东双娟,蔡兆山,何昱璇,等.光伏电站对盐碱地土壤细菌群落结构及功能的影响[J].中国沙漠,2026,46(5):31-42.

光伏电站对盐碱地土壤细菌群落结构及功能的影响

东双娟[1],蔡兆山[2],何昱璇[3],李 青[3],曹毅博[1],肖建华[4],马 瑞[1]

(1.甘肃农业大学 林学院,甘肃 兰州 730070;2.华电甘肃能源有限公司,甘肃 兰州 730300;3.中国电建集团北京勘测设计研究院有限公司,北京 100024;4.中国科学院西北生态环境资源研究院,甘肃 兰州 730000)

摘要:本研究以甘肃省民勤县红砂岗200 MW光伏发电基地为研究对象,系统探究了光伏电站建设对盐碱地这一特殊生境土壤理化性质、微生物群落结构及功能的影响。通过测定光伏电站内部太阳能发电板板间(IP)、板檐(FP)、板下(UP)及外部未经人为干扰的对照区域(CK)表层土壤(0~20 cm)的理化性质,并基于16S rDNA对其进行高通量测序与功能预测分析,揭示了光伏电站建设对盐碱地土壤环境和微生物结构的调控作用。结果表明:(1)光伏电站建设显著改善了盐碱地土壤水分与养分状况,其中UP位置改善效果最好,土壤含水率、有机碳、全氮、全钾含量分别为CK的2.32、2.71、2.81、3.09倍,提升明显;(2)光伏电站内部土壤微生物多样性显著高于场外对照区,UP的物种丰富度与Shannon指数较CK分别增加26.28%和15.56%;(3)建设光伏电站使盐碱地土壤细菌群落结构发生明显变化,与CK相比,IP、FP和UP的芽单胞菌门(Gemmatimonadota)、拟杆菌门(Bacteroidota)和浮霉菌门(Planctomycetota)的相对丰度均显著提升,在属水平上,FP位置的嗜盐单胞菌属(*Halomonas*)和UP位置的特鲁珀氏菌属(*Truepera*)相对丰度较CK增幅显著,分别为CK的28.87倍和138.74倍;(4)Mantel分析表明,土壤pH、电导率、含水量和全氮是驱动盐碱地土壤微生物群落变化的关键环境因子;(5)功能预测结果显示,盐碱地土壤细菌功能以新陈代谢为主,其中碳水化合物代谢、氨基酸代谢等途径在电站内部较CK显著增强。本研究为光伏发电背景下盐碱地土壤微生物生态响应提供理论依据,对干旱区生态恢复与土壤可持续利用具有一定参考价值。

关键词:盐碱地;光伏发电;土壤细菌;群落结构;功能预测

文章编号:1000-694X(2026)05-031-12 **DOI**:10.7522/j.issn.1000-694X.2026.00019

中图分类号:S287 **文献标志码**:A

0 引言

为积极应对全球气候变化,中国提出了“双碳”目标,旨在通过节能减排,实现绿色低碳发展[1-2]。在此目标指引下,中国新能源利用技术发展进入新时期,其中太阳能发电技术不断提升,产业链条逐步完善[3]。光伏发电在提供新能源的同时,其建设和维护阶段也对局地微气候和生态环境产生了深远影响[4],日益成为研究讨论的热点。

中国盐碱地分布广泛,面积约为9 913万hm^2,约占全球盐碱地总面积的10%[5-7]。盐碱地土壤水分极度失衡,蒸发强烈但含水量低,同时土壤pH和含盐量较高、孔隙度小、结构差[8-9]。此外,盐分持续聚积不仅会破坏土壤团粒结构、降低有机质含量,还可能引发盐尘暴、加剧地下水矿化[10]。因此,盐碱土的治理与利用成为当前亟待解决的关键问题。有研究表明,在光伏电站内部安装太阳能板显著改变了土壤水热条件、地表风速及土壤养分状况[4,11]。杨丽薇等[12]发现,太阳能板的分布显著改变了光伏发电厂区内风速的垂直分布;牛清河等[13]指出电站建设过程中对地表强烈扰动会增强风沙输移强度,进而减少戈壁土壤养分含量。还有研究指出,光伏电站的建设及运维会破坏盐碱地地表结皮和土壤结构,进而产生盐碱粉尘并加剧风蚀[14]。

土壤微生物作为土壤生态系统中的核心组分,

收稿日期:2025-12-22;**改回日期**:2026-03-03

资助项目:中国华电有限公司重点科技项目(CHDKJ23-04-01-61)

作者简介:东双娟(2003—),女,甘肃定西人,硕士研究生,主要研究方向为荒漠生态学。E-mail:2180642251@qq.com

通信作者:马瑞(E-mail:mar@gsau.edu.cn)

既是驱动有机物分解与转化的关键因子，又对养分循环和土壤健康调控起重要作用[15-17]。在荒漠化治理背景下，多项研究表明人为干预措施显著影响土壤微生物群落及功能。例如，复合治沙措施明显改变了土壤细菌群落结构及其代谢功能[18]；不同植被恢复策略导致沙地生态系统的土壤细菌群落组成差异显著，并引起其潜在生态功能的变化[19]。在高寒草甸生态系统中，光伏电站的建设与运营也显著影响土壤细菌群落组成、多样性及参与代谢功能的菌群[20]。

目前，针对光伏电站的研究多集中于草地和沙漠生态系统，而对盐碱地生态系统中土壤理化性质及微生物群落结构影响的研究相对匮乏，缺乏相关数据和理论支撑。基于此，本研究以武威市民勤县红砂岗200 MW光伏发电基地为研究对象，通过测定与分析光伏电站内外土壤的理化性质、微生物群落结构特征及土壤环境因子对微生物群落结构的影响关系等，旨在揭示光伏电站建设对盐碱地土壤微生物群落及生态环境的影响，为干旱区生态恢复提供理论依据。

1 研究区概况与方法

1.1 研究区概况

研究区位于甘肃省民勤县红砂岗镇，区域海拔约为1 400 m[21]，年降水量为110 mm，年蒸发量高达2 644 mm，属于极端干旱区，年日照时数达3 192.3 h，年均气温达9.4 ℃，昼夜温差显著，属于典型的大陆性沙漠气候[22]。地形以沙丘和盆地为主，地势平坦开阔。本研究选用2023年建成投产的武威市民勤县红砂岗200 MW光伏发电基地（38°53′01″N，102°31′57″E）作为研究对象，光伏发电区占地面积344.9 hm^2，地下水位较高，土壤盐碱化严重[23]。电站内土壤砂砾含量约86.37%，以荒漠土为主。通过2025年6月调查，发现电站内外植被差异显著，电站内部植被包括白刺（*Nitraria tangutorum*）、芨芨草（*Achnatherum splendens*）和梭梭（*Haloxylon ammodendron*），其中白刺为优势种，植被盖度约为21%；电站外未扰动区域植被则以白刺（*Nitraria tangutorum*）和梭梭（*Haloxylon ammodendron*）为主，植被盖度约为14%。

1.2 土壤样品采集

根据光伏板空间布局，在电站中心区域布设采样点，分别在光伏板间（Inter-Panel area，IP）、光伏板檐（Front-edge Panel drip line，FP）和光伏板下（Under-Panel area，UP）位置采集土壤样品；同时在距离光伏电站1 km外、未经人为扰动的自然区域作为对照区域（CK）进行土壤取样，共计4处采样点。在每个采样点开挖深度为20 cm的土壤剖面，设置3个重复，使用取土铲分别采集0~20 cm土层的混合土样。此外，使用100 cm^3环刀采集0~10 cm土层深度土壤用于测定土壤容重和含水量。所采集的混合土样中，每份土壤样品中取50 g装入无菌袋并置于液氮恒温箱中转运，后保存于−80 ℃超低温环境以用于土壤微生物多样性测定，剩余混合土样装入自封袋，带回实验室测定其他土壤理化性质[24]。

