

Taksonomik çeşitliliğin belirlenmesi için yeni önerilen bir eşitlik

Kürşad Özkan^{a,*}

Özet: Son yıllarda Deng Entropisi oldukça ilgi çekmekte ve birçok uygulama alanında kendine yer bulmaktadır. Deng Entropisi Dempster-Shafer Delil Teorisi alanında geliştirilmiş temel olasılık değerlendirmesine dayalı bir entropik eşitliktir. Bu çalışmada Deng Entropisi'ne dayalı yeni bir taksonomik çeşitlilik indeksi önerilmektedir. Çalışmada 8 kompleks (örnek alan) verisi kullanılmıştır, her bir kompleksin değerleri belirlenmiş ve sonuçlar birbirleri ile karşılaştırılmıştır. Elde edilen sonuçlar, yeni önerilen indeksin taksonomik çeşitlilik hesabında kullanılabilir nitelikte olduğunu göstermektedir. Bununla birlikte yeni önerilen indeksin performansının daha iyi anlaşılması için, çok sayıda ve değişik ekolojik veriler ile onun diğer geleneksel ve taksonomik çeşitlilik indeksleri ile kıyaslamasına yönelik çalışmalara ihtiyaç bulunmaktadır.

Anahtar kelimeler: Biyolojik çeşitlilik, Entropi, Deng, Shannon, Taksonomik ayırım

A new proposed measure for estimating taxonomic diversity

Abstract: Recently, Deng Entropy has been received attention and began to use in many real application. That entropic measure was improved in the Dempster-Shafer Evidential Theory (DSET) and based on the basic probability assignment. The present study offers a new proposed taxonomic diversity measure based on Deng Entropy. In the study, the data obtained from 8 complexes (sample plots) were used. The values of the complexes were computed and compared with each other. According to the results, the new proposed taxonomic diversity measure seems to be promising in estimation of taxonomic diversity. However, further and more detail studies should be done to better understand the performance of the new proposed measure by using various ecological data and comparing it to the other taxonomic or traditional diversity indices.

Keywords: Biodiversity, Entropy, Deng, Shannon, Taxonomic distinctness

1. Giriş

Biyolojik çeşitliliğin hesaplanmasında birçok indeks kullanılmaktadır. Bunlar içinde tür zenginliği (Peet, 1974), Simpson indeksi (Simpson, 1949) ve Shannon Entropisi (Shannon, 1948) en fazla tercih edilenlerdir. Tür zenginliği, Simpson indeksi ve Shannon Entropisi geleneksel çeşitlilik indeksleri içinde yer almaktadır (Özkan, 2016) ve bunlara dayalı hesaplamalarda türlerin var-yok, bolluk veya frekans verileri kullanılır. Geleneksel çeşitlilik indekslerinden farklı olarak taksonomik çeşitlilik indeksleri ise türlerin karakter tabanlı var-yok, bolluk veya frekans verilerini kullanmaktadır. Bu yüzden taksonomik çeşitlilik indeksleri sadece türlerin sayısal verilerine göre değil aynı zamanda doğrudan veya dolaylı olarak onların genetik, fonksiyonel ve yapısal özellikleri hakkındaki bilgileri de hesaplarına yansıtılmaktadır.

Taksonomik çeşitlilik matematiksel bir eşitlikle ilk defa Pielou (1975) tarafından önerilmiştir. Pielou (1975)'nin eşitliği taksonomik hiyerarşiyi dikkate almakta ve Shannon Entropisi'nin modifikasyonuna dayanmaktadır. Diğer bir taksonomik çeşitlilik ölçümü Vane-Wright vd. (1991) tarafından önerilmiştir. Vane-Wright vd. (1991) tarafından önerilen ölçüm kladistik sınıflandırmanın topolojisine dayanmaktadır ve dal uzunlukları bilinmediği zaman kullanılabilir. Eğer dal uzunlukları biliniyor ise

taksonomik çeşitlilik Faith (1992) tarafından geliştirilen eşitlik ile belirlenebilir.

Taksonomik çeşitliliğin hesaplanması ile ilgili olarak bir diğer ölçüm, kuadratik entropi ismi ile Rao (1982) tarafından önerilmiştir. Kuadratik entropi hesabı tür çiftleri arasındaki mesafe ölçümüne dayanmaktadır. Tür çiftleri arasındaki mesafeler türlerin morfolojik özelliklerine, fonksiyonel özelliklerine veya Linnean taksonomisine dayanabilir. Ricotta ve Avena (2003) tarafından geliştirilen taksonomik çeşitlilik ölçümü ise hem türlerin bolluk değerleri hem de onların taksonomik ayrımlarını dikkate almaktadır. Ancak bu ölçüm bilgi teorisinin bir ölçümü olduğu için Rao'nun kuadratik entropisinden farklı olarak tür çiftleri arasındaki hesaba dayanmamaktadır.

Bu alanda en çok bilinen ve kullanılan taksonomik çeşitlilik ve taksonomik mesafe indeksleri Warwick ve Clark (1995) tarafından geliştirilmiştir. Bu indekslerin hesaplarında türler arasındaki ağırlıklandırılmış taksonomik farklılıklar dikkate alınmaktadır.

Bu çalışmada taksonomik çeşitliliği ve/veya taksonomik mesafeyi belirlemek için kullanılacak yeni bir ölçüm (pT_0) önerilmektedir. Yeni önerilen bu ölçüm Dempster-Shafer Delil Teorisi'ndeki entropik ölçümlerden biri olan Deng Entropisi'ne dayanmaktadır. Deng Entropisi Shannon Entropisi'nin genelleştirilmiş halidir ve ilk defa Deng (2016) tarafından önerilmiştir. Bu entropi model tanımı, risk değerlendirmesi ve karar verme süreçleri gibi birçok

✉ ^a Isparta Uygulamalı Bilimler Üniversitesi, Orman Fakültesi, Doğu Yerleşkesi, 32260, Çünür/Isparta

@ ^{*} **Corresponding author** (İletişim yazarı): kursadozkan@isparta.edu.tr

✓ **Received** (Geliş tarihi): 05.07.2018, **Accepted** (Kabul tarihi): 16.12.2018



Citation (Atıf): Özkan, K., 2018. Taksonomik çeşitliliğin belirlenmesi için yeni önerilen bir eşitlik. Turkish Journal of Forestry, 19(4): 336-346.

DOI: [10.18182/tjf.441061](https://doi.org/10.18182/tjf.441061)

alandaki uygulamalarda kendine yer bulmuştur. Bu sebepten Deng Entropisi'nin popülerliği gün geçtikçe artmaktadır. Bilgi teorisinin entropik ölçülerinden içerik bakımından farklı olan Deng Entropisi temel olasılık değerlendirmesinin belirsizliğini ölçmeye odaklıdır. Bu yüzden bu çalışma ile ilk defa önerilen taksonomik çeşitlilik ölçümü de gerek kavramsal ve gerekse formül yapısı bakımından Pielou (1975), Vane-Wright vd. (1991), Faith (1992), Rao (1982), Warwick ve Clark (1995) ile Ricotta ve Avena (2003) tarafından geliştirilen taksonomik çeşitlilik ölçümlerinden farklılık göstermektedir.

Bu çalışma; (1) yeni önerilen taksonomik çeşitlilik ölçümünü (pT_o) yapısındaki terimler ile beraber açıklamak, (2) eşitliği oluşturan bileşenleri ekolojik toplum verilerine uygulayarak birbiri ile karşılaştırmak ve (3) eşitliğin (pT_o) daha üst versiyonlarını geliştirmek için hangi kavramlar çerçevesinde hareket edilebileceği hususlarını tartışmak amacıyla gerçekleştirilmiştir.

2. Yeni önerilen taksonomik çeşitlilik ölçümü

Yeni önerilen taksonomik çeşitlilik ölçümünde hesap Deng Entropisi'ne dayanmaktadır. Deng Entropisi aşağıda gösterilen eşitlik ile belirlenir (Deng, 2016).

$$Ed = - \sum_i m(F_i) \ln \frac{m(F_i)}{2^{|F_i|-1}} \quad (1)$$

Eşitlikte bulunan F_i kütle fonksiyonunun (m) oransal değeridir. $|F_i|$ ise F_i 'nin eleman sayısını ifade etmektedir. Deng Entropisi form olarak Shannon Entropisi'ne benzerlik göstermektedir. Deng Entropisi'nin Shannon Entropisi'nden temel farkı her bir F_i için kanaatin (2^{F_i-1})'e bölünmesidir.

