

DOI: 10.12264/JFSC2021-0108

基于 MaxEnt 模型和 ArcGIS 预测多肋藻在中国海域的适生分布特征

李国梁^{1,2}, 汪文俊², 李宝贤^{2,3}, 姚海芹², 孙昕⁴, 梁洲瑞², 鲁晓萍², 刘福利², 张朋艳²

1. 上海海洋大学水产与生命学院, 上海 201306;
2. 中国水产科学研究院黄海水产研究所, 农业农村部海洋渔业可持续发展重点实验室, 山东 青岛 266071;
3. 江苏海洋大学海洋科学与水产学院, 江苏 连云港 222005;
4. 中国海洋大学教育部海水养殖重点实验室, 山东 青岛 266100

摘要: 基于大型经济海藻的经济和生态价值, 开发具有潜力的新栽培物种是海藻栽培产业健康多样化发展的保障。多肋藻(*Costaria costata*)是一种具有很高营养价值及经济价值的大型褐藻, 但并非我国本土物种。本研究采用 MaxEnt 模型预测多肋藻在我国的适生情况, 并探究不同因子对多肋藻孢子体生长的影响, 旨在为开展多肋藻栽培提供支撑。结果表明, 当正则化参数为 1, 训练集与测试集比值为 70 : 30 时, 模型预测性能最佳。基于环境因子的相关性和对模型的贡献率, 筛选出 8 项用于多肋藻适生预测模型的构建, 其中温度与光强对多肋藻自然分布的影响最大, 在光强不低于 $4 \mu\text{mol}/(\text{m}^2 \cdot \text{s})$, 月均温度不低于 7°C , 多肋藻的适生概率较高。模型显示, 多肋藻在我国的适生区主要分布于黄渤海, 约占该海域面积的 11.32%, 其中 8.08% 为边缘适生区和低适生区, 中适生区和高适生区分别占 1.33% 和 1.91%, 主要位于辽东湾。表明辽东湾、大连沿海以及山东半岛沿海是多肋藻引种栽培的适宜海域。但辽东湾部分区域的高适生性也预示高入侵风险性, 若开展人工栽培, 应加强生态安全性方面的评估。

关键词: 多肋藻; MaxEnt; ArcGIS; 生态风险; 适生分布

中图分类号: S932

文献标志码: A

文章编号: 1005-8737-(2021)12-1588-14

多肋藻(*Costaria costata*)是一种具有很高营养价值与经济价值的大型海藻, 富有碘及人体所需的多种微量元素, 在日本具有悠久的食用历史^[1]; 是海洋牧场及海底森林的重要组成部分, 为海胆及鲍等经济海洋动物提供饵料。多肋藻自然分布于北太平洋的潮间带或潮下带沿海地区, 包括美国阿拉加斯加到加利福尼亚、俄罗斯远东的鄂霍次克海和大彼得湾、朝鲜半岛东北部、日本北部沿岸海域^[2]。近年来, 多肋藻被引入我国进行人工栽培试验^[3-5]。无论出于经济效益发展规模化栽培, 还是出于环境生态效应进行藻场移植, 多肋藻作为外来物种, 首先必须掌握其生态适应性特征,

其次还要考虑其入侵风险等生态安全性^[6-7]。然而相关研究较少。

物种分布模型(species distribution model, SDM)主要是根据物种特定的生存环境及存在的分布位点, 通过模型的数学算法模拟出其基本生态位, 可解释为物种出现的概率分布或生境适宜度等^[8]。SDM 现已广泛运用于生物引种栽培^[9-10]、生物入侵防范^[11-12]、气候变化引起的物种迁移^[13]、多样性资源保护^[14]、自然保护区的选址^[15]、病害防治^[16]等多个领域的研究。目前应用较广的 SDM 有 BIOCLIM、CLIMEX、DOMAIN、GAM、GARP、MaxEnt、ENFA 等^[9-19]。Elith 等^[15]针对 226 个物

收稿日期: 2021-03-17; 修订日期: 2021-04-10。

基金项目: 国家重点研发计划“蓝色粮仓科技创新”《重要养殖藻类种质创制与高效扩繁》项目《重要养殖藻类生态适应性与安全性评价》(2018YFD0901504); 中国水产科学研究院基本科研业务费“创新团队”项目(2020TD27)。

作者简介: 李国梁(1995-), 男, 硕士研究生, 研究方向为藻类资源与利用。E-mail: 898587535@qq.com

通信作者: 汪文俊, 研究员, 研究方向为藻类资源与利用。E-mail: wjwang@ysfri.ac.cn

种, 比较了 GARP、BRT、MaxEnt 等 16 种模型的预测效果, 发现 MaxEnt 较其他模型更佳。王运生等^[17]通过研究相似穿孔线虫的适生分布情况, 也证实 MaxEnt 模型比 BIOCLIM、CLIMEX、DOMAIN、GARP 等预测效果更好。赵晓同等^[18]通过对比 MaxEnt 与 GARP 在不同样本量与空间分布上的预测精度, 结果显示 MaxEnt 预测精度优于 GARP。Hernandez 等^[19]比较几种模型对不同等级样本量的预测效果, 表明 MaxEnt 的预测结果无论对大样本量还是小样本量都更稳定精确。

MaxEnt (maximum entropy)模型是基于最大熵理论, 即假设物种在没有约束的情况下, 会尽最大可能扩散蔓延, 接近均匀分布。最大熵模型以物种仅存在分布信息及相关环境因子信息, 依靠数学模型来推算物种的生态需求, 并模拟物种在目标区域的适生概率^[20]。基于 MaxEnt 模型的预测精确性及操作便捷性, 国外学者利用该模型对海洋藻类开展研究, Assis 等^[21]利用 MaxEnt 在内的 3 种生态模型对墨角藻(*Fucus vesiculosus*)的过去、现在以及未来的分布趋势进行了探讨; Neiva 等^[22]结合 MaxEnt 和线粒体 DNA(mtDNA)数据, 研究了沟鹿角菜(*Pelvetia canaliculata*)的生物地理演化信息; Pauly 等^[23]利用 MaxEnt 预测了丝毛藻属(*Trichosolen*)物种在全球珊瑚中的分布; Tyberghein 等^[24]利用刺松藻(*Codium fragile*)的分布数据和 MaxEnt 模型对 Bio-ORACLE 海洋数据集的效用进行了评价; Verbruggen 等^[25]通过 MaxEnt 模型预测了所有仙掌藻属(*Halimeda*)物种在全球范围的分布。国内 SDM 在海洋藻类中的应用才刚刚起步, 孙昕等^[26]利用 MaxEnt 模型预测了极北海带(*Laminaria hyperborea*)在我国海域的适生分布情况。本研究通过 MaxEnt 模型对多肋藻在我国海域的适生分布情况进行预测, 并对入侵风险进行探讨, 以期对引种多肋藻、发展规模化栽培提供参考。

1 材料与方法

1.1 生态模型的构建

所采用的生态位预测模型为最大熵模型 MaxEnt 3.4, 运用 ArcGIS 10.2 划分适生区。

1.1.1 数据来源

(1) 物种分布数据 多肋藻分布信息来源: 全球生物多样性信息网络 GBIF (<http://www.gbif.org/>)和文献资料, 选取明确位置的分布点, 并通过地名数据库 GNDB (Geographic Names Database) 查验经纬度坐标信息。一共获得 1200 条空间分布点数据, 将其整理成物种名-经度-纬度形式, 保存为*.CSV 格式文件。

(2) 环境变量数据 来源于全球海洋生物扩散模型环境数据库 Bio-ORACLE (<http://bio-oracle.org/>)中基于 2000—2014 年期间月平均值的气候数据编制的图层, 其空间分辨率为 5 arcmin (约为 9.2 km), 下载格式为*.asc 格式。选择影响海洋藻类分布的 42 项环境参数(表 1)。

(3) 地图数据 选用 1:400 万中国省级行政区图作为分析地图, 从国家基础地理信息系统网站(<http://nfgis.nsdi.gov.cn/>)下载。

1.1.2 数据处理

(1) 分布数据的空间过滤 1200 个物种分布点的数据通过 Excel 删除重复点后, 将剩余分布点导入 ArcGIS 中, 通过投影工具, 对分布点建立以 m 为单位的坐标系, 并以每个分布点为中心, 建立半径为 5 km 的圆型区域进行邻域分析, 删去重叠交叉的分布簇, 随机保留其中一个位点, 将最终保留下的 151 条分布点数据用于模型构建。

