

核桃林间作西红花对其土壤微生物数量的动态变化

徐静^{1,2}, 石书兵¹, 秦小钢², 朱军^{1,2}

(1. 新疆农业大学农学院, 乌鲁木齐 830052; 2. 新疆维吾尔自治区中药民族药研究所, 乌鲁木齐 830002)

摘要:【目的】分析核桃西红花间作模式下土壤微生物数量的动态, 研究核桃林下间作西红花对其土壤微生物数量的影响, 为新型核桃间作西红花种植模式提供理论依据和实践参考。【方法】选取 15 年树龄核桃林下间作西红花为处理组(H15), 以 15 年树龄核桃单作(HCK)和西红花单作(CK)为 2 个对照, 采用稀释分离法测定不同处理下西红花生长期土壤中真菌、细菌和放线菌数量, 并通过 SPSS 软件分析土壤中微生物数量的动态变化规律。【结果】(1)西红花生长期, 土壤微生物数量变化规律总体呈现先升高后下降的趋势, 在 3 月微生物数量达到峰值, 与对照组比较, 核桃林间作西红花其土壤中微生物数量显著提高。(2)在西红花生长期 3 月 H15 微生物总量为 33.21×10^5 cfu/g, 分别是 CK 和 HCK 的 1.55 倍和 7.27 倍, 差异性显著; H15 的真菌菌落数量分别较 CK 对照组提高 61.2%, 较 HCK 对照组提高 72.43%, 达到显著性差异; 间作模式下细菌数量为 33.05%, 分别较 CK 和 HCK 提高 36.66% 和 86.39%, 均达到显著性差异; H15 放线菌菌落数较 HCK 提高 53.58%, 差异性显著 ($P < 0.05$), 较 CK 提高 9.59%, 无显著差异。且 CK 放线菌数量较 HCK 提高 48.65%, 差异显著。(3)不同生长年限核桃林间作西红花处理模式下土壤中微生物总量与细菌、真菌和放线菌菌落数量变化趋势一致, 依次为 H15 > CK > HCK。【结论】核桃间作西红花种植模式, 明显优于核桃单作与西红花单作种植模式, 且西红花单作模式下的微生物数量高于核桃间作模式, 种植西红花能够显著增加土壤微生物数量, 影响土壤肥力的转化, 且以核桃间作西红花模式最优。

关键词:核桃林间作; 西红花; 土壤微生物; 数量动态

中图分类号: S188; S344.2

文献标志码: A

文章编号: 1001-4330(2023)08-2022-06

0 引言

【研究意义】土壤微生物能够促进土壤中有机质的分解和养分的转化, 从而增加土壤肥力, 改善土壤环境, 影响植物生长^[1-3]。核桃为胡桃科核桃属乔木, 是新疆南疆和田地区皮山县重要的木本粮油作物, 但随着核桃树逐年长大, 传统林下种植模式其作物生长受到显著的抑制^[4]。西红花 (*Crocus sativus* L.) 又称藏红花、番红花, 系鸢尾科番红花属多年生药用草本植物, 喜温和、凉爽, 忌炎热, 较耐寒, 其生长期与核桃错季^[5-7]。开展核桃西红花间作模式系统研究, 对提高核桃林下土地资源利用率和经济效益有重要意义。【前人研究进展】核桃林

下种植模式主要有林药、林菌、林菜和林茶等^[8-11], 核桃间作会对土壤中微生物的数量造成影响。杨文龙等^[12]研究发现, 核桃间作农作物模式下的微生物数量较农作物单作模式下的微生物数量差异显著; 韦持章等^[13]对茶树和大豆间作, 研究发现与单作模式相比, 间作模式下的微生物数量显著增多; 张向前等^[14]对玉米和花生、大豆间作进行研究, 研究发现不同施肥条件下, 间作处理可较单作处理显著提高土壤微生物数量。冉隆俊等^[15]对蔬菜与平菇进行间作, 研究发现, 间作可提高土壤中细菌和真菌的数量; 吴娜等^[16]对马铃薯和燕麦间作进行研究, 研究发现间作下的细菌数量较单作模式下的细菌数量显著提高, 得出合理间作可增加土

