

黄友谊,方欣,隋梦圆,等.茶叶微生物研究现状与展望[J].华中农业大学学报,2022,41(5):24-32.
DOI:10.13300/j.cnki.hnlkxb.2022.05.004

茶叶微生物研究现状与展望

黄友谊,方欣,隋梦圆,江广贤,肖婧仪,王文凤,宁瑶瑶

华中农业大学园艺林学学院,武汉430070

摘要 微生物在茶产业中一直有应用,对茶产业的发展有着积极作用。为更好地推动微生物在茶产业中的发展,本文综述了茶树根际微生物、病原微生物、内生菌、益肥微生物以及抗逆微生物对茶园土壤、茶树生长以及茶树病害的影响,总结了黑茶及其他茶类加工过程中的微生物群落结构及动态变化以及茶叶卫生微生物的研究进展。提出需建立茶叶微生物方向,加大茶叶微生物基础研究与应用研究,推动茶叶微生物与茶科学相互融合,促进茶资源的利用与增值,从而更好地推动我国茶产业健康发展。

关键词 茶;茶园微生物;加工微生物;卫生微生物;微生物群落结构;资源利用

中图分类号 F307.1 **文献标识码** A **文章编号** 1000-2421(2022)05-0024-09

茶是世界上最受欢迎和消费最广泛的饮料之一,而微生物与茶联系紧密,最为典型的有微生物发酵的黑茶^[1]、红茶菌^[2]等。随现代科学技术的发展,微生物在茶领域的研究与应用逐渐拓宽且深入,涉及茶树种植、茶叶加工和茶叶贮存等环节,呈现多元化发展趋势,并在推动茶产业发展中发挥了明显的作用^[3]。为更好地将微生物应用于茶领域,本文介绍了茶园微生物中茶树根际微生物、茶树病原微生物、茶树内生菌、茶树益肥微生物和茶园抗逆微生物的研究现状,总结了以黑茶为主的茶叶加工微生物以及茶叶卫生相关微生物的研究情况,以期促进茶叶微生物学科的形成与发展。

1 茶园微生物

1.1 茶树根际微生物

微生物生态是表征土壤质量的重要指标之一^[4]。研究表明植物树龄、季节、土壤特性、间作等因素均会对根际微生物的种类和数量产生影响^[5-8]。茶树根际土壤微生物群落中,以细菌含量最多,其次为真菌;由于茶树根际土壤pH值较小,不利于放线菌的生长繁殖,因此放线菌丰度较低;细菌主要优势菌属包括假单胞菌属(*Pseudomonas*)、微球菌属(*Micrococcus*)和芽孢杆菌属(*Bacillus*)等,真菌优势菌属包

括木霉属(*Trichoderma*)、青霉属(*Penicillium*)和曲霉属(*Aspergillus*)等^[9]。茶园中有益微生物常见的功能包括固氮、耐酸铝、病原菌拮抗以及促进多种营养元素(氮、磷、钾、铁等)的活化和吸收等功能^[10-11]。除此之外,部分微生物还可以通过合成吲哚-3-乙酸、脱落酸、乙烯抑制剂等生长调节剂,直接影响植物生长情况^[12]。在根际和叶际之间发生的植物病害较为常见,而根际、叶际等部位的微生物可以与植物共同抑制病害的发生或降低伤害,微生物可以作为植物病害防治的新途径和资源,以此达到控制病害的目的^[13-14]。

1.2 茶树病原微生物与生防菌

因环境条件变化和病菌的抗药性等问题,茶树病害对茶叶生产的影响日益突出。根据病害对茶树危害部位的不同,将病害分为叶病、茎病、根病等,其中叶病是茶树中主要的病害类型。较常见的病害中,危害叶片的有茶饼病、茶炭疽病、茶轮斑病、茶云纹叶枯病、茶白星病等^[15];危害枝梢的病害有茶枝黑点病、茶红锈藻病、茶胴枯病、茶褐斑病、茶苗茎枯病等;危害根部的病害有茶紫纹羽病、茶白绢病、茶根朽病等^[16-17]。也有根据茶树病原物的分类地位来划分茶树病害种类,病原物主要有真菌、细菌、病毒、线虫等^[16-17];其中真菌引起的病害被确认是最常见

收稿日期:2022-05-26

基金项目:湖北省现代农业(茶)产业体系项目

黄友谊, E-mail: youyi@mail.hzau.edu.cn

的茶树病害类型,如由担子菌引起的茶饼病、茶网饼病、茶炭疽病以及茶云纹叶枯病等。与此同时,利用生防菌防治病虫害是生物防治的重要手段,各种类型的微生物(病毒、细菌、真菌、线虫和微孢子等)杀虫剂被广泛地应用于农业生产中。其中在茶树方面应用比较广泛的是苏云金杆菌(*Bacillus thuringiensis*),其主要被用于防御和治疗茶梢蛾、茶小卷叶蛾、茶尺蠖和茶细蛾等的危害。除此之外,用于防治茶尺蠖的有茶尺蠖病毒水剂,是由茶尺蠖核型多角体病毒制成。胡淑霞^[18]在茶园中分离到能有效抑制茶赤叶斑病、茶白星病、茶煤病、茶轮斑病和茶褐色叶斑病的病原微生物——茶孢杆菌,为微生物防治茶园病害提供了有效途径。

1.3 茶树内生菌

植物内生菌(endophytes)包括内生真菌、内生细菌和内生放线菌,许多学者对茶树内生菌的分离方法^[19-21]、分布规律^[22]、优势菌种鉴定^[23]和生物学作用^[24-25]等方面进行了研究和探讨。茶树内生细菌主要包括变形菌门(Proteobacteria)、厚壁菌门(Firmicutes)和拟杆菌门(Bacteroidetes),内生真菌主要包括子囊菌门、担子菌门和毛霉门微生物。茶树内生真菌和细菌的数量和种类随地理环境、季节、茶树品种、组织类型、叶龄的变化而变化。近几年人们对茶树内生菌的功能研究较多,按内生菌对植物的作用效果可分为有益、有害和中性三类;其中有益菌可以分泌一些促生物质如吡啶乙酸等促进植物生长,产生生物活性物质,形成茶叶风味,提高茶树抗逆能力,防治植物病害等;有害菌能够引起植物病害,抑制植物生长等。

1.4 茶树益肥微生物

近年来,随着绿色、生态、安全的理念逐步成为发展主流,绿色有机茶园不断建立,多种适宜绿色有机茶园应用的微生物肥料也相继出现。根瘤菌、固氮菌、解磷菌、解钾菌以及各种功能性的有益微生物作为生物肥料施用于绿色有机茶园,在保证茶园绿色生态的基础上达到提升品质和增加产量的效果^[26]。如张汉鹄等^[27]将从茶树上分离的1株芽孢杆菌制成微生物制剂,能够促进茶树生长发育,提高茶叶产量。此外,一种以光合细菌、乳酸菌、酵母菌、放线菌为主的EM有机肥,是由80余种微生物复合培养而成的一类特殊的微生物制剂^[28],具有解磷、解钾、固氮等提高土壤肥力的作用。