Deng Entropisi'ne dayalı yeni önerilen taksonomik çeşitlilik ölçümü (pT_o) aşağıdaki gösterildiği gibi hesaplanmaktadır.

$$pT_o = \ln \left(\frac{\sum_{n_k=0}^{n_s} (n_s - n_k) \left(w_1 (e^{Ed_s} + 1) \left(w_2 \left(\frac{(e^{Ed_s})^2}{e^{Ed_G}} + 1 \right) \right) \dots \left(w_6 \left(\frac{(e^{Ed_s})^2}{e^{Ed_G}} + 1 \right) \right) \left(w_7 \left(\frac{(e^{Ed_s})^2}{e^{Ed_G}} + 1 \right) \right) \right)}{n_s + \sum n_k} \right)$$

Eşitlik aşağıdaki gibi de ifade edilebilir.

$$pT_o = \ln \left(\frac{\sum_{n_k=0}^{n_s} (n_s - n_k) \left(\prod_{i=1}^7 \left(w_i \left(\frac{(e^{Ed_s})^2}{e^{Ed_i}} + 1 \right) \right) \right)}{n_s + \sum n_k} \right)$$

$$= \ln \left(\frac{\sum_{n_k=0}^{n_s} (n_s - n_k) \left(\prod_{i=1}^7 \left(w_i \left(\frac{\left(e^{-\sum_i m(F_{si}) \ln \frac{m(F_{si})}{2^{F_{si}-1}} \right)^2}{e^{-\sum_i m(F_{ii}) \ln \frac{m(F_{ii})}{2^{F_{ii}-1}}} + 1} \right) \right) \right)}{n_s + \sum n_k} \right), \text{nod}_{i>1} > 1 \quad (4)$$

Burada 2^{F_i-1} eşitliği ile F_i içindeki durumların potansiyel sayısı ifade edilmektedir. Sonuç olarak Deng Entropisi Shannon Entropisi'nin genelleştirilmiş formu olup temel olasılık değerlendirmesinin (BPA) belirsizlik değerini ölçmek için kullanılmaktadır. Eğer kanaat sadece tek elemente atanmış ise o zaman Deng Entropisi Shannon Entropisi'ne (H) indirgenir. Diğer bir deyişle eşitlik 2'de gösterildiği üzere ilgili toplumdaki tüm elementler için $|F_i| = 1$ olduğunda, $Ed = H$ olur.

$$Ed = - \sum_i m(\theta_i) \ln \frac{m(\theta_i)}{2^{|\theta_i|-1}} = - \sum_i m(\theta_i) \ln m(\theta_i) \quad (2)$$

Taksonomik çeşitlilik indeksi metnin ilerleyen saflarında ayrıntıları ile açıklanacağı üzere dilimleme esasına dayandığı için $m(F_i)$ 'nin hesabı aşağıdaki eşitliğe denk gelmektedir.

$$m(F_i) = (m(F_i))^0 / \sum (m(F_i))^0 \quad (3)$$

Yeni önerilen ölçümün uygulaması ile ilgili olarak, öncelikle Deng Entropisi Linnean taksonomik sistemine göre her bir seviye için hesaplanmaktadır. Bu durumda Ed_s , Ed_G , Ed_F , Ed_O , Ed_C , Ed_P ve Ed_K sırasıyla tür (S), cins (G), familya (F), takım (O), sınıf (C), şube (P) ve Alem (K) seviyelerindeki Deng Entropi değerlerini temsil etmektedir.

Doğal olarak Deng Entropisi tür seviyesinde Shannon Entropisi'ne eşit olur ($Ed_s = H$). Çünkü tür seviyesinde kanaat sadece tek elementlere göre ya da her bir tür için atanmaktadır. Diğer bir deyişle bütün elementlerin (türlerin) oransal veya sayısal değerleri tür seviyesinde bilinmektedir.

Eşitlikte $e = 2,71828$ olan sayısal sabiteyi ifade etmektedir. i taksonomik seviyelerin sıra numarasıdır. Başka bir ifadeyle tür seviyesinden alem seviyesine doğru i sırasıyla 1'den 7'ye kadar değer almaktadır. $nod_{i>1}$ cins seviyesi ve onun üstündeki seviyelerin düğüm sayısı anlamına gelmektedir. Yeni önerilen eşitlikte (pT_0) bulunan w_i ağırlıklandırılmış değerleri ifade etmektedir. w_i tür seviyesinden alem seviyesine kadar artmaktadır. Bu makalede hipotetik verilerin taksonomik çeşitlilik hesabında tür seviyesinde $w_i = 1$ olarak alınmış, her seviye artışı için +1 eklemesi yapılarak alem seviyesinde $w_i = 7$ 'ye eşitlenmiştir. Ağırlıklandırma ve ağırlıklandırmada sayısal değerlerin verilmiş şekli bir seçenektir. Eğer ağırlıklandırma ile taksonomik çeşitlilik hesaplanacak ise bu durumda taksonomik çeşitliliğin genel ölçümünü ifade eden pT_0 'yu T_0 olarak isimlendirebiliriz. Eğer ağırlıklandırma tercih edilmez ise, diğer bir deyişle tüm seviyeler için $w_i = 1$ kabul edilir ise, bu durumda pT_0 'yu uT_0 olarak sembolize edebiliriz. Özetle T_0 ağırlıklandırılmış taksonomik çeşitlilik ölçümünü, uT_0 ise ağırlıksız taksonomik çeşitlilik ölçümünü ifade etmektedir.

Burada belirtmek gerekir ki, eğer tür seviyesinin üstündeki¹ ($i > 1$) seviyelerin herhangi birinde sadece bir düğüm var ise bu durumda o seviyede işlem biter, $Ed_{i>1} = 0$ olur aksi takdirde $Ed_{i>1} > 0$ olur. Eğer $Ed_{S(i=1)} = 0$ ise, haliyle $pT_0 = 0$ olur. Bu yüzden taksonomik çeşitlilik hesabı $Ed_{i>1} = 0$ olan seviyenin gerisinde bulunan seviyelerin üstel çarpımlarına denk gelmektedir. Eğer alem seviyesine kadar olan seviyelerde $Ed_{i>1} > 0$ ($i = 6$) ise bu durumda hesaplama en son seviye olan alem seviyesinde ($Ed_7 = 0$) sonlandırılır.

Eşitlik 4'te n_s , adım sayısını ve n_k , k . adımı ifade etmektedir. n_s ve n_k ile ilgili olarak Şekil 1'de verilen hipotetik örnek verisi ile daha detaylı açıklamalar yapılmıştır.

Şekil 1'de görüleceği üzere hipotetik veri bir familyaya ve üç cinse ait olan 8 türden ibarettir. Burada türlerin (S) birey sayıları S_1 den S_8 ' e kadar sırası ile 4;2;3;1;2;3;2;2 şeklindedir (Şekil 1a). İlk adımda bir çıkartma işlemi uygulanmaz ($n_k = 0$). O yüzden ilk adım bütün türlerin var değerlerini (1) içermektedir, yani S_1 'den S_8 ' e kadar değerler 1;1;1;1;1;1;1;1 şeklindedir (Şekil 1b). İkinci adımda her bir türün birey sayısından bir eksiltme yapılır ($n_k = 1$). Bu işlem sonunda pozitif değere sahip olan türlerin sayısal değerleri "1" değerleri "0" olarak kaydedilir. İkinci adımdaki işlem ile türlerin kalan sayıları S_1 den S_8 ' e kadar sırası ile 3;1;2;0;1;2;1;1 olup bu değerler 1;1;1;0;1;1;1;1'e denk gelmektedir (Şekil 1c). Benzer şekilde aynı işlemler eksiltme değeri artırılarak daha sonraki adımlar için gerçekleştirilmektedir. Bu bağlamda üçüncü adımdaki eksiltme değeri "2" ($n_k = 2$) ve dördüncü adımdaki eksiltme değeri "3" olup ($n_k = 3$) bu adımlarda S_1 den S_8 ' e kadar kalan "1" ve "0" değerleri sırası 1;0;1;0;0;1;0;0 (Şekil 1d) ve 1;0;0;0;0;0;0;0 (Şekil 1e) şeklindedir. Beşinci adımda ise hiç bir türün pozitif değeri kalmamaktadır (Şekil 1f). Bu yüzden dördüncü adım dilimlenmenin sonlandırıldığı

adımdır. Toplam adım sayısı da haliyle dört olmaktadır ($n_s = 4$). Sonuç olarak verilen hipotetik örnek itibarıyla $n_s - n_k$ eklentisini kullanarak birinci adımdan sonuncu adıma kadar olan çarpım değerleri sırası ile 4;3;2;1 şeklinde olmaktadır.

Var-yok verileri ile taksonomik çeşitliliğin belirlenmesi aşağıdaki eşitlikle gerçekleştirilir.

$$pT_0^+ = \prod_{i=1}^{i=7} \left(w_i \frac{(e^{Ed_S})^2}{e^{Ed_i}} + 1 \right), nod_{i>1} > 1 \quad (5)$$

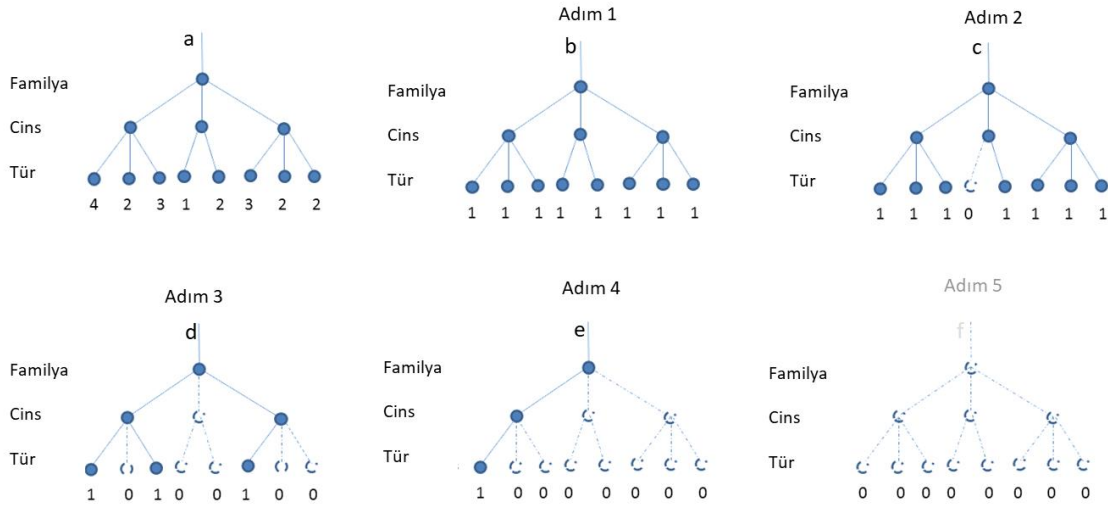
Açıktır ki, eşitlik 5, eşitlik 4'te verilen taksonomik çeşitlilik ölçümünün (pT_0) özünü oluşturmaktadır. Diğer bir deyişle $n_s = 1$ ve $n_k = 0$ durumunda eşitlik 4 (pT_0) eşitlik 5'e (pT_0^+) indirgenmektedir. pT_0^+ ağırlıklandırma kullanıldığında T_0^+ olarak, eğer ağırlıklandırma tercih edilmez ise (bütün taksonomik seviyeler için $w_i = 1$), uT_0^+ olarak sembolize edilebilir.

uT_0^+ ve/veya T_0^+ 'nin belirlenmesi önemlidir. Zira Vane-Wright vd. (1991) tarafından da ifade edildiği üzere türlerin oransal değerlerine, frekanslarına veya bolluk değerlerine dayalı taksonomik çeşitlilik ölçümleri koruma amaçlarına tam anlamı ile hizmet edecek bilgiyi sunmayabilir. Bundan dolayı taksonomik çeşitliliğin türlerin oransal değerlerini, frekanslarını veya bolluk değerlerini göz ardı ederek hesaplanması gerekir. Diğer bir deyişle türlerin bolluk değerlerine dayalı taksonomik çeşitlilik ölçümlerinin yerine türlerin var-yok verilerine dayalı taksonomik mesafe ölçümleri koruma amaçları için daha uygun bir seçenektir.

