

张晴,牛清河,李毅,等.大型光伏电站建设对共和盆地土壤细菌群落的影响[J].中国沙漠,2026,46(3):1-10.

大型光伏电站建设对共和盆地土壤 细菌群落的影响

张晴^{1,2},牛清河¹,李毅¹,俎瑞平¹,王军战¹,
邓雅文^{1,2},张嘉宸³,苏春丽⁴

(1.中国科学院西北生态环境资源研究院 干旱区生态安全与可持续发展全国重点实验室/敦煌戈壁荒漠生态与环境
研究所,甘肃兰州 730000; 2.中国科学院大学,北京 100049; 3.青海黄河上游水电开发有限责任公司 高原能
源产业与生态研究中心,青海西宁 814000; 4.中国电力工程顾问集团华东电力设计院有限公司,上海 200063)

摘要:为探究大型光伏电站建设对土壤细菌群落多样性及功能的影响,在青海省共和县塔拉滩某大型光伏电站内,设置光伏板间区、光伏板下区、场外对照区,选取草地和沙地两种地表景观,调查土壤理化性质和植被特征,基于16S扩增技术分析细菌群落组成和多样性,分析环境因子对土壤细菌群落的影响。结果表明:草地和沙地各区优势菌门均为放线菌门(Actinobacteriota)、变形菌门(Proteobacteria)、绿弯菌门(Chloroflexi)、酸杆菌门(Acidobacteriota);细菌群落 α 多样性为场外对照区高于光伏电站内板间区和板下区;草地 β 多样性有显著差异,沙地无明显差异;全氮(TN)、全磷(TP)、铵态氮($\text{NH}_4^+\text{-N}$)是影响草地细菌群落优势菌门丰度的主要因子,土壤碱性磷酸酶活性是影响沙地细菌群落优势菌门丰度的主要因子;光伏电站土壤细菌生态功能均以碳循环代谢途径为主。大型光伏电站通过改变土壤理化性质而引起土壤细菌组成和多样性以及生态功能的变化。

关键词:光伏电站;土壤细菌;生态功能预测;微生物多样性

文章编号: 1000-694X(2026)03-001-10

DOI: 10.7522/j.issn.1000-694X.2025.00062

中图分类号: S154.3

文献标志码: A

0 引言

近年来,可再生能源在全球范围内得到了广泛应用,涵盖风力发电、太阳能发电、潮汐能发电和水力发电等多种形式。可再生能源之所以备受青睐,主要因为它们缓解气候变化方面具有显著优势^[1]。在所有可再生能源中,太阳能光伏发电的发展潜力最大,而中国的光伏装机总量占全球的46.5%^[2]。

大规模光伏电站的建设改变了土地利用方式和地表反照率,进而引起了局地微气候、生物多样性、土壤性质、生态系统物质循环和能量流动等方面的变化^[3]。西北荒漠和高寒地区拥有极为丰富的太阳能资源,在光伏电站建设中具有重要的区位优

势^[4]。在荒漠草地进行光伏电站建设能够提高土壤有机碳和氨态氮含量,有利于植物群落的生长和土壤的恢复^[5]。同时,光伏电站的建设增加了土壤含水量和黏土含量,光伏板下和板间土壤质量优于场外对照区^[6]。光伏电站建设能够缓解环境压力,因为光伏板能够吸收辐射、减少土壤蒸发并改变辐射平衡,从而增强土壤固碳能力,影响土壤养分和生物多样性^[7]。植被特征和土壤性质的改变必然会引起土壤微生物的变化。

土壤微生物对陆地生态系统功能和服务至关重要,例如调节气候、养分循环、植物生长等^[8]。目前,光伏电站对土壤微生物群落的影响研究主要集中在黄土高原、松嫩草地以及高寒荒漠^[9-12]。在黄土高原的研究表明光伏板遮光造成的光照空间异

收稿日期:2025-02-20; 改回日期:2025-05-06

资助项目:国家重点研发计划课题(2022YFB4202102);国家电投集团统筹研发经费支持项目(KYTC2020GF10);中电工程研发经费支持项目(DG2-P01-2022)

作者简介:张晴(2000—),女,河北石家庄人,硕士研究生,主要从事土壤微生物研究。E-mail: zhang_qing@nieer.ac.cn

通信作者:牛清河(E-mail: niuqh@lzb.ac.cn)

质性显著影响植物和土壤微生物群落结构及多样性,光合有效辐射是关键驱动因素^[9]。Wu等^[10]首次报道大型沙漠光伏电站土壤细菌群落特征,发现土壤细菌群落受土壤理化性质显著影响,光伏电站建设对其结构影响不显著。高寒草甸区光伏电站通过改变局地气候和土壤性质,显著影响土壤细菌群落组成及多样性,土壤有机质、土壤温度、速效磷、蒸发量、风速是影响细菌多样性的主要因素^[11]。

塔拉滩位于青藏高原共和盆地,太阳能资源丰富^[12],拥有全球一次性投入最大、单体容量最大、集中发电规模最大的光伏电站群^[13]。目前的研究主要集中在光伏电站对土壤性质、植物多样性、局地气候的影响^[14],而对于光伏电站对高寒地区微生物影响的研究相对较少。本研究以青海省共和县塔拉滩的某光伏电站为研究对象,分别在草地和沙地两种下垫面进行了植物地上生物量调查、土壤理化性质测定和土壤细菌高通量测序分析,旨在探讨光伏电站在高寒地区对两种下垫面细菌群落组成以及多样性的影响,为高寒区光伏电站的选址规划和建设提供理论依据。

1 研究区概况

研究区为青海省共和县某光伏电站(36°09'N、100°38'E),该电站位于青藏高原共和盆地中西部一塔拉光伏园区^[15],于2023年建成并投入运营。电站占地面积838.6 hm²,海拔2 860~2 870 m,总体地势平坦开阔,土壤类型主要为风沙土。该地年平均气温为5.2 °C,年降水量246.8 mm,属于高寒半干旱大陆性气候。研究区总体地表景观为荒漠化草地和沙化草地,主要植物种为冷蒿(*Artemisia frigida*)、紫花苜蓿(*Medicago sativa*)和紫羊茅(*Festuca rubra*)。