1.5 茶园抗逆微生物

在茶园抗逆微生物的研究中,章顺成等^[29]从茶树根系分离鉴定出1株耐 Al^{3+} 菌株,该菌株在一定范围内对 Al^{3+} 具有吸附作用;同时该菌株能反射性地主动摄入更多的水,形成较大物理静水压,以对抗由于 Al^{3+} 升高而产生的高化学渗透压,从而规避铝毒害。赵希俊^[30]从茶树中分离得到53株具备耐铝功能的内生细菌,从中鉴定出*Enterobacter sacchari*、洋葱伯克霍尔德菌(*Burkholderia cepacia*)和*Burkholderia seminalia*的铝耐受性显著高于其他菌株;其中洋葱伯克霍尔德菌能够明显降低茶园土壤中 Al^{3+} 的含量,增强了茶树的铝耐受性,还具备固氮、解磷等功能,对植物生长具有一定的促进作用。

2 茶叶加工微生物

2.1 黑茶微生物

黑茶因多种健康功效而越来越受到关注^[31-32],微生物发酵被认为是黑茶感官品质和健康功效形成的关键因素,有多种与黑茶质量相关的化学成分在多种功能核心微生物作用下发生降解、氧化、缩合、结构修饰、甲基化和糖苷化等一系列反应^[1]。为了揭示黑茶中化学成分的微生物生物转化,学者们对发酵过程中微生物的群落结构和动态变化进行了大量的研究。早期对黑茶中微生物群落的研究主要依靠传统的平板分离、纯化等可培养的方法,但传统方法不能全面揭示发酵过程中微生物的群落组成。随着分子生物学的发展,聚合酶链式反应-变性梯度凝胶电泳(PCR-DGGE)^[33-34]、高通量测序^[35-37]等免培养技术开始被广泛应用于黑茶微生物研究。

1)普洱茶(熟茶)。普洱茶(熟茶)是黑茶中微生物群落结构和动态变化方面研究最多的。研究者通过PCR-DGGE^[33-34]、454 pyrosequencing高通量测序^[38]、鸟枪法宏基因组学(shotgun metagenomics)^[39]、Illumina MiSeq高通量测序^[35-37]、Illumina MiSeq高通量测序结合qPCR(quantitative PCR)技术^[40]分析普洱茶微生物的群落结构和动态变化。已确定发酵过程中的主要菌属如表1所示。

在普洱茶(熟茶)渥堆发酵过程中,细菌和真菌协同作用形成普洱茶(熟茶)独特的品质特征及健康功效,但研究者对发酵过程中的微生物结构或起主导作用的微生物群体尚未达成共识。Zhao等^[38]研究表明普洱茶(熟茶)发酵过程中曲霉属是唯一的优势真菌,占全部测定序列的94.98%;最优势的细菌门为

表1 黑茶加工过程中的主要优势菌属

Table 1 Dominant microorganisms in black tea processing

茶类型 Tea type	真菌 Fungi	细菌 Bacteria	参考文献 Reference
普洱茶(熟茶) Post-fermented Pu-erh tea	<i>Aspergillus, Blastobotrys, Rhizomucor, Thermomyces, Debaryomyces, Candida, Penicillium, Rasamsonia, Lichtheimia, Sugiyamaella, Stephanoascus</i>	<i>Pseudomonas, Achromobacter, Pantoea, Bacillus, Staphylococcus, Kocuria, Lactococcus, Curtobacterium, Acinetobacter, Rhodococcus, Stenotrophomonas, Enterococcus, Erwinia, Streptomyces, Enterobacter, Paenibacillus, Flavobacterium, Microbacterium, Klebsiella, Brevibacterium, Brachybacterium</i>	[33-34, 36, 38-40]
茯砖茶 Fu brick tea	<i>Eurotium, Aspergillus, Cyberlindnera, Candida, Wallemia, Penicillium, Debaryomyces, Verticillium, Pichia, Pestalotiopsis, Rhizomucor, Beauveria, Uwebraunia, Fusarium, Peyronellaea</i>	<i>Bacillus, Lactococcus, Oceanobacillus, Pseudomonas, Enterococcus, Halomonas, Arthrobacter, Carnobacterium, Psychrobacter, Klebsiella, Lactobacillus, Kluyvera, Methylobacterium, Aurantimonas, Enterobacter, Stenotrophomonas, Acinetobacter, Moraxella, Brevundimonas, Aquabacterium, Dechloromonas, Brochothrix, Streptococcus</i>	[41-46]
六堡茶 Liupao tea	<i>Aspergillus, Blastobotrys, Rasamsonia</i>	<i>Staphylococcus, Brachybacterium, Brevibacterium, Pluralibacter, Carnimonas, Lactobacillus, Kocuria</i>	[47]
青砖茶 Qingzhuana tea	<i>Aspergillus, Penicillium, Debaryomyces, Candida, Thermomyces, Rasamsonia, Thermoascus, Byssochlamys, Cyberlindnera</i>	<i>Bacillus, Alicyclobacillus, Enterobacter</i>	[48-49]

变形菌门(48.42%)，主要包括假单胞菌属(17.82%)、unclassified_Enterobacteriaceae(7.69%)、无色杆菌属(4.74%)等；其次为厚壁菌门(19.91%)、放线菌门(Actinobacteria, 16.91%)、蓝菌门(Cyanobacteria, 9.95%)和拟杆菌门(3.79%)。也有研究表明在普洱茶(熟茶)发酵前期虽然以曲霉属占据绝对优势，但随着发酵进行，曲霉属相对丰度显著下降，后期逐渐演替为芽生葡萄孢酵母属占据优势地位^[35]；发酵前期以欧文氏菌属、泛菌属和假单胞菌属为主，而发酵中、后期芽孢杆菌属、葡萄球菌属、短杆菌属、考克氏菌属及短状杆菌属为优势菌群^[36]。Li等^[40]研究表明普洱茶(熟茶)发酵过程中，尽管枝孢霉属(*Cladosporium*)和附球菌属(*Epicoccum*)为原料中超过所有测定序列的80%，但随着发酵进行，曲霉属很快成为优势菌属，主导着整个发酵过程；发酵后期黑曲霉(*Aspergillus niger*)的丰度显著下降，食腺嘌呤芽生葡萄孢酵母(*Blastobotrys adenivorans*)、埃默森蓝状菌(*Rasamsonia emersonii*)和疏绵状嗜热丝孢菌(*Thermomyces lanuginosus*)相对丰度增加，食腺嘌呤芽生葡萄孢酵母成为发酵中的优势菌种，其次为埃默森蓝状菌、疏绵状嗜热丝孢菌和帚状曲霉(*Aspergillus penicillioides*)；在属水平上，norank_o_Chloroplast是原料中的绝对优势细菌，加工过程中norank_o_Chloroplast急剧下降，泛菌属在发酵中期的丰度增加到56.68%，芽孢杆菌属在发酵后期显著增加至82.97%，成为绝对优势细菌。Li等^[39]同样发现在普洱茶发酵前期，属水平上优势微生物是曲霉

