

Tür Dağılım Modellemesi ile İklim Değişikliği Uygulamaları

Hakan Gür

Anadolu Biyocoğrafyası Araştırma Grubu

Kırşehir Ahi Evran Üniversitesi

Gür H. 2019. *Tür Dağılım Modellemesi ile İklim Değişikliği Uygulamaları*. Ekoloji ve Evrimsel Biyoloji Derneği Yayınları No. 1. [internet adresi](#)

Versiyon 1

İklim Değişikliği

İklim değişikliği, doğal değişkenlik ve/veya insan faaliyetlerinin bir sonucu olarak iklimin zaman boyunca değişmesidir. Peki, iklim sisteminde gözlenen değişiklikler nelerdir? İklim sisteminin ısınması, su götürmez bir gerçektir. 1950'lerden beri gözlenen değişikliklerin çoğu, on yıllar ve bin yıllar ölçeğinde emsalsizdir. (1) Küresel sıcaklık, 1880-2012 döneminde 0.85 (%90 belirsizlik aralığı = 0.65-1.06) °C'lik doğrusal bir ısınma eğilimi sergilemiştir. (2) Karasal yağış örüntüleri değişmiştir. (3) Buzküre, (4) okyanuslar ve (5) deniz seviyesindeki diğer göstergeler de, iklim değişikliğini işaret etmektedir. (6) Karbondioksit (CO₂), metan (CH₄) ve diazotmonoksitin (N₂O) atmosferik yoğunluğu, günümüzde en azından son 800 bin yıl için emsalsiz olan değerlere ulaşmıştır. Solar radyasyon, sera gazları ve aerosollerin atmosferik yoğunluğu ve yeryüzü özelliklerindeki değişimler, iklim sisteminde gözlenen bu değişikliklerin nedenleridir. 1951-2010 döneminde küresel sıcaklıktaki artışın yarısından fazlası, *çok yüksek bir olasılıkla* sera gazı yoğunluğundaki antropojenik artış ve diğer antropojenik zorlayıcılar nedeniyledir. Peki, iklim modelleri, gelecekte nasıl bir iklim değişikliği öngörmektedir? Örneğin, 1986-2005 dönemine göre 2081-2100 döneminde küresel sıcaklığın ortalama 1.0 (Temsili Konsantrasyon Rotası, TKR2.6, olası dağılım aralığı = 0.3-1.7) ila 3.7 (TKR8.5, 2.6-4.8) °C arasında artması öngörülmektedir (Hükümetlerarası İklim Değişikliği Paneli, 5. Değerlendirme Raporu, Çalışma Grubu I, www.ipcc.ch/report/ar5/wg1).

İklim değişikliği, Türkiye'de nasıl gerçekleşti ve gerçekleşecek? Son yıllarda Türkiye'de hemen her yerde sıcaklık artmıştır. Ancak yağış kuzeydoğuda artmış, diğer bölgelerde ise önemli bir değişiklik sergilememiştir (Şen, 2013). 1970-2000 dönemine göre 2020-2050 döneminde sıcaklığın 0.5 ila 4.0 °C arasında artması ve yağışın özellikle Akdeniz ikliminin egemen olduğu batı ve güney bölgelerinde belirgin bir şekilde azalması öngörülmektedir (Turp vd., 2014).

Mesaj çok net: iklim, hem Dünya'da hem de Türkiye'de değişti ve değişmeye devam edecek. Bu değişiklik, insan faaliyetlerinin, özellikle de fosil yakıt kullanımı sonucu antropojenik sera gazlarının atmosferik yoğunluğundaki artış nedeniyledir.

Ancak iklim değişikliği yeni bir şey değildir. Örneğin, Kuvaterner'in son 430 bin yıllık dönemi, her biri 100 bin yıl süren buzul buzullararası döngülere sahne olmuştur. Her buzul buzullararası döngünün küçük bir bölümü (ortalama %20), normal olarak 10-30 bin yıl süren buzullararası dönemde geçmiştir. Milankoviç döngüleri (dönemsellik sergileyen orbital parametreler dış merkezlik, eğiklik ve yalpalama), atmosferin üst kısmına gelen solar radyasyonun mevsimsel ve enlemsel dağılımını değiştirir. Böylece, Milankoviç teorisine göre, 65. kuzey enlem civarına yaz mevsiminde gelen solar radyasyonun minimuma ulaşması, kış boyu yağın yıl boyu kalmasına ve böylece kuzey yarımkürede buzulları oluşturacak şekilde birikmesine neden olarak buzul dönemleri tetikler (Hükümetlerarası İklim Değişikliği Paneli, 4. Değerlendirme Raporu, Çalışma Grubu I, www.ipcc.ch/publications_and_data/ar4/wg1/en/contents.html).

İklim değişikliği neden önemlidir? Çünkü biyolojik bilimlerin penceresinden bakacak olursak, iklim değişikliği (sıcaklık, yağış, aşırı olaylar, karbondioksit yoğunluğu ve okyanus dinamikleri gibi bileşenleri), organizmadan biyoma kadar biyolojik çeşitliliğin (bir bölgedeki genlerin, türlerin ve ekosistemlerin toplamı) tüm bileşenlerini etkiler ve biyolojik çeşitlilik için önemli bir tehdittir (Bellard vd., 2012). Yakın geçmişteki iklim

değişikliği, (1) fiziksel ve biyolojik sistemleri ve insanlığı etkilemiştir; (2) türlerin dağılımlarını, aktivitelerini, göçlerini, bolluklarını ve tür etkileşimlerini değiştirmiştir; (3) ürün verimini düşürmüştür (Hükümetlerarası İklim Değişikliği Paneli, 5. Değerlendirme Raporu, Çalışma Grubu II, www.ipcc.ch/publications_and_data/ar4/wg2/en/contents.html). Uzak geçmişteki iklim değişikliğinin etkilerine yönelik güzel bir örnek, son buzul maksimumdan (21 bin yıl öncesinden) bugüne uzamsal iklim değişim hızı daha az olan Anadolu'nun omurgalı endemizminin uzamsal iklim değişim hızı daha fazla olan kuzey Avrupa'dan daha yüksek olmasıdır (Sandel vd., 2011). Bu kapsamda, içinde bulunduğumuz yüzyılda gerçekleşecek iklim değişikliğini daha da önemli kılan, öngörülen iklim değişikliğinin omurgalılar arasında gözlenen iklimsel niş evrim hızından en az 10 bin kat daha hızlı olmasıdır. Yani, yakın gelecekteki iklim değişikliğine uyum (iklimsel nişin takip edilmesi hariç), omurgalıların iklimsel nişlerini daha önce görülmemiş bir hızda değiştirmesini gerektirecektir (Quintero ve Wiens, 2013).

Türkiye'de iklim değişikliğinin nasıl gerçekleştiği ve gerçekleşeceğini bilmek, gerçekleşen iklim değişikliğinin biyolojik sistemleri nasıl etkilediğini (geçmiş) anlamak ve gelecekte gerçekleşecek iklim değişikliğinin biyolojik sistemleri nasıl etkileyeceğini (geleceği) öngörmek için ilk adımdır. Bu kapsamda, *iklim modellerine dayanan yeniden oluşturulan uzak geçmiş, meteorolojik kayıtlara dayanan yakın geçmiş ve iklim modellerine dayanan öngörülen yakın gelecek iklim verileri, Türkiye'de iklim değişikliğinin nasıl gerçekleştiği ve gerçekleşeceğini bilmesi açısından çok önemlidir. Bu iklim verilerinin detaylandırılmasına yönelik her adım (örneğin, bölgesel iklim modellerinin kullanımı, meteorolojik istasyon ağının iyileştirilmesi), Türkiye'de geçmiş anlamak ve geleceği öngörmek açısından şüphesiz çok değerli olacaktır.*

Türkiye'de yakın geçmişteki iklim değişikliğinin biyolojik sistemleri nasıl etkilediğini (yakın geçmiş) anlamamıza izin verecek uzun dönemli veri serileri yoktur ya da yetersizdir. Bu nedenle, *en azından önümüzdeki 10-20 yılda (örneğin, step bitkilerinin ilk çiçeklenme veya memelilerin kış uykusundan çıkış zamanının veya ilgili biyolojik bir değişkenin – örneğin, kış uykusuna girişte veya çıkışta vücut ağırlığı – uzun yıllar izlenmesine dayalı) bu tür uzun dönemli veri serileri oluşturularak, Türkiye'de o zaman için yakın geçmişteki iklim değişikliğinin biyolojik sistemleri nasıl etkilediği anlaşılmalıdır. Bu kapsamda, özellikle fenolojik gözlemlere yönelik veri tabanlarının oluşturulması ve/veya iyileştirilmesi unutulmamalıdır (örneğin, USA National Phenology Network, www.usanpn.org).*

Türkiye'de uzak geçmişteki iklim değişikliğinin biyolojik sistemleri nasıl etkilediğini (uzak geçmiş) anlamak ve yakın gelecekteki iklim değişikliğinin biyolojik sistemleri nasıl etkileyeceğini (yakın geleceği) öngörmek için kullanılabilecek en popüler yaklaşım, (özellikle uzak geçmiş anlamak için, moleküler filoğrafya ile birlikte) tür dağılım modellemesidir (bkz. Türkiye'deki örnek çalışmalar için, Gür, 2013; Gür vd., 2018).

Tür dağılım modellemesi için gereken veri, var/bulunma verisi (bazen hem var/bulunma hem de yok/bulunmama verisi) ve çevresel (örneğin, biyoiklimsel) veridir. Var/bulunma verisi, İnternet üzerinde mevcut olan tür dağılım veri tabanlarından elde edilebilir. Türkiye'de tür dağılım veri tabanlarına verilebilecek en güzel örneklerden biri, kuş türlerine ait binlerce var/bulunma kaydının serbest kullanımına izin veren eKuşbank (<https://ebird.org/turkey/home>)'tır (veri tabanının kullanımına örnek olarak Abolafya vd., 2013). *Türkiye'de geçmiş anlamak ve*

geleceği öngörmek açısından bu tür veri tabanlarına daha fazla önem verilmelidir. Özellikle her tür var/bulunma kaydının yaygın gözlenen türler için bile çok önemli olduğu düşünüldüğünde, farklı amaçlar (örneğin, doğa fotoğrafçılığı, amatör doğa gözlemleri, akademik çalışmalar) ile yapılan bu tür kayıtların tür dağılım veri tabanlarına yönlendirilmesi gerekir. Çevresel veri, aynı şekilde İnternet üzerinde mevcut olan iklim veri tabanlarından elde edilebilir. Ancak Türkiye için bölgesel iklim modellerine dayanan iklim verilerinin serbest kullanıma açılması, özellikle geleceği öngörmek açısından şüphesiz çok değerli olacaktır.

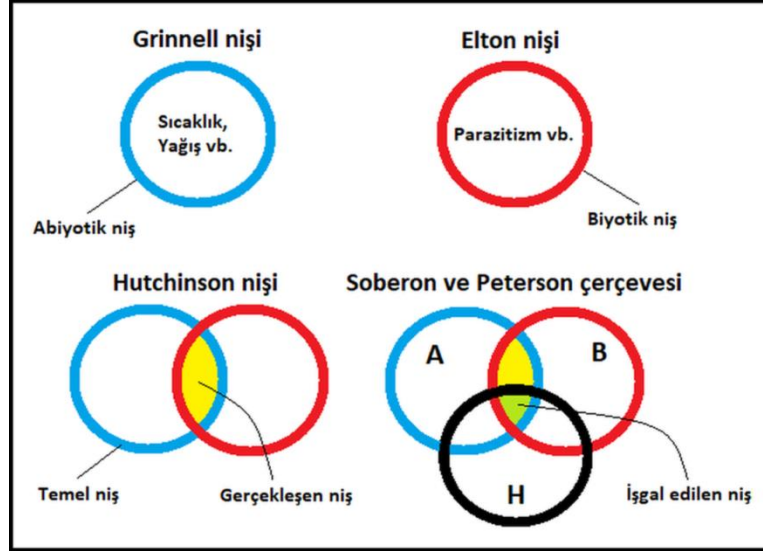
İklim değişikliğine bağlı türlerin dağılım alanlarındaki değişimi tür dağılım modellemesi, demografik tarihini (populasyon büyüklüğündeki dalgalanmalar, populasyon ayrılmaları gibi) ise moleküler filocoğrafya ile ortaya koyabiliriz. Anadolu yer sincabı (*Spermophilus xanthoprimum*, Gür, 2013), Toros yer sincabı (*Spermophilus taurensis*, Gür vd., 2018) ve Anadolu Diyagonalı (Gür, 2016) üzerine yaptığımız çoğunlukla moleküler filocoğrafya ile birlikte tür dağılım modellemesini kullanan çalışmalar, özellikle iklim değişikliği kapsamında Anadolu'nun biyolojik çeşitliliğini şekillendiren/şekillendirecek süreçleri anlamamıza katkı sunmuştur. *Türkiye'de bu tür çalışmaların desteklenmesi/yaygınlaşması, uzak geçmişteki iklim değişikliğinin biyolojik çeşitliliği nasıl etkilediğini (uzak geçmiş) anlamak ve yakın gelecekteki iklim değişikliğinin biyolojik çeşitliliği nasıl etkileyeceğini (yakın geleceği) öngörmek açısından çok önemlidir.*

Tür Dağılım Modellemesi

Türlerin coğrafi dağılımını çalışmak, oldukça eski bir uğraştır (Cox vd., 2016). Tür dağılım modellemesi, son yıllarda özellikle birçok biyocoğrafi çalışmada yaygın olarak kullanılır (Guisan ve Thuiller, 2005; Richards vd., 2007; Elith ve Leathwick, 2009; Alvarado-Serrano ve Knowles, 2014; Booth vd., 2014).

