

DOI: 10.13718/j.cnki.xdzk.2016.05.008

一株纤维素酶产生菌 *B. cereus* JYMB2 菌株的筛选鉴定^①

谢 洁¹, 商必志¹, 任慧爽¹,
王爱印¹, 左伟东¹, 周泽扬^{1,2}

1. 西南大学 生物技术学院家蚕基因组生物学国家重点实验室, 重庆 400715;
2. 重庆师范大学 生命科学学院, 重庆 400047

摘要: 为寻找纤维素酶高产菌株, 用于农作物秸秆、园林枯枝落叶及城市生活垃圾等的降解利用, 本研究以羧甲基纤维素钠(CMC-Na)为唯一碳源, 从重庆市缙云山林地腐殖质中分离纤维素降解菌, 结合羧甲基纤维素钠水解圈法和胞外酶活测定法(DNS法)筛选获得 1 株纤维素酶高产菌株 JYMB2。该菌株 24 h 发酵上清液经 DNS 法检测纤维素酶活达到峰值, 其 CMC 酶活为 159.25 U/mL, 滤纸酶活(FPase)为 152.13 U/mL。菌种鉴定结果表明 JYMB2 菌株为革兰氏阳性芽孢杆菌, 多个菌体串联成链状; 过氧化氢酶、硝酸盐还原及 V-P 试验呈现阳性; 能水解淀粉、液化明胶。基于 16S rDNA 序列的系统发育分析结果表明 JYMB2 菌株与登录号为 KF010349 的蜡状芽孢杆菌处于同一最小分枝, 且与多株芽孢杆菌属菌株相似度达到 98% 以上。综合菌体及菌落形态特征、生理生化实验结果以及基于 16S rDNA 的系统发育分析, 将 JYMB2 菌株鉴定为蜡状芽孢杆菌(*Bacillus cereus*), 命名为 *B. cereus* JYMB2。

关键词: 纤维素酶产生菌; 筛选; 酶活测定; 菌种鉴定

中图分类号: Q939.96

文献标志码: A

文章编号: 1673-9868(2016)05-0045-07

随着工业与经济的快速发展, 石油作为不可再生资源日趋紧张。同时, 使用石油带来的环境污染也日益凸显。利用微生物发酵非粮食生物质原料生产乙醇等替代燃料, 将为人类解决面临的资源、环境及能源等问题寻找新的突破口。目前, 部分发达国家大量种植粮食作物用于能源生产。作为最大的燃料乙醇生产国, 美国主要利用玉米为原料生产乙醇^[1]。这不仅引起人们对全球玉米供应的担忧, 且因尚有部分国家仍面临粮食危机, 这种做法也备受争议。我国利用生物质原料生产洁净替代能源遵循“不与人争粮, 不与粮争地”的基本原则^[2], 故开发利用非粮食生物质原料生产替代能源是我国解决能源问题的基本策略。作为自然界储量最丰富的碳水化合物, 纤维素广泛存在于农作物秸秆、木屑及枯枝落叶等植物残体, 以及城市生活垃圾^[3-4]。目前此类物质大都采用焚烧方式进行处理, 这不仅带来空气污染, 同时也使蕴藏在其中以纤维素为主的生物质能源未被有效利用。多种真菌、细菌能通过产生纤维素酶而在自然界纤维素的降解过程中发挥作用^[5-6]。纤维素生物降解条件温和, 且不带来次生环境污染, 筛选获得纤维素酶高产菌株对以纤维素为主的生物质原料的利用具有重要作用。

重庆市北碚区缙云山森林资源丰富, 林地枯枝落叶有利于纤维素酶产生菌的富集。在长期适应环境的

① 收稿日期: 2014-12-14

基金项目: 教育部留学回国人员科研启动基金项目(教外司留 2015-311); 国家自然科学基金青年项目(31402138); 西南大学基本科研业务经费专项资金项目(XDJK2014C155); 家蚕基因组生物学国家重点实验室开放课题(SKLSGB2013025); 重庆市研究生科研创新项目(CYS14042)。

作者简介: 谢 洁(1978-), 女, 四川泸州人, 博士, 副教授, 主要从事微生物代谢产物的研究。

过程中,林地腐殖质中存在的微生物可以通过分泌包括纤维素酶在内的多种酶类参与环境物质循环.本研究选择从缙云山狮子峰(29°50'27" N, 106°23'29"E)附近的林地腐殖质中分离纤维素酶产生菌,并通过刚果红培养基水解圈法及胞外纤维素酶测定方法筛选纤维素酶高产菌株,以为富含纤维素生物质原料的降解及洁净能源的开发提供潜在生产菌.