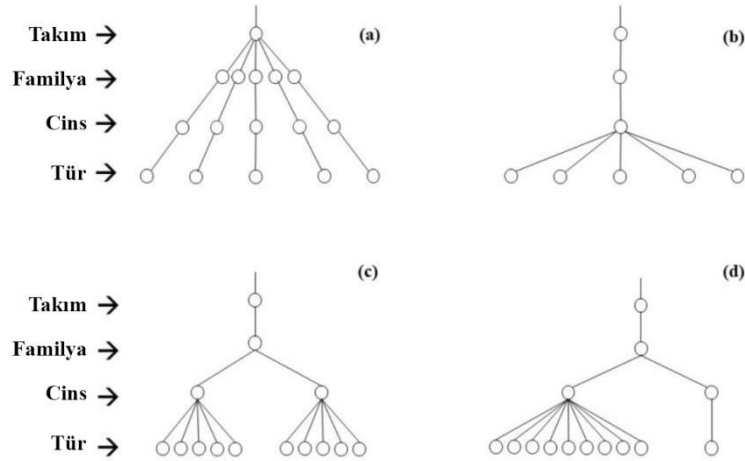
O halde türlerin var-yok verileri kullanılarak Deng Entropisi'ne dayalı ağırlıklandırılmış veya ağırlıklandırılmamış taksonomik çeşitlilik ölçümlerini (uT_0^+ ve T_0^+) kısaca taksonomik mesafe ölçümleri olarak ta isimlendirilebilir. uT_0^+ ve T_0^+ için böyle bir isimlendirmenin doğru olup olmayacağına sınanmasında, Clarke ve Warwick (1998)'in kendi geliştirdikleri taksonomik mesafeyi (Δ^+) açıklamak için kullandıkları Şekil 2'de gösterilen hipotetik toplum verileri iyi bir örnektir.

Hipotetik toplumların uT_0^+ sonuçları (a) 5.38 (b) 1.79 (c) 3.36 (d) 2.63 iken, T_0^+ sonuçları (a) 7.17 (b) 1.79 (c) 4.05 (d) 3.32 şeklindedir. Clarke ve Warwick (1998)'in Δ^+ değerleri ise (a) 3.0 (b) 1.0 (c) 1.56 (d) 1.2 şeklindedir. uT_0^+ ve T_0^+ 'nin sonuçları Δ^+ 'nın sonuçları ile paralellik göstermektedir. Zira hem uT_0^+ ve T_0^+ 'nin hesapları ile hem de Δ^+ 'nın sonuçları itibarıyla hipotetik toplumların büyükten küçüğe doğru sıralamaları a>c>d>b şeklindedir (Şekil 2). Bu sonuçlar uT_0^+ ve T_0^+ 'nin taksonomik mesafe ismini hak ettiklerini göstermektedir. Özetle uT_0^+ ağırlıklandırılmamış taksonomik mesafe, T_0^+ ise ağırlıklandırılmış taksonomik mesafe olmaktadır.

¹ Eğer bir komplekste sadece bir tür var ise, bu durumda tür seviyesindeki entropi değeri= $\ln(2)$ olur ve tür seviyesinin daha üst seviyeleri için işlem yapılmaz. Zira tür seviyesinin üst seviyeleri için $nod_{i>1} > 1$ şartı geçerlidir. Bu konu ile ilgili detaylı açıklamalar metnin ilerleyen aşamalarında verilmiştir.



Şekil 1. Hipotetik örnek 1: Bir toplum verisi (a) ve dilimleme işlemleri (b,c,d,e,f)



Şekil 2. Türlerin var-yok verilerine dayalı teorik taksonomik ağaçlar (Clarke ve Warwick, 1998)

3. pT_0 bileşenlerinin ekolojik kompleks verilerine uygulanması ve yorumlar

Yazılı Kanyon Tabiat Parkı'ndan alınan 8 ekolojik kompleks (örnek alan) verisi (Özkan ve Stiel 2008; Mert ve Özkan, 2017) pT_0 'dan türetilmiş olan T_0 , uT_0 , uT_0^+ ve T_0^{++} 'u hesaplamak için kullanılmıştır. Amaç yöntemin işlerliğini göstermek olduğu için komplekslerin seçiminde tür sayıları ve taksonomik yapılar bakımından mümkün olduğunca farklılıkların olmasına dikkat edilmiştir. Ekolojik komplekslere ait veriler Ek Çizelge 1'de verilmiştir. Ek Çizelge 1'de komplekslere ait sütunlar türlerin bolluk verilerinin Westhoff ve Van Der Maarel (1973)'e göre dönüştürülmüş değerlerini içermektedir.

Tüm komplekslerde toplam 96 farklı tür bulunmaktadır. En fazla tür K1'de bulunmaktadır. K1'de bulunan türler 45 cins, 30 familia, 26 takım, 3 sınıf ve 2 şube'ye dağılmaktadır. K8 taksonomik seviyelerdeki en düşük rakamsal değerlere sahip olan komplekstir. K8'de bulunan türler 11 cins, 10 familia, 9 takım, 2 sınıf ve 1 şube de yer almaktadır (Çizelge 1).

Çizelge 1. Komplekslerde bulunan bitkilerin taksonomik seviyelere göre sayısal dağılımı

	Tür	Cins	Familya	Takım	Sınıf	Şube
K1	48	45	30	26	3	2
K2	23	22	14	14	3	2
K3	32	30	17	17	3	2
K4	28	27	23	20	3	2
K5	43	41	26	22	2	1
K6	20	18	15	13	2	1
K7	11	11	10	9	3	2
K8	11	11	10	9	2	1

pT_0 bileşenlerinin hesabına yönelik olarak bir makro program hazırlanmış ve hesaplamalar bu makro programda yapılmıştır (Özkan vd., 2018). Programa <http://www.kantitatifekoloji.net/takdivozkan> web adresinden ulaşılabilir. Programın kullanılması ve kısıtları ile ilgili bilgiler ekler kısmında verilmiştir.

Makro programı ile hesaplanan pT_0 bileşenlerinin tür zenginliği (S) ile olan ilişkilerine korelasyon analizi uygulanarak bakılmıştır. Elde edilen sonuçlara göre, pT_0 'nun tüm bileşenleri tür zenginliği (S) ile pozitif ilişkiler

göstermektedir ($r_{S-UT_0} = 0,965$; $r_{S-T_0} = 0,827$; $r_{S-UT_0^+} = 0,946$; $r_{S-T_0^+} = 0,785$). Ancak bu sonuçlar pT_0 bileşenlerin tür zenginliğinin göstergesi olduğu anlamına gelmez. pT_0 bileşenleri ile tür zenginliği arasındaki yüksek ilişki katsayılarının asıl sebebi ekolojik komplekslerde tür sayılarının cins sayıları, familya sayıları ve takım sayıları ile var olan yüksek korelasyonlardan kaynaklanmaktadır ($r_{S-G} = 0,999$; $r_{S-F} = 0,949$; $r_{S-T} = 0,970$).

Komplekslerin T_0 , uT_0 , uT_0^+ ve T_0^+ sonuçları Çizelge 2’de verilmiştir. Tüm komplekslerin her biri için sonuçlar olması gerektiği gibi $T_0^+ \geq T_0$, $uT_0^+ \geq uT_0$, $T_0 \geq uT_0$ ve $T_0^+ \geq uT_0^+$ şeklindedir.

Tür sayıları ile cins, familya ve takım sayıları aralarında tespit edilen bu kuvvetli ilişkilere rağmen, tüm sonuçlara ayrıntıları ile bakıldığında pT_0 bileşenlerinin hem birbirlerine göre hem de komplekslerdeki tür sayısına göre farkları kendini oldukça net göstermektedir. Örneğin K7 ve K8’de tür sayıları eşittir. Fakat bunların pT_0 bileşenlerine ait sonuçları birbirlerinden farklıdır. K7’nin tüm pT_0 bileşenlerine ait sonuçları K8’inkilerden yüksektir. Bu iki kompleks arasındaki fark özellikle T_0^+ bileşeninde kendini göstermektedir. En ilginç sonuç 11 tür içeren K7 ile 20 tür içeren K6 arasında gözlenmektedir. Zira 11 tür içeren K7’nin T_0^+ değeri 17,45 iken, 20 tür içeren K6’nın T_0^+ değeri K7’nin T_0^+ değerinden daha düşük bir değer olan 15,95’e denk gelmektedir. Benzer şekilde K7’nin T_0 değeri de K6’nın T_0 değerinden yüksektir. Ancak K7 ve K6 arasındaki bu farklar uT_0 ve uT_0^+ sözkonusu olduğunda tersine dönmektedir (Çizelge 2). Yine 28 tür içeren K4 ile 32 tür içeren K3’ü karşılaştırdığımızda, K4’ün tüm pT_0 bileşenlerinin K3’ün bileşenlerinden yüksek değerlere sahip olduğu görülebilir (Çizelge 2).