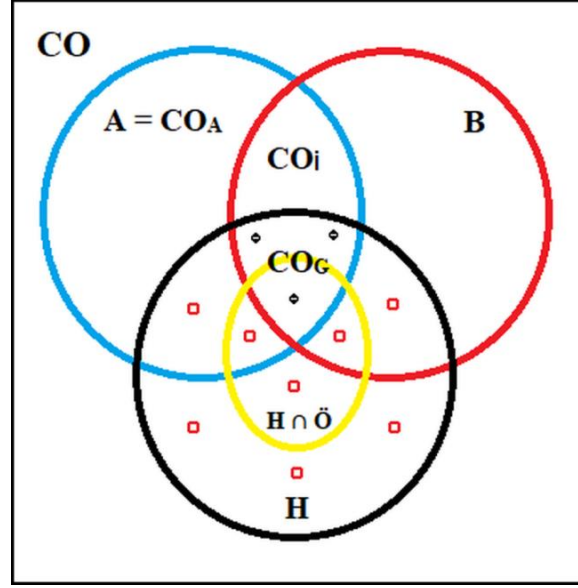
Niş kavramı, tür dağılım modellemesi aracılığıyla bir türün dağılım alanının modellenmesi sürecinde merkezi bir unsurdur. Niş, genel olarak bir türün kaynaklar, etkileşimde olduğu diğer türler, habitat ve çevre üzerine etkileri ile birlikte, popülasyonlarını sürdürmesine izin veren ekolojik koşulları ifade eder (Peterson vd., 2011). Ancak kavram ile ilgili daha net tanımlar ve kavramın tarihsel gelişimi şu şekildedir (Peterson vd., 2011; Peterson, 2014; Şekil 1). Grinnell (1917, 1924), niş kavramını biyoloji dünyasına sokan bilim insanıdır. Bir türün abiyotik koşullar açısından gereksinimlerine odaklanmıştır. Elton (1927) ise, zıt bir şekilde, bir türün bir ekosistemdeki fonksiyonel rolüne (yerel etkilerine) vurgu yapmıştır. Bu iki yaklaşım, niş kavramı ile ilgili kargaşanın nedenlerinden birini açıklar: coğrafi ölçekte gereksinimlere (bir organizmanın çevresine cevabına) veya yerel ölçekte etkilere (bir organizmanın çevresine etkisine) vurgu yapmak! Hutchinson (1957) ise, temel ve gerçekleşen ekolojik niş kavramlarını ortaya atmıştır. "Scenopoetic" (tam karşılığı olmasa da abiyotik, aslında etkileşimsiz, tür tarafından değiştirilemeyen; Hutchinson, 1978) değişkenler ile tanımlanan temel ekolojik nişin (=bir türün popülasyonlarını sürdürmesine izin veren "scenopoetic" çevresel koşullar, ki çevresel uzamda n boyutlu bir hiperhacim olarak tanımlanır, N_T) "bionomic" (tam karşılığı olmasa da biyotik, aslında etkileşimli, tür tarafından değiştirilebilir; Hutchinson, 1978) değişkenler (örneğin, diğer türler ile etkileşimler) ile gerçekleşen ekolojik nişe (=temel ekolojik nişin bir bölümü) indirgendiğini belirtmiştir. Böylece, bir türün coğrafi dağılımı,

gerçekleşen ekolojik nişinin coğrafi uzamdaki ifadesidir. Son olarak Soberón ve Peterson (2005), niş kavramını Biyotik, Abiyotik ve Hareket faktörlerini (yani, bir türün dağılım alanını şekillendiren üç temel faktörü) bir araya getiren BAH çerçevesini (=BAM framework) kullanarak tanımlamıştır (Şekil 1). Böylece, coğrafyanın, özellikle coğrafi bariyerlerin bir türün coğrafi dağılımını şekillendirmedeki rolü, Grinnell (1914)'ün çalışmasından çok sonra yeniden ele alınmıştır.



Şekil 1. Ekolojik niş kavramının tarihsel çerçevesi. Grinnell nişi. Bir türün dağılım alanını belirleyen abiyotik koşullara odaklanır (=abiyotik niş). Elton nişi. Bir türün bir ekosistemdeki rolüne ve diğer türler ile etkileşimine odaklanır (=biyotik niş). Hutchinson nişi. Bir türün dağılım alanını belirleyen abiyotik koşullara (=temel niş) ve biyotik etkileşimlere odaklanır. Temel niş, biyotik etkileşimler ile gerçekleşen nişe indirgenir. Soberón ve Peterson çerçevesi. Bir türün dağılım alanını belirleyen üç temel faktöre [biyotik (B), abiyotik (A) ve hareket (H) faktörlerine] odaklanır. Gerçekleşen niş, hareket faktörü ile işgal edilen nişe indirgenir. Daireler ve daireler arasındaki kesişimler, ilgili nişin ifade olduğu coğrafi uzamı temsil eder. Peterson vd. (2011) ve Escobar ve Craft (2016)'ya dayanılarak çizilmiştir.

BAH çerçevesine göre, farklı nişler ve coğrafi dağılımlar söz konusudur. Nişler "scenopoetic" Çevresel uzamda (ÇE), coğrafi dağılımlar ise COğrafi uzamda (CO) var olur. Bu iki uzam, çift yönlü olarak etkileşimlidir. Yani, bir uzamdaki bir bölgenin diğer uzamda bir karşılığı vardır. Coğrafi uzamda bir seri alan tanımlanır. Çalışılan bölge/çalışma alanı, CO'dur. Bu bölgenin bir bölümü (A), ilgili tür için uygun abiyotik koşullara sahiptir ve türün tam dağılım potansiyelini gösterir. Ancak türler, nadiren uygun abiyotik koşullara sahip tüm alanlara yerleşebilir. Hareket faktörü önemli bir nedendir (yani, türlerin uygun alanlara ulaşamaması; örneğin, coğrafi bariyerler nedeniyle). İlgili türün dispersal yoluyla ulaşabileceği alan, H'dir ve çoğunlukla türün gerçek coğrafi dağılımından çok daha büyüktür. Çünkü birçok tür, aslında gerçek coğrafi dağılımlarının ötesindeki uygun olması gerekmeyen alanları dispersal yoluyla test eder. Biyotik faktörler diğer bir önemli nedendir (yani, türlerin diğer türler nedeniyle uygun alanlara yerleşememesi). İlgili tür, diğer türler açısından bazı gereksinimlere sahip olabilir: besinin, rezervuarın veya vektörün varlığı; avcının, patojenin veya parazitin yokluğu vb. Bu gereksinimleri karşılayan alan, B'dir (Soberón ve Peterson, 2005; Peterson vd., 2011; Peterson, 2014; Şekil 2).



Şekil 2. Biyotik (B), abiyotik (A) ve hareket (H) faktörleri arasındaki etkileşimi gösteren BAH diyagramı. CO = analizlerin gerçekleştirileceği coğrafi uzam (çalışma alanı), B = biyotik olarak uygun alan, A = abiyotik olarak uygun alan, H = dispersal yoluyla ulaşılabilir alan. B, A ve H kullanılarak, bir seri dağılım alanı tanımlanır: $A = CO_A$ = abiyotik olarak uygun alan, CO_G = işgal edilen dağılım alanı, CO_i = istila edilebilir dağılım alanı, $CO_G + CO_i$ = potansiyel dağılım alanı. Siyah noktalar var/bulunma verisini, kırmızı noktalar ise yok/bulunmama verisini temsil eder. Tür dağılım modelini kalibre etmek için, sadece dispersal yoluyla ulaşılabilir alan (H) veya H'nin yeterince örneklenen bölümü ($H \cap \bar{O}$, $\bar{O}$ = yeterince örneklenen alan) içindeki veri kullanılmamıştır. Peterson vd. (2011)'e dayanılarak çizilmiştir.

Bu alanlar (B, A ve H) kullanılarak, bir seri dağılım alanı tanımlanır (Soberón ve Peterson, 2005; Peterson vd., 2011; Peterson, 2014). Biyotik faktörler düşünülmemektedir, çalışma alanının (CO) ilgili tür için abiyotik olarak uygun bölümü, abiyotik olarak uygun alandır (A veya CO_A). CO_A 'nın biyotik etkileşimler açısından uygun olan bölümü, potansiyel dağılım alanıdır ($CO_P = A \cap B$). Ancak CO_P 'nin her yeri, ilgili tür için ulaşılabilir olmayabilir. Böylece, CO_P 'nin ulaşılabilir bölümü, işgal edilen (gerçek) dağılım alanıdır ($CO_G = CO_P \cap H = A \cap B \cap H$). CO_P 'nin ulaşılmayan bölümü ise, istila edilebilir dağılım alanıdır (CO_i ; Şekil 2).

Bu dağılım alanlarına çevresel uzamda (ÇE) karşılık gelen bir seri niş tanımlanır (Peterson vd., 2011). Bu nişler, Tablo 1'de verilmiştir. Burada açıklanması gereken, abiyotik olarak uygun alana (A veya CO_A) karşılık gelen nişin neden temel ekolojik niş (N_T) değil de, var olan temel ekolojik niş olarak tanımlandığıdır. N_T 'yi oluşturan tüm çevresel koşullar, ÇE'de var olmayabilir. Böylece, N_T 'nin ÇE içinde var olan bölümü, var olan temel ekolojik niştir ($ÇE_A = N_T \cap ÇE$).

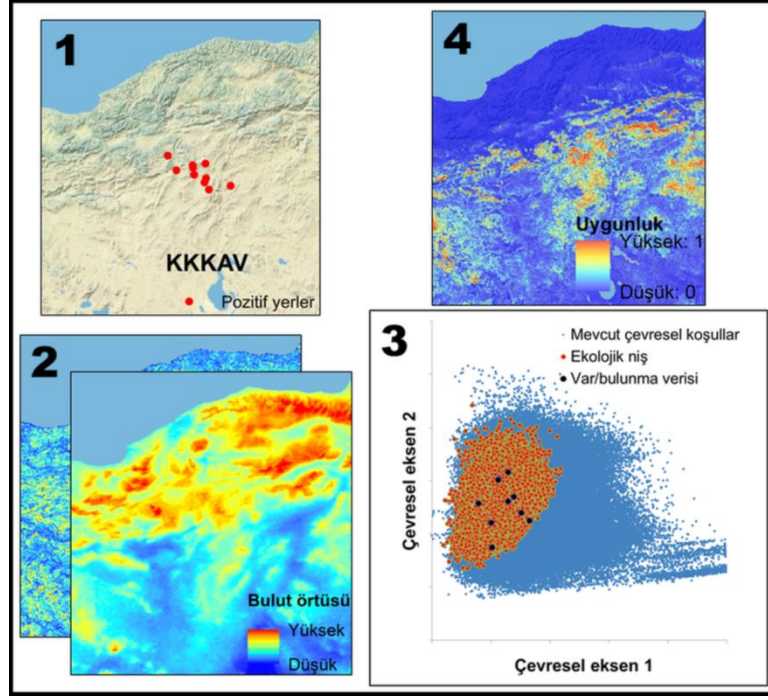
Tablo 1. Coğrafi uzamda (CO) dağılım alanları ve “scenopoetic” değişkenler ile tanımlanan çevresel uzamda (ÇE) karşılık gelen Grinnell nişleri (Peterson vd., 2011).

Dağılım alanları		Grinnell nişleri	
Sembol	İsim	Sembol	İsim
CO _A	Abiyotik olarak uygun alan	ÇE _A	Var olan temel niş
CO _P	Potansiyel dağılım alanı	ÇE _P	Biyotik olarak indirgenen niş
CO _I	İstila edilebilir dağılım alanı	ÇE _I	İstila edilebilir niş
CO _G	İşgal edilen (gerçek) dağılım alanı	ÇE _G	İşgal edilen (gerçek) niş

BAH diyagramının farklı biçimleri söz konusudur. Örneğin, dispersal yoluyla ulaşılabilir alan (H), abiyotik olarak uygun alanı (A veya CO_A), böylece bu alanın biyotik etkileşimler açısından uygun olan bölümünü ($A \cap B$) tamamen içerebilir. Yani, hareket faktörü sınırlayıcı değildir (Hutchinson’ın Rüyası). Bu durumda, potansiyel dağılım alanı (CO_P = $A \cap B$) işgal edilen dağılım alanına (CO_G = CO_P $\cap$ H = $A \cap B \cap H$), benzer şekilde biyotik olarak indirgenen niş (ÇE_P) ise işgal edilen (gerçek) ekolojik nişe (ÇE_G) eşittir. Açıkçası, bu biçim, biyotik, abiyotik ve hareket faktörlerinin birlikte sınırlayıcı olduğu sezgisel hipotetik biçimden oldukça farklıdır. Başka BAH senaryoları da düşünülebilir (Peterson vd., 2011; Saupe vd., 2012).