1 材料和方法

1.1 材料

1.1.1 土壤样品

分离菌株所用样品来自重庆市北碚区缙云山富含枯枝落叶的林地腐殖质.

1.1.2 菌种筛选及产酶培养基配方

参考文献[7—8],并稍作调整.

初筛培养基(羧甲基纤维素钠培养基): CMC-Na 15.0 g, NH_4NO_3 1.0 g, 蛋白胨 1.0 g, $\text{MgSO}_4 \cdot 7\text{H}_2\text{O}$ 0.5 g, KH_2PO_4 1.0 g, 琼脂 20.0 g, H_2O 1 000 mL, pH 7.0^[7]. 鉴别培养基(刚果红培养基): KH_2PO_4 0.5 g, MgSO_4 0.25 g, 琼脂 18.0 g, 明胶 2.0 g, CMC-Na 2.0 g, 刚果红 0.2 g, 蒸馏水 1 000 mL, pH 7.0^[7]. CMC 酶活检测液体发酵培养基: 蛋白胨 10.0 g, 牛肉膏 10.0 g, CMC-Na 10.0 g, NaCl 1.5 g, KH_2PO_4 1.0 g, $\text{MgSO}_4 \cdot 7\text{H}_2\text{O}$ 0.3 g, 蒸馏水 1 000 mL, pH 7.0^[8]. 滤纸酶活检测液体发酵培养基: 蛋白胨 10.0 g, 牛肉膏 10.0 g, 新华滤纸 50.0 mg, NaCl 1.5 g, KH_2PO_4 1.0 g, $\text{MgSO}_4 \cdot 7\text{H}_2\text{O}$ 0.3 g, 蒸馏水 1 000 mL, pH 7.0. 以上培养基均 121 °C 灭菌 20 min 后备用.

1.1.3 主要试剂和仪器

DNA Maker、dNTP、DNA 聚合酶、PCR 产物纯化试剂盒均购自宝生物工程(大连)有限公司; PCR 引物购自南京金斯瑞生物科技有限公司; 生理生化检测试剂管购自广东环凯生物科技有限公司; 其余均为国产分析纯. 恒温摇床、电泳仪均购自北京六一仪器厂, PCR 仪购自美国 ABI 公司, 显微镜购自奥林巴斯公司.

1.2 方法

1.2.1 纤维素酶产生菌的分离与初筛

称取 0.5 g 土壤样品加入到 49.5 mL 含有玻璃珠的生理盐水中作为 10^{-2} 稀释度振荡 30 min 混匀后做 10^{-3} , 10^{-4} 和 10^{-5} 稀释, 各取 100 μL 稀释液涂布于初筛羧甲基纤维素钠培养基, 每个稀释度 2 次重复. 28 °C 培养 48 h 挑取生长较快的单菌落在羧甲基纤维素钠培养基上纯化获得纯培养^[9].

1.2.2 纤维素酶产生菌的复筛与保存

将初筛获得的菌株用灭菌牙签点接至鉴别培养基表面, 每个菌株 3 个重复, 28 °C 培养 48 h, 根据菌体在鉴别培养基平板水解圈直径(D)与菌落直径(d)比值的大小, 判断菌株产纤维素酶活性. 选取直径比(D/d)较大且生长迅速的菌株进行下一步研究^[10]. 同时, 从平板上挑取单菌落接种至液体培养基, 28 °C, 160 r/min 震荡培养 24 h 后, 加入 15% 的灭菌甘油, 置于 -80 °C 冰箱中保存备用.

