



República Federativa do Brasil
Ministério do Desenvolvimento, Indústria
e do Comércio Exterior
Instituto Nacional da Propriedade Industrial.

(21) **PI0901135-8 A2**



* B R P I 0 9 0 1 1 3 5 A 2 *

(22) Data de Depósito: 23/03/2009
(43) Data da Publicação: 21/12/2010
(RPI 2085)

(51) *Int.Cl.:*
A01N 63/00
A01P 21/00

(54) Título: **MÉTODO DE MELHORAMENTO DE PLANTAS UTILIZANDO BIOFERTILIZANTES, E COMPOSIÇÃO COMPREENDENDO BIOFERTILIZANTES**

(73) Titular(es): Universidade Federal do Rio Grande do Sul

(72) Inventor(es): Anelise Beneduzi da Silveira, Luciane Maria Pereira Passaglia, Maria Helena Bodanese Zanettini

(57) Resumo: MÉTODO DE MELHORAMENTO DE PLANTAS UTILIZANDO BIOFERTILIZANTES, E COMPOSIÇÃO COMPREENDENDO BIOFERTILIZANTES A presente invenção descreve um método de melhoramento de plantas utilizando biofertilizantes, bem como composições compreendendo os mesmos. Os biofertilizantes da presente invenção compreendem novas espécies de Bacillus e/ou Paenibacillus.



Relatório Descritivo de Patente de Invenção

MÉTODO DE MELHORAMENTO DE PLANTAS UTILIZANDO BIOFERTIZANTES, E COMPOSIÇÃO COMPREENDENDO BIOFERTILIZANTES

5 Campo da Invenção

A presente invenção se situa no campo da agricultura. Mais especificamente, a presente invenção proporciona um método de melhoramento de plantas utilizando biofertilizantes, e composições compreendendo os mesmos. Os biofertilizantes da invenção compreendem
10 pelo menos parte do material celular de novas espécies de *Bacillus* e *Paenibacillus*.

Antecedentes da Invenção

Bactérias e beneficiamento do solo

15 Em geral, bactérias benéficas de vida livre de solo são comumente conhecidas como rizobactérias promotoras de crescimento de plantas, ou PGPR (*plant growth promoting rhizobacteria*). PGPR pode afetar o crescimento de plantas direta ou indiretamente. A promoção indireta do crescimento de plantas ocorre quando PGPR previne os efeitos deletérios de um ou mais
20 organismos fitopatogênicos. A promoção direta do crescimento de plantas, em sua maioria, por PGPR, proporciona à planta o contato com um composto que é sintetizado pela bactéria ou facilita a absorção de determinados nutrientes como nitrogênio (N) ou fósforo (P) para o ambiente.

A disponibilidade restrita de nutrientes, como N e P, limita o crescimento
25 da planta e seu rendimento. A aplicação de elementos fertilizadores únicos no cultivo de colheitas leva à exaustão acelerada de outros nutrientes principais ou minoritários, levando ao desequilíbrio de nutrientes e pouca fertilidade do solo. Biofertilizantes, incluindo microrganismos, podem adicionar nitrogênio ao solo por fixação de N₂ simbiótica ou assimbiótica. Considerando o consumo
30 mundial, é estimado que cerca de 175 milhões de toneladas de nitrogênio são adicionadas ao solo por ano, através de fixação biológica de nitrogênio. Além

disso, fertilizantes fosfatados são caros e com pouco suprimento, mas biofertilizantes podem acabar com essa diferença. Existem vários microrganismos que também podem ser solubilizados a partir de fontes mais baratas de fósforo, como fósforo de rocha. Bactérias como *Pseudomonas* e *Bacillus* são amplamente utilizadas nos sistemas de produção orgânica e também são importantes como microrganismos solubilizadores de fosfato, resultando no crescimento aumentado e melhoramento da colheita.

Bactérias formadoras de esporos, tipicamente da espécie *Bacillus*, são um dos principais tipos de bactérias de solo. Características fisiológicas comuns, importantes para sua sobrevivência, incluem a produção de uma estrutura de multicamadas de parede celular, formando endosporos resistentes ao estresse e secreção de antibióticos peptídicos, moléculas de peptídeo sinal e enzimas extracelulares. Variações quantitativas e qualitativas nessas características permitem que essas bactérias habitem diversos nichos em agroecossistemas. Seu tamanho microscópico e presença no solo facilita a colonização de plantas e animais, mas o grau do nicho de localização da maioria das espécies não foi profundamente estudado.

Enquanto múltiplas espécies de *Paenibacillus* e *Bacillus* podem ser detectadas no solo e rizosfera, poucos trabalhos têm sido feitos para indicar quais podem ser as espécies mais comuns isoladas fixadoras de nitrogênio no solo.

No âmbito patentário, alguns documentos descrevem métodos de fixação de nitrogênio e de crescimento de plantas.

O documento WO 2008/097501 descreve um método para aperfeiçoar o crescimento de plantas aplicando um fertilizante para plantas, especialmente livre de hormônios e sarcosina, a fim de aumentar a biomassa da planta durante o crescimento e retardando o crescimento de fungos e bactérias. Além desse método, também é descrita uma composição para o crescimento de plantas. A presente invenção difere desse documento por não utilizar a sarcosina, mas, sim, somente organismos vivos, comumente encontrados no solo.

O documento WO 2006/098225 descreve um método de construção de plantas com nódulos de elevada atividade de fixação de nitrogênio. Esse método compreende a superexpressão do gene da globina não-simbiótica. A presente invenção difere da desse documento por não utilizar superexpressão de genes, mas, sim, organismos capazes de melhorarem as condições do solo e da planta para que a mesma tenha seu crescimento aumentado.

O documento WO 2005/062899 descreve métodos e composições que fornecem efeitos agronomicamente benéficos em leguminosas e não-leguminosas. Em especial, esse método compreende o uso de um fungicida e/ou um inseticida. A presente invenção difere desse documento por não necessitar de fungicida e/ou um inseticida sendo, portanto, ecologicamente correta.

O documento WO 05/110068 descreve composições e métodos para controlar a infestação de pestes compreendendo a aplicação de determinadas seqüências de RNA e, adicionalmente, proteínas de *Bacillus* como agentes pesticidas. A presente invenção difere desse documento por não compreender as referidas seqüências e por estas serem de novas espécies de *Bacillus* e/ou *Paenibacillus*, não sendo necessário o uso de seqüências adicionais já conhecidas.

O documento US 2004/0175407 descreve componentes de cobertura, como filmes, compreendendo microrganismos, especialmente *Paenibacillus*. A presente invenção difere desse documento pelos *Paenibacillus* da presente invenção não serem utilizados para a formação de em filmes, mas, sim, como biofertilizantes.

O documento US 2007/0248583 descreve novas linhagens do gênero *Paenibacillus* e métodos de controle de doença em plantas utilizando essas linhagens. A presente invenção difere desse documento por não compreender as referidas seqüências e por estas serem de novas espécies de *Bacillus* e/ou *Paenibacillus*, sendo que as seqüências da presente invenção não estão descritas no referido documento.

Do que se depreende da literatura pesquisada, não foram encontrados documentos antecipando ou sugerindo os ensinamentos da presente invenção, de forma que a solução aqui proposta possui novidade e atividade inventiva frente ao estado da técnica.

5

Sumário da Invenção

Em um aspecto, a presente invenção proporciona um processo de melhoramento de plantas compreendendo a inoculação das mesmas com novas espécies de *Bacillus* e/ou *Paenibacillus*.

10 É, portanto, um dos objetos o método de melhoramento de plantas utilizando biofertilizantes compreendendo as etapas de:

a) obter pelo menos um material biológico de espécies e/ou linhagens escolhidas do grupo que compreende *Bacillus sp.* SLGS51, CSR23, CSR24, CSS34, CSR26, ER3, PFR16, *Bacillus oryzae*; *Paenibacillus sp.* 15 SBS13, SBR5, SBS39, SBS2, SBS24, SBS25, SBR31, SBR21, SBR11, SLSGS27, SLGS39, SLGR20, SLGR22, SLGR8, CSS23, CSS24, CSR16, CSR20, CSR1, ES7, ER2, ER1, ES10, ES14, ES35, PFS26, PFS30, PFS16, PFR1; *Paenibacillus borealis strain* SLGS43, SLGS45, CSS19, PFS10 e/ou *Paenibacillus riograndensis*;

20 b) contactar o referido material biológico com um vegetal promovendo a inoculação dos mesmos.

Em uma realização preferencial, o melhoramento da presente invenção compreende a modulação da fixação de nitrogênio e/ou de fatores promotores de crescimento.

25 É outro objeto da presente invenção, composições para inoculantes agrícolas compreendendo:

a) pelo menos um material biológico de espécies e/ou linhagens escolhidas do grupo que compreende *Bacillus sp.* SLGS51, CSR23, CSR24, CSS34, CSR26, ER3, PFR16, *Bacillus oryzae*; *Paenibacillus sp.* SBS13, SBR5, 30 SBS39, SBS2, SBS24, SBS25, SBR31, SBR21, SBR11, SLSGS27, SLGS39, SLGR20, SLGR22, SLGR8, CSS23, CSS24, CSR16, CSR20, CSR1, ES7,

ER2, ER1, ES10, ES14, ES35, PFS26, PFS30, PFS16, PFR1; *Paenibacillus borealis strain* SLGS43, SLGS45, CSS19, PFS10 e/ou *Paenibacillus riograndensis*;

b) veículo agriculturadamente aceitável.

5 Estes e outros objetos da invenção serão imediatamente valorizados pelos versados na arte e pelas empresas com interesses no segmento, e serão descritos em detalhes suficientes para sua reprodução na descrição a seguir.

Descrição Detalhada da Invenção

10 Os exemplos aqui mostrados têm o intuito somente de exemplificar uma das inúmeras maneiras de se realizar a invenção, contudo sem limitar, o escopo da mesma.

Método de melhoramento de plantas

15 O método de melhoramento de plantas utilizando biofertilizantes compreende as etapas de:

a) obter pelo menos um material biológico de espécies e/ou linhagens escolhidas do grupo que compreende *Bacillus sp.* SLGS51, CSR23, CSR24, CSS34, CSR26, ER3, PFR16, *Bacillus oryzae*; *Paenibacillus sp.* SBS13, SBR5, SBS39, SBS2, SBS24, SBS25, SBR31, SBR21, SBR11, 20 SLGS27, SLGS39, SLGR20, SLGR22, SLGR8, CSS23, CSS24, CSR16, CSR20, CSR1, ES7, ER2, ER1, ES10, ES14, ES35, PFS26, PFS30, PFS16, PFR1; *Paenibacillus borealis strain* SLGS43, SLGS45, CSS19, PFS10 e/ou *Paenibacillus riograndensis*;

b) contactar com material biológico vegetal adequado.

25 Em uma realização preferencial, o melhoramento da presente invenção compreende a modulação da fixação de nitrogênio e/ou de fatores promotores de crescimento.

Linhagens e/ou espécies de *Bacillus* e/ou *Paenibacillus*

30 As linhagens e/ou espécies de *Bacillus* e/ou *Paenibacillus* da presente invenção foram isoladas durante análise do solo de variedades de trigo e/ou arroz e podem ser escolhidas do grupo que compreende: *Bacillus sp.* SLGS51,

CSR23, CSR24, CSS34, CSR26, ER3, PFR16, *Bacillus oryzae*; *Paenibacillus*
sp. SBS13, SBR5, SBS39, SBS2, SBS24, SBS25, SBR31, SBR21, SBR11,
SLSGS27, SLGS39, SLGR20, SLGR22, SLGR8, CSS23, CSS24, CSR16,
CSR20, CSR1, ES7, ER2, ER1, ES10, ES14, ES35, PFS26, PFS30, PFS16,
5 PFR1; *Paenibacillus borealis strain* SLGS43, SLGS45, CSS19, PFS10 e/ou
Paenibacillus riograndensis. Em especial, as variedades de trigo a analisadas
foram obtidas em sete zonas de produção de trigo do Estado do Rio Grande do
Sul, Brasil: Cachoeira do Sul (CS; 30_020 2000 S, 52_530 3800 W), Cruz Alta
(CA; 28_380 2000 S, 53_360 2100 W), Espumoso (Es; 28_430 3000 S, 52_510
10 0000 W), Passo Fundo (PF; (28_140 4600 S, 52_240 2500 W), São Borja (SB;
28_390 3900 S, 56_000 1400 W), São Luiz Gonzaga (SLG; 28_240 2800 S,
54_570 3900 W) and Vacaria (Va; 28_300 4300 S, 50_560 0200 W).

Material Biológico

O material biológico útil na presente invenção inclui, mas não se limita
15 aos elementos como DNA, RNAs e/ou proteínas, inteiros ou parciais,
encontrados em *Bacillus sp.* SLGS51, CSR23, CSR24, CSS34, CSR26, ER3,
PFR16, *Bacillus oryzae*; *Paenibacillus sp.* SBS13, SBR5, SBS39, SBS2,
SBS24, SBS25, SBR31, SBR21, SBR11, SLSGS27, SLGS39, SLGR20,
SLGR22, SLGR8, CSS23, CSS24, CSR16, CSR20, CSR1, ES7, ER2, ER1,
20 ES10, ES14, ES35, PFS26, PFS30, PFS16, PFR1; *Paenibacillus borealis strain*
SLGS43, SLGS45, CSS19, PFS10 e/ou *Paenibacillus riograndensis*.

Em especial, o material biológico da presente invenção compreende
células portadoras das sequências da região 16 S ribossomal, depositadas no
Genbank como as seqüências de número de acesso EU410571 a EU410610.

25 Material Biológico Vegetal

O material biológico útil na presente invenção inclui, mas não se limita
aos elementos como DNA, RNAs e/ou proteínas, inteiros ou parciais, células,
órgãos, tecidos vegetais, incluindo plantas e/ou sementes em formação ou
completamente formadas.

30 Células transformadas

As células transformadas da presente invenção compreendem pelo menos um material biológico de espécies e/ou linhagens escolhidas do grupo que compreende *Bacillus sp.* SLGS51, CSR23, CSR24, CSS34, CSR26, ER3, PFR16, *Bacillus oryzae*; *Paenibacillus sp.* SBS13, SBR5, SBS39, SBS2, SBS24, SBS25, SBR31, SBR21, SBR11, SLSGS27, SLGS39, SLGR20, SLGR22, SLGR8, CSS23, CSS24, CSR16, CSR20, CSR1, ES7, ER2, ER1, ES10, ES14, ES35, PFS26, PFS30, PFS16, PFR1; *Paenibacillus borealis strain* SLGS43, SLGS45, CSS19, PFS10 e/ou *Paenibacillus riograndensis*;

Composições

10 As composições da presente invenção compreendem:

a) pelo menos um material biológico um material biológico de espécies e/ou linhagens escolhidas do grupo que compreende *Bacillus sp.* SLGS51, CSR23, CSR24, CSS34, CSR26, ER3, PFR16, *Bacillus oryzae*; *Paenibacillus sp.* SBS13, SBR5, SBS39, SBS2, SBS24, SBS25, SBR31, SBR21, SBR11, SLSGS27, SLGS39, SLGR20, SLGR22, SLGR8, CSS23, CSS24, CSR16, CSR20, CSR1, ES7, ER2, ER1, ES10, ES14, ES35, PFS26, PFS30, PFS16, PFR1; *Paenibacillus borealis strain* SLGS43, SLGS45, CSS19, PFS10 e/ou *Paenibacillus riograndensis*;

b) veículo agriculturamente aceitável.

20 Veículo Agriculturamente Aceitável

O veículo agriculturamente aceitável da presente invenção pode ser escolhido do grupo que compreende excipientes e carreadores agriculturamente aceitáveis, doses e tratamentos convenientes para uso em composições particulares que podem ser descritas em uma série de regimes.

25

Exemplo 1. Obtenção e caracterização das bactérias de melhoramento

Amostragem e preparação de amostra

Amostras do solo de rizosfera e solo não-rizosférico foram coletadas a partir da mesma variedade de trigo (v.BRS Louro) em sete zonas de produção de trigo distintas do Estado do Rio grande do Sul, Brasil: Cachoeira do Sul (CS; 30_020 2000 S, 52_530 3800 W), Cruz Alta (CA; 28_380 2000 S, 53_360 2100

W), Espumoso (Es; 28_430 3000 S, 52_510 0000 W), Passo Fundo (PF; 28_140 4600 S, 52_240 2500 W), São Borja (SB; 28_390 3900 S, 56_000 1400 W), São Luiz Gonzaga (SLG; 28_240 2800 S, 54_570 3900 W) and Vacaria (Va; 28_300 4300 S, 50_560 0200 W). Dez subamostras do solo (0-15 cm de camada) de cada campo foram obtidas e misturadas para obter uma amostra representativa do solo.

Bacilos diazotrópicos putativos foram isolados de acordo com Seldin et al (1983). Um grama de solo aderido às raízes, considerado como solo de rizosfera, ou 1 g de solo não-rizosférico (em uma profundidade de 10 cm) foi misturado com nove ml de água destilada e usado para o procedimento de isolamento das bactérias. As diferentes suspensões do solo foram pasteurizadas (10 min, 80°C) para eliminar formas de bactérias não-esporuladas, e diluições seriais em duas vezes obtidas foram colocadas com tiamina-biotina agar (meio livre de N TB) e anaerobicamente incubadas em jarras anaeróbicas (Permutation) por 7 dias a 28°C. Colônias de *Bacillus* tipicamente anaeróbicas foram transferidas para placas de agar TB frescas por outro período de incubação anaeróbica. Colônias simples foram então transferidas para meio de glucose aeróbico (GB). Culturas puras foram estocadas a -10°C em 20% de glicerol.

20 Isolamento de DNA

DNA foi diretamente extraído para culturas bacterianas pelo método de lise-direta, que consiste em ferver as amostras por 5 min a 100°C em 200 µl 0,1 M NaCl. Qualidade e integridade do DNA foi checada por eletroforese em gel de agarose 0,8% corado com brometo de etídio.

25 Amplificação de PCR e análise de RFLP do gene nifH

Cerca de 100 nanogramas de DNA foram usadas como molde em procedimentos de PCR. Primers selecionados PolF e PolR foram usados para amplificar uma região de 360 pb do gene nifH. Amplificações por PCR foram feitas conforme descrito por Soares et al (2006). A especificidade das bandas de DNA amplificado foi checada por hibridização dos produtos PCR com uma sonda para o gene nifH de *Paenibacillus polymyxa* ATCC 10343 previamente

amplificado e seqüenciado, usando ECL Direct Nucleic Acid Labeling and Detection System (GE Healthcare). Todos os produtos PCR obtidos foram hibridizados com a sonda do gene *nifH*. 500 nanogramas para cada produto PCR foram diretamente usados para clivagem da enzima de restrição. TaqI e HAeIII (Promega) foram selecionados por sua especificidade com a região amplificada do *nifH*. Digestões foram realizadas durante a noite para permitir a fragmentação completa. DNAs digeridos foram analisados em gel de poliacrilamida 10% corados com nitrato de prata. As condições de eletroforese foram 8 h a 90 V em tampão 1xTris-borato-EDTA, seguido por 30 min de coloração com nitrato de prata. Esse procedimento foi repetido pelo menos duas vezes para cada amostra para verificar a consistência dos padrões. A informação total do perfil de restrição obtido foi usado para distinguir cada isolado. A análise estatística e a construção de dendogramas foram executados usando o pacote NTSYS-PC, com 1 marcando a presença e 0 marcando a ausência da banda, usando o coeficiente de Jaccard. O algoritmo UPGMA (média matemática de grupos de pares sem peso) foi usado para realizar a análise de cluster hierárquico.