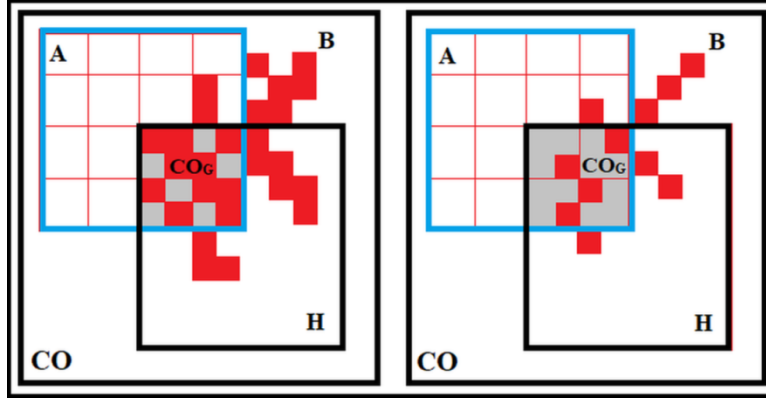
Anlaşılabileceği gibi, tür dağılım modellemesini kullanan biyocoğrafi çalışmalar, türlerin ekolojik nişleri ve coğrafi dağılımları (aslında nedenleriyle nerelerde yaşadıkları ve yaşamadıkları) hakkında düşünürken, genel bir kavramsal çerçeve sağlayan BAH çerçevesi dikkate alınarak planlanmalıdır. Bu, neyin tahminlendiği, niş modelini kalibre etmek için hangi alan içindeki verilerin kullanılacağı vb. konular açısından oldukça önemlidir. Niş modeli, sadece dispersal yoluyla ulaşılabilir alan (H) içindeki veri kullanılarak kalibre edilmelidir (Barve vd., 2011; Peterson vd., 2011). Ancak H’nin her yeri yeterince örneklenmemiş olabilir. Bu durumda, H’nin yeterince örneklenen bölümü ($H \cap \bar{O}$, $\bar{O}$ = yeterince örneklenen alan) içindeki veri kullanılmaz (Peterson, 2014; Şekil 2).

Tür dağılım modellemesi (mekanistik değil, korelatif modelleme), var/bulunma [=presence], bazı durumlarda ayrıca yok/bulunmama [=absence] verisini ve çevresel veriyi kullanarak, uygun bir niş modelleme metodu aracılığıyla, ilk olarak çevresel uzamda (ÇE) varolan temel ekolojik niş (ÇE_A) ile işgal edilen ekolojik niş (ÇE_G), daha sonra coğrafi uzamda (CO) abiyotik olarak uygun alan (A veya CO_A) ile işgal edilen dağılım alanı (CO_G) ekstremleri arasında bir yeri tahminler (Şekil 3). Bu ekstremler arasında neyin tahminlendiği, BAH diyagramının biçimine (bu diyagramdaki hangi alanın modellendiğine), var/bulunma verisine ek olarak yok/bulunmama verisinin kullanılıp kullanılmamasına ve kullanılan niş modelleme metoduna bağlıdır (Peterson vd., 2011).



Şekil 3. Temel tür dağılım modelleme süreci. (1) Coğrafi uzamda (CO) var/bulunma verisinin ve (2) çevresel verinin hazırlanması ve (3) bu veri kullanılarak, uygun bir niş modelleme metodu aracılığıyla, ilk olarak çevresel uzamda (ÇE) ekolojik nişin, (4) daha sonra coğrafi uzamda dağılım alanının tahminlenmesi.

Bu noktada belirtilmesi gereken önemli bir nokta şudur: dikkat edileceği gibi, “scenopoetic” değişkenler ile tanımlanan çevresel uzamda (ÇE) Grinnell nişleri ve coğrafi uzamda (CO) karşılık gelen dağılım alanları üzerinde durulmuştur. Yani, “bionomic” değişkenler, BAH çerçevesi kapsamında biyotik faktörlerin etkinliği tartışılabilir, doğrudan ele alınmamıştır. Çünkü türler arasındaki etkileşimler, kaba bir çözünürlükten (kilometrelerce veya daha geniş) ziyade, oldukça ayrıntılı bir çözünürlükte (milimetreden onlarca metreye kadar) gerçekleşir. Böylece, biyotik faktörler (B), nadiren türlerin dağılım potansiyellerini sınırlar. Bu (yani, yerel biyolojik etkileşimlerin kaba ölçeklerde anlamsız olması), Elton Gürültü Hipotezi (=Eltonian Noise Hypothesis) olarak bilinir (Peterson vd., 2011; Şekil 4).



Şekil 4. Elton Gürültü Hipotezi. CO = analizlerin gerçekleştirileceği coğrafi uzam (çalışma alanı), B = biyotik olarak uygun alan (küçük kırmızı kareler), A = abiyotik olarak uygun alan, H = dispersal yoluyla ulaşılacak alan, CO_G = işgal edilen dağılım alanı (kırmızı karelerin altındaki gri zemin). A, kaba çözünürlüklü hücrelerden (her şekilde de 16 hücreden) oluşur. Bu, çoğu “scenopoetic” değişkenin yüksek bir alansal otokorelasyon sergilediğine işaret eder. B, daha düşük çözünürlüklü hücrelerden (soldaki şekilde 27, sağdaki şekilde 11 hücreden) oluşur. Bu, çoğu “bionomic” değişkenin düşük bir alansal otokorelasyon sergilediğine işaret eder. Sağdaki şekil, B'nin (örneğin, rekabete bağlı olarak) küçülmesini gösterir. Ancak bu, türün kaba çözünürlüklü dağılımını etkilemez (her iki şekilde de CO_G'nin A'daki dört hücreden oluştuğuna dikkat ediniz!). Peterson vd. (2011)'e dayanılarak çizilmiştir.

Tür dağılım modelleme sürecinin temel basamakları (Şekil 3), yani, hem Gür (2018)'de hem de bir sonraki bölümde ele alınan örnek çalışma boyunca takip edilen süreç, bir taksonun ekolojik nişi ve coğrafi dağılımı modellenirken (örneğin, Gür, 2013, 2016; Gür vd., 2018), en temelde dikkat edilmesi gerekenler olarak düşünülebilir.

→ Gür (2018)'de ele alınan örnek çalışma için, bkz. Gür H. 2018. Kebikeç 46: 335-350. <https://bit.ly/2UEuWXQ> Bu çalışmanın bir sonraki bölüme geçmeden okunması tavsiye olunur. Yukarıdaki kavramsal çerçeve, bu yayına dayanmaktadır.

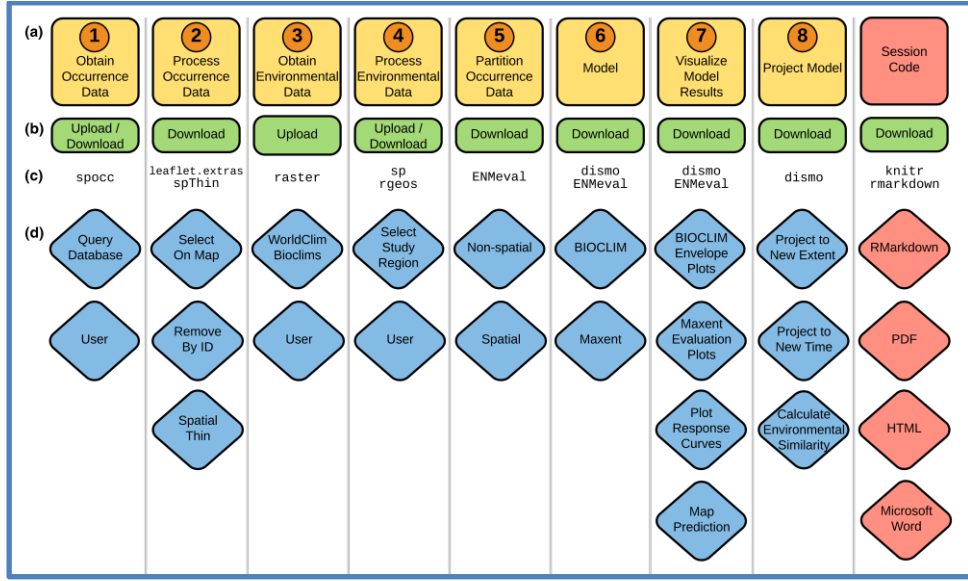
‘Wallace’ Platformu Kullanılarak, Tür Dağılım Modellemesi ile İklim Değişikliği Uygulamaları

Wallace, Komut Satırı Arayüz (CLI, Command-Line Interface) ve Grafik Kullanıcı Arayüz (GUI, Graphical User Interface) metotlarının pozitif yönlerini birleştiren, tür dağılım modellemesi analizlerini gerçekleştirmenizi sağlayan, modüler, R temelli bir platformdur.

→ Wallace platformu ile ilgili temel yayın şudur: Kass vd. 2018. Methods in Ecology and Evolution 9: 1151-1156. <https://besjournals.onlinelibrary.wiley.com/doi/full/10.1111/2041-210X.12945>

Wallace, aşağıdaki şekilde gösterildiği gibi, farklı R paket programları (c) sayesinde, tür dağılım modelleme analizlerini, yani, sekiz bileşenden (a) oluşan iş akışını gerçekleştirmenize izin verir. Bu bileşenler, farklı modüllerden (d) oluşur. İş akışı boyunca, dosya yükleme ve/veya indirme (b) yapabilirsiniz. İş akışı sonunda, gerçekleştirilen analizler ile ilgili tüm R kodlarına ulaşabilirsiniz.

Wallace platformunda iş akışı (Kass vd., 2018'den)



Tür dağılım modellemesi analizlerini gerçekleştirmek için, ilk olarak Wallace Grafik Kullanıcı Arayüzü'nü web tarayıcınızda açmalısınız.

Wallace Grafik Kullanıcı Arayüzü / En üstte bileşenleri/iş akışını ve sol yanda ise her bileşen ile ilgili modülleri görebilirsiniz.

Wallace
Intro
1 Occ Data
2 Process Occs
3 Env Data
4 Process Envs
5 Partition Occs
6 Model
7 Visualize
8 Project
Session Code

WORKFLOW

Wallace (v1.0.6) currently includes the following components and modules:

- 1: Obtain Occurrence Data**
 - Query Database
 - User-specified Occurrences
- 2: Process Occurrence Data**
 - Select Occurrences on Map
 - Remove Occurrences by ID
 - Spatial Thin
- 3: Obtain Environmental Data**
 - WorldClim
 - User-specified Environmental Data
- 4: Process Environmental Data**
 - Select Study Region
 - User-specified Study Region
- 5: Partition Occurrence Data**
 - Non-spatial Partition

What is Wallace?

Welcome to Wallace, a flexible application for reproducible ecological modeling, built for community expansion. The current version of Wallace (v1.0.6) steps the user through a full niche/distribution modeling analysis, from data acquisition to visualizing results.

The application is written in R with the web app development package *shiny*. Please find the stable version of Wallace on CRAN, and the development version on GitHub. We also maintain a Wallace website that has some basic info, links, and will be updated with tutorial materials in the near future.

Wallace is designed to facilitate spatial biodiversity research, and currently concentrates on modeling species niches and distributions using occurrence datasets and environmental predictor variables. These models provide an estimate of the species' response to environmental conditions, and can be used to generate maps that indicate suitable areas for the species (i.e. its potential geographic distribution; Guisan & Thuiller 2005; Elith & Leathwick 2009; Franklin 2010a; Peterson et al. 2011). This research area has grown tremendously over the past two decades, with applications to pressing environmental issues such as conservation biology (Franklin 2010b), invasive species (Ficetola et al. 2007), zoonotic diseases (González et al. 2010), and climate-change impacts (Kearney et al. 2010). Also, for more detail, please see our paper in Methods in Ecology and Evolution.

Kass J. M., Vilella B., Aiello-Lammens M. E., Muscarella R., Merow C., Anderson R. P. (2018). Wallace: A flexible platform for reproducible modeling of species niches and distributions built for community expansion. *Methods Ecol. Evol.* 2018. 9: 1151-1156. <https://doi.org/10.1111/2041-210X.12945>

Who is Wallace for?

Wallace
Intro
1 Occ Data
2 Process Occs
3 Env Data
4 Process Envs
5 Partition Occs
6 Model
7 Visualize
8 Project
Session Code

Obtain Occurrence Data

Modules Available:

- ☒ Query Database
- ☐ User-specified

Module: Query Database

spocc: Interface to Species Occurrence Data Sources

Choose Database

☒ GBIF ☐ VertNet ☐ BISON

Enter species scientific name

Format: Genus species

Set maximum number of occurrences

100

WELCOME TO WALLACE

Please find messages for the user in this log window.

Change Base Map

ESRI Topo

Map Occs Tbl Results Component Guidance Module Guidance

Bunun için, R, RStudio ve gerekli kütüphaneleri yüklemelisiniz.

