

Küresel Tarımda Güncel Eğilimler: Epigenetik Yaklaşımlar

**Editörler: Barış EREN • Adnan AYDIN
Fatih DEMİREL**



Küresel Tarımda Güncel Eğilimler: Epigenetik Yaklaşımlar

Editörler:

Barış EREN

Adnan AYDIN

Fatih DEMİREL

 **ÖZGÜR**
YAYINLARI

Published by

Özgür Yayın-Dağıtım Co. Ltd.

Certificate Number: 45503

📍 15 Temmuz Mah. 148136. Sk. No: 9 Şehitkamil/Gaziantep

☎ +90.850 260 09 97

📞 +90.532 289 82 15

🌐 www.ozguruyinlari.com

✉ info@ozguruyinlari.com

Küresel Tarımda Güncel Eğilimler: Epigenetik Yaklaşımlar

Editörler: Barış EREN • Adnan AYDIN • Fatih DEMİREL

Language: Turkish

Publication Date: 2025

Cover design by Mehmet Çakır

Cover design and image licensed under CC BY-NC 4.0

Print and digital versions typeset by Çizgi Medya Co. Ltd.

ISBN (PDF): 978-625-5757-60-9

DOI: <https://doi.org/10.58830/ozgur.pub928>



This work is licensed under the Creative Commons Attribution-NonCommercial 4.0 International (CC BY-NC 4.0). To view a copy of this license, visit <https://creativecommons.org/licenses/by-nc/4.0/>. This license allows for copying any part of the work for personal use, not commercial use, providing author attribution is clearly stated.

Suggested citation:

Eren, B. (ed), Aydın, A. (ed), Demirel, F. (ed) (2025). *Küresel Tarımda Güncel Eğilimler: Epigenetik Yaklaşımlar*.

Özgür Publications. DOI: <https://doi.org/10.58830/ozgur.pub928>. License: CC-BY-NC 4.0

The full text of this book has been peer-reviewed to ensure high academic standards. For full review policies, see <https://www.ozguruyinlari.com/>



Önsöz

Bilimsel bilginin hızla yenilendiği çağımızda, genetik biliminin sınırlarını aşan en önemli alanlardan biri epigenetik olmuştur. DNA dizisinde herhangi bir değişiklik olmaksızın gen ifadesinin çevresel, kimyasal ve biyotik faktörlerle düzenlenebilmesi; canlıların adaptasyon, gelişim ve stres yanıtı mekanizmalarını yeniden tanımlamaktadır. Tarım bilimleri açısından bu olgu, yalnızca bitkisel üretimdeki verim ve kaliteyi değil, aynı zamanda sürdürülebilir ıslah stratejilerini de derinden etkilemektedir.

“Küresel Tarımda Güncel Eğilimler: Epigenetik Yaklaşımlar” adlı bu eser, epigenetik mekanizmaların bitki biyolojisindeki rollerini, tarımsal üretim sistemlerine entegrasyonunu ve biyoteknolojik uygulamalarla kesişim noktalarını çok boyutlu bir bakışla ele almaktadır. DNA metilasyonu, histon modifikasyonları, RNA tabanlı düzenlemeler, epigenetik bellek, stres toleransı, yabancı ot biyolojisi, entomoloji ve biyoteknoloji gibi konular; her biri alanında uzman araştırmacıların katkılarıyla güncel literatür ışığında tartışılmıştır.

Bu kitap, hem akademik araştırmacılara hem de yüksek lisans ve doktora düzeyindeki öğrencilere, epigenetik biliminin tarımda uygulamalı yansımalarını kavramada kapsamlı bir rehber sunmaktadır. Ayrıca, bitki ıslahı, biyoteknolojik yenilikler ve sürdürülebilir tarım stratejileri için epigenetik temelli yaklaşımların nasıl kullanılabileceğine dair özgün örnekler ve güncel araştırma verileriyle zenginleştirilmiştir.

Eserin, ülkemizde epigenetik bilincin tarımsal araştırmalara entegrasyonuna katkı sağlaması, genç araştırmacılar için yol gösterici bir kaynak olması ve gelecekteki disiplinler arası çalışmalara ilham vermesi en büyük temennimizdir.

Editörler: Barış EREN – Adnan AYDIN – Fatih DEMİREL

İçindekiler

Bölüm 1

Epigenetik Mekanizmalar: DNA Metilasyonu, Histon Modifikasyonları, RNA Tabanlı Düzenlemeler	1
---	---

Adnan Aydın

Barış Eren

Bölüm 2

Epigenetik Temeller ve Tarımsal Önemi	33
---------------------------------------	----

Barış Eren

Adnan Aydın

Bölüm 3

Bitkilerde Epigenetik Düzenlemeler ve Abiyotik Stres Adaptasyonu	57
--	----

Ahmet Say

Ahmet Sümbül

Bölüm 4

Eksojen Abiyotik İndükleyiciler ve Bitki Epigenetiğinde Yeniden programlamadaki Roller	71
--	----

Leyla Kurgan

Serap Demirel

Fatih Demirel

Bölüm 5

Tarla Bitkilerinde Abiyotik Stres Tepkilerinin Epigenetik Düzenlenmesi	85
--	----

Mehmet Zeki Koçak

Bölüm 6

Geleceğin Yabancı Ot Bilimi ve Kontrol Stratejilerinin Şekillendirilmesinde Epigenetik Mekanizmaların Rolü	97
--	----