(2) 环境变量的相关性检验与筛选 将上述获取的 151 条分布点与 42 个环境变量导入 MaxEnt 模型中, 将 75%的分布点用于训练集以拟合模型, 剩余 25%的位点用于测试集以评估模型, 以 logistic 格式输出结果, 其余软件参数为系统默认值, 通过刀切法(Jackknife)对环境变量进行筛选, 去除 11 项对模型贡献率为 0 的环境变量。采用 ArcGIS 中的转换工具(conversion tool)将剩下的 31 个环境变量的格式转化成栅格格式(*.flt), 利用空间分析工具(spatial analyst tool)进行多重线性分析, 检验变量之间的相关性, 对相关性绝对值>0.8 的变量只保留一个用于模型构建以消除相关变量之间的过度拟合。针对相关性>0.8 的环境变量, 本研究对比了两种筛选方法对预测结果的影响: a)随机选取(随机法), b)根据对模型的贡献度大小(最

表 1 海洋水文环境参数
Tab. 1 Marine hydrological environmental factors

环境变量 environment variable	参数 parameter	环境变量 environment variable	参数 parameter	环境变量 environment variable	参数 parameter
Bio 1	最大月均海流流速 currents velocity. Lt. max	Bio 15	最高光照强度 light at bottom. max	Bio 29	最低磷酸盐 phosphate. min
Bio 2	最小月均海流流速 currents velocity. Lt. min	Bio 16	年均光照强度 light at bottom. mean	Bio 30	年均磷酸盐变化范围 phosphate. range
Bio 3	最大海流流速 currents velocity. max	Bio 17	最低光照强度 light at bottom. min	Bio 31	最高月均盐度 salinity. Lt. max
Bio 4	年均海流流速 currents velocity. mean	Bio 18	年均光照强度变化范围 light at bottom. range	Bio 32	最低月均盐度 salinity. Lt. min
Bio 5	最小海流流速 currents velocity. min	Bio 19	最高月均硝酸盐 nitrate. Lt. max	Bio 33	最高盐度 salinity. max
Bio 6	年均海流流速变化范围 currents velocity. range	Bio 20	最低月均硝酸盐 nitrate. Lt. min	Bio 34	年均盐度 salinity. mean
Bio 7	最高月均溶解氧 dissolved oxygen. Lt. max	Bio 21	最高硝酸盐 nitrate. max	Bio 35	最低盐度 salinity. min
Bio 8	最低月均溶解氧 dissolved oxygen. Lt. min	Bio 22	年均硝酸盐 nitrate. mean	Bio 36	年均盐度变化范围 salinity. range
Bio 9	最高溶解氧 dissolved oxygen. max	Bio 23	最低硝酸盐 nitrate. min	Bio 37	最高月均温度 temperature. Lt. max
Bio 10	年均溶解氧 dissolved oxygen. mean	Bio 24	年均硝酸盐变化范围 nitrate. range	Bio 38	最低月均温度 temperature. Lt. min
Bio 11	最低溶解氧 dissolved oxygen. min	Bio 25	最高月均磷酸盐 phosphate. Lt. max	Bio 39	最高温度 temperature. max
Bio 12	年均溶解氧变化范围 dissolved oxygen. range	Bio 26	最低月均磷酸盐 phosphate. Lt. min	Bio 40	年均温度 temperature. mean
Bio 13	最高月均光照强度 light at bottom. Lt. max	Bio 27	最高磷酸盐 phosphate. max	Bio 41	最低温度 temperature. min
Bio 14	最低月均光照强度 light at bottom. Lt. min	Bio 28	年均磷酸盐 phosphate. mean	Bio 42	年均温度变化范围 temperature. range

注: max-最大值; mean-均值; min-最小值; Lt. max-年最大值的平均值; Lt. min-年最小值的平均值; range-年最大值与最小值的绝对差的平均值。

Note: max-maximum record; mean-the long-term average; min-minimum record; Lt. max-average of the maximum records per year; Lt. min-average of the minimum records per year; range-the average of the absolute difference between the minimum and maximum records per year.

大贡献法)。

1.1.3 模型参数优化

(1) 正则化参数的优化 将经过空间过滤后的物种分布点与上述最大贡献法筛选出的环境变量导入 MaxEnt 模型, 设置 8 组正则化参数 β (0.5、1.0、1.5、2.0、2.5、3.0、3.5、4.0), 其他设置为系统默认值。训练集与测试集用 5-折交叉验证法验证 8 组不同正则化参数运行模型的平均测试 AUC 值, 取最高 AUC 值的正则化参数用于后续模型构建。

(2) (训练集 : 测试集)比值的优化 设置 4 组训

练集与测试集组合(50 : 50、70 : 30、75 : 25、80 : 20), 正则化参数取上述 8 组不同系数经 5-折交叉验证后的最佳 β 值, 环境变量同 1.1.3(1)筛选, 并选择随机种子设置, 其余参数为系统默认值, 每组重复运行 10 次, 比较各组的平均测试 AUC 值, 选择最高 AUC 值的训练集: 测试集组合用于模型构建。

1.2 多肋藻在我国适生情况预测

1.2.1 预测模型构建 将经 1.1.2 处理的分布点、环境变量数据分别导入 MaxEnt 模型, 根据 1.1.3 优化结果设置正则化参数 β 以及训练集: 测试集参数, 构建环境变量响应曲线, 并采用刀切法检

测环境变量的贡献值, 以 logistic 格式输出概率分布预测图。

1.2.2 适生区划分 将模型输出结果的*.asc 格式图层导入 ArcGIS, 通过转换工具(conversion tool)执行 to Raster 命令, 将其转换成栅格数据格式(*.fit)。将转换完成的栅格数据图层与中国省级行政区域图进行叠加。利用空间分析工具中的重分类功能(reclassify)对叠加的图层进行自然间断法划分适生区, 得到适生分布图。

MaxEnt 模型预测多肋藻的适生值是连续的栅格数据, 数值在 0~1。按照适生概率值的大小将多肋藻的适生分布区域划分为 5 个等级: 高适生区(≥ 0.5)、中适生区(0.3~0.5)、低适生区(0.1~0.3)、边缘适生区(0.05~0.1)、非适生区(≤ 0.05)^[27]。该数值同时对应于相应的入侵风险等级。

1.3 模型的评估与验证

1.3.1 ROC 曲线检验 采用受试者工作特征曲线(receiver operating characteristic curve, ROC 曲线)对分布模型进行精度检验。ROC 曲线是以假阳性率为横坐标, 真阳性率为纵坐标, 绘制而成的曲线, 通过改变诊断阈值来获得更多真(假)阳性率值。ROC 曲线下方的面积即为 AUC (area under curve)值, AUC 的数值范围为 0~1, 一般认为 AUC 值为 0.5~0.7 时诊断模型精度较低, 0.7~0.9 时诊断价值中等, 大于 0.9 时诊断价值较高^[17]。

1.3.2 实地考察调研 2018—2020 年, 主要在黄渤海海域进行多次实地考察调研多肋藻的自然资源分布情况。

1.3.3 多肋藻孢子体生长实验

(1) 实验材料 本实验所用的多肋藻孢子体幼苗(5~20 cm)采自山东荣成育苗场(由东方海洋科技股份有限公司提供)。暂养条件为: 温度 10 °C, 光照强度 60 $\mu\text{mol}/(\text{m}^2\cdot\text{s})$, 光周期 12L : 12D, 营养盐(NO_3^--N : 1 mg/L, $\text{PO}_4^{3-}-\text{P}$: 0.1 mg/L), 盐度 31。

(2) 实验方法 每处理组随机挑选鲜重约 3 g 的完整藻体置于 2 L 锥形瓶中充气培养, 在 GXZ 智能型光照培养箱中分别设置 4 组单因子生长实验。温度: 6 °C、10 °C、14 °C、18 °C、22 °C; 光强: 30 $\mu\text{mol}/(\text{m}^2\cdot\text{s})$ 、60 $\mu\text{mol}/(\text{m}^2\cdot\text{s})$ 、90 $\mu\text{mol}/(\text{m}^2\cdot\text{s})$ 、

