KORUNAN DOĞAL ALANLARDA BİTKİ TÜRÜ ÇEŞİTLİLİĞİNİN BELİRLENMESİNDE KULLANILABİLECEK İSTATİSTİKSEL MODELLER

Oytun Emre SAKICI[1] Hakkı YAVUZ[2] Nuray MISIR[3] İlker ERCANLI[1]

[1] Arş. Gör., KTÜ, Orman Fakültesi, Orman Amenajmanı Anabilim Dalı, 61080 TRABZON
[2] Prof. Dr., KTÜ, Orman Fakültesi, Orman Amenajmanı Anabilim Dalı, 61080 TRABZON
[3] Yrd. Doç. Dr., KTÜ, Orman Fakültesi, Orman Amenajmanı Anabilim Dalı, 61080 TRABZON
oesakici@ktu.edu.tr

ÖZET

Bu çalışmada, biyolojik çeşitlilik bileşenlerinden tür çeşitliliği dikkate alınmıştır. Tür çeşitliliği, belirli bir yaşam alanındaki canlıların farklı türler bakımından zenginliği veya sayısı olarak ifade edilmektedir. Tür çeşitliliğinin belirlenmesinde kullanılabilecek üç temel yöntem bulunmaktadır. Bunlar; *(i)* Birikimli tür eğrilerinin ekstrapolasyonu (Extrapolating species accumulation curves); *(ii)* Bolluk oranının parametrik modellerle dengelenmesi, *(iii)* Tür çeşitliliğinin parametrik olmayan (non-parametric) yöntemlerle tahmin edilmesi. Bu çalışmada, tür çeşitliliğinin saptanmasında kullanılan yöntemler açıklandıktan sonra, korunan doğal alanların kendi içlerinde lokal karakteristikler gösterdiği düşünülerek, özellikle lokal tür zenginliğinin belirlenmesinde kullanılan çeşitli yöntemler üzerinde durulmuştur. Bu bilgilere ek olarak envanter çalışmalarında kullanılabilecek örnekleme teknikleri ile ilgili açıklamalara da yer verilmiştir. Son olarak tanıtılan örnekleme tekniklerinin ve istatistiksel yöntemlerin kullanımı ile ilgili çeşitli önerilerde bulunulmuştur.
Anahtar Kelimeler: Birikimli Tür Eğrilerinin Ekstrapolasyonu, Bolluk Oranının Parametrik Modellerle Dengelenmesi, Tür Çeşitliliğinin Parametrik Olmayan Yöntemlerle Tahmin Edilmesi

STATISTICAL MODELS FOR ESTIMATING SPECIES RICHNESS IN PROTECTED NATURAL AREAS

ABSTRACT

In this study, three methods to estimate species richness were evaluated. These are; (i) Extrapolating species accumlation curves, (ii) Fitting parametric models of relative abundance to estimate species richness, (iii) Non-parametric methods for estimating species richness from samples. Additional information about sampling methods for monitoring protected natural areas was supplied.
Keywords: Extrapolating Species Accumlation Curves, Fitting Parametric Models of Relative Abundance To Estimate Species Richness, Non-Parametric Methods For Estimating Species Richness From Samples

GİRİŞ

Biyolojik çeşitlilik (biyoçeşitlilik), bir bölgedeki genlerin, türlerin, ekosistemlerin ve ekolojik olayların oluşturduğu bir bütün olarak tanımlanmaktadır. Başka bir deyişle biyolojik çeşitlilik, bir bölgedeki genlerin, bu genleri taşıyan türlerin, bu türleri barındıran ekosistemlerin ve bunları birbirine bağlayan olayların (süreçlerin) tamamını kapsar (Kaya, 2002; Işık, 2003). Bu tanımlamalarda da görüldüğü gibi biyolojik çeşitliliğin dört temel bileşeni bulunmaktadır. Bunlar:

- Ekosistem çeşitliliği,
- Tür çeşitliliği,
- Genetik çeşitlilik,,
- Ekolojik işlevler çeşitliliğidir

