

19



OFICINA ESPAÑOLA DE
PATENTES Y MARCAS

ESPAÑA



11 Número de publicación: **2 851 384**

51 Int. Cl.:

A01N 63/00 (2010.01)

A01N 63/20 (2010.01)

12

TRADUCCIÓN DE PATENTE EUROPEA

T3

86 Fecha de presentación y número de la solicitud internacional: **04.12.2014** **PCT/US2014/068558**

87 Fecha y número de publicación internacional: **11.06.2015** **WO15085063**

96 Fecha de presentación y número de la solicitud europea: **04.12.2014** **E 14868520 (9)**

97 Fecha y número de publicación de la concesión europea: **11.11.2020** **EP 3076792**

54 Título: **Composiciones y métodos para mejorar la producción de lechuga**

30 Prioridad:

04.12.2013 US 201361911516 P

18.03.2014 US 201461954840 P

45 Fecha de publicación y mención en BOPI de la traducción de la patente:
06.09.2021

73 Titular/es:

NEWLEAF SYMBIOTICS, INC. (100.0%)

BRDG Park 1005 North Warson Road

St. Louis, Missouri 63132, US

72 Inventor/es:

FLORO, RACHEL DIDONATO;

LEE, JUSTIN;

BOGOSIAN, GREGG y

BRYANT, DOUG

74 Agente/Representante:

LEHMANN NOVO, María Isabel

Observaciones:

Véase nota informativa (Remarks, Remarques o Bemerkungen) en el folleto original publicado por la Oficina Europea de Patentes

ES 2 851 384 T3

Aviso: En el plazo de nueve meses a contar desde la fecha de publicación en el Boletín Europeo de Patentes, de la mención de concesión de la patente europea, cualquier persona podrá oponerse ante la Oficina Europea de Patentes a la patente concedida. La oposición deberá formularse por escrito y estar motivada; sólo se considerará como formulada una vez que se haya realizado el pago de la tasa de oposición (art. 99.1 del Convenio sobre Concesión de Patentes Europeas).

DESCRIPCIÓN

Composiciones y métodos para mejorar la producción de lechuga

Antecedentes

- Se encuentran ampliamente compuestos orgánicos de un carbono tal como metano y metanol en la naturaleza, y se utilizan como fuentes de carbono por bacterias clasificadas como metanótrofos y metilótrofos. Las bacterias metanotróficas incluyen especies de los géneros *Methylobacter*, *Methylomonas*, *Methylomicrobium*, *Methylococcus*, *Methylosinus*, *Methylocystis*, *Methylosphaera*, *Methylocaldum* y *Methylocella* (Lidstrom, 2006). Los metanótrofos poseen la enzima monooxigenasa, que incorpora un átomo de oxígeno de O₂ en metano, formando metanol. Todos los metanótrofos son utilizadores de un carbono obligados que no pueden usar compuestos que contengan enlaces carbono-carbono. Los metilótrofos, por otro lado, también pueden utilizar compuestos orgánicos más complejos, tales como ácidos orgánicos, alcoholes superiores, glúcidos y similares. Por tanto, las bacterias metilótroficas son metilótrofos facultativos. Las bacterias metilótroficas incluyen especies de los géneros *Methylobacterium*, *Hyphomicrobium*, *Methylophilus*, *Methylobacillus*, *Methylophaga*, *Aminobacter*, *Methylorhabdus*, *Methylopila*, *Methylosulfonomonas*, *Marinosulfonomonas*, *Paracoccus*, *Xanthobacter*, *Ancylobacter* (también conocida como *Microcycylus*), *Thiobacillus*, *Rhodopseudomonas*, *Rhodobacter*, *Acetobacter*, *Bacillus*, *Mycobacterium*, *Arthobacter* y *Nocardia* (Lidstrom, 2006).

- La mayoría de las bacterias metilótroficas del género *Methylobacterium* tienen pigmentación rosa. Se denominan convencionalmente bacterias PPFM, que son metilótrofos facultativos con pigmentación rosa. Green (2005, 2006) identificó doce especies validadas del género *Methylobacterium*, específicamente *M. aminovorans*, *M. chloromethanicum*, *M. dichloromethanicum*, *M. extorquens*, *M. fujisawaense*, *M. mesophilicum*, *M. organophilum*, *M. radiotolerans*, *M. rhodesianum*, *M. rhodinum*, *M. thiocyanatum* y *M. zatmanii*. Sin embargo, *M. nidulans* es una metilobacteria fijadora de nitrógeno que no es una PPFM (Sy *et al.*, 2001). Las metilobacterias son de naturaleza ubicua, encontrándose en el suelo, el polvo, el agua potable, sedimentos y superficies foliares, así como entornos industriales y clínicos (Green, 2006).

- La publicación internacional WO200060052 divulga un método de alteración del metabolismo vegetal tratando las semillas de la planta con una metilobacteria mutante seleccionada por sus capacidades de alteración de la planta.

Abanda-Nkpwatt *et al.* (J. Exper. Botany, 57(15):4025-4032, 2006) describen un aislado de *Methylobacterium extorquens* de fresa con efectos promotores del crecimiento en tomate (*L. esculentum*), fresa (*F. vesca*), tabaco (*N. tabacum*) y mostaza (*S. alba*).

- Jeounghyun Ryu *et al.* informan sobre los efectos del tratamiento de las semillas con CBMB20 y CBMB110 en la longitud de la raíz de tomate y pimiento rojo.

Compendio

La invención se refiere a la siguiente materia en cuestión indicada en las reivindicaciones:

1. Una metilobacteria NLS0089 aislada (NRRL B-50933).
2. Una composición que comprende: (i) la metilobacteria aislada de 1; y (ii) un adyuvante, excipiente agrícolamente aceptable o combinación de los mismos.
3. La composición de 2, en la que la metilobacteria aislada está a un valor cuantitativo de al menos 1×10^4 unidades formadoras de colonias por mililitro, al menos 1×10^5 unidades formadoras de colonias por mililitro, al menos 1×10^6 unidades formadoras de colonias por mililitro, al menos 5×10^6 unidades formadoras de colonias por mililitro, al menos 1×10^7 unidades formadoras de colonias por mililitro, al menos 5×10^8 unidades formadoras de colonias por mililitro, al menos 1×10^{10} unidades formadoras de colonias por mililitro o al menos 3×10^{10} unidades formadoras de colonias por mililitro.
4. Uso de la composición de 2 para tratar una planta, una parte de la planta o propágulo de una planta.
5. El uso de 4, en el que la parte de la planta es una hoja, tallo, flor, raíz, semilla, fruto, tubérculo o coleóptilo.
6. Una composición que comprende: (a) (i) una sustancia sólida con metilobacteria adherente que ha crecido en la misma; o (ii) una emulsión con metilobacteria que ha crecido en la misma; en la que la metilobacteria es la metilobacteria aislada de 1; y (b) un excipiente, adyuvante agrícolamente aceptable o combinación de los mismos.
7. La composición de 6, en la que la sustancia sólida con metilobacteria adherente que ha crecido en la misma tiene un valor cuantitativo de metilobacteria de al menos 5×10^8 UFC/g a al menos 1×10^{14} UFC/g.
8. La composición de una cualquiera de las reivindicaciones 6 o 7, en la que la composición está adaptada para su uso en el tratamiento de una planta o semilla.

9. La composición de 2 o 6, en la que la composición es un producto esencialmente seco que tiene un 5 % o menos de contenido de agua.

10. La composición de 2, en la que la composición comprende además un plaguicida.

11. La composición de 10, en la que el plaguicida es un insecticida, un fungicida, un nematocida o un bactericida.

5 12. La composición de 2, en la que la composición comprende además un microorganismo distinto de metilobacteria, en la que dicho microorganismo es bioplaguicida o proporciona algún otro beneficio cuando se aplica a una planta o parte de la planta.

13. La composición de 12, en la que el microorganismo es *Bacillus sp.*, *Pseudomonas sp.*, *Coniothyrium sp.*, *Pantoea sp.*, *Streptomyces sp.* o *Trichoderma sp.*

10 14. La composición de 2, en la que el adyuvante agrícolamente aceptable potencia la eficacia del producto o la facilidad de aplicación del producto.

15. Una planta, parte de la planta o semilla que se recubre o recubre parcialmente con la composición de 2.

En la presente memoria, se divulgan composiciones que comprenden metilobacteria cepa NLS0089. En determinados aspectos de la divulgación, la composición se usa para tratar una semilla de lechuga.

15 En la presente memoria se divulgan composiciones que comprenden: (i) una sustancia sólida con metilobacteria adherente que ha crecido en la misma o (ii) una emulsión con metilobacteria que ha crecido en la misma; en la que dicha metilobacteria es NLS0089 (NRRL B-50933) y un adyuvante, excipiente agrícolamente aceptable o combinación de los mismos. En determinados aspectos de la divulgación, la sustancia sólida con metilobacteria adherente que ha crecido en la misma tiene un valor cuantitativo de metilobacteria de al menos aproximadamente 5×10^8 UFC/g a al menos aproximadamente 1×10^{14} UFC/g.

También se divulga una metilobacteria NLS0089 aislada (NRRL B-50933).

También se divulgan composiciones que comprenden: (i) una metilobacteria NLS0089 aislada (NRRL B-50933) y (ii) un adyuvante, excipiente agrícolamente aceptable o combinación de los mismos.

25 También se divulgan plantas, partes de plantas y semillas de plantas que se recubren o recubren parcialmente con cualquiera de las composiciones mencionadas anteriormente. En determinados aspectos de la divulgación, una planta de lechuga, parte de la planta o semilla de la planta se recubre o recubre parcialmente con las composiciones mencionadas anteriormente.

Descripción

Definiciones

30 Como se usa en la presente memoria, las frases "adherido a ello" y "adherente" se refieren a metilobacterias que se asocian con una sustancia sólida por crecer, o haber crecido, sobre una sustancia sólida.

Como se usa en la presente memoria, la frase "adyuvante agrícolamente aceptable" se refiere a una sustancia que potencia el rendimiento de un agente activo en una composición para el tratamiento de plantas y/o partes de plantas. En determinadas composiciones, un agente activo puede comprender un monocultivo o cocultivo de metilobacteria.

35 Como se usa en la presente memoria, la frase "excipiente agrícolamente aceptable" se refiere a una sustancia esencialmente inerte que puede usarse como diluyente y/o vehículo para un agente dado en una composición para el tratamiento de plantas y/o partes de plantas. En determinadas composiciones, un agente activo puede comprender un monocultivo o cocultivo de metilobacteria.

40 Como se usa en la presente memoria, el término "metilobacteria" se refiere a bacterias que son metilótrofos facultativos del género *Methylobacterium*. El término metilobacteria, como se usa en el presente documento, por tanto, no abarca especies de los géneros *Methylobacter*, *Methylomonas*, *Methylomicrobium*, *Methylococcus*, *Methylosinus*, *Methylocystis*, *Methylosphaera*, *Methylocaldum* y *Methylocella*, que son metanótrofos obligados.

Como se usa en la presente memoria, la frase "cocultivo de metilobacterias" se refiere a un cultivo de metilobacterias que comprende al menos dos cepas de metilobacterias o al menos dos especies de metilobacterias.

45 Como se usa en la presente memoria, la frase "microorganismo contaminante" se refiere a microorganismos en un cultivo, caldo de fermentación, producto de caldo de fermentación o composición que no se identificaron antes de la introducción en el cultivo, caldo de fermentación, producto de caldo de fermentación o composición.

50 Como se usa en la presente memoria, la frase "derivados de los mismos", cuando se usa en el contexto de un aislado de metilobacteria, se refiere a cualquier cepa que se obtiene del aislado de metilobacteria. Los derivados de un aislado de metilobacteria incluyen, aunque sin limitación, variantes de la cepa obtenidas por selección, variantes de la cepa

seleccionadas por mutagénesis y selección, y una cepa transformada genéticamente obtenida del aislado de metilobacteria.

5 Como se usa en la presente memoria, el término "emulsión" se refiere a una mezcla coloidal de dos líquidos inmiscibles en la que un líquido es la fase continua y el otro líquido es la fase dispersada. En determinados aspectos de la divulgación, la fase continua es un líquido acuoso y la fase dispersada es líquida, es decir, no miscible, o parcialmente miscible, en el líquido acuoso.

10 Como se usa en la presente memoria, la frase "esencialmente libre de microorganismos contaminantes" se refiere a un cultivo, caldo de fermentación, producto de fermentación o composición donde al menos aproximadamente un 95 % de los microorganismos presentes por cantidad o tipo en el cultivo, caldo de fermentación, producto de fermentación o composición son la metilobacteria deseada u otros microorganismos deseados de identidad predeterminada.

Como se usa en la presente memoria, la frase "sustancia sólida inanimada" se refiere a una sustancia que es insoluble o parcialmente soluble en agua o soluciones acuosas y que no es viva o que no es parte de un organismo todavía vivo del que se obtuvo.

15 Como se usa en la presente memoria, la frase "monocultivo de metilobacteria" se refiere a un cultivo de metilobacteria que consiste en una única cepa de metilobacteria.

Como se usa en la presente memoria, el término "péptido" se refiere a cualquier polipéptido de 50 residuos aminoácidos o menos.

20 Como se usa en la presente memoria, el término "lechuga" se refiere a plantas de *Lactuca sp.* Las plantas de *Lactuca sp.* incluyen, aunque sin limitación, las especies *Lactuca biennis*, *Lactuca canadensis*, *Lactuca floridana*, *Lactuca graminifolia*, *Lactuca hirsuta*, *Lactuca indica*, *Lactuca ludoviciana*, *Lactuca saligna*, *Lactuca sativa*, *Lactuca serriola*, *Lactuca terrae-novae*, *Lactuca virosa* y *Lactuca X morssii*.

Como se usa en la presente memoria, el término "proteína" se refiere a cualquier polipéptido que tenga 51 o más residuos aminoácidos.

25 Como se usa en la presente memoria, un "plaguicida" se refiere a un agente que es insecticida, fungicida, nematocida, bactericida o cualquier combinación de los mismos.

Como se usa en la presente memoria, la frase "agente bacteriostático" se refiere a agentes que inhiben el crecimiento de bacterias, pero no destruyen las bacterias.

30 Como se usa en la presente memoria, la frase "plaguicida que no inhibe sustancialmente el crecimiento de dicha metilobacteria" se refiere a cualquier plaguicida que cuando se proporciona en una composición que comprende un producto de fermentación que comprende una sustancia sólida en la que se adhiere un monocultivo o cocultivo de metilobacteria a la misma, produce no más de un 50 % de inhibición del crecimiento de metilobacteria cuando la composición se aplica a una planta o parte de la planta en comparación con una composición que carece del plaguicida. En determinados aspectos de la divulgación, el plaguicida produce no más de un 40 %, 20 %, 10 %, 5 % o 1 % de inhibición del crecimiento de metilobacteria cuando la composición se aplica a una planta o parte de la planta en comparación con una composición que carece del plaguicida.

35 Como se usa en la presente memoria, la expresión "bacterias PPFM" se refiere, sin limitación, a especies bacterianas del género *Methylobacterium* distintas de *M. nodulans*.

Como se usa en la presente memoria, la frase "sustancia sólida" se refiere a una sustancia que es insoluble o parcialmente soluble en agua o soluciones acuosas.

40 Como se usa en la presente memoria, la frase "fase sólida que puede suspenderse en la misma" se refiere a una sustancia sólida que puede distribuirse por todo un líquido por agitación.

Como se usa en la presente memoria, la expresión "no regenerable" se refiere a una parte de planta o producto vegetal procesado que no puede regenerarse en una planta completa.

45 Como se usa en la presente memoria, la frase "sustancialmente toda la fase sólida se suspende en la fase líquida" se refiere a un medio en el que al menos un 95 %, 98 % o 99 % de la una o más sustancias sólidas que comprenden la fase sólida se distribuyen por todo el líquido por agitación.

Como se usa en la presente memoria, la frase "sustancialmente toda la fase sólida no se suspende en la fase líquida" se refiere a un medio en el que al menos un 5 %, 2 % o 1 % del sólido está en una forma de partículas que se distribuye por todo el medio por agitación.

50 Como se usa en la presente memoria, la frase "microorganismo residente" se refiere a bacterias, hongos o levaduras residentes.

Como se usa en la presente memoria, la frase "sustancia que promueve el crecimiento de microorganismos residentes en una planta o semilla" se refiere a una fuente de carbono, una fuente de nitrógeno, una fuente de fósforo y combinaciones de las mismas.

5 Composiciones que contienen metilobacteria reducidas de sustancias que promueven el crecimiento de bacterias residentes en una planta o semilla, métodos de su uso y métodos de preparación

En este documento se divulgan composiciones que comprenden metilobacteria que están reducidas de sustancias que promueven el crecimiento de bacterias residentes en una planta o semilla, métodos de uso de las composiciones para mejorar la producción de lechuga y métodos de preparación de las composiciones. En determinados aspectos de la divulgación de cualquiera de las composiciones mencionadas anteriormente, la composición comprende una sustancia sólida en la que un monocultivo o cocultivo de metilobacteria se adhiere a la misma. En determinados aspectos de la divulgación donde la metilobacteria se adhiere a una sustancia sólida, la composición comprende un coloide formado por la sustancia sólida en la que un monocultivo o cultivo de metilobacteria se adhiere a la misma y un líquido. En determinados aspectos de la divulgación, el coloide es un gel. En determinados aspectos de la descripción de determinadas composiciones mencionadas anteriormente, la composición es una emulsión que no contiene una sustancia sólida.

Se divulgan composiciones que comprenden una sustancia sólida con metilobacteria adherente que ha crecido en la misma. En determinados aspectos de la divulgación, la metilobacteria adherente puede estar a un valor cuantitativo de al menos aproximadamente 5×10^8 UFC/g a al menos aproximadamente 5×10^{13} UFC/g o aproximadamente 1×10^{14} UFC/g y la composición está reducida de sustancias que promueven el crecimiento de microorganismos residentes en una planta o semilla.

En determinados aspectos de la divulgación, las composiciones que contienen metilobacteria divulgadas o usadas en este documento se reducen de sustancias que promueven el crecimiento de los microorganismos residentes cuando una o más de esas sustancias están ausentes o están esencialmente ausentes. En determinados aspectos de la divulgación, la composición se reduce de sustancias que promueven el crecimiento de los microorganismos residentes cuando esas sustancias están presentes a un porcentaje de no más de aproximadamente un 5 %, 2 %, 1 %, 0,5 %, 0,2 % o 0,1 % de la masa total, masa/volumen total o volumen total de la composición. En determinados aspectos de la divulgación, la sustancia que promueve el crecimiento de microorganismos residentes en una planta o semilla se selecciona del grupo que consiste en una fuente de carbono, una fuente de nitrógeno, una fuente de fósforo, una fuente de azufre, una fuente de magnesio y combinaciones de las mismas. Las fuentes de carbono incluyen, aunque sin limitación, alcoholes, monosacáridos, disacáridos, polisacáridos, lípidos, ácidos grasos y similares. Los alcoholes que se reducen incluyen, aunque sin limitación, metanol, etanol, glicerol y similares. Las fuentes de nitrógeno incluyen, aunque sin limitación, amoníaco y diversos compuestos que contienen grupos amino que pueden metabolizarse por los microorganismos. En determinados aspectos de la divulgación, la sustancia que se reduce es una fuente de dos o más de una fuente de carbono, una fuente de nitrógeno, una fuente de fósforo, una fuente de azufre y una fuente de magnesio. por ejemplo, la composición que se reduce de aminoácidos o péptidos y carece de otras fuentes de carbono o nitrógeno está reducida tanto para una fuente de carbono como para una fuente de nitrógeno. En determinados aspectos de la divulgación, la composición comprende un adyuvante y/o excipiente agrícolamente aceptable.

Los microorganismos residentes en la planta o semilla incluyen, aunque sin limitación, bacterias, hongos y levaduras. Las sustancias que promueven el crecimiento de dichos microorganismos pueden identificarse por métodos que incluyen, aunque sin limitación, ensayar la superficie de la planta o semilla para la cantidad o número de microorganismos presentes antes de la exposición de la planta o semilla a la sustancia (o a una composición que tiene la sustancia), exponer la planta o semilla ensayada a la sustancia o composición en paralelo con una composición de control que carece de la sustancia, y después volver a ensayar la superficie de la planta o semilla para la cantidad o número de microorganismos presentes después de un intervalo de tiempo adecuado y en condiciones adecuadas de temperatura para permitir el crecimiento de los microorganismos residentes. Los ensayos para los números de microorganismos incluyen, aunque sin limitación, determinaciones de las unidades formadoras de colonias por una cantidad de planta o semilla expuesta a la sustancia y el control.

Sin intención de limitarse a teoría alguna, se cree que las composiciones que contienen metilobacteria divulgadas o usadas en este documento que están reducidas de sustancias que promueven el crecimiento de los microorganismos residentes pueden producir resultados superiores en comparación con otras composiciones que tienen dichas sustancias cuando se aplican a plantas, partes de plantas o semillas. Se cree que dichos resultados superiores incluyen, aunque sin limitación, mejora de la producción de la planta, resistencia a patógenos, resistencia a insectos, maduración de los frutos y similares. Sin intención de limitarse a teoría alguna, se cree que las composiciones que contienen metilobacteria que están reducidas de sustancias que promueven el crecimiento de los microorganismos residentes permiten una colonización más eficaz y/o amplia de la planta, parte de la misma o semilla porque se reduce uno o más del espacio o los nutrientes por los microorganismos residentes.

También se divulgan en este documento métodos para mejorar la producción de lechuga, que comprenden aplicar cualquiera de las composiciones mencionadas anteriormente o metilobacterias divulgadas en este documento a una planta de lechuga, parte de planta de lechuga o semilla de lechuga y, opcionalmente, hacer crecer la planta y/o recoger las hojas o semillas de la planta o una planta que ha crecido a partir de la semilla. En determinados aspectos de la

divulgación, la composición recubre o recubre parcialmente la planta de lechuga, parte de la planta o semilla. La planta de lechuga tratada o planta que ha crecido a partir de la semilla muestra una tasa aumentada de crecimiento de las raíces, una tasa aumentada de crecimiento de las hojas, producción aumentada de semillas, un tiempo de ciclo disminuido (desde la siembra de la semilla hasta la producción de semillas) y/o biomasa total aumentada en comparación con una planta de lechuga de control sin tratar o planta de lechuga de control que ha crecido a partir de una semilla sin tratar, obteniendo de ese modo producción de lechuga mejorada. En determinados aspectos de la divulgación, la aplicación de la composición proporciona al menos aproximadamente un 5 %, 10 %, 15 %, 20 %, 30 % o 40 % de aumento en la tasa de crecimiento de raíces, tasa de crecimiento de hojas, producción de semillas y/o biomasa total aumentada en la planta de lechuga, parte de la planta de lechuga o una planta de lechuga derivada de la misma en comparación con una planta de lechuga de control sin tratar o planta de lechuga de control que ha crecido a partir de una semilla sin tratar. En determinados aspectos de la divulgación, la aplicación de la composición proporciona aproximadamente un 5 % o un 10 % a aproximadamente un 15 %, 20 %, 25 %, 30 %, 35 %, 40 %, 45 %, 50 %, 60 % o 70 % de aumento en la tasa de crecimiento de raíces, tasa de crecimiento de hojas, producción de semillas y/o biomasa total aumentada en la planta, parte de la planta una planta derivada de la misma en comparación con una planta de lechuga de control sin tratar o planta de lechuga de control que ha crecido a partir de una semilla sin tratar. En determinados aspectos de la divulgación, la aplicación de la composición proporciona al menos aproximadamente un 5 %, 10 %, 15 %, 20 %, 30 % o 40 % de disminución en el tiempo de ciclo en la planta de lechuga tratada o una planta de lechuga que ha crecido a partir de una semilla tratada en comparación con una planta de lechuga de control sin tratar o planta de lechuga de control que ha crecido a partir de una semilla sin tratar. En determinados aspectos de la divulgación, la aplicación de la composición proporciona aproximadamente un 5 % o 10 % a aproximadamente un 15 %, 20 %, 25 %, 30 %, 35 %, 40 %, 45 % o 50 % de disminución en el tiempo de ciclo en la planta de lechuga tratada o una planta de lechuga que ha crecido a partir de una semilla tratada en comparación con una planta de lechuga de control sin tratar o planta de lechuga de control que ha crecido a partir de una semilla sin tratar. En determinados aspectos de la divulgación, la parte de la planta de lechuga es una hoja, un tallo, una flor, una raíz, un tubérculo o una semilla. En determinados aspectos de la divulgación, el método comprende además las etapas de hacer crecer la planta y/o la etapa de recoger al menos una parte de la planta seleccionada del grupo que consiste en una hoja, un tallo, una flor, una raíz, un tubérculo o una semilla de la planta de lechuga o parte de la planta. En determinados aspectos de la divulgación de cualquiera de los métodos mencionados anteriormente, los métodos comprenden además obtener un alimento procesado o composición de pienso a partir de la planta o parte de la planta. En determinados aspectos de la divulgación, la composición de alimento procesado comprende hojas de lechuga troceadas o cortadas.

También se divulgan métodos de preparación de una composición de tratamiento de planta de lechuga o semilla de la planta que comprende metilobacteria y está reducida de sustancias que promueven el crecimiento de bacterias residentes en una planta o semilla. Dichos métodos comprenden (i) hacer crecer un monocultivo o cocultivo de metilobacteria en medio que comprende una fase acuosa, una fase líquida y una fase sólida, o una emulsión, obteniendo de ese modo un medio que contiene metilobacteria; (ii) separar la metilobacteria de al menos otra parte del medio que contiene metilobacteria; y (iii) reconstituir la metilobacteria en una matriz que carece de sustancias que promueven el crecimiento de bacterias residentes en una planta o semilla. En determinados aspectos de la divulgación, la etapa de separación se logra por centrifugación, filtración o sedimentación del medio que contiene metilobacteria y eliminación del exceso de líquido o emulsión del mismo. En determinados aspectos de la divulgación, la sustancia que promueve el crecimiento de bacterias residentes en una planta o semilla se selecciona del grupo que consiste en una fuente de carbono, una fuente de nitrógeno, una fuente de fósforo y combinaciones de las mismas. En determinados aspectos de la divulgación, la matriz es un líquido, una emulsión o uno o más sólidos, y comprende un adyuvante y/o excipiente agrícolamente aceptable. Aún en determinados aspectos de la divulgación, las metilobacterias se hacen crecer en medio que comprende una fase líquida y una sustancia sólida con metilobacteria adherente que ha crecido en la misma. La sustancia sólida se separa de la fase líquida del medio que contiene metilobacteria, y la sustancia sólida con metilobacteria adherente que ha crecido en la misma se reconstituye en la matriz mencionada anteriormente. En determinados aspectos de los métodos, la especie de metilobacteria se selecciona del grupo que consiste en *M. aminovorans*, *M. extorquens*, *M. fujisawaense*, *M. mesophilicum*, *M. radiotolerans*, *M. rhodesianum*, *M. nodulans*, *M. phyllosphaerae*, *M. thiocyanatum* y *M. oryzae*. En determinados aspectos de los métodos, la metilobacteria no es *M. radiotolerans* o *M. oryzae*. En determinados aspectos de los métodos, la metilobacteria es adherente a una sustancia sólida. En determinados aspectos de los métodos, la metilobacteria se adhiere a la sustancia sólida, se combina con un líquido para formar una composición que es un coloide. En determinados aspectos de los métodos, el coloide es un gel. En determinados aspectos de los métodos, la metilobacteria adherida a la sustancia sólida se proporciona cultivando la metilobacteria en presencia de la sustancia sólida. En determinados aspectos de los métodos, la composición comprende una emulsión. En determinados aspectos de los métodos, la metilobacteria se proporciona cultivando la metilobacteria en una emulsión.

Los métodos donde se cultivan metilobacterias en medio bifásico que comprende una fase líquida y una sustancia sólida se ha descubierto que aumentan significativamente el rendimiento resultante de metilobacteria con respecto a métodos donde se cultivan metilobacterias en medio líquido en solitario. En determinados aspectos de la divulgación, los métodos pueden comprender hacer crecer la metilobacteria en medio líquido con una sustancia sólida en partículas que puede suspenderse en el líquido por agitación en condiciones que proporcionan el crecimiento de metilobacteria. En determinados aspectos de la divulgación donde se usan sustancias sólidas en partículas, al menos sustancialmente toda la fase sólida, por tanto, puede suspenderse en la fase líquida tras agitación. Dichas sustancias sólidas en

partículas pueden comprender materiales que son de aproximadamente 1 milímetro o menos de longitud o diámetro. En determinados aspectos de la divulgación, el grado de agitación es suficiente para proporcionar distribución uniforme de la sustancia sólida en partículas en la fase líquida y/o niveles óptimos de aireación del cultivo. Sin embargo, en otros aspectos divulgados en este documento, al menos sustancialmente toda la fase sólida no se suspende en la fase líquida, o partes de la fase sólida se suspenden en la fase líquida y partes de la fase sólida no se suspenden en la fase líquida. Pueden usarse sustancias sólidas que no estén en partículas en determinados medios bifásicos donde la fase sólida no se suspende en la fase líquida. Dichas sustancias sólidas que no están en partículas incluyen, aunque sin limitación, materiales que son mayores de aproximadamente 1 milímetro de longitud o diámetro. Dichas sustancias sólidas en partículas y que no están en partículas también incluyen, aunque sin limitación, materiales que son porosos, fibrosos o configurados de otro modo para proporcionar áreas superficiales aumentadas para el crecimiento adherente de la metilobacteria. Los medios bifásicos donde se suspenden partes de la fase sólida en la fase líquida y partes de la fase sólida no se suspenden en la fase líquida pueden comprender una mezcla de sustancias sólidas en partículas y que no están en partículas. Dichas sustancias sólidas en partículas y que no están en partículas usadas en cualquiera de los medios bifásicos mencionados anteriormente también incluyen, aunque sin limitación, materiales que son porosos, fibrosos o configurados de otro modo para proporcionar áreas superficiales aumentadas para el crecimiento adherente de la metilobacteria. En determinados aspectos de la divulgación, el medio comprende un coloide formado por una fase sólida y una líquida. Un coloide que comprende un sólido y un líquido puede formarse previamente y añadirse a medio líquido o puede formarse en medio que contiene un sólido y un líquido. Los coloides que comprenden un sólido y un líquido pueden formarse sometiendo determinadas sustancias sólidas a un cambio químico o térmico. En determinados aspectos de la divulgación, el coloide es un gel. En determinados aspectos de la divulgación, la fase líquida del medio es una emulsión. En determinados aspectos de la divulgación, la emulsión comprende un líquido acuoso y un líquido que no es miscible, o solo parcialmente miscible, en el líquido acuoso. Los líquidos que no son miscibles, o solo parcialmente miscibles en agua incluyen, aunque sin limitación, cualquiera de los siguientes: (1) líquidos que tienen una miscibilidad en agua que es igual a o menor que la de pentanol, hexanol o heptanol a 25 °C; (2) líquidos que comprenden un alcohol, un aldehído, una cetona, un ácido graso, un fosfolípido o cualquier combinación de los mismos; (3) alcoholes seleccionados del grupo que consiste en alcoholes alifáticos que contienen al menos 5 carbonos y esteroides; (4) un aceite animal, aceite microbiano, aceite sintético, aceite vegetal o combinación de los mismos; y/o (5) un aceite vegetal que se selecciona del grupo que consiste en maíz, soja, algodón, cacahuete, girasol, oliva, linaza, coco, palma, colza, semilla de sésamo, cártamo y combinaciones de los mismos. En determinados aspectos de la divulgación, el líquido inmiscible o parcialmente inmiscible puede comprender al menos aproximadamente un 0,02 % a aproximadamente un 20 % de la fase líquida por masa. En determinados aspectos de la divulgación, los métodos pueden comprender obtener un medio de cultivo bifásico que comprende el líquido, el sólido y metilobacteria e incubar el cultivo en condiciones que proporcionan el crecimiento de metilobacteria. Los medios de cultivo bifásico que comprenden el líquido, el sólido y metilobacteria pueden obtenerse por una diversidad de métodos que incluyen, aunque sin limitación, cualquiera de: (a) inocular un medio bifásico que comprende el líquido y la sustancia sólida con metilobacteria; (b) inocular la sustancia sólida con metilobacteria y después introducir la sustancia sólida que comprende metilobacteria en el medio líquido; (c) inocular la sustancia sólida con metilobacteria, incubar la metilobacteria en la sustancia sólida y después introducir la sustancia sólida que comprende metilobacteria en el medio líquido; o (d) cualquier combinación de (a), (b) o (c). Se divulgan métodos y composiciones para hacer crecer metilobacteria en medio bifásico que comprende un líquido y un sólido en la solicitud de patente de Estados Unidos del mismo cesionario que la presente n.º 13/907 161, presentada el 31 de mayo de 2013, y en la solicitud de patente internacional del mismo cesionario que la presente PCT/US13/43722, presentada el 31 de mayo de 2013.