1.2.3 纤维素酶活性的测定

将复筛获得的高产菌株接种于 CMC 酶活检测液体发酵培养基及滤纸酶活检测液体发酵培养基, 28 °C, 160 r/min 震荡培养, 5 000 r/min 离心 10 min, 分别取上清液检测 CMC 酶活及滤纸酶活. 本研究测定了目的菌株发酵 12, 24, 48, 72 h 上清液的纤维素酶活性. 酶活力测定参照文献[11—12], 并稍作改动进行.

CMCase 测定: 酶促反应体系包括用 0.2 mol/L pH 4.8 的乙酸缓冲液配置的 1% CMC-Na 溶液 1 mL, 目的菌株发酵上清液 1 mL (对照管加入灭活的发酵上清液), 充分混匀后置于 50 °C 酶促反应 30 min 后取出, 迅速加入 DNS 试剂 3 mL, 置于沸水浴显色 10 min, 取出后立即流水冷却至室温, 用去离子水定容至 25 mL, 摇匀, 用对照管调零, 在 540 nm 测定吸光值, 根据葡萄糖标准曲线计算还原糖的量^[11]. FPase 测定: 酶促反应体系包括 0.2 mol/L pH 4.8 的醋酸-醋酸钠缓冲液 1 mL, 发酵上清液 1 mL (对照管加入灭活

的发酵上清液),并加入 1 cm×6 cm 的新华滤纸条,滤纸条浸泡于液体中混匀后 50 °C 酶促反应 30 min^[12]. 之后,亦用上述 DNS 法测定还原糖生成量.酶活力单位的定义:以每毫升发酵上清液酶促反应 30 min 释放 1 μg 葡萄糖的量为一个酶活单位(U).

1.2.4 菌种鉴定

1.2.4.1 菌体培养特征、形态观察

在马铃薯葡萄糖固体培养基(PDA 培养基)上培养目的菌株 18~24 h 观察菌落形态特征,在鉴别培养基上培养 24 h 进行革兰氏染色,培养 96 h 进行芽孢染色.

1.2.4.2 生理生化反应特征测定

菌株需氧性、运动性测定、过氧化氢酶试验、淀粉水解、明胶液化试验、V-P 试验、硝酸盐还原等试验均参照文献进行^[13-14].

1.2.4.3 基于 16S rDNA 序列的系统发育分析

将目的菌株接种至 LB 培养基振荡培养 12~18 h 后,提取基因组 DNA 作为模板,用细菌 16S rDNA 基因通用引物进行 PCR 扩增.引物序列为 27F: 5'-AGAGTTTGATCCTGGCTCAG-3' 和 1492R: 5'-GGTTACCTT-GTTACGACTT-3'. PCR 反应条件为: 95 °C 预变性 5 min; 94 °C 变性 30 s, 58 °C 退火 30 s, 72 °C 延伸 60 s, 30 个循环; 72 °C 延伸 10 min. 扩增产物进行 1.0% 琼脂糖凝胶电泳分离,回收纯化目的片段并与 pMD19-T 载体连接,转化至大肠杆菌 DH5α 感受态细胞,筛选阳性克隆送至南京金斯瑞生物科技有限公司测序^[15]. 所得 16S rDNA 序列在 GenBank 里进行比对^[16], 下载同源性较高序列,以大肠杆菌 16S rDNA 序列为外群,利用 MEGA4.0 软件,使用 N-J 法进行 1 000 次步长计算,构建系统发育树^[15].

2 结果与分析

2.1 纤维素酶产生菌的分离与筛选

从采自缙云山的土样中初筛获得 6 个分离株,命名为 JYMA1、JYMA2、JYMA3、JYMB1、JYMB2、JYMB3. 将上述菌株接种于鉴别培养基,28 °C 培养 48 h 后测量其水解圈直径与菌落直径的比值,其中 JYMB2 菌株水解圈与菌落直径比值最大,为 17.33(表 1,图 1).