Ekosistem Çeşitliliği, biyolojik çeşitliliğin birinci öğesidir ve ilgili ekosistemi oluşturan çeşitli bileşenlerin konum ve zamana bağlı olarak gösterdikleri değişimlerin fonksiyonu olarak ortaya çıkmaktadır. Yeryüzü üzerinde çok sayıda ekosistem tipleri (orman ekosistemi, deniz ekosistemi, çöl ekosistemi vb.) bulunmaktadır. Biyolojik çeşitliliğinin ikinci öğesi Tür Çeşitliliği'dir. Her tür, birçok iç ve dış özelliği ve bazı davranışları ile diğer türlerden ayrılırlar. Yeryüzünde yaşayan toplam tür sayısı kesin olarak bilinmemekle birlikte tanımlanabilmiş tür sayısı yaklaşık 1.6 milyon civarındadır. Üçüncü öğe olan Gen Çeşitliliği, türler ve bireyler arasındaki genetik ayrılışlar olarak ifade edilebilmektedir. Her tür, kendini diğer türlerden ayıran kendinde özgü genlere sahipken, bir tür içindeki her bir bireyin de sadece kendisine özgü olan bazı genleri bulunmaktadır. Dördüncü ve son öğe ise Ekolojik İşlevler Çeşitliliği'dir. Bu öğe diğer üçünden farklı olarak işlevsel bir nitelik taşımaktadır. Bir ekosistemde yaşayan canlıların hem kendi aralarında hem de cansız varlıklar ile aralarında süreli devam eden çeşitli etkileşimler vardır. Bu etkileşimler biyolojik çeşitliliğinin denge içinde sürmesini sağladıklarından biyolojik çeşitliliğin vazgeçilmez bir parçasıdır. Bir ekosistemde değişik çeşit ve boyutlarda işlev çeşitliliği yoksa o ekosistemde sürekli ve istikrarlı bir biyolojik çeşitlilik sağlanamaz (Işık, 1996).

Biyolojik çeşitlilik ve biyolojik çeşitliliğin dört ana bileşeni lokal, bölgesel, ülkesel ve küresel (global) olmak üzere farklı konumsal boyuta sahip olabilirler. Konumsal boyut büyüdükçe çeşitlilik de artacak ve mevcut olan ekosistem, tür veya gen sayısında bir artış gözlenecektir.

Biyolojik çeşitlilik tüm bileşenleriyle bir bütün olarak ele alındığında; gen kaynakları oluşturma, canlılara yaşam ortamı sağlama, besin maddeleri sunma, rekreasyonel ve turistik hizmetler oluşturma ve özellikle bitkilerin tıp ve eczacılıkta geniş ölçüde kullanılması gibi oldukça önemli ekolojik ve ekonomik yararlar sağlamaktadır. Biyolojik çeşitlilik ile sağlanan bu temel yararlar dikkate alındığında ekosistemlerin, türlerin ve genlerin korunmasının ne kadar önemli olduğu anlaşılmaktadır. Sözü edilen korumanın gerçekleştirilebilmesi için öncelikle biyolojik çeşitlilik ile ilgili mevcut durumun (varlığın) ortaya konulması gerekmektedir. Çünkü koruma faaliyetleri, varlığı ve boyutları hakkında bilgi sahibi olunan bir toplum üzerinde gerçekleştirilebilmektedir.

Türkiye, biyolojik çeşitlilik bakımından oldukça zengin bir ülkedir. Gerek ekosistem, gerek tür ve gerekse genetik çeşitlilik yönüyle dünyanın önde gelen ülkelerinden biridir. Birçoğu endemik olmak üzere binlerce bitki ve hayvan türünü barındırmaktadır. Bu türlerin farklı ırkları ve farklı gen havuzları bulunmaktadır. Ülke genelinde, koruma altında bulunan doğal alanların birçoğunun koruma altına alınmasının nedeni, mevcut biyolojik yapının (dolayısıyla biyolojik çeşitliliğin) korunmasının amaçlanmasıdır.

Literatürde, biyolojik çeşitliliğin alt birimlerinden biri olan tür çeşitliliğinin birçok farklı yöntemle belirlenebileceği ifade edilmektedir. Lokal boyutta gerçekleştirilecek bir araştırmada kullanılabilecek yöntemler de yine literatürde yer almaktadır. Bu çalışmada, korunan doğal alanların lokal boyutlu ekosistemler olduğu düşünülerek lokal alanlarda tür çeşitliliğinin belirlenmesinde kullanılan yöntemlerin kullanılabileceği varsayılmıştır. Bu varsayımdan hareketle korunan doğal alanlardaki bitki türü çeşitliliğinin belirlenmesinde kullanılabilecek yöntemler açıklanmaya çalışılmıştır.