También se ha descubierto que métodos donde se cultiva metilobacteria en medio que comprende una emulsión aumentan significativamente el rendimiento resultante de metilobacteria con respecto a métodos donde se cultiva metilobacteria en medio líquido en solitario. En determinados aspectos de la divulgación, los métodos para preparar las composiciones divulgadas en este documento pueden comprender hacer crecer el agente de metilobacteria en una emulsión en condiciones que proporcionan el crecimiento de metilobacteria. Los medios que comprenden la emulsión y metilobacteria pueden obtenerse por una diversidad de métodos que incluyen, aunque sin limitación, cualquiera de: (a) inocular un medio que comprende la emulsión con metilobacteria; (b) inocular el líquido acuoso con metilobacteria, introducir el líquido no acuoso y mezclar para formar una emulsión; (c) inocular el líquido acuoso con metilobacteria, introducir el líquido no acuoso y mezclar para formar una emulsión; o (d) cualquier combinación de (a), (b) o (c). En determinados aspectos de la divulgación, la emulsión comprende un líquido acuoso y un líquido que no es miscible, o solo parcialmente miscible, en el líquido acuoso. Los líquidos no acuosos que no son miscibles, o solo parcialmente miscibles en agua incluyen, aunque sin limitación, cualquiera de los siguientes: (1) líquidos que tienen una miscibilidad en agua que es igual a o menor que la de n-pentanol, n-hexanol o n-heptanol a 25 °C; (2) líquidos que comprenden un alcohol, un aldehído, una cetona, un ácido graso, un fosfolípido o cualquier combinación de los mismos; (3) alcoholes seleccionados del grupo que consiste en alcoholes alifáticos que contienen al menos 5, 6 o 7 carbonos y esteroides; (4) un aceite animal, aceite microbiano, aceite sintético, aceite vegetal o combinación de los mismos; y/o (5) un aceite vegetal que seleccionado del grupo que consiste en maíz, soja, algodón, cacahuete, girasol, oliva, linaza, coco, palma, colza, semilla de sésamo, cártamo y combinaciones de los mismos. En determinados aspectos de la divulgación, el líquido no acuoso inmiscible o parcialmente inmiscible puede comprender al menos aproximadamente un 0,02 % a aproximadamente un 20 % de la emulsión por masa. En determinados aspectos de la divulgación, el líquido no acuoso inmiscible o parcialmente inmiscible puede comprender cualquiera de al menos aproximadamente un 0,05 %, 0,1 %, 0,5 % o 1 % a aproximadamente un 3 %, 5 %, 10 % o 20 % de la emulsión por masa. Se divulgan métodos y composiciones para hacer crecer metilobacteria en medio que comprende una emulsión

en la solicitud de patente internacional del mismo cesionario que la presente PCT/US2014/040218, presentada el 30 de mayo de 2014.

En determinados aspectos de la divulgación, el caldo de fermentación, producto de caldo de fermentación o composiciones que comprenden una especie de metilobacteria puede comprender además uno o más microorganismos introducidos de identidad predeterminada distintos de metilobacteria. Otros microorganismos que pueden añadirse incluyen, aunque sin limitación, microorganismos que son bioplaguicidas o proporcionan algún otro beneficio cuando se aplican a una planta o parte de la planta. Los microorganismos bioplaguicidas o beneficiosos de otro modo, por tanto, incluyen, aunque sin limitación, diversos *Bacillus* sp., *Pseudomonas* sp., *Coniothyrium* sp., *Pantoea* sp., *Streptomyces* sp., y *Trichoderma* sp. Los bioplaguicidas microbianos pueden ser una bacteria, hongo, virus o protozoo. Los microorganismos bioplaguicidas particularmente útiles incluyen diversas cepas de *Bacillus subtilis*, *Bacillus thuringiensis*, *Bacillus pumilis*, *Pseudomonas syringae*, *Trichoderma harzianum*, *Trichoderma virens*, y *Streptomyces lydicus*. Otros microorganismos que se añaden pueden ser aislados genomanipulados o de origen natural que están disponibles como cultivos puros. En determinados aspectos de la divulgación, se prevé que el microorganismo bacteriano o fúngico pueda proporcionarse en el caldo de fermentación, producto de caldo de fermentación o composición en forma de una espora.

En determinados aspectos de la divulgación, el medio de cultivo líquido se prepara a partir de componentes baratos y fácilmente disponibles incluyendo, aunque sin limitación, sales inorgánicas tales como fosfato de potasio, sulfato de magnesio y similares, fuentes de carbono tales como glicerol, metanol, ácido glutámico, ácido aspártico, ácido succínico y similares y mezclas de aminoácidos tales como peptona, triptona y similares. Los medios líquidos ejemplares que pueden usarse incluyen, aunque sin limitación, medio de sales minerales de amonio (AMS) (Whittenbury *et al.*, 1970), medio de cultivo mínimo Vogel-Bonner (VB) (Vogel y Bonner, 1956), y caldo LB ("caldo Luria-Bertani").

En general, la sustancia sólida usadas en los métodos y composiciones que proporcionan el crecimiento eficaz de metilobacteria puede ser cualquier sustancia sólida adecuada que sea insoluble o sola parcialmente soluble en agua o soluciones acuosas. Dichas sustancias sólidas adecuadas también son no bactericidas o no bacteriostáticas con respecto a metilobacteria cuando las sustancias sólidas se proporcionan en el medio de cultivo líquido. En determinados aspectos de la divulgación, dichas sustancias sólidas adecuadas también son sustancias sólidas que se obtienen fácilmente en forma estéril o se vuelven fácilmente estériles. Las sustancias sólidas usadas en la presente memoria pueden esterilizarse por cualquier método que proporcione la eliminación de microorganismos contaminantes y, por tanto, incluyen, aunque sin limitación, métodos tales como empleo de autoclaves, irradiación, tratamiento químico y cualquier combinación de los mismos. Estas sustancias sólidas incluyen sustancias naturales de origen animal, vegetal, microbiano, fúngico o mineral, sustancias fabricadas por el hombre o combinaciones de sustancias naturales y fabricadas por el hombre. En ciertos aspectos de la divulgación, las sustancias sólidas son sustancias sólidas inanimadas. Las sustancias sólidas inanimadas de origen animal, vegetal, microbiano o fúngico pueden obtenerse de animales, plantas, microbios u hongos que no son viables (es decir, ya no viven) o que se han vuelto inviables. Por tanto, los caparazones de diatomeas son sustancias sólidas inanimadas cuando se han eliminado las algas diatomeas previamente asociadas o se han vuelto de otro modo inviables. Como los caparazones de diatomeas son sustancias sólidas inanimadas, no se consideran organismos fotosintéticos o microorganismos fotosintéticos. En determinados aspectos de la divulgación, las sustancias sólidas incluyen, aunque sin limitación, arena, sedimento, tierra, arcilla, ceniza, carbón vegetal, tierra infusoria y otros minerales similares, vidrio molido o microesferas de vidrio, materiales cerámicos molidos, microesferas cerámicas, bentonita, caolín, talco, perlita, mica, vermiculita, sílices, polvo de cuarzo, montmorillonita y combinaciones de los mismos. En determinados aspectos de la divulgación, la sustancia sólida puede ser un polímero o microesferas poliméricas. Los polímeros que pueden usarse como sustancia sólida incluyen, aunque sin limitación, diversos polisacáridos tales como polímeros celulósicos y polímeros quitinosos que son insolubles o solo parcialmente solubles en agua o soluciones acuosas, agar (es decir, galactanos) y combinaciones de los mismos. En determinados aspectos de la divulgación, la sustancia sólida puede ser un cristal salino insoluble o solo parcialmente soluble. Los cristales salinos que pueden usarse incluyen, aunque sin limitación, carbonatos, cromatos, sulfitos, fosfatos, hidróxidos, óxidos y sulfuros insolubles o solo parcialmente solubles. En determinados aspectos de la divulgación, la sustancia sólida puede ser una célula microbiana, célula fúngica, espora microbiana o espora fúngica. En determinados aspectos de la divulgación, la sustancia sólida puede ser una célula microbiana o espora microbiana, en la que la célula microbiana o espora microbiana no es un microorganismo fotosintético. En determinados aspectos de la divulgación, la célula microbiana o espora microbiana no es un microorganismo fotosintético, donde el microorganismo fotosintético se selecciona del grupo que consiste en algas, cianobacterias, diatomeas, *Botryococcus braunii*, *Chlorella*, *Dunaliella tertiolecta*, *Gracilaria*, *Pleurochrysis carterae*, *Sargassum*, y *Ulva*. En otros aspectos más de la divulgación, la sustancia sólida puede ser una célula microbiana, célula fúngica, espora microbiana o espora fúngica inactivada (es decir, inviable). En otros aspectos más de la divulgación, la sustancia sólida puede ser una célula microbiana, célula fúngica, espora microbiana o espora fúngica quiescente (es decir, viable, pero sin división activa). En otros aspectos más de la divulgación, la sustancia sólida puede ser desechos celulares de origen microbiano. En otros aspectos más de la divulgación, la sustancia sólida puede ser materia en partículas de cualquier parte de una planta. Las partes plantas que pueden usarse para obtener la sustancia sólida incluyen, aunque sin limitación, olotes, cáscaras, vainas, hojas, raíces, flores, tallos, cortezas, semillas y combinaciones de los mismos. También pueden usarse productos obtenidos de partes de plantas procesadas incluyen, aunque sin limitación, bagazo, salvado de trigo, sémola de soja, masa de semillas trituras,

rastrajo y similares. Dichas partes de plantas, plantas procesadas y/o partes de plantas procesadas pueden molerse para obtener el material sólido en una forma de partículas que pueda usarse. En determinados aspectos de la divulgación, puede usarse madera o un producto de madera incluyendo, aunque sin limitación, pulpa de madera, serrín, virutas y similares. En determinados aspectos de la divulgación, la sustancia sólida puede ser una materia en partículas de uno o más animales incluyendo, aunque sin limitación, harina de hueso, gelatina, caparazones molidos o pulverizados, pelo, cuero macerado y similares.

En determinados aspectos de la divulgación, la sustancia sólida se proporciona en una forma de partículas que proporcionan la distribución de la sustancia sólida en el medio de cultivo. En determinados aspectos de la divulgación, la sustancia sólida puede estar compuesta de partículas de aproximadamente 2 micrómetros a aproximadamente 1000 micrómetros de longitud promedio o diámetro promedio. En determinados aspectos de la divulgación, la sustancia sólida puede estar compuesta de partículas de aproximadamente 1 micrómetro a aproximadamente 1000 micrómetros de longitud promedio o diámetro promedio. En determinados aspectos de la divulgación, la sustancia sólida es una partícula de aproximadamente 1, 2, 4, 10, 20 o 40 micrómetros a cualquiera de aproximadamente 100, 200, 500, 750 o 1000 micrómetros de longitud promedio o diámetro promedio. Las características deseables de partículas usadas en los métodos y composiciones divulgados en la presente memoria incluyen humectabilidad de modo que las partículas pueden suspenderse por todo el medio tras agitación.

En determinados aspectos de la divulgación, la sustancia sólida se proporciona en el medio como un coloide, en el que la fase continua es un líquido y la fase dispersada es el sólido. Sólidos adecuados que pueden usarse para formar coloides en medios líquidos usados para hacer crecer metilobacteria incluyen, aunque sin limitación, diversos sólidos que se denominan hidrocoloides. Dichos hidrocoloides usados en los medios, métodos y composiciones divulgados en la presente memoria pueden ser polímeros hidrófilos de origen vegetal, animal, microbiano o sintético. Los polímeros hidrocoloides usados en los métodos pueden contener muchos grupos hidroxilo y/o pueden ser polielectrolitos. Los polímeros hidrocoloides usados en las composiciones y métodos divulgados en la presente memoria incluyen, aunque sin limitación, agar, alginato, arabinosilano, carragenina, carboximetilcelulosa, celulosa, curdlano, gelatina, gellan, β -glucano, goma guar, goma arábica, goma garrofín, pectina, almidón, goma xantana y mezcla de los mismos. En determinados aspectos de la divulgación, el coloide usado en los medios, métodos y composiciones divulgados en la presente memoria pueden comprender un polímero hidrocoloide y una o más proteínas.

En determinados aspectos de la divulgación, la sustancia sólida puede ser una sustancia sólida que proporciona el crecimiento adherente de metilobacteria sobre la sustancia sólida. Las metilobacterias que se adhieren a una sustancia sólida son metilobacterias que no pueden eliminarse sustancialmente lavando simplemente la sustancia sólida con las metilobacterias adherentes con medio de crecimiento mientras que las metilobacterias no adherentes pueden eliminarse sustancialmente lavando la sustancia sólida con medio de crecimiento líquido. En este contexto, "eliminar sustancialmente" significa que al menos aproximadamente un 30 %, 40 %, 50 %, 60 %, 70 % u 80 % de las metilobacterias presentes se eliminan cuando la sustancia sólida se lava con tres volúmenes de medio de crecimiento líquido. Dicho lavado puede lograrse por una diversidad de métodos incluyendo, aunque sin limitación, decantación de líquido de una fase sólida lavada o pase de líquido a través de una fase sólida en un filtro que permite el flujo a través de las bacterias en el líquido. En determinados aspectos de la divulgación, las metilobacterias adherentes que se asocian con el sólido pueden incluir metilobacterias que se adhieren directamente al sólido y/o metilobacterias que se adhieren indirectamente al a la sustancia sólida. Las metilobacterias que se adhieren indirectamente a la sustancia sólida incluyen, aunque sin limitación, metilobacterias que se adhieren a otras metilobacterias o a otro microorganismo que se adhiere a la sustancia sólida, metilobacterias que se adhieren a la sustancia sólida adhiriéndose a otra sustancia que está adherida a la sustancia sólida y similares. En determinados aspectos de la divulgación, al menos un 10 %, 20 %, 30 %, 40 %, 50 %, 60 %, 70 %, 80 %, 90 %, 95 %, 98 %, 99 %, 99,5 % o 99,9 % de las metilobacterias en el caldo de fermentación, producto de caldo de fermentación o composiciones son metilobacterias que se adhieren a la sustancia sólida. En determinados aspectos de la divulgación, las metilobacterias adherentes pueden estar presentes sobre la superficie de la sustancia sólida en el caldo de fermentación, producto de caldo de fermentación o composición a una densidad de al menos aproximadamente 1 metilobacteria/20 micrómetros cuadrados, de al menos aproximadamente 1 metilobacteria/10 micrómetros cuadrados, de al menos aproximadamente 1 metilobacteria/5 micrómetros cuadrados, de al menos aproximadamente 1 metilobacteria/2 micrómetros cuadrados o de al menos aproximadamente 1 metilobacteria/micrómetro cuadrado. En determinados aspectos de la divulgación, las metilobacterias adherentes pueden estar presentes sobre la superficie de la sustancia sólida en el caldo de fermentación, producto de caldo de fermentación o composición a una densidad de al menos aproximadamente 1 metilobacteria/20 micrómetros cuadrados a aproximadamente 1 metilobacteria/micrómetro cuadrado, de al menos aproximadamente 1 metilobacteria/10 micrómetros cuadrados a aproximadamente 1 metilobacteria/micrómetro cuadrado, de al menos aproximadamente 1 metilobacteria/5 micrómetros cuadrados a aproximadamente 1 metilobacteria/micrómetro cuadrado o de al menos aproximadamente 1 metilobacteria/2 micrómetros cuadrados a aproximadamente 1 metilobacteria/micrómetro cuadrado. En determinados aspectos de la divulgación, las metilobacterias adherentes pueden estar presentes sobre la superficie de la sustancia sólida en el caldo de fermentación, producto de caldo de fermentación o composición a una densidad de al menos aproximadamente 1 metilobacteria/20 micrómetros cuadrados a aproximadamente 1 metilobacteria/2 micrómetros cuadrados, de al menos aproximadamente 1

metilobacteria/10 micrómetros cuadrados a aproximadamente 1 metilobacteria/ 2 micrómetros cuadrados, de al menos aproximadamente 1 metilobacteria/10 micrómetros cuadrados a aproximadamente 1 metilobacteria/2 micrómetros cuadrados o de al menos aproximadamente 1 metilobacteria/5 micrómetros cuadrados a aproximadamente 1 metilobacteria/2 micrómetros cuadrados. Los caldos de fermentación bifásicos divulgados en la presente memoria pueden comprender una fase líquida que contiene metilobacterias no adherentes. En determinados aspectos de la divulgación, los valores cuantitativos de metilobacterias no adherentes en la fase líquida pueden ser menores de aproximadamente 100 000, 10 000 o 1000 UFC/ml.

Los métodos de cultivo bifásico divulgados pueden producir caldos de fermentación con metilobacterias a un valor cuantitativo de más de aproximadamente 5×10^8 unidades formadoras de colonias por mililitro, un valor cuantitativo de más de aproximadamente 1×10^9 unidades formadoras de colonias por mililitro, a un valor cuantitativo de más de aproximadamente 1×10^{10} unidades formadoras de colonias por mililitro, a un valor cuantitativo de al menos aproximadamente 3×10^{10} unidades formadoras de colonias por mililitro. En determinados aspectos de la divulgación, los caldos de fermentación divulgados en la presente memoria pueden comprender metilobacterias a un valor cuantitativo de al menos aproximadamente 5×10^8 unidades formadoras de colonias por mililitro a al menos aproximadamente 3×10^{10} unidades formadoras de colonias por mililitro, al menos aproximadamente 5×10^8 unidades formadoras de colonias por mililitro a al menos aproximadamente 4×10^{10} unidades formadoras de colonias por mililitro a al menos aproximadamente 5×10^8 unidades formadoras de colonias por mililitro a al menos aproximadamente 6×10^{10} unidades formadoras de colonias por mililitro. En determinados aspectos de la divulgación, los caldos de fermentación divulgados en la presente memoria pueden comprender metilobacterias a un valor cuantitativo de al menos aproximadamente 1×10^9 unidades formadoras de colonias por mililitro a al menos aproximadamente 3×10^{10} unidades formadoras de colonias por mililitro, al menos aproximadamente 1×10^9 unidades formadoras de colonias por mililitro a al menos aproximadamente 4×10^{10} unidades formadoras de colonias por mililitro a al menos aproximadamente 1×10^9 unidades formadoras de colonias por mililitro a al menos aproximadamente 6×10^{10} unidades formadoras de colonias por mililitro. En determinados aspectos de la divulgación, los caldos de fermentación divulgados en la presente memoria comprenderán metilobacterias a un valor cuantitativo de al menos aproximadamente 1×10^{10} unidades formadoras de colonias por mililitro a al menos aproximadamente 3×10^{10} unidades formadoras de colonias por mililitro, al menos aproximadamente 1×10^{10} unidades formadoras de colonias por mililitro a al menos aproximadamente 4×10^{10} unidades formadoras de colonias por mililitro a al menos aproximadamente 1×10^{10} unidades formadoras de colonias por mililitro a al menos aproximadamente 6×10^{10} unidades formadoras de colonias por mililitro. En determinados aspectos de la divulgación, los caldos de fermentación divulgados en la presente memoria comprenderán metilobacterias a un valor cuantitativo de al menos aproximadamente 3×10^{10} unidades formadoras de colonias por mililitro a al menos aproximadamente 4×10^{10} unidades formadoras de colonias por mililitro, al menos aproximadamente 3×10^{10} unidades formadoras de colonias por mililitro a al menos aproximadamente 6×10^{10} unidades formadoras de colonias por mililitro.

Las sustancias sólidas con metilobacterias adherentes pueden obtenerse como productos de fermentación y pueden usarse para diversas composiciones útiles para tratar plantas o partes de plantas para mejorar la producción de la planta, la resistencia a insectos de plantas, resistencia a enfermedades fúngicas de plantas y/o para mejorar la producción de lechuga. En determinados aspectos de la divulgación, la composición comprende metilobacterias y está reducida de sustancias que promueven el crecimiento de bacterias residentes. Las composiciones divulgadas en la presente memoria que comprenden metilobacterias, sustancias sólidas con metilobacterias que han crecido en las mismas o que comprenden emulsiones con metilobacterias que han crecido en las mismas pueden usarse para tratar plantas o partes de plantas. Por tanto, se divulgan plantas, partes de plantas y, en particular, semillas de plantas que se han recubierto al menos parcialmente o se han recubierto con los productos de caldo de fermentación o composiciones que comprenden metilobacterias. También se divulgan productos vegetales procesados que contienen los productos de caldo de fermentación o composiciones con metilobacterias o metilobacterias adherentes. Las sustancias sólidas con metilobacterias adherentes pueden usarse para tratar diversas composiciones que son particularmente útiles para tratar semillas de plantas. Por tanto, se divulgan semillas que se han recubierto al menos parcialmente con los productos de caldo de fermentación o composiciones. También se divulgan productos de semillas procesados incluyendo, aunque sin limitación, sémola, harina, pienso y copos que contienen los productos de caldo de fermentación o composiciones divulgadas en la presente memoria. En determinados aspectos de la divulgación, el producto vegetal procesado no será regenerable (es decir, no podrá desarrollarse en una planta). En determinados aspectos de la divulgación, la sustancia sólida usada en el producto de fermentación o composición que recubre al menos parcialmente la planta, parte de la planta o semilla de la planta o que está contenido en la planta, parte de la planta o producto de semilla procesado comprende una sustancia sólida y metilobacterias asociadas o adherentes que pueden identificarse fácilmente comparando una planta, parte de planta, semilla de planta o producto procesado de las mismas tratado y sin tratar. El recubrimiento parcial de una planta, una parte de planta o una semilla incluye, aunque sin limitación, recubrir al menos aproximadamente un 5 %, 10 %, 20 %, 30 %, 40 %, 50 %, 60 %, 70 %, 80 %, 90 %, 95 %, 98 %, 99 % o aproximadamente un 99,5 % del área superficial de la planta, parte de planta o semilla de planta.

También se divulgan en la presente memoria métodos de preparación de una composición de tratamiento de plantas o semillas de las plantas que comprenden metilobacterias y está reducida de sustancias que promueven el crecimiento de bacterias residentes en una planta o semilla. Dichos métodos pueden comprender (i) hacer crecer un monocultivo o cocultivo de metilobacteria en medio que comprende: (a) una fase acuosa; (b) una fase líquida y una fase sólida; o

(c) una emulsión, obteniendo de ese modo un medio que contiene metilobacterias; (ii) separar las metilobacterias de al menos otra parte del medio que contiene metilobacterias; y (iii) reconstituir las metilobacterias en una matriz que carece de sustancias que promueven el crecimiento de bacterias residentes en una planta o semilla. En determinados aspectos de la divulgación, la etapa de separación se logra por centrifugación, filtración o sedimentación del medio que contiene metilobacteria y eliminación del exceso de líquido o emulsión del mismo. En determinados aspectos de la divulgación donde las metilobacterias se hacen crecer en presencia de una sustancia sólida, la separación proporcionará una fracción que contiene metilobacterias con crecimiento adherente a la sustancia sólida y algunas metilobacterias no adherentes que pueden reconstituirse en la matriz. En determinados aspectos de la divulgación, la sustancia que promueve el crecimiento de bacterias residentes en una planta o semilla se selecciona del grupo que consiste en una fuente de carbono, una fuente de nitrógeno, una fuente de fósforo, una fuente de azufre, una fuente de magnesio y combinaciones de las mismas. En determinados aspectos de la divulgación, la matriz es un líquido, una emulsión o uno o más sólidos, y comprende un adyuvante y/o excipiente agrícolamente aceptable. En determinados aspectos de la divulgación, las metilobacterias se hacen crecer en medio que comprende una fase líquida y una sustancia sólida con metilobacteria adherente que ha crecido en la misma. La sustancia sólida se separa de la fase líquida del medio que contiene metilobacteria, y la sustancia sólida con metilobacteria adherente que ha crecido en la misma se reconstituye en la matriz mencionada anteriormente. En determinados aspectos de la divulgación, la matriz puede ser un líquido que incluye, aunque sin limitación, agua y tampón acuoso reducido de sustancias que promueven el crecimiento de bacterias residentes en una planta o semilla, o una solución acuosa reducida de sustancias que promueven el crecimiento de bacterias residentes en una planta o semilla.

En determinados aspectos de la divulgación, la especie de metilobacteria que mejora la producción de lechuga puede identificarse ensayando la especie de metilobacteria candidata recién aislada para la presencia de secuencias de ácido nucleico polimórficas que están presentes en la especie de metilobacteria ejemplar divulgada en la presente memoria que mejora la producción de lechuga y que está ausente de la especie de metilobacteria divulgada en la presente memoria que no mejora la producción de lechuga. En determinados aspectos de la divulgación, las secuencias de ácido nucleico polimórficas que están presentes en la especie de metilobacteria identificada que mejora la producción de lechuga también están presentes en uno o más de los aislados de la especie de metilobacteria ejemplar NLS0020, NLS0066, NLS0017, NLS0065, NLS0089, NLS0042 y NLS0068 divulgados en la presente memoria que mejoran la producción de lechuga, pero están ausentes de uno o más de los aislados de la especie de metilobacteria divulgados en la presente memoria que no mejoran la producción de lechuga. En determinados aspectos de la divulgación, las secuencias de ácido nucleico polimórficas que están presentes en la especie de metilobacteria identificada que mejora la producción de lechuga también están presentes en uno o más de los aislados de la especie de metilobacteria ejemplar NLS0020, NLS0066, NLS0017, NLS0065 y/o NLS0068 divulgados en la presente memoria que mejoran la producción de lechuga cuando se aplican como tratamientos de semillas, pero están ausentes de uno o más de los aislados de la especie de metilobacteria divulgados en la presente memoria que no mejoran la producción de lechuga cuando se aplican como tratamientos de semillas. En determinados aspectos de la divulgación, las secuencias de ácido nucleico polimórficas que están presentes en la especie de metilobacteria identificada que mejora la producción de lechuga también están presentes en uno o más de los aislados de la especie de metilobacteria ejemplar NLS0020, NLS0017, NLS0042 y NLS0068 divulgados en la presente memoria que mejoran la producción de lechuga cuando se aplican como tratamientos foliares, pero están ausentes de uno o más de los aislados de la especie de metilobacteria divulgados en la presente memoria que no mejoran la producción de lechuga cuando se aplican como tratamientos foliares. En determinados aspectos de la divulgación, las secuencias de ácido nucleico polimórficas que están presentes en la especie de metilobacteria identificada que mejora la producción de lechuga también están presentes en dos o más de los aislados de la especie de metilobacteria ejemplar NLS0020, NLS0066, NLS0017, NLS0065, NLS0089, NLS0042 y NLS0068 divulgados en la presente memoria que mejoran la producción de lechuga, pero están ausentes de dos o más de los aislados de la especie de metilobacteria divulgados en la presente memoria que no mejoran la producción de lechuga. En determinados aspectos de la divulgación, las secuencias de ácido nucleico polimórficas que están presentes en la especie de metilobacteria identificada que mejora la producción de lechuga también están presentes en uno o más de los aislados de la especie de metilobacteria ejemplar NLS0020, NLS0066, NLS0017, NLS0065, NLS0089, NLS0042 y/o NLS0068 divulgados en la presente memoria que mejoran la producción de lechuga, pero están ausentes de todos los aislados de la especie de metilobacteria divulgados en la presente memoria que no mejoran la producción de lechuga. En determinados aspectos de la divulgación, las secuencias de ácido nucleico polimórficas están presentes en la especie de metilobacteria identificada que mejora la producción de lechuga están presentes en todos los aislados de la especie de metilobacteria ejemplar NLS0020, NLS0066, NLS0017, NLS0065, NLS0089, NLS0042 y NLS0068 divulgados en la presente memoria que mejoran la producción de lechuga, pero están ausentes en todos los aislados de la especie de metilobacteria divulgados en la presente memoria que no mejoran la producción de lechuga. Dichos polimorfismos de ácido nucleico que se producen en la especie de metilobacteria que mejora la producción de lechuga pueden incluir, aunque sin limitación, polimorfismos mononucleotídicos, RFLP, AFLP y/u otras variaciones de ADN tales como secuencias repetitivas, secuencias de inserción, transposones e islas genómicas que se producen como resultado de inserciones, eliminaciones y sustituciones (indeles) en el genoma bacteriano, que incluye tanto el ADN cromosómico como cualquier elemento de ácido nucleico extracromosómico que pueda estar presente en la especie de metilobacteria que mejora la producción de lechuga. Dichos elementos de ácido nucleico extracromosómicos incluyen, aunque sin limitación, plásmidos, ADN o ARN de bacteriófago y similares. Los métodos usados para identificar dichos polimorfismos nucleotídicos incluyen, aunque sin limitación, técnicas de prolongación de una sola base (SBE), hibridación específica de alelo (ASH), detección por PCR instantánea (es decir, TaqMan™; patentes de Estados

Unidos n.º 5 804 375; 5 538 848; 5 487 972 y 5 210 015), combinaciones de ASH y RT-PCR (sistemas de detección KASP™, LGC Genomics, Middlesex, R.U.) y técnicas de secuenciación profunda (solicitud de patente de Estados Unidos n.º 20120264632).

También se divulgan en la presente memoria composiciones, métodos de preparación de las composiciones y métodos de uso de las composiciones para mejorar la producción de lechuga donde las composiciones o métodos comprenden o usan cualquiera de los siguientes aislados de la especie de metilobacteria divulgados en la siguiente tabla 1 o derivados de los aislados. En determinados aspectos de la divulgación, dichos derivados pueden incluir variantes, aunque sin limitación, variantes de los aislados obtenidos por selección, variantes de los aislados seleccionados por mutagénesis y selección y aislados transformados genéticamente obtenidos de los aislados.

Tabla 1. Aislados de la especie de metilobacteria

NLS	USDA ARS NRRL N.º ¹
NLS0017	NRRL B-50931
NLS0020	NRRL B-50930
NLS0021	NRRL B-50939
NLS0037	NRRL B-50941
NLS0038	NRRL B-50942
NLS0042	NRRL B-50932
NLS0046	NRRL B-50929
NLS0062	NRRL B-50937
NLS0064	NRRL B-50938
NLS0065	NRRL B-50935
NLS0066	NRRL B-50940
NLS0068	NRRL B-50934
NLS0069	NRRL B-50936
NLS0089	NRRL B-50933
¹ Número de depósito para la cepa que se deposita en la AGRICULTURAL RESEARCH SERVICE CULTURE COLLECTION (NRRL) del National Center for Agricultural Utilization Research, Agricultural Research Service, U.S. Department of Agriculture, 1815 North University Street, Peoria, Illinois 61604 EE.UU. según los términos del Tratado de Budapest sobre el Reconocimiento internacional del depósito de microorganismos con fines de procedimiento de patente. Sujeto a 37 CFR §1.808(b), todas las restricciones impuestas por el depositario sobre la disponibilidad al público del material depositado se eliminarán irrevocablemente tras la concesión de cualquier patente a partir de esta solicitud de patente.	

Las solicitudes de patente del mismo cesionario que la presente que divulgan usos específicos adicionales de las cepas de metilobacteria de la tabla 1: (1) aumentar de la producción de maíz (documento US 61/911780, presentado el 4/12/2013; y la solicitud internacional que reivindica el beneficio del mismo presentada el 4/12/2014); (2) aumentar de la producción de soja (documento US 61/911698, presentado el 4/12/2013; y la solicitud internacional que reivindica el beneficio del mismo presentada el 4/12/2014); (3) mejorar el crecimiento de tomates (documento US 61/954390, presentado el 17/3/2014; y la solicitud internacional que reivindica el beneficio del mismo presentada el 4/12/2014); (4) mejorar la maduración de los frutos (documento US 61/911577, presentado el 4/12/2013; y la solicitud internacional que reivindica el beneficio del mismo presentada el 4/12/2014); (5) proporcionar resistencia a enfermedades fúngicas (documento US 62/045950, presentado el 4/9/2014; documento US 62/013,464, presentado el 17/6/2014).

En la presente memoria también se divulgan especies de metilobacteria que proporcionan producción mejorada de lechuga donde las especies de metilobacteria tienen cualquiera de: (i) al menos un gen que codifica al menos una proteína que es ortóloga a una proteína que tiene una secuencia de aminoácidos de SEQ ID NO: 1-5125; o (ii) al menos un gen que codifica al menos una proteína que es ortóloga a una proteína de referencia de la tabla 7. Una especie de metilobacteria tiene al menos un gen que es ortólogo a una proteína que tiene una secuencia de aminoácidos de al menos una de SEQ ID NO: 1-5125, o a la SEQ ID NO correspondiente de una proteína de referencia de la tabla 7, cuando un cromosoma y/o cualquier ADN extracromosómico en esa especie de metilobacteria contienen un gen que codifica una proteína que tiene al menos un 50 %, al menos un 60 %, al menos un 70 %, al menos un 80 %, al menos un 90 %, al menos un 95 %, al menos un 97 %, al menos un 98 %, al menos un 99 % o un 100 % de identidad de secuencia por toda la longitud de la secuencia de aminoácidos de al menos una de SEQ ID NO: 1-5125. La especie de metilobacteria puede tener también al menos dos, tres, cuatro, seis, ocho, 10, 15 o 20 genes que codifican proteínas que son ortólogas a proteínas que tienen una secuencia de aminoácidos de SEQ ID NO: 1-5125 o que codifican proteínas que son ortólogas a la correspondiente SEQ ID NO de una proteína de referencia de la tabla 7. En determinados aspectos de la divulgación, la especie de metilobacteria puede contener al menos un gen que codifica una proteína que es ortóloga a una proteína de referencia que tiene la secuencia de aminoácidos de 13, 14, 23, 27, 28, 30, 40, 43, 44, 51, 52, 57, 76, 85, 127, 197, 198, 199, 1094, 1100, 1106, 1114, 1116, 1117, 1120, 1180, 2180, 2190, 2463, 2467, 2468, 2471, 2510, 2515, 2676, 2971, 3357, 3370, 3372, 3394, 3427, 3429, 3430, 3950, 3952, 3968, 3987, 3996, 4004, 4006 y/o 4067 de la tabla 7. En determinados aspectos de la divulgación, la especie de

metilobacteria puede contener al menos un gen que codifica una proteína que es ortóloga a una proteína de referencia que tiene la secuencia de aminoácidos de SEQ ID NO: 13, 14, 23, 1094, 1100, 1106, 2467, 2468, 3357, 3370 y/o 3968 de la tabla 7. En determinados aspectos de la divulgación, la especie de metilobacteria puede contener al menos un gen que codifica una proteína que es ortóloga a una proteína de referencia que tiene la secuencia de aminoácidos de SEQ ID NO: 1100, 1116, 2471, 2971 y/o 3950 de la tabla 7. Ejemplos de proteínas que son ortólogas a SEQ ID NO: 1094 incluyen, aunque sin limitación, las proteínas ortólogas identificadas como reguladores transcripcionales que se divulgan en la tabla 7. Ejemplos de proteínas que son ortólogas a SEQ ID NO: 23 incluyen, aunque sin limitación, las proteínas ortólogas identificadas como proteínas de la familia XRE de reguladores transcripcionales que se divulgan en la tabla 7. Ejemplos de proteínas que son ortólogas a SEQ ID NO: 1100 incluyen, aunque sin limitación, proteínas que tienen la secuencia de aminoácidos de SEQ ID NO: 17, 1110, 2179, 2484 y 3367 que son similares a proteínas identificadas como proteínas del tipo de transportador ABC. Ejemplos de proteínas que son ortólogas a SEQ ID NO: 1116 incluyen, aunque sin limitación, proteínas que tienen la secuencia de aminoácidos de SEQ ID NO: 37, 1116, 2182 y 2521 que son similares a proteínas identificadas como transportador de múltiples fármacos MatE. Ejemplos de proteínas que son ortólogas a SEQ ID NO: 2471 incluyen, aunque sin limitación, proteínas que tienen la secuencia de aminoácidos de SEQ ID NO: 10, 2471, 3356 y 3958 que son similares a proteínas identificadas como proteínas ACR de bomba de descarga de arsenito. Ejemplos de proteínas que son ortólogas a SEQ ID NO: 2971 incluyen, aunque sin limitación, proteínas que tienen la secuencia de aminoácidos de SEQ ID NO: 250, 1309, 2263 y 2971 que son similares a proteínas identificadas como miembros de los reguladores transcripcionales de la familia LysR. En determinados aspectos de la divulgación, la especie de metilobacteria tiene al menos un gen que es ortólogo a una proteína que tiene una secuencia de aminoácidos de al menos una de SEQ ID NO: 1-5125 o a la correspondiente SEQ ID NO de una proteína de referencia de la tabla 7, con la condición de que el gen no se encuentre en *M. extorquens* AM1, *M. extorquens* PA1 o *M. extorquens* ME4. También se divulgan composiciones que comprenden cualquiera de las especies de metilobacteria mencionadas anteriormente y un excipiente, adyuvante o combinación de los mismos agrícolamente aceptable junto con semillas u hojas de lechuga que se recubren al menos parcialmente con dichas composiciones y métodos de uso de dichas composiciones como tratamientos de semillas o foliares para mejorar la producción de lechuga.

