTGCAAATC GATCGTCAAATTTGGGCATAGGGGCGAAAGACTAATCGA

[0399]

SEQ ID	MIC ID	基因/基因座	序列
66	MIC-07010	磷酸甘油酸激酶	ACACCGGCAGGGCCGTTCCAGAGGATGGTCTGCGCCTCATCGATGGCCTCCTTGTAAAGCT TGATCGACTTCTCTCCACAGTCGAGACCCATCCAGCCATCTGGGATACCATCCTTGTCCTCG GCATAACCGACGTTGGCGTCCTTGTCGAACTTGTCGGCGGTGATGTAGTCAACAGGCAGCA CAATCTTGACATTGTTCTTCTTCGCCTTCTCCACGAGGTCCTTGACGGTCTTGCTACCAGCC TCATCGAACAAGCTTTCACCAATCTTGACGCCCTCGAGAGTCTTCTTGAAGGTGAAGGACA TGCCTCCGCAAATGATCAGGCTGTTGACCTTGCCAAGCAGGTTGTCGATCAATTGAATCTT GTCAGAGACCTTGGCACCACCAAGGATGGCGAGGAAAGGTCGCTTGGGGTTCTCAAGCGC TTGTGCAAAGTAATCAAGCTCCTTCTTGACAAGGAAGCCAGAGGCCTTTTGTGGGAGGTCG ACACCGACCATGGAGCTGTGTGCGCGGTGAGCAGTACCAAAAGCGTCGTCTGTAAACCGT CAGCCTCGTGCTTTCGCCCATGAATTCATAGTTACTTACTAATGTAGACGTCGCCCAGAGC AGTCAGTCCCTTCCTAAACTCATCGACCTTGCTCTTGTCGACCTTCTCTTGCCCGCAT CATCCTTGTAGCTACCCTCCTCCTCAGCGTGGAAGCGCAGGTTCTCGAGGAGGATGACCTG ACCACCGCTAGCGTTGTTGACGGTATCCTCTCTACCGACTTGCCGACGCAGTCGTCGGTGAAG GTAACGCTCTTGCCGAGGAGCTTCTCGAGTTCGGGAACAACCGGCTTGAGGCTGTACTTCG CATTGGGCTTACCGTCTGGCCGGCCAAGGTGGGACATGAGAATGACGGCCTTGGCGCCATT GTCGACGGCGTACTTGATTGTGGGAAGTGCGCCAACAATGCGCTGGTTGTTGGTGATCTTC TTGTCGGCGTCGAGAGGGACGTTGAAGTCGACC

[0400]

SEQ ID	MIC ID	基因/基因座	序列
67	MIC-48747	ITS	TCTTGGTCATTTAGAGGAAGTAAAAGTCGTAACAAGGTCTCCGTAGGTGAACCTGCGGAG GGATCATTACAAGTGACCCCGGTCTAACCACCGGGATGTTCATAACCCTTTGTTGTCCGAC TCTGTTGCCTCCGGGGCGACCCTGCCTTCGGGCGGGGGCTCCGGGTGGACACTTCAAACTC TTGCGTAACTTTGCAGTCTGAGTAAACTTAATTAATAAACTTTTAACAACGGATC TCTTGGTTCTGGCATCGATGAAGAACGCAGCGAAATGCGATAAGTAATGTGAATTGCAGA ATTCAGTGAATCATCGAATCTTTGAACGCACATTGCGCCCCCTGGTATTCCGGGGGGCATG CCTGTTCGAGCGTCATTTCACCACTCAAGCCTCGCTTGGTATTGGGCATCGCGGTCCGCCGC GTGCCTCAAATCGACCGGCTGGGTCTTCTGTCCCCTAAGCGTTGTGGAAACTATTCGCTAA AGGGTGTTCGGGAGGCTACGCCGTAAAACAACCCCATTTCTAAGGTTGACCTCGGATCAGG TAGGGATACCCGCTGAACTTAAGCATATCAATAAGCGGAGGAAAAGAAACCAACAGGGAT TGCTCTAGTAACGGCGAGTGAAGCAGCAATAGCTCAAATTTGAAATCTGGCGTCTTCGACG TCCGAGTTGTAATTTGTAGAGGATGCTTCTGAGTAACCACCGACCTAAGTTCCTTGGAACA GGACGTCATAGAGGGTGAGAATCCCGTATGCGGTCGGAAAGGTGCTCTATACGTAGCTCCT TCGACGAGTCGAGTTGTTTGGGAATGCAGCTCTAAATGGGAGGTAAATTTCTTCTAAAGCT AAATATTGGCCAGAGACCGATAGCGCACAAGTAGAGTGATCGAAAGATGAAAAGCACTTT GGAAAGAGAGTTAAAAAGCACGTGAAATTGTTAAAAGGGAAGGGATTGCAACCAGACTTG CTCGCGGTGTTCCGCCGGTCTTCTGACCGGTCTACTCGCCGCGTTGCAGGCCAGCATCGTCT GGTGCCGCTGGATAAGACTTGAGGAATGTAGCTCCTTCGGGAGTGTTATAGCCTCTTGTGA TGCAGCGAGCGCCGGGCGAGGTCCGCGCTTCGGCTAGGATGCTGGCGTAATGGTCGTAAT CCGCCCGTCTTGAAACACGGACCAAGGAGTCTAACATCTATGCGAGTGTTCGGGTGTCAAA CCCCTACGCGTAATGAAAGTGAACGGAGGTGAGAACCGCAAGGTGCATCATCGACCGATC CTGATGTCTTCGGATGGATTTGAGTAAGAGCATAGCTGTTGGGACCCGAAAGATGGTGAAC TATGCCTGAATAGGGTGAAGCCAGAGGAAACTCTGGTGGAGGCTCGCAGCGGTTCTGACG TGCAAATCGATCGTCAAATTTGGGTATAGGGGCGAAAGACTAATCG

[0401]

SEQ ID	MIC ID	基因/基因座	序列
68	MIC-50414	ITS	TCTTGGTCATTTAGAGGAAGTAAAAGTCGTAACAAGGTCTCCGTAGGTGAACCTGCGGAG GGATCATTACAAGTGACCCCGGTCTAACCACCGGGATGTTCATAACCCTTTGTTGTCCGAC TCTGTTGCCTCCGGGGCGACCCTGCCTTCGGGCGGGGGCTCCGGGTGGACACTTCAAACTC TTGCGTAACTTTGCAGTCTGAGTAAACTTAATTAATAAACTTTTAACAACGGATC TCTTGGTTCTGGCATCGATGAAGAACGCAGCGAAATGCGATAAGTAATGTGAATTGCAGA ATTCAGTGAATCATCGAATCTTTGAACGCACATTGCGCCCCCTGGTATTCCGGGGGGCATG CCTGTTCGAGCGTCATTTCACCACTCAAGCCTCGCTTGGTATTGGGCAACGCGGTCCGCCG CGTGCCTCAAATCGACCGGCTGGGTCTTCTGTCCCCTAAGCGTTGTGGAAACTATTCGCTA AAGGGTGCTCGGGAGGCTACGCCGTAAAACAAACCCATTTCTAAGGTTGACCTCGGATCA GGTAGGGATACCCGCTGAACTTAAGCATATCAATAAGCGGAGGAAAAGAAACCAACAGG GATTGCTCTAGTAACGGCGAGTGAAGCAGCAATAGCTCAAATTTGAAATCTGGCGTCTTCG ACGTCCGAGTTGTAATTTGTAGAGGATGCTTCTGAGTAACCACCGACCTAAGTTCCTTGGA ACAGGACGTCATAGAGGGTGAGAATCCCGTATGCGGTCGGAAAGGTGCTCTATACGTAGC TCCTTCGACGAGTCGAGTTGTTTGGGAATGCAGCTCTAAATGGGAGGTAAATTTCTTCTAA AGCTAAATATTGGCCAGAGACCGATAGCGCACAAGTAGAGTGATCGAAAGATGAAAAGCA CTTTGGAAAGAGAGTTAAAAAGCACGTGAAATTGTTAAAAGGGAAGGGATTGCAACCAGA CTTGCTCGCGGTGTTCCGCCGGTCTTCTGACCGGTCTACTCGCCGCGTTGCAGGCCAGCATC GTCTGGTGCCGCTGGATAAGACTTGAGGAATGTAGCTCCCTCGGGAGTGTTATAGCCTCTT GTGATGCAGCGAGCGCCGGGCGAGGTCCGCGCTTCGGCTAGGATGCTGGCGTAATGGTCG TAATCCGCCCGTCTTGAAACACGGACCAAGGAGTCTAACATCTATGCGAGTGTTCGGGTGT CAAACCCCTACGCGTAATGAAAGTGAACGGAGGTGAGAACCGCAAGGTGCATCATCGACC GATCCTGATGTCTTCGGATGGATTTGAGTAAGAGGCATAGCTGTTGGGACCCGAAAGATGGT GAACTATGCCTGAATAGGGTGAAGCCAGAGGAAACTCTGGTGGAGGCTCGCAGCGGTTCT GACGTGCAAATCGATCGTCAAATTTGGGTATAGGGGCGAAAG

[0402]

SEQ ID	MIC ID	基因/基因座	序列
69	MIC-50989	ITS	TCTTGGTCATTTAGAGGAAGTAAAAGTCGTAACAAGGTCTCCGTTGGTGAACCAGCGGAG GGATCATTACAGAGTTTAACGACTCCCAAACCACTGTGAACATACCCGTACCGTTGCCTCG GCGGGCGGCCCCAGGGCGGGGCCGCAGCCTCCCCAGCGGAGGCGCCCGCCGCAGGTCGCA AAACTATAACTATATTTAGTGGCATCTCTGAGTAACTTCCAAACAATCAAAACTTTCAACA ACGGATCTCTTGGTTCTGGCATCGATGAAGAACGCAGCGAAATGCGATAAGTAATGTGAA TTGCAGAATTCAGTGAATCATCGAATCTTTGAACGCACATTGCGCCCGCCAGCATTCTGGC GGGCATGCCTGTCCGAGCGTCATTTCAACCCTCAAGCCCTGCTTGGTGTTGGGGCACTACG CGCGAGCGTAGGCCCTCAAAATCAGTGGCGGACCCGCTGGAGGTCCGGGCGTAGTAACAC ATCTCGCCCGAGGTCCCCAGCGTGCCCCTGCCGTTAAACCCCCCAAATTTACAGAAGGTTGA CCTCGGATCAGGTAGGAATACCCGCTGAACTTAAGCATATCAATAAGCGGAGGAAAAGAA ACCAACAGGGATTGCCCTAGTAACGGCGAGTGAAGCGGCAACAGCTCGAATTTGAAATCT GGCCTCGGCCCGAGTTGTAATCTGTAGAGGATGCTTTTGGCGCGGTGCCTTCCGAGTGCCC TGGAACGGGACGCCACAGAGGGTGAGAGCCCCGTATGGTCGGACACCAAGCCTGTGTAAA GCTCCTTCGACGAGTCGGGTAGCTTGGGAATGCTGCTCTAAGTGGGAGGTAAACTTCTTCT AAAGCTAAATACTGGCCAGAGACCGATAGCGCACAAGTAGAGTGATCGAAAGATGAAAA GCACTTTGAAAAGAGGGTCAAATAGTACGTGAAATTGTTGAAAGGGAAGCGCTCATGACC AGACTTGCGCCGGGCTGATCATCCAGTGGTCTCCACTGGTGCACTCTCTGCCCGGCTCAGGCC AGCGTCGGCTGTCACGGGGGGGACAAAAGCACTGGGAAAGTAGCTCTCTCCGGGGGAGTGTT ATAGCCCTATGCAGAATACCCCCGCGGCGGCCGAGGTCCGCGCTCTGCAAGGACGCTGGC GTAATGGTCATCAGCGACCCGTCTTGAAACACGGACCAAGGAGTCGAGGTTTTGCGCGAG TGTTCGGGTGCAAAGCCCCAGCGCGTAATTAAAGTGAACGTAGGTGAGAGCTTCGGCGCA TCATCGACCGATCCTGATGTATTCGGATGGATTTGAGTAGGAGCGTAAAGCCTCGGACCCG AAAGATGGTGAACTATGCCTGTATAGGGTGAAGCCAGAGGAAACTCTGGTGGAGGCTCGC AGCGGTTCTGACGTGCAAATCGATCGTCAAATATGGGCATGGGGGCGAAAG

[0403]

SEQ ID	MIC ID	基因/基因座	序列
70	MIC-85555	ITS	TCTTGGTCATTTAGAGGAAGTAAAAGTCGTAACAAGGTTTCCGTAGGTGAACCTGCGGAAG GATCATTACCTAGAGTTTGTGGACTTCGGTCTGCTACCTCTTACCCATGTCTTTTGAGTACC TTCGTTTCCTCGGCGGGTCCGCCCGGCCGGTTGGACAACATTCAAACCCTTTGCAGTTGCAAT CAGCGTCTGAAAAAACTTAATAGTTACAACTTTCAACAACGGATCTCTTGGTTCTGGCATC GATGAAGAACGCAGCGAAATGCGATAAGTAGTGTGAATTGCAGAATTCAGTGAATCATCG AATCTTTGAACGCACATTGCGCCCCTTGGTATTCCATGGGGCATGCCTGTTCGAGCGTCATT TGTACCTTCAAGCTCTGCTTGGTGTTGGGTGTTTTGTCTCGCCTCCGCGCGCAGACTCGCCT TAAAACAATTGGCAGCCGGCGTATTGATTTCGGAGGCGCAGTACATCTCGCGCTTTGCACTC ATAACGACGACGTCCAAAAGTACATTTTTACACTCTTGACCTCGGATCAGGTAGGGATACC CGCTGAACTTAAGCATATCAATAAGCGGAGGAAAAGAAACCAACAGGGATTGCCCTAGTA ACGGCGAGTGAAGCGGCAACAGCTCAAATTTGAAATCTGGCGTCTTTGGCGTCCGAGTTGT AATTTGCAGAGGGCGCTTTGGCATTGGCAGCGGTCCAAGTTCCTTGGAACAGGACGTCACA GAGGGTGAGAATCCCGTACGTGGTCGCTAGCCTTTACCGTGTAAAGCCCCTTCGACGAGTC GAGTTGTTTGGGAATGCAGCTCTAAATGGGAGGTAAATTTCTTCTAAAGCTAAATACTGGC CAGAGACCGATAGCGCACAAGTAGAGTGATCGAAAGATGAAAAGCACTTTGGAAAGAGA GTTAAAAAGCACGTGAAATTGTTGAAAGGGAAGCGCTTGCAGCCAGACTTGCCTGTAGTT GCTCATCCGGGTTTCTACCCGGTGCACTCTTCTACGGGCAGGCCAGCATCAGTTTGGGCGG TTGGATAAAGGTCTCTGTCATGTACCTCCCTTCGGGGAGATCTTATAGGGGAGACGACATG CAACCAGCCTGGACTGAGGTCCGCGCATCTGCTAGGATGCTGGCGTAATGGCTGTAAGCG GCCCGTCTTGAAACACGGACCAAGGAGTCTAACATCTATGCGAGTGTTTGGGTGTCAAGCC CGAGCGCGTAATGAAAGTGAACGGAGGTGGGAACCTTTCGGGGTGCACCATCGACCGATC CTGATGTCTTCGGATGGATTTGAGTAAGAGCATAGCTGTTGGGACCCGAAAGATGGTGAAC TATGCTTGAATAGGGTGAAGCCAGAGGAAACTCTGGTGGAGGCTCGCAGCGGTTCTGACG TGCAAATCGATCGTCAAATTTGGGCATAGGGGCGAAAGACTAAT

[0404]

SEQ ID	MIC ID	基因/基因座	序列
71	MIC-68178	独特基因组区域	CTCCTCCTCCTCCTCCTGATCGAACTCGCCCCCCCACCAACTCCACCAGCCCACCCAGCCGCC CAAAAACCTCCCCATCCCCGCTAGCCGCCCCCATGGCCCGGACAAGCAGCNNNNNNNNNN NNNNGTCCGGGATGGCCTTAGGTTCGCTCTCGAGCTGCTCCAGCCGCGACAGGACATGCA GCAGCTCCCTGCGCAGCGAGTCCGGCGCCGGCATGCGGCCCCGCAGCGGCTGGTCGGCGA TGTATGTCTTGAGCGGGAGCGCGGCGCGCAGGATGAGGTAGGGCGCCGCTGCCTGGGCGA GTTTGATGTGCGAGTGCGAGGGCGAGGGCGAGGTACTGGCGGGGGCGTGCGGCCACGAGGG CGAAGAGGGAGGCCGTGCAGGTGTAGCTCATCTTTGTGCGCAAGGTGGCGGGGAGGACGG CCGTCTGGCCGGTGCGGACGGAGAGGAGGTTGGCGAGGGGCGAGGTGGTGATGGGAGGG AGTTCTCCTTGTACGGGAGTGTGGATGAGGGAGGTGGTGAAGAGGTTGCGGGCGTATGTC CTGCGGAGGGTGTCGGGGAGGGAGGGGGAGTTTAGAGGGCCGCTGATCAAGTCGCGTAGC TCTGTGA

[0405] 实施例2:使用标记基因序列分离和鉴定内生植物

[0406] 本发明的真菌内生植物可以通过以下基因座中的一个或多个的序列来鉴定:长亚

基rRNA(LSU)、小亚基rRNA(SSU)、RNA聚合酶II的最大亚基(RPB1)、RNA聚合酶II的第二最大亚基(RPB2)、β-微管蛋白、肌动蛋白、磷酸甘油酸激酶(PGK)。使用引物序列RPB1-Af(SEQ ID NO:21)和RPB1-Cr(SEQ ID NO:22)对RNA聚合酶I(RPB1)的最大亚基进行PCR扩增描述于Cendejas-Bueno E,Kolecka A,Alastruey-Izquierdo A等人,Reclassification of the Candida haemulonii Complex as Candida haemulonii(C.haemulonii Group I),C.duobushaemulonii sp.nov.(C.haemulonii Group II),and C.haemulonii var.vulnera var.nov.:Three Multiresistant Human Pathogenic Yeasts.Journal of Clinical Microbiology.2012;50(11):3641-3651。使用引物序列fRPB2-5F(SEQ ID NO:26)和fRPB2-7.1R(SEQ ID NO:25)对RNA聚合酶II的第二最大亚基(RPB2)进行PCR扩增描述于Riess K,Oberwinkler F,Bauer R,Garnica S.High genetic diversity at the regional scale and possible speciation in Sebacina epigaea and S.incrustans.BMC Evolutionary Biology.2013;13:102.doi:10.1186/1471-2148-13-102。使用引物序列Btub2Fd(SEQ ID NO:30)和Btub4Rd(SEQ ID NO:31)对β-微管蛋白进行PCR扩增描述于Aveskamp等人(2009)DNA phylogeny reveals polyphyly of Phoma section Peyronellaea and multiple taxonomic novelties Mycologia,101(3):363-382。使用引物序列LROR(SEQ ID NO:23)和LR5(SEQ ID NO:24)对LSU进行PCR扩增描述于Stielow JB,Lévesque CA,Seifert KA等人,One fungus,which genes?Development and assessment of universal primers for potential secondary fungal DNA barcodes.Persoonia:Molecular Phylogeny and Evolution of Fungi.2015;35:242-263.doi:10.3767/003158515X689135。使用引物序列SR1R(SEQ ID NO:29)和NS4(SEQ ID NO:28)对SSU进行PCR扩增描述于Zhu等人(2016)Helminthosporium velutinum and H.aquaticum sp.nov.from aquatic habitats in Yunnan Proyince,China.Phytotaxa 253(3):179-190。使用引物序列ACT512f(SEQ ID NO:17)和ACT783r(SEQ ID NO:18)对肌动蛋白进行PCR扩增描述于Carbone,I.和Kohn,L.M.(1999)A method for designing primer sets for speciation studies in filamentous ascomycetes.Mycologia,91(3):552-556。使用引物序列RPB1-Af(SEQ ID NO:21)和RPB1-Cr(SEQ ID NO:22)对RNA聚合酶II的最大亚基(RPB1)进行PCR扩增描述于Urbina H,Blackwell M(2012)Multilocus Phylogenenc Study of the Scheffersomyces Yeast Clade and Characterization of the N-Terminal Region of Xylose Reductase Gene.PLoS ONE 7(6):e39128。

[0407] MIC-68390可以通过以下例示性序列中的一种或多种鉴定:RPB2序列(SEQ ID NO:61)。MIC-68178可以通过以下例示性序列中的一种或多种鉴定:β-微管蛋白序列(SEQ ID NO:64)。MIC-07010可以通过以下例示性序列中的一种或多种鉴定:磷酸甘油酸激酶序列(SEQ ID NO:66)。MIC-96038可以通过以下例示性序列中的一种或多种鉴定:肌动蛋白序列(SEQ ID NO:47)、β-微管蛋白序列(SEQ ID NO:48)、RPB2序列(SEQ ID NO:49)、RPB1序列(SEQ ID NO:50)。MIC-33414可以通过以下例示性序列中的一种或多种鉴定:其肌动蛋白序列(SEQ ID NO:53)、RPB1序列(SEQ ID NO:55)、β-微管蛋白序列(SEQ ID NO:58)、LSU序列(SEQ ID NO:54)、SSU序列(SEQ ID NO:56)、SSU序列(SEQ ID NO:57)。MIC-31593可以通过以下例示性序列中的一种或多种鉴定:其RPB2序列(SEQ ID NO:43)、β-微管蛋白序列(SEQ ID NO:44)。MIC-19994的例示性LSU和SSU序列分别是SEQ ID NO:39和SEQ ID NO:40。

[0408] 实施例3:使用ITS序列分离和鉴定细菌和真菌内生植物

[0409] 通过以下方法使用ITS序列对真菌菌株进行分类。

[0410] 使用DNeasy植物微型试剂盒(Qiagen,Germantown,MD)从个别真菌分离物提取总基因组DNA。使用聚合酶链式反应(PCR),使用引物对ITS_1(5'-CTTGGTCATTTAGAGGAAGTAA-3')(SEQ ID NO:5)和LR5(5'-TCCTGAGGGAAACTTCG-3')(SEQ ID NO:8)对包括核糖体内部转录间隔区(ITS)的基因组区域进行扩增。每25微升反应混合物包括22.5微升Invitrogen Platinum Taq supermix、0.5微升每种引物(10uM)和1.5微升DNA模板(约2-4ng)。利用MJ Research PTC热循环仪进行循环反应,且由以下组成:94℃5分钟,94℃30s、54℃30s和72℃1分钟的循环35次,以及72℃10分钟。在Genewiz(South Plainfield,NJ)使用以下引物进行桑格测序(Sanger sequencing):ITS_1(5'-CTTGGTCATTTAGAGGAAGTAA-3')(SEQ ID NO:5)、ITS_2(5'-GCTGCGTTCTTCATCGATGC-3')(SEQ ID NO:6)、ITS_3(5'-GCATCGATGAAGAACGCAGC-3')(SEQ ID NO:7)和LR5(5'-TCCTGAGGGAAACTTCG-3')(SEQ ID NO:8)。选择测序引物以便对重叠区域进行测序。原始色谱图转变成序列,并使用TraceTuner v3.0.6beta(US 6,681,186)分配对应质量分数。对这些序列进行质量过滤,比对,并使用Geneious v 8.1.8(Biomatters Limited,Auckland NZ)产生共有序列。

[0411] 基于行业标准系统分类工具的结果,使用最高概率的分配,将系统分类分配给序列:LCA(操作USEARCH(Edgar,R.C.(2010)Bioinformatics.26(19):2460-2461),任选地利用search_global,然后针对所有最佳匹配碰撞,返回所有最佳碰撞共享的最低分类级别进行查询)、SPINGO(Allard等人(2015)BMC Bioinformatics.16:324)和UTAX(Edgar,R.C.,2016),使用WARCUP真菌ITS练集1(Deshpande等人(2016)Mycologia 108(1):1-5)和UNITE(Koljalg等人(2013)Molecular Ecology,22:5271-5277)。表5中列出的分类器和数据库组合用于将分类分配给真菌序列。

[0412] 表5.用于ITS序列分类的分类器和数据库组合

[0413]

分类器	***数据库***
LCA	UNITE，真菌 ITS 训练集 07/04/2014

[0414]