Özetle elde edilen sonuçlar itibariyle pT_0 bileşenleri birbirlerinden ne tamamen bağımsızdır, ne de birbirlerine tamamen bağımlıdır. Daha detaylı olarak açıklarsak, T_0^+ ’un diğer bileşenlerden daha bağımsız hareket ettiği, bununla birlikte T_0^+ ’u en iyi tanımlayan bileşenin T_0 olduğu, haliyle uT_0 ve uT_0^+ arasında daha samimi ilişkilerin kurulduğu anlaşılmaktadır. Elbette ki yapılan bu yorumlar verilen örnek veri setinden (Ek Çizelge 1) çıkartılan sonuçlara dayanmaktadır. Farklı kompleks yapılarında ve daha çok örnekle çalışılarak elde edilecek sonuçlar pT_0 bileşenleri arasındaki benzerlikler ile farklılıkları ve onların diğer bilinen çeşitlilik indekslerine göre konumlarını daha net gösterecektir.

Çizelge 2. Komplekslerin pT_0 bileşenlerine ait sonuçları

Kompleksler	uT_0	T_0	uT_0^+	T_0^+
K1	13,295817	19,854380	14,147245	20,726497
K2	10,825873	17,392090	11,754740	18,333992
K3	10,903368	17,364041	11,648265	18,227516
K4	11,780748	18,351295	12,673819	19,253070
K5	12,947514	17,734969	13,579837	18,367329
K6	10,432915	15,219927	11,164915	15,952406
K7	9,793371	16,371821	10,874298	17,453549
K8	9,329968	14,116012	10,056493	14,843984

4. Yeni önerilen eşitlik neden Deng Entropisi’ne dayanıyor?

Yeni önerilen ölçütün neden Deng Entropisi’ne dayandığına yönelik gerekçeler maddeler halinde aşağıda açıklanmıştır.

1. Hatırlanacağı üzere Deng Entropisi’nde $|F_i|$ F_i ’nin eleman sayısını ifade etmektedir. Eğer bir kompleksdeki tüm elementler için $|F_i| = 1$ ise o zaman Shannon Entropisi ve Deng Entropisi ile o komplekse yönelik entropi hesabı yapılabilir ki, zaten böyle bir komplekste Deng Entropisi Shannon Entropisi’ne indirgenmektedir. Bir kompleks $|F_i|$ değeri 1’den büyük elementlere sahip ise, o kompleksin entropi hesabında Shannon Entropisi kullanılamaz. Böyle veri tiplerine sahip kompleksler, yapılar veya sistemler için entropi hesabı Dempster-Shafer Delil Teorisinin uzmanlık alanına girmektedir. Bu teorinin son yıllardaki en popüler eşitliği Deng Entropisi’dir. Giriş kısmında bahsi geçtiği üzere Deng Entropisi özellikle risk değerlendirmesi ve karar verme süreçleri gibi alanlarda kullanılmaya uygun bir ölçümdür. Çünkü Deng Entropisi aslen bu tip uzmanlık alanları için tasarlanmıştır. Bu uzmanlık alanlarında yüksek bir entropi değeri riskin yüksek olduğuna ve/veya karar verme süreçlerinin zorluğuna (karar vermede isabet derecesinin düşük olabileceğine) yönelik mesajlar vermektedir. Diğer bir deyişle Deng Entropisi doğrudan belirsizliğe yönelik mesaj vermekte, belirsizliğin yüksekliği ile entropi yüksekliği aynı anlama gelmektedir. Bu sebepten dolayı bir kompleksi, yapıyı veya sistemi oluşturan elementler ne kadar yüksek $|F_i|$ değerlerine sahip olur ise, Deng Entropi değeri de o kadar yüksek değere sahip olmaktadır. Özetle Deng Entropisi’nde elementlerin $|F_i|$ değer artışı ile entropi artışı arasında aynı yönde paralel bir ilişki vardır. Fakat konu taksonomik çeşitliliği hesaplamak olduğunda ve Deng Entropisi bu amaç için kullanıldığında elementlerin $|F_i|$ değer artışı ile entropi artışı arasındaki paralel ilişki çeşitliliğe atfedilemez veya çeşitlilikte artış anlamına gelmez. Aksine elementlerin $|F_i|$ değer artışı sadeleşme hızında artış veya çeşitlilikte azalma anlamına gelir. Sadeleşme hızını belirlemek için tür seviyesindeki entropik değer diğer taksonomik seviyelerdeki entropik değerlerle kıyaslanır. Örneğin tür seviyesinden cins seviyesine çıktığında cins seviyesindeki Deng Entropi değeri ile tür seviyesindeki Deng Entropi değeri arasındaki fark sadeleşme hızı olarak ifade edilebilir. Haliyle tür seviyesi ile kıyaslandığında; *i.* taksonomik seviyenin sadeleşme hızı ne kadar yüksek ise, onun çeşitliliğe katkısı o oranda düşük olmaktadır.

Konuyu daha anlaşılır kılmak için Şekil 3’te bulunan iki hipotetik toplum verisi üstünden açıklamalara devam edelim. Şekil 3’te görüleceği üzere A toplumunda tür seviyesinde 12 tür bulunmaktadır. B toplumunda ise 6 tür bulunmaktadır. A ve B toplumunda türler eşit oranda dağılmaktadır. Her iki toplumun taksonomik ağacına bakıldığında net bir şekilde A toplumunda sadeleşme hızının B toplumundan daha fazla olduğu anlaşılabilir. Çünkü A toplumunda 12 tür dördü gruplar şeklinde 3 cinsten toplanırken, B toplumunda 6 tür ikiye gruplar halinde 3 cinsten toplanmaktadır. Ricotta ve Avena (2003)’ün yaklaşımından farklı olarak taksonomik ağaçlardaki seviyeleri birbirlerinden bağımsız olarak düşünürsek ve bu düşünce temelinde Shannon Entropisi’ni (H) kullanırsak; A toplumunda tür seviyesinde $A_{H_S} = 2,4849$ ve cins

seviyesinde $A_{H_G} = 1,0986$, B toplumunda ise tür ve cins seviyelerinde sırası ile $B_{H_S} = 1,7917$ ve $B_{H_G} = 1,0986$ değerlerine ulaşırız. Hem A hem de B toplumunun familia seviyelerinde sadece bir düğüm vardır. Bu yüzden her iki toplumun familia seviyesinde Shannon Entropi değerleri sıfır olur ($A_{H_F} = 0$; $B_{H_F} = 0$).

Her bir toplumun kendi içindeki taksonomik seviyelerinin entropi değerlerini toplarsak $A_H = 3,5835$ ve $B_H = 2,8903$ çıkar. Bu sonuca göre A toplumunun çeşitliliği B toplumundan yüksektir. Her iki toplumun taksonomik ağaçlarına bakıldığında zaten A toplumunun B toplumundan daha çeşitli olduğu net bir şekilde anlaşılmaktadır. Ancak bu sonuç Shannon Entropisi ile taksonomik ağaçlardan çeşitlilik hesabının doğruluğunu kanıtlamaz. Bunun kesin kanıtı Shannon Entropisi'nin sadeleşme hızını hesabına yansıtmasına bağlıdır. Ne var ki, Shannon Entropisi sadeleşme hızı kavramından muaftır. Çünkü Shannon Entropisi ile hem A hem de B toplumunda cins seviyelerinde aynı entropik değerler elde edilmiştir. Özetle Shannon Entropisi taksonomik seviyelerin entropilerini hesaplamak ve toplumların bu seviye değerlerinin toplamına (veya üstel değerler tercih edilirse çarpımına) dayanan hesaplama şekli ile taksonomik çeşitliliği kestirmek için uygun değildir. Belirtmek gerekir ki, Ricotta ve Avena (2003)'ün bilgi teorisi temelindeki taksonomik çeşitlilik hesabı farklı bir yaklaşımla gerçekleşmektedir. Dolayısıyla onların yaklaşımı eleştiri konusu değildir. Zira onların yaklaşımı burada açıklanmaya çalışılan konu ile alakalı değildir.

Özetlersek, Shannon Entropisi taksonomik seviyelerin bağımsızlığı temelinde taksonomik çeşitlilik hesabı için uygun bir eşitlik değildir. Uygun olan entropik eşitlik Dempster-Shafer Delil Teorisi'nin ölçümlerinden biri olan Deng Entropisi'dir. Zira Deng Entropisi'nde $|F_i|$ 'nin varlığı sayesinde sadeleşme hızının tespit etmek mümkün olmaktadır. Şöyle ki;

A ve B toplumlarının cins seviyelerinde Deng Entropi değerleri sırası ile $A_{Ed_G} = 3,8066$ ve $B_{Ed_G} = 2,1972$ olduğundan A ve B toplumlarının tür seviyesinden cins seviyesine çıkarken sadeleşme hızları sırası ile 3,8066 ve 2,1972 olmaktadır. Bir seviye için sadeleşme hızının yüksek olması tabana göre o oranda çeşitliliğin düşük olduğu anlamına gelmektedir. O halde sadeleşme hızı üstünden ilgili seviyenin gerçekteki çeşitlilik değerini bulmak için tabandaki yani tür seviyesindeki Deng Entropi değerini kullanmak gerekmektedir. Daha önceden de bahsedildiği üzere, tür seviyesinde Deng Entropi değeri Shannon Entropi değerine eşittir. Çünkü tür seviyesinde $\forall |F_i| = 1$ olmaktadır. Bu yüzden A ve B toplumunun tür seviyesindeki Deng Entropi değerleri sırası ile $A_{Ed_S} = 2,4849$ ve $B_{Ed_S} = 1,7917$ ve toplumların familia

seviyelerinde tek bir düğüm olduğu için $A_{Ed_F} = B_{Ed_F} = 0$ olur.