2 研究方法

2.1 实验设计

为探究光伏板不同遮盖区植物群落以及土壤理化性质对土壤细菌多样性的影响,设计了3种类型的样地:类型1为未遮阴的光伏板间,类型2为遮阴的光伏板下,类型3为光伏电站外无干扰的空地(对照),每种类型的样地又同时选取了草地和沙地两种地表景观,每种类型设置3个重复样地,共计18

个样本。

2.2 样品采集

植物群落调查设置1 m×1 m的样方。首先对植被的丰富度和物种盖度进行目测估算,然后将齐地面刈割后的植物样本置于烘干箱65 °C的环境中烘干24 h并称重,以此确定地上总生物量。

土壤样品采集之前去除地表植被,每个样方中采集表层(0~20 cm)土壤样品,将土壤样品分为两部分,一部分用于土壤理化性质的测定,另一部分放入保温箱送回实验室冷冻保存,之后采用16SrRNA高通量测序技术测定土壤微生物组成。土壤和植物样品采集时间均在2024年7月完成。

2.3 土壤理化性质的测定

全氮采用凯氏蒸馏法测定;硝态氮运用酚二磺酸比色法测定;水解性氮采用碱解扩散法测定;全磷采用氢氧化钠熔融-钼锑抗比色法测定;有效磷运用碳酸氢钠浸提-钼锑抗比色法测定;全钾通过碱熔-火焰光度法测定;速效钾采用乙酸铵浸提-火焰光度法测定;电导率和pH采用电极法测定;土壤含水量则使用烘干法测定^[16]并计算土壤干基含水率。同时测定了土壤碱性磷酸酶、土壤脲酶、土壤β-1-4葡聚糖酶等胞外酶活性^[17-19]。

2.4 土壤微生物高通量测序

利用1%琼脂糖凝胶电泳检测抽提不同土壤样本的基因组DNA,经电泳和Nanodrop-2000检测后,使用388F(5'-ACTCCTACGGGAGGCAGCAG-3')和806R(5'-GGACTACHVGGGTWTCTAAT-3')扩增细菌16SrRNA基因,并通过上海美吉生物医药有限公司在Illumina MiSeq测序平台对扩增产物进行高通量测序^[20]。

2.5 数据处理

使用R4.4.1分别对两种地表景观3种类型样地进行单因素方差分析,比较土壤细菌优势门的相对丰度以及α多样性指数的差异并利用Origin 2021进行可视化。非度量多维标度(NMDS)分析以及可视化借助生科云平台完成。利用vegan、dplyr、linkET、ggplot2和corrplot程序包进行Pearson相关性分析和Mantel test检验,探究环境因子与优势菌门、

菌属之间的相关性并进行可视化。土壤细菌群落 FAPROTAX 功能预测借助生科云平台完成并进行多重比较^[21],通过 Origin 2021 进行可视化。

3 结果

3.1 土壤细菌群落的组成

所有样品中的土壤细菌涵盖 40 门、125 纲、298 目、475 科、844 属、1 867 种。在门分类水平上,草地

优势细菌门分别是放线菌门(Actinobacteriota)、变形菌门(Proteobacteria)、绿弯菌门(Chloroflexi)、酸杆菌门(Acidobacteriota)、厚壁菌门(Firmicutes),占总丰度的 83.2%~85.7%(图 1A)。沙地优势菌门为放线菌门、变形菌门、酸杆菌门、绿弯菌门、厚壁菌门,占总丰度的 78.8%~80.5%(图 1B)。在草地中,变形菌门板间显著高于板下, $(P<0.05)$ 。绿弯菌门板下相对丰度最高,显著高于板间 $(P<0.05)$ 。沙地不同类型样地优势菌门相对丰度在统计上未表现出明显差异。

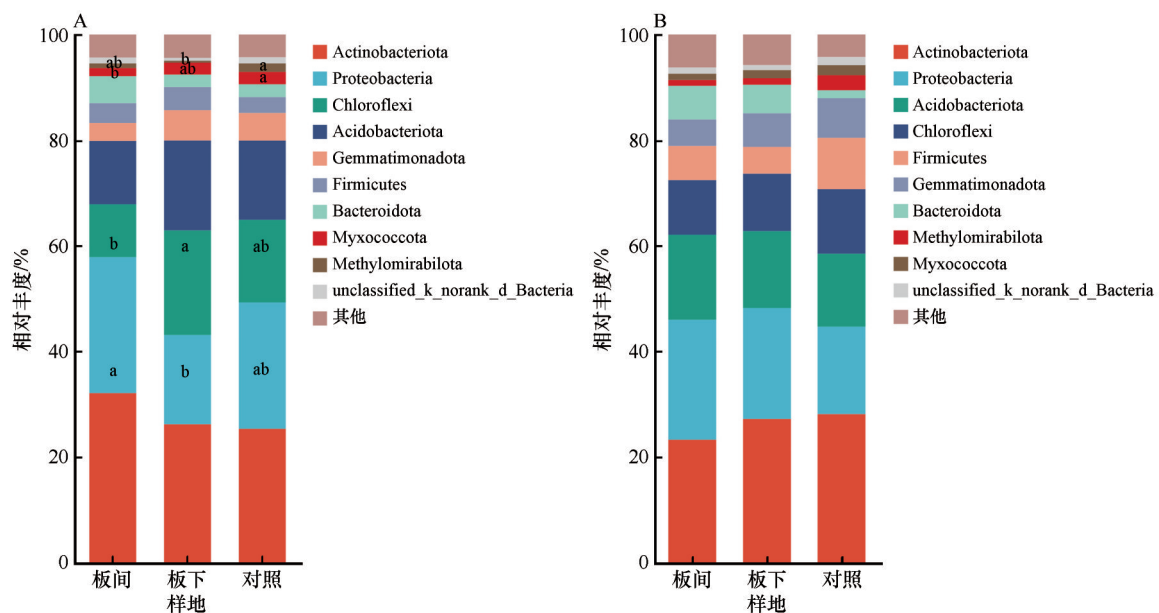


图1 草地(A)和沙地(B)土壤优势细菌门水平相对丰度

Fig.1 Relative abundances of dominant bacterial phyla in soil at the phylum level in grassland (A) and sandy land (B)

在属水平上,草地相对丰度前五的优势菌属分别为RB41属、红色杆菌属(*Rubrobacter*)以及未分类菌属,其中未分类菌属占比较高,最高为4.79%。沙地前五优势菌属分别为芽孢杆菌属(*Bacillus*)、未分类菌属和RB41属,未分类菌属占比2.40%~5.71%(图2)。草地两种优势菌属都表现为板下相对丰度显著高于板间和场外对照区 $(P<0.05)$,而沙地优势菌属没有显著差异。