Seren Doğar

Harun Alptekin

Ramazan Gürbüz

Bölüm 7

Entomolojide Epigenetik: Moleküler Mekanizmalar, Uygulamalar ve Araştırma Perspektifleri Durumu	113
---	-----

İsmail Alaserhat

Dilek Doğan Akdağ

Bölüm 8

Yabancı Otlarda Epigenetik Stres Hafızası ve Nesiller Arası Adaptasyon	139
--	-----

Harun Alptekin

Seren Doğan

Ramazan Gürbüz

Bölüm 9

Bitkilerin Adaptasyon Sürecinde Epigenetiğin Rolü	163
---	-----

Abdurrahim Çetin

Ahmet Zafer Tel

Bölüm 10

DNA Metilasyonundan Epigenom Düzenlemeye: Bitki Epigenetik Mekanizmalarının Stres Toleransı ve Ürün İyileştirmeye Entegre Edilmesi	179
--	-----

Leyla Kurgan

Barış Eren

Bölüm 11

İn vitro Bitki Doku Kültürü Kaynaklı Epigenetik Değişimler, Özellikle DNA Metilasyonu ve Somaklonal Varyasyon Ekseninde	189
---	-----

Ahmet Say

Onur Okumuş

Ahmet Sümbül

Epigenetik Mekanizmalar: DNA Metilasyonu, Histon Modifikasyonları, RNA Tabanlı Düzenlemeler

Adnan Aydın¹

Barış Eren²

Özet

Epigenetik, DNA dizisi değişmeden gen ifadesini düzenleyen mekanizmaları kapsar ve bitkilerin stres koşullarına uyumunda merkezi öneme sahiptir. DNA Metilasyonu; CpG adacıkları, metiltransferaz enzimleri, gen susturma, transpozon baskılama ve stres toleransındaki rolü tartışılmaktadır. Kuraklık, tuzluluk ve ozon gibi streslerde metilasyon profillerinin değiştiği, bunun da adaptasyon ve hatta nesiller arası kalıtıma yansiyebileceği örneklerle açıklanır. Histon Modifikasyonları; asetilasyon, metilasyon, fosforilasyon ve ubiquitinasyon gibi değişimlerin kromatin yapısı üzerinden gen ifadesini düzenlediği vurgulanır. Bitkilerde çiçeklenme, tohum gelişimi, kök oluşumu ve stres yanıtları gibi süreçlerde histon modifikasyonlarının kritik rolü olduğu belirtilir. RNA Tabanlı Düzenlemeler; miRNA, siRNA ve lncRNA gibi moleküllerin gen ifadesini post-transkripsiyonel seviyede kontrol ettiği ve özellikle RdDM yoluyla DNA metilasyonu ile etkileştiği öne çıkarılır. Domates meyve olgunlaşması ve buğdayda kuraklık toleransı gibi örnekler verilmektedir.

Sonuç olarak; epigenetik mekanizmaların bitki biyolojisinde gelişim, stres yanıtı ve ürün kalitesi üzerinde belirleyici olduğu, CRISPR/dCas9 gibi araçlarla hedefli epigenetik düzenlemelerin tarımda gelecek vadettiği görülmektedir. Ayrıca kalıcılık, özgüllük ve lncRNA'ların işlevsel validasyonu gibi araştırma boşluklarının doldurulması gerekmektedir.

- 1 Doç. Dr. Iğdır Üniversitesi, Ziraat Fakültesi, Tarımsal Biyoteknoloji Bölümü, Iğdır/Türkiye, ORCID ID: <https://orcid.org/0000-0002-8284-3751>
- 2 Dr. Öğr. Üyesi, Iğdır Üniversitesi, Ziraat Fakültesi, Tarımsal Biyoteknoloji Bölümü, Iğdır/Türkiye, ORCID ID: <https://orcid.org/0000-0002-3852-6476>

1. GİRİŞ

Epigenetik, genom dizisinde herhangi bir değişiklik olmaksızın gen ifadesinin kalıcı veya dinamik biçimde düzenlenmesini sağlayan mekanizmaların bütünüdür. Bu mekanizmalar, hücrelerin çevresel uyarılara esnek yanıt verebilmesini mümkün kılar ve özellikle bitkiler gibi çevresel stres faktörlerine doğrudan maruz kalan organizmalarda hayati öneme sahiptir (Ramos-Cruz ve ark., 2021; Hannan Parker ve ark., 2022; Abdulraheem ve ark., 2024). Geleneksel genetik, kalıtımın DNA dizisi üzerinden aktarıldığını öne sürerken; epigenetik, aynı DNA dizisine sahip hücrelerin farklı genetik programları aktive edebilmesini açıklar.

Son yıllarda genom ölçekli teknolojilerdeki gelişmeler, epigenetik araştırmaları hızlandırmış ve DNA metilasyonu, histon modifikasyonları ve RNA tabanlı düzenlemelerin hücresel işlevler üzerindeki etkilerini daha net biçimde ortaya koymuştur (Miryeganeh, 2021; Lloyd ve Lister, 2022). Bu mekanizmalar, kromatin yapısını şekillendirerek gen ekspresyonunu düzenler ve böylece bitkilerde büyüme, gelişme, çiçeklenme zamanı, stres toleransı ve verimlilik gibi tarımsal açıdan kritik süreçlerde rol oynar (Jogam ve ark., 2022).