RDP	UNITE，真菌 ITS 训练集 07/04/2014
	WARCUP，真菌 ITS 训练集 1
SPINGO	UNITE，真菌 ITS 训练集 07/04/2014
UTAX	UNITE，真菌 ITS 训练集 07/04/2014
	WARCUP，真菌 ITS 训练集 1

[0415] 表6.本发明的内生植物的系统分类

[0416]

MIC ID	门	纲	目	科	属	种
MIC-68390	子囊菌门 (Ascomycota)	座囊菌纲 (Dothidiomycetes)	格孢腔菌目 (Pleosporales)	格孢腔菌科 (Pleosporaceae)	突脐蠕孢属	长喙突脐蠕孢
MIC-68178	子囊菌门	座囊菌纲	格孢腔菌目	格孢腔菌科	附球菌属	黑附球菌
MIC-07010	子囊菌门	座囊菌纲	格孢腔菌目	格孢腔菌科	弯孢霉属	突弯孢霉
MIC-31593	子囊菌门	座囊菌纲	格孢腔菌目	格孢腔菌科	弯孢霉属	穗状弯孢霉
MIC-48747	子囊菌门	座囊菌纲	煤炱目 (Capnodiales)	枝孢霉科 (Cladosporiaceae)	枝孢霉属	枝孢样枝孢霉
MIC-96038	子囊菌门	粪壳菌纲 (Sordariomycetes)	肉座菌目 (Hypocreales)	肉座菌科 (Hypocreaceae)	枝顶孢霉属	交替枝顶孢霉
MIC-50414	子囊菌门	座囊菌纲	煤炱目	枝孢霉科	枝孢霉属	尖孢枝孢霉
MIC-33414	子囊菌门	粪壳菌纲	粪壳菌目 (Sordariales)	毛壳菌科 (Chaetomiaceae)	毛壳菌属	球毛壳菌
MIC-85555	子囊菌门	座囊菌纲	格孢腔菌目	格孢腔菌科	附球菌属	黑附球菌
MIC-50989	子囊菌门	粪壳菌纲	粪壳菌目	黄丝菌科 (Cephalothecaceae)	拟青霉属	膨大拟青霉
MIC-19994	子囊菌门	粪壳菌纲	锥毛壳目 (Coniochaetales)	锥毛壳科 (Coniochaetaceae)	锥毛壳属	栖李锥毛壳

[0417] MIC-68390可以通过其ITS序列的序列(SEQ ID NO:60)鉴定。MIC-68178可以通过其ITS序列的序列(SEQ ID NO:63)鉴定。MIC-07010可以通过其ITS序列的序列(SEQ ID NO:65)鉴定。MIC-31593可以通过其ITS序列的序列(SEQ ID NO:42)鉴定。MIC-48747可以通过其ITS序列的序列(SEQ ID NO:67)鉴定。MIC-96038可以通过其ITS序列的序列(SEQ ID NO:46)鉴定。MIC-50414可以通过其ITS序列的序列(SEQ ID NO:68)鉴定。MIC-33414可以通过其ITS序列的序列(SEQ ID NO:52)鉴定。MIC-85555可以通过其ITS序列的序列(SEQ ID NO:70)鉴定。MIC-50989可以通过其ITS序列的序列(SEQ ID NO:69)鉴定。

[0418] 实施例4.改进的植株特征-幼苗活力的评定

[0419] 大豆幼苗活力的测定

[0420] 种子制备:首先通过测试100粒种子的发芽评定大豆种子的分批质量。将种子以每

个皮氏培养皿8粒种子放置于皮氏培养皿中的滤纸上，每个平板加入12mL水，且平板在24℃下孵育3天。发芽百分比超过95％。然后通过在放于化学通风柜中的20×30cm容器中与氯气共同孵育16小时，将一千粒大豆种子表面杀菌。如上测试每批杀菌的50粒种子的发芽百分比，并证实其超过95％。

[0421] 内生植物的制备和异源安置：通过从已经生长了约1个月的琼脂斜面冲洗和刮下孢子来制备孢子溶液。用0.05％Silwet进行冲洗。溶液通过Miracloth以滤出菌丝体。在显微镜下使用血球计计数每毫升的孢子数。然后用水将原悬浮液稀释成10^6个孢子/毫升。每粒大豆种子使用3μl孢子悬浮液(获得约10^3CFU/种子)。通过同等体积的无菌水加入种子中来制备对照处理。

[0422] 幼苗活力的测定：将两张卷起的发芽纸放置于具有50mL无菌水的无菌玻璃瓶中，然后在完全饱和时移出。然后将纸分开，并将接种的种子沿着一张润湿的发芽纸的长度以大约1cm的间隔放置，距离纸的顶部至少2.5cm且距离纸的边缘3.8cm。将第二张放置于大豆种子之上，并使分层堆积的纸和种子松散地卷成管状。将每个管用橡皮圈在中间固定，并放置于单个无菌玻璃罐中，且用盖子松散地覆盖。对于每个处理来说，制备三个罐子，每个罐子15粒种子。罐子在生长室的位置是随机化的。将罐子在60％相对湿度和白天22℃、夜晚18℃下孵育4天，其中12小时亮和12小时暗，然后去除盖子，并将罐子再孵育7天。然后将萌发的大豆幼苗称重并照像，且将根长和根表面积如下评分。

[0423] 从幼苗去除污垢、多余水、种皮和其它碎片，以精确扫描根。将个别的幼苗展开在透明塑料托盘上，并将托盘排列在Epson Expression 11000XL扫描器(Epson America公司，Long Beach CA)上。手动排列根以减少重叠的量。对于根的测量来说，如果苗的形状引起其与根重叠，那么去除苗。

[0424] WinRHIZO软件版本Arabidopsis Pro2016a(Regents Instruments，Quebec Canada)与以下采集设置一起使用：灰度4000dpi影像，速度优先，重叠(1个物体)，根形态：精确度(标准)，交叉检测(正常)。扫描区域设定为最大扫描区域。当完成扫描时，选择根部区域，并测量根长和根表面积。

[0425] 使用R进行统计分析(R Core Team，2016.R:A language and environment for statistical computing.R Foundation for Statistical Computing，Vienna，Austria.R-project.org/)。结果概括在表7和8中。

[0426] 表7.经内生植物处理和未经处理的大豆幼苗的根性状

[0427]

MIC ID	平均根长	根长标准偏差	平均根面积	根面积标准偏差	根长，NT差异%	根面积，NT差异%
未经处理的对照物(NT)	79.4	32.5	8.9	4.1	0.0	0.0
MIC-68178	81.2	34.6	9.8	3.4	2.2	9.6
MIC-07010	94.1	29.5	10.5	3.2	18.5	17.7
MIC-31593	85.6	29.7	10.1	3.4	7.7	12.9
MIC-48747	96.7	26.0	11.7	3.0	21.7	31.4
MIC-96038	88.5	33.1	10.7	4.0	11.4	19.8

[0428] 表8.内生植物处理相对于未经处理的对照物的大豆幼苗根长的增加百分比

[0429]

	相对于对照物活力的增加%
处理	大豆
MIC-33414	27.8

[0430] 玉米幼苗活力的测定

[0431] 种子制备:首先通过将100粒种子和3.5mL水一起转移至内衬有滤纸的皮氏培养皿中,针对发芽情况,评定玉米种子的分批质量。将种子在24℃下孵育3天,并确保发芽百分比超过95%。然后通过在化学通风柜中的20×30cm容器中与氯气共同孵育12小时,将一千粒玉米种子表面杀菌。如上测试每批杀菌的50粒种子的发芽百分比,并证实其超过95%。

[0432] 任选的试剂制备:通过将75g PEG加入1000mL水中来制备7.5%PEG 6000(Calbiochem,San Diego,CA),然后在温加热板上搅拌,直至PEG完全溶解。然后对溶液进行热压处理。

[0433] 内生植物的制备和异源安置:通过从已经生长了约1个月的琼脂斜面冲洗和刮下孢子来制备孢子溶液。用0.05%Silwet进行冲洗。溶液通过Miracloth以滤出菌丝体。在显微镜下使用血球计计数每毫升的孢子数。然后用水将原悬浮液稀释成10^6个孢子/毫升。每粒玉米种子使用3μl孢子悬浮液(获得约10^3CFU/种子)。通过同等体积的无菌水加入种子中来制备对照处理。

[0434] 幼苗活力的测定:将25ml无菌水(或者任选地,25ml如上制备的PEG溶液)加入每个Cyg™发芽小袋(Mega International,Newport,MN)中并放置于小袋的架子(Mega International,Newport,MN)中。无菌镊子用于将如上制备的玉米种子放置于发芽小袋中每隔一个穿孔中。种子紧贴每个穿孔,确保在移动小袋时其不移动。在处理前和处理中间,使用酒精和火焰将镊子杀菌,并用70%酒精擦干净工作空间。对于每个处理来说,制备三个小袋,每个小袋15粒种子。将具有发芽小袋的发芽架子放置于塑料盆中,并用穿孔的塑料包裹物覆盖以防干燥。将盆在60%相对湿度和白天22℃、夜晚18℃下孵育6天,其中12小时亮和12小时暗,以允许发芽和根长生长。架内小袋的放置和生长室内架/盆的放置是随机化的,以使位置的作用减至最小。在6天结束时,针对发芽、根长和苗长,对玉米种子手动评分。

[0435] 使用R进行统计分析(R Core Team,2016.R:A language and environment for statistical computing.R Foundation for Statistical Computing,Vienna,Austria.R-project.org/)。

[0436] 小麦幼苗活力的测定

[0437] 种子制备:首先通过将100粒种子和8mL水一起转移至内衬有滤纸的皮氏培养皿中,针对发芽情况,评定整批小麦种子。将种子在24℃下孵育3天,并确保发芽百分比超过95%。然后通过在化学通风柜中的20×30cm容器中与氯气共同孵育12小时,将小麦种子表面杀菌。如上测试每批杀菌的50粒种子的发芽百分比,并证实其超过95%。

[0438] 试剂制备:通过将75g PEG加入1000mL水中来制备7.5%聚乙二醇(PEG),然后在温加热板上搅拌,直至PEG完全溶解。然后对溶液进行热压处理。

[0439] 内生植物的制备和异源安置:通过从已经生长了约1个月的琼脂斜面冲洗和刮下孢子来制备孢子溶液。用0.05%Silwet进行冲洗。溶液通过Miracloth以滤出菌丝体。在显微镜下使用血球计计数每毫升的孢子数。然后用水将原悬浮液稀释成10^6个孢子/毫升。每粒小麦种子使用3μl孢子悬浮液(获得约10^3CFU/种子)。将种子和孢子组合在50mL falcon

管中并轻轻震荡5-10秒，直至彻底涂布。通过同等体积的无菌水加入种子中来制备对照处理。

[0440] 幼苗活力的测定：通过加入四张无菌的重种子发芽纸，然后将50mL如上制备的PEG溶液加入每个平板，然后使液体彻底浸透所有纸张来制备皮氏培养皿。将纸张定位，然后折痕，以便覆盖平板的后面和一侧墙壁，然后去除两个纸张，并放置于无菌表面上。沿着平板边缘，从覆盖的侧壁穿过，将15粒接种的小麦种子距离平板顶部至少一英寸以及距离侧面半英寸均匀地放置。将种子放置成光滑侧向上，且种子尖端指向被发芽纸覆盖的平板的侧壁。然后种子被两个备用纸张覆盖，且使潮湿的纸层一起变光滑，以去除气泡，并固定种子，然后替换盖子。对于每个处理来说，制备三个平板，每个平板15粒种子。然后平板随机地分布至8-12个平板的堆叠中，且没有种子的平板放置于顶部。将堆叠在60％相对湿度和白天22℃、夜晚18℃下孵育24小时，其中12小时亮和12小时暗，然后每个平板转向半垂直位置，其中在底部，侧壁被纸覆盖。将平板再孵育5天，然后针对发芽、根长和苗长，对小麦种子手动评分。

[0441] 使用R进行统计分析(R Core Team,2016.R:A language and environment for statistical computing.R Foundation for Statistical Computing,Vienna,Austria.R-project.org/)。结果概述于表9中。

[0442] 表9.内生植物处理相对于未经处理的对照物的小麦幼苗根长的增加百分比

[0443]

	相对于对照物活力的增加％
SYM	小麦
MIC-33414	6.5

[0444] 实施例5：用于温室实验的内生植物的培养物制备和异源安置

[0445] 菌株可以通过本文所述的方法和本领域中众所周知的方法培养。

[0446] 真菌生物量的制备

[0447] 方法1

[0448] 通过在液体培养基(PDB)中生长两周，产生MIC-19994和MIC-96038的生物量。通过超声处理(50％振幅，30秒)或在FastPrep-24(MP Biomedicals,Santa Ana,CA,USA)中，设定成4.5m/s 30秒，将所得生物量均质化。

[0449] 方法2

[0450] 通过从已经生长了约1个月的琼脂斜面冲洗和刮下孢子来制备孢子溶液。用0.05％Silwet进行冲洗。溶液通过Miracloth以滤出菌丝体。在显微镜下使用血球计计数每毫升的孢子数。然后用水将原悬浮液稀释成10^6个孢子/毫升。每粒种子使用3μl孢子悬浮液(获得约10^3CFU/种子)。通过同等体积的无菌水加入种子中来制备对照处理。

[0451] 方法3

[0452] 制备：糖蜜肉汤通过在可热压处理的容器中每升去离子水溶解30g糖蜜和5g酵母提取物并热压处理(15psi，121℃)45分钟来制备。马铃薯葡萄糖琼脂(PDA)板通过在可热压处理的容器中每升去离子水溶解39.0g PDA粉并热压处理(15psi，121℃)45分钟来制备。使琼脂冷却至50-60℃，接着倾倒入无菌皮氏培养板(每90mm平板30mL)。

[0453] 液体生物量：将所有设备和消耗品彻底杀菌并在生物安全柜中进行程序。通过将来自冷冻保存原液的1个塞放置在新鲜PDA平板上，用Parafilm®密封平板并在室温下在黑

暗中孵育5-10天来制备接种物。然后从PDA平板上剪下约5×5mm塞，并将10-12个塞转移至含有无菌糖蜜肉汤的烧瓶中，覆盖，固定在震荡器中并在约130rpm震荡下孵育至少10天。然后将培养物放置于掺和器中5秒，并将1mL掺和物离心，且弃去上清液，并使团粒再悬浮于0.5mL 1x磷酸盐缓冲生理盐水(PBS)中以产生接种物。

[0454] 干生物量:将所有设备和消耗品彻底杀菌并在生物安全柜中进行程序。通过将来自冷冻保存原液的1个塞放置在新鲜PDA平板上，用Parafilm®密封平板并在室温下在黑暗中孵育5-10天来制备接种物。然后从PDA平板上剪下约5×5mm塞，并将10-12个塞转移至含有无菌糖蜜肉汤的烧瓶中，覆盖，固定在震荡器中并在约130rpm震荡下孵育至少10天。在无菌条件中，在无菌烧瓶上方的经过杀菌的布氏漏斗(Buchner funnel)上使用150mm无菌滤纸小心地倾析液体培养物。一旦所有液体都通过漏斗，那么团粒用无菌水冲洗，直至滤液变澄清。当干燥时，将团粒转移至干燥箱并进行干燥，直至变脆。然后将团粒磨碎成细粉，且样品用于产生CFU计数。

[0455] 种子接种

[0456] 除非另作说明，否则接种物加入种子中以到达10^4CFU的目标剂量。在指示低、中等和高剂量且未另外指定的情况下，高剂量是10^5CFU/种子，中等剂量是10^4CFU/种子，且低剂量是10^3CFU/种子。然后搅动种子以将接种物均匀地分散在种子上。使用同等体积的PBS制备制剂对照物处理。使种子干燥大约2分钟，然后每公斤种子加入2液量盎司Flo-Rite® 1706(BASF,Ludwigshafen,Germany)且搅动种子以将粉末均匀地分散在种子上。

[0457] 实施例6.评定改进的植株特征:温室

[0458] 水稻

[0459] 将品种Rex的水稻种子用商业杀真菌和杀虫处理CruiserMaxx®水稻(Syngenta，Basel,Switzerland)处理。如实施例28中所述，将种子异源安置内生植物制剂和制剂对照物(缺乏任何内生植物)，还种植了未经处理的种子(缺乏制剂和内生植物)。表42中展示每种微生物的负载剂量。内生植物处理MIC-68178/MIC-33414与MIC-68178和MIC-33414共同接种。在共同接种处理中，MIC-68178由17.45％负载剂量构成，且MIC-33414由82.55％负载剂量构成。

[0460] 表10.用内生植物处理的大豆种子的负载剂量(CFU/种子)

[0461]

	负载剂量,CFU/种子
MIC-68178	1.64E+03
MIC-33414	2.39E+03
MIC-68178/MIC-33414	1.44E+03

[0462] 每个花盆填充Cahaba/Wickham类型细砂壤土，且将两粒种子均匀间隔地播种在每个花盆中。每个处理/对照物种植十个花盆。实验设计要求每个区块/重复实验内的每个处理为完全随机化模式。每日对植株浇水两次。在出现真叶后，使用Peter的Peat-Lite 20-1020水溶性肥料以250PPM N每周对植株施肥。

[0463] 在第7天，花盆削减至1株幼苗/花盆。在种植后六周从实验收获根组织，并将土壤从根洗去。将来自每个植株的组织放置于没有内衬的纸袋中。该组织在设定为85℃的烘箱

中干燥3天。一旦完全干燥，就将个别植株的根生物量称重并记录。

[0464] MIC-68178显示与未经处理的对照物相比，干根重量增加51.5％，其中通过贝叶斯分析(Bayesian analysis)，置信度超过80％。

[0465] 表11.温室条件下水稻品种Rex的根干重的差异百分比

[0466]

	水稻品种Rex
	相对于未经处理的对照物的差异％，根干重
未经处理的对照物	0
制剂对照物	52.0
MIC-68178	51.5

[0467] 大豆

[0468] 砂壤土是以60％壤土和40％砂浆用砂的比率混合而成的。在混合前，两种种植培养基经3/8”方眼钢质网筛过筛，以去除较大的粒子和碎片。将品种Stine 33E22的大豆种子用商业杀真菌和杀虫处理CruiserMaxx® Soy(Syngenta，Basel，Switzerland)进行处理。如实施例28中所述，将种子异源安置内生植物制剂和制剂对照物(缺乏任何内生植物)，还种植了未经处理的种子(缺乏制剂和内生植物)。

[0469] 每个花盆填充1000mL土壤，用225mL水进行浇水，并且每个花盆播种一粒种子。每个处理/对照物种植十个花盆。实验设计要求每个区块/重复实验内的每个处理为完全随机化模式。环境条件设定为12小时光周期，白天/晚上时段在23℃/20℃温度下，且光强度设定为550μMol m^{-2} s^{-1}。种植后，将种子浇水，以维持大约75％土壤容量。

[0470] 在种植三周后从实验收获根组织，并将土壤从根洗去。将来自每个植株的组织放置于没有内衬的纸袋中。该组织在设定为85℃的烘箱中干燥3天。一旦完全干燥，就将个别植株的根生物量称重并记录。

[0471] 用内生植物MIC-68178处理的根显示与未经处理的对照物相比，干根重量增加16.9％，其中通过贝叶斯分析，置信度小于80％。用内生植物MIC-33414处理的根显示与未经处理的对照物相比，干根重量减少23.5％，其中通过贝叶斯分析，置信度小于80％。然而，包含MIC-68178和MIC-33414两者的内生植物制剂显示与未经处理的对照物相比，干根重量增加36.8％，其中通过贝叶斯分析，置信度超过80％。在干燥例示性未经处理的对照物和经MIC-68178和MIC-33414处理的大豆根前拍摄的照片显示于图3中。

[0472] 表12.温室条件下大豆品种Stine 33E22的根干重的差异百分比

[0473]

	大豆品种Stine 33E22
	相对于未经处理的对照物的差异％，根干重
未经处理的对照物	0
制剂对照物	7.4
MIC-68178	16.9
MIC-68178/MIC-33414	36.8
MIC-33414	-23.5

[0474] 实施例7.温室实验1中经内生植物处理的植株的载培

[0475] 小麦

[0476] 本实验中使用砂壤土和商业盆栽土(Farfard®,Agawam,MA)。砂壤土是以60％壤土和40％砂浆用砂(Northeast Nursery,Peabody,MA)的比率混合而成的。在混合前,两种种植培养基经3/8”方眼钢质网筛过筛,以去除较大的粒子和碎片。将小麦种子用商业杀真菌和杀虫处理进行处理。如实施例5中所述,将种子异源安置内生植物制剂和制剂对照物(缺乏任何内生植物),还种植了未经处理的种子(缺乏制剂和内生植物)。将内生植物处理以三个目标剂量施加于种子:高(10^5CFU/种子)、中(10^4CFU/种子)、低(10^3CFU/种子)。每个花盆填充600mL其相应的土壤,浇灌200mL水,然后将九粒种子均匀间隔地播种在每个花盆中(3×3模式)。然后土壤覆盖在种子顶上(估计平均种植深度为1英寸)并加入另外110mL水以润湿覆盖的土壤基质。实验设计要求每个区块/重复实验内的每个处理为完全随机化模式。环境条件设定为12小时光周期,白天/晚上时段在22℃/18℃温度下,且光强度设定为650μMol m-2 s-1。种植后,将种子浇水,以维持大约80％土壤容量。

[0477] 在种植后第4天、第5天和第7天,记录小麦幼苗的突出,其中第4天和第5天表示早期突出百分比且第7天表示最后突出百分比。在第7天,所有花盆都削减至3株幼苗/花盆。在种植后三周,从实验收获地上组织。将来自个别重复实验处理(花盆)的组织汇集并放置在没有内衬的纸袋中。所有组织都在设定为85℃的烘箱中干燥3天。一旦完全干燥,就将个别处理重复实验(花盆)的苗生物量称重并记录。

[0478] MIC-96038、MIC-96038/MIC-19994共培养和MIC-19994处理在中等剂量下均增加干植株苗生物量。在10^4CFU/种子下MIC-19994处理引起干苗生物量增加6％(p＜0.05)。

[0479] 表13.经内生植物处理的小麦的干苗生物量

[0480]

	平均干苗生物量(g)	标准偏差	平均标准误差	相对于未经处理的对照物的变化%	相对于制剂对照物的变化%
未经处理的对照物	0.949	0.0852	0.011	0	0.21
制剂对照物	0.947	0.072	0.0093	-0.2	0.00
MIC-19994，10^3	0.97	0.0684	0.0153	2.2	2.43
MIC-19994，10^4	1.009	0.0539	0.0121	6.32	6.55
MIC-19994，10^5	0.941	0.0865	0.0193	-0.79	-0.63
MIC-96038 纯，10^3	0.962	0.0631	0.0141	1.41	1.58
MIC-96038 纯，10^4	0.992	0.0831	0.0186	4.57	4.75
MIC-96038 纯，10^5	0.934	0.0891	0.0199	-1.55	-1.37
MIC-96038/ MIC-19994，10^3	0.943	0.0644	0.0144	-0.65	-0.42
MIC-96038/ MIC-19994，10^4	0.989	0.0775	0.0173	4.27	4.44
MIC-96038/ MIC-19994，10^5	0.898	0.089	0.0199	-5.38	-5.17

[0481] 大豆

[0482] 砂壤土生长基质是在温室中混合并由60％壤土和40％砂浆用砂(Northeast Nursery,Peabody,MA)组成。在混合前，壤土经3/8”方眼钢质网筛过筛，以去除较大的粒子和碎片。根据制造商的说明书将大豆种子用商业杀真菌和杀虫处理CruiserMaxx® Vibrance(Syngenta,Basel,Switzerland)处理。如实施例11中所述，将种子异源安置内生植物制剂和制剂对照物(缺乏任何内生植物)，还种植了未经处理的种子(缺乏制剂和内生植物)。将内生植物处理以三个目标剂量施加于种子：高(10^5CFU/种子)、中(10^4CFU/种子)、低(10^3CFU/种子)。每个花盆填充600mL其相应的土壤，浇灌200mL水，然后将九粒种子均匀间隔地播种在每个花盆中(3×3模式)。然后土壤覆盖在种子顶上(估计平均种植深度为1英寸)并加入另外110mL水以润湿覆盖的土壤基质。实验设计要求每个区块/重复实验内的每个处理为完全随机化模式。环境条件设定为12小时光周期，白天/晚上时段在22℃/18℃温度下，且光强度设定为650μMol m^{-2} s^{-1}。种植后，对在正常浇灌条件下生长的种子浇水，以维持大约80％土壤容量，且对在干旱条件下生长的种子浇水，以维持大约40％土壤容量。在种植后三周，从实验收获地上组织。将来自个别重复实验处理(花盆)的组织汇集并放置在没有内衬的纸袋中。所有组织都在设定为85℃的烘箱中干燥3天。一旦完全干燥，就将个别处理重复实验(花盆)的苗生物量称重并记录。

