

## Sistemik Zoolojide Farklılık Katsayısı (CD) Kullanımı ve Alttür Kavramı

C. Can BİLGİN

Orta Doğu Teknik Üniversitesi, Biyoloji Bölümü, Balgat, Ankara - TÜRKİYE

Geliş Tarihi: 13.06.1997

**Özet :** Elli yıl kadar önce önerilen ve bir karakter açısından iki populasyon arasındaki farkın bir ölçüsü olan Farklılık Katsayısı'nın (CD) kullanımı, bu katsayının istatistiksel zayıflıkları, aynı anda birden fazla karakteri değerlendirmemesi ve çalışılan karakterlerin genellikle birbiriyle uyum içinde varyasyon göstermemeleri nedenleriyle günümüzde artık önerilmemektedir. Az sayıda karakter söz konusu olduğu durumlarda, istatistiksel açıdan denenmiş t-testi veya varyans analizine başvurulması, çok sayıda karakter söz konusu ise Euclid mesafesi gibi çok-değişkenli mesafe ölçüleri ya da ayrışım fonksiyonu analizi yoluyla gruplar arası farklılıkların ve takson sınırlarının belirlenmesi yararlı olacaktır.

Biyolojik Tür Kavramı'nın son yorumuna göre alttür, coğrafi yayılış, uyumlu karakterler ve kendine özgü diyagnostik özellikler esaslarına göre tanımlanmaktadır. Ancak alttür kategorisinin sınırlarını belirleyen objektif bir ölçüt yoktur. Filogenetik Tür Kavramı'nda ise çalışılabilir bir alttür kavramının yeri olduğu tartışmalıdır.

**Anahtar Sözcükler :** Taksonomik metodoloji, farklılık katsayısı (CD), çokdeğişkenli istatistik, alttür kavramı.

### The Use of Coefficient of Difference (CD) in Systematic Zoology and the Subspecies Concept

**Abstract :** The use of the Coefficient of Difference (CD), which was first suggested some 50 years ago, as a measure of difference of a single character between two populations is not recommended today on grounds of statistical weakness, its inability to evaluate more than one character simultaneously, and the often discordant variation of the characters studied. It is useful to utilize the statistically proven t-test or analysis of variance in cases when a few characters are studied, while multivariate distance measures such as Euclidian distance or discriminant function analysis will help determine differences between groups and taxon boundaries when many characters are studied.

According to the latest version of the Biological Species Concept, subspecies are defined on the basis of geographical distribution, concordant characters, and unique diagnosable properties. However, there is no objective criteria that defines the boundaries of the subspecies category. It is questionable that the subspecies concept is operational for the Phylogenetic Species Concept.

**Key Words :** Taxonomic methodology, coefficient of difference (CD), multivariate statistics, subspecies concept.

### Giriş

Eldeki örneklerin hangi taksona dahil edileceği, sistematik ilk uygulamalarının yapıldığı yıllardan beri taksonomistleri düşündüren bir karar olmuştur. İncelenen örneklerin hangi düzeydeki taksonomik kategoriye ait olduğu kararı da sistematik kuramı ve pratiğinde önemli bir aşamadır (1, 2). İki ayrı populasyondan alınmış örnekler arasında istatistik açıdan belirgin bir fark bulunmadığı takdirde örneklenen populasyonların aynı taksona ait olduğu kabul edilir. Öte yandan, belirgin bir farklılığın saptanması ise örneklerin ayrı taksonlara ait olduğunu tek başına göstermez. Böyle bir durumda, yalıtım derecesi, simpatri, klinal varyasyon gibi ek koşullar incelenmeden karar verilemez (2).

