文章编号：1674－2869(2025)04－0405－08

茶树微生物资源研究进展

尹 璇，郑宁国，葛超荣，姚槐应*
武汉工程大学环境生态与生物工程学院，湖北 武汉 430205

摘 要：茶树作为世界上最重要的经济作物之一，其品质依赖于微生物组的生态功能，微生物在茶树生长发育、抗病抗逆和品质提高等方面发挥着重要作用。随着微生物组学技术的发展，茶树相关微生物资源的研究日益受到关注。本文系统综述了茶树微生物资源的研究进展，阐述了全球茶树资源的生态分布特征；茶树叶际、内生和根际三大生境的微生物群落组成与功能特异性；以及茶树生防菌在茶树病虫害绿色防控中的应用，旨在为茶树微生物资源深入挖掘和开发利用提供参考。未来的研究应着力于解析微生物组与茶树互作的分子机制；加强建立茶树优良功能菌种的筛选、评价和应用体系；推进茶树微生物资源的产业化应用；开发基于微生物组调控的栽培模式，推动茶树微生物研究进入新的发展阶段，为茶产业的高质量发展提供新的科技支撑。

关键词：茶；多样性；微生物组；微生物资源利用
中图分类号：S571.1 **文献标识码**：A **DOI**：10.19843/j.cnki.CN42-1779/TQ.202504022

Research progress in microbial resources of tea plants

YIN Xuan, *ZHENG Ningguo*, *GE Chaorong*, *YAO Huaiying**
School of Environmental Ecology and Biological Engineering, Wuhan Institute of Technology, Wuhan 430205, China

Abstract: As one of the most economically significant crops in the world, tea's quality relies heavily on the ecological functions of its associated microbiome. Microbial communities play crucial roles in various aspects of tea cultivation, including plant growth and development, disease and stress resistance, and quality enhancement. To provide valuable references for further exploration and utilization of tea-associated microbial resources, this review systematically summarizes recent advances in tea plant microbial research, including: (1) ecological distribution characteristics of tea-associated microbial resources worldwide; (2) composition and functional specificity of microbial communities in three key habitats-the phyllosphere, endosphere, and rhizosphere of tea plants; and (3) application of biocontrol microorganisms in green pest management for tea cultivation. Future research should focus on elucidating the molecular mechanisms underlying plant-microbiome interactions, establishing comprehensive systems for screening and evaluating beneficial microbial strains, promoting industrial applications of tea-associated microorganisms, and developing microbiome-based cultivation strategies. These advancements will propel tea microbiome research into a new phase while providing scientific and technological support for high-quality development of the tea industry.

Keywords: tea; diversity; microbiome; utilization of microbial resources

人们的日常生活离不开茶，因而，茶树(*Camellia sinensis*)是世界上最重要的经济作物之一。随着人们对生活品质追求的提升，对茶叶品质需求也随之提高，这对茶园管理与茶叶加工工艺等方面提出了更高的标准。研究表明，茶叶品质受多重因素调控，主要包括品种特性、树龄差异

收稿日期：2025-04-26
基金项目：国家自然科学基金(42207157)；湖北省高等学校优秀中青年科技创新团队计划项目(T2023008)
作者简介：尹 璇，硕士研究生。Email：208268773@qq.com
***通信作者**：姚槐应，博士，教授。Email：hyyao@iue.ac.cn
引文格式：尹璇，郑宁国，葛超荣，等. 茶树微生物资源研究进展[J]. 武汉工程大学学报，2025，47(4)：405-412.

及茶树生长的生态环境等关键因素[1-3]。其中，茶树相关微生物（包括叶际、内生及根际微生物）作为生态环境因素的重要组成部分，不仅直接参与茶树生长发育调控，更通过影响茶多酚、氨基酸等风味物质的合成代谢，显著改善茶叶的口感、香气等感官品质和其营养基质[4]。然而，茶树资源面临着品种单一化、病虫害加剧和生态环境恶化等挑战。可通过优化茶树微生物群落结构，提高茶树对病虫害的抵抗力，从而减少化学农药的使用，降低茶叶生产成本，提高其市场竞争力[4]。因此，开发和利用茶树微生物资源，对于茶产业的可持续发展具有重要意义。本文介绍了茶树资源现状，综述了茶树叶际微生物、内生微生物、根际微生物、茶树生防菌开发利用研究现状，以期为茶树种植管理、品种开发以及茶叶品质提升提供理论和实践指导。

1 茶树资源现状

茶是全世界消费最广泛的非酒精饮料，在亚洲、非洲和南美等50多个国家广泛种植。2023年，世界茶叶种植面积达到510万 hm^2，比2010年增加126万 hm^2，复合年增长率为2.7%；世界茶叶产量达到640万t，比2010年增加181万t，复合年增长率为3.3%[5]。中国是世界上最早栽培茶树的国家，茶树资源丰富，也是茶树种植面积最大，茶叶产量第一大的国家。《中国茶叶行业市场前景及投资机会研究报告》显示2023年全国茶园面积343.3万 hm^2，同比增加10.3万 hm^2，增幅3.09%；且2023年中国茶叶产量已达到355万t，比2022年增长21万t，同比增长6.2%[6]。