1.3 土壤理化性质测定

在土壤理化性质的测量中，将100 cm^3环刀采集所得土样采用烘干称重法（Oven-drying Method，将土样放入105 ℃烤箱烘烤12 h）测量土壤容重（Soil Bulk Density，BD）和土壤含水率（Soil Water Content，SWC）。将混合土样置于室内，经过自然风干后研磨，过1 mm筛，剔除植物根系和石砾，放入干净容器保存备用。土壤pH值和电导率（Electrical Conductivity，EC）采用电位法（Potentiometric Method，水∶土=5∶1）测定，土壤有机碳（Soil Organic Carbon，SOC）含量通过重铬酸钾外加热法测定，土壤全氮（Soil Total Nitrogen，TN）含量使用凯氏定氮仪法测定，土壤全磷（Soil Total Phosphorus，TP）含量采用钼锑抗比色法测定，土壤全钾（Soil Total Potassium，TK）含量则通过氢氧化钠熔融法测定[25]，以上各项指标测定均设置3次重复，以确保数据的可靠性。

1.4 16S rDNA提取与测序

委托广东美格基因科技有限公司测定土壤微生物各项指标。首先采用磁珠法土壤DNA提取试剂盒抽提基因组DNA，并利用Thermo NanoDrop One检测其纯度和浓度。后根据细菌16S V4区引物（515F和806R），使用带barcode的特异引物及TaKaRa Premix Taq® Version 2.0进行PCR扩增，先进行94 ℃预变性5 min，再进行94 ℃变性30 s，52 ℃

退火 30 s，72 ℃延伸 30 s 循环 30 次，最后 72 ℃延伸 10 min，并进行产物电泳检测。扩增完成后对各 PCR 产物进行浓度对比并将其混合，之后使用 TE 缓冲液洗脱并回收目标 DNA 片段[26]，最后严格遵循 NEBNext® Ultra™ II DNA Library Prep Kit for Illumina®标准流程构建扩增子文库，并基于 Illumina Nova 6000 高通量测序平台完成 PE250 双端测序。序列上传至国际生物技术信息中心（National Center for Biotechnology Information，NCBI）序列读取存档（Sequence Read Archive，SRA）处，获得的登录号为 PRJNA1419560。

1.5　数据处理与分析

利用 fastp 软件对原始读数（Raw Reads）进行滑窗质量控制，并利用 cutadapt 工具去除引物序列，得到质控后的双端清洁读数（paired-end Clean Reads），然后对 Clean Reads 进行拼接，得到原始拼接序列（Raw Tags），最后进行质量过滤得到有效的拼接片段（Clean Tags）。基于 Clean Tags，采用 UPARSE 算法在 97% 相似度水平下进行聚类，生成操作分类单元；利用 usearch 的 sintax 模块并基于 SILVA 数据库获得物种注释信息（置信度阈值默认为 0.8），得到最终 OTU 丰度表（OTU_table）。基于 OTU 丰度表，进行 Alpha 多样性分析、物种组成差异分析及环境因子关联分析。使用 PICRUSt2 软件，通过对比 KEGG 数据库预测了各样本中 KEGG 同源基因的相对丰度，以此评估土壤细菌群落的潜在功能。具体操作参照文献[27]。

所有获得的数据使用 Excel 进行归纳整理，并用 Origin 和 Chiplot 软件进行绘图。

2　结果与分析

2.1　光伏电站对盐碱地土壤理化性质的影响

0~20 cm 土层各位置间在多个土壤指标上存在显著差异（表 1）。不同位置土壤容重差异显著（$P<0.05$）。FP 土壤容重含量最低（0.768 g·cm^{-3}），相比 CK（0.954 g·cm^{-3}）降低 19.50%。FP、IP 和 UP 土壤含水率相较 CK 分别提升 242.86%、192.86% 和 132.14%。所有位置的土壤均呈强碱性，pH 值为 9.03~9.24，差异较小，其中 FP 最高，相较 CK 提升 1.65%。FP 的电导率（35 516.67 μS·cm^{-1}）相较 CK（10 170.00 μS·cm^{-1}）显著升高（$P<0.05$），增幅高达 249.23%。

表 1　0~20 cm 土层土壤理化性质

Table 1　Soil physicochemical properties in the 0-20 cm soil layer

土壤理化指标	采样位置			
	IP	FP	UP	CK
土壤容重/(g·cm^{-3})	1.045±0.007^{a}	0.768±0.013^{c}	1.037±0.021^{a}	0.954±0.003^{b}
土壤含水率/%	7.38±0.05^{b}	8.64±0.22^{a}	5.85±0.05^{c}	2.52±0.01^{d}
pH	9.03±0.07^{c}	9.24±0.04^{a}	9.17±0.01^{ab}	9.09±0.01^{bc}
电导率/(μS·cm^{-1})	11 436.67±144.49^{b}	35 516.67±6658.59^{a}	7 576.67±385.16^{b}	10 170.00±4198.22^{b}
土壤有机碳/(g·kg^{-1})	2.42±0.10^{c}	3.33±0.12^{b}	5.06±0.04^{a}	1.87±0.14^{d}
土壤全氮/(g·kg^{-1})	0.76±0.03^{b}	0.53±0.02^{c}	0.87±0.05^{a}	0.31±0.01^{d}
土壤全磷/(g·kg^{-1})	0.084±0.001^{a}	0.085±0.002^{a}	0.087±0.003^{a}	0.086±0.002^{a}
土壤全钾/(g·kg^{-1})	15.10±0.04^{b}	13.78±0.22^{c}	37.51±0.11^{a}	12.14±0.14^{d}

注：IP：光伏板间；FP：光伏板檐；UP：光伏板下；CK：对照区域。不同小写字母表示不同采样位置间差异显著（$P<0.05$）。

在土壤养分状况指标中，UP 土壤有机碳含量最高（5.06 g·kg^{-1}），相比 CK（1.87 g·kg^{-1}）显著提升 170.59%（$P<0.05$）。UP（0.87 g·kg^{-1}）土壤全氮含量较 CK（0.31 g·kg^{-1}）增幅达 180.65%，IP（0.76 g·kg^{-1}）土壤全氮较 CK 高出 145.16%。UP 土壤全钾含量最高（37.51 g·kg^{-1}），相比 CK（12.14 g·kg^{-1}）提升 208.98%，差异显著（$P<0.05$）。

2.2　光伏电站对盐碱地土壤微生物多样性的影响

为表明不同采样位置土壤微生物多样性差异，对不同采样点土壤样本中细菌的 Alpha 多样性指数进行分析。经质控抽平后，所有土壤样品以大于 97% 相似性聚类共获得 OTU 总数 1 707 个，其中 IP 平均 OTU 数为 1 191 个，FP 平均 OTU 数为 1 051 个，

UP平均OTU数为1 397个，CK平均OTU数为1 092个，分别占OTU总数的69.77%、61.57%、80.79%和63.97%（表2）。不同采样位置每个样品的覆盖度均≥99.79%，表明测序结果能够反映样本中绝大多数微生物多样性，结果真实可靠。

土壤微生物物种丰富度由OTU数目和chao1指数共同反映。UP物种丰富度最高，OTU数目和Chao1指数较CK分别提升26.28%和26.26%（$P<0.05$）。相比之下，FP物种丰富度则低于CK，OTU数目和Chao1指数分别下降了3.75%和3.73%。土壤微生物物种多样性由Shannon指数和Simpson指数共同表示。UP和IP的Shannon指数较CK分别提升15.56%和4.93%（$P<0.05$），而FP的Shannon指数则较CK降低7.70%。数据显示，UP和IP的Simpson指数较CK分别降低58.53%和39.02%，证实其群落多样性较高。FP与CK无显著差异，且指数值偏高。