3.2 土壤细菌群落的多样性差异

3.2.1 土壤细菌群落的 α 多样性

Coverage 为测序深度指数,用以表示各样品文库的覆盖率。从表1看出,各样品的 Coverage 指数均在 0.98 以上,这表明其能够代表样本的真实情况。对于草地而言,Ace 指数表现为电站场外对照区最高,光伏板间次之,板下最低;Simp-

son 指数的变化趋势为板间>板下=对照,且板间高于其他两种类型,Shannon 指数呈现出对照>板下>板间的态势,且与板间存在明显差异。在沙地中,Ace 指数的变化趋势相同,即对照>板下>板间,Shannon 指数也呈现出相同的变化趋势,而 Simpson 指数则是板间最高,电站周围对照最低,但多样性指数在统计学上均无显著性差异。

3.2.2 土壤细菌群落的 β 多样性

本研究通过非度量多维标度(NMDS)分析对数据进行可视化处理,得到了如图3所示的结果。不同群落 Stress 值均小于 0.05,说明拟合效果较好。草地土壤细菌 OTUs 在板间、板下和场外对照区存在明显差异 $(P<0.05)$,图 3A)。而沙地土壤细菌 OTUs 在光伏板间和板下与场外对照区无显著差异 $(P>0.05)$,图 3B)。

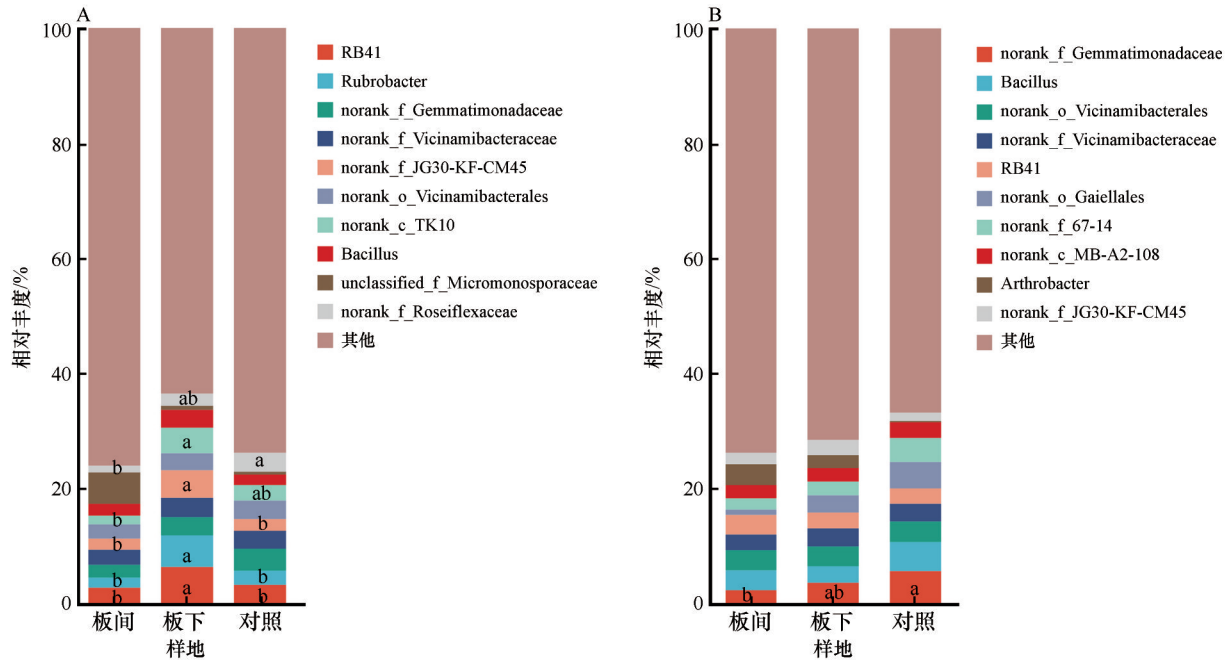


图2 草地(A)和沙地(B)土壤优势细菌属水平相对丰度

Fig.2 Relative abundances of dominant soil bacteria at the genus level in grassland (A) and sandy land (B)

表1 草地和沙地土壤细菌多样性指数

Table 1 Soil bacteria diversity index in grassland and sandy land

特征指标	草地			沙地		
	板间	板下	对照	板间	板下	对照
Ace 指数	3 405.44±1 098.26	3 035.14±263.09	3 408.65±15.52	2 295.84±138.35	2 967.80±223.87	3 347.67±43.13
Simpson 指数	0.020±0.018	0.006±0.000	0.006±0.002	0.009±0.004	0.005±0.002	0.004±0.002
Shannon 指数	5.86±1.06	6.34±0.04	6.37±0.16	5.94±0.56	6.42±0.11	6.60±0.16
Coverage 指数	0.98±0.00	0.99±0.00	0.99±0.00	0.99±0.00	0.99±0.00	0.99±0.00