Politipik türlerin yaygın olduğu hayvan gruplarında, çalışılan iki populasyon arasındaki farkın alttür düzeyinde olup olmadığı sorusu sistematikçilerin oldukça sık karşılaştıkları bir sorudur. Eğer her iki populasyondan alınan örnekler, bazı karakterler bakımından örtüşüyorlarsa bu örtüşmenin önemini objektif yöntemlerle belirlemek önem kazanmaktadır. Bu yöntemlerin en basiti ölçülen her karakterin iki populasyon için bulunan değerlerini bir grafik üzerinde karşılaştırmaktır. Ancak bu yöntem, sadece örneklerden alınan karakterlerin örtüşmesini verdiği için (örneklenen populasyonların örtüşmesi her zaman daha fazladır) ve uç noktaların önemini abarttığı için uygun bulunmamaktadır (1).

Ernst Mayr, çalışılan canlıların farklı özelliklerini karşı-

laştırmak amacıyla 1943 yılında "Farklılık Katsayısı" (*Coefficient of Difference - CD*) adıyla bir istatistik kullanılması önermiştir (3). Bu istatistik, a ve b popülasyonlarının ortalamaları ( $M_i$ ) arasındaki farkın, standart sapmalarının ( $SD_i$ ) toplamına bölünmesiyle hesaplanmaktadır:

$$CD = \frac{M_b - M_a}{SD_a + SD_b}$$

Farklılık katsayısı kolay hesaplanmasına karşın, varsayılanın aksine normal dağılım göstermemesi ve özellikle küçük örnek sayılarından elde edilen  $M$  ve  $SD$  değerlerinin gerçek popülasyon değerlerinden önemli ölçüde farklı olması nedenleriyle Mayr tarafından bile pek sağlıklı bir istatistik olarak kabul edilmemektedir (1, 2). CD değeri için üst ve alt güven sınırları hesaplamak veya toplanmış varyansların kare kökünü almak gibi öneriler uygulamaya geçirilmemiştir.

Aradan elli yıldan uzun bir süre geçmesine karşın, güvenilirliği tartışılır bir ölçüt olan farklılık katsayısına Türkiye'deki sistemantik zooloji çalışmalarında zaman zaman başvurulmaktadır. Örneğin, 1995 ve 1996 yıllarında Türk Zooloji Dergisi'nde yayınlanan ve popülasyonlar arası karşılaştırmaların yapıldığı 14 sistemantik zooloji makalesinden 7'sinde, yani yarısında CD ölçüsünü kullanılmıştır.

#### İstatistik Açısından Değerlendirme

Farklılık katsayısı aynı anda bir tek karakter (ya da değişken) için hesaplanabildiği için tek-değişkenli (*univariate*) bir istatistiktir. Dolayısıyla çalışılan her bir karakter için ayrı ayrı hesaplanması ve her bir karakter için elde edilen CD değerlerinin diğer ölçütlerle beraber ele alınması önerilmektedir. Elde edilen CD değerlerinin her karakter için farklı bulunmaları durumunda nasıl bir yol izlenmesi gerektiği konusunda ise ortak bir görüş yoktur.

Mayr'a göre bir popülasyonun yeni ve geçerli bir alttür sayılabilmesi için popülasyondaki bireylerin %75'inin daha önce tanımlanmış bir alttüre ait "tüm" bireylerden (daha doğrusu en az %97'sinden) farklı olması gerekir (1). Bu duruma karşılık gelen CD değeri yaklaşık olarak 1.28'dir. Bu değer yaygın olarak iki popülasyonun farklı alttürler olup olmadıklarını ayıran çizgi olarak kabul edilmiştir; yani, 1.28'in üzerindeki CD değerlerinin alttür düzeyinin üstünde bir farklılığı, bu değer altındaki CD değerlerinin

ise alttür olarak kabul edilmek için yetersiz bir farklılığı yansıttığı öngörülür. Buradaki 1.28 değerinin tümüyle bir kabul üzerine dayandığını vurgulamak gerekmektedir. Bu sayıyı kritik eşik olarak kabul etmek için biyolojik bir gerekçe olmadığı gibi, sistemantik zoolojinin değişik dönemlerinde taksonomistlerin eğilimlerine göre farklı kritik eşik değerleri kabul edildiği de bilinmektedir. Örneğin ornitolojide türleri bölmek yaklaşımının hakim olduğu dönemlerde 0.675 değerinde bir CD çalışılan popülasyonların ayrı alttürler olarak kabul edilmelerine yeterken, 1960'larda 1.5 eşik değeri bile aynı karar için düşük bulunmaktaydı (1). Dolayısıyla, subjektif bir seçim sonucunda belirlenmiş 1.28 değerinin kritik eşik olarak kullanılması zorunluluğu yoktur.