表 1 纤维素酶产生菌水解圈直径与菌落直径比值

菌株编号	水解圈/菌落直径	偏差范围/%	菌株编号	水解圈/菌落直径	偏差范围/%
JYMA1	13.11	±3.38	JYMB1	4.17	±8.00
JYMA2	16.67	±8.00	JYMB2	17.33	±8.17
JYMA3	3.43	±8.30	JYMB3	0.00	0.00

2.2 纤维素酶活性的测定

根据葡萄糖标准曲线得到回归方程: $y = 1.4241x + 0.1298$, $R^2 = 0.9918$, 通过测定吸光值计算还原糖生成量,并进一步计算发酵上清液的纤维素酶活性.检测结果表明 JYMB2 菌株发酵 12, 24, 48, 72 h, 上清 CMC 酶活分别为 145.96, 159.25, 132.67, 135.52 U/mL(图 2A); 滤纸酶活分别为 146.44, 152.13, 148.81, 145.01 U/mL(图 2B). JYMB2 菌株发酵前期纤维素酶活性逐渐升高, 24 h 左右达到峰值, 随后单位体积发酵上清液的纤维素酶活性呈下降趋势.

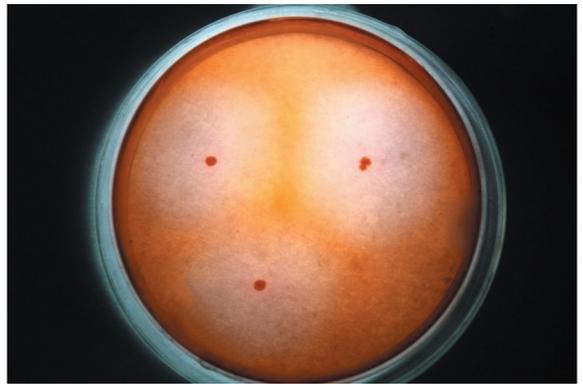


图 1 JYMB2 菌株纤维素降解作用测试结果

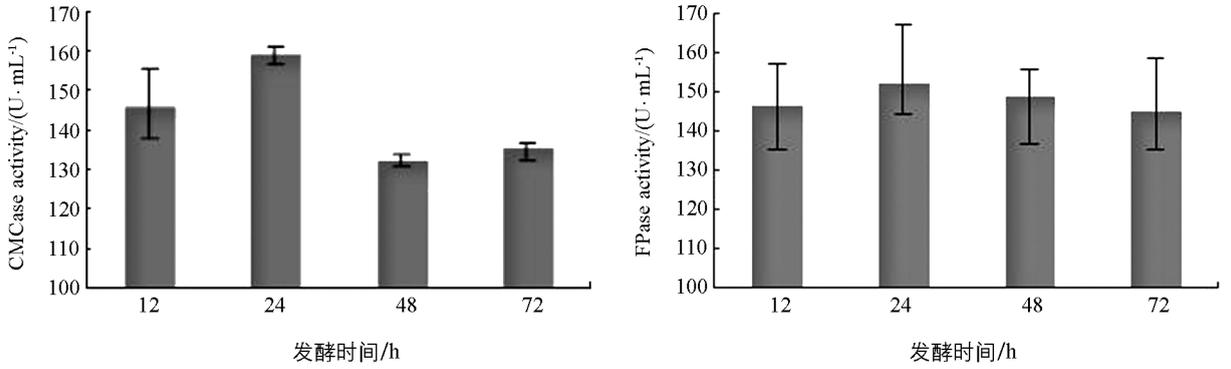


图 2 JYMB2 菌株发酵不同时间发酵上清液纤维素酶活力

2.3 菌种鉴定

2.3.1 JYMB2 菌株菌落及菌体形态特征

JYMB2 菌株在 PDA 培养基表面形成的菌落呈乳白色，圆形，边缘锯齿状，中央凸起，湿润，有光泽，不透明(图 3，表 2)，其 在半固体培养基表层及内部不扩散生长，为不具运动性的兼性厌氧菌(表 2)。革兰氏染色结果表明 JYMB2 菌株为革兰氏阳性杆状细菌，多个菌体细胞串联形成链状(图 4，表 2)。JYMB2 菌株经芽孢染色后观察，其菌体中央具有单个椭圆形绿色芽孢(图 5，表 2)。