收稿日期(Received): 2022-11-23

基金项目: 中国医学科学院中央级公益性科研院所基本科研业务费项目“管花肉苁蓉和西红花种植关键技术研究及推广示范”(2020-RW360-002); 新疆维吾尔自治区公益性科研院所基本科研业务费项目“西红花林下种植关键技术研究及应用”(ky2021106)

作者简介: 徐静(1999-), 女, 河南濮阳人, 硕士研究生, 研究方向为作物栽培, (E-mail) 1912358430@qq.com

通信作者: 朱军(1982-), 男, 新疆人, 研究员, 硕士生导师, 研究方向为新疆中药民族药资源及栽培, (E-mail) 285362468@qq.com

壤微生物数量的结论。【本研究切入点】目前,关于核桃林间作种植模式和品种等方面的研究较多,对西红柿林下栽培模式土壤微生物的研究鲜见报道。需分析核桃西红柿间作模式下土壤微生物数量的动态。【拟解决的关键问题】选取不同生长年限的核桃林下间作西红柿为处理组,以15年树龄核桃单作和西红柿单作为对照,采用稀释分离法,动态测定西红柿生长期不同处理土壤微生物种群和数量,分析其动态变化规律,为核桃间作西红柿种植模式提供理论依据。

1 材料与方法

1.1 材料

试验于2020年11月~2021年5月,在和田地区皮山县中药材种植基地(N 37°62'、E 78°28')进行。该地属暖温带极端干旱荒漠气候,年平均降水量为36.4 mm,气候干燥,年平均气温12.5℃。选取15年的核桃树作为间作研究对象,核桃树行间距为5 m,核桃林下间作西红柿。

1.2 方法

1.2.1 试验设计

田间试验共设计3个处理。处理I:15年树龄核桃林单作(以下简称核桃单作);处理II:西红柿单作;处理III:15年树龄核桃林间作西红柿,依次记为HCK、CK和H15。以上每处理均设3个重复,每个重复地面积为24 m²,地两边种植核桃树,核桃树行间距5 m。以15年树龄核桃林间作西红柿为研究对象,西红柿单作和核桃单作为对照,分别于2021年2月17日、3月20日、4月16日及5月4日,采取五点取样法对各处理0~20 cm的土壤取样,充分混匀,并带回实验室4℃保存,动态观察土壤中微生物的数量变化。

1.2.2 测定指标

1.2.2.1 土壤悬浊液的制备

每个处理取10 g无明显杂质和根须的土样于90 mL无菌水(内含数颗玻璃珠)三角瓶中,放入摇床以180 r/min,震荡20 min,静置20 min后,在无菌操作台中,依次稀释制成10⁻¹~10⁻⁶ g/mL的土壤悬浊液备用^[14]。

1.2.2.2 微生物的分离

采用稀释平板法分离、培养微生物^[17,18]。分离培养基分别为:孟加拉红培养基(真菌)、牛肉膏蛋白胨培养基(细菌)、高氏I号培养基(放线菌);每皿接种0.1 mL的土壤悬浊液,接种的梯

度分别为:真菌10⁻¹、10⁻²、10⁻³;细菌2月10⁻³、10⁻⁴、10⁻⁵,3月、4月、5月用浓度梯度为10⁻⁴、10⁻⁵、10⁻⁶的土壤悬浊液;放线菌2、3月用10⁻¹、10⁻²、10⁻³,4、5月用浓度梯度为10⁻²、10⁻³、10⁻⁴的土壤悬液,各重复4次。