属(42.10%)，其次为假单胞菌属(19.40%)和德巴利酵母属(4.78%)，且黑曲霉为优势菌种，相对丰度为12.88%；在发酵后期，曲霉属相对丰度大幅度下降至6.51%，其他菌属包括无色杆菌属(8.39%)、*Sugiyamaella*(6.55%)、*Rasamsonia*(6.43%)、德巴利酵母属(6.24%)和横梗霉属(5.91%)成为优势菌属，同时*Sugiyamaella lignohabitans*(6.55%)和埃默森蓝状菌(6.43%)成为后期的优势菌种。

已有的研究表明普洱茶(熟茶)发酵过程中微生物组成、结构和多样性的变化显著，不同研究中报道的微生物群落结构及变化的不同可能与原料来源、生产环境和发酵工艺等因素相关。但现有研究中曲霉属均被认为是普洱茶(熟茶)中重要的优势真菌，此外，真菌均在发酵中集中呈现，多样性在原料中最高，发酵过程中多样性明显降低；相对于真菌，细菌的多样性较高，发酵前后细菌的多样性和丰富度均显著增加。

2) 茯砖茶。茯砖茶微生物发酵可以划分为用于生产黑毛茶的堆垛发酵和“发花”工序2个阶段。通过PCR-DGGE^[41]和Illumina MiSeq高通量测序^[41-46]等免培养技术研究茯砖茶群落结构及动态变化，确定在整个发酵过程中主要菌属如表1所示。

茯砖茶中的黑毛茶堆垛发酵过程中，优势真菌包括塞伯林德纳氏酵母属、*Uwebraunia*、曲霉属和unclassified_Pleosporales。在这些优势真菌中，塞伯林德纳氏酵母属最为丰富，它的相对丰度从最初的32.63%显著增长至发酵后期的95.52%。而*Uwe-*

braunia 真菌属从最初的 16.37% 显著降低至发酵后期的 1.64%。曲霉属和 unclassified_Pleosporales 在发酵前期显著降低, 分别从 11.57% 降低至 0.33% 和从 29.35% 降低至 5.18%; 且之后保持相对稳定至发酵结束。克雷伯氏菌属是发酵过程中唯一的优势细菌, 其相对丰度从最初的 81.99% 逐渐上升至发酵后期的 99.06%。乳杆菌属是次优势细菌, 其相对丰度从最初的 6.88% 显著降低至后期的 0.41%^[46]。与其他类型的黑茶相比, 茯砖茶在堆垛发酵之后需要经历 1 个独特的微生物发酵工序, 称之为“发花”。在“发花”工序中, “金花”会在茯砖茶内部大量繁殖; 基于形态学、DNA 序列和多基因序列的系统发育学鉴定, “金花”实际上是冠突散囊菌 (*Eurotium cristatum*) 的金色闭囊壳; 在新的分类中冠突散囊菌已被更名为冠突曲霉 (*Aspergillus cristatum*)^[50]。“发花”被认为是一种特别的发酵过程, 在特殊处理下冠突曲霉成为茯砖茶中唯一的优势真菌^[50-52], 可以分泌 α -淀粉酶、多酚氧化酶、纤维素酶、果胶酶、木聚糖酶、蛋白酶和其他半纤维素酶等多种酶, 这些酶可以通过促进特定生物活性化合物的形成来提高茯砖茶的品质^[41]。此外, “金花”和冠突曲霉也在其他类型的黑茶如普洱茶、黑砖茶、千两茶和六堡茶中被检测到^[49, 53], 不过含量很低, 不是优势菌。

3) 其他类黑茶。与普洱茶 (熟茶) 和茯砖茶相比, 关于其他类黑茶如六堡茶、青砖茶等的发酵微生物群落组成和动态变化方面的研究较少。Wang 等^[47]通过 Illumina miseq 高通量测序技术研究六堡茶发酵过程中微生物群落结构及动态变化, 共鉴定到真菌 581 属和细菌 341 属, 其中主要优势菌属包括真菌的曲霉属、芽生葡萄孢酵母属和 *Rasamsonia* 等, 以及细菌的葡萄球菌属、unclassified_Enterobacteriaceae、短状杆菌属、短杆菌属、*Pluralibacter*、*Carnimonas*、乳杆菌属和考克氏菌属等。发酵过程中优势菌落演替, 早期以鞘氨醇单胞菌属 (*Sphingomonas*, 23.68%)、甲基杆菌属 (17.67%)、金黄杆菌属 (*Chryseobacterium*, 12.55%)、曲霉属 (16.70%)、枝孢属 (*Cladosporium*, 8.36%)、青霉属 (6.07%) 和芽生葡萄孢酵母属 (1.54%) 为主, 后期阶段演替为葡萄球菌属 (59.05%)、短状杆菌属 (9.66%)、考克氏菌属 (9.81%)、芽生葡萄孢酵母属 (65.07%)、曲霉属 (21.10%) 和 *Rasamsonia* (11.06%)^[47]。张丹丹等^[54]通过可培养方法研究青砖茶发酵过程中微生物的种类与变化, 结果显示在青砖茶渥堆发酵过程中以细

菌数量最多, 放线菌、霉菌其次, 酵母菌最少; 研究结果还表明发酵过程中不同堆层间微生物数量差异大, 霉菌、酵母菌的数量在渥堆发酵前期的上层样中最多, 细菌、放线菌数量在渥堆发酵后期的上层样中最多。Hu 等^[48]通过 Miseq Illumina 高通量测序技术分析青砖茶发酵过程中微生物群落结构及动态变化, 发现真菌 37 属, 其中曲霉属是青砖茶渥堆过程的绝对优势菌, 相对丰度在 38.1%~75.1%, 青霉属、塞伯林德纳氏酵母属、德巴利酵母属、假丝酵母属 (*Candida*)、嗜热丝孢菌属、*Rasamsonia*、嗜热子囊菌属 (*Thermoascus*) 和丝衣霉属 (*Byssosclamyces*) 分别在不同时期出现, 中后期优势菌属为丝衣霉属。

2.2 其他茶类微生物

除黑茶加工外, 还发现微生物对红茶、白茶等茶类的品质形成具有一定的影响。在红茶加工过程中, 霉菌、酵母菌等具有生成 α -淀粉酶、纤维素酶等酶类、促进氨基酸转化、提高可溶性糖含量以及促进花香甜味的形成等作用, 能够增进茶汤香气和滋味。红茶加工中部分纤维素降解菌能够将芽叶中的纤维素降解为纤维二糖, 再进一步转化为葡萄糖, 最终减轻茶叶的粗老味而增加甜醇鲜爽味^[55]。白茶加工过程中, 接种冠突曲霉属可明显降低白茶苦涩味 (酯型儿茶素总量降低), 同时“发花”赋予白茶陈醇滋味^[56]。