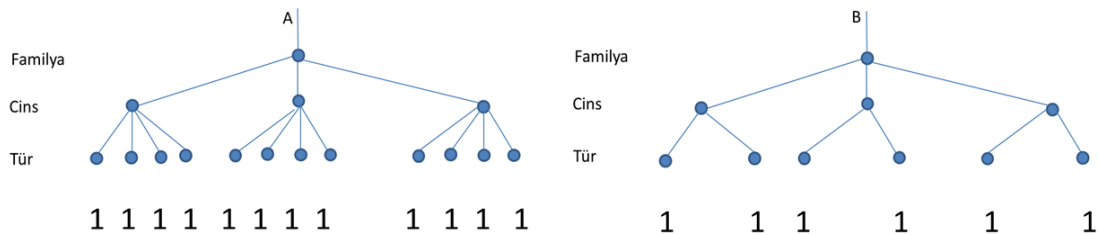
A toplumunda cins seviyesindeki sadeleşme hızının üstel değeri tür seviyesindeki Deng Entropi değerinin üstel değerine bölüldüğünde 0,2667 değerine ulaşılır. Bu değer tür seviyesindeki $e^{Ed_S} = 12$ değerine göre cins seviyesindeki $e^{Ed_G} = 45$ değerinin standart karşılığıdır. O yüzden bu değeri yine tabanın e^{Ed_S} değeri ile çarpmak gerekmektedir. Bu çarpım 3,2 değerine karşılık geldiğinden cins seviyesi için en son değer $3,2 + 1 = 4,2$ olmaktadır.

Tür seviyesinde $\frac{e^{Ed_S}e^{Ed_S}}{e^{Ed_S}} + 1 = e^{Ed_S} + 1 = 12 + 1 = 13$ olduğundan, $\forall w_i = 1$ kabulü ile A toplumunun taksonomik çeşitlilik/mesafe değeri, $A_{uT_0^+} = \ln(13 \times 4,2) = \ln(54,6) = 4,00003$ değerine eşit olur. B toplumu için aynı yolla hesaplar yapıldığında $B_{uT_0^+} = \ln(7 \times 5) = \ln(35) = 3,5554$ değeri elde edilir. Deng Entropisi'ne dayalı taksonomik çeşitlilik/mesafe hesabından da görüleceği üzere A toplumunun çeşitliliği B toplumundan yüksektir. Ancak bu yaklaşımda A ve B toplumu arasındaki çeşitlilik değer farkı, sadeleşme hızı hesaba girdiği için Shannon Entropisi ile çıkan fark değerinden daha düşüktür. Deng Entropisi'ne dayalı hesaplarda A toplumunun çeşitliliği ile B toplumunun çeşitliliği arasındaki fark $4,00003 - 3,5554 = 0,4446$ iken Shannon Entropisi'ne dayanan hesaplarda fark $3,5835 - 2,8903 = 0,6931$ çıkmaktadır.

Deng Entropisi'ne dayalı taksonomik çeşitlilik hesabında A ve B toplumu arasındaki çeşitlilik farkının daha düşük çıkması sadeleşme hızı kavramının aktif hale gelmesi sebebiyle A toplumunun cins seviyesindeki çeşitlilik değerinin 4,2 çıkmasına karşın B toplumunda bu değer 5 çıkmasıdır. Açık ki, her iki toplumun taksonomik ağaçlarında cins seviyesine odaklanıldığında net olarak görüleni hesabına yansıtan Deng Entropisi'ne dayalı taksonomik çeşitlilik eşitliği olmaktadır.

2. Rényi Entropisi, Tsallis Entropisi ve Kanadankis Entropisi gibi birçok farklı yaklaşımla Shannon Entropisi geliştirilebilmektedir. Bu Shannon Entropisi adına çok önemli bir avantajdır. Ancak Shannon Entropisi'nin bu avantajı Deng Entropisi'ne üstünlük sağlamaz. Çünkü Deng Entropisi'de Shannon Entropisi'nin geliştirilebildiği tüm yaklaşımla geliştirilebilir.

3. Deng Entropisi'nin farklı amaçlara yönelik olarak geliştirilmiş iki formu bulunmaktadır. Bunlar geliştirilmiş Deng Entropisi ve ağırlıklı Deng Entropisi'dir. Taksonomik çeşitlilik hesabında bu eşitliklerin Deng Entropisi yerine kullanılması düşünülebilir ve düşük bir ihtimal de olsa, bu eşitliklere dayanan taksonomik çeşitlilik ölçümü ile Deng Entropisi'ne dayanan taksonomik çeşitlilik ölçümü kadar etkili veya daha verimli sonuçlar alınabilir.



Şekil 3. Sadeleşme hızı hesabına yönelik iki hipotetik toplum verisi

4. Deng Entropisi iki parçalı yapıya sahip olduğundan gelişimlere açıktır. Bundan dolayı belki gelecekte Deng Entropisi'nin tür çeşitliliği veya taksonomik çeşitliliği doğrudan ve daha güçlü bir şekilde ifade etmesine yönelik modifikasyonlar gerçekleştirilebilir ve bu modifikasyonlar sapma düzeltme ve genelleştirme eklentileri ile çeşitlendirilebilir.

5. Yeni önerilen eşitlik ile taksonomik çeşitlilik hesabı neden dilimlemeye dayanıyor?

Yeni önerilen eşitlik ile taksonomik çeşitlilik hesabında oransal değerler yerine dilimleme ile işlemlerin yapılmasının iki sebebi vardır.

1. Yeni önerilen eşitlikle dilimleme yerine doğrudan oransal değerler kullanılarak hesaplama işine girilir ise bu durumda her zaman $T_o^+ \geq T_o$, $uT_o^+ \geq uT_o$ şartları sağlanamaz. Bu şartların sağlanmadığı bir eşitlikte doğal olarak geçerli kabul edilemez. Kısaca dilimleme bir tercih değil mecburiyettir.

2. Dilimleme tür sayılarının veya frekans değerlerin hesaba aktarılması açısından bir avantaj sağlar. Böylece tür içi çeşitliliğin hesaba yansımaları yönündeki düşünce aktif hale geçmiş olur. Ancak dilimleme negatif sapmaya çözüm bulmaz. Ne var ki bu çalışma da indirgenmiş Shannon Entropisi'ne dönüşen bir entropik formula hareket edildiği için, yeni önerilen eşitlik negatif sapmayı giderici modifikasyonlar yapmak mümkündür. Böyle bir modifikasyon için hangi negatif sapma algoritma ya da algoritmalarının kullanılabileceği sorusuna genelleştirme kapsamında düşünülecek cevap vermek gerekir. Sapma düzeltme konusunda farkı kabuller ile birçok algoritma geliştirilmiş olup, bu konunun ayrı bir çalışma ile incelenmesi gerekmektedir.

6. Yeni önerilen eşitliğin formülasyon yapısına yönelik detaylı açıklamalar: Neden üstel değer hesabı? Neden +1 eklentisi? Ve $nod_{i>1} > 1$ ne anlama gelir?

İki entropi değerinin birbiri ile kıyaslanmasında; logaritmik değerler kullanıldığında çıkartma, üstel değerler kullanıldığında bölme işlemi kullanılır.

Yeni önerilen eşitlikte görüleceği üzere logaritmik değil üstel değerler ile hesaplama gerçekleştirilmektedir. Eşitlikte işlem ile asıl olarak elde edilen en son değer üstel değerdir. Eşitlikte parantez dışındaki "ln" sadece işlemin bitiminde elde edilen üstel değer için doğal logaritmasını ifade etmektedir. Diğer bir deyişle parantez dışındaki "ln" ana işlemin sonucuna uygulanmaktadır. Kısaca işlem bitmiştir ve parantez dışındaki "ln" sadece ilgili değeri sıkıştırma işini yapmaktadır.

Yeni önerilen taksonomik çeşitlilik ölçümünde neden doğrudan logaritmik değerler ile hesap yapılmadığı, bunun yerine neden üstel değerlerin bölünmesi ve +1 eklemesinin yapıldığı sorusuna gelelim. Bu soruyu bir matematiksel birde felsefi açıdan cevaplamak gerekir.

Matematiksel açıdan cevabı şu şekilde verebiliriz.

Eğer tür seviyesinin üst seviyelerinden birinde sadeleşme çok hızlı olur ise, üsteki sadeleşme hız değeri sebebiyle bu seviyedeki entropi değeri tabanın (tür seviyesinin) entropisinden çok daha yüksek çıkabilir ve bu durumda tabana ait entropi değerinin üst seviye entropi değerinden çıkartılması sonucu negatif bir entropik değer ile

karşılaşılabılır. Bu durumda bütün entropik değerlerin toplamı ile her kompleks için olmasa da bazı kompleksler için negatif bir entropi değeri elde edilebilir. Böyle bir sonuç taksonomik çeşitliliği ifade etmez. Bu sebepten işlem doğrudan logaritmik değerler ile gerçekleştirilemez.

Negatif logaritmik değer, gerçekte negatif bir değer değildir. Zira onun üstel değeri gerçek değeri verir ve bu değer her zaman pozitif bir sayıdır. Ancak negatif logaritmik değerlerin gerçek değeri 0 ile 1 arasında bir değere denk gelmektedir. Böyle bir değer kendinden önceki çarpım veya çarpımların değerini düşürerek bizi yanlışa götürür. İşte bu yüzden logaritmik değerler üstel değerlere çevrilmeli ve bu çevrilmiş değerlerin her birine +1 eklemesi yapılmalıdır. Böylece taksonomik çeşitlilik hesabı sağlam ve doğru bir temele dayandırılmış olur.