表2 0~20 cm土层深度土壤细菌Alpha多样性

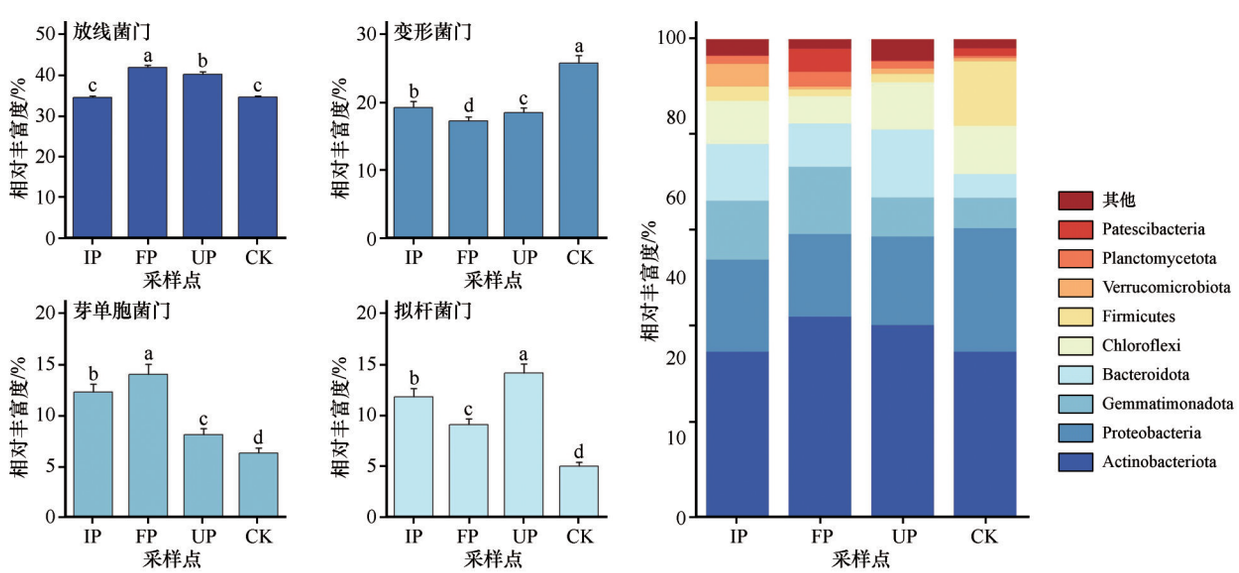
Table 2 Alpha diversity of soil bacteria at 0−20 cm soil depth

采样位置	覆盖率/%	丰富度指数		多样性指数	
		OTU数目	chao1指数	Shannon指数	Simpson指数
IP	99.81%	1 191	1 191.9±95.7^{b}	6.81±0.07^{b}	0.025±0.004^{b}
FP	99.79%	1 051	1 051.9±88.6^{c}	5.99±0.04^{d}	0.040±0.006^{a}
UP	99.85%	1 379	1 379.6±97.4^{a}	7.50±0.09^{a}	0.017±0.003^{c}
CK	99.86%	1 092	1 092.7±86.3^{c}	6.49±0.06^{c}	0.041±0.007^{a}

注：IP：光伏板间；FP：光伏板檐；UP：光伏板下；CK：对照区域。不同小写字母表示不同采样位置间差异显著（$P<0.05$）。

2.3 光伏电站对盐碱地土壤微生物群落结构的影响

在门水平结构上，各采样点细菌群落结构组成相似，但相对丰度存在差异（图1）。所有土样共检测到细菌27门、79纲、184目、264科、394属、440种。其中相对丰度≥1%的土壤细菌共9门，包括放线菌门（Actinobacteriota）、变形菌门（Proteobacteria）、芽单胞菌门（Gemmatimonadota）、拟杆菌门（Bacteroidota）、绿弯菌门（Chloroflexi）、厚壁菌门（Firmicutes）、疣微菌门（Verrucomicrobiota）、浮霉菌门（Planctomycetota）和髌骨细菌门（Patescibacteria），小于1%的细菌合并为其他。盐碱地光伏电站内外的细菌群落主要由放线菌门（34.59%~41.93%）、变形菌门（17.24%~25.79%）、芽单胞菌门（6.33%~



注：IP：光伏板间；FP：光伏板檐；UP：光伏板下；CK：对照区域；放线菌门：Actinobacteriota；变形菌门：Proteobacteria；芽单胞菌门：Gemmatimonadota；拟杆菌门：Bacteroidota；绿弯菌门：Chloroflexi；厚壁菌门：Firmicutes；疣微菌门：Verrucomicrobiota；浮霉菌门：Planctomycetota；髌骨细菌门：Patescibacteria。不同小写字母表示不同采样位置间差异性显著（$P<0.05$）。

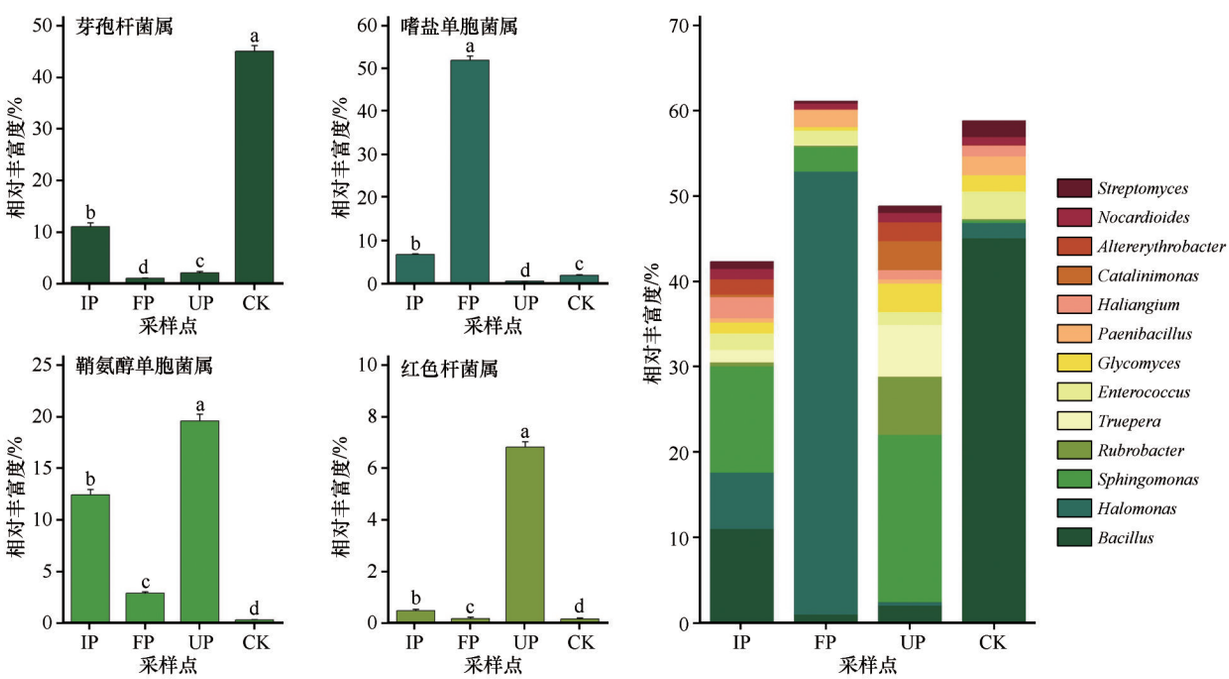
图1 土壤细菌门水平相对丰度及差异

Fig. 1 Relative abundance and variance analysis of soil bacterial phylum levels

14.06%）、拟杆菌门（5.00%~14.16%）和绿弯菌门（5.63%~10.01%）构成，占总细菌相对丰度的87.40%，属于优势菌门。

各采样点的细菌群落整体结构不同，放线菌门为绝对优势菌门，但其他菌门的相对丰度在各采样点间存在显著差异（P<0.05）。与CK相比，IP土壤芽单胞菌门、拟杆菌门、浮霉菌门和疣微菌门相对丰度分别提升94.62%、136.92%、315.49%和616.70%（P<0.05），而厚壁菌门和髌骨细菌门相对丰度分别降低77.31%和96.10%；FP土壤拟杆菌门、芽单胞菌门、髌骨细菌门和浮霉菌门相对丰度分别提高81.70%、122.06%、201.36%和655.29%，而绿弯菌门和厚壁菌门分别降低3.70%和89.77%；UP土壤疣微菌门、拟杆菌门和浮霉菌门相对丰度分别提升69.68%、183.45%和277.70%，而厚壁菌门和髌骨细菌门分别降低87.46%和89.53%。