BİTKİ TÜRÜ ÇEŞİTLİLİĞİNİN BELİRLENMESİ

Bitki birlikleri ile ilgili olarak yapılacak bir çalışmada, o bitki birliğinde bulunan türlerin sayısı, bollukları ve dağılımlarının bilinmesi gerekmektedir. Bu bilginin sağlanması için ilgilenilen bitki birliğinin tamamının incelenmesi (tam alan ölçümü) çok nadir olarak tercih edilmektedir. Uygulamada tam alan ölçümü yerine genellikle örnek alanlardan elde edilen bilgiler yardımıyla yapılacak ekstrapolasyonlar ile o alandaki bitki birliğinin tür çeşitliliği hakkında bilgi edinilmesi yoluna gidilmektedir (Chazdon vd., 1998).

Tam alan ölçümü ile tür çeşitliliğinin ortaya konulması kısıtlı sayıda bitki grubu için geçerli olsa da temel anlamda tür çeşitliliğinin örnekleme ile belirlenmesi en geçerli yöntemdir. Herhangi bir alanda bulunan bitkilere ilişkin tür çeşitliliğinin belirlenmesi amacıyla yapılan örnekleme çalışmaları sonucunda elde edilen veriler, tür çeşitliliğinin ortaya konulmasının temelini oluşturmaktadır. Bu veriler uygun yöntemlerle analiz edilerek tür çeşitliliğinin belirlenmesine yardımcı olmaktadırlar (Colwell ve Coddington, 1994).

Örnekleme ile elde edilen verilerden yararlanarak tür çeşitliliğinin belirlenmesinde üç farklı istatistiksel yaklaşım bulunmaktadır (Chazdon vd., 1998; Colwell ve Coddington, 1994);
- Birikimli tür eğrilerinin ekstrapolasyonu,
- Bolluk oranının parametrik modellerle dengelenmesi,
- Tür çeşitliliğinin parametrik olmayan yöntemlerle belirlenmesi.

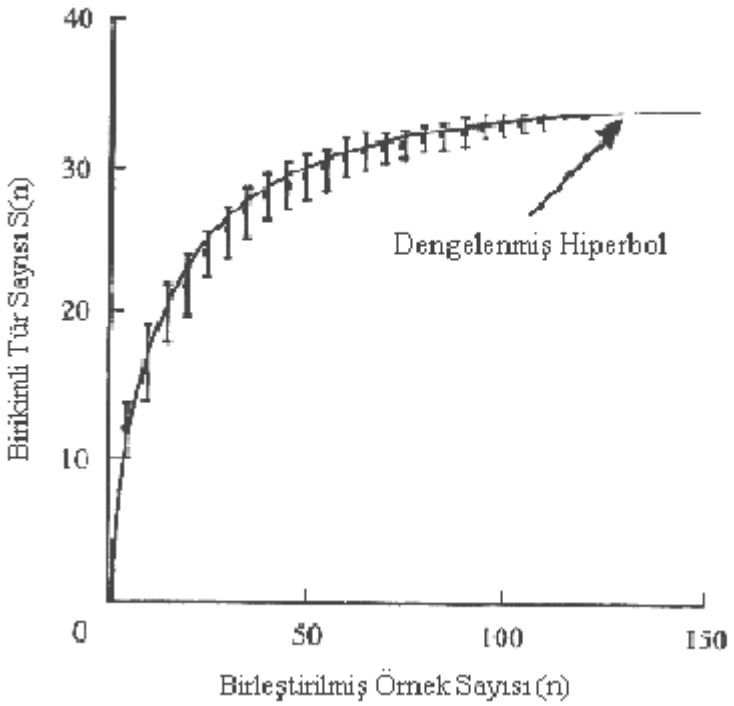
Birikimli Tür Eğrilerinin Ekstrapolasyonu

Birikimli tür eğrilerinin ekstrapolasyonu bitki türü çeşitliliğinin belirlenmesinde kullanılan yöntemlerden en eski ve en geniş kullanıma sahip olan yaklaşımdır. Bu yaklaşımda örnek alan verilerinden yararlanılarak elde edilen eğriler, toplumu temsil edecek şekilde genelleştirilirler (Chazdon vd., 1998; Colwell ve Coddington, 1994).