Felsefi açıdan cevabı ise şu şekildedir;

Bir komplekste eğer hiç tür yok ise bu komplekste logaritma hesabı yapılamaz.

O halde böyle bir kompleks için hücre değeri atamasını nasıl yapabiliriz?

Hiç tür içermeyen bir kompleks için ayrılmış hücreye bir değer atayamazsak matris çöker.

Demek ki mecburen -matrisin çökmemesi için- hiç tür içermeyen komplekse sayısal bir atama yapmamız gerekir.

Hiç tür içermeyen komplekse sıfır "0" değeri ataması yapabilir miyiz? Bu soruya cevap vermek için iki farklı sorunun cevaplandırılması gerekmektedir. O sorular şunlardır;

1. Eğer hiç tür içermeyen bir kompleks için logaritmik işlem yapılamaz ise ve bu komplekse buna rağmen "0" değeri atanırsa, o zaman tek bir türün olduğu komplekse hücre değerine yapılan sıfır "0" atamasından sıfır "0" tür içeren kompleksi nasıl ayıracağız?

2. Eğer hiç tür içermeyen ve tek tür içeren kompleksin farkını sayısal olarak ifade edemezsek, bu durumda farkın çok küçük olduğunu gerekçe göstererek hiç tür içermeyen ve tek tür içeren kompleksin birbirlerinden farkını ihmal etme yolunu tercih edebilecek miyiz?

Önce ikinci sorunun cevabını verelim.

Eğer işleme aldığımız komplekslerin hepsi tür içeriyor ise, hiç tür içermeyen kompleks kavramı düştüğünden zaten ikinci sorunun cevabını aramak anlamsız olur. Kavram aktif olduğunda yani hesaba alınan kompleksler içinde tür barındırmayan kompleksler var ise bu durumda; bu komplekslerin sayısı yüksek olsa bile tüm komplekslerin birbirlerine göre sıralaması bakımından kaynaklanacak hata ihmal edilebilecek kadar ufak bir sapmaya denk gelmektedir. Bu ufak fark tüm komplekslerin karşılaştırılmasında sonucu önemle etkilemeyecektir. Bu yüzden bu fark görmezlikten gelenebilecek kadar ufak bir sorun olarak düşünülebilir. Böyle bir düşünce ile hareket edildiğinde $nod_i > 1$ şartı ile hareket etmek yeterli olacaktır. Ancak böyle bir düşünce ile işlemlere girişmek temelde doğru değildir, felsefi açıdan bir sorundur. Zira bu ihmal matrisi çökertmez ama mantığı çökertir.

Hem matrisi hem de mantığı çökertmeyecek bir çözüm nasıl bulunur?

Bu sorunun cevabını vererek aynı zamanda birinci sorunun cevabını vermiş oluyoruz. Şöyle ki;

Basitçe cevap bütün komplekslerdeki hiyerarşik seviyelere $nod_{i>1} > 1$ şartına bağlı kalarak +1 ataması yapmak ve böylece hiç tür içermeyen kompleksin taksonomik çeşitliliğini "0" ile ifade etmek şeklindedir.

Böylece tek bir türün olduğu bir kompleks işleme alındığında sonuçta sıfır "0" değerinden farklı bir logaritmik değer elde edilebilmektedir. Tek tür içeren kompleksler için sadece tür seviyesinde hesap yapıldığından elde edilen değer $\ln(2)$ 'ye eşit olmaktadır. Zira $nod_{i>1} > 1$ tür seviyelerinin üstündeki tek düğüm içeren tüm seviyeler için işlemin sonlandırılması gerektiği anlamına gelmektedir. Haliyle matraste "0" değeri hiç tür içermeyen komplekse kalmaktadır. +1 eklentisi, temelde bir kompleks hiçbir tür içermese dahi onun canlılar için her zaman bir potansiyele sahip olduğu kabulüne dayanmaktadır. Kısaca +1 eklentisi **menşei** ifade etmektedir. Aristoteles'in gayecilik prensibi temelinde kendi örneğimize atfen açıklarsak; Gaye nihayi sonuçtur yani canlıdır. Bu yüzden menşei gaye değildir. **Menşei çevredir (aslen bizim örneğimize göre bir komplekstir)**. Hiç tür içermeyen komplekste faili neden gerçekleşmediğinden şekilsel neden de gerçekleşmemiştir. Şekilsel neden gerçekleştiğinde faili neden gerçekleşmiş olacağından haliyle gaye gerçekleşmiş olur. Demek ki **çevre** canlının var olmasındaki **maddi** nedendir. Hiç tür içermeyen komplekse atfen; bir neden (o ilk neden olan maddi nedendir) gerçekleşmiş ise gaye için yola çıkmış demektir. Bu yüzden yeni önerilen eşitlikteki +1 eklentisi potansiyeli gösteren bir gerçektir. Canlı içeren komplekslerde ise +1 eklentisi gayenin gerçekleştiği ama nihayete ermediği anlamına gelir. Yani aslen her kompleksin en son hali potansiyelinin altındadır. Bahsi geçen bu kabul alansal sınırlamadan kaynaklandığı düşünülmesi ile tasarlanmış olsa da negatif sapmayı düzeltme eşitliklerinin temel kabulü ile aynı noktaya çıkmaktadır. Sapma düzeltme eşitliklerinin temel dayanağı; "bir alanı temsilen gerçekleştirilen envanter genelde o alanı tam anlamı ile tanımlayamaz" şeklindeki kabule dayanmaktadır. Bu kabule göre hemen her envanter çalışmasında bir eksiklik vardır ve bu eksiklikten kaynaklanan az veya çok bir negatif sapma değeri hasil olmaktadır. Yani bir envanterle elde edilen bilgi x ise ve sapma y ise o envanter için tam bilgi $x + y$ 'dir. O kadar...

7. Sonuç ve tartışma

Bu makalede taksonomik çeşitliliği ve taksonomik mesafeyi ölçmek için yeni bir ölçüm (pT_0) önerilmiştir. Yeni önerilen ölçümün formülasyon yapısına değinilmiş, içerdiği terimlerin ne anlama geldiği açıklanmıştır. Akdeniz Bölgesi'nde bulunan Yazılı Kanyon Milli Parkı'ndan 8 ekolojik kompleks verisi kullanılarak yeni önerilen indeksin bileşenleri hesaplanmış, hesap sonuçları korelasyon analizi sonuçları ile birlikte mütalaa edilerek tartışılmıştır.

Ekolojik kompleks örneklerine göre yeni önerilen ölçümün (pT_0) bileşenlerinin birbirlerini tanımlama özelliği yanında farklılıklara da sahip olduğu belirlenmiştir. Bu bağlamda T_0 , uT_0 , T_0^+ ve uT_0^+ ile sembolize edilen pT_0 bileşenleri sırası ile ağırlıklı taksonomik çeşitlilik ölçümü, ağırlıksız taksonomik çeşitlilik ölçümü, ağırlıksız taksonomik mesafe ölçümü ve ağırlıksız taksonomik mesafe ölçümü şeklinde isimlendirilmiştir.

Yeni önerilen indeks modifikasyonlara veya gelişmelere açıktır. Yeni önerilen ölçümde bulunan $(n_s - n_k)$ ve w_i sırası ile $(n_s - n_k)^a$ ve w_i^b olarak ifade edilebilir ve böylece eşitlik esnek bir forma yükseltgenabilir. Bundan öte yeni önerilen ölçüme sapma düzeltme eşitliğinin eklenebilmesi sağlanabilir ve daha da önemlisi onun

genelleştirilmiş forma dönüştürülmesi mümkün kılınabilir. Hatta bu eklentilerin hepsi tek bir eşitlikte bile yer alabilir. Ancak bütün bunlar için bu makale ile önerilen eşitliğin diğer çeşitlilik indekslerini de hesaba katarak çok sayıda ve farklı yapıdaki veriler ile sınanması gerekmektedir. Eğer sapma düzeltme ve genelleştirme -ve çok gerekli olmasa da esneklik- eklentileri ile yeni önerilen eşitlik beklentiye cevap verebilecek nitelikte olur ve büyük veri matrislerini analiz edecek şekilde yazılımı gerçekleştirilebilir ise, onun diğer taksonomik çeşitlilik eşitliklerinden daha fazla tercih edilmesi ve hatta ekoloji alanı dışındaki hiyerarşik yapıları verilerin çözümleri ile uğraşan başka disiplinler tarafından kullanılması da mümkün olabilir.