茶叶生产早已成为各主产茶区的支柱产业，同时也是部分地区脱贫致富的重要农业生产活动。然而，在茶叶产业快速发展的过程中，也暴露出了一些不容忽视的问题。其中最为严重的问题包括盲目使用化肥导致了茶园土壤的退化，以及高剂量化学农药施用导致的茶叶农药残留日益严重，这严重威胁茶叶质量和消费者的健康[7]。有研究指出，茶园采摘约20年后，其经济效益会明显下降，这主要是因为茶树根际土壤质量逐渐恶化；茶园管理中大量施用化肥导致土壤酸化加剧，从而导致土壤pH随茶园年限的增加而逐渐降低；此外，土壤养分利用受到限制，进一步加剧了茶园经济效益的下降[8]。在荒地种植茶树后，土壤微生物量碳和酶活性显著增加，但随着茶园年限的增加，这种增加趋势表现出先增后减的特点[9]。茶园面临土壤酸化、板结、养分流失等问题，茶树生态环境遭受破坏，尤其是土壤微生态的失衡，这可能威胁茶树资源。因此，茶树资源的保护和可持续开发利用面临愈发严峻的挑战。

人为茶园管理可以显著提高茶叶的产量，但随着全球变化和土壤质量下降会影响茶叶产量和品质。茶树物种迁移、演化过程中保留的珍贵茶树种质资源及其伴生的茶树微生物资源是实现茶产业可持续发展的重要保障。茶树微生物资源丰富，按不同部位可分为叶际、内生和根际微生物组，且茶树微生物的组装受多种因素的影响，其中的益生菌具有生物防治和促进茶树生长的功能（图1）。我国作为世界上茶树种质资源基因库最为丰富的国家，根据《中国古茶树资源状况白皮书（2024）》显示，我国共有古茶树5万多株，主要分布在云南、贵州、广西、重庆、四川等地，科学保护和利用好我国古茶树资源具有重要意义[10]。

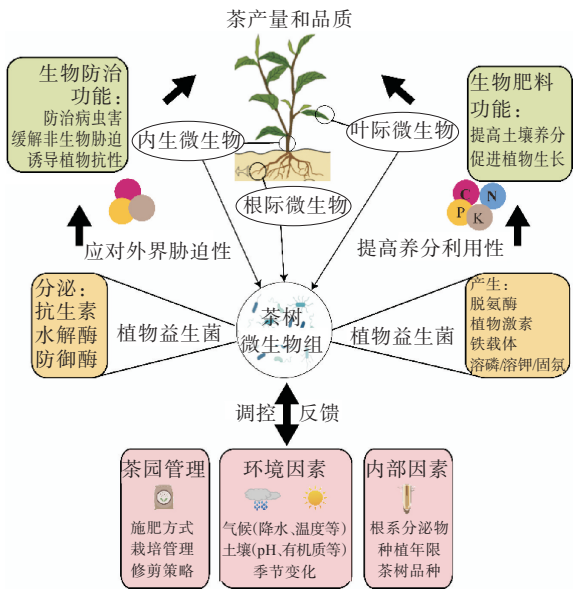

图1 茶树微生物的影响因素和功能

Fig. 1 Influencing factors and functions of microorganisms in tea plants

2 茶树叶际微生物组

2.1 叶际微生物多样性

植物叶际微生物作为植物微生物组的重要组成部分之一，在促进植物生长、增强抗逆性保护植物免受生物和非生物胁迫、维持植物健康以及参与碳氮循环等生理过程起到重要作用[11]。研究表明，茶树叶际微生物群落以变形菌门、拟杆菌门和放线菌门等为主要优势菌门；在属水平上，土壤杆菌属、伯克氏菌属和棒状杆菌属等为主要优势菌属[12]。不同茶树品种间叶际微生物群落结构存在差异，

Ding等[13]对比研究发现，龙井43和中茶108两个品种的叶际真菌组成不同，其中，且链格孢属、枝孢菌属、亚隔孢壳属是茶树叶际共有的优势真菌属。此外，茶树叶际微生物群落结构有季节性差异，春季茶叶中放线菌门、厚壁菌门和绿弯菌门丰度及多样性显著高于秋季[12]；在叶片发育过程中，黄杆菌目、乳酸菌目和棒状菌目等细菌类群丰度随着芽叶发育逐渐降低，而糙孢菌目、虫囊菌目和被孢霉目等真菌类群丰度呈现相反的增长趋势[14]。