1.2.2.3 微生物的培养与计数

将接种完的培养皿倒置在培养箱内,真菌22℃培养4 d;细菌37℃培养3 d;放线菌28℃培养14 d。对平板上的单菌落进行计数,各稀释梯度取平均值,根据公式计算菌落数量。

$$\text{土壤含菌落数} \left(\frac{\text{cfu}}{\text{g}} \right) = \frac{\text{菌落平均数} \times \text{稀释倍数}}{\text{接种量}(\text{mL}) \times (1 - \text{样品含水量})^{\circ}}$$

1.3 数据处理

所得数据采用Excel 2019进行汇总,计算平均值,差异显著性采用SPSS19.0软件的新复极差法,作图使用GraphPadPrism 9.0。

2 结果与分析

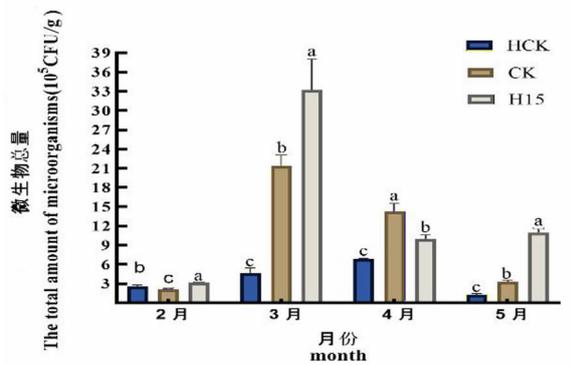
2.1 核桃林下间作西红柿对土壤中微生物总量的影响

研究表明,核桃林间作西红柿能够显著提高其土壤中微生物总量,在西红柿生长期,微生物总量呈现先增高后降低的趋势,在3月达到峰值,不同处理条件下微生物总菌落数依次为H15 > CK > HCK, H15处理模式下的土壤微生物数量为33.21 × 10⁵ cfu/g,是CK的1.55倍, HCK的7.27倍,较两个对照组皆达到差异性显著;4月微生物数量下降,以CK模式下的微生物数量最多,为14.25 × 10⁵ cfu/g,较H15和HCK下的微生物数量分别提高30.17%和51.82%;5月3个不同处理下的微生物数量与3月趋势一致, H15处理下微生物数量最多。种植西红柿可增加土壤中微生物的数量,且核桃西红柿间作模式可以较西红柿单作显著提高土壤中微生物数量。图1

2.2 核桃林下间作西红柿对土壤真菌数量的动态变化

研究表明,在西红柿的生长期2~5月,不同处理条件下真菌数量均呈现先增多后降低的变化趋势,3月达到峰值。H15处理模式下的真菌数量最多,CK次之, HCK最少,真菌菌落数分别为8.58 × 10²、3.33 × 10²和2.37 × 10² cfu/g, H15真菌数量较CK对照组提高61.20%,较HCK对照

组提高 72.43%，差异性显著 ($P < 0.05$)；4 月 H15 模式下真菌数量骤然下降，两组对照模式下的真菌数量上升，以 CK 处理下真菌数量最多，为 5.66×10^2 cfu/g。5 月各处理下土壤真菌数量以 H15 模式下微生物数量最多，为 1.79×10^2 cfu/g，较核桃单作模式提高 9.18%，达到显著性差异。种植西红柿可提高土壤中真菌数量，核桃西红柿间作模式可显著提高土壤中真菌数量。图 2



注：图中不同小写字母表示处理间在 0.05 水平上差异显著 ($P < 0.05$)。HCK:15 年核桃林单作 (以下简称核桃单作)；CK: 西红柿单作；H15:15 年核桃林间作西红柿，下同

Note: Different lowercase letters in Fig indicate significant treatment differences at the 0.05 level ($P < 0.05$). HCK: 15-year walnut forest (hereinafter referred to as walnut forest); CK: saffron; H15: 15 years between the walnut forest for saffron, the same as below