Birikimli tür eğrileri, belirli bir alanda bulunan türlerin birikimli (kümülatif) sayılarının ($S_{(n)}$), bu türleri bulmak için harcanan çabanın bir fonksiyonu olarak elde edilen eğrilerdir. Sözü edilen çaba için en uygun ölçüt incelenen birey sayısıdır. Ayrıca örnek alan büyüklüğü, gözlem süresi, örneklenen biyokütle miktarı gibi ölçütler de bu amaçla kullanılabilirler (Colwell ve Coddington, 1994).

Literatürde bitki türü çeşitliliğinin belirlenmesinde hem birikimli tür eğrilerinin fonksiyonel karşılığının hem de "Tür-Alan Eğrisi" olarak adlandırılan bölgesel ölçekli birikimli tür eğrilerinin kullanılabileceği belirtilmektedir. Hiçbir habitatın tam anlamıyla homojen olmasının mümkün olmayacağının bilinmesine karşın, konumsal ve zamansal olarak homojen olduğu varsayılabilecek lokal bitki birliklerindeki tür çeşitliliğinin belirlenmesinde "Birikimli Tür Eğrileri"nden; büyük ölçekli ve heterojen yapı gösteren alanlarda ise "Tür-Alan Eğrileri"nden yararlanılmaktadır.

Şekil 1'de birikimli tür eğrisi hakkında bir örnek görülmektedir. Bu örnekte tür çeşitliliği belirlenmek üzere alınan 121 örnek alanda bulunan bitki türleri belirlenmiş ve birikimli olarak grafiğe aktarılmıştır. Bu grafiğin elde edilmesi için öncelikle her bir örnekte bulunan bitki türlerini gösteren bir tablo oluşturulmuştur. Şekil1 'deki grafiğin X ekseni toplam örnek alan sayısını, Y ekseni ise birikimli tür sayısını göstermektedir (Colwell ve Coddington, 1994).



Şekil 1. Birikimli tür eğrisi (Colwell ve Coddington, 1994)

Birikimli tür eğrilerinde örnek alanların birbirine eklenme sıraları eğrinin şeklini etkilemektedir. Örnek alanların sıralanmasından kaynaklanan bu sorunun ortadan kaldırılması için örnek sıralamasının rasgeleleştirilmesi (randomization) önerilmektedir. Şekil 1'de verilen örnekte sıralama işlemi 100 kez rasgeleleştirilmiş ve her defasında örneklere ilişkin ortalamalar ve standart sapmalar yeniden hesaplanmıştır. Grafik üzerinde düşey aralık çizgileri ile gösterilen aralıklar standart sapma değerlerini ve bu çizgilerin merkezleri de ortalamaları göstermektedir (Colwell ve Coddington, 1994).

Bir birikimli tür eğrisinin durağan bir toplum için tekdüze (uniform) bir örnekleme sürecine dayandığı doğrulanırsa, bu eğri ekstrapolasyon için kullanılabilir demektir. Birikimli tür eğrilerinin ekstrapolasyonu için kullanılan fonksiyonlar "Asimptotik" ve "Asimptotik Olmayan" fonksiyonlar olmak üzere iki gruba ayrılmaktadır.

Bitki türü çeşitliğinin ekstrapolasyon ile belirlenmesinde kullanılmak üzere geliştirilen asimptotik modellerden bazıları aşağıda verilmiştir (Colwell ve Coddington, 1994).

$$S(n) = S_{\max}(1 - e^{-Kn})$$ (Holdridge vd., 1971) (1)

$$S(n) = \frac{S_{\max} n}{B + n}$$ (Caprariis vd., 1976) (2)

$$S(n) = S_{\max} - \frac{B.S(n)}{n}$$ (Raaijmakers, 1987) (3)

Bu eşitliklerde,
$S_{(n)}$: Gözlemlenen tür sayısı,
S_{max} : Hesaplanan gerçek tür sayısı,
K ve *B* : Sabit sayılar,
n : Örnek alan sayısı.

Asimptotik olmayan fonksiyonlara örnek olarak da Palmer (1990) tarafından geliştirilen iki model verilebilir. Bunlardan birincisi Yarı Logaritmik Model olup, bu modelde tür çeşitliliğinin ($S_{(n)}$), örnek alan büyüklüğünün logaritmasının doğrusal bir fonksiyonu olduğu varsayılmaktadır. İkinci model ise Logaritmik-Logaritmik model olarak isimlendirilmekte ve bu modelde tür çeşitliliğinin logaritmasının, örnek alan büyüklüğünün logaritmasının doğrusal bir fonksiyonu olduğu varsayılmaktadır.

