



气候变化影响下中国近海右侧环胺藻 (*Azadinium dexteroporum*) 潜在分布区变化研究

刘璇, 罗肇河, 金睿, 刘锦荃, 苏尚柯, 康建华, 胡灯进, 张伟妮, 胡文佳

Projected changes of the potential distribution of *Azadinium dexteroporum* in Chinese coastal waters under climate change

Liu Xuan, Luo Zhaohe, Jin Rui, Liu Jinquan, Su Shangke, Kang Jianhua, Hu Dengjin, Zhang Weini, Hu Wenjia

在线阅读 View online: <https://doi.org/10.12284/hyxb2026012>

您可能感兴趣的其他文章

Articles you may be interested in

水温变暖对西北太平洋柔鱼潜在栖息地分布的影响

Impacts of ocean warming on potential habitat distribution of *Ommastrephes bartramii* in the Northwest Pacific Ocean

海洋学报. 2022, 44(7): 95–102 <https://doi.org/10.12284/hyxb2022134>

基于最大熵模型模拟西印度洋剑鱼栖息地的时空分布

Simulation of spatio-temporal distribution of swordfish habitat in the western Indian Ocean based on maximum entropy model

海洋学报. 2022, 44(10): 100–108 <https://doi.org/10.12284/hyxb2022180>

基于最大熵和栖息地指数模型预测东、黄海日本鲭渔场分布

Prediction of chub mackerel fishing ground distribution in the East China Sea and Yellow Sea based on maximum entropy model and habitat suitability index model

海洋学报. 2023, 45(9): 72–81 <https://doi.org/10.12284/hyxb2023136>

基于Maxent模型的海地瓜 (*Acaudina molpadioides*) 区域适宜生境分布预测研究

The potential suitability habitat prediction of *Acaudina molpadioides* based on Maxent model

海洋学报. 2021, 43(4): 65–74 <https://doi.org/10.12284/hyxb2021042>

气候变化情景下东南印度洋亚南极模态水的演变趋势研究

Projected longterm trend of the Southeast Indian subantarctic mode water under climate change scenarios

海洋学报. 2021, 43(11): 1–21 <https://doi.org/10.12284/hyxb2021127>

气候变化和人类活动影响下黄河远端泥北支粒度组分变化及其区域沉积效应

Variations in grain size composition and regional sedimentary effects in the north branch of Huanghe River distal mud induced by climate changes and human activities

海洋学报. 2023, 45(2): 74–84 <https://doi.org/10.12284/hyxb2023021>

关注微信公众号, 获得更多资讯信息

刘璇, 罗肇河, 金睿, 等. 气候变化影响下中国近海右侧环胺藻 (*Azadinium dexteroporum*) 潜在分布区变化研究[J]. 海洋学报, 2026, 48(3): 59–71, doi:10.12284/hyxb2026012

Liu Xuan, Luo Zhaohe, Jin Rui, et al. Projected changes of the potential distribution of *Azadinium dexteroporum* in Chinese coastal waters under climate change[J]. Haiyang Xuebao, 2026, 48(3): 59–71, doi:10.12284/hyxb2026012

气候变化影响下中国近海右侧环胺藻 (*Azadinium dexteroporum*) 潜在分布区变化研究

刘璇^{1,2}, 罗肇河^{2,3}, 金睿⁴, 刘锦荃², 苏尚柯², 康建华²,
胡灯进⁵, 张伟妮¹, 胡文佳^{2*}

(1. 福建农林大学, 海水养殖生物育种全国重点实验室/福建省海洋生物技术重点实验室/海洋学院, 福建 福州 350002; 2. 自然资源部第三海洋研究所, 福建 厦门 361005; 3. 厦门理工学院, 福建 厦门 361024; 4. 汕头大学 海洋灾害预警与防护广东省重点实验室, 广东 汕头 515063; 5. 福建海洋研究所, 福建 厦门 361013)

摘要: 产毒藻类对生态环境安全和人类健康具有重大威胁, 右侧环胺藻 (*Azadinium dexteroporum*) 是氮杂螺环酸毒素的主要产毒种之一, 但我国对该物种的研究十分稀缺, 其在中国近海的分布仍然不明。本研究通过环境 DNA 方法获取右侧环胺藻在中国近海的分布记录, 以 2050 年代和 2100 年代为未来预测节点, 采用最大熵模型模拟了该物种在当前及未来 3 种气候情景 (SSP126、SSP245 和 SSP585 情景) 下的潜在适生区变化。结果显示, 硝酸盐浓度、硅酸盐浓度、海表温度为右侧环胺藻分布的主要限制因子。现状情景下, 该物种适生区面积为 $63.71 \times 10^4 \text{ km}^2$, 集中分布于南海北部。随着气候变化右侧环胺藻潜在适生区可能呈现缩减的趋势, 2100 年代潜在适生区面积将减少至 $5.58 \times 10^4 \sim 32.21 \times 10^4 \text{ km}^2$ 。右侧环胺藻的适生区空间格局整体呈现“南缩北扩”趋势, 南海的大面积适生区将消失, 但在黄渤海区域将出现新的适生区。其适生区质心迁移距离最远可达 1 439 km, 从南海北部迁移至长江口以北。研究结果为有害甲藻的生态风险监控、预测和管理提供了重要科学依据。

关键词: 右侧环胺藻; 最大熵模型; 气候情景; 潜在适生区; 环境 DNA

中图分类号: Q141

文献标志码: A

文章编号: 0253-4193(2026)03-0059-13

1 引言

近年来, 气候变化已对全球海洋环境产生深远影响^[1], 有研究指出气候变暖加剧了浮游植物群落的动态变化, 其中有害藻类造成的风险持续增加^[2]。过去几十年的记录显示, 海洋有害藻华的发生频率和强度呈显著上升趋势, 已对渔业资源、沿海旅游业以及食品安全造成重大影响^[3-4]。在中国近海, 受全球变化

的影响, 海表温度升高、盐度和营养盐结构的改变已促使有害藻华的物种组成与分布格局发生显著变化, 自 2000 年以来有害藻华物种数量显著增加^[5-6], 其中甲藻引起的有害藻华比例持续上升^[7]。

新兴产毒甲藻——环胺藻属物种 (*Azadinium* spp.) 作为氮杂螺环酸 (Azaspiracid, AZA) 毒素的主要产毒种类而备受关注^[8], 该属的常见物种包括腹孔环胺藻 (*A. poporum*)、具刺环胺藻 (*A. spinosum*) 和右侧

收稿日期: 2025-10-11; 修订日期: 2025-12-16。

基金项目: 国家自然科学基金 (42576260); 厦门市自然科学基金面上项目 (3502Z202473088); 国家重点研发计划 (2019YFE0124700); 国家自然科学基金 (42276219)。

作者简介: 刘璇 (2001—), 女, 山东省菏泽市人, 研究方向为渔业发展。E-mail: liuxuan_412@163.com

* 通信作者: 胡文佳, 正高级工程师, 研究方向海洋空间生态学。E-mail: huwenjia@tio.org.cn

环胺藻(*A. dexteroporum*)等。AZA 是一类脂溶性的海洋毒素,该类毒素的初期中毒症状与腹泻性贝类中毒(diarrhetic shellfish poisoning, DSP)极为相似,因此易被误判从而具有很强的隐蔽性^[9-10]。但 AZA 毒素与 DSP 毒素在化学结构和毒理机制上存在显著差异,且有研究发现 AZA 的毒性效应不仅限于消化系统,还可能影响心血管和神经系统^[10-11],比 DSP 具有更大的潜在危害。环胺藻属甲藻在全球多个海域中广泛分布,具有显著的公共健康与水产品安全风险,在欧洲和美国等地已引起广泛重视,欧盟和美国在 2011 年后均已建立 AZAs 的监管限值^[12],但我国对于 AZA 及其产毒种的研究和认知还非常有限。

右侧环胺藻是 2013 年首次记录于地中海的甲藻新种,是第 4 个被发现具有 AZA 毒素合成能力的物种^[13-14]。2020 年后,该物种在日本、越南等多个亚洲国家均有发现^[15],在我国台湾海峡、北部湾等海域亦出现了公开记录^[16-17],这说明右侧环胺藻在亚太地区可能有着广泛的潜在分布^[15-17]。但目前我国已有的环胺藻属物种研究主要关注腹孔环胺藻^[18-19],针对右侧环胺藻的研究极为罕见,其具体分布范围尚未明确,这在很大程度上制约了对该物种区域性风险的了解。这可能是由于右侧环胺藻的细胞体积较小(约 7.0~10.0 μm 长,5.0~8.0 μm 宽),是环胺藻属内最小的物种^[14],而小型浮游植物采样网网目为 20 μm,故传统采样方法在该物种样本截获方面的效率很低,作为产毒藻种其隐匿性很强。虽然传统采样方法对于这类物种的监测有较大局限^[20],但近年来兴起的环境 DNA 分析技术可有效地从水生生态系统的复杂样本中检测传统调查方法无法检测到的物种^[21-22],能够弥补传统方法的不足。许多研究已报道了环境 DNA 技术在淡水和海洋生态系统中的相关应用。如 Banerji 等的研究表明,环境 DNA 宏条形码技术可以补充传统的生物学方法,从而获得更全面的淡水浮游生物群落结构和分布信息^[23]。Hu 等利用基于环境 DNA 的宏条形码技术,调查了长江流域团藻的生物地理分布^[24]。但环境 DNA 分析也具有一定的局限性,海水中的环境 DNA 受温度、光照和微生物等多种因素的影响,降解速度较快,因此只能反映物种在特定时空条件下的存在,难以充分表征其分布^[25]。