Gerekli kütüphaneleri yüklemek için, RStudio'ya şu komutları girmelisiniz:

```
if (!require('devtools')) install.packages('devtools')
```

```
devtools::install_github('rstudio/leaflet')
```

```
install.packages('knitr',dep=T) # you need the latest version, even if you already have it
```

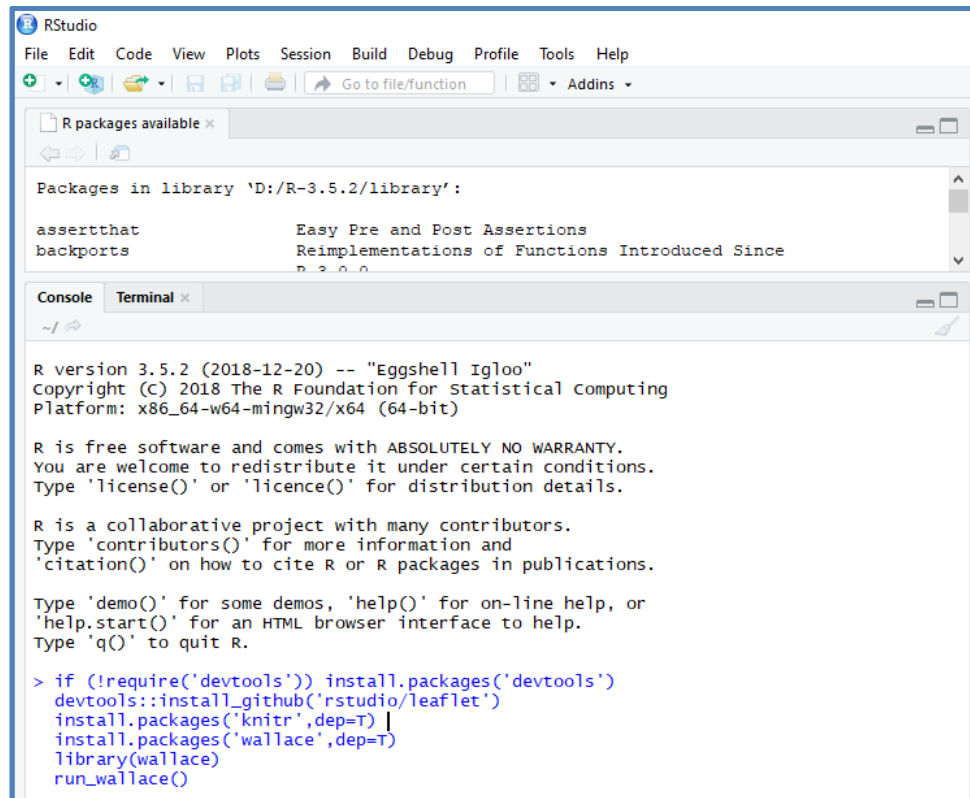
```
install.packages('wallace',dep=T)
```

Wallace Grafik Kullanıcı Arayüzü'ne ulaşmak için, RStudio'ya şu komutları girmelisiniz:

```
library(wallace)
```

```
run_wallace()
```

RStudio / Gördüğünüz komutlar, hem gerekli kütüphaneleri yüklemenizi hem de Wallace Grafik Kullanıcı Arayüzü'ne ulaşmanızı sağlayacaktır.



→ Kurulum ve iş akışı ile ilgili daha fazla detay için, lütfen bkz. Wallace Grafik Kullanıcı Arayüzü (iş akışının her aşamasındaki 'Component Guidance' ve 'Module Guidance'), https://cmrow.github.io/RDataScience/4_1_Wallace_SDMs.html ve <https://wallaceecomod.github.io/>

1. Var/bulunma verisini elde etmek (Occ Data)

İş akışının bu aşamasında iki seçeneğiniz var: (a) veritabanı sorgulama (Query Database) ve/veya (b) kendi verinizi yükleme (User-specified).

Üç farklı biyolojik çeşitlilik veritabanını sorgulayabilirsiniz:

GBIF – Global Biodiversity Information Facility <https://www.gbif.org/>

VertNet – <http://www.vertnet.org/>

Biodiversity Information Serving Our Nation (BISON) – <https://bison.usgs.gov/#home>

Veritabanı sorgulama için, veritabanını seçmeli (Choose Database) ve takson bilimsel ismini (Enter species scientific name) ve var/bulunma kayıt sayısını (Set maximum number of occurrences, tercihen 10 000 gibi yüksek bir sayı tercih ediniz) girmelisiniz. Sorgulamadan sonra, doğrudan bir sonraki iş akışına geçmek yerine, .csv dosyası biçiminde veriyi indirebilir (Download database occurrence localities (.csv)) ve bu veri üzerinde çalışabilirsiniz. Örneğin, çevresel veri ile zamansal olarak örtüşmeyen veriyi eleyebilirsiniz. Sonrasında bu düzenlediğiniz veriyi yükleyebilirsiniz.

Kendi verinizi yüklerken, .csv dosyası olarak yüklemelisiniz. Veri, ondalık derece olarak şu şekilde düzenlenmiş olmalıdır:

Var/bulunma verisini içeren .csv dosyası

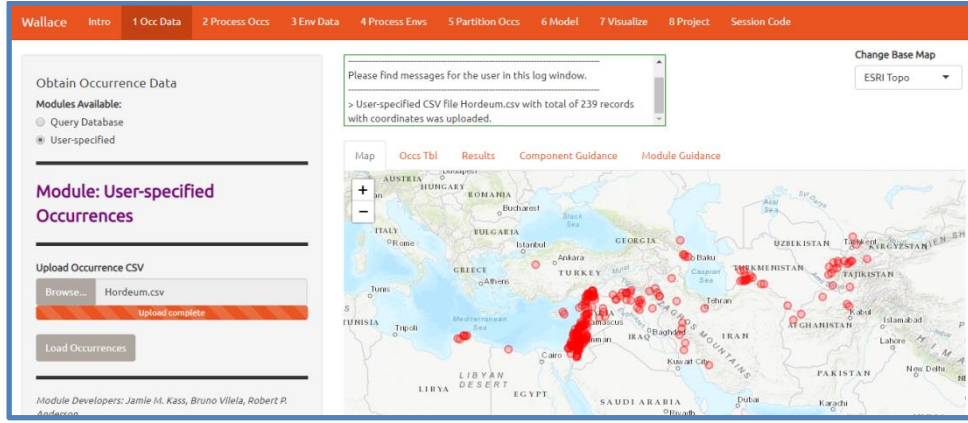
	A	B	C	D
1	name	longitude	latitude	
2	barley	36.70	36.22	
3	barley	37.44	35.71	
4	barley	36.54	35.97	
5	barley	36.17	32.30	
6	barley	35.92	32.33	
7	barley	35.62	32.67	
8	barley	35.75	31.53	
9	barley	65.73	36.67	
10	barley	43.52	36.00	

Biz, Bereketli Hilal ve Orta Asya'da yaşayan ve evcilleştirilmiş arpanın (*H. vulgare ssp. vulgare*) atası olan yabani arpa (*Hordeum vulgare ssp. spontaneum*) ile ilgili, yukarıdaki gibi düzenlenen var/bulunma verisini (239 kayıt) yükleyeceğiz.

→ Bu veri, doğrudan şu kaynaktan elde edilmiştir: Russell J vd. 2014. PLoS ONE 9(2): e86021. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0086021>

Bu aşamanın izlencesi: User-specified – Upload Occurrence CSV // Browse...
– Load Occurrences

Wallace Grafik Kullanıcı Arayüzü – 1. İş Akışı



2. Var/bulunma verisini işlemek (Process Occs)

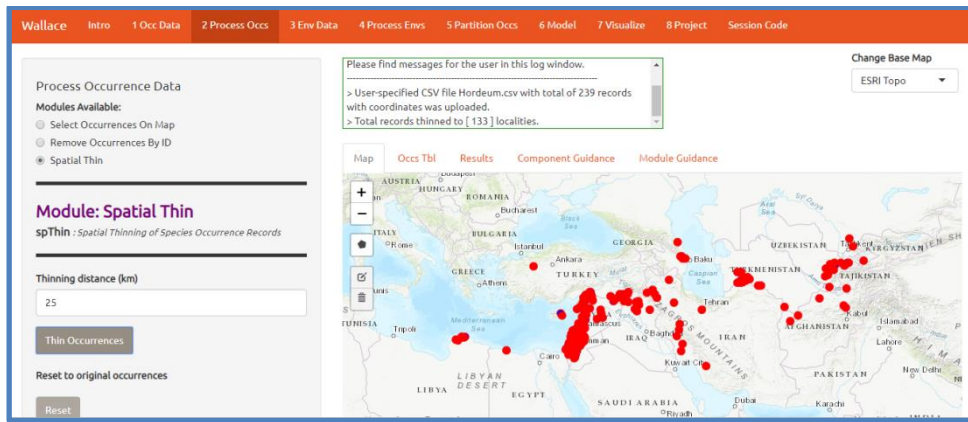
İş akışının bu aşamasında (a) belli bir coğrafi bölgedeki veriyi seçebilir (Select Occurrences On Map), (b) belli bir veriyi eleyebilir (Remove Occurrences By ID) ve/veya (c) veriyi alansal olarak seyreltebilirsiniz (Spatial Thin).

Böylece, verideki hataları eleyebilir ve/veya coğrafya boyunca düzensiz, yanlış örneklemenin, alansal otokorelasyonun olumsuz etkilerini azaltabilirsiniz. Veriyi alansal olarak seyreltmek için, seyreltme uzaklığı girmelisiniz (Thinning distance (km)).

Biz, yabancı arpa verisini 25 km seyreltme uzaklığı kullanarak seyrelteceğiz. Böylece, 133 kayıt kullanarak modeli geliştireceğiz.

Bu aşamanın izlencesi: Spatial Thin – Thinning distance (km) // 25 – Thin Occurrences

Wallace Grafik Kullanıcı Arayüzü – 2. İş Akışı



Deneyisel yaklaşım: Farklı seyreltme uzaklıkları kullanınız.

Dikkat!

**Var/bulunma verisi, ilgilendiğiniz taksonun tüm coğrafi dağılımını mı yoksa bir kısmını mı yansıtıyor?*

**Var/bulunma verisinin zaman aralığı, kullanacağınız çevresel verininki ile örtüşüyor mu?*

**Var/bulunma verisi, örnekleme yanlılığından kaynaklı alansal kümelenme sergiliyor mu?*

**Var/bulunma verisini alansal olarak seyreltmek için, seyreltme uzaklığı ne olmalıdır?*

3. Çevresel veriyi elde etmek (Env Data)

İş akışının bu aşamasında iki seçeneğiniz var: (a) WorldClim veritabanından istediğiniz çözünürlükte istediğiniz biyoiklimsel değişkenleri elde etme (WorldClim Bioclims) ve (b) kendi verinizi yükleme (User-specified).

WorldClim veri tabanı, aylık minimum, maksimum ve ortalama sıcaklık ve ortalama yağış verilerinden türetilen 19 biyoiklimsel değişken içerir (detaylar için, bkz. <http://www.worldclim.org/>). Bu veritabanını kullanırken, çözünürlüğe (Select WorldClim bioclimatic variable resolution) ve değişkenlere (Specify variables to use in analysis?) karar vermelisiniz.

Kendi verinizi yüklerken, ilgili veritabanından (WorldClim veya alternatifleri) istediğiniz çözünürlükte istediğiniz çevresel değişkenleri indirmeli ve çoğunlukla bu değişkenleri hazırlamalısınız. TIF dosyası tercih ediniz.

Alternatif veritabanı örnekleri şunlardır:

MERRAclim – <https://datadryad.org/resource/doi:10.5061/dryad.s2v81>

CHELSEA – <http://chelsea-climate.org/>

Çevresel veri çözünürlüğü, var/bulunma verisinde olduğunu düşündüğünüz hata payından düşük olmamalıdır. Örneğin, yaklaşık 5 km hata payı içeren var/bulunma verisi ile 30 saniye çözünürlüklü çevresel veri kullanmak, her var/bulunma kaydının gerçekten etkileştiği çevresel koşul kombinasyonu ile ilişkilendirilmesini engelleyecektir. Çevresel değişkenleri seçmek, biraz da çalışmanın amaçları ile ilişkilidir. Örneğin, iklim değişikliklerinin etkisi ile ilgileniyorsanız, daha çok biyoiklimsel değişkenler ile sınırlısınız. Ayrıca, nihai değişkenlere karar verirken, değişkenler arasındaki çoklu bağıntıyı da dikkate almanız gerekebilir.

→ Örneğin, bkz. Gür H. 2018. Kebikeç 46: 335-350. <https://bit.ly/2UEuWXQ>

Biz, WorldClim veritabanını kullanacağız. Çevresel veri çözünürlüğünü 2.5 dakika ve çevresel değişkenleri bio1, 2, 3, 4, 10, 11, 12, 15, 16, 17 olarak seçeceğiz.

Bu aşamanın izlencesi: WorldClim Bioclims – Select WorldClim bioclimatic variable resolution // 2.5 arcmin – Specify variables to use in analysis? // yukarıda belirttiğimiz değişkenleri işaretleyiniz – Select – Load Env Data

Wallace Grafik Kullanıcı Arayüzü – 3. İş Akışı

Wallace Intro 1 Occ Data 2 Process Occs 3 Env Data 4 Process Envs 5 Partition Occs 6 Model 7 Visualize 8 Project Session Code

Obtain Environmental Data

Modules Available:

- WorldClim Bioclimes
- User-specified

Module: WorldClim Bioclimes

raster : Geographic Data Analysis and Modeling

Select WorldClim bioclimatic variable resolution

2.5 arcmin

☒ Specify variables to use in analysis?

Select:

☒ bio1 ☒ bio2 ☒ bio3 ☒ bio4 ☐ bio5 ☐ bio6 ☐ bio7 ☐ bio8 ☐ bio9 ☒ bio10 ☒ bio11 ☒ bio12 ☐ bio13 ☐ bio14 ☒ bio15 ☒ bio16 ☒ bio17 ☐ bio18 ☐ bio19

Using map center coordinates as reference for tile download.
Using map center 46.055, 36.386

Load Env Data

with coordinates was uploaded.
Total records thinned to [133] localities.
Environmental predictors: WorldClim bioclimatic variables bio1, bio2, bio3, bio4, bio10, bio11, bio12, bio15, bio16, bio17 at 2.5 arcmin resolution.