1.1. Epigenetiğin Bitki Biyolojisindeki Önemi

Bitkiler, hareket kabiliyeti sınırlı organizmalar olduklarından çevresel koşullara uyumlarını büyük ölçüde epigenetik düzenleme yoluyla sağlarlar. Kuraklık, tuzluluk, aşırı sıcaklık ve patojen saldırıları gibi stres faktörleri, bitkilerin epigenomunu yeniden şekillendirerek stresle ilişkili genlerin aktive edilmesine veya susturulmasına yol açabilir (Lecubelli ve ark., 2022; Rajpal ve ark., 2022). Bu durum yalnızca tekil bireylerin değil, bazı durumlarda sonraki nesillerin de adaptasyon kapasitesini etkileyebilmektedir. “Epigenetik kalıtım” olarak adlandırılan bu olgu, tarım bilimlerinde yeni bir araştırma alanı oluşturmıştır (Hemenway ve Gehring, 2023).

Örneğin, *Arabidopsis thaliana*'da çiçeklenme zamanını kontrol eden “FLOWERING LOCUS C” (FLC) geninin susturulması, vernalizasyon süreciyle ilişkili epigenetik düzenlemelerin klasik bir örneğini teşkil etmektedir (Maruoka ve ark., 2022). Benzer şekilde, pirinç ve buğday gibi temel tahıllarda DNA metilasyon profillerindeki değişimler, kuraklık ve tuzluluk stresine adaptasyonla doğrudan ilişkilendirilmiştir (Secco ve ark., 2015).

1.2. Epigenetik Mekanizmaların Çeşitliliği

Epigenetik mekanizmalar üç ana başlıkta incelenmektedir:

- I. DNA metilasyonu: Genellikle sitozin bazlarının metillenmesi yoluyla gen ekspresyonunu değiştirir.
- II. Histon modifikasyonları: Histon proteinlerinin asetilasyonu, metilasyonu veya fosforilasyonu vb. yoluyla kromatin yapısını değiştirerek gen ifadesini düzenler.
- III. RNA tabanlı düzenlemeler: Küçük RNA molekülleri (miRNA, siRNA) aracılığıyla genlerin post-transkripsiyonel susturulmasını sağlar.

Bu üç mekanizma birbirinden bağımsız değildir; çoğu durumda ve geri besleme döngüleri ile birlikte çalışır. Örneğin, RNA tabanlı düzenlemeler (“RNA-directed DNA methylation”, RdDM) yoluyla DNA metilasyonu indüklenebilir, bu da histon modifikasyonlarını tetikleyerek kalıcı sessizleşmeye yol açabilir (Matzke ve Mosher, 2014).

1.3. Tarım ve Biyoteknoloji Perspektifi

Epigenetik mekanizmaların anlaşılması, yalnızca temel biyolojik bilgi sağlamanın ötesinde, tarımsal uygulamalarda doğrudan pratik sonuçlar doğurmaktadır. Epigenetik işaretlerin belirlenmesi, yeni çeşit geliştirme programlarında kullanılacak epigenetik markırların ortaya çıkmasını sağlamıştır. Ayrıca CRISPR/dCas9 tabanlı epigenetik düzenleme teknolojileri, bitkilerde stres toleransını ve gıda kalitesini artırmak için umut verici stratejiler olarak öne çıkmaktadır (Gallego-Bartolomé, 2020).

2. DNA METİLYASYONU

2.1 Mekanizmalar ve Bağlam Çeşitleri

Bitkilerde DNA metilasyonu, sitozin (5-metilsitozin, 5-mC) modifikasyonu olarak üç bağlamda gerçekleşir: CG, CHG ve CHH (H = A, C ya da T). Her bağlamın kurulumu, sürdürülmesi ve düzenlenmesi farklı biçimde kontrol edilir (Zhu ve ark., 2025).

- De-novo metilasyon çoğu zaman *RNA-directed DNA methylation* (RdDM) yoluyla gerçekleşir; small interfering RNA (siRNA), Pol IV/Pol V kompleksleri, ARGONAUTE proteinleri ve “DOMAINS REARRANGED METHYLASE”lar (DRM) rolleri vardır (Qiao ve ark., 2024).
- Bakım (maintenance) metilasyon mekanizmaları bağlamlara göre değişir:

- CG bağlamında MET1 (Methyltransferase 1) önemli rol oynar (Qiao ve ark., 2024).
- CHG bağlamında CMT3 (Chromomethylase-3) ve ilişkili histon modifikasyonları (örneğin H3K9 metilasyonları) ile pozitif geri besleme döngüsü vardır (Qiao ve ark., 2024).
- CHH bağlamında hem CMT2 hem de de-novo DRM'ler aracılığıyla metilasyon yapılabilir; özellikle heterokromatin bölgelerde. RdDM bu bağlamda kritik bir yöntemdir (Qiao ve ark., 2024).
- Aktif demetilasyon da önemlidir; bitkilerde DNA glikozilazlar (örneğin DME, ROS1 gibi) “base excision repair” (BER) yoluyla metilasyonun kaldırılması süreçlerini içerir. Bu süreçler gelişim, üreme ve stres yanıtlarında önemli düzenleyici roller alır (Zhu ve ark., 2025).
- Gen unsuru metilasyonu (“Gene Body Methylation”, GBM): evrimsel olarak korunmuş, evrensel olmayan bir olgu. Gen unsurundaki metilasyon (özellikle CG bağlamında), bazı “housekeeping” genlerin ifadesi stabilitesini artırmada, alel-özgü ifade varyasyonlarını azaltmada rol oynar. Ayrıca bazı stres durumlarında gen unsuru metilasyonunda değişim gözlenmiştir (Zhu ve ark., 2025).