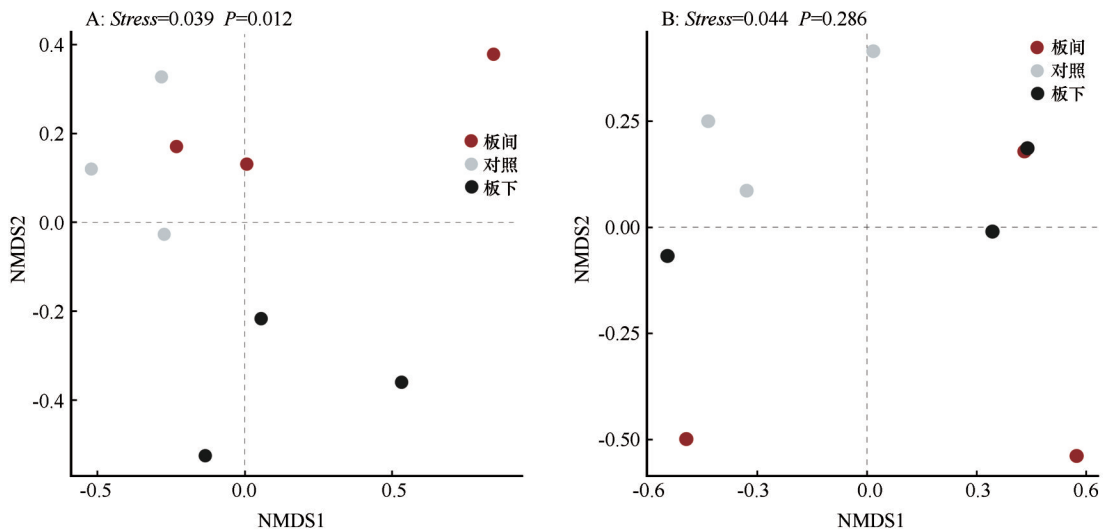


图3 草地(A)和沙地(B)土壤细菌β多样性

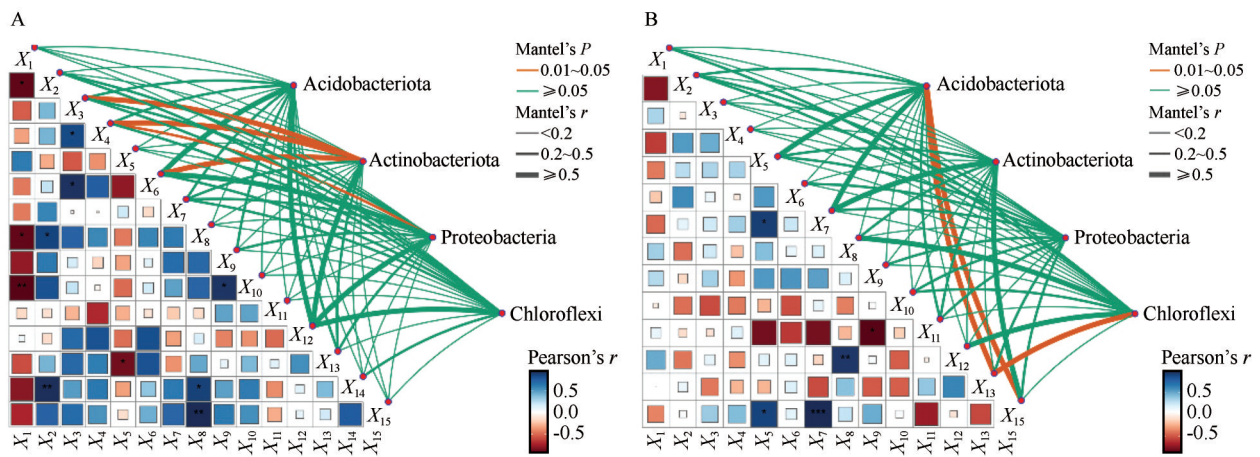
Fig.3 Soil bacteria β-diversity in grassland (A) and sandy land (B)

3.3 土壤细菌群落与环境因子的相关性

Mantel-test 结果如图 4~5 所示,通过分析环境因子相关性矩阵,可以看出在草地细菌群落中,pH 与电导率(EC)、水解性氮(HN)、速效钾(AK)含量显著负相关,电导率和水解性氮含量显著正相关,全氮含量(TN)和全磷(TP)、铵态氮(NH₄⁺-N)含量显著正相关,全钾(TK)含量和土壤碱性磷酸酶活性显著负相关,有效磷(AP)和速效钾(AK)含量显著正相关,地上生物量(BB)与pH负相关,与电导率

(EC)、水解性氮(HN)含量正相关。从优势菌门相对丰度和环境因子的关联分析可以看出,土壤中全氮、全磷、铵态氮含量显著影响放线菌门丰度,全磷含量还显著影响变形菌门丰度。在属水平上RB41属和红色杆菌属均受硝态氮(NO₃⁻-N)的显著影响,同时土壤脲酶活性是RB41属丰度的影响因子。

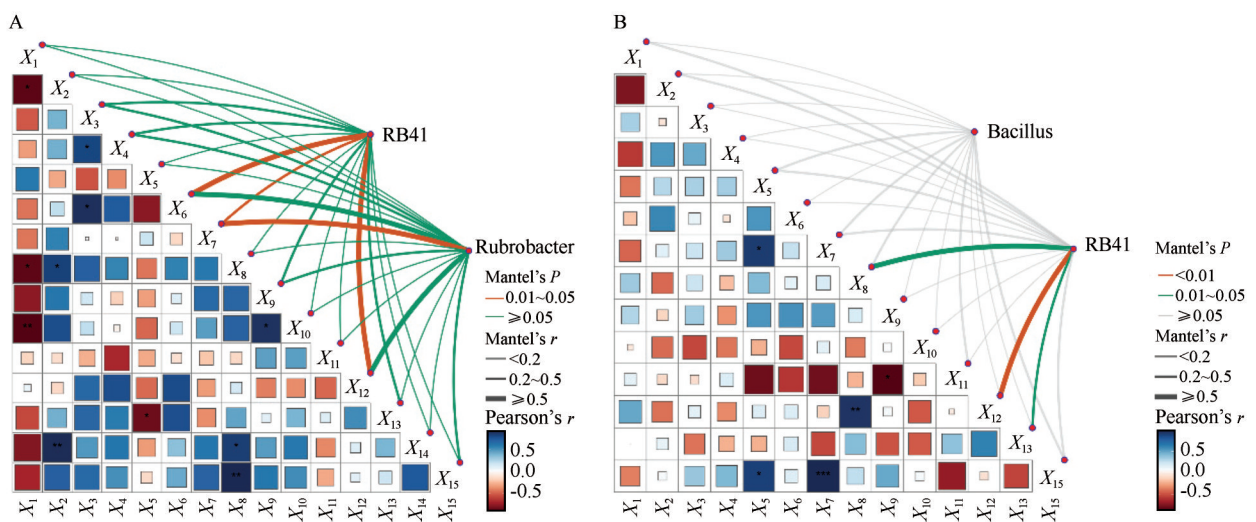
沙地细菌群落中TK含量和NO₃⁻-N含量显著正相关,HN和土壤脲酶活性呈显著正相关,有效磷和土壤β-1-4葡聚糖酶活性呈显著负相关。土壤碱性磷酸酶活性是显著影响沙地酸杆菌门和绿弯菌门