[0483] 表14.对于经内生植物处理的大豆，相对于制剂，在标准浇灌条件下内生植物处理

引起干苗生物量增加

[0484]

	正常浇灌		有限浇灌	
	干重(g)	相对于制剂对照物的变化%	干重(g)	相对于制剂对照物的变化%
MIC-96038	1.987	7.3%	1.145	-0.72%
MIC-96038/MIC-19994	1.945	5.07%	1.155	0.17%
MIC-19994	1.937	4.64%	1.106	-4.11%

[0485] 水稻

[0486] 砂壤土生长基质是在温室中混合并由60％壤土和40％砂浆用砂(Northeast Nursery,Peabody,MA)组成。在混合前,壤土经3/8”方眼钢质网筛过筛,以去除较大的粒子和碎片。

[0487] 在实施例26中制备的经内生植物处理的种子和对照物(无内生植物)种子种植在生长室实验中。对于每个处理或对照物,如下准备20个重复实验。每个花盆填充600mL土壤,浇灌200mL水,将六粒种子成两排均匀间隔地播种(2×3模式)。然后土壤覆盖在种子顶上(估计平均种植深度为0.5英寸)并加入另外100mL水以润湿覆盖的基质。实验设计要求每个区块/重复实验内的每个处理为完全随机化模式。环境条件设定为12小时光周期,白天/晚上时段在22℃/18℃温度下,且光强度设定为650μMol m^{-2} s^{-1}。种植后,每隔一天用200mL水对种子浇水。在种植后大约9天,花盆减至3个幼苗。

[0488] 在种植后第4天、第5天、第7天、第8天和第9天,记录突出,其中第4天和第5天表示早期突出百分比且第9天表示最终突出百分比。在种植后三周,从实验收获地上组织。将来自个别重复实验处理(花盆)的组织汇集并放置在没有内衬的纸袋中。所有组织都在设定为85℃的烘箱中干燥3天。一旦完全干燥,就将个别处理重复实验(花盆)的苗生物量称重并记录。

[0489] 表15.展示用FloRite®处理的种子的平均干生物量

[0490]

处理	剂量	平均干生物量 (g)	标准偏差	平均标准误差	相对于未经处理的对照物的%	相对于制剂对照物的%
未经处理的对照物		0.107	0.0323	0.00417	0	6.82
制剂对照物		0.1002	0.0294	0.0038	-6.38	0
MIC-68178	低	0.1053	0.0542	0.01211	-1.61	5.09
	中	0.1195	0.0263	0.00588	11.61	19.21
	高	0.0967	0.0229	0.00513	-9.67	-3.51
MIC-96038	低	0.1302	0.0204	0.00456	21.65	29.94
	中	0.1244	0.0244	0.00545	16.19	24.1
	高	0.1298	0.0241	0.00538	21.26	29.53

[0491] 表16.展示未用FloRite®处理的种子的平均干生物量(g)

[0492]

处理	剂量	平均干生物量(g)	标准偏差	平均标准误差	相对于未经处理的对照物的%	相对于制剂对照物的%
未经处理的对照物		0.107	0.0323	0.00417	0.0	6.8
制剂对照物		0.1002	0.02945	0.0038	-6.4	0.0
MIC-68178	低	0.0891	0.04152	0.00928	-16.7	-11.1
	中	0.0653	0.0156	0.00349	-39.0	-34.9
	高	0.1294	0.01668	0.00373	20.9	29.1
MIC-96038	低	0.144	0.03537	0.00791	34.5	43.7
	中	0.1203	0.02521	0.00564	12.4	20.1

[0493]

	高	0.1187	0.02709	0.00606	10.9	18.4

[0494] 实施例8:内生植物种子处理的基于油的制剂

[0495] 产生包含高芥酸油、非离子型表面活性剂和可种植聚合物的内生植物组合物。MIC-31593和MIC-33414制成三种不同的制剂(A_2、B_2、C_2)且MIC-96038制成制剂A_1,表15中描述。

[0496] 表17.内生植物组合物的组分,每50g种子的体积

[0497]

制剂	油	油体积(mL)	0.5% Triton X-100 体积(mL)	Flo Rite® (mL)
A_2	油菜籽油	0.2545	0.12727	0.049
B_2	油菜籽油	0.1273	0.2545	0.049
C_2	无	0	0.38182	0.049
A_1	油菜籽油	0.1273	0.2545	0.049
A_4	无	0	0	0.049

[0498] 实施例9.温室实验2中的活力评定

[0499] 小麦

[0500] 将如实施例5中制备的内生植物接种物施加于先前尚未用化学杀虫剂或杀真菌剂处理的小麦种子。经内生植物处理的种子以5个目标剂量制备:10^1、10^2、10^3、10^4、10^5CFU/种子。在含有商业盆栽培养基的个别容器中针对每种处理和对照条件(没有内生植物)种植十个生物重复物每一个。

[0501] 在种植后第7天记录突出,并在种植后第7天、第14天、第21天和第28天对株高(cm)评分。在种植后四周,从实验收获地上和地下组织。记录根和苗的鲜重,然后在设定为85℃的烘箱中干燥样品3天。一旦完全干燥,就将苗和根生物量称重并记录。

[0502] 表18.经内生植物处理的小麦制剂对照物的发芽率、株高和重量。DAP=种植后天数

[0503]

		制剂对照物	MIC-96038/MIC-19994，10 CFU/种子	MIC-96038/MIC-19994，10^2 CFU/种子	MIC-96038/MIC-19994，10^3 CFU/种子	MIC-96038/MIC-19994，10^4 CFU/种子	MIC-96038/MIC-19994，10^5 CFU/种子
发芽%	7 DAP	100	100	100	100	90	90
株高(cm)	7 DAP	10.4	11.1	10.8	11.2	11	11.6
株高(cm)	14 DAP	15.3	16.2	17.1	17.2	16.9	17.7
株高(cm)	21 DAP	16.1	17.2	17.3	17.8	17.2	18.5
株高(cm)	28 DAP	16.29	17.21	17.66	18	17.767	18.74
根鲜重(g)	Wt (g)	0.367	0.419	0.41	0.437	0.413	0.429
顶鲜重(g)	Wt (g)	0.21	0.2406	0.253	0.265	0.276	0.267
总鲜重(g)	Wt (g)	0.577	0.6596	0.663	0.702	0.689	0.696
根干重(g)	Wt (g)	0.0627	0.0729	0.0713	0.0756	0.07	0.074
顶干重(g)	Wt (g)	0.0582	0.0688	0.0695	0.0733	0.071	0.074
总干重(g)	Wt (g)	0.1209	0.1417	0.1408	0.1489	0.141	0.149

[0504] 表19.经内生植物处理的小麦的发芽率、株高和重量相对于制剂对照物的变化%。DAP＝种植后天数

[0505]

		MIC-96038/MIC-19994，10 CFU/种子，相对于制剂对照物的变化%	MIC-96038/MIC-19994，10^2 CFU/种子，相对于制剂对照物的变化%	MIC-96038/MIC-19994，10^3 CFU/种子，相对于制剂对照物的变化%	MIC-96038/MIC-19994，10^4 CFU/种子，相对于制剂对照物的变化%	MIC-96038/MIC-19994，10^5 CFU/种子，相对于制剂对照物的变化%
发芽%	7 DAP	0.0	0.0	0.0	-10.0	-10.0
株高(cm)	7 DAP	6.7	3.8	7.7	5.8	11.5
株高(cm)	14 DAP	5.9	11.8	12.4	10.5	15.7
株高(cm)	21 DAP	6.8	7.5	10.6	6.8	14.9
株高(cm)	28 DAP	5.6	8.4	10.5	9.1	15.1
根鲜重(g)	Wt (g)	14.2	11.7	19.1	12.6	16.9
顶鲜重(g)	Wt (g)	14.6	20.5	26.2	31.2	27.0
总鲜重(g)	Wt (g)	14.3	14.9	21.7	19.4	20.5
根干重(g)	Wt (g)	16.3	13.7	20.6	11.1	18.6
顶干重(g)	Wt (g)	18.2	19.4	25.9	22.0	27.9

[0506]

总干重(g)	Wt (g)	17.2	16.5	23.2	16.3	23.1

[0507] 水稻

[0508] 将如实施例4中制备的内生植物接种物施加于先前尚未用化学杀虫剂或杀真菌剂处理的水稻种子。经内生植物处理的种子以5个目标剂量制备:10^1、10^2、10^3、10^4、10^5CFU/种子。在含有商业盆栽培养基的个别容器中针对每种处理和对照条件(没有内生植物)种植十个生物重复物每一个。

[0509] 在种植后第7天记录突出,并在种植后第7天、第14天、第21天和第28天对株高(cm)评分。在种植后四周,从实验收获地上和地下组织。记录根和苗的鲜重,然后在设定为85℃的烘箱中干燥样品3天。一旦完全干燥,就将苗和根生物量称重并记录。

[0510] 表20.经内生植物处理的水稻制剂对照物的发芽率、株高和重量。DAP=种植后天数

[0511]

		制剂对照物	MIC-96038/MIC-19994，10 CFU/种子	MIC-96038/MIC-19994，10^2 CFU/种子	MIC-96038/MIC-19994，10^3 CFU/种子	MIC-96038/MIC-19994，10^4 CFU/种子	MIC-96038/MIC-19994，10^5 CFU/种子
发芽%	7 DAP	90	100	100	100	80	90
株高(cm)	7 DAP	7.1	7.1	7.7	7.7	7.3	7.3
株高(cm)	14 DAP	11.7	11.5	12.9	13.1	14	12.6
株高(cm)	21 DAP	14.1	13.5	14.9	15.2	15.7	14.4
株高(cm)	28 DAP	14.57	13.99	15.35	15.67	15.8875	15.325
根鲜重(g)	Wt (g)	0.189	0.196	0.218	0.2056	0.245	0.222125
顶鲜重(g)	Wt (g)	0.0879	0.0862	0.0993	0.1057	0.1135	0.108125
总鲜重(g)	Wt (g)	0.277	0.2828	0.3173	0.3113	0.3585	0.33025
根干重	Wt (g)	0.031	0.0291	0.0321	0.0335	0.036625	0.035875

[0512]

(g)							
顶干重(g)	Wt (g)	0.022	0.0211	0.0233	0.025	0.0275	0.0265
总干重(g)	Wt (g)	0.053	0.0502	0.0554	0.0585	0.064125	0.062375

[0513] 表21.经内生植物处理的水稻的发芽率、株高和重量相对于制剂对照物的变化%。DAP=种植后天数

[0514]

		MIC-96038/MIC-19994，10 CFU/种子，相对于制剂对照物的变化%	MIC-96038/MIC-19994，10^2 CFU/种子，相对于制剂对照物的变化%	MIC-96038/MIC-19994，10^3 CFU/种子，相对于制剂对照物的变化%	MIC-96038/MIC-19994，10^4 CFU/种子，相对于制剂对照物的变化%	MIC-96038/MIC-19994，10^5 CFU/种子，相对于制剂对照物的变化%
发芽%	7 DAP	11%	11%	11%	-11%	0%
株高(cm)	7 DAP	0%	8%	8%	3%	3%
株高(cm)	14 DAP	-2%	10%	12%	20%	8%
株高(cm)	21 DAP	-4%	6%	8%	11%	2%
株高(cm)	28 DAP	-4%	5%	8%	9%	5%
根鲜重(g)	Wt (g)	4%	15%	9%	30%	18%
顶鲜重(g)	Wt (g)	-2%	13%	20%	29%	23%
总鲜重(g)	Wt (g)	2%	15%	12%	30%	19%
根干重(g)	Wt (g)	-6%	3%	8%	18%	15%
顶干重(g)	Wt (g)	-5%	5%	13%	24%	20%
总干重(g)	Wt (g)	-6%	4%	10%	20%	17%

[0515] 实施例10.温室实验2中经内生植物处理的植株的载培

[0516] 砂壤土生长基质是在温室中混合并由60％壤土和40％砂浆用砂(Northeast Nursery,Peabody,MA)组成。在混合前,壤土经3/8”方眼钢质网筛过筛,以去除较大的粒子和碎片。根据制造商的说明书将大豆种子用商业杀真菌和杀虫处理CruiserMaxx® Vibrance(Syngenta,Basel,Switzerland)处理。如实施例14中所述,将种子异源安置内生植物制剂和制剂对照物(缺乏任何内生植物),还种植了未经处理的种子(缺乏制剂和内生植物)。每个花盆填充600mL其相应的土壤,浇灌200mL水,然后将九粒种子均匀间隔地播种在每个花盆中(3×3模式)。然后土壤覆盖在种子顶上(估计平均种植深度为1英寸)并加入另外110mL水以润湿覆盖的土壤基质。实验设计要求每个区块/重复实验内的每个处理为完全随机化模式。环境条件设定为12小时光周期,白天/晚上时段在22℃/18℃温度下,且光强度设定为650μMol m^{-2} s^{-1}。种植后,将种子浇水,以维持大约80％土壤容量。在种植后三周,从实验收获地上组织。将来自个别重复实验处理(花盆)的组织汇集并放置在没有内衬的纸袋中。所有组织都在设定为85℃的烘箱中干燥3天。一旦完全干燥,就将个别处理重复实验(花盆)的苗生物量称重并记录。

[0517] 结果

[0518] 在大豆中测试的所有制剂引起干苗生物量变化小于5％。制剂C2是中性的(-0.09％)。制剂A2和A4对干苗生物量具有轻微副作用(分别-3.57％和-1.8％)。具有轻微有

益作用(B_2)与轻微副作用(A_2)的制剂之间的差异为油和Triton X-100的浓度。利用此实验中测试的制剂,MIC-31593总体表现最佳;在“B_2低剂量”、“A2中等剂量”和“C_2低剂量”下观察到最大作用,以此顺序,与对照物相比,干苗生物量分别增加6.9%、6.87%和5.26%。当与“中等剂量”C_2制剂、接着“A_2中等剂量”、“A_2高剂量”和“A_2低剂量”配对时MIC-33414显示最大正面作用,以此顺序,与未经处理的对照物相比干苗生物量分别增加6.52%、5.27%和3.96%和3.23%。与制剂A_f1配对的MIC-96038在高剂量和低剂量下展现生物量轻微增加(分别2.05%和4.25%)。

[0519] 表22.使用三种不同的制剂,在砂壤土中生长的经内生植物处理的大豆的干苗生物量

[0520]

MIC ID	制剂	剂量	平均干生物量(g)	相对于未经处理的对照物的变化%	标准偏差	平均标准误差
	未经处理的对照物		1.19	0	0.1027	0.0236
	制剂对照物-A_2		1.15	-3.57	0.1485	0.0332
	制剂对照物-B_2		1.22	2.88	0.1047	0.024
	制剂对照物-C_2		1.19	-0.09	0.0957	0.022
	制剂对照物-A_1		1.2	0.76	0.1039	0.0245
	制剂对照物-A_4		1.17	-1.8	0.0899	0.0206
MIC-31593	A_2	低	1.23	3.45	0.1082	0.0248
		中等	1.27	6.87	0.1069	0.0245
		高	1.24	3.9	0.1218	0.0279
	B_2	低	1.27	6.9	0.0959	0.022
		中等	1.23	3.12	0.1038	0.0238
		高	1.2	0.47	0.1162	0.0267
	C_2	低	1.25	5.26	0.1279	0.0301
		中等	1.22	2.78	0.0872	0.0206
		高	1.21	1.68	0.1079	0.0247
MIC-96038	A_1	低	1.24	4.25	0.1273	0.0292
		中等	1.2	0.88	0.0776	0.0178
		高	1.21	2.05	0.1117	0.0256
MIC-33414	A_2	低	1.23	3.23	0.1099	0.0252
		中等	1.25	5.27	0.0985	0.0226
		高	1.24	3.96	0.0903	0.0207
	B_2	低	1.21	1.38	0.0716	0.0169
		中等	1.22	2.2	0.1161	0.0266
		高	1.21	1.58	0.084	0.0193
	C_2	低	1.17	-1.45	0.1148	0.0263
		中等	1.27	6.52	0.1044	0.0246
		高	1.18	-0.6	0.1076	0.0247

[0521] 实施例11:温室实验3中经内生植物处理的植株的载培

[0522] 砂壤土生长基质是在温室中混合并由60％壤土和40％砂浆用砂(Northeast Nursery,Peabody,MA)组成。在混合前,壤土经3/8”方眼钢质网筛过筛,以去除较大的粒子和碎片。根据制造商的说明书将大豆种子用商业杀真菌和杀虫处理CruiserMaxx® Vibrance(Syngenta,Basel,Switzerland)处理。如实施例11中所述,将种子异源安置内生植物制剂和制剂对照物(缺乏任何内生植物),还种植了未经处理的种子(缺乏制剂和内生植物)。内生植物处理以两个目标剂量施加于种子:高(10^5CFU/种子)、中等(10^4CFU/种子)。每个花盆填充600mL其相应的土壤,浇灌200mL水,然后将九粒种子均匀间隔地播种在每个花盆中(3×3模式)。然后土壤覆盖在种子顶上(估计平均种植深度为1英寸)并加入另外110mL水以润湿覆盖的土壤基质。实验设计要求每个区块/重复实验内的每个处理为完全随机化模式。环境条件设定为12小时光周期,白天/晚上时段在22℃/18℃温度下,且光强度设定为650μMol m^{-2} s^{-1}。种植后,对在正常浇灌条件下生长的种子浇水以维持大约80％土壤容量,并对在干旱条件下生长的种子浇水以维持大约40％土壤容量。在种植后三周,从实验收获地上组织。将来自个别重复实验处理(花盆)的组织汇集并放置在没有内衬的纸袋中。所有组织都在设定为85℃的烘箱中干燥3天。一旦完全干燥,就将个别处理重复实验(花盆)的苗生物量称重并记录。

[0523] 表23.在正常条件下在砂壤土中生长的经内生植物处理的小麦幼苗的干苗生物量

[0524]

处理	平均干生物量 (g)	相对于未经处理的对照物的变化%	相对于制剂对照物的变化%
制剂对照物	1.852	-3.46	0
未经处理的对照物	1.918	0	3.59
MIC-96038 10^ 4	1.987	3.58	7.3
MIC-96038 10^ 5	1.843	-3.91	-0.46
MIC-96038/MIC-19994 10^ 4	1.945	1.43	5.07
MIC-96038/MIC-19994 10^ 5	1.885	-1.72	1.8

[0525]

MIC-19994 10^ 4	1.937	1.01	4.64
MIC-19994 10^ 5	1.915	-0.14	3.44

[0526] 实施例12.制备真菌生物量和处理种子以供田间实验使用的方法

[0527] 真菌内生植物的制备

[0528] 糖蜜肉汤和马铃薯葡萄糖琼脂的制备:糖蜜肉汤通过在可热压处理的容器中每升去离子水溶解30g糖蜜和5g酵母提取物并热压处理(15psi,121℃)45分钟来制备。马铃薯葡萄糖琼脂(PDA)板通过在可热压处理的容器中每升去离子水溶解39.0g PDA粉并热压处理(15psi,121℃)45分钟来制备。使琼脂冷却至50-60℃,接着倾倒入无菌皮氏培养板(每90mm平板30mL)。

[0529] 液体生物量:将所有设备和消耗品彻底杀菌并在生物安全柜中进行程序。通过将来自冷冻保存原液的1个塞放置在新鲜PDA平板上,用Parafilm®密封平板并在室温下在黑暗中孵育5-10天来制备接种物。然后从PDA平板上剪下约5×5mm塞,并将10-12个塞转移至含有无菌糖蜜肉汤的烧瓶中,覆盖,固定在震荡器中并在约130rpm震荡下孵育至少10天。然

后将培养物放置于掺和器中5秒，并将1mL掺和物离心，且弃去上清液，并使团粒再悬浮于0.5mL 1x磷酸盐缓冲生理盐水(PBS)中以产生接种物。

[0530] 干生物量：将所有设备和消耗品彻底杀菌并在生物安全柜中进行程序。通过将来自冷冻保存原液的1个塞放置在新鲜PDA平板上，用Parafilm®密封平板并在室温下在黑暗中孵育5-10天来制备接种物。然后从PDA平板上剪下约5×5mm塞，并将10-12个塞转移至含有无菌糖蜜肉汤的烧瓶中，覆盖，固定在震荡器中并在约130rpm震荡下孵育至少10天。在无菌条件中，在无菌烧瓶上方的经过杀菌的布氏漏斗(Buchner funnel)上使用150mm无菌滤纸小心地倾析液体培养物。一旦所有液体都通过漏斗，那么团粒用无菌水冲洗，直至滤液变澄清。当干燥时，将团粒转移至干燥箱并进行干燥，直至变脆。然后将团粒磨碎成细粉，且样品用于产生CFU计数。

[0531] 用于种子处理的海藻酸钠和滑石的制备

[0532] 通过以下方法制备用于种子包衣的2％重量/体积的海藻酸钠溶液。锥形烧瓶填充有适当体积的去离子水，并在使用搅拌棒搅动下在加热板上升温至50℃。慢慢地加入适于实现所需最终浓度溶液的质量的海藻酸钠粉末，直至溶解。将溶液在121℃下在15PSI下热压处理30分钟以进行杀菌。

[0533] 通过以下方法制备用于粉末种子包衣的滑石粉。将滑石粉等分至Ziploc袋或50mL Falcon管中，并以干循环热压处理(121℃，15PSI下，30分钟)以进行杀菌。

[0534] 根据以下种子处理方案将种子异源安置至每个内生植物。

[0535] 液体制剂：将以上制备的2％海藻酸钠溶液以每公斤种子15ml的施用量加入种子中。将如实施例10中制备的液体真菌培养物以每公斤种子8.3ml的施用量加入种子中。使用同等体积的无菌肉汤制备对照处理。然后搅动种子以将溶液均匀地分散在种子上。

[0536] 然后每公斤种子加入12.5g滑石粉，并搅动种子以将粉末均匀地分散在种子上。然后每公斤种子加入17ml Flo-Rite® 1706(BASF，Ludwigshafen，Germany)且搅动种子以将粉末均匀地分散在种子上。内生植物的最终浓度目标是至少10^4CFU。在种植前使经过处理的种子在通风良好的空间中干燥过夜。

[0537] 干燥制剂：将以上制备的2％海藻酸钠溶液以每公斤种子20ml的施用量加入种子中。将同等部分的以上制备的真菌粉末与以上制备的滑石混合。将溶液施加于所制备的种子，以便每公斤种子施加12.5g真菌粉末的同等物。使用同等体积的滑石制备对照处理。然后搅动种子以将溶液均匀地分散在种子上。

[0538] 然后每公斤种子加入17ml Flo-Rite® 1706(BASF，Ludwigshafen，Germany)且搅动种子以将粉末均匀地分散在种子上。内生植物的最终浓度目标是至少10^4CFU。在种植前使经过处理的种子在通风良好的空间中干燥过夜。

[0539] 内生植物在大豆或花生种子上的异源安置

[0540] 根据以下种子处理方案将种子异源安置至每个内生植物。

[0541] 液体制剂：将实施例10中制备的2％海藻酸钠溶液以每公斤种子8.3ml的施用量加入种子中。将如实施例9中制备的液体真菌培养物以每公斤种子8.3ml的施用量加入种子中。使用同等体积的无菌肉汤制备对照处理。然后搅动种子以将溶液均匀地分散在种子上。

[0542] 然后每公斤种子加入15g实施例10中制备的滑石粉，并搅动种子以将粉末均匀地

分散在种子上。然后每公斤种子加入13.3ml Flo-Rite® 1706(BASF,Ludwigshafen,Germany),并搅动种子以将粉末均匀地分散在种子上。内生植物的最终浓度目标是至少10^4CFU。在种植前使经过处理的种子在通风良好的空间中干燥过夜。