2.2 Dinamikler: Kurucu, Düzenleyici, Değişim Altında Mekanizmalar

Bitkilerde DNA metilasyon sabit değildir; dış çevre şartlarına, streslere, gelişim aşamalarına bağlı olarak dinamik olarak değişir.

- *Stres belleği (stress memory)*: Bir stres maruziyeti sonrası bitkiler, gen ifadesi ve metilasyon profili bakımından ikinci ya da sonraki stres maruziyetine karşı “hafıza” geliştirirler. Örneğin *Medicago ruthenica*'da tekrar eden kuraklık altında metilasyon düzeylerinde değişimler gözlenmiş ve ABA ve prolin biyosentezi genlerinin promotör ve gen unsuru bölgesinde hipometilasyon (metilasyonun azalması) sonucu gen ekspresyonu artmıştır (Zi ve ark., 2024).
- Ozon stresi gibi abiotik streslerin de metilasyon varyasyonlarına neden olduğu ve bu varyasyonların sonraki üreyen (generasyonel) bireylere (offspring) aktarılabildiği bulunmuştur (örneğin foxtail millet’de) (Wang ve ark., 2024).
- Adaptasyon ve lokal popülasyonlar arasında metilasyon farklılıkları: “*Differentiation of genome-wide DNA methylation between japonica and indica rice accessions*” çalışması gibi örnekler, genom boyu metilasyon,

transkriptom ve metabolom analizleriyle, farklı erişimlerin farklı çevresel uyum stratejilerine sahip olduğunu gösteriyor (Yan ve ark., 2025).

2.3 Fonksiyonel Sonuçlar: Gen İfadesi, Transpozon Kontrolü, Gelişme ve Adaptasyon

DNA metilasyonunun bitkilerde fonksiyonel etkileri birçok düzeyde ortaya çıkar:

- Gen ifadesi baskılanması: Promotor bölgelerindeki metilasyon genellikle bağlanma bölgelerini engeller; bu, stres yanıtı, hormon düzenlemesi gibi süreçlerde önemlidir (Zi ve ark., 2024).
- Transpozonların (TEs) sessizleştirilmesi: TEs'in kendiliğinden hareketi genom instabilitesine yol açabilir. Metilasyon, özellikle heterokromatin alanlarında, bunların sessiz kalmasını sağlar (Zhu ve ark., 2025).
- Gelişimsel düzenleme: Üreme, çiçeklenme zamanı, yaprak gelişimi gibi süreçlerde metilasyon-demetilasyon dengesi kritik rol oynar. Aktif demetilasyon mutantları bazı bitkilerde üreme veya tohum gelişiminde defektlere yol açmaktadır (Zhu ve ark., 2025).
- Stres adaptasyonu/toleransı: Kuraklık, tuzluluk, O₃, ısı, ağır metal toksisitesi gibi streslerin metilasyon profillerini değiştirerek genleri aktive etme/susturma yoluyla adaptasyon sağlar. Ayrıca bu adaptasyon bazen transgenerasyonel olarak aktarılabilir (Lodhi ve Srivastava, 2025).

2.4 Uygulamalar ve Bitkisel Örnekler

Aşağıda bitkilerde DNA metilasyonu ile yapılmış bazı uygulama örnekleri tablo halinde sunulmuştur (Tablo 1)

Tablo 1. DNA metilasyonu ile yapılmış bazı çalışmalar

Bitki Türü	Kullanılan Stres/ Uygulama	Metilasyon Değişikliği/ Mekanizma	Amaç/Sonuç
<i>Medicago ruthenica</i>	Tekrar eden kuraklık (drought stress memory)	Genom genelinde toplam metilasyon ~ %4.41 düşüş; promoter ve gen unsuru bölgelerinde hipometilasyon, özellikle ABA ve prolin biyosentez genlerinde	Kuraklık stresine adaptasyon ve stres belleği oluşumu
Foxtail millet (<i>Setaria italica</i>)	Ozon stresi, çok jenerasyonlu (S0 ve S1)	MSAP ile S0 ve S1'de hiper- ve hipometilasyon değişimleri; CHG/ CNG bölgelerinde demetilasyon daha belirgin; üreme dönemleri bitkilerin daha duyarlı	Ozon stresi altındaki adaptasyon; metilasyon varyasyonlarının transgenerasyonel aktarımı
Pirinç (<i>Oryza sativa</i>) (indica vs japonica erişimleri)	Çeşitli çevresel adaptasyon farkları	Erişim hatları arasında genom-genel metilasyon farklılıkları; transcriptom ve metabolom profilleriyle bağlantılı	Erişim adaptasyonu, yetiştirme koşullarına uygunluk; yetiştirme seçimi
Çeşitli ekili bitkiler (tahıllar, baklagiller)	Kuraklık stresleri	Drought-stres altında metilasyon ve demetilasyon enzim gen ekspresyonlarında değişiklikler; RdDM yolunun rolü; bazı genlerde metilasyon azalışı sonucu stres yanıt genlerinin aktivasyonu	Ürün kayıplarını azaltma, stres toleransını geliştirme potansiyeli

Zi, N. et al. (2024), Wang et al. (2024), Yan et al. (2025), Fan et al. (2024)

2.5 Teknik Yöntemler ve Limitasyonlar

DNA metilasyon çalışmalarında kullanılan tekniklerin seçimi, çözünürlük, maliyet, genom referansı durumu ve biyolojik örnek çeşitliliği gibi faktörlere bağlıdır.