如图2所示，属水平相对丰度>0.1%已知分类的物种共有13属，包括芽孢杆菌属（*Bacillus*）、嗜盐单胞菌属（*Halomonas*）、鞘氨醇单胞菌属（*Sphingomonas*）、红色杆菌属（*Rubrobacter*）、特鲁珀氏菌属（*Truepera*）、肠球菌属（*Enterococcus*）、糖霉菌属（*Glycomyces*）、类芽孢杆菌属（*Paenibacillus*）、盐孢菌属（*Haliangium*）、卡塔琳单胞菌属（*Catalinimonas*）、交替赤杆菌属（*Altererythrobacter*）、类诺卡氏菌属（*Nocardioides*）和链霉菌属（*Streptomyces*），相对丰度分别为0.96%~45.05%、0.39%~51.89%、0.30%~19.61%、0.14%~6.81%、0.04%~6.08%、1.50%~1.92%、0.38%~3.31%、0.50%~2.23%、0.10%~2.49%、0~3.39%、0.03%~2.21%、0.67%~1.19%和0.22%~1.88%。



注：IP：光伏板间；FP：光伏板檐；UP：光伏板下；CK：对照区域。芽孢杆菌属：*Bacillus*；嗜盐单胞菌属：*Halomonas*；鞘氨醇单胞菌属：*Sphingomonas*；红色杆菌属：*Rubrobacter*；特鲁珀氏菌属：*Truepera*；肠球菌属：*Enterococcus*；糖霉菌属：*Glycomyces*；类芽孢杆菌属：*Paenibacillus*；盐孢菌属：*Haliangium*；卡塔琳单胞菌属：*Catalinimonas*；交替赤杆菌属：*Altererythrobacter*；类诺卡氏菌属：*Nocardioides*；链霉菌属：*Streptomyces*。不同小写字母表示不同采样位置间差异显著（P<0.05）

图2　土壤细菌属水平相对丰度及差异

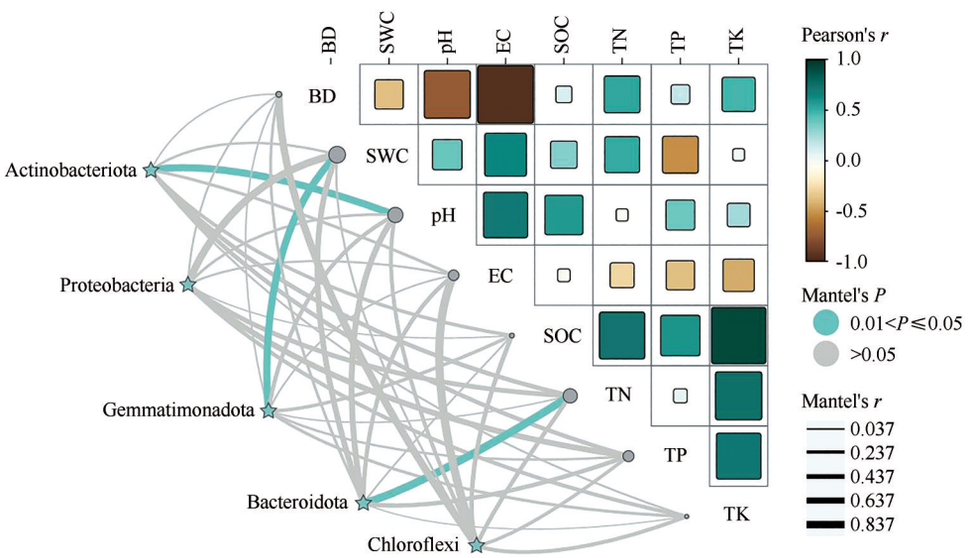
Fig. 2　Relative abundance and variance analysis of soil bacterial genus levels

各采样点主要细菌在属水平上存在较大差异。芽孢杆菌属、肠球菌属、类芽孢杆菌属和链霉菌属相对丰度均在CK最高，IP较CK分别降低75.63%、40.13%、77.58%和55.32%；FP较CK分别降低97.87%、48.59%、11.66%和87.77%；UP较CK分别降低95.52%、52.98%、76.68%和57.98%。嗜盐单胞菌属相对丰度在FP最高，为CK的28.87倍（P<0.01）。UP和IP土壤中鞘氨醇单胞菌属分别为CK的65.83倍和41.16倍，提升极显著（P<0.01）。UP位置红色杆菌属、特鲁珀氏菌属、糖霉菌属和交替赤杆菌属相对丰度分别为CK的47.08倍、138.74倍、1.75、55.91倍，提升极显著（P<0.01）。FP土壤糖霉

菌属和交替赤杆菌属相对丰度较CK分别显著降低80.00%和25.00%（P<0.05）。盐孢菌属和类诺卡氏菌属相对丰度均在IP最高，较CK分别提升99.20%和21.43%，FP最低，较CK分别降低92.00%和31.63%。卡塔琳单胞菌属均分布在光伏电站场内。

2.4 光伏电站土壤理化性质对盐碱地土壤微生物群落结构的影响

土壤中5种优势菌门与8个土壤环境因子的相关性如图3所示，放线菌门与pH呈显著正相关（P<0.05），芽单胞菌门与SWC呈显著正相关（P <0.05），拟杆菌门与TN呈显著正相关（P<0.05）。土壤中7种优势菌属与8个土壤环境因子的相关性由图4所示，嗜盐单胞菌属与EC呈显著正相关（P<0.05），鞘氨醇单胞菌属与TN呈显著正相关（P<0.05），红色杆菌属与TK呈显著正相关（P<0.05），特鲁珀氏菌属与TK呈显著正相关（P<0.05），糖霉菌属与EC呈显著负相关（P<0.05）。



注：Mantel检验用于评估微生物群落组成（基于Bray-Curtis距离）与环境因子矩阵（基于欧氏距离）之间的相关性。不同采样点土壤细菌群落组成与土壤环境因子的相关强度（Mantel's r）由其连接曲线的粗细表示。显著性水平（Mantel's P）以双尾检验进行评估：P<0.01表示极显著相关，0.01<P≤0.05表示显著相关，P>0.05表示无显著相关。BD：土壤容重；SWC：土壤含水率；pH：土壤酸碱性；EC：土壤电导率；SOC：土壤有机碳；TN：土壤全氮；TP：土壤全磷；TK：土壤全钾。放线菌门：Actinobacteriota；变形菌门：Proteobacteria；芽单胞菌门：Gemmatimonadota；拟杆菌门：Bacteroidota；绿弯菌门：Chloroflexi