注: X₁为pH; X₂为电导率; X₃为全氮; X₄为全磷; X₅为全钾; X₆为铵态氮; X₇为硝态氮; X₈为水解性氮; X₉为有效磷; X₁₀为速效钾; X₁₁为土壤β-1-4葡聚糖酶活性; X₁₂为土壤脲酶活性; X₁₃为土壤碱性磷酸酶活性; X₁₄为地上生物量; X₁₅为土壤含水率

图4 草地(A)和沙地(B)优势菌门相对丰度和环境因子的相关性

Fig.4 Correlation between the relative abundances of dominant bacterial phyla and environmental factors in grassland (A) and sandy land (B)



注: X₁为pH; X₂为电导率; X₃为全氮; X₄为全磷; X₅为全钾; X₆为铵态氮; X₇为硝态氮; X₈为水解性氮; X₉为有效磷; X₁₀为速效钾; X₁₁为土壤β-1-4葡聚糖酶活性; X₁₂为土壤脲酶活性; X₁₃为土壤碱性磷酸酶活性; X₁₄为地上生物量; X₁₅为土壤含水率

图5 草地(A)和沙地(B)优势菌属相对丰度和环境因子的相关性

Fig.5 Correlation between the relative abundances of dominant bacterial genera and environmental factors in grassland (A) and sandy land (B)

的关键环境因子,同时酸杆菌门还受土壤含水率的影响。在属水平上,土壤脲酶活性、土壤碱性磷酸酶活性以及HN是RB41属丰度的影响因子。

3.4 土壤细菌群落 FAPROTAX 功能预测

利用 FAPROTAX 对光伏电站沙地和草地土壤细菌的生态功能进行了预测分析,分析结果表明无论是草地还是沙地,土壤细菌的主要功能均集中在碳循环方面(图6)。

在草地土壤中,丰度前15的功能以与碳循环相关的代谢途径为主(图6A),涵盖了化能异养(chemoheterotrophy)、需氧化能异养(aerobic_chemoheterotrophy)、发酵(fermentation)以及芳香族化合物降解(aromatic_compound_degradation),板间

(75.00%)和板下(73.87%)的丰度均高于场外对照区(65.93%)。此外,氮循环代谢途径丰度分别为7.12%(板间)、12.16%(板下)、10.31%(对照),板下相对丰度最高。依据多重比较的结果,草地组间存在显著性差异($P<0.05$)的功能共有7种(图7A)。其中,相对丰度在前15的硝酸盐还原(nitrate_reduction)与氮循环代谢途径变化趋势一致。另外甲醇氧化(methanol_oxidation)、无光合氢氧化(dark_hydrogen_oxidation)、芳香烃降解(aromatic_hydrocarbon_degradation)、脂肪族非甲烷烃降解(aliphatic_non_methane_hydrocarbon_degradation)、几丁质分解(Chitinolysis)和碳氢化合物降解(hydrocarbon_degradation)具有相同规律,即板间的丰度显著高于板下和场外对照区。

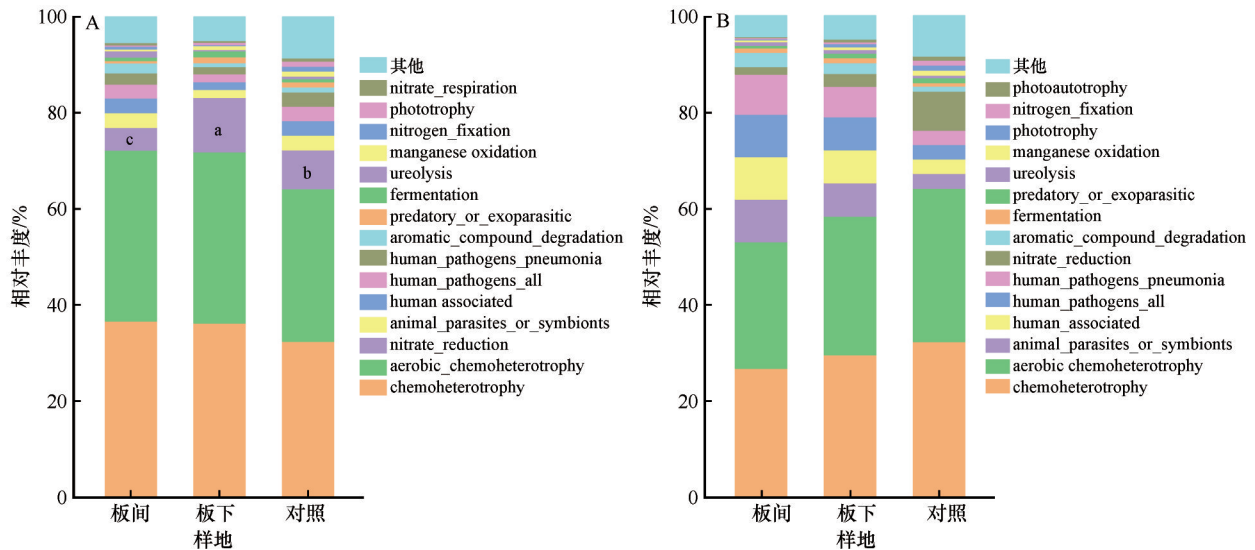


图6 草地(A)和沙地(B)土壤细菌生态功能预测

Fig.6 Prediction of the ecological functions of soil bacteria in grassland (A) and sandy land (B)

对于沙地土壤,丰度前15主要功能与草地相似(图6B),但在丰度上略有差异。与碳循环相关的代谢途径丰度呈现场外略高于场内的趋势,与草地相反。多重比较分析显示,沙地组间存在显著性差异($P<0.05$)的功能共有3种(图7B),分别为甲醇氧化(methanol_oxidation)、无光合氢氧化(dark_hydrogen_oxidation)、甲基营养(methylotrophy),三者呈现出相同规律,即板间和板下无差异但显著高于场外对照区。

4 讨论

4.1 光伏电站对土壤细菌群落组成和多样性的影响

土壤微生物是土壤生态系统的核心组成部分,

也是环境变化的敏感指标,并在维持生态系统的功能和稳定性方面发挥着关键作用^[22]。本文的研究结果显示,光伏电站的建设与运营改变了高寒荒漠化草地的土壤细菌群落组成和结构,但对沙地土壤细菌群落影响相对较小。在门分类水平上,本研究中的优势细菌与Kang等^[23]、刘怡萱等^[24]在青藏高原的微生物研究结果一致,草地和沙地光伏电站内外均以放线菌门、变形菌门、酸杆菌门、绿弯菌门为优势菌。在对青藏高原不同生境土壤细菌的研究中也发现,土壤样品中细菌以变形菌门、放线菌门为主^[25-26]。草地中变形菌门的相对丰度在光伏板间显著高于其他区域,而绿弯菌门板间的相对丰度则低于其他区域。研究表明,草地恢复将土壤微生物从