- “Whole genome bisulfite sequencing” (WGBS): Tek baz çözünürlüğü sağlar; en kapsamlı yöntem. Ancak büyük genomlu bitkilerde maliyet ve analiz karmaşıklığı yüksek olabilir (Agius ve ark., 2023).
- “Reduced representation bisulfite sequencing” (RRBS), “methylation-sensitive amplified polymorphism” (MSAP), “methylated DNA immunoprecipitation sequencing” (MeDIP-seq) ve benzeri yöntemler: belirli bölgelerde metilasyon profilini uygun maliyetle görmek için kullanılır (Agius ve ark., 2023).

- Omik entegrasyon: Metilasyon değişimleri ile transkriptom/metabolom analizlerinin birleştirilmesi, metilasyon değişimlerinin fonksiyonel sonuçlarını anlamada kritik. Örneğin *rice indica/japonica* çalışmasında hem transkriptom hem metabolom verisi birleştirilmiştir (Yan ve ark., 2025).

Sınırlamalar:

- Bazı metilasyon değişimleri *olgu odaklıdır*; spesifik doku, gelişim aşaması ya da stres tipi bağlamında gerçekleşir; genetik altyapıdan etkilenir.
- Transgenerasyonel aktarımda stabilite sorunları; bazı metilasyon varyasyonları sonraki nesillere aktarılırken bazıları silinebilir.
- Çözünürlük/biyolojik tekrar sayısı/çevresel değişken kontrolü gibi metodolojik tasarım sınırlamaları; örneğin tek hücre (single cell) metilasyon analizi bitkilerde hâlâ gelişmekte (Agius ve ark., 2023).

2.6 Gelecek Yönelimler

- Hücre tipi düzeyinde (single-cell) metilom analizi: Hangi hücre türlerinde, hangi gelişim aşamalarında metilasyon farklılıkları ortaya çıkıyor, detaylı haritalama.
- Epigenetik düzenleyici editör araçları (örneğin CRISPR/dCas9-bazlı DNA metilasyon veya demetilasyon yönlendiriciler) kullanılarak belirli gen promotörlerinin/TE'lerin hedeflenmesi.
- Karma stres koşulları: Sıcaklık+kuraklık+tuzluluk gibi birden fazla stresin birlikte etkileri.
- Epigenetik markırların tarımsal ıslah programlarına entegrasyonu: Hem verim artışı hem stres toleransı için kullanılabilir varyasyonların belirlenmesi.

3. HİSTON MODİFİKASYONLARI – ALT BAŞLIK TASLAĞI

3.1 Histon Modifikasyonlarının Genel Tanımı

Histon modifikasyonları, epigenetik düzenlemenin en önemli bileşenlerinden biridir ve kromatin yapısının esnekliğini sağlayarak gen ekspresyonunun dinamik kontrolünü mümkün kılar (Le ve ark., 2025). Ökaryotik kromatin, DNA'nın histon proteinleri etrafında sarılmasıyla oluşan nükleozomlardan meydana gelir. Bir nükleozom çekirdeği, iki kopya H2A, H2B, H3 ve H4 histon proteinlerinden oluşan bir oktamet etrafında

yaklaşık 147 baz çiftlik DNA sarmalı içerir. Bu histonların N-terminal kuyrukları, çeşitli post-translasyonel modifikasyonlara (PTM) uğrayabilir ve bu değişiklikler kromatinin yoğunluğunu ve transkripsiyonel erişilebilirliğini doğrudan etkiler (Bannister ve Kouzarides, 2011).

“Histon kodu hipotezi”, farklı histon modifikasyonlarının (asetilasyon, metilasyon, fosforilasyon, ubiquitinasyon vb.) özgül kombinasyonlarının gen ekspresyonunu belirleyen bir epigenetik dil oluşturmaktadır (Le ve ark., 2025). Bu kod, DNA dizisinin ötesinde genetik bilgiyi yorumlayan ek bir katman işlevi görür. Böylece aynı genetik diziyi taşıyan hücreler, farklı histon işaretleri aracılığıyla birbirinden farklı transkripsiyonel programlara sahip olabilir (Zhao ve ark., 2024).

Histon modifikasyonları, kromatin düzenlenmesini iki ana yolla etkiler:

1. Doğrudan etkiler: Pozitif ya da negatif yük değişiklikleri yoluyla DNA-histon etkileşiminin gevşemesine veya sıkılaşmasına neden olur. Örneğin, asetilasyon genellikle kromatini gevşeterek gen ekspresyonunu kolaylaştırır.
2. Dolaylı etkiler: Histon işaretlerini tanıyan protein kompleksleri (ör. “reader” proteinler) aracılığıyla kromatine transkripsiyon faktörlerinin veya kromatin düzenleyici enzimlerin çekilmesine yol açar.