[0543] 干燥制剂:将实施例10中制备的2%海藻酸钠溶液以每公斤种子16.6ml的施用量加入种子中。将同等部分的实施例9中制备的真菌粉末与实施例10中制备的滑石混合。施加所述溶液,以便每公斤种子施加10g真菌粉末的同等物。使用同等体积的滑石制备对照处理。然后搅动种子以将溶液均匀地分散在种子上。

[0544] 然后每公斤种子加入13.3ml Flo-Rite® 1706(BASF,Ludwigshafen,Germany)且搅动种子以将粉末均匀地分散在种子上。内生植物的最终浓度目标是至少10^4CFU。在种植前使经过处理的种子在通风良好的空间中干燥过夜。

[0545] 内生植物在玉米种子上的异源安置

[0546] 根据以下种子处理方案将种子异源安置至每个内生植物。

[0547] 干燥制剂:将如上制备的2%海藻酸钠溶液以每公斤种子23ml的施用量加入种子中。将同等部分的如上制备的真菌粉末与如上制备的滑石混合。施加所述溶液,以便每公斤种子施加10g真菌粉末的同等物。使用同等体积的滑石制备对照处理。然后搅动种子以将溶液均匀地分散在种子上。

[0548] 然后每公斤种子加入16.6ml Flo-Rite® 1706(BASF,Ludwigshafen,Germany)且搅动种子以将粉末均匀地分散在种子上。内生植物的最终浓度目标是至少10^4CFU。在种植前使经过处理的种子在通风良好的空间中干燥过夜。

[0549] 内生植物在水稻上的异源安置

[0550] 根据制造商的说明书将种子用商业杀真菌和杀虫产品Sativa® IMF MAX(Nufarm Americas,Alsip,IL)处理(3.4oz/cwt)。根据两个不同配制方案中的一个(配制方案A、配制方案B)将经过化学处理的水稻种子异源安置每种内生植物。针对每种制剂类型,还制备了缺乏任何内生植物的对应的种子制剂对照物。种植缺乏任何制剂和内生植物的其它种子,作为未经处理的基线对照物。制剂A仅仅包括稀释剂0.05%silwet和微生物制剂。制剂B包括相同稀释剂和根据制造商以2.0oz/cwt种子施加的种子可种植聚合物Flo Rite® 1706。微生物和聚合物依序施加。

[0551] 对于通过配制方案A配制的内生植物,将微生物制剂以1μL/种子的施用量施加于种子并搅动种子至少20秒以分散微生物。

[0552] 对于通过配制方案B配制的内生植物,微生物制剂以1μL/种子的施用量施加于种子。然后按照制造商的建议将Flo Rite® 1706可种植聚合物施加于种子(2.0oz/cwt种子)并搅动20秒以分散聚合物。

[0553] 实施例13:田间实验1中经内生植物处理的植株的载培

[0554] 在田间条件下种子产量的测定,大豆

[0555] 在多个地点,优选在不同的地区中,在非灌溉(旱地)条件下进行田间试验。如实施例12中所述,种子用内生植物制剂进行准备工作,且还种植了未经处理的种子(缺乏制剂和内生植物)。在采用内生植物处理和对照处理植株的田间试验结束时,用5ft研究型联合收割机机器收割地块并通过车载电脑计算产量。仅仅收割4排地块中的中间两排以防边界效

应。将种子以40,000粒种子/英亩的播种密度等间距成排播种于土壤中。在随机化的完整区块设计中,在每个地点,每种内生植物或对照处理种植至少3个重复地块。每个地块由四排组成,每排15.24m(40ft.),每一排相隔76.2cm(30in)。

[0556] 在采用内生植物处理和对照处理植株的田间试验结束时,用5ft研究型联合收割机机器收割地块并通过车载电脑计算产量。仅仅收获4排地块中的中间两排以防边界效应。

[0557] 表24.经内生植物处理的大豆和未经处理的对照物和制剂对照物的产量,田间实验1

[0558]

	地点1产量(蒲式耳/英亩)	地点2产量(蒲式耳/英亩)	地点3产量(蒲式耳/英亩)	地点4产量(蒲式耳/英亩)	整体产量(蒲式耳/英亩)	相对于未经处理的对照物的整体%	相对于制剂对照物的整体%
条件	严重水分胁迫	水分胁迫	充足水分,一些杂草压力	杂草压力			
处理与种植之间的天数	9	13	28	28			
未经处理的对照物	27.7	68.4	61	41.6	49.7		-1.4
制剂对照物	27.1	68.9	64.8	42.5	50.4	1.4	0
MIC-31593	27.9	70.2	62.1	48	52.1	4.8	3.4
MIC-96038	27	69.5	63.4	43.4	50.8	2.2	0.8
MIC-33414	27.9	72	67.2	43.6	52.1	4.8	3.4
试验平均值	25.7	68.1	62.5	45.1	50.4		

[0559] 在田间条件下种子产量的测定,小麦

[0560] 在多个地点,优选在不同的地区中,在非灌溉(旱地)条件下进行田间试验。将小麦种子用商业杀真菌和杀虫处理进行处理。如上在实施例12中所述,种子异源安置内生植物制剂,且还种植了未经处理的种子(缺乏制剂和内生植物)。将种子以120万粒种子/英亩的播种密度等间距成排播种。在随机化的完整区块设计中,在每个地点,每种内生植物或对照处理种植至少3个重复地块。每个地块由七排组成,每排15.24m(40ft.)。

[0561] 在采用内生植物处理和对照处理植株的田间试验结束时,用5ft研究型联合收割机机器收割地块并通过车载电脑计算产量。

[0562] 表25.根据地点,经内生植物处理的春小麦和未经处理的对照物和制剂对照物的平均产量,田间实验1

[0563]

	地点1产量(蒲式耳/英亩)	地点2产量(蒲式耳/英亩)	地点3产量(蒲式耳/英亩)	地点4产量(蒲式耳/英亩)	整体产量(蒲式耳/英亩)	相对于未经处理的对照物的整体%	相对于制剂对照物的整体%
未经处理的对照物	25.73	39.50	38.95	47.02	37.80		-2.0
制剂对照物	29.72	41.76	35.15	48.17	38.57	2.0	
MIC-96038	28.00	40.37	37.63	50.95	39.24	3.8	1.7
试验平均值	28.75	41.60	38.10	47.97	39.10		

[0564] 表26.根据植株品种,经内生植物处理的春小麦和未经处理的对照物和制剂对照物的平均产量,田间实验1

[0565]

	品种1,产量(蒲式耳/英亩)	品种2,产量(蒲式耳/英亩)	品种3,产量(蒲式耳/英亩)	品种4,产量(蒲式耳/英亩)	整体产量(蒲式耳/英亩)	相对于未经处理的对照物的整体%	相对于制剂对照物的整体%
未经处理	24.83	26.63	40.96	42.69	37.80		-2.0

[0566]

制剂对照物	31.22	28.22	38.83	44.23	38.57	2.0	
MIC-96038	32.54	23.46	42.60	43.37	39.24	3.8	1.7
品种平均值	30.62	28.44	40.77	43.95			

[0567] 在田间条件下种子产量的测定,水稻

[0568] 如实施例12中所述,用内生植物制剂和制剂对照物(缺乏任何内生植物)制备种子。种子用研究型尺寸的谷物播种机以每英亩45磅的种植率播种。在随机化的完整区块设计中,每种内生植物或对照处理种植四个重复的30×175ft地块。将地块注入水,用当地标准惯例控制杂草和昆虫。

[0569] 在采用内生植物处理和对照处理植株的田间试验结束时,用5ft研究型联合收割机机器收割地块并通过车载电脑计算产量。

[0570] 表27.经内生植物处理的水稻和未经处理的对照物的产量,田间实验1

[0571]

	突出%	谷粒水分	重量(磅/蒲式耳)	产量(磅/地块)	产量(蒲式耳/英亩)	相对于对照物的变化%
对照处理	65.3	19.33	43.95	16.405	119.6	0
MIC-96038 + MIC-19994	67.8	18.88	41.33	17.165	125.9	5.27

[0572] 实施例14:田间实验2中经内生植物处理的植株的载培

[0573] 在田间条件下种子产量的测定,小麦

[0574] 在非灌溉(旱地)条件下进行田间试验。将两个品种的春小麦种子用商业杀真菌和杀虫处理进行处理。如实施例12中所述,将种子异源安置内生植物制剂和制剂对照物(缺乏任何内生植物),还种植了未经处理的种子(缺乏制剂和内生植物)。将种子以120万粒种子/英亩的播种密度等间距成排播种。在随机化的完整区块设计中,在每个地点,每种内生植物或对照处理种植重复地块。每个地块由七排组成,每排15.24m(40ft.)。

[0575] 在采用内生植物处理和对照处理植株的田间试验结束时,用5ft研究型联合收割机机器收割地块并通过车载电脑计算产量和谷粒水分百分比。

[0576] 表28.根据地点,经内生植物处理的春小麦和未经处理的对照物和制剂对照物的突出百分比,田间实验2

[0577]

	品种1,突出%	品种2,突出%	整体,突出%	相对于未经处理的对照物的整体%	相对于制剂对照物的整体%
未经处理的对照物	98.3	96.7	97.5		-0.8
制剂对照物	98.3	98.3	98.3	0.8	
MIC-96038	98.3	98.3	98.3	0.8	0
MIC-19994	98.3	93.3	95.8	-1.7	-2.5

[0578] 表29.根据地点,经内生植物处理的春小麦和未经处理的对照物和制剂对照物的谷粒水分,田间实验2

[0579]

	品种1,谷粒水分(%)	品种2,谷粒水分(%)	整体,谷粒水分(%)	相对于未经处理的对照物的整体%	相对于制剂对照物的整体%
未经处理的对照物	19.049	16.657	17.85		1.0
制剂对照物	19.397	15.970	17.68	-0.9	
MIC-96038	13.573	16.567	15.07	-15.6	-14.8
MIC-19994	18.657	16.930	17.79	-0.3	0.6

[0580] 表30.根据地点,经内生植物处理的春小麦和未经处理的对照物和制剂对照物的蛋白质百分比,田间实验2

[0581]

	品种1,蛋白质%	品种2,蛋白质%	整体,蛋白质%	相对于未经处理的对照物的整体%	相对于制剂对照物的整体%

[0582]

未经处理的对照物	14.55087	14.76347	14.657		0.2
制剂对照物	14.68427	14.56693	14.626	-0.2	
MIC-96038	14.90133	14.71067	14.806	1.0	1.2
MIC-19994	14.30587	14.21200	14.259	-2.7	-2.5

[0583] 表31.根据地点,经内生植物处理的春小麦和未经处理的对照物和制剂对照物的产量,田间实验2

[0584]

	品种1,产量(蒲式耳/英亩)	品种2,产量(蒲式耳/英亩)	整体,产量(蒲式耳/英亩)	相对于未经处理的对照物的整体%	相对于制剂对照物的整体%
未经处理的对照物	24.832	26.631	25.731		-13.3
制剂对照物	31.172	28.217	29.694	15.4	
MIC-96038	32.539	23.457	27.998	8.8	-5.7
MIC-19994	31.172	26.892	29.032	12.8	-2.2

[0585] 实施例15.田间实验3中经内生植物处理的植株的载培

[0586] 2016年,在非灌溉(旱地)条件下进行田间试验。将小麦种子用商业杀真菌和杀虫处理进行处理。如实施例12中所述,将种子异源安置内生植物制剂和制剂对照物(缺乏任何内生植物),还种植了未经处理的种子(缺乏制剂和内生植物)。将种子以120万粒种子/英亩的播种密度等间距成排播种。在随机化的完整区块设计中,在每个地点,每种内生植物或对照处理种植重复地块。每个地块由七排组成,每排15.24m(40ft.)。

[0587] 在采用内生植物处理和对照处理植株的田间试验结束时,用5ft研究型联合收割机机器收割地块并通过车载电脑计算产量。

[0588] 表32.根据地点,经内生植物处理的小麦和未经处理的对照物和制剂对照物的产量,田间实验3

[0589]

	品种1,产量(蒲	品种2,产量(蒲	品种3,产量(蒲	品种4,产量(蒲	整体,产量(蒲式	相对于未经处理的对	相对于制剂对照物的

[0590]

	式耳/英亩)	式耳/英亩)	式耳/英亩)	式耳/英亩)	耳/英亩)	照物的整体%	整体%
未经处理的对照物	27.9	27.4	39.8	43.2	34.6		-3.0
制剂对照物	31.2	28.2	39.0	44.2	35.7	3.1	
MIC-96038	32.5	23.5	42.6	43.4	35.5	2.7	-0.4
MIC-19994	31.2	26.9	40.4	43.9	35.6	3.0	-0.1

[0591] 实施例16.评定改进的植株特征:田间条件

[0592] 在田间条件下种子产量的测定,小麦

[0593] 在多个地点,优选在不同的地区中,在非灌溉(旱地)条件下进行田间试验。将小麦种子用商业杀真菌和杀虫处理进行处理。如上在实施例12如中所述,种子异源安置干内生植物制剂,且还种植了未经处理的种子(缺乏制剂和内生植物)。将种子以120万粒种子/英亩的播种密度等间距成排播种。在随机化的完整区块设计中,在每个地点,每种内生植物或对照处理种植至少3个重复地块。每个地块由七排组成,每排15.24m(40ft.)。

[0594] 在采用内生植物处理和对照处理植株的田间试验结束时,用5ft研究型联合收割机机器收割地块并通过车载电脑计算产量。

[0595] 内生植物处理引起小麦品种SDSU Focus中产量平均增加7-16%,所述每个内生植物处理包含以下微生物中的一种:MIC-68390、MIC-68178、MIC-07010、MIC-31593、MIC-48747、MIC-96038、MIC-50414或MIC-33414。内生植物处理引起小麦品种SDSU Select中产量平均增加14-22%,所述每个内生植物处理包含以下微生物中的一种:MIC-68390、MIC-68178、MIC-07010、MIC-31593、MIC-48747、MIC-96038、MIC-50414或MIC-33414。

[0596] 表33:田间试验中用内生植物处理的小麦的平均产量

[0597]

	SDSU Focus, 品种 3		SDSU Select, 品种 4	
	平均产量	相对于未经	平均产量	相对于未经

[0598]

	(蒲式耳/英亩)	处理的对照物的差异%	(蒲式耳/英亩)	处理的对照物的差异%
未经处理的对照物	36.9	0	37.7	0%
MIC-68390	39.3	7%	45.0	19%
MIC-68178	40.9	11%	46.1	22%
MIC-07010	41.1	11%	43.9	16%
MIC-31593	42.1	14%	44.3	18%
MIC-48747	42.8	16%	44.1	17%
MIC-96038	42.6	15%	43.4	15%
MIC-50414	40.0	8%	45.7	21%
MIC-33414	41.6	13%	42.9	14%

[0599] 在田间条件下种子产量的测定,玉米

[0600] 在多个地点,优选在不同的地区中,进行田间试验。地块不进行灌溉(旱地)或维持次最佳的灌溉速率,实现产量大约25%的减少。如实施例12中所述,将种子用内生植物制剂(干)和制剂对照物(干,缺乏任何内生植物)进行准备工作,还种植了未经处理的种子(缺乏

制剂和内生植物)。将种子以每个地区典型的种植密度等间距成排播种于土壤中。在随机化的完整区块设计中,在每个地点,每种内生植物或对照处理种植3个重复地块。每个地块由四排组成,每排15.24m(40ft.),每一排相隔76.2cm(30in)。

[0601] 在采用内生植物处理和对照处理植株的田间试验结束时,用5ft研究型联合收割机机器收割地块并通过车载电脑计算产量。仅仅收获4排地块中的中间两排以防边界效应。

[0602] 内生植物处理引起玉米品种Stine 9734中产量相对于制剂对照物平均增加0.9-1.5%以及产量相对于未经处理的对照物平均增加1.0-1.6%,所述每个内生植物处理包含以下微生物中的一种:MIC-68390、MIC-48747或MIC-33414。

[0603] 表34:田间试验中用内生植物处理的玉米品种Stine 9734的平均产量

[0604]

	Stine 9734, 品种 2		
	平均产量(蒲式耳/英亩)	相对于制剂对照物的差异%	相对于未经处理的对照物的差异%
未经处理	185.5		0.0%
制剂对照物(干)	185.7	0.0%	
MIC-68390	187.4	0.9%	1.0%
MIC-48747	187.7	1.1%	1.2%
MIC-33414	188.5	1.5%	1.6%

[0606] 在田间条件下种子产量的测定,大豆

[0607] 在多个地点,优选在不同的地区中,在非灌溉(旱地)条件下进行田间试验。如实施例12中所述,种子用内生植物制剂进行准备工作,且还种植了未经处理的种子(缺乏制剂和内生植物)。MIC-68178和MIC-33414用干制剂配制;MIC-68390、MIC-07010、MIC-31593、MIC-48747、MIC-96038和MIC-50414用液体制剂配制。

[0608] 将种子以40,000粒种子/英亩的播种密度等间距成排播种于土壤中。在随机化的完整区块设计中,在每个地点,每种内生植物或对照处理种植至少3个重复地块。每个地块由四排组成,每排15.24m(40ft.),每一排相隔76.2cm(30in)。

[0609] 在采用内生植物处理和对照处理植株的田间试验结束时,用5ft研究型联合收割机机器收割地块并通过车载电脑计算产量。仅仅收获4排地块中的中间两排以防边界效应。

[0610] 内生植物处理引起大豆品种Dairyland DSR1808R2Y中产量平均增加1.5-6.2%,每个内生植物处理包含以下微生物中的一种:MIC-68390、MIC-31593或MIC-33414。内生植物处理引起大豆品种Dairyland DSR1808R2Y中产量平均增加1.5-6.2%,所述每个内生植物处理包含以下微生物中的一种:MIC-68390、MIC-31593或MIC-33414。内生植物处理引起大豆品种Pfister 38R25中产量平均增加2.5-15%,所述每个内生植物处理包含以下微生物中的一种:MIC-68390、MIC-68178、MIC-07010、MIC-31593、MIC-48747、MIC-96038、MIC-50414或MIC-33414。内生植物处理引起大豆品种Stine 3920中产量平均增加1.1-6%,所述每个内生植物处理包含以下微生物中的一种:MIC-68390、MIC-68178、MIC-07010、MIC-31593、MIC-48747、MIC-50414或MIC-33414。

[0611] 表35:田间试验中用内生植物处理的大豆品种Dairyland DSR1808R2Y的平均产量

[0612]

	Dairyland DSR1808R2Y，品种 1	
	平均产量(磅/英亩)	相对于未经处理的对照物的差异%
未经处理的对照物	33.9	0.0%
MIC-68390	35.1	3.5%
MIC-31593	34.4	1.5%
MIC-33414	36.0	6.2%

[0613] 表36.田间试验中用内生植物处理的大豆品种Pfister 38R25的平均产量

[0614]

	Pfister 38R25，品种 2	
排标签	平均产量(磅/英亩)	相对于未经处理的对照物的差异%
未经处理的对照物	56.8	0%
MIC-68390	58.8	3.5%
MIC-68178	60.0	5.6%
MIC-07010	60.0	5.6%
MIC-31593	65.3	15.0%
MIC-48747	58.2	2.5%
MIC-96038	61.2	7.7%
MIC-50414	62.6	10.2%
MIC-33414	63.9	12.5%

[0615] 表37.田间试验中用内生植物处理的大豆品种Stine 3920的平均产量

[0616]

	Stine 3920，品种 4	
排标签	平均产量(磅/英亩)	相对于未经处理的对照物的差异%

[0617]

未经处理的对照物	56.9	0%
MIC-68390	58.4	2.6%
MIC-68178	59.7	4.9%
MIC-07010	58.9	3.5%
MIC-31593	60.3	6.0%
MIC-48747	57.5	1.1%
MIC-50414	57.5	1.1%
MIC-33414	60.2	5.8%

[0618] 在田间条件下种子产量的测定，油菜

[0619] 在多个地点，优选在不同的地区中，进行田间试验。地块不进行灌溉(旱地)或维持次最佳的灌溉速率，实现产量大约25％的减少。将油菜种子用商业杀真菌和杀虫处理进行

处理。如实施例12中所述，将种子用液体内生植物制剂和液体制剂对照物(缺乏任何内生植物)进行准备工作，且还种植了未经处理的种子(缺乏制剂和内生植物)。在随机化的完整区块设计中，在每个地点，每种内生植物或对照处理种植至少3个重复地块。

[0620] 在采用内生植物处理和对照处理植株的田间试验结束时，用5ft研究型联合收割机机器收割地块并通过车载电脑计算产量。

[0621] 包含MIC-85555的内生植物处理引起油菜品种Brett Young 5525中相对于制剂对照物产量平均增加0.3%，以及相对于未经处理的对照物产量平均增加0.2%。包含MIC-50989的内生植物处理引起油菜品种NCC1015中相对于制剂对照物产量平均增加8.2%，以及相对于未经处理的对照物产量平均增加10.3%。

[0622] 表38.田间试验中用内生植物处理的油菜品种Brett Young 5525的平均产量

[0623]

	Brett Young 5525，品种 1		
	平均产量(磅/英亩)	相对于制剂对照物的差异%	相对于未经处理的对照物的差异%
未经处理	1111.0		0.0%
制剂对照物(液体)	1109.5	0.0%	
MIC-85555	1112.7	0.3%	0.2%

[0624]

[0625] 表39.田间试验中用内生植物处理的油菜品种NCC1015的平均产量

[0626]

	NCC1015，品种 2		
	平均产量(磅/英亩)	相对于制剂对照物的差异%	相对于未经处理的对照物的差异%
未经处理	1120.3		0.0%
制剂对照物(液体)	1142.8	0.0%	
MIC-50989	1236.1	8.2%	10.3%

[0627] 在田间条件下种子产量的测定，花生

[0628] 在多个地点，优选在不同的地区中，进行田间试验。地块不进行灌溉(旱地)或维持次最佳的灌溉速率，实现产量大约25%的减少。将花生种子用商业杀真菌和杀虫处理进行处理。如实施例12中所述，将种子用内生植物制剂和制剂对照物(缺乏任何内生植物)进行准备工作，且还种植了未经处理的种子(缺乏制剂和内生植物)。MIC-68390用干和液体制剂配制;MIC-50414、MIC-68178和MIC-96038用液体制剂配制。在随机化的完整区块设计中，在每个地点，每种内生植物或对照处理种植至少3个重复地块。

[0629] 在采用内生植物处理和对照处理植株的田间试验结束时，用5ft研究型联合收割机机器收割地块并通过车载电脑计算产量。

[0630] 在干制剂中，包含MIC-68390的内生植物处理引起花生品种AT-9899中相对于制剂对照物产量平均增加9.1%，以及相对于未经处理的对照物产量平均增加0.7%。在液体制

剂中，包含MIC-50414的内生植物处理引起花生品种AT-9899中相对于制剂对照物产量平均增加3.8％，以及相对于未经处理的对照物产量平均增加0.7％。在液体制剂中，内生植物处理引起花生品种FloRun 107中相对于制剂对照物产量平均增加4.1-4.5％，以及相对于未经处理的对照物产量平均增加10.0-10.5％，所述每个内生植物处理包含以下微生物中的一种：MIC-68390或MIC-68178。然而，在干制剂中，包含MIC-68390的内生植物处理引起花生品种FloRun 107中产量平均下降6.3％。在液体制剂中，内生植物处理引起花生品种Georgia-06G中相对于制剂对照物产量平均增加0.2-3.6％，以及相对于未经处理的对照物产量平均增加6.4-10.0％，所述每个内生植物处理包含以下微生物中的一种：MIC-68390、MIC-68178或MIC-96038。然而，在干制剂中，包含MIC-68390的内生植物处理引起花生品种Georgia-06G中产量平均下降4.9％。在液体制剂中，包含MIC-68390的内生植物处理引起花生品种Tamnut-OL06中相对于制剂对照物产量平均增加11.2％，以及相对于未经处理的对照物产量平均增加4.9％。然而，在干制剂中，包含MIC-68390的内生植物处理引起花生品种Tamnut OL06中产量平均下降0.4％。

[0631] 表40.田间试验中用含内生植物的干制剂处理的花生品种AT-9899的平均产量

[0632]

	AT-9899，品种 2		
	平均产量(磅/英亩)	相对于制剂对照物的差异%	相对于未经处理的对照物的差异%
未经处理的对照物	3567.8		0.0%
制剂对照物(干)	3294.0	0.0%	
MIC-68390	3592.7	9.1%	0.7%