2.2　叶际微生物功能

茶树叶际微生物作为其微生物生态系统的重要组成部分，不仅参与茶树的生长发育调节，而且在维持茶树健康、抵御病原菌入侵以及影响茶叶品质形成等方面发挥着一定作用。随着高通量测序等现代分子生物学技术的广泛应用，茶树叶际微生物的群落结构、功能特性及代谢机制得到了深入探索，这些研究不仅揭示了茶树叶面微生物的高度多样性和复杂的生态功能，还为绿色防控茶树病害、增强茶叶品质提升风味及促进茶树健康栽培提供了新的理论依据和技术方法。例如，Xu等[15]研究发现，茶树叶际微生物群落结构与茶叶氨基酸含量密切相关，其中，鞘氨醇单胞菌、草螺菌、马赛菌等关键核心菌群通过弱化病原菌关键毒力基因的表达来维持茶树的叶际微生态平衡，保护茶树免受病原菌的侵害；此外，茶树叶际微生物的时序性代谢响应机制能够持续抑制病原真菌的定殖与繁殖，进一步保护茶树健康[14]。而且，茶树叶际微生物的代谢活动与茶叶次生代谢产物间存在动态的相互关系。茶碱（theophyline，TP）和表没食子儿茶素没食子酸酯（epigallocatechin gallate，EGCG）作为茶树叶芽发育早期和晚期中的特征性代谢物，是调控叶际微生物群落组装的主要驱动力。这些代谢物通过选择性地影响微生物的生长和繁殖，进而调节微生物群落的稳态并增强其对病原真菌的抵抗力[16-17]。例如，黄杆菌属和肉豆蔻属是芽发育早期的微生物响应者优势菌群，而副拟杆菌属和被孢霉属则是在发育晚期EGCG富集阶段占主导地位。这些微生物能在茶树叶片上能够形成一层保护膜，有效防止病原菌的侵染。上述发现不仅深化了植物与微生物之间的互作机制的理解，也为茶树病害的生物防治提供了新的理论依据和实践指导。

3　茶树内生微生物组

3.1　内生微生物多样性

植物内生菌指是一定阶段或全部阶段生活于健康植物的组织和器官内部且不导致宿主出现病症的真菌或细菌[18]。茶树作为多年生木本植物，早已经形成了稳定且类型丰富的内生微生物群落，但不同茶树品种间内生菌的种类和数量存在显著差异，汪立群等[19]分离对比了云抗10号和紫鹃两类茶树品种中内生菌多样性，发现云抗10号可培养内生菌多样性高于紫鹃。同一茶树品种的不同组织部位内生菌类群也不一样，游见明等[20]分别从茶树叶、茎、根中分离出14属143种内生菌，其中叶中优势菌为链格孢属，茎中优势菌为木霉属，根中优势菌为镰刀菌属。大量研究表明，茶树内生微生物在门水平上组成基本一致，内生细菌主要包括变形菌门、厚壁菌门和拟杆菌门和放线菌门[21]；内生真菌主要包括子囊菌门、担子菌门、半知菌门和毛霉门[22]。

茶树内生微生物群落多样性和组成受到多种因素的影响，会随着地理环境、季节、树龄的变化而显著变化，例如，茶树嫩叶中内生菌数量和种类远高于老叶和茶芽[23]，不同树龄的茶树不同生态位内生真菌差异显著[24]。农业管理措施也会改变茶树内生微生物种类，Win等[25]研究发现农药导致茶树内生真菌群落结构改变，特别是树皮和木质部组织；其中近暗球腔菌和茎点霉分别在无农药处理和农药处理的茶树木质部中占主导地位。

3.2　内生微生物功能

内生微生物凭借其与植物宿主稳定的共生环境，已被证实可以改善植物健康状态，调节植物生长发育，抑制植物病害发生，并且在促进植物次级代谢方面发挥重要作用。因此，内生微生物成为生物防治领域中极具潜力的微生物农药，同时也为提高作物产量提供潜在的可持续解决方案[26]。茶树内生菌能促进茶树生长，其中，泡囊型丛枝（vesicular-arbuscular mycorrhiza，VA）菌根作为一种广泛分布的茶树内生菌，能有效促进茶树对养分的吸收，进而改善茶树品质[27]。VA菌根通过大量伸展菌丝进入土壤，不仅增加了茶树树根的吸收面积，而且更有利于将土壤中的有机质转化为茶树易吸收的营养成分，从而增强茶树对环境胁迫的耐受性[28]。同时，丛枝结构作为VA真菌与茶树之间进行营养交换的场所，极大地促进了茶树内部营养物质的运输，为茶树的生长代谢活动提供有力的支持[29]。茶树是Al^{3+}高富集植物，然而，过量的Al^{3+}累积会限制茶树生长及对养分的吸收。研究发现，内生菌能提高茶树的耐铝性。例如，Jiang等[30]从经过铝处理的茶树根系中分离出内