鉴于气候变化对海洋浮游植物分布格局的深刻影响,以及近年来右侧环胺藻在亚太地区日益增多的记录,揭示该物种的现状分布以及气候变化对其分布格局的影响,对于深入理解其生态适应性、科学评估未来扩散风险具有重要意义。物种分布模型(Species

Distribution Models, SDMs)作为预测物种在环境变化下分布格局的有效工具^[26-27],已被广泛应用于海洋浮游植物的生态位建模与风险评估研究中。通过整合物种出现记录与海洋环境变量,SDMs 能够量化物种与环境因子间的生态关系,并预测其在未来气候情景下的潜在分布区变化^[28]。目前常用的 SDMs 包括最大熵模型(Maximum Entropy, MaxEnt)、广义线性模型、随机森林模型等方法^[29]。其中,MaxEnt 模型操作简单、对样本数量要求低、预测稳定性强^[30-31],介于上述特性,MaxEnt 模型在海洋藻类分布空间建模中被广泛应用^[32]。例如,Assis 等^[33]采用 MaxEnt 模型等 3 种模型模拟了囊泡墨角藻在不同气候情景下的历史、现状及未来分布趋势;Hu^[34]和 Su^[35]等使用 MaxEnt 模型等对 3 种有毒亚历山大藻进行全球潜在分布预测,并开展了生态-社会风险评估;李宝贤等^[36]使用 MaxEnt 模型对巨藻在中国的适生情况进行了分析。在这些案例研究中,该模型均显示出优秀的性能。

在此背景下,本研究拟采用环境 DNA 方法获取中国近海右侧环胺藻的可靠分布记录,并结合多种海洋环境因子,基于 MaxEnt 模型开展右侧环胺藻的分布格局研究。研究涵盖当前(2010-2020 年)及未来(2040-2050 年、2090-2100 年)3 个时间节点以及 3 种气候变化情景,旨在:(1)利用环境 DNA 检测结果结合 SDM 首次刻画右侧环胺藻在中国沿海的潜在分布格局;(2)识别限制其分布的关键生态环境因子;(3)分析未来气候变化驱动下右侧环胺藻潜在适生区的面积变化与空间迁移趋势。研究结果可为我国沿海有害甲藻的生态风险防控与预警提供理论依据和科学支持。

2 材料与方法

2.1 物种分布数据来源与处理

2.1.1 环境 DNA 采样方法

研究区位于中国近海海域,地理范围为 0°~45°N,105°~130°E,涵盖了从热带至温带的多个气候带。本研究团队于 2019-2024 年在中国沿海共采集海水样品 600 份,600 个站位覆盖纬度范围 5.40°~34.00°N,经度范围 108.82°~126.20°E,其中黄、渤海 170 个,东海 175 个,南海 255 个,相邻站位平均距离 21.6 km。每个站位采集表层(0.5 m)和次表层(10 m)海水各 0.5 L,混合形成垂向综合样品。样品经 0.22 μm 聚碳酸酯膜过滤后,置于 1 mL DNA 裂解缓冲液中,并立即置于零下 80℃ 保存以备 DNA 提取。

2.1.2 物种检测方法

采用针对浮游植物优化的珠磨法提取环境样品

总 DNA, 使用含物种特异性的扩增区域 (ITS1-5.8S-ITS2 与 LSU rDNA D1-D2) 进行 PCR 扩增。正向引物为 EukSSU, 反向引物为 D2C。每对引物带有唯一 16 bp 条形码用于样品区分。PCR 产物经 3 次重复扩增、纯化和定量后, 在 PacBio Sequel II 平台进行 HiFi 长读长测序。测序数据经 SMRT Link v11 去条码并生成高保真序列, 利用 NCBI 在线数据库及 Amphidomataceae 科参考数据库进行 BLASTn 比对 ($e\text{-value} = 0$, $\text{identity} > 90\%$, 长度 > 700 bp), $\text{identity} > 99\%$ 且全长覆盖的鉴定至物种水平^[37]。

2.1.3 物种分布点提取

在与数据库数据进行比对和确认后, 从 600 个环境 DNA 样本里识别得到右侧环胺藻的有效样本共 47 个。从采样记录中获取每个样本采集的经纬度地理位置信息, 随后基于地理位置信息利用 R 语言中的 spThin 包^[38]对样本点数据进行了二次检测处理, 包括重复点筛选、空间疏化处理等, 最终 47 个分布点均通过检测筛选, 被保留用于模型输入[图 1, 本文所有地图基于自然资源部标准地图服务网站 GS(2024) 0650 号标准底图制作, 底图边界无修改]。这些分布点大部分集中在南海北部海域, 在东海和黄海海域也有一定数量的分布记录, 在渤海则无分布记录。

2.2 环境变量选择与处理

除了物种分布点外, SDM 建模还需要输入相应的环境变量空间数据。已有研究表明, 海水温度、盐度及营养盐含量是影响海洋藻类分布和繁殖的关键环境因子^[39-40]。温度不仅影响藻类的生长速率, 还调控其生理代谢过程^[41], 而营养盐, 尤其是氮磷元素的浓度, 则直接决定了藻类的生长和繁殖潜力^[42]。因此, 目前藻类物种分布模型中常用的环境变量包括海表温度、营养盐、盐度等^[43-44]。基于参考上述研究基础, 本研究选取了 9 个对甲藻分布具有关键生态意义的环境变量, 分别为: 海表温度、盐度、溶解氧浓度、硝酸盐浓度、磷酸盐浓度、硅酸盐浓度、初级生产力、叶绿素质量浓度和离岸距离(表 1)。

其中, 前 8 个变量来源于 Bio-ORACLE v3.0 全球海洋环境数据集 (<https://www.bio-oracle.org>), 该数据集是一个专为生态建模设计的全球海洋环境数据集, 空间分辨率为 0.083° , 涵盖了多个时间尺度(包括长期年平均值)和多个深度层次。为评估气候变化对右侧环胺藻分布的潜在影响, 提取了上述 8 个变量在不同时间节点及气候情景下的表层 (0.5 m) 多年平均值, 涵盖当前 (2010-2020 年) 以及未来两个时期: 2050 年代 (2040-2050 年) 和 2100 年代 (2090-2100 年)。气

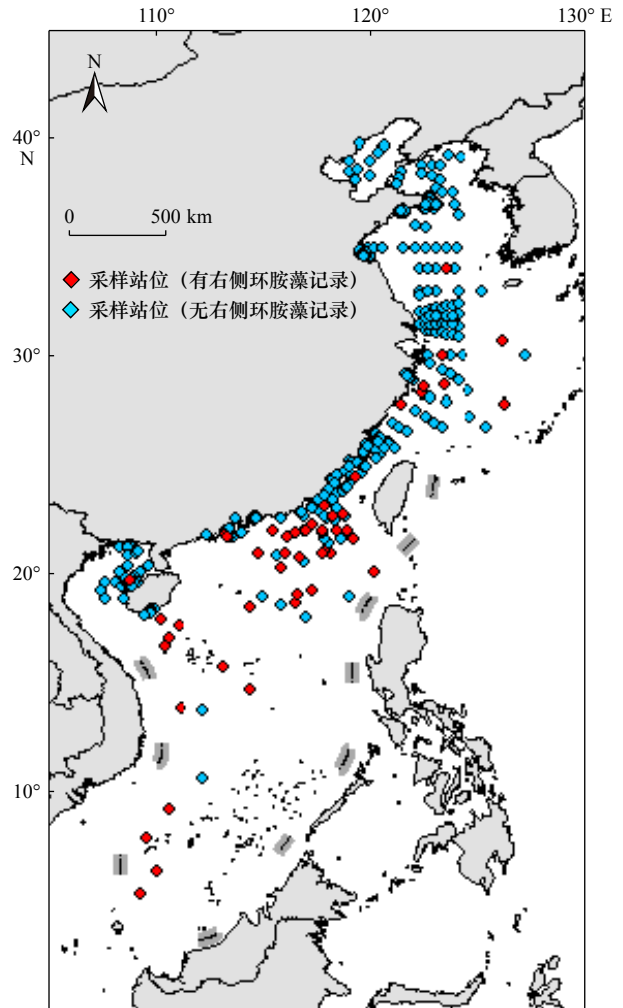


图 1 采样站点及右侧环胺藻在中国近海的分布记录

Fig. 1 Sampling sites and distribution records of *Azadinium dexteroporum* along the coastal China

表 1 环境变量列表

Table 1 List of environment variables

环境变量	数据来源	变量单位
海水温度	www.bio-oracle.org	$^\circ\text{C}$
盐度	www.bio-oracle.org	
初级生产力	www.bio-oracle.org	mmol/m^3
硝酸盐浓度	www.bio-oracle.org	mmol/m^3
磷酸盐浓度	www.bio-oracle.org	mmol/m^3
溶解氧浓度	www.bio-oracle.org	mmol/m^3
叶绿素质量浓度	www.bio-oracle.org	mg/m^3
硅酸盐浓度	www.bio-oracle.org	mmol/m^3
离岸距离	www.globalfishingwatch.com	km