Produção *in vitro* de compostos indólicos

Cada isolado foi crescido em meio GB. Densidade óptica foi usada para controlar o tamanho do inóculo (10^5 - 10^6 CFU ml⁻¹). Inóculos foram transferidos (100 µl) para meio King B o qual, de acordo com Glickmann & Dessaux (1995), é o meio usado para quantificar a produção de compostos indólicos. Esse método faz uso do reagente Salkowski ($12 \text{ gL}^{-1} \text{ FeCl}_3 + 7,9 \text{ M H}_2\text{SO}_4$), e foi usado para quantificar a produção de ácido acético 3-indol (IAA), ácido indolpirúvico (IPyA) e indolacetamida (IAM), o qual será aqui referido nesse texto coletivamente como compostos indólicos.

Produção de Sideróforo

Amostras bacterianas foram analisadas pela sua capacidade de produção de sideróforos em placas de Petri contendo meio King B suplementado com um complexo azulol cromo S (CAS/ferro(III)/brometo de amônio hexadeciltrimetil), como descrito por Schwyn & Neilands (1987).

Bactérias que foram capazes de produzir sideróforos cresceram e formaram um halo amarelo no meio azul-verde.

Solubilização do fosfato

O método descrito por Sylvester-Bradley et al. (1982) foi usado para
5 identificar isolados com habilidade para solubilizar fosfatos. O meio contém fosfato de cálcio insolúvel que faz o meio opaco. Os isolados que formaram halos claramente visíveis ao redor de suas colônias foram considerados como solubilizadores de fosfato.

Sequenciamento parcial do gene 16S rRNA

10 A amplificação de porções do gene 16S rRNA a partir de diferentes amostras de bactérias foi feita em volume de reação de 25 µl contendo 0,1 nM de cada primer, 1,5 mM MgCl₂ (Invitrogen), 10 mM de cada dNTP (GE Healthcare) e 1U Taq DNA polimerase (Invitrogen). Os primers usados foram BacF: GGGAAACCGGGGCTAATACCGGAT e R1378:
15 CGGTGTGTACAAGGCCCGGGAACG. A amplificação foi realizada de acordo com Garbeva et al. Produtos de PCR (tamanho esperado de cerca de 1300 pb) foram analisados por corridas com alíquotas de 5- a 10-µl das misturas de reação em géis de agarose 1%. Seqüências de genes de rRNA 16S parciais foram plenamente determinados, em ambas direções com primers BacF e
20 R1378 ACTGene Lab (Centro de Biotecnologia, UFRGS, RS, Brasil) usando o sequenciador automático ABI-PRISM 3100 Genetic Analyzer (Applied Biosystems). Análises das seqüências foram determinadas por alinhamento do gene 16S rRNA parcial com aquelas do banco de dados do Genbank usando o programa BLAST. As seqüências de nucleotídeos de 40 segmentos parciais do
25 gene 16S rRNA determinadas nesse estudo foram depositadas no banco de dados do Genbank sob os números de acesso EU410571 a EU410610.

Ensaio biológico de fixação de nitrogênio *in vitro*

SBR5, CSR16 e EsR7 isolados foram crescidos em meio GB. Densidade óptica foi utilizada para controlar o tamanho do inóculo (10^5 - 10^6 CFU ml⁻¹).
30 Inóculos foram transferidos (100 µl) para meio livre de N e a quantidade de

fixação biológica *in vitro* foi medida pela digestão de enxofre e destilação com NaOH 10 mol L⁻¹, como descrito por Bremner & Keeney (1966).

Experimentos *in vitro* de promoção de crescimento de plantas por isolador PGPR nativos

5 O experimento de crescimento de plantas foi feito com *Triticum aestivum* v. plantas BRS Louro, de acordo com Mariano & Silveira (2005). Culturas bacterianas puras foram crescidas em meio King B (a fim de produzir compostos indólicos) a 28°C e diluídos em concentração final de 10⁹ CFU ml⁻¹ em água destilada estéril. Sementes de trigo foram esterilizadas na superfície
10 em 70% de etanol por 2 min e 1,2% de hipoclorito de sódio por 10 min, e lavados 10 vezes em água corrente estéril. Potes (15 x 20 cm) foram esterilizados com 0,7% de solução de hipoclorito de sódio preenchidas com vermiculita estéril e plantadas. Plantas de trigos foram inoculadas com alíquotas de 1-ml de culturas de bactérias por irrigação direta do substrato. Os
15 tratamentos a seguir foram investigados. (1) Controle: plantas foram irrigadas com uma mistura (v/v) de duas soluções fertilizantes minerais (Solução 1 foi preparada com 4,2 gL⁻¹ MgSO₄, 1,4 gL⁻¹ K₂HPO₄, e 5,8 gL⁻¹ KNO₃; Solução 2 foi preparada com 8,5 gL⁻¹ Ca(NO₃)₂). (2) Amostra testada: sementes foram inoculadas com linhagens de SBR5, CSR16 e EsR7, separadamente, e após
20 as plantas foram irrigadas somente com água destilada. Três sementes foram colocadas na mesma profundidade (2,5 cm abaixo da superfície do solo) em todos os potes. Trinta a 45 dias após brotamento, três plantas para cada tratamento foram secas a 65°C até que o peso constante seja alcançado. A seguir, peso seco, e tamanhos da raiz e parte aérea foram determinados.
25 Dados obtidos a partir de diferentes tratamentos que foram estatisticamente analisados usando o teste Turkey com p=0,05. Esse experimento foi conduzido por 3 vezes usando um desenho completamente randômico em estufa (fotoperíodo de 12 h) com nove plantas por tratamento. Os resultados obtidos nesses experimentos foram muito similares, portanto, dados de apenas um
30 experimento foram apresentados.

Paenibacillus riograndensis a partir de *Triticum aestivum*

No presente trabalho, descrevemos a morfologia, filogenia e características fisiológicas de uma nova bactéria promotora de crescimento, SBR5^T, isolado da rizosfera de *Triticum aestivum*, cultivado no estado do Rio Grande do Sul, Brasil.

5 Obtenção de SBR5^T

Alíquotas de diluições seriadas pasteurizadas de suspensões de trigo (10 min, 80°C) foram inoculadas em meio tiamina-biotina (TB, meio livre de N) e incubadas em jarras anaeróbicas (Permutation) por 7 dias a 28°C. Colônias de *Bacillus* anaeróbicas foram transferidas para placas de ágar frescas por outro
10 período de incubação anaeróbica

Colônias únicas foram transferidas para GB BROTH. Uma Linhagem de bactéria, designada SBR5^T, foi isolada e uma cultura pura foi mantida em uma suspensão de glicerol (20%) a -20°C.

O SBR5^T isolado foi analisado quanto à presença de características
15 promotoras de crescimento. Para acessar a produção de compostos indólicos como ácido acético (IAA), ácido indolpirúvico (IPyA) e indolacetamida (IAM), foi utilizado o método de Glickman e Dessaux (1995).

Para determinar a capacidade de fixação de nitrogênio dessa linhagem, um ensaio baseado na digestão de enxofre e destilação com NaOH 10-mol l-1
20 foi feito, como descrito por Bremner & Keeney (1966), junto com amplificação por PCR de fragmento de 298 pb do gene nifH, usando primers degenerados descritos por Poly et al (2001). A linhagem também foi analisada quanto a produção de sideróforos em placas de Petri contendo meio King B, suplementado com complexo azulol cromo S, como descrito em Schwyn &
25 Neilands (1987).

O DNA cromossomal foi extraído e purificado de acordo com o método padrão de Sambrook & Russel (2001). O gene 16S rRNA foi amplificado usando primers 5'-AGAGTTTGATCCTGGCTCAG-3' e 5'-AGAAAGGAGGTGATCCAGCC-3', sob as condições descritas por Rivas et al.
30 (2003). As posições correspondentes na sequência de rDNA de subunidades pequenas *E.coli* para esses primers são 8-27 e 1498-1522, respectivamente.

Seqüências do gene 16S de rRNA foram completamente determinadas em ambas as direções com primers descritos acima do Laboratório ACTGene (Centro de Biotecnologia, UFRGS, RS, Brazil) usando o seqüenciador automático ABI-PRISM 3100 Genetic Analyzer (Applied Biosystems). Uma seqüência de rRNA 16S quase completa (1.506 pb) foi obtida e comparada com aquelas depositadas nos bancos de dados públicos. Seqüências foram alinhadas usando CLUSTALX. Distancias evolucionarias foram calculadas usando o método de Kimura (1980). Árvores filogenéticas foram inferidas usando o método dos vizinhos mais próximos (Saitou & Nei, 1987), evolução mínima e máxima parcimônia. Análises de bootstrap foram feitas baseadas em 1.000 repetições. O pacote MEGA 2.1.0 foi usado para todas as análises. Os cálculos de similaridades de seqüências 16S rRNA foram realizados usando o software EzTaxon e os resultados obtidos foram confirmados por Megablast.

Hibridização DNA-DNA e conteúdo G+C foram determinados como descrito em De Ley (1970).

Análises de quinonas respiratórias e lipídios polares foram feitas pela DSMZ (Identification Service at German Collection of Microorganisms and Cell Cultures - Braunschweig, Germany). A determinação da estrutura peptideoglicana foi feita como descrito por Schleifer (1972, 1985), com a modificação de que TLC sobre celulose foi aplicada ao invés de papel de cromatografia. Análise quantitativa de aminoácidos foi feita após derivação por cromatografia gasosa.

Os ácidos graxos predominantes foram analisados por GLC, como descrito no Manual MIS Operating (2001).

Caracterização fenotípica foi feita de acordo com os métodos padrões descritos por Claus & Berkeley (1986)

Células da linhagem SBR5^T são Gram variáveis, em form bacilar, esporuladas e móveis. O isolado produziu esporos elipsoidais com estrias de padrão regular. A respeito das habilidades para produção de PGPR, isolado SBR5^T produziu 213,7 e 269,4 µg de compostos indólicos ml⁻¹ após 72 e 144 hrs de incubação, respectivamente, e fixou 8 µg N ml⁻¹. A linhagem SBR5^T

crescida produziu um halo amarelo no meio azul-verde, o que indica habilidade para produzir sideróforos.

SBR5^T está filogeneticamente relacionado aos membros do gênero *Paenibacillus*. Como pode ser observado na árvore filogenética, as espécies reconhecidas mais próximas foram *P.graminis* RSA19^T (98,1% similaridade),
 5 *P.odorifer* TOD45^T (95,8%) e *P. borealis* KK19^T (96,3%). Análise filogenética baseada em seqüências nifH revelaram que Linhagem SBR5^T também ficaram próximas as espécies do gênero *Paenibacillus*. A nova Linhagem mostrou altos níveis de similaridade seqüencial com gene nifH de *P.graminis* (78%
 10 similaridade), *P.wynii* (79%) e *P. borealis* (74%).

Os valores da hibridização DNA-DNA entre linhagens SBR5^T e *P.graminis* RSA19^T, *P.odorifer* TOD45^T, e *P. borealis* KK19 foram, respectivamente, 43%, 35% e 28%. Em termos de hibridização DNA-DNA, o valor de corte considerado para a definição das espécies foi de 70%,
 15 conseqüentemente, nossos resultados indicam que a Linhagem isolada nesse estudo não pertence a nenhuma das espécies conhecidas de *Paenibacillus*. O conteúdo G+C de DNA de SBR5^T foi 55,1% mol. Apesar desse conteúdo ser mais do que aquele descrito para a maioria das espécies *Paenibacillus*, ele é similar aquele obtido para *P. stellifer* (55,6% mol), outra espécie de
 20 *Paenibacillus* fixadora de nitrogênio.

Menaquinona insaturada com sete unidades isoprenóides (MK-7) foi a quinona isoprenóide predominante encontrada na Linhagem SBR5^T. Os principais lipídios polares presentes foram difosfatidilglicerol, fosfatidilglicerol e um fosfolipídio desconhecido que não pode ser identificado. O hidrolisado total
 25 de peptidoglicano (4 N HCl, 16 h, 100°C) contém os aminoácidos Lisina, Glutâmico e Alanina com razão molar de ca. 1,0:1,0:3,3. O hidrolisado parcial 4 N HCl, 0.75 h, 100°C do peptidoglicano contém, além de Lisina, Glutâmico e Alanina, os peptídeos: L-Ala→D-Glu, L-Ala→L-Lis, L165Ala→L-Ala→L-Lis, L-Lis→D-Ala, L-Ala→L-Lis→D-Ala, L-Ala→L-Ala→LLis→D-Ala and Ala→Ala. A
 30 partir desse dado, podemos concluir que SBR5^T possui peptidoglicano do tipo A3→L-Lis→L-Ala→L-Ala (tipo A11.5 de acordo com

<http://www.dsmz.de/species/murein.htm>). Os ácidos graxos predominantes na Linhagem SBR5^T foram anteiso- C15:0 e C16:0, respectivamente, compreendendo 45.7 e 17.6 do total.

De acordo com esses resultados, a composição de ácidos graxos de SBR5^T e similar àquela reportada para espécies *Paenibacillus*.

Existem detalhes das características fenotípicas que diferenciam as linhagens SBR5^T e espécies filogeneticamente relacionadas. Outras características determinadas são dadas para as espécies descritas a seguir. SBR5^T difere de *P. graminis* em termos de crescimento a 40°C, produção de gás de D-glucose e redução de nitrato; com respeito a *P. odorifer* em termos de redução de nitrato e produção de ácido de D-manitol; com respeito a *P. wynii*, em termos de posição de esporos e redução de nitrato; e com respeito a *P. borealis*, em termos de hidrólise de caseína e crescimento a pH 10. SBR5^T difere de todas as linhagens acima em termos de hidrólise de aesculina.

Com base nos dados filogenéticos e fenotípicos, sugerimos que SBR5^T (=CCGB 1313 = CECT 7330) representa uma nova espécie do gênero *Paenibacillus*, para o qual o nome *Paenibacillus riograndensis* sp. nov. é proposto.

Descrição de *Paenibacillus riograndensis* sp. nov.

Paenibacillus riograndensis (ri.o.gran.den.sis. N. L. masc. adj. *riograndensis* se refere ao Rio Grande do Sul, o Estado localizado no Sul do Brasil, onde a Linhagem foi isolada).

Células são bacilares, medindo 0.65-0.8µm por 3.8-4.5µm, Gram-variável, móvel e facultativamente anaeróbico. Esporos estão nas posições terminais das células. Colônias em meios GB são circulares, convexas, brancas e translúcidas. Usualmente elas têm 1-2 mm de diâmetro com 24 h em 28°C. Temperatura de crescimento ótimo e 28°C, pH de crescimento ótimo e 7. Não crescem na presença de 5% de NaCl. Catalase positiva e oxidase negativa. Essa espécie está filogeneticamente mais próxima a *P. graminis*. Conteúdo G+C de 55,1% mol. Os ácidos graxos principais são anteiso-C15:0 e a menaquinona predominante e MK-7. Não há produção de gás a partir de D-

glucose. Ácido é produzido a partir de D-glucose, sucrose, D-manose, lactose, rafinose, maltose, D-xilose, manitol, L-arabinose, galactose, glicerol, D-frutose, trehalose, D-rafinose, Dulcitol, Meso-inocitol. Citrato não serve como fonte de carbono para crescimento. Goma é hidrolizada. Caseína e aesculina não são hidrolizadas e acetoina não é produzida. Gelatinase, uréase, fenilalanina deaminase, indol, sulfideo de hidrogênio e acetoina não são produzidas (em meio Voges-Prokauer). Nitrato não é reduzido a nitrito. Linhagem SBR5^T possui características PGPR: fixa nitrogênio, produz sideróforos e ácido acético 3-indol.

10 A Linhagem tipo SBR5^T(=CCGB 1313, =CECT 7330) foi isolada da rizosfera de trigo (*Triticum aestivum*) no estado do Rio Grande do Sul, Sul do Brasil.

Bacillus oryzae a partir de Oryza sativa

15 Na presente invenção são reveladas a morfologia, filogenia e características fisiológicas de SVPR30T, isolada da rizosfera de *Oryza sativa* cultivada.

20 Alíquotas de diluições seriadas pasteurizadas de suspensões de trigo (10min, 80°C) foram inoculadas em tiamina-biotina (TB, meio livre de N) e incubadas em jarras anaeróbicas (Permutation) por 7 dias a 28°C. Colônias de bacilus anaeróbicas foram transferidas para placas de agar frescas por outro período de incubação anaeróbica

Colônias únicas foram transferidas para caldo GB. Uma linhagem de bactéria, designada SBR5^T, foi isolada e uma cultura pura foi mantida em uma suspensão de glicerol (20%) a -20°C.

25 O SVPR30^T isolado foi analisado quanto a presença de características promotoras de crescimento. Para acessar a produção de compostos indólicos como ácido acético (IAA), ácido indolpirúvico (IPyA) e indolacetamida (IAM), foi utilizado o método de Glickman e Dessaux (1995). SVPR30^T isolado produziu 68,27 µg de compostos indólicos ml⁻¹ após 144 hrs de incubação em meio sem
30 triptofano.

Para determinar a capacidade de fixação de nitrogênio dessa Linhagem, um ensaio baseado na digestão de enxofre e destilação com NaOH 10-mol l-1 foi feito, como descrito por Bremner & Keeney (1966), e o valor obtido foi 12,8 µg N ml-1.

5 A linhagem também foi analisada quanto a produção de sideróforos em placas de Petri contendo meio King B, suplementado com complexo azuloro cromo S, como descrito em Schwyn & Neilands (1987). SVPR30T cresceu e produziu um halo amarelo no meio azul-verde, indicando a habilidade para produzir sideróforos. O método descrito por Sylvester-Bradley (1982) foi usado
10 para testar a habilidade para solubilização de fosfatos. Linhagens de bactérias previamente crescidas em GB foram colocadas em placas GY (10 µl por cultura) em placas GY e incubadas por 7 dias a 28°C. Isolados de SPVR30T formaram um halo visível ao redor das colônias, o que foi considerado como solubilizador de fosfato.

15 O gene 16S rRNA foi amplificado usando primers 5'-AGAGTTTGATCCTGGCTCAG-3' e 5'-AGAAAGGAGGTGATCCAGCC-3', sob as condições descritas por Rivas et al. (2003).