120 $\mu\text{mol}/(\text{m}^2\cdot\text{s})$; 盐度: 21、26、31、36; 营养盐 [NO_3^--N , $\text{PO}_4^{3-}-\text{P}/(\text{mg}/\text{L})$]: (0, 0)、(0.5, 0.05)、(1, 0.1)、(2, 0.2)。上述单因子实验的其他条件同暂养条件。持续培养 10 d, 每隔 3 d 换 1 次培养液, 第 10 天称量鲜重, 每实验组设置 3 个平行。

(3) 数据处理 根据 $\text{RGR}=[\ln(W_t/W_0)/t]\times 100\%$ 计算其相对生长速率, 其中 W_0 为初始藻体的鲜质量(g), W_t 为实验结束时藻体的鲜质量(g), t 为实验持续的时间(d)。采用 SPSS 18.0 数据统计软件进行方差分析、多重比较, $P<0.05$ 表示差异有统计学意义。

2 结果与分析

2.1 预测模型的构建

2.1.1 环境变量筛选 42 组环境变量通过刀切法筛选, 发现对模型贡献最大的为 Bio18 (年均光照强度变化范围), 其次为 Bio17 (最低光照强度), Bio15 (最高光照强度)、温度、盐度都有一定的影响, 而海水流速则几乎没有影响, 营养盐中磷酸盐比硝酸盐的影响大(表 2)。

对贡献率大于 0 的环境变量进行相关性检验, 根据绝对值大于 0.8% 的环境变量进行分组, 可明显分为 6 组(表 3): 通常同类环境变量之间呈显著的正向关, 如最高、最低月均光强(Bio13、Bio14), 最高光强(Bio15), 年均光强(Bio16)。但也有例外, 如 Bio35 最低盐度和 Bio36 年均盐度变化范围之间则为负相关, Bio17 最低光强和 Bio18 年均光强变化范围之间的相关性则不显著, Bio42 年均温度变化范围则与其他温度变量(Bio37~Bio41)之间相关性极弱。温度(Bio37~Bio41)和溶解氧(Bio7~Bio10)之间呈显著的负相关, 可归为一组。

综合环境变量对模型的贡献值(表 2)和环境变量之间的相关性(表 3), 筛选出 8 个环境变量分别为: Bio17 最低光强、Bio18 年均光强变化范围、Bio28 年均磷酸盐、Bio30 年均磷酸盐变化范围、Bio32 最低月均盐度、Bio36 年均盐度变化范围、Bio38 最低月均温度和 Bio42 年均温度变化范围(表 4)。另两组仅根据相关性随机选取一个环境变量的组合见表 4。

2.1.2 正则化参数的交叉验证和(训练集：测试集)比值的筛选 正则化参数 β 的 5-折交叉验证以及采用不同训练集与测试集比值运行的 AUC 值均在 0.99 以上, 其中以 $\beta=1$ 时和 70 : 30 的训练集: 测试集运行的 AUC 值最佳, 表明能最大限制模型复杂性, 提高模型预测能力, 使模型更加平滑(表 5), 后续建模采用此参数。

2.2 多肋藻在我国潜在的适生分布预测
采用随机法选取相关性高的环境变量, 运行模型得出的分布区域出现较大的偏差, 而且预测的分布范围过广, 即出现过拟合现象, 自然分布区延伸至外海(图 1), 与多肋藻的实际分布不符。结合变量的相关性和对模型的贡献度, 筛选变量建模, 避免了过度拟合的现象(图 2), 结果表明: 多肋藻在我国的适生区主要分布于黄渤海的近岸海域, 绝大部分为边缘和低适生区, 辽东湾

内有一定的中高适生区(图 2)。在黄渤海的总体适生分布概率约占该海域面积的 11.32%, 其中, 边缘适生区占 2.99%, 低适生区占 5.09%, 中适生区占 1.33%, 高适生区占 1.91%(表 6)。

2.3 生态模型的评估与验证
2.3.1 MaxEnt 模型预测精度的检验 采用 ROC 曲线对所构模型预测多肋藻的分布区结果进行精度检验, 模型(最大贡献法)训练集的 AUC 值为 0.995, 测试集的 AUC 值为 0.993 (图 3)。检测值远远大于随机模型的 AUC 值 0.5, 表明该模型预测性能比随机模型好, 即所构建的模型预测多肋藻分布区结果可信度高。
2.3.2 多肋藻在我国自然和养殖资源情况 多肋藻在大连和山东荣成进行过养殖试验^[4-5,28-30]。同时, 本研究发现在黄渤海海域的烟台长岛以及大连的旅顺和长海县海域有自然生长的多肋藻。

表 2 环境变量对模型的贡献率
Tab. 2 Percent contribution of environmental variables

						%
环境变量 environmental variable	贡献率 percent contribution	排列重要性 permutation importance	环境变量 environmental variable	贡献率 percent contribution	排列重要性 permutation importance	
Bio 18	24.5	5.3	Bio 41	0.2	0.0	
Bio 17	19.2	1.4	Bio 37	0.2	6.3	
Bio 15	9.1	1.1	Bio 26	0.2	0.1	
Bio 38	8.6	2.7	Bio 14	0.2	2.4	
Bio10	6.7	0.7	Bio 35	0.1	0.3	
Bio 36	4.5	9.1	Bio 42	0.1	0.5	
Bio 13	3.5	0.1	Bio 29	0.1	0.1	
Bio 28	2.8	8.5	Bio 33	0.1	0.2	
Bio 30	2.6	0.2	Bio 39	0.1	0.1	
Bio 40	2.4	41.5	Bio 34	0.1	0.0	
Bio 32	2.2	5.7	Bio 3	0.0	0.3	
Bio 20	2.0	6.2	Bio 19	0.0	0.7	
Bio 9	1.9	0.0	Bio 22	0.0	1.5	
Bio 31	1.8	0.0	Bio 21	0.0	1.7	
Bio 11	1.7	0.0	Bio 12	0.0	0.9	
Bio 7	1.4	0.0	Bio 4	0.0	0.0	
Bio 16	1.3	0.2	Bio 6	0.0	0.5	
Bio 8	1.1	0.0	Bio 27	0.0	0.0	
Bio 25	0.5	0.0	Bio 5	0.0	0.0	
Bio 23	0.3	1.2	Bio 24	0.0	0.0	
Bio 1	0.3	0.3	Bio 2	0.0	0.0	

注: 环境变量全称见表 1。
Note: The full name of the environmental variables is shown in Tab. 1.