候情景基于第六次气候模式比较计划, 选择 3 种典型共享社会经济路径 (Shared Socioeconomic Pathways,

SSPs): SSP126(可持续发展路径)、SSP245(中等发展路径)和 SSP585(高速发展路径)^[45-46]。其中, SSP126 反映低社会脆弱性和低温室气体排放情景; SSP245 表征中等社会脆弱性与中温室气体排放情景; SSP585 则对应高社会脆弱性与高温室气体排放情景^[47]。离岸距离变量则源自 Global Fishing Watch 所提供的全球岸线距离栅格数据 (<https://www.globalfishingwatch.org>), 空间分辨率为 $0.01^\circ \times 0.01^\circ$ (约 $1.1 \text{ km} \times 1.1 \text{ km}$), 该变量不随时间和气候情景变化。为确保环境变量与研究区域在空间范围和分辨率上的一致性, 使用 ArcGIS 中的裁剪工具对所有环境变量数据按研究区范围进行裁剪, 得到研究范围区域环境数据, 并统一行列数, 数据分辨率均采用双线性方法重采样至 $0.01^\circ \times 0.01^\circ$, 最后转换为 MaxEnt 建模输入指定的 ASC 格式。

2.3 模型的构建

2.3.1 模型参数优化

MaxEnt 模型的复杂程度主要受 2 个参数的影响, 即调控倍率 (Regularization Multiplier, RM) 与特征组合 (Feature Classes, FC)^[31, 48]。模型复杂度直接影响预测的泛化能力, 复杂度过高容易导致过拟合, 降低模型在新数据上的预测准确性, 而复杂度过低则可能导致欠拟合。因此, 需要通过参数优化合理控制模型复杂度来提升模型的稳定性和预测精度。本研究使

用 R 语言的 ENMeval 包^[49]对 RM 和 FC 进行调整。MaxEnt 模型的特征选择包括以下 5 种: 线性特征 (Linear features, L)、二次型特征 (Quadratic features, Q)、片段化特征 (Hinge features, H)、乘积型特征 (Product features, P) 和阈值性特征 (Threshold features, T)^[25]。在参数优化过程中, 将 RM 设定范围为 $0.5 \sim 3$, 步长为 0.5 , FC 设置为: L、LQ、LQH、H 4 组, 共计测试 24 种参数组合。复杂度指标采用赤池信息准则修正值 (Akaike Information Criterion corrected for small sample size, AICc) 作为标准^[50-51]。AICc 值越小表示模型越可靠, 最终选择 AICc 最小的参数组合, 即特征组合为 H, 调控倍率为 1 作为 MaxEnt 模型的最终建模参数 (图 2)。

2.3.2 模型性能评估

将数据划分为 75% 的训练集和 25% 的测试集, 取 10 次重复的平均值作为输出结果, 模型精度通过受试者工作特征曲线 (Receiver Operating Characteristic Curve, ROC) 进行评估^[52], 采用 ROC 曲线下的面积 (Area Under Curve, AUC) 作为模型预测性能的衡量标准^[53-54]。AUC 取值范围为 $0.5 \sim 1$, 数值越高表示模型精度越高: $0.5 \sim 0.6$ 表示模型预测失败, $0.6 \sim 0.7$ 为可接受水平, $0.7 \sim 0.8$ 表示中等效果, $0.8 \sim 0.9$ 为良好效果, $0.9 \sim 1$ 则表示预测性能优异^[55]。

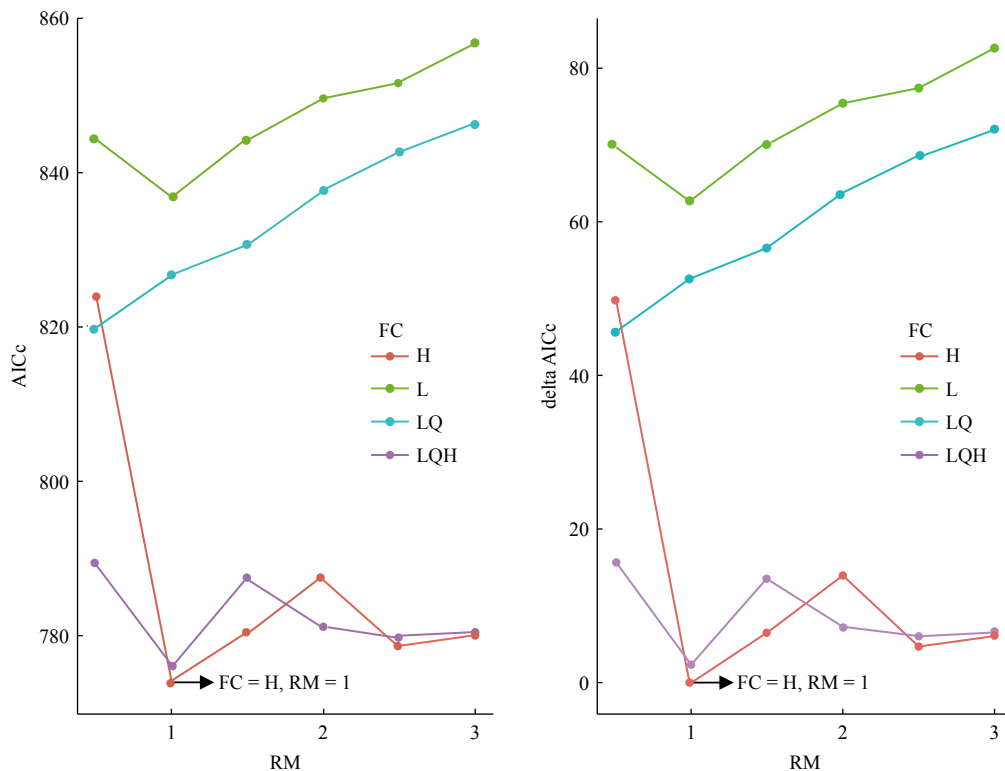


图 2 参数组合及最优参数选择

Fig. 2 Parameter settings and optimization

2.3.3 环境因子重要性评估和适生区划分

在环境因子重要性评估方面,本研究结合 MaxEnt 模型输出的环境变量贡献度、置换重要性和刀切法分析结果,筛选出影响右侧环胺藻潜在分布的主导环境因子,并绘制主导环境因子和生境适宜性之间的响应曲线^[56]。适生区分布则基于 MaxEnt 模型输出结果进行划分,其结果为空间栅格数据,每个栅格值代表目标物种在该地点区域的分布概率或生境适宜性,数值范围为 0~1,值越高表示物种出现的可能性越大。适生等级划分通常采用等间距法或自然断点法,等级划分数量多为 4~10 个^[57]。在本研究中,自然断点法和等间距法生成的阈值均为 0.50,因此将其作为阈值对模型预测概率结果划分,将预测分布概率大

于 0.50 的区域识别为潜在适生区。为进一步分析气候变化情景下右侧环胺藻的空间分布变化,采用 R 语言的 terra 包^[58],根据当前气候情景与未来气候情景下的潜在适生区的二元分布数据,计算各情景下的适生区及其收缩、扩张面积,并使用 geosphere 包^[59]计算质心迁移的方向与距离。

3 结果

3.1 右侧环胺藻分布与环境变量之间的关系

本研究基于优化后的建模参数构建 MaxEnt 模型,设置特征组合为 H,调控倍率为 1。模型性能评估结果显示训练集的 AUC 值为 0.926,测试集的 AUC 为 0.891,表明模型可靠性较高(图 3a)。环境变量贡