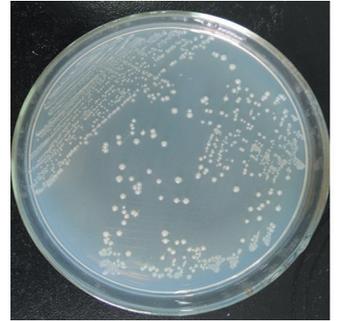


图 3 JYMB2 菌株在 PDA 培养基上的菌落特征

2.3.2 JYMB2 菌株的生理生化特征

生理生化检测结果表明，纤维素酶产生菌 JYMB2 菌株过氧化氢酶、硝酸盐还原及 V-P 试验均呈现阳性；能够水解淀粉、液化明胶；能够在含 7% NaCl 的培养基中生长(表 3)。结合对 JYMB2 菌株的形态及培养特征观察结果，初步判断纤维素酶产生菌 JYMB2 为芽孢杆菌属菌株。

表 2 菌株 JYMB2 的形态及培养特征

测试项目	结果	测试项目	结果
菌落颜色	乳白色	芽孢形态	椭圆形
革兰氏染色	+	细胞形态	成链杆状
芽孢染色	+	运动性	-

注：+ = 阳性；- = 阴性。

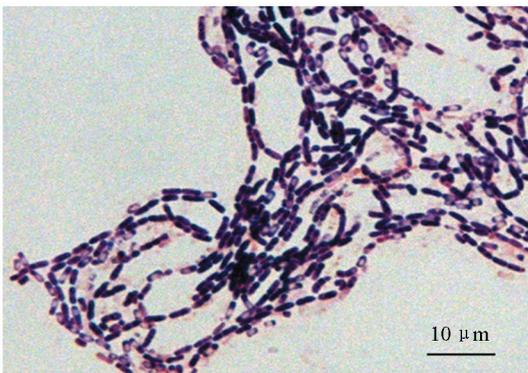


图 4 JYMB2 菌株革兰氏染色结果

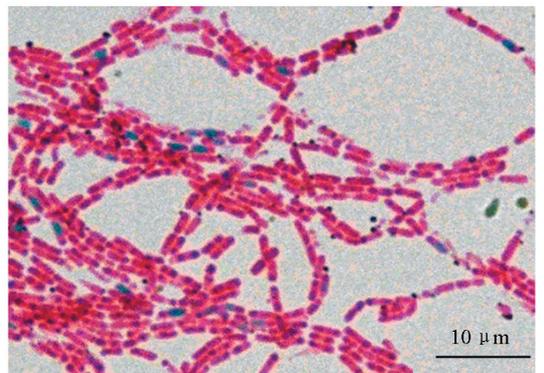


图 5 JYMB2 菌株芽孢染色结果

表 3 菌株 JYMB2 的生理生化特征

测试项目	结果	测试项目	结果
过氧化氢酶	+	木糖	-
V-P 试验	+	吲哚试验	-
淀粉水解	+	硝酸盐还原试验	+
明胶液化实验	+	葡萄糖产气	+
甘露糖	-	7% NaCl	+
阿拉伯糖	-	柠檬酸盐	-

注: +=阳性; - =阴性.

2.3.3 JYMB2 菌株基于 16S rDNA 的系统发育分析

以 JYMB2 菌株基因组 DNA 为模板, 用 16S rDNA 通用引物进行 PCR 扩增, 得到 1 条长约 1 500 bp 的片段. 回收目的片段与 pMD19-T 载体连接, 并转化至大肠杆菌 DH5 α 感受态细胞, 筛选阳性克隆进行序列测定, 得到 1 520 bp 片段, 将其序列提交至 GenBank, 获得登录号为: KM111542. 根据在 NCBI 上进行 Blast 序列比对结果选取相关序列构建系统发育树, 系统发育分析结果表明 JYMB2 菌株与登录号为 KF010349 的蜡状芽孢杆菌处于同一最小分枝(图 6), 且与多株蜡状芽孢杆菌 16S rDNA 的同源性达到 98% 以上. 根据 JYMB2 菌株的菌体形态、培养特征及生理生化特征测定结果, 并结合基于 16S rDNA 的系统发育分析, 将该纤维素酶产生菌鉴定为蜡状芽孢杆菌 (*Bacillus cereus*), 命名为 *B. cereus* JYMB2.