表 3 环境变量间的相关系数矩阵

Tab. 3 Correlation coefficient matrix between environmental variables

	Bio13	Bio14	Bio15	Bio16	Bio17	Bio18	Bio1	Bio7	Bio8	Bio9	Bio10	Bio11	Bio20	Bio23	Bio25	Bio26	Bio28	Bio29	Bio30	Bio31	Bio32	Bio33	Bio34	Bio35	Bio36	Bio37	Bio38	Bio39	Bio40	Bio41	Bio42
Bio13	—																														
Bio14	0.86	—																													
Bio15	0.98	0.81	—																												
Bio16	0.98	0.94	0.95	—																											
Bio17	0.72	0.94	0.65	0.83	—																										
Bio18	0.93	0.74	0.96	0.88	0.57	—																									
Bio1	-1	-1	-1	-1	-1	-1	—																								
Bio7	0.05	0.01	0.07	0.04	-0.03	0.07	-1	—																							
Bio8	0.02	-0.01	0.04	0.01	-0.04	0.04	-1	0.96	—																						
Bio9	0.05	0	0.07	0.04	-0.03	0.07	-1	1	0.96	—																					
Bio10	0.04	0	0.06	0.03	-0.03	0.06	-1	0.99	0.99	0.99	—																				
Bio11	0.02	-0.02	0.03	0	-0.04	0.03	-1	0.95	1	0.95	0.98	—																			
Bio20	-0.06	-0.08	-0.05	-0.07	-0.08	-0.06	-1	0.55	0.54	0.56	0.55	0.53	—																		
Bio23	-0.06	-0.08	-0.05	-0.07	-0.08	-0.06	-1	0.52	0.51	0.53	0.52	0.51	1	—																	
Bio25	-0.06	-0.09	-0.05	-0.07	-0.11	-0.05	-1	0.62	0.59	0.63	0.61	0.58	0.95	0.93	—																
Bio26	-0.08	-0.1	-0.07	-0.09	-0.11	-0.08	-1	0.57	0.57	0.58	0.57	0.56	0.98	0.97	0.98	—															
Bio28	-0.07	-0.1	-0.06	-0.08	-0.11	-0.06	-1	0.6	0.59	0.61	0.6	0.58	0.97	0.95	0.99	0.99	—														
Bio29	-0.07	-0.1	-0.07	-0.09	-0.11	-0.08	-1	0.54	0.53	0.54	0.54	0.52	0.98	0.98	0.97	1	0.99	—													
Bio30	0.04	-0.01	0.05	0.02	-0.04	0.06	-1	0.46	0.39	0.47	0.43	0.38	0.12	0.07	0.37	0.19	0.29	0.13	—												
Bio31	-0.13	-0.12	-0.13	-0.13	-0.1	-0.15	-1	-0.56	-0.52	-0.56	-0.55	-0.5	-0.13	-0.11	-0.19	-0.16	-0.17	-0.13	-0.27	—											
Bio32	-0.2	-0.2	-0.2	-0.2	-0.18	-0.22	-1	-0.54	-0.5	-0.53	-0.53	-0.48	-0.03	-0.01	-0.08	-0.04	-0.06	-0.02	-0.26	0.92	—										
Bio33	-0.11	-0.1	-0.12	-0.11	-0.08	-0.13	-1	-0.57	-0.52	-0.56	-0.55	-0.5	-0.19	-0.17	-0.24	-0.22	-0.23	-0.19	-0.28	0.99	0.88	—									
Bio34	-0.17	-0.16	-0.17	-0.17	-0.14	-0.19	-1	-0.55	-0.51	-0.55	-0.54	-0.49	-0.08	-0.06	-0.13	-0.1	-0.12	-0.07	-0.26	0.98	0.98	0.95	—								
Bio35	-0.18	-0.19	-0.18	-0.19	-0.17	-0.2	-1	-0.54	-0.52	-0.53	-0.53	-0.5	0.02	0.04	-0.03	0.01	-0.01	0.04	-0.25	0.84	0.96	0.8	0.91	—							
Bio36	0.18	0.2	0.18	0.19	0.2	0.2	-1	0.33	0.34	0.32	0.34	0.33	-0.2	-0.21	-0.18	-0.21	-0.19	-0.23	0.15	-0.43	-0.71	-0.35	-0.57	-0.84	—						
Bio37	-0.01	0.03	-0.02	0.01	0.06	-0.02	-1	-0.96	-0.97	-0.96	-0.97	-0.96	-0.67	-0.65	-0.72	-0.69	-0.71	-0.66	-0.39	0.44	0.4	0.45	0.42	0.41	-0.23	—					
Bio38	-0.03	0.02	-0.05	-0.02	0.05	-0.05	-1	-0.98	-0.93	-0.98	-0.97	-0.92	-0.62	-0.59	-0.68	-0.63	-0.66	-0.6	-0.47	0.48	0.44	0.5	0.46	0.43	-0.23	0.96	—				
Bio39	-0.01	0.03	-0.02	0.01	0.06	-0.02	-1	-0.95	-0.97	-0.95	-0.97	-0.96	-0.68	-0.66	-0.72	-0.7	-0.72	-0.67	-0.38	0.42	0.39	0.44	0.41	0.4	-0.22	1	0.96	—			
Bio40	-0.02	0.03	-0.04	-0.01	0.06	-0.04	-1	-0.98	-0.96	-0.98	-0.98	-0.95	-0.64	-0.62	-0.7	-0.66	-0.69	-0.63	-0.44	0.47	0.43	0.48	0.45	0.43	-0.24	0.99	0.99	0.98	—		
Bio41	-0.03	0.02	-0.05	-0.02	0.05	-0.05	-1	-0.98	-0.93	-0.98	-0.97	-0.92	-0.61	-0.59	-0.68	-0.63	-0.66	-0.6	-0.47	0.48	0.44	0.5	0.46	0.43	-0.22	0.96	1	0.95	0.99	—	
Bio42	0.09	0.05	0.08	0.08	0.05	0.09	-1	-0.07	-0.28	-0.06	-0.16	-0.29	-0.32	-0.32	-0.24	-0.33	-0.29	-0.33	0.22	-0.1	-0.09	-0.11	-0.1	-0.03	-0.05	0.29	0.03	0.31	0.14	0.01	—

注: 环境变量全称见表 1.

Note: The full name of the environmental variables is shown in Tab. 1.

表 4 3 种环境变量组合
Tab. 4 Three combinations of environmental variable

筛选方法 selection method	环境变量 environmental variable							
最大贡献法 maximum contribution method	Bio17	Bio18	Bio28	Bio30	Bio32	Bio36	Bio38	Bio42
随机法 1 random method 1	Bio15	Bio16	Bio23	Bio30	Bio34	Bio36	Bio41	Bio42
随机法 2 random method 2	Bio17	Bio18	Bio23	Bio30	Bio34	Bio36	Bio38	Bio42

注：环境变量全称见表 1。
Note: The full name of the environmental variables is shown in Tab. 1.

表 5 不同正则化参数 β 和训练集与测试集比值的 AUC 值
Tab. 5 AUC values run at different ratios of the regularization parameters and training sets to testing sets
 $n_1=5, n_2=10; \bar{x} \pm SE$

模型参数 model parameter	参数值 parameter value	训练 AUC training AUC	测试 AUC testing AUC
正则化参数 regularization parameter	0.5	0.9942±0.00045	0.9938±0.00110
	1.0	0.9942±0.00045	0.9940±0.00071
	1.5	0.9942±0.00045	0.9938±0.00110
	2.0	0.9940±0.00000	0.9936±0.00152
	2.5	0.9940±0.00000	0.9936±0.00152
	3.0	0.9934±0.00134	0.9924±0.00358
	3.5	0.9940±0.00000	0.9936±0.00152
	4.0	0.9940±0.00000	0.9932±0.00192
训练集/% : 测试集/% training : testing	50 : 50	0.9959±0.00032	0.9939±0.00129
	70 : 30	0.9950±0.00000	0.9943±0.00067
	75 : 25	0.9949±0.00032	0.9940±0.00149
	80 : 20	0.9941±0.00032	0.9935±0.00097

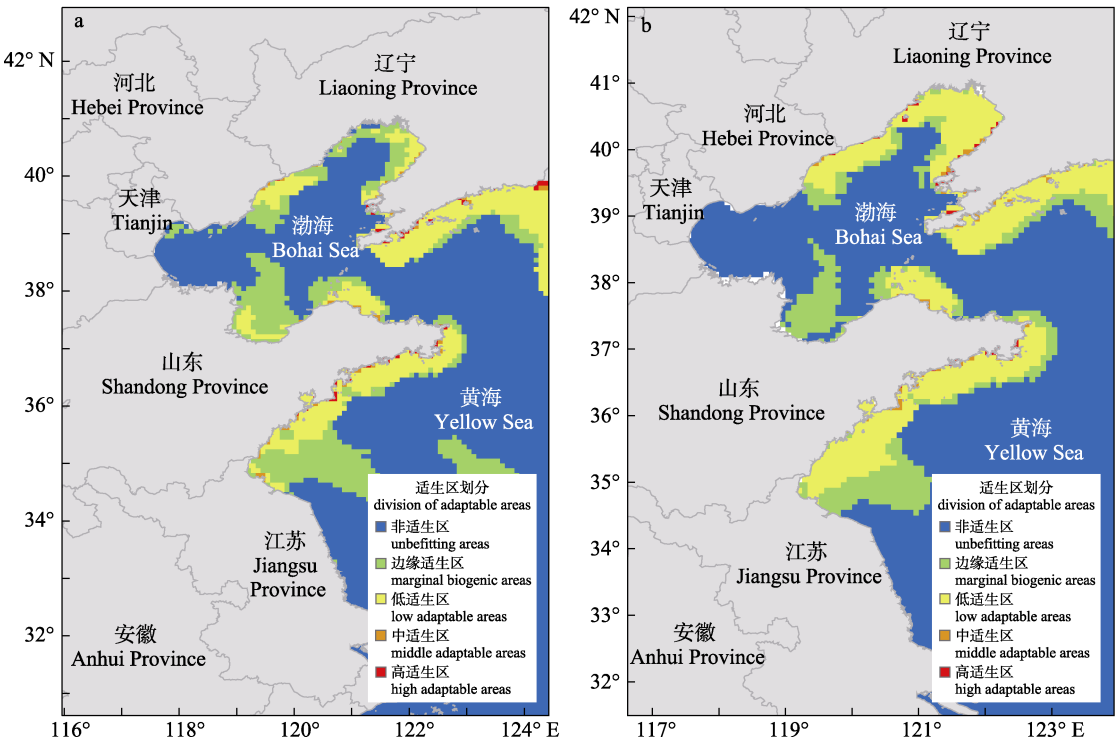


图 1 随机法预测多肋藻适生分布区的比较
a. 随机法 1; b 随机法 2.