Puede determinarse que una especie de metilobacteria contiene un gen que codifica una proteína que es ortóloga a una proteína que tiene una secuencia de aminoácidos de SEQ ID NO: 1-5125 por una diversidad de técnicas diferentes. En determinados aspectos de la divulgación, puede determinarse que una especie de metilobacteria contiene un gen que codifica una proteína que es ortóloga a una proteína que tiene una secuencia de aminoácidos de SEQ ID NO: 1-5125 ensamblando una secuencia genómica electrónica completa que comprende las secuencias de ADN cromosómicas y extracromosómicas presentes en esa especie de metilobacteria con un ordenador y programa informático asociado, y determinando si alguno de los marcos abiertos de lectura (ORF) presentes en esa secuencia de ADN codifica una proteína que tenga el porcentaje de identidad de secuencia mencionado anteriormente. En dichos aspectos de la divulgación, el ORF puede identificarse realizando una traducción de seis vías de la secuencia ensamblada electrónicamente y consultando lo traducido con una secuencia de aminoácidos de SEQ ID NO: 1-5125 o la correspondiente SEQ ID NO: de una proteína de referencia de la tabla 7. En otros aspectos de la divulgación, la presencia o ausencia de una secuencia dada dentro de una especie de metilobacteria, una secuencia de aminoácidos de SEQ ID NO: 1-5125 o la correspondiente SEQ ID NO: de una proteína de referencia de la tabla 7 puede determinarse por una técnica de análisis de ácidos nucleicos o análisis de proteínas. Ejemplos de secuencias de ácido nucleico que codifican las proteínas de SEQ ID NO: 1-5125 incluyen, aunque sin limitación, SEQ ID NO: 5126-10250, respectivamente. Dichos análisis de ácido nucleico incluyen, aunque sin limitación, técnicas basadas en hibridación de ácidos nucleicos, reacciones en cadena de la polimerasa, espectroscopia de masas, detección basada en nanoporos, combinaciones de las mismas y similares. Las técnicas de análisis de proteínas incluyen, aunque sin limitación, inmunodetección, espectroscopia de masas, combinaciones de las mismas y similares.

Las composiciones divulgadas en la presente memoria que son útiles para tratar plantas de lechuga o partes de plantas que comprenden metilobacterias y/o están reducidas de sustancias que promueven el crecimiento de bacterias residentes en una planta o semilla, contienen una sustancia sólida con metilobacterias adherentes que han crecido en la misma o que comprenden emulsiones con metilobacterias que han crecido en la misma, también pueden comprender además un adyuvante agrícolamente aceptable o un excipiente agrícolamente aceptable. Una adyuvante agrícolamente aceptable o un excipiente agrícolamente aceptable típicamente es un ingrediente que no provoca fitotoxicidad excesiva u otros efectos adversos cuando se expone a una planta o parte de planta. En determinados aspectos de la divulgación, la sustancia sólida por sí misma puede ser un adyuvante agrícolamente aceptable o un excipiente agrícolamente aceptable, siempre que no sea bactericida o bacteriostático para la metilobacteria. En otros aspectos de la divulgación, la composición comprende además al menos uno de un adyuvante agrícolamente aceptable o un excipiente agrícolamente aceptable. Cualquiera de las composiciones mencionadas anteriormente también puede comprender además un plaguicida. Los plaguicidas usados en la composición incluyen, aunque sin limitación, un insecticida, un fungicida, un nematocida y un bactericida. En ciertos aspectos de la divulgación, el plaguicida usado en la composición es un plaguicida que no inhibe sustancialmente el crecimiento de la metilobacteria. Como las metilobacterias son bacterias gramnegativas, los bactericidas adecuados usados en las composiciones pueden incluir, aunque sin limitación, bactericidas que muestran actividad contra bacterias grampositivas, pero no contra bacterias gramnegativas. Las composiciones divulgadas en la presente memoria también pueden comprender un agente bacteriostático que no inhiba sustancialmente el crecimiento de la metilobacteria. Los agentes bacteriostáticos adecuados para su uso en composiciones divulgadas en la presente memoria incluyen, aunque sin

limitación, los que muestran actividad contra bacterias grampositivas, pero no contra bacterias gramnegativas. Cualquiera de las composiciones mencionadas anteriormente también puede ser un producto esencialmente seco (es decir, que tiene aproximadamente un 5 % o menos de contenido de agua), una mezcla de la composición con una emulsión o una suspensión. Cualquiera de las composiciones divulgadas en la presente memoria puede usarse para

5 recubrir o recubrir parcialmente una planta, parte de la planta o semilla de la planta. El recubrimiento parcial de una planta, una parte de planta o una semilla incluye, aunque sin limitación, recubrir al menos aproximadamente un 5 %, 10 %, 20 %, 30 %, 40 %, 50 %, 60 %, 70 %, 80 %, 90 %, 95 %, 98 %, 99 % o aproximadamente un 99,5 % del área superficial de la planta, parte de planta o semilla de planta.

Los adyuvantes agrícolamente aceptables usados en las composiciones que comprenden metilobacterias incluyen, aunque sin limitación, componentes que potencian la eficacia del producto y/o productos que potencian la facilidad de aplicación del producto. Los adyuvantes que potencian la eficacia del producto pueden incluir diversos empapadores/esparcadores promueven la adhesión en y propagación de la composición sobre partes de plantas, adhesivos que promueven la adhesión a la parte de la planta, penetrantes que pueden promover el contacto del agente activo con tejidos interiores, expansores que aumentan la semivida del agente activo inhibiendo la degradación ambiental y humectantes que aumentan la densidad o tiempo de secado de las composiciones pulverizadas. Los

10 empapadores/esparcadores usados en las composiciones pueden incluir, aunque sin limitación, tensioactivos no iónicos, tensioactivos aniónicos, tensioactivos catiónicos, tensioactivos anfóteros, tensioactivos de organosilicato y/o tensioactivos acidificados. Los adhesivos usados en las composiciones pueden incluir, aunque sin limitación, sustancias basadas en látex, terpeno/pinoleno y sustancias basadas en pirrolidona. Los penetrantes pueden incluir

15 aceite de vaselina, aceite vegetal, aceite vegetal esterificado, tensioactivos de organosilicato y tensioactivos acidificados. Los diluyentes usados en las composiciones pueden incluir, aunque sin limitación, sulfato de amonio o sustancias basadas en menteno. Los humectantes usados en las composiciones pueden incluir, aunque sin limitación, glicerol, propilenglicol y dietilglicol. Los adyuvantes que mejoran la facilidad de aplicación del producto incluyen, aunque sin limitación, agentes acidificantes/tamponantes, agentes antiespumantes/desespumantes, agentes de compatibilidad, agentes reductores del arrastre, tintes y acondicionadores del agua. Los agentes

20 antiespumantes/desespumantes usados en las composiciones pueden incluir, aunque sin limitación, dimetopolisiloxano. Los agentes de compatibilidad usados en las composiciones pueden incluir, aunque sin limitación, sulfato de amonio. Los agentes reductores del arrastre usados en las composiciones pueden incluir, aunque sin limitación, poliácridamidas y polisacáridos. Los acondicionadores del agua usados en las composiciones pueden incluir, aunque sin limitación, sulfato de amonio.

25

30

También se divulgan en la presente memoria métodos de tratamiento de plantas y/o partes de plantas con los caldos de fermentación, productos de caldo de fermentación y composiciones que comprenden metilobacterias. Las plantas tratadas y partes de plantas tratadas obtenidas de las mismas incluyen, aunque sin limitación, una planta de pimiento, tomate, mora o plátano. Las partes de plantas que se tratan incluyen, aunque sin limitación, hojas, tallos, flores, raíces,

35 semillas, frutos, tubérculos, coleóptilos y similares. Las semillas u otros propágulos de cualquiera de las plantas mencionadas anteriormente pueden tratarse con los caldos de fermentación, productos de caldo de fermentación, productos de fermentación y/o composiciones divulgados en la presente memoria.

En determinados aspectos de la divulgación, las plantas y/o partes de plantas se tratan aplicando los caldos de fermentación, productos de caldo de fermentación, productos de fermentación y composiciones que comprenden metilobacterias como una pulverización. Dichas aplicaciones de pulverización incluyen, aunque sin limitación, tratamientos de una sola parte de la planta o cualquier combinación de partes de la planta. La pulverización puede conseguirse con cualquier dispositivo que distribuya los caldos de fermentación, productos de caldo de fermentación, productos de fermentación y composiciones a la planta y/o parte o partes de la planta. Los dispositivos de pulverización útiles incluyen un pulverizador de varilla, un pulverizador manual o de mochila, fumigadores de cultivos (es decir,

40 fumigación aérea) y similares. También pueden usarse dispositivos de pulverización y/o métodos que proporcionan aplicación de los caldos de fermentación, productos de caldo de fermentación, productos de fermentación y composiciones a una de la superficie adaxial y/o superficie abaxial o ambas. También se divulgan en la presente memoria plantas y/o partes de planta que se recubren al menos parcialmente con cualquiera de un caldo de fermentación bifásico, un producto de caldo de fermentación, producto de fermentación o composiciones que comprenden una sustancia sólida con metilobacterias adheridas a la misma. También se divulgan en la presente memoria productos vegetales procesados que comprenden una sustancia sólida con metilobacterias adheridas a la misma. Cualquiera de las composiciones divulgadas en la presente memoria puede usarse para recubrir o recubrir parcialmente una planta, parte de la planta o semilla de la planta. El recubrimiento parcial de una planta, una parte de planta o una semilla incluye, aunque sin limitación, recubrir al menos aproximadamente un 5 %, 10 %, 20 %, 30 %, 40 %, 50 %, 60 %, 70 %, 80 %, 90 %, 95 %, 98 %, 99 % o aproximadamente un 99,5 % del área superficial de la

45

50

55

planta, parte de planta o semilla de planta

En determinados aspectos de la divulgación, se tratan semillas de lechuga exponiendo las semillas a los caldos de fermentación, productos de caldo de fermentación, productos de fermentación y composiciones que comprenden metilobacterias. Las semillas pueden tratarse con los caldos de fermentación, productos de caldo de fermentación y composiciones divulgadas en la presente memoria por métodos que incluyen, aunque sin limitación, imbibición, recubrimiento, pulverización y similares. En determinados aspectos de la divulgación, las semillas esterilizadas superficialmente se tratan con una composición que comprende metilobacterias. En determinados aspectos de la divulgación, se tratan semillas no esterilizadas (es decir, semillas que no se han sometido a esterilización superficial)

60

con una composición que comprende metilobacterias que se ha reducido de sustancias que promueven el crecimiento de microorganismos residentes en la semilla. Los tratamientos de semillas pueden lograrse con tratadores de semillas continuos y/o discontinuos. En determinados aspectos de la divulgación, las semillas recubiertas pueden prepararse suspendiendo las semillas con una composición de recubrimiento que contiene un caldo de fermentación, producto de caldo de fermentación o composiciones que comprenden la sustancia sólida con metilobacterias y secando al aire el producto resultante. El secado al aire puede conseguirse a cualquier temperatura que no sea perjudicial para la semilla o las metilobacterias, pero típicamente no será mayor de 30 °C. La proporción de recubrimiento que comprende una sustancia sólida y metilobacterias incluye, aunque sin limitación, un intervalo de un 0,1 a un 25 % en peso de la semilla, de un 0,5 a un 5 % en peso de la semilla y de un 0,5 a un 2,5 % en peso de la semilla. El recubrimiento parcial de una semilla puede incluir, aunque sin limitación, recubrimiento de al menos aproximadamente un 5 %, 10 %, 20 %, 30 %, 40 %, 50 %, 60 %, 70 %, 80 %, 90 %, 95 %, 98 %, 99 % o aproximadamente un 99,5 % del área superficial de la semilla. En determinados aspectos de la divulgación, una sustancia sólida usada en el recubrimiento o tratamiento de semillas tendrá metilobacterias adheridas en la misma. En determinados aspectos de la divulgación, una sustancia sólida usada en el recubrimiento o tratamiento de semillas se asociará con metilobacterias será un caldo de fermentación, producto de caldo de fermentación o composición obtenida por los métodos divulgados en la presente memoria. Diversas composiciones y métodos de tratamiento de semillas para el tratamiento de semillas divulgados en las patentes de Estados Unidos n.º 5 106 648, 5 512 069 y 8 181 388 pueden adaptarse para su uso con un agente activo que comprende los caldos de fermentación, productos de caldo de fermentación o composiciones divulgadas en la presente memoria. En determinados aspectos de la divulgación, la composición usada para tratar la semilla puede contener excipientes agrícolamente aceptables que incluyen, aunque sin limitación, harinas de madera, arcillas, carbono activado, tierra infusoria, sólidos inorgánicos de grano fino, carbonato de calcio y similares. Las arcillas y los sólidos inorgánicos que pueden usarse con los caldos de fermentación, productos de caldo de fermentación o composiciones divulgados en la presente memoria incluyen, aunque sin limitación, bentonita de calcio, caolín, porcelana, talco, perlita, mica, vermiculita, sílices, polvo de cuarzo, montmorillonita y mezclas de los mismos. Los adyuvantes agrícolamente aceptables que promueven la adhesión a la semilla que pueden usarse incluyen aunque sin limitación, poli(acetatos de vinilo), copolímeros de poli(acetato de vinilo), poli(acetato de vinilo) hidrolizados, copolímero de polivinilpirrolidona-acetato de vinilo, poli(alcoholes vinílicos), copolímeros de poli(alcohol vinílico), éter polivinil metílico, copolímero de éter polivinil metílico-anhídrido maleico, ceras, polímeros de látex, celulosas incluyendo etilcelulosas y metilcelulosas, hidroximetilcelulosas, hidroxipropilcelulosa, hidroximetilpropilcelulosas, polivinilpirrolidonas, alginatos, dextrinas, maltodextrinas, polisacáridos, grasas, aceites, proteínas, goma karaya, goma jaguar, goma de tragacanto, gomas de polisacárido, mucílago, goma arábica, goma laca, polímeros y copolímeros de cloruro vinilideno, polímeros y copolímeros de proteína a base de soja, lignosulfonatos, copolímeros acrílicos, almidones, polivinilacrilatos, ceínas, gelatina, carboximetilcelulosa, quitosano, óxido de polietileno, polímeros y copolímeros de acrilamida, acrilato de polihidroxietilo, monómeros de metilacrilamida, alginato, etilcelulosa, polycloropreno y jarabes o mezclas de los mismos. Otros adyuvantes agrícolamente aceptables útiles que pueden promover el recubrimiento incluyen, aunque sin limitación, polímeros y copolímeros de acetato de vinilo, copolímero de polivinilpirrolidona-acetato de vinilo y ceras solubles en agua. Diversos tensioactivos, dispersantes, agentes antiaglomerantes, agentes de control de la espuma y tintes divulgados en la presente memoria y en la patente de Estados Unidos n.º 8 181 388 pueden adaptarse para su uso con un agente activo que comprende los caldos de fermentación, productos de caldo de fermentación o composiciones divulgadas en la presente memoria.

En la presente memoria se divulgan composiciones comprenden metilobacterias que proporcionan producción mejorada de lechuga con respecto a plantas sin tratar que no se han expuesto a las composiciones. En determinados aspectos de la divulgación, pueden tratarse partes de planta incluyendo, aunque sin limitación, una semilla, una hoja, un fruto, un tallo, una raíz, un tubérculo o un coleóptilo con las composiciones divulgadas en la presente memoria para mejorar la producción de lechuga. Los tratamientos o aplicaciones pueden incluir, aunque sin limitación, pulverización, recubrimiento, recubrimiento parcial, inmersión y/o embebido de la planta o partes de la planta con las composiciones divulgadas en la presente memoria. En determinados aspectos de la divulgación, puede sumergirse y/o embeberse una semilla, una hoja, un fruto, un tallo, una raíz, un tubérculo o un coleóptilo con un líquido, semilíquido, emulsión o suspensión de una composición divulgada en la presente memoria. Dicha inmersión o embebido de la semilla puede ser suficiente para proporcionar producción mejorada de lechuga en una planta o parte de planta tratada en comparación con una planta o parte de planta sin tratar. La producción de lechuga mejorada incluye, aunque sin limitación, crecimiento aumentado de las raíces, crecimiento aumentado de las hojas, producción aumentada de semillas y/o biomasa total aumentada con respecto a plantas sin tratar. En determinados aspectos de la divulgación, las semillas de la planta pueden sumergirse y/o embeberse durante al menos 1, 2, 3, 4, 5 o 6 horas. Dicha inmersión y/o embebido puede realizarse, en determinados aspectos de la divulgación, a temperaturas que no son perjudiciales para la semilla de la planta o la metilobacteria. En determinados aspectos de la divulgación, las semillas pueden tratarse a aproximadamente 15 hasta aproximadamente 30 °C o a aproximadamente 20 hasta aproximadamente 25 °C. En determinados aspectos de la divulgación, el embebido y/o inmersión de la semilla puede hacerse con agitación suave.

Las composiciones divulgadas en la presente memoria que comprenden metilobacterias, por lo tanto, se espera que sean útiles en mejorar la producción de lechuga.

En determinados aspectos de la divulgación, una cantidad de una composición divulgada en la presente memoria que es suficiente para proporcionar producción mejorada de lechuga, puede ser una composición con metilobacterias a un

valor cuantitativo de al menos aproximadamente 1×10^5 unidades formadoras de colonias por mililitro, al menos aproximadamente 5×10^6 unidades formadoras de colonias por mililitro, al menos aproximadamente 1×10^7 unidades formadoras de colonias por mililitro, al menos aproximadamente 5×10^8 unidades formadoras de colonias por mililitro, al menos aproximadamente 1×10^9 unidades formadoras de colonias por mililitro, al menos aproximadamente 1×10^{10} unidades formadoras de colonias por mililitro o al menos aproximadamente 3×10^{10} unidades formadoras de colonias por mililitro. En determinados aspectos de la divulgación, una cantidad de una composición divulgada en la presente memoria que es suficiente para proporcionar mejora de la producción de lechuga puede ser una composición con metilobacterias a un valor cuantitativo de aproximadamente 1×10^6 unidades formadoras de colonias por mililitro, al menos aproximadamente 5×10^6 unidades formadoras de colonias por mililitro, al menos aproximadamente 1×10^7 unidades formadoras de colonias por mililitro o al menos aproximadamente 5×10^8 unidades formadoras de colonias por mililitro a al menos aproximadamente 6×10^{10} unidades formadoras de colonias por mililitro de una emulsión. En determinados aspectos de la divulgación, una cantidad de una composición divulgada en la presente memoria que es suficientes para proporcionar mejora de la producción de lechuga, puede ser un producto de caldo de fermentación con un valor cuantitativo de metilobacterias de una fase sólida de ese producto que es de al menos aproximadamente 5×10^8 unidades formadoras de colonias por mililitro a al menos aproximadamente 5×10^{13} unidades formadoras de colonias de metilobacteria por gramo de la fase sólida. En determinados aspectos de la divulgación, una cantidad de una composición divulgada en la presente memoria que es suficiente para proporcionar mejora de la producción de lechuga puede ser una composición con un valor cuantitativo de metilobacterias de al menos aproximadamente 1×10^6 unidades formadoras de colonias por gramo, al menos aproximadamente 5×10^6 unidades formadoras de colonias por gramo, al menos aproximadamente 1×10^7 unidades formadoras de colonias por gramo o al menos aproximadamente 5×10^8 unidades formadoras de colonias por gramo a al menos aproximadamente 6×10^{10} unidades formadoras de colonias de metilobacteria por gramo de partículas en la composición que contiene las partículas que comprenden una sustancia sólida, en la que se adhiere a la misma un monocultivo o cocultivo de metilobacterias. En determinados aspectos de la divulgación, una cantidad de una composición divulgada en la presente memoria que es suficiente para proporcionar mejora de la producción de lechuga puede ser una composición con un valor cuantitativo de metilobacterias de al menos aproximadamente 1×10^6 unidades formadoras de colonias por ml, al menos aproximadamente 5×10^6 unidades formadoras de colonias por ml, al menos aproximadamente 1×10^7 unidades formadoras de colonias por ml o al menos aproximadamente 5×10^8 unidades formadoras de colonias por ml a al menos aproximadamente 6×10^{10} unidades formadoras de colonias de metilobacteria por ml en una composición que comprende una emulsión en la que se proporciona un monocultivo o cocultivo de metilobacterias adheridas a una sustancia sólida, en la misma o que han crecido en la misma. En determinados aspectos de la divulgación, una cantidad de una composición divulgada en la presente memoria que es suficiente para proporcionar mejora de la producción de lechuga puede ser una composición con un valor cuantitativo de metilobacterias de al menos aproximadamente 1×10^6 unidades formadoras de colonias por ml, al menos aproximadamente 5×10^6 unidades formadoras de colonias por ml, al menos aproximadamente 1×10^7 unidades formadoras de colonias por ml o al menos aproximadamente 5×10^8 unidades formadoras de colonias por ml a al menos aproximadamente 6×10^{10} unidades formadoras de colonias de metilobacterias por ml en una composición que comprende una emulsión en la que se proporciona un monocultivo o cocultivo de metilobacterias en la misma o que han crecido en la misma.

En determinados aspectos de la divulgación, una cantidad de una composición divulgada en la presente memoria que es suficiente para proporcionar producción mejorada de lechuga puede ser una composición con una especie de metilobacteria a un valor cuantitativo de al menos aproximadamente 1×10^4 unidades formadoras de colonias por mililitro, al menos aproximadamente 1×10^5 unidades formadoras de colonias por mililitro, al menos aproximadamente 1×10^6 unidades formadoras de colonias por mililitro, al menos aproximadamente 5×10^6 unidades formadoras de colonias por mililitro, al menos aproximadamente 1×10^7 unidades formadoras de colonias por mililitro, al menos aproximadamente 5×10^8 unidades formadoras de colonias por mililitro, al menos aproximadamente 1×10^9 unidades formadoras de colonias por mililitro, al menos aproximadamente 1×10^{10} unidades formadoras de colonias por mililitro o al menos aproximadamente 3×10^{10} unidades formadoras de colonias por mililitro. En determinados aspectos de la divulgación, una cantidad de una composición divulgada en la presente memoria que es suficiente para proporcionar producción mejorada de lechuga, puede ser una composición con una especie de metilobacteria a un valor cuantitativo de al menos aproximadamente 1×10^4 unidades formadoras de colonias por mililitro, al menos aproximadamente 1×10^5 unidades formadoras de colonias por mililitro, al menos aproximadamente 1×10^6 unidades formadoras de colonias por mililitro, al menos aproximadamente 5×10^6 unidades formadoras de colonias por mililitro, al menos aproximadamente 1×10^7 unidades formadoras de colonias por mililitro o al menos aproximadamente 5×10^8 unidades formadoras de colonias por mililitro a al menos aproximadamente 6×10^{10} unidades formadoras de colonias por mililitro de un líquido o una emulsión. En determinados aspectos de la divulgación, una cantidad de una composición divulgada en la presente memoria que es suficiente para proporcionar producción mejorada de lechuga puede ser un producto de caldo de fermentación con un valor cuantitativo de especie de metilobacteria de una fase sólida de ese producto que es de al menos aproximadamente 1×10^4 unidades formadoras de colonias por gramo, al menos aproximadamente 1×10^5 unidades formadoras de colonias por gramo, al menos aproximadamente 1×10^6 unidades formadoras de colonias por gramo, al menos aproximadamente 5×10^6 unidades formadoras de colonias por gramo, al menos aproximadamente 1×10^7 unidades formadoras de colonias por gramo, al menos aproximadamente 5×10^8 unidades formadoras de colonias por gramo, al menos aproximadamente 1×10^9 unidades formadoras de colonias por gramo o al menos aproximadamente 5×10^9 unidades formadoras de colonias por gramo a al menos aproximadamente 6×10^{10} unidades formadoras de colonias de metilobacteria por gramo, al menos aproximadamente 1×10^{11} unidades formadoras de colonias de metilobacteria por gramo, al menos aproximadamente 1×10^{12} unidades formadoras de

sustancia sólida en la que se adhiere a la misma un monocultivo o cocultivo de especie de metilobacterias. En determinados aspectos de la divulgación, se divulgan composiciones con un valor cuantitativo de metilobacterias de al menos aproximadamente 1×10^6 unidades formadoras de colonias por ml, al menos aproximadamente 5×10^6 unidades formadoras de colonias por ml, al menos aproximadamente 1×10^7 unidades formadoras de colonias por ml o al menos aproximadamente 5×10^8 unidades formadoras de colonias por ml a al menos aproximadamente 6×10^{10} unidades formadoras de colonias de metilobacteria por ml en una composición que comprende una emulsión en la que se proporciona un monocultivo o cocultivo de una especie de metilobacteria adherida a una sustancia sólida en la misma o que ha crecido en la misma. En determinados aspectos de la divulgación, se divulgan composiciones con un valor cuantitativo de metilobacterias de al menos aproximadamente 1×10^6 unidades formadoras de colonias por ml, al menos aproximadamente 5×10^6 unidades formadoras de colonias por ml, al menos aproximadamente 1×10^7 unidades formadoras de colonias por ml o al menos aproximadamente 5×10^8 unidades formadoras de colonias por ml a al menos aproximadamente 6×10^{10} unidades formadoras de colonias de metilobacterias por ml en una composición que comprende una emulsión en la que se proporciona un monocultivo o cocultivo de una especie de metilobacteria en la misma o que ha crecido en la misma. En determinados aspectos de la divulgación de cualquiera de las composiciones mencionadas anteriormente, la especie de metilobacteria se selecciona del grupo que consiste en NLS0017 (NRRL B-50931), NLS0020 (NRRL B-50930), NLS0021 (NRRL B-50939), NLS0037 (NRRL B-50941), NLS0038 (NRRL B-50942), NLS0042 (NRRL B-50932), NLS0046 (NRRL B-50929), NLS0062 (NRRL B-50937), NLS0064 (NRRL B-50938), NLS0065 (NRRL B-50935), NLS0066 (NRRL B-50940), NLS0068 (NRRL B-50934), NLS0069 (NRRL B-50936), NLS0089 (NRRL B-50933) y derivados de las mismas. En determinados aspectos de la divulgación de cualquiera de las composiciones mencionadas anteriormente, las composiciones pueden comprender además un adyuvante agrícolamente aceptable, un excipiente agrícolamente aceptable o combinación de los mismos. En determinados aspectos de la divulgación de cualquiera de las composiciones mencionadas anteriormente, la especie de metilobacteria se selecciona del grupo que consiste en NLS0017 (NRRL B-50931), NLS0020 (NRRL B-50930), NLS0021 (NRRL B-50939), NLS0037 (NRRL B-50941), NLS0038 (NRRL B-50942), NLS0042 (NRRL B-50932), NLS0046 (NRRL B-50929), NLS0062 (NRRL B-50937), NLS0064 (NRRL B-50938), NLS0065 (NRRL B-50935), NLS0066 (NRRL B-50940), NLS0068 (NRRL B-50934), NLS0069 (NRRL B-50936), NLS0089 (NRRL B-50933), derivados de las mismas; y también comprende un adyuvante, excipiente agrícolamente aceptable o combinación de los mismos.

Ejemplos

Los siguientes ejemplos se incluyen para demostrar aspectos de la divulgación.

30 **Ejemplo 1. Cultivo de cepas PPFM en un medio de crecimiento líquido complementado con una sustancia sólida**

El medio de crecimiento líquido usado para cultivar los cultivos PPFM fue un medio de sales basales complementado con glicerol, peptona y tierra infusoria. El medio de sales basales usado fue medio con sales minerales de amonio (AMS). El medio AMS contiene, por litro, 700 miligramos de fosfato de potasio dibásico anhidro, 540 miligramos de fosfato de potasio monobásico anhidro, un gramo de sulfato de magnesio heptahidrato, 500 miligramos de cloruro de amonio anhidro y 200 miligramos de cloruro de calcio dihidrato.

El medio basal AMS se preparó a partir de tres soluciones madre, enumeradas a continuación:

solución madre I: para un litro a concentración 50X	
fosfato de potasio dibásico anhidro	35 gramos
fosfato de potasio monobásico, anhidro	27 gramos
Solución madre II: para un litro a concentración 50X	
sulfato de magnesio heptahidrato	50 gramos
cloruro de amonio, anhidro	25 gramos
Solución madre III: para un litro a concentración 50X	
cloruro de calcio dihidrato	10 gramos

Las soluciones madre I, II y III se sometieron a autoclave por separado.

40 Para preparar un litro de medio AMS líquido con glicerol, peptona y tierra infusoria, se añadió lo siguiente a 920 ml de agua destilada:

20 ml de solución madre I

20 ml de solución madre II

20 ml de solución madre III

20 ml de una solución madre de glicerol al 50 %

45 10 gramos de peptona

2 gramos de tierra infusoria

La solución resultante con tierra infusoria suspendida se esterilizó por autoclave.

Se pusieron dos litros del medio AMS anterior en un matraz de cuatro litros. Se añadieron dos mililitros de PPFM de cultivo líquido al medio para inocularlo. El matraz entonces se colocó en un agitador incubada establecida a 240 RPM y 30 °C. Los cultivos se hicieron crecer durante seis días y después se almacenaron a 4 °C para uso futuro.

5 **Ejemplo 2. Inoculación de siembra de lechuga "Rex" para identificar PPFM que potencien el crecimiento de raíces y brotes.**

Siembra

10 Se puso un Oasis HorticubeXL™ de 104 celdas (fondo surcado, surco único; Smithers-Oasis North America, Kent, OH, EE. UU.) en una bandeja 1020 sin orificios. Se extrajeron cuatro cubos en el centro de la rejilla para permitir el riego inferior. El Oasis HorticubeXL™ se regó de modo que estuviera completamente saturado, se usó la configuración de lluvia con agua moderada. Se colocó una semilla en cada celda para un total de 100 semillas por grupo.

Inoculación de semillas de lechuga

15 Las cepas PPFM a ensayar se hicieron crecer como se describe en el ejemplo 1 en un medio líquido complementado con una sustancia sólida. En la campana biológica, se pipeteó la cantidad deseada de solución de PPFM en tubos cónicos (asegurándose de dar vueltas/agitar el frasco vigorosamente antes del pipeteo para suspender las partículas). Se usó una centrífuga para centrifugar a 3500 RPM durante 15 minutos a 23 °C. Aunque se centrifugaron los tubos, se midió un volumen de agua corriente tibia para llevar el volumen de cada muestra hasta el volumen total.

20 El líquido se vertió cuidadosamente de cada tubo, teniendo cuidado de mantener el sedimento intacto. Se añadió el volumen apropiado de agua corriente a cada tubo para que coincidiera con su volumen inicial de solución de PPFM. Se usaron PPFM resuspendidas en agua lo más rápido posible.

25 Se pipetearon 100 microlitros de solución (solución de PPFM para grupos tratados y agua corriente para grupos de control) en la parte superior de cada semilla. Después de cada 3 filas, el tubo se tapó y se agitó para resuspender cualquier PPFM que pudiera haber sedimentado en el fondo. Las puntas de pipeta se cambiaron entre cada grupo para evitar contaminación cruzada. Las marcas se etiquetaron y fecharon para cada bandeja y se colocaron cúpulas transparentes de humedad en la parte superior de la bandeja. La bandeja se colocó en una cámara de crecimiento con ajuste de temperatura a 20° C y 12 horas al día con iluminación de 200 micromoles.

Crecimiento

30 Después de cinco a seis días, se retiraron las cúpulas tras la germinación de las semillas. Las bandejas se regaron por el fondo solamente y se fertilizaron con Jack's™ 15-16-17 (JR PETERS, Inc. Allentown, PA, EE. UU.) en cada riego (aproximadamente días alternos).

La reposición diaria de las bandejas se realizó para evitar los posibles efectos sobre el crecimiento debido a variaciones de condiciones de luz en la cámara de crecimiento.

Procesamiento

35 Las bandejas se recolectaron entre dos y tres semanas. Se colocaron cúpulas transparentes de humedad en cada bandeja para evitar la evotranspiración durante el transporte. Las cúpulas se dejaron en su sitio hasta que se procesara la bandeja. Cada planta se cortó directamente por debajo de los cotiledones e inmediatamente se pesó en una balanza analítica.

Observaciones

40 Se observó que algunas cepas mostraban repetidamente un aumento en la biomasa de brotes de plántulas de lechuga cuando se trataba una semilla en el momento de la siembra. También se hicieron observaciones visuales de la masa y desarrollo de la raíz, los grupos tratados mostraron más crecimiento en el momento de la recolección. Debido a la variación natural de los sistemas biológicos, todos los tamaños de muestras fueron de 98 - 100 plantas como mínimo y cualquier diferencia por debajo del 12 % no se consideró significativa.