图3 土壤细菌优势菌（门水平）与环境因子间的相关性（Mantel检验）

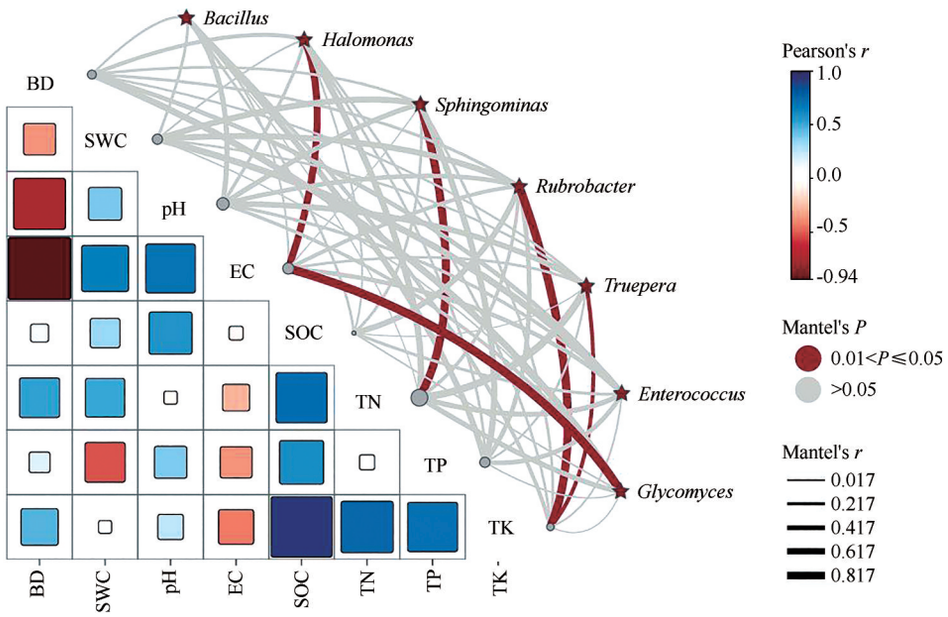
Fig. 3 Correlations between dominant soil bacteria (phylum level) and environmental factors (Mantel test)

2.5 光伏电站盐碱地土壤微生物功能预测

如表3所示，不同采样点的土壤细菌群落功能差异显著（P<0.05）。在一级功能水平上，共鉴定出4种功能，其平均相对丰度依次为新陈代谢（80.88%~81.78%）、遗传信息处理（11.01%~11.56%）、细胞过程（2.95%~3.71%）和环境信息处理（1.44%~1.68%）。新陈代谢为主要功能，环境信息处理功能占比最少。IP细菌新陈代谢功能相对丰度较CK提升0.71%，UP细菌细胞过程基因相对丰度较CK提升4.86%，CK细菌遗传信息处理功能相对丰度均低于其他3个采样点，UP、FP和IP较CK分别提升4.99%、4.57%和3.54%，而CK环境信息处理功能相对丰度则显著高于其他3个采样位置（P<0.05），UP、FP和IP较CK分别降低11.76%、10.02%和14.29%。

所有样品共检测到17种二级功能，其中碳水化合物代谢（13.27%~13.57%）、氨基酸代谢（13.04%~13.32%）、辅因子和维生素代谢（11.87%~12.52%）和萜类化合物和聚酮化合物代谢（9.54%~10.23%）为土壤细菌主要二级功能。

IP在萜类化合物和聚酮化合物代谢、聚糖生物合成与代谢、翻译和细胞生长等方面的相对丰度较CK分别提升7.23%、17.70%、9.40%和12.20%，但在外源生物降解与代谢和膜转运等方面相对丰度则低于CK，降幅分别为16.08%和11.31%；FP在萜类化合物和聚酮化合物代谢和聚糖生物合成与代谢的相对丰度较CK分别提升5.87%和12.83%，但在



注：芽孢杆菌属：*Bacillus*；嗜盐单胞菌属：*Halomonas*；鞘氨醇单胞菌属：*Sphingomonas*；红色杆菌属：*Rubrobacter*；特鲁珀氏菌属：*Truepera*；肠球菌属：*Enterococcus*；糖霉菌属：*Glycomyces*。显著性水平（Mantel's *P*）以双尾检验进行评估：*P*<0.01 表示极显著相关，0.01<*P*≤0.05 表示显著相关，*P*>0.05 表示无显著相关

图 4　土壤细菌优势菌（属水平）与环境因子间的相关性（Mantel 检验）

Fig. 4　Correlation between dominant soil bacteria（genus level）and environmental factors（Mantel test）

表 3　0~20 cm 土层土壤细菌功能通路相对丰度

Table 3　Bacterial functional pathways in the 0−20 cm soil layer

功能		采样点相对丰度/%			
一级功能	二级功能	IP	FP	UP	CK
新陈代谢	碳水化合物代谢	13.29±0.19^{c}	13.27±0.18^{c}	13.47±0.21^{b}	13.57±0.23^{a}
	氨基酸代谢	13.04±0.16^{b}	13.30±0.18^{a}	13.29±0.19^{a}	13.32±0.21^{a}
	辅因子和维生素代谢	12.36±0.17^{b}	12.52±0.19^{a}	12.18±0.16^{c}	11.87±0.14^{d}
	萜类化合物和聚酮化合物代谢	10.23±0.14^{a}	10.10±0.11^{b}	10.15±0.11^{b}	9.54±0.10^{c}
	其他氨基酸代谢	7.76±0.13^{b}	7.59±0.11^{c}	7.80±0.14^{b}	8.07±0.17^{a}
	脂质代谢	6.70±0.11^{b}	6.72±0.12^{b}	7.07±0.14^{a}	7.06±0.13^{a}
	外源生物降解与代谢	5.27±0.11^{c}	5.85±0.13^{b}	5.71±0.14^{b}	6.28±0.16^{a}
	能量代谢	5.14±0.13^{a}	5.01±0.11^{b}	5.15±0.13^{a}	4.99±0.10^{b}
	其他次级代谢产物的生物合成	2.75±0.08^{a}	2.50±0.05^{c}	2.76±0.09^{a}	2.64±0.06^{b}
	聚糖生物合成与代谢	2.66±0.09^{a}	2.55±0.08^{b}	2.56±0.08^{b}	2.26±0.06^{c}
	核苷酸代谢	1.66±0.07^{a}	1.65±0.07^{a}	1.65±0.07^{a}	1.60±0.06^{b}
遗传信息处理	复制与修复	5.31±0.08^{a}	5.31±0.08^{a}	5.25±0.07^{a}	5.06±0.05^{b}
	翻译	2.91±0.09^{a}	2.91±0.09^{a}	2.82±0.08^{a}	2.66±0.06^{b}
	折叠、分选与降解	3.34±0.11^{a}	3.29±0.09^{b}	3.33±0.11^{a}	3.28±0.09^{b}
细胞过程	细胞运动	2.32±0.09^{a}	2.18±0.08^{b}	1.60±0.05^{c}	2.31±0.09^{a}
	细胞生长与死亡	1.38±0.08^{a}	1.30±0.07^{a}	1.35±0.08^{a}	1.23±0.05^{b}
环境信息处理	膜转运	1.49±0.04^{c}	1.51±0.05^{b}	1.44±0.04^{c}	1.68±0.07^{a}

注：IP：光伏板间；FP：光伏板檐；UP：光伏板下；CK：对照区域。不同小写字母表示不同采样位置间差异显著（*P*<0.05）。

外源生物降解与代谢和膜转运等方面的相对丰度均低于CK，分别降低6.85%和10.12%；UP在聚糖生物合成与代谢和翻译等方面的相对丰度较CK分别提升13.27%和6.02%，但在细胞运动和膜转运等方面的相对丰度则显著低于CK（$P<0.05$），降幅分别为30.74%和14.29%。