Fig. 1 Comparison of the geographic distribution areas of *Costaria costata* with random methods in Bohai and Yellow Seas
a. random method 1; b. random method 2.

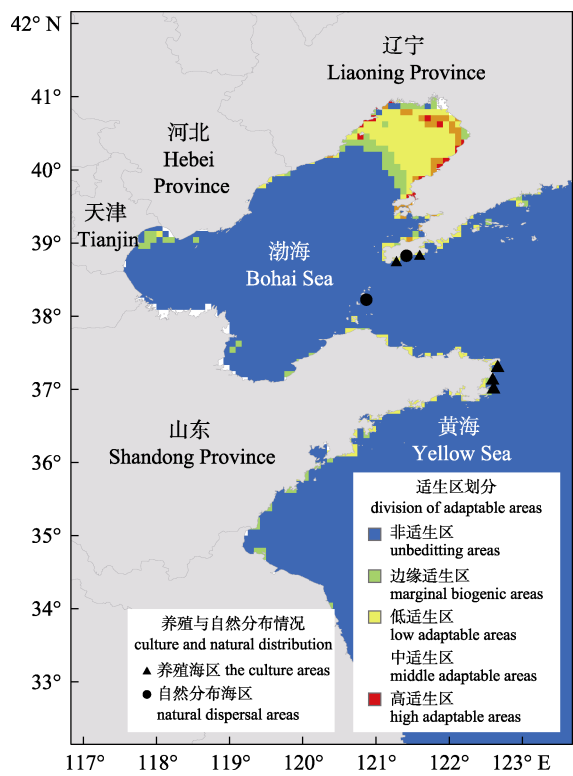


图 2 多肋藻在中国海域的适生区划分及养殖与自然分布情况

Fig. 2 Division of adaptable area, cultivation and natural distribution of *Costaria costata* in China

表 6 多肋藻在黄渤海适生区分布的最大贡献法预测
Tab. 6 Geographic distribution areas of *Costaria costata* in Bohai and Yellow Seas based on the maximum contribution method

适生区划分 geographic distribution areas	适生概率范围 probability range	频数 frequency	频率/% percentage
适生区 unbeditting areas	0–0.05	6457	88.67
边缘适生区 marginal biogenic areas	0.05–0.1	218	2.99
低适生区 low adaptable areas	0.1–0.3	371	5.09
中适生区 middle adaptable areas	0.3–0.5	97	1.33
高适生区 high adaptable areas	0.5–1	139	1.91
合计 total		7282	

调研结果与 MaxEnt 模型预测的适生分布海域相符(图 2), 证明了该模型预测结果的可靠性。

2.3.3 环境变量的影响效应与实验验证 最大贡献法所构模型, 各环境变量的贡献率依次为: 最

低光强 43.7%, 最低月均温度 25.5%、年均光照强度变化范围 10.6%、年均磷酸盐变化范围 8.3%、年均盐度变化范围 7.7%、年均磷酸盐 2.1%、最低月均盐度 1.2%、年均温度变化范围 0.9% (表 7)。仅考虑单一环境变量对建模的响应效应, 多肋藻适生概率最高的各参数值分别为: 光照强度变化范围为 52 $\mu\text{mol}/(\text{m}^2\cdot\text{s})$, 最低限制值为 4 $\mu\text{mol}/(\text{m}^2\cdot\text{s})$, 磷酸盐变化范围为 1.7 mg/L, 年均磷酸盐 0.3 mg/L 为最优值, 温度变化范围 27 $^{\circ}\text{C}$, 最低月均温度不低于 7 $^{\circ}\text{C}$, 盐度年变化范围 12, 最低月均值不低于 21。

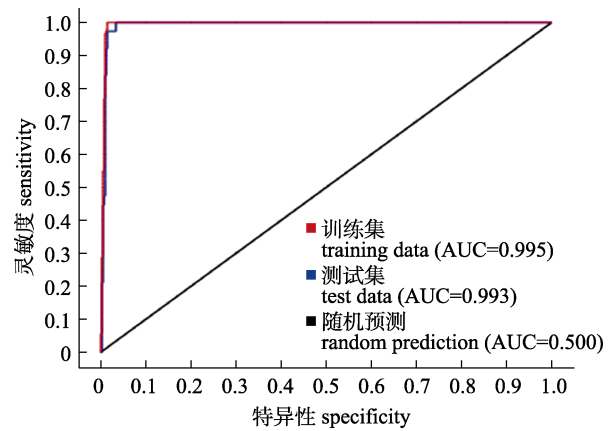


图 3 MaxEnt 模型的 ROC 曲线

Fig. 3 ROC curve of MaxEnt model

表 7 环境变量贡献分析表
Tab. 7 Analysis of contributions of environmental variables %

环境变量 environmental variable	贡献率 percent contribution	排列重要性 permutation importance
Bio 17	43.7	3.9
Bio 38	25.5	90.7
Bio 18	10.6	0
Bio 30	8.3	0.3
Bio 36	7.7	1.8
Bio 28	2.1	1.5
Bio 32	1.2	1.3
Bio 42	0.9	0.5

注:环境变量全称见表 1.
Note: The full name of the environmental variables is shown in Tab. 1.

单因子生长实验显示, 前期(5 d 内)多肋藻在温度 22 $^{\circ}\text{C}$ 时的 RGR 呈负增长, 显著低于其他温度组($P<0.05$); 18 $^{\circ}\text{C}$ 实验组的 RGR 最大, 与 10 $^{\circ}\text{C}$

组无显著性差异,但显著高于 6℃、14℃、22℃组($P<0.05$)。到第 10 天,多肋藻在温度 10℃的 RGR 最大,但与 6℃、18℃无显著性差异。光强 30~120 $\mu\text{mol}/(\text{m}^2\cdot\text{s})$ 均适于幼孢子体的生长,最适光强为 60 $\mu\text{mol}/(\text{m}^2\cdot\text{s})$ 。在盐度为 36 时多肋藻的 RGR 最大,但与盐度 26 和 31 组间没有显著性差异,仅在盐度为 21 时表现出显著较低的生长速率($P<0.05$)。在添加硝酸盐 1 mg/L,磷酸盐 0.1 mg/L 时多肋藻表现出最大 RGR,且显著高于对照组($P<0.05$),但与添加(硝酸盐 0.5 mg/L,磷酸盐 0.05 mg/L)和(硝酸盐 2 mg/L,磷酸盐 0.2 mg/L)组间没有显著性差异。

3 讨论

3.1 物种分布数据的空间自相关

MaxEnt 模型通常假设背景上的所有位置都是以同样的概率进行采样,即依赖于一个无抽样偏差的样本。由于多肋藻在我国的自然分布点极少,而且是外来种亦没有早期的相关记录,因此本研究获取的多肋藻分布信息途径只能通过大型数据库、博物馆标本和参考文献,导致分布信息可能会因抽样方法不同、调查强度差异、错误识别、季节性变动、扩散限制、环境条件等多个因素的影响,表现出较大的抽样偏差,即分布点表现出空间自相关^[31-34]。本研究通过对分布点建立 10 km 邻域区,当邻域内存在多个位点簇时,只保留一个位点^[35-37],以达到在单个网格范围内有相似的采样密度,从而降低分布数据在空间上的自相关^[38],避免模型运行中因采样密度不均造成的过度拟合。

3.2 环境变量对多肋藻预测模型的影响

不同物种对生态的偏好不同,变量之间具有一定的相关性,因此不当的或过多的环境因子将导致模型的过度拟合。且 MaxEnt 创建的复杂特征往往已经高度相关,这也会导致对模型运行性能的高估^[39-40]。在建立模型之前,应使用相关性分析、聚类算法、主成分分析或其他降维方法去除高度相关的环境变量。理论上,对于相关性极高的环境变量任选其一用于模型运行,得出的分布结果应该一致。但本研究在分析过程发现,不

同组合间预测结果出现较大的偏差,而且预测的适生区延伸到外海区,超出多肋藻自然资源在地理上的分布范围,即结果呈现过度预测。本研究采用改进的最大贡献法,解除了过度预测现象,与近年来引入多肋藻小规模试养的海域以及本课题组发现的自然扩散的海域相符。同时,ROC 曲线显示训练集与测试集的 AUC 值接近 1,验证了预测结果的准确性及可靠性。