Change Base Map
ESRI Topo

Map Occs Tbl Results Component Guidance Module Guidance

```
class : RasterStack
dimensions : 3680, 8640, 31184000, 10 (nrow, ncol, ncell, nlayers)
resolution : 0.04166667, 0.04166667 (x, y)
extent : -180, 180, -60, 90 (xmin, xmax, ymin, ymax)
crs : +proj=longlat +datum=WGS84 +ellps=WGS84 +tows84=0,0,0
names : bio01, bio02, bio03, bio04, bio10, bio11, bio12, bio15, bio16, bio17
min values : -276, 9, 8, 64, -127, -586, 0, 0, 0, 0
max values : 319, 213, 96, 22704, 382, 289, 10577, 265, 6586, 2319
```

Deneyisel yaklaşım: Farklı çevresel değişken kombinasyonlarını kullanınız.

Dikkat!

**Hangi çevresel veri çözünürlüğünü ve çevresel değişkenleri kullanmalısınız?*

4. Çevresel veriyi işlemek (Process Envs)

İş akışının bu aşamasında (1) arka planı/çalışma alanını seçmeli (Choose Background Extent) ve (2) arka plan verisini örneklemelisiniz (Sample Background Points).

Çalışma alanını, ya kendiniz (User-specified) ya da Wallace platformunun size sunduğu üç farklı seçeneği (Select Study Region – Background Extents: // Bounding box, Minimum convex polygon, Point buffers) kullanarak seçebilirsiniz. Bu seçim, tür dağılım modellemesindeki en kritik kararlardan biridir. Seçtiğiniz çalışma alanı, BAH diyagramındaki H (dispersal yoluyla ulaşılabilir alan) veya $H \cap \bar{O}$ (H'nin yeterince örneklenen bölümü) olmalıdır. Örneğin, çalışma alanı, ilgilendiğiniz taksonun dispersali engelleyen bariyerler nedeniyle ulaşamadığı bölgeleri içermemelidir.

→ Örneğin, bkz. Gür H. 2018. Kebikeç 46: 335-350. <https://bit.ly/2UEuWXQ>

→ Arka plan seçimi ile ilgili tartışma için, bkz. Elith vd. 2011. Diversity and Distributions 17: 43-57. <https://bit.ly/2q1tgmn> Merow vd. 2013. Ecography 36: 1058-1069. <https://bit.ly/2D73qet>

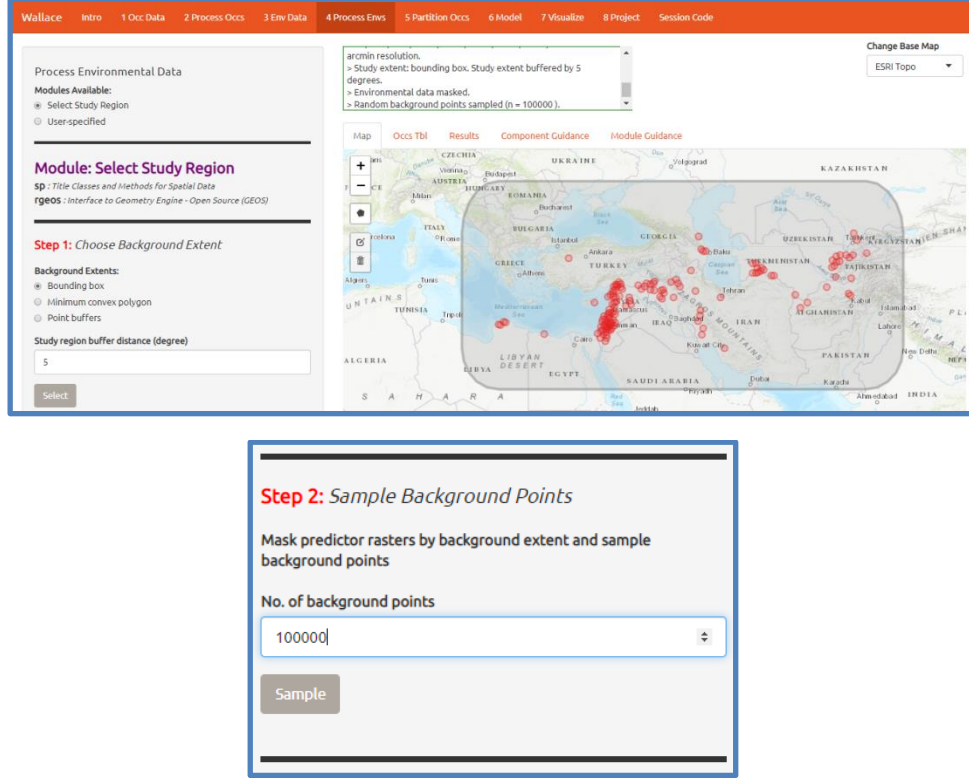
Maxent, arka plan verisini örneklerken, varsayılan (=default) olarak 10 000 arka plan noktasını (No. of background points) rastlantısal bir şekilde seçer. Bu nedenle, bu sayıyı olduğu gibi bırakabilirsiniz. Ancak 10 000 arka plan noktasının çalışma alanındaki çevresel değişkenliği tam olarak yansıtamayacağını düşünüyorsanız, nokta sayısını arttırabilirsiniz.

Biz, çalışma alanını Wallace platformunun bize sunduğu üç farklı seçenekten Bounding box seçeneğini kullanarak seçeceğiz. Bunun için, çalışma alanı tampon bölge mesafesini (Study region buffer distance (degree)) 5 derece olarak gireceğiz.

Arka plan verisini örneklemek için, arka plan nokta sayısını 100 000 olarak belirteceğiz.

Bu aşamanın izlencesi: Select Study Region – Background Extents: // Bounding box – Study region buffer distance (degree) // 5 – Select – No. of background points // 100000 – Sample

Wallace Grafik Kullanıcı Arayüzü – 4. İş Akışı



Deneyisel yaklaşım: Farklı çalışma alanları seçiniz. Örneğin, tampon bölge mesafesini değiştiriniz.

Dikkat!

*Çalışma alanını seçerken, nelere dikkat etmelisiniz?

5. Var/bulunma verisini bölümlemek (Partition Occs)

İş akışının bu aşamasında iki seçeneğiniz var: (a) alansal olmayan bölümleme (Non-spatial Partition) ve (b) alansal bölümleme (Spatial Partition).

Peki, neden var/bulunma verisini bölümlenmeniz gerekir? Geliştirdiğiniz modeli, doğruluğunu değerlendirebilmek için, bağımsız var/bulunma verisi ile test etmeniz gerekir. Ancak, çoğu biyolojik çeşitlilik verisinde olduğu gibi, gerçekten bağımsız var/bulunma verisi elde etmek oldukça zordur. Bu nedenle, var/bulunma verisini bölümlenmeniz gerekir: modeli geliştirmek/eğitmek için kullanılanlar ('training' veya

'calibration' verisi) ve modeli değerlendirmek için ayrılanlar ('testing' veya 'evaluation' verisi).

Yanlı örnekleme varsa ya da şüpheleniyorsanız ve/veya farklı bir coğrafyaya ve/veya zaman dilimine modeli uygulayacaksanız, alansal bölümlmeyi (özellikle blok seçeneğini, bkz. aşağıya) tercih edebilirsiniz.

Alansal olmayan bölümlmede iki seçeneğiniz var: (a) 'Jackknife' (Jackknife ($k = n$)) ve (b) Rastlantısal k kadar bölümlme (Random k -fold). Birinci seçenekte, var/bulunma kayıt sayısı (n) kadar bölüm (k) elde edersiniz. Kayıt sayısı (çok) az olduğu zaman, bu seçeneği kullanabilirsiniz.

→ Örneğin, bkz. Gür H. 2018. Kebikeç 46: 335-350. <https://bit.ly/2UEuWXQ>

İkinci seçenekte ise, rastlantısal k kadar bölüm elde edersiniz. Kayıt sayısı izin veriyorsa, önsel olarak $k = 10$ seçeneğini kullanabilirsiniz. Böylece, var/bulunma verisini eşit sayıda kayıt içeren 10 bölüme ayırmış olursunuz.

→ Örneğin, bkz. Gür H. 2013. Biological Journal of the Linnean Society 109: 19-32. <https://bit.ly/2UeH5Wp>

Alansal bölümlmede üç seçeneğiniz var: (a) Blok (Block ($k = 4$)), (b) Dama tahtası 1 (Checkerboard 1 ($k = 2$)) ve (c) Dama tahtası 2 (Checkerboard 2 ($k = 4$)). Birinci ve üçüncü seçeneklerde, var/bulunma verisini dört bölüme ayırmış olursunuz. İkinci seçenekte ise, var/bulunma verisini iki bölüme ayırmış olursunuz.

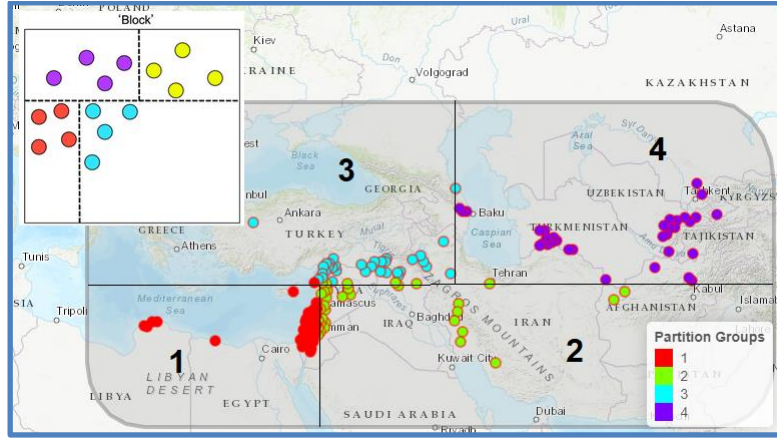
→ Blok yöntemine benzer bir yaklaşım için, örneğin, bkz. Gür H vd. 2018. Mammal Research 63: 197-211. <https://bit.ly/2CFCrXu>

Örneğin, var/bulunma verisini dört bölüme ayırmış olun. Her seferinde bu bölümlerden üçü modeli geliştirmek, biri ise modeli değerlendirmek için kullanılır. Böylece, her model parametre kombinasyonu (bkz. bir sonraki iş akışı) için dört model geliştirilir; yani, her bölüm, hem modeli geliştirmek hem de değerlendirmek için kullanılır. Aslında beş model geliştirilir. Beşinci model, Akaike bilgi kriteri değerlendirme istatistiği (bkz. bir sonraki iş akışı) için, tüm var/bulunma verisini kullanan modeldir.

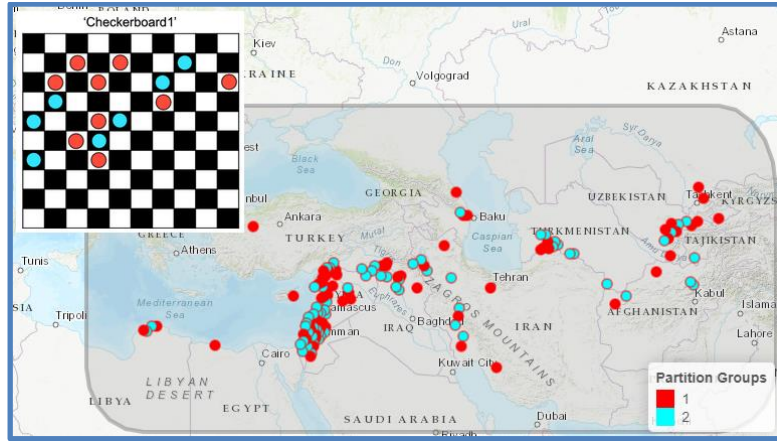
Biz, var/bulunma verisini, farklı bir zaman dilimine model transferi de gerçekleştireceğimiz için, alansal olarak (Spatial Partition) blok (Block ($k = 4$)) seçeneğini kullanarak bölümleyeceğiz. Böylece, dört bölüme ayırmış olacağız.

Bu aşamanın izlencesi: Spatial Partition – Options Available: // Block ($k = 4$) – Partition

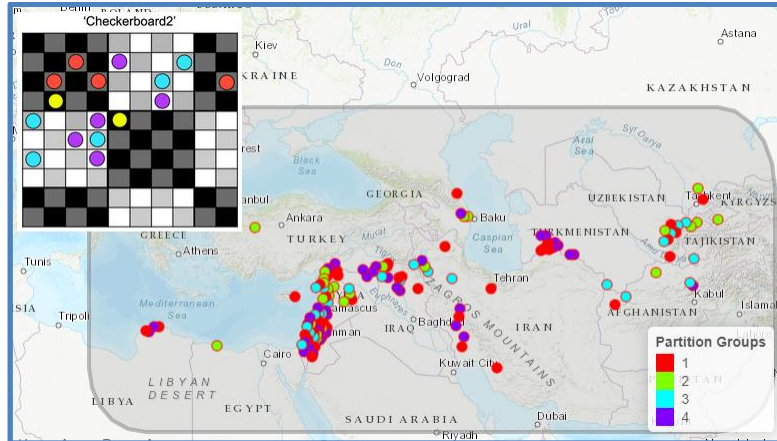
Alansal bölümlleme blok seçeneği (içteki şekil Muscarella vd., 2014'ten)



Alansal bölümlleme dama tahtası 1 seçeneği (içteki şekil Muscarella vd., 2014'ten)



Alansal bölümlleme dama tahtası 2 seçeneği (içteki şekil Muscarella vd., 2014'ten)



→ Var/bulunma verisini bölümlleme ile ilgili daha fazla detay için, bkz. Muscarella R vd. 2014. Methods in Ecology and Evolution 5: 1198-1205.