Son yıllarda geliştirilen yüksek çözünürlüklü yöntemler (ChIP-seq, CUT&Tag, CUT&RUN) bitkilerde histon modifikasyon haritalarının çıkarılmasına olanak tanımış ve stres toleransı, gelişimsel süreçler ve epigenetik bellek mekanizmalarıyla ilişkili yeni bulgular ortaya koymuştur (Qian ve ark., 2023; Lu ve ark., 2024). Bu gelişmeler, epigenetik düzenleme teknolojilerinin tarımda kullanılmasına dair umut verici bir perspektif sunmaktadır.

3.2 Başlıca Histon Modifikasyonları

3.2.1 Histon Asetilasyonu

Histon asetilasyonu, lizinin ϵ -amino grubuna asetil gruplarının eklenmesiyle gerçekleşir. Bu modifikasyon, histonların pozitif yükünü azaltarak DNA ile histon arasındaki elektrostatik etkileşimi gevşetir ve kromatinin daha açık (eukromatin) hale gelmesini sağlar. Sonuç olarak transkripsiyon faktörleri DNA'ya daha kolay erişebilir ve gen ekspresyonu artar (Pandey ve ark., 2002).

- Enzimler:
- Histon asetiltransferazlar (HAT) $\rightarrow$ asetil gruplarını ekler.

- Histon deasetilazlar (HDAC) → asetil gruplarını kaldırarak kromatini tekrar yoğunlaştırır.
- Bitkisel örnekler:
- Pirinçte HDAC genlerinin baskılanması, tuzluluk stresine karşı toleransı artırmıştır (Zhang ve ark., 2023).
- *Arabidopsis*'te *AtGCN5* HAT enziminin aktivitesi, ısı stresine adaptasyonda kilit rol oynamaktadır (Liu ve ark., 2024).

3.2.2 Histon Metilasyonu

Histon metilasyonu, genellikle lizinin (K) veya argininin (R) yan zincirlerinde gerçekleşir. Bu modifikasyon aktivasyon ya da baskılama yönünde etkili olabilir; fonksiyon, metilasyonun yapıldığı pozisyona ve metil grubu sayısına bağlıdır.

- Aktivasyon işaretleri:
- H3K4me3, H3K36me3 → gen ekspresyonunun aktive edilmesiyle ilişkilidir.
- Baskılama işaretleri:
- H3K9me2, H3K27me3 → gen susturulmasıyla ilişkilidir.
- Enzimler:
- Histon metiltransferazlar (HMT) → SET domain proteinleri (örn. SUVH, ATX).
- Demetilazlar (HDM) → JmjC domain proteinleri.
- Bitkisel örnekler:
- *Arabidopsis*'te H3K27me3 işaretleri, çiçeklenme zamanı düzenleyen *FLC* geninin epigenetik susturulmasında kritik rol oynar (Yang ve ark., 2023).
- Buğdayda ısı stresi altında H3K4me3 artışı, stres yanıt genlerinin aktivasyonu ile ilişkilendirilmiştir (Wang ve ark., 2024).

3.2.3 Histon Fosforilasyonu

Histon fosforilasyonu genellikle serin, treonin veya tirozin kalıntılarındadır ve hücre döngüsü, DNA hasar onarımı ve stres yanıtlarıyla ilişkilidir. Fosforilasyon, kromatin yoğunluğunu değiştirmekten çok sinyal iletiminde “geçici işaret” rolü görür.

- Bitkisel örnekler:
- *Arabidopsis*'te H3S10 fosforilasyonu, UV ışığına karşı DNA onarım mekanizmalarını aktive eder (Zhao ve ark., 2024).
- Pirinçte ısı stresi altında histon H2A fosforilasyonu, kromatin yeniden şekillenmesiyle ilişkilendirilmiştir (Chen ve ark., 2025).

3.2.4 Histon Ubiquitinasyonu ve Diğer Modifikasyonlar

Histonların lizini üzerine tekli veya çoklu ubiquitin eklenmesi, kromatin yapısını yeniden şekillendiren önemli bir düzenleme yoludur. Özellikle H2B ubiquitinasyonu (H2Bub1) genellikle transkripsiyon aktivasyonu ile bağlantılıdır; H2A ubiquitinasyonu ise gen susturulmasıyla ilişkilidir.

- Bitkisel örnekler:
- *Arabidopsis*'te H2Bub1, çiçeklenme gelişiminde rol oynayan genlerin düzenlenmesinde kritik bulunmuştur (Qian ve ark., 2023).
- Domateste H2A ubiquitinasyonu, meyve olgunlaşması sırasında gen ifadesi değişikliklerini yönlendirmiştir (Li ve ark., 2024).

3.3 Histon Modifikasyonlarının Gen İfadesine Etkisi

Histon modifikasyonları, kromatinin yapısını ve işlevini doğrudan etkileyerek gen ifadesini kontrol eden temel epigenetik mekanizmalardır (Shin ve ark., 2022). DNA, histon proteinlerinin etrafına sarılı olduğundan, kromatinin yoğunluğu transkripsiyonel aktiviteyi belirleyen en kritik faktörlerden biridir. Eukromatin daha gevşek ve transkripsiyona açık bir yapı sunarken, heterokromatin yoğun paketlenmiş ve genellikle transkripsiyonel olarak inaktiftir (Ding ve ark., 2022).