Öte yandan, her örnek istatistiği için geçerli olduğu gibi, farklılık katsayısı da yansıttığı, yani örneklerin alındığı gerçek popülasyon istatistiklerinin bir tahminidir. Bu durum, CD için alt ve üst güven sınırlarının hesaplanmasını gerekli kılar. Bir başka deyişle, örneğin 1.33 olarak hesaplanan bir CD değerinin alt ve üst sınırları 1.24 ve 1.39 olarak bulunabilir; bu durumda farkın alttür düzeyinde olduğunu söyleyebilmek ancak belli olasılıklar çerçevesinde mümkündür.

#### Alternatif Yöntemler

Eğer az sayıda karakter tek tek karşılaştırılmak isteniyorsa, yaygın bir kullanıma ve köklü bir geçmişe sahip t-testi, ortalamalar arasında belirgin fark olup olmadığını hesaplamak için daha uygundur (4, 5). Formülde,  $n_i$  örnek sayısını,  $Y_i$  ortalamayı ve  $s^2$  varyansı göstermektedir:

$$t_s = \frac{(Y_1 - Y_2)}{\sqrt{\left[ \frac{(n_1 - 1)s_1^2 + (n_2 - 1)s_2^2}{n_1 + n_2 - 2} \right] \left( \frac{n_1 + n_2}{n_1 n_2} \right)}}$$

Karmaşık gözükmesine karşın, basit bilgisayar programlarıyla kolayca hesaplanabilen t değeri, karşılaştırılan iki ortalamasının arasında istatistiksel olarak belirgin bir fark olup olmadığını ortaya koyar; aynı zamanda alt ve üst güven sınırları da belirlenir. Ancak, bulunan t değerinin hangi derece taksonomik farklılığa karşılık geldiği belli değildir. Eğer iki popülasyon arasındaki olası diyagnostik karakterlerin sayısı iki-üç geçmiyorsa, bu karakterlerin t-testi yoluyla karşılaştırılmaları yararlı olabilir. Birden fazla popülasyon

aynı anda karşılaştırılmak istenirse, varyans analizi (ANOVA) yoluyla populasyonlar arası farklılıkların bireyler arasındaki (yani populasyon içi) varyasyona göre belirgin olup olmadığı incelenebilir.

Tek değişkenli istatistikler karşısında çok-değişkenli, yani aynı anda birden çok karakteri (ya da değişkeni) değerlendirerek taksonomik birimler arasındaki mesafeyi belirleyen veya yeni "sentetik" karakterler oluşturan istatistiklerin birçok üstünlükleri vardır. Çalışılan canlının özelliklerinin bir bütün olarak ele alınmasına olanak sağ-lamaları, korelasyon gösteren (yani aynı şekilde değişen) karakterlere gereğinden fazla ağırlık vermemeleri, insan aklının doğal değerlendirme sürecine daha yakın olmaları, toplam varyasyonu anlamlı bir biçimde özetlemeleri bu üstünlükler arasında sayılabilir.