生菌，发现长野雷夫宋氏菌具有一定的耐铝能力，其耐受 Al^{3+} 质量浓度高达 200 mg/L。此外，尼尔森芽孢杆菌、冷冻短杆菌和诺卡氏菌等也被证实能促进茶树侧根生长。近几年，对茶树内生菌的防治功能研究较多，常见的茶树内生菌-芽孢杆菌属被证实对茶树软腐病、叶枯病及霜冻害等具有显著抑制效果[31]。此外，一些内生菌与茶树生长和特殊风味的形成存在密切关联。例如，一些内生菌促进了茶树中茶氨酸、儿茶素等次级代谢物的合成，从而对茶叶的品质和风味产生重要影响[32-33]。

4 茶树根际微生物组

4.1 根际微生物多样性

茶树根际微环境的稳定性是维持茶树健康生长和保障茶叶品质的关键因素。茶树根际微生物群落能通过促进营养元素转化与循环，显著提高土壤肥力水平，从而促进茶树的生长发育[34]。在茶树根际微生物中，细菌是最关键的微生物类群，其中变形菌门、绿弯菌门、酸杆菌门和厚壁菌门的细菌构成优势菌门，占比高达96%[35]。由于茶树根际土壤的pH值通常较低，导致放线菌数量相对较少[36]；而在茶树根际土壤真菌群落中，子囊菌门、担子菌门、孢霉门、罗兹菌门和单孢菌门处于主导地位，占比达90%[37-38]。

茶树根际微生物群落多样性和组成受到多种因素的影响，这些因素包括茶树的年龄、品种、根际分泌物、环境因素以及农业管理措施等。由于随着种植年限的增长，单一栽培茶树的土壤pH质会逐渐下降，进而导致微生物群落结构发生改变。研究发现，茶树根际微生物的数量会随茶树年龄增加而有所减少，同时优势菌种也会改变。许广等[39]研究发现，5年和10年生茶树根际细菌多样性高于20年生茶树，且pH、总氮、总磷和总钾是影响根际微生物群落的主要环境因素。此外，茶树根际分泌物和土壤凋落物输入的变化同样会影响根际微生物群落的多样性和结构，Xie等[40]通过高通量测序技术揭示了茶树根际分泌物中的L-茶氨酸显著改变了根际微生物群落的结构。而且，茶树主根部位的细菌数量相对较多，而侧根上的微生物多样性则相对较少[41]。不同的季节，根际微生物数量也会出现明显变化，在7-10月期间，根际微生物数量会明显增多，夏季真菌种群数量最高，而冬季细菌占优势地位[42]。长期使用无机肥料会显著减少根际微生物的多样性，而有机肥则会显著提高细菌群落以及一些益生菌的多样性[43]。修剪茶树的操作也会显著改变根际微生物群落组成，从而导致微生物多样性的下降[44]。

4.2 根际微生物功能

茶树根际微生物在茶树生长和发育中发挥着重要作用。他们能通过分泌生长刺激物质、抗生物质或毒素等，直接或间接促进茶树的生长，或者提高茶叶的品质。同时，根际微生物还有助于改善茶园根际土壤微生态环境，提高土壤的养分含量。目前，已经有不少研究报道了茶树根际微生物的种类和功能。例如，圆褐固氮菌、圆孢芽孢杆菌、霉味假单胞菌、放射根瘤菌等具有固氮作用；橘黄假单胞菌、稻根酸杆菌等具有溶磷作用[43-44]，这些作用有利于土壤中有机态养分的转化，从而增强茶树吸收养分的能力。此外，浅色珊瑚菌、头状毛孢子菌、沉积短杆菌等微生物能产生植物生长激素IAA，以此调节茶树根系数量和长度，利于茶树更好地吸收土壤营养[47]。

茶树根际微生物还能协助茶树减轻生物和非生物胁迫的影响。Fe^{2+} 是茶树生长中必需的辅因子，其缺失将会导致茶树产量和品质下降。然而，土壤中的铁元素主要以难溶性 Fe^{3+} 形式存在，茶树根际的沙地绿芽孢杆菌能将 Fe^{3+} 转化为可吸收的形式，从而缓解根际铁元素的限制问题[48]。根际微生物能通过分泌抗生素来抵抗病虫害威胁，例如，巨大芽孢杆菌产生抗菌肽防治白绢病[49]，荧光假单胞菌Pf12可合成2,4-二乙酰基间苯三酚以抵抗病原菌[50]。更为重要的，一些茶树根际微生物还能通过激活防御酶、调节基因表达以及微生物间的相互作用诱导系统抗性(induced systemic resistance，ISR)，从而增强茶树的抗病能力[37]。