图 1 不同处理条件下微生物总量比较

Fig. 1 Comparison of total microbial output under different treatment conditions

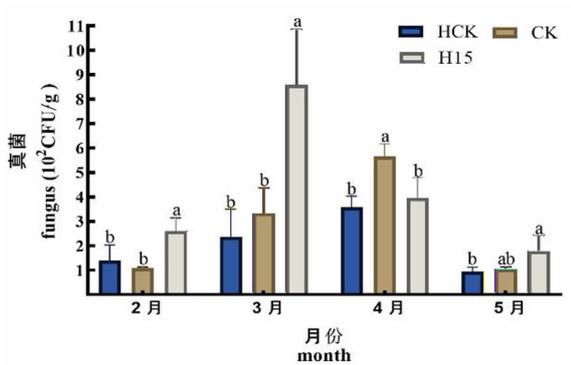


图 2 西红柿土壤的真菌数量的比较

Fig. 2 Comparison of the number of fungi in safflower soil

2.3 核桃林下间作西红柿对土壤细菌数量的动态变化

研究表明，核桃林间作西红柿，能够影响土壤中的细菌数量。在西红柿的生长期 2~5 月，不同处理条件下细菌数量总体变化趋势与微生物总量和真菌菌落数量变化一致。在 3 月细菌数量达到

峰值，间作模式下细菌数量为 33.05%，较两对照细菌数量差异性显著 ($P < 0.05$)，分别较 CK 和 HCK 提高 36.66% 和 86.39%；其中西红柿单作下的细菌数量较核桃单作 (HCK) 的细菌数量差异性显著，较 HCK 提高 78.84%。种植西红柿会提高土壤中细菌数量，核桃西红柿间作模式对土壤中细菌数量的提高更显著。图 3

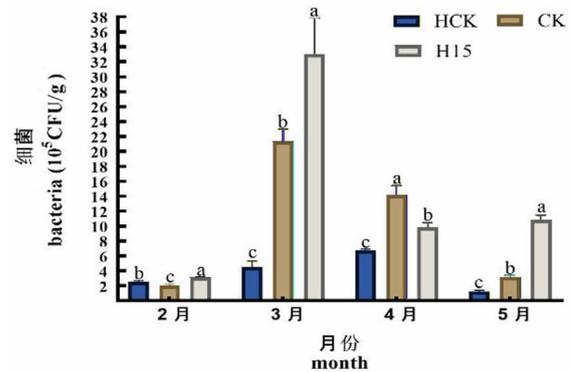


图 3 西红柿土壤的细菌数量的比较

Fig. 3 Comparison of bacterial numbers in safflower soil

2.4 核桃林下间作西红柿对土壤放线菌数量的动态变化

研究表明，核桃林间作西红柿，可对土壤中的放线菌数量造成影响与真菌和细菌菌落数量变化趋势一致，在 2~5 月西红柿生长期，放线菌呈现单峰变化趋势，在 3 月菌落数量达到峰值。不同处理条件下的放线菌菌落数量为 H15 > CK > HCK。H15 较 HCK 对照处理下的菌落数量较 HCK 提高 53.58%，差异性显著 ($P < 0.05$)，较 CK 对照组提高 9.59%。3 月 CK 对照组下的放线菌数量较 HCK 提高 48.65%，差异显著。种植西红柿可提高土壤中放线菌的数量，核桃西红柿间作模式较西红柿单作对土壤中放线菌数量提升效果更显著。图 4