İkiden fazla karakterin (değişkenin) çalışılması sözkonusu olduğunda, bu karakterlere göre iki birey arasındaki farkı ölçmek için, bir dik üçgenin hipotenüsünü (burada iki birey arasındaki mesafeyi) diğer iki kenar (burada her bir karakter değeri) sayesinde hesaplanması esasına dayanan Euclid mesafesi kullanılabilir (6, 7). Bu mesafe ölçüsü üç veya daha fazla karakter boyutu için de geçerlidir. Benzer biçimde Manhattan mesafesi, protein elektroferezi sonuçları gibi genetik değerler için Nei'nin mesafesi veya farkların mutlak değerlerinin toplamının karakter sayısına bölünmesiyle elde edilen Ortalama Karakter Mesafesi gibi, taksonomik birimler arasındaki farkı nicelik olarak veren istatistikler kullanılabilir.

Aynı anda birden fazla karakteri ele alarak taksonlar arasındaki mesafeyi ortaya koyan ayrışım (diskriminant) fonksiyonu gibi çok-değişkenli yöntemler bilgisayarların yaygınlaşmasıyla birlikte tercih edilmektedirler. Ayrışım fonksiyonu analiziyle, araştırmacı tarafından önceden belirlenen grupları birbirlerinden en iyi ayıran karakter kombinasyonu saptanır ve herhangi bir bireyin hangi "taksona" ait olabileceği bir olasılık halinde sunulur. Diyagnostik karakterleri ortaya çıkarmada da yararlı olan bu analiz sonucunda, varyasyonun çoğunu temsil eden ilk iki eksen üzerine güven elipsleri çizerek incelenen grupların ne ölçüde örtüştüğü bulunabilir. Ne var ki, bu yolla bir farklılık olduğunun belirlenmesi gerçekte birden fazla taksonun sözkonusu olduğunu göstermez (8).

#### Sistemik Zoolojide Alttür Kavramı

Biyolojik Tür Kavramı'nın (BTK) üreme yalıtımına dayalı ölçütüne ve tür kategorisinin evrimsel açıdan anlamlı tek taksonomik kategori olmasına karşın alttür kavramı için açık tanımlar ve kesin ölçütler

bulunmamaktadır (9).

Mayr ve Ashlock'a göre alttürü tanımlayan objektif bir ölçüt yoktur; ayrıca, bu kategori evrimsel bir birim de değildir (2). Bu yazarlara göre, alttür, bir türün diğer benzer populasyonlarından taksonomik olarak farklılaşmış ve türün coğrafi yayılışının belli bir bölgesinde bulunan, fenotipik olarak birbirine benzer populasyonlar kümesidir. Bu tanımın en önemli sorunu, birçok fenotipik karakterin birbirinden bağımsız coğrafi varyasyon göstermesi gerçeğidir. Avise ve Ball'ın (10) önerisi üzerine, O'Brien ve Mayr (11) alttür tanımını yeniden ele alarak şu üç ölçüte bağlamışlardır: Bir alttüre ait bireyler, i) sadece belli bir coğrafi bölge veya habitatta bulunurlar; ii) filogenetik açıdan uyumlu bir grup fenotipik karakteri paylaşırlar; iii) türün diğer alttürleriyle karşılaştırıldıklarında kendilerine özgü biyolojik ve ekolojik özelliklere sahiptirler. Bu tanımın en önemli farkı, alttürü belirleyen karakterler kümesinin türün coğ-rafiyasında uyumlu bir değişim göstermesidir.

Öte yandan, özellikle allopatrik populasyonların değerlendirilmesi konusunda BTK ciddi bir şekilde eleştirilmiş ve yerine Filogenetik Tür Kavramı (FTK) önerilmiştir (12, 13). Bu tür kavramı, üreme yalıtımı yerine evrimsel tarihi vurgulamaktadır; öyle ki, "aynı soydan inen bireylerin oluşturduğu (ve sadece onlara özgü bir dizi karakter yardımıyla) teşhis edilebilen en küçük topluluk", tür olarak kabul edilmektedir (14) (Hangi tür kavramının daha geçerli ya da yararlı olduğu burada tartışılmamaktadır). Bu alternatif tür tanımına göre, bir türün alttürlerinden söz etmek olanaksız hale gelmiş görünmektedir, çünkü eğer teşhis edilebilen en küçük topluluk tür ise uyumlu bir dizi karakter yardımıyla alttürleri teşhis etme olanağı kalmamakta, geleneksel ölçütlere göre bugün alttür kabul edilen her populasyon (üyeleri aynı soydan inmişlerse) ayrı ayrı filogenetik türler olarak değerlendirilmektedir. Nitekim BTK'ye göre bugün yaklaşık 9000 türü olduğu kabul edilen kuşların, FTK ölçütleri uygulandığında 20,000 türe ulaşacakları beklenmektedir (15). Filogenetik alttürün tanımı yapılsa da, evrimsel bir birim olan bu alttür kavramı, yalnızca tür-altı sınıflamayı kolaylaştıran klasik alttür kavramından farklı olacaktır.