<https://besjournals.onlinelibrary.wiley.com/doi/full/10.1111/2041-210X.12261>

Deneyisel yaklaşım: Farklı bölümlleme seçenekleri kullanınız.

Dikkat!

**Var/bulunma verisini nasıl bölümlemelisiniz?*

6. Model geliştirmek (Model)

İş akışının bu aşamasında iki farklı seçeneğiniz var: (a) BIOCLIM ve/veya (b) Maxent algoritmalarını kullanma.

BIOCLIM, sadece var/bulunma verisi kullanan bir algoritmadır.

→ Booth TH vd. 2014. Diversity and Distributions 20: 1-9.
<https://onlinelibrary.wiley.com/doi/full/10.1111/ddi.12144> ve
<https://support.bccvl.org.au/support/solutions/articles/6000083201-bioclim>

Maxent, hem var/bulunma hem de arka plan verisi kullanan, maksimum entropi prensibini dayanan bir algoritmadır.

→ Phillips SJ vd. 2017. Ecography 40: 887-893.
<https://onlinelibrary.wiley.com/doi/full/10.1111/ecog.03049> ve
<https://support.bccvl.org.au/support/solutions/articles/6000083216-maxent>

Maxent algoritmasını seçtiğiniz zaman, iki seçeneğiniz var (Select algorithm): (a) maxnet veya (b) maxent.jar java uygulamasını kullanma.

Maxent.jar'ı kullanmak için, ilk olarak bilgisayarınıza indirmelisiniz:
https://biodiversityinformatics.amnh.org/open_source/maxent/

Daha sonra, dismo paketi ile ilişkili klasörde Java klasörüne taşımalsınız. Böylece, konum bilgisi şöyle olmalıdır: "...\\R-3.5.3\\library\\dismo\\java"

→ rJava ve Java versiyonları ile ilgili potansiyel sorunlar için, bkz. Potential Issues – rJava and Java versions (just for maxent.jar option) <https://github.com/wallaceEcoMod/wallace>

Maxent algoritmasında model karmaşıklığını düzenleyen iki parametre vardır: (a) öznitelik sınıfları (Doğrusal, Linear; Karesel, Quadratic; Kıvrım, Hinge; Çarpım, Product) ve (b) düzenlileştirme çarpanı. Bu iki parametrenin seçenekleri aracılığıyla, model karmaşıklığını düzenleyebilirsiniz. Seçebileceğiniz öznitelik sınıf kombinasyonları şu şekildedir (Select feature classes): L, LQ, H, LQH ve LQHP. Model karmaşıklığı, L'den LQHP'ye doğru artar. Düzenlileştirme çarpanı için, 0.5 ile 10 arasında farklı sayıda değer seçebilirsiniz (Select regularization multipliers). Değer arttıkça, model basitleşir.

→ Öznitelik sınıfları ve düzenlileştirme çarpanı ile ilgili tartışma için, bkz. Elith vd. 2011. Diversity and Distributions 17: 43-57. <https://bit.ly/2q1tgmn> Merow vd. 2013. Ecography 36: 1058-1069. <https://bit.ly/2D73qet>

Biz, maxent.jar java uygulaması üzerinden Maxent algoritmasını kullanacağız. Öznitelik sınıfları (=feature classes) için, mevcut tüm kombinasyonları (L, LQ, H, LQH ve LQHP) seçeceğiz (Select feature classes). Düzenlileştirme çarpanı (=regularization multiplier) için ise, 1, 2, 3, 4 ve 5 değerlerini kullanacağız (Select regularization multipliers). Böylece, bu seçimlere dayanan tüm model parametre kombinasyonlarını düşünerek, 25 model geliştireceğiz. Her model parametre

kombinasyonu (örneğin, L_1, LQ_1, H_1, ... H_5, LQH_5, LQPH_5), yani, 25 modelin her biri için ayrıca beş model geliştireceğimizi unutmayın (bkz. bir önceki iş akışı). *Eğer belirlediğiniz en iyi modeldeki (bkz. Model Sonuçları) düzenleme çarpanı kullandığınız en yüksek değer ise, daha yüksek bir değer tercih edebilirsiniz.*

Bu aşamanın izlencesi: Maxent – Select algorithm // maxent.jar – Select feature classes // tüm öznelik sınıfları – Select regularization multipliers // 1-5 – Multiplier step value // 1 – Run

Artık modelimizi geliştirebiliriz 😊

Wallace Grafik Kullanıcı Arayüzü – 6. İş Akışı

The screenshot shows the 'Build and Evaluate Niche Model' window. Under 'Modules Available', 'BIOCLIM' is unselected and 'Maxent' is selected. The 'Module: Maxent' section lists 'ENMeval', 'dismo', and 'maxnet'. A note advises checking module guidance for troubleshooting. In the 'Select algorithm' section, 'maxent.jar' is selected. The 'Select feature classes' section shows 'L', 'LQ', 'H', 'LQH', and 'LQHP' all selected. The 'Select regularization multipliers' section has a slider set to 1. The 'Multiplier step value' is set to 1. The 'Clamping?' checkbox is checked. A 'Run' button is at the bottom.

Model Sonuçları

İş akışının bu alt aşamasında en iyi modeli veya modelleri belirlemeniz gerekir. Bunun için, değerlendirme istatistiklerini kullanmalısınız. Wallace platformu, beş farklı değerlendirme istatistiği sunmaktadır. Ancak en iyi modelin nasıl seçileceği ile ilgili tartışmasız bir yöntem yoktur.

Değerlendirme istatistikleri (Muscarella vd., 2014'ten)

Metric	Description	References
AUC _{TEST}	The threshold-independent metric AUC based on predicted values for the test localities (i.e. localities withheld during model training), averaged over k iterations. Higher values reflect a better ability for a model to discriminate between conditions at withheld (testing) occurrence localities and those of background localities (by ranking the former higher than the latter based on their predicted suitability values). The rank-based AUC does not indicate model fit.	Hanley & McNeil (1982), Peterson <i>et al.</i> (2011)
AUC _{DIFF}	The difference between the AUC value based on training localities (i.e. AUC _{TRAIN}) and AUC _{TEST} (AUC _{TRAIN} - AUC _{TEST}). If AUC _{TRAIN} < AUC _{TEST} , the returned value is zero. Value of AUC _{DIFF} is expected to be positively associated with the degree of model overfitting.	Warren & Seifert (2011)
OR _{MTP} ('Minimum Training Presence' omission rate)	A threshold-dependent metric that indicates the proportion of test localities with suitability values (MAXENT relative occurrence rates) lower than that associated with the lowest-ranking training locality. Omission rates greater than the expectation of zero typically indicate model overfitting.	Fielding & Bell (1997), Peterson <i>et al.</i> (2011), Radosavljevic & Anderson (2014)
OR ₁₀ (10% training omission rate)	A threshold-dependent metric that indicates the proportion of test localities with suitability values (MAXENT relative occurrence rates) lower than that associated with the 10% of training localities with the lowest predicted suitability. Omission rates greater than the expectation of 10% typically indicate model overfitting.	Fielding & Bell (1997), Peterson <i>et al.</i> (2011)
AICc	The Akaike Information Criterion, corrected for small samples sizes reflects both model goodness-of-fit and complexity. The model with the lowest AICc value (i.e. $\Delta AICc = 0$) is considered the best model out of the current suite of models; all models with $\Delta AICc < 2$ are generally considered to have substantial support.	Burnham & Anderson (2004), Warren & Seifert (2011)

Biz, her bir istatistiği kullanarak, geliştirdiğimiz 25 modelden en iyisini/iyelerini belirleyeceğiz. Bunun için, ayrı ayrı her bir istatistik açısından bu modelleri sıralamamız gerekir.

Model sonuçları / Test AUC istatistiği açısından modeller sıralanmıştır.

Map

Occs Tbl

Results

Component Guidance

Module Guidance

Evaluation

Lambdas

Full model and partition bin average evaluation statistics

settings	features	rm	train.AUC	avg.test.AUC	var.test.AUC	avg.diff.AUC	var.diff.AUC	avg.test.orMTP
15 LQHP_3	LQHP	3	0.939	0.926	0.004	0.023	0.003	0.008
10 LQHP_2	LQHP	2	0.943	0.924	0.004	0.027	0.004	0.008
20 LQHP_4	LQHP	4	0.938	0.924	0.004	0.02	0.003	0.008
25 LQHP_5	LQHP	5	0.936	0.922	0.005	0.018	0.003	0.008
7 LQ_2	LQ	2	0.926	0.921	0.005	0.019	0.003	0.008
9 LQH_2	LQH	2	0.941	0.917	0.005	0.029	0.004	0.008
12 LQ_3	LQ	3	0.92	0.916	0.006	0.018	0.003	0.008
14 LQH_3	LQH	3	0.938	0.915	0.006	0.024	0.003	0.008
19 LQH_4	LQH	4	0.936	0.915	0.006	0.021	0.002	0.008
2 LQ_1	LQ	1	0.93	0.914	0.005	0.022	0.004	0.008

4

Previous

1

2

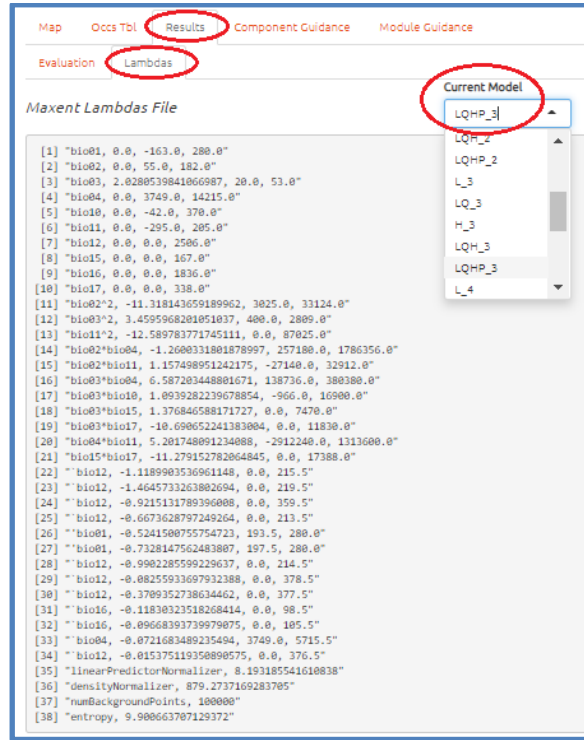
3

Next

(1) En yüksek test AUC [the area under the curve of a receiver operating characteristic (ROC) plot=karar değerlendirme grafiğindeki eğrinin altında kalan alan] değerine sahip model, LQHP_3'tür (avg.test.AUC = 0.9255). Bu model, modeli değerlendirmek için kullanılan var/bulunma verisini arka plan verisinden en iyi ayırt eden (bu anlamda en başarılı) modeldir.

Biz, bu modeli, en iyi model kabul ederek ilerleyeceğiz. Bu model ile ilgili detayları, Maxent Lambdas dosyasında (Maxent Lambdas File) bulabilirsiniz.

Maxent Lamdas dosyasını görüntülemek



→ Lamdas dosyasının nasıl değerlendirileceği ile ilgili bilgi için, <https://bit.ly/2vT877Q>

(2) Eğitim (=training) AUC ile test AUC arasındaki farkın en küçük olduğu model, LQHP_5'tir (avg.diff.AUC = 0.0179). Bu model, model aşırı uyumunun (=model overfitting; modelin, modeli geliştirmek için kullanılan var/bulunma verisine göre, modeli değerlendirmek için kullanılan var/bulunma verisinde daha az başarılı olma durumu) en az olduğu modeldir.

(3) Minimum eğitim var/bulunma (=minimum training presence) eşik değeri kullanıldığında, yanlış negatif oranı (=omission rate; modelin, modeli değerlendirmek için kullanılan var/bulunma verisinden yanlışlıkla yok olarak tahminlediği oran) en düşük olan tek bir model yoktur (avg.test.orMTP = 0.0076). Bu modeller, doğru pozitif oranı (=sensitivity; modelin, modeli değerlendirmek için kullanılan var/bulunma verisinden doğrulukla var olarak tahminlediği oran) en yüksek olan modellerdir.

(4) Yanlış negatif oranı en düşük olan modeller, %10 eğitim var/bulunma (=10% training presence) eşik değeri kullanıldığında, LQ_3, LQ_4 ve LQ_5'tir (avg.test.or10pct = 0.0606). Bu modeller, doğru pozitif oranı en yüksek olan modellerdir.

(5) Küçük örneklem büyüklükleri için düzeltilmiş Akaike bilgi kriteri değeri en küçük olan model, LQHP_5'tir (delta.AICc = 0). delta.AICc < 2 olan ve böylece LQHP_5 dışında istatistiksel olarak desteklenen bir model yoktur.