[0633] 表41.田间试验中用含内生植物的液体制剂处理的花生品种AT-9899的平均产量

[0634]

	AT-9899，品种 2		
	平均产量(磅/英亩)	相对于制剂对照物的差异%	相对于未经处理的对照物的差异%
未经处理的对照物	3567.8		0.0%
制剂对照物(液体)	3459.9	0.0%	
MIC-50414	3592. 7	3.8%	0.7%

[0635]

[0636] 表42.田间试验中用含内生植物的液体制剂处理的花生品种FloRun 107的平均产量

[0637]

	FloRun 107，品种 3		
	平均产量(磅/英亩)	相对于制剂对照物的差异%	相对于未经处理的对照物的差异%
未经处理的对照物	4140.7		0.0%
制剂对照物(液体)	4375.1	0.0%	
MIC-68390	4555.7	4.1%	10.0%
MIC-68178	4574.0	4.5%	10.5%

[0638] 表43.田间试验中用含内生植物的液体制剂处理的花生品种Georgia-06G的平均产量

[0639]

	Georgia-06G，品种 4		
	平均产量(磅/英亩)	相对于制剂对照物的差异%	相对于未经处理的对照物的差异%
未经处理的对照物	4592.3		0.0%
制剂对照物(液体)	4876.3	0.0%	
MIC-68390	5053.2	3.6%	10.0%
MIC-68178	4884.1	0.2%	6.4%
MIC-96038	4966.5	1.9%	8.2%

[0640] 表44.田间试验中用含内生植物的液体制剂处理的花生品种Tamnut OL06的平均产量

[0641]

	Tamnut OL06，品种 5		
	平均产量(磅/英亩)	相对于制剂对照物的差异%	相对于未经处理的对照物的差异%
未经处理的对照物	4098.8		0.0%
制剂对照物	3866.5	0.0%	
MIC-68390	4297.9	11.2%	4.9%

[0642]

[0643] 实施例17.跨越核心基因鉴定序列变体

[0644] 内生植物的全基因组序列的系统基因组学分析可以用于鉴定区别性序列变体。适合于系统基因组学分析的基因集以及用于鉴定其的方法是本领域中众所周知的，例如Floutas等人(2012)The Paleozoic origin of enzymatic lignin decomposition reconstructed from 31fungal genomes.Science,336(6089):1715-9.doi:10.1126/science.1221748以及James TY,Pelin A,Bonen L,Ahrendt S,Sain D,Corradi N,Stajich JE.Shared signatures of parasitism and phylogenomics unite

Cryptomycota and microsporidia.Curr Biol.2013;23(16):1548-53.doi:10.1016/j.cub.2013.06.057。在源自于每个物种的基因组的蛋白质数据库中鉴定参考集的垂直同源基因。可以使用众所周知的方法在基因组中鉴定垂直同源基因,所述方法包括相互最佳碰撞(Ward N,Moreno-Hagelsieb G.Quickly Finding Orthologs as Reciprocal Best Hits with BLAT,LAST,and UBLAST:How Much Do We Miss?de Crécy-Lagard V编辑,PLoS ONE.2014;9(7):e101850.doi:10.1371/journal.pone.0101850)以及隐马尔科夫模型(Hidden Markov Model,HMM)。提取最佳碰撞并产生每个垂直同源基因集的多重序列比对。比对用于构造系统树,使用本领域中众所周知的方法,包括贝叶斯推断(Bayesian inference)和极大似然法,例如使用软件工具MrBayes(Huelsenbeck,J.P.和Ronquist(2001)MRBAYES:Bayesian inference of phylogenetic trees.Bioinformatics,17(8):754-755)和RAxML(Stamatakis,A.(2014)RAxML第8版:a tool for phylogenetic analysis and post-analysis of large phylogenies.Bioinformatics,30(9):1312-1313.doi:10.1093/bioinformatics/btu033)。鉴定区别密切相关物种的序列变体。

[0645] 实施例18.鉴定所关注的内生植物中的独特基因

[0646] 内生植物的全染色体组分析可以用于鉴定存在、缺乏或过度表示或表示不足(“差异丰度”)与合乎需要的表型有关的基因。为了鉴定所关注的内生植物的基因组中具有差异丰度的基因,以全部对全部的成对比较(例如使用BLAST)来比较从内生植物和密切相关的物种的基因组预测的蛋白质序列,接着基于比对分数将蛋白质序列聚类(例如使用MCL:Enright A.J.,Van Dongen S.,Ouzounis C.A.An efficient algorithm for large-scale detection of protein families.Nucleic Acids Research 30(7):1575-1584(2002))。可用于此分析的其它软件工具是本领域中众所周知的,且包括OMA、OrthoMCL和TribeMCL(Roth AC,Gonnet GH,Dessimoz C.Algorithm of OMA for large-scale orthology inference.BMC Bioinformatics.2008;9:518.doi:10.1186/1471-2105-9-518;Enright AJ,Kunin V,Ouzounis CA.Protein families and TRIBES in genome sequence space.Nucleic Acids Res.2003;31(15):4632-8.;Chen F,Mackey AJ,Vermunt JK,Roos DS.Assessing performance of orthology detection strategies applied to eukaryotic genomes.PLoS One.2007;2(4):e383.)。查询蛋白质簇以鉴定具有差别丰度的源自于具有合乎需要的表型的内生植物的蛋白质的簇。这些簇的蛋白质界定了这些内生植物的独特特性,且编码这些蛋白质的基因的丰度可以用于鉴定本发明的内生植物。

[0647] 虽然已经说明和描述了本发明的原理,但本领域的技术人员应明白,本发明可以在不脱离这类原理下在布置和细节上进行修改。应了解虽然本发明已经结合其详细描述进行了描述,但上述描述意图说明而非限制本发明的范围,本发明的范围是由随附权利要求书的范围界定的。其它的实施方案、优点和修改在以下权利要求书的范围内。

序列表

<110> 靛蓝股份公司(Indigo Ag, Inc.)

<120> 内生植物组合物和用于改进植株性状的方法

<130> 10101PCTW01 / 101010RGUS1

<140> 尚未分配
<141> 同时随同提交

<150> US 62/556,288
<151> 2017-09-08

<150> US 62/467,740
<151> 2017-03-06

<150> US 62/467,742
<151> 2017-03-06

<150> US 62/467,755
<151> 2017-03-06

[0001]

<150> US 62/466,253
<151> 2017-03-02

<150> US 62/465,834
<151> 2017-03-02

<150> US 62/466,256
<151> 2017-03-02

<150> US 62/465,797
<151> 2017-03-01

<150> US 62/465,819
<151> 2017-03-01

<150> US 62/465,798
<151> 2017-03-01

<160> 71

<170> PatentIn version 3.5

<210> 1
<211> 20
<212> DNA
<213> 人工序列(Artificial sequence)

<220>
<223> 合成多核苷酸

<400> 1
agagtttgat ymtggctcag 20

<210> 2
<211> 19
<212> DNA
<213> 人工序列(Artificial sequence)

<220>
<223> 合成多核苷酸

<400> 2
[0002] ggttaccttg ttacgactt 19

<210> 3
<211> 19
<212> DNA
<213> 人工序列(Artificial sequence)

<220>
<223> 合成多核苷酸

<400> 3
gtgycagcmg ccgcggtaa 19

<210> 4
<211> 20
<212> DNA
<213> 人工序列(Artificial sequence)

<220>
<223> 合成多核苷酸

<220>
<221> misc_feature
<222> (8)..(8)
<223> n为a、c、g或t

<400> 4
ggactacnvg ggtwtctaat 20

<210> 5
<211> 22
<212> DNA
<213> 人工序列(Artificial sequence)

<220>
<223> 合成多核苷酸

<400> 5
cttggtcatt tagaggaagt aa 22

[0003]
<210> 6
<211> 20
<212> DNA
<213> 人工序列(Artificial sequence)

<220>
<223> 合成多核苷酸

<400> 6
gctgcgttct tcatcgatgc 20

<210> 7
<211> 20
<212> DNA
<213> 人工序列(Artificial sequence)

<220>
<223> 合成多核苷酸

<400> 7

gcatcgatga agaacgcagc 20

<210> 8
<211> 17
<212> DNA
<213> 人工序列(Artificial sequence)

<220>
<223> 合成多核苷酸

<400> 8
tcctgaggga aacttcg 17

<210> 9
<211> 20
<212> DNA
<213> 人工序列(Artificial sequence)

<220>
[0004] <223> 合成多核苷酸

<400> 9
tgctggtagt gcgaatgaaa 20

<210> 10
<211> 19
<212> DNA
<213> 人工序列(Artificial sequence)

<220>
<223> 合成多核苷酸

<400> 10
ctttcgggtt ccatcaggt 19

<210> 11
<211> 20
<212> DNA
<213> 人工序列(Artificial sequence)

<220>
<223> 合成多核苷酸

<400> 11
ctaccgcaag agcaactgtg 20

<210> 12
<211> 20
<212> DNA
<213> 人工序列(Artificial sequence)

<220>
<223> 合成多核苷酸

<400> 12
acttcctcct cctcctcctc 20

[0005]

<210> 13
<211> 21
<212> DNA
<213> 人工序列(Artificial sequence)

<220>
<223> 合成多核苷酸

<400> 13
gtcctcgcct aatcaggagt c 21

<210> 14
<211> 21
<212> DNA
<213> 人工序列(Artificial sequence)

<220>
<223> 合成多核苷酸

<400> 14
tcctattccc tgacgtgcta c 21

<210> 15

<210> 20
<211> DNA
<212> 人工序列(Artificial sequence)
<213> 合成多核苷酸
<220>
<223> 15
<400> gaggaggagg aggagaggtt 20

<210> 16
<211> 20
<212> DNA
<213> 人工序列(Artificial sequence)
<220>
<223> 合成多核苷酸
<400> cgtccgtctc ccagactatt 20

[0006]

<210> 17
<211> 19
<212> DNA
<213> 人工序列(Artificial sequence)
<220>
<223> 合成多核苷酸
<400> atgtgcaagg ccggtttcg 19

<210> 18
<211> 20
<212> DNA
<213> 人工序列(Artificial sequence)
<220>
<223> 合成多核苷酸
<400> 18

tacgagtcct tctggcccat 20

<210> 19
<211> 28
<212> DNA
<213> 人工序列(Artificial sequence)

<220>
<223> 合成多核苷酸

<400> 19
tcgcgttcgt taacaaaatg gaccgtat 28

<210> 20
<211> 28
<212> DNA
<213> 人工序列(Artificial sequence)

<220>
[0007] <223> 合成多核苷酸

<400> 20
tcgccagacg gcccagagcc agacccat 28

<210> 21
<211> 20
<212> DNA
<213> 人工序列(Artificial sequence)

<220>
<223> 合成多核苷酸

<400> 21
gartgyccdg gdcayttygg 20

<210> 22
<211> 23
<212> DNA
<213> 人工序列(Artificial sequence)

<220>
<223> 合成多核苷酸

<220>
<221> misc_feature
<222> (3)..(3)
<223> n为a、c、g或t

<220>
<221> misc_feature
<222> (9)..(9)
<223> n为a、c、g或t

<400> 22
ccngcdatnt crttrtccat rta 23

<210> 23
<211> 17
<212> DNA
<213> 人工序列(Artificial sequence)

[0008]

<220>
<223> 合成多核苷酸

<400> 23
acccgctgaa cttaagc 17

<210> 24
<211> 17
<212> DNA
<213> 人工序列(Artificial sequence)

<220>
<223> 合成多核苷酸

<400> 24
tcctgaggga aacttcg 17

<210> 25
<211> 23

<212> DNA
<213> 人工序列(Artificial sequence)

<220>
<223> 合成多核苷酸

<400> 25
cccatrgcyt gyttmcccat dgc 23

<210> 26
<211> 20
<212> DNA
<213> 人工序列(Artificial sequence)

<220>
<223> 合成多核苷酸

<400> 26
gaygaymgwg atcayttygg 20

[0009]

<210> 27
<211> 19
<212> DNA
<213> 人工序列(Artificial sequence)

<220>
<223> 合成多核苷酸

<400> 27
gtagtcatat gcttgtctc 19

<210> 28
<211> 20
<212> DNA
<213> 人工序列(Artificial sequence)

<220>
<223> 合成多核苷酸

<400> 28
cttccgtcaa ttcctttaag 20

<210> 29
<211> 21
<212> DNA
<213> 人工序列(Artificial sequence)

<220>
<223> 合成多核苷酸

<220>
<221> misc_feature
<222> (13)..(13)
<223> n为辫苷

<400> 29
tacctggttg atnctgccag t 21

[0010]

<210> 30
<211> 23
<212> DNA
<213> 人工序列(Artificial sequence)

<220>
<223> 合成多核苷酸

<400> 30
gtbcacctyc araccggyca rtg 23

<210> 31
<211> 26
<212> DNA
<213> 人工序列(Artificial sequence)

<220>
<223> 合成多核苷酸

<400> 31
ccrgaytgrc craaracraa gttgtc 26

<210> 32
<211> 17
<212> DNA
<213> 人工序列(Artificial sequence)

<220>
<223> 合成多核苷酸

<400> 32
gtygayttca aygtycc 17

<210> 33
<211> 20
<212> DNA
<213> 人工序列(Artificial sequence)

<220>
<223> 合成多核苷酸

<400> 33
[0011] acaccdggdg grccgttcca 20

<210> 34
<211> 22
<212> DNA
<213> 人工序列(Artificial sequence)

<220>
<223> 合成多核苷酸

<400> 34
cttccaggca tagtaatgtg ga 22

<210> 35
<211> 23
<212> DNA
<213> 人工序列(Artificial sequence)

<220>
<223> 合成多核苷酸

<400> 35
acttccacta ccatgagcaa ttc 23

<210> 36
<211> 20
<212> DNA
<213> 人工序列(Artificial sequence)

<220>
<223> 合成多核苷酸

<400> 36
ctcctcctcc tcctcctgat 20

<210> 37
<211> 20
<212> DNA
<213> 人工序列(Artificial sequence)

[0012] <220>
<223> 合成多核苷酸

<400> 37
tcacagagct acgcgacttg 20

<210> 38
<211> 1440
<212> DNA
<213> 栖李锥毛壳(Coniochaeta prunicola)

<400> 38
tcttggtcat ttagaggaag taaaagtcgt aacaaggtct ccgttggtga accagcggag 60

ggatcattac aagaagccga aaggctactt caaaccatcg tgaacttatc caagttgctt 120

cggcggcgcg gctcccctcg cggggtgccg cagccccgcc ccctcggggg tggtgggcgc 180

ccgccggagg tattaaactc tcccgtatta tagtggtatt tctgagtaaa aacaaataag 240

ttaaaacttt caacaacgga tctcttggtt ctggcatcga tgaagaacgc agcgaaatgc 300

gataagtaat gtgaattgca gaattcagtg aatcatcgaa tctttgaacg cacattgcgc 360

ccgctagtat tctagcgggc atgcctgttc gagcgtcatt tcaaccctca agccctgctt 420

ggtgttgggg ccctacggct gccgtaggcc ctgaaaagaa gtggcgggct cgctgcaact 480

ccgagcgtag taattcatta tctcgctagg gaggcgcggc ggtgctcctg ccgttaaaga 540

ccatctttaa ccaaaggttg acctcggatc aggtaggaat acccgctgaa cttaagcata 600

tcaataagcg gaggaaaaga aaccaacagg gattgcccta gtaacggcga gtgaagcggc 660

aacagctcaa atttgaaatc tggcttcggc ccgagttgta atttgtagag gatgcttttg 720

gtgaggtgcc ttctgagttc cctggaacgg gacgccagag agggtgagag ccccgtatag 780

tcggccaccg atcctctgta aagctccttc gacgagtcga gtagtttggg aatgctgctc 840

aaaatgggag gtatatctct tctaaagcta aatataggcc agagaccgat agcgcacaag 900

tagagtgatc gaaagatgaa aagcactttg aaaagagggt taaatagcac gtgaaattgt 960

[0013]

tgaaagggaa gcgcttgtga ccagacttgc gccgggctga tcatccagtg ttctcactgg 1020

tgcactcgac ccggctcagg ccagcgtcgg ttctcgcagg gggataaaag cttcgggaac 1080

gtggcacctt cgggtgtgtt atagcccgct gcttaatacc ccggtgggga ccgaggttcg 1140

cgctctgcaa ggacgctggc ataatggtca tcagcgaccc gtcttgaaac acggaccaag 1200

gagtcgaggt tttgcgcgag tgtttgggtg taaaacccgc acgcgtaatg aaagtgaacg 1260

taggtgagag cttcggcgca tcatcgaccg atcctgatgt attcggatgg atttgagtaa 1320

gagcgtatag cctcggaccc gaaagatggt gaactatgcc tgaatagggg gaagccagag 1380

gaaactctgg tggaggctcg cagcggttct gacgtgcaaa tcgatcgtca aatttgggca 1440

<210> 39
<211> 922
<212> DNA
<213> 栖李锥毛壳(Coniochaeta prunicola)

<400> 39

tcctgaggga aacttcggcg gtaaccagct actagatggt tcgattagtc tttcgccccc 60

atgcccaaat ttgacgatcg atttgcacgt cagaaccgct gcgagcctcc accagagttt 120

cctctggctt caccctattc aggcatagtt caccatcttt cgggtccgag gctatacgct 180

cttactcaaa tccatccgaa tacatcagga tcggtcgatg atgcgccgaa gctctcacct 240

acgttcactt tcattacgcg tgcgggtttt acacccaaac actcgcgcaa aacctcgact 300

ccttggtccg tgtttcaaga cgggtcgctg atgaccatta tgccagcgtc cttgcagagc 360

gcgaacctcg gtccccacag gggtattaag cagcgggcta taacacaccc gaaggtgcca 420

cgttcccgaa gcttttatcc ccctgcgaga accgacgctg gcctgagccg ggtcgagtgc 480

accagtgaga acactggatg atcagcccgg cgcaagtctg gtcacaagcg cttccctttc 540

aacaatttca cgtgctattt aaccctcttt tcaaagtgct tttcatcttt cgatcactct 600

[0014] acttgtgcgc tatcggtctc tggcctatat ttagctttag aagagatata cctcccattt 660

tgagcagcat tcccaaacta ctcgactcgt cgaaggagct ttacagagga tcggtggccg 720

actatacggg gctctcaccc tctctggcgt cccgttccag ggaactcaga aggcacctca 780

ccaaaagcat cctctacaaa ttacaactcg ggccgaagcc agatttcaaa tttgagctgt 840

tgccgcttca ctcgccgtta ctagggcaat ccctgttggt ttcttttcct ccgcttattg 900

atatgcttaa gttcagcggg ta 922

<210> 40
<211> 1151
<212> DNA
<213> 栖李锥毛壳(Coniochaeta prunicola)

<400> 40

cttccgtcaa tttctttaag tttcagcctt gcgaccatac tccccccaga acccagaaac 60

tttactttcg tgtaaggtgc cgaacgagtc aaaatataac atcgtccgat ccctagtcgg 120

catagtttat ggttaagact acgacggtat ctgatcgtct tcgatcccct aactttcgtt 180

cctgattaat gaaaacatcc ttggcaaatg ctttcgcagt agttagtctt caataaatcc 240

aagaatttca cctctgacaa ttgaatactg atgcccccga ctgtccctat taatcattac 300

ggcggtccta gaaaccaaca aaatagaacc acacgtccta ttctattatt ccatgctaat 360

gtattcgagc ataggccttc tttaagcgat ctaatttgtt caaagtaaaa gtcctggttc 420

cccgacacac ccagtgaagg gcatgcggtt ccccagaggg aaaggcccgg ccggaccagt 480

gcacgcggtg aggcggaccg gccagccagg cccaaggttc aactacgagc tttttaactg 540

caacaacttt aatatacgct attggagctg gaattaccgc ggctgctggc accagacttg 600

ccctccaatt gttcctcgtt aagggattta aattgtactc attccaatta caagacccaa 660

aagagccctg tatcagtatt tattgtcact acctccccga atcgggattg ggtaatttgc 720

gcgcctgctg ccttccttgg atgtagtagc cgtttctcag gctccttctc cggggtcgag 780

[0015]

ccctaaccct ccgttacccg ttgtcaccat ggctggccaa gacccagccg tcgaaagttg 840

atagggcaga aatttgaatg aaccatcgcc ggcgcaaggc cgtgcgattc gagaagttat 900

tatgaatcac cagagagccc cgaagggcat tggtttttaa tctaataaat acatcccttc 960

cgaagtcggg atttttagca tgtattagct ctagaattac cacggttatc caagtagtaa 1020

ggtactatca aataaacgat aactgattta atgagccatt cgcagtttcg cggtataatt 1080

gcttatactt agacatgcat ggcttaatct ttgagacaag catatgacta ctggcagaat 1140

caaccaggta a 1151

<210> 41
<211> 604
<212> DNA
<213> 栖李锥毛壳(Coniochaeta prunicola)

<400> 41
tgctggtagt gcgaatgaaa atggctggtt ccaggatata acgggtaatc gactgcactt 60

taacaaggct atgcgagtac tttgcgacca tggtcttgca gaagcagatc cgccgacgaa 120

agagcacggt tcggagtctg gagggtacag tgtgcacgga tgtgtgcact cctggatggt 180

aaacgtcctc aaccagacag gagatgcgga gatggcacgt ctggctttga ggtgtgtggc 240

tagccatgtg ccaagcacgg aggagggtga gtattggcgg gtacagcggc gcctccttct 300

gcacgcagac caatgcttga aattgatgga agagggtcag gaggaggaag gcaatggatg 360

ggtattccat aatctaggag atctctacaa agcccaaggg cggttcaagg aagcagaagc 420

catgtacgag cgggcgcttc gaggcaagga gaaggcatgg ggaccagacc acacgtcgac 480

actcgacaca gtcaacaatc tgggtctcgt cgccgacaac aaagccagcc acaccaaaca 540

tcaagttcca ttctcgttcc ccgtctttgt cgtgtggcag acaaaacctg atggaacccg 600

aaag 604

[0016]

<210> 42
<211> 1428
<212> DNA
<213> 穗状弯孢霉(Curvularia spicifera)

<400> 42
aggtgaacct gcggagggat cattacacaa taaaatacga aggccgttcg cggctggact 60

atttattacc cttgtctttt gcgcacttgt tgtttcctgg gcgggttcgc tcgccaccag 120

gaccacaata taaacctttt ttatgcagtt gcaatcagcg tcagtataac aaatgtaaat 180

catttacaac tttcaacaac ggatctcttg gttctggcat cgatgaagaa cgcagcgaaa 240

tgcgatacgt agtgtgaatt gcagaattca gtgaatcatc gaatctttga acgcacattg 300

cgccctttgg tattccaaag ggcatgcctg ttcgagcgtc atttgtaccc tcaagctttg 360

cttggtgttg ggcgtttttg tctttggccc gccaaagact cgccttaaaa tgattggcag 420

ccggcctact ggtttcgcag cgcagcacat ttttgcgctt gcaatcagca aaagaggacg 480

gcaatccatc aagactcctt ctcacgtttg acctcggatc aggtagggat acccgctgaa 540

cttaagcata tcaataagcg gaggaaaaga aaccaacagg gattgcccta gtaacggcga 600

gtgaagcggc aacagctcaa atttgaaatc tggctctttc agagtccgag ttgtaatttg 660

cagagggcgc tttggctttg gcagcggtcc aagttccttg gaacaggacg tcacagaggg 720

tgagaatccc gtacgtggtc gctagctatt gccgtgtaaa gccccttcga cgagtcgagt 780

tgtttgggaa tgcagctcta aatgggaggt aaatttcttc taaagctaaa tattggccag 840

agaccgatag cgcacaagta gagtgatcga aagatgaaaa gcactttgga aagagagtca 900

aacagcacgt gaaattgttg aaagggaagc gcttgcagcc agacttgctt gcagttgctc 960

atccgggctt ttgcccggtg cactcttctg caggcaggcc agcatcagtt tgggcggtgg 1020

gataaaggtc tctgtcacgt accttccttc gggttggcct tataggggag acgccatacc 1080

accagcctgg actgaggtcc gcgcatctgc taggatgctg gcgtaatggc tgtaagcggc 1140

[0017]

ccgtcttgaa acacggacca aggagtctaa catctatgcg agtgtttggg tgtcaagccc 1200

gagcgcgtaa tgaaagtgaa cggaggtggg aacccgcaag ggtgcaccat cgaccgatcc 1260

tgaagtttac ggaaggattt gagtaagagc atggctgttg ggacccgaaa gatggtgaac 1320

tatgcttgaa tagggtgaag ccagaggaaa ctctggtgga ggctcgcagc ggttctgacg 1380

tgcaaatcga tcgtcaaatt tgggcatagg ggcgaaagac taatcgaa 1428

<210> 43
<211> 1197
<212> DNA
<213> 穗状弯孢霉(Curvularia spicifera)