#### Alttür Sayılmak İçin Ne Kadar Farklılık Gereklidir?

Özellikle birbirine morfolojik açıdan yakın, ancak belirgin karakterlerle ayırdedilebilen populasyonlardan alınan örneklerin, aynı türün farklı alttürlerini mi, yoksa birbirine yakın ama ayrı iki (kardeş) türü mü temsil ettikleri sorusu taksonomi pratiğinde her zaman önemini

korumuştur. Farklılık katsayısı için sübjektif olarak saptanan "1.28", vb. değerler bu ayrımı belirlemek amacını taşıyordu. Benzer bir yaklaşımla Manhattan mesafesi gibi çok-değişkenli mesafe ölçüleri için de bazı eşik değerleri önerilebilir ve bu gibi çok-değişkenli ölçüler, çok sayıda (morfolojik, biyokimyasal, davranışsal) karakteri içeriyorlarsa, kuşkusuz CD gibi tek-değişkenli ölçülerden daha güvenle kullanılabilirler. Bir başka yöntem, ayrışım fonksiyonu analizinde değerlendirilen gruplar için güven elipsleri çizilmesi ve bu elipslerin birbirleriyle örtüşüp örtüşmediklerine göre taksonomik kategorilerin belirlenmesidir. Ancak bu yöntemde de, güven elipslerinin yansıtacakları (%75 veya %90 şeklindeki) güvenilirlik derecelerinin yine sübjektif bir yolla belirlenmesi zorunludur.

Son yıllarda sistematikte giderek daha sık kullanılan (protein veya DNA polimorfizmi gibi) biyokimyasal karakterler için de bir genetik mesafe hesaplanması mümkündür. Özellikle, sadece anasoyu üzerinden aktarılan mitokondri DNA'sının (mtDNA) belli bölümlerinin farklı popülasyonlara ait bireyler için karşılaştırılması yoluyla takson sınırlarının saptanması ve filogenetik köken hakkında hipotezler üretilmesi yaygın kullanım bulmuştur (16, 17). Helbig ve ark. (18) mtDNA polimorfizminin çalışıldığı kuş türlerinden 50 kadar birbirine çok yakın tür ile 25 kadar alttür arasında (amino asit diziliminde gözlenen) % baz farklılaşmasını karşılaştırmışlardır. Benzer türler genelde %1.5 ila %5 arasında dizilim farkı gösterirken alttürler %0.1 ile %2.5 arasında farklılık göstermişlerdir. Aralarında çok az fark

görünen bazı biyolojik türlerin varlığı ise çoğunlukla evrimsel geçmişte iki tür arasında bir hibridizasyon gerçekleşmesine ve bir türün mtDNA'sının diğer türün tüm bireylerine (ana tarafından) aktarılmasına bağlanmaktadır (18, 19). Mitokondri genomuyla yapılacak çalışmalar yol gösterici olmalarına ve belli gruplar için taksonomik kategorizasyonda kullanılabilirliklerine karşın, taksonlar arasında gen alışverişi olup olmadığının bu yolla anlaşılamayacağı bilinmelidir.