As posições correspondentes na seqüência de rDNA de subunidades pequenas *E.coli* para esses primers são 8-27 e 1498-1522, respectivamente.
20 Seqüências do gene 16S de rRNA foram completamente determinadas em ambas as direções com primers descritos acima do Laboratório ACTGene (Centro de Biotecnologia, UFRGS, RS, Brazil) usando o seqüenciador automático ABI-PRISM 3100 Genetic Analyzer (Applied Biosystems). Uma seqüência de rRNA 16S quase completa (1.506 pb) foi obtida e comparada
25 com aquelas depositadas nos bancos de dados públicos. Seqüências foram alinhadas usando CLUSTALX. Distancias evolucionarias foram calculadas usando o método de Kimura (1980). Árvores filogenéticas foram inferidas usando o método dos vizinhos mais próximos (Saitou & Nei, 1987), evolução mínima e máxima parcimônia. Análises de bootstrap foram feitas baseadas em
30 1.000 repetições.

Os cálculos de similaridades de seqüências 16S rRNA foram realizados usando o software servidor EzTaxon (<http://www.eztaxon.org/> Chun et al 2007). SVPR30T é filogeneticamente relacionado a membros do gênero *Bacillus*. As espécies mais próximas encontradas foram *B. murallis* LMG20238 – 97.8% de similaridade), *B. butanolivorans* K9T (97,6%), *B. psychrosaccharolyticus* ATCC 23296T – 96,1%) e *B. asahii* MA001T – 95,5%).

De acordo com Wayne (1987), espécies mais que 70% relacionadas (DNA-DNA) são consideradas membros das mesmas espécies. Entretanto, Stackenbrandt & Goebel (1994) concluíram que organismos de DNA que tem menos que 97% de similaridade rDNA e rRNA não poderiam se reassociar mais que 60%, independente do método de hibridização utilizado. DNA não esta relacionado com outras espécies de *Bacillus* e então pode ser considerado como uma nova espécie de *Bacillus*.

Para a análise de composição de bases, DNA foi preparado de acordo com o método de Chun & Goodfellow (1995) e o conteúdo G+C foi determinado usando o método de desnaturação termal (Mandel & Marmur, 1968). O conteúdo de G+C de DNA da linhagem SVPR30T foi 44,0% mol, o que fica entre os valores obtidos para *B. muralis* (41,2% mol, Heyman et al (2005)) e *B. cibi* (45,0% mol, Yoon et al (2005)).

Análise de parede celular do peptideoglicano foi determinado como descrito por Schleifer (1985), mostrando que a Linhagem SVPR30T possui ácido meso-diaminopimelico (m-DAP) como ácido diamino de diagnóstico, em comum com a grande maioria das bactérias do gênero *Bacillus* (Priest et al. (1998).

Células para análise de ácido graxo celular foram crescidas em cultura durante 24h a 28°C em agar de soja triptona. Os ácidos graxos predominantes foram analisados por GLC como descrito no Microbial Identification System operating manual (2001). Todas as linhagens usadas para comparação foram determinadas sob as mesmas condições. Os ácidos graxos predominantes em linhagens SVPR30T foram anteiso-C15:0 e isso-C15:0 compreendendo 64,1 e 11,0 do total, respectivamente. De acordo com esses resultados, a quantidade

de ácidos graxos da Linhagem SCVPR30T e similar aquela reportada para outras espécies de *Bacillus* (Heyrman et al, 2005).

Alguns detalhes das características fenotípicas diferenciam a linhagem SVPR30T e espécies filogeneticamente relacionadas. Outras características determinadas são dadas para as espécies descritas abaixo. Caracterização fenotípica foi realizada de acordo com os métodos padrão descritos por Claus & Berkeley (1986) e Mac Faddin (2000). O isolado era um Gram-positivo, formador de esporos, arredondado, bactéria facultativamente anaeróbica. Esses resultados sugerem que o isolado pertenceu ao gênero *Bacillus*. Entretanto, a linhagem não produziu ácido a partir da maioria dos carboidratos testados. Essa característica é muito rara em membros do gênero *Bacillus* (Priest et al, 1988), mas esta presente em *B.ashii* (Yumoto et al 2004) e *B. butanolivorans* (Kuisiene et al, 2008). SVPR30T difere de todos no crescimento a 50°C e na redução de nitrato.

Com base nos dados filogenéticos e fenotípicos, propomos que o isolado SVPR30T (=CC GB 1314 = CET 7329) representa uma nova espécie de *Bacillus*, para o qual o nome *Bacillus oryzae* é agora proposto.

Descrição de *Bacillus oryzae*

Células são bacilares, medindo 4,02 x 0,8 µm, Gram-positivas, moveis por meio de flagelos peritríquios, facultativamente anaeróbicas e fixadoras de nitrogênio. Esporos estão nas posições terminais das células. Colônias em meio GB são circulares, convexas, brancas e translúcidas. Usualmente elas têm 1-2mm de diâmetro com 24h a 28°C. Temperatura opcional de crescimento e 28°C, crescimento ótimo em pH 7. Pode crescer na presença de 5% NaCl e em 50°C. Catalase positiva e oxidase negativa. Essa espécie e filogeneticamente mais próxima de *B. muralis*. Conteúdo de DNA G+C e 44,0% mol. O principal ácido graxo e anteiso-C15:0. Gás não é produzido a partir de D-glucose. Ácido é fracamente produzido a partir de D-glucose e não produzido a partir de sucrose, D-manose, lactose, D-xilose, manitol, L-arabinose, galactose, glicerol, D-frutose, trehalose, meso-inositol, dulcitol, maltose e D-rafinoze. Citrato não serve como fonte de carbono para crescimento. Amido,

caseína e aesculina são hidrolizadas e acetoina é produzida. Gelatinase, fenilalanina deaminase, indol, sulfeto de hidrogênio e acetoina (em meio Voges-Prokauer) não são produzidos. Urease é produzida. Nitrato não é reduzido a nitrito. Linhagem SVPR30T, apesar de sua habilidade para fixar 5 nitrogênio também demonstra outras características PGPR: tem habilidade para produzir sideróforos e compostos indólicos e tem habilidade para solubilizar fosfatos.

A linhagem SVPR30T (CCGB 1314 = CECT 7329), foi isolada a partir da rizosfera de arroz (*Oryza sativa*) em Santa Vitória do Palmar, Estado do Rio 10 Grande do Sul, e esta disponível pelo número de acesso Genbank EU273353.

Os versados na arte valorizarão os conhecimentos aqui apresentados e poderão reproduzir a invenção nas modalidades apresentadas e em outras variantes, abrangidos no escopo das reivindicações anexas.

LISTAGEM DE SEQUENCIAMENTOS

1. HN_R4 *Paenibacillus borealis* 16S rRNA gene, partial sequence

CTCTCTTTCTCCTCTCCTGAGGGACAGTGACAGGCGGAGCATCTGCCACTTGCGGATGGGC
CTGCGGCGCATTAGCTAGTTGGCGGGGTAACGGCCCACCAAGGCGACGATGCGTAGCCG
ACCTGAGAGGGTGAACGGCCACACTGGGACTGAGACACGGCCCAGACTCCTACGGGAGG
CAGCAGTAGGGAATCTTCCGCAATGGGCGCAAGCCTGACGGAGCAACGCCGCGTGAGTG
ATGAAGGTTTTTCGGATCGTAAAGCTCTGTTGCCAGGGAAGACGTCCGGTAGAGTACTTG
CTATCGAGTGACGGTACCTGAAAGAAAGCCC GGCTTACTACTTGCCACAGCGCGTAATA
CGTAGCCACCTTGTCCCGAATTTTGGGCGTAAGCGCGCGGCGCATT

2. HN_R5 *Paenibacillus borealis* 16S rRNA gene, partial sequence

TCTCTCTTTCTCCTCTCCTGAGGGACAGTGACAGGCGGAGCATCTGCCACTTGCGGATGGG
CCTGCGGCGCATTAGCTAGTTGGCGGGGTAACGGCCCACCAAGGCGACGATGCGTAGCC
GACCTGAGAGGGTGAACGGCCACACTGGGACTGAGACACGGCCCAGACTCCTACGGGAG
GCAGCAGTAGGGAATCTTCCGCAATGGGCGCAAGCCTGACGGAGCAACGCCGCGTGAGT
GATGAAGGTTTTTCGGATCGTAAAGCTCTGTTGCCAGGGAAGACGTCCGGTAGAGTACTT
GCTATCGAGTGACGGTACCTGAAAGAAAGCCC GGCTTACTACTTGCCACAGCGCGTAAT
ACGTAGCCACCTTGTCCCGAATTTTGGGCGTAAGCGCGCGGCGCAT

3. HN_R8 *Paenibacillus* sp. partial 16S rRNA gene

ATGGGCCCCGCGGCGCATTAGCTAGTTGGTGGGTACGGCTCACCAAGGCGACGATGCGTA
GCCGACCTGAGAGGGTGTATCGGCCACACTGGGACTGAGACACGGCCCAGACTCCTACGG
GAGGCAGCAGTAGGGAATCTTCCACAATGGGCGAAAGCCTGACGGAGCAACGCCGCGTG
AGTGATGAAGGTTTTTCGGATCGTAAAGCTCTGTTGCCAGGGAAGAACATCCGCGGAGTA
ACTGCTGGCGGATTGACGGTACCTGATAAGAAAGCCC GGCTACTACGTGCAGCAGCCGC
GGTAATACGTAGGGGCAGCGTTGTCCGATTATTGGGGTAAGCGCGCGCAGGCGGTCTTT
AATCTGAGTTAAACCTGGGTCACCTGGAGGTC

4. Li_R 9 *Bacillus* sp. ribosomal RNA gene, partial sequence

CGCATTAGCTAGTTGGTGAGGTAANGGCTCACAAGGCGACGATGCGTAGCCGACCTGAG
AGGGTGATCGGCCACACTGGGACTGAGACACGGCCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGT
AGGGAATCTTCCGCAATGGACGAAAGTCTGACGGAGCAACGCCGCGTGANTGATGAAGG
CCTTCGGGTCGTAAAGTTCTGTTGTTAGGGAAGAACAAGTACCAGAGTAACTGCTGGTA
CCTTGACGGTACCTAACAGAAAGCCACGGCTAACTACGTGCCAGCAGCCGCGTAATA
CGTAGGTGGCAAGCGTTGTCCGGAATTATTGGGCGTAAAGCGCGCGCAGGTGGTTCGCT
TAAGTCTGATGTGAAAGCCANGGCTCAACCGTGGAGGGTCACTTGAAACTGGGGAAC
TTGAGTGCAGAAGAGGAAAGTGAATTCCAACGTGTAGCGGTGAAATGCGTAGAGATTT
GGAGGAACACCAGTGGCGAAGGCGACTTCTTGGTCTGTAAGTACTGACACTGAGGCGCGAA
AGCGTGGGGAGCAAACAGGATTAGATACCCTGGGTAGTCCACGCCGTAAACGATTGAGT
GCTAAGTGTTAGAGGGTTTTCCGCCTTAGTGCTGCAGCTAACGCATTAGCCACTCCGGCC
TGGGGAGTACGGTTCGCAAGGCTGAAACTCAAAGGAATTGACGGGGGGCCGCCACCAAGC
GGTGGAGCATGTGTGGTTAATTCGGAAGCAANGCGAAGAACCTTACCAGGTCTTGACA
TTCTCTNACACCCTAAGATTGGTTCGCCCTTCGGGGAACAATGAACGGGGGNC TGGTTGT
CGTCCAGCTCTGTTGAAATGTTGGGTANGTCCGAAAGACGCACCCTTTATTTTTTCCAC
ATTAGTGTGGGC

5. Li_R2 *Paenibacillus* sp. partial 16S rRNA gene

TTCTTGATCACATGGGATTGGATGATCGCGGAGCAAACCTGCTGCTAGAGGATGGGCCT
 GCGGCGCATTAGCTAGTTGGTGGGGTAACGGCCTACCAAGGCGACGATGCGTAGCCGA
 CCTGAGAGGGTGAACGGCCACACTGGGACTGAGACACGGCCCAGACTCCTACGGGAGGC
 AGCAGTAGGGAATCTTCCGCAATGGGCGAAAGCCTGACGGAGCAACGCCGCGTGAGTGA
 TGAAGTTTTTCGGATCGTAAAGCTCTGTTGCCAGGGAAGAACGTCCGGTAGAGTAACTG
 CTACCGGAGTGACGGTACCTGAGAAGAAAGCCCCGGCTAACTACGTGCCAGCAGCCCCC
 GGTAATACGTAGGGGGCAAGCGTTGTCCGGAATTATTGGCGTAAAGCGCGCGCAGGGC
 GCTGCTTTAAGTCTGGGTGTTTAAAACCTTTGGGCTCCACCTGGGGGTTCGCACTGGGAAA
 CTGGGCAGCTTGGGTACAGAAGAGGAAAGTGGGAATTTCCCCTGTTACCGTGAATGGCG
 TAAGAGTGGGAAGGAACCCAGTGGCGAGGGACCTTTCTGGCTGTAACCTACGCTTAAGAG
 AAACGTGTGGAGCAAACAG

6. Li_R21 *Paenibacillus* sp. partial 16S rRNA gene

TTCTTGATCACATGGGATTGGATGATCGCGGAGCAAACCTGCTGCTAGAGGATGGGCCTG
 CGGCGCATTAGCTAGTTGGTGGGGTAACGGCCTACCAAGGCGACGATGCGTAGCCGACC
 TGAGAGGGTGAACGGCCACACTGGGACTGAGACACGGCCCAGACTCCTACGGGAGGCAG
 CAGTAGGGAATCTTCCGCAATGGGCGAAAGCCTGACGGAGCAACGCCGCGTGAGTGA
 AAGTTTTTCGGATCGTAAAGCTCTGTTGCCAGGGAAGAACGTCCGGTAGAGTAACTGCT
 ACCGGAGTGACGGTACCTGAGAAGAAAGCCCCGGCTAACTACGTGCCAGCAGCCCCCGG
 TAATACGTAGGGGGCAAGCGTTGTCCGGAATTATTGGCGTAAAGCGCGCGCAGGGCGGC
 TGCTTTAAGTCTGGGTGTTTAAAACCTTTGGGCTCCACCTGGGGGTTCGCACTGGGAACT
 GGGCAGCTTGGGTACAGAAGAGGAAAGTGGGAATTTCCCCTGTTACCGTGAATGGCGTA
 AGAGTGGGAAGGAACCCAGTGGCGAGGGACCTTTCTGGCTGTAACCTACGCTTAAGAGAA
 ACGTGTGGAGCAAACAG

7. Li_S5 *Paenibacillus* sp. partial 16S rRNA gene

TTCTTGATCACATGGGATTGGATGATCGCGGAGCAAACCTGCTGCTAGAGGATGGGCCTG
 CGGCGCATTAGCTAGTTGGTGGGGTAACGGCCTACCAAGGCGACGATGCGTAGCCGACC
 TGAGAGGGTGAACGGCCACACTGGGACTGAGACACGGCCCAGACTCCTACGGGAGGCAG
 CAGTAGGGAATCTTCCGCAATGGGCGAAAGCCTGACGGAGCAACGCCGCGTGAGTGA
 AAGTTTTTCGGATCGTAAAGCTCTGTTGCCAGGGAAGAACGTCCGGTAGAGTAACTGCT
 ACCGGAGTGACGGTACCTGAGAAGAAAGCCCCGGCTAACTACGTGCCAGCAGCCCCCGG
 TAATACGTAGGGGGCAAGCGTTGTCCGGAATTATTGGCGTAAAGCGCGCGCAGGGCGGC
 TGCTTTAAGTCTGGGTGTTTAAAACCTTTGGGCTCCACCTGGGGGTTCGCACTGGGAACT
 GGGCAGCTTGGGTACAGAAGAGGAAAGTGGGAATTTCCCCTGTTACCGTGAATGGCGTA
 AGAGTGGGAAGGAACCCAGTGGCGAGGGACCTTTCTGGCTGTAACCTACGCTTAAGAGAA
 ACGTGTGGAGCAAACAG

8. Li_R1 *Paenibacillus* sp. partial 16S rRNA gene

TTCCTGACCCTCCTGGGTTGGGGATGACAGGCGGAGCAATCTGCTGCTAGAGGATGGGC
 CTGCGGCGCATTAGCTAGTTGGTGGGGTAACGGCCACCAAGGCGACGATGCGTAGCCG
 ACCTGAGAGGGTGAACGGCCACACTGGGACTGAGACACGGCCCAGACTCCTACGGGAGG
 CAGCAGTAGGGAATCTTCCGCAATGGGCGAAAGCCTGACGGAGCAACGCCGCGTGAGTG
 ATGAAGTTTTTCGGATCGTAAAGCTCTGTTGCCAGGGAAGACGTCCGGTAGAGTAACTG
 CTGCCGGAGTGACGGTACCTGAGAAGAAAGCCCCGGCTACTACGTGCCAGCAGGCCGCG
 GTAATACGTAGGGGCAAGCGTTGTCCGGAATTTTGGGCGTAAGGCGCGCGCAGGGCGGT
 ATTTAGTCTGTGTTAAACTTGGGCTCACCTGGGGTCCACTGGAAACTGGTGGTTGGGTA
 CAAAAGAAAGGGAAT

9. SVP_S 25 *Paenibacillus* sp. 16S ribosomal RNA gene,
 partial sequence

GCATTACTAGTTNGTGGGGTACGGCCCTACAAGGCGACNATGCGTATCCGACCTGAGA
 GGGTGAACGGCCACACTGGGACTGAGACACGGCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGT
 AGGGAACCTCTCCGCAATGGGCGAAAGCCTGACGGAGCAACGCCGCGTGAGTAGATGAA
 GGTTTTCGGATCGTAAAGCTCTGTTGCCAGGAAGAACGTCCGGTAGAGTAACTGCTGAC
 GGANTGACGGTACCTGAGAAGAAAGCCCCGGCTAACTACGTGCCAGCAGCCGCGTAAT
 ACGTAGGGGGCAAGCGTTGTCCGGAATTATGGGCGTAAAGCGGCGCGCAGTGCGTGCTG
 CTTAAGTCTGGTGTAAAACCTTGGGCTCAACCTGGGGTTCGCACTGGAAACTTGGGCAG
 ATTGATGTACAGACAGGAAGGAACACGTGGAATTCACGGTTTATCGGTAACATGCGGT
 AGAGATTGTGGACGGAACACCCCGTGGCGAATGGCACTTCCTCTGGGCTGGTAACTGAA
 CGCTTAAGCGGCGAAAAGCGGTNNGGAGNACAGACCGGATTNGATACCCCTGGTAGTCC
 ACGCCGTAAACGAAAGTGNNTAANGTGTAGGGGGTTTTGATACCCCTTTGTGNCTNACA
 GGTTTAACACNCAGGTAAAGACTTCCGGCCTGGGGGAAGTACGGTTCGGCAAGANNTTGA
 AATCTCAAAGTGAATTGACGGGGGGACCCGGCACAAAGCCGGTGGAGTATGATGGTTAA
 ATTCGAAGGCAACGCGAAGAACCTTATCCAGGGTCTTNCATTNCACGTAACGA