2.3 茶饮料微生物

微生物发酵茶饮料是以茶叶为底物、通过微生物的生理代谢作用能够形成特定风味与品质的一类茶饮料^[57]; 这不仅能够解决中低档茶叶的滞销问题, 又可以满足人们对健康功能型饮料的需求。用于茶饮料发酵的微生物主要有细菌、酵母菌、霉菌和食用真菌等, 目前微生物茶饮料通常用细菌和真菌进行混菌发酵制作而成。最具代表性的微生物发酵茶饮料是红茶菌, 其大多以红茶为发酵原料, 少数使用绿茶和普洱茶, 参与发酵的微生物主要是酵母、醋酸菌和少量乳酸菌^[58-59]。此外, 还有微生物发酵的茶醋饮料、茶酒饮料等。

3 茶叶卫生微生物

在鲜叶采摘、加工、包装和贮运全过程中, 微生物都有可能对茶叶造成污染, 甚至可能在适宜环境下生长并产生毒素, 危害人类健康^[39]。近年来的研究发现, 红茶、绿茶和黑茶等类成品茶叶中都存在产毒真菌污染的情况。红茶成品中检测到的污染真菌以曲霉属为主^[60-64], 此外还检测到青霉属、根霉

属 (*Rhizopus*)、枝孢霉属、横梗霉属和镰刀菌属等^[60,63-64]。黑茶成品中检测到的污染真菌以杂色曲霉 (*Aspergillus versicolor*)、聚多曲霉 (*Aspergillus sydowii*)、帚状曲霉 (*Aspergillus penicillioides*)、烟曲霉 (*Aspergillus fumigatus*)、炭黑曲霉 (*Aspergillus carbonarius*)、构巢曲霉 (*Aspergillus nidulans*)、棕曲霉等曲霉属真菌^[65-68],以及青霉属的桔青霉 (*Penicillium citrinum*)、鲜绿青霉 (*Penicillium viridicatum*)等真菌为主^[65,67-68]。有关绿茶、白茶和乌龙茶等茶类中真菌毒素的研究较少,但也同样存在曲霉属和青霉属优势菌群^[60,69-70]。

此外,有研究表明茶叶中的微生物对农药残留有一定的降解作用。洪永聪等^[71]从茶树中分离得到1株对茶轮斑病有抑制作用的枯草芽孢杆菌,具有很强的降解氯氰菊酯的能力。王兆守等^[72]定向筛选得到1株假单胞菌c1f6,具有很强的降解拟除虫菊酯类农药的功能,对有机磷类农药同样具备降解能力。

4 展 望

4.1 梳理茶叶微生物体系,建立茶叶微生物方向

当前很多传统学科在与其它学科相互交叉融合的过程中,得到了快速发展与提升。在茶学学科中,也不断有新技术如光电技术、计算机技术等的应用,同样明显促进了茶学学科的发展。尽管微生物早已深嵌入茶树种植管理、茶叶加工、茶叶卫生质量、茶产品开发等方面,但一直发展不足,导致推动茶学学科发展的作用不明显,其原因在于未能提升到一个学科层面来发展。华中农业大学园艺林学学院茶学系率先在茶学本科专业开设了《茶叶微生物产品学》专业选修课程,面向茶学硕士研究生开设了《茶叶微生物专题》专业选修课程(也有其他高校开设有类似课程);还主编出版了“十三五”规划教材《茶叶微生物产品学》,正在编写农业农村部“十三五”规划教材《茶叶微生物学》,努力将茶叶微生物作为一门学科来建设发展。尽管如此,还需要国内同仁共同对茶叶微生物的学科体系进行梳理,逐步建立茶叶微生物方向,并面向茶学本科生和研究生开设相关课程,积极培养具备茶叶微生物知识的综合性茶学专业人才,促使微生物推动茶学学科更快更好地发展。

4.2 加大茶叶微生物的基础研究

当前对茶叶微生物的基础研究明显不足,导致茶叶微生物相关理论基础不完备,应从以下几个方面加强研究:一是加强茶叶微生物区系研究。对茶

园微生物、茶叶加工微生物、茶叶产品质量微生物等方面的微生物区系进行全面研究分析,利用宏基因组学等手段了解不同微生物种群的种类与数量,确定微生物的动态变化规律,明确优势菌的种类与互作关系,确定微生物生长变化与茶树生长、茶产品品质形成、茶叶质量等方面的关系^[34,73-77]。二是加强茶叶微生物资源的收集与保藏。需加强对茶叶微生物资源的调查,及时收集保存茶源微生物菌种资源,建立茶叶微生物资源库;同时加强对各种优势菌、特色功能菌的筛选与鉴定,针对利用目标建立茶叶微生物资源亚库^[78-79]。三是加强茶叶微生物生物学特性研究。对分离筛选的茶源优势菌或功能菌的培养条件、生长特性、酶学特性、代谢特性等进行全面研究,为更好地利用这些菌株提供基础。四是加强茶叶微生物作用机制研究。利用多组学技术剖析微生物对茶树生长或茶叶加工的代谢组学特征,建立微生物与茶相互作用的代谢图谱,特别是茶树病原菌致病机制、茶树内生菌促进茶树生长的机制、微生物发酵转化形成黑茶品质与功能的机制等方面。同时利用多学科理论相融合,研究黑茶固态发酵理论与动力学,建立黑茶发酵模型,以实现精准定向调控黑茶发酵品质。

4.3 加强茶叶微生物的应用研究

发展茶叶微生物除了加强基础研究,必须加强茶叶微生物的应用研究。一是加强助推传统微生物茶产品生产技术水平提升的应用研究。通过筛选优良菌株、制作菌剂等方式,标准化开发茶树生防菌剂、茶树益生菌剂、黑茶发酵菌剂、茶园含菌有机肥等产品,使传统微生物茶产品的生产逐步实现标准化与现代化,尤其是促使黑茶加工实现全程清洁化、可控、安全、发酵生产^[55]。二是加大开发可食微生物茶产品的研究力度。依据色、香、味、功能四大食品特性来进行,利用产香微生物研发不同香型茶产品;利用产糖微生物研发滋味回甘强的发酵茶产品;利用特定微生物研发富含没食子酸、茶氨酸等功能活性成分的茶产品^[55,80]。三是加强开发特色非可食微生物茶产品的研究。可开发促进茶树优质高产的茶树生防产品、茶树益肥、茶树促生长剂、茶树抗逆剂等制剂,可研发生产应用于降解农残、缩短发酵时间、形成特色品质等的微生物菌剂等^[55]。

4.4 以微生物手段综合开发利用茶资源

当前我国茶资源呈现快速增长的趋势,每年有大量茶资源未及时采摘利用,还有大量的茶产品加工副产物未得到有效利用。传统开发方法对进一步

促进大规模开发利用茶资源的作用有限,而微生物技术却可弥补当前新技术手段的不足。微生物的种类丰富,可以产酶、产香,还可以分泌各种活性成分。可以利用微生物发酵茶渣、修剪废弃物、茶果、茶花等制作饲料、生物肥等;可以利用微生物发酵制备表面活性剂、杀虫剂、填充剂等;还可以利用微生物发酵茶资源生产酶制剂、蛋白质、生物材料等^[55]。借助微生物可以提升茶资源的利用率,提高茶园综合效益,促进茶产业提档升级。