3 讨论

3.1 光伏电站对盐碱地土壤理化性质的影响

土壤是植物生长的主要载体，其理化性质是评价土壤肥力的重要指标[28]。本研究发现，光伏电站的建设显著改变了盐碱地表层土壤理化性质的空间分布格局。

FP在土壤物理结构与盐分聚积方面特征显著。该样点土壤容重（0.768 g·cm^{-3}）最低，较CK（0.954 g·cm^{-3}）显著降低19.50%，表明该处土壤疏松多孔；同时FP土壤pH和电导率均高于CK，其电导率高达35 516.67 μS·cm^{-1}，较CK（10 170.00 μS·cm^{-1}）显著上升249.23%，说明该区域可溶性盐分明显聚积，盐碱化程度加剧，该结果与Luo等[29]研究一致。FP位置盐分显著聚积主要与光伏板结构改变水盐运移路径有关。该处汇集较多降水和露水，溶解了土壤中的盐分；同时该区域又暴露于强蒸发环境，水分被大量蒸发，而被溶解的盐分则滞留于表土[30]。此外，当地降水量少，淋洗作用微弱，进一步加剧了盐分在土壤表层的聚积。

UP则在土壤养分积累方面表现突出。研究发现UP土壤有机碳含量（5.06 g·kg^{-1}）较CK（1.87 g·kg^{-1}）增加170.59%，全氮和全钾含量分别是CK的2.81倍和3.09倍。这种养分的显著富集，主要与UP植被覆盖度较高、凋落物输入量大及微生物活动活跃有关。光伏板的遮阴效应有效减少了地表的太阳直射，降低风速与水分蒸发，维持相对稳定的温湿度，显著抑制盐分聚积，从而为植被生长与微生物活动创造了有利环境[31]，促进了土壤有机质和养分循环，土壤肥力逐步提升。尽管有研究指出，建设光伏电站会导致土壤养分随年限增加或空间位置有所下降[32-34]，但本研究在建站两年的电站中仍观察到UP位置养分富集现象。

此外，建设光伏电站还能有效改善土壤水分条件。刘冰等[35]和于耀鑫等[21]的研究均表明，光伏电站内部土壤含水率显著高于外部周边区域，这与本研究结果一致。这主要是由于光伏板覆盖降低地表风速、减少水分蒸发并增强了局地汇水效应，从而提升了土壤的持水能力。

3.2 光伏电站对盐碱地土壤微生物群落特征的影响

土壤细菌作为土壤微生物中数量与功能均占主导地位的类群，是驱动成土过程、凋落物分解和养分循环的关键参与者[36-38]。在脆弱生境的生态恢复研究中，多种干预措施已被证实可有效改善土壤微环境。例如，防沙网+凋落物覆盖措施能显著提升退化荒漠草原的土壤养分含量及微生物数量[39]；土壤细菌、真菌和放线菌数量与人工固沙植被恢复年限呈正相关增长[40]。

本研究Alpha多样性分析表明，不同采样点土壤细菌多样性差异显著。UP采样点物种丰富度和群落多样性均显著高于CK，增幅分别为26.27%和37.05%，FP则低于CK，这表明UP物种分布更均匀，群落结构更稳定复杂。这种差异主要源于不同生境的土壤养分条件不同，UP土壤含水率较高，营养物质相对丰富，有利于土壤细菌的生存繁衍；相反，FP盐碱化程度较高，土壤盐分胁迫较强，导致部分敏感土壤微生物类群流失，降低了其丰富度和多样性。

关于建设光伏电站对土壤微生物多样性的影响，现有研究结论不一。张晴等[41]指出建设光伏电站会降低沙地和草地的土壤细菌多样性；丁成翔等[42]和李艳梅等[43]也发现建站后土壤微生物多样性指数显著下降。然而，王诗雯等[44]则指出建设光伏电站总体上增加了土壤细菌多样性，且板间影响大于板下。这些差异源于建站年限、植被类型、土壤本底及气候条件的异质性，进一步反映了环境影响的复杂性。

在细菌群落结构方面，盐碱地土壤的优势菌门为放线菌门、变形菌门、芽单胞菌门和拟杆菌门，这与李卓然等[45]、林耀奔等[46]在其他盐碱地的研究结果一致。但各优势菌门的相对丰度在不同采样点间差异显著，这与迟晓雪等[47]、乔紫薇等[48]的研究结论相符。本研究中，与CK相比，IP、FP和UP芽单胞菌门、拟杆菌门和浮霉菌门的相对丰度均显著提升，这是由于光伏板遮荫汇水效应促进有机质的输入与降解，进一步增强了碳、氮循环[49]；而变形菌门、绿弯菌门和厚壁菌门等类群的相对丰度普遍下降，则反映了土壤理化性质改变及盐碱胁迫的缓

解[50-51]。这些现象表明，光伏电站建设显著重塑了盐碱地土壤细菌群落结构。

在属水平上，与CK相比，FP样点的嗜盐单胞菌属相对丰度显著提升，为CK的28.87倍，UP样点的特鲁珀氏菌属相对丰度显著提升，为CK的138.74倍。二者作为典型的嗜盐或耐盐细菌，其富集是微生物群落适应盐碱胁迫的关键标志[52]。鞘氨醇单胞菌属和交替赤杆菌属在UP位置较CK均显著提升，分别为CK的65.83倍和55.91倍，表明具备复杂有机物代谢能力的菌群在该处成为优势类群，这与光伏电站建设过程中机械施工和材料使用所引入的外源污染物有关[53-54]。与此同时，芽孢杆菌属和类芽孢杆菌属等常见土壤细菌丰度的减少，进一步表明建设光伏电站显著改变了盐碱地土壤的微生境。

3.3　盐碱地土壤理化性质对土壤微生物群落特征的影响

土壤微生物群落结构组成直接受土壤理化性质调控，不同的环境条件会形成与之相适应的微生物类群[55-56]。徐志霞等[57]的研究表明，土壤细菌的多样性和丰富度与土壤有机质、氮、钾含量等因子密切相关。本研究通过Mantel检验进一步分析表明，在盐碱地光伏电站生境中，土壤含水率、pH、电导率、全氮和全钾是驱动土壤细菌群落结构变化的关键环境因子。

在门水平上，芽单胞菌门与土壤含水率呈显著正相关，说明水分条件是影响其分布的主要限制因子，这与丁成翔等[42]的研究结果一致。放线菌门与pH呈显著正相关，表明偏碱性环境为其创造了适宜生境，保证了其在群落中的主导地位，该结果与杨惠婷等[58]关于盐碱地土壤细菌厚壁菌门、绿弯菌门、变形菌门与pH呈正相关的发现相互补充，共同说明了pH对细菌群落构成的广泛影响作用。此外，拟杆菌门与全氮呈显著正相关，证明了该类群在土壤氮循环过程中的关键作用。

在属水平上，嗜盐单胞菌属与电导率呈显著正相关，进一步表明其作为典型耐盐碱菌群的生态功能，这与陈英松等[59]研究结果一致。相反，糖霉菌属与电导率呈显著负相关，且在盐碱化程度最高的FP处含量最少，说明高盐分环境明显抑制其生长。红色杆菌属和特鲁珀氏菌属作为耐盐碱、耐干旱菌群，与全钾呈显著正相关，表明其不仅能够适应盐碱胁迫环境，还具备独特的钾利用或代谢策略，从而在相应生境中获得竞争优势。

3.4　光伏电站对盐碱地土壤细菌功能影响

土壤细菌的生物学功能由其携带的功能基因决定，并显著影响其在生态系统物质循环与能量流动中的作用[60]。已有研究指出，在草地与沙地生态系统中，光伏电站内部细菌功能均以碳循环为主导[41]；在高寒草甸中，光伏电站的建设显著影响了参与微生物代谢途径的细菌类群组成[20]。

本研究表明不同采样位置的土壤细菌功能存在显著差异。在一级功能水平上，新陈代谢在各样本中均占主导地位，占比高达80%以上，说明微生物群落以物质与能量代谢为主，这与孔晨晨等[61]的研究结论一致。而CK环境信息处理功能显著高于电站内各采样点，表明未经人为干扰土壤的微生物群落可能对环境变化更为敏感。