→ Akaike bilgi kriterinin biyocoğrafi bir çalışmada nasıl kullanıldığı ile ilgili olarak, örneğin, bkz. Gür H, Kart Gür M. 2012. Journal of Zoology 287: 104-114. <https://bit.ly/2v5EiRU>

7. Modeli görselleştirmek (Visualize)

İş akışının bu aşamasında (1) her bir değerlendirme istatistiği açısından modelleri karşılaştırmanıza izin veren grafikleri inceleyebilir (Maxent Evaluation Plots), (2) cevap eğrilerini (=response curves) değerlendirebilir (Plot Response Curves) ve (3) model kestirimlerini haritalandırabilirsiniz (Map Prediction).

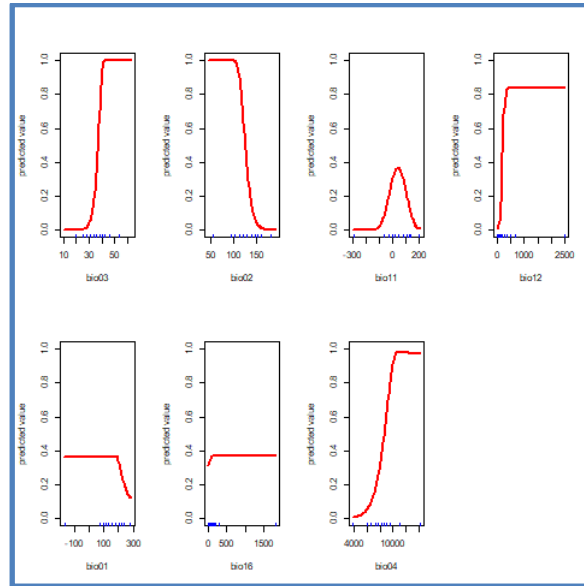
Her şeyden önce, bir önceki iş akışında belirlediğiniz en iyi modeli, *Current Model* altındaki menüden seçmelisiniz.

Modelinizi seçtikten sonra, ilk olarak cevap eğrilerini indirebilir ve inceleyebilirsiniz. Cevap eğrileri, kestirilen uygunluğun biyoiklimsel değişkenler ile ilişkisini gösterir. Ancak modeli geliştirmek için kullandığınız tüm biyoiklimsel değişkenleri, indirdiğiniz grafikte göremeyebilirsiniz. Bunun nedeni, nihai modelde bazı değişkenlerin kullanılmamasıdır.

İndirdiğimiz cevap eğrileri, yabani arpa için biyoiklimsel uygunluğun, örneğin, yıllık yağış (BIO12) yaklaşık 400 mm'ye kadar arttıkça arttığını ileri sürer.

Bu aşamanın izlencesi: Plot Response Curves – Download response plot (.png) // All response plots? – Download

LQHP_3 modeli cevap eğrileri



Daha sonra, model kestirimlerini haritalandırabilirsiniz (Map Prediction). Bunun için, hangi kestirim çıktısını (Prediction output // raw, logistic ve cclog) ve eşik (Set threshold // No threshold, Minimum Training Presence ve 10 Percentile Training Presence) kullanacağınıza karar vermelisiniz.

Biz, 'cclog' çıktısını ve eşik yok (No threshold) ve %10 eğitim var/bulunma (10 Percentile Training Presence) eşiklerini kullanacağız. Eşik yok eşik seçeneğini kullanarak elde ettiğimiz harita, biyoiklimsel uygunluğu gösterir. %10 eğitim var/bulunma eşik seçeneğini kullanarak elde ettiğimiz harita ise, var/yok haritasıdır.

Biyoiklimsel uygunluk ve var/yok haritaları, yabancı arpanın özellikle Bereketli Hilal ve Himalaya Dağları'nın kuzeybatı etekleri boyunca dağıldığını ileri sürer.

Bu aşamanın izlencesi: Map Prediction – Prediction output // cloglog – Set threshold // No threshold ve 10 Percentile Training Presence – Plot

Wallace Grafik Kullanıcı Arayüzü – 7. İş Akışı

Visualize Model Results

Modules Available:

☐ Maxent Evaluation Plots

☐ Plot Response Curves

☒ Map Prediction

Module: Map Prediction

dismo : Species Distribution Modeling

Prediction output

☐ raw ☐ logistic ☒ cloglog

Set threshold

No threshold

Plot

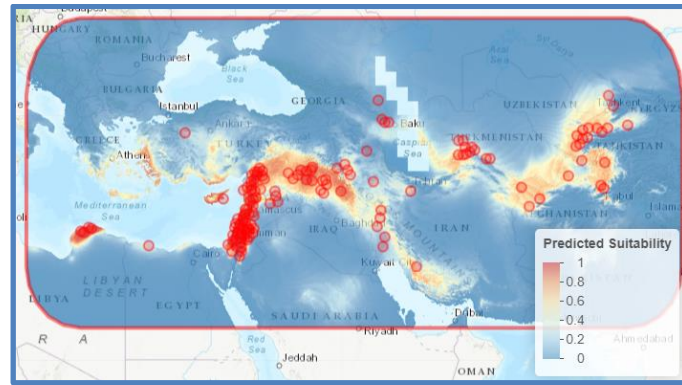
Select download file type

GeoTIFF

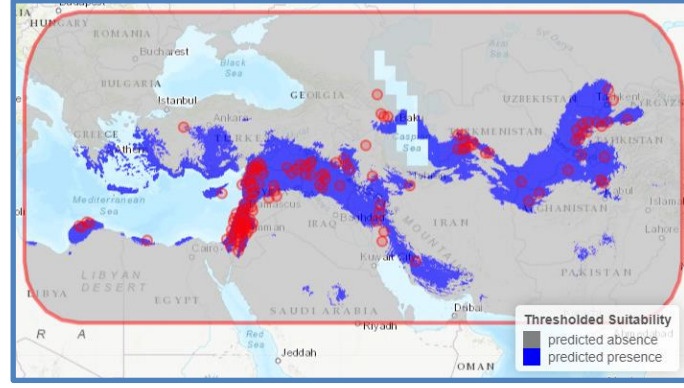
Download displayed raster

Download

Biyoiklimsel uygunluk haritası / Eşik yok eşik seçeneği



Var/yok haritası / %10 eğitim var/bulunma eşik seçeneği



8. Modelin farklı bir coğrafyaya ve/veya zaman dilimine uygulanması / model transferi (Project)

İş akışının bu aşamasında geliştirdiğiniz modeli (1) farklı bir coğrafyaya (Project to New Extent) ve/veya (2) zaman dilimine uygulayabilir (Project to New Time) ve (3) bu coğrafya ve/veya zaman dilimindeki çevresel koşulların modeli geliştirirken kullandığınız çevresel koşullardan ne kadar farklı olduğunu hesaplayabilirsiniz (Calculate Environmental Similarity).

Biz, geliştirdiğimiz modeli, farklı bir zaman dilimine uygulayacağız (Project to New Time). Bunun için, zamanı (Select time period // 2050 ve 2070), küresel sirkülasyon modelini (Select global circulation model // 19 modelden biri), temsili konsantrasyon rotasını (Select RCP // 2.6, 4.5, 6 ve 8.5) ve eşiği (Set threshold // No threshold, Minimum Training Presence ve 10 Percentile Training Presence) seçmeliyiz. Ayrıca, interaktif harita üzerinde çalışma alanını içeren bir poligon çizmeliyiz.

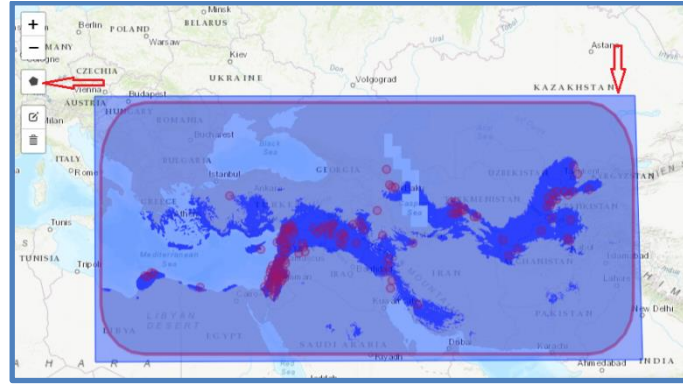
→ Küresel sirkülasyon modeli nedir? bkz. http://www.ipcc-data.org/guidelines/pages/gcm_guide.html

→ Hangi küresel sirkülasyon modellerini kullanmalıyız? <http://chelsa-climate.org/future/>

→ Temsili konsantrasyon rotaları ile ilgili bilgi için, bkz. <https://bit.ly/2VwfLo6>

Biz, poligonu aşağıdaki şekilde gösterildiği gibi çiziceğiz. Zamanı 2050, küresel sirkülasyon modelini CCSM4, temsili konsantrasyon rotasını ise ilk olarak 4.5 ve sonra 8.5 olarak seçeceğiz. Hem eşik yok hem de %10 eğitim var/bulunma eşik seçeneğini kullanacağız. *Eğer tüm temsili konsantrasyon rotalarını kullanmak istemiyorsanız, 4.5 veya 6.0 ve 8.5 rotalarını kullanabilirsiniz. Küresel sirkülasyon modellerine gelince, özellikle WorldClim veritabanını kullanırken, şunları tercih edebilirsiniz: ACCESS1-0 (AC), CCSM4 (CC), GISS-E2-R (GS), HadGEM2-ES (HE) ve MIROC5 (MC). Böylece, önerildiği gibi (bkz. <http://chelsa-climate.org/future/>), iklim model projeksiyonlardaki belirsizliği de dikkate almış olursunuz.*

Poligon çizimi



Günümüz ve 2050 yılı için biyoiklimsel uygunluk ve var/yok haritaları, yabancı arpanın coğrafi dağılımında çok büyük bir değişimin yaşanmayacağını ileri sürer.

Bu aşamanın izlencesi: Project to New Time – Select time period // 2050 – Select global circulation model // CCSM4 – Select RCP // 4.5 ve 8.5 – Set threshold // No threshold ve 10 Percentile Training Presence – Project

Wallace Grafik Kullanıcı Arayüzü – 8. İş Akışı

Project Model

Modules Available:

☐ Project to New Extent

☒ Project to New Time

☐ Calculate Environmental Similarity

Module: Project to New Time

dismo : Species Distribution Modeling

Select time period

2050

Select global circulation model

CCSM4

Select RCP

4.5

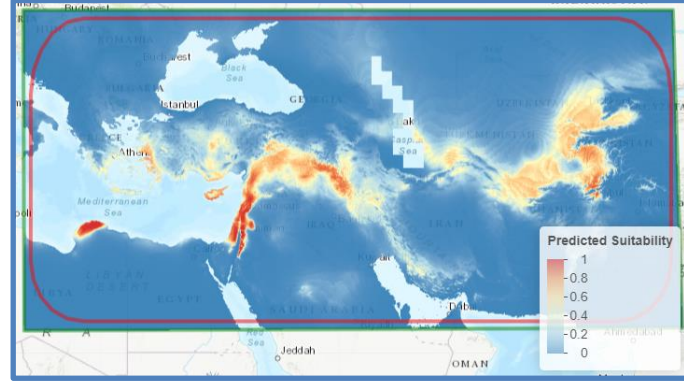
Set threshold

No threshold

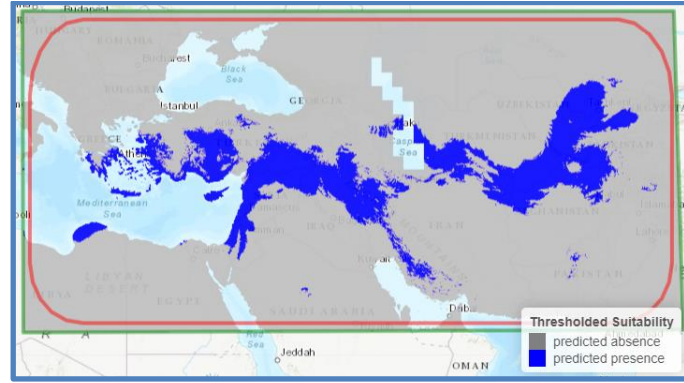
Project model to new time for current extent

Project

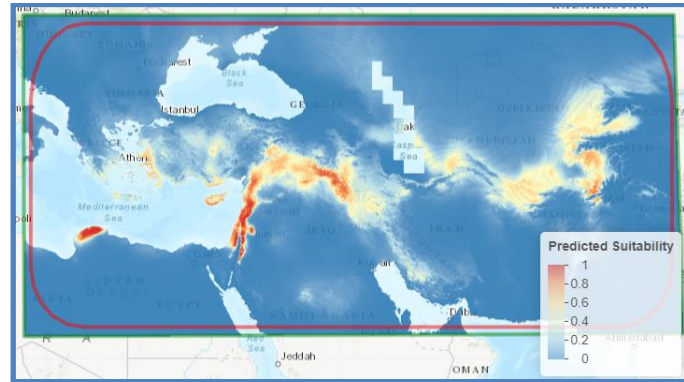
2050 yılı için biyoiklimsel uygunluk haritası / eşik yok eşik seçeneği ve 4.5 temsili konsantrasyon rotası



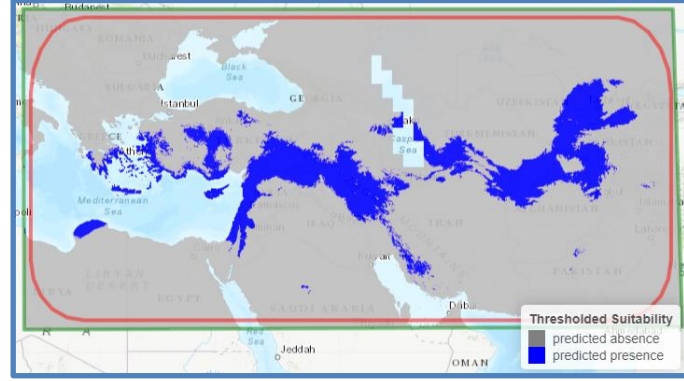
2050 yılı için var/yok haritası / %10 eğitim var/bulunma eşik seçeneği ve 4.5 temsili konsantrasyon rotası



2050 yılı için biyoiklimsel uygunluk haritası / eşik yok eşik seçeneği ve 8.5 temsili konsantrasyon rotası



2050 yılı için var/yok haritası / %10 eğitim var/bulunma eşik seçeneği ve 8.5 temsili konsantrasyon rotası)



Geliştirdiğiniz modeli, farklı bir coğrafyaya ve/veya zaman dilimine uygularken, bu coğrafya ve/veya zaman dilimindeki çevresel koşulların modeli geliştirirken kullandığınız çevresel koşullardan ne kadar farklı olduğunu değerlendirmeniz gerekir. Çünkü farklı bir coğrafya ve/veya zaman diliminde model eğitilirken kullanılan çevresel koşullardan farklı çevresel koşulların gözlemlendiği coğrafi yerler için model kestirimleri dikkatli yorumlanmalıdır. Ancak analog olmayan çevresel koşulların gözleniyor olması, model transferinin sorunlu olacağı anlamına gelmez. Cevap eğrilerini inceleyerek, ekstrapolasyonun (=extrapolate) model transfer sürecinde önemli bir sorun olup olmadığını değerlendirebilirsiniz.