45 Conclusión

Es evidente que las cepas NLS0017, NLS0020, NLS0066, NLS0065 y NLS0089 muestran un aumento en el peso húmedo de plántulas de lechuga después del tratamiento de las semillas. Las cepas NLS0069, NLS0037, NLS0038 y NLS0062 mostraron aumentos insignificantes en el peso húmedo en comparación con los controles. También se aprecia junto con un aumento en la biomasa de los brotes un aumento correspondiente en el desarrollo de las raíces.

50

Tabla 2. Efectos de los tratamientos de las semillas sobre el crecimiento de la lechuga

cepa	valor cuantitativo	peso húmedo de la plántula (mg)		diferencia (%)	intervalo de confianza
		control	experimental		
NLS0017	2,7E+08	226,18	306,36	35,45 %	0,000
NLS0017	1,4E+08	298,27	353,34	18,46 %	0,012
NLS0017	2,7E+08	169,56	176,68	4,20%	0,567
NLS0017	1,1E+09	98,92	167,51	69,34%	0,000
NLS0020	7,2E+08	226,18	274,46	21,35%	0,027
NLS0020	1,2E+09	98,92	157,11	58,83%	0,000
NLS0020	1,2E+09	462,20	614,72	33,00%	0,000
NLS0021	ND ²	462,20	539,39	16,70 %	0,008
NLS0037	3,0E+08	226,18	258,68	14,37 %	0,085
NLS0038	5,2E+07	462,20	514,99	11,42 %	0,070
NLS0042	2,1E+08	226,18	310,85	37,44 %	0,000
NLS0042	1,1E+08	169,56	189,46	11,73 %	0,105
NLS0046	1,8E+09	462,20	511,78	10,73 %	0,084
NLS0062	1,8E+08	169,56	187,62	10,65 %	0,121
NLS0064	ND ²	169,56	157,67	-7,01 %	0,275
NLS0065	1,2E+08	169,56	211,92	24,98%	0,001
NLS0065	9,1E+07	98,92	132,35	33,80 %	0,000
NLS0066	5,9E+08	56,15	69,57	23,91 %	0,000
NLS0066	4,2E+08	546,61	665,46	21,74 %	0,000
NLS0066	1,2E+08	98,92	129,81	31,23 %	0,000
NLS0068	3,1E+08	213,52	234,95	10,04 %	0,029
NLS0069	5,6E+07	226,18	244,25	7,99 %	0,307
NLS0069	5,6E+07	298,27	332,53	11,49 %	0,144
NLS0089	1,5E+08	98,92	146,99	48,60 %	0,000
NLS0089	ND ²	462,20	600,82	29,99 %	0,000

¹Cada línea representa datos obtenidos de una bandeja separada de plantas obtenida de semillas tratadas frente a semillas de control.

²ND: no determinado.

Ejemplo 3. Aplicación foliar de lechuga "Rex" para observar la manera en que las PPFM afectan al crecimiento de las raíces y los brotes.

5 Siembra

Se puso un Oasis HortcubeXL de 104 celdas (fondo surcado, surco único) en una bandeja 1020 sin orificios. Se extrajeron cuatro cubos en el centro de la rejilla para permitir el riego inferior. El Oasis se regó de modo que estuviera completamente saturado, se usó la configuración de lluvia con agua moderada. Se colocó una semilla en cada celda para un total de 100 semillas por grupo. Las marcas se etiquetaron y fecharon para cada bandeja y se colocaron cúpulas transparentes de humedad en la parte superior de la bandeja. La bandeja se colocó en una cámara de crecimiento con ajuste de temperatura a 20° C y 12 horas al día con iluminación de 200 micromoles.

Inoculación de plántulas de lechuga

Después de cinco a seis días, se retiraron las cúpulas después de que las semillas hubieran germinado. Las plantas se inocularon en este momento, cuando solo habían germinado los cotiledones. Las cepas PPFM a ensayar se hicieron crecer como se describe en el ejemplo 1 en un medio líquido complementado con una sustancia sólida. Las cepas PPFM a ensayar se hicieron crecer como se describe en el ejemplo 1 en un medio líquido complementado con una sustancia sólida. En la campana biológica, se pipeteó la cantidad deseada de solución de PPFM en tubos cónicos (asegurándose de dar vueltas/agitar el frasco vigorosamente antes del pipeteo para suspender las partículas). Se usó una centrífuga para centrifugar a 3500 RPM durante 15 minutos a 23 °C. Aunque se centrifugaron los tubos, se midió un volumen de agua corriente tibia para llevar el volumen de cada muestra hasta el volumen total.

El líquido se vertió cuidadosamente de cada tubo, teniendo cuidado de mantener el sedimento intacto. Se añadió el volumen apropiado de agua corriente a cada tubo para que coincidiera con su volumen inicial de solución de PPFM. Se usaron PPFM resuspendidas en agua lo más rápido posible.

Se vertieron 100 ml de solución de PPFM (agua corriente para el control) en un pulverizador manual de 1 l Solo™ (Solo™, Newport News, VA, EE. UU.). La bandeja se retiró del grupo para evitar la contaminación cruzada. Se usó la configuración de bruma más fina y se pulverizó un recubrimiento uniforme de solución sobre la parte superior de las

plántulas, garantizando una cobertura uniforme por toda la bandeja completa. Esto se repitió para cada grupo usando el tratamiento apropiado.

Crecimiento

- 5 Las bandejas se regaron por el fondo solamente y se fertilizaron con Jack's™ 15-16-17 (JR PETERS, Inc. Allentown, PA, EE. UU.) en cada riego (aproximadamente días alternos). La reposición diaria de las bandejas se realizó para evitar los posibles efectos sobre el crecimiento debido a variaciones de condiciones de luz en la cámara de crecimiento.

Procesamiento

- 10 Las bandejas se recolectaron entre dos y tres semanas. Se colocaron cúpulas transparentes de humedad en cada bandeja para evitar la evotranspiración durante el transporte. Las cúpulas se dejaron en su sitio hasta que se procesara la bandeja. Cada planta se cortó directamente por debajo de los cotiledones e inmediatamente se pesó en una balanza analítica.

Observaciones

- 15 Se observó que algunas cepas mostraban repetidamente un aumento en la biomasa de los brotes de plántulas de lechuga cuando la plántula se trataba en el momento de cotiledón. También se hicieron observaciones visuales de la masa y desarrollo de la raíz, de que los grupos tratados mostraban más crecimiento en el momento de la recolección. Debido a la variación natural de los sistemas biológicos, todos los tamaños de las muestras fueron de un 98 - 100 plantas como mínimo y cualquier diferencia por debajo del 12 % no se consideró significativa.

Conclusión

- 20 Es evidente que las cepas NLS0042, NLS0017, NLS0020 y NLS0068 muestran un aumento en el peso húmedo de plántulas de lechuga después de aplicación foliar. Las cepas NLS0069, NLS0037, NLS0038 y NLS0062 mostraron aumentos insignificantes en el peso húmedo en comparación con los controles. También se aprecia junto con un aumento en la biomasa de los brotes un aumento correspondiente en el desarrollo de las raíces.

Tabla 3. Efectos de los tratamientos foliares sobre el crecimiento de lechuga

cepa	valores cuantitativos	peso húmedo de la plántula (mg)		diferencia (%)	intervalo de confianza
		control	experimental		
NLS0017	1,4E+08	197,04	213,76	8,49 %	0,075
NLS0017	1,1E+09	157,72	211,03	33,81 %	0,000
NLS0020	2,2E+08	104,41	145,95	39,79 %	0,000
NLS0020	7,2E+08	205,34	247,12	20,34 %	0,030
NLS0020	1,2E+09	280,84	260,95	-7,08 %	0,224
NLS0021	1,6E+07	157,72	178,46	13,15 %	0,021
NLS0037	ND ²	197,04	198,93	0,96 %	0,846
NLS0038	7,4E+07	197,04	186,04	-5,58 %	0,250
NLS0042	9,3E+07	103,36	127,05	22,92 %	0,000
NLS0042	2,1E+08	205,34	235,92	14,89 %	0,095
NLS0042	6,4E+07	298,27	331,62	11,18 %	0,138
NLS0042	1,1E+08	157,72	196,12	24,35 %	0,000
NLS0046	1,8E+09	157,72	195,03	23,66 %	0,000
NLS0062	ND ²	280,84	243,09	-13,44 %	0,018
NLS0064	ND ²	205,34	240,47	17,10 %	0,042
NLS0064	ND ²	298,27	306,88	2,89 %	0,691
NLS0065	4,2E+08	197,04	214,59	8,91 %	0,077
NLS0066	5,9E+08	205,34	241,92	17,81 %	0,035
NLS0066	1,2E+08	280,84	166,98	-40,54 %	0,000
NLS0068	1,7E+08	104,41	204,26	95,65 %	0,000
NLS0068	1,6E+08	205,34	288,46	40,47 %	0,000
NLS0068	3,1E+08	298,27	296,68	-0,53 %	0,944
NLS0068	3,1E+08	280,84	264,65	-5,76 %	0,337
NLS0068	3,1E+08	157,72	183,84	16,56 %	0,010
NLS0069	4,5E+07	99,85	103,54	3,70 %	0,711
NLS0089	1,3E+09	280,84	282,94	0,75 %	0,896
¹ Cada línea representa datos obtenidos de una bandeja separada de plantas tratadas frente a plantas de control. ² ND: no determinado.					

Ejemplo 4. Identificación de polimorfismos de ácido nucleico presentes en metilobacterias que mejoran la producción de lechuga

Se generan colecciones de secuenciación de todo el genoma para la plataforma de secuenciación de alto rendimiento Illumina™ para aislados de especies de metilobacterias proporcionados en la tabla 1 usando kits de preparación de muestras de ADN Illumina TRUSEQ™ o NEXTERA™ (descritos en los sitios de Internet res.illumina.com/documents/products/datasheets/datasheet_truseq_dna_sample_prep_kits.pdf y res.illumina.com/documents/products/datasheets/datasheet_nextera_dna_sample_prep.pdf) usando los métodos descritos por el fabricante. Las colecciones resultantes entonces se someten a pirosecuenciación (Siqueira JF *et al.* J Oral Microbiol. 2012; 4: 10.3402/jom.v4i0.10743). Los datos sin procesar de secuencias genómicas generadas por pirosecuenciación se someten a ajuste basado en adaptador y calidad para el control de calidad. Se consigue en un ensamblaje de secuencia forzoso de todo el genoma (1) ensamblando los datos que han pasado el control de calidad usando el ensamblador *de novo* Velvet (2). Para el hallazgo y anotación de genes, se aprovecharon los datos de instrucción de referencia de TIGRFAM (9), Pfam, COG (10) y UniRef100 (11). Los ARNr se identifican con RNAmmer (5), los genes que codifican proteínas se identifican con Glimmer (3) o Maker (6), y los ARNt se identifican con tRNAscan-SE (4). Las funciones génicas se asignan con blastx (7), blastp (7), HMMER (8) e InterProScan frente a bases de datos de proteínas exhaustivas descritas anteriormente (datos de referencia).

La detección de polimorfismos (SNP u otras variaciones de ADN que se producen como resultado de inserciones, eliminaciones y sustituciones (indeles)) en los aislados de especies de metilobacteria de la tabla 1 se realiza con BWA (12) y el paquete Samtools (en Internet en samtools.sourceforge.net/), la variación estructural se define con BreakDancer (en Internet en breakdancer.sourceforge.net/) y CoGE (en Internet en genomevolution.org/CoGe/). Los polimorfismos diagnósticos para metilobacterias que proporcionan producción de lechuga aumentada se identifican por comparaciones de las secuencias de los aislados de metilobacterias ejemplares NLS0020, NLS0066, NLS0017, NLS0065, NLS0089, NLS0042 y/o NLS0068 que mejoran la producción de lechuga, pero que están ausentes de uno o más aislados de metilobacterias que no mejoran la producción de lechuga. Los polimorfismos presentes en los aislados de las metilobacterias ejemplares NLS0020, NLS0066, NLS0017, NLS0065, NLS0089, NLS0042 y/o NLS0068 que mejoran la producción de lechuga, pero que están ausentes en aislados de metilobacterias ejemplares que no mejoran la producción de lechuga, se usan entonces para identificar otros aislados de metilobacterias que mejoran la producción de lechuga.

Referencias para el ejemplo 4

1. Miller JR, Koren S, Sutton G (2010) Assembly algorithms for next-generation sequencing data. *Genomics* 95: 315-327.
2. Zerbino DR, Birney E (2008) Velvet: algorithms for de novo short read assembly using de Bruijn graphs. *Genome Res* 18: 821-829.
3. Delcher AL, Bratke KA, Powers EC, Salzberg SL (2007) Identifying bacterial genes and endosymbiont DNA with Glimmer. *Bioinformatics* 23: 673-679.
4. Lowe TM, Eddy SR (1997) tRNAscan-SE: a program for improved detection of transfer RNA genes in genomic sequence. *Nucleic Acids Res* 25: 955-964.
5. Lagesen K, Hallin P, Rodland EA, Staerfeldt HH, Rognes T, *et al.* (2007) RNAmmer: consistent and rapid annotation of ribosomal RNA genes. *Nucleic Acids Res* 35: 3100-3108.
6. Cantarel B, Korf I, Robb S, *et al.* (2008) MAKER: An easy-to-use annotation pipeline designed for emerging model organism genomes. *Genome Research* 18: 188-196.
7. Altschul SF, Madden TL, Schaffer AA, Zhang J, Zhang Z, *et al.* (1997) Gapped BLAST and PSI-BLAST: a new generation of protein database search programs. *Nucleic Acids Res* 25: 3389-3402.
8. Eddy SR (2009) A new generation of homology search tools based on probabilistic inference. *Genome Inform* 23: 205-211.
9. Haft DH, Selengut JD, White O (2003) The TIGRFAMs database of protein families. *Nucleic Acids Res* 31: 371-373.
10. Tatusov RL, Fedorova ND, Jackson JD, Jacobs AR, Kiryutin B, *et al.* (2003) The COG database: an updated version includes eukaryotes. *BMC Bioinformatics* 4: 41.
11. Suzek BE, Huang H, McGarvey P, Mazumder R, Wu CH (2007) UniRef: comprehensive and non-redundant UniProt reference clusters. *Bioinformatics* 23: 1282-1288.
12. Li H. y Durbin R. (2009) Fast and accurate short read alignment with Burrows-Wheeler Transform. *Bioinformatics*, 25:1754-60.

Ejemplo 5. La inoculación de semillas de lechuga "Flandria" con PPFM aumenta la biomasa de brotes y raíces.**Siembra**

Se colocó una plancha de 276 celdas de Oasis HORTICUBES® (corte delgado de 2,54 cm (1 pulgada); Smithers-Oasis North America, Kent, OH, EE. UU.) en una bandeja de malla 1020. La bandeja se dividió a la mitad con un trozo de plástico para permitir dos grupos por bandeja. Los Oasis HORTICUBES® se regaron hasta saturación completa. Se usaron semillas de lechuga Flandria de Rijk Zwaan USA (Salinas, CA, EE. UU.). Se colocó una semilla en cada celda para un total de 132 o 144 semillas por grupo.

Inoculación de semillas de lechuga

Las cepas PPFM a ensayar se hicieron crecer como se describe en el ejemplo 1 en un medio líquido complementado con tierra infusoria a 2 gramos/litro. En el banco de trabajo, se pipeteó la cantidad deseada de solución de PPFM en tubos cónicos (asegurándose de dar vueltas/agitar el frasco vigorosamente antes del pipeteo para suspender las partículas). Se usó una centrífuga para sedimentar las células a 7500 RPM durante 5 minutos a 23 °C. Se desechó el sobrenadante y los sedimentos de PPFM se resuspendieron en un volumen igual de agua.

Se pipetearon 100 microlitros de solución (solución de PPFM para grupos tratados y agua corriente para grupos de control) en la parte superior de cada semilla. El tubo se agitó periódicamente para mantener las células PPFM en suspensión. Se colocaron cúpulas transparentes de humedad sobre cada bandeja. Las bandejas se colocaron en un invernadero con ajustes de temperatura de 30 °C durante el día, 28 °C por la noche y con una duración de 16 horas de día obtenida con el uso de luz complementaria si fuera necesario.

Crecimiento

Después de dos a tres días después de la siembra, las semillas habían germinado y se retiraron las cúpulas de humedad. Las bandejas se regaron por la parte superior y se fertilizaron con Jack's™ 15-16-17 (JR PETERS, Inc. Allentown, PA, EE. UU.) en cada riego. La reposición diaria de las bandejas se realizó para evitar los posibles efectos sobre el crecimiento debido a variaciones de condiciones de luz en la cámara de crecimiento.

Procesamiento

Las plántulas de lechuga se recolectaron a los 10 días después de la siembra. Cada planta se cortó directamente por debajo de los cotiledones e inmediatamente se pesó en una balanza analítica.

Observaciones

Se observó que algunas cepas mostraban repetidamente un aumento en la biomasa de brotes de las plántulas de lechuga después del tratamiento de las semillas. También se hicieron observaciones visuales de la masa y desarrollo de las raíces, y se apreció que los grupos tratados mostraban más crecimiento en el momento de la recolección. La fila exterior de cada grupo no se recolectó para eliminar cualquier efecto de borde en las bandejas.

Conclusión

Es evidente que las cepas PPFM NLS0017, NLS0020, NLS0066 NLS0068 mostraban un aumento reproducible y estadísticamente significativo en el peso húmedo de las plántulas de lechuga después del tratamiento de las semillas. También se apreció junto con un aumento en la biomasa de los brotes un aumento correspondiente en el desarrollo de las raíces.

Tabla 4. Resultados para la inoculación de semillas de lechuga "Flandria"

Cepa	Valor cuantitativo (UFC/ml)	peso húmedo de la plántula		Diferencia (%)	intervalo de confianza
		Control (agua)	Experimental (PPFM)		
NLS0017	1,1E+09	103,38	152,14	47,16 %	0,000
NLS0017	1,1E+09	90,98	174,23	91,51 %	0,000
NLS0017	1,1E+09	45,47	80,74	77,57 %	0,000
NLS0017	1,1E+09	101,46	174,29	71,78 %	0,000
NLS0017	1,1E+09	265,34	296,75	11,84 %	0,000
NLS0020	1.2E+09	103,38	123,00	18,98 %	0,000
NLS0020	1.2E+09	90,98	174,92	92,27 %	0,000
NLS0020	1.2E+09	45,47	72,21	58,80 %	0,000
NLS0020	1.2E+09	41,85	62,27	48,79 %	0,000
NLS0020	1.2E+09	195,98	232,44	18,60 %	0,000
NLS0020	1.2E+09	89,68	121,69	35,68 %	0,000
NLS0020	1.2E+09	136,75	171,62	25,50 %	0,000
NLS0020	1.2E+09	69,18	141,55	104,59 %	0,000

Cepa	Valor cuantitativo (UFC/ml)	peso húmedo de la plántula		Diferencia (%)	intervalo de confianza
		Control (agua)	Experimental (PPFM)		
NLS0020	1.2E+09	38,38	63,65	65,84 %	0,000
NLS0020	1.2E+09	49,53	85,78	73,18 %	0,000
NLS0037	no determinado	183,18	199,05	8,67 %	0,008
NLS0037	1.8E+08	68,26	136,58	100,08 %	0,000
NLS0038	5.2E+07	183,18	201,56	10,03 %	0,007
NLS0038	5.2E+07	68,26	108,01	58,23 %	0,000
NLS0038	5.2E+07	129,32	154,95	19,82 %	0,000
NLS0042	1,1E+08	59,84	110,04	83,90 %	0,000
NLS0042	1,1E+08	183,18	186,49	1,81 %	0,650
NLS0042	1,1E+08	68,26	99,76	46,15 %	0,000
NLS0062	3.6E+07	129,32	156,18	20,77 %	0,000
NLS0062	3.6E+07	140,95	190,36	35,06 %	0,000
NLS0064	4.5E+08	129,32	158,58	22,63 %	0,000
NLS0064	4.5E+08	140,95	231,99	64,60 %	0,000
NLS0065	3.7E+07	140,95	211,13	49,80 %	0,000
NLS0066	1.2E+08	103,38	180,71	74,80 %	0,000
NLS0066	1.2E+08	90,98	163,37	79,57 %	0,000
NLS0066	1.2E+08	45,47	96,07	111,28 %	0,000
NLS0066	1.2E+08	91,32	114,02	24,86 %	0,000
NLS0066	1.2E+08	209,04	279,74	33,83 %	0,000
NLS0068	2.1E+08	68,26	98,67	44,55 %	0,000
NLS0068	1.7E+08	129,32	181,12	40,06 %	0,000
NLS0068	1.7E+08	140,95	217,89	54,59 %	0,000
NLS0069	1.6E+08	59,84	113,78	90,15 %	0,000
NLS0069	5.6E+07	68,26	75,17	10,12 %	0,095
NLS0069	1.5E+08	129,32	164,10	26,89 %	0,000
NLS0089	3.0E+07	140,95	225,72	60,14 %	0,000

Referencias

- Abanda-Nkpwatt, D., M. Musch, J. Tschiersch, M. Boettner y W. Schwab. 2006. Molecular interaction between *Methylobacterium extorquens* and seedlings: growth promotion, methanol consumption, and localization of the methanol emission site. *J. Exp. Bot.* 57: 4025-4032.
- Broekaert WF, Terras FR, Cammue BP, Vanderleyden J (1990) An automated quantitative assay for fungal growth inhibition. *FEMS Microbiology Letters* 69: 55-60.
- Cao, Y-R, Wang, Q., Jin, R-X., Tang, S-K., He, W-X., Lai, H-X, Xu, L-H. y C-L Jiang. 2011. *Methylobacterium soli* sp. nov. a methanol-utilizing bacterium isolated from the forest soil. *Antonie van Leeuwenhoek* (2011) 99:629-634.
- Corpe, W.A. y D.V. Basile. 1982. Methanol-utilizing bacteria associated with green plants. *Devel. Industr. Microbiol.* 23: 483-493.
- Corpe, W.A. y S. Rheem. 1989. Ecology of the methylotrophic bacteria on living leaf surfaces. *FEMS Microbiol. Ecol.* 62: 243-250.
- Green, P.N. 2005. *Methylobacterium*. en Brenner, D.J., N.R. Krieg y J.T. Staley (eds.). "Bergey's Manual of Systematic Bacteriology. Volumen dos, The Proteobacteria. Part C, The alpha-, beta-, delta-, and epsilonproteobacteria." Segunda edición. Springer, Nueva York. Páginas 567-571.
- Green, P.N. 2006. *Methylobacterium*. en Dworkin, M., S. Falkow, E. Rosenberg, K.-H. Schleifer y E. Stackebrandt (eds.). "The Prokaryotes. A Handbook on the Biology of Bacteria. Volume 5. Proteobacteria: Alpha and Beta Subclasses." Tercera edición. Springer, Nueva York. Páginas 257-265.
- Holland, M.A. 1997. *Methylobacterium* and plants. *Recent. Res. Devel. in Plant Physiol.* 1: 207-213.
- Holland, M.A. y J.C. Polacco. 1994. PPFMs and other covert contaminants: Is there more to plant physiology than just plant? *Annu. Rev. Plant Physiol. Plant Mol. Biol.* 45: 197-209.
- Kutschera, U. 2007. Plant-associated methylobacteria as co-evolved phytosymbionts. A hypothesis. *Plant Signal Behav.* 2: 74-78.

11. Lidstrom, M.E. 2006. Aerobic methylotrophic prokaryotes. En Dworkin, M., S. Falkow, E. Rosenberg, K.-H. Schleifer y E. Stackebrandt (eds.). "The Prokaryotes. A Handbook on the Biology of Bacteria. Volume 2. Ecophysiology and biochemistry." Tercera edición. Springer, Nueva York. Páginas 618-634.
- 5 12. Madhaiyan, M., S. Poonguzhali, H.S. Lee, K. Hari, S.P. Sundaram y T.M. Sa. 2005. Pink-pigmented facultative methylotrophic bacteria accelerate germination, growth and yield of sugarcane clone Co86032 (*Saccharum officinarum* L.) *Biol. Fertil. Soils* 41: 350-358.
13. Madhaiyan, M., S. Poonguzhali, M. Senthilkumar, S. Seshadri, H. Chung, J. Yang, S. Sundaram y T. Sa. 2004. Growth promotion and induction of systemic resistance in rice cultivar C0-47 (*Oryza sativa* L.) by *Methylobacterium* spp. *Bot. Bull. Acad. Sin.* 45: 315-324.
- 10 14. Madhaiyan, M., S. Poonguzhali y T. Sa. 2007. Influence of plant species and environmental conditions on epiphytic and endophytic pink-pigmented facultative methylotrophic bacterial populations associated with field-grown rice cultivars. *J Microbiol Biotechnol.* Octubre de 2017;17(10):1645-54.
- 15 15. Stanier, R.Y., N.J. Palleroni y M. Doudoroff. 1966. The aerobic pseudomonads: A taxonomic study. *J. Gen. Microbiol.* 43: 159-271.
16. Sy, A., Giraud, E., Jourand, P., Garcia, N., Willems, A., De Lajudie, P., Prin, Y., Neyra, M., Gillis, M., Boivin-Masson, C. y Dreyfus, B. 2001. Methylotrophic *Methylobacterium* Bacteria Nodulate and Fix Nitrogen in Symbiosis with Legumes. *Jour. Bacteriol.* 183(1):214-220,
17. Sy, A., A.C.J. Timmers, C. Knief y J.A. Vorholt. 2005. Methylotrophic metabolism is advantageous for *Methylobacterium extorquens* during colonization of *Medicago truncatula* under competitive conditions. *Appl. Environ. Microbiol.* 71: 7245-7252.
- 20 18. Vogel, H.J. y D.M. Bonner. 1956. Acetylornithinase of *Escherichia coli*: Partial purification and some properties. *J. Biol. Chem.* 218: 97-106.
19. Vogel, H. J. 1956. A convenient growth medium for *Neurospora* (Medium N). *Microbial Genet Bull* 13: 42-43
- 25 20. Whittenbury, R., S.L. Davies y J.F. Wilkinson. 1970. Enrichment, isolation and some properties of methane-utilizing bacteria. *J. Gen. Microbiol.* 61: 205-218.
21. Vuilleumier S, Chistoserdova L, Lee MC, Bringel F, Lajus A, Zhou Y, Gourion B, Barbe V, Chang J, Cruveiller S, Dossat C, Gillett W, Gruffaz C, Haugen E, Hourcade E, Levy R, Mangenot S, Muller E, Nadalig T, Pagni M, Penny C, Peyraud R, Robinson DG, Roche D, Rouy Z, Saenampechek C, Salvignol G, Vallenet D, Wu Z, Marx CJ, Vorholt JA, Olson MV, Kaul R, Weissenbach J, Médigue C, Lidstrom ME. *Methylobacterium* genome sequences: a reference blueprint to investigate microbial metabolism of C1 compounds from natural and industrial sources. *PLoS One.* 2009;4(5):e5584. doi: 10.1371/journal.pone.0005584. Epub 18 de mayo de 2009. PubMed PMID: 19440302; PubMed Central PMCID: PMC2680597.
- 30 22. Marx CJ, Bringel F, Chistoserdova L, Moulin L, Farhan U1 Haque M, Fleischman DE, Gruffaz C, Jourand P, Knief C, Lee MC, Muller EE, Nadalig T, Peyraud R, Roselli S, Russ L, Goodwin LA, Ivanova N, Kyrpides N, Lajus A, Land ML, Médigue C, Mikhailova N, Nolan M, Woyke T, Stolyar S, Vorholt JA, Vuilleumier S. Complete genome sequences of six strains of the genus *Methylobacterium*. *J Bacteriol.* Septiembre de 2012;194(17):4746-8. doi: 10.1128/JB.01009-12. PubMed PMID: 22887658; PubMed Central PMCID: PMC3415506.
- 35 23. Knief C, Frances L, Vorholt JA. Competitiveness of diverse *Methylobacterium* strains in the phyllosphere of *Arabidopsis thaliana* and identification of representative models, including *M. extorquens* PA1. *Microb Ecol.* Agosto de 2010;60(2):440-52. doi: 10.1007/s00248-010-9725-3. Epub 11 de agosto de 2010. PubMed PMID: 20700590.
- 40

Ejemplo 6. La inoculación de semillas de lechuga "Rex" con PPFM aumenta la biomasa de brotes y raíces.

Siembra

- Se colocó una plancha de 276 celdas de Oasis HORTICUBES® (corte delgado de 2,54 cm (1 pulgada); Smithers-Oasis North America, Kent, OH, EE. UU.) en una bandeja de malla 1020. La bandeja se dividió a la mitad con un trozo de plástico para permitir dos grupos por bandeja. Los Oasis HORTICUBES® se regaron hasta saturación completa. Se usó semillas de lechuga Rex. Se colocó una semilla en cada celda para un total de 132 o 144 semillas por grupo.
- 45

Inoculación de semillas de lechuga

- Las cepas PPFM a ensayar se hicieron crecer como se describe en el ejemplo 1 en un medio líquido complementado con tierra infusoria a 2 gramos/litro. En el banco de trabajo, se pipeteó la cantidad deseada de solución de PPFM en tubos cónicos (asegurándose de dar vueltas/agitar el frasco vigorosamente antes del pipeteo para suspender las partículas). Se usó una centrifuga para sedimentar las células a 7500 RPM durante 5 minutos a 23 °C. Se desechó el sobrenadante y los sedimentos de PPFM se resuspendieron en un volumen igual de agua.
- 50

Se pipetearon 100 microlitros de solución (solución de PPFM para grupos tratados y agua corriente para grupos de control) en la parte superior de cada semilla. El tubo se agitó periódicamente para mantener las células PPFM en suspensión. Se colocaron cúpulas transparentes de humedad sobre cada bandeja. Las bandejas se colocaron en un invernadero con ajustes de temperatura de 30 °C durante el día, 28 °C por la noche y con una duración de 16 horas de día obtenida con el uso de luz complementaria si fuera necesario.

Crecimiento

Después de dos a tres días después de la siembra, las semillas habían germinado y se retiraron las cúpulas de humedad. Las bandejas se regaron por la parte superior y se fertilizaron con Jack's™ 15-16-17 (JR PETERS, Inc. Allentown, PA, EE. UU.) en cada riego. La reposición diaria de las bandejas se realizó para evitar los posibles efectos sobre el crecimiento debido a variaciones de condiciones de luz en la cámara de crecimiento.

Procesamiento

Las plántulas de lechuga se recolectaron a los 10 días después de la siembra. Cada planta se cortó directamente por debajo de los cotiledones e inmediatamente se pesó en una balanza analítica.

Observaciones

Se observó que algunas cepas mostraban repetidamente un aumento en la biomasa de brotes de las plántulas de lechuga después del tratamiento de las semillas. También se hicieron observaciones visuales de la masa y desarrollo de las raíces, y se apreció que los grupos tratados mostraban más crecimiento en el momento de la recolección. La fila exterior de cada grupo no se recolectó para eliminar cualquier efecto de borde en las bandejas. Los resultados son como se muestran en la siguiente tabla.

Tabla 5.

Cepa	promedio de % de aumento en la biomasa de brotes en comparación con el control	n.º de ensayos
NLS0062	44,00 %	3
NLS0020	37,73 %	3
NLS0042	33,82 %	4
NLS0046	30,86 %	3
NLS0068	30,83 %	3
NLS0038	29,43 %	3
NLS0089	29,16 %	3
NLS0017	28,53 %	5
NLS0021	28,27 %	3
NLS0037	26,02 %	3
NLS0066	25,63 %	3
NLS0065	23,35 %	3
NLS0064	21,88 %	3
NLS0069	4,87 %	3

Conclusión

Fue evidente que las cepas PPFM NLS0017, NLS0020, NLS21, NLS0037, NLS0038, NLS42, NLS46, NLS62, NLS64, NLS0065, NLS0066, NLS0068 y NLS0089 mostraban un aumento reproducible y estadísticamente significativo en peso húmedo de las plántulas de lechuga después del tratamiento de las semillas. También se apreció junto con un aumento en la biomasa de los brotes un aumento correspondiente en el desarrollo de las raíces.

Ejemplo 7. Ensayos de semillas Flandria

Se trataron semillas de lechuga Flandria con los aislados PPFM indicados esencialmente como se describe en el ejemplo 5 para producir los siguientes resultados.

Table 6

cepa	peso húmedo (mg)		diferencia	IC
	control	experimental		
NLS0017	103,38	152,14	47,16 %	0,000
NLS0017	90,98	174,23	91,51 %	0,000
NLS0017	45,47	80,74	77,57 %	0,000
NLS0017	101,46	174,29	71,78 %	0,000
NLS0017	265,34	296,75	11,84 %	0,000

cepa	peso húmedo (mg)		diferencia	IC
	control	experimental		
NLS0017	99,82	163,01	63,30 %	0,000
NLS0020	103,38	123,00	18,98 %	0,000
NLS0020	90,98	174,92	92,27 %	0,000
NLS0020	45,47	72,21	58,80 %	0,000
NLS0020	41,85	62,27	48,79 %	0,000
NLS0020	195,98	232,44	18,60 %	0,000
NLS0020	89,68	121,69	35,68 %	0,000
NLS0020	136,75	171,62	25,50 %	0,000
NLS0020	69,18	141,55	104,59 %	0,000
NLS0020	38,38	63,65	65,84 %	0,000
NLS0020	49,53	85,78	73,18 %	0,000
NLS0037	59,84	109,56	83,10 %	0,000
NLS0037	183,18	199,05	8,67 %	0,008
NLS0037	68,26	136,58	100,08 %	0,000
NLS0037	97,72	156,97	60,63 %	0,000
NLS0037	91,74	130,58	42,34 %	0,000
NLS0037	99,08	108,96	9,97 %	0,030
NLS0037	61,72	120,61	95,41 %	0,000
NLS0042	59,84	110,04	83,90 %	0,000
NLS0042	183,18	184,47	0,70 %	0,650
NLS0042	68,26	99,76	46,15 %	0,000
NLS0042	61,72	109,42	77,28 %	0,000
NLS0065	140,95	211,13	49,80 %	0,000
NLS0065	61,72	109,38	77,22 %	0,000
NLS0065	86,75	154,51	78,11 %	0,000
NLS0065	97,67	99,42	1,79 %	0,691
NLS0066	103,38	180,71	74,80 %	0,000
NLS0066	90,98	163,37	79,57 %	0,000
NLS0066	45,47	96,07	111,28 %	0,000
NLS0066	91,32	114,02	24,86 %	0,000
NLS0066	209,04	279,74	33,83 %	0,000
NLS0066	99,82	101,20	1,38 %	0,920
NLS0135	223,15	227,21	1,82 %	0,588
NLS0135	90,94	111,89	23 %	0,000
NLS0135	145,2	118,14	-19 %	0,000
NLS0071	223,15	220,13	-1,35 %	0,716
NLS0071	90,94	107,2	18 %	0,000
NLS0071	145,2	129,62	-11 %	0,002
NLS0109	223,15	215,45	-3,45 %	0,316
NLS0109	90,94	109,91	21 %	0,000
NLS0109	145,2	126,9	-13 %	0,001
NLS0142	223,15	197,98	-11,28 %	0,002
NLS0142	90,94	94,89	4 %	0,324
NLS0142	145,2	121,09	-17 %	0,000

Fue evidente que las cepas PPFM NLS0017, NLS0037, NLS0066, NLS0020, NLS0042, NLS0065, NLS0089, NLS0046, NLS0021, NLS0069, NLS0068, NLS0064, NLS0062 y NLS0038 podían proporcionar una biomasa de lechuga aumentada con respecto a los tratamientos de control.