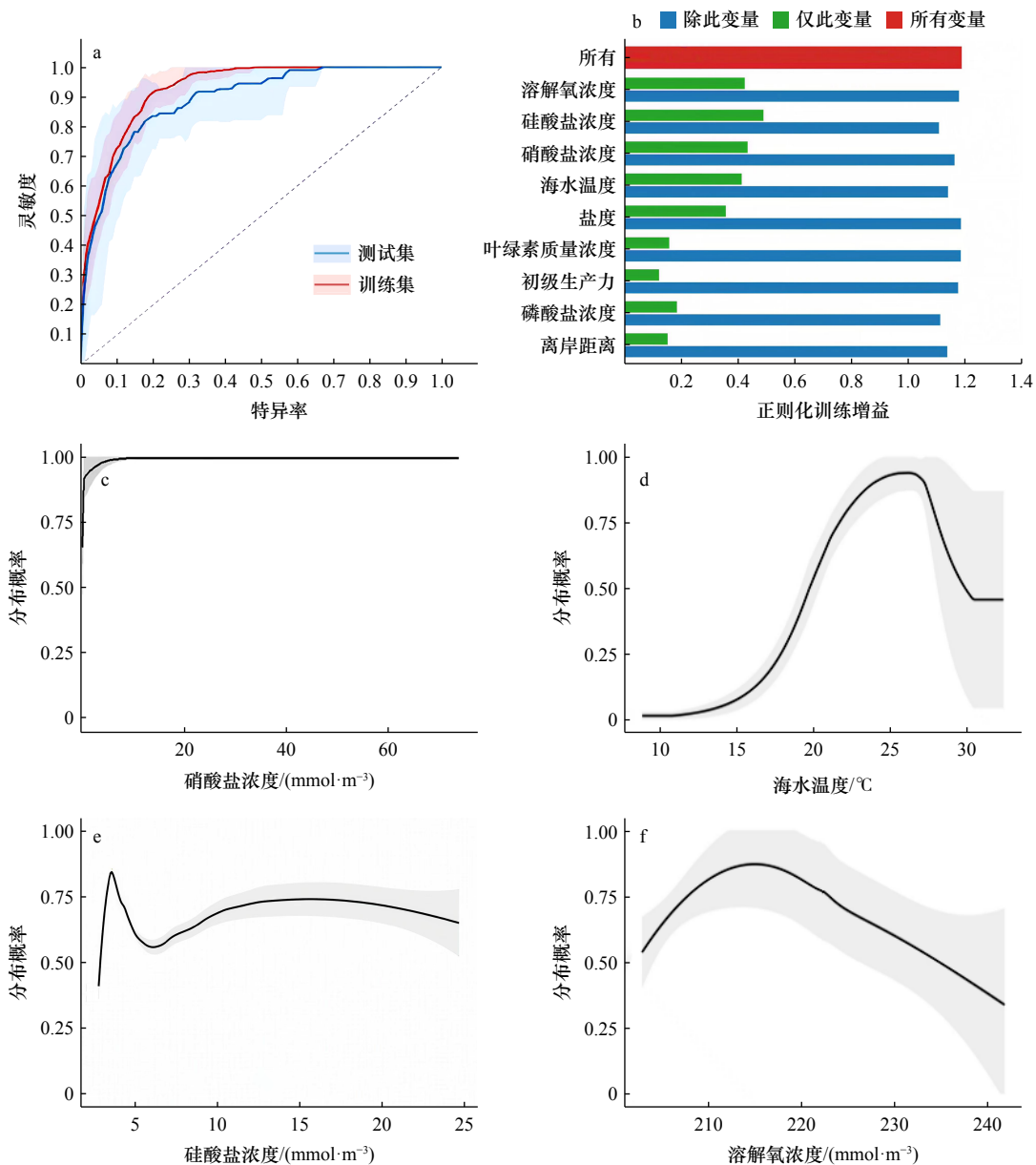


图 3 环境变量重要性及其与右侧环胺藻生境适宜性之间的响应关系

Fig. 3 The importance of environmental variables and their response relationship with the habitat suitability of *Azadinium dexteroporum*

献度评估结果显示,对右侧环胺藻潜在分布影响最大的3个环境因子依次为硝酸盐浓度、硅酸盐浓度和海表温度,其累积贡献率达到75%。在置换重要性分析中,硅酸盐浓度、海表温度和硝酸盐浓度位列前三,累积重要性达到68.3%。刀切法分析的结果显示,硝酸盐浓度、硅酸盐浓度、海表温度和溶解氧浓度对模型的增益最高(图3b)。综合上述结果,硝酸盐浓度、硅酸盐浓度、海表温度和溶解氧浓度可能是决定右侧环胺藻分布的主导环境因子。环境变量响应曲线展示了右侧环胺藻的环境生态位分布,结果显示适宜的硝酸盐浓度下限约为 11.511 mmol/m^3 (图3c),最适硅酸盐浓度约为 3.609 mmol/m^3 (图3e),最适海表温度约为 26.25°C (图3d),最适溶解氧浓度约为 214.982 mmol/m^3 (图3f)。

3.2 现状和未来情景下右侧环胺藻潜在适生区分布

在当前情景下,右侧环胺藻在南海北部至台湾海峡的生境适宜性较高(图4a)总潜在适生区面积约为 $63.71\times 10^4\text{ km}^2$,分布于南海、东海及黄海海域,渤海海域未有分布(图5a)。其中,南海为主要的适生区域,

约占适生区总面积的72.8%,南海北部的生境适宜性最高(图4a)。未来气候变化将对该物种的潜在适生区分布产生显著影响,在SSP126情景下(图5b和f),潜在适生区面积呈现先下降后回升的趋势(图5e),至预测终点面积缩减至 $32.21\times 10^4\text{ km}^2$,为当前的50.6%,北部湾和台湾海峡南部的生境适宜性较高(图4e)。在SSP245情景下(图5c和g),潜在适生区面积则呈现持续下降的趋势(图5e),其中2050年代适生区面积为 $21.12\times 10^4\text{ km}^2$,至预测终点面积仅余 $5.58\times 10^4\text{ km}^2$,为当前的8.8%,生境适宜性整体大幅度下降(图4f),南海北部的连片适生区几乎消失,仅在东海等地有零散分布。在SSP585情景下(图5d和h),潜在适生区面积亦呈现先下降后回升的趋势(图5e),至预测终点面积为 $14.17\times 10^4\text{ km}^2$,占当前的22.2%,但值得注意的是黄海的生境适宜性大幅度提升(图4g),并出现了新的适生区斑块。