<400> 43
cccatagctt gcttacccat agcagattgg tatgtgttac ggggcgactg gttgtgatct 60

gggaagggaa tgatactggc gcaaataccc aagatcatag ctgggtgaat ctcacaatgg 120

gtgtaggcgt ggatgcgagg atccggtagt ggcttgagac ggcggagtcg atccttgcct 180

tcagtagatc gctcagctgc aggcaagccc atcttcattt ctcgccattc ttccaagtcc 240

tcgggagaga atgttatcat tgcagtttct tcttcctcgg catcgaggta ttcaacgaca 300

ccgtcttgaa tgagacctct ccagccgtat gtagcctgct cgacttcctc ttgactccag 360

ccttgtcttg tactggtctc ttgctgttca gccttgagct tgttgctgat ttccttggta 420

aagatgaggt ggttccggtt tggctttcga atatcgtttt ctacaacgaa caaaggcctc 480

atgacacgac ccgcatctgt gaatatcttg aactctctgt cgcgaatatc acgaatcaaa 540

ctcatctcgt aagacagagt accattgcgg cgaagctcct gcacgactgt gacaagctgc 600

tgagcatttg aatgaacacc aacccagaca ccgttaacga agaccttggt cgcatccggg 660

ttctggttct ggtcgtactc ctcgagaagt tgcatgttac gttgtgtcat gaagtcgata 720

atgggcgatg catcgctacc aacactgaca taacacataa gagacaagtt cttgaccaga 780

[0018] ccgcaagcct gtccttcggg cgtctcagca gggcagacaa gaccccaatg agagttgtga 840

agctgtcgcg gctttgccaa cttaccatca cgtccaacgg gggtgttcgt tcgacgcaga 900

tgggatagtg tggaggcata ggtgtatcgg ttcaacacct gcgaaacacc agccttggca 960

gatgcagcct tcttctgatc accccaattg cctgtagcca gagagtactt caggccgttt 1020

gtgatgatgc tggctttcac agccatttga acattgaagt cttggttgtt ttccacgcac 1080

cgctggaggt acttgtagac atccttggtg agcttcagga acaagattcg gaacaagttg 1140

gcaatcagag gtccagccag atctagtcgc ttctttccaa agtgatcacg atcgtcc 1197

<210> 44
<211> 387
<212> DNA
<213> 穗状弯孢霉(Curvularia spicifera)

<400> 44
gttcacctcc agaccggtca atgcgtaagt ctcgcgccgc ctgaaaacac cacgggaacg 60

actgctaaca gccgctacag ggtaaccaaa ttggtgccgc cttctggcag accatttccg 120

gcgagcatgg cctcgacggc tctggtgtct acaacggcac ctctgacctt cagctcgagc 180

gcatgaacgt ctacttcaac gaagtacgtc cctcggtgaa gctccaacag acaaaagacc 240

aatactgatg tgcagcaggc ttccaacaac aagttcgtgc cccgtgccgt cctcgtcgat 300

ctcgagcctg gtactatgga cgctgtccgc gctggtccct ttggtcagct cttccgcccc 360

gacaacttcg tcttcggcca gtcgggt 387

<210> 45
<211> 590
<212> DNA
<213> 穗状弯孢霉(Curvularia spicifera)

<400> 45
ctaccgcaag agcaactgtg caagtccagc ttcagtccct ttcgatcccc ctcgcccagg 60

[0019] aagagattca cccacgagcg caaccagtcc gaggcggtcc agcgtccacg tcctatgagc 120

gtttgcagca actcgccagc agttcagcac accaaaagag cctccatcta cgtctccgac 180

gcttccatca tcctagcgca acgctcaccc atggcttctc cggtttcccc accagactcc 240

atgtcctccc ccatccatga atcgtctgat gccgtcgacc actatgctat cctggagatc 300

acccctagag caactaccga tgaggtcaag gctgcctacc gccgactacg ggtcgtctac 360

ttctcaagtg acgcgaagaa gtaccgagca ctgcaggcgg ccttcgacgt cttgatggac 420

ccgcaatccc gcgaagctta cgacgcaacc tatcaaccaa ctgccgcagc accagtatcg 480

ctcgctagca ttggtgagat cctggactcg gggaagctat ggcgacagga cagcgcccac 540

ggagacgacc cagtaatccc agaagaggaa gaggaggagg aggaggaagt 590

<210> 46
<211> 1458
<212> DNA
<213> 交替枝顶孢霉(Acremonium alternatum)

<400> 46

tcttggtcat ttagaggaag taaaagtcgt aacaaggtct ccgttggtga accagcggag 60

ggatcattac cgagtgtaaa aactcccaaa ccattgtgaa cttaccactg ttgcttcggc 120

ggcctcgccc cgggcgcgtt cgcgcggccc ggacccaggc gtccgccgga ggctccaaac 180

tcttgtcttt tagtgtattt ctgagtggca taagcaaata aatcaaaact ttcagcaacg 240

gatctcttgg ttctggcatc gatgaagaac gcagcaaaat gcgataagta atgtgaattg 300

cagaattcag tgaatcatcg aatctttgaa cgcacattgc gcccgccagt attctggcgg 360

gcatgcctgt ctgagcgtca tttcaaccct caggacccgt tcgcgggacc tggcgttggg 420

gatcagcctg cccctggcgg cggctggccc tgaaatccag tggcggttcc ctcgcgaact 480

cctccgtgca gtaattaaac ctctcgcggc aggatagcgg ttgaaccacg ccgttaaacc 540

ccccacttct caaggttgac ctcagatcag gtaggaatac ccgctgaact taagcatatc 600

[0020]

aataagcgga ggaaaagaaa ccaacaggga ttgccctagt aacggcgagt gaagcggcaa 660

cagctcaaat ttgaaatctg gcctcacggt ccgaattgta atttgtagag gatgtttctg 720

gcgacgtgtc ttccgagttc cctggaacgg gacgccatag agggtgagag ccccgtccgg 780

tcgtacacct agcctctgtg aaactccttc gacgagtcga gtagtttggg aatgctgctc 840

taaatgggag gtatacgtct tctaaagcta ataccggcc agagaccgat agcgcacaag 900

tagagtgatc gaaagatgaa aagcactttg aaaagagggt taaatagtac gtgaaattgc 960

tgaaagggaa gcgcttatga ccagacttgg gctcggtgaa tcatccggcg ttctcgccgg 1020

tgcactttgc cgtcccaggc cagcatcagt tcgcgccggg ggataaaggt ttcgggaatg 1080

tagctccttc gggagtgtta tagcccgttg cgtaataccc tggcgtggac tgaggtccgc 1140

gctctgcaag gatgctggcg taatggtcat cagtgacccg tcttgaaaca cggaccaagg 1200

agtcgtcttc gtatgcgagt gttcgggtgt caaaccccta cgcgtaatga aagtgaacgt 1260

aggagagagc ttcggcgcat ctccgaccga tcctgatgtt ctcggatgga tttgagtaag 1320

agcatacggg gccggacccg aaagaaggtg aactatgcct gtatagggtg aagccagagg 1380

aaactctggt ggaggctcgc agcggttctg acgtgcaaat cgatcgtcaa atatgggcat 1440

gggggcgaaa gactaatc 1458

<210> 47
<211> 290
<212> DNA
<213> 交替枝顶孢霉(Acremonium alternatum)

<400> 47
atgtgcaagg ccggtttcgc cggtgacgat gctccccgag ctgttttccg taagtcaacc 60

ccactttcgc ttcccaagct cctaatcgcc cacacctggc gatatgggct ttgggggcct 120

gtaagcagcc gacacaagac taacgcgatg cgccagcttc cattgtcggt cgcccccgtc 180

[0021] accatgggta agtacgcgcg caaatgacac ctgtcagccc cctcgacgag cggcacaggc 240

tctgaccatt cgatagtatc atgattggta tgggacagaa ggactcgtac 290

<210> 48
<211> 380
<212> DNA
<213> 交替枝顶孢霉(Acremonium alternatum)

<400> 48
ccggactggc cgaagacgaa gttgtcggga cggaagagct gaccgaaagg accggcgcgg 60

acggcatcca tggtaccggg ctcgagatcg acgaggacag cgcgaggaac gtacttgttg 120

ccagaggcct acagagggtc agcttggcca cagactgcgg gatactccaa attgctcacc 180

tcgttgaagt agacgctcat gcgctcgagc tggagctcag aggtgccgtt gtagacaccg 240

ttgctgtcga ggccatgctc gccagagatg gtctgccaga aggcagcacc aatctggtta 300

ccctgctcgg aggttagaca tggtaggcga tatcacatat ggcggaagta cttacgcact 360

gaccggtctg gaggtgaacc 380

<210> 49
<211> 1231
<212> DNA
<213> 交替枝顶孢霉(Acremonium alternatum)

<400> 49

[0022]

gatgatcgtg atcacttcgg gaaaaagcgc cttgacctgg ctgggcccct cttagctaaa 60

ttgttccgca acattattcg caggatcaac aacgagctgt cgacctacct caggcgatgt 120

gtcgagggcg gcaggaactt caacctcgct gtcggcatca agcctggcac actgtcgaac 180

gggttgaagt actctttggc aacaggcaac tggggagacc aaaagaaggc aatgagctcg 240

gttgctggag tgtcccaggt tctcaaccgc tacacatttg cgtcaacctt gtctcatttg 300

aggcgcacca acacccccat tggccgtgat ggaaagctgg cgaagcctcg gcagctacac 360

aacacgcatt ggggtcttgt gtgtcccgcc gagacccccg agggtcaggc ttgtggtttg 420

gtgaagaacc tgtcactgat gtgtcacgtt tccgttggca cacctagcga acctctctac 480

ggatacttca tcaaccgtgg catggaagtg ctcgaagagt acgagcccca gcggttcccc 540

aacgccacca aggtgttcat caacggtgcc tgggtcggtg tgcacacaag cccgaaagat 600

ctcgtggata gcatcatgca tctgcggcgc tatggtgacc tgaaccatga agcttccgtc 660

atccgcgaca ttcgggatcg agagttcagg gtcgtcacgg atgctggtcg tgttatgcgc 720

ccagtattca ccgtgcagca agaagacaag ctagacgggc ccgagaaggg ctcgttgtgc 780

atgaccaagg agcatcttgc cggtttggat gactggcatc tggtcaacga ggagagggaa 840

gagatggcca cgggctggga gtacctcgtg aagagtgggt gtattgagta cttggacgcc 900

gaagaagaag agacggcaat gatttgcatg acaccagaag acttggagtc ttaccgcaag 960

gagaagtacc tcgatcagaa accccaggag cacaacgtgg aagccgagcc caacaagcga 1020

ctcaagacga agaccaaccc gacgacacac atgtacaccc actgcgagat tcatcccagt 1080

atgatcctcg gtatctgcgc cagcatcatc cccttcccgg atcataacca ggcatgtctc 1140

tacgccacca gacctcgaga ttacttacta atattgcatc tagtcgcccc gtaatactta 1200

ccaatctgcc atgggcaagc aggccatggg c 1231

<210> 50
<211> 790
<212> DNA
<213> 交替枝顶孢霉(Acremonium alternatum)

<400> 50
gaatgccccg gtcattttgg tcacatcgag ctggcaaagc ccgtttacca ccccggcttc 60

atcaagaaag tcaagaagat tttggagatt gtctgccaca actgcagcaa ggtcttggcc 120

gatgaagttg gtctcacctg atccatgtct tgttccttag atgctaacat ggacctctca 180

gagcgacccc gagtttgtca ctgcgatccg tacgcgcgac ccgaaagtcc gcttccagcg 240

[0023] agtctgggct gtgtgcaaga agaagcggaa gtgtgagaac gaggatcgcc aagacaagaa 300

ggaagaggag ttcgcgcccg gcatgaagcc gcagacgcac aaccacggcg gctgtggaaa 360

cgagatgccc gcggttcgtc aagctggttt gcgtctcaac gcgcagttcg agatcaagga 420

agagggcgga gctaagcgca aggatactca agttatcctg cccgaccaag ctcacacaat 480

cctgcggcgg atatcggaac aggacctccg acacatgggc ctcaactcag agtatgcccg 540

cccagagtgg atggttctta ccgtccttcc ggtccccccg cctcccgttc gtccaagtat 600

ttccatggac ggcactggca cgggaatgcg gaacgaggat gatttgactt acaagcttgg 660

tgatatcatc cgagccaacg gaaacgtcaa gcaggctatc cgcgaaggct cgccggccca 720

cattgctcgc gatttcgaag agctgctcca gtaccatgta gccacctaca tggataatga 780

tattgctgga 790

<210> 51

<211> 593
<212> DNA
<213> 交替枝顶孢霉(Acremonium alternatum)

<400> 51
gtcctcgcct aatcaggagt cactagacga catacccgag gacgacatga tgggcgacct 60

tgcgcttggc ctttcgagca gcttcaagca acacgccctc cggaactcaa agggcaagac 120

cttctgggat accttctccg agacgagcag tgtcgcagga ccgagaacca cgccacctcc 180

gccgggagtg atggctcgac gtccatcgtc cggcaggagt gaggatgtga ccatggattc 240

gccgctccag caaagcagca tgccttggct acaaacacgg caccttccg actcccagcg 300

ctcggactcg gcacctgcgg ccaaggagaa ggactccccg gcccagccac ccaccgctgc 360

agagataacg cgccgaatca acaacaaacg ccgccgtgac gatgacttcg acccggtgag 420

cttcaaacgc cgcgcagtga gtcccgggct cagcgtccac aactcgccgc tcccgcagag 480

[0024] cccaatgcag cagagcggtg cgccatgggg ttccaggccg ggaagcaatg ggggcgacaa 540

ggcgggaagc agtgcaccta gcgaatctgg tggtagcacg tcagggaata gga 593

<210> 52
<211> 1453
<212> DNA
<213> 球毛壳菌(Chaetomium globosum)

<400> 52
tcttggtcat ttagaggaag taaaagtcgt aacaaggtct ccgttggtga accagcggag 60

ggatcattac agagttgcaa aactccctaa accattgtga acgttaccta taccgttgct 120

tcggcgggcg gccccggggt ttaccccccg ggcgcccctg ggccccaccg cgggcgcccg 180

ccggaggtca ccaaactctt gataatttat ggcctctctg agtcttctgt actgaataag 240

tcaaaacttt caacaacgga tctcttggtt ctggcatcga tgaagaacgc agcgaaatgc 300

gataagtaat gtgaattgca gaattcagtg aatcatcgaa tctttgaacg cacattgcgc 360

ccgccagcat tctggcgggc atgcctgttc gagcgtcatt tcaaccatca agcccccggg 420

cttgtgttgg ggacctgcgg ctgccgcagg ccctgaaaag cagtggcggg ctcgctgtcg 480

caccgagcgt agtagcatac atctcgctct ggtcgcgccg cgggttccgg ccgttaaacc 540

acctttttaac ccaaggttga cctcggatca ggtaggaaga cccgctgaac ttaagcatat 600

caataagcgg aggaaaagaa accaacaggg attgccctag taacggcgag tgaagcggca 660

acagctcaaa tttgaaatct ggcttcggcc cgagttgtaa tttgcagagg aagctttagg 720

cgcggcacct tctgagtccc ctggaacggg gcgccataga gggtgagagc cccgtatagt 780

tggatgccta gcctgtgtaa agctccttcg acgagtcgag tagtttggga atgctgctca 840

aaatgggagg taaatttctt ctaaagctaa ataccggcca gagaccgata gcgcacaagt 900

agagtgatcg aaagatgaaa agcactttga aaagagggtt aaatagcacg tgaaattgtt 960

gaaagggaag cgcttgtgac cagacttgcg ccgggcggat catccggtgt tctcaccggt 1020

[0025]

gcactccgcc cggctcaggc cagcatcggt tctcgcgggg ggataaaggt cctgggaacg 1080

tagctcctcc gggagtgtta tagcccgggg cgtaatgccc tcgcggggac cgaggttcgc 1140

gcatctgcaa ggatgctggc gtaatggtca tcagcgaccc gtcttgaaac acggaccaag 1200

gagtcaaggt tttgcgcgag tgtttgggtg taaaacccgc acgcgtaatg aaagtgaacg 1260

taggtgagag cttcggcgca tcatcgaccg atcctgatgt tttcggatgg atttgagtag 1320

gagcgttaag ccttggaccc gaaagatggt gaactatgct tggatagggt gaagccagag 1380

gaaactctgg tggaggctcg cagcggttct gacgtgcaaa tcgatcgtca aatctgagca 1440

tgggggcgaa aga 1453

<210> 53
<211> 266
<212> DNA
<213> 球毛壳菌(Chaetomium globosum)

<400> 53
atgtgcaagg ccggtttcgc cggtgatgat gcaccccgcg ctgttttccg taagtctccc 60

agccccggcc ccggcccggt cggcgataag ccgagctccg gacgctcgtt ggcacaaaca 120

gacaagctaa cagcgccgtt tagcgtcgat tgtcggtcgt ccccgtcacc atgggtaggc 180

tttcagttcc ggtatctctg cgatatgggg tcgctggcta acgcgccgct agtattatga 240

tcggtatggg gcagaaggac tcgtac 266

<210> 54
<211> 923
<212> DNA
<213> 球毛壳菌(Chaetomium globosum)

<400> 54
tcctgaggga aacttcggcg gtaaccagct actagatggt tcgattagtc tttcgccccc 60

atgctcagat ttgacgatcg atttgcacgt cagaaccgct gcgagcctcc accagagttt 120

[0026]

cctctggctt caccctatcc aagcatagtt caccatcttt cgggtccaag gcttaacgct 180

cctactcaaa tccatccgaa aacatcagga tcggtcgatg atgcgccgaa gctctcacct 240

acgttcactt tcattacgcg tgcgggtttt acacccaaac actcgcgcaa aaccttgact 300

ccttggtccg tgtttcaaga cgggtcgctg atgaccatta cgccagcatc cttgcagatg 360

cgcgaacctc ggtccccgcg agggcattac gccccgggct ataacactcc cggaggagct 420

acgttcccag gacctttatc cccccgcgag aaccgatgct ggcctgagcc gggcggagtg 480

caccggtgag aacaccggat gatccgcccg gcgcaagtct ggtcacaagc gcttcccttt 540

caacaatttc acgtgctatt taaccctctt ttcaaagtgc ttttcatctt tcgatcactc 600

tacttgtgcg ctatcggtct ctggccggta tttagcttta gaagaaattt acctcccatt 660

ttgagcagca ttcccaaact actcgactcg tcgaaggagc tttacacagg ctaggcatcc 720

aactatacgg ggctctcacc ctctatggcg ccccgttcca ggggactcag aaggtgccgc 780

gcctaaagct tcctctgcaa attacaactc gggccgaagc cagatttcaa atttgagctg 840

ttgccgcttc actcgccgtt actagggcaa tccctgttgg tttcttttcc tccgcttatt 900

gatatgctta agttcagcgg gtc 923

<210> 55
<211> 797
<212> DNA
<213> 球毛壳菌(Chaetomium globosum)

<400> 55
gagtgtccag gtcactttgg ccacattgag ctatccagac ccgttttcca ccccgggttc 60

atcaggcgtg tcaaaaagtt gctcgagatg gtctgccaca actgcagcaa ggtgttggct 120

gatcgtgtta gtgcaccttg cctgaccgag tgatgatttg ttttggcatg ctaactcttc 180

accaggagga cgagcaatat gctgctgcca tgcggattcg ggaccccaaa gtacgcttca 240

[0027] agcgagtttg ggatatttgc aagagtaaga agcgctgcga aaacgaagtg cgcaagggga 300

aagatggcga gttcaaaccc gacagcgaaa accaagccgc agagggtggc catggaggat 360

gtggcaacac gcagccagtc attcgccagc aggctctcac cctgtggggc agcgtcgaga 420

ccaaggacga ggatggtgtg aagaccaagg agaagaaggt catcacccca gaaatggccc 480

tgaacatctt ccgtcgcatg tcggacgacg agatgattga cattggcctc aatatttccc 540

aagctcgtcc ggaatggatg atcatcacgg ttcttcctgt cccgcctcct ccggtgcgcc 600

ccagtatttc catggacgga actggaacag gcttgcggaa tgaggacgat ctgacgtata 660

aactcggcga tatcatccgc gccaatggca acgtccgcca ggctattgcc gagggctctc 720

ctcagcatat catcaccgac tttgagaacc tactccagta ccacgtcgct acgtacatgg 780

ataatgacat cgccggt 797

<210> 56
<211> 1132

<212> DNA
<213> 球毛壳菌(Chaetomium globosum)

<400> 56

[0028]

cttccgtcaa tttctttaag tttcagcctt gcgaccatac tcccccagga gcccaaacat 60

tttgatttat cgtaaggtgc cgaacgggtc aaaaaataac gccgtccgat ccctaatcgg 120

catagtttag gttaagacta cgacggtatc tgatcgtatt cgatccccta actttcgttc 180

ctgattaatg aaaacatcct tggcaaatgc tttcgcagta gttagtcttc aataaatcca 240

agaatttcac ctctgacaat tgaatactga tgcccccgac tgtccctatt aatcattacg 300

gcggtcctag aaaccaacaa aatagaacca cacgtcctat tctattattc catgctaatg 360

tattcgagca taggccttct ttaagcgatc taatttgttc agagtaaaag tcctggttcc 420

ccggcacacc cagtgaaggg catgcggttc tccagaagga aagacccagc cgagccagtg 480

cacgcggtga ggcggaccgg ccggctaggc ccaaggttca actacgagct ttttaacctc 540

aacaacttta atatacgcta ttggagctgg aattaccgcg gctgctggca ccagacttgc 600

cctccaattg ttcctcgtta agggatttaa attgtactca ttccaattac aagacccgaa 660

agagccctgt atcagtattt attgtcacta cctccccgtg tcgggattgg gtaatttgcg 720

cgcctgctgc cttcctttgg atgtagtagc cgtttctcag gctccttctc cggggtcgag 780

ccctaaccct ccgttacccg ttgtcaccac ggctggccaa gacccagccg tcgaaagttg 840

atagggcaga aatttgaatg aaccatcgcc ggcgcaaggc cgtgcgattc gagaagttat 900

tatgaatcac cagagagccc cgaagggcat tggtttttaa tctaataaat acatcccttc 960

cgaagtcggg atttttagca tgtattagct ctagaattac cacggttatc catgtagtaa 1020

ggtactatca aataaacgat aactgattta atgagccatt cgcagtttcg cggtataatt 1080

gcttatactt agacatgcat ggcttaatct ttgagacaag catatgacta ct 1132

<210> 57

<211> 925
<212> DNA
<213> 球毛壳菌(Chaetomium globosum)

<400> 57

[0029]

cttccgtcaa tttctttaag tttcagcctt gcgaccatac tcccccagga gcccaaacat 60

tttgatttat cgtaaggtgc cgaacgggtc aaaaaataac gccgtccgat ccctaatcgg 120

catagtttag gttaagacta cgacggtatc tgatcgtatt cgatccccta actttcgttc 180

ctgattaatg aaaacatcct tggcaaatgc tttcgcagta gttagtcttc aataaatcca 240

agaatttcac ctctgacaat tgaatactga tgcccccgac tgtccctatt aatcattacg 300

gcggtcctag aaaccaacaa aatagaacca cacgtcctat tctattattc catgctaatg 360

tattcgagca taggccttct ttaagcgatc taatttgttc agagtaaaag tcctggttcc 420

ccggcacacc cagtgaaggg catgcggttc tccagaagga aagacccagc cgagccagtg 480

cacgcggtga ggcggaccgg ccggctaggc ccaaggttca actacgagct ttttaacctc 540

aacaacttta atatacgcta ttggagctgg aattaccgcg gctgctggca ccagacttgc 600

cctccaattg ttcctcgtta agggatttaa attgtactca ttccaattac aagacccgaa 660

agagccctgt atcagtattt attgtcacta cctccccgtg tcgggattgg gtaatttgcg 720

cgcctgctgc cttcctttgg atgtagtagc cgtttctcag gctccttctc cggggtcgag 780

ccctaaccct ccgttacccg ttgtcaccac ggctggccaa gacccagccg tcgaaagttg 840

atagggcaga aatttgaatg aaccatcgcc ggcgcaaggc cgtgcgattc gagaagttat 900

tatgaatcac cagagagccc cgaag 925

<210> 58
<211> 518
<212> DNA
<213> 球毛壳菌(Chaetomium globosum)