Kaynaklar

- Clarke, K.R., Warwick, R.M., 1998. A taxonomic distinctness index and its statistical properties. *Journal of Applied Ecology*, 35(4): 523-531.
- Deng, Y., 2016. Deng entropy. *Chaos, Solitons & Fractals*, 91: 549-553.
- Faith, D.P., 1992. Conservation evaluation and phylogenetic diversity. *Biological Conservation*, 61(1): 1-10.
- Mert, A., Özkan, K., 2017. Studies on taxonomic diversity of plant communities and modeling its potential distribution in Yazılı Canyon Nature Park, Turkey. *Journal of Environmental Biology*, 38(6): 1267-1274.
- Özkan, K., 2016. Biyolojik Çeşitlilik Bileşenleri (α , β ve γ) Nasıl Ölçülür? Süleyman Demirel Üniversitesi, Orman Fakültesi Yayın No: 98, ISBN: 976-9944-452-89-2, Isparta.
- Özkan, K., Süel, H., 2008. Endemic plant species in a karstic canyon (Mediterranean Region, Turkey): Relation to relief and vegetation diversity. *Polish Journal of Ecology*, 56(4): 709-715.
- Özkan, K., Mert A., Şenol A., Özdemir S., 2018. *Macrotakdivozkan*, <http://www.kantitatifekoloji.net/takdivozkan>
- Peet, R.K., 1974. The measurement of species diversity. *Annual Review of Ecology and Systematics*, 5: 285-307.
- Pielou, E.C., 1975. *Ecological Diversity*. Wiley, Newyork.
- Rao, C.R., 1982. Diversity and dissimilarity coefficients: A unified approach. *Theoretical Population Biology*, 21(1): 24-43.
- Ricotta, C., Avena, G.C., 2003. An information-theoretical measure of taxonomic diversity. *Acta Biotheoretica*, 51(1): 35-41.
- Shannon, C.E., 1948. A mathematical theory of communication. *The Bell System Technical Journal*, 27: 379-423.
- Simpson E.H., 1949. Measurement of diversity. *Nature*, 163: 688.
- Vane-Wright R.I., Humphries C.J., Williams P.H., 1991. What to protect?—Systematics and the agony of choice. *Biological Conservation*, 55(3): 235-254.
- Warwick, R.M., Clarke K.R., 1995. New "biodiversity" measures reveal a decrease in taxonomic distinctness with increasing stress. *Marine Ecology Progress Series*, 129: 301-305.
- Westhoff, V., Van Der Maarel, E., 1973. The Braun-Blanquet Approach. In: R.H. Whittaker (Ed.), *Handbook of Vegetation Science 5: Ordination and classification of communities*. Junk, The Hague, Netherland, pp. 617-726.

Ek bilgiler:

pT_0 bileşenlerinin hesabı için hazırlanan makro program ve özellikleri

Hazırlanan makro program “**takdivozkan**” ismi ile <http://www.kantitatifekoloji.net/takdivozkan> adresinden indirilebilir. Program açıldığında ekran görüntüsü Ek Şekil 1’deki gibidir.

Programı çalıştırmadan önce verinin hazırlanması, sayısal hale getirilmesi ve bunun girişinin yapılması gerekmektedir. Verinin hazırlanması ve sayısal hale getirilmesine yönelik Microsoft Excel’de hazırlanmış hipotetik bir kompleks örneği Ek Şekil 2’de gösterilmiştir.

Veri hazırlandıktan sonra, “**VERİ MATRİSİ EKLE**” butonuna basılır, daha sonra açılan Microsoft Excel sayfasında komplekste bulunan türlerin ait sayısal değerleri içeren veri (Matris B) girişi gerçekleştirilir (Ek Şekil 3).

Veri girişi tamamlandıktan sonra “**ANASAYFA**” yazan butona daha sonra “**HESAPLA**” butonuna basılır ve ilgili örnek alanın, birimin veya kompleksin pT_0 bileşenlerine ait sonuçlar elde edilir (Ek Şekil 4). Her bir örnek alan, birim veya kompleks için aynı işlemler gerçekleştirilir ve her işlem sonucu elde edilen sonuçlar başka bir dosyaya kaydedilir. Yeni bir kompleks için işlem yapılmadan önce “**VERİ MATRİSİNİ TEMİZLE**” butonuna basılması gerektiği unutulmamalıdır.

Program kısıtları: Programda veri girişi 200 tür ile sınırlıdır. Programda her bir örnek alan, birim veya kompleks ayrı olarak analiz edilmektedir. Türlerin ait girilecek frekans veya bolluk verilerinden dönüştürülmüş değerler “0-9” arasında tam sayı değerleri şeklinde olmalıdır. Program “9” değerinden daha yüksek frekans değerlerini “9” değeri olarak tanımaktadır. Zira programda maksimum dilimleme sayısı türlerin kaplama alanına dayalı vejetasyon verilerinin Westhoff ve Van Der Maarel (1973)’e göre dönüştürülmüş değerlerinden maksimum değerine denk gelen sayı ile sınırlandırılmıştır.

Matris A							
Tür	Cins	Familya	Takım	Sınıf	Şube	Alem	frekans
DAP.SER.	Daphne	Thymelaeaceae	Myrtales	Magnoliopsida	Magnoliophyta	Plantae	5
FIC.CAR	Ficus	Moraceae	Urticales	Magnoliopsida	Magnoliophyta	Plantae	1
FON.PHI	Fontanesia	Oleaceae	Scrophulariales	Magnoliopsida	Magnoliophyta	Plantae	2
LON.ETRI	Lonicera	Caprifoliaceae	Dipsacales	Magnoliopsida	Magnoliophyta	Plantae	2
MELOFF	Melissa	Labiatae	Polemniales	Magnoliopsida	Magnoliophyta	Plantae	3
PHY.LAT	Phyllirea	Oleaceae	Scrophulariales	Magnoliopsida	Magnoliophyta	Plantae	7
PIN.BRU	Pinus	Pinaceae	Pinnales	Magnoliopsida	Magnoliophyta	Plantae	4
PIS.TER	Pistacia	Anacardiaceae	Sapindales	Magnoliopsida	Magnoliophyta	Plantae	2
QUE.COC	Quercus	Fagaceae	Fagales	Magnoliopsida	Magnoliophyta	Plantae	6

Matris B							
Tür	Cins	Familya	Takım	Sınıf	Şube	Alem	frekans
1	1	1	1	1	1	1	5
2	2	2	2	2	1	1	1
3	3	3	3	3	1	1	2
4	4	4	4	4	1	1	2
5	5	5	5	5	1	1	3
6	6	6	6	6	1	1	7
7	7	7	7	7	1	1	4
8	8	8	8	8	1	1	2
9	9	9	9	9	1	1	6

Ek Şekil 2. Bir komplekste bulunan türler, onların Linnean sınıflandırmadaki konumları ve frekans değerleri (Matris A) ve bunların pT_0 bileşenlerine yönelik hesaplar için sayısal değerler olarak ifadesi (Matris B)

Ek Şekil 3. **takdivozkan** makro program veri giriş alanı

Ek Şekil 1. **takdivozkan** makro program açılış menüsü

Ek Şekil 4. **takdivozkan** makro program çıktıları

Ek Çizelge 1. Tür kodları, türlerin taksonomik sıralardaki konumları ve komplekslerde türlerin dönüştürülmüş değerlerinin dağılımı