10. SVP_S 27 *Paenibacillus dendritiformis* 16S ribosomal RNA gene, partial sequence

GAGCATCTGCACTTATGCCTGGACCTTAGGCGCATTAGCTAGTTGGTGGGGTAACGGCT
 CACCAAGGCGACGATGCGTAGCCGACCTGAGAGGGTGATCGGCCACACTGGGACTGAGA
 CACGGCCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTAGGGAATCTTCCGCAATGGACGCAAGTC
 TGACGGAGCAACGCCGCGTGAGTGATGAAGGTTTTCCGATCGTAAAGCTCTGTTGCCAG
 GAAGAACGCTATGGAGAGTAACTGTTCCATAGGTGACGGTACCTGAGAAGAAAGCCCCG
 GCTAACTACGTGCCAGCAGCCGCGTAATACGTAGGGGGCAAGCGTTGTCCGGAATTAT
 TGGGCGTAAAGCGCGCGCAGGCGGTCCATGTAAGTCTGGTGTTTAAACCCGGGGCTCAA
 CTCCGGGTTCGCATCGGAAACTGTGTGACTTGAGTGCAGAAGAGGAAAGTGAATTCCAC
 GTGTAGCGGTGAACATGCGTAGAGATGTGGAGGAACACCAGTGGCGAAGGCGACTTTCT
 GGGCTGTAAGTACGCTAGGCGCGAAAGCGTGGGGAGCAAACAGGATTAGATACCCTGG
 TAGTCCACGCCGTAAAACGATGAATGCTAGGTGTTAGAGGGTTTTCGATACCCTTGGTGC
 CCGAAGGTTTACACATTAAGCATTCCGCCTGGGGAGTA

11. SVP_R3 *Paenibacillus* sp. 16S ribosomal RNA gene, partial sequence

TCCTGGATGATGGATGACCGGCGGATCATCTGCTACTAGAGGATGGGCCTGCGGCGCAT
 TAACTAGTTGGTGGGGTAACGGCCCACCAAGGCGACTATGCGTATCCGACCTGATAGGG
 TGAACGGCCGCACTGGGACTGAGACACGGGCCATACTCCTACGGGAGGCATCACTAGGG
 AATCTTCCGCAATGGGCGAAAGCCTGACGGAGCTCGCCGCGTGAGTGATGAAGTTTTTC
 GGATCATAGTCTCTGTTGCGGGGATGCCGTACGGTAGAGTCCTGCTGGAGGAGTGATCT
 ACCTGA

12. SVP_R2 *Paenibacillus* sp. 16S ribosomal RNA gene, partial sequence

TTCTTGATCACATGGGATTGGATGATCGCGGAGCAAACCTGCTGCTAGAGGATGGGCCTG
 CGGCGCATTAGCTAGTTGGTGGGGTAACGGCCTACCAAGGCGACGATGCGTAGCCGACC
 TGAGAGGGTGAACGGCCACACTGGGACTGAGACACGGCCCAGACTCCTACGGGAGGCAG
 CAGTAGGGAATCTTCCGCAATGGGCGAAAGCCTGACGGAGCAACGCCGCGTGAGTGATG
 AAGTTTTTCGGATCGTAAAGCTCTGTTGCCAGGGAAGAACGTCCGGTAGAGTAACTGCT
 ACCGGAGTGACGGTACCTGAGAAGAAAGCCCCGGCTAACTACGTGCCAGCAGCCCCCGG
 TAATACGTAGGGGGGCAAGCGTTGTCCGGAATTATTGGCGTAAAGCGCGCGCAGGCGGC
 TGCTTTAAGTCTGGGTGTTTAAAACCTTTGGGCTCCACCTGGGGGTTCGCACTGGGAACT
 GGGCAGCTTGGGTACAGAAGAGGAAAGTGGGAATTTCCCCTGTTACCGTGAATGGCGTA
 AGAGTGGGAAGGAACCCAGTGGCGAGGGACCTTTCTGGCTGTAAGTACGCTTAAGAGAA
 ACGTGTGGAGCAAACAG

13. SVP_R11 *Paenibacillus graminis* 16S rRNA gene, partial sequence

TCCTTGACCCTCCTGGATGATGGATGACCGGCGGATCATCTGCTACTAGAGGATGGGCC
TGCGGCGCATTAACTAGTTGGTGGGGTAACGGCCCACCAAGGCGACTATGCGTATCCGA
CCTGATAGGGTGAACGGCCGCACTGGGACTGAGACACGGGCCATACTCCTACGGGAGGC
ATCACTAGGGAATCTTCCGCAATGGGCGAAAGCCTGACGGAGCTCGCCGCGTGAGTGAT
GAAGGTTTTTCGGATCATAGTCTCTGTTGCGGGGATGCCGTACGGTAGAGTCCTGCTGGA
GGAGTGATCTACCTGA

14. SVP_R10 *Paenibacillus* sp. ribosomal RNA gene, partial sequence

TCCTGGATGATGGATGACCGGCGGATCATCTGCTACTAGAGGATGGGCCTGCGGCGCAT
TAACTAGTTGGTGGGGTAACGGCCCACCAAGGCGACTATGCGTATCCGACCTGATAGGG
TGAACGGCCGCACTGGGACTGAGACACGGGCCATACTCCTACGGGAGGCATCACTAGGG
AATCTTCCGCAATGGGCGAAAGCCTGACGGAGCTCGCCGCGTGAGTGATGAAGGTTTTC
GGATCATAGTCTCTGTTGCGGGGATGCCGTACGGTAGAGTCCTGCTGGAGGAGTGATCT
ACCTGA

15. SVP_R5 *Paenibacillus* sp. 16S ribosomal RNA gene, partial sequence

TTCTTGATCACATGGGATTGGATGATCGCGGAGCAAACCTGCTGCTAGAGGATGGGCCTG
CGGCGCATTAGCTAGTTGGTGGGGTAACGGCCTACCAAGGCGACGATGCGTAGCCGACC
TGAGAGGGTGAACGGCCACACTGGGACTGAGACACGGCCCAGACTCCTACGGGAGGCAG
CAGTAGGGAATCTTCCGCAATGGGCGAAAGCCTGACGGAGCAACGCCGCGTGAGTGATG
AAGGTTTTTCGGATCGTAAAGCTCTGTTGCCAGGGAAGAACGTCCGGTAGAGTAACTGCT
ACCGGAGTGACGGTACCTGAGAAGAAAGCCCCGGCTAACTACGTGCCAGCAGCCCCCGG
TAATACGTAGGGGGGCAAGCGTTGTCCGGAATTATTGGCGTAAAGCGCGCGCAGGCGGC
TGCTTTAAGTCTGGGTGTTTAAAACCTTGGGCTCCACCTGGGGGTGCGACTGGGAAACT
GGGAGCTTGGGTACAGAAGAGGAAAGTGGGAATTCCCCCTGTTACCGTGAATGGCGTA
AGAGTGGGAAGGAACCCAGTGGCGAGGGACCTTCTGGCTGTAACCTACGCTTAAGAGAA
ACGTGTGGAGCAAACAG

16. SVP_R20 *Paenibacillus* sp. 16S ribosomal RNA gene, partial sequence

CGGGGTGACTTGTCTTGGGTGTCCTTGTACAAACAGAGAACTCGCGGGATCATCTGCTG
CTTGCGGATGTCTCTGCCGGCGCATTAGCTAGTTGGTGGGGTAACGGCCCACCAAGGCG
ACAATGCGTAGCCGACCTGAGAGGGTGAACGGCCGCACTGGGACTGACACACGGCCCAT
ACTCCTACTGAAGGCATCACTACGGAATCTTCCGCAATGGGCGAAAGCCTGACGGAGCA
ACGCCGCGTGAGTGATGAAGGTGTTCCGATCGTAAAGCTCTGTTGCAGGGAAAACGTCCG
GTAGAGTAACTGCTGCAGAGTGACGGTACCTGACATGAAGCCCGCTACTACGTGCAGCA
GCGCGTATACTATGGGGAAGCGTGTCCGATATGGGCTAAGCGCCGAGG

17. SVP_S35 *Paenibacillus* sp. 16S ribosomal RNA gene, partial sequence

ATTCTTGATCACATGGGATTGGATGATCGCGGAGCAAACCTGCTGCTAGAGGATGGGCCT
GCGGCGCATTAGCTAGTTGGTGGGGTAACGGCCTACCAAGGCGACGATGCGTAGCCGAC
CTGAGAGGGTGAACGGCCACACTGGGACTGAGACACGGCCCAGACTCCTACGGGAGGCA
GCAGTAGGGAATCTTCCGCAATGGGCGAAAGCCTGACGGAGCAACGCCGCGTGAGTGAT
GAAGGTTTTTCGGATCGTAAAGCTCTGTTGCCAGGGAAGAACGTCCGGTAGAGTAACTGC
TACCGGAGTGACGGTACCTGAGAAGAAAGCCCCGGCTAACTACGTGCCAGCAGCCCCCG
GTAATACGTAGGGGGGCAAGCGTTGTCCGGAATTATTGGCGTAAAGCGCGCGCAGGCGG

CTGCTTTAAGTCTGGGTGTTTAAACTTTGGGCTCCACCTGGGGGTCGCACTGGGAAA
 CTGGGCAGCTTGGGTACAGAAGAGGAAAGTGGGAATTCCCCCTGTTACCGTGAATGGC
 GTAAGAGTGGGAAGGAACCCAGTGGCGAGGGACCTTTCTGGCTGTAACCTACGCTTAAGA
 GAAACGTGTGGAGCAAACAG

18. SVPR30F2 *Bacillus* sp. 16S ribosomal RNA gene, partial
 sequence

TTTACGCTGTCACTTATACATGGGCCCCGCGGCATTAGCTAGTTGGTGAGGTAATGGC
 TCACCAAGGCGACGATGCGTAGCCGACCTGAGAGGGTGATCGGCCACACTGGGACTGAG
 ACACGGCCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTAGGGAATCTTCCGCAATGGACGAAAGT
 CTGACGGAGCAACGCCGCGTGAACGAAGAAGGCCTTCGGGTTCGTAAAGTTCTGTTGTTA
 GGAAGAACAAGTACCAGAGTAACTGCTGGTACCTTGACGGTACCTAACCCAGAAAGCCA
 CGGCTAACTACGTGCCAGCAGCCGCGTAATACGTAGGTGGCAAGCGTTGTCCGGAATT
 ATTGGGCGTAAAGCGCGCAGGTGGTTCCTTAAAGTCTGATGTGAAAGCCCACGGCTCA
 ACCGTGGAGGGTCATTTGGAACTGGGGAACTTGAGTGCAGAAGAGGAAAGTGGGAATTC
 CAAGTGTAGCGGTGAAATGCGTAGAGATTTGGAGGAACACCAGTGGCGAAGGCGACTTT
 CTGGTCTGTAACCTGACACTGAGGCGCGAAAGCGTGGGGAGCAAACAGGATTAGATACCC
 TGGTAGTCCAACGCCGTAACGATTGAGTGCTAAGTGTAGAGGGTTCCGGCCTTTAGT
 GCTGCAGCTAACGCATTAAGCACTCCGCCTTGGGGAGTACGGCCGCAAGGCTGAAACTC
 AAAGGAATTTGACGGGGGGGCCGCACAAAGCGGTGGACCATGTGGTTTAATTTCGAAACA
 AGCGCGGAACCTTACAGGTCTTGACATCATCTTGACAACCTAAAGATGGGGTTTCCCTT
 CGGGGACGAAAGTAAGGTGGGCCCTGGTTTCGTACGCCCGGTCTGGAATTTGGTTTAG
 TCCCG

19. SLS_R7 *Paenibacillus borealis* 16S rRNA gene, partial
 sequence

CTTTCCTCTCCTGAGGGACAGTGACAGGCGGAGCATCTGCCACTTGCGGATGGGCCTGC
 GGCGCATTAGCTAGTTGGCGGGGTAACGGCCACCAAGGCGACGATGCGTAGCCGACCT
 GAGAGGGTGAACGGCCACACTGGGACTGAGACACGGCCAGACTCCTACGGGAGGCAGC
 AGTAGGGAATCTTCCGCAATGGGCGCAAGCCTGACGGAGCAACGCCGCGTGAGTGATGA
 AGGTTTTCGGATCGTAAAGCTCTGTTGCCAGGGAAGACGTCCGGTAGAGTACTTGCTAT
 CGAGTGACGGTACCTGAAAGAAAGCCCGCTTACTACTTGCCACAGCGCGTAATACGTA
 GCCACCTTGTCCCGAATTTTGGGCGTAAGCGCGCG

20. SLS_R23 *Bacillus* sp. 16S ribosomal RNA gene, partial
 sequence

TCGGCTATCCTGTGAGATGGGCCTGCGGCGCATTATCTGGTTGATGGGGTTGGGCCTAG
 CAACGCTACGATGCGTAGCCGACCTGAAAGGGTGACCGGGCGCACTGGGACTGAGACTC
 GGCCCCAGTCCCTACGGGACGCAAACCTATGGAAGTTTCTGTTTGGACTATCGTCAGATG
 GAGCACGCCCGTGAACAATAAAGCCCTCCGAGTGTAACCTCTCTTGTAGGGACAACAAG

21. SLS_S14 *Paenibacillus* sp. 16S ribosomal RNA gene,
 partial sequence

CGCATNCAGCTAAGATTNGTGGGGTAACGGCTCACCAAGGCGACAGATACGTAGCCGAC
 CTGAGAGGGGTAACGGCCACACTGTGGGAACTTGAAGACACGGGCCAAGGACTCCTACG
 GGGAGGCCAGC

22. SLS_R4 *Paenibacillus* sp. ribosomal RNA gene, partial
 sequence

TGCTACTAGAGCCTGGGCCTGTTGCGCATTAGCTAGTTNGTGGGGTAACGGCCCACCAA
 GGCGACGATCGTATCCGACCTGAGAGGGTGAACGGCCACACTGGGACTGATACACGGCC
 CAAACTCCTACGGGAGGCAGCAGTATGGAATCTTCCGCAATGGGCGAANGCCTGACGGA

GCAACNCCGCAGTGAGTGATGAAGTTTTTCGGATCGTAAAGCTCTGTTGCCGAGGGAAG
AACGTCCGGTAGAGTAACTGTCTACACGGAGTGACGCGTACCTGAGAAGAAGACGCCC
CGCGTCGTAATCTACGTGCCACGCAGACCGCGGTAATATCGCTATCGTGGTGAATGCG
TTGTCCGGAATTATTGAGGCTGTAAAGCGCGCTGCAGGCTGCTGTTAATTCTGGCTGT
TTAAACCTGGGTCTCAACCTGNGCGCTCGCACTGGCACATATCTGGGATGGCTTGATTA
CGAAGCACAGGAGCGACAACGCTGGGACAGTCCCACGGTGTANNGGGTTAACATGCG
GTANACGAATGGTGGTAGTCGAACACCCACGTGGCGAAGTGCGACTTTCTTGGTGCTGG
TAACGTGACAAGCTCAGAGCGGCTGAAAAGCGTTGGGTGGTATGCGAATACCGGATTT
ATATACCCCTNNTAGTCCACGCCCCTAGACGAATAAAGTNCTACGGTTGTTTCAAGGGGT
TTCTNCCTTCCCTTTTGTGTCCGAAAGTTTAACCCGAGGTAAAGCACTCCNCCTGGGGG
AAGTAACGGTCGGAAGACCTGACACTCCCAGGGGAACCTTGACGGGGACCGGTTAAGCC
CGTGGAGGTTTATGGTTAAATTTAAGGCAACGGGAAGAACCTTACCAGGTCTTGAATNC
ACGAACGAAGGCNGAGCATCCTTTGTTCCTCGGGGAAAGTATGAAACAG

23. SLS_R2 *Paenibacillus borealis* 16S rRNA gene, partial
sequence

CTTTCCTCTCCTGAGGGACAGTGACAGGCGGAGCATCTGCCACTTGCGGATGGGCCTGC
GGCGCATTAGCTAGTTGGCGGGGTAACGGCCACCAAGGCGACGATGCGTAGCCGACCT
GAGAGGGTGAACGGCCACACTGGGACTGAGACACGGCCAGACTCCTACGGGAGGCAGC
AGTAGGGAATCTTCCGCAATGGGCGCAAGCCTGACGGAGCAACGCCGCGTGAGTGATGA
AGGTTTTTCGGATCGTAAAGCTCTGTTGCCAGGGAAGACGTCCGGTAGAGTACTTGCTAT
CGAGTGACGGTACCTGAAAGAAAGCCCGGCTTACTACTTGCCACAGCGCGTAATACGTA
GCCACCTTGTCCCGAATTTTGGGCGTAAGCGCGCG

24. SLS_S12 *Paenibacillus borealis* 16S rRNA gene, partial
sequence

CTTTCCTCTCCTGAGGGACAGTGACAGGCGGAGCATCTGCCACTTGCGGATGGGCCTGC
GGCGCATTAGCTAGTTGGCGGGGTAACGGCCACCAAGGCGACGATGCGTAGCCGACCT
GAGAGGGTGAACGGCCACACTGGGACTGAGACACGGCCAGACTCCTACGGGAGGCAGC
AGTAGGGAATCTTCCGCAATGGGCGCAAGCCTGACGGAGCAACGCCGCGTGAGTGATGA
AGGTTTTTCGGATCGTAAAGCTCTGTTGCCAGGGAAGACGTCCGGTAGAGTACTTGCTAT
CGAGTGACGGTACCTGAAAGAAAGCCCGGCTTACTACTTGCCACAGCGCGTAATACGTA
GCCACCTTGTCCCGAATTTTGGGCGTAAGCGCGCG

25. SLS_R25 *Paenibacillus borealis* 16S rRNA gene, partial
sequence

TTTCTTTCTTCTCCTGAGGAGAGAATGATCGGCGGAGCAATCTGCTGCTTGGGGATGGG
CCTGCGGCGCATTAGCTAGTTGGTGGGGTAACGGCCACCAAGGCGACGATGCGTAGCC
GACCTGAGAGGGTGAACGGCCACACTGGGACTGAGACACGGCCAGACTCCTACGGGAG
GCAGCAGTAGGGAATCTTCCGCAATGGGCGCAAGCCTGACGGAGCAACGCCGCGTGAGT
GATGAAGGTTTTTCGGATCGTAAAGCTCTGTTGCCAGGGAAGAACGTCCGGTA