3.3 右侧环胺藻潜在适生区的空间格局变化

基于当前及未来不同气候情景的模拟结果,进一步比较分析了右侧环胺藻潜在适生区的空间演变特

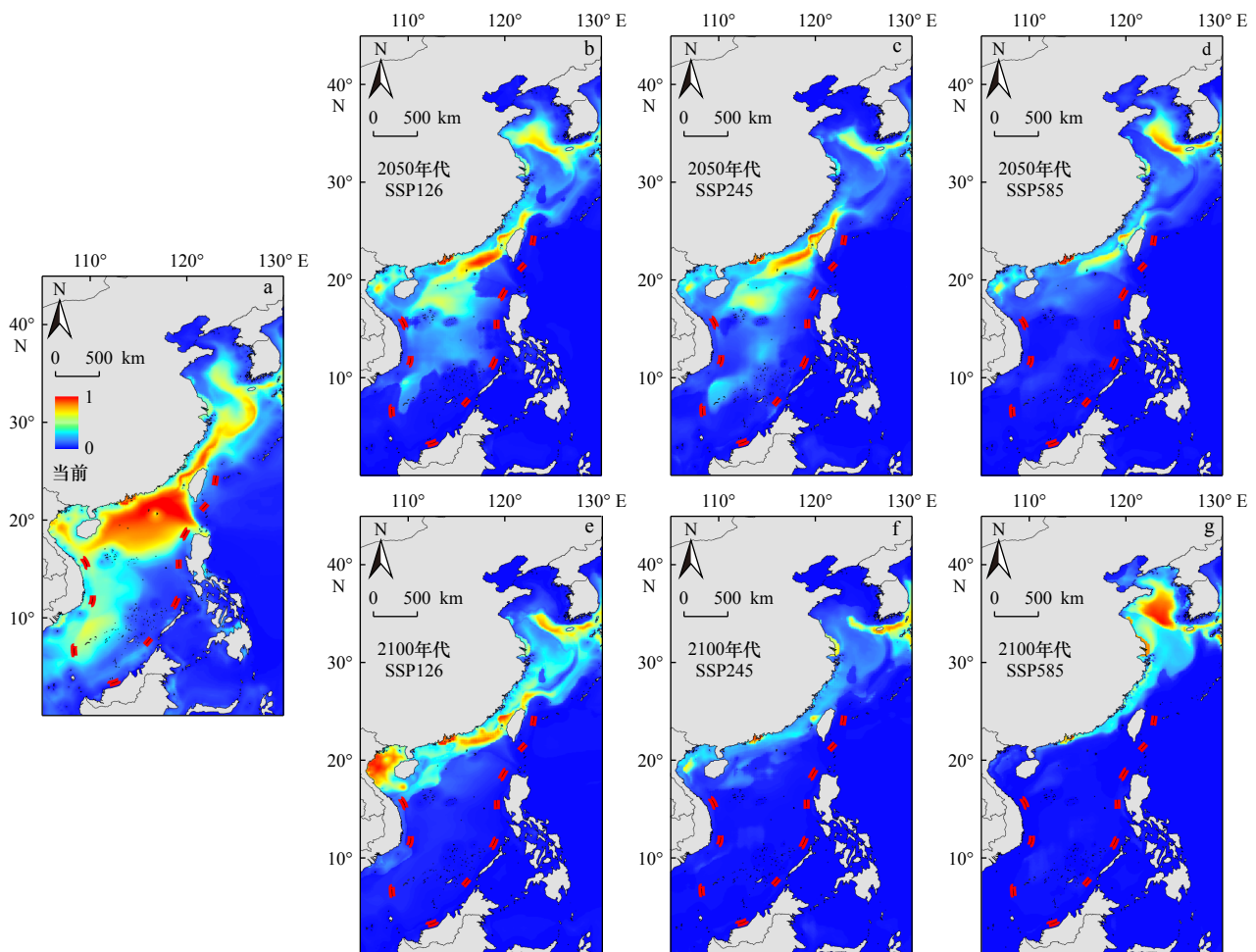


图4 右侧环胺藻不同情景下的生境适宜性

Fig. 4 Habitat suitability of *Azadinium dexteroporum* under different scenarios

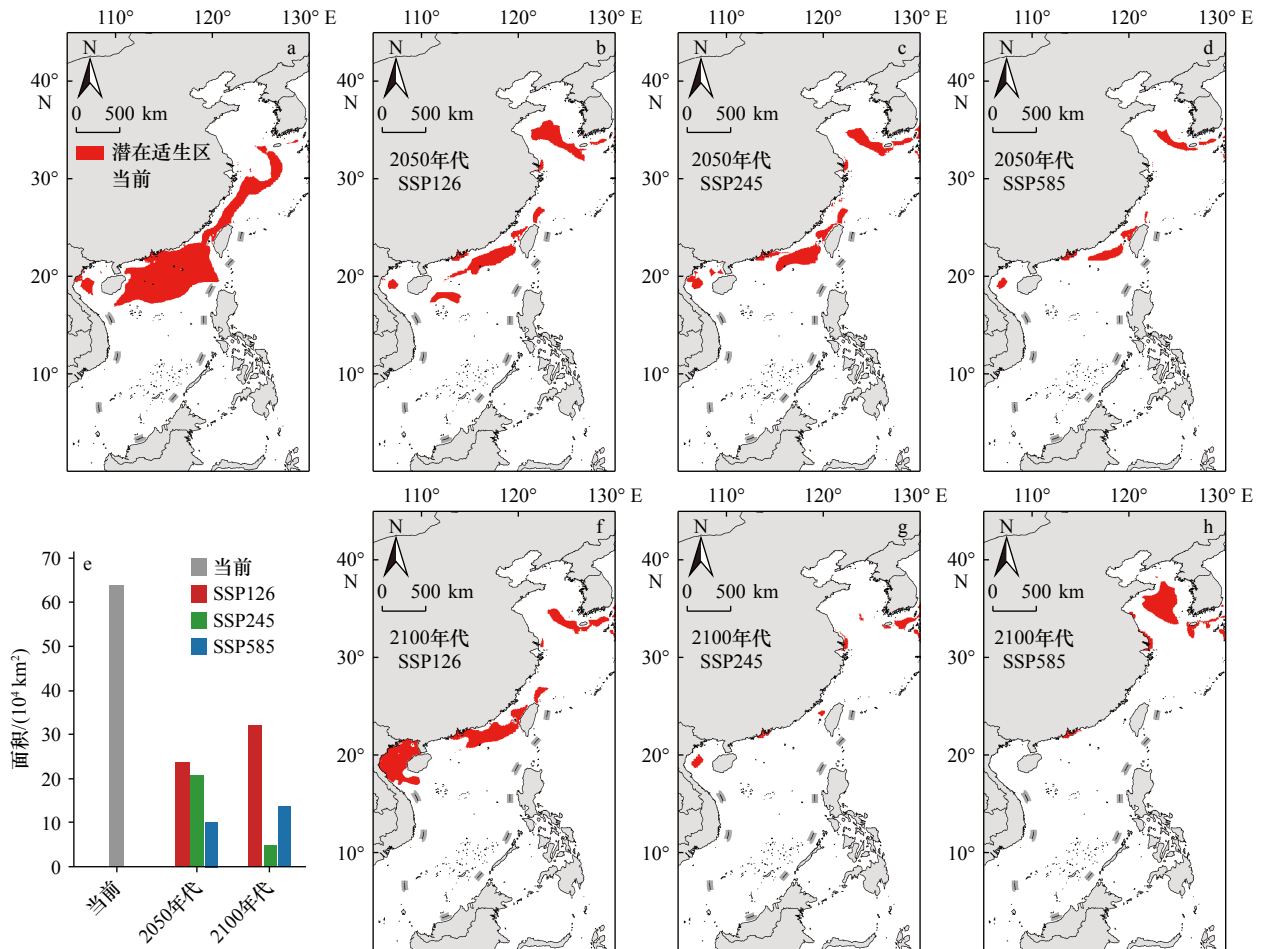


图5 右侧环胺藻潜在适生区在不同气候情景下的分布

Fig. 5 Distribution of potential suitable habitat of *Azadinium dexteroporum* under different climate scenarios

征(图6)。结果显示(表2),与当前适生区面积相比,SSP126情景下的稳定区面积为 $15.03 \times 10^4 \sim 16.56 \times 10^4 \text{ km}^2$,扩张区面积为 $7.59 \times 10^4 \sim 17.2 \times 10^4 \text{ km}^2$,而收缩区面积为 $47.16 \times 10^4 \sim 48.69 \times 10^4 \text{ km}^2$ 。SSP245情景下,稳定区迅速缩减至 $2.23 \times 10^4 \sim 13.78 \times 10^4 \text{ km}^2$,同时,扩张区面积仅为 $3.35 \times 10^4 \sim 7.34 \times 10^4 \text{ km}^2$,收缩区面积为 $49.93 \times 10^4 \sim 61.49 \times 10^4 \text{ km}^2$,这表明旧适生区存在大规模丧失的情况,而变化后的环境条件尚不足以形成新的适生区。SSP585情景下,稳定区面积为 $1.39 \times 10^4 \sim 7.10 \times 10^4 \text{ km}^2$,收缩区为 $56.61 \times 10^4 \sim 62.33 \times 10^4 \text{ km}^2$,扩张区面积为 $3.63 \times 10^4 \sim 12.79 \times 10^4 \text{ km}^2$,说明新的环境条件正在促进一定规模的新适生区形成,为物种重新扩张提供了潜在空间。整体结果表明,随着气候变化的加剧,右侧环胺藻的潜在适生区可能呈现出“南缩北扩”的迁移规律,南海、东海等传统适生区显著收缩,而黄海沿岸则将成为适生区扩张的热点区域。

从分布范围变化来看,右侧环胺藻的适生区南北缘均呈现明显的北移趋势(图6g)。在SSP126情景下,

南缘最远移动893.90 km,北缘最远移动230.43 km。SSP245情景下,南缘最远移动1055.31 km,北缘最远可移动202.60 km。而在SSP585情景下,南缘最远移动1391.49 km,北缘移动距离为480.90 km。整体来看,南北缘的迁移速度具有不对称性,其中南缘北移的速度远远高于北缘。这种南北缘分布的变化同时导致了适生区质心沿纬度迁移,SSP126情景下质心迁移距离为259.90 km~500.64 km,SSP245情景下质心迁移距离为525.32 km~852.35 km,SSP585情景下的变化最为剧烈,质心迁移距离可达到587.04~1439.17 km,质心纬度最远可从当前的 22.35°N 迁至 33.10°N ,即从南海北部迁移至长江口以北。

4 讨论

4.1 主导环境因子对右侧环胺藻潜在适生区分布的影响

本研究结果表明,硝酸盐浓度、硅酸盐浓度、海表温度等是影响右侧环胺藻潜在适生区分布的重要环境因子。针对环胺藻属物种的实验和综述研究表明,

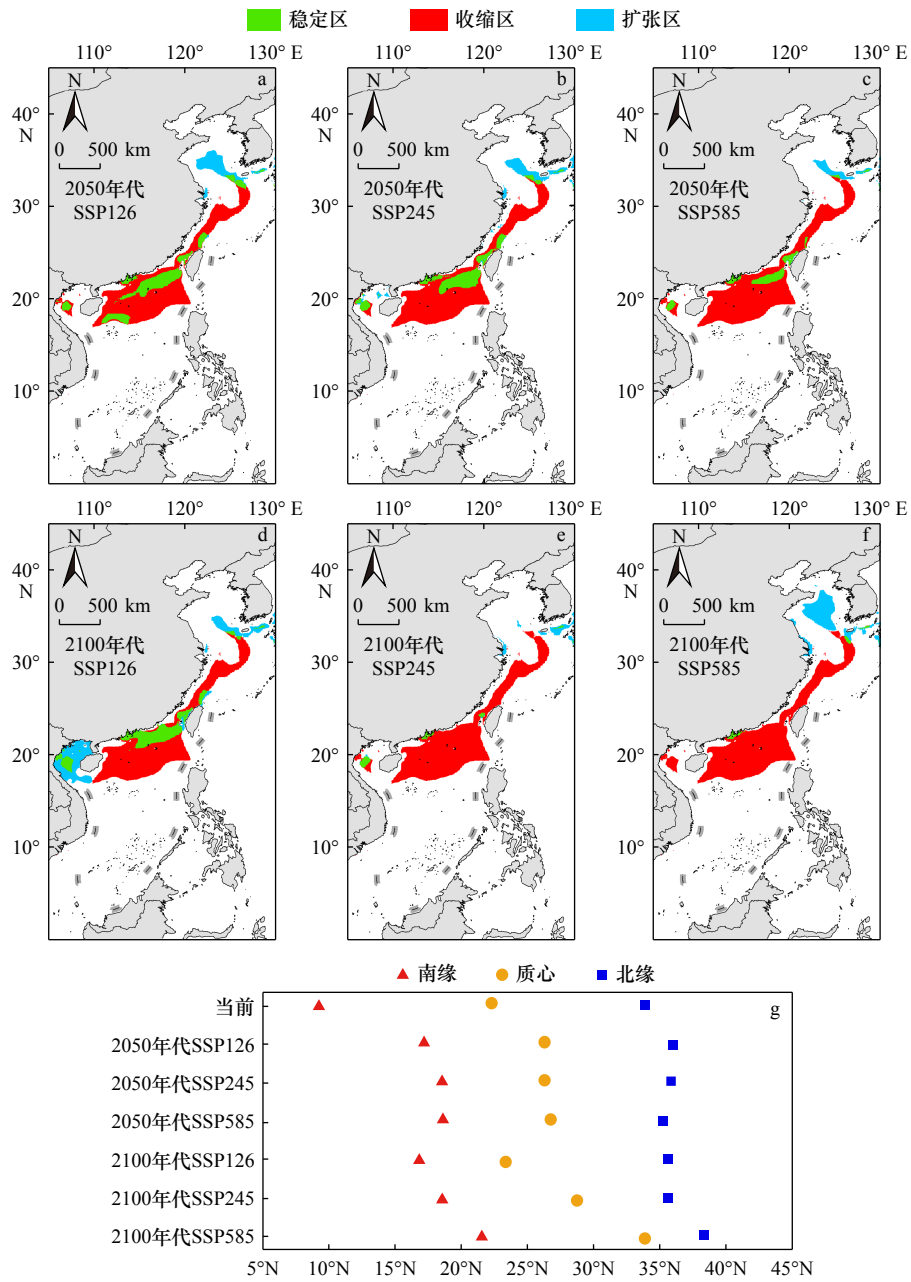


图 6 右侧环胺藻潜在适生区空间格局变化

Fig. 6 Spatial pattern changes of the potential suitable habitat of *Azadinium dexteroporum*