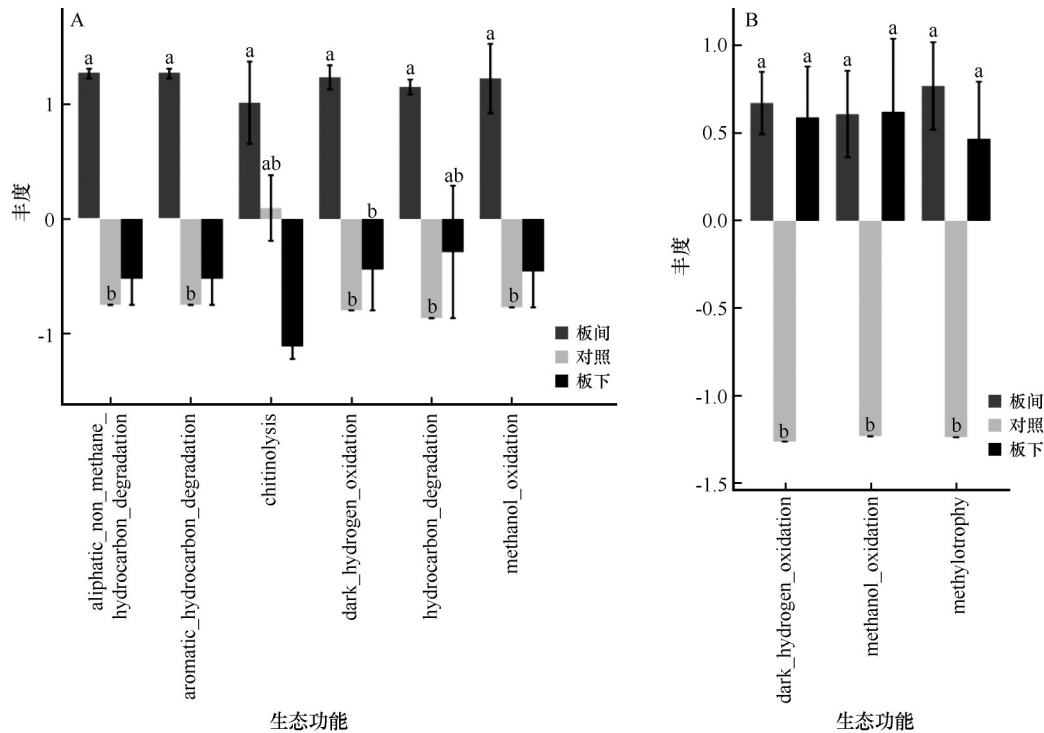


图7 草地(A)和沙地(B)土壤细菌生态功能多重比较

Fig.7 Multiple comparisons of ecological functions in grassland (A) and sandy land (B)

寡营养型转向富营养型,增加了放线菌、变形菌的相对丰度,但减少了酸杆菌和绿弯菌的相对丰度^[27]。光伏板下变形菌门丰度降低、绿弯菌门丰度升高,这可能是光伏建设等人为扰动导致土壤养分降低的结果;而场外对照区过度放牧导致的草地退化可能是造成细菌群落有相同变化的主要原因。在沙地中,优势细菌门在 $P<0.05$ 的显著性水平下未表现出显著差异,这表明光伏电站的建设对沙地细菌群落组成无显著影响,而对草地细菌群落的影响较大。在属水平上,RB41属于酸杆菌门^[28],变化趋势与酸杆菌门一致,有研究指出 CO_2 浓度高、 O_2 浓度低的土壤环境适宜RB41生存^[29],因此光伏板下高生物量以及光伏板的遮阴作用使得板下土壤含水率高可能是引起此变化的原因。

Ace 指数通常被视作群落丰富度指数,Simpson 指数和 Shannon 指数则为群落多样性指数。在本研究中,土壤细菌多样性指数草地普遍高于沙地,表明草地土壤细菌群落的物种多样性更为丰富。此外,草地和沙地的物种丰富度指数和多样性指数均显示出场外对照区高于光伏电站内的趋势,这一现象表明未经过工程扰动的场外对照区细菌群落具有更高的物种数目和多样性。这一发现与竹兰萍等^[30]的研究结果一致,他们通过对不同干扰

河道断面进行研究指出,未受工程扰动的区域细菌多样性最高。因此,可以推断建设年限较短的光伏电站内,草地和沙地两种生态系统的土壤细菌群落均会受到人类活动和工程建设的显著影响。

Simpson 指数和 Shannon 指数反映的是物种丰富度和均匀度的综合指标,Simpson 指数越高,物种多样性越低而 Shannon 指数则与之相反,其中 Simpson 指数对物种均匀度的变化更为敏感^[31]。从表 1 的数据可以看出,无论是草地还是沙地,场外对照区的这两个指数均高于其他区域,而板间则明显低于其他区域。在本研究中,草地板间区域多样性指数最低、Ace 指数较高,原因可能为物种个体数量分布不均匀,沙地板间区域多样性指数最低应该是 Ace 指数低造成的。

综上所述,草地生态系统光伏板下区域富营养型细菌相对丰度降低,寡营养型细菌相对丰度升高,同时两种生态系统场外区域土壤细菌群落的 α 多样性均高于场内。

4.2 光伏电站土壤细菌群落与环境因子的关系

本研究结果显示,环境因子对土壤优势菌丰度有显著影响(图 4~5)。草地和沙地中酸杆菌门和 pH 为负相关,这也与前人的研究一致^[32]。草地土壤

细菌群落中 TN、TP、 $\text{NH}_4\text{-N}$ 是影响丰度的主要因子,放线菌门为丰度最高的物种在草地群落中有重要的生态作用。与姚佳妮等^[33]在荒漠草原的研究结果相同,放线菌门丰度与土壤全氮、铵态氮、全磷含量呈显著正相关,氮源和磷源是影响细菌群落结构的关键因子^[34]。变形菌门丰度和全磷含量呈显著相关,变形菌门的许多细菌能够利用环境中的磷作为自身生长和繁殖的营养元素^[35]。当环境中的全磷含量较高时,为变形菌门提供了丰富的磷源,满足了它们的生长需求,从而促进了变形菌门细菌的增殖。土壤中的酶活性紧密关联着碳、氮、磷元素的转换过程,土壤碱性磷酸酶活性和土壤含水率是影响沙地细菌群落优势菌门丰度的关键因子。Zhang 等^[36]的研究显示,施加化肥后土壤碱性磷酸酶活性降低,酸杆菌门、绿弯菌门相对丰度较高,与本文中土壤碱性磷酸酶活性与酸杆菌门和绿弯菌门相对丰度呈负相关的结果一致。RB41 的丰度在草地和沙地群落都受土壤脲酶活性的影响,这与周永学等^[28]的研究结果一致,RB41 的相对丰度与土壤脲酶活性存在显著的相关关系。