26. SLS_S28 *Paenibacillus* sp. ribosomal RNA gene, partial
sequence

CGCATNCAGCTAAGATTNGTGGGGTAACGGCTCACCAAGGCGACAGATACGTAGCCGAC
CTGAGAGGGGTAACGGCCACACTGTGGGAACTTGAAGACACGGGCCAAGGACTCCTACG
GGGAGGCCAGC

27. SLS_S7 *Paenibacillus* sp. ribosomal RNA gene, partial
sequence

CGCATNCAGCTAAGATTNGTGGGGTAACGGCTCACCAAGGCGACAGATACGTAGCCGA
 CCTGAGAGGGGTAACGGCCACACTGTGGGAACCTGAAGACACGGGCCAAGGACTCCTA
 CGGGGAGGCCAGC

28. UR_R10 *Paenibacillus rhizosphaerae*

GGCAACCTGCCTGCAAGACCGGGATAACCCACGGAAACGTGAGCTAATACCGGATATCT
 CATTTCCTCTCCTGGGGGAATGACGAAAGACGGAGCAATCTGTCACTTGC GGATGGGCC
 TGCGGCGCATTAGCTAGTTGGTGAGGTAACGGCTCACCAAGGCGACGATGCGTAGCCGA
 CCTGAGAGGGTGAACGGCCACACTGGGACTGAGACACGGCCCAGACTCCTACGGGAGGC
 AGCAGTATGGAATCTTCCGCAATGGGCGAAAGCCTGACGGAGCAACGCCGCGTGAGTGA
 TGAAGTTTTCGGATCGTAAAGCTCTGTTGCCAGGGAAGAACGTCCGATAGAGTAACTGC
 TATCGGAGTGACGGTACCTGAGAAGAAAGCCCCGGCTAACTACGTGCCAGCAGCCGCGG
 TAATACGTAGGGGGCAAGCGTTGTCCGGAATTATTGGGCGTAAAGCGCGCAGGCGGT
 CATTTAAGTCTGGTGTTTAAGGCCAAGGCTCAACCTTGGTTCGCACTGGAAACTGGGTG
 ACTTGAGTGCAGAAGAGGAGAGTGGAATTCACGTGTAGCGGTGAAATGCGTAGATATG
 TGGAGAACACCAGTGGCGAAGGCGACTCTCTGGGCTGTA ACTGACGCTGAGGCGCGAA
 AGCGTGGGGAGCAAACAGGATTAGATACCCT

29. UR_R80 *Paenibacillus* sp. partial 16S rRNA gene

GCGGGTATTCTTGATCACATGGGATTGGATGATCGCGGAGCAAACCTGCTGCTAGAGGAT
 GGGCCTGCGGCGCATTAGCTAGTTGGTGGGGTAACGGCCTACCAAGGCGACGATGCGTA
 GCCGACCTGAGAGGGTGAACGGCCACACTGGGACTGAGACACGGCCCAGACTCCTACGG
 GAGGCAGCAGTAGGGAATCTTCCGCAATGGGCGAAAGCCTGACGGAGCAACGCCGCGTG
 AGTGATGAAGGTTTTTCGGATCGTAAAGCTCTGTTGCCAGGGAAGAACGTCCGGTAGAGT
 AACTGCTACCGGAGTGACGGTACCTGAGAAGAAAGCCCCGGCTAACTACGTGCCAGCAG
 CCCCCGGTAATACGTAGGGGGGCAAGCGTTGTCCGGAATTATTGGCGTAAAGCGCGCGC
 AGGCGGCTGCTTTAAGTCTGGGTGTTTAAAACCTTTGGGCTCCACCTGGGGGTGCGACTG
 GGAAACTGGGCAGCTTGGGTACAGAAGAGGAAAGTGGGAATTC CCCCTGTTACCGTGAA
 TGCGGTAAGAGTGGGAAGGAACCCAGTGGCGAGGGACCTTTCTGGCTGTA ACTACGCTT
 AAGAGAAACGTGTGGAGCAAACAG

30. UR_S19 *Paenibacillus* sp. partial 16S rRNA gene

GCGGGTATTCTTGATCACATGGGATTGGATGATCGCGGAGCAAACCTGCTGCTAGAGGAT
 GGGCCTGCGGCGCATTAGCTAGTTGGTGGGGTAACGGCCTACCAAGGCGACGATGCGTA
 GCCGACCTGAGAGGGTGAACGGCCACACTGGGACTGAGACACGGCCCAGACTCCTACGG
 GAGGCAGCAGTAGGGAATCTTCCGCAATGGGCGAAAGCCTGACGGAGCAACGCCGCGTG
 AGTGATGAAGGTTTTTCGGATCGTAAAGCTCTGTTGCCAGGGAAGAACGTCCGGTAGAGT
 AACTGCTACCGGAGTGACGGTACCTGAGAAGAAAGCCCCGGCTAACTACGTGCCAGCAG
 CCCCCGGTAATACGTAGGGGGGCAAGCGTTGTCCGGAATTATTGGCGTAAAGCGCGCGC
 AGGCGGCTGCTTTAAGTCTGGGTGTTTAAAACCTTTGGGCTCCACCTGGGGGTGCGACTG
 GGAAACTGGGCAGCTTGGGTACAGAAGAGGAAAGTGGGAATTC CCCCTGTTACCGTGAA
 TGCGGTAAGAGTGGGAAGGAACCCAGTGGCGAGGGACCTTTCTGGCTGTA ACTACGCTT
 AAGAGAAACGTGTGGAGCAAACAG

31. UR_S36 *Paenibacillus* sp. partial 16S rRNA gene

GGTATTCTTGATCACATGGGATTGGATGATCGCGGAGCAAACCTGCTGCTAGAGGATGGG
 CCTGCGGCGCATTAGCTAGTTGGTGGGGTAACGGCCTACCAAGGCGACGATGCGTAGCC
 GACCTGAGAGGGTGAACGGCCACACTGGGACTGAGACACGGCCCAGACTCCTACGGGAG
 GCAGCAGTAGGGAATCTTCCGCAATGGGCGAAAGCCTGACGGAGCAACGCCGCGTGAGT
 GATGAAGGTTTTTCGGATCGTAAAGCTCTGTTGCCAGGGAAGAACGTCCGGTAGAGTAA
 TGCTACCGGAGTGACGGTACCTGAGAAGAAAGCCCCGGCTAACTACGTGCCAGCAGCCC
 CCGGTAATACGTAGGGGGGCAAGCGTTGTCCGGAATTATTGGCGTAAAGCGCGCGCAGG

CGGCTGCTTTAAGTCTGGGTGTTTAAACTTTGGGCTCCACCTGGGGGTCGCACTGGG
AAACTGGGCAGCTTGGGTACAGAAGAGGAAAGTGGGAATTCCTTACCGTGAAT
GGCGTAAGAGTGGGAAGGAACCCAGTGGCGAGGGACCTTCTGGCTGTAACCTACGCTTA
AGAGAAACGTGTGGAGCAAACAG

32. G_R32 *Paenibacillus* sp. partial 16S rRNA gene
TTCTTTCTTCTCCTGAGGACCGAATGACTGGCGGATCAATCTGCTGCTTGGGGATGGGC
CTGCGGCGCATTAGCTAGTTGGTGGGGTAACGGCCCACCAAGGCGACGATGCGTATCCG
ACCTGAGAGGGTGAACGGCCACACTGGGACTGAGACACGGCCATACTCCTACGGGAGG
CAGCACTACGGAATCTTCCGCAATGGGCGAAAGCCTGACGGAGCTCGCCGCGTGAGTGA
TGAAGTTTTTCGGATCGAAAGCTCTGTTGCCAGGGAATAACGTCCGGTACAATACTGCT
GCGGAGTGACGGTACCTGAGAAGAAGCCCCGGCTAATACTTGCCAAAGGCGCGTATACT
AGGGGGTAAGGCGTGTTCGGAATAATGGGGTAAGCGCGCGCGGGTATTTAATCTGGG
GTTAACCTTGGGTCACTGAGGTC

33. G_R34 *Bacillus pocheonensis* gene for 16S rRNA, partial
sequence
CATCCTTTTCTCCTCTCGTGAGGGAACGTTGAAGATGGCTCACGCTATCACTTACAGATGG
GCCCCGCGGCGCATTAGCTAGTTGGTGGGGTAACGGCTCACCAAGGCGACGATGCGTAGC
CGACCTGAGAGGGTGTATCGGCCACACTGGGACTGAGACACGGCCAGACTCCTACGGGA
GGCAGCAGTAGGGAATCTTCCGCAATGGACGAAAGTCTGACGGAGCAACGCCGCGTGAG
CGATGAAGGCCCTTCGGGTCGTAAAGCTCTGTTGTTAGGGAAGAACAAGTATCGGAGTAA
CTGCCGGTACCTTGACGGTACCTAACCAGAAAGCCACGGCTAACTACGTGCCAGCAGCC
GCGGTAATACGTAGGTGGCAAGCGTTGTCCGGAATTATTGTGCGTAAAGCGCGCGCACG
CGGTCTTTAAGTCTGATGTGAAAGCCCACGGCTCACCGTGCAGGGTCATTGGAAACTG
GCGGACTTGAGTGCTACCAGAAGTGAATTCCACGTTAGCGGTGAAATGCGTAGAGATG
TGCACGAACACCAGTGGCGACGCGACTTCTGGTCTGTAACCTGACGCTTAAGGACGAAG
CTTGGGGAGCAACTGAATAAATACCTGGTATTCCAAGCCGTAACGATGATGCTAATG
TTAACGCTTCCGCCATTAATGCGGCGCTACCGATAAAACACTCTCTCTGGGGAGAACGC
CCCACGCTGAATCCAAAGAAATCACGGG

34. G_S9 *Paenibacillus thiaminolyticus* gene for 16S rRNA,
partial sequence
TAGTCGATTTCTCGCATGAGGGATCGGGAAAGGCGGAGCAATCTGCCACTTATGGATG
GACCTACGGCGCATTAGCTAGTTGGTGGGGTAACGGCTCACCAAGGCGACGATGCGTAG
CCGACCTGAGAGGGTGTATCGGCCACACTGGGACTGAGACACGGCCAGACTCCTACGGG
AGGCAGCAGTAGGGAATCTTCCGCAATGGACGCAAGTCTGACGGAGCAACGCCGCGTGA
GTGATGAAGTTTTTCGGATCGTAAAGCTCTGTTGCCAGGGAAGAACGCTATGGAGAGTA
ACTGTTCCATAGGTGACGGTACCTGAGAAGAAAGCCCCGGCTAACTACGTGCCAGCAGC
CGCGGTAATACGTAGGGGGCAAGCGTTGTCCGGAATTATTGGGCGTAAAGCGCGCGCTG
CGGTCATGTAAGTCTGGTGTTTAAACCCGGGGCTCAACTCCGGGTGCGATCGGAACTGT
GTGACTTGAGTGCAGAAGAGAAAGTGAATTCCACGTTGGCGGTGAAATGCGTAGAGA
TGTGGACGAACACCAGTGGCGAAGGCGACTTCTGGCTGTACTGACGCTGAGGCGCGAA
GGTGGGGAACAACAAGATAAGATACTTGTGTCCACGCCGTAAACATGATGCTATGG
T

35. G_R10 *Paenibacillus* sp. 16S ribosomal RNA gene, partial
sequence
GTAATATCTGGAGGAACACCAGTGGCGAAGGCGACGCTCTGGGCTGTAACCTGACGCTAG
AGCGCGAANGCGTGGGGAGCAAACAGGATTAGATAACCCTGGTTAGTCCACGCCGTAACA
CGATTGAGATAGCTACGTGTTAGGGGTTATCGACTACCCTTGGTGCCGAAGTTACACAT
TAAGCAGCTCCGCCTGGGGAGTACGGTCGCAAGACTGAAACTCNCAGGAATTGACGGGG

ACCCGCACAAGCAGTGAGCTATGTGGTTAAATTCGAAGCAACGCGAAGAACCTTACCA
 GGTCTTGACATCCCTCTATCGGTACAGAGATTTATCTTTCCTTCGGGACCAGAGCAGA
 CAGGTGTGCATGGTTGTCGTCAGCTCGTGTGTCGTGAGATNNTTGGGTAAAGTCCCGCAAC
 GAGCGCAGCCCTTGATACTTAGTTGCCAGCACTTCGGAGTGGGCACTCTAGGTGACTGC
 CTGGTACAAACCGGAGGAAGGTGGGGATACGTCAATCATCATGCCCTTATGACCTGGG
 CTACACACGTACTACAATGGCCGTACAACGGGCTGTGAAGCCGCAGGTGGAACGAATCC
 CTAAAGAAGCCGGGTCTCAGTTCGGATTGCAGGCTGCACTCGCCTGCATTAAGTCCGAA
 TTGCTAGTAATCGCGGATCAGCATGCGCG

36. G_S10 *Paenibacillus* sp. 16S ribosomal RNA gene, partial sequence

TTCTTGATCACATGGGATTGGATGATCGCGGAGCAAACCTGCTGCTAGAGGATGGGCCTG
 CGGCGCATTAGCTAGTTGGTGGGGTAACGGCCTACCAAGGCGACGATGCGTAGCCGACC
 TGAGAGGGTGAACGGCCACACTGGGACTGAGACACGGCCAGACTCCTACGGGAGGCAG
 CAGTAGGGAATCTTCCGCAATGGGCGAAAGCCTGACGGAGCAACGCCGCGTGAGTGATG
 AAGGTTTTTCGGATCGTAAAGCTCTGTTGCCAGGGAAGAACGTCCGGTAGAGTAACTGCT
 ACCGGAGTGACGGTACCTGAGAAGAAAGCCCCGGCTAACTACGTGCCAGCAGCCCCCGG
 TAATACGTAGGGGGGCAAGCGTTGTCCGGAATTATTGGCGTAAAGCGCGCAGGGCGGC
 TGCTTTAAGTCTGGGTGTTTAAAACCTTGGGCTCCACCTGGGGGTGCGACTGGGAAACT
 GGGCAGCTTGGGTACAGAAGAGGAAAGTGGGAATTCCCCCTGTTACCGTGAATGGCGTA
 AGAGTGGGAAGGAACCCAGTGGCGAGGGACCTTCTGGCTGTAACCTACGCTTAAGAGAA
 ACGTGTGGAGCAAACAG

37. SB_S13 01 *Paenibacillus* sp. isolate SBS13 partial 16S rRNA gene

GAGCAATCTGCTACTAAGNNCATGGGCCTTTNTGTGCGCATTAGCTAGTTGGTGAGGT
 AACGGCTCACCAAGGCGACGATGCGTAGCCGACCTGAGAGGGTGAACGGCCACACTGGG
 ACTGAGACACGGGCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTAGGGAATCTTCCGCAATGGG
 CGAAAGCCTGACGGGAGCAACGCCGCGTGAGTGATGAAGGGTTTTTCGGAT

38. SB_R5 02 *Paenibacillus* sp. isolate SBR5 partial 16S rRNA gene

GCGCATTANCTAGTTGGTGGGGTAACGGCTACCAAGGCGACGATGCGTAGCCGACCTGA
 GAGGGTGAACGGCCACACTGGGACTGATACACGGCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAG
 TANGGAATCTTCCGCAATGGGCGAAAGCCTGACGGAGCAACGCCGCGTGAGTGATGAAG
 GTTTTTCGGATCGTAAAGCTCTGTTGCCAGGGAAGAACGTCCAGGTTAGAGTAACTGTCT
 ACCGGAGTGACGGTACCTGAGAAGAAAGCCCCGGTNTAATCTACGTGCCAGCAGCCGCG
 GTAATACGTATGGTGGTGCAATGCGTTGTCCGGAATTATGAGGCGTAAAGCGCGCAG
 GCTGCTGCTTAATTCTGGTGTTTAAACCTTGGGCTCAACCTGNGCGTGCCTGGCACA
 TATCTGGGCAGCTTGCATGTTACAAGACAGAGGACCCGCTGGAATTCATCGTGTANGN
 GGTGAAATGCGTAGAGATGTGGANGAACACCAGTGGCGAAGGCGACTTCTGGGCTGTA
 ACTGACGCTAGGCGCTGAAATGCGTGGGGAGCAAACCGGATTATGATACCCTGNCTAGC
 TCCACGCCGTAAACGATAGAGGTGCTAGGGTGTAGGGGGTTTTCGACTACCCCTTTGT
 GCCCGACAGTTTACACACGAGTAAAGCNACTCCGCCCTGGGGAGCTACGGGTCCGAAGA
 CTGAACAACCTCAAGGACCTGACGGGGACCGGATAAAGCAGTGGGGGTATGTGGGTCTA
 AATTCGAAGCAACGCGAAGAACCCTTACCAGGTCNTGACATCCAGCGTAACGAANGCAG
 AGCANTCATTATAGTGCCTCGGGGAAAGT

39. SB_S 39 03 *Paenibacillus* sp. isolate SBS39 partial 16S rRNA gene

GCGGGTATTCTTGATCACATGGGATTGGATGATCGCGGAGCAAACCTGCTGCTAGAGGAT
 GGGCCTGCGGCGCATTAGCTAGTTGGTGGGGTAACGGCCTACCAAGGCGACGATGCGTA

GCCGACCTGAGAGGGTGAACGGCCACACTGGGACTGAGACACGGCCCAGACTCCTACG
 GGAGGCAGCAGTAGGGAATCTTCCGCAATGGGCGAAAGCCTGACGGAGCAACGCCGCG
 TGAGTGATGAAGGTTTTTCGGATCGTAAAGCTCTGTTGCCAGGGAAGAACGTCCGGTAGA
 GTAAGTACTGCTACCGGAGTGACGGTACCTGAGAAGAAAGCCCCGGCTAACTACGTGCCAGC
 AGCCCCCGGTAATACGTAGGGGGGCAAGCGTTGTCCGGAATTATTGGCGTAAAGCGCGC
 GCAGGCGGCTGCTTTAAGTCTGGGTGTTTAAACTTTGGGCTCCACCTGGGGGTCCGCAC
 TGGGAAACTGGGCAGCTTGGGTACAGAAGAGGAAAGTGGGAATCCCCCTGTTACCGTG
 AATGGCGTAAGAGTGGGAAGGAACCCAGTGGCGAGGGACCTTCTGGCTGTAAGTACGC
 TTAAGAGAAACGTGTGGAGCAAACAG

40.SB_S2 04 Paenibacillus sp. isolate SBS2 partial 16S
 rRNA gene

ACGGCCACCAAGGCGACAATGCGTAGCCGACCTGAGAGGGTGAACGGCCGCACTGGGA
 CTGACACACGGCCATACTCCTACTGAAGGCATCACTACGGAATCTTCCGCAATGGGCG
 AAAGCCTGACGGAGCAACGCCGCGTGAGTGATGAAGGTGTTCCGGATCGTAAAGCTCTGTT
 GCAGGGAAAACGTCCGGTAGAGTAACTGCTGCAGAGTGACGGTACCTGACATGAAGCCC
 GCTACTACGTGCAGCAGCGGTATACTATGGGGAAGCGTGTCCGATATGGGCTAAGCGC
 CGCAGG