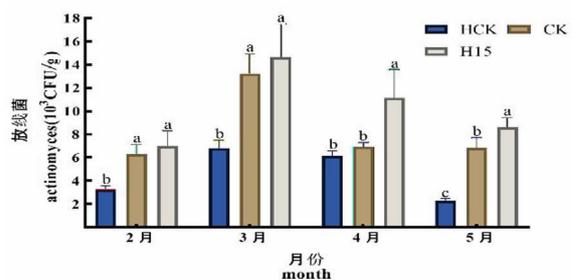


图 4 西红柿土壤的放线菌数量比较

Fig. 4 Comparison of actinomycete numbers in safflower soil

3 讨论

3.1 土壤是植物赖以生存的条件,土壤中的微生物能够改善土壤微环境和提高土壤肥力,对作物的生长具有很大影响^[19-22]。周楷玲等^[23]研究表明,林下间作模式会大大增加土壤中微生物的数量,进而改善植物的生长环境;郑灏^[24]研究表明,林下间作模式下的微生物数量大于单作模式下的微生物数量。试验结果与其一致,核桃林下间作西红花的处理模式下的土壤微生物数量较西红花单作和核桃单作模式显著提高。研究结果显示,核桃林间作西红花土壤微生物数量总体呈现先升高后降低的趋势,不同处理间比较,2月土壤微生物变化不大,在3月以后逐渐达到峰值,后期渐渐降低,原因一方面微生物的变化可能与西红花生长有关,3月正值西红花生长旺盛期,根系代谢旺盛,为土壤中提供了较多的根系代谢物,有利于土壤微生物的繁殖,而4月以后西红花逐渐进入休眠期,根系活力下降,代谢物减少,所以土壤里的微生物也变少;另一方面微生物的变化可能与核桃树的生长有关,3月底核桃树开始萌芽,4~5月逐渐进入生长旺盛期,其根系分泌的化学物质会影响微生物的繁殖^[25]。

3.2 核桃树能够分泌一种胡桃醌的次生物质,其化感作用不仅能够抑制对林下植物生长,而且影响其土壤中微生物的繁殖^[26]。马叶红等^[25]研究表明,细菌和真菌数量随核桃年限的增加而升高,放线菌数量随着核桃生长年限的增加而降低。崔翠等研究表明^[4],核桃树次生代谢物胡桃醌在其生长旺盛期分泌较多,且对土壤中细菌和真菌的抑制性较强。此次试验结果与其一致,15年树龄的核桃林间作西红花下土壤中细菌和真菌数量最多;在西红花生长期,3月其土壤中微生物数量达到最大,随着核桃树的萌发并逐渐进入旺盛生长期,其根系微生物的数量渐渐减少。其数量变化可能受到西红花和核桃树相互作用的影响,具体产生原因,有待于进一步的研究。

4 结论

西红花生长期,土壤微生物数量变化规律总体呈现先升高后下降的趋势,西红花生长旺盛期3月H15微生物总量为 33.21×10^5 cfu/g,不同生长年限核桃林间作西红花处理模式下土壤中微生物总量与细菌、真菌和放线菌菌落数量变化趋势

一致,依次为H15 > CK > HCK。核桃林间作西红花种植模式下的微生物数量较对照模式显著提高,在西红花生长期,土壤中的微生物的数量在其生长旺盛期达到最多;间作模式下土壤微生物的种群数量变化与西红花的生长和核桃树生长周期具有一定相关性。

参考文献 (References)