通过所构模型计算得出最低月均温度在 7℃、年均温度变化范围为 27℃时,多肋藻适生分布概率达到最大值。单因子生长实验发现,短时间(5 d 内)多肋藻在温度 18℃生长最快,但随着时间的延长,适宜的生长温度有所降低(10℃左右)。已有文献报道,多肋藻配子体在 20℃下生长最快^[41],幼孢子体(4.8~5.9 mm)在 17℃的相对生长速率最大^[42],孢子体成体在海水温度为 7~10℃的朝鲜半岛自然海域中表现出最大的生长速率^[43]。可见多肋藻在不同生活史阶段以及同一世代的不同生长发育阶段对温度的响应不同,孢子体幼体与成体生长的适宜温度差异显著^[44],侧面证明具有异型世代交替的多肋藻能够耐受较大的年均温度变化幅度。但由于多肋藻分布数据均是孢子体时期的,适宜配子体与孢子体生长发育的温度条件差异较大,因而导致海面温度范围在模型构建中贡献值较低(0.9%)。但最低月均温度对模型的贡献值却是年均温度变化范围的 28.33 倍,这是由于多肋藻孢子体自然分布的季节性很强,造成月均温度变化比年均温度变化的影响大。

光强是影响藻类生长发育的重要因素之一,其中最低耐受光强是决定定生藻类分布的重要限制因子,在构建多肋藻适生预测模型时,其贡献度也最高。通过模型计算多肋藻自然分布概率最高的最低限制光强为 4 $\mu\text{mol}/(\text{m}^2\cdot\text{s})$,说明多肋藻对低光强有较好的适应能力,与极北海带低光照适应性研究结果相似^[26],这是由于大型海藻分布的底层(4~9 m)光强只有表面的 0.2%~11%,随着深度的增加光强减弱,而多肋藻通常生长在 0.5~20 m 深的海域^[45-46]。模型预测结果显示年均光照强度变化范围在 52 $\mu\text{mol}/(\text{m}^2\cdot\text{s})$ 时多肋藻适

生分布概率最高。单因子实验结果显示, 在 30~120 $\mu\text{mol}/(\text{m}^2\cdot\text{s})$ 均可生长, 60 $\mu\text{mol}/(\text{m}^2\cdot\text{s})$ RGR 最高, 与 Park 等^[42]研究结果一致。以上结果一致说明, 多肋藻适于在一定的水深范围或透明度变化不大的海域进行栽培, 以确保光强不至于过高以及变化不至于太过剧烈。

营养盐对于藻类的适生分布也有着重要影响, 降雨、入海径流对近海营养盐水平有较大影响, 从而影响近岸海洋藻类的分布。多肋藻自然分布于低潮间带到潮下带海区, 海陆交换频繁^[47]。本研究发现, 硝酸盐对多肋藻的分布影响甚微, 而磷酸盐的影响相对较大, 由于磷酸盐和硝酸盐之间具有较强的正相关关系, 因此, 建模时仅考虑磷酸盐。当年均磷酸盐质量浓度为 0.3 mg/L、变化范围在 1.7 mg/L 时, 多肋藻适生分布概率最高。在营养盐生长实验的研究中, 氮质量浓度为 1 mg/L, P 质量浓度为 0.1 mg/L 最有利于藻体的生长。而自然海域中磷酸盐的质量浓度通常为 0.015~0.045 mg/L, 但研究海域受大陆沿岸营养物质富集的影响, 且海洋水体大, 物质交换快, 所以营养盐对多肋藻的预测模型的影响相对较小。

单因子实验结果表明, 盐度为 36 时多肋藻幼孢子体表现出最大生长速率, 但与盐度 26 和 31 组间没有显著性差异, 仅在盐度为 21 时表现出显著较低的生长速率。预测模型计算结果也表明影响多肋藻分布的月均最低盐度为 21, 总体上能耐受较高的盐度变化范围(12)。Park 等^[42]研究也证实多肋藻幼孢子体在盐度 25~35 均能生长。一致说明多肋藻孢子体能够适应较广的盐度范围, 但更喜相对较高的盐度。

除了以上变量, 通常在建模时, 还需考虑海水深度和底质类型。本研究选用底层光强用于建模, 反映了藻体实际分布深度的有效太阳辐射^[48-50]。多肋藻一般附着在海底的岩石或硬质沉积物上, 而在软泥沙质上无法附着, 本研究选用的环境数据库中未提供海底底质类型, 加之多肋藻在我国的自然资源分布点少而集中, 已发现的资源多为养殖筏架上, 无法实地测量并完善相关数据。因此, 本模型的预测结果可能会比多肋藻的实际生态位分布略广, 但多肋藻在人为引种栽培及建立

海藻场时, 通常会有浮筏网绳或人造礁石作为多肋藻的附着基, 基于引种目的, 底质类型可不考虑。

3.3 MaxEnt 模型参数对模型的影响

正则化最大限度地限制了模型的复杂性, 以防止模型过度拟合^[20,51-52]。最佳正则化参数因物种类别、发生地点、目标区域和环境数据而异, 默认的正则化参数可能不是最优的^[15,37]。本研究结果显示参数 β 为 1 时多肋藻模型性能最佳, 与 MaxEnt 系统默认值一致。可能是由于默认值是基于使用校准和评估地点的随机划分的调优实验^[53], 适用于大部分物种的研究。

分布数据通常被划分为训练与测试数据集, 前者用于模型预测运行, 后者用于评估模型。许多研究采用不同训练集: 测试集的百分比, 如 50% : 50%^[24,54]、70% : 30%^[21,27]、80% : 20%^[25]、60% : 40%^[52]、75% : 25%^[55]等。类似已有文献并未具体阐述不同百分比对模型预测性能的影响, 本研究将上述训练集与测试集百分比用于模型构建, 研究结果发现, 导出的预测图在不同百分比基础上呈现大小不同的差异。所以, 在对不同物种建模时, 对其百分比进行预测性能对比是有必要的。

3.4 多肋藻适宜养殖海区

本研究通过对 MaxEnt 参数的优化、分布数据与环境变量的多重分析与筛选, 构建了多肋藻 MaxEnt 适生预测模型, 并结合实地调研以及室内生长实验, 对模型预测结果进行了验证, 论证了该模型的准确性。预测结果表明, 辽东湾、大连以及山东半岛沿海是多肋藻引种栽培的适宜海域。在山东半岛的威海荣成及大连沿海试验养殖区, 未见多肋藻大量生长暴发, 表明上述地区适合进行多肋藻引种。

3.5 多肋藻生态风险预防

开发新栽培物种对我国海藻养殖产业的多样化发展具有重要意义, 然而, 不当的引种可能造成生物入侵风险、破坏生态系统结构、造成遗传污染和带入病原生物等生态问题。在引进多肋藻时应注意以下几点: (1)了解我国海洋生物引进的政策和法规, 严格按照国家相关规定执行; (2)评估该物种生态分布方面的特性, 包括其源地分布范围、繁殖特性、和传播特性等; (3)研究其对当

地生态系统结构和功能上的影响; (4)制定针对性的入侵防治方案; (5)运用物理、统计以及数学方法建立生态模型, 以模拟该种在当地的生态适应性特征; (6)确定引种规模, 并实时对当地生态环境进行监控。本研究中, 通过 MaxEnt 模型推算了多肋藻在中国的适生分布概率, 结果表明, 在辽东湾部分海域具有多肋藻的高适生区, 同时也预示着该地区具有一定的生态风险, 因此, 若在辽东湾开展多肋藻人工栽培需慎重, 应加强生态安全性方面的评估。

参考文献:

- [1] Tanaka J, Nakamura T. Aphotographic Guide for Japanese Seaweeds[M]. Tokyo: Heibonsha Preseed, 2004: 99-100.
- [2] Yoshida T. Marine Algae of Japan Tokyo[M]. Tokyo: Uchida Rokakuho Publishing, 1998: 22-1222.
- [3] You X C, Cao S Q, Wang H R, et al. Artificial seeding of sea weed *Costaria costata* at ambient temperature[J]. Journal of Dalian Ocean University, 2011, 26(1): 17-22. [由学策, 曹淑青, 王含茹, 等. *Costaria costata* 常温人工育苗的研究[J]. 大连海洋大学学报, 2011, 26(1): 17-22.]
- [4] Liang G J, Fan J H, Zhang Z Z, et al. Technique for summer seedling breeding and cultivation of *Costaria costata*[J]. Hebei Fisheries, 2017, 43(6): 36-39. [梁广津, 潘金华, 张壮志, 等. 多肋藻夏苗培育及养殖技术[J]. 河北渔业, 2017, 43(6): 36-39.]
- [5] Cao Z M, Wang W W, Qu Y Y, et al. Variations in nutritional composition in cultivated seaweed *Costaria costata* during growth period[J]. Fisheries Science, 2019, 38(5): 659-665. [曹增梅, 王伟伟, 曲艳艳, 等. 养殖多肋藻生长期营养成分测定与分析[J]. 水产科学, 2019, 38(5): 659-665.]
- [6] Yang S Y, Wu L S, Chen M R, et al. Introduction of marine plants and animals and protection of marine ecology[J]. The Taiwan Straits, 2001(2): 259-265. [杨圣云, 吴荔生, 陈明茹, 等. 海洋动植物引种与海洋生态保护[J]. 台湾海峡, 2001(2): 259-265.]
- [7] Andersen M C, Adams H, Hope B, et al. Risk assessment for invasive species[J]. Risk Analysis, 2004, 24(4): 787-793.
- [8] Cai J Y, Zhang M M, Su H J, et al. Research on the application of niche model in species habitat selection[J]. Journal of Economic Animal, 2014, 18(1): 47-52. [蔡静芸, 张明明, 粟海军, 等. 生态位模型在物种生境选择中的应用研究[J]. 经济动物学报, 2014, 18(1): 47-52.]
- [9] Verbruggen H, Tyberghein L, Belton G S, et al. Improving transferability of introduced species' distribution models: new tools to forecast the spread of a highly invasive seaweed[J]. Public Library of Science ONE, 2013, 8(6): e68337.
- [10] Castelar B, Siqueira M F, Sanchez-Tapia A, et al. Risk analysis using species distribution modeling to support public policies for the alien alga *Kappaphycus alvarezii* aquaculture in Brazil[J]. Aquaculture, 2015, 446: 217-226.
- [11] Thuiller W, Richardson D M, Pysek P, et al. Niche-based modelling as a tool for predicting the global risk of alien plant invasions[J]. Global Change Biology, 2010, 11(12): 2234-2250.
- [12] Zhang X A, Sui X Y, Lu Z, et al. A prediction of the global habitat of two invasive fishes (*Pseudorasbora parva* and *Carassius auratus*) from East Asia using Maxent[J]. Biodiversity Science, 2014, 22(2): 182-188. [张熙骛, 隋晓云, 吕植, 等. 基于 Maxent 的两种入侵性鱼类(麦穗鱼和鲫)的全球适生区预测[J]. 生物多样性, 2014, 22(2): 182-188.]
- [13] Jueterbock A, Tyberghein L, Verbruggen H, et al. Climate change impact on seaweed meadow distribution in the North Atlantic rocky intertidal[J]. Ecology and Evolution, 2013, 3(5): 1356-1373.
- [14] Chen X F. Study on amphibian and reptile diversity and geographical distribution in Bohai rim area[D]. Shenyang: Shenyang Normal University, 2017. [陈晓璠. 环渤海地区两栖爬行动物多样性及地理分布研究[D]. 沈阳: 沈阳师范大学, 2017.]
- [15] Elith J, Graham H C, Anderson P R, et al. Novel methods improve prediction of species' distributions from occurrence data[J]. Ecography, 2010, 29(2): 129-151.
- [16] Zeng H, Huang G S, Lin W, et al. Prediction of potential geographic distribution of *Microcylus ulei* in the world using MaxEnt[J]. Plant Protection, 2008, 34(3): 88-92. [曾辉, 黄冠胜, 林伟, 等. 利用 MaxEnt 预测橡胶南美叶疫病菌在全球的潜在地理分布[J]. 植物保护, 2008, 34(3): 88-92.]
- [17] Wang Y S, Xie B Y, Wan F H, 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. [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]. 生物多样性杂志, 2007, 15(4): 365-372.]
- [18] Zhao X J, Gong J X, Zhao S S, et al. Impact of sample size and spatial distribution on species distribution model[J]. Journal of Lanzhou University: Natural Sciences, 2018, 236(2): 208-215. [赵晓囡, 巩娟霄, 赵莎莎, 等. 样本量及其空间分布对物种分布模型的影响[J]. 兰州大学学报(自然科学版), 2018, 236(2): 208-215.]
- [19] Hernandez P A, Graham C H, Master L L, et al. The effect of sample size and species characteristics on performance of different species distribution modeling methods[J]. Ecography, 2010, 29(5): 773-785.

- [20] 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.
- [21] 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.
- [22] Neiva J, Assis J, Fernandes F, et al. Species distribution models and mitochondrial DNA phylogeography suggest an extensive biogeographical shift in the high-intertidal seaweed *Pelvetia canaliculata*[J]. Journal of Biogeography, 2014, 41: 1137-1148.
- [23] Pauly K, Jupp B P, Clerck O D. Modelling the distribution and ecology of *Trichosolen* blooms on coral reefs worldwide [J]. Marine Biology, 2011, 158(10): 2239-2246.
- [24] Tyberghein L, Verbruggen H, Pauly K, et al. Bio-ORACLE: a global environmental dataset for marine species distribution modelling[J]. Global Ecology and Biogeography, 2012, 21(2): 272-281.
- [25] Verbruggen H, Tyberghein L, Pauly K, et al. Macroecology meets macroevolution: evolutionary niche dynamics in the seaweed *Halimeda*[J]. Global Ecology and Biogeography, 2010, 18(4): 393-405.
- [26] Sun X, Liu F L, Liang Z R, et al. Potential geographic distribution of *Laminaria hyperborea* in the Bohai and Huanghai Seas of China based on MaxEnt model[J]. Progress in Fishery Sciences, 2019, 40(5): 71-77. [孙昕, 刘福利, 梁洲瑞, 等. 基于 MaxEnt 模型预测极北海带在我国黄渤海的适生情况[J]. 渔业科学进展, 2019, 40(5): 71-77.]
- [27] Martín-García L, Herrera R, Moro-Abad L, et al. Predicting the potential habitat of the harmful cyanobacteria *Lyngbya majuscula* in the Canary Islands (Spain)[J]. Harmful Algae, 2014, 34: 76-86.
- [28] Zhang Z Y, Chen S K, Jiang H. The indoor experiment on rear and culture of *Costaria costata*[J]. Journal of Dalian Ocean University, 1992, 7(C1): 39-48. [张泽宇, 陈树科, 蒋晖. *Costaria costata* 的室内培养与栽培试验[J]. 大连海洋大学学报, 1992, 7(C1): 39-48.]
- [29] Wu X. Studies on the nutritional components and polysaccharides structure and properties of *Costaria costata*[D]. Qingdao: Ocean University of China, 2015. [吴信. 多肋藻 (*Costaria costata*) 的营养成分及多糖结构和性质研究[D]. 青岛: 中国海洋大学, 2015.]
- [30] Fu G. Physiological and ecological studies of *Costaria costata*[D]. Qingdao: Ocean University Of China 2009. [付刚. 多肋藻(*Costaria costata*)生理生态学研究[D]. 青岛: 中国海洋大学, 2009.]
- [31] Reddy S, Dávalos L M. Geographical sampling bias and its implications for conservation priorities in Africa[J]. Journal of Biogeography, 2003, 30(11): 1719-1727.
- [32] Graham C H, Ferrier S, Huettman F, et al. New developments in museum-based informatics and applications in biodiversity analysis[J]. Trends in Ecology and Evolution, 2004, 19(9): 497-503.
- [33] Phillips S J, Dudik M, Elith J, et al. Sample selection bias and presence-only distribution models: implications for background and pseudo-absence data[J]. Ecological Applications, 2009, 19(1): 181-197.
- [34] Boakes E H, McGowan P J K, Fuller R A, et al. Distorted views of biodiversity: spatial and temporal bias in species occurrence data[J]. Public Library of Science Biology, 2010, 8(6): e1000385.
- [35] Barbet-Massin M, Jiguet F, Albert C H, et al. Selecting pseudo-absences for species distribution models: how, where and how many?[J]. Methods in Ecology and Evolution, 2012, 3(2): 327-338.
- [36] Waltari E, Hijmans R J, Peterson A T, et al. Locating pleistocene refugia: comparing phylogeographic and ecological niche model predictions[J]. Public Library of Science ONE, 2007, 2: e563.
- [37] Radosavljevic A, Anderson R P, Araújo M. Making better Maxent models of species distributions: complexity, overfitting and evaluation[J]. Journal of Biogeography, 2014, 41(4): 629-643.
- [38] Beatty G E, Provan J. Comparative phylogeography of two related plant species with overlapping ranges in Europe, and the potential effects of climate change on their intraspecific genetic diversity[J]. BMC Evolutionary Biology, 2011, 11(1): 29.
- [39] Hijmans R J. Cross-validation of species distribution models: removing spatial sorting bias and calibration with a null model[J]. Ecology, 2012, 93(3): 679-688.
- [40] Neftali S. What does ecological modelling model? A proposed classification of ecological niche models based on their underlying methods[J]. Ecological Modelling, 2011, 222(8): 1343-1346.
- [41] Sun J, Pan J H, Zhang Z Z, et al. Effect of temperatures and illuminations on the growth of the gametophytes of *Costaria costata*[J]. Journal of Fisheries Research, 2019, 41(1): 11-17. [孙娟, 潘金华, 张壮志, 等. 温度和光照强度对多肋藻 (*Costaria costata*) 配子体生长影响研究[J]. 渔业研究, 2019, 41(1): 11-17.]
- [42] Park S K, Heo J S, Kim B Y, et al. Comparison on the growth of *Costaria costata* and *Undaria pinnatifida* Sporophytes in culture and their field populations[J]. Korean Jour-