5 Ejemplo 8. Identificación de genes ortólogos presentes en especies de metilobacterias que pueden mejorar la producción de lechuga

Las cepas PPFM enumeradas en la tabla 1 se hicieron crecer en medio de agar sólido que comprende sales minerales de amonio (AMS) más glicerol y peptona a 30 °C durante 5 días, esencialmente como se describe en la publicación

de solicitud de patente de Estados Unidos del mismo cesionario que la presente n.º US20130324407. Se extrajo el ADN genómico usando el kit de aislamiento de ADN microbiano MO-BIO (Carlsbad, CA) Ultra Clean, y se usó 1 µg de ADN de alta calidad para la preparación de colección Illumina Nextera XT seguido de secuenciación de extremos emparejados Illumina 2x100 en un sistema HiSeq2000. Los datos sin procesar de secuencia genómica de Illumina se sometieron a ajuste basado en adaptador y calidad para el control de calidad. Se consiguió un ensamblaje de secuencia forzosa de todo el genoma ensamblando los datos que han pasado el control de calidad usando el ensamblador *de novo* SPADIS (33). Para el hallazgo y anotación de genes, se aprovecharon los datos de instrucción de referencia de TIGRFAM (9), Pfam, COG (10) y UniRef100 (11). Los ARNr se identificaron con RNAmmer (5), los genes que codifican proteínas se identificaron con Glimmer (3) y Maker (6), y los ARNt se identificaron con tRNAscan-SE (4). Las funciones génicas se asignaron con blastx (7), blastp (7), HMMER (8) e InterProScan frente a bases de datos de proteínas exhaustivas descritas anteriormente (datos de referencia). La detección de polimorfismos (SNP u otras variaciones de ADN que se producen como resultado de inserciones, eliminaciones y sustituciones (indeles)) en los aislados de especies de metilobacteria se realizó con BWA (12) y el paquete Samtools (en Internet en samtools.sourceforge.net/) y Genome Analysis Toolkit (GATK, disponible en el sitio de Internet "broadinstitute.org/gatk/"), la variación estructural se identificó con BreakDancer (en Internet en breakdancer.sourceforge.net/) y CoGE (en Internet en genomevolution.org/CoGe/).

Se predijeron genes que codificaban marcos abiertos de lectura a partir de las secuencias genómicas completas ensambladas de NLS0017, NLS0020, NLS0037, NLS0042, NLS0065, NLS0066, NLS0135, NLS0071, NLS0109 y NLS0142 esencialmente como se describe anteriormente. Dentro y entre el genoma se agruparon genes ortólogos usando OrthoMCL (disponible en el sitio de Internet "orthomcl.org/orthomcl/"). Se asignaron supuestas anotaciones funcionales a los productos génicos usando BLASTP (disponible en el sitio de Internet "blast.ncbi.nlm.nih.gov/Blast.cgi") frente a la base de datos UniProt (disponible en el sitio de Internet "uniprot.org/"). Los genes presentes en genomas individuales de NLS0017, NLS0020, NLS0037, NLS0042, NLS0065 y NLS0066 que podían mejorar la producción de lechuga (como se muestra en el ejemplo 7), pero que están ausentes en el conjunto completo de genomas de NLS0135, NLS0071, NLS0109 y NLS0142 que no mejoraban la producción de lechuga (como se muestra en el ejemplo 7) se identificaron en grupos OrthoMCL usando un programa informático personalizado. Las proteínas codificadas encontradas en las metilobacterias NLS0017, NLS0020, NLS0037, NLS0042, NLS0065 y NLS0066 que podían mejorar la producción de lechuga se proporcionan en el listado de secuencias como SEQ ID NO: 1-5125. Las secuencias de ácido nucleico que codifican las proteínas de SEQ ID NO: 1-5125 son SEQ ID NO: 5126-10250, respectivamente. Las proteínas codificadas por genes presentes en NLS0017, pero ausentes de NLS0135, NLS0071, NLS0109 y NLS0142 se proporcionan como SEQ ID NO: 1-1086. Las proteínas codificadas por genes presentes en NLS0020, pero ausentes de NLS0135, NLS0071, NLS0109 y NLS0142 se proporcionan como SEQ ID NO: 1087-2176. Las proteínas codificadas por genes presentes en NLS0037, pero ausentes de NLS0135, NLS0071, NLS0109 y NLS0142 se proporcionan como SEQ ID NO: 2177-2461. Las proteínas codificadas por genes presentes en NLS0042, pero ausentes de NLS0135, NLS0071, NLS0109 y NLS0142 se proporcionan como SEQ ID NO: 2462-3347. Las proteínas codificadas por genes presentes en NLS0065, pero ausentes de NLS0135, NLS0071, NLS0109 y NLS0142 se proporcionan como SEQ ID NO: 3348-3949. Las proteínas codificadas por genes presentes en NLS0066, pero ausentes de NLS0135, NLS0071, NLS0109 y NLS0142 se proporcionan como SEQ ID NO: 3950-5125. Los grupos de genes ortólogos que representan genes que codifican proteínas encontradas en los genomas de al menos dos genomas individuales de NLS0017, NLS0020, NLS0037, NLS0042, NLS0065 y/o NLS0066 que podían mejorar la producción de lechuga (como se muestra en el ejemplo 7), pero que están ausentes en el conjunto completo de genomas de NLS0135, NLS0071, NLS0109 y NLS0142 que no mejoraban la producción de lechuga se proporcionan en la tabla 7. En la tabla 7, se proporcionan grupos de genes ortólogos en cada fila, donde la secuencia más larga y el número de identificación de secuencia único asociado se designan como una secuencia de referencia para representar el grupo ortólogo (columna 3 de la tabla 7). El número de identificación del grupo ortólogo se proporciona en la columna 1 de la tabla 7, la identidad génica más cercana basada en comparaciones de bases de datos se proporciona en la columna 2 de la tabla 7 y la secuencia de referencia para cada grupo ortólogo se proporciona en la columna 3 de la tabla 7. Ejemplos de secuencias ortólogas encontradas en NLS0017, NLS0020, NLS0037, NLS0042, NLS0065 y NLS0066 se proporcionan como SEQ ID NO: en la tabla 7, columnas 4, 5, 6, 7, 8 y 9, respectivamente.

Tabla 7. Grupos de genes ortólogos

Identificador único de grupo ortólogo	Comentario	SEQ ID NO: de ortól. de referen cia	SEQ ID NO: de ortól. de NLS00 17	SEQ ID NO: de ortól. de NLS00 20	SEQ ID NO: de ortól. de NLS00 37	SEQ ID NO: de ortól. de NLS00 42	SEQ ID NO: de ortól. de NLS00 65	SEQ ID NO: de ortól. de NLS00 66
4678v201411 16	proteína hipotética Mpop_4447	2467	8	1091	NA	2467	3352	3954
4682v201411 16	proteína hipotética Mchl_0132	2468	9	1092	NA	2468	3353	3955

ES 2 851 384 T3

Identificador único de grupo ortólogo	Comentario	SEQ ID NO: de ortól. de referen cia	SEQ ID NO: de ortól. de NLS00 17	SEQ ID NO: de ortól. de NLS00 20	SEQ ID NO: de ortól. de NLS00 37	SEQ ID NO: de ortól. de NLS00 42	SEQ ID NO: de ortól. de NLS00 65	SEQ ID NO: de ortól. de NLS00 66
4747v201411 16	histidina cinasa	3357	11	1093	NA	2472	3357	3959
4748v201411 16	regulador transcripcional	1094	12	1094	NA	2473	3358	3960
4749v201411 16	histidina cinasa	13	13	1095	NA	2474	3359	3961
4809v201411 16	sacaropina deshidrogenasa	14	14	1097	NA	2481	3365	3966
4837v201411 16	proteína similar a transportador ABC	1100	17	1100	2179	2484	3367	NA
4841v201411 16	proteína hipotética Mpop_0734	3968	19	1102	NA	2486	3368	3968
4904v201411 16	proteína de fusión de membrana de secreción de la familia HlyD de tipo I	3370	22	1103	NA	2491	3370	3972
4905v201411 16	Familia XRE de reguladores transcripcionales	23	23	1104	NA	2492	3371	3973
4942v201411 16	ATPasa del sistema de secreción de tipo I	1106	25	1106	NA	2494	3373	3974
3799v201411 16	proteína hipotética	3950	1	1088	NA	2462	NA	3950
4369v201411 16	proteína hipotética METDI0048	3952	6	1090	2177	NA	NA	3952
4454v201411 16	nucleótido de piridina- disulfuro oxidoreductasa dependiente de FAD	2463	7	NA	2178	2463	3348	NA
4740v201411 16	bomba de descarga de arsenito ACR3	2471	10	NA	NA	2471	3356	3958
4926v201411 16	regulador transcripcional de la familia LysR	3372	24	1105	NA	2493	3372	NA
4948v201411 16	proteína hipotética Mchl_1383	2180	26	NA	2180	2495	3374	NA
5012v201411 16	COG3293: Transposasa y derivados inactivados	27	27	1107	NA	2500	3377	NA
5041v201411 16	proteína hipotética	28	28	1108	NA	2502	3378	NA
5096v201411 16	proteína hipotética	30	30	1109	NA	2504	3380	NA
5122v201411 16	proteína hipotética Mchl_3038	2510	31	1110	NA	2510	3385	NA
5202v201411 16	proteína hipotética Mext_4122	2515	33	1113	NA	2515	3387	NA
5212v201411 16	proteína hipotética	1114	35	1114	NA	2516	3388	NA
5238v201411 16	proteína que contiene dominio OmpA/MotB	3987	36	1115	NA	NA	3392	3987
5246v201411 16	transportador de múltiples fármacos MatE	1116	37	1116	2182	2521	NA	NA
5258v201411 16	proteína hipotética	1117	38	1117	NA	2522	3393	NA
5263v201411 16	porina	3394	39	1118	NA	2523	3394	NA
5363v201411 16	proteína hipotética	40	40	1119	NA	2533	3401	NA
5374v201411 16	citocromo P450	1120	41	1120	NA	2534	NA	3992

Identificador único de grupo ortólogo	Comentario	SEQ ID NO: de ortól. de referen cia	SEQ ID NO: de ortól. de NLS00 17	SEQ ID NO: de ortól. de NLS00 20	SEQ ID NO: de ortól. de NLS00 37	SEQ ID NO: de ortól. de NLS00 42	SEQ ID NO: de ortól. de NLS00 65	SEQ ID NO: de ortól. de NLS00 66
5433v201411 16	peptidasa C14	3996	42	1121	NA	NA	3412	3996
5434v201411 16	proteína hipotética	43	43	1122	NA	NA	3413	3997
5497v201411 16	ATPasa	44	44	NA	NA	2561	3425	4003
5506v201411 16	proteína hipotética	4004	45	1123	NA	NA	3426	4004
5507v201411 16	proteína hipotética	3427	46	1124	NA	NA	3427	4005
5508v201411 16	proteína hipotética Mpop_0725	4006	47	1125	NA	NA	3428	4006
5509v201411 16	proteína hipotética	3429	48	1126	NA	NA	3429	4007
5510v201411 16	proteína hipotética	3430	49	1127	NA	NA	3430	4008
5585v201411 16	proteína hipotética Mpop_0722	51	51	1128	NA	NA	3443	4012
5586v201411 16	proteína hipotética Mpop_0723	52	52	1129	NA	NA	3444	4013
5790v201411 16	proteína hipotética	57	57	1134	NA	2619	3476	NA
5984v201411 16	proteína de unión a penicilina	2676	60	1136	NA	2676	3502	NA
6022v201411 16	proteína ParE de estabilización de plásmidos	2190	NA	1139	2190	2680	NA	4021
6819v201411 16	deshidrogenasa de cadena corta	76	76	1155	2201	NA	3542	NA
7006v201411 16	proteína de membrana interna del sistema de transporte dependiente de proteína de unión	4067	84	1163	NA	2796	NA	4067
7040v201411 16	proteína hipotética	85	85	1164	NA	2799	NA	4069
7299v201411 16	familia 2 de glucosiltransferasa	1180	105	1180	2206	NA	NA	4087
7707v201411 16	fosfohidrolasa dependiente de metales	127	127	1203	2214	NA	NA	4111
8313v201411 16	GDP-L-fucosa sintasa	197	197	1264	2237	NA	NA	4171
8314v201411 16	epimerasa/deshidratasa dependiente de NAD	198	198	1265	2238	NA	NA	4172
8315v201411 16	epimerasa/deshidratasa dependiente de NAD	199	199	1266	2239	NA	NA	4173
8898v201411 16	Familia LysR de reguladores transcripcionales	2971	250	1309	2263	2971	NA	NA
4353v201411 16	transposasa parcial	5	5	1089	NA	NA	NA	3951
4597v201411 16	peroxirredoxina	2464	NA	NA	NA	2464	3350	3953
4733v201411 16	dominio de tipo 2 de acil- CoA deshidrogenasa	3956	NA	NA	NA	2469	3354	3956
4734v201411 16	transportador ABC	3355	NA	NA	NA	2470	3355	3957

Identificador único de grupo ortólogo	Comentario	SEQ ID NO: de ortól. de referen cia	SEQ ID NO: de ortól. de NLS00 17	SEQ ID NO: de ortól. de NLS00 20	SEQ ID NO: de ortól. de NLS00 37	SEQ ID NO: de ortól. de NLS00 42	SEQ ID NO: de ortól. de NLS00 65	SEQ ID NO: de ortól. de NLS00 66
4782v201411 16	proteína de membrana interna de transportador ABC	2475	NA	NA	NA	2475	3360	3962
4783v201411 16	señal de la ruta de translocación de arginina doble	2476	NA	NA	NA	2476	3361	3963
4792v201411 16	COG3293: Transposasa y derivados inactivados	1096	NA	1096	NA	2477	3362	NA
4797v201411 16	proteína hipotética METDI2339	3364	NA	NA	NA	2480	3364	3964
4829v201411 16	diguanilato ciclasa	3366	NA	NA	NA	2482	3366	3967
4831v201411 16	proteína hipotética	16	16	1098	NA	2483	NA	NA
4839v201411 16	proteína hipotética	2485	18	1101	NA	2485	NA	NA
4901v201411 16	proteína de la familia OmpW	3971	NA	NA	NA	2490	3369	3971
5103v201411 16	proteína hipotética METDI2906	3381	NA	NA	NA	2506	3381	3977
5118v201411 16	aminoglucósido fosfotransferasa	2508	NA	NA	NA	2508	3383	3978
5144v201411 16	proteína hipotética	1111	NA	1111	2181	NA	NA	3980
5183v201411 16	transportador ABC	2513	32	1112	NA	2513	NA	NA
5217v201411 16	hemolisina	2517	NA	NA	NA	2517	3389	3985
5283v201411 16	regulador transcripcional de la familia BadM/Rrf2	3988	NA	NA	NA	2525	3396	3988
5391v201411 16	5'-nucleotidasa	2543	NA	NA	NA	2543	3407	3994
5420v201411 16	proteína D asociada a virulencia	3411	NA	NA	NA	2547	3411	3995
5471v201411 16	proteína hipotética Mpop_1169	3416	NA	NA	NA	2550	3416	3998
5473v201411 16	proteína hipotética Mpop_3884	2551	NA	NA	NA	2551	3417	3999
5487v201411 16	proteína hipotética	2558	NA	NA	NA	2558	3422	4002
5513v201411 16	proteína hipotética Mext_2210	3431	50	NA	NA	2563	3431	NA
5566v201411 16	proteína hipotética METDI0649	4010	NA	NA	NA	2572	3439	4010
5669v201411 16	proteína hipotética	53	53	1130	NA	NA	3458	NA
5675v201411 16	factor de elongación de la familia GreA/GreB	54	54	1131	NA	NA	3460	NA
5683v201411 16	subunidad MFP del transportador de flujo saliente de la familia RND	2590	NA	NA	2183	2590	3462	NA
5728v201411 16	permeasa de transportador ABC	2603	NA	NA	2184	2603	NA	4016
5782v201411 16	proteína hipotética METDI1995	2617	56	NA	NA	2617	3474	NA
5850v201411 16	proteína hipotética	4018	NA	NA	NA	2631	3485	4018

Identificador único de grupo ortólogo	Comentario	SEQ ID NO: de ortól. de referen cia	SEQ ID NO: de ortól. de NLS00 17	SEQ ID NO: de ortól. de NLS00 20	SEQ ID NO: de ortól. de NLS00 37	SEQ ID NO: de ortól. de NLS00 42	SEQ ID NO: de ortól. de NLS00 65	SEQ ID NO: de ortól. de NLS00 66
5911v201411 16	proteína hipotética MexAM1 META1p112 0	2647	NA	NA	NA	2647	3497	4019
5989v201411 16	proteína hipotética	61	61	1137	NA	2677	NA	NA
6009v201411 16	regulador transcripcional de la familia TetR	1138	62	1138	NA	2679	NA	NA
6028v201411 16	UDP-glucosa 6- deshidrogenasa	63	63	1140	NA	NA	3504	NA
6091v201411 16	ADN topoisomerasa III	64	64	1141	NA	NA	NA	4024
6093v201411 16	subunidad alfa de la hidrolasa de la subfamilia de tartrato/fumarato de tipo Fe-S	65	65	1142	NA	NA	NA	4025
6183v201411 16	histidina cinasa híbrida detectora PAS/PAC	2697	NA	NA	NA	2697	3513	4028
6196v201411 16	proteína hipotética	67	67	NA	2191	2700	NA	NA
6235v201411 16	proteína hipotética	1144	70	1144	NA	NA	NA	4031
6301v201411 16	proteína hipotética Mchl_1527	2709	NA	NA	NA	2709	3517	4032
6437v201411 16	proteína que contiene dominio Sell	3521	72	1146	NA	NA	3521	NA
6442v201411 16	fumarato hidratasa	2724	73	1147	NA	2724	NA	NA
6618v201411 16	proteína hipotética Mpop_4203	2745	NA	NA	2199	2745	NA	4045
6687v201411 16	proteína de unión a sustrato del transportador ABC de péptidos	75	75	1152	NA	NA	3534	NA
6785v201411 16	proteína de la familia fold de hidrolasa alfa/beta	2763	NA	NA	NA	2763	3540	4052
6823v201411 16	proteína de la superfamilia tioesterasa	77	77	1157	NA	NA	3543	NA
7042v201411 16	proteína de unión a ATP del transportador ABC de arginina	86	86	1165	NA	NA	NA	4070
7043v201411 16	proteína de resistencia a glioxalasa/bleomicina/dioxi genasa	2800	87	1166	NA	2800	NA	NA
7048v201411 16	glioxalasa	89	89	1167	NA	NA	NA	4071
7189v201411 16	proteína hipotética VOLCADRAFT_119358	1172	97	1172	NA	NA	NA	4077
7290v201411 16	proteína de hierro-azufre de succinato deshidrogenasa y fumarato reductasa	4080	98	1173	NA	NA	NA	4080
7291v201411 16	anclaje de membrana de succinato deshidrogenasa	99	99	1174	NA	NA	NA	4081
7292v201411 16	subunidad de citocromo b de succinato deshidrogenasa	100	100	1175	NA	NA	NA	4082
7293v201411 16	subunidad beta de L(+)- tartrato o fumarato deshidratasa	101	101	1176	NA	NA	NA	4083

Identificador único de grupo ortólogo	Comentario	SEQ ID NO: de ortól. de referen cia	SEQ ID NO: de ortól. de NLS00 17	SEQ ID NO: de ortól. de NLS00 20	SEQ ID NO: de ortól. de NLS00 37	SEQ ID NO: de ortól. de NLS00 42	SEQ ID NO: de ortól. de NLS00 65	SEQ ID NO: de ortól. de NLS00 66
7294v201411 16	fumarato reductasa	102	102	1177	NA	NA	NA	4084
7295v201411 16	proteína similar a YCII	103	103	1178	NA	NA	NA	4085
7297v201411 16	proteína similar a componente periplásmico del sistema de transporte de tipo TRAP	104	104	1179	NA	NA	NA	4086
7310v201411 16	proteína de unión a sustrato del transportador ABC	4088	106	1183	NA	NA	NA	4088
7311v201411 16	permeasa GsiD de transportador ABC de glutación	107	107	1184	NA	NA	NA	4089
7312v201411 16	ATPasa de transportador ABC de oligopéptido/dipéptido	1185	108	1185	NA	NA	NA	4090
7313v201411 16	proteína similar a transportador ABC	109	109	1186	NA	NA	NA	4091
7338v201411 16	proteína que contiene dominio acil-CoA deshidrogenasa	113	113	1188	2208	NA	NA	NA
7341v201411 16	proteína hipotética M446_1279	4094	114	1189	NA	NA	NA	4094
7508v201411 16	proteína hipotética	2856	NA	1193	NA	2856	NA	4104
7536v201411 16	monooxigenasa de unión a FAD	121	121	1194	NA	NA	3583	NA
7711v201411 16	2-hidroxiácido deshidrogenasa	4112	128	1204	NA	NA	NA	4112
7729v201411 16	transportador ABC de aminoácidos	4113	130	1206	NA	NA	NA	4113
7730v201411 16	regulador transcripcional de la familia GntR	131	131	1207	NA	NA	NA	4114
7750v201411 16	alfa-amilasa	135	135	1209	NA	NA	NA	4115
7844v201411 16	proteína hipotética	139	139	1214	NA	2890	NA	NA
7845v201411 16	oxidoreductasa dependiente de FAD	2216	140	1215	2216	NA	NA	NA
7868v201411 16	proteína hipotética	143	143	1217	NA	NA	NA	4126
7877v201411 16	proteína hipotética Mchl_0532	4127	145	1220	NA	NA	NA	4127
7885v201411 16	proteína de membrana interna del sistema de transporte dependiente de proteína de unión	146	146	1221	NA	NA	NA	4128
7890v201411 16	permeasa de transportador ABC de taurina	1223	148	1223	NA	NA	NA	4129
7907v201411 16	regulador	3602	151	1225	NA	NA	3602	NA
7912v201411 16	Asp/Glu/hidantoína racemasa	1226	153	1226	2218	NA	NA	NA
7913v201411 16	D-lactato deshidrogenasa	154	154	1227	NA	NA	NA	4130

Identificador único de grupo ortólogo	Comentario	SEQ ID NO: de ortól. de referen cia	SEQ ID NO: de ortól. de NLS00 17	SEQ ID NO: de ortól. de NLS00 20	SEQ ID NO: de ortól. de NLS00 37	SEQ ID NO: de ortól. de NLS00 42	SEQ ID NO: de ortól. de NLS00 65	SEQ ID NO: de ortól. de NLS00 66
8031v201411 16	proteína hipotética	155	155	1231	2221	NA	NA	NA
8053v201411 16	acetiltransferasa	158	158	1234	NA	NA	NA	4143
8056v201411 16	amidohidrolasa	159	159	1235	2222	NA	NA	NA
8057v201411 16	transportador ABC	160	160	1236	2223	NA	NA	NA
8058v201411 16	permeasa de transportador ABC	161	161	1237	2224	NA	NA	NA
8059v201411 16	proteína de unión a sustrato periplásmico de transportador ABC putativo	162	162	1238	2225	NA	NA	NA
8080v201411 16	proteína hipotética	163	163	1239	NA	NA	NA	4145
8083v201411 16	N-etilamela clorohidrolasa	164	164	1240	2226	NA	NA	NA
8084v201411 16	hidantoína racemasa	165	165	1241	2227	NA	NA	NA
8095v201411 16	glucosa-metanol-colina oxidoreductasa	2228	169	1242	2228	NA	NA	NA
8099v201411 16	Asp/Glu/hidantoína racemasa	2229	172	1244	2229	NA	NA	NA
8114v201411 16	polisacárido desacetilasa	175	175	1245	NA	NA	NA	4150
8273v201411 16	permeasa de transportador ABC	2234	186	1255	2234	NA	NA	NA
8289v201411 16	proteína hipotética	2235	188	1257	2235	NA	NA	NA
8300v201411 16	helicasa RuvB de ADN de unión Holliday	191	191	1259	NA	NA	NA	4168
8303v201411 16	amidasa	1260	193	1260	2236	NA	NA	NA
8310v201411 16	monooxigenasa	195	195	1262	NA	NA	NA	4170
8318v201411 16	proteína hipotética	200	200	1267	NA	NA	NA	4174
8331v201411 16	proteína hipotética	202	202	1268	NA	NA	NA	4175
8335v201411 16	proteína hipotética	4176	205	1271	NA	NA	NA	4176
8475v201411 16	proteína hipotética	210	210	1276	2249	NA	NA	NA
8524v201411 16	oxidoreductasa	215	215	1280	NA	NA	NA	4190
8538v201411 16	deshidrogenasa	218	218	1283	2250	NA	NA	NA
8539v201411 16	regulador transcripcional de la familia AraC	2251	219	1284	2251	NA	NA	NA
8573v201411 16	alcanal monooxigenasa	221	221	1286	NA	NA	NA	4191
8579v201411 16	proteína hipotética	223	223	1287	NA	NA	NA	4192
8592v201411 16	hidroximetilglutaril-CoA liasa	226	226	1289	2255	NA	NA	NA

Identificador único de grupo ortólogo	Comentario	SEQ ID NO: de ortól. de referen cia	SEQ ID NO: de ortól. de NLS00 17	SEQ ID NO: de ortól. de NLS00 20	SEQ ID NO: de ortól. de NLS00 37	SEQ ID NO: de ortól. de NLS00 42	SEQ ID NO: de ortól. de NLS00 65	SEQ ID NO: de ortól. de NLS00 66
8593v201411 16	proteína hipotética	3631	227	1290	NA	NA	3631	NA
8599v201411 16	proteína hipotética	2939	229	1292	NA	2939	NA	NA
8603v201411 16	regulador transcripcional de la familia GntR	232	232	1294	2256	NA	NA	NA
8642v201411 16	proteína de membrana interna del sistema de transporte dependiente de proteína de unión	235	235	1297	2257	NA	NA	NA
8643v201411 16	permeasa de transportador ABC	2258	236	1298	2258	NA	NA	NA
8644v201411 16	proteína de unión a sustrato del transportador ABC	237	237	1299	2259	NA	NA	NA
8867v201411 16	proteína hipotética	244	244	1305	NA	2969	NA	NA
8906v201411 16	metilcrotonoil-CoA carboxilasa	254	254	1312	2265	NA	NA	NA
8907v201411 16	regulador transcripcional de la familia TetR	2266	255	1313	2266	NA	NA	NA
8922v201411 16	proteína receptora de regulador de respuesta	4206	257	1315	NA	NA	NA	4206
8932v201411 16	transtiretina	266	266	1319	2267	NA	NA	NA
8957v201411 16	proteína hipotética	274	274	1327	NA	NA	3647	NA
9274v201411 16	proteína hipotética Mrad2831_4275	2278	291	1350	2278	NA	NA	NA
9275v201411 16	subunidad alfa de 3- metilcrotonil-CoA carboxilasa	2279	292	1351	2279	NA	NA	NA
9277v201411 16	transposasa	293	293	1352	NA	NA	NA	4244
9280v201411 16	glucosiltransferasa	2990	295	1354	NA	2990	NA	NA
9320v201411 16	hidrolasa	314	314	1365	2283	NA	NA	NA
9324v201411 16	proteína hipotética	316	316	1367	NA	NA	3664	NA
9342v201411 16	proteína hipotética	2284	NA	1372	2284	NA	3665	NA
9755v201411 16	proteína hipotética	362	362	1419	2290	NA	NA	NA
9774v201411 16	ATPasa	1424	374	1424	NA	NA	3678	NA
9781v201411 16	UDP-glucosiltransferasa	2292	376	1426	2292	NA	NA	NA
10245v20141 11 6	acetolactato sintasa	393	393	1448	2303	NA	NA	NA
10246v20141 11 6	regulador transcripcional de la familia GntR	2304	394	1449	2304	NA	NA	NA
10263v20141 11 6	proteína hipotética	409	409	1463	2305	NA	NA	NA
10329v20141 11 6	ácido graso--CoA ligasa	456	456	1507	2309	NA	NA	NA

Identificador único de grupo ortólogo	Comentario	SEQ ID NO: de ortól. de referen cia	SEQ ID NO: de ortól. de NLS00 17	SEQ ID NO: de ortól. de NLS00 20	SEQ ID NO: de ortól. de NLS00 37	SEQ ID NO: de ortól. de NLS00 42	SEQ ID NO: de ortól. de NLS00 65	SEQ ID NO: de ortól. de NLS00 66
10348v20141 11 6	Ninguno	469	469	1517	NA	NA	3694	NA
11120v20141 11 6	proteína hipotética	577	577	1629	2319	NA	NA	NA
15411v20141 11 6	6-fosfogluconato deshidrogenasa de unión a NAD	925	925	2062	2369	NA	NA	NA
4672v201411 16	hemo peroxidasa con dominio de unión a calcio de tipo hemolisina	3351	NA	NA	NA	2466	3351	NA
4897v201411 16	factor de elongación Tu	2489	NA	NA	NA	2489	NA	3970
5002v201411 16	tiol-disulfuro oxidoreductasa	2498	NA	NA	NA	2498	3375	NA
5040v201411 16	regulador transcripcional de la familia AraC	2501	NA	NA	NA	2501	NA	3976
5079v201411 16	proteína de control de la longitud del gancho flagelar	3379	NA	NA	NA	2503	3379	NA
5117v201411 16	proteína hipotética	3382	NA	NA	NA	2507	3382	NA
5119v201411 16	proteína de unión a ATP del transportador ABC de múltiples fármacos	3384	NA	NA	NA	2509	3384	NA
5147v201411 16	proteína hipotética Mpop_1464	2511	NA	NA	NA	2511	NA	3981
5180v201411 16	familia 3 de glucósido hidrolasa	3386	NA	NA	NA	2512	3386	NA
5184v201411 16	proteína hipotética	2514	NA	NA	NA	2514	NA	3982
5205v201411 16	gen rlgA de la ADN invertasa	34	34	NA	NA	NA	NA	3984
5219v201411 16	proteína hipotética MexAM1_META1p020 8	3986	NA	NA	NA	2518	NA	3986
5228v201411 16	permeasa de transportador ABC	3390	NA	NA	NA	2519	3390	NA
5233v201411 16	proteína de membrana	3391	NA	NA	NA	2520	3391	NA
5275v201411 16	gamma- glutamyltransferasa	2524	NA	NA	NA	2524	3395	NA
5284v201411 16	proteína hipotética MexAM1_META1p337 8	2526	NA	NA	NA	2526	3397	NA
5287v201411 16	proteína que contiene dominio oxidasa ligado a FAD	2527	NA	NA	NA	2527	3398	NA
5289v201411 16	componente de la sideróforo sintetasa	2528	NA	NA	NA	2528	3399	NA
5318v201411 16	proteína hipotética Mpop_4361	2529	NA	NA	NA	2529	NA	3989
5335v201411 16	regulador transcripcional de la familia AraC	3990	NA	NA	NA	2531	NA	3990
5337v201411 16	proteína hipotética Mpop_4929	2532	NA	NA	NA	2532	3400	NA
5379v201411 16	proteína hipotética MexAM1_META1p210 4	2535	NA	NA	NA	2535	3402	NA
5381v201411 16	ferredoxina 4Fe-4S	3403	NA	NA	NA	2537	3403	NA