- [1] 丁守彦. 不同改良措施对靖远县盐碱地土壤微生物菌群的影响[J]. 甘肃农业科技, 2021, 52(5): 35-40.
DING Shouyan. Effects of different improvement measures on soil microbial flora in saline-alkali land of Jingyuan County [J]. *Gansu Agricultural Science and Technology*, 2021, 52(5): 35-40.
- [2] 程云飞, 李炳韵, 胡英宏, 等. 不同连作年限对菠萝园土壤养分及可培养微生物数量的影响[J]. 热带生物学报, 2021, 12(2): 185-191.
CHENG Yunfei, LI Bingyun, HU Yinghong, et al. Effect of different years of continuous cropping on the soil nutrients and the number of cultured microorganisms in the pineapple orchard [J]. *Tropical Biology Journal*, 2021, 12(2): 185-191.
- [3] L. Zelles. Fatty acid patterns of phospholipids and lipopolysaccharides in the characterisation of microbial communities in soil: a review [J]. *Biology and Fertility of Soils*, 1999, 29(2):
- [4] 崔翠. 渭北黄土区农林复合系统核桃根际土壤及根系分泌物化感作用研究[D]. 杨凌: 西北农林科技大学, 2012.
CUI Cui. *Study on the allelopathic effects of walnut rhizosphere soil and root secretion in the agroforestry composite system of Wei-bei Loess Region* [D]. Yangling: Northwest A & F University, 2012.
- [5] 元玉碧. 西红花生长特性及增产技术措施研究[D]. 郑州: 河南农业大学, 2014.
YUAN Yubi. *Study on growth characteristics and production enhancement technology measures of saffron* [D]. Zhengzhou: Henan Agricultural University, 2014.
- [6] 李坤, 胡绍玲, 汪文成, 等. 藏红花资源及栽培技术研究概况[J]. 青海农林科技, 2017, (3): 38-41, 96.
LI Shen, HU Shaoling, WANG Wencheng, et al. Research on saffron resources and cultivation technology [J]. *Qinghai Agriculture and Forestry Science and Technology*, 2017, (3): 38-41, 96.
- [7] 顾立群, 高凯娜, 陈虹, 等. 藏红花栽培技术研究[J]. 现代园艺, 2019, (5): 42-43, 209.
GU Liqun, GAO Kaina, CHEN Hong, et al. Study on Saffron Cultivation Technology [J]. *Modern Gardening*, 2019, (5): 42-43, 209.
- [8] 朱佳敏. 核桃林下套种研究进展[J]. 四川农业科技, 2019, (6): 77-78.
ZHU Jiamin. Progress in interplanting under walnut forest [J]. *Sichuan Agricultural Science and Technology*, 2019, (6): 77-78.
- [9] 李大鹏, 闫付荣, 张晓婕. 太行山区核桃药材间作模式[J]. 现