41.SB_S24 05 Paenibacillus sp. isolate SBS24 partial 16S
 rRNA gene

GAGTCGGAATTCCACGTGTAGCTGGTGAATGCGTAGATATGTGGAGGAACACCAGTGG
 CGAAGGCGACTCTCTGGGCTGTAAGTACGCTGAGGCGCGAAAGCGTGGGGAGCAAACA
 GGATTAGATAACCCTGGTAGTCCACGCCGTAAACGATGAGTGCTAGGTGTTAGGGGTTTC
 GATACCCTTGGTGCCGAAGTTAACACATTAAGCACTCCGCCTGGGGAGTACGGTCGAA
 GACTGAAACTCAAAGGAATTGACGGGGACCCGCACAAGCAGTGGAGTATGTGGTTAAT
 TCGAAGCAACCGGAAGAACCCTTACCAGGTCTTGACATCCCTCTGACCGGTACAGAGATG
 TACCTTTCCTTCGGGACAGAGGAGACAGGTGGTGCATGGTTGTCGTCAGCTCGTGTCGT
 GAGATGTTGGGTAAAGTCCCGCAACGAGCGCAACCCTTGATCTTAGTTGCCAGCACTTT
 CGGATGGGCACTCTAAGGTGACTGCCGGTGACAAACCGGGAGGATGTGGGGATGACGTC
 AAATCATCATGCCCTTATGACCTGGGCTACACACGTAACATGGCCGGTACAACGGG
 CTGTGAAGCCGCGAGGTGGAACGAATCCTAAAAGGCCGGTCTCAGTTCGGATTGCATG
 CTGCACTCGCCTGCATGAAGTCCGGAATTGCTAGTAATCGCGGATCAGCATGCCGCGGT
 GAATACGTTCCCTGCCCTCTGTGTACACAC

42.SB_S25 06 Paenibacillus sp. isolate SBS25 partial 16S
 rRNA gene

GAGCAATCTGCTACTAAGGNNCATGGGCCTTTNTGTGCGCATTAGCTAGTTGGTGAGGT
 AACGGCTCACCAAGGCGACGATGCGTAGCCGACCTGAGAGGGTGAACGGCCACACTGGG
 ACTGAGACACGGGCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTAGGGAATCTTCCGCAATGGG
 CGAAAGCCTGACGGGAGCAACGCCGCGTGAGTGATGAAGGGTTTTTCGGAT

43.SB_R31 07 Paenibacillus sp. isolate SBR31 partial 16S
 rRNA gene

GAGCAATCTGCTACTAAGGNNCATGGGCCTTTNTGTGCGCATTAGCTAGTTGGTGAGGT
 AACGGCTCACCAAGGCGACGATGCGTAGCCGACCTGAGAGGGTGAACGGCCACACTGGG
 ACTGAGACACGGGCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTAGGGAATCTTCCGCAATGGG
 CGAAAGCCTGACGGGAGCAACGCCGCGTGAGTGATGAAGGGTTTTTCG

44.SB_R21 08 Paenibacillus sp. isolate SBR21 partial 16S
 rRNA gene

GCATTACTAGTTNGTGGGGTACGGCCCTACAAGGCGACNATGCGTATCCGACCTGAGA
 GGGTGAACGGCCACACTGGGACTGAGACACGGCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGT
 AGGGAACTCTTCCGCAATGGGCGAAAGCCTGACGGAGCAACGCCGCGTGAGTAGATGAA
 GGTTCGCGATCGTAAAGCTCTGTTGCCAGGAAGAACGTCCGGTAGAGTAACTGCTGAC
 GGANTGACGGTACCTGAGAAGAAAGCCCCGGCTAACTACGTGCCAGCAGCCGCGTAAT
 ACGTAGGGGGCAAGCGTTGTCCGGAATTATGGGCGTAAAGCGGCGCGCAGTGCGTGCTG
 CTTAAGTCTGGTGTAAAACCTTGGGCTCAACCTGGGGTTCGCACTGGAAACTTGGGCAG
 ATTGATGTACAGACAGGAAGGAACACGTGGAATTCACGGTTTATCGGTAACATGCGGT
 AGAGATTGTGGACGGAACACCCCGTGGCGAATGGCACTTCCTCTGGGCTGGTAACTGAA
 CGCTTAAGCGGCGAAAAGCGGTNNGGAGNACAGACCGGATTNGATAACCCCTGGTAGTCC
 ACGCCGTAAACGAAAGTGNTAANGTGTAGGGGGTTTGATAACCCCTTTGTGNCTNACA
 GGTTTAACACNCAGGTAAAGACTTCCGGCCTGGGGGAAGTACGGTTCGGCAAGANNTTGA
 AATCTCAAAGTGAATTGACGGGGGGACCCGGCACAAGCCGGTGGAGTATGATGGTTAA
 ATTCGAAGGCAACGCGAAGAACCTTATCCAGGGTCTTNCATTNCACGTAACGA

45.SB_R11 09 Paenibacillus sp. isolate SBR11 partial 16S
 rRNA gene

GCATTACTAGTTNGTGGGGTACGGCCCTACAAGGCGACNATGCGTATCCGACCTGAGAG
 GGTGAACGGCCACACTGGGACTGAGACACGGCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTAG
 GAACTCTTCCGCAATGGGCGAAAGCCTGACGGAGCAACGCCGCGTGAGTAGATGAAGG
 TTTTCGCGATCGTAAAGCTCTGTTGCCAGGAAGAACGTCCGGTAGAGTAACTGCTGACGG
 ANTGACGGTACCTGAGAAGAAAGCCCCGGCTAACTACGTGCCAGCAGCCGCGGTAATAC
 GTAGGGGGCAAGCGTTGTCCGGAATTATGGGCGTAAAGCGGCGCGCAGTGCGTGCTGCT
 TAAGTCTGGTGTAAAACCTTGGGCTCAACCTGGGGTTCGCACTGGAAACTTGGGCAGAT
 TGATGTACAGACAGGAAGGAACACGTGGAATTCACGGTTTATCGGTAACATGCGGTAG
 AGATTGTGGACGGAACACCCCGTGGCGAATGGCACTTCCTCTGGGCTGGTAACTGAACG
 CTTAAGCGGCGAAAAGCGGTNNGGAGNACAGACCGGATTNGATAACCCCTGGTAGTCCAC
 GCCGTAAACGAAAGTGNTAANGTGTAGGGGGTTTGATAACCCCTTTGTGNCTNACAGG
 TTTAACACNCAGGTAAAGACTTCCGGCCTGGGGGAAGTACGGTTCGGCAAGANNTTGAAA
 TCTCAAAGTGAATTGACGGGGGGACCCGGCACAAGCCGGTGGAGTATGATGGTTAAAT
 TCGAAGGCAACGCGAAGAACCTTATCCAGGGTCTTNCATTNCACGTAACGA

46.SLG_S27 10 Paenibacillus sp. isolate SLGS27 partial
 16S rRNA gene

CGGGGTGACTTGTCTTGGGTGTCTTGTACAAACAGAGAACTCGCGGGATCATCTGCTG
 CTTGCGGATGTCTTGCCGGCGCATTAGCTAGTTGGTGGGGTAACGGCCCACCAAGGCG
 ACAATGCGTAGCCGACCTGAGAGGGTGAACGGCCGCACTGGGACTGACACACGGCCCAT
 ACTCCTACTGAAGGCATCACTACGGAATCTTCCGCAATGGGCGAAAGCCTGACGGAGCA
 ACGCCGCGTGAGTGATGAAGGTGTTCCGGATCGTAAAGCTCTGTTGCAGGGAAAACGTCCG
 GTAGAGTAACTGCTGCAGAGTGACGGTACCTGACATGAAGCCCGCTACTACGTGCAGCA
 GCGCGTATACTATGGGGAAGCGTGTCCGATATGGGCTAAGCGCCGAGG

47.SLG_S39 11 Paenibacillus sp. isolate SLGS39 partial
 16S rRNA gene

GGTATTCTTGATCACATGGGATTGGATGATCGCGGAGCAAACCTGCTGCTAGAGGATGGG
 CCTGCGGCGCATTAGCTAGTTGGTGGGGTAACGGCCTACCAAGGCGACGATGCGTAGCC
 GACCTGAGAGGGTGAACGGCCACACTGGGACTGAGACACGGCCAGACTCCTACGGGAG
 GCAGCAGTAGGGAATCTTCCGCAATGGGCGAAAGCCTGACGGAGCAACGCCGCGTGAGT
 GATGAAGGTTTTCCGATCGTAAAGCTCTGTTGCCAGGAAGAACGTCCGGTAGAGTAAC
 TGCTACCGGAGTGACGGTACCTGAGAAGAAAGCCCCGGCTAACTACGTGCCAGCAGCCC
 CCGGTAATACGTAGGGGGCAAGCGTTGTCCGGAATTATTGGCGTAAAGCGCGCGCAGG
 CGGCTGCTTTAAGTCTGGGTGTAAAACCTTGGGCTCCACCTGGGGTTCGCACTGGGA

AACTGGGCAGCTTGGGTACAGAAGAGGAAAGTGGGAATCCCCCTGTTACCGTGAATG
 GCGTAAGAGTGGGAAGGAACCCAGTGGCGAGGGACCTTTCTGGCTGTAACCTACGCTTA
 AGAGAAACGTGTGGAGCAAACAG

48.SLG_R20 12 Paenibacillus sp. isolate SLGR20 partial
 16S rRNA gene

GGGTATTCTTGATCACATGGGATTGGATGATCGCGGAGCAAACCTGCTGCTAGAGGATGG
 GCCTGCGGCGCATTAGCTAGTTGGTGGGGTAACGGCCTACCAAGGCGACGATGCGTAGC
 CGACCTGAGAGTGAACGGCCACACTGGGACTGAGACACGGCCCAGACTCCTACGGGAGG
 CAGCAGTAGGGAATCTTCCGCAATGGGCGAAAGCCTGACGCAACGCCGCGTGAGTGATG
 AAGGTTTTTCGGATCGTAAAGCTCTGTTGCCAGGGAAGAACGTCCGGTAGAGTAACTGCT
 ACCGGAGTGACGGTACCTGAGAAGAAAGCCCCGGCTAACTACGTGCCAGCAGCCCCCGG
 TAATACGTAGGGGGCAAGCGTTGTCCGGAATTATTGGCGTAAAGCGCGCGCAGGCGGC
 TGCTTTAAGTCTGGGTGTTTAAAACCTTGGGCTCCACCTGGGGGTGCGACTGGGAACT
 GGGCAGCTTGGGTACAGAAGAGGAAAGTGGGAATCCCCCTGTTACCGTGAATGGCGTA
 AGAGTGGGAAGGAACCCAGTGGCGAGGGACCTTTCTGGCTGTAACCTACGCTTAAGAGAA
 ACGTGTGGAGCAAACAG

49.SLG_R22 13 Paenibacillus sp. isolate SLGR22 partial
 16S rRNA gene

GTATTCTTGATCACATGGGATTGGATGATCGCGGAGCAAACCTGCTGCTAGAGGATGGGC
 CTGCGGCGCATTAGCTAGTTGGTGGGGTAACGGCCTACCAAGGCGACGATGCGTAGCCG
 ACCTGAGAGTGAACGGCCACACTGGGACTGAGACACGGCCCAGACTCCTACGGGAGGCA
 GCAGTAGGGAATCTTCCGCAATGGGCGAAAGCCTGACGCAACGCCGCGTGAGTGATGAA
 GTTTTTCGGATCGTAAAGCTCTGTTGCCAGGGAAGAACGTCCGGTAGAGTAACTGCTAC
 CGGAGTGACGGTACCTGAGAAGAAAGCCCCGGCTAACTACGTGCCAGCAGCCCCCGGTA
 ATACGTAGGGGGCAAGCGTTGTCCGGAATTATTGGCGTAAAGCGCGCGCAGGCGGCTG
 CTTTAAGTCTGGGTGTTTAAAACCTT

50.SLG_S 51 14 Bacillus sp. isolate SLGS51 partial 16S
 rRNA gene

GCGCATTAACTAGTTNGTGGGNTAATTGGCATNANCAATNGGCGANGATGCGCTATGCC
 AGACCCTNAAGAGGGTGTATCGGCCACACTGGGTANTTTGAGACNCGGCCATAACTCCGT
 ACTGATAGAGCAGCACGTAGGTGCAACTCTTCTCGCATACTGGACGAGAACGTCTGACG
 GA

51.SLG-S43 15 Paenibacillus borealis isolate SLGS43 16S
 ribosomal RNA gene, partial sequence

TCTCTCTTCTCCTCCTGAGGGACAGTGACAGGCGGAGCATCTGCCACTTGCGGATGGG
 CCTGCGGCGCATTAGCTAGTTGGCGGGGTAACGGCCCACCAAGGCGACGATGCGTAGCC
 GACCTGAGAGGGTGAACGGCCACACTGGGACTGAGACACGGCCCAGACTCCTACGGGAG
 GCAGCAGTAGGGAATCTTCCGCAATGGGCGCAAGCCTGACGGAGCAACGCCGCGTGAGT
 GATGAAGGTTTTTCGGATCGTAAAGCTCTGTTGCCAGGGAAGACGTCCGGTAGAGTACTT
 GCTATCGAGTGACGGTACCTGAAAGAAAGCCCCGGCTTACTACTTGCCACAGCGCGTAAT
 ACGTAGCCACCTTGTCCCGAATTTTGGGCGTAAGCGCGCGGCGCAT

52.SLG_S45 16 Paenibacillus borealis isolate SLGS45 16S
 ribosomal RNA gene, partial sequence

TCTTTCCTCCTCCTGAGGGACAGTGACAGGCGGAGCATCTGCCACTTGCGGATGGGCCTG
 CGGCGCATTAGCTAGTTGGCGGGGTAACGGCCCACCAAGGCGACGATGCGTAGCCGACC
 TGAGAGGGTGAACGGCCACACTGGGACTGAGACACGGCCCAGACTCCTACGGGAGGCAG
 CAGTAGGGAATCTTCCGCAATGGGCGCAAGCCTGACGGAGCAACGCCGCGTGAGTGATG

AAGGTTTTTCGGATCGTAAAGCTCTGTTGCCAGGGAAGACGTCCGGTAGAGTACTTGCT
ATCGAGTGACGGTACCTGAAAGAAAGCCCGGCTTACTACTTGCCACAGCGCGTAATAC
GTAGCCACCTTGTCCCGAATTTTGGGCGTAAGCGCGCGGCGCATT

53.SLG-R8 17 Paenibacillus sp. isolate SLGR8 16S
ribosomal RNA gene, partial sequence
GTGACTTGTCTTGGGTGTCCTTGTACAAACAGAGAACTCGCGGGATCATCTGCTGCTTG
CGGATGTCTCTGCCGGCGCATTAGCTAGTTGGTGGGGTAACGGCCCACCAAGGCGACAA
TGCGTAGCCGACCTGAGAGGGTGAACGGCCGCACTGGGACTGACACACGGCCCATACTC
CTACTGAAGGCATCACTACGGAATCTTCCGCAATGGGCGAAAGCCTGACGGAGCAACGC
CGCGTGAGTGATGAAGGTGTTCCGATCGTAAAGCTCTGTTGCAGGGAAAACGTCCGGTAG
AGTAACTGCTGCAGAGTGACGGTACCTGACATGAAGCCCGCTACTACGTGCAGCAGCGC
GTATACTATGGGGAAGCGTGTCCGATATGGGCTAAGCGCCGCAGG

54. CS_S23 18 Paenibacillus sp. isolate CSS23 16S
ribosomal RNA gene, partial sequence
ATTCATTTTCTCTCATGAGAAGAGGATGATCGGCGGAGCAATCTGCTACTAGAGGGATG
GGCCTGCGGCGCATTAGCTAGTTGGTGAAGTAACGGCTCACCAAGGCGACGATGCGTAG
CCGACCTGAGAGGGTGAACGGCCACACTGGGACTGAGACACGGCCCAGACTCCTACGGG
AGGCAGCAGTAGGGAATCTTCCGCAATGGGCGAAAGCCTGACGGAGCAACGCCGCGTGA
GTGATGAAGGTTTTTCGGATCGTAAAGCTCTGTTGCCAGGGAAGAACGTCCGGTAGAGTA
ACTGCTACCGGAGTGACGGTACCTGAGAAGAAAGCCCCGGCTAACTACGTGCCAGCAGC
CGCGGTAATACGTAGGGGGCAAGCGTTGTCCGGAATTATTGGGCGTAAAGCGCGCGCAG
GCGGCTATTAAGTCTGGTGTTTAAACCTTGGGCTCACCTGGGGTCGCACTGGAAGTGA
TGGCTTGAGTAAAAGAGGAAAGTGGGATTTCCCGTGTAGCGGTGAAATGCGTTGATAT
GTGGAAGAACACCAGTGGCGAAGGCGACTTTTGGGCGGTACTTGACCCGGGAGCCGAGC
GTGGGGGCCAACAGATAAATACCTGGTA

55.CS_S24 19 Bacillus sp. isolate CSS24 16S ribosomal
RNA gene, partial sequence
TTTGAGCTGCATGGTTTGAAGGCGGCTTCGGCTGTCACTTATGGATGGACACGC
GTCGCATTAGCTAGTTGGTGAAGTAACGGCTCACCAAGGCACGATGCGTATCCGACCTG
ATAGGGTGATCGGCCACACTGGGACTGAGACACGGCCCAAACCTCCTACGGGAGGCAGCA
GTAGGGAATCTTCCGCATGGACGAAAGTCTGACGGAGCAACGCCGCTGAGTGATGAAG
GTTTCCGGTCGTAAACTCTGTTGTTAGGGAGAAACATTGCTAATTATTACCTGGCACCT
GACGGTACCTAACAGAAGCGACGGTTACTCCTGACAGCAGCGGTTAATACGTTGTGGA
AGATTTCCGGAATT

56.CS_R23 20 Bacillus sp. isolate CSR23 16S ribosomal RNA
gene, partial sequence
GTCCGTTTTCGGCTGACTCTTACCATGGGCCCCGCTGCGCTTTAACTTGTGGTGAAGTTA
CGGCTCTGCCTAGCCACGATGCCTTTGCGACCTGAGAGGGTATCGGTGACACTGGGAC
TGAGACACGGCCCAAACCTCCTACGGGAAGTTGCCGTAGGGAATCTTTCCCTCTGGATTA
AAATCTGATGGATCCTCGCCGCGTGAACCATGAAGGCCTTCGGGTCGTAAAGCTCTGTT
CTAGGGAAGAACAGTACCCGAGTACCGCGTACCTTGACGTACCTATCCGCACCCGCGC
TAAGTACCCCCAGGAGCCGCGCTATACTAGGTGG