Identificador único de grupo ortólogo	Comentario	SEQ ID NO: de ortól. de referen cia	SEQ ID NO: de ortól. de NLS00 17	SEQ ID NO: de ortól. de NLS00 20	SEQ ID NO: de ortól. de NLS00 37	SEQ ID NO: de ortól. de NLS00 42	SEQ ID NO: de ortól. de NLS00 65	SEQ ID NO: de ortól. de NLS00 66
5382v201411 16	proteína hipotética METDI4726	3404	NA	NA	NA	2538	3404	NA
5383v201411 16	proteína hipotética Mext_3764	2539	NA	NA	NA	2539	3405	NA
5384v201411 16	N-acetiltransferasa GCN5	3406	NA	NA	NA	2540	3406	NA
5390v201411 16	proteína hipotética	3993	NA	NA	NA	2541	NA	3993
5392v201411 16	proteína hipotética Mext_3467	3408	NA	NA	NA	2544	3408	NA
5398v201411 16	proteína hipotética Mchl_3886	2545	NA	NA	NA	2545	3409	NA
5419v201411 16	diguanylatto ciclasa	3410	NA	NA	NA	2546	3410	NA
5437v201411 16	proteína hipotética Mpop_2189	2548	NA	NA	NA	2548	3414	NA
5466v201411 16	proteína hipotética Mpop_0206	2549	NA	NA	NA	2549	3415	NA
5475v201411 16	proteína hipotética conservada	2552	NA	NA	NA	2552	NA	4000
5476v201411 16	proteína hipotética AZOLI_p40379	4001	NA	NA	NA	2553	NA	4001
5477v201411 16	hidrolasa de la superfamilia HAD	2554	NA	NA	NA	2554	3418	NA
5480v201411 16	proteína hipotética METDI4261	3419	NA	NA	NA	2555	3419	NA
5482v201411 16	proteína hipotética MexAM1_META1p386_2	2556	NA	NA	NA	2556	3420	NA
5483v201411 16	proteína hipotética	3421	NA	NA	NA	2557	3421	NA
5488v201411 16	ácido graso desaturasa; proteína de membrana	2559	NA	NA	NA	2559	3423	NA
5490v201411 16	proteína hipotética MexAM1_META1p130_0	2560	NA	NA	NA	2560	3424	NA
5524v201411 16	proteína hipotética	3432	NA	NA	NA	2564	3432	NA
5525v201411 16	proteína hipotética Mpop_5158	2565	NA	NA	NA	2565	3433	NA
5526v201411 16	proteína hipotética Mext_4623	2566	NA	NA	NA	2566	3434	NA
5530v201411 16	familia 3 de proteína de unión a solutos extracelulares bacteriana	4009	NA	NA	NA	2567	NA	4009
5536v201411 16	proteína hipotética	2568	NA	NA	NA	2568	3435	NA
5543v201411 16	proteína que contiene dominio xilosa isomerasa	2569	NA	NA	NA	2569	3436	NA
5546v201411 16	proteína hipotética MexAM1_META1p048_3	3437	NA	NA	NA	2570	3437	NA
5556v201411 16	diguanylatto ciclasa	3438	NA	NA	NA	2571	3438	NA
5568v201411 16	factor de transcripción de proteínas	3440	NA	NA	NA	NA	3440	4011
5577v201411 16	proteína hipotética Mpop_1561	2573	NA	NA	NA	2573	3441	NA
5578v201411 16	simportador de sodio:soluto	2574	NA	NA	NA	2574	3442	NA

Identificador único de grupo ortólogo	Comentario	SEQ ID NO: de ortól. de referen cia	SEQ ID NO: de ortól. de NLS00 17	SEQ ID NO: de ortól. de NLS00 20	SEQ ID NO: de ortól. de NLS00 37	SEQ ID NO: de ortól. de NLS00 42	SEQ ID NO: de ortól. de NLS00 65	SEQ ID NO: de ortól. de NLS00 66
5610v201411 16	proteína hipotética Mchl_2392	2575	NA	NA	NA	2575	3445	NA
5612v201411 16	proteína hipotética MexAM1_META1p506_0	2576	NA	NA	NA	2576	3446	NA
5618v201411 16	proteína hipotética	3447	NA	NA	NA	2577	3447	NA
5619v201411 16	proteína hipotética MexAM1_META1p296_5	3448	NA	NA	NA	2578	3448	NA
5625v201411 16	proteína hipotética Mchl_4383	2580	NA	NA	NA	2580	3449	NA
5626v201411 16	proteína hipotética Mext_3503	3450	NA	NA	NA	2581	3450	NA
5627v201411 16	proteína-L-isoaspartato O- metiltransferasa	2582	NA	NA	NA	2582	3451	NA
5628v201411 16	proteína hipotética	2583	NA	NA	NA	2583	3452	NA
5635v201411 16	proteína hipotética Mext_4188	2584	NA	NA	NA	2584	3453	NA
5636v201411 16	proteína hipotética Mpop_4705	2585	NA	NA	NA	2585	3454	NA
5642v201411 16	proteína hipotética METDI0650	4014	NA	NA	NA	NA	3455	4014
5650v201411 16	ATPasa	2586	NA	NA	NA	2586	3456	NA
5657v201411 16	regulador transcripcional de la familia LuxR de dos componentes	2587	NA	NA	NA	2587	3457	NA
5672v201411 16	proteína hipotética MexAM1_META1p107_6	2588	NA	NA	NA	2588	3459	NA
5679v201411 16	acetato cinasa	2589	NA	NA	NA	2589	3461	NA
5684v201411 16	proteína hipotética	2591	NA	NA	NA	2591	NA	4015
5686v201411 16	proteína que contiene dominio EAL	2592	NA	NA	NA	2592	3463	NA
5689v201411 16	regulador transcripcional de la familia AsnC	2593	NA	NA	NA	2593	3464	NA
5691v201411 16	proteína hipotética Mchl_3961	2594	NA	NA	NA	2594	3465	NA
5692v201411 16	regulador transcripcional de la familia LuxR de dos componentes	2595	NA	NA	NA	2595	3466	NA
5693v201411 16	proteína hipotética Mpop_0877	2596	NA	NA	NA	2596	3467	NA
5695v201411 16	proteína de secreción HlyD	2598	NA	NA	NA	2598	3468	NA
5698v201411 16	proteína hipotética Mext_0717	3469	NA	NA	NA	2599	3469	NA
5699v201411 16	Regulador transcripcional	2600	NA	NA	NA	2600	3470	NA
5712v201411 16	proteína de fusión de membrana de secreción de tipo I de la familia HlyD	2602	NA	NA	NA	2602	3471	NA
5735v201411 16	subunidad catalítica de integrasa	55	55	1132	NA	NA	NA	NA
5737v201411 16	transposasa putativa	2185	NA	1133	2185	NA	NA	NA

Identificador único de grupo ortólogo	Comentario	SEQ ID NO: de ortól. de referen cia	SEQ ID NO: de ortól. de NLS00 17	SEQ ID NO: de ortól. de NLS00 20	SEQ ID NO: de ortól. de NLS00 37	SEQ ID NO: de ortól. de NLS00 42	SEQ ID NO: de ortól. de NLS00 65	SEQ ID NO: de ortól. de NLS00 66
5745v201411 16	proteína hipotética Mpop_0065	4017	NA	NA	NA	2606	NA	4017
5752v201411 16	proteína hipotética Mpop_0858	2610	NA	NA	NA	2610	3472	NA
5756v201411 16	proteína hipotética Mext_1191	2612	NA	NA	NA	2612	3473	NA
5783v201411 16	proteína rspD de secreción de rizobiocina	2618	NA	NA	NA	2618	3475	NA
5802v201411 16	proteína hipotética Mext_3619	3477	NA	NA	NA	2620	3477	NA
5803v201411 16	alcohol deshidrogenasa dependiente de NADP	2621	NA	NA	NA	2621	3478	NA
5812v201411 16	proteína UreD accesoria de ureasa	2625	NA	NA	NA	2625	3479	NA
5813v201411 16	transportador de urea	2626	NA	NA	NA	2626	3480	NA
5814v201411 16	transportador de amonio	2627	NA	NA	NA	2627	3481	NA
5822v201411 16	proteína hipotética MexAM1 META1p337 9	2628	NA	NA	NA	2628	3482	NA
5845v201411 16	proteína hipotética Mpop_0716	2630	NA	NA	2186	2630	NA	NA
5859v201411 16	proteína de unión a calcio de tipo hemolisina	3486	NA	NA	NA	2632	3486	NA
5866v201411 16	proteína hipotética Mchl_1323	3487	NA	NA	NA	2633	3487	NA
5872v201411 16	proteína hipotética Mpop_3121	2636	NA	NA	NA	2636	3488	NA
5881v201411 16	proteína hipotética Mpop_1945	2187	NA	NA	2187	2638	NA	NA
5884v201411 16	subunidad gamma de ureasa	3489	NA	NA	NA	2640	3489	NA
5885v201411 16	subunidad beta de ureasa	2641	NA	NA	NA	2641	3490	NA
5886v201411 16	proteína CrcB de resistencia a alcanfor	2642	NA	NA	NA	2642	3491	NA
5887v201411 16	proteína que contiene dominio accesorio de ureasa UreE	3492	NA	NA	NA	2643	3492	NA
5888v201411 16	proteína UreF accesoria de ureasa	2644	NA	NA	NA	2644	3493	NA
5889v201411 16	proteína UreG accesoria de ureasa	3494	NA	NA	NA	2645	3494	NA
5890v201411 16	proteína hipotética	3495	NA	NA	NA	2646	3495	NA
5934v201411 16	subunidad G de monóxido de carbono deshidrogenasa	58	58	1135	NA	NA	NA	NA
5937v201411 16	proteína hipotética	59	59	NA	NA	2662	NA	NA
5952v201411 16	nucleotidiltransferasa	4020	NA	NA	NA	2664	NA	4020
5958v201411 16	proteína hipotética Mpop_2489	3498	NA	NA	NA	2668	3498	NA
5963v201411 16	proteína CrcB de resistencia a alcanfor	3499	NA	NA	NA	2670	3499	NA

Identificador único de grupo ortólogo	Comentario	SEQ ID NO: de ortól. de referen cia	SEQ ID NO: de ortól. de NLS00 17	SEQ ID NO: de ortól. de NLS00 20	SEQ ID NO: de ortól. de NLS00 37	SEQ ID NO: de ortól. de NLS00 42	SEQ ID NO: de ortól. de NLS00 65	SEQ ID NO: de ortól. de NLS00 66
5964v201411 16	proteína de resistencia a ácido	2671	NA	NA	NA	2671	3500	NA
5970v201411 16	proteína hipotética	3501	NA	NA	NA	2672	3501	NA
5976v201411 16	proteína hipotética Mext_2198	2188	NA	NA	2188	2673	NA	NA
6008v201411 16	proteína de canal de cloruro	2678	NA	NA	NA	2678	3503	NA
6037v201411 16	proteína hipotética Mext_2029	2681	NA	NA	NA	2681	NA	4022
6040v201411 16	diguanilato ciclasa	2682	NA	NA	NA	2682	3505	NA
6045v201411 16	proteína hipotética Mpop_3879	3506	NA	NA	NA	NA	3506	4023
6100v201411 16	N-acetiltransferasa GCN5	2684	NA	NA	NA	2684	3507	NA
6123v201411 16	regulador transcripcional de la familia TetR	66	66	1143	NA	NA	NA	NA
6155v201411 16	proteína hipotética Mext_0184	3508	NA	NA	NA	2690	3508	NA
6156v201411 16	proteína hipotética MexAM1_META1p284_1	2691	NA	NA	NA	2691	3509	NA
6179v201411 16	proteína hipotética METDI1994	2694	NA	NA	NA	2694	3510	NA
6180v201411 16	oleato hidratasa	2695	NA	NA	NA	2695	3511	NA
6182v201411 16	proteína hipotética Mext_4657	2696	NA	NA	NA	2696	3512	NA
6187v201411 16	proteína hipotética Mpop_4217	2699	NA	NA	NA	2699	NA	4029
6198v201411 16	proteína hipotética Mchl_4111	2701	NA	NA	NA	2701	NA	4030
6211v201411 16	regulador transcripcional de la familia LysR	2702	69	NA	NA	2702	NA	NA
6228v201411 16	regulador transcripcional de la familia MucR	2704	NA	NA	NA	2704	3514	NA
6266v201411 16	proteína hipotética Mpop_4875	2707	NA	NA	NA	2707	3515	NA
6267v201411 16	proteína hipotética Mpop_0711	2708	NA	NA	NA	2708	3516	NA
6302v201411 16	proteína hipotética Mext_4665	2710	NA	NA	NA	2710	3518	NA
6316v201411 16	proteína hipotética	1145	71	1145	NA	NA	NA	NA
6323v201411 16	proteína hipotética Mchl_1272	2712	NA	NA	NA	2712	NA	4034
6355v201411 16	proteína hipotética MexAM1_META1p272_9	2713	NA	NA	2192	2713	NA	NA
6403v201411 16	proteína hipotética	4036	NA	NA	2194	NA	NA	4036
6404v201411 16	proteína hipotética	4037	NA	NA	2195	NA	NA	4037
6405v201411 16	proteína hipotética	2196	NA	NA	2196	NA	NA	4038
6409v201411 16	proteína hipotética	3519	NA	NA	NA	2718	3519	NA

Identificador único de grupo ortólogo	Comentario	SEQ ID NO: de ortól. de referen cia	SEQ ID NO: de ortól. de NLS00 17	SEQ ID NO: de ortól. de NLS00 20	SEQ ID NO: de ortól. de NLS00 37	SEQ ID NO: de ortól. de NLS00 42	SEQ ID NO: de ortól. de NLS00 65	SEQ ID NO: de ortól. de NLS00 66
6410v201411 16	ácido 2 4 dihidroxihept-2- eno-1 7-dioico aldolasa putativa	3520	NA	NA	NA	2719	3520	NA
6412v201411 16	amidohidrolasa	2720	NA	NA	NA	2720	NA	4039
6451v201411 16	proteína de la familia de integrasa	74	74	NA	NA	NA	3522	NA
6472v201411 16	proteína hipotética FBFL15_0362	2197	NA	1148	2197	NA	NA	NA
6475v201411 16	proteína hipotética	3523	NA	1149	NA	NA	3523	NA
6566v201411 16	proteína hipotética Mchl_1240	2738	NA	NA	NA	2738	NA	4040
6568v201411 16	proteína hipotética Mchl_4341	2740	NA	NA	NA	2740	NA	4041
6571v201411 16	proteína hipotética MexAM1_META1p465_0	3524	NA	NA	NA	NA	3524	4042
6576v201411 16	proteína hipotética	2741	NA	NA	NA	2741	NA	4043
6587v201411 16	proteína hipotética METDI5212	3525	NA	NA	NA	2743	3525	NA
6615v201411 16	proteína hipotética	1151	NA	1151	NA	NA	3526	NA
6616v201411 16	proteína hipotética	3527	NA	NA	NA	NA	3527	4044
6649v201411 16	proteína hipotética	2748	NA	NA	NA	2748	3530	NA
6655v201411 16	proteína hipotética	3531	NA	NA	NA	2751	3531	NA
6656v201411 16	proteína hipotética Mext_0808	2753	NA	NA	NA	2753	3532	NA
6665v201411 16	proteína hipotética	2754	NA	NA	NA	2754	NA	4048
6670v201411 16	enzima de la familia de metiltransferasa ubiE/COQ5	2756	NA	NA	NA	2756	3533	NA
6713v201411 16	proteína CcsA de biogénesis de citocromo C	3535	NA	NA	NA	NA	3535	4049
6749v201411 16	proteína hipotética	1153	NA	1153	NA	NA	3537	NA
6750v201411 16	proteína hipotética	1154	NA	1154	NA	NA	3538	NA
6777v201411 16	proteína hipotética	2200	NA	NA	2200	NA	NA	4051
6778v201411 16	coloilglicina hidrolasa	3539	NA	NA	NA	2759	3539	NA
6824v201411 16	transposasa de la familia ISMex3 IS256	78	78	1158	NA	NA	NA	NA
6829v201411 16	proteína hipotética	2765	NA	NA	NA	2765	3544	NA
6832v201411 16	proteína que contiene dominio HEPN	4055	NA	NA	NA	2766	NA	4055
6833v201411 16	proteína reguladora LysR	3546	NA	NA	NA	2767	3546	NA
6835v201411 16	proteína hipotética Mchl_5553	2202	NA	NA	2202	NA	NA	4056

Identificador único de grupo ortólogo	Comentario	SEQ ID NO: de ortól. de referen cia	SEQ ID NO: de ortól. de NLS00 17	SEQ ID NO: de ortól. de NLS00 20	SEQ ID NO: de ortól. de NLS00 37	SEQ ID NO: de ortól. de NLS00 42	SEQ ID NO: de ortól. de NLS00 65	SEQ ID NO: de ortól. de NLS00 66
6876v201411 16	D-lactato deshidrogenasa fermentativa dependiente de NAD	2774	NA	NA	NA	2774	3553	NA
6881v201411 16	proteína hipotética	2777	NA	NA	NA	2777	NA	4057
6892v201411 16	proteína hipotética	2778	NA	NA	NA	2778	NA	4059
6923v201411 16	proteína hipotética	1159	82	1159	NA	NA	NA	NA
6941v201411 16	proteína hipotética Mext_1123	2779	83	NA	NA	2779	NA	NA
6946v201411 16	proteína hipotética	1161	NA	1161	NA	NA	NA	4061
6982v201411 16	proteína hipotética Mext_1327	2790	NA	NA	NA	2790	3558	NA
7002v201411 16	esterasa	2794	NA	NA	NA	2794	3559	NA
7004v201411 16	proteína hipotética Mpop_1856	2795	NA	NA	NA	2795	NA	4065
7028v201411 16	proteína hipotética	2797	NA	NA	NA	2797	NA	4068
7057v201411 16	proteína hipotética	3560	NA	1169	NA	NA	3560	NA
7068v201411 16	proteína que contiene dominio xilosa isomerasa	2801	NA	NA	NA	2801	NA	4072
7077v201411 16	FMN reductasa dependiente de NADPH	2203	NA	NA	2203	2802	NA	NA
7083v201411 16	glutación S-transferasa	2204	NA	NA	2204	NA	NA	4073
7096v201411 16	diguanilato ciclasa	2808	NA	NA	NA	2808	3563	NA
7116v201411 16	transposasa de tipo mutadora	1170	90	1170	NA	NA	NA	NA
7127v201411 16	proteína hipotética Mnod_6985	4074	94	NA	NA	NA	NA	4074
7149v201411 16	proteína hipotética	4075	NA	NA	NA	NA	3564	4075
7158v201411 16	deshidrogenasa/reductasa SDR de cadena corta	3565	NA	NA	NA	2816	3565	NA
7238v201411 16	transductor sensitivo de quimiotaxis aceptador de metilo	4078	NA	NA	NA	NA	3568	4078
7242v201411 16	proteína de determinación de la longitud del gancho flagelar	2817	NA	NA	NA	2817	3570	NA
7272v201411 16	proteína hipotética MexAM1_META1p088_7	4079	NA	NA	NA	2823	NA	4079
7303v201411 16	glucosil hidrolasa	2827	NA	1182	NA	2827	NA	NA
7316v201411 16	proteína hipotética Mpop_4411	4092	NA	NA	2207	NA	NA	4092
7318v201411 16	proteína hipotética Mrad2831_3608	110	110	1187	NA	NA	NA	NA
7330v201411 16	deshidrogenasa/reductasa SDR de cadena corta	2831	NA	NA	NA	2831	NA	4093
7334v201411 16	proteína hipotética	112	112	NA	NA	2832	NA	NA

Identificador único de grupo ortólogo	Comentario	SEQ ID NO: de ortól. de referen cia	SEQ ID NO: de ortól. de NLS00 17	SEQ ID NO: de ortól. de NLS00 20	SEQ ID NO: de ortól. de NLS00 37	SEQ ID NO: de ortól. de NLS00 42	SEQ ID NO: de ortól. de NLS00 65	SEQ ID NO: de ortól. de NLS00 66
7364v201411 16	regulador transcripcional de la familia IclR	2833	NA	NA	NA	2833	NA	4095
7384v201411 16	proteína hipotética Mpop_4088	4096	NA	NA	NA	NA	3576	4096
7388v201411 16	proteína hipotética Mpop_4204	2834	NA	NA	NA	2834	NA	4097
7389v201411 16	peptidasa M24	2835	NA	NA	NA	2835	NA	4098
7390v201411 16	región central de la proteína de tiamina pirofosfato	2836	NA	NA	NA	2836	NA	4099
7399v201411 16	proteína hipotética	3577	NA	NA	NA	2842	3577	NA
7418v201411 16	proteína hipotética	2209	NA	NA	2209	2843	NA	NA
7420v201411 16	proteína hipotética Mchl_5174	2844	NA	NA	NA	2844	3578	NA
7422v201411 16	proteína hipotética Mext_4882	2845	NA	NA	NA	2845	3579	NA
7435v201411 16	proteína hipotética	2852	NA	NA	NA	2852	NA	4101
7437v201411 16	proteína hipotética LILAB_22195	4102	NA	NA	NA	NA	3581	4102
7465v201411 16	proteína hipotética	3582	NA	NA	2210	NA	3582	NA
7482v201411 16	proteína putativa de fagos	1190	117	1190	NA	NA	NA	NA
7484v201411 16	proteína hipotética	119	119	1191	NA	NA	NA	NA
7489v201411 16	enoil-CoA hidratasa/isomerasa	120	120	1192	NA	NA	NA	NA
7517v201411 16	translocador de membrana interna	2857	NA	NA	NA	2857	NA	4105
7518v201411 16	proteína de unión a sustrato de transportador ABC de aminoácidos de cadena ramificada	4106	NA	NA	NA	2858	NA	4106
7558v201411 16	proteína hipotética	3584	NA	1195	NA	NA	3584	NA
7562v201411 16	subunidad catalítica de integrasa	123	123	1196	NA	NA	NA	NA
7586v201411 16	proteína hipotética	3586	NA	1198	NA	NA	3586	NA
7587v201411 16	proteína hipotética	3587	NA	1199	NA	NA	3587	NA
7588v201411 16	proteína hipotética	1200	NA	1200	NA	NA	3588	NA
7589v201411 16	proteína hipotética	1201	NA	1201	NA	NA	3589	NA
7590v201411 16	proteína hipotética Mrad2831_2637	2211	NA	NA	2211	NA	NA	4107
7624v201411 16	N-acetiltransferasa GCN5	2212	NA	NA	2212	2861	NA	NA
7699v201411 16	proteína hipotética	126	126	1202	NA	NA	NA	NA
7713v201411 16	proteína hipotética	129	129	1205	NA	NA	NA	NA

Identificador único de grupo ortólogo	Comentario	SEQ ID NO: de ortól. de referen cia	SEQ ID NO: de ortól. de NLS00 17	SEQ ID NO: de ortól. de NLS00 20	SEQ ID NO: de ortól. de NLS00 37	SEQ ID NO: de ortól. de NLS00 42	SEQ ID NO: de ortól. de NLS00 65	SEQ ID NO: de ortól. de NLS00 66
7734v201411 16	proteína hipotética Mnod_8620	2215	132	NA	2215	NA	NA	NA
7748v201411 16	proteína hipotética	1208	133	1208	NA	NA	NA	NA
7749v201411 16	integrasa	134	134	NA	NA	2875	NA	NA
7751v201411 16	subunidad catalítica de integrasa	1210	136	1210	NA	NA	NA	NA
7782v201411 16	proteína hipotética	2878	NA	NA	NA	2878	3597	NA
7783v201411 16	regulador transcripcional de la familia GntR	4116	NA	NA	NA	2879	NA	4116
7813v201411 16	Ninguno	2883	NA	NA	NA	2883	NA	4118
7814v201411 16	proteína hipotética	2884	NA	NA	NA	2884	NA	4119
7815v201411 16	subunidad sigma-24 de ARN polimerasa	2885	NA	NA	NA	2885	NA	4120
7829v201411 16	proteína hipotética	1213	138	1213	NA	NA	NA	NA
7855v201411 16	proteína hipotética	141	141	1216	NA	NA	NA	NA
7856v201411 16	proteína hipotética	4125	142	NA	NA	NA	NA	4125
7869v201411 16	proteína hipotética Mchl_2588	144	144	1218	NA	NA	NA	NA
7889v201411 16	proteína hipotética Mnod_5347	147	147	1222	NA	NA	NA	NA
7899v201411 16	proteína hipotética	150	150	1224	NA	NA	NA	NA
7909v201411 16	proteína hipotética Mpop_3836	2217	152	NA	2217	NA	NA	NA
7919v201411 16	proteína hipotética	2895	NA	1230	NA	2895	NA	NA
7926v201411 16	proteína hipotética	3604	NA	NA	NA	NA	3604	4133
7931v201411 16	Ninguno	3605	NA	NA	NA	NA	3605	4134
7981v201411 16	proteína de la familia de transposasa IS3/IS911	2909	NA	NA	NA	2909	NA	4141
8024v201411 16	deshidrogenasa/reductasa SDR de cadena corta	3609	NA	NA	2220	NA	3609	NA
8042v201411 16	proteína hipotética	156	156	1232	NA	NA	NA	NA
8052v201411 16	transportador MFS	157	157	1233	NA	NA	NA	NA
8092v201411 16	proteína de membrana interna de transportador ABC	4146	166	NA	NA	NA	NA	4146
8093v201411 16	transportador ABC	167	167	NA	NA	NA	NA	4147
8094v201411 16	transportador ABC de nitrato/sulfonato/bicarbona to	4148	168	NA	NA	NA	NA	4148
8098v201411 16	proteína hipotética	170	170	1243	NA	NA	NA	NA

Identificador único de grupo ortólogo	Comentario	SEQ ID NO: de ortól. de referen cia	SEQ ID NO: de ortól. de NLS00 17	SEQ ID NO: de ortól. de NLS00 20	SEQ ID NO: de ortól. de NLS00 37	SEQ ID NO: de ortól. de NLS00 42	SEQ ID NO: de ortól. de NLS00 65	SEQ ID NO: de ortól. de NLS00 66
8113v201411 16	adenilato/guanilato ciclasa	4149	174	NA	NA	NA	NA	4149
8115v201411 16	proteína de la familia de integrasa	2910	176	NA	NA	2910	NA	NA
8116v201411 16	OrfA de transposasa ISGsu7	177	177	1246	NA	NA	NA	NA
8117v201411 16	proteína hipotética Mrad2831_5711	178	178	1247	NA	NA	NA	NA
8124v201411 16	proteína de elemento móvil	3611	NA	1249	NA	NA	3611	NA
8136v201411 16	proteína hipotética Mpop_2878	2230	NA	NA	2230	2911	NA	NA
8171v201411 16	proteína hipotética	4155	NA	NA	NA	2912	NA	4155
8179v201411 16	receptor de regulador de respuesta	2232	NA	NA	2232	NA	NA	4156
8180v201411 16	Ninguno	2233	NA	NA	2233	NA	NA	4157
8205v201411 16	proteína hipotética	2917	NA	NA	NA	2917	NA	4160
8206v201411 16	rodanasa	4161	NA	NA	NA	2918	NA	4161
8237v201411 16	proteína de la familia de integrasa	2919	NA	NA	NA	2919	3619	NA
8258v201411 16	proteína hipotética	180	180	NA	NA	NA	3620	NA
8267v201411 16	porina	181	181	1250	NA	NA	NA	NA
8268v201411 16	proteína hipotética Mrad2831_0222	182	182	1251	NA	NA	NA	NA
8269v201411 16	proteína hipotética	183	183	1252	NA	NA	NA	NA
8270v201411 16	regulador transcripcional de dos componentes	184	184	1253	NA	NA	NA	NA
8271v201411 16	subunidad MFP del transportador de flujo saliente de la familia RND	185	185	1254	NA	NA	NA	NA
8284v201411 16	proteína que contiene dominio de unión a tiamina pirofosfato	187	187	1256	NA	NA	NA	NA
8299v201411 16	proteína hipotética	190	190	1258	NA	NA	NA	NA
8301v201411 16	Ninguno	4169	192	NA	NA	NA	NA	4169
8308v201411 16	proteína hipotética	194	194	1261	NA	NA	NA	NA
8311v201411 16	enoil-CoA hidratasa	196	196	1263	NA	NA	NA	NA
8332v201411 16	proteína hipotética BJ6T_24320	203	203	1269	NA	NA	NA	NA
8334v201411 16	proteína hipotética	204	204	1270	NA	NA	NA	NA
8339v201411 16	enzima hidrolizante de ATP	1272	NA	1272	2240	NA	NA	NA
8361v201411 16	proteína StbC de estabilidad plasmídica	3621	NA	NA	2243	NA	3621	NA

Identificador único de grupo ortólogo	Comentario	SEQ ID NO: de ortól. de referen cia	SEQ ID NO: de ortól. de NLS00 17	SEQ ID NO: de ortól. de NLS00 20	SEQ ID NO: de ortól. de NLS00 37	SEQ ID NO: de ortól. de NLS00 42	SEQ ID NO: de ortól. de NLS00 65	SEQ ID NO: de ortól. de NLS00 66
8411v201411 16	metiltransferasa de tipo 11	4180	NA	NA	NA	NA	3627	4180
8412v201411 16	proteína que contiene dominio de unión a oxidoreductasa FAD/NAD(P)	3628	NA	NA	NA	NA	3628	4181
8413v201411 16	proteína hipotética Mchl_5368	2929	NA	NA	NA	2929	NA	4182
8445v201411 16	proteína de la familia de integrasa	2937	NA	NA	NA	2937	3629	NA
8450v201411 16	proteína hipotética GDI_3938	4188	NA	NA	2246	NA	NA	4188
8463v201411 16	subunidad C de la gramicidina lineal sintetasa	1274	208	1274	NA	NA	NA	NA
8468v201411 16	proteína hipotética	209	209	1275	NA	NA	NA	NA
8477v201411 16	proteína hipotética	211	211	1277	NA	NA	NA	NA
8478v201411 16	proteína similar a transportador ABC	212	212	1278	NA	NA	NA	NA
8479v201411 16	acetamidasa	213	213	1279	NA	NA	NA	NA
8535v201411 16	transportador ABC de C4- dicarboxilato	216	216	1281	NA	NA	NA	NA
8536v201411 16	proteína de unión a sustrato de transportador ABC de nitrato	217	217	1282	NA	NA	NA	NA
8572v201411 16	proteína C de replicación	220	220	1285	NA	NA	NA	NA
8583v201411 16	proteína de dominio SAM de radical putativa	224	224	NA	2254	NA	NA	NA
8588v201411 16	4-carboxi muconolactona decarboxilasa	225	225	1288	NA	NA	NA	NA
8598v201411 16	regulador transcripcional de la familia LysR	228	228	1291	NA	NA	NA	NA
8601v201411 16	proteína hipotética	231	231	1293	NA	NA	NA	NA
8607v201411 16	proteína hipotética	233	233	1295	NA	NA	NA	NA
8631v201411 16	proteína hipotética	234	234	1296	NA	NA	NA	NA
8716v201411 16	proteína hipotética	3638	NA	NA	NA	NA	3638	4196
8826v201411 16	integrasa fágica	2960	NA	NA	2262	2960	NA	NA
8844v201411 16	transposasa ISDvu2	239	239	1300	NA	NA	NA	NA
8857v201411 16	alfa/beta hidrolasa	241	241	1302	NA	NA	NA	NA
8858v201411 16	fosfatasa CheZ de quimiotaxis putativa	242	242	1303	NA	NA	NA	NA
8862v201411 16	proteína hipotética Swoo_4771	243	243	1304	NA	NA	NA	NA
8870v201411 16	metionina gamma-liasa	246	246	1306	NA	NA	NA	NA
8871v201411 16	proteína que contiene dominio de unión a CoA	247	247	NA	NA	2970	NA	NA

Identificador único de grupo ortólogo	Comentario	SEQ ID NO: de ortól. de referen cia	SEQ ID NO: de ortól. de NLS00 17	SEQ ID NO: de ortól. de NLS00 20	SEQ ID NO: de ortól. de NLS00 37	SEQ ID NO: de ortól. de NLS00 42	SEQ ID NO: de ortól. de NLS00 65	SEQ ID NO: de ortól. de NLS00 66
8892v201411 16	fosfohidrolasa dependiente de metales	248	248	1307	NA	NA	NA	NA
8894v201411 16	proteína hipotética	249	249	1308	NA	NA	NA	NA
8900v201411 16	mercúrico reductasa	252	252	1310	NA	NA	NA	NA
8903v201411 16	transportador MFS	253	253	1311	NA	NA	NA	NA
8908v201411 16	proteína hipotética Mrad2831_1442	1314	256	1314	NA	NA	NA	NA
8923v201411 16	proteína hipotética Mrad2831_5910	258	258	1316	NA	NA	NA	NA
8924v201411 16	Xaa-Pro aminopeptidasa	259	259	1317	NA	NA	NA	NA
8925v201411 16	proteína hipotética	260	260	1318	NA	NA	NA	NA
8933v201411 16	histidina cinasa de transducción de señales multisensitiva	267	267	1320	NA	NA	NA	NA
8938v201411 16	endorribonucleasa L-PSP	268	268	1321	NA	NA	NA	NA
8940v201411 16	proteína hipotética	269	269	1322	NA	NA	NA	NA
8941v201411 16	proteína hipotética	1323	270	1323	NA	NA	NA	NA
8947v201411 16	proteína hipotética	1324	271	1324	NA	NA	NA	NA
8949v201411 16	proteína hipotética Mnod_5935	272	272	1325	NA	NA	NA	NA
8963v201411 16	ATPasa AAA	4207	NA	1328	NA	NA	NA	4207
8968v201411 16	Ninguno	4208	NA	1330	NA	NA	NA	4208
8975v201411 16	regulador transcripcional de la familia LuxR de dos componentes	1333	NA	1333	NA	NA	NA	4209
9009v201411 16	regulador transcripcional de la familia LysR	2270	NA	NA	2270	NA	3651	NA
9033v201411 16	ácido cobrínico acidamida sintasa	2975	NA	NA	NA	2975	NA	4211
9049v201411 16	proteína hipotética Mrad2831_5209	2272	NA	NA	2272	2977	NA	NA
9054v201411 16	proteína hipotética MexAM1_META1p128 0	3656	NA	NA	NA	NA	3656	4213
9082v201411 16	Ninguno	2273	NA	NA	2273	NA	NA	4214
9083v201411 16	proteína hipotética	2274	NA	NA	2274	NA	NA	4215
9087v201411 16	deshidrogenasa de cadena corta	4216	NA	NA	2275	NA	NA	4216
9112v201411 16	proteína hipotética	4221	NA	NA	NA	NA	3659	4221
9113v201411 16	proteína hipotética	3660	NA	NA	NA	NA	3660	4222
9114v201411 16	transportador de tricarboxilato	4223	NA	NA	NA	NA	3661	4223