3.3.1 Doğrudan Etkiler: Kromatin Yapısının Düzenlenmesi

- Histon asetilasyonu (ör. H3K9ac, H3K27ac), histon kuyruklarındaki pozitif yükü azaltarak DNA-histon etkileşimini gevşetir. Bu durum kromatini açık hale getirir ve RNA polimeraz II'nin bağlanmasını kolaylaştırır. Böylece gen ekspresyonu artar (Liu ve ark., 2024).
- Histon metilasyonu ise bağlama yerine bağlı olarak aktivasyon veya susturma etkisi gösterebilir:
- H3K4me3 → promotörlerde yüksek seviyelerde olduğunda gen ekspresyonunu teşvik eder.
- H3K9me2 ve H3K27me3 → genellikle susturma işaretleri olarak bilinir ve kromatini kapalı hale getirir (Yang ve ark., 2023).

3.3.2 Dolaylı Etkiler: Protein Komplekslerinin Çekilmesi

Histon modifikasyonları yalnızca kromatin yapısını değiştirmekle kalmaz, aynı zamanda “okuyucu (reader) proteinler” aracılığıyla spesifik komplekslerin kromatine çekilmesini sağlar:

- Bromodomain proteinleri, asetillenmiş histonları tanıyarak transkripsiyon faktörlerini bölgeye çeker.
- Polycomb kompleksleri, H3K27me3 işaretlerini tanıyarak gen susturulmasını kalıcı hale getirir.
- HP1 benzeri proteinler, H3K9me2 ile işaretlenmiş bölgelerde heterokromatinin stabilitesini sağlar.

Bu etkileşimler sayesinde histon işaretleri, sadece lokal DNA erişilebilirliğini değil, aynı zamanda transkripsiyon faktörlerinin ve düzenleyici proteinlerin bağlanma yeteneğini de belirler (Zhao ve ark., 2024).

3.3.3 Bitkilerde Örnekler

- *Arabidopsis*: Çiçeklenme zamanını düzenleyen *FLC* geninin promotöründe H3K27me3 işaretlerinin birikmesi, vernalizasyon sonrası genin kalıcı susturulmasına neden olur (Yang ve ark., 2023).
- Buğday: Isı stresi altında H3K4me3 artışı, ısı şok proteinlerini kodlayan genlerin aktivasyonu ile ilişkilendirilmiştir (Wang ve ark., 2024).
- Pirinç: HDAC inhibitörleri uygulandığında tuzluluk stresi yanıt genlerinin asetilasyon seviyeleri yükselmiş, buna paralel olarak gen ekspresyonunda artış gözlenmiştir (Zhang ve ark., 2023).
- Domates: Meyve olgunlaşması sürecinde H2Bub1 seviyelerinin artışı, etilen sinyaliyle ilişkili genlerin aktivasyonunu sağlamıştır (Li ve ark., 2024).

3.3.4 Epigenetik Bellek ve Kalıcılık

Bazı histon modifikasyonları kısa süreli sinyal yanıtlarını düzenlerken, bazıları uzun vadeli epigenetik bellek oluşumunda rol oynar. Örneğin, H3K27me3 gibi baskılayıcı işaretler hücre bölünmeleri boyunca korunabilir, böylece belirli genlerin kalıcı olarak susturulmasına aracılık eder. Bu durum, bitkilerin stres koşullarına adaptasyonunda ve gelişimsel programlarının sürekliliğinde önemli bir avantaj sağlar (Lu ve ark., 2024).

3.4 Bitkilerde Histon Modifikasyonları: Fonksiyonel Roller

Histon modifikasyonları, bitkilerde hem gelişimsel süreçlerin hem de çevresel stres yanıtlarının kritik düzenleyicileridir. Bu düzenlemeler, kromatinin yeniden şekillendirilmesi yoluyla belirli genlerin aktif ya da susturulmuş durumda kalmasını sağlar. Özellikle tarımsal açıdan önemli bitkilerde yapılan son çalışmalar, histon modifikasyonlarının verim, stres toleransı ve ürün kalitesi üzerinde doğrudan etkili olduğunu göstermektedir.

3.4.1 Gelişimsel Süreçlerde Rolü

- Çiçeklenme Zamanı: *Arabidopsis*'te *FLOWERING LOCUS C (FLC)* geninin promotöründe H3K27me3 birikimi, vernalizasyon sonrasında bu genin epigenetik olarak susturulmasına ve erken çiçeklenmeye yol açmaktadır (Yang ve ark., 2023).
- Tohum Gelişimi: Histon asetilasyonu ve H3K4me3 işaretleri, embriyo gelişimi ve depo protein genlerinin ekspresyonunun düzenlenmesinde rol oynamaktadır. Pirinçte tohum olgunlaşma sürecinde H3K9ac işaretlerinde artış rapor edilmiştir (Chen ve ark., 2025).
- Kök Gelişimi: *Arabidopsis*'te H3K36me3 işareti, kök hücre proliferasyon bölgelerinde aktif gen ekspresyonunu destekleyerek kök gelişimini yönlendirmektedir (Lu ve ark., 2024).