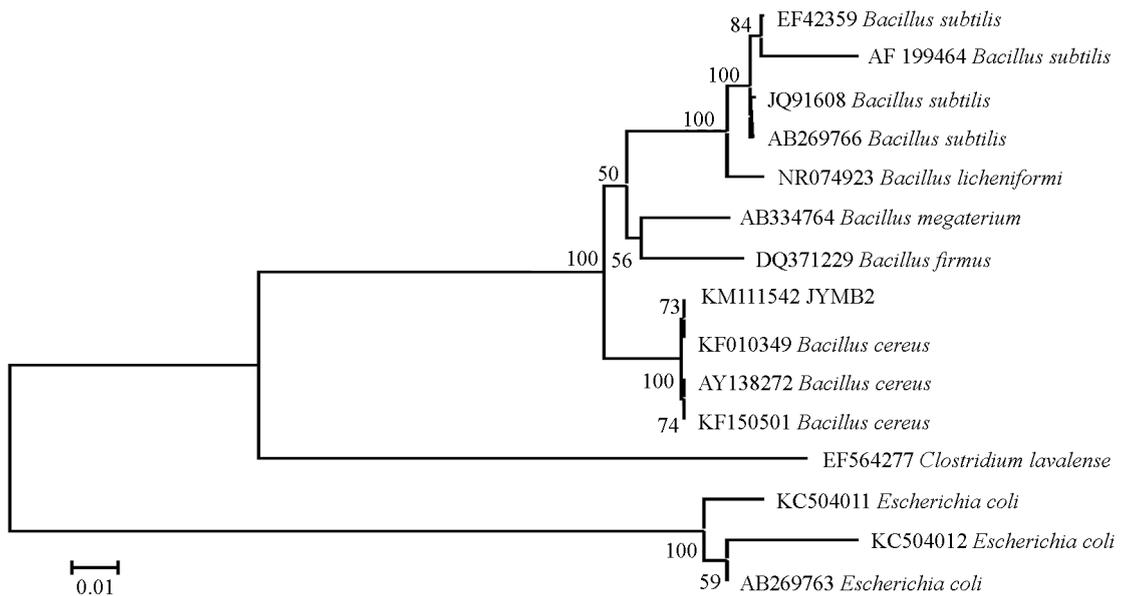


图 6 JYMB2 菌株基于 16S rDNA 的系统发育树

3 讨论

利用纤维素酶高产菌株处理富含纤维素的生物质原料能为开发洁净能源提供新的选择. 本文利用鉴别培养基水解圈法筛选获得纤维素酶产生菌 JYMB2 菌株, 并采用 DNS 法测定目的菌株发酵上清液中 CMC 酶活与滤纸酶活. 根据该菌株的形态特征、生理生化检测结果以及基于 16S rDNA 的系统发育分析, 将其鉴定为蜡状芽孢杆菌 (*Bacillus cereus*). 芽孢杆菌是自然界中降解纤维素的主要细菌, 其中蜡状芽孢杆菌和枯草芽孢杆菌常表现出最高的纤维素酶生产活性^[17]. Venkata 等人 2013 年有关土壤纤维素酶产生菌的研究结果表明 *B. cereus* 为纤维素酶的潜在生产菌株^[18]. 2014 年 Patagundi 等从土壤中分离纤维素酶产生细菌亦发现产酶活性最强的细菌为 *B. cereus*^[19]. *B. cereus* JYMB2 菌株发酵不同时间上清液中纤维素酶活

检测结果表明,目的菌株发酵 24 h 纤维素酶活达到峰值;发酵 48 h 后,目的菌株发酵上清液的纤维素酶活性将逐渐降低.结合前人对蜡状芽孢杆菌生长曲线的研究^[20],推测蜡状芽孢杆菌 JYMB2 菌株在对数生长期后期(24 h)已经完成了纤维素酶的生产 and 积累.此后,随着培养时间的延长,酶作为蛋白质可能会逐渐失活,故其纤维素降解活性呈现下降趋势,后续研究应在 24 h 终止发酵.