在二级功能层面，碳水化合物代谢和氨基酸代谢在各细菌群落中均占优势地位，这与李卓然等[45]对其他盐碱地的研究结果一致。通过进一步比较发现，电站内各采样点与CK在代谢功能层面差异显著。与CK相比，IP、FP和UP在聚糖生物合成与代谢方面均显著增强，增幅分别为17.70%、12.83%和13.27%；同时，电站内部土壤细菌的部分传输与运动功能呈现下降趋势，IP的外源生物降解与代谢功能降低16.08%，FP的膜转运功能降低10.12%，UP的细胞运动功能降幅高达30.74%，这些土壤细菌功能的变化表明，建设光伏电站使盐碱地土壤形成了营养物质显著提升但物理结构受限的微环境，重塑了土壤细菌整体功能分布。光伏板覆盖通过遮阴汇水效应，减少水分蒸发，促进养分富集，从而提升了其新陈代谢功能，而盐分在局部聚积则抑制部分细菌的膜转运功能；同时，建设光伏电站引起土壤板结或存在潜在的重金属污染，会对细胞结构造成破坏，从而降低细菌的细胞运动功能。

4　结论

本研究系统评估了光伏电站建设与运营对盐碱地土壤环境的影响。微生物分析显示，电站内部IP和UP区域的物种丰富度和多样性均显著提高，芽单胞菌门、拟杆菌门、浮霉菌门的相对丰度均高于场外。土壤pH、电导率、土壤含水率和土壤全氮是驱动盐碱地土壤微生物群落结构变化的主要环

境因子。功能预测显示，土壤细菌群落的核心功能为新陈代谢，主要包括碳水化合物代谢、氨基酸代谢、辅因子和维生素代谢等二级功能。电站内部土壤含水率、有机碳、全氮及全钾含量均显著提升，其中UP位置较CK分别提升132.14%、170.59%、180.65%和208.98%，且UP中鞘氨醇单胞菌属、红色杆菌属等细菌富集。

为系统揭示光伏电站生态效应的时间动态特征，未来需开展多季节，多年份连续监测，构建光伏+植被+微生物协同修复模式，制定针对性生态调控策略，推动光伏发电与生态系统恢复的协同可持续发展。

参考文献：

[1] 杜孝东，李伟，齐向阳，等.光伏区异质环境下土壤理化特性及化学计量特征分析[J].草地学报，2025，33(1)：181-188.

[2] Thapa T S，Chitralekha M. Gain tuned sliding mode control based maximum power point tracking for solar pv systems[J]. IFAC PapersOnLine，2022，55(1)：417-422.

[3] 李美成，高中亮，王龙泽，等."双碳"目标下我国太阳能利用技术的发展现状与展望[J].太阳能，2021(11)：13-18.

[4] 屈文娟.大型光伏电站区域环境要素时空变化特征及其影响研究[D].西安：西安理工大学，2023.

[5] 王萌，鲁雪莉，王菊英，等.小黑麦种质萌发期苗期耐盐资源评价与筛选[J].草业学报，2024，33(5)：58-68.

[6] Ying R，Peng T，Xue S W.Mechanisms of plant saline-alkaline tolerance[J].Journal of Plant Physiology，2023，281：153916.

[7] Zelm V E，Zhang Y X，Testerink C.Salt tolerance mechanisms of plants[J].Annual Review of Plant Biology，2020，71(1)：403-433.

[8] 余贝，武志海，符冠富.盐胁迫影响水稻生理特性及其调控机理研究进展[J].作物研究，2023，37(2)：189-198.

[9] 马贵仁，王丽萍，屈忠义，等.构建河套灌区大规模盐碱地改良效果评估指标体系[J].灌溉排水学报，2020，39(8)：72-84.

[10] 曹召林，冉多娟，孙爱军，等.塔里木盆地盐碱地时空变化特征及治理模式分析[J/OL].干旱区地理，1-16[2025-12-17].

[11] Liu Y，Zhang R Q，Huang Z，et al.Solar photovoltaic panels significantly promote vegetation recovery by modifying the soil surface microhabitats in an arid sandy ecosystem[J].Land Degradation Development，2019，30(18)：2177-2186.

[12] 杨丽薇，高晓清，吕芳，等.光伏电站对格尔木荒漠地区太阳辐射场的影响研究[J].太阳能学报，2015，36(9)：2160-2166.

[13] 牛清河，苏春丽，肖建华，等.青藏高原苏干湖盆地光伏电站对戈壁风沙环境的影响[J].中国沙漠，2025，45(6)：249-257.

[14] 李向飞，罗志锋，孙永玉，等.沙戈荒盐碱区光伏电站生态保护修复技术探讨[J].环境保护与循环经济，2025，45(05)：45-48.

[15] 朱雪峰，孔维栋，黄懿梅，等.土壤微生物碳泵概念体系2.0[J].应用生态学报，2024，35(1)：102-110.

[16] Markus L，Mina A，Georg D，et al.Stability and carbon uptake of the soil microbial community is determined by differences between rhizosphere and bulk soil[J].Soil Biology and Biochemistry，2024：189109280-.

[17] Lei J J，Cao Y X，Wang J，et al.Soil nutrients，enzyme activities，and microbial communities along a chronosequence of chinese fir plantations in subtropical China[J].Plants，2023，12(10)：1931.

[18] 王安林，马瑞，马彦军，等.复合型治沙措施对土壤细菌群落结构及功能的影响[J].草业学报，2024，33(3)：46-60.

[19] 张胜男，高海燕，闫德仁，等.植被恢复策略对沙地土壤细菌群落结构及潜在功能的影响[J].中国沙漠，2025，45(5)：1-12.

[20] 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.

[21] 于耀鑫，纪童，何国兴，等.光伏电站建设对温带荒漠植被和土壤的影响[J].草地学报，2025，33(12)：4129-4138.

[22] 王贵忠，罗星罡，徐洲元，等.民勤地区水资源特征分析研究[J].中国水土保持，2014(7)：21-22.

[23] 郑彦丰.民勤县红砂岗镇地下水水化学特征及成因分析[J].地质装备，2025，26(5)：15-21.

[24] 王安林，马瑞，马彦军，等.不同治沙措施对土壤细菌群落多样性及理化性质的影响[J].草地学报，2023，31(5)：1359-1367.

[25] 郭紫嫣，唐雯，徐梦雨，等.葡萄园土壤因子与果实品质的关联及品种响应差异分析[J].园艺学报，2025，52(11)：2943-2958.

[26] 马欣，罗珠珠，张耀全，等.黄土高原雨养区不同种植年限紫花苜蓿土壤细菌群落特征与生态功能预测[J].草业学报，2021，30(3)：54-67.

[27] 李媛媛，徐婷婷，艾喆，等.不同海拔鬼箭锦鸡儿根际和非根际土壤细菌群落多样性及PICRUSt功能预测[J].环境科学，2023，44(4)：2304-2314.

[28] 马剑，冯起，赵维俊，等.祁连山典型灌丛植物根系化学计量特征及其与土壤理化因子的关系[J].土壤，2022，54(2)：329-337.

[29] Luo L H，Zhuang Y L，Liu H，et al.Environmental impacts of photovoltaic power plants in Northwest China[J].Sustainable Energy Technologies and Assessments，2023，56：103120.

[30] 姬佳琪，屈忠义，高晓瑜，等.异质水源灌溉对盐碱地水盐及养分运移的影响[J].干旱区研究，2026，43(2)：435-448.

[31] 谢姆西努尔·图尔贡，张经博，董正武，等.干旱区高寒湿地逆行演替下土壤微生物群落结构的研究[J].微生物学报，2023，63(4)：1603-1617.

[32] 鲍平安，季波，孙果，等.光伏电站建设对植物群落与土壤特征的影响[J].草业学报，2024，33(12)：23-33.