表 2 右侧环胺藻适生区面积变化及质心迁移表

Table 2 Changes in the suitable habitat area and centroid migration of *Azadinium dexteroporum*

情景	当前适生区面积/ (10 ⁴ km ²)	未来适生区面积/ (10 ⁴ km ²)	稳定区面积/ (10 ⁴ km ²)	收缩区面积/ (10 ⁴ km ²)	扩张区面积/ (10 ⁴ km ²)	不适宜区面积/ (10 ⁴ km ²)	质心迁移距离/ km
2050年代SSP126	63.71	24.15	16.56	47.16	7.59	528.57	500.64
2050年代SSP245	63.71	21.12	13.78	49.93	7.33	528.83	525.32
2050年代SSP585	63.71	10.74	7.10	56.61	3.63	532.53	587.04
2100年代SSP126	63.71	32.21	15.03	48.69	17.18	518.98	259.90
2100年代SSP245	63.71	5.58	2.23	61.49	3.35	532.81	852.35
2100年代SSP585	63.71	14.17	1.39	62.33	12.79	523.38	1 439.17

该属物种生长受温度、光照及营养盐等环境因子的影响^[60-61],这与本研究的发现相符。环境变量重要性分析结果表明,硝酸盐浓度是影响右侧环胺藻分布的最关键环境因子,在硝酸盐浓度接近 11.511 mmol/m^3 时右侧环胺藻的生境适宜性最高,这提示右侧环胺藻可能在中等富营养环境条件下具有较强的适应性与扩张能力。氮浓度的增加可以显著促进藻类生长^[62],除了环胺藻属外,其他产毒甲藻也表现出类似的趋势,例如硝酸盐浓度的升高能够促进亚历山大藻的生长^[63-64]。硅酸盐浓度则与右侧环胺藻的存在概率则呈现出非线性关系,随着硅酸盐浓度的升高,该藻的存在概率略有下降,出现这种现象可能是因为硅酸盐浓度较高时,硅藻在竞争中占据优势,硅藻的增殖会抑制甲藻的增殖^[65]。温度是影响浮游植物生态分布的重要物理因子^[66],其对右侧环胺藻的分布也产生了显著影响。本研究发现右侧环胺藻在中国海域的最适温度出现在 $25\sim 27^\circ\text{C}$ 范围内,并且在 20°C 以上即可呈现出较高的适宜性。其他研究记录表明,右侧环胺藻不仅可在温暖的地中海南部大量繁殖^[13],在北大西洋海域也有分布记录,这说明不同的右侧环胺藻菌株对温度的适应可能存在差距^[67]。整体来看,右侧环胺藻偏好温暖、富营养化的近岸海域,这与地中海那不勒斯海湾等区域的研究结果一致^[13]。

4.2 右侧环胺藻未来潜在适生区的变化

在未来不同的气候情境下,右侧环胺藻的潜在适生区呈现出明显的动态变化。本研究预测得到其质心迁移速度最快为 $119.6 \text{ km}/10 \text{ a}$,高于 Benedetti 等报道的全球浮游生物迁移速度中位数 $35 \text{ km}/10 \text{ a}$ ^[68]。这种差异可能是因为中国沿岸的气候变化幅度高于全球平均幅度,中国气象局发布的公开信息显示,中国是全球气候变化的敏感区和影响显著区,近 60 a 升温速率为每 10 a 升高 0.31°C ,远高于同期全球平均升温水平每 10 a 0.18°C 至 0.20°C ^[69]。在北大西洋海域的研究显示,由于甲藻常出现在温度较高、分层更紧密、营养物质较少的海域,气候变化可能导致 85% 的甲藻表现出向高纬度迁移的趋势,在低纬度海域出现这种迁移趋势可能性更明显^[70],本研究预测的右侧环胺藻的迁移趋势及其过程中展现出的南北缘不对称性与上述研究一致。此外, Borges 等^[71]曾预测 3 种主

要麻痹性贝类毒素产毒藻在不同气候情景下的适生区变化,发现这些产毒藻在低纬度地区的适生区面积将普遍收缩,而在高纬度地区尤其是北半球适生区面积将显著扩展。这与本研究预测的右侧环胺藻适生区收缩/扩张趋势相似,未来情景下随着气候变化程度加剧,海表温度持续升高,可能会超过右侧环胺藻最适阈值^[13],而溶解氧浓度及营养盐浓度呈下降趋势,在多因子综合作用下,右侧环胺藻在南海区域的整体适应性降低,分布区缩小,逐渐向高纬度扩张形成新的适生区,从而入侵至此前没有相关风险的地区。

4.3 局限与展望

本研究评估了右侧环胺藻在当前及未来气候情景下的潜在适生区,识别了影响其分布的主要环境因子,并揭示其潜在适生区的空间格局变化,但在一些方面仍存在局限性。首先由于右侧环胺藻在我国沿海的记录比较稀缺,用于建模的样本有限,可能会限制模型对其潜在适生区模拟的外推能力,因此不能完全排除适生区外该物种的潜在风险。其次,本研究用于模拟和预测的环境因子为多年平均气候数据,虽然可以较好地预测目标物种分布的长期变化,但无法准确识别驱动浮游藻类分布的关键瞬时条件,而目前关于右侧环胺藻环境因子的响应模式与耐受范围的实证研究较少,尚未能掌握右侧环胺藻在不同环境条件下的生长速率和爆发条件,因此对于浮游生物群落内不同物种互作的影响和一些突发性的赤潮事件无法捕捉^[54, 72]。再次,本研究采用的环境 DNA 长读长测序方法虽灵敏,但迁移和衰减可能引起 eDNA 浓度空间相关误差^[73],低物种丰度、密度或生物量生境中环境 DNA 含量较低亦可能出现检测误差^[74],这都可能对物种分布模型的局部预测结果造成影响,虽然整体结果相对可靠^[74]。最后,右侧环胺藻产生的 AZA 毒素不容忽视,可能沿海洋食物链对整个生态系统产生负面影响^[11],但目前右侧环胺藻产毒机制方面的研究不足,对其产生的不同毒性化合物的特征、毒性强度、产毒条件等仍缺乏系统研究^[75]。今后应从多角度开展右侧环胺藻的相关研究,加强野外调查监测与受控实验,持续优化数据采集、机制研究和模型方法构建,为右侧环胺藻的风险管控提供更加充分的科学基础。

参考文献:

- [1] Bindoff N L, Cheung W W L, Kairo J G, et al. Changing ocean, marine ecosystems, and dependent communities[M]//Pörtner H O, Roberts D C, Masson-Delmotte V, et al. IPCC Special Report on the Ocean and Cryosphere in a Changing Climate. Cambridge: Cambridge University Press, 2019: 447-587.