总之,茶叶微生物发展空间巨大,未来必定会有力促进茶学学科快速发展。

参考文献 References

- [1] ZHUMZ, LIN, ZHOUF, et al. Microbial bioconversion of the chemical components in dark tea [J/OL]. Food chemistry, 2020, 312 [2022-05-26]. <https://doi.org/10.1016/j.foodchem.2019.126043>.
- [2] ABACI N, DENIZ F S S, ORHAN I E. Kombucha, an ancient fermented beverage with desired bioactivities; a narrowed review [J/OL]. Food chemistry, 2022, 14: 100302 [2022-05-26]. <https://doi.org/10.1016/j.foodchem.2022.100302>.
- [3] 胡桂萍, 刘波, 石旭平, 等. 微生物资源在茶产业中的应用现状及展望 [J]. 食品安全质量检测学报, 2015, 6(4): 1205-1211. HU G P, LIU B, SHI X P, et al. Application and development of microorganism resources in tea industry [J]. Journal of food safety & quality, 2015, 6(4): 1205-1211 (in Chinese with English abstract).
- [4] 王贵卫. 茶树根际环境因子—细菌种群及功能相关性探究 [D]. 杭州: 浙江理工大学, 2018. WANG G W. Correlation between microenvironments and bacterial communities and function in the rhizosphere of *Camellia sinensis* [D]. Hangzhou: Zhejiang Sci-Tech University, 2018 (in Chinese with English abstract).
- [5] 田永辉, 魏杰. 不同无性系茶树品种的根际细菌及酶活性动态研究 [J]. 西南农业学报, 2001(4): 63-66. TIAN Y H, WEI J. Dynamic state of bacteria and enzyme activity in rhizosphere of tea different varieties [J]. Southwest China journal of agricultural sciences, 2001(4): 63-66 (in Chinese with English abstract).
- [6] 高旭晖. 茶树根际微生物与根际效应 [J]. 茶叶通讯, 2000(1): 35-38. GAO X H. Rhizosphere microorganisms and rhizosphere effect of tea [J]. Journal of tea communication, 2000(1): 35-38 (in Chinese).
- [7] 孙海新, 刘训理. 茶树根际微生物研究 [J]. 生态学报, 2004(7): 1353-1357. SUN H X, LIU X L. Microbes studies of tea rhizosphere [J]. Acta ecologica sinica, 2004(7): 1353-1357 (in Chinese with English abstract).
- [8] 韦持章, 农玉琴, 陈远权, 等. 茶树/大豆间作对根际土壤微生物群落及酶活性的影响 [J]. 西北农业学报, 2018, 27(4): 537-544. WEI C Z, NONG Y Q, CHEN Y Q, et al. Effects of tea and soybean intercropping on soil microbial community and enzyme activity [J]. Acta agriculturae boreali-occidentalis sinica, 2018, 27(4): 537-544 (in Chinese with English abstract).
- [9] 邱业先, 汪金莲, 陈宏伟. 土壤细菌、放线菌、真菌产脲酶动力学特性比较研究 [J]. 江苏农业科学, 2007(1): 184-186. QIU Y X, WANG J L, CHEN H W. Comparative study on the dynamic characteristics of urease production by soil bacteria, actinomycetes and fungi [J]. Jiangsu agricultural sciences, 2007(1): 184-186 (in Chinese).
- [10] 周才碧, 陈文品. 茶园土壤微生物的研究进展 [J]. 中国茶叶, 2014, 36(3): 14-15. ZHOU C B, CHEN W P. Research progress of soil microorganisms in tea garden [J]. China tea, 2014, 36(3): 14-15 (in Chinese).
- [11] 孙波, 廖红, 苏彦华, 等. 土壤—根系—微生物系统中影响氮磷利用的一些关键协同机制的研究进展 [J]. 土壤, 2015, 47(2): 210-219. SUN B, LIAO H, SU Y H, et al. Advances in key coordinative mechanisms in soil-root-microbe systems to affect nitrogen and phosphorus utilization [J]. Soils, 2015, 47(2): 210-219 (in Chinese with English abstract).
- [12] 张世缘. 土壤微生物在促进植物生长方面的作用 [J]. 生物化工, 2017, 3(1): 54-56. ZHANG S Y. The role of soil microbes in promoting plant growth [J]. Biological chemical engineering, 2017, 3(1): 54-56 (in Chinese with English abstract).
- [13] 田甜, 韦锦坚, 陈远权, 等. 茶树的铝、硒、钙营养及互作研究综述 [J]. 江苏农业科学, 2016, 44(12): 29-33. TIAN T, WEI J J, CHEN Y Q, et al. A review on the nutrition and interaction of aluminum, selenium and calcium in tea plants [J]. Jiangsu agricultural science, 2016, 44(12): 29-33 (in Chinese).
- [14] 莫雪, 胡伊然, 刘慧龙, 等. 贵州山地茶园土壤酸化潜在风险及防控措施 [J]. 耕作与栽培, 2016(4): 56-59. MO X, HU Y, LIU H, et al. Study on potential risk and prevention and control measures on soil over-acidification at tea plantation in mountainous tea garden of Guizhou [J]. Tillage and cultivation, 2016(4): 56-59 (in Chinese with English abstract).
- [15] 罗勇, 吴江, 陈健. 茶树主要病害症状识别与防治 [J]. 植物医生, 2010, 23(1): 17. LUO Y, WU J, CHEN J. Identification and control of main disease symptoms of tea plant [J]. Plant doctor, 2010, 23(1): 17 (in Chinese).
- [16] 张强, 杨云祥, 唐方圆, 等. 茶树主要病害及防治措施研究 [J]. 中国农业信息, 2015(12): 80-81. ZHANG Q, YANG Y X, TANG F Y, et al. Study on the main diseases of tea and their control measures [J]. China agricultural informatics, 2015(12): 80-81 (in Chinese).
- [17] 戚利潮, 张叶大. 茶树主要病害及其防治 [J]. 茶叶, 2016, 42(1): 10-12. QI L C, ZHANG Y D. Major tea plant diseases and their control [J]. Journal of tea, 2016, 42(1): 10-12 (in Chinese with English abstract).
- [18] 胡淑霞. 茶树益微对几种茶树害菌的抑制研究 [J]. 中国农学通报, 1997(2): 27-29. HU S X. Studies on tea beneficial microbe for controlling tea pathogens [J]. Chinese agricultural science bulletin, 1997(2): 27-29 (in Chinese with English abstract).
- [19] 张敏星, 张灵枝, 周游, 等. 茶树内生菌的分离和纯化 [J]. 中国茶叶, 2011, 33(12): 12-13. ZHANG M X, ZHANG L Z, ZHOU Y, et al. Isolation and purification of endophytic bacteria from tea plants [J]. China tea, 2011, 33(12): 12-13 (in Chinese).
- [20] 陈晖奇. 茶树内生真菌的初步研究 [D]. 福州: 福建师范大学, 2007. CHEN H Q. A preliminary study on endophytic fungi in tea plant (*Camellia sinensis*) [D]. Fuzhou: Fujian Normal University, 2007 (in Chinese with English abstract).
- [21] 张婉婷, 张灵枝. 茶树内生真菌的分离条件 [J]. 广东农业科学, 2011, 38(13): 26-28. ZHANG W T, ZHANG L Z. Isolation con-