5 茶树外源生防菌

茶树生长期间会面临着茶轮斑病、茶炭疽病、茶饼病和茶白星病等多种病虫害的威胁[51]。虽然化学农药因其快速见效而成为主流防治方法，但长期大量的使用已经导致病原菌耐药性增加，同时土壤和农产品中农药残留问题日益严重，已经不符合我国当前绿色环保及消费者对绿色产品的需求。相比而下，生物防治具有不易产生抗性、环境友好等的优点，开发基于生物防治原理的绿色环保、安全无残留的新型生物农药，是解决茶树土壤病害的重要的途径。目前，研究发现多种由细菌或真菌制备的菌剂可以有效拮抗茶树真菌病原。例如，木霉菌属、胶质菌属和假单胞菌属可防治茶叶灰枯病[52]；芽孢杆菌属能防治茶根腐病和

茶炭疽病[53-54]；链霉菌属则能防治茶轮斑病[55]。研究表明，生防菌的防治效果在某些情况下优于传统农药。Elango等[56]发现，利氏链霉菌、枯草芽孢杆菌和哈兹木霉等生防菌与多菌灵联合使用时，对茶树红根腐病病原菌的控制效果优于单独施用多菌灵。此外，微生物制备的杀虫剂被广泛运用在茶叶生产中，如苏云金杆菌可用于防治茶尺蠖和茶梢蛾等害虫[57]。生防菌还能改善土壤肥力、促进植株生长，具体功能见表1。

生防菌的抗菌机制主要包括竞争营养和空间、产生抗菌物质或水解酶和诱导植物抗病性[58]。例如，贝莱斯芽孢杆菌HZ-01能产生胞外裂解酶，有效抑制茶炭疽菌菌丝生长和孢子萌发[54]；高原芽孢杆菌GS-16通过提高关键防御酶活性来诱导茶树系统抗性，从而有效抑制茶炭疽病[59]。然而，茶树生防菌的应用仍面临挑战，其生防效果易受环境因素影响，田间稳定性有待提高，且其规模化生产和制剂技术也需要进一步优化。未来研究应关注生防菌与其他微生物的互作，开发复合微生物制剂，并研究生防菌施加后茶园土壤中“土著”微生物的变化，以开发更好适应茶树生境的制剂，提高防治效果。

表1　茶树益生菌功能

Table 1　The functions of tea plants’ probiotics

菌株名称	系统发育隶属关系	功能	参考文献
Pseudomonas stutzeri AB266（细菌）	γ变形菌门；假单胞菌属	溶磷、产IAA、产铁载体、产氨	[60]
Ochrobactrum anthropi AB285（细菌）	α变形菌门；生丝微菌属	溶磷、产IAA、产铁载体、产氨	[60]
Bacillus velezensis AB237（细菌）	厚壁菌门；芽孢杆菌属	溶磷、产IAA、产铁载体、产氨	[60]
Lysinibacillus fusiformis AB332（细菌）	厚壁菌门；芽孢杆菌属	溶磷、产IAA、产铁载体、产氨	[60]
Burkholderia sp. TS-1-16（细菌）	β变形菌门；伯克霍尔属	固氮作用	[61]
Talaromyces pinophilus CA5（真菌）	子囊菌门；蓝状菌属	抑制茶根腐病真菌、解磷、解钾、固氮、产IAA、产铁载体	[62]
Brevibacterium sp. A6（细菌）	放线菌门；短杆菌属	产ACC脱氨酶、生物防治、产生物表面活性剂	[47]
Serratia marcescens JW-CZ2（细菌）	γ变形菌门；沙雷氏菌属	产ACC脱氨酶、生物防治、产IAA、产铁载体、溶磷	[63]

6　展　望

综上所述，茶树微生物组研究对促进茶树生长、推动品种开发以及提升茶叶品质等方面具有重要意义。茶树微生物能诱导植株产生抗性，从而利于有效防御生物和非生物胁迫。同时，微生物参与元素循环，帮助茶树更好吸收养分，而且能产生植物生长激素，促进茶树生长发育。然而，目前仍有许多科学问题需要解决，未来研究应当重点关注以下几个方面：

（1）虽然已经明确茶树能通过改变代谢物的分泌来招募不同的益生菌，但是茶树-微生物间代谢调控的具体机制尚不清晰。因此，迫切需结合宏基因组、代谢组和转录组等多组学技术，深入阐明茶树不同生态位中微生物的多样性特征、微生物间的相互作用关系、微生物代谢途径与茶树促生和抗病机制之间的联系。明确微生物变化与茶树生长、品质提高等方面的正负相关关系，这对深入理解茶树微生物组的功能至关重要。

（2）尽管已有研究报道了不少有益茶树微生物类群，但目前现有的微生物分离方法存在一定局限性，无法分离大量的不可培养微生物。这导致一些潜在茶树益生菌无法得到有效利用。因此，建立新型高效的微生物分离培养方法，分离不可培养菌株，构建具有特色的茶树微生物种质资源库尤为重要。通过从丰富的茶树微生物资源中筛选出具有促生、抗逆和品质改良功能的菌株，保存具有重要价值的菌种资源，能够为茶树微生物资源的保护和可持续利用提供有力的保障。同时，加强对古茶树、野生茶树等稀有茶树资源的微生物组进行探索，挖掘新菌种，实现茶树微生物资源的开发、保护和持续利用提供新的契机。