## Sonuç

Elli yılı aşkın bir süre önce önerilen farklılık katsayısı (CD), gerek istatistiksel açıdan sakıncalı özellikleri bulunduğu için, gerek alttür olarak kabul edilmek için günümüz sistematik biliminde birçok koşulun sağlanması gerekli görüldüğünden, alttür tanımında artık başlıca ölçüt olarak önerilmemektedir. Öte yandan, biyoistatistik kuramının ve bilgisayar destekli analiz yöntemlerinin bugün ulaştıkları noktada bile, alttür kategorisinin sınırlarını belirleyen objektif bir sayısal ölçüt (çok-değişkenli sentetik değişkenler de dahil) bulunmamaktadır.

Bugünkü uygulamada, ancak değişik koşullar sağlandığı takdirde alttür kararı verilmesi uygun bulunmaktadır. Bu koşullar (veya dikkate alınması gereken hususlar) arasında yalıtımın derecesi, klinal varyasyonun varlığı-yokluğu, mozaik şeklinde bir yayılışın varlığı-yokluğu ve değişik karakterlerin uyumlu bir varyasyon örgüsü gösterip göstermedikleri sayılabilir.

## Kaynaklar

1. Mayr, E. (1969) Principles of Systematic Zoology, McGraw Hill, New York.
2. Mayr, E. & P.D. Ashlock (1991) Principles of Systematic Zoology, 2nd edition, McGraw Hill, New York.
3. Mayr, E. (1943) In J.A. Oliver, Status of *Uta ornata lateralis*. Copeia, p.102, 1943.
4. Fisher, R.A. (1939) The comparison of samples with possibly unequal variances. Annals of Eugenics 9: 174-180, 1939.
5. Sokal, R.R. & Rohlf, J. (1973) Introduction to Biostatistics, Freeman, San Francisco.
6. Abbott, L.A., Bisby, F.A. & Rogers, D.A. (1985) Taxonomic Analysis in Biology, Columbia U. Press, New York.
7. Sneath, P.H.A. & Sokal, R.R. (1973) Numerical Taxonomy, Freeman, San Francisco.
8. Wiley, E.O. (1981) Phylogenetics: The Theory and Practice of Phylogenetic Systematics, Wiley, New York.
9. Mayr, E. (1963) Animal Species and Evolution, Harvard U. Press, Cambridge.
10. Avise, J.C. & Ball, R.M. (1990) Principles of genealogical concordance in species concepts and biological taxonomy. Oxford Surveys in Evolutionary Biology, 7:45-67, 1990.
11. O'Brien, S.J. & Mayr, E. (1991) Bureaucratic mischief - Recognizing endangered species and subspecies. Science, 251 (4998): 1187-1188, 1991.

12. Cracraft, J (1983) Species concepts and speciation analysis. *Current Ornithology* 1:159-187.
13. McKittrick, M.C. & Zink, R.M. (1988) Species concepts in ornithology. *Condor*, 90: 131-140, 1998.
14. Zink, R.M. (1996) Species concepts, speciation, and sexual selection. *J. of Avian Biology*, 27 : 1-6, 1996.
15. Mayr, E. (1993) Fifty years of research on species and speciation. *Proc. Calif. Acad. Sci.* 48 : 131-140, 1993.
16. Hillis, D.M. & Moritz, C. (eds) (1990) *Molecular Systematics*, Sinauer, Sunderland, Mass.
17. Avise, J.C. (1994) *Molecular Markers, Natural History and Evolution*. Chapman & Hall, London.
18. Helbig, A.J., Seibold, I., Martens, J. & Wink, M. (1995) Genetic differentiation and phylogenetic relationships of Bonelli's Warbler *Phylloscopus bonelli* and Green Warbler *P. nitidus*. *J. Avian Biology* 26 : 139-153, 1995.
19. Seibold, I., Helbig, A.J. & Wink, M. (1993) Molecular systematics of falcons (Family Falconidae). *Naturwiss.* 80:87-92, 1993.