- ditions of endophytic fungi from tea plant [J]. *Guangdong agricultural sciences*, 2011, 38(13): 26-28 (in Chinese with English abstract).
- [22] 游见明. 茶树中内生菌的动态分布 [J]. *广西植物*, 2008(1): 82-85. YOU J M. Dynamic distributes of endophytic fungi from *Camellia sinensis* [J]. *Guihaia*, 2008(1): 82-85 (in Chinese with English abstract).
- [23] 卢东升, 王金平, 吴小芹, 等. 茶树内生真菌的种类及分布 [J]. *河南农业科学*, 2007(10): 54-56, 80. LU D S, WANG J P, WU X Q, et al. The species and distribution of endophytic fungi in tea trees [J]. *Journal of Henan agricultural sciences*, 2007(10): 54-56, 80 (in Chinese with English abstract).
- [24] 曾秀丽, 王志, 罗利, 等. 茶树内生草螺菌 ZXN111 生长素合成及其对云抗-10 号植物的促生功能 [J]. *微生物学报*, 2020, 60(10): 2198-2210. ZENG X L, WANG Z, LUO L, et al. Auxin synthesis in tea plant endophytic *Herbaspirillum* sp. ZXN111 and the plant growth promotion on Yunkang-10 [J]. *Acta microbiologica sinica*, 2020, 60(10): 2198-2210 (in Chinese with English abstract).
- [25] 常慢慢. 茶树内生菌参与茶氨酸合成代谢研究 [D]. 合肥: 安徽农业大学, 2019. CHANG M M. Endophytic bacteria as contributors to theanine production in *Camellia sinensis* [D]. Hefei: Anhui Agricultural University, 2019 (in Chinese with English abstract).
- [26] 武平安. 茶树耐铝内生菌青霉的耐铝特性研究 [D]. 合肥: 安徽农业大学, 2020. WU P A. Mechanism of aluminum tolerance of endophytic aluminum-tolerance *Penicillium* in tea plant [D]. Hefei: Anhui Agricultural University, 2020 (in Chinese with English abstract).
- [27] 张汉鹄, 韩宝瑜, 章正和, 等. 茶树益微对茶树生长发育和茶叶产量的影响 [J]. *茶叶科学*, 1995(1): 15-22. ZHANG H G, HAN B Y, ZHANG Z H, et al. Effect of tea beneficial microbe on the development and the yield of tea plants [J]. *Journal of tea science*, 1995(1): 15-22 (in Chinese with English abstract).
- [28] 李巨. EM 有机肥茶园应用效果研究 [J]. *信阳农林学院学报*, 2008(1): 113-115. LI J. Studies on the application of EM fertilizer in tea gardens [J]. *Journal of Xinyang Agriculture and Forestry*, 2008(1): 113-115 (in Chinese with English abstract).
- [29] 章顺成, 武平安, 李静, 等. 茶树根系耐铝内生真菌的筛选鉴定 [J]. *安徽农业大学学报*, 2021, 48(5): 744-749. ZHANG S C, WU P A, LI J, et al. Screening and identification of aluminum-tolerant endophytic fungi in tea plant roots [J]. *Journal of Anhui Agricultural University*, 2021, 48(5): 744-749 (in Chinese with English abstract).
- [30] 赵希俊. 内生细菌提高茶树耐铝毒特性的调控效应 [D]. 福州: 福建农林大学, 2014. ZHAO X J. Regulation effects of endophytic bacteria on aluminum-resistant improvement of tea tree [D]. Fuzhou: Fujian Agriculture and Forestry University, 2014 (in Chinese with English abstract).
- [31] CHEN G J, XIE M H, WAN P, et al. Digestion under saliva, simulated gastric and small intestinal conditions and fermentation *in vitro* by human intestinal microbiota of polysaccharides from Fuzhuan brick tea [J]. *Food chemistry*, 2018, 244: 331-339.
- [32] GAO X Y, XIE Q H, KONG P, et al. Polyphenol- and caffeine-rich postfermented pu-erh tea improves diet-induced metabolic syndrome by remodeling intestinal homeostasis in mice [J/OL]. *Infection and immunity*, 2018, 86(1): e00601-17 [2022-05-26]. <https://doi.org/10.1128/IAI.00601-17>.
- [33] 张阳, 赵树欣, 梁慧珍, 等. 普洱茶发酵过程中真菌群落结构的变化分析 [J]. *中国酿造*, 2012, 31(1): 122-125. ZHANG Y, ZHAO S X, LIANG H Z, et al. Changes of fungal community in Puer tea fermentation [J]. *China brewing*, 2012, 31(1): 122-125 (in Chinese with English abstract).
- [34] 杨晓苹, 罗剑飞, 刘昕, 等. 普洱茶固态发酵过程中微生物群落结构及变化 [J]. *食品科学*, 2013, 34(19): 142-147. YANG X P, LUO J F, LIU X, et al. Microbial community structure and change during solid fermentation of Pu-erh tea [J]. *Food science*, 2013, 34(19): 142-147 (in Chinese with English abstract).
- [35] 方欣, 骆爱国, 涂青, 等. 普洱茶(熟茶)发酵过程各层间真菌群落的动态变化 [J]. *食品科技*, 2019, 44(5): 37-42. FANG X, LUO A G, TU Q, et al. Fungal community dynamic change in different layers of solid-state fermentation of Pu-erh ripe tea [J]. *Food science and technology*, 2019, 44(5): 37-42 (in Chinese with English abstract).
- [36] 张欣, 姚粟, 白飞荣, 等. 基于高通量测序和可培养方法的勐海发酵普洱茶细菌多样性分析 [J]. *食品与发酵工业*, 2018, 44(9): 15-21. ZHANG X, YAO S, BAI F R, et al. Analysis on bacterial diversity in Menghai fermented Pu-erh tea by high throughput sequencing and culture method [J]. *Food and fermentation industries*, 2018, 44(9): 15-21 (in Chinese with English abstract).
- [37] 白飞荣, 姚粟, 田海霞, 等. 基于高通量测序和可培养方法的勐海发酵普洱茶真菌多样性分析 [J]. *食品与发酵工业*, 2018, 44(12): 43-51. BAI F R, YAO S, TIAN H X, et al. Fungal diversity in fermented Menghai Pu-erh tea using high throughput sequencing and culture isolation [J]. *Food and fermentation industries*, 2018, 44(12): 43-51 (in Chinese with English abstract).
- [38] ZHAO M, ZHANG D L, SU X Q, et al. An integrated metagenomics/metaproteomics investigation of the microbial communities and enzymes in solid-state fermentation of Pu-erh tea [J]. *Scientific reports*, 2015, 5(1): 1-10.
- [39] LI Z, FENG C, LUO X, et al. Revealing the influence of microbiota on the quality of Pu-erh tea during fermentation process by shotgun metagenomic and metabolomic analysis [J]. *Food microbiology*, 2018, 76: 405-415.
- [40] LI J, WU J, XU N, et al. Dynamic evolution and correlation between microorganisms and metabolites during manufacturing process and storage of Pu-erh tea [J/OL]. *LWT*, 2022: 113128 [2022-05-26]. <https://doi.org/10.3390/metabo11100703>.
- [41] XU A, WANG Y, WEN J, et al. Fungal community associated with fermentation and storage of Fuzhuan brick-tea [J]. *International journal of food microbiology*, 2011, 146(1): 14-22.
- [42] XIA F, HU S, ZHENG X, et al. New insights into metabolomics profile generation in fermented tea: the relevance of bacteria and metabolites in Fuzhuan brick tea [J]. *Journal of the science of food and agriculture*, 2022, 102(1): 350-359.
- [43] LI Q, LI Y, LUO Y, et al. Shifts in diversity and function of the bacterial community during the manufacture of Fu brick tea [J]. *Food microbiology*, 2019, 80: 70-76.
- [44] LI Q, HUANG J, LI Y, et al. Fungal community succession and major components change during manufacturing process of Fu brick tea [J]. *Scientific reports*, 2017, 7(1): 1-9.
- [45] RUI Y, WAN P, CHEN G, et al. Analysis of bacterial and fungal communities by Illumina MiSeq platforms and characterization of