<400> 58

gttcacctcc agaccggcca gtgcgtaagt tggaccgaat cgaacattac gaccgaccgg 60

ccgcgcagga taactgacat ggagctctct agggtaacca aatcggtgcc gctttctggt 120

acgtccaagc aaagcaaaca ctcttggctg atgacaatcg agactgactt cttttcaggc 180

agaccatctc tggcgagcac ggcctcgaca gcaatggcgt gtatgtgggc atgacagttc 240

ccaaccgata aatccccgct caccgcttcg ataggtacaa cggcacctcc gagctccagc 300

tcgagcgtat gaacgtgtac ttcaacgagg tcagtcgggt caaataattt tacacgaccg 360

agtgatggcg tgctcatagt attatacagg cttccggcaa caagtatgtt cctcgcgctg 420

tcctcgtcga cttggagccc ggcaccatgg atgccgtccg tgccggcccc ttcggccagc 480

tcttccgccc ggacaacttc gtcttcggcc agtcgggt 518

[0030]

<210> 59
<211> 568
<212> DNA
<213> 球毛壳菌(Chaetomium globosum)

<400> 59
gaggaggagg aggagaggtt ggagagggag gcgttgcgtg ccgaggcgct ttgtgaggtc 60

aggcgggtta tggcgctgct ggaggatacg ctgcttgcgg acgggcggga gtgggttttg 120

ggcggtggtg gtggcggtga tggtggtggc agtgagggtg cgagaaaagg gccgacgttg 180

gcggatatcg aggccgtgtg ggtgcttcac tggatgattg gcattcctgg tgcgctgttc 240

aacgccgggt atgtgagcgc cgagcggttt ccgcgggtgt atgcgtgggt ggcgcggttt 300

caggcggcgg ttggggcggc gaaggccggg gtggtggtga agggcatgag cggggaggag 360

gcggcggtag tgttgaaggg gcagagagaa ggggtaggat attttgagaa ggaggggggag 420

gtggacgccg cggacccgat cgtcaaggtg tacggattgg agaaagggag cagggtcgag 480

gtgtggccga cggactccgg ggctgggcat cgggatcagg gctgcctggt gagcctcgac 540

gccgaggaaa tagtctggga gacggacg 568

<210> 60
<211> 1503
<212> DNA
<213> 长喙突脐蠕孢(Exserohilum rostrata)

<400> 60

tcttggtcat ttagaggaag taaaagtcgt aacaaggtct ccgtaggtga acctgcggag 60

ggatcattac acaacaaaaa tatgagggtg tggtttgctg gcaacagcgt ccgccccaag 120

tatttttcac ccatgtcttt tgcgcacttt ttgtttcctg ggcgagttcg ctcgccacca 180

ggacccaacc ataaaccttt ttttatgcag ttgcaatcag cgtcagtata ataattcaat 240

ttattaaaac tttcaacaac ggatctcttg gttctggcat cgatgaagaa cgcagcgaaa 300

tgcgatacgt agtgtgaatt gcagaattca gtgaatcatc gaatctttga acgcacattg 360

cgccctttgg tattccaaag ggcatgcctg ttcgagcgtc atttgtaccc tcaagctttg 420

[0031] cttggtgttg ggcgtctttt tgtctctccc cttgttgggg gagactcgcc ttaaaacgat 480

tggcagccga cctactggtt ttcggagcgc agcacaaatt tgcgccttcc aatccacggg 540

gcggcatcca gcaagccttt gttttctata acaaatccac attttgacct cggatcaggt 600

agggataccc gctgaactta agcatatcaa taagcggagg aaaagaaacc aacagggatt 660

gccctagtaa cggcgagtga agcggcaaca gctcaaattt gaaatctggc tctttcagag 720

tccgagttgt aatttgcaga gggcgctttg gctttggcag cggtccaagt tccttggaac 780

aggacgtcac agagggtgag aatcccgtac gtggtcgcta gctattgccg tgtaaagccc 840

cttcgacgag tcgagttgtt tgggaatgca gctctaaatg ggaggtaaat ttcttctaaa 900

gctaaatatt ggccagagac cgatagcgca caagtagagt gatcgaaaga tgaaaagcac 960

tttggaaaga gagtcaaaca gcacgtgaaa ttgttgaaag ggaagcgctt gcagccagac 1020

ttgcttgcag ttgctcatcc gggcttttgc ccggtgcact cttctgcagg caggccagca 1080

tcagtttggg cggtgggata aaggtctctg tcatgtacct ctcttcgggg aggccttata 1140

ggggaggcga cataccacca gcctagactg aggtccgcgc atctgctagg atgctggcgt 1200

aatggctgta agcggcccgt cttgaaacac ggaccaagga gtctaacatc tatgcgagtg 1260

tttgggtgtc aagcccgagc gcgtaatgaa agtgaacgga ggtgggaacc cgcaagggtg 1320

caccatcgac cgatcctgaa gtttacggaa ggatttgagt aagagcatgg ctgttgggac 1380

ccgaaagatg gtgaactatg cttgaatagg gtgaagccag aggaaactct ggtggaggct 1440

cgcagcggtt ctgacgtgca aatcgatcgt caaatttggg cataggggcg aaagactaat 1500

cga 1503

<210> 61
<211> 1197
<212> DNA
<213> 长喙突脐蠕孢(Exserohilum rostrata)

[0032]

<400> 61
cccatggctt gcttgcccat agcagattgg taggtgttac gaggcgactg gttgtgatct 60

gggaaaggaa tgatactggc gcaaataccc agaatcatgg ccggatggat ttcacagtga 120

gtgtaggcat ggatacgagg atctggtagg ggcttgagac ggcgaagacg gtccttaccc 180

tctgtggagc gctccgctgc aggtaggccc atcttcatct ctcgccattc ttctaagtcc 240

tcgggagaga atgtaatcat ggcagtctct tcctcctcag catcgaggta ttcgacaaca 300

ccatcttgga taagacctct ccagccataa gtagcctgct caacctcctc ctgactccat 360

ccttgccttg tgctagtctc ttgttgttca gccttgagct tgttactaat ctccttggtg 420

aagatgaggt ggtttcggtt tggctttcga atatcgttct ctacaacaaa tagaggtctc 480

atgacacgac cagcatctgt gaagatcttg aactctcggt cacgaatgtc acgaatcaaa 540

ctcatctcgt aagatagagt tccgtttcgt cgaagctcct gcacgaccgt aacaagttgt 600

tgagcattgg aatgaacccc aacccaaaca ccattaacga aaaccttggt cgcatcgggg 660

ttttggttct ggtcgtattc ctcgagcagc tgcatgttac gttgcgtcat gaagtcgata 720

atgggcgacg catcgctacc gacactgacg taacacatga gagacaagtt cttgaccaga 780

ccgcaagcct gtccttcagg cgtctcagca gggcagacaa gaccccagtg ggagttgtgc 840

agttgacggg gcttggccaa tttaccatca cgtccaacag gagtatttgt tcgacgaaga 900

tgggacaatg tggaggcgta agtgtatcgg ttcaacacct gcgagacacc agccttggca 960

gatgctgcct tcttctggtc accccagttg cctgtagcca gagagtactt caatccgttc 1020

gtgatgatgc tggcttttac agccatctga acgttaaagt cctggttgtt ctcaacgcac 1080

cgctggaggt acttgtagac gtccttggta agcttcaaga agaggatacg gaacaagttg 1140

gcgattaaag gtccagcaag atccaggcgc ttctttccga aatgatcacg gtcatcc 1197

[0033]

<210> 62
<211> 307
<212> DNA
<213> 长喙突脐蠕孢(Exserohilum rostrata)

<400> 62
cttccaggca tagtaatgtg gatattaggt gagagcgaaa tataagtgtc cctagaagtg 60

atagtgagaa ggctatggtg aggttgaaga aggtagatgg catattggta attatgaaca 120

tcatcataat ctaatgagtc gaaatcatta attttttttt aaactaatta ccatttactc 180

tgttcattct aatccttttt gtgttcattc atatgctagg cctagagata gaattgtgac 240

tagaataaag gctataatta ttatagtaga ggttttaatt gtttgaattg ctcatggtag 300

tggaagt 307

<210> 63
<211> 1439
<212> DNA
<213> 黑附球菌(Epicoccum nigrum)

<400> 63

tcttggtcat ttagaggaag taaaagtcgt aacaaggttt ccgtaggtga acctgcggaa 60

ggatcattac ctagagtttg tggacttcgg tctgctacct cttacccatg tcttttgagt 120

accttcgttt cctcggcggg tccgcccgcc ggttggacaa cattcaaacc ctttgcagtt 180

gcaatcagcg tctgaaaaaa cttaatagtt acaactttca acaacggatc tcttggttct 240

ggcatcgatg aagaacgcag cgaaatgcga taagtagtgt gaattgcaga attcagtgaa 300

tcatcgaatc tttgaacgca cattgcgccc cttggtattc catggggcat gcctgttcga 360

gcgtcatttg taccttcaag ctctgcttgg tgttgggtgt tttgtctcgc ctccgcgcgc 420

agactcgcct taaaacaatt ggcagccggc gtattgattt cggagcgcag tacatctcgc 480

gctttgcact cataacgacg acgtccaaaa gtacattttt acactcttga cctcggatca 540

ggtagggata cccgctgaac ttaagcatat caataagcgg aggaaaagaa accaacaggg 600

[0034] attgccctag taacggcgag tgaagcggca acagctcaaa tttgaaatct ggcgtctttg 660

gcgtccgagt tgtaatttgc agagggcgct ttggcattgg cagcggtcca agttccttgg 720

aacaggacgt cacagagggt gagaatcccg tacgtggtcg ctagccttta ccgtgtaaag 780

ccccttcgac gagtcgagtt gtttgggaat gcagctctaa atgggaggta aatttcttct 840

aaagctaaat actggccaga gaccgatagc gcacaagtag agtgatcgaa agatgaaaag 900

cactttggaa agagagttaa aaagcacgtg aaattgttga aagggaagcg cttgcagcca 960

gacttgcctg tagttgctca tccgggtttc tacccggtgc actcttctac gggcaggcca 1020

gcatcagttt gggcggttgg ataaaggtct ctgtcatgta cctcccttcg gggagatctt 1080

ataggggaga cgacatgcaa ccagcctgga ctgaggtccg cgcatctgct aggatgctgg 1140

cgtaatggct gtaagcggcc cgtcttgaaa cacggaccaa ggagtctaac atctatgcga 1200

gtgtttgggt gtcaagcccg agcgcgtaat gaaagtgaac ggaggtggga acctttcggg 1260

gtgcaccatc gaccgatcct gatgtcttcg gatggatttg agtaagagca tagctgttgg 1320

gacccgaaag atggtgaact atgcttgaat agggtgaagc cagaggaaac tctggtggag 1380

gctcgcagcg gttctgacgt gcaaatcgat cgtcaaattt gggcataggg gcgaaagac 1439

<210> 64
<211> 383
<212> DNA
<213> 黑附球菌(Epicoccum nigrum)

<400> 64
ccagactggc cgaagacgaa gttatcggga cggaagagct ggccgaaggg gccggcgcgg 60

acagcgtcca ttgtaccggg ctccaagtcg acgaggacgg cacggggaac gaacttgttg 120

ccagaggcct gcgggaggtc agcactcgca gtccgtctca ggaaagcgtg tcgtttctag 180

tacctcgttg aagtagacgt tcatgcgctc gagctggagg tccgaggtgc cgttgtagac 240

accggagccg tcgaggccat gctcgccgga gatggtctgc cagaaggcag caccgatttg 300

[0035] gttaccctgt cccttgtgag ctgccgtcca tgagagaaca tgcaagtggt gtacttacgc 360

actgaccggt ctggaggtga acc 383

<210> 65
<211> 1496
<212> DNA
<213> 突弯孢霉(Curvularia protuberata)

<400> 65
tcttggtcat ttagaggaag taaaagtcgt aacaaggtct ccgtaggtga acctgcggag 60

ggatcattac acaataacat atgaaggctg tacgccgctg cgcccccggg ccagttggct 120

gaggctggat tatttattac ccttgtcttt tgcgcacttg ttgtttcctg ggcgggttcg 180

cccgcctcca ggaccacacc ataaaccttt tttatgcagt tgcaatcagc gtcagtacaa 240

caaatgtaaa tcatttacaa ctttcaacaa cggatctctt ggttctggca tcgatgaaga 300

acgcagcgaa atgcgatacg tagtgtgaat tgcagaattc agtgaatcat cgaatctttg 360

aacgcacatt gcgccctttg gtattccaaa gggcatgcct gttcgagcgt catttgtacc 420

ctcaagcttt gcttggtgtt gggcgttttt gtctttggtt tgccaaagac tcgccttaaa 480

acgattggca gccggcctcc tggttacgca gcgcagcaca tttttgcgct tgcaatcagc 540

aagagggcgg cactccatca agactccttc tcacgtttga cctcggatca ggtagggata 600

cccgctgaac ttaagcatat caataagcgg aggaaaagaa accaacaggg attgccctag 660

taacggcgag tgaagcggca acagctcaaa tttgaaatct ggctctttta gggtccgagt 720

tgtaatttgc agagggcgct ttggctttgg cagcggtcca agttccttgg aacaggacgt 780

cacagagggt gagaatcccg tacgtggtcg ctagctattg ccgtgtaaag ccccttcgac 840

gagtcgagtt gtttgggaat gcagctctaa atgggaggta aatttcttct aaagctaaat 900

attggccaga gaccgatagc gcacaagtag agtgatcgaa agatgaaaag cactttggaa 960

agagagtcaa acagcacgtg aaattgttga aagggaagcg cttgcagcca gacttgcttg 1020

[0036]

cagttgctca tccgggcttt tgcccggtgc actcttctgt aggcaggcca gcatcagttt 1080

gggcggtggg ataaaggtct ctgacacgtt ccttccttcg ggttggccat ataggggaga 1140

cgtcatacca ccagcctgga ctgaggtccg cgcatctgct aggatgctgg cgtaatggct 1200

gtaagcggcc cgtcttgaaa cacggaccaa ggagtctaac atctatgcga gtgtttgggt 1260

gtcaagcccg agcgcgtaat gaaagtgaac ggaggtggga acccgcaagg gcgcaccatc 1320

gaccgatcct gaagtttacg gaaggatttg agtaagagca tggctgttgg gacccgaaag 1380

atggtgaact atgcttgaat agggtgaagc cagaggaaac tctggtggag gctcgcagcg 1440

gttctgacgt gcaaatcgat cgtcaaattt gggcataggg gcgaaagact aatcga 1496

<210> 66
<211> 1010
<212> DNA
<213> 突弯孢霉(Curvularia protuberata)

<400> 66

acaccggcag ggccgttcca gaggatggtc tgcgcctcat cgatggcctc cttgtaaagc 60

ttgatcgact tctctccaca gtcgagaccc atccagccat ctgggatacc atccttgtcc 120

tcggcataac cgacgttggc gtccttgtcg aacttgtcgg cggtgatgta gtcaacaggc 180

agcacaatct tgacattgtt cttcttcgcc ttctccacga ggtccttgac ggtcttgcta 240

ccagcctcat cgaacaagct ttcaccaatc ttgacgccct cgagagtctt cttgaaggtg 300

aaggacatgc ctccgcaaat gatcaggctg ttgaccttgc caagcaggtt gtcgatcaat 360

tgaatcttgt cagagacctt ggcaccacca aggatggcga ggaaaggtcg cttggggttc 420

tcaagcgctt gtgcaaagta atcaagctcc ttcttgacaa ggaagccaga ggccttttgt 480

gggaggtcga caccgaccat ggagctgtgc gcgcggtgag cagtaccaaa agcgtcgtct 540

gtaaaccgtc agcctcgtgc tttcgcccat gaattcatag ttacttacta atgtagacgt 600

[0037] cgcccagagc agtcagtccc ttcctaaact catcgacctt gctcttgtcg accttctgct 660

tcttgcccgc atcatccttg tagctaccct cctcctcagc gtggaagcgc aggttctcga 720

ggaggatgac ctgaccaccg ctagcgttgt tgacggtatc ctctaccgac ttgccgacgc 780

agtcgtcggt gaaggtaacg ctcttgccga ggagcttctc gagttcggga acaaccggct 840

tgaggctgta cttcgcattg ggcttaccgt ctggccggcc aaggtgggac atgagaatga 900

cggccttggc gccattgtcg acggcgtact tgattgtggg aagtgcgcca acaatgcgct 960

ggttgttggt gatcttcttg tcggcgtcga gagggacgtt gaagtcgacc 1010

<210> 67
<211> 1443
<212> DNA
<213> 枝孢样枝孢霉(Cladosporium cladosporioides)

<400> 67

tcttggtcat ttagaggaag taaaagtcgt aacaaggtct ccgtaggtga acctgcggag 60

ggatcattac aagtgacccc ggtctaacca ccgggatgtt cataaccctt tgttgtccga 120

ctctgttgcc tccggggcga ccctgccttc gggcgggggc tccgggtgga cacttcaaac 180

tcttgcgtaa ctttgcagtc tgagtaaact taattaataa attaaaactt ttaacaacgg 240

atctcttggt tctggcatcg atgaagaacg cagcgaaatg cgataagtaa tgtgaattgc 300

agaattcagt gaatcatcga atctttgaac gcacattgcg ccccctggta ttccgggggg 360

catgcctgtt cgagcgtcat ttcaccactc aagcctcgct tggtattggg catcgcggtc 420

cgccgcgtgc ctcaaatcga ccggctgggt cttctgtccc ctaagcgttg tggaaactat 480

tcgctaaagg gtgttcggga ggctacgccg taaaacaacc ccatttctaa ggttgacctc 540

ggatcaggta gggatacccg ctgaacttaa gcatatcaat aagcggagga aaagaaacca 600

acagggattg ctctagtaac ggcgagtgaa gcagcaatag ctcaaatttg aaatctggcg 660

tcttcgacgt ccgagttgta atttgtagag gatgcttctg agtaaccacc gacctaagtt 720

[0038]

ccttggaaca ggacgtcata gagggtgaga atcccgtatg cggtcggaaa ggtgctctat 780

acgtagctcc ttcgacgagt cgagttgttt gggaatgcag ctctaaatgg gaggtaaatt 840

tcttctaaag ctaaatattg gccagagacc gatagcgcac aagtagagtg atcgaaagat 900

gaaaagcact ttggaaagag agttaaaaag cacgtgaaat tgttaaaagg gaagggattg 960

caaccagact tgctcgcggt gttccgccgg tcttctgacc ggtctactcg ccgcgttgca 1020

ggccagcatc gtctggtgcc gctggataag acttgaggaa tgtagctcct tcgggagtgt 1080

tatagcctct tgtgatgcag cgagcgccgg gcgaggtccg cgcttcggct aggatgctgg 1140

cgtaatggtc gtaatccgcc cgtcttgaaa cacggaccaa ggagtctaac atctatgcga 1200

gtgttcgggt gtcaaacccc tacgcgtaat gaaagtgaac ggaggtgaga accgcaaggt 1260

gcatcatcga ccgatcctga tgtcttcgga tggatttgag taagagcata gctgttggga 1320

cccgaaagat ggtgaactat gcctgaatag ggtgaagcca gaggaaactc tggtggaggc 1380

tcgcagcggt tctgacgtgc aaatcgatcg tcaaatttgg gtataggggc gaaagactaa 1440

tcg 1443

<210> 68
<211> 1435
<212> DNA
<213> 尖孢枝孢霉(Cladosporium oxysporum)

<400> 68
tcttggtcat ttagaggaag taaaagtcgt aacaaggtct ccgtaggtga acctgcggag 60

ggatcattac aagtgacccc ggtctaacca ccgggatgtt cataaccctt tgttgtccga 120

ctctgttgcc tccggggcga ccctgccttc gggcgggggc tccgggtgga cacttcaaac 180

tcttgcgtaa ctttgcagtc tgagtaaact taattaataa attaaaactt ttaacaacgg 240

atctcttggt tctggcatcg atgaagaacg cagcgaaatg cgataagtaa tgtgaattgc 300

[0039]

agaattcagt gaatcatcga atctttgaac gcacattgcg ccccctggta ttccgggggg 360

catgcctgtt cgagcgtcat ttcaccactc aagcctcgct tggtattggg caacgcggtc 420

cgccgcgtgc ctcaaatcga ccggctgggt cttctgtccc ctaagcgttg tggaaactat 480

tcgctaaagg gtgctcggga ggctacgccg taaaacaaac ccatttctaa ggttgacctc 540

ggatcaggta gggatacccg ctgaacttaa gcatatcaat aagcggagga aaagaaacca 600

acagggattg ctctagtaac ggcgagtgaa gcagcaatag ctcaaatttg aaatctggcg 660

tcttcgacgt ccgagttgta atttgtagag gatgcttctg agtaaccacc gacctaagtt 720

ccttggaaca ggacgtcata gagggtgaga atcccgtatg cggtcggaaa ggtgctctat 780

acgtagctcc ttcgacgagt cgagttgttt gggaatgcag ctctaaatgg gaggtaaatt 840

tcttctaaag ctaaatattg gccagagacc gatagcgcac aagtagagtg atcgaaagat 900

gaaaagcact ttggaaagag agttaaaaag cacgtgaaat tgttaaaagg gaagggattg 960

caaccagact tgctcgcggt gttccgccgg tcttctgacc ggtctactcg ccgcgttgca 1020

ggccagcatc gtctggtgcc gctggataag acttgaggaa tgtagctccc tcgggagtgt 1080

tatagcctct tgtgatgcag cgagcgccgg gcgaggtccg cgcttcggct aggatgctgg 1140

cgtaatggtc gtaatccgcc cgtcttgaaa cacggaccaa ggagtctaac atctatgcga 1200

gtgttcgggt gtcaaacccc tacgcgtaat gaaagtgaac ggaggtgaga accgcaaggt 1260

gcatcatcga ccgatcctga tgtcttcgga tggatttgag taagagcata gctgttggga 1320

cccgaaagat ggtgaactat gcctgaatag ggtgaagcca gaggaaactc tggtggaggc 1380

tcgcagcggt tctgacgtgc aaatcgatcg tcaaatttgg gtataggggc gaaag 1435

<210> 69
<211> 1439
<212> DNA
<213> 膨大拟青霉(Paecilomyces inflatus)

[0040]