纤维素酶是一个复杂的酶系,包括内切葡聚糖酶、外切葡聚糖酶及葡萄糖苷酶.CMC-Na 纤维素酶活和滤纸酶活能够稳定反应体系中的纤维素酶活性^[12],为纤维素酶活检测的常用方法.纤维素酶产生菌初筛过程中,以羧甲基纤维素钠为底物分析纤维素酶活,其主要反映发酵上清液中的内切葡聚糖酶活性.纤维素刚果红培养基用于纤维素酶产生菌的筛选具有简便、直观、高通量等优点^[21].同时,此法还能通过水解圈的大小及其出现时间的早晚初步判断酶活力及产酶情况^[22].不过纤维素刚果红培养基法难以定量描述菌株的产酶能力及酶活力,故产酶菌株复筛通常需要绘制葡萄糖标准曲线,利用胞外酶活性检测方法(DNS 法)对目的菌株产酶活性定量描述.此外,园林枯枝落叶、城市生活垃圾除主要成分纤维素外,仍含有大量木质素、半纤维素等,故其加工处理需要纤维素酶、木质素降解酶及半纤维素酶等多种酶类协同完成.后续研究将在本文研究的基础上,优化 JYMB2 菌株产纤维素酶的发酵条件.同时,进一步分离筛选多种酶类的高产菌株,构建复合菌剂,为富含生物质原料的工农业及生活废弃物的处理提供选择.

参考文献:

- [1] 郭玲霞,黄朝禧,彭开丽.从中国玉米生物乙醇发展分析生物能源对粮食安全的影响[J].中国科技论坛,2011(9): 139-145.
- [2] 冀华,王兴春.中国生物能源开发利用发展策略[J].河北农业科学,2010,14(10): 119-121, 125.
- [3] 穆春雷,武晓森,李术娜,等.低温产纤维素酶菌株的筛选、鉴定及纤维素酶学性质[J].微生物学通报,2013,40(7): 1193-1201.
- [4] 杨恋.城市生活垃圾好氧堆肥实验及嗜热微生物群落研究[D].长沙:湖南大学,2008: 17-21.
- [5] CHAKRIT T, A KIHICO K, RATIYA W, et al. Isolation and Characterization of a New Cellulosome-Producing *Clostridium Thermocellum* Strain [J]. Biodegradation, 2011, 23(1): 57-68.
- [6] TIWARI P, MISRA B N, SANGWAN N S. β -Glucosidases from the Fungus *Trichoderma*: An Efficient Cellulase Machinery in Biotechnological Applications [J]. Biomed Research International. 2013: Article ID 203735.
- [7] 刘洁丽,王靖,李明.一株纤维素降解细菌的筛选、鉴定及特性研究[J].化学与生物工程,2010,27(4): 54-56.
- [8] 卢月霞,吕志伟,袁红莉,等.纤维素降解菌的筛选及其混合发酵研究[J].安徽农业科学,2008,36(10): 3952-3953.
- [9] 卢月霞,宋惠月,刘凯楠,等.一株纤维素降解菌的筛选及其产酶条件优化[J].湖北农业科学,2010,49(1): 95-97.
- [10] 顾文杰,徐有权,徐培智,等.酸性土壤中高效半纤维素降解菌的筛选与鉴定[J].微生物学报,2012,52(10): 1251-1259.
- [11] 孙盈,田永强,赵丽坤.纤维素酶的 CMC 酶活测定条件的研究[J].食品工业科技,2013,34(2): 68-72.
- [12] 赵玉萍,杨娟.四种纤维素酶酶活测定方法的比较[J].食品研究与开发,2006,27(3): 116-118.
- [13] 周德庆.微生物学教程[M].2版.北京:高等教育出版社,2002: 356-357.
- [14] 东秀珠,蔡妙英.常见细菌系统鉴定手册[M].北京:科学出版社,2001: 370-398.
- [15] 张飞官,高雅慧,任慧爽,等.桑疫病病原拮抗菌的分离、鉴定及发酵条件优化[J].微生物学报,2013,53(12): 1285-1294.
- [16] 沈兰,李丹,胡昌华,等.抗烟草青枯菌菌株的分离、鉴定和发酵条件研究[J].西南大学学报(自然科学版),2014,36(10): 64-69.
- [17] YANG J K, ZHANG J J, YU H Y, et al. Community Composition and Cellulose Activity of Cellulolytic Bacteria from Forest Soils Planted with Broad-Leaved Deciduous and Evergreen Trees [J]. Appl Microbiol Biotechnol, 2014, 98(3): 1449-1458.