- Aspergillus cristatus* in Fuzhuan brick tea [J].LWT, 2019, 110: 168-174.
- [46] LI Q, CHAI S, LI Y, et al. Biochemical components associated with microbial community shift during the pile-fermentation of primary dark tea [J/OL]. Frontiers in microbiology, 2018, 9: 1509[2022-05-26].<https://doi.org/10.3389/fmicb.2018.01509>.
- [47] WANG J, ZHANG J, CHEN Y, et al. The relationship between microbial dynamics and dominant chemical components during Liupao tea processing [J/OL]. Food bioscience, 2021, 43: 101315 [2022-05-26].<https://doi.org/10.1016/j.fbio.2021.101315>.
- [48] HU S, HE C, LI Y C, et al. Changes of fungal community and non-volatile metabolites during pile-fermentation of dark green tea [J/OL]. Food research international, 2021, 147: 110472 [2022-05-26].<https://doi.org/10.1016/j.foodres.2021.110472>.
- [49] 徐倩. 青砖茶渥堆过程中优势耐热菌对茶叶品质的影响 [D]. 合肥: 安徽农业大学, 2018. XU Q. Effects of dominant thermophilic microorganisms on pile-fermentation processing of Qingzhuang brick tea [D]. Hefei: Anhui Agricultural University, 2018 (in Chinese with English abstract).
- [50] HUBKA V, KOLARĚK M, KUBÁTOVÁ A, et al. Taxonomic revision of *Eurotium* and transfer of species to *Aspergillus* [J]. Mycologia, 2013, 105(4): 912-937.
- [51] TAN Y, WANG Y, GE Y, et al. Isolation and molecular identification of *Aspergillus cristatus* in fermented fuzhuan brick tea from Guizhou Province [J]. Mycosystem, 2017, 36(2): 154-163.
- [52] GE Y, WANG Y, LIU Y. Two species of *Aspergillus* forming yellow cleistothecia popularly known as “golden flower” in dark brick tea of China [J]. Mycosystema, 2015, 34(2): 186-195.
- [53] MAO Y, WEI B, TENG J, et al. Analyses of fungal community by Illumina MiSeq platforms and characterization of *Eurotium* species on Liupao tea, a distinctive post-fermented tea from China [J]. Food research international, 2017, 99: 641-649.
- [54] 张丹丹, 王佳佳, 朱雯, 等. 青砖茶渥堆发酵中微生物的变化 [J]. 食品科学, 2019, 40(6): 166-172. ZHANG D D, WANG J J, ZHU W, et al. Changes of microbial community during pile fermentation of Qingzhuang tea [J]. Food science, 2019, 40(6): 166-172 (in Chinese with English abstract).
- [55] 傅海平, 张亚莲, 胡孟阳, 等. 微生物在茶业中的研究与应用现状 [J]. 茶叶通讯, 2007(4): 18-20. FU H P, ZHANG Y L, HU M Y, et al. Study and application of microorganism in tea industry [J]. Journal of tea communication, 2007(4): 18-20 (in Chinese with English abstract).
- [56] 刘菲, 孙威江, 黄艳, 等. 人工接种冠突散囊菌对白茶主要呈味物质的影响 [J]. 菌物学报, 2016, 35(8): 975-983. LIU F, SUN W J, HUANG Y, et al. Changes of taste components during white tea fermentation by means of inoculation of *Eurotium cristatum* [J]. Mycosystema, 2016, 35(8): 975-983 (in Chinese with English abstract).
- [57] 涂政. 菌花香型绿茶饮料的制备及研究 [D]. 南京: 南京农业大学, 2018. TU Z. Preparation and study of flower floral green tea beverage [D]. Nanjing: Nanjing Agricultural University, 2018 (in Chinese with English abstract).
- [58] 王洁琛, 陈志周, 王颖, 等. 红茶菌中醋酸菌和酵母菌的分离鉴定及其相互作用 [J]. 中国酿造, 2020, 39(3): 126-130. WANG J C, CHEN Z Z, WANG Y, et al. Isolation, identification and interaction of acetic acid bacteria and yeast in kombucha [J]. China brewing, 2020, 39(3): 126-130 (in Chinese with English abstract).
- [59] 黎琪, 王晴, 檀馨悦, 等. 利用扩增子测序技术分析不同红茶菌中微生物多样性 [J]. 食品与发酵工业, 2021, 47(18): 267-274. LI Q, WANG Q, TAN X Y, et al. analysis of microbial diversity from different kombucha using amplicon sequencing [J]. Food and fermentation industries, 2021, 47(18): 267-274 (in Chinese with English abstract).
- [60] REINHOLDS I, BOGDANOVA E, PUGAJEVA I, et al. Determination of fungi and multi-class mycotoxins in *Camellia sinensis* and herbal teas and dietary exposure assessment [J/OL]. Toxins, 2020, 12(9): 555 [2022-05-26]. <https://doi.org/10.3390/toxins12090555>.
- [61] EL-SHAFIE A E, AL-LAWATIA T, AL-BAHRY S. Fungi associated with black tea and tea quality in the Sultanate of Oman [J]. Mycopathologia, 1999, 145(2): 89-93.
- [62] ŘEZAČOVÁ V, KUBÁTOVÁ A. Saprobic microfungi in tea based on *Camellia sinensis* and on other dried herbs [J]. Czech mycology, 2005, 57(1/2): 79-89.
- [63] CARRATURO F, DE CASTRO O, TROISI J, et al. Comparative assessment of the quality of commercial black and green tea using microbiology analyses [J]. BMC microbiology, 2018, 18(1): 1-12.
- [64] TONG W, YU J, WU Q, et al. Black tea quality is highly affected during processing by its leaf surface microbiome [J]. Journal of agricultural and food chemistry, 2021, 69(25): 7115-7126.
- [65] ZHANG Y J, SKAAR I, SULYOK M, et al. The microbiome and metabolites in fermented Pu-erh tea as revealed by high-throughput sequencing and quantitative multiplex metabolite analysis [J/OL]. PLoS One, 2016, 11(6): e0157847 [2022-05-26]. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0157847>.
- [66] HAAS D, PFEIFER B, REITERICH C, et al. Identification and quantification of fungi and mycotoxins from Pu-erh tea [J]. International journal of food microbiology, 2013, 166(2): 316-322.
- [67] ZHAO Z J, LOU Y G, SHUI Y C, et al. Ochratoxigenic fungi in post-fermented tea and inhibitory activities of *Bacillus spp.* from post-fermented tea on ochratoxigenic fungi [J/OL]. Food control, 2021, 126: 108050 [2022-05-26]. <https://doi.org/10.1016/j.foodcont.2021.108050>.
- [68] LI J, XU R, ZONG L X, et al. Dynamic evolution and correlation between metabolites and microorganisms during manufacturing process and storage of Fu Brick Tea [J/OL]. Metabolites, 2021, 11(10): 703 [2022-05-26]. <https://doi.org/10.3390/metabo11100703>.
- [69] WANG H F, TAO M, ZHANG H, et al. The mechanism on decreasing the microbiological contamination of superfine green tea powder by ball milling [J/OL]. LWT, 2020, 134: 109966 [2022-05-26]. <https://doi.org/10.1016/j.lwt.2020.109966>.
- [70] 管飘萍, MUNKHBAYAR E, 黄紫贝, 等. 茶叶中23株真菌的分离鉴定 [J]. 江苏农业科学, 2020, 48(16): 285-286, 288-290. GUAN P P, MUNKHBAYAR E, HUANG Z B, et al. Isolation and identification of 23 fungi in tea [J]. Jiangsu agricultural sciences, 2020, 48(16): 285-286, 288-290 (in Chinese).
- [71] 洪永聪, 辛伟, 来玉宾, 等. 茶树内生防病和农药降解菌的分离 [J]. 茶叶科学, 2005(3): 183-188. HONG Y C, XIN W, LAI Y B, et al. Isolation of endophytic antifungal and pesticide degrading bacteria from tea plant [J]. Journal of tea science, 2005(3): 183-188 (in Chinese with English abstract).