- nal of Fisheries and Aquatic Sciences, 2011, 44(1): 71-77.
- [43] Koh C H, Shin H C. Growth and size distribution of some large brown algae in Ohori, east coast of Korea[J]. Hydrobiologia, 1990, 204: 225-231.
- [44] Morita T, Kurashima A, Maegawa M. Temperature requirements for the growth and maturation of the gametophytes of *Undaria pinnatifida* and *U. undarioides* (Laminariales, Phaeophyceae)[J]. Phycological Research, 2003, 51(3): 154-160.
- [45] Tabakaeva O V, Tabakaev A V. Lipids and fatty acids from various parts of the brown Kelp *Costaria costata*[J]. Chemistry of Natural Compounds, 2016, 52(5): 1-5.
- [46] Skriptsova V, Nabivailo Y V. Spatial distribution of algae in the *Ahnfeltia tobuchiensis* bed in Amursky Bay (Sea of Japan) [J]. Russian Journal of Marine Biology, 2009, 35(1): 1-7.
- [47] Real C, Barreiro R, Carballeira A, et al. Heavy metal mixing behaviour in estuarine sediments in the Ria de Arousa (NW Spain). Differences between metals-ScienceDirectScience[J]. Science of the Total Environment, 1993, 128(1): 51-67.
- [48] Kehoe M, O'Brien K, Grinham A, et al. Randomforest algorithm yields accurate quantitative prediction models of benthic light at intertidal sites affected by toxic *Lyngbya majuscula* blooms[J]. Harmful Algae, 2012, 19(1): 46-52.
- [49] Assis J, Coelho N C, Lamy T, et al. Deep reefs are climatic refugia for genetic diversity of marine forests[J]. Journal of Biogeography, 2016, 43: 833-844.
- [50] Graham M H, Kinlan B P, Druehl L D, et al. Deep-water kelp refugia as potential hotspots of tropical marine diversity and productivity[J]. Proceedings of the National Academy of Sciences, 2007, 104: 16576-16580.
- [51] Anderson R P, Gonzalez I. Species-specific tuning increases robustness to sampling bias in models of species distributions: An implementation with Maxent[J]. Ecological Modelling, 2011, 222(15): 2796-2811.
- [52] Burnham K P, Anderson D R. Model selection and multi-model inference: a practical Information-theoretic approach [M]. New York: Springer, 2002: 181.
- [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] Phillips S J, Dudík M, Schapire R E. A maximum entropy approach to species distribution modeling[C]//Proceedings of the 21st International Conference on Machine Learning. New York: ACM Press, 2004: 655-662.
- [55] Li M, Zhang C, Xu B, et al. Evaluating the approaches of habitat suitability modelling for whitespotted conger (*Conger myriaster*)[J]. Fisheries Research, 2017, 195: 230-237.

Potential geographic distribution of *Costaria costata* in China based on the MaxEnt Model and ArcGIS

LI Guoliang^{1,2}, WANG Wenjun², LI Baoxian^{2,3}, YAO Haiqin², SUN Xin⁴, LIANG Zhouhui², LU Xiaoping², LIU Fuli², ZHANG Pengyan²

1. College of Fisheries and Life Science, Shanghai Ocean University, Shanghai 201306, China;
2. Key Laboratory of Sustainable Development of Marine Fisheries, Ministry of Agriculture and Rural Affairs; Yellow Sea Fisheries Research Institute, Chinese Academy of Fishery Sciences, Qingdao 266071, China;
3. School of Marine Science and Fisheries, Jiangsu Ocean University, Lianyungang 222005, China;
4. Key Laboratory of Mariculture, Ministry of Education; Ocean University of China, Qingdao 266100, China

Abstract: Based on the economic and ecological value of macroalgae, the recruitment of new cultivated species with potential is necessary for the healthy development of the seaweed cultivation industry. *Costaria costata* is a brown alga with high nutritional and economic value. This natural seaweed resource is not found in China. In this study, the MaxEnt model and ArcGIS were used to predict the suitability and potential invasion risk of *C. costata* in China and explore the influence of different factors on the growth of sporophyte, to support the cultivation of *C. costata*. The prediction model of *C. costata* distribution was constructed based on correlation analysis between environmental factors, a selection of the global natural distribution points of *C. costata*, screening of the regulation parameter, and the ratio of the training set to test set on the prediction performance of the model. Results showed that the model performed the best when the regularization parameter was 1 and the ratio of training set to testing set was 70 : 30. The prediction model for *C. costata* distribution was constructed by eight environmental factors based on the correlation of environmental factors and model contribution rate. Among them, the temperature and light intensity had the most significant influence on the natural distribution. When the light intensity was not less than 4 $\mu\text{mol}/(\text{m}^2\cdot\text{s})$, the annual variation was 52 $\mu\text{mol}/(\text{m}^2\cdot\text{s})$, the monthly mean temperature was not less than 7 $^{\circ}\text{C}$, and the annual variation was 27 $^{\circ}\text{C}$, indicating the high suitable distribution probability of *C. costata*. The model showed that the suitable areas of *C. costata* in China were primarily distributed in the Yellow Sea and Bohai Sea, accounting for 11.32% of the total sea area; among which the marginal biogenic areas of *C. costata* in Yellow and Bohai Sea are primarily distributed in the coastal areas of Liaodong Bay, the northern coastal areas of Bohai Bay, and the coastal areas from Qingdao to Lianyungang, accounting for 2.99% of the total sea area. The low adaptable areas are primarily distributed in the coastal area of Liaodong Bay, the coastal area of Dalian, and the coastal area of Shandong Peninsula, accounting for 5.09% of the total sea area. The middle adaptable areas are primarily distributed in the southwest coastal area of Liaodong Bay, accounting for 1.33% of the total sea area. The high suitability areas are primarily distributed in the northern and southern coastal area of Liaodong Bay, accounting for 1.91% of the total sea area. The single-factor growth experiment results showed that, when the temperature was 10 $^{\circ}\text{C}$, the light intensity was 60 $\mu\text{mol}/(\text{m}^2\cdot\text{s})$, the salinity was 36, the nitrate was 1 mg/L, and the phosphate was 0.1 mg/L, indicating the highly relative growth rate of *C. costata* sporophyte. Combined with the field investigation, *C. costata* was found on the floating shelf in Changdao Island in Yantai and Longwangtong Bay in Dalian, consistent with the predicted results. This study showed that the coastal areas of Liaodong Bay, Dalian, and Shandong Peninsula are suitable areas for the introduction and cultivation of *C. costata*. However, attention should be paid to the risk of high invasion in the northern and southern coastal areas of Liaodong Bay. If artificial cultivation is performed, ecological safety assessment should be strengthened.

Key words: *Costaria costata*; MaxEnt; ArcGIS; ecological risk; suitable distribution

Corresponding author: WANG Wenjun. E-mail: wjwang@ysfri.ac.cn