Tür Kodu	Cins	Familiya	Takım	Sınıf	Şube	Alem	K1	K2	K3	K4	K5	K6	K7	K8
ACE.HYR.1	Acer	Aceraceae	Sapindales	Magnoliopsida	Magnoliophyta	Plantae								1
AJU.CHA1	Ajuga	Lamiaceae	Lamiales	Liliopsida	Magnoliophyta	Plantae	2							
ALC.CAL	Alcea	Malvaceae	Malvales	Magnoliopsida	Magnoliophyta	Plantae	2				2			
ALK.INC	Alkanna	Boraginaceae	Lamiales	Liliopsida	Magnoliophyta	Plantae	2			2	2			
ALL.MYR.	Allium	Liliaceae	Liliales	Liliopsida	Magnoliophyta	Plantae					2			
ALN.ORI.1	Alnus	Betulaceae	Fagales	Magnoliopsida	Magnoliophyta	Plantae				6				7
AMP.ORI	Ampelopsis	Vitaceae	Rhamnales	Magnoliopsida	Magnoliophyta	Plantae	2							
AMY.ORI	Amygdalus	Rosaceae	Rosales	Magnoliopsida	Magnoliophyta	Plantae			3					
ARB.AND	Arbutus	Ericaceae	Ericales	Magnoliopsida	Magnoliophyta	Plantae							3	
ART.VUL	Artemisia	Asteraceae	Asterales	Magnoliopsida	Magnoliophyta	Plantae						2		
ARU.DIO1	Arum	Araceae	Arales	Liliopsida	Magnoliophyta	Plantae	3			3	3			
ASP.ACU	Asparagus	Liliaceae	Liliales	Liliopsida	Magnoliophyta	Plantae	1	2	1		2			
BRI.MAX.	Briza	Poaceae	Cyperales	Liliopsida	Magnoliophyta	Plantae					2			
BRY.CRE.	Bryonia	Cucurbitaceae	Cucurbitales	Magnoliopsida	Magnoliophyta	Plantae					2			
CAM.DEL .	Campanula	Campanulaceae	Campanulales	Magnoliopsida	Magnoliophyta	Plantae	3			2	2			
CAR.PYC1	Carduus	Asteraceae	Asterales	Magnoliopsida	Magnoliophyta	Plantae	3				2			
CEP.RUB	Cephalanthera	Orchidaceae	Asparagales	Liliopsida	Magnoliophyta	Plantae		2						
CEP.DIP.	Cephalaria	Dipsacaceae	Dipsacales	Magnoliopsida	Magnoliophyta	Plantae					2			
CERC.SIL	Cercis	Fabaceae	Fabales	Magnoliopsida	Magnoliophyta	Plantae	2			2				
CET.OFF	Ceterach	Aspleniaceae	Polypodiales	Filicopsida	Pteridophyta	Plantae		2						
CHE.FRA	Cheilanthes	Sinopteridaceae	Filicales	Magnoliopsida	Magnoliophyta	Plantae	2							
CLE.FLA	Clematis	Ranunculaceae	Ranunculales	Magnoliopsida	Magnoliophyta	Plantae	2							
COL.CIL	Colutea	Fabaceae	Fabales	Magnoliopsida	Magnoliophyta	Plantae		2			3			
CRE.MON	Creatagus	Rosaceae	Rosales	Magnoliopsida	Magnoliophyta	Plantae				1				
CRE.sp.	Crepis	Asteraceae	Asterales	Magnoliopsida	Magnoliophyta	Plantae			2		2			
CYN.CRE	Cynoglossum	Boraginaceae	Lamiales	Liliopsida	Magnoliophyta	Plantae	2				2			
DAP.GNI	Daphne	Thymelaeaceae	Myrtales	Magnoliopsida	Magnoliophyta	Plantae	2		2					
DAP.SER.	Daphne	Thymelaeaceae	Myrtales	Magnoliopsida	Magnoliophyta	Plantae	3	2	3	1	3		1	2
DRA.VUL	Dracunculus	Araceae	Arales	Liliopsida	Magnoliophyta	Plantae	2							
DRY.PAL	Dryopteris	Aspidiaceae	Aspidiales	Filicopsida	Pteridophyta	Plantae	2	2	2	2			2	
ECH.VIS	Echinops	Asteraceae	Asterales	Magnoliopsida	Magnoliophyta	Plantae		2						
ERY.CAM.1	Eryngium	Apiaceae	Apiales	Liliopsida	Magnoliophyta	Plantae							2	
EUP.CHA1	Euphorbia	Euphorbiaceae	Euphorbiales	Magnoliopsida	Magnoliophyta	Plantae	3		3	2	3	2		2
FES. sp.	Festuca	Poaceae	Cyperales	Liliopsida	Magnoliophyta	Plantae			2			2		
FIC.CAR	Ficus	Moraceae	Urticales	Magnoliopsida	Magnoliophyta	Plantae	1		3	2				
FON.PHI	Fontanesia	Oleaceae	Scrophulariales	Magnoliopsida	Magnoliophyta	Plantae	2							
GAL sp.	Galium	Rubiaceae	Rubiales	Magnoliopsida	Magnoliophyta	Plantae	2							
GYP sp.	Gypsophila	Caryophyllaceae	Caryophyllales	Magnoliopsida	Magnoliophyta	Plantae	3	2	2	2	2			
HEL.PAM	Helichrysum	Asteraceae	Asterales	Magnoliopsida	Magnoliophyta	Plantae			1					
HYP.LAN1	Hypericum	Hypericaceae	Malpighiales	Magnoliopsida	Magnoliophyta	Plantae	2		2					
INU.HET	Inula	Asteraceae	Asterales	Magnoliopsida	Magnoliophyta	Plantae			2					
JAS.FRU	Jasminium	Oleaceae	Scrophulariales	Magnoliopsida	Magnoliophyta	Plantae						3		
JUN.sp.	Juncus sp.	Juncaceae	Juncales	Liliopsida	Magnoliophyta	Plantae								3
JUN.EXC	Juniperus	Cupressaceae	Pinales	Magnoliopsida	Magnoliophyta	Plantae					3	5		
KNA.INT1	Knautia	Dipsacaceae	Dipsacales	Magnoliopsida	Magnoliophyta	Plantae	2				2			
LAG.CUM.	Lagoecia	Apiaceae	Apiales	Liliopsida	Magnoliophyta	Plantae					2			
LAM.CYN	Lamyropsis	Asteraceae	Asterales	Magnoliopsida	Magnoliophyta	Plantae		2	2		2			
LAU.NOB.	Laurus	Lauraceae	Laurales	Magnoliopsida	Magnoliophyta	Plantae					3			
LEG.FAL	Legousia	Campanulaceae	Campanulales	Magnoliopsida	Magnoliophyta	Plantae					2			
LEO sp.	Leontodon	Asteraceae	Asterales	Magnoliopsida	Magnoliophyta	Plantae			2		2			
LIM.ABO	Limodorum	Orchidaceae	Asparagales	Liliopsida	Magnoliophyta	Plantae		2						
LON.ETR1	Lonicera	Caprifoliaceae	Dipsacales	Magnoliopsida	Magnoliophyta	Plantae	2			2	3			
MEL.OFF	Melissa	Labiatae	Polemoniales	Magnoliopsida	Magnoliophyta	Plantae	3	2		2	2			
MEN.OLE.1	Mentha	Lamiaceae	Lamiales	Liliopsida	Magnoliophyta	Plantae								3
MYR.COM.	Myrtus	Myrtaceae	Myrtales	Magnoliopsida	Magnoliophyta	Plantae						3		
NER.OLE.	Nerium	Apocynaceae	Gentianales	Magnoliopsida	Magnoliophyta	Plantae				5			7	3
OLE.EUR.1	Olea	Oleaceae	Scrophulariales	Magnoliopsida	Magnoliophyta	Plantae					6	2	1	2
OLE.EUR.2	Olea	Oleaceae	Scrophulariales	Magnoliopsida	Magnoliophyta	Plantae	1							
ORC.MAS	Orchis	Orchidaceae	Asparagales	Liliopsida	Magnoliophyta	Plantae			1					
ORI.MIN	Origanum	Lamiaceae	Lamiales	Liliopsida	Magnoliophyta	Plantae					2			
ORI.ONI	Origanum	Lamiaceae	Lamiales	Liliopsida	Magnoliophyta	Plantae	3	2		2	2	1		
ORN.ARM	Ornithogalum	Liliaceae	Liliales	Liliopsida	Magnoliophyta	Plantae	2							
PAL.SPI	Palirus	Rhamnaceae	Rhamnales	Magnoliopsida	Magnoliophyta	Plantae	1			3				2
PAP.GRA.	Papaver	Papaveraceae	Papaverales	Magnoliopsida	Magnoliophyta	Plantae					2			
PAP.sp.	Papaver	Papaveraceae	Papaverales	Magnoliopsida	Magnoliophyta	Plantae	2				2			
PHL.GRA	Phlomis	Lamiaceae	Lamiales	Liliopsida	Magnoliophyta	Plantae	6	3	3	2	3	2		
PHL.LEU	Phlomis	Lamiaceae	Lamiales	Liliopsida	Magnoliophyta	Plantae	2	2	2	2	2	2		
PHY.LAT	Phyllirea	Oleaceae	Scrophulariales	Magnoliopsida	Magnoliophyta	Plantae	7				3	7		1
PIC.ACA	Picnomon	Asteraceae	Asterales	Magnoliopsida	Magnoliophyta	Plantae		2	2					
PIN.BRU	Pinus	Pinaceae	Pinales	Magnoliopsida	Magnoliophyta	Plantae	4	8	8				3	
PIS.TER	Pistacia	Anacardiaceae	Sapindales	Magnoliopsida	Magnoliophyta	Plantae	2	4	4	3	2	3		
PLA.ORI.	Platanus	Platanaceae	Proteales	Magnoliopsida	Magnoliophyta	Plantae				7				5

Tür Kodu	Cins	Familya	Takım	Sınıf	Şube	Alem	K1	K2	K3	K4	K5	K6	K7	K8
PTI.CHA	Ptilostemon	Asteraceae	Asterales	Magnoliopsida	Magnoliophyta	Plantae			2		2			
QUE.COC	Quercus	Fagaceae	Fagales	Magnoliopsida	Magnoliophyta	Plantae	6	3	5	3	5		1	2
ROS.sp.	Rosularia	Crassulaceae	Rosales	Magnoliopsida	Magnoliophyta	Plantae	2							
RUS.ACU1	Ruscus	Liliaceae	Liliales	Liliopsida	Magnoliophyta	Plantae	3	3	5	2	2	3		
SAL.TOM	Salvia	Lamiaceae	Lamiales	Liliopsida	Magnoliophyta	Plantae			3					
SCR.PIN	Scrophularia	Scrophulariaceae	Scrophulariales	Magnoliopsida	Magnoliophyta	Plantae					2	2		
SEN.VER	Senecio	Asteraceae	Asterales	Magnoliopsida	Magnoliophyta	Plantae	2							
SIL.AEG1	Silene	Caryophyllaceae	Caryophyllales	Magnoliopsida	Magnoliophyta	Plantae	3		2					
SMI.ASP	Smilax	Liliaceae	Liliales	Liliopsida	Magnoliophyta	Plantae	3	2	3	2			2	
STA.ANT	Stachys	Lamiaceae	Lamiales	Liliopsida	Magnoliophyta	Plantae	3			2	2			
STA.CRE.1	Stachys	Lamiaceae	Lamiales	Liliopsida	Magnoliophyta	Plantae								2
STY.OFF	Styrax	Styracaceae	Ebenales	Magnoliopsida	Magnoliophyta	Plantae		1	3	2		2		
SYM.BRA.	Symphytum	Boraginaceae	Lamiales	Liliopsida	Magnoliophyta	Plantae					2			2
TAM.COM.1	Tamus	Dioscoreaceae	Liliales	Liliopsida	Magnoliophyta	Plantae					2			
TEU.POL	Teucrium	Lamiaceae	Lamiales	Liliopsida	Magnoliophyta	Plantae			2		2			
THA.ORI	Thalictrum	Ranunculaceae	Rhamnales	Magnoliopsida	Magnoliophyta	Plantae			2	2				
THY.TAR	Thymelaea	Thymelaeaceae	Myrtales	Magnoliopsida	Magnoliophyta	Plantae	3	2	3		3			
TOR.APU	Tordylium	Apiaceae	Apiales	Liliopsida	Magnoliophyta	Plantae	2			2				
TRI.ANG1	Trifolium	Fabaceae	Fabales	Magnoliopsida	Magnoliophyta	Plantae				2				
UMB.RUP	Umbilicus	Crassulaceae	Rosales	Magnoliopsida	Magnoliophyta	Plantae	2				2			
VER.SIN	Verbascum	Scrophulariaceae	Scrophulariales	Magnoliopsida	Magnoliophyta	Plantae	3							
VER.sp.	Verbascum	Scrophulariaceae	Scrophulariales	Magnoliopsida	Magnoliophyta	Plantae					2			
VIT.VIN	Vitis	Vitaceae	Rhamnales	Magnoliopsida	Magnoliophyta	Plantae	2							
XAN.SPI	Xanthium	Asteraceae	Asterales	Magnoliopsida	Magnoliophyta	Plantae		2	2					