Birikimli tür eğrilerinin ekstrapolasyonu için gerek asimptotik gerekse asimptotik olmayan eğriler kullanıldığında belirli bir alandaki toplam lokal tür çeşitliliğinin bilinmesi yerine, ilave bir örnekleme yapıldığında belirlenen tür çeşitliliğinde meydana gelen artışın tahmin edilebilmesi önem taşımaktadır. Ayrıca, belirlenen bir tür çeşitliliği miktarına ulaşabilmek için örnek büyüklüğünün ne kadar olacağı sorusunun cevabı da bu yolla belirlenmektedir.

Ekstrapolasyon konusundaki en önemli sorun, farklı modeller kullanıldığında verilen bir örnek sayısı için farklı tür çeşitliliği değerlerinin elde edilmesidir (Palmer, 1990). Örneğin, bazı birikimli tür eğrilerinde önce hızlı bir artış ve hemen arkasından ani bir düşüş gözlemlenebilmektedir. Bu problemin ortadan kaldırılabilmesi için matematiksel bir müdahale yapılabileceği gibi farklı bir modelin denenmesinin de uygun olabileceği önerilmektedir (Colwell ve Coddington, 1994).

Bolluk Oranının Parametrik Modellerle Dengelenmesi
Tür çeşitliliğinin belirlenmesinde kullanılan yaklaşımlardan biri de oransal bolluk (relative abundance) değerlerinden yararlanılması yaklaşımıdır. Bu yaklaşım için çok sayıda parametrik model önerilmesine karşın, bu modeller arasında en başarılı olanlarının Lognormal (Preston 1948), Poisson-Lognormal (Bulmer 1974) ve Log-Series (Williams 1964) modellerinin olduğu belirtilmektedir (Colwell ve Coddington, 1994).

Bu yaklaşımla geliştirilen modellere ilişkin parametrelerin belirlenmesi için kullanılacak veriler, birikimli tür eğrilerinin elde edilmesinde kullanılan verilerden tamamıyla farklıdır. Birikimli tür eğrileri için yalnız türlerin örneklerdeki varlık-yokluk değerleri yeterli olurken, oransal boluğun parametrik modellerle dengelenmesinde hem yeni hem de eski türlere ilişkin birey sayısının logaritmik olarak belirlenmesine ihtiyaç vardır. Modellerin dengelenmesi için uygun ve yeterli verinin toplanması, varlık-yokluk verilerinin elde edilmesi ile karşılaştırıldığında daha fazla zaman, emek ve maliyet gerektirebilir (Colwell ve Coddington, 1994).

Lognormal ve Log-Series dağılımları en iyi bilinen ve literatürde sıkça rastlanan dağılımlardır. Aslında bu iki dağılım arasında sadece Lognormal dağılım toplam tür sayısının doğrudan tahminine olanak sağlamaktadır. Bu dağılımda, verilerden elde edilen eğrinin soluna tek bir bireyle temsil edilen türlerin ve belirlenemeyen parçalarının oluşturduğu eğri eklenerek yapılan bütünleştirme (farklı kategorilerin birleştirilmesi) ile toplam tür sayısı belirlenmektedir.

Tür Çeşitliliğinin Parametrik Olmayan (Non-parametric) Yöntemlerle Belirlenmesi
Tür çeşitliliğinin belirlenmesi amacıyla çok sayıda parametrik olmayan (non-parametric) modeller geliştirilmiştir (Burnham ve Overton, 1978; Heltshe ve Forrester, 1983; Chao, 1984; Chao, 1987; Chao ve Lee, 1992). Bu modeller, veri gereksinimi bakımından tür eğrileri için gerekli olan minimum veriden parametrik dağılımlar için gerekli olan çok sayıdaki verilere kadar oldukça farklı özellikler gösterirler. Diğer bir anlatımla bazı modeller için az sayıdaki örneklerden elde edilen bilgiler yeterli olurken, bazı modeller oldukça ayrıntılı bilgilere ihtiyaç duymaktadırlar. Tür çeşitliliğinin belirlenmesinde kullanılacak olan bu modellerin başarısı ampirik (deneysel) dağılımlara bağlı olsa da, modeller istatistik bakımdan parametrik olmayan bir yapı göstermektedirler.