57.CS_R24 21 Bacillus sp. isolate CSR24 16S ribosomal RNA
gene, partial sequence
ATCCTTTTCTCTCTGAGGCCAGCTGACGTCGGTTTTCCGGCTGACACTTACAGATGGGCCC
GCGGCGCATTAGCTAGTTGGTGAAGTAACGGCTCACCAAGGCGACGATGCGTAGCCGAC
CTGAGAGGGTATCGGCCACACTGGGACTGAGACACGGCCCAGACTCCTACGGGAGGCA

GCAGTAGGGAATCTTCCACAATGGACGAAAGTCTGATGGAGCAACGCCGCGTGAGCGA
TGAAGGCCTTCGGGTCGTAAAGCTCTGTTGTTAGGGAAGAACAAGTACCGGAGAAGT
CCGGTACCTTGACGGTACCTATCAAAAGCCACGGCTAACTACCTGCCAGGGCCGGGTAT
CCTAGTGGCAAGAGTTTCCGAATTTTGGGCGTAAGCGCGGCCGGCGTCCTTAATCTGAT
GCAAAGCCACGCTCACCGTGGAGG

58.CS_R 16 22 Paenibacillus sp. isolate CSR16 16S
ribosomal RNA gene, partial sequence
GAGCAATCTGCTACTAAGGNNCATGGGCCTTNTGTGCGCATTAGCTAGTTGGTGAGGT
AACGGCTCACCAAGGCGACGATGCGTAGCCGACCTGAGAGGGTGAACGGCCACACTGGG
ACTGAGACACGGGCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTAGGGAATCTTCCGCAATGGG
CGAAAGCCTGACGGGAGCAACGCCGCGTGAGTGATGAAGGGTTTTCCGAT

59. CS_R20 23 Paenibacillus sp. isolate CSR20 16S
ribosomal RNA gene, partial sequence
GCGGGTATTCTTGATCACATGGGATTGGATGATCGCGGAGCAAACCTGCTGCTAGAGGAT
GGGCTGCGGCGCATTAGCTAGTTGGTGGGGTAACGGCCTACCAAGGCGACGATGCGTA
GCCGACCTGAGAGGGTGAACGGCCACACTGGGACTGAGACACGGCCCAGACTCCTACGG
GAGGCAGCAGTAGGGAATCTTCCGCAATGGGCGAAAGCCTGACGGAGCAACGCCGCGTG
AGTGATGAAGGTTTTTCGGATCGTAAAGCTCTGTTGCCAGGGAAGAACGTCCGGTAGAGT
AACTGCTACCGGAGTGACGGTACCTGAGAAGAAAGCCCCGGCTAACTACGTGCCAGCAG
CCCCCGTAATACGTAGGGGGGCAAGCGTTGTCCGGAATTATTGGCGTAAAGCGCGCGC
AGGCGGCTGCTTTAAGTCTGGGTGTTTAAACTTTGGGCTCCACCTGGGGGTGCGACTG
GGAAACTGGGCAGCTTGGGTACAGAAGAGGAAAGTGGGAATTTCCCTGTTACCGTGAA
TGCGGTAAGAGTGGGAAGGAACCCAGTGGCGAGGGACCTTTCTGGCTGTAACCTACGCTT
AAGAGAAACGTGTGGAGCAAACAG

60.CS_S34 24 Bacillus sp. isolate CSS34 16S ribosomal RNA
gene, partial sequence
695pb/ 368pb
TTTGAGCTGCATGGTTCGAATTGAAGGCGGCTTCGGCTGTCACTTATGGATGGACACGC
GTCGCATTAGCTAGTTGGTGAGGTAACGGCTCACCAAGGCACGATGCGTATCCGACCTG
ATAGGGTGATCGGCCACACTGGGACTGAGACACGGCCCAAACCTCCTACGGGAGGCAGCA
GTAGGGAATCTTCCGCATGGACGAAAGTCTGACGGAGCAACGCCGCTGAGTGATGAAG
GTTTCCGGTCGTAAACTCTGTTGTTAGGGAGAAACATTGCTAATTATTACCTGGCACCT
GACGGTACCTAACAGAAGCGACGGTTACTCCTGACAGCAGCGCGTTAATACGTTGTGGA
AGATTTCCGGAATT

61.CS_S19 25 24 P. borealis isolate CSS19 16S ribosomal
RNA gene, partial sequence
ATCTGCTGCTTGCGGATGTCTCTGCCGGCGCATTAGCTAGTTGGTGGGGTAACGGCCCA
CCAAGGCGACAATGCGTAGCCGACCTGAGAGGGTGAACGGCCGCACTGGGACTGACACA
CGCCATACTCCTACTGAAGGCATCACTACGGAATCTTCCGCAATGGGCGAAAGCCTGA
CGGAGCAACGCCGCGTGAGTGATGAAGGTGTTCCGGATCGTAAGCTCTGTTGCAGGGAAA
ACGTCCGGTAGAGTAACTGCTGCAGAGTGACGGTACCTGACATGAAGCCCGCTACTACG
TGCAGCAGCGCGTATACTATGGGGAAGCGTGTCCGGATATGGGCTAAGCGCCGACGGG

62.CS_R1 26 Paenibacillus sp. Isolate CSR1 16S ribosomal
RNA gene, partial sequence
TTCCTGACCCTCCTGGGTTGGGGATGACAGGCGGAGCAATCTGCTGCTAGAGGATGGGC
CTGCGGCGCATTAGCTAGTTGGTGGGGTAACGGCCCAAGGCGACGATGCGTAGCCG
ACCTGAGAGGGTGAACGGCCACACTGGGACTGAGACACGGCCCAGACTCCTACGGGAGG

CAGCAGTAGGGAATCTTCCGCAATGGGCGAAAGCCTGACGGAGCAACGCCCGGTGAGT
 GATGAAGGTTTTTCGGATCGTAAAGCTCTGTTGCCAGGGAAGACGTCCGGTAGAGTAAC
 TGCTGCCGGAGTGACGGTACCTGAGAAGAAAGCCCCGGCTACTACGTGCCAGCAGGCCG
 CGGTAATACGTAGGGGCAAGCGTTGTCCGGAATTTTGGGCGTAAGGCGCGCAGGCCG
 TTATTTAGTCTGTGTTAAACTTGGGCTCACCTGGGGTCCACTGGAAACTGGTGGTTGGG
 TACAAAAGAAAGGGAAT

63.CS_R26 27 não tem no dendrograma *Bacillus* sp.
 GTCCGTTTTTCGGCTGACTCTTACCATGGGCCCCGCTGCGCTTTAACTTGTGGTGAGGTTA
 CGGCTCTGCCTAGCCACGATGCCTTTGCGACCTGAGAGGGTATCGGTGACACTGGGAC
 TGAGACACGGCCAAACTCCTACGGGAAGTTGCCGTAGGGAATCTTCCCTCTGGATTA
 AAATCTGATGGATCCTCGCCGCGTGAACCATGAAGGCCTTCGGGTGCTAAAGCTCTGTT
 CTAGGGAAGAACAGTACCCGAGTACCGCCGTACCTTGACGTACCTATCCGCACCCGCGC
 TAAGTACCCCAGGAGCCGCGCTATACTAGGTGG

64.E_S7 28 *Paenibacillus* sp. isolate ES7 16S ribosomal
 RNA gene, partial sequence
 GCGCATTAAGTACTAGTTAGTGGGGTAACGGCTACCAAGGCGACGATCGTACCGACCTGAGA
 GGGTGAACGGCCACACTGGGACTGATACACGGCCAGACTCCTACGGGAGGATAGCAGT
 ATGGAATCTTCCGCAATGGGCGAAAGCCTGACGGAGCAACNCCGNGTGAGTGATGAAGG
 TTTTCGGATCGTAAAGCTCTGGTTGCCAGGGAAGAACGTCCGGTAAGTAACTGTCTGCC
 GNAGTGACGGTTACCTGAGAAGAAAGCCCCGGTNTAATCTACGTTGCCANCAGCCGCGG
 CTAATACGTATCGGGGCAAGCGTTGTCCGGAATTATTGGGCTGTAAAGGGCGCGCAGGC
 TGGCTGCTTAATGTCTGGTGTNAAAACCTTGGGTCTCAACCGTGTCCGGTCTCACTTG
 NAATATCTGGGTGAGCTTGATGTACAGAAGAGGAAACGTGGACATTCATCGGTGTATG
 CGGTTAAATTGCGGTAGACGATGTGTATCGAACACCACTGGCGAATGCCGACTTTCCTG
 GGCATGTAAGTACCGCATAGGGGCGAAAGCTCTGGGGAGCACTACCNGATTATATACC
 CTGTNCTAGTCCACGCCGTAACCAATAAGTGCTNNGTGTAGGGGTTTCGATCCCCTTTG
 TNCCGAAGTTTTAACNACGAGTTAAAGCATCGTCNNGCCTGGGGAAGCTACNGTCTGA
 AAGACTGAATCTCAAAGTGANCTTGACGGGGNCCGGATCAAAGCCGTGGGNGTTATTG
 TGGTTTTAATTTGAAGCACGCAAGAACCTTACCAGG

65.E_R2 29 *Paenibacillus* sp. isolate ER2 16S ribosomal
 RNA gene, partial sequence
 GGATGACTGGCGGAGCATCTGCTACAGGAGATGGGCCTGCGGCGCATTAGCTAGTTGGT
 GGGGTAACGGCTCACCAAGGCGACGATGCGTATCCGACCTGAGAGGGTGAACGGCCACA
 CTGGGACTGAGACACGGCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTAGGGAATCTTCCGCAA
 TGGGCGAAAGCCTGACGGAGCAACGCCGCGTGAGTGATGAACGTTTTTCGGATCGTAAAG
 CTCTGTTGCCCGAAGACGTCCGGTAAAGAACTGCTGCCGGAGTGACGGTACCTGACAA
 GAAGCCCGGCTACTACGTGCCAACAGCCGCGGTATACGTAGGGGCAGCGTTGTTCCGAA
 TATTGGGCGTAAGTCGCGCAGCGGCTATTAGTCTGGGTTAAAGCTTGGCTCACCTGGGT
 CGCCTGGAAGTGGTGCTTG

66. E_R1 30 *Paenibacillus* sp. isolate ER1 16S ribosomal
 RNA gene, partial sequence
 CGCATTAGCTAGTTGGTGGGGTAACGGCCCACCAAGGCGACGATGCGTAGCCGACCTGA
 GAGGGTGAACGGCCACACTGGGACTGAGACACGGCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAG
 TAGGGAATCTTCCGCAATGGGCGAAAGCCTGACGGAGCAACGCCGCGTGAGTGATGAAG
 GTTTTCGGATCGTAAAGCTCTGTTGCCAGGAAGAACGTCCGGTAGAGTAACTGCTACCG
 GAGTGACGGTACCTGAGAAGAAAGCCCCGGCTAACTACGTGCCAGCAGCCGCGGTAATA
 CGTAGGGGGCAAGCGTTGTCCGGAATTATTGGGCGTAAAGCGCGCGCAGGCCGGCTATTT
 AAGTCTGGTGTTTAAACCTTGGGCTCAACCTGGGGTTCGCACTGGAAACTGGGTGGCTTG

AGTACAGAAGAGGAAAGTGGAAATCCACGTGTAGCGGTGAAATGCGTAGAGATGTGGA
 GGAACACCAGTGGCGAAGGCGACTTTCTGGGCTGTAAGTACGCTGAGGCGCGAAAGC
 GTGGGGAGCAACAGGATTAGATACCCCTGGTAGGTCCACGCCGTAACGATGAGTGCTAGG
 TGTTAGGGGTTTCGATACCCTTGGTGCCGAAGTTACACAGTAAGCACTCCGCCTGGGGAG
 TACGGTCGCAAGACTGAAACTCCAAGGACATTGACGGGGACCCGGACAAGCCGTGGAAG
 TATGTGGGTTTAATTCGAAAGGCAACGCCGAAAGAACCTTTACCAGGTCTGAACATTCCA
 ATTAACGGAAGCAGACGATTTCGCTTGGTGCCTTCGGGGAAAGTTAACACGGTGGGGC

67.E_R3 31 *Bacillus* sp. isolate ER3 16S ribosomal RNA gene,
 partial sequence

GCTTAAGTGTGGTGGGGTAATGGCTCACCAAGGCGACAATGCGTAGCCAACCTGAAG
 AAGGGTGATCGGCCACACTGGAGACTGAGAACACGGCCAGAACTCCTACGGGAGGCAG
 CAGTAGGGAATCTTCCGCAATGGACGAAAGTCTGACGGAGCAACGCCCGCTGAGTAGAT
 GAAGGTTTTTCGGATCGTAAAGCTCTGTTAGTCAAGGGAAGAACAAGTGCTAGAGTAACT
 TAGCGTCGCTCCTTGACGGTCCTAACCAGAAAGCCNCGGGTAACCTACGTGCCAGCAGC
 CGCGGGTAATAACGTAGGTGGCAAGCGGTTGTCCGGAATTATTGGGGCGTAAAGGGCGT
 CGCAAGGCGGGTTATCTTAAGTCTGATGTGAAAGCCCCGGGTCAACCGGGGAGGGTCC
 ATTGGGAACCTTGGGGAAACTTGAAGTTCGAAAAGGAATTGGGAATCCACGTNTAACC
 GGGTAAAATTGCGCTAAAANTTATTGGCAGGACANCCAGTTGGCGAAAGGGAAGTCTCN
 GGTCTGTAACCTGAACNCGCTTAAGGAGCGAAAGCCGTGGGGACGCGACCGGATTTNAT
 NACCCTGGGTAGTTCCACGGCCGTTAACCAATAAGTGGCTAAGTGTAAAGGGGGTTACCG
 CCCCTTANTTGCTTGCAGGTTTAACGCATTTAAGGCACATCCCGCCTGGGG

68.E_S10 32 *Paenibacillus* sp. isolate ES10 16S ribosomal
 RNA gene, partial sequence

CGCATTAAGTGTGGGTAACGGCTACCAAGGCGACGATCGTACCGACCTGAGAG
 GGTGAACGGCCACACTGGGACTGATACACGGCCAGACTCCTACGGGAGGATAGCAGTA
 TGAATCTTCCGCAATGGGCGAAAGCCTGACGGAGCACGNGTGAGTGATGAAGGTTTTTC
 GGATCGTAAAGCTCTGGTTGCCAGGGAAGAACGTCCGGTAAGTAACTGTCTGCCGNAGT
 GACGGTTACCTGAGAAGAAAGCCCCGGTNTAATCTACGTTGCCANCAGCCGCGGCTAAT
 ACGTATCGGGGCAAGCGTTGTCCGGAATTATTGGGCTGTAAAGGGCGCGCAGGCTGGCT
 GCTTAATGTCTGGTGTNAAAACCTTGGGTCTCAACCGTGTCCGGTCTCACTTGNAAATA
 TCTGGGTGAGCTTGTATGTACAGAAGAGGAAACGTGGACATTCATCGGTGTATGCCGTT
 AAATTGCGGTAGACGATGTGTATCGAACACCACTGGCGAATGCCGACTTTCCTGGGCAT
 GTAAGTACCGCATAGGGGCGAAAGCTCTGGGGAGCACTACCNGATTATTGTNCTAGTC
 CACGCCGTAACCAATAAGTGTNGGTGTAGGGGTTTCGATCCCCTTGTNCCGAAGTTT
 TAACNACGAGTTAAAGCATCGTCNGGCCTGGGGAAGCTACNGTCTGAAAGACTGAATC
 TCAAAGTGANCTTGACGGGNNCCGGATCAAAGCCGTGGGNGTTATTGTGGTTTTAATT
 TGAAGCACGCAAGAACCTTACCAGG

69.E_S14 33 *Paenibacillus* sp. isolate ES14 16S ribosomal
 RNA gene, partial sequence

CGGGGTGACTTGTCTTGGGTGTCCTTGTACAAACAGAGAACTCGCGGGATCATCTGCTG
 CTTGCGGATGTCTCTGCCGGCGCATTAGCTAGTTGGTGGGGTAACGGCCACCAAGGCG
 ACAATGCGTAGCCGACCTGAGAGGGTGAACGGCCGCACTGGGACTGACACACGGCCCAT
 ACTCCTACTGAAGGCATCACTACGGAATCTTCCGCAATGGGCGAAAGCCTGACGGAGCA
 ACGCCGCGTGAGTGATGAAGGTGTTCCGATCGTAAAGCTCTGTTGCAGGGAAAACGTCCG
 GTAGAGTAACTGCTGCAGAGTGACGGTACCTGACATGAAGCCCGCTACTACGTGCAGCA
 CGCGTATACTATGGGGAAGCGTGTCCGATATGGGCTAAGCGCCGAGG

70.E_S35 34 *Paenibacillus* sp. isolate ES35 16S ribosomal
 RNA gene, partial sequence

TATTCCTTGATCACATGGGATTGGATGATCGCGGAGCAAACCTGCTGCTAGAGGATGGGC
 CTGCGGCGCATTAGCTAGTTGGTGGGGTAACGGCCTACCAAGGCGACGATGCGTAGCC
 GACCTGAGAGGGTGAACGGCCACACTGGGACTGAGACACGGCCCAGACTCCTACGGGAG
 GCAGCAGTAGGGAATCTTCCGCAATGGGCGAAAGCCTGACGGAGCAACGCCGCGTGAGT
 GATGAAGGTTTTTCGGATCGTAAAGCTCTGTTGCCAGGGAAGAACGTCCGGTAGAGTAAC
 TGCTACCGGAGTGACGGTACCTGAGAAGAAAGCCCCGGCTAACTACGTGCCAGCAGCCC
 CCGGTAATACGTAGGGGGGCAAGCGTTGTCCGGAATTATTGGCGTAAAGCGCGCGCAGG
 CGGCTGCTTTAAGTCTGGGTGTTTAAAACCTTTGGGCTCCACCTGGGGGTGCGACTGGGA
 AACTGGGCAGCTTGGGTACAGAAGAGGAAAGTGGGAATCCCCCTGTTACCGTGAATGG
 CGTAAGAGTGGGAAGGAACCCAGTGGCGAGGGACCTTTCTGGCTGTAACCTACGCTTAAG
 AGAAACGTGTGGAGCAAACAG

71.PF_R16 35

Bacillus sp. isolate PFR16 16S ribosomal RNA gene, partial sequence

TTTGAGCTGCATGGTTCGAATTGAAGGCGGCTTCGGCTGTCACTTATGGATGGACACGC
 GTCGCATTAGCTAGTTGGTGGGTAACGGCTCACCAAGGCACGATGCGTATCCGACCTG
 ATAGGGTGATCGGCCACACTGGGACTGAGACACGGCCCAAACCTCCTACGGGAGGCAGCA
 GTAGGGAATCTTCCGCATGGACGAAAGTCTGACGGAGCAACGCCGCCTGAGTGATGAAG
 GTTTCCGGTCGTAAACTCTGTTGTTAGGGAGAAACATTGCTAATTATTACCTGGCACCT
 GACGGTACCTAACAGAAGCGACGGTTACTCCTGACAGCAGCGCGTTAATACGTTGTGGA
 AGATTTCCGGAATT