- [2] Wells M L, Trainer V L, Smayda T J, et al. Harmful algal blooms and climate change: learning from the past and present to forecast the future[J]. *Harmful Algae*, 2015, 49: 68–93.
- [3] Diaz P A, Figueroa R I. Toxic algal bloom recurrence in the era of global change: lessons from the Chilean Patagonian fjords[J]. *Microorganisms*, 2023, 11(8): 1874.
- [4] Alvarez S, Brown C E, Diaz M G, et al. Non-linear impacts of harmful algae blooms on the coastal tourism economy[J]. *Journal of Environmental Management*, 2024, 351: 119811.
- [5] Hou Wanli, Chen Xi, Ba Menglin, et al. Characteristics of harmful algal species in the coastal waters of China from 1990 to 2017[J]. *Toxins*, 2022, 14(3): 160.
- [6] Yu Zhiming, Tang Yingzhong, Gobler C J. Harmful algal blooms in China: history, recent expansion, current status, and future prospects[J]. *Harmful Algae*, 2023, 129: 102499.
- [7] Yan Tian, Li Xiaodong, Tan Zhijun, et al. Toxic effects, mechanisms, and ecological impacts of harmful algal blooms in China[J]. *Harmful Algae*, 2022, 111: 102148.
- [8] Yang Jiaping, Sun Weiqin, Sun Mingjuan, et al. Current research status of azaspiracids[J]. *Marine Drugs*, 2024, 22(2): 79.
- [9] Furey A, O'Doherty S, O'Callaghan K, et al. Azaspiracid poisoning (AZP) toxins in shellfish: toxicological and health considerations[J]. *Toxicon*, 2010, 56(2): 173–190.
- [10] Tebben J, Zurhelle C, Tubaro A, et al. Structure and toxicity of AZA-59, an azaspiracid shellfish poisoning toxin produced by *Azadinium poporum* (Dinophyceae)[J]. *Harmful Algae*, 2023, 124: 102388.
- [11] Twiner M J, Rehmann N, Hess P, et al. Azaspiracid shellfish poisoning: a review on the chemistry, ecology, and toxicology with an emphasis on human health impacts[J]. *Marine Drugs*, 2008, 6(2): 39–72.
- [12] Otero P, Silva M. Emerging marine biotoxins in European waters: potential risks and analytical challenges[J]. *Marine Drugs*, 2022, 20(3): 199.
- [13] Percopo I, Siano R, Rossi R, et al. A new potentially toxic *Azadinium* species (Dinophyceae) from the Mediterranean Sea, *A. dexteroporum* sp. nov.[J]. *Journal of Phycology*, 2013, 49(5): 950–966.
- [14] Tillmann U. Harmful algal species fact sheet: amphidomataceae[M]//Shumway S E, Burkholder J M, Morton S L. Harmful Algal Blooms: A Compendium Desk Reference. Hoboken: Wiley, 2018: 575–582.
- [15] Takahashi K, Lum W M, Benico G, et al. Toxicogenic strains of *Azadinium poporum* (Amphidomataceae, Dinophyceae) from Japan and Vietnam, with first reports of *A. poporum* (ribotype A) and *A. trinitatum* in Asian Pacific[J]. *Phycological Research*, 2021, 69(3): 175–187.
- [16] Liu Minlu, Tillmann U, Ding Guangmao, et al. Metabarcoding revealed a high diversity of Amphidomataceae (Dinophyceae) and the seasonal distribution of their toxigenic species in the Taiwan Strait[J]. *Harmful Algae*, 2023, 124: 102404.
- [17] 李卫国. 北部湾海域浮游植物群落结构及其分子多样性研究[D]. 广州: 暨南大学, 2022.
Li Weiguo. Phytoplankton community structure and molecular diversity in Beibu Gulf[D]. Guangzhou: Jinan University, 2022.
- [18] Luo Zhaohe, Krock B, Mertens K N, et al. Adding new pieces to the *Azadinium* (Dinophyceae) diversity and biogeography puzzle: non-toxicogenic *Azadinium zhuanum* sp. nov. from China, toxigenic *A. poporum* from the Mediterranean, and a non-toxicogenic *A. dalianense* from the French Atlantic[J]. *Harmful Algae*, 2017, 66: 65–78.
- [19] 赵丽叶, 邱江兵, 王桂祥, 等. 温度、盐度和光照强度对腹孔环胺藻生长与产毒的影响[J]. *中国海洋大学学报*, 2025, 55(7): 38–47.
Zhao Liye, Qiu Jiangbing, Wang Guixiang, et al. Effect of temperature, salinity and light intensity on the growth and toxin production of *Azadinium poporum*[J]. *Periodical of Ocean University of China*, 2025, 55(7): 38–47.
- [20] Ardura A, Zaiko A, Martinez J L, et al. eDNA and specific primers for early detection of invasive species—A case study on the bivalve *Rangia cuneata*, currently spreading in Europe[J]. *Marine Environmental Research*, 2015, 112: 48–55.
- [21] Liu Qi, Zhang Yun, Wu Han, et al. A review and perspective of eDNA application to eutrophication and HAB control in freshwater and marine ecosystems[J]. *Microorganisms*, 2020, 8(3): 417.
- [22] Hänfling B, Lawson Handley L, Read D S, et al. Environmental DNA metabarcoding of lake fish communities reflects long - term data from established survey methods[J]. *Molecular Ecology*, 2016, 25(13): 3101–3119.
- [23] Banerji A, Bagley M, Elk M, et al. Spatial and temporal dynamics of a freshwater eukaryotic plankton community revealed via 18S rRNA gene metabarcoding[J]. *Hydrobiologia*, 2018, 818(1): 71–86.
- [24] Hu Yuxin, Zhang Jing, Huang Jie, et al. The biogeography of colonial volvocine algae in the Yangtze River basin[J]. *Frontiers in Microbiology*, 2023, 14: 1078081.
- [25] Riccardi N. Selectivity of plankton nets over mesozooplankton taxa: implications for abundance, biomass and diversity estimation[J]. *Journal of Limnology*, 2010, 69(2): 287.
- [26] Barve N, Barve V, Jiménez-Valverde A, et al. The crucial role of the accessible area in ecological niche modeling and species distribution modeling[J]. *Ecological Modelling*, 2011, 222(11): 1810–1819.
- [27] Brun P, Kiørboe T, Licandro P, et al. The predictive skill of species distribution models for plankton in a changing climate[J]. *Global Change Biology*, 2016, 22(9): 3170–3181.
- [28] Elith J, Leathwick J R. Species distribution models: ecological explanation and prediction across space and time[J]. *Annual Review of*

- Ecology, Evolution, and Systematics*, 2009, 40: 677–697.
- [29] Zhao Ziyi, Xiao Nengwen, Shen Mei, et al. Comparison between optimized MaxEnt and random forest modeling in predicting potential distribution: a case study with *Quasipaa boulengeri* in China[J]. *Science of the Total Environment*, 2022, 842: 156867.
- [30] Kumar S, Stohlgren T J. Maxent modeling for predicting suitable habitat for threatened and endangered tree *Canacomyrica monticola* in New Caledonia[J]. *Journal of Ecology and Natural Environment*, 2009, 1(4): 94–98.
- [31] Phillips S J, Anderson R P, Schapire R E. Maximum entropy modeling of species geographic distributions[J]. *Ecological Modelling*, 2006, 190(3/4): 231–259.
- [32] Klaassen M, Marques T A, Alves F, et al. Trends in marine species distribution models: a review of methodological advances and future challenges[J]. *Ecography*, 2025: e07702.
- [33] Assis J, Serrão E A, Claro B, et al. Climate - driven range shifts explain the distribution of extant gene pools and predict future loss of unique lineages in a marine brown alga[J]. *Molecular Ecology*, 2014, 23(11): 2797–2810.
- [34] Hu Wenjia, Su Shangke, Mohamed H F, et al. Assessing the global distribution and risk of harmful microalgae: a focus on three toxic *Alexandrium* dinoflagellates[J]. *Science of the Total Environment*, 2024, 948: 174767.
- [35] Su Shangke, Luo Zhaohe, Kang Jianhua, et al. How does climate change influence the regional ecological-social risks of harmful dinoflagellates? A predictive study of China's coastal waters[J]. *Global Change Biology*, 2025, 31(7): e70323.
- [36] 李宝贤, 李国梁, 姚海芹, 等. 基于 MaxEnt 模型和 ArcGIS 对巨藻在我国适生情况的分析[J]. *渔业科学进展*, 2023, 44(2): 118–126.
Li Baoxian, Li Guoliang, Yao Haiqin, et al. Potential geographic distribution of *Macrocystis pyrifera* in China based on MaxEnt model and ArcGIS[J]. *Progress in Fishery Sciences*, 2023, 44(2): 118–126.
- [37] Lin Xiangyuan, Hu Wenjia, Hii K S, et al. Climate change drives long-term spatiotemporal shifts in red *Noctiluca scintillans* blooms along China's coast[J]. *Molecular Ecology*, 2025, 34(7): e17709.
- [38] Aiello - Lammens M E, Boria R A, Radosavljevic A, et al. spThin: an R package for spatial thinning of species occurrence records for use in ecological niche models[J]. *Ecography*, 2015, 38(5): 541–545.
- [39] Liu Jingdi, Zuo Leyi, Zhang Guicheng, et al. Environmental factors influence on phytoplankton community distribution in the eastern Indian Ocean[J]. *Marine Environmental Research*, 2025, 211: 107377.
- [40] Yu Zhida, Ouyang Zhiyuan, Zheng Chuanyang, et al. Multivariate environmental factors and seasonal spatial dynamics affecting the phytoplankton community in Yazhou Bay, South China Sea[J]. *Water*, 2024, 16(22): 3181.
- [41] Kholssi R, Lougraimzi H, Moreno-Garrido I. Influence of salinity and temperature on the growth, productivity, photosynthetic activity and intracellular ROS of two marine microalgae and cyanobacteria[J]. *Marine Environmental Research*, 2023, 186: 105932.
- [42] Liu Fangchen, Gaul L, Giometto A, et al. Colimitation of light and nitrogen on algal growth revealed by an array microhabitat platform[EB/OL]. arXiv: 2307.02646, 2023.
- [43] Gonzalez - Aragon D, Rivadeneira M M, Lara C, et al. A species distribution model of the giant kelp *Macrocystis pyrifera*: worldwide changes and a focus on the Southeast Pacific[J]. *Ecology and Evolution*, 2024, 14(3): e10901.
- [44] Forsblom L, Engström-Öst J, Lehtinen S, et al. Environmental variables driving species and genus level changes in annual plankton biomass[J]. *Journal of Plankton Research*, 2019, 41(6): 925–938.
- [45] Eyring V, Bony S, Meehl G A, et al. Overview of the coupled model intercomparison project phase 6 (CMIP6) experimental design and organization[J]. *Geoscientific Model Development*, 2016, 9(5): 1937–1958.
- [46] O'Neill B C, Krieglner E, Ebi K L, et al. The roads ahead: narratives for shared socioeconomic pathways describing world futures in the 21st century[J]. *Global Environmental Change*, 2017, 42: 169–180.
- [47] 孟雅丽, 段克勤, 尚激, 等. 基于 CMIP6 模式数据的 1961–2100 年青藏高原地表气温时空变化分析[J]. *冰川冻土*, 2022, 44(1): 24–33.
Meng Yali, Duan Keqin, Shang Wei, et al. Analysis on spatiotemporal variations of near-surface air temperature over the Tibetan Plateau from 1961 to 2100 based on CMIP6 models' data[J]. *Journal of Glaciology and Geocryology*, 2022, 44(1): 24–33.
- [48] Muscarella R, Galante P J, Soley-Guardia M, et al. ENMeval: an R package for conducting spatially independent evaluations and estimating optimal model complexity for M_{AXENT} ecological niche models[J]. *Methods in Ecology and Evolution*, 2014, 5(11): 1198–1205.
- [49] Kass J M, Muscarella R, Galante P J, et al. ENMeval 2.0: redesigned for customizable and reproducible modeling of species' niches and distributions[J]. *Methods in Ecology and Evolution*, 2021, 12(9): 1602–1608.
- [50] Akaike H. Information theory and an extension of the maximum likelihood principle[M]//Parzen E, Tanabe K, Kitagawa G. Selected Papers of Hirotugu Akaike. New York: Springer, 1998: 199–213.
- [51] Sutherland C, Hare D, Johnson P J, et al. Practical advice on variable selection and reporting using Akaike information criterion[J]. *Proceedings of the Royal Society B: Biological Sciences*, 2023, 290(2007): 20231261.
- [52] Luckett D J, Laber E B, El-Kamary S S, et al. Receiver operating characteristic curves and confidence bands for support vector machines[J]. *Biometrics*, 2021, 77(4): 1422–1430.
- [53] Phillips S J, Dudík M. Modeling of species distributions with Maxent: new extensions and a comprehensive evaluation[J]. *Ecography*, 2008, 31(2): 161–175.
- [54] Merow C, Smith M J, Silander Jr J A. A practical guide to MaxEnt for modeling species' distributions: what it does, and why inputs and