- 代农村科技, 2020, (1): 43 - 44.
- LI Dapeng, YAN Furong, ZHANG Xiaojie. Intercropping mode of walnut herbs in Taihang Mountains [J]. *Modern Rural Science and Technology*, 2020, (1): 43 - 44.
- [10] 武鹏雨, 马治浩, 张锐. 和田地区核桃林下饲料油菜间作模式探析[J]. 新疆农垦科技, 2020, 43(12): 15 - 17.
- WU Pengyu, MA Zhihao, ZHANG Rui. Analysis of oilseed rape-seed in Hetian area [J]. *Xinjiang Agricultural Reclamation Technology*, 2020, 43 (12): 15 - 17.
- [11] 章理运, 申明海, 周传涛, 等. 信阳茶园间作套种薄壳山核桃栽培技术[J]. 黑龙江农业科学, 2020, (2): 153 - 155.
- ZHANG Liyun, SHEN Minghai, ZHOU Chuantao, et al. Cultivation technique of interplanting thin-shell hickory in Xinyang tea garden [J]. *Heilongjiang Agricultural Sciences*, 2020, (2): 153 - 155.
- [12] 杨文龙. 林下种植模式对核桃林土壤物理和生化性质的影响[D]. 成都: 四川农业大学, 2018.
- YANG Wenlong. *Effects of understory planting patterns on soil physics and biochemical properties of walnut forests* [D]. Chengdu: Sichuan Agricultural University, 2018.
- [13] 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 Chizhang, NONG Yuqin, CHEN Yuanquan, et al. Effect of tea tree / soybean intercropping on soil microbial community and enzyme activity in the rhizosphere [J]. *Acta Agriculturae Boreali-occidentalis Sinica*, 2018, 27 (4): 537 - 544.
- [14] 张向前, 黄国勤, 卞新民, 等. 间作对玉米品质、产量及土壤微生物数量和酶活性的影响[J]. 生态学报, 2012, 32(22): 7082 - 7090.
- ZHANG Xiangqian, HUANG Guoqin, BIAN Xinmin, et al. Effects of intercropping on maize quality, yield, and soil microbial quantity and enzyme activity [J]. *Journal of Ecology*, 2012, 32 (22): 7082 - 7090.
- [15] 冉隆俊, 王红艳, 耿广东, 等. 平菇与蔬菜间作对土壤营养、微生物数量和酶活性的影响[J]. 农技服务, 2021, 38(12): 14 - 17.
- RAN Longjun, WANG Hongyan, GENG Guangdong, et al. Effect of oyster mushroom and vegetables on soil nutrition, microbial quantity and enzyme activity [J]. *Agricultural Technology Service*, 2021, 38 (12): 14 - 17.
- [16] 吴娜, 刘吉利, 鲁文. 马铃薯/燕麦间作对根际土壤微生物数量的影响[J]. 西北农业学报, 2015, 24(5): 163 - 167.
- WU Na, LIU Jili, LU Wen. Effect of potato / oat intercropping on microbial abundance in rhizosphere [J]. *Northwest Journal of Agriculture*, 2015, 24 (5): 163 - 167.
- [17] 朱军, 孙丽, 赵丽, 等. 新疆阿魏根际微生物群落动态变化研究[J]. 中药材, 2015, 38(2): 265 - 266.
- ZHU Jun, SUN Li, ZHAO Li, et al. Dynamic changes of rhizosphere microbial communities in Xinjiang [J]. *Chinese Materia Medica*, 2015, 38(2): 265 - 266.
- [18] 朱军, 孙丽, 樊从照, 等. 阜康阿魏根际微生物种群及数量动态变化研究[J]. 时珍国医国药, 2015, 26(1): 203 - 205.
- ZHU Jun, SUN Li, FAN Congzhao, LI Xiaojin. Dynamic changes in rhizosphere microbial population and number of Fukang Awei [J]. *Shizhen Traditional Chinese Medicine and Traditional Chinese Medicine*, 2015, 26(1): 203 - 205.
- [19] Steffen K T, Tomáš Cajthaml, Šnajdr J, et al. Differential degradation of oak (*Quercus petraea*) leaf litter by litter-decomposing basidiomycetes [J]. *Research in Microbiology*, 2007, 158 (5): 447 - 455.
- [20] Wang O K, Wang Y X, et al. Responses to N and P fertilization in a young *Eucalyptus dunnii* plantation: Microbial properties, enzyme activities and dissolved organic matter [J]. *Applied Soil Ecology*, 2008, 40(3): 84 - 490.
- [21] Marschner P, Crowley D, Yang C H. Development of specific rhizosphere bacterial communities in relation to plant species, nutrition and soil type [J]. *Plant and Soil*, 2004, 261(1 - 2): 199 - 208.
- [22] Arkhipova T N, Veselov S U, Melentiev A I, et al. Ability of bacterium *Bacillus subtilis* to produce cytokinins and to influence the growth and endogenous hormone content of lettuce plants [J]. *Plant and Soil*, 2005, 272(1 - 2): 201 - 209.
- [23] 周楷玲, 陈绪文, 龚伟, 等. 核桃林下复合种植对土壤培肥效果的影响[J]. 四川农业大学学报, 2019, 37(6): 807 - 813.
- ZHOU Kailing, CHEN Xuwen, GONG Wei, et al. Effects of composite planting under walnut forest on soil fertilization effect [J]. *Journal of Sichuan Agricultural University*, 2019, 37(6): 807 - 813.
- [24] 郑灏. 不同套种模式下油茶幼林土壤微生物及理化性质研究[D]. 福州: 福建农林大学, 2015.
- ZHENG Hao. *Research on soil microbiology and physical and chemical properties of camellia forest under different interplanting modes* [D]. Fuzhou: Fujian Agriculture & Forestry University, 2015.
- [25] 马红叶, 张文娥, 潘学军, 等. 胡桃科植物的化感作用及其应用前景综述[J]. 江苏农业科学, 2019, 47(20): 57 - 63, 74.
- MA Hongye, ZHANG Wene, PAN Xuejun, et al. A review of the allelopathic effects of walnuts and their application prospects [J]. *Jiangsu Agricultural Sciences*, 2019, 47(20): 57 - 63, 74.
- [26] 孙跃志. 核桃楸林地胡桃酮与微生物间关系及对林下植物多样性影响的研究[D]. 哈尔滨: 东北林业大学, 2012.
- SUN Yuezhi. *Relationship between walnut and microorganisms in walnut woodland and its effect on plant diversity understory* [D]. Harbin: Northeast Forestry University, 2012.