Parametrik olmayan modeller arasında en çok kullanılanlar modellerden biri (Chao 1), Chao (1984) tarafından geliştirilen ve toplumdaki nadir türlerin sayısının fonksiyonu olarak oluşturulan modeldir.

$$S_{Chao_1} = S_{obs} + \frac{F_1^2}{2F_2} \qquad (4)$$

Bu model, ilgilenilen çalışma alanında tek bir bireyle temsil edilen türlerin sayısı (F_1) ile iki bireyle temsil edilen türlerin sayısının (F_2) bilinmesini gerektirmektedir. Eşitlikte yer alan S_{obs} terimi de örnekleme sonucu elde edilen tür sayısını ifade etmektedir.

Chao (1987) tarafından Chao 2 adıyla yeni bir model daha geliştirilmiştir. Bu modelde bir öncekinden farklı olarak, örnek alanlar içinde bir veya iki adet bireyle temsil edilen değil, yalnız bir veya iki örnek alanda bulunan tür sayıları (Q_1 ve Q_2) esas alınmaktadır.

$$S_{Chao_2} = S_{obs} + \frac{Q_1^2}{2Q_2} \tag{5}$$

Burnham ve Overton (1978) ile Heltshe ve Forrester (1983) tarafından önerilen modelde (Jacknife 1) yine tek bir örnek alanda görülen tür sayısı dikkate alınmakta, ayrıca örnek alan sayısı da (m) işleme dahil edilmektedir.

$$S_{Jack_1} = S_{obs} + Q_1(\frac{m-1}{m}) \tag{6}$$

Örnek alan sayısını içeren bir başka model de Smith ve Belle (1984) tarafından geliştirilmiş olup (Jacknife 2), bu model Chao 2 modeli ile oldukça yüksek bir benzerlik göstermektedir.

$$S_{Jack_2} = S_{obs} + [\frac{Q_1(2m-3)}{m} - \frac{Q_2(m-2)^2}{m(m-1)} \tag{7}$$

Smith ve Belle (1984) tarafından geliştirilen bir model de (Bootstrap) yalnız varlık/yokluk oranına dayanmaktadır. Bu oran, her bir tür için ayrı ayrı olmak üzere her türün bulunduğu örnek alanların toplam örnek sayısına oranı (p) olarak belirlenmektedir.

$$S_{Boot} = S_{obs} + \sum_{k=1}^{S_{obs}} (1-p_k)^m \tag{8}$$

Chao ve Lee (1992), türlerin oransal bolluk değerlerinden yararlanarak farklı bir model geliştirmişlerdir (Chao-Lee 1). Benzer şekilde Chao ve Lee (1992) tarafından geliştirilen bir diğer model de (Chao-Lee 2) varlık/yokluk oranına dayanmaktadır.

$$S_{C-L_1} = S_{comm} + \frac{S_{rare}}{C_1} + \frac{F_1}{C_1}\gamma_1^2 \tag{9}$$

$$S_{C-L_2} = S_{freq} + \frac{S_{\inf r}}{C_2} + \frac{Q_1}{C_2}\gamma_2^2 \tag{10}$$

Bu eşitliklerde;

S_{comm} : Genel türlerin (10 veya daha fazla bireye sahip olan türlerin) sayısını
S_{rare} : Nadir türlerin (10 veya daha az bireye sahip olan türlerin) sayısını
S_{freq} : Sık türlerin (10 veya daha fazla örnek alanda bulunan türlerin) sayısını
S_{infr} : Seyrek türlerin (10 veya daha az örnek alanda bulunan türlerin) sayısını
C_1 : Bolluk ile ilgili katsayını
C_2 : Varlık/ yokluk oranı ile ilgili katsayını
γ_1 : F_1' e ilişkin değişkenlik katsayısını
γ_2 : Q_1' e ilişkin değişkenlik katsayısını

göstermektedir.

ÖNERİLER

Biyolojik çeşitliliğin belirlenmesi amacıyla; gerek küresel, gerekse ülkesel, bölgesel veya yöresel (lokal) bazda yapılacak tüm envanter çalışmalarında etkin örnekleme tekniklerinin kullanılması ve güvenilir tahmin yöntemlerinin geliştirilmesi, yapılan çalışmaların başarısı yönünden oldukça önemlidir. Bu nedenle, yapılan çalışmalarda öncelikle çalışmanın konumsal, zamansal ve fonksiyonel yönleri bütünüyle ele alınıp, uygun bir örnekleme tekniği seçilmeli ve seçilen örnekleme tekniğine bağlı olarak envanter planı yapılıp veri toplama işlemi gerçekleştirilmelidir.