茶树有益菌在促进茶树生长和抑制病虫害威胁方面发挥着重要作用，但是，目前关于茶树微生物组的实际应用方案相对较少。因此，必须加快推进茶树微生物资源的产业化应用进程，开发能促进茶树生长、提高茶叶品质和防治病虫害的微生物制剂，如茶树生防菌、生物菌肥、益生菌剂等。利用基因编辑、合成生物学等技术改造菌株或合成微生物群落，提高其稳定性、功能性和适应性，从而获得定向代谢产物，实现精准调控微生物的抑菌和促生功能。深入研究微生物群落互作和调

控技术，通过接种有益微生物或改变栽培措施来塑造健康的茶树微生物组。利用特定微生物研发富含L-茶氨酸、天冬氨酸、天冬酰胺等与茶叶鲜味高度正相关的代谢物的茶产品，满足市场对高品质茶叶的需求。同时，着力解决菌剂规模化生产和保存技术难题，建立微生物产品质量标准和应用技术规程，以此促进微生物产品在茶产业中的推广应用。

综上所述，随着研究的深入，茶树微生物资源将在提高茶叶产量和品质、促进茶产业绿色发展等方面发挥越来越重要的作用。跨学科合作和技术创新将成为推动茶树微生物研究进入新的发展阶段的关键动力，为茶产业的可持续发展提供有力支撑。

参考文献

[1] 王斌，央宗，黄世迅，等. 浅析生态环境对茶叶品质的影响[J]. 南方农业，2023，17(19)：66-69.

[2] AHMED S，GRIFFIN T S，KRANER D，et al. Environmental factors variably impact tea secondary metabolites in the context of climate change [J]. Frontiers in Plant Science，2019，10：939.

[3] WEN B，ZHANG X L，REN S，et al. Characteristics of soil nutrients，heavy metals and tea quality in different intercropping patterns [J]. Agroforestry Systems，2020，94(3)：963-974.

[4] DONG C X，LI F，YANG T Y，et al. Theanine transporters identified in tea plants (Camellia sinensis L.) [J]. The Plant Journal，2020，101(1)：57-70.

[5] JIA X L，WANG Y H，ZHANG Q，et al. Reasonable deep application of sheep manure fertilizer to alleviate soil acidification to improve tea yield and quality [J]. Frontiers in Plant Science，2023，14：1179960.

[6] 2024年中国茶产业市场前景预测研究报告[EB/OL]. (2024-04-19)[2025-04-13]. https://www.163.com/dy/article/J04J4C2705198SOQ.html.

[7] DE ANDRADE ARRUDA FERNANDES I，MACIEL G M，BORTOLINI D G，et al. The bitter side of teas：pesticide residues and their impact on human health [J]. Food and Chemical Toxicology，2023，179：113955.

[8] WANG Z T，GENG Y B，LIANG T. Optimization of reduced chemical fertilizer use in tea gardens based on the assessment of related environmental and economic benefits [J]. Science of the Total Environment，2020，713：136439.

[9] 张玥，胡雲飞，王树茂，等. 茶园年限对根际土壤真菌群落结构及多样性的影响[J]. 应用与环境生物学报，2018，24(5)：972-977.

[10] 中国古茶树资源状况白皮书(2024).[EB/OL]. (2025-02-27)[2025-02-27].https://www.vzkoo.com/document/2024053195d23c935a6a96259e938fa9.html.

[11] LI P D，ZHU Z R，ZHANG Y Z，et al. The phyllosphere microbiome shifts toward combating melanose pathogen [J]. Microbiome，2022，10(1)：56.

[12] 岑浴. 多粘类芽孢杆菌在茶叶上的定殖及其对叶际细菌群落的影响[D]. 石家庄：河北科技大学，2016.

[13] DING K，LV W Y，REN H Z，et al. Small world but large differences：cultivar-specific secondary metabolite-mediated phyllosphere fungal homeostasis in tea plant (Camellia sinensis) [J]. Plant and Soil，2024，502(1)：725-743.

[14] XU P，FAN X Y，MAO Y X，et a l. Temporal metabolite responsiveness of microbiota in the tea plant phyllosphere promotes continuous suppression of fungal pathogens [J]. Journal of Advanced Research，2022，39：49-60.

[15] XU P，STIRLING E，XIE H T，et al. Continental scale deciphering of microbiome networks untangles the phyllosphere homeostasis in tea plant [J]. Journal of Advanced Research，2023，44：13-22.

[16] ASHIHARA H. Occurrence，biosynthesis and metabolism of theanine (γ-glutamyl-L-ethylamide) in plants：a comprehensive review [J]. Natural Product Communications，2015，10(5)：803-810.

[17] DOU Q P. Tea in health and disease [J]. Nutrients，2019，11(4)：929.