- [18] VENKATA N R E, GOLI D, RAJESH T, et al. Screening and Isolation of Cellulase Producing Bacteria from Dump Yards of Vegetable Wastes [J]. World Journal of Pharmacy and Pharmaceutical Sciences, 2013, 3(1): 428–435.
- [19] PATAGUNDI B I, SHIVASHARAN C T, KALI WAL B B. Isolation and Characterization of Cellulase Producing Bacteria from Soil [J]. International Journal of Current Microbiology and Applied Sciences, 2014, 3(5): 59–69.
- [20] 李 玲. 蜡样芽孢杆菌培养条件优化及动力学研究 [D]. 南京: 南京工业大学, 2011: 19–27.
- [21] 叶姜瑜. 高纤维素酶活性放线菌的分离及产酶条件研究 [J]. 西南农业大学学报, 1997, 19(3): 261–264.
- [22] 刘起丽, 张建新, 徐瑞富, 等. 纤维素刚果红培养基筛选产纤维素酶菌株的影响因素研究 [J]. 西北农业学报, 2007, 16(5): 279–281.

Screening and Identification of a Cellulase-Producing Strain of *Bacillus cereus*-JYMB2

XIE Jie¹, SHANG Bi-zhi¹, REN Hui-shuang¹,
WANG Ai-yin¹, ZUO Wei-dong¹, ZHOU Ze-yang^{1,2}

1. State Key Laboratory of Silkworm Genome Biology, School of Biotechnology,

Southwest University, Chongqing 400715, China;

2. College of Life Sciences, Chongqing Normal University, Chongqing 400047, China

Abstract: In order to screen out efficient cellulase-producing microorganisms which can be used to process crop stalks, garden litter, municipal solid waste and so on, cellulose-degrading strains were isolated on the substrate with sodium carboxymethyl cellulose (CMC-Na) as the sole carbon source from Jinyun Mountain forest humus. Then, a highly productive cellulase-producing strain, JYMB2, was screened out using the method of CMC-Na hydrolysis circle assay and extracellular enzyme activity assays (DNS). Detected by the DNS method, the FPase of JYMB2 fermentation supernatant was up to 152.13 U/mL, and its CMCase was up to 159.25 U/mL at 24 h. The strain identification results showed that JYMB2 was Gram-positive; and catalase, nitrate reduction, starch hydrolysis, gelatine liquefaction and VP tests were positive. Phylogenetic analysis results based on 16S rDNA sequence showed that JYMB2 was in the same minimal clade with *Bacillus cereus* (accession number: KF010349). Furthermore, the 16S rDNA sequence of JYMB2 shared more than 98% similarity with many strains of *B. cereus*. According to the morphology, physiology, biochemistry assay and 16S rDNA-based phylogenetic analysis, JYMB2 was identified to be a strain of *B. cereus*, and named as *B. cereus* JYMB2.

Key words: cellulase-producing microorganism; screening; enzyme activity assay; strain identification

责任编辑 陈绍兰