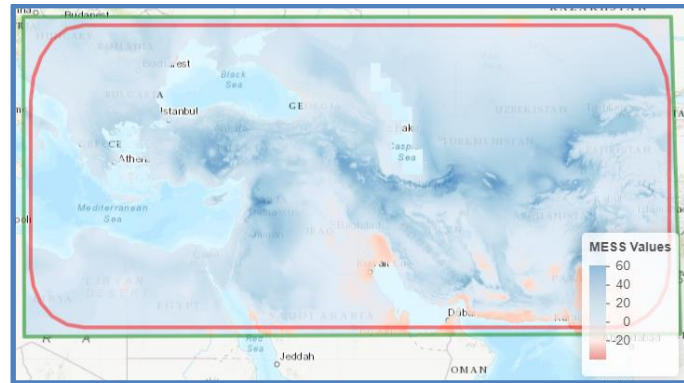
→ Bkz. Elith vd. 2010. Methods in Ecology and Evolution 1: 330-342. <https://bit.ly/2QK3atR>

Biz, analog olmayan çevresel koşulları, ekstrapolasyon ve klamp (=clamping) seçeneklerini kullanırken (bu seçenekler varsayılandır (=default)), çok değişkenli çevresel benzerlik yüzeyi (=multivariate environmental similarity surface, MESS) ile inceleyeceğiz (Calculate Environmental Similarity).

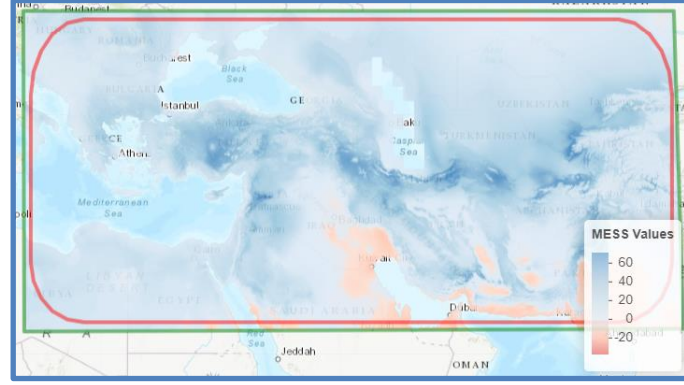
MESS haritaları, analog olmayan çevresel koşulların özellikle Umman Körfezi ve Basra Körfezi'ni çevreleyen coğrafi yerlerde gözlemlendiğini ileri sürer.

Bu aşamanın izlencesi: Calculate Environmental Similarity – Calculate MESS

2050 yılı ve 4.5 temsili konsantrasyon rotası için MESS / Kırmızı coğrafi yerler, en azından bir biyoiklimsel değişken açısından analog olmayan çevresel koşulların gözlemlendiği yerlerdir.



2050 yılı ve 8.5 temsilî konsantrasyon rotası için MESS / Kırmızı coğrafi yerler, en azından bir biyoiklimsel değişken açısından analog olmayan çevresel koşulların gözlemlendiği yerlerdir.



Kaynaklar

İklim Değişikliği

Abolafya M, Onmuş O, Şekercioğlu ÇH, Bilgin R. 2013. Using citizen science data to model the distributions of common songbirds of Turkey under different global climatic change scenarios. PLoS ONE 8(7): e68037.

Bellard C, Bertelsmeier C, Leadley P, Thuiller W, Courchamp F. 2012. Impacts of climate change on the future of biodiversity. Ecology Letters 15: 365-377.

Gür H. 2013. The effects of the Late Quaternary glacial-interglacial cycles on Anatolian ground squirrels: range expansion during the glacial periods? Biological Journal of the Linnean Society 109: 19-32.

Gür H. 2016. The Anatolian diagonal revisited: testing the ecological basis of a biogeographic boundary. Zoology in the Middle East 62: 189-199.

Gür H, Perktas U, Kart Gür M. 2018. Do climate-driven altitudinal range shifts explain the intraspecific diversification of a narrow ranging montane mammal, Taurus ground squirrels? Mammal Research 63: 197-211.

Quintero I, Wiens JJ. 2013. Rates of projected climate change dramatically exceed past rates of climatic niche evolution among vertebrate species. Ecology Letters 16: 1095-1103.

Sandel B, Arge L, Dalsgaard B, Davies RG, Gaston KJ, Sutherland WJ, Svenning J-C. 2011. The influence of late Quaternary climate-change velocity on species endemism. Science 334: 660-664.

Şen ÖL. 2013. A holistic view of climate change and its impacts in Turkey. Istanbul Policy Center, Sabancı University, Stiftung Mercator Initiative.

Turp MT, Öztürk T, Türkeş M, Kurnaz ML. 2014. RegCM4.3.5 bölgesel iklim modelini kullanarak Türkiye ve çevresi bölgelerin yakın gelecekteki hava sıcaklığı ve yağış klimatolojileri için öngörülen değişikliklerin incelenmesi. Ege Coğrafya Dergisi 23: 1-24

Tür Dağılım Modellemesi

- Alvarado-Serrano DF, Knowles LL. 2014. Ecological niche models in phylogeographic studies: applications, advances, and precautions. *Molecular Ecology Resources* 14: 233-248.
- Barve N, Barve V, Jiménez-Valverde A, Lira-Noriega A, Maher SP, Peterson AT, Soberón J, Villalobos F. 2011. The crucial role of the accessible area in ecological niche modeling and species distribution modeling. *Ecological Modelling* 222: 1810-1819.
- Booth TH, Nix HA, Busby JR, Hutchinson MF. 2014. BIOCLIM: the first species distribution modelling package, its early applications and relevance to most current MAXENT studies. *Diversity and Distributions* 20: 1-9.
- Cox CB, Moore PD, Ladle R. 2016. *Biogeography: An Ecological and Evolutionary Approach*. John Wiley & Sons. New York.
- Elith J, Leathwick JR. 2009. Species distribution models: ecological explanation and prediction across space and time. *Annual Review of Ecology, Evolution, and Systematics* 40: 677-697.
- Elton C.S. 1927. *Animal Ecology*. Sidgwich and Jackson. London.
- Escobar LE, Craft ME. 2016. Advances and limitations of disease biogeography using ecological niche modeling. *Frontiers in Microbiology* 7: 1174.
- Grinnell J. 1914. Barriers to distribution as regards birds and mammals. *American Naturalist* 48: 248-254.
- Grinnell J. 1917. Field tests of theories concerning distributional control. *American Naturalist* 51: 115-128.
- Grinnell J. 1924. Geography and evolution. *Ecology* 5: 225-229.
- Guisan A, Thuiller W. 2005. Predicting species distribution: offering more than simple habitat models. *Ecology Letters* 8: 993-1009.
- Gür H. 2013. The effects of the Late Quaternary glacial-interglacial cycles on Anatolian ground squirrels: range expansion during the glacial periods? *Biological Journal of the Linnean Society* 109: 19-32.
- Gür H. 2016. The Anatolian diagonal revisited: testing the ecological basis of a biogeographic boundary. *Zoology in the Middle East* 62: 189-199.
- Gür H. 2018. Hastalık biyocoğrafyası: Kırım-Kongo kanamalı ateşi hastalık bulaşma döngüsü ile örnek bir çalışma. *Kebikeç, İnsan Bilimleri İçin Kaynak Araştırmaları Dergisi* 46: 335-350.
- Gür H, Perktaş U, Kart Gür M. 2018. Do climate-driven altitudinal range shifts explain the intraspecific diversification of a narrow ranging montane mammal, Taurus ground squirrels? *Mammal Research* 63: 197-211.
- Hutchinson GE. 1957. Concluding remarks. *Cold Spring Harbor Symposia on Quantitative Biology* 22: 415-427.

Hutchinson GE. 1978. An Introduction to Population Ecology. Yale University Press. New Haven, CT.

Peterson AT. 2014. Mapping Disease Transmission Risk: Enriching Models Using Biogeography and Ecology. Johns Hopkins University Press. Baltimore.

Peterson AT, Soberón J, Pearson RG, Anderson RP, Martínez-Meyer E, Nakamura M, Araújo MB. 2011. Ecological Niches and Geographic Distributions (MPB-49). Princeton University Press. Princeton ve Oxford.

Richards CL, Carstens BC, Lacey Knowles L. 2007. Distribution modelling and statistical phylogeography: an integrative framework for generating and testing alternative biogeographical hypotheses. Journal of Biogeography 34: 1833-1845.

Saupe EE, Barve V, Myers CE, Soberón J, Barve N, Hensz CM, Peterson AT, Owens HL, Lira-Noriega A. 2012. Variation in niche and distribution model performance: the need for a priori assessment of key causal factors. Ecological Modelling 237-238: 11-22.

Soberón J, Peterson AT. 2005. Interpretation of models of fundamental ecological niches and species' distributional areas. Biodiversity Informatics 2: 1-10.

‘Wallace’ Platformu Kullanılarak, Tür Dağılım Modellemesi ile İklim Değişikliği Uygulamaları

Booth TH, Nix HA, Busby JR, Hutchinson MF. 2014. BIOCLIM: The first species distribution modelling package, its early applications and relevance to most current MAXENT studies. Diversity and Distributions 20: 1-9.

Elith J, Kearney M, Phillips S. 2010. The art of modelling range-shifting species. Methods in Ecology and Evolution 1: 330-342.

Elith J, Phillips SJ, Hastie T, Dudík M, Chee YE, Yates CJ. 2011. A statistical explanation of MaxEnt for ecologists. Diversity and Distributions 17: 43-57.

Gür H. 2013. The effects of the Late Quaternary glacial-interglacial cycles on Anatolian ground squirrels: range expansion during the glacial periods? Biological Journal of the Linnean Society 109: 19-32.

Gür H, Kart Gür M. 2012. Is spatial variation in food availability an explanation for a Bergmannian size pattern in a North American hibernating, burrowing mammal? An information-theoretic approach. Journal of Zoology 287: 104-114.

Gür H. 2018. Hastalık biyocoğrafyası: Kırım-Kongo kanamalı ateşi hastalık bulaşma döngüsü ile örnek bir çalışma. Kebikeç, İnsan Bilimleri İçin Kaynak Araştırmaları Dergisi 46: 335-350.

Gür H, Perktas U, Kart Gür M. 2018. Do climate-driven altitudinal range shifts explain the intraspecific diversification of a narrow ranging montane mammal, Taurus ground squirrels? Mammal Research 63: 197-211.

Kass JM, Vilela B, Aiello-Lammens ME, Muscarella R, Merow C, Anderson RP. 2018. Wallace: A flexible platform for reproducible modeling of species niches and distributions built for community expansion. Methods in Ecology and Evolution 9: 1151-1156.

Merow C, Smith MJ, Silander Jr JA. 2013. A practical guide to MaxEnt for modeling species' distributions: what it does, and why inputs and settings matter. *Ecography* 36: 1058-1069.

Muscarella R, Galante PJ, Soley-Guardia M, Boria RA, Kass JM, Uriarte M, Anderson RP. 2014. ENMeval: An R package for conducting spatially independent evaluations and estimating optimal model complexity for Maxent ecological niche models. *Methods in Ecology and Evolution* 5: 1198-1205.

Phillips SJ, Anderson RP, Dudík M, Schapire RE, Blair ME. 2017. Opening the black box: An open-source release of Maxent. *Ecography* 40: 887-893.

Russell J, Van Zonneveld M, Dawson IK, Booth A, Waugh R, Steffenson B. 2014. Genetic diversity and ecological niche modelling of wild barley: Refugia, large-scale post-LGM range expansion and limited mid-future climate threats?. *PloSone* 9(2), e86021.