- [72] 王兆守,林淦,尤民生,等.茶叶上拟除虫菊酯类农药降解菌的分离及其特性[J].生态学报,2005(7):1824-1827.WANG Z S, LIN G, YOU M S, et al. Isolation and character of synthetic pyrethroid insecticides-degrading bacteria from tea leaves [J]. Acta ecologica sinica, 2005(7):1824-1827 (in Chinese with English abstract).
- [73] 董坤,熊辛宇,蓝增全.普洱茶发酵过程中微生物类群分析[J].现代农业科技,2009(1):164-165.DONG K, XIONG X Y, LAN Z Q. Analysis of microbial groups during Pu'er tea fermentation [J]. Modern agricultural science and technology, 2009(1):164-165 (in Chinese).
- [74] 肖平.酸茶微生物菌系分离与鉴定及茶酒发酵技术研究[D].武汉:华中农业大学,2012.XIAO P. Studies on isolation and identification of predominant microbes from acid tea and fermentation technology of tea wine [D]. Wuhan: Huazhong Agricultural University, 2012 (in Chinese with English abstract).
- [75] 赵倩楠.发酵普洱茶中微生物区系综述[J].农产品加工(学刊),2012(1):95-96.ZHAO Q N. A review of fermentation of tea in the microbiota [J]. Academic periodical of farm products processing, 2012(1):95-96 (in Chinese with English abstract).
- [76] 路伟尧,吕杰,严亮,等.普洱茶区空气微生物的群落结构及生态分布[J].北京化工大学学报(自然科学版),2013,40(4):103-108.LU W Y, LÜ J, YAN L, et al. Community structure and ecological distribution of airborne microorganisms in the Pu'er tea growing environment [J]. Journal of Beijing University of Chemical Technology (natural science edition), 2013, 40(4):103-108 (in Chinese with English abstract).
- [77] 高晓余,严亮,赵艳,等.微生物多样性与普洱茶品质关系研究进展[J].广东农业科学,2014,41(22):13-17.GAO X Y, YAN L, ZHAO Y, et al. Advance in relationship between microbial diversity and Pu'er tea quality [J]. Guangdong agricultural sciences, 2014, 41(22):13-17 (in Chinese with English abstract).
- [78] 冯玲然,王强,罗玮,等.普洱茶中功能性微生物的筛选及其对普洱茶感官品质的影响[J].生物加工过程,2015,13(2):93-97,102.FENG L R, WANG Q, LUO W, et al. Screening of functional microbes from Pu-erh tea and their effects on the sensory quality of Pu-erh tea [J]. Chinese journal of bioprocess engineering, 2015, 13(2):93-97, 102 (in Chinese with English abstract).
- [79] 王辉,李亚莉,苏丹,等.宏基因组学在普洱茶微生物研究中的应用[J].食品安全质量检测学报,2015,6(6):2195-2200.WANG H, LI Y L, SU D, et al. Application of metagenomics in microbial research of Pu-erh tea [J]. Journal of food safety & quality, 2015, 6(6):2195-2200 (in Chinese with English abstract).
- [80] 傅锦坚.微生物酶法生产茶氨酸的研究[D].广州:广东药科大学,2009.FU J J. Study on production of theanine by microbial enzymatic method [D]. Guangzhou: Guangdong pharmaceutical university, 2009 (in Chinese with English abstract).

Situation and prospect of studying tea microorganisms

HUANG Youyi, FANG Xin, SUI Mengyuan, JIANG Guangxian,
XIAO Jingyi, WANG Wenfeng, NING Yaoyao

College of Horticulture and Forestry Sciences, Huazhong Agricultural University, Wuhan 430070, China

Abstract Microorganisms have always been used in the tea industry and have a positive effect on the development of the tea industry. This article reviewed the effects of the rhizosphere microorganisms, pathogenic microorganisms, endophytes, beneficial fertilizer microorganisms and anti-stress microorganisms in tea tree on the soil in tea garden, the growth and diseases of tea tree to better promote the development of microorganisms in the tea industry. The structure and dynamic changes of microbial community during the processing of dark tea and other teas, and the progress of tea sanitary microorganisms were summarized. It is proposed that the direction for studying tea microorganisms should be established, and the basic research and application research of tea microorganisms should be increased. The integration of tea microbiology and tea science, and the utilization and value-added of tea resources should be enhanced to better promote the healthy development of tea industry in China.

Keywords tea; tea garden microorganisms; processing microorganisms; sanitary microorganisms; microbial community structure

(责任编辑:张志钰)