4.3 光伏电站对土壤细菌群落功能的影响

功能预测结果表明,光伏电站建设对土壤细菌功能有显著影响。总体上以化能异养、需氧化能异养两种代谢功能为主,化能异养和需氧化能异养主要参与碳循环代谢过程,利用有机物为碳源获取能量,是细菌群落最广泛的生态功能之一,包括放线菌门、变形菌门、厚壁菌门等自然界大多数细菌都可参与。除碳循环相关功能外,其次是氮循环代谢途径,主要有硝酸盐还原、氮固定、硝酸盐呼吸,其中硝酸盐还原在草地细菌群落具有显著差异,板下的相对丰度明显高于其他两个区域。An 等^[37]的研究表明硝态氮与铵态氮的比例是驱动参与硝酸盐还原过程的细菌群落动态的重要因素,这与本文的土壤理化性质一致,板下硝态氮与铵态氮的比例最低,与硝酸盐还原功能呈负相关。甲醇氧化、无光合氢氧化、芳香烃降解、脂肪族非甲烷烃降解、几丁质分解和碳氢化合物降解等具有显著差异,可能是由于光伏电站的建设运营导致甲醇、芳香烃等污染物进入土壤,使得电站内几类代谢功能丰度显著高于电站外。光伏电站建设的光伏材料和运营的人为扰动造成光伏电站土壤细菌的群落结构发生改

变,从而对生态功能造成影响。

5 结论

光伏电站的建设和运营引起了土壤细菌群落组成改变,且对草地细菌群落影响较大,同时草地和沙地两种地表景观的土壤细菌多样性呈现降低的趋势。

影响草地土壤优势细菌相对丰度的主要因子是全氮、全磷和铵态氮,影响沙地细菌群落优势菌门丰度的关键因子是土壤碱性磷酸酶活性与土壤含水率;土壤脲酶活性是影响两者优势菌属的主要因素。

草地和沙地土壤细菌生态功能都以碳循环为主,光伏电站建设显著增加了甲醇氧化、无光合氢氧化、芳香烃降解、脂肪族非甲烷烃降解等与碳循环相关土壤细菌相对丰度。

参考文献:

- [1] Choi J, Son W S, Lee S, et al. Advancing global solar photovoltaic power forecasting with sub-seasonal climate outlooks [J]. *Renewable Energy*, 2024, 237(PC): 121803–121803.
- [2] IEA. *Renewables 2023* [R]. Paris, France: IEA, 2004.
- [3] 岳生娟. 青海荒漠区大规模光伏开发生态环境效应研究 [D]. 西安: 西安理工大学, 2022.
- [4] 刘向, 张鹏, 刘建全. 无机肥料是青海塔拉滩光伏电站植被恢复过程中的限制性因子 [J]. *生物多样性*, 2022, 30(5): 29–36.
- [5] 吴彤, 段媛媛, 李捷, 等. 不同光伏阵列建设对荒漠草地植物群落自然恢复和土壤理化性质的影响 [J/OL]. *草业科学*. [2024-11-19]. Doi: 10.11829/j.issn.1001-0629.2024-0089.
- [6] Yue S, Guo M, Yuan B, et al. Large-scale photovoltaic farms in the Qinghai desert: soil quality assessment methods [J]. *Environmental Engineering Science*, 2024, 41(6): 251.
- [7] Wu W, Chen H, Li C, et al. Assessment of the ecological and environmental effects of large-scale photovoltaic development in desert areas [J]. *Scientific Reports*, 2024, 14(1): 22456.
- [8] Wang C, Pan X, Yu W, et al. Aridity and decreasing soil heterogeneity reduce microbial network complexity and stability in the semi-arid grasslands [J]. *Ecological Indicators*, 2023, 151: 110342.
- [9] Li C, Liu J, Bao J, et al. Effect of light heterogeneity caused by photovoltaic panels on the plant-soil-microbial system in solar park [J]. *Land*, 2023, 12(2): 367.
- [10] Wu W, Yuan B, Zou P, et al. Distribution characteristics of bacterial communities in photovoltaic industrial parks in Northwest China [C] // *IOP Conference Series: Earth and Environmental Science*. Bristol, UK: IOP Publishing, 2022: 012093.
- [11] 孙文倩, 楚彬, 叶国辉, 等. 光伏发电站对高寒草甸土壤细菌群落组成及多样性的影响研究 [J]. *草地学报*, 2025, 33(2):