Walnut forests intercropping saffron on Its soil microorganism's dynamic change in quantity study

XU Jing^{1,2}, SHI Shubing¹, QIN Xiaogang², ZHU Jun^{1,2}

(1. College of Agronomy, Xinjiang Agricultural University, Urumqi 830052, China; 2. Xinjiang Research Institutes of Traditional Chinese Materia Medica and Ethnodrug, Urumqi 830002, China)

Abstract: [Objective] To clarify the effect of intercropping saffron under walnut forest on the number of soil microorganisms through the dynamic determination of the number of soil microorganisms under the intercropping mode of walnut saffron, which can provide theoretical basis and practical reference for new walnut between saffron planting pattern. **[Methods]** 15 - year old walnut intercropping saffron group (H15), with 15 years walnut singles (HCK) and saffron (CK) were selected as two controls to determine the number of fungi, bacteria and actinobacteria in the soil under different treatments, and analyze the dynamic changes of the soil by SPSS software. **[Results]** (1) In the growing period of saffron, the change pattern of soil microbial number showed a trend of rising first and then decreasing, and in March, the number of microorganisms reached the peak. Compared with the control group, the number of microorganisms in the soil of walnut forest increased significantly. (2) The total H15 microorganism in March was 33.21×10^5 cfu/g, the 1.55 - fold and 7.27 - fold values of CK and HCK, respectively, The difference was significant; The number of fungal colonies in H15 increased by 61.2% compared with CK controls, at a 72.43% higher rate than the HCK control group, achieving significant differences; The number of bacteria in the intercropping mode was 33.05%, 36.66% and 86.39% improvement over CK and HCK, respectively, all have reaching significant differences; The colony number of H15 Actinobacteria was increased by 53.58% compared with HCK, The difference was significant ($P < 0.05$), a 9.59% improvement over CK with no significant differences. Moreover, the number of CK actinobacteria increased by 48.65% compared with HCK, with significant differences. (3) The total amount of microorganisms in the soil of different growth years was consistent with the number of bacteria, fungi and actinobacteria colonies, namely: H15 > CK > HCK; **[Conclusion]** Walnut between saffron planting pattern is obviously better than walnut single and saffron planting pattern, and the number of microorganisms higher than walnut intercropping pattern, which shows that planting saffron can significantly increase the number of soil microorganisms, affect the transformation of soil fertility, so it can be concluded that walnut between saffron model is optimal.

Key words: walnut intercropping; saffron; soil microorganisms; quantity dynamic

Fund projects: Basic Scientific Research Business Expenses of Central Public Welfare Research Institutes of the Chinese Academy of Medical Sciences Project; Research and Promotion Demonstration of Key Technologies of Cistanche and Safflower Planting of Pipe Flower (2020 - RW360 - 002); Basic Scientific Research Business Expenses of Public Welfare Research Institutes of Xinjiang Uygur Autonomous Region; Research and Application of Key Technologies of Planting under the Saffron Forest (ky2021106)

Correspondence author: ZHU Jun (1982 -), male, researcher, master tutor, doctor, mainly engaged in the research of TCM ethnic medicine resources and cultivation in Xinjiang, (E - mail)285362468@qq.com