72.PF_S26 36 *Paenibacillus* sp. isolate PFS26 16S ribosomal RNA gene, partial sequence

TTCCTGACCCTCCTGGGTGGGGATGACAGGCGGAGCAATCTGCTGCTAGAGGATGGGC
 CTGCGGCGCATTAGCTAGTTGGTGGGGTAACGGCCCACCAAGGCGACGATGCGTAGCCG
 ACCTGAGAGGGTGAACGGCCACACTGGGACTGAGACACGGCCCAGACTCCTACGGGAGG
 CAGCAGTAGGGAATCTTCCGCAATGGGCGAAAGCCTGACGGAGCAACGCCGCGTGAGTG
 ATGAAGGTTTTTCGGATCGTAAAGCTCTGTTGCCAGGGAAGACGTCCGGTAGAGTAACTG
 CTGCCGGAGTGACGGTACCTGAGAAGAAAGCCCCGGCTACTACGTGCCAGCAGGCCGCG
 GTAATACGTAGGGGCAAGCGTTGTCCGGAATTTTGGGCGTAAGGCGCGCGCAGGCCGTT
 ATTTAGTCTGTGTTAAACTTGGGCTCACCTGGGGTCCACTGGAACTGGTGGTTGGGTA
 CAAAAGAAAGGGAAT

73.PF_S30 37 *Paenibacillus* sp. isolate PFS30 16S ribosomal RNA gene, partial sequence

CGGGTATTCTTGATCACATGGGATTGGATGATCGCGGAGCAAACCTGCTGCTAGAGGATG
 GGCCTGCGGCGCATTAGCTAGTTGGTGGGGTAACGGCCTACCAAGGCGACGATGCGTAG
 CCGACCTGAGAGGGTGAACGGCCACACTGGGACTGAGACACGGCCCAGACTCCTACGGG
 AGGCAGCAGTAGGGAATCTTCCGCAATGGGCGAAAGCCTGACGGAGCAACGCCGCGTGA
 GTGATGAAGGTTTTTCGGATCGTAAAGCTCTGTTGCCAGGGAAGAACGTCCGGTAGAGTA
 ACTGCTACCGGAGTGACGGTACCTGAGAAGAAAGCCCCGGCTAACTACGTGCCAGCAGC
 CCCC GGTAATACGTAGGGGGGCAAGCGTTGTCCGGAATTATTGGCGTAAAGCGCGCGCA
 GGCGGCTGCTTTAAGTCTGGGTGTTTAAAACCTTTGGGCTCCACCTGGGGGTGCGACTGG
 GAACTGGGCAGCTTGGGTACAGAAGAGGAAAGTGGGAATCCCCCTGTTACCGTGAAT
 GCGTAAGAGTGGGAAGGAACCCAGTGGCGAGGGACCTTTCTGGCTGTAACCTACGCTTA
 AGAGAAACGTGTGGAGCAAACAG

74.PF_S16 38 *Paenibacillus* sp. isolate PFS16 16S ribosomal RNA gene, partial sequence

TTCCTGACCCTCCTGGGTTGGGGATGACAGGCGGAGCAATCTGCTGCTAGAGGATGGG
 CCTGCGGCGCATTAGCTAGTTGGTGGGGTAACGGCCCACCAAGGCGACGATGCGTAGC
 CGACCTGAGAGGGTGAACGGCCACACTGGGACTGAGACACGGCCCAGACTCCTACGGGA
 GGCAGCAGTAGGGAATCTTCCGCAATGGGCGAAAGCCTGACGGAGCAACGCCGCGTGAG
 TGATGAAGGTTTTTCGGATCGTAAAGCTCTGTTGCCAGGGAAGACGTCCGGTAGAGTAAC
 TGCTGCCGGAGTGACGGTACCTGAGAAGAAAGCCCCGGCTACTACGTGCCAGCAGGCCG
 CGGTAATACGTAGGGGCAAGCGTTGTCCGGAATTTTGGGCGTAAGGCGCGCAGGCCG
 TTATTTAGTCTGTGTTAAACTTGGGCTCACCTGGGGTCCACTGGAAACTGGTGGTTGGG
 TACAAAAAGAAAGGGAAT

75.PF_S10 39 *P. borealis* isolate PFS10 16S ribosomal RNA
 gene, partial sequence

CTTTCTTCTCCTGAGGAGAGAATGATCGGCGGAGCAATCTGCTGCTTGGGGATGGGCCT
 GCGGCGCATTAGCTAGTTGGTGGGGTAACGGCCCACCAAGGCGACGATGCGTAGCCGAC
 CTGAGAGGGTGAACGGCCACACTGGGACTGAGACACGGCCCAGACTCCTACGGGAGGCA
 GCAGTAGGGAATCTTCCGCAATGGGCGCAAGCCTGACGGAGCAACGCCGCGTGAGTGAT
 GAAGGTTTTTCGGATCGTAAAGCTCTGTTGCCAGGGAAGAACGTCCGGTA

76.PF_R1 40 *Paenibacillus* sp. isolate PFR1 16S ribosomal
 RNA gene, partial sequence

TTCCTGACCCTCCTGGGTTGGGGATGACAGGCGGAGCAATCTGCTGCTAGAGGATGGGC
 CTGCGCGCATGCTAGTTGGTGGGGTAACGGCCCACCAAGGCGACGATGCGTAGCCGACC
 TGAGAGGGTGAACGGCCACACTGGGACTGAGACACGGCCCAGACTCCTACGGGAGGCAG
 CAGTAGGGAATCTTCCGCAATGGGCGAAAGCCTGACGGAGCAACGCCGCGTGAGTGATGA
 AGGTTTTTCGGATCGTAAAGCTCTGTTGCCAGGGAAGACGTCCGGTAGAGTAACTGCTGC
 CGGAGTGACGGTACCTGAGAAGAAAGCCCCGGCTACTACGTGCCAGCAGGCCGCGGTAA
 TACGTAGGGGCAAGCGTTGTCCGGAATTTTGGGCGTAACGCGCGCAGGCCGTTATTTAG
 TCTGTGTTAAACTTGGGCTCACCTGGGGTCCACTGGAAACTGGTGGTTGGGTACAAAAA
 GAAAGGGAAT

77.PF_R36 41 *P. graminis* isolate PFR36 16S ribosomal RNA
 gene, partial sequence

GACGGAGAGTCTGTCACTGAGGGATGTCTGCCTGCGGCGCAATAGCTAGTTGGTGGGGT
 AACGGCCCACCAAGGCGACGATGCGTATCCACCTGAGAGGGTGAACGGCCACACTGGG
 ACTGAGACACGGCCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTAGGGAATCTTCCGCAATGGGC
 GAAAGCTGACGGAG

78.Va_R7 42 *Paenibacillus* sp. isolate VaR7 16S ribosomal
 RNA gene, partial sequence

ACGGCCACACTGGGACTGAGACACGGCCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTAGGGAAT
 CTTCCGCAATGGGCGAAAGCCTGACGGAGCAACGCCGCGTGAGTGATGAAGGTTTTTCGG
 ATCGTAAAGCTCTGTTGCCAGGGAAGAACGTCCGGTAGAGTAACTGCTGCCGGAGTGAC
 GGTACCTGAGAAGAAAGCCCCGGCTAACTACGTGCCAGCAGCCGCGGTAATACGTAGGG
 GGCAAGCGTTGTCCGGAATTATTGGGCGTAAAGCGCGCGCAGGCCGGCTATTTAAGTCTG
 GTGTTTAAACCTTGGGCTCAACCTGGGGTCCACTGGAAACTGGGTGGCTTGGTACAG
 AAGAGGAAAGTGGAATTCCACGTGTAGCGGTGAAATGCGTAGAGATGTGGAGGAACACC
 AGTGGCGAAGGCGACTTTCTGGGCTGTAACGTGACGCTGAGGCGCGAAAGCGTGGGGAGC
 AAACAGGATTAGATACCCTGGTAGTCCACGCCGTCACGATGAGTGCTATGGTGTAGGG
 GTTTCGATACCCTTGGTGCCGAAGTTAACACAGTAAGCACTTCCGCCTGGGGGAGTACG
 GTCGCAAGACTGAAACTCAAAGGAATGACTGGACCCGCACAAGCAGTTGGAGTATGGTC
 GATTTAGTCGAGCACGCGGAGACTTTTCCCAAGGTCTTGGACATCACTACGAAGCAAGA
 TGCATCAGGTGCCCTCGGAAAGTGAAACAGGTGGTGCATGTTGTTCGTACGCTTTGTCTG

GAATGTTGGGTCAGTTCGGCACGAGCCCACCTGACTAGTGCAGCAGTTGAGGCTGGCA
CTCTAATGACTGCCGGT

79. *Paenibacillus riograndensis* strain SBR5 16S ribosomal
RNA gene, partial sequence.

GCGCCGGCGCCCTCCCTTATAACTATAACATGCTGTTTCGAGCGGAGTTTATCCTTCGGGG
TAAGCTTAGCGGCGGACGGGTGAGTAACACGTAGGCAACCTACCCTCTAGACTGGGATA
ACTACCGGAAACGGTAGCTAATACCGGATAATTCCTTGACCCTCCTGGGATTGGGATGA
AAGGCGGAGCAATCTGCTGCTAAAGGATGGGCCTGCGGCGCATTAGCTAGTTGGTGGGG
TAACGGCCTACCAAGGCGACGATGCGTAGCCGACCTGAGAGGGTGAACGGCCACACTGG
GACTGAGACACGGCCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTAGGGAATCTTCCGCAATGGG
CGAAAGCCTGACGGAGCAACGCCGCGTGAGTGATGAAGGTTTTTCGGATCGTAAAGCTCT
GTTGCCAGGGAAGAACGTCCGGTAGAGTAACTGCTACCGGAGTGACGGTACCTGAGAAG
AAAGCCCCGGCTAACTACGTGCCAGCAGCCGCGGTAATACGTAGGGGGCAAGCGTTGTC
CGGAATTATTGGGCGTAAAGCGCGCGCAGGCGGCTGCTTAAGTCTGGTGTTTAAACCTT
GGGCTCAACCTGGGGTGCCTGAAACTGGGCAGCTTGAATACAGAAGAGGAAAGTGG
AATTCCACGTGTAGCGGTGAAATGCGTAGAGATGTGGAGGAACACCAGTGGCGAAGGCG
ACTTTCTGGGCTGTAACCTGACGCTGAGGCGCGAAAGCGTGGGGAGCAAACAGGATTAGA
TACCCTGGTAGTCCACGCCGTAAACGATGAGTGCTAGGTGTTAGGGGTTTCGATACCCT
TGGTGCCGAAGTTAACACAGTAAGCACTCCGCTGGGGAGTACGGTCCGAAGACTGAAA
CTCAAAGGAATTGACGGGGACCCGGACAAGCAGTAGAGTATGTGGTTTAATTCGAAGCA
ACGCGAAGAGCCTTACCAGGTCTTGACATCCAATAACGAAGCAGAGATGCATTAGGTG
CCCTTCGGGGAAAGTTGAGACAGGTGGTGCATGGTTGTCGTCAGCTCGTGTGAGAT
GTTGTGTTAAGTCCCGCAACGAGCGCAACCCTTGACTTTAGTTGCCAGCAGGTAAGGCT
GGGCACTCTAGAGTGACTGCCGGTGACAAACCGGAGGAAGGTGGGGATGACGTCAAATC
ATCATGCCCTTATGACCTGGGCTACACACGTAACAATGGCCGGTACAACGGGAAGC
GAAGCCGCGAGGTGGAGCCAATCCCAGCAAAGCCGGTCTCAGTTCGGATTGCAGGCTGC
AACTCGCCTGCATGAAGTCGGAATTGCTAGTAATCGCGGATCAGCATGCCGCGGTGAAT
ACGTTCCCGGGTCTTGTACACACCGCCCGTCACACCACGAGAGTTTACAACACCCGAAG
TCGGTGGGGTAACCCGCAAGGGGGCCAGCCGCGAAGGTGGGGTAGATGATGGGGGAAG
TCGTAACAGCTAGGTAGTGTGAGCCTGCAGG

80. *Paenibacillus riograndensis* strain SBR5 dinitrogenase
reductase

(nifH) gene, partial cds.

TCCACACGGTTGATTCTGAACACCAAGGCCAGAAAACGGTGCTGGATATGGCCGCCGA
AAGCGGTTCCGGTCGAGGATTTCGAACTTGAAGATGTTGTGCAGTTAGGATATCGCGGCA
TTCTGTGTGTAGAGTCCGGCGGTCTGAACCGGGTGTCCGGCTGTGCGGGCCGCGGTATC
ATCACAGCGATTAATTTCTGAGGAGAAGGGTGCCTATGATGATTTGGATTTTGTCTC
CTACGATGTAAGTGGGCGACGTAGTCTGCGGCGGGTTCGCGATGCCAATCCGTGAGAGCA
AGG

81. *Bacillus oryzae* strain SVPR30 16S ribosomal RNA gene,
partial sequence.

GCGCCAAGCGTCCCTCCTTTCTACTTCTAACATGCAGTCGAGCGAATCGACGGGAGCTT
GCTCCCTGAGATTAGCGGCGGACGGGTGAGTAACACGTGGGCAACCTGCCTATAAGACT
GGGATAACTTCGGGAAACCGGAGCTAATACCGGATACGTTCTTTTCTCGCATGAGAGAA
GATGGAAAGACGGTTTACGCTGTCACTTATACATGGGCCCGCGGCGCATTAGCTAGTTG
GTGAGGTAATGGCTCACCAAGGCGACGATGCGTAGCCGACCTGAGAGGGTGTATCGGCCA
CACTGGGACTGAGACACGGCCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTAGGGAATCTTCCGC
AATGGACGAAAGTCTGACGGAGCAACGCCGCGTGAACGAAGAAGGCCCTTCGGGTGCTAA
AGTTCTGTTGTTAGGGAAGAACAAGTACCAGAGTAACTGCTGGTACCTTGACGGTACCT

AACCAGAAAGCCACGGCTAACTACGTGCCAGCAGCCGCGGTAATACGTAGGTGGCAAG
CGTTGTCCGGAATTATTGGGCGTAAAGCGCGCGCAGGTGGTTCCTTAAGTCTGATGTG
AAAGCCCACGGCTCAACCGTGGAGGGTCATTGGAAACTGGGGAACCTTGAGTGCAGAAGA
GGAAAGTGGAAATCCAAGTGTAGCGGTGAAATGCGTAGAGATTTGGAGGAACACCAGTG
GCGAAGGCGACTTTCTGGTCTGTAACCTGACACTGAGGCGCGAAAGCGTGGGGAGCAAAC
AGGATTAGATACCCTGGTAGTCCACGCCGTAAACGATGAGTGCTAAGTGTTAGAGGGTT
TCCGCCCTTTAGTGCTGCAGCTAACGCATTAAGCACTCCGCCTGGGGAGTACGGCCGCA
AGGCTGAAACTCAAAGGAATTGACGGGGGCCGACAAGCGGTGGACCATGTGGTTTAAT
TCGAAACAACGCGCGGAACCTTACCAGGTCTTGACATCCTCTGACAACCCTAGAGATAG
GGCTTTCCCCTTCGGGGGACAGAGTGACAGGTGGTGCATGGTTGTCGTCAGCTCGTGTC
GTGAGATGTTGGGTTAAGTCCC GCAACGAGCGCAACCCTTGATCTTAGTTGCCAGCATT
CAGTTGGGCACTCTAAGGTGACTGCCGGTGACAAACCGGAGGAAGGTGGGGATGACGTC
AAATCATCATGCCCTTATGACCTGGGCTACACACGTGCTACAATGGATGGTACAAAGG
GCTGCAAACCTGCGAAGGTAAGCGAATCCCATAAAGCCATTCTCAGTTCGGATTGCAGT
TCAACTCGCCTGCATGAGAGCCGGAATCGCTAGTAATCGCGGATCAGCATGCCGCGGTG
AATACGTTCCC GGGCCTTGTACACACCGCCCGTCACACCACGAGAGTTTGTAACACCCG
AAGTCGGTGAGGTAACCTTCATGGAGCCAGCCGCCTAAGGTGGGACAGATGATTGGGGT
AAGTCGTATTCAAGTAGAGTTTGATCGTGTTGCAG

Reivindicações

MÉTODO DE MELHORAMENTO DE PLANTAS UTILIZANDO BIOFERTIZANTES, E COMPOSIÇÃO COMPREENDENDO BIOFERTILIZANTES

5 1. Método de melhoramento de plantas caracterizado por compreender a aplicação às referidas plantas de uma composição biofertilizante compreendendo pelo menos um material biológico de espécies e/ou linhagens escolhidas do grupo que compreende *Bacillus sp.* SLGS51, CSR23, CSR24, CSS34, CSR26, ER3, PFR16, *Bacillus oryzae*; *Paenibacillus sp.* SBS13, SBR5, 10 SBS39, SBS2, SBS24, SBS25, SBR31, SBR21, SBR11, SLGS27, SLGS39, SLGR20, SLGR22, SLGR8, CSS23, CSS24, CSR16, CSR20, CSR1, ES7, ER2, ER1, ES10, ES14, ES35, PFS26, PFS30, PFS16, PFR1; *Paenibacillus borealis strain* SLGS43, SLGS45, CSS19, PFS10 e/ou *Paenibacillus riograndensis*.

15 2. Método, de acordo com a reivindicação 1, caracterizado pelo fato de que a referida composição biofertilizante modula a fixação de nitrogênio e/ou de fatores promotores de crescimento.

3. Composição biofertilizante caracterizada por compreender:

a) pelo menos um material biológico de espécies e/ou linhagens 20 escolhidas do grupo que compreende *Bacillus sp.* SLGS51, CSR23, CSR24, CSS34, CSR26, ER3, PFR16, *Bacillus oryzae*; *Paenibacillus sp.* SBS13, SBR5, SBS39, SBS2, SBS24, SBS25, SBR31, SBR21, SBR11, SLGS27, SLGS39, SLGR20, SLGR22, SLGR8, CSS23, CSS24, CSR16, CSR20, CSR1, ES7, ER2, ER1, ES10, ES14, ES35, PFS26, PFS30, PFS16, PFR1; *Paenibacillus* 25 *borealis strain* SLGS43, SLGS45, CSS19, PFS10 e/ou *Paenibacillus riograndensis*;;

b) veículo agriculturalmente aceitável.

Resumo

**MÉTODO DE MELHORAMENTO DE PLANTAS UTILIZANDO BIOFERTILIZANTES, E
COMPOSIÇÃO COMPREENDENDO BIOFERTILIZANTES**

A presente invenção descreve um método de melhoramento de plantas utilizando biofertilizantes, bem como composições compreendendo os mesmos. Os biofertilizantes da presente invenção compreendem novas espécies de *Bacillus* e/ou *Paenibacillus*.