- 440-450.
- [12] 丁成翔,刘禹. 光伏园区建设对青藏高原高寒荒漠草地土壤原核微生物群落的影响[J]. 草地学报, 2021, 29(5): 1061-1069.
- [13] 谈昭贤,陈晓澄,肖洒,等. 青海省塔拉滩光伏电站对植被多样性的影响[J]. 青海科技, 2023, 30(6): 10-18.
- [14] 王怡雯,马瑶瑶,史培军,等. 干旱区光伏电站运营对局地生态环境的影响[J]. 干旱区研究, 2024, 41(8): 1423-1433.
- [15] 王学全,尹书乐,杨占武,等. 共和盆地塔拉滩不同类型草地群落组成与土壤特性[J]. 林业科学研究, 2015, 28(3): 346-351.
- [16] 鲍士旦. 土壤化学分析[M]. 北京: 中国农业出版社, 2011.
- [17] 孔涛,郑爽,张莹,等. 煤矸石对盐碱土壤绿化和土壤微生物的影响[J]. 水土保持学报, 2018, 32(6): 321-326.
- [18] Li Q, Song X, Yrjälä K, et al. Biochar mitigates the effect of nitrogen deposition on soil bacterial community composition and enzyme activities in a *Torreya grandis* orchard[J]. *Forest Ecology and Management*, 2020, 457: 117717.
- [19] 杨星,张利辉,郑超,等. 黄顶菊入侵对土壤微生物、土壤酶活性及土壤养分的影响[J]. 植物营养与肥料学报, 2012, 18(4): 908-915.
- [20] 张君红,王健宇,孟泽昕,等. 土壤微生物多样性通过共现网络复杂性表征高寒草甸生态系统多功能性[J]. 生态学报, 2022, 42(7): 2542-2558.
- [21] Gao Y, Zhang G, Jiang S, et al. Wekemo Bioincloud: a user-friendly platform for meta-omics data analyses[J]. *Imeta*, 2024, 3(1): e175.
- [22] Crowther T W, Rappuoli R, Corinaldesi C, et al. Scientists' call to action: microbes, planetary health, and the sustainable development goals[J]. *Cell*, 2024, 187(19): 5195-5216.
- [23] Kang L, Song Y, Mackelprang R, et al. Metagenomic insights into microbial community structure and metabolism in alpine permafrost on the Tibetan Plateau[J]. *Nature Communications*, 2024, 15(1): 5920.
- [24] 刘怡萱,曹鹏熙,马红梅,等. 青藏高原土壤微生物多样性及其影响因素研究进展[J]. 环境生态学, 2019, 1(6): 1-7.
- [25] 程亮,王信,郭青云. 青藏高原不同生境土壤细菌群落结构特征及其与环境的关系[J]. 干旱地区农业研究, 2019, 37(1): 18-26.
- [26] Bryan B A, Gao L, Ye Y, et al. China's response to a national land-system sustainability emergency [J]. *Nature*, 2018, 559(7713): 193-204.
- [27] Yang Y, Dou Y, Wang B, et al. Deciphering factors driving soil microbial life-history strategies in restored grasslands [J]. *Imeta*, 2023, 2(1): e66.
- [28] 周永学,陈静,李远,等. 棉秆还田对咸水滴灌棉田土壤酶活性和细菌群落结构多样性的影响[J]. 环境科学, 2022, 43(4): 2192-2203.
- [29] 程萌,马俊杰,刘丹,等. CO₂封存泄漏的稻田土壤细菌监测指标筛选研究[J]. 环境科学学报, 2021, 41(6): 2390-2401.
- [30] 竹兰萍,张拓,李佳宁,等. 嘉陵江不同干扰断面河道沉积物细菌群落多样性[J]. 环境科学, 2023, 44(7): 3872-3880.
- [31] 许晴,张放,许中旗,等. Simpson指数和Shannon-Wiener指数若干特征的分析及“稀释效应”[J]. 草业科学, 2011, 28(4): 527-531.
- [32] 刘雪峰,刘矜杰,陈晓锋,等. 库布齐沙漠生物土壤结皮细菌群落结构及多样性[J]. 内蒙古林业科技, 2022, 48(4): 21-27.
- [33] 姚佳妮,代金霞,刘爽,等. 宁夏荒漠草原典型灌丛根际土壤细菌群落结构与功能[J]. 生态学报, 2024, 44(20): 9285-9299.
- [34] 王颖,孙层层,周际海,等. 生物炭添加对半干旱区土壤细菌群落的影响[J]. 中国环境科学, 2019, 39(5): 2170-2179.
- [35] 万甜,何梦夏,任杰辉,等. 渭河流域水体细菌群落的环境响应及生态功能预测[J]. 环境科学, 2019, 40(8): 3588-3595.
- [36] Zhang Y, Wu S X, Lei Q L. Effects of different manures on soil enzyme activity and microbial community [J]. *Soils*, 2022, 54(6): 1175-1184.
- [37] An T, Wang F, Ren L, et al. Ratio of nitrate to ammonium mainly drives soil bacterial dynamics involved in nitrate reduction processes [J]. *Applied Soil Ecology*, 2022, 169: 104164.

Impact of large-scale photovoltaic power station construction on soil bacterial communities in the Gonghe Basin

Zhang Qing^{1,2}, Niu Qinghe¹, Li Yi¹, Zu Ruiping¹, Wang Junzhan¹,
Deng Yawen^{1,2}, Zhang Jiachen³, Su Chunli⁴

(1. National Key Laboratory of Ecological Safety and Sustainable Development in Arid Lands / Dunhuang Gobi and Desert Ecology and Environment Research Station, Northwest Institute of Eco-Environment and Resources, Chinese Academy of Sciences, Lanzhou 730000, China; 2. University of Chinese Academy of Sciences, Beijing 100049, China; 3. Center for Plateru Energy Industry and Ecology, Qinghai Huanghe Hydropower Development Co., Ltd., Xining 814000, China; 4. East China Electric Power Design Institute Co., Ltd., China Power Engineering Consulting Group, Shanghai 200063, China)

Abstract: To explore the impact of large-scale photovoltaic (PV) power station construction on soil bacterial community diversity and function, a study was conducted at a large-scale PV power station in Talatan, Gonghe County, Qinghai Province. Sampling areas were set up in the inter-panel zone, under-panel zone, and an off-site control zone, covering both grassland and sandy land surface landscapes. Soil physicochemical properties and vegetation characteristics were investigated, and bacterial community composition and diversity were analyzed using 16S amplification technology. The influence of environmental factors on soil bacterial communities was also examined. The results showed that the dominant bacterial phyla in both grassland and sandy land areas were Actinobacteriota, Proteobacteria, Chloroflexi, and Acidobacteriota. The α -diversity of bacterial communities was higher in the off-site control zone compared to the inter-panel and under-panel zones within the PV power station. Significant differences in β -diversity were observed in grassland, but not in sandy land. Total nitrogen, total phosphorus, and ammonium nitrogen were the main factors affecting the abundance of dominant bacterial phyla in grassland, while soil alkaline phosphatase activity was the primary factor influencing the abundance of dominant bacterial phyla in sandy land. The ecological functions of soil bacteria in the PV power station were predominantly centered on carbon cycling metabolic pathways. The construction of large-scale PV power stations alters soil physicochemical properties, thereby inducing changes in soil bacterial composition, diversity, and ecological functions.

Key words: photovoltaic power station; soil bacteria; ecological function prediction; microbial diversity