[18] 张华琳，王科翰，陈雪冰，等. 茶树内生菌的研究进展[J]. 农业技术与装备，2022(2)：9-11.

[19] 汪立群，颜小梅，郭小双，等. 紫娟、云抗10号两个茶树品种内生菌多样性研究[J]. 安徽农业大学学报，2016，43(1)：1-5.

[20] 游见明. 茶树中内生菌的动态分布[J]. 广西植物，2008，28(1)：82-85.

[21] 王桥美，严亮，杨瑞娟，等. 普洱地区茶叶内生细菌与根际土壤细菌群落结构分析[J]. 微生物学报，2022，62(2)：703-714.

[22] 张婉婷，张灵枝. 茶树内生真菌的研究进展[J]. 中国茶叶加工，2011(4)：32-36.

[23] 陈晖奇. 茶树内生真菌的初步研究[D]. 福州：福建师范大学，2007.

[24] WU Z Z，SU Q Q，CUI Y C，et al. Temporal and spatial pattern of endophytic fungi diversity of Camellia sinensis (cv. Shu Cha Zao) [J]. BMC Microbiology，2020，20(1)：270.

[25] WIN P M，MATSUMURA E，FUKUDA K. Effects

of pesticides on the diversity of endophytic fungi in tea plants [J]. Microbial Ecology, 2021, 82(1): 62-72.

[26] CHANG M M, MA J Y, SUN Y, et al. Role of endophytic bacteria in the remobilization of leaf nitrogen mediated by CsEGGT in tea plants (Camellia sinensis L.) [J]. Journal of Agricultural and Food Chemistry, 2023, 71(13): 5208-5218.

[27] 高秀兵，陈娟，郭灿，等. 茶树丛枝菌根真菌的研究进展[J]. 贵州农业科学，2011，39(9)：122-126.

[28] 宫安东，韩萌真，孔宪巍，等. 茶树内生菌的应用性研究进展[J]. 信阳师范学院学报(自然科学版)，2017，30(1)：168-172.

[29] 李远华，郑芳，倪德江，等. 茶树接种VA菌根的生理特性研究[J]. 茶叶科学，2011，31(6)：504-512.

[30] JIANG X L, LI W W, HAN M L, et al. Aluminum-tolerant, growth-promoting endophytic bacteria as contributors in promoting tea plant growth and alleviating aluminum stress [J]. Tree Physiology, 2022, 42(5): 1043-1058.

[31] 李雪娇. 油茶软腐病内生拮抗细菌的分离筛选及菌剂的研制[D]. 长沙：中南林业科技大学，2011.

[32] SUN J, CHANG M M, LI H J, et al. Endophytic bacteria as contributors to theanine production in Camellia sinensis [J]. Journal of Agricultural and Food Chemistry, 2019, 67(38): 10685-10693.

[33] SIDHU D, VASUNDHARA M, DEY P. Chemical characterization, pathway enrichments and bioactive potentials of catechin-producing endophytic fungi isolated from tea leaves [J]. RSC Advances, 2024, 14(45): 33034-33047.

[34] 胡明宇，林昌虎，何腾兵，等. 茶园土壤性状与茶叶品质关系研究现状[J]. 贵州科学，2009，27(3)：92-96.

[35] WEI S R, LIU B H, NI K, et al. Rhizosphere microbial community shows a greater response than soil properties to tea (Camellia sinensis L.) cultivars [J]. Agronomy, 2023, 13(1): 221.

[36] YE J H, WANG Y H, LIN S X, et al. Metabolomics analysis of the effect of acidification on rhizosphere soil microecosystem of tea tree [J]. Frontiers in Plant Science, 2023, 14: 1137465.

[37] CHEN Y X, FU W J, XIAO H, et al. A review on rhizosphere microbiota of tea plant (Camellia sinensis L): recent insights and future perspectives [J]. Journal of Agricultural and Food Chemistry, 2023, 71(49): 19165-19188.

[38] YANG W H, LI C J, WANG S S, et al. Influence of biochar and biochar-based fertilizer on yield, quality of tea and microbial community in an acid tea orchard soil [J]. Applied Soil Ecology, 2021, 166: 104005.

[39] 许广，王梦姣，邓百万，等. 不同植茶年限茶树根际土壤细菌多样性及群落结构研究[J]. 生物技术通报，2020，36(3)：124-132.

[40] XIE H T, CHEN Z M, FENG X X, et al. L-theanine exuded from Camellia sinensis roots regulates element cycling in soil by shaping the rhizosphere microbiome assembly [J]. Science of the Total Environment, 2022, 837: 155801.

[41] GUO J M, LI J F, ZHANG S Q, et al. Study on the soil microbial community structure of the Rhizosphere of Camellia sinensis L. in Anping Village, Kaiyang County, Guizhou Province [J]. Annals of Microbiology, 2023, 73(1): 39.

[42] PANDEY A, PALNI L M S. The rhizosphere effect of tea on soil microbes in a Himalayan monsoonal location [J]. Biology and Fertility of Soils, 1996, 21(3): 131-137.