Identificador único de grupo ortólogo	Comentario	SEQ ID NO: de ortól. de referen cia	SEQ ID NO: de ortól. de NLS00 17	SEQ ID NO: de ortól. de NLS00 20	SEQ ID NO: de ortól. de NLS00 37	SEQ ID NO: de ortól. de NLS00 42	SEQ ID NO: de ortól. de NLS00 65	SEQ ID NO: de ortól. de NLS00 66
9117v201411 16	proteína hipotética Mchl_5371	2981	NA	NA	NA	2981	NA	4225
9125v201411 16	proteína hipotética Mchl_0715	2986	NA	NA	NA	2986	3662	NA
9136v201411 16	proteína hipotética Mnod_6346	3663	NA	NA	NA	NA	3663	4235
9205v201411 16	proteína hipotética	276	276	1334	NA	NA	NA	NA
9230v201411 16	acetil-CoA acetiltransferasa	278	278	1336	NA	NA	NA	NA
9241v201411 16	proteína hipotética	279	279	1338	NA	NA	NA	NA
9245v201411 16	proteína de unión a solutos extracelular de la familia 1	281	281	1339	NA	NA	NA	NA
9247v201411 16	histidina cinasa sensitiva de dos componentes	282	282	1340	NA	NA	NA	NA
9254v201411 16	carboximetilbutanolida a	283	283	1342	NA	NA	NA	NA
9257v201411 16	proteína hipotética	284	284	1343	NA	NA	NA	NA
9260v201411 16	proteína que contiene dominio beta-lactamasa	285	285	1344	NA	NA	NA	NA
9261v201411 16	glúcido nucleotídico deshidrogenasa	286	286	1345	NA	NA	NA	NA
9268v201411 16	monóxido de carbono deshidrogenasa	287	287	1346	NA	NA	NA	NA
9269v201411 16	proteína hipotética	288	288	1347	NA	NA	NA	NA
9270v201411 16	peptidasa M19	289	289	1348	NA	NA	NA	NA
9271v201411 16	proteína hipotética	1349	290	1349	NA	NA	NA	NA
9278v201411 16	proteína hipotética	294	294	1353	NA	NA	NA	NA
9281v201411 16	familia 1 de glucosil transferasa	296	296	1355	NA	NA	NA	NA
9282v201411 16	proteína de unión a sustrato	297	297	NA	2280	NA	NA	NA
9283v201411 16	histidina cinasa híbrida sensitiva de membrana integrada	1356	298	1356	NA	NA	NA	NA
9284v201411 16	aciltransferasa 3	299	299	1357	NA	NA	NA	NA
9290v201411 16	diguanilato ciclasa	300	300	NA	NA	NA	NA	4245
9291v201411 16	proteína hipotética	301	301	NA	2281	NA	NA	NA
9292v201411 16	proteína hipotética	302	302	NA	2282	NA	NA	NA
9295v201411 16	proteína hipotética	303	303	1358	NA	NA	NA	NA
9297v201411 16	proteína hipotética	1359	304	1359	NA	NA	NA	NA
9298v201411 16	proteína hipotética Mrad2831_0240	306	306	1360	NA	NA	NA	NA

Identificador único de grupo ortólogo	Comentario	SEQ ID NO: de ortól. de referen cia	SEQ ID NO: de ortól. de NLS00 17	SEQ ID NO: de ortól. de NLS00 20	SEQ ID NO: de ortól. de NLS00 37	SEQ ID NO: de ortól. de NLS00 42	SEQ ID NO: de ortól. de NLS00 65	SEQ ID NO: de ortól. de NLS00 66
9300v201411 16	proteína de unión a ATP transportadora ABC de nitrato	307	307	1361	NA	NA	NA	NA
9309v201411 16	regulador transcripcional de la familia XRE	4246	310	NA	NA	NA	NA	4246
9311v201411 16	proteína hipotética	311	311	1362	NA	NA	NA	NA
9313v201411 16	proteína hipotética	1363	312	1363	NA	NA	NA	NA
9315v201411 16	proteína hipotética	313	313	1364	NA	NA	NA	NA
9321v201411 16	nucleotidiltransferasa	315	315	1366	NA	NA	NA	NA
9331v201411 16	regulador transcripcional de la familia PadR	317	317	1368	NA	NA	NA	NA
9347v201411 16	proteína de membrana interna de transportador ABC	2994	NA	1373	NA	2994	NA	NA
9348v201411 16	proteína hipotética	4247	NA	1374	NA	NA	NA	4247
9467v201411 16	proteína hipotética	2287	NA	NA	2287	NA	NA	4253
9504v201411 16	proteína hipotética Mnod_4882	3674	NA	NA	NA	3007	3674	NA
9669v201411 16	proteína hipotética	1376	319	1376	NA	NA	NA	NA
9675v201411 16	proteína hipotética conservada	3017	NA	NA	NA	3017	3676	NA
9680v201411 16	hidrolasa NUDIX	322	322	1377	NA	NA	NA	NA
9687v201411 16	proteína de biosíntesis de polisacáridos	323	323	1378	NA	NA	NA	NA
9689v201411 16	fumarilacetoacetato (FAA) hidrolasa	324	324	1380	NA	NA	NA	NA
9690v201411 16	proteína hipotética Mrad2831_3421	325	325	1381	NA	NA	NA	NA
9692v201411 16	muconolactona delta- isomerasa	327	327	1382	NA	NA	NA	NA
9693v201411 16	shikimato deshidrogenasa	328	328	1383	NA	NA	NA	NA
9694v201411 16	alcohol deshidrogenasa	329	329	1384	NA	NA	NA	NA
9695v201411 16	proteína de la familia TadE	330	330	1385	NA	NA	NA	NA
9696v201411 16	proteína hipotética	331	331	1386	NA	NA	NA	NA
9698v201411 16	proteína hipotética	332	332	1388	NA	NA	NA	NA
9701v201411 16	proteína de membrana	333	333	1389	NA	NA	NA	NA
9702v201411 16	transportador MFS	334	334	1390	NA	NA	NA	NA
9703v201411 16	Familia GntR de reguladores transcripcionales	335	335	1391	NA	NA	NA	NA
9707v201411 16	proteína hipotética	336	336	1392	NA	NA	NA	NA

Identificador único de grupo ortólogo	Comentario	SEQ ID NO: de ortól. de referen cia	SEQ ID NO: de ortól. de NLS00 17	SEQ ID NO: de ortól. de NLS00 20	SEQ ID NO: de ortól. de NLS00 37	SEQ ID NO: de ortól. de NLS00 42	SEQ ID NO: de ortól. de NLS00 65	SEQ ID NO: de ortól. de NLS00 66
9708v201411 16	proteína de unión a sustrato de transportador ABC de fosfato	337	337	1393	NA	NA	NA	NA
9709v201411 16	ferredoxina	338	338	1394	NA	NA	NA	NA
9710v201411 16	proteína hipotética Mrad2831_0220	339	339	1395	NA	NA	NA	NA
9712v201411 16	proteína hipotética	340	340	1396	NA	NA	NA	NA
9717v201411 16	regulador transcripcional de la familia GntR	1397	342	1397	NA	NA	NA	NA
9718v201411 16	proteína hipotética	1398	343	1398	NA	NA	NA	NA
9719v201411 16	proteína de unión a FAD de monooxigenasa	344	344	1400	NA	NA	NA	NA
9720v201411 16	proteína hipotética Mrad2831_1283	345	345	1401	NA	NA	NA	NA
9725v201411 16	proteína hipotética	1402	347	1402	NA	NA	NA	NA
9727v201411 16	proteína hipotética	348	348	1403	NA	NA	NA	NA
9728v201411 16	proteína hipotética	349	349	1404	NA	NA	NA	NA
9730v201411 16	proteína hipotética	350	350	1405	NA	NA	NA	NA
9731v201411 16	amidasa	351	351	1406	NA	NA	NA	NA
9732v201411 16	proteína hipotética	352	352	1407	NA	NA	NA	NA
9735v201411 16	proteína hipotética	353	353	1408	NA	NA	NA	NA
9736v201411 16	proteína de quimiotaxis aceptadora de metilo	1409	NA	1409	NA	NA	NA	4279
9739v201411 16	proteína hipotética	354	354	1410	NA	NA	NA	NA
9744v201411 16	proteína hipotética	355	355	1411	NA	NA	NA	NA
9745v201411 16	proteína fold de alfa/beta hidrolasa	356	356	1413	NA	NA	NA	NA
9749v201411 16	proteína hipotética Mrad2831_1349	357	357	1414	NA	NA	NA	NA
9750v201411 16	monóxido de carbono deshidrogenasa	358	358	1415	NA	NA	NA	NA
9751v201411 16	proteína hipotética	1416	359	1416	NA	NA	NA	NA
9752v201411 16	glioxalasa	360	360	1417	NA	NA	NA	NA
9754v201411 16	proteína hipotética	1418	361	1418	NA	NA	NA	NA
9759v201411 16	proteína hipotética	366	366	NA	2291	NA	NA	NA
9761v201411 16	UDP-glucosa 6- deshidrogenasa	367	367	1420	NA	NA	NA	NA
9763v201411 16	proteína hipotética	369	369	1421	NA	NA	NA	NA
9766v201411 16	regulador transcripcional de la familia LysR	370	370	1422	NA	NA	NA	NA

Identificador único de grupo ortólogo	Comentario	SEQ ID NO: de ortól. de referen cia	SEQ ID NO: de ortól. de NLS00 17	SEQ ID NO: de ortól. de NLS00 20	SEQ ID NO: de ortól. de NLS00 37	SEQ ID NO: de ortól. de NLS00 42	SEQ ID NO: de ortól. de NLS00 65	SEQ ID NO: de ortól. de NLS00 66
9769v201411 16	glutación S-transferasa	371	371	1423	NA	NA	NA	NA
9776v201411 16	proteína hipotética Msil_2170	4282	NA	NA	NA	3019	NA	4282
9778v201411 16	peptidasa S8	1425	375	1425	NA	NA	NA	NA
9787v201411 16	regulador transcripcional de la familia LuxR	377	377	1427	NA	NA	NA	NA
9789v201411 16	proteína hipotética	378	378	1428	NA	NA	NA	NA
9790v201411 16	proteína hipotética	379	379	1429	NA	NA	NA	NA
9791v201411 16	proteína hipotética	380	380	1430	NA	NA	NA	NA
9796v201411 16	proteína de unión a nucleótidos cíclicos	1431	382	1431	NA	NA	NA	NA
9802v201411 16	proteína hipotética Mrad2831_5170	3679	NA	1432	NA	NA	3679	NA
9804v201411 16	ADN helicasa dependiente de ATP de unión Holliday	4283	NA	1433	NA	NA	NA	4283
9989v201411 16	proteína hipotética	2297	NA	NA	2297	NA	NA	4288
10005v20141 11 6	proteína hipotética	4289	NA	NA	NA	NA	3684	4289
10053v20141 11 6	proteína hipotética Mchl_4474	3033	NA	NA	NA	3033	3690	NA
10058v20141 11 6	proteína hipotética Mnod_7738	3039	NA	NA	NA	3039	NA	4296
10065v20141 11 6	enzima mitocondrial málica dependiente de NAD	4302	NA	NA	NA	NA	3691	4302
10194v20141 11 6	toxinas RTX y proteína de unión a Ca ²⁺ relacionada	385	385	NA	NA	NA	NA	4331
10195v20141 11 6	proteína hipotética	386	386	1440	NA	NA	NA	NA
10216v20141 11 6	proteína hipotética	388	388	1442	NA	NA	NA	NA
10219v20141 11 6	proteína hipotética	390	390	1443	NA	NA	NA	NA
10247v20141 11 6	proteína hipotética	395	395	1450	NA	NA	NA	NA
10250v20141 11 6	proteína hipotética	1451	397	1451	NA	NA	NA	NA
10251v20141 11 6	proteína hipotética	398	398	1452	NA	NA	NA	NA
10252v20141 11 6	proteína hipotética	399	399	1453	NA	NA	NA	NA
10253v20141 11 6	histidina cinasa	400	400	1454	NA	NA	NA	NA
10254v20141 11 6	proteína hipotética Mnod_1661	401	401	1455	NA	NA	NA	NA
10255v20141 11 6	peroxidasa	402	402	1456	NA	NA	NA	NA
10256v20141 11 6	transportador de sn- glicerol-3-fosfato	1457	403	1457	NA	NA	NA	NA
10257v20141 11 6	proteína hipotética	1458	404	1458	NA	NA	NA	NA

Identificador único de grupo ortólogo	Comentario	SEQ ID NO: de ortól. de referen cia	SEQ ID NO: de ortól. de NLS00 17	SEQ ID NO: de ortól. de NLS00 20	SEQ ID NO: de ortól. de NLS00 37	SEQ ID NO: de ortól. de NLS00 42	SEQ ID NO: de ortól. de NLS00 65	SEQ ID NO: de ortól. de NLS00 66
10258v20141 11 6	acil-CoA deshidrogenasa	405	405	1459	NA	NA	NA	NA
10259v20141 11 6	regulador transcripcional de la familia IclR	406	406	1460	NA	NA	NA	NA
10260v20141 11 6	aldehído deshidrogenasa	407	407	1461	NA	NA	NA	NA
10261v20141 11 6	Dihidrodipicolinato sintasa	408	408	1462	NA	NA	NA	NA
10264v20141 11 6	proteína hipotética	410	410	1464	NA	NA	NA	NA
10265v20141 11 6	Ninguno	411	411	1465	NA	NA	NA	NA
10266v20141 11 6	proteína hipotética	412	412	1466	NA	NA	NA	NA
10268v20141 11 6	proteína hipotética Atu3845	413	413	1467	NA	NA	NA	NA
10269v20141 11 6	proteína hipotética	414	414	1468	NA	NA	NA	NA
10272v20141 11 6	proteína hipotética	1469	415	1469	NA	NA	NA	NA
10277v20141 11 6	regulador transcripcional de la familia TetR	417	417	1470	NA	NA	NA	NA
10278v20141 11 6	proteína hipotética	418	418	1471	NA	NA	NA	NA
10280v20141 11 6	proteína hipotética MexAM1_META2p114 6	1473	420	1473	NA	NA	NA	NA
10282v20141 11 6	proteína hipotética Mrad2831_4849	421	421	1474	NA	NA	NA	NA
10283v20141 11 6	citrato sintasa	422	422	1475	NA	NA	NA	NA
10284v20141 11 6	oxidorreductasa	423	423	1476	NA	NA	NA	NA
10285v20141 11 6	proteína hipotética	424	424	1477	NA	NA	NA	NA
10286v20141 11 6	proteína hipotética	1478	425	1478	NA	NA	NA	NA
10287v20141 11 6	proteína de la superfamilia de facilitador principal	426	426	1479	NA	NA	NA	NA
10290v20141 11 6	proteína hipotética	1480	427	1480	NA	NA	NA	NA
10291v20141 11 6	transportador MFS	428	428	1481	NA	NA	NA	NA
10292v20141 11 6	aldehído deshidrogenasa	429	429	1482	NA	NA	NA	NA
10293v20141 11 6	regulador transcripcional de la familia GntR	430	430	1483	NA	NA	NA	NA
10294v20141 11 6	tioesterasa	431	431	1484	NA	NA	NA	NA
10295v20141 11 6	proteína hipotética	432	432	1485	NA	NA	NA	NA
10296v20141 11 6	proteína hipotética	433	433	1486	NA	NA	NA	NA
10298v20141 11 6	proteína hipotética	1487	434	1487	NA	NA	NA	NA
10299v20141 11 6	proteína hipotética	435	435	1488	NA	NA	NA	NA

Identificador único de grupo ortólogo	Comentario	SEQ ID NO: de ortól. de referen cia	SEQ ID NO: de ortól. de NLS00 17	SEQ ID NO: de ortól. de NLS00 20	SEQ ID NO: de ortól. de NLS00 37	SEQ ID NO: de ortól. de NLS00 42	SEQ ID NO: de ortól. de NLS00 65	SEQ ID NO: de ortól. de NLS00 66
10300v20141 11 6	transportador MFS	436	436	1489	NA	NA	NA	NA
10301v20141 11 6	crotonasa	437	437	1490	NA	NA	NA	NA
10302v20141 11 6	sintetasa y ligasa dependiente de AMP	438	438	1491	NA	NA	NA	NA
10303v20141 11 6	proteína que contiene dominio de unión a (2Fe- 2S)	439	439	1492	NA	NA	NA	NA
10304v20141 11 6	regulador transcripcional	440	440	1493	NA	NA	NA	NA
10305v20141 11 6	hidrolasa	441	441	1494	NA	NA	NA	NA
10306v20141 11 6	señal de la ruta de translocación de arginina doble	1495	442	1495	NA	NA	NA	NA
10307v20141 11 6	proteína hipotética	443	443	1496	NA	NA	NA	NA
10309v20141 11 6	proteína hipotética	444	444	1497	NA	NA	NA	NA
10310v20141 11 6	proteína hipotética	445	445	1498	NA	NA	NA	NA
10313v20141 11 6	proteína hipotética	446	446	1499	NA	NA	NA	NA
10315v20141 11 6	proteína hipotética	1500	447	1500	NA	NA	NA	NA
10316v20141 11 6	glucosil transferasa del grupo 1	448	448	1501	NA	NA	NA	NA
10317v20141 11 6	glucosil transferasa del grupo 1	449	449	1502	NA	NA	NA	NA
10318v20141 11 6	proteína-tirosina cinasa no específica	450	450	1503	NA	NA	NA	NA
10319v20141 11 6	proteína hipotética	1504	451	1504	NA	NA	NA	NA
10323v20141 11 6	regulador transcripcional de la familia AraC	452	452	NA	2306	NA	NA	NA
10324v20141 11 6	proteína hipotética	2307	453	NA	2307	NA	NA	NA
10326v20141 11 6	aminotransferasa de clase I/II	2308	454	NA	2308	NA	NA	NA
10328v20141 11 6	proteína hipotética	455	455	1506	NA	NA	NA	NA
10331v20141 11 6	acil-CoA deshidrogenasa	458	458	1508	NA	NA	NA	NA
10334v20141 11 6	proteína hipotética	459	459	1509	NA	NA	NA	NA
10335v20141 11 6	proteína hipotética Mnod 7733	460	460	NA	NA	NA	NA	4342
10337v20141 11 6	proteína hipotética	1510	462	1510	NA	NA	NA	NA
10341v20141 11 6	proteína de resistencia a glioxalasa/bleomicina/dioxi genasa	463	463	1511	NA	NA	NA	NA
10343v20141 11 6	simportador de citrato/H+ de la familia CitMHS	1512	464	1512	NA	NA	NA	NA

Identificador único de grupo ortólogo	Comentario	SEQ ID NO: de ortól. de referen cia	SEQ ID NO: de ortól. de NLS00 17	SEQ ID NO: de ortól. de NLS00 20	SEQ ID NO: de ortól. de NLS00 37	SEQ ID NO: de ortól. de NLS00 42	SEQ ID NO: de ortól. de NLS00 65	SEQ ID NO: de ortól. de NLS00 66
10344v20141 11 6	proteína de unión a sustrato del transportador ABC	465	465	1513	NA	NA	NA	NA
10345v20141 11 6	beta-lactamasa	466	466	1514	NA	NA	NA	NA
10346v20141 11 6	endorribonucleasa L-PSP	1515	467	1515	NA	NA	NA	NA
10347v20141 11 6	proteína hipotética Mrad2831_4429	1516	468	1516	NA	NA	NA	NA
10349v20141 11 6	proteína hipotética	1518	470	1518	NA	NA	NA	NA
10350v20141 11 6	proteína hipotética	1519	471	1519	NA	NA	NA	NA
10354v20141 11 6	proteína hipotética	4343	472	NA	NA	NA	NA	4343
10356v20141 11 6	proteína hipotética	473	473	1520	NA	NA	NA	NA
10358v20141 11 6	proteína hipotética	474	474	NA	NA	NA	NA	4345
10361v20141 11 6	proteína hipotética Mrad2831_5665	1522	NA	1522	NA	NA	NA	4346
10655v20141 11 6	proteína hipotética	2312	NA	NA	2312	3049	NA	NA
10656v20141 11 6	proteína hipotética Mrad2831_5208	2313	NA	NA	2313	3050	NA	NA
10675v20141 11 6	transposasa	3697	NA	NA	2314	NA	3697	NA
10688v20141 11 6	Ninguno	2316	NA	NA	2316	NA	NA	4354
10941v20141 11 6	proteína hipotética	1529	475	1529	NA	NA	NA	NA
10942v20141 11 6	proteína de unión a peptidoglucano	478	478	1530	NA	NA	NA	NA
10980v20141 11 6	proteína hipotética	1534	479	1534	NA	NA	NA	NA
10994v20141 11 6	proteína hipotética	1535	480	1535	NA	NA	NA	NA
10999v20141 11 6	proteína hipotética	482	482	1536	NA	NA	NA	NA
11000v20141 11 6	proteína hipotética	483	483	1537	NA	NA	NA	NA
11001v20141 11 6	permeasa de transportador ABC	484	484	1538	NA	NA	NA	NA
11002v20141 11 6	proteína hipotética	485	485	1539	NA	NA	NA	NA
11003v20141 11 6	3-cetoacil-ACP reductasa	486	486	1540	NA	NA	NA	NA
11004v20141 11 6	proteína de unión a ATP del transportador ABC de aminoácidos de cadena ramificada	487	487	1541	NA	NA	NA	NA
11005v20141 11 6	NADPH quinona oxidoreductasa	488	488	1542	NA	NA	NA	NA
11006v20141 11 6	proteína hipotética	489	489	1543	NA	NA	NA	NA
11007v20141 11 6	proteína hipotética	490	490	1544	NA	NA	NA	NA

Identificador único de grupo ortólogo	Comentario	SEQ ID NO: de ortól. de referen cia	SEQ ID NO: de ortól. de NLS00 17	SEQ ID NO: de ortól. de NLS00 20	SEQ ID NO: de ortól. de NLS00 37	SEQ ID NO: de ortól. de NLS00 42	SEQ ID NO: de ortól. de NLS00 65	SEQ ID NO: de ortól. de NLS00 66
11008v20141 11 6	proteína AmiC reguladora de la expresión de amidasa alifática	491	491	1545	NA	NA	NA	NA
11009v20141 11 6	proteína hipotética	492	492	1546	NA	NA	NA	NA
11010v20141 11 6	deshidrogenasa/reductasa SDR de cadena corta	493	493	1547	NA	NA	NA	NA
11013v20141 11 6	proteína hipotética	494	494	1548	NA	NA	NA	NA
11014v20141 11 6	proteína hipotética	495	495	1549	NA	NA	NA	NA
11015v20141 11 6	proteína hipotética	496	496	1550	NA	NA	NA	NA
11016v20141 11 6	factor sigma-24 de ARN polimerasa de la subfamilia ECF	497	497	1551	NA	NA	NA	NA
11019v20141 11 6	transportador de facilitador principal	498	498	1552	NA	NA	NA	NA
11022v20141 11 6	proteína hipotética Mrad2831_2880	499	499	1553	NA	NA	NA	NA
11023v20141 11 6	proteína hipotética	1554	500	1554	NA	NA	NA	NA
11024v20141 11 6	proteína hipotética	501	501	1555	NA	NA	NA	NA
11025v20141 11 6	proteína hipotética	502	502	1556	NA	NA	NA	NA
11026v20141 11 6	Ninguno	503	503	1557	NA	NA	NA	NA
11027v20141 11 6	helicasa	504	504	1558	NA	NA	NA	NA
11029v20141 11 6	proteína hipotética	1559	506	1559	NA	NA	NA	NA
11030v20141 11 6	proteína hipotética	1560	507	1560	NA	NA	NA	NA
11031v20141 11 6	proteína hipotética Mrad2831_3995	508	508	1561	NA	NA	NA	NA
11032v20141 11 6	proteína hipotética	509	509	1562	NA	NA	NA	NA
11033v20141 11 6	proteína hipotética	510	510	1563	NA	NA	NA	NA
11034v20141 11 6	proteína hipotética	511	511	1564	NA	NA	NA	NA
11035v20141 11 6	ácido graso hidroxilasa	512	512	1565	NA	NA	NA	NA
11036v20141 11 6	regulador de respuesta de dos componentes de unión a ADN	513	513	1566	NA	NA	NA	NA
11037v20141 11 6	proteína hipotética	514	514	1567	NA	NA	NA	NA
11038v20141 11 6	proteína hipotética	515	515	1568	NA	NA	NA	NA
11040v20141 11 6	proteína hipotética Mrad2831_4848	516	516	1569	NA	NA	NA	NA
11041v20141 11 6	proteína hipotética Mrad2831_4850	517	517	1570	NA	NA	NA	NA
11042v20141 11 6	regulador transcripcional de la familia AraC	518	518	1571	NA	NA	NA	NA

Identificador único de grupo ortólogo	Comentario	SEQ ID NO: de ortól. de referen cia	SEQ ID NO: de ortól. de NLS00 17	SEQ ID NO: de ortól. de NLS00 20	SEQ ID NO: de ortól. de NLS00 37	SEQ ID NO: de ortól. de NLS00 42	SEQ ID NO: de ortól. de NLS00 65	SEQ ID NO: de ortól. de NLS00 66
11043v20141 11 6	regulador transcripcional de la familia MucR	1572	519	1572	NA	NA	NA	NA
11044v20141 11 6	proteína hipotética	520	520	1573	NA	NA	NA	NA
11045v20141 11 6	proteína hipotética	521	521	1574	NA	NA	NA	NA
11046v20141 11 6	proteína hipotética	522	522	1575	NA	NA	NA	NA
11047v20141 11 6	proteína hipotética Mrad2831_4872	523	523	1576	NA	NA	NA	NA
11048v20141 116	regulador transcripcional de la familia MucR	524	524	1577	NA	NA	NA	NA
11049v20141 116	proteína hipotética	525	525	1578	NA	NA	NA	NA
11050v20141 116	proteína hipotética	526	526	1579	NA	NA	NA	NA
11051v20141 116	proteína hipotética	1580	527	1580	NA	NA	NA	NA
11053v20141 116	proteína hipotética	528	528	1581	NA	NA	NA	NA
11055v20141 116	proteína hipotética	529	529	1582	NA	NA	NA	NA
11056v20141 116	proteína hipotética	530	530	1583	NA	NA	NA	NA
11058v20141 116	CDP-diacilglicerol difosfatasa	531	531	1584	NA	NA	NA	NA
11059v20141 116	proteína hipotética	532	532	1585	NA	NA	NA	NA
11060v20141 116	proteína hipotética	533	533	1586	NA	NA	NA	NA
11062v20141 116	proteína hipotética	534	534	1587	NA	NA	NA	NA
11065v20141 116	proteína hipotética Mrad2831_4173	1588	535	1588	NA	NA	NA	NA
11066v20141 116	proteína hipotética	536	536	1589	NA	NA	NA	NA
11067v20141 116	proteína hipotética	1590	537	1590	NA	NA	NA	NA
11068v20141 116	proteína hipotética	538	538	1591	NA	NA	NA	NA
11069v20141 116	proteína hipotética	539	539	1592	NA	NA	NA	NA
11071v20141 116	proteína hipotética	540	540	1593	NA	NA	NA	NA
11072v20141 116	proteína hipotética	541	541	1594	NA	NA	NA	NA
11073v20141 116	proteína hipotética	542	542	1595	NA	NA	NA	NA
11074v20141 116	proteína hipotética Mrad2831_2451	543	543	1596	NA	NA	NA	NA
11075v20141 116	proteína hipotética	1597	544	1597	NA	NA	NA	NA
11077v20141 116	proteína hipotética Mrad2831_4594	545	545	1598	NA	NA	NA	NA
11078v20141 116	proteína hipotética Mrad2831_4604	546	546	1599	NA	NA	NA	NA

Identificador único de grupo ortólogo	Comentario	SEQ ID NO: de ortól. de referen cia	SEQ ID NO: de ortól. de NLS00 17	SEQ ID NO: de ortól. de NLS00 20	SEQ ID NO: de ortól. de NLS00 37	SEQ ID NO: de ortól. de NLS00 42	SEQ ID NO: de ortól. de NLS00 65	SEQ ID NO: de ortól. de NLS00 66
11079v20141 116	proteína hipotética	547	547	1600	NA	NA	NA	NA
11082v20141 116	proteína hipotética	548	548	1601	NA	NA	NA	NA
11083v20141 116	proteína hipotética	549	549	1602	NA	NA	NA	NA
11085v20141 116	proteína hipotética	550	550	1603	NA	NA	NA	NA
11086v20141 116	transductor sensitivo de quimiotaxis aceptador de metilo	1604	551	1604	NA	NA	NA	NA
11087v20141 116	proteína hipotética	1605	552	1605	NA	NA	NA	NA
11090v20141 116	proteína hipotética	1606	553	1606	NA	NA	NA	NA
11091v20141 116	proteína hipotética	554	554	1607	NA	NA	NA	NA
11092v20141 116	proteína transmembranaria putativa	555	555	1608	NA	NA	NA	NA
11093v20141 116	proteína hipotética Mrad2831_5620	556	556	1609	NA	NA	NA	NA
11094v20141 116	proteína hipotética	557	557	1610	NA	NA	NA	NA
11095v20141 116	proteína hipotética Mrad2831_5792	558	558	1611	NA	NA	NA	NA
11096v20141 116	proteína hipotética	559	559	1612	NA	NA	NA	NA
11097v20141 116	proteína hipotética	560	560	1613	NA	NA	NA	NA
11098v20141 116	proteína hipotética	561	561	1614	NA	NA	NA	NA
11099v20141 116	proteína hipotética	562	562	1615	NA	NA	NA	NA
11100v20141 116	proteína hipotética	563	563	1616	NA	NA	NA	NA
11101v20141 116	proteína hipotética	564	564	1617	NA	NA	NA	NA
11102v20141 116	proteína hipotética	565	565	1618	NA	NA	NA	NA
11103v20141 116	regulador transcripcional de la familia HxIR	566	566	1619	NA	NA	NA	NA
11105v20141 116	proteína hipotética Mrad2831_1263	567	567	1620	NA	NA	NA	NA
11106v20141 116	proteína hipotética Mrad2831_1264	568	568	1621	NA	NA	NA	NA
11108v20141 116	proteína hipotética	569	569	1622	NA	NA	NA	NA
11109v20141 116	proteína dependiente de efector Hrp de tipo III	570	570	1623	NA	NA	NA	NA
11110v20141 116	proteína hipotética	1624	571	1624	NA	NA	NA	NA
11114v20141 116	proteína hipotética	573	573	1625	NA	NA	NA	NA
11117v20141 116	proteína hipotética	574	574	1626	NA	NA	NA	NA
11118v20141 116	proteína hipotética	575	575	1627	NA	NA	NA	NA

Identificador único de grupo ortólogo	Comentario	SEQ ID NO: de ortól. de referen cia	SEQ ID NO: de ortól. de NLS00 17	SEQ ID NO: de ortól. de NLS00 20	SEQ ID NO: de ortól. de NLS00 37	SEQ ID NO: de ortól. de NLS00 42	SEQ ID NO: de ortól. de NLS00 65	SEQ ID NO: de ortól. de NLS00 66
11119v20141 116	proteína hipotética	1628	576	1628	NA	NA	NA	NA
11121v20141 116	proteína hipotética	578	578	1630	NA	NA	NA	NA
11125v20141 116	proteína hipotética	581	581	1631	NA	NA	NA	NA
11126v20141 116	proteína hipotética Mrad2831_4291	582	582	1632	NA	NA	NA	NA
11127v20141 116	proteína hipotética	583	583	1633	NA	NA	NA	NA
11128v20141 116	proteína aldo/ceto reductasa putativa	1634	584	1634	NA	NA	NA	NA
11129v20141 116	proteína hipotética Mrad2831_1223	585	585	1635	NA	NA	NA	NA
11130v20141 116	proteína hipotética	586	586	1636	NA	NA	NA	NA
11131v20141 116	proteína hipotética	587	587	1637	NA	NA	NA	NA
11134v20141 116	proteína hipotética	589	589	1638	NA	NA	NA	NA
11136v20141 116	proteína hipotética Mrad2831_4454	590	590	1639	NA	NA	NA	NA
11137v20141 116	fosfoglicolato fosfatasa	1640	591	1640	NA	NA	NA	NA
11138v20141 116	proteína de unión a sustrato	592	592	1641	NA	NA	NA	NA
11139v20141 116	proteína hipotética	1642	593	1642	NA	NA	NA	NA
11140v20141 116	nucleótido de piridina- disulfuro oxidoreductasa dependiente de FAD	1643	594	1643	NA	NA	NA	NA
11141v20141 116	proteína hipotética	1644	595	1644	NA	NA	NA	NA
11142v20141 116	5-oxopent-3-eno-1,2,5- tricarboxilato decarboxilasa	596	596	1645	NA	NA	NA	NA
11143v20141 116	proteína hipotética Mrad2831_1904	1646	597	1646	NA	NA	NA	NA
11149v20141 116	proteína hipotética	600	600	1647	NA	NA	NA	NA
11150v20141 116	proteína hipotética Mrad2831_1911	601	601	1648	NA	NA	NA	NA
11151v20141 116	proteína hipotética	602	602	1649	NA	NA	NA	NA
11152v20141 116	proteína hipotética	603	603	1650	NA	NA	NA	NA
11153v20141 116	proteína hipotética	604	604	1651	NA	NA	NA	NA
11154v20141 116	proteína hipotética	605	605	1652	NA	NA	NA	NA
11155v20141 116	proteína hipotética	606	606	1653	NA	NA	NA	NA
11156v20141 116	transductor sensitivo de quimiotaxis aceptador de metilo	1654	607	1654	NA	NA	NA	NA
11157v20141 116	proteína hipotética	608	608	1655	NA	NA	NA	NA