<400> 69
tcttggtcat ttagaggaag taaaagtcgt aacaaggtct ccgttggtga accagcggag 60

ggatcattac agagtttaac gactcccaaa ccactgtgaa catacccgta ccgttgcctc 120

ggcgggcggc cccagggcgg ggccgcagcc tccccagcgg aggcgcccgc cgcaggtcgc 180

aaaactataa ctatatttag tggcatctct gagtaacttc caaacaatca aaactttcaa 240

caacggatct cttggttctg gcatcgatga agaacgcagc gaaatgcgat aagtaatgtg 300

aattgcagaa ttcagtgaat catcgaatct ttgaacgcac attgcgcccg ccagcattct 360

ggcgggcatg cctgtccgag cgtcatttca accctcaagc cctgcttggt gttggggcac 420

tacgcgcgag cgtaggccct caaaatcagt ggcggacccg ctggaggtcc gggcgtagta 480

acacatctcg cccgaggtcc ccagcgtgcc cctgccgtta aacccccaaa tttacagaag 540

gttgacctcg gatcaggtag gaatacccgc tgaacttaag catatcaata agcggaggaa 600

aagaaaccaa cagggattgc cctagtaacg gcgagtgaag cggcaacagc tcgaatttga 660

aatctggcct cggcccgagt tgtaatctgt agaggatgct tttggcgcgg tgccttccga 720

gtgccctgga acgggacgcc acagagggtg agagccccgt atggtcggac accaagcctg 780

tgtaaagctc cttcgacgag tcgggtagct tgggaatgct gctctaagtg ggaggtaaac 840

ttcttctaaa gctaaatact ggccagagac cgatagcgca caagtagagt gatcgaaaga 900

tgaaaagcac tttgaaaaga gggtcaaata gtacgtgaaa ttgttgaaag ggaagcgctc 960

atgaccagac ttgcgccggg ctgatcatcc agtggtctcc actggtgcac tctgcccggc 1020

tcaggccagc gtcggctgtc acgggggggac aaaagcactg ggaaagtagc tctctccggg 1080

gagtgttata gccctatgca gaataccccc gcggcggccg aggtccgcgc tctgcaagga 1140

cgctggcgta atggtcatca gcgacccgtc ttgaaacacg gaccaaggag tcgaggtttt 1200

gcgcgagtgt tcgggtgcaa agccccagcg cgtaattaaa gtgaacgtag gtgagagctt 1260

[0041] cggcgcatca tcgaccgatc ctgatgtatt cggatggatt tgagtaggag cgtaaagcct 1320

cggacccgaa agatggtgaa ctatgcctgt atagggtgaa gccagaggaa actctggtgg 1380

aggctcgcag cggttctgac gtgcaaatcg atcgtcaaat atgggcatgg gggcgaaag 1439

<210> 70
<211> 1443
<212> DNA
<213> 黑附球菌(Epicoccum nigrum)

<400> 70
tcttggtcat ttagaggaag taaaagtcgt aacaaggttt ccgtaggtga acctgcggaa 60

ggatcattac ctagagtttg tggacttcgg tctgctacct cttacccatg tcttttgagt 120

accttcgttt cctcggcggg tccgcccgcc ggttggacaa cattcaaacc ctttgcagtt 180

gcaatcagcg tctgaaaaaa cttaatagtt acaactttca acaacggatc tcttggttct 240

ggcatcgatg aagaacgcag cgaaatgcga taagtagtgt gaattgcaga attcagtgaa 300

tcatcgaatc tttgaacgca cattgcgccc cttggtattc catggggcat gcctgttcga 360

gcgtcatttg taccttcaag ctctgcttgg tgttgggtgt tttgtctcgc ctccgcgcgc 420

agactcgcct taaaacaatt ggcagccggc gtattgattt cggagcgcag tacatctcgc 480

gctttgcact cataacgacg acgtccaaaa gtacattttt acactcttga cctcggatca 540

ggtagggata cccgctgaac ttaagcatat caataagcgg aggaaaagaa accaacaggg 600

attgccctag taacggcgag tgaagcggca acagctcaaa tttgaaatct ggcgtctttg 660

gcgtccgagt tgtaatttgc agagggcgct ttggcattgg cagcggtcca agttccttgg 720

aacaggacgt cacagagggt gagaatcccg tacgtggtcg ctagccttta ccgtgtaaag 780

ccccttcgac gagtcgagtt gtttgggaat gcagctctaa atgggaggta aatttcttct 840

aaagctaaat actggccaga gaccgatagc gcacaagtag agtgatcgaa agatgaaaag 900

cactttggaa agagagttaa aaagcacgtg aaattgttga aagggaagcg cttgcagcca 960

[0042]

gacttgcctg tagttgctca tccgggtttc tacccggtgc actcttctac gggcaggcca 1020

gcatcagttt gggcggttgg ataaaggtct ctgtcatgta cctcccttcg gggagatctt 1080

ataggggaga cgacatgcaa ccagcctgga ctgaggtccg cgcatctgct aggatgctgg 1140

cgtaatggct gtaagcggcc cgtcttgaaa cacggaccaa ggagtctaac atctatgcga 1200

gtgtttgggt gtcaagcccg agcgcgtaat gaaagtgaac ggaggtggga acctttcggg 1260

gtgcaccatc gaccgatcct gatgtcttcg gatggatttg agtaagagca tagctgttgg 1320

gacccgaaag atggtgaact atgcttgaat agggtgaagc cagaggaaac tctggtggag 1380

gctcgcagcg gttctgacgt gcaaatcgat cgtcaaattt gggcataggg gcgaaagact 1440

aat 1443

<210> 71
<211> 608
<212> DNA

<213> 黑附球菌(Epicoccum nigrum)

<220>
<221> misc_feature
<222> (113)..(126)
<223> n为a、c、g或t

<400> 71

[0043]

ctcctcctcc tcctcctgat cgaactcgcc ccccaccaac tccaccagcc cacccagccg 60

cccaaaaacc tccccatccc cgctagccgc ccccatggcc cggacaagca gcnnnnnnnn 120

nnnnnngtcc gggatggcct taggttcgct ctcgagctgc tccagccgcg acaggacatg 180

cagcagctcc ctgcgcagcg agtccggcgc cggcatgcgg ccccgcagcg gctggtcggc 240

gatgtatgtc ttgagcggga gcgcggcgcg caggatgagg tagggcgccg ctgcctgggc 300

gagtttgatg tgcgagtgcg agggcgaggg cgaggtactg gcggggcgtg cggccacgag 360

ggcgaagagg gaggccgtgc aggtgtagct catctttgtg cgcaaggtgg cggggaggac 420

ggccgtctgg ccggtgcgga cggagaggag gttggcgagg ggcgaggtgg tgatgggagg 480

gagttctcct tgtacgggag tgtggatgag ggaggtggtg aagaggttgc gggcgtatgt 540

cctgcggagg gtgtcgggga gggaggggga gtttagaggg ccgctgatca agtcgcgtag 600

ctctgtga 608

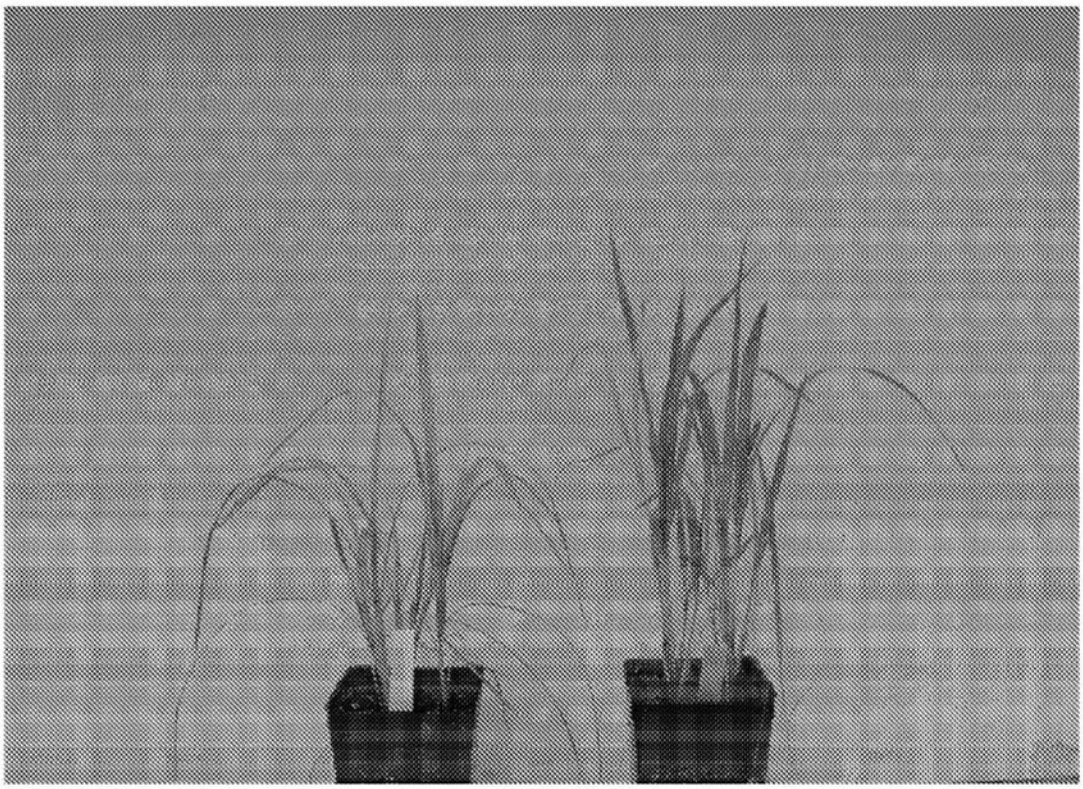

图1A

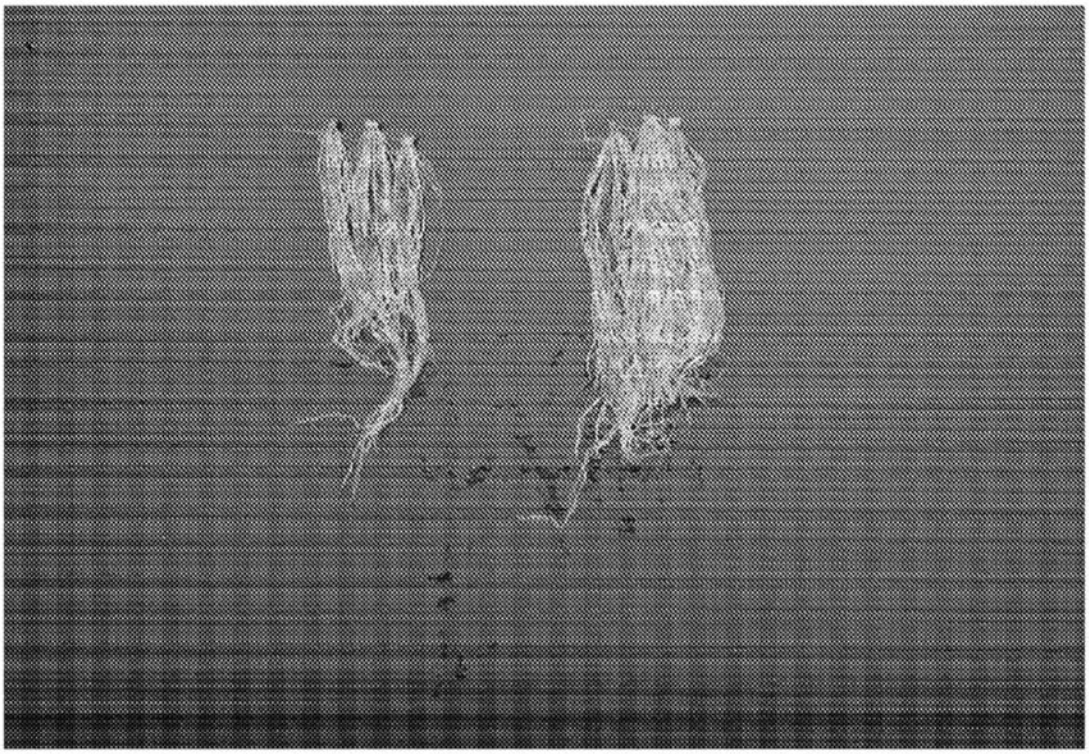

图2

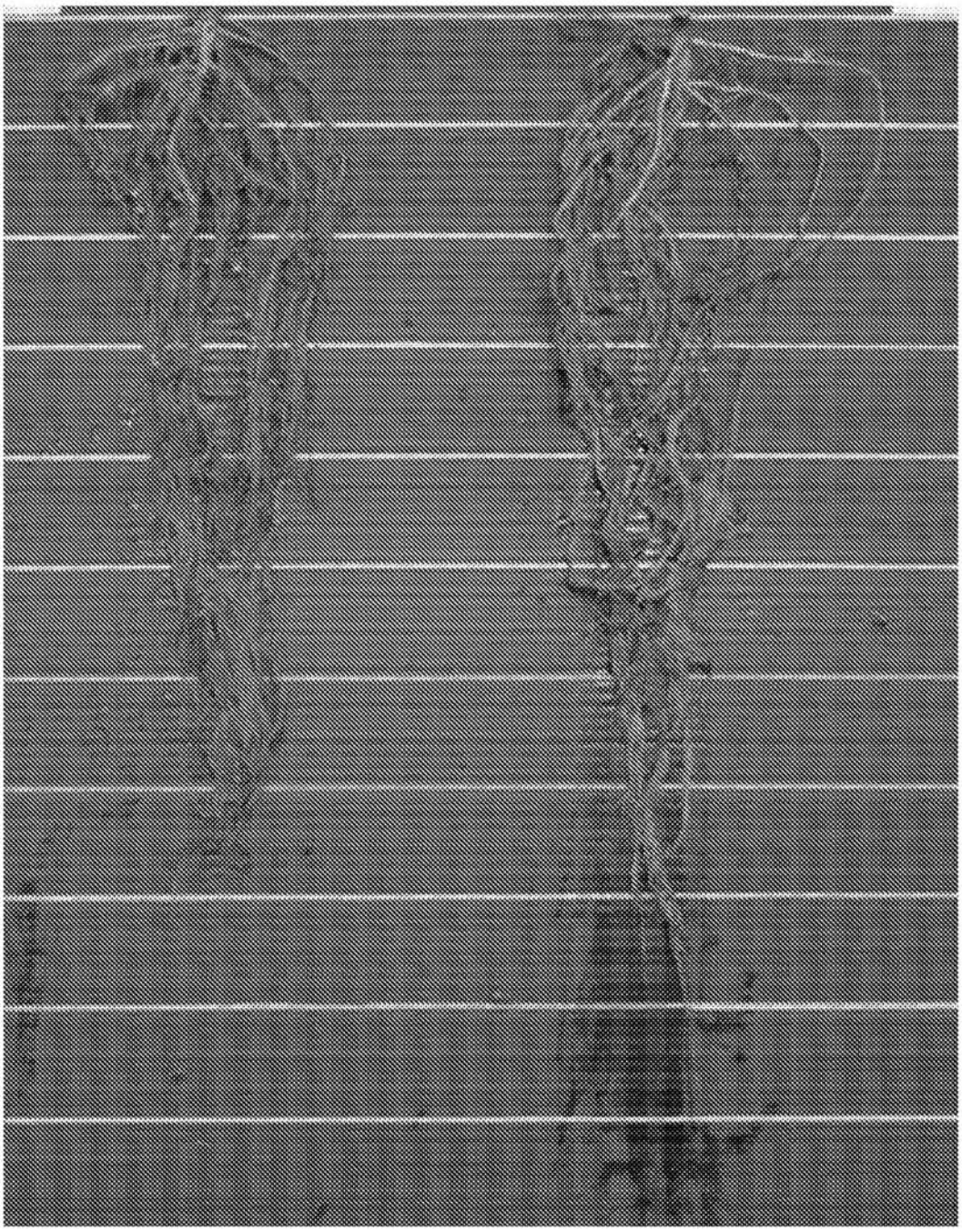

图3

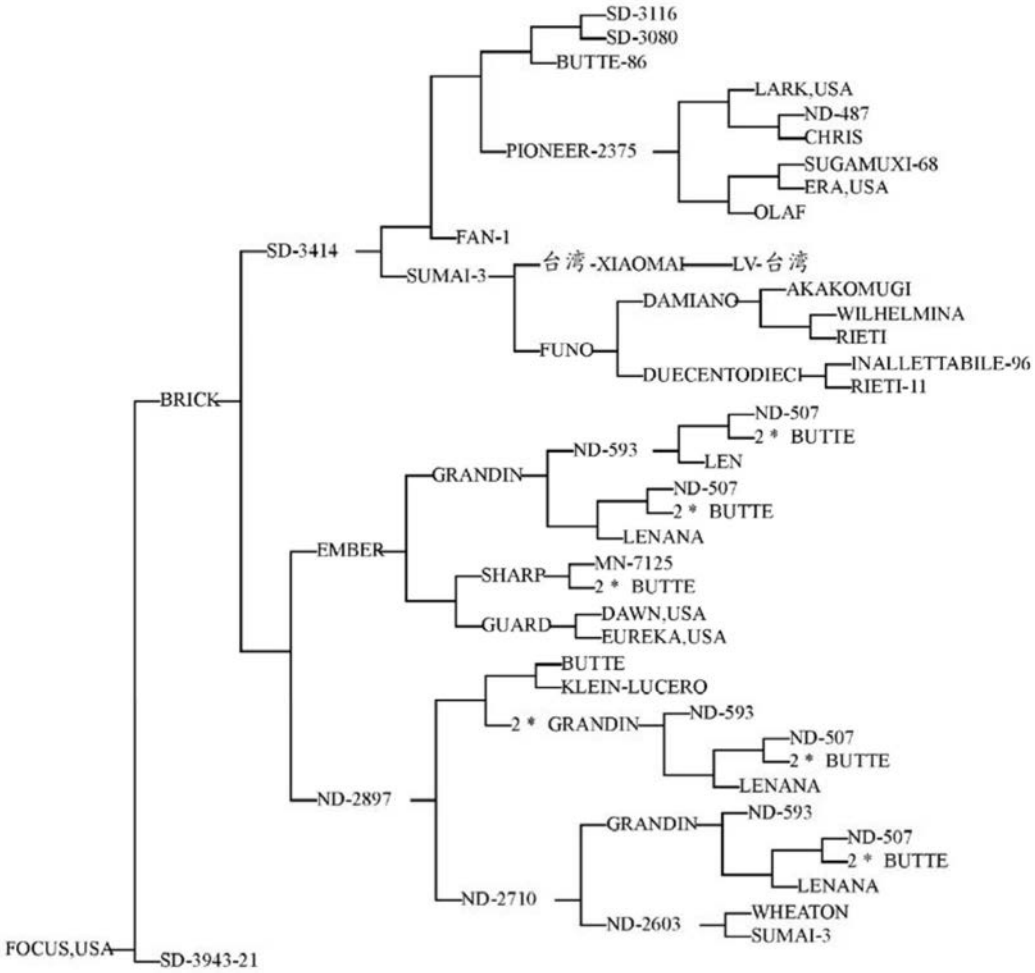
SD-3116
SD-3080
BUTTE-86
LARK,USA
ND-487
CHRIS
PIONEER-2375
SUGAMUXI-68
ERA,USA
OLAF
FAN-1
SD-3414
台湾-XIAOMAI
LV-台湾
SUMAI-3
DAMIANO
AKAKOMUGI
WILHELMINA
RIETI
FUNO
DUECENTODIECI
INALLETTABILE-96
RIETI-11
BRICK
ND-507
2 * BUTTE
ND-593
LEN
GRANDIN
ND-507
2 * BUTTE
LENANA
EMBER
MN-7125
SHARP
2 * BUTTE
DAWN,USA
GUARD
EUREKA,USA
BUTTE
KLEIN-LUCERO
2 * GRANDIN
ND-593
ND-507
2 * BUTTE
LENANA
ND-2897
GRANDIN
ND-593
ND-507
2 * BUTTE
LENANA
ND-2710
ND-2603
WHEATON
SUMAI-3
FOCUS,USA
SD-3943-21

图4

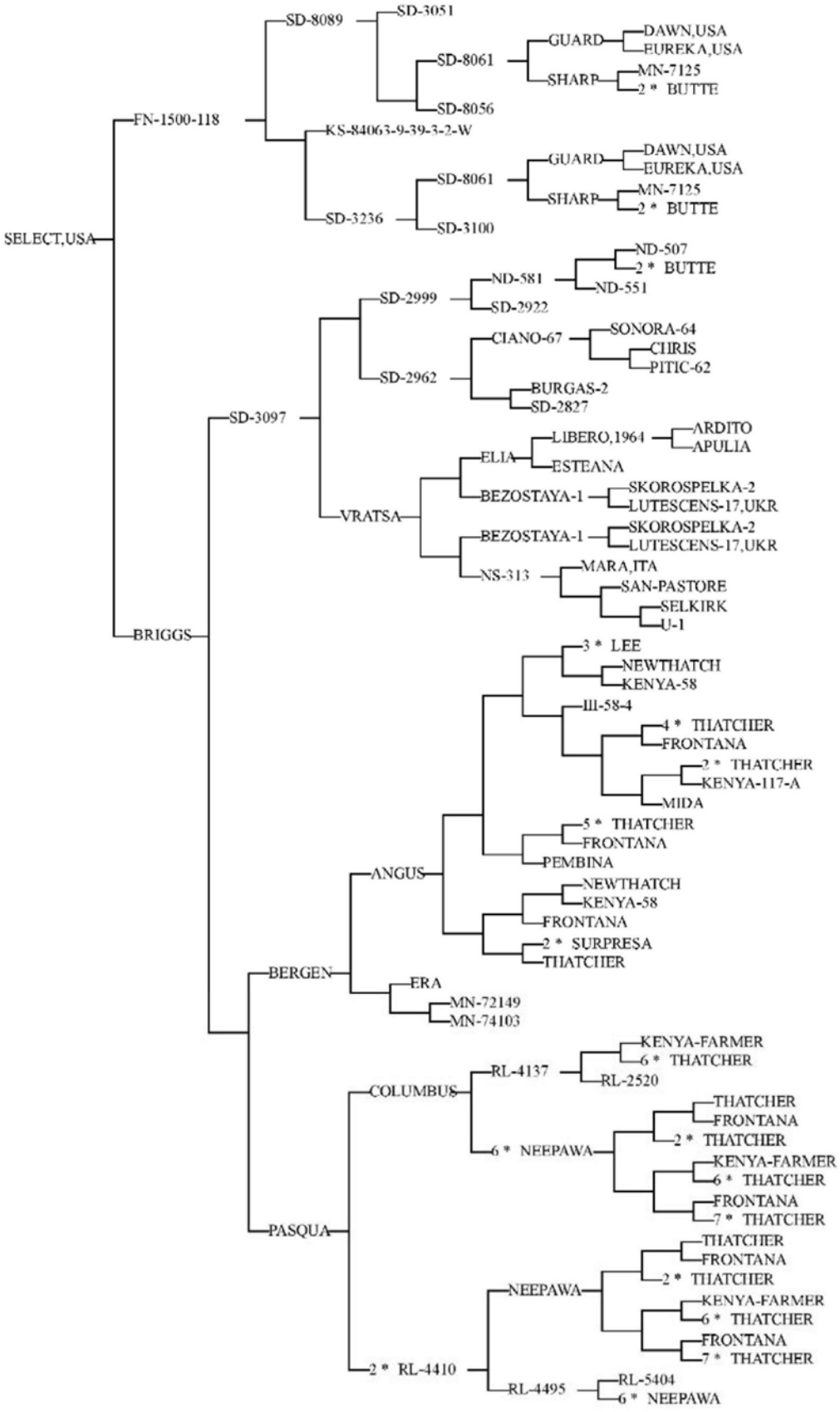
SELECT,USA
FN-1500-118
SD-8089
SD-3051
SD-8061
GUARD
DAWN,USA
EUREKA,USA
SHARP
MN-7125
2 * BUTTE
SD-8056
KS-84063-9-39-3-2-W
SD-3236
SD-8061
GUARD
DAWN,USA
EUREKA,USA
SHARP
MN-7125
2 * BUTTE
SD-3100
BRIGGS
SD-3097
SD-2999
ND-581
ND-507
2 * BUTTE
ND-551
SD-2922
SD-2962
CIANO-67
SONORA-64
CIIRIS
PITIC-62
BURGAS-2
SD-2827
VRATSA
ELIA
LIBERO,1964
ARDITO
APULIA
ESTEANA
BEZOSTAYA-1
SKOROSPELKA-2
LUTESCENS-17,UKR
BEZOSTAYA-1
SKOROSPELKA-2
LUTESCENS-17,UKR
NS-313
MARA,ITA
SAN-PASTORE
SELKIRK
U-1
BERGEN
ANGUS
3 * LEE
NEWTHATCH
KENYA-58
III-58-4
4 * THATCHER
FRONTANA
2 * THATCHER
KENYA-117-A
MIDA
5 * THATCHER
FRONTANA
PEMBINA
NEWTHATCH
KENYA-58
FRONTANA
2 * SURPRESA
THATCHER
ERA
MN-72149
MN-74103
PASQUA
COLUMBUS
RL-4137
KENYA-FARMER
6 * THATCHER
RL-2520
6 * NEEPAWA
THATCHER
FRONTANA
2 * THATCHER
KENYA-FARMER
6 * THATCHER
FRONTANA
7 * THATCHER
2 * RL-4410
NEEPAWA
THATCHER
FRONTANA
2 * THATCHER
KENYA-FARMER
6 * THATCHER
FRONTANA
7 * THATCHER
RL-4495
RL-5404
6 * NEEPAWA

图5