[33] 杨永均，段雪颖，马静，等.光伏建设对草原矿区复垦土壤微生物群落的影响[J/OL].环境科学，1-13[2025-12-17].

[34] 郝晓珍，于航，吴星叶，等.青藏高原荒漠区典型光伏电站建设对植被属性和土壤性质的影响[J].生态学报，2025，45

(11):5510-5526.
[35] 刘冰,陈安新,刘银珠,等.光伏电站建设对荒漠土壤环境影响的研究进展[J].兰州大学学报(自然科学版),2024,60(6):844-852.
[36] 厉桂香,马克明.土壤微生物多样性海拔格局研究进展[J].生态学报,2018,38(5):1521-1529.
[37] Saia S,Rappa V,Ruisi P,et al.Soil inoculation with symbiotic microorganisms promotes plant growth and nutrient transporter genes expression in durum wheat[J].Frontiers in Plant Science,2015,6:815.
[38] Delgado-Baquerizo M,Grinyer J,Reich B P,et al.Relative importance of soil properties and microbial community for soil functionality: insights from a microbial swap experiment[J].Functional Ecology,2016,30(11):1862-1873.
[39] 王梅鑫,刘良旭,王少昆,等.恢复措施对退化荒漠草原植被与土壤的影响[J].中国沙漠,2025,45(4):295-304.
[40] 周虹,刘雲祥.青海共和盆地人工固沙植被恢复对土壤微生物数量的影响[J].干旱区资源与环境,2022,36(1):178-185.
[41] 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.
[42] 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.
[43] 李艳梅,陈奇伯,梁茂,等.干热河谷水电建设干扰对表土层土壤养分及微生物的影响[J].水土保持学报,2016,30(1):147-152.
[44] 王诗雯,王思彤,李由,等.光伏阵列对松嫩草地土壤细菌群落组成与多样性的影响[J].东北师大学报(自然科学版),2024,56(1):107-114.
[45] 李卓然,张子怡,阮爱东,等.基于高通量测序技术的新疆哈密地区盐碱地土壤细菌群落结构分析[J].湖北农业科学,2022,61(11):54-61.
[46] 林耀奔,杨建辉,叶艳妹.盐碱地不同土地利用方式下土壤细菌群落结构多样性差异分析[J].环境科学学报,2019,39(4):1266-1273.
[47] 迟晓雪,曹薇,王畅,等.复合改良措施对退化草甸草原土壤酶活性与微生物群落的影响[J/OL].草地学报,1-14[2025-12-17].
[48] 乔紫薇,贾晨波,孙美美,等.砒砂岩区不同年限沙棘人工林根际与非根际土壤细菌群落结构的多样性特征[J].中国土壤与肥料,2025(11):16-29.
[49] 杨姝钰,赵艳,张晓波,等.生物有机肥对菠萝心腐病及根际土壤细菌群落的影响[J].微生物学报,2023,63(7):2699-2712.
[50] 田英,许喆,朱丽珍,等.生长季不同月份平茬对柠条人工林地土壤细菌群落特性的影响[J].草业学报,2022,31(5):40-50.
[51] 鲜文东,张潇橦,李文均.绿弯菌的研究现状及展望[J].微生物学报,2020,60(9):1801-1820.
[52] 胡苗苗,魏青,刘子花,等.柴达木盆地盐渍土植物根际促生嗜盐单胞菌 Halomonas elongata CR-1 的分离及其全基因组分析[J/OL].应用与环境生物学报,1-28[2025-12-17].
[53] 张英英,魏玉杰,吴之涛,等.不同种植年限对特殊药材土壤化学性质和微生物多样性的影响[J].干旱地区农业研究,2023,41(1):150-159.
[54] 马聪,秦丹,孙倩,等.耐盐类固醇激素降解菌交替赤杆菌 MH-B5 的降解特性、降解途径及其固定化[J].环境科学,2015,36(12):4651-4658.
[55] 李凤霞,郭永忠,许兴.盐碱地土壤微生物生态特征研究进展[J].安徽农业科学,2011,39(23):14065-14067.
[56] Falkowski G P,Fenchel T,Delong F E.The microbial engines that drive earth's biogeochemical cycles[J].Science,2008,320(5879):1034-1039.
[57] 徐志霞,王璇,李慧敏,等.不同林龄木麻黄林地土壤细菌及与土壤因子的相关性分析[J].基因组学与应用生物学,2018,37(2):780-788.
[58] 杨惠婷,冷小云,石春芳.盐碱化土壤细菌群落研究进展[J].环境科学与技术,2021,44(6):230-236.
[59] 陈英松,邓彩霞,模日,等.基于高通量测序对呼伦贝尔陶顺阿尔山细菌群落多样性的研究[J].微生物学杂志,2023,43(2):28-36.
[60] 操敏,范瑾,李明.不同生草模式对葡萄园土壤养分、微生物群落结构及功能类群的影响[J/OL].生态学杂志,1-12[2025-12-17].
[61] 孔晨晨,张世文,王维瑞,等.不同连作年限设施农用地土壤有机碳与细菌群落功能特征[J].农业机械学报,2024,55(2):326-337.

Effects of photovoltaic power station construction on soil bacterial community structure and function in saline-alkaline land

Dong Shuangjuan[1], Cai Zhaoshan[2], He Yuxuan[3], Li Qing[3], Cao Yibo[1], Xiao Jianhua[4], Ma Rui[1]

(1.*College of Forestry, Gansu Agricultural University, Lanzhou* 730070, *China*; 2.*CHD Gansu Energy Co., Ltd, Lanzhou* 730300, *China*; 3.*Power China Beijing Engineering Corporation Limited, Beijing* 100024, *China*; 4.*Northwest Institute of Eco-Environment and Resources, Chinese Academy of Sciences, Lanzhou* 730000, *China*)

Abstract: This study systematically investigates the impact of photovoltaic (PV) power station construction on the soil physicochemical properties, microbial community structure, and function in the special habitat of saline-alkali land, taking the 200 MW PV power generation base in Hongshagang, Minqin County, Gansu Province China, as the research object. By measuring the physicochemical properties of surface soil (0−20 cm) from different locations within the PV station-namely between panels (IP), at the front edge of panels (FP), and under panels (UP)-and comparing them with an external control area undisturbed by human activity (CK), and by conducting high-throughput sequencing and functional prediction analysis based on 16S rDNA, this research reveals the regulatory effects of PV station construction on the soil environment and microbial structure in saline-alkali land. The results indicate that: (1) PV station construction significantly improved soil moisture and nutrient conditions in the saline-alkali land, with the UP position showing the most pronounced improvement, where soil water content, organic carbon, total nitrogen, and total potassium contents were 2.32, 2.71, 2.81, and 3.09 times that of CK, respectively; (2) Soil microbial diversity within the PV station was significantly higher than in the external control area, with the OTU richness and Shannon index in UP increasing by 26.28% and 15.56% compared to CK; (3) PV station construction induced significant changes in the bacterial community structure of the saline-alkali soil. Compared with CK, the relative abundances of the phyla Gemmatimonadetes, Bacteroidetes, and Planctomycetes in IP, FP, and UP were significantly increased. At the genus level, the relative abundances of Halomonas in FP and Truepera in UP increased significantly, being 28.83 times and 152 times that of CK, respectively; (4) Mantel analysis showed that soil pH, electrical conductivity, water content, and total nitrogen were the key environmental factors driving changes in the soil microbial community; (5) Functional prediction results indicated that the primary function of soil bacteria in the saline-alkali land was metabolism, with pathways such as carbohydrate metabolism and amino acid metabolism being significantly enhanced within the PV station compared to CK. This study provides a theoretical basis for understanding the ecological response of soil microorganisms in saline-alkali lands under the context of photovoltaic power generation and offers valuable insights for ecological restoration and sustainable soil use in arid regions.

Key words: saline-alkali land; photovoltaic power generation; soil bacteria; community structure; functional prediction