Identificador único de grupo ortólogo	Comentario	SEQ ID NO: de ortól. de referen cia	SEQ ID NO: de ortól. de NLS00 17	SEQ ID NO: de ortól. de NLS00 20	SEQ ID NO: de ortól. de NLS00 37	SEQ ID NO: de ortól. de NLS00 42	SEQ ID NO: de ortól. de NLS00 65	SEQ ID NO: de ortól. de NLS00 66
11161v20141 116	regulador transcripcional de la familia MucR	610	610	1656	NA	NA	NA	NA
11162v20141 116	proteína hipotética	611	611	1657	NA	NA	NA	NA
11164v20141 116	proteína hipotética	612	612	1658	NA	NA	NA	NA
11165v20141 116	regulador transcripcional de la familia MarR	613	613	1659	NA	NA	NA	NA
11167v20141 116	transportador de polisacáridos capsulares	614	614	1660	NA	NA	NA	NA
11168v20141 116	proteína hipotética	615	615	1661	NA	NA	NA	NA
11169v20141 116	proteína hipotética	616	616	1662	NA	NA	NA	NA
11171v20141 116	proteína hipotética	617	617	1663	NA	NA	NA	NA
11172v20141 116	proteína hipotética Mrad2831_1654	618	618	1664	NA	NA	NA	NA
11176v20141 116	proteína hipotética	619	619	1665	NA	NA	NA	NA
11177v20141 116	proteína hipotética	620	620	1666	NA	NA	NA	NA
11178v20141 116	proteína hipotética	621	621	1667	NA	NA	NA	NA
11180v20141 116	proteína hipotética	624	624	1668	NA	NA	NA	NA
11181v20141 116	proteína hipotética	625	625	1669	NA	NA	NA	NA
11182v20141 116	proteína hipotética	626	626	1670	NA	NA	NA	NA
11183v20141 116	proteína hipotética	627	627	1671	NA	NA	NA	NA
11184v20141 116	proteína hipotética	1672	628	1672	NA	NA	NA	NA
11185v20141 116	proteína hipotética	1673	629	1673	NA	NA	NA	NA
11186v20141 116	proteína hipotética	630	630	1674	NA	NA	NA	NA
11187v20141 116	proteína hipotética	631	631	1675	NA	NA	NA	NA
11188v20141 116	regulador transcripcional de la familia GntR	1676	633	1676	NA	NA	NA	NA
11189v20141 116	proteína hipotética Mrad2831_2999	634	634	1677	NA	NA	NA	NA
11190v20141 116	proteína hipotética	635	635	1678	NA	NA	NA	NA
11191v20141 116	proteína hipotética	1679	636	1679	NA	NA	NA	NA
11193v20141 116	haloácido deshalogenasa	637	637	1680	NA	NA	NA	NA
11196v20141 116	proteína hipotética	1681	638	1681	NA	NA	NA	NA
11197v20141 116	helicasa RuvB de ADN de unión Holliday	639	639	1682	NA	NA	NA	NA
11198v20141 116	proteína hipotética parcial	640	640	1683	NA	NA	NA	NA

Identificador único de grupo ortólogo	Comentario	SEQ ID NO: de ortól. de referen cia	SEQ ID NO: de ortól. de NLS00 17	SEQ ID NO: de ortól. de NLS00 20	SEQ ID NO: de ortól. de NLS00 37	SEQ ID NO: de ortól. de NLS00 42	SEQ ID NO: de ortól. de NLS00 65	SEQ ID NO: de ortól. de NLS00 66
11199v20141 116	proteína hipotética	641	641	1684	NA	NA	NA	NA
11200v20141 116	proteína hipotética	642	642	1685	NA	NA	NA	NA
11201v20141 116	proteína hipotética	643	643	1686	NA	NA	NA	NA
11203v20141 116	proteína hipotética Mrad2831_5411	1687	644	1687	NA	NA	NA	NA
11204v20141 116	proteína hipotética	645	645	1688	NA	NA	NA	NA
11206v20141 116	proteína de la familia glucosil transferasa	1689	646	1689	NA	NA	NA	NA
11207v20141 116	proteína hipotética	1690	647	1690	NA	NA	NA	NA
11213v20141 116	proteína hipotética Mchl_1645	3075	NA	1692	NA	3075	NA	NA
11233v20141 116	Ninguno	1706	NA	1706	NA	NA	NA	4407
11447v20141 116	Ninguno	3088	NA	NA	NA	3088	3711	NA
11497v20141 116	Ninguno	2323	NA	NA	2323	NA	NA	4420
11506v20141 116	amidasa	2324	NA	NA	2324	NA	NA	4422
11507v20141 116	proteína de unión a ATP del transportador ABC	4423	NA	NA	2325	NA	NA	4423
11508v20141 116	proteína periplásmica del transportador ABC de nitrato/sulfonato/bicarbona to	4424	NA	NA	2326	NA	NA	4424
11511v20141 116	Ninguno	4425	NA	NA	2327	NA	NA	4425
11576v20141 116	proteína hipotética	3103	NA	NA	NA	3103	NA	4436
12016v20141 116	proteína hipotética	1708	651	1708	NA	NA	NA	NA
12018v20141 116	proteína hipotética	653	653	1709	NA	NA	NA	NA
12020v20141 116	proteína hipotética	654	654	1710	NA	NA	NA	NA
12021v20141 116	regulador transcripcional	655	655	1711	NA	NA	NA	NA
12022v20141 116	proteína hipotética Mrad2831_0355	656	656	1712	NA	NA	NA	NA
12025v20141 116	proteína hipotética	658	658	1713	NA	NA	NA	NA
12026v20141 116	proteína hipotética	659	659	1714	NA	NA	NA	NA
12027v20141 116	proteína hipotética	660	660	1715	NA	NA	NA	NA
12028v20141 116	proteína hipotética	661	661	1716	NA	NA	NA	NA
12029v20141 116	proteína hipotética	662	662	1717	NA	NA	NA	NA
12030v20141 116	proteína hipotética	663	663	1718	NA	NA	NA	NA

Identificador único de grupo ortólogo	Comentario	SEQ ID NO: de ortól. de referen cia	SEQ ID NO: de ortól. de NLS00 17	SEQ ID NO: de ortól. de NLS00 20	SEQ ID NO: de ortól. de NLS00 37	SEQ ID NO: de ortól. de NLS00 42	SEQ ID NO: de ortól. de NLS00 65	SEQ ID NO: de ortól. de NLS00 66
12031v20141 116	proteína hipotética	664	664	1719	NA	NA	NA	NA
12032v20141 116	proteína hipotética	665	665	1720	NA	NA	NA	NA
12033v20141 116	proteína hipotética	666	666	1721	NA	NA	NA	NA
12034v20141 116	transportador MFS	667	667	1722	NA	NA	NA	NA
12035v20141 116	3-hidroxiisobutirato deshidrogenasa	668	668	1723	NA	NA	NA	NA
12036v20141 116	gamma- carboximuconolactona descarboxilasa	669	669	1724	NA	NA	NA	NA
12037v20141 116	Ninguno	670	670	1725	NA	NA	NA	NA
12039v20141 116	proteína hipotética	671	671	1726	NA	NA	NA	NA
12040v20141 116	proteína hipotética	1727	672	1727	NA	NA	NA	NA
12041v20141 116	Ninguno	673	673	1728	NA	NA	NA	NA
12043v20141 116	Ninguno	674	674	1729	NA	NA	NA	NA
12044v20141 116	Ninguno	675	675	1730	NA	NA	NA	NA
12045v20141 116	Ninguno	676	676	1731	NA	NA	NA	NA
12046v20141 116	Ninguno	677	677	1732	NA	NA	NA	NA
12047v20141 116	Ninguno	678	678	1733	NA	NA	NA	NA
12048v20141 116	Ninguno	679	679	1734	NA	NA	NA	NA
12049v20141 116	proteína hipotética	680	680	1735	NA	NA	NA	NA
12050v20141 116	proteína hipotética	681	681	1736	NA	NA	NA	NA
12051v20141 116	Ninguno	682	682	1737	NA	NA	NA	NA
12052v20141 116	Ninguno	683	683	1738	NA	NA	NA	NA
12053v20141 116	proteína hipotética	684	684	1739	NA	NA	NA	NA
12054v20141 116	Ninguno	685	685	1740	NA	NA	NA	NA
12055v20141 116	proteína hipotética	1741	686	1741	NA	NA	NA	NA
12056v20141 116	proteína hipotética	687	687	1742	NA	NA	NA	NA
12057v20141 116	familia GNAT de acetiltransferasa	688	688	1743	NA	NA	NA	NA
12058v20141 116	proteína hipotética MsiI_3108	689	689	1744	NA	NA	NA	NA
12059v20141 116	proteína hipotética	690	690	1745	NA	NA	NA	NA
12060v20141 116	proteína hipotética	691	691	1746	NA	NA	NA	NA

Identificador único de grupo ortólogo	Comentario	SEQ ID NO: de ortól. de referen cia	SEQ ID NO: de ortól. de NLS00 17	SEQ ID NO: de ortól. de NLS00 20	SEQ ID NO: de ortól. de NLS00 37	SEQ ID NO: de ortól. de NLS00 42	SEQ ID NO: de ortól. de NLS00 65	SEQ ID NO: de ortól. de NLS00 66
12061v20141 116	Ninguno	692	692	1747	NA	NA	NA	NA
12062v20141 116	proteína hipotética	693	693	1748	NA	NA	NA	NA
12063v20141 116	proteína hipotética	694	694	1749	NA	NA	NA	NA
12064v20141 116	proteína hipotética	695	695	1750	NA	NA	NA	NA
12065v20141 116	Ninguno	696	696	1751	NA	NA	NA	NA
12066v20141 116	proteína hipotética	697	697	1752	NA	NA	NA	NA
12067v20141 116	proteína hipotética AZOLI_2591	698	698	1753	NA	NA	NA	NA
12068v20141 116	Ninguno	699	699	1754	NA	NA	NA	NA
12071v20141 116	Ninguno	702	702	NA	NA	NA	NA	4635
12073v20141 116	proteína hipotética	703	703	1755	NA	NA	NA	NA
12074v20141 116	proteína hipotética	704	704	1756	NA	NA	NA	NA
12076v20141 116	proteína hipotética	1757	705	1757	NA	NA	NA	NA
12077v20141 116	cistationina betaliasa	706	706	1758	NA	NA	NA	NA
12078v20141 116	proteína hipotética	707	707	1759	NA	NA	NA	NA
12079v20141 116	proteína hipotética	708	708	1760	NA	NA	NA	NA
12080v20141 116	Ninguno	709	709	1761	NA	NA	NA	NA
12081v20141 116	proteína de prevención de muerte del hospedador	710	710	1762	NA	NA	NA	NA
12082v20141 116	proteína hipotética	711	711	1763	NA	NA	NA	NA
12083v20141 116	permeasa de transportador ABC	712	712	1764	NA	NA	NA	NA
12085v20141 116	Ninguno	713	713	1765	NA	NA	NA	NA
12086v20141 116	proteína hipotética	1766	714	1766	NA	NA	NA	NA
12087v20141 116	proteína hipotética	715	715	1767	NA	NA	NA	NA
12089v20141 116	histona acetiltransferasa	716	716	1768	NA	NA	NA	NA
12091v20141 116	regulador transcripcional de la familia TetR	717	717	1769	NA	NA	NA	NA
12092v20141 116	Ninguno	718	718	1770	NA	NA	NA	NA
12093v20141 116	proteína hipotética	1771	719	1771	NA	NA	NA	NA
12095v20141 116	proteína hipotética	720	720	1772	NA	NA	NA	NA
12097v20141 116	proteína hipotética	722	722	1773	NA	NA	NA	NA

Identificador único de grupo ortólogo	Comentario	SEQ ID NO: de ortól. de referen cia	SEQ ID NO: de ortól. de NLS00 17	SEQ ID NO: de ortól. de NLS00 20	SEQ ID NO: de ortól. de NLS00 37	SEQ ID NO: de ortól. de NLS00 42	SEQ ID NO: de ortól. de NLS00 65	SEQ ID NO: de ortól. de NLS00 66
12099v20141 116	proteína hipotética Mrad2831_4561	723	723	1774	NA	NA	NA	NA
12100v20141 116	proteína hipotética	724	724	1775	NA	NA	NA	NA
12103v20141 116	endo-1 3-betaglucanasa	725	725	1776	NA	NA	NA	NA
12104v20141 116	proteína hipotética	726	726	1777	NA	NA	NA	NA
12105v20141 116	proteína hipotética	727	727	1778	NA	NA	NA	NA
12106v20141 116	proteína hipotética	728	728	1779	NA	NA	NA	NA
12107v20141 116	proteína hipotética	729	729	1780	NA	NA	NA	NA
12108v20141 116	proteína hipotética	730	730	1781	NA	NA	NA	NA
12110v20141 116	proteína hipotética	1782	731	1782	NA	NA	NA	NA
12111v20141 116	proteína hipotética	732	732	1783	NA	NA	NA	NA
12112v20141 116	proteína hipotética	733	733	1784	NA	NA	NA	NA
12113v20141 116	proteína hipotética	734	734	1785	NA	NA	NA	NA
12115v20141 116	proteína hipotética	735	735	1786	NA	NA	NA	NA
12116v20141 116	proteína hipotética	736	736	1787	NA	NA	NA	NA
12117v20141 116	proteína hipotética Mrad2831_2464	737	737	1788	NA	NA	NA	NA
12118v20141 116	proteína hipotética	738	738	1789	NA	NA	NA	NA
12119v20141 116	proteína hipotética Mrad2831_4587	739	739	1790	NA	NA	NA	NA
12121v20141 116	proteína hipotética Mrad2831_4596	740	740	1791	NA	NA	NA	NA
12122v20141 116	aldehído deshidrogenasa	741	741	1792	NA	NA	NA	NA
12123v20141 116	proteína hipotética	742	742	1793	NA	NA	NA	NA
12124v20141 116	proteína hipotética	743	743	1794	NA	NA	NA	NA
12125v20141 116	regulador transcripcional	744	744	1795	NA	NA	NA	NA
12126v20141 116	proteína hipotética	745	745	1796	NA	NA	NA	NA
12127v20141 116	proteína hipotética	746	746	1797	NA	NA	NA	NA
12129v20141 116	proteína hipotética	747	747	1798	NA	NA	NA	NA
12130v20141 116	proteína A de biosíntesis de coenzima PQQ	748	748	1799	NA	NA	NA	NA
12132v20141 116	proteína hipotética	749	749	1800	NA	NA	NA	NA
12133v20141 116	Ninguno	750	750	1801	NA	NA	NA	NA

Identificador único de grupo ortólogo	Comentario	SEQ ID NO: de ortól. de referen cia	SEQ ID NO: de ortól. de NLS00 17	SEQ ID NO: de ortól. de NLS00 20	SEQ ID NO: de ortól. de NLS00 37	SEQ ID NO: de ortól. de NLS00 42	SEQ ID NO: de ortól. de NLS00 65	SEQ ID NO: de ortól. de NLS00 66
12134v20141 116	proteína hipotética	751	751	1802	NA	NA	NA	NA
12135v20141 116	proteína hipotética	752	752	1803	NA	NA	NA	NA
12136v20141 116	proteína hipotética	753	753	1804	NA	NA	NA	NA
12137v20141 116	proteína hipotética	754	754	1805	NA	NA	NA	NA
12138v20141 116	proteína hipotética	755	755	1806	NA	NA	NA	NA
12140v20141 116	proteína hipotética	1807	756	1807	NA	NA	NA	NA
12141v20141 116	proteína hipotética	757	757	1808	NA	NA	NA	NA
12142v20141 116	proteína hipotética	758	758	1809	NA	NA	NA	NA
12143v20141 116	proteína hipotética	759	759	1810	NA	NA	NA	NA
12144v20141 116	proteína hipotética	760	760	1811	NA	NA	NA	NA
12145v20141 116	proteína hipotética	761	761	1812	NA	NA	NA	NA
12146v20141 116	desaminasa reductasa	762	762	1813	NA	NA	NA	NA
12147v20141 116	proteína hipotética	763	763	1814	NA	NA	NA	NA
12149v20141 116	proteína hipotética	765	765	1815	NA	NA	NA	NA
12151v20141 116	histidina cinasa	767	767	1816	NA	NA	NA	NA
12152v20141 116	proteína hipotética	768	768	1817	NA	NA	NA	NA
12153v20141 116	proteína hipotética	769	769	1818	NA	NA	NA	NA
12154v20141 116	proteína hipotética	770	770	1819	NA	NA	NA	NA
12155v20141 116	proteína hipotética	771	771	1820	NA	NA	NA	NA
12160v20141 116	proteína hipotética	772	772	1821	NA	NA	NA	NA
12161v20141 116	proteína hipotética MexAM1_META1p321 4	4637	773	NA	NA	NA	NA	4637
12162v20141 116	proteína transmembranaria putativa	774	774	1822	NA	NA	NA	NA
12164v20141 116	proteína hipotética	775	775	1823	NA	NA	NA	NA
12165v20141 116	familia 5 de proteína de unión a sustrato del transportador ABC	776	776	NA	2328	NA	NA	NA
12166v20141 116	proteína de péptido señal	1824	777	1824	NA	NA	NA	NA
12167v20141 116	proteína hipotética	778	778	1825	NA	NA	NA	NA
12168v20141 116	proteína hipotética	779	779	1826	NA	NA	NA	NA
12169v20141 116	proteína hipotética	780	780	1827	NA	NA	NA	NA

Identificador único de grupo ortólogo	Comentario	SEQ ID NO: de ortól. de referen cia	SEQ ID NO: de ortól. de NLS00 17	SEQ ID NO: de ortól. de NLS00 20	SEQ ID NO: de ortól. de NLS00 37	SEQ ID NO: de ortól. de NLS00 42	SEQ ID NO: de ortól. de NLS00 65	SEQ ID NO: de ortól. de NLS00 66
12170v20141 116	proteína hipotética	781	781	1828	NA	NA	NA	NA
12171v20141 116	proteína hipotética	782	782	1829	NA	NA	NA	NA
12172v20141 116	proteína hipotética	783	783	1830	NA	NA	NA	NA
12173v20141 116	proteína hipotética	784	784	1831	NA	NA	NA	NA
12174v20141 116	adenilato ciclasa	785	785	1832	NA	NA	NA	NA
12175v20141 116	proteína hipotética	786	786	1833	NA	NA	NA	NA
12176v20141 116	proteína hipotética	787	787	1834	NA	NA	NA	NA
12177v20141 116	proteína hipotética Mrad2831_3657	788	788	1835	NA	NA	NA	NA
12178v20141 116	proteína hipotética	789	789	1836	NA	NA	NA	NA
12179v20141 116	proteína hipotética	790	790	1837	NA	NA	NA	NA
12180v20141 116	proteína hipotética	791	791	1838	NA	NA	NA	NA
12185v20141 116	Ninguno	793	793	1839	NA	NA	NA	NA
12186v20141 116	proteína hipotética	1840	794	1840	NA	NA	NA	NA
12187v20141 116	proteína hipotética	1841	795	1841	NA	NA	NA	NA
12189v20141 116	proteína hipotética	796	796	1843	NA	NA	NA	NA
12190v20141 116	proteína hipotética	797	797	1844	NA	NA	NA	NA
12191v20141 116	proteína hipotética	1845	798	1845	NA	NA	NA	NA
12192v20141 116	oxidoreductasa	799	799	1846	NA	NA	NA	NA
12193v20141 116	proteína hipotética	800	800	1847	NA	NA	NA	NA
12194v20141 116	proteína hipotética	801	801	1848	NA	NA	NA	NA
12195v20141 116	proteína hipotética	1849	802	1849	NA	NA	NA	NA
12196v20141 116	proteína hipotética	803	803	1850	NA	NA	NA	NA
12197v20141 116	proteína hipotética	1851	804	1851	NA	NA	NA	NA
12198v20141 116	porina	1852	805	1852	NA	NA	NA	NA
12200v20141 116	proteína hipotética	1853	806	1853	NA	NA	NA	NA
12202v20141 116	proteína hipotética Mrad2831_3327	807	807	1854	NA	NA	NA	NA
12207v20141 116	proteína hipotética	809	809	1855	NA	NA	NA	NA
12208v20141 116	proteína hipotética	810	810	1856	NA	NA	NA	NA

Identificador único de grupo ortólogo	Comentario	SEQ ID NO: de ortól. de referen cia	SEQ ID NO: de ortól. de NLS00 17	SEQ ID NO: de ortól. de NLS00 20	SEQ ID NO: de ortól. de NLS00 37	SEQ ID NO: de ortól. de NLS00 42	SEQ ID NO: de ortól. de NLS00 65	SEQ ID NO: de ortól. de NLS00 66
12209v20141 116	proteína hipotética	811	811	1857	NA	NA	NA	NA
12210v20141 116	proteína hipotética	812	812	1858	NA	NA	NA	NA
12212v20141 116	proteína hipotética	813	813	1859	NA	NA	NA	NA
12214v20141 116	Ninguno	814	814	1860	NA	NA	NA	NA
12217v20141 116	proteína hipotética	816	816	1861	NA	NA	NA	NA
12218v20141 116	proteína hipotética	817	817	1862	NA	NA	NA	NA
12219v20141 116	proteína hipotética	818	818	1863	NA	NA	NA	NA
12220v20141 116	factor SigJ de la ARN polimerasa sigma	819	819	1864	NA	NA	NA	NA
12221v20141 116	proteína hipotética	820	820	1865	NA	NA	NA	NA
12222v20141 116	proteína hipotética	1866	821	1866	NA	NA	NA	NA
12223v20141 116	proteína hipotética	822	822	1867	NA	NA	NA	NA
12226v20141 116	proteína hipotética	823	823	1868	NA	NA	NA	NA
12227v20141 116	proteína hipotética	824	824	1869	NA	NA	NA	NA
12228v20141 116	Ninguno	825	825	1870	NA	NA	NA	NA
12230v20141 116	proteína hipotética	1871	826	1871	NA	NA	NA	NA
12231v20141 116	proteína hipotética	1872	827	1872	NA	NA	NA	NA
12232v20141 116	Ninguno	828	828	1873	NA	NA	NA	NA
12233v20141 116	proteína hipotética	1874	829	1874	NA	NA	NA	NA
12234v20141 116	proteína que contiene dominio PAS	830	830	1875	NA	NA	NA	NA
12235v20141 116	proteína hipotética	1876	831	1876	NA	NA	NA	NA
12236v20141 116	proteína hipotética	832	832	1877	NA	NA	NA	NA
12237v20141 116	Ninguno	833	833	1878	NA	NA	NA	NA
12239v20141 116	proteína hipotética	834	834	1879	NA	NA	NA	NA
12240v20141 116	Ninguno	835	835	1880	NA	NA	NA	NA
12241v20141 116	proteína hipotética	836	836	1881	NA	NA	NA	NA
12242v20141 116	proteína hipotética	837	837	1882	NA	NA	NA	NA
12244v20141 116	regulador transcripcional de la familia AraC	838	838	1883	NA	NA	NA	NA
12245v20141 116	proteína hipotética	839	839	1884	NA	NA	NA	NA

Identificador único de grupo ortólogo	Comentario	SEQ ID NO: de ortól. de referen cia	SEQ ID NO: de ortól. de NLS00 17	SEQ ID NO: de ortól. de NLS00 20	SEQ ID NO: de ortól. de NLS00 37	SEQ ID NO: de ortól. de NLS00 42	SEQ ID NO: de ortól. de NLS00 65	SEQ ID NO: de ortól. de NLS00 66
12246v20141 116	proteína hipotética	1885	840	1885	NA	NA	NA	NA
12248v20141 116	proteína hipotética	1886	842	1886	NA	NA	NA	NA
12251v20141 116	proteína hipotética	844	844	1887	NA	NA	NA	NA
12252v20141 116	porina	845	845	1888	NA	NA	NA	NA
12270v20141 116	proteína hipotética	4642	NA	1900	NA	NA	NA	4642
12282v20141 116	porina OprB selectiva de carbohidratos	3725	NA	1905	NA	NA	3725	NA
13420v20141 116	proteína hipotética Mchl_5363	3739	NA	NA	NA	3131	3739	NA
14119v20141 116	proteína hipotética BBta_6573	848	848	NA	NA	3156	NA	NA
14131v20141 116	proteína hipotética CcrKarma_gp008	853	853	1912	NA	NA	NA	NA
14132v20141 116	Ninguno	854	854	1913	NA	NA	NA	NA
14133v20141 116	Ninguno	855	855	1914	NA	NA	NA	NA
14134v20141 116	Ninguno	856	856	1915	NA	NA	NA	NA
14136v20141 116	Ninguno	857	857	1916	NA	NA	NA	NA
14137v20141 116	Ninguno	858	858	1917	NA	NA	NA	NA
14138v20141 116	Ninguno	859	859	1918	NA	NA	NA	NA
14139v20141 116	proteína hipotética	860	860	1919	NA	NA	NA	NA
14152v20141 116	proteína de la familia glucosil transferasa	867	867	1920	NA	NA	NA	NA
14156v20141 116	Ninguno	869	869	1921	NA	NA	NA	NA
14168v20141 116	región catalítica de la integrasa (proteína modular)	1923	871	1923	NA	NA	NA	NA
14170v20141 116	proteína hipotética	1925	872	1925	NA	NA	NA	NA
14172v20141 116	regulador transcripcional de la familia Fis	873	873	NA	NA	NA	NA	4875
14174v20141 116	proteína hipotética Mrad2831_5180	874	874	1926	NA	NA	NA	NA
14176v20141 116	proteína hipotética	1927	875	1927	NA	NA	NA	NA
14181v20141 116	magnesio quelatasa	878	878	1929	NA	NA	NA	NA
14182v20141 116	proteína hipotética	879	879	1930	NA	NA	NA	NA
14189v20141 116	proteína hipotética	884	884	1931	NA	NA	NA	NA
14190v20141 116	Ninguno	1932	885	1932	NA	NA	NA	NA
14196v20141 116	proteína que contiene dominio WGR	1934	889	1934	NA	NA	NA	NA

Identificador único de grupo ortólogo	Comentario	SEQ ID NO: de ortól. de referen cia	SEQ ID NO: de ortól. de NLS00 17	SEQ ID NO: de ortól. de NLS00 20	SEQ ID NO: de ortól. de NLS00 37	SEQ ID NO: de ortól. de NLS00 42	SEQ ID NO: de ortól. de NLS00 65	SEQ ID NO: de ortól. de NLS00 66
14200v20141 116	proteína hipotética	893	893	1935	NA	NA	NA	NA
14291v20141 116	proteína hipotética	2020	NA	2020	2342	NA	NA	NA
14320v20141 116	proteína de membrana	3160	NA	2046	NA	3160	NA	NA
14649v20141 116	dienolactona hidrolasa	3173	NA	NA	NA	3173	3768	NA
14657v20141 116	proteína hipotética	3180	NA	NA	NA	3180	NA	4881
15376v20141 116	regulador transcripcional	2058	904	2058	NA	NA	NA	NA
15391v20141 116	proteína hipotética	916	916	2059	NA	NA	NA	NA
15392v20141 116	Ninguno	917	917	2060	NA	NA	NA	NA
15394v20141 116	pseurouridina sintasa de la familia RluA	918	918	2061	NA	NA	NA	NA
15437v20141 116	proteína sensitiva PAS	2063	938	2063	NA	NA	NA	NA
15441v20141 116	subunidad catalítica de integrasa	940	940	2064	NA	NA	NA	NA
15442v20141 116	proteína hipotética	2370	941	NA	2370	NA	NA	NA
15451v20141 116	proteína hipotética	946	946	2065	NA	NA	NA	NA
15452v20141 116	chaperona molecular GroES	947	947	2066	NA	NA	NA	NA
15460v20141 116	epimerasa	952	952	2067	NA	NA	NA	NA
15489v20141 116	proteína hipotética	2371	NA	2085	2371	NA	NA	NA
15815v20141 116	proteína hipotética	3787	NA	NA	2393	NA	3787	NA
17689v20141 116	Ninguno	993	993	2112	NA	NA	NA	NA
17695v20141 116	proteína hipotética	999	999	2113	NA	NA	NA	NA
17705v20141 116	Ninguno	1006	1006	2114	NA	NA	NA	NA
17706v20141 116	proteína hipotética	2406	NA	NA	2406	3251	NA	NA
17707v20141 116	proteína hipotética	1007	1007	2115	NA	NA	NA	NA
17708v20141 116	Ninguno	1008	1008	2116	NA	NA	NA	NA
17709v20141 116	Ninguno	1009	1009	2117	NA	NA	NA	NA
17710v20141 116	Ninguno	1010	1010	2118	NA	NA	NA	NA
17731v20141 116	subunidad catalítica de integrasa	3252	1024	NA	NA	3252	NA	NA
17732v20141 116	aspartato racemasa putativa	2407	1025	NA	2407	NA	NA	NA
17757v20141 116	Ninguno	2119	1041	2119	NA	NA	NA	NA

Identificador único de grupo ortólogo	Comentario	SEQ ID NO: de ortól. de referen cia	SEQ ID NO: de ortól. de NLS00 17	SEQ ID NO: de ortól. de NLS00 20	SEQ ID NO: de ortól. de NLS00 37	SEQ ID NO: de ortól. de NLS00 42	SEQ ID NO: de ortól. de NLS00 65	SEQ ID NO: de ortól. de NLS00 66
17759v20141 116	proteína hipotética	2120	1042	2120	NA	NA	NA	NA
17795v20141 116	proteína hipotética Mrad2831_4255	1073	1073	2122	NA	NA	NA	NA
17807v20141 116	glucosil transferasa	1085	1085	NA	2409	NA	NA	NA
17808v20141 116	proteína hipotética	2123	1086	2123	NA	NA	NA	NA
17857v20141 116	permeasa de transportador ABC de aminoácidos polares	2164	NA	2164	2410	NA	NA	NA
18264v20141 116	proteína hipotética Rleg2_4164	3258	NA	NA	2416	3258	NA	NA

Referencias para el ejemplo 8

1. Miller JR, Koren S, Sutton G (2010) Assembly algorithms for next-generation sequencing data. *Genomics* 95: 315-327.
- 5 2. Zerbino DR, Birney E (2008) Velvet: algorithms for de novo short read assembly using de Bruijn graphs. *Genome Res* 18: 821-829.
3. Delcher AL, Bratke KA, Powers EC, Salzberg SL (2007) Identifying bacterial genes and endosymbiont DNA with Glimmer. *Bioinformatics* 23: 673-679.
- 10 4. Lowe TM, Eddy SR (1997) tRNAscan-SE: a program for improved detection of transfer RNA genes in genomic sequence. *Nucleic Acids Res* 25: 955-964.
5. Lagesen K, Hallin P, Rodland EA, Staerfeldt HH, Rognes T, *et al.* (2007) RNAmmer: consistent and rapid annotation of ribosomal RNA genes. *Nucleic Acids Res* 35: 3100-3108.
6. Cantarel B, Korf I, Robb S, *et al.* (2008) MAKER: An easy-to-use annotation pipeline designed for emerging model organism genomes. *Genome Research* 18: 188-196.
- 15 7. Altschul SF, Madden TL, Schaffer AA, Zhang J, Zhang Z, *et al.* (1997) Gapped BLAST and PSI-BLAST: a new generation of protein database search programs. *Nucleic Acids Res* 25: 3389-3402.
8. Eddy SR (2009) A new generation of homology search tools based on probabilistic inference. *Genome Inform* 23: 205-211.
9. Haft DH, Selengut JD, White O (2003) The TIGRFAMs database of protein families. *Nucleic Acids Res* 31: 371-373.
- 20 10. Tatusov RL, Fedorova ND, Jackson JD, Jacobs AR, Kiryutin B, *et al.* (2003) The COG database: an updated version includes eukaryotes. *BMC Bioinformatics* 4: 41.
11. Suzek BE, Huang H, McGarvey P, Mazumder R, Wu CH (2007) UniRef: comprehensive and non-redundant UniProt reference clusters. *Bioinformatics* 23: 1282-1288.
- 25 12. Li H. y Durbin R. (2009) Fast and accurate short read alignment with Burrows-Wheeler Transform. *Bioinformatics*, 25:1754-60.

REIVINDICACIONES

1. Una metilobacteria aislada NLS0089 (NRRL B-50933).
2. Una composición que comprende: (i) la metilobacteria aislada de la reivindicación 1; y (ii) un adyuvante, excipiente agrícolamente aceptable o combinación de los mismos.
- 5 3. La composición de la reivindicación 2, en la que la metilobacteria aislada está a un valor cuantitativo de al menos 1×10^4 unidades formadoras de colonias por mililitro, al menos 1×10^5 unidades formadoras de colonias por mililitro, al menos 1×10^6 unidades formadoras de colonias por mililitro, al menos 5×10^6 unidades formadoras de colonias por mililitro, al menos 1×10^7 unidades formadoras de colonias por mililitro, al menos 5×10^8 unidades formadoras de colonias por mililitro, al menos 1×10^{10} unidades formadoras de colonias por mililitro o al menos 3×10^{10} unidades formadoras de colonias por mililitro.
- 10 4. Uso de la composición de la reivindicación 2 para tratar una planta, una parte de la planta o propágulo de una planta.
5. El uso de la reivindicación 4, en el que la parte de la planta es una hoja, tallo, flor, raíz, semilla, fruto, tubérculo o coleóptilo.
- 15 6. Una composición que comprende: (a) (i) una sustancia sólida con metilobacteria adherente que ha crecido en la misma; o (ii) una emulsión con metilobacteria que ha crecido en la misma; en la que la metilobacteria es la metilobacteria aislada de la reivindicación 1; y (b) un excipiente, adyuvante agrícolamente aceptable o combinación de los mismos.
7. La composición de la reivindicación 6, en la que la sustancia sólida con metilobacteria adherente que ha crecido en la misma tiene un valor cuantitativo de metilobacteria de al menos 5×10^8 UFC/g a al menos 1×10^{14} UFC/g.
- 20 8. La composición de una cualquiera de las reivindicaciones 6 o 7, en la que la composición está adaptada para su uso en el tratamiento de una planta o semilla.
9. La composición de la reivindicación 2 o 6, en la que la composición es un producto esencialmente seco que tiene un 5 % o menos de contenido de agua.
10. La composición de la reivindicación 2, en la que la composición comprende además un plaguicida.
- 25 11. La composición de la reivindicación 10, en la que el plaguicida es un insecticida, un fungicida, un nematocida o un bactericida.
12. La composición de la reivindicación 2, en la que la composición comprende además un microorganismo distinto de metilobacteria, en la que dicho microorganismo es bioplaguicida o proporciona algún otro beneficio cuando se aplica a una planta o parte de la planta.
- 30 13. La composición de reivindicación 12, en la que el microorganismo es *Bacillus sp.*, *Pseudomonas sp.*, *Coniothyrium sp.*, *Pantoea sp.*, *Streptomyces sp.* o *Trichoderma sp.*
14. La composición de la reivindicación 2, en la que el adyuvante agrícolamente aceptable potencia la eficacia del producto o la facilidad de aplicación del producto.
- 35 15. Una planta, parte de la planta o semilla que se recubre o recubre parcialmente con la composición de la reivindicación 2.