Bitki türü çeşitliliğinin belirlenmesinde kullanılan istatistiksel modeller genellikle farklı verilere gereksinim duyarlar. Model seçiminde bu durum kesinlikle dikkate alınmalı, mevcut veya toplanılabilecek olan verilerin yapısına uygun bir model seçilmelidir. Yukarıda açıklanan yaklaşımlar arasında en geniş kullanıma sahip olan yaklaşım; birikimli tür eğrilerinden yararlanan yaklaşımdır. Ancak bu yaklaşımda örnek alanlardan elde edilen verilerin işleme dahil edilme sıraları, elde edilen sonuçları etkilemektedir. Bu olumsuzluğu ortadan kaldırmak için, bu yaklaşımın kullanılması durumunda örnekler arasında bir rasgeleleştirme (randomization) yapılması gerekmektedir. Oransal bolluk verilerinden yararlanan ikinci yaklaşımda oldukça geniş kapsamlı bir veri gereksinimi söz konusudur. Bu nedenle yeterli ve uygun veri sağlanmadıkça bu yaklaşım kullanılmamalı, işlem eldeki verilere daha uygun bir yaklaşımla gerçekleştirilmelidir. Parametrik olmayan modelleri içeren üçüncü yaklaşımın kullanıldığı çalışmalar son yıllarda giderek artmaktadır. Bu yaklaşımda eldeki verinin durumuna uygun olarak kullanılabilecek birçok seçenek bulunmaktadır.

KAYNAKLAR

Bulmer, M.G., 1974. On fitting the Poisson lognormal distribution to species abundance data. Biometrics, 30, pp. 101-110.

Burnham, K.P., Overton, W.S., 1978. Estimation of the size of a closed population when capture probabilities vary among animals. Biometrika, 65, pp. 623-633.

Chao, A., 1984. Non-parametric estimation of the number of classes in a population. Scandinavian Journal of Statistics, 11, pp. 265-270.

Chao, A., 1987. Estimating the population size for capture-recapture data with unequal catchability. Biometrics, 43, pp. 783-791.

Chao, A., Lee, S.M., 1992. Estimating the number of classes via sample coverage. Journal of American Statistical Association, 87, pp. 210-217.

Chazdon, R.L., Colwell, R.K., Denslow, J.S., Guariguata, M.R., 1998. Statistical methods for estimating species richness of woody regeneration in primary and secondary rain forests of Northeastern Costa Rica. *In*: Dallmeier, F., Comisky, J.A. (Ed.), Forest Biodiversiy Research, Monitoring and Modelling, UNESCO, Paris, pp. 285–309.

Colwell, R.K., Coddington, J.A., 1994. Estimating terrestrial biodiversity through extrapolation, Philosophical Transactions of the Royal Society (B) 345, pp. 101–118.

Heltshe, J., Forrester, N.E., 1983. Estimating species richness using the jackknife procedure. Biometrics, 39, pp. 1-11.

Holdridge, L.R., Grenke, W.C., Hatheway, W.H., Liang, T., Tosi, J.A., 1971. Forest environments in tropical life zones. Oxford: Pergamon Press.

Işık, K., 2003. Biyolojik Çeşitlilik, Tema Vakfı Yayın No: 26, İstanbul.

Kaya, Z., 2002. Koruma Biyolojisi ve Biyolojik Çeşitlilik, T.C. Orman Bakanlığı, Orman İdaresi ve Planlama Dairesi Başkanlığı, Eğitim Semineri, 28-31 Mayıs 2002, Antalya.

Palmer, M.W., 1990. The estimation of species richness by extrapolation. Ecology, 71, pp. 1195-1198.

Preston, F.W., 1948. The commonness and rarity species. Ecology, 29, pp. 254-283.

Raaijmakers, J.G.W., 1987. Statistical analysis of the Michaelis_Menten equation. Biometrics, 43, pp. 793-803.

Smith, E.P., Belle, G., 1984. Nonparametric estimation of species richness. Biometrics, 40, pp. 119-129.

Williams, C.B., 1964. Patterns in the balance of the nature. London, Academic Press.