- settings matter[J]. *Ecography*, 2013, 36(10): 1058–1069.
- [55] 王运生, 谢丙炎, 万方浩, 等. ROC 曲线分析在评价入侵物种分布模型中的应用[J]. *生物多样性*, 2007, 15(4): 365–372.
Wang Yunsheng, Xie Bingyan, Wan Fanghao, et al. Application of ROC curve analysis in evaluating the performance of alien species' potential distribution models[J]. *Biodiversity Science*, 2007, 15(4): 365–372.
- [56] Wang Changyou, Zheng Ping, Gu Haifeng, et al. Predicting ecological distribution of the toxic dinoflagellate *Alexandrium minutum* in China Sea using ecological niche modeling[J]. *Journal of Ocean University of China*, 2023, 22(4): 1119–1128.
- [57] 张丹华, 胡远满, 刘森. 基于 Maxent 生态位模型的互花米草在我国沿海的潜在分布[J]. *应用生态学报*, 2019, 30(7): 2329–2337.
Zhang Danhua, Hu Yuanman, Liu Miao. Potential distribution of *Spartina alterniflora* in China coastal areas based on Maxent niche model[J]. *Chinese Journal of Applied Ecology*, 2019, 30(7): 2329–2337.
- [58] HIJMANS R J. terra: Spatial Data Analysis[CP/OL]. (2025-07-21)[2025-07-23]. <https://CRAN.R-project.org/package=terra>.
- [59] HIJMANS R J. geosphere: Spherical Trigonometry[CP/OL]. (2024-10-04)[2025-07-24]. <https://CRAN.R-project.org/package=geosphere>.
- [60] Jauffrais T, Séchet V, Herrenknecht C, et al. Effect of environmental and nutritional factors on growth and azaspiracid production of the dinoflagellate *Azadinium spinosum*[J]. *Harmful Algae*, 2013, 27: 138–148.
- [61] Dai Xinfeng, Bill B D, Adams N G, et al. The effect of temperature and salinity on growth rate and azaspiracid cell quotas in two strains of *Azadinium poporum* (Dinophyceae) from Puget Sound, Washington State[J]. *Harmful Algae*, 2019, 89: 101665.
- [62] Lan Jiaxin, Liu Pengfei, Hu Xi, et al. Harmful algal blooms in eutrophic marine environments: causes, monitoring, and treatment[J]. *Water*, 2024, 16(17): 2525.
- [63] Lee T C H, Kwok O T, Ho K C, et al. Effects of different nitrate and phosphate concentrations on the growth and toxin production of an *Alexandrium tamarense* strain collected from Drake Passage[J]. *Marine Environmental Research*, 2012, 81: 62–69.
- [64] Abassi S, Kim H S, Bui Q T N, et al. Effects of nitrate on the saxitoxins biosynthesis revealed by sxt genes in the toxic dinoflagellate *Alexandrium pacificum* (group IV)[J]. *Harmful Algae*, 2023, 127: 102473.
- [65] Zhang Yaqu, Lin Xin, Shi Xinguo, et al. Metatranscriptomic signatures associated with phytoplankton regime shift from diatom dominance to a dinoflagellate bloom[J]. *Frontiers in Microbiology*, 2019, 10: 590.
- [66] Thomas M K, Kremer C T, Klausmeier C A, et al. A global pattern of thermal adaptation in marine phytoplankton[J]. *Science*, 2012, 338(6110): 1085–1088.
- [67] Tillmann U, Gottschling M, Nézan E, et al. First records of *Amphidoma languida* and *Azadinium dexteroporum* (Amphidomataceae, Dinophyceae) from the Irminger sea off Iceland[J]. *Marine Biodiversity Records*, 2015, 8: e142.
- [68] Benedetti F, Vogt M, Elizondo U H, et al. Major restructuring of marine plankton assemblages under global warming[J]. *Nature Communications*, 2021, 12(1): 5226.
- [69] 中国气象局气候变化中心. 中国气候变化蓝皮书 (2025)[M]. 北京: 科学出版社, 2025.
China Meteorological Administration, Climate Change Center. Blue Book on Climate Change in China (2025)[M]. Beijing: Science Press, 2025.
- [70] Barton A D, Irwin A J, Finkel Z V, et al. Anthropogenic climate change drives shift and shuffle in North Atlantic phytoplankton communities[J]. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 2016, 113(11): 2964–2969.
- [71] Borges F O, Lopes V M, Santos C F, et al. Impacts of climate change on the biogeography of three amnesic shellfish toxin producing diatom species[J]. *Toxins*, 2022, 15(1): 9.
- [72] Boulangeat I, Gravel D, Thuiller W. Accounting for dispersal and biotic interactions to disentangle the drivers of species distributions and their abundances[J]. *Ecology Letters*, 2012, 15(6): 584–593.
- [73] Harrison J B, Sunday J M, Rogers S M. Predicting the fate of eDNA in the environment and implications for studying biodiversity[J]. *Proceedings of the Royal Society B: Biological Sciences*, 2019, 286(1915): 20191409.
- [74] Da Silva Neto J G, Sutton W B, Spear S F, et al. Integrating species distribution and occupancy modeling to study hellbender (*Cryptobranchus alleganiensis*) occurrence based on eDNA surveys[J]. *Biological Conservation*, 2020, 251: 108787.
- [75] Rossi R, Dell'Aversano C, Krock B, et al. Mediterranean *Azadinium dexteroporum* (Dinophyceae) produces six novel azaspiracids and azaspiracid-35: a structural study by a multi-platform mass spectrometry approach[J]. *Analytical and Bioanalytical Chemistry*, 2017, 409(4): 1121–1134.

Projected changes of the potential distribution of *Azadinium dexteroporum* in Chinese coastal waters under climate change

Liu Xuan^{1,2}, Luo Zhaohe^{2,3}, Jin Rui⁴, Liu Jinquan², Su Shangke², Kang Jianhua²,
Hu Dengjin⁵, Zhang Weini¹, Hu Wenjia²

(1. State Key Laboratory of Mariculture Breeding/Fujian Key Laboratory of Marine Biotechnology/College of Marine Sciences, Fujian Agriculture and Forestry University, Fujian 350002, China; 2. Third Institute of Oceanography, Ministry of Natural Resources, Xiamen 361005, China; 3. Xiamen Institute of Technology, Xiamen 361024, China; 4. Guangdong Provincial Key Laboratory of Marine Disaster Prediction and Prevention, Shantou University, Shantou 515063, China; 5. Fujian Institute of Oceanography, Xiamen 361013, China)

Abstract: Toxic algal species pose significant threats to ecological environmental safety and human health. *Azadinium dexteroporum*, one of the main producers of azaspiracid toxins, remains poorly studied in China, and its distribution in Chinese coastal waters is still unclear. In this study, environmental DNA (eDNA) methods were used to obtain occurrence records of *A. dexteroporum* in Chinese coastal areas. Using the 2050s and 2100s as future projection periods, the Maximum Entropy (MaxEnt) model was applied to simulate the potential suitable habitats of this species under current and three future climate scenarios (SSP126, SSP245, and SSP585). The results indicated that nitrate concentration, silicate concentration, and sea surface temperature were the primary environmental factors influencing the distribution of *A. dexteroporum*. Under current conditions, the suitable habitat area was estimated to be $63.71 \times 10^4 \text{ km}^2$, mainly concentrated in the northern South China Sea. With climate change, the potential suitable area of *A. dexteroporum* is projected to shrink, decreasing to 5.58×10^4 – $32.21 \times 10^4 \text{ km}^2$ by the 2100s. The spatial distribution pattern of suitable habitats shows an overall “southward contraction and northward expansion” trend: the extensive suitable areas in the South China Sea are expected to disappear, while new suitable areas may emerge in the Yellow and Bohai seas. The centroid of suitable habitats is projected to shift up to 1 439 km, migrating from the northern South China Sea to north of the Changjiang River Estuary. These findings provide important scientific insights for the ecological risk monitoring, forecasting, and management of harmful dinoflagellates.

Key words: *Azadinium dexteroporum*; MaxEnt model; climate scenario; potential suitable habitat; eDNA