[43] LIN W W, LIN M H, ZHOU H Y, et al. The effects of chemical and organic fertilizer usage on rhizosphere soil in tea orchards [J]. PLoS One, 2019, 14(5): e0217018.

[44] ZHANG Q, ZHANG Y, MIAO P Y, et al. Effects of pruning on tea tree growth, soil enzyme activity and microbial diversity [J]. Agronomy, 2023, 13(5): 1214.

[45] ÇAKMAKÇI R. The variability of the predominant culturable plant growth-promoting rhizobacterial diversity in the acidic tea rhizosphere soils in the eastern black sea region [J]. Alınteri Zirai Bilimler Dergisi, 2019, 34(2): 175-181.

[46] FITRIATIN B N, WIDYASMARA A, ARIFIN M, et al. Isolation and screening of phosphate solubilizing bacteria from rhizosphere of tea (camellia sinensis L.) on andisols [J]. International Journal of Sustainable Agricultural Research, 2017, 4(4): 95-100.

[47] CHOPRA A, KUMAR VANDANA U, RAHI P, et al. Plant growth promoting potential of Brevibacterium sediminis A6 isolated from the tea rhizosphere of Assam, India [J]. Biocatalysis and Agricultural Biotechnology, 2020, 27: 101610.

[48] THAKUR R, SHARMA K C, GULATI A, et al. Stress-tolerant viridibacillus arenosi strain IHB B7171 from tea rhizosphere as a potential broad-spectrum microbial inoculant [J]. Indian Journal of Microbiology, 2017, 57(2): 195-200.

[49] CHAKRABORTY A P, CHAKRABORTY B N, CHAKRABORTY U. Bacillus megaterium from tea rhizosphere promotes growth and induces systemic

resistance in tea against Sclerotium rolfsii[J]. Indian Phytopathology, 2015, 68: 237-247.

[50] SAIKIA R, SARMA R K, YADAV A, et al. Genetic and functional diversity among the antagonistic potential fluorescent pseudomonads isolated from tea rhizosphere [J]. Current Microbiology, 2011, 62(2): 434-444.

[51] 孙春霞, 邵元海, 周红, 等. 茶树六种重要叶部病害研究进展[J]. 茶叶, 2020, 46(2): 71-76.

[52] SANJAY R, PONMURUGAN P, BABY U I. Evaluation of fungicides and biocontrol agents against grey blight disease of tea in the field [J]. Crop Protection, 2008, 27(3/4/5): 689-694.

[53] 黄虹, 谭琳, 沈程文, 等. 茶树根腐病拮抗细菌的筛选鉴定及其生防潜力[J]. 湖南农业大学学报(自然科学版), 2025, 51(1): 62-68.

[54] 李红莉, 卢健, 赵芸, 等. 茶树炭疽病生防菌的筛选、鉴定及拮抗机制研究[J]. 浙江农业科学, 2024, 65(8): 1902-1907.

[55] GONG A D, DONG F Y, HU M J, et al. Antifungal activity of volatile emitted from Enterobacter asburiae Vt-7 against Aspergillus flavus and aflatoxins in peanuts during storage [J]. Food Control, 2019, 106: 106718.

[56] ELANGO V, MANJUKARUNAMBIKA K, PONMURUGAN P, et al. Evaluation of Streptomyces spp. for effective management of Poria hypolateritia causing red root-rot disease in tea plants [J]. Biological Control, 2015, 89: 75-83.

[57] 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.

[58] 陈嘉敏, 管维轩, 朱洁倩, 等. 植物病害生防菌株的研究进展[J]. 微生物前沿, 2017, 6(2): 35-43.

[59] WU Y Z, TAN Y M, PENG Q J, et al. Biocontrol potential of endophytic bacterium Bacillus altitudinis GS-16 against tea anthracnose caused by Colletotrichum gloeosporioides [J]. PeerJ, 2024, 12: e16761.

[60] BHATTACHARYYA G, VIRDEE S, WINTER A. Revisiting histories of anti-racist thought and activism [J]. Identities, 2020, 27(1): 1-19.

[61] BRAGARD C, BAPTISTA P, VASSILIOU E C, et al. Pest categorisation of pestalotiopsis microspora [J]. EFSA Journal, 2023, 21(12): e8493.

[62] 邓玉莲, 谭琳, 吉进军, 等. 茶树根腐病拮抗真菌的筛选、鉴定及防病促生特性研究[J]. 中国生物防治学报, 2024, 40(4): 914-926.

[63] LIU H, CHEN G H, SUN J J, et al. Isolation, characterization, and tea growth-promoting analysis of JW-CZ2, a bacterium with 1-aminocyclopropane-1-carboxylic acid deaminase activity isolated from the rhizosphere soils of tea plants [J]. Frontiers in Microbiology, 2022, 13: 792876.

本文编辑:张 瑞