3.4.2 Çevresel Stres Yanıtlarında Rolü

Bitkiler, çevresel koşullara karşı esnek yanıtlarını histon modifikasyonları aracılığıyla verir:

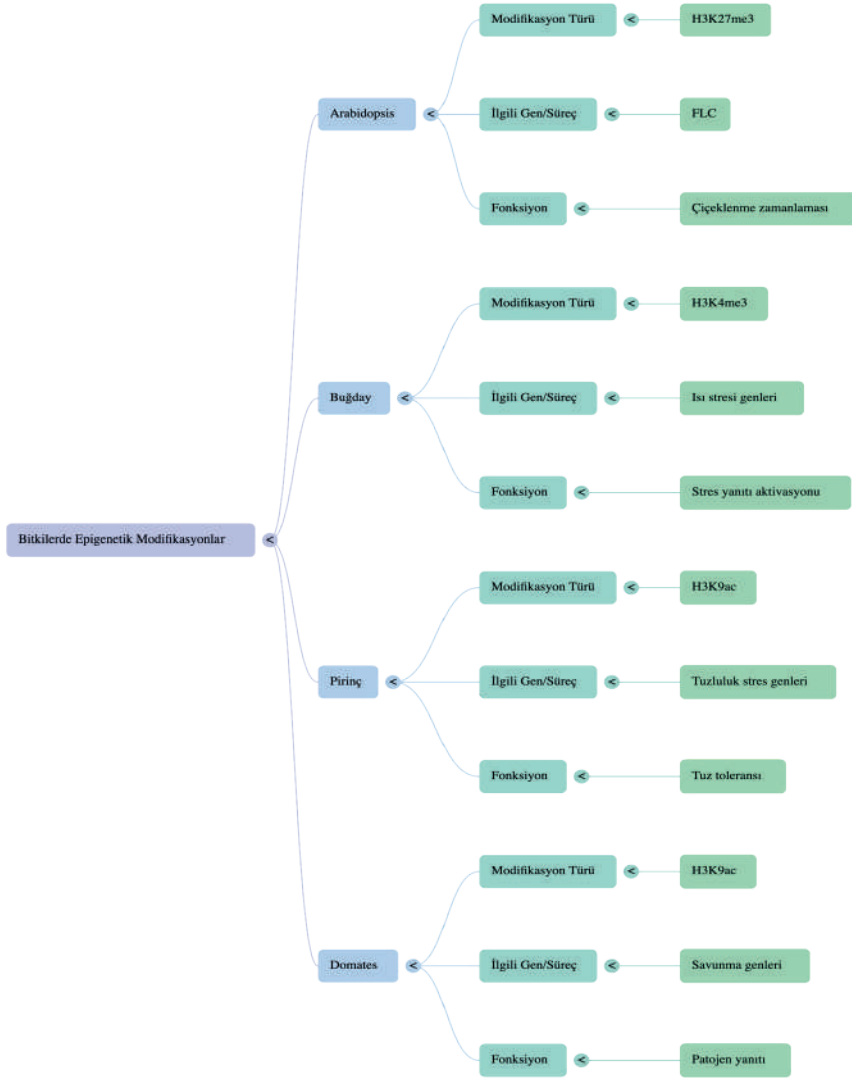
- Kuraklık Stresi: Buğdayda kuraklık stresi sırasında H3K4me3 işaretlerinde artış, stres yanıt genlerinin aktivasyonu ile ilişkilendirilmiştir (Wang ve ark., 2024).
- Tuzluluk Stresi: Pirinçte HDAC inhibitörlerinin uygulanması, stres toleransını artırmış; tuzluluk yanıt genlerinde H3K9ac düzeylerinin yükselmesi gözlenmiştir (Zhang ve ark., 2023).
- Isı Stresi: *Arabidopsis*'te HAT *GCN5*-bağımlı asetilasyon, ısı stresine adaptasyonda önemli bulunmuştur (Liu ve ark., 2024).
- Patojen Yanıtı: Domateste fungal patojenlere karşı H3K9ac artışı, savunma genlerinin hızlı ekspresyonuna aracılık etmiştir (Li ve ark., 2024).

3.4.3 Epigenetik Stres Belleği

Bazı histon işaretleri, bitkilerde “epigenetik hafıza” mekanizmalarının oluşmasına katkı sağlar. Örneğin, kuraklık veya ısı stresi sonrası bazı genlerde H3K4me3 ve H3K27ac işaretleri korunmakta ve sonraki stres maruziyetinde daha hızlı gen ekspresyonu gerçekleşmektedir. Bu durum, “stres belleği” kavramının histon modifikasyonları düzeyinde de işlediğini göstermektedir (Lämke ve Bäurle, 2017; Lu ve ark., 2024).

3.4.4 Tarımsal Önemi

Histon modifikasyonlarının tarımsal uygulamalarda önemi giderek artmaktadır. Belirli histon işaretleriyle ilişkili gen bölgelerinin belirlenmesi, stres toleransı veya verim artışı için kullanılabilecek epigenetik markırların geliştirilmesine olanak tanır. Ayrıca CRISPR/dCas9 tabanlı epigenetik düzenleme araçları ile belirli histon modifikasyonlarının hedeflenmesi, bitkilerde hassas özellik iyileştirmesi için yeni bir strateji sunmaktadır (Zhao ve ark., 2024). Genel olarak CRISPR/Cas platformları, yalnızca gen transferinde değil epigenom düzenleme amaçlı uygulamalarda da stratejik bir araç seti sunmaktadır (Eren, 2021).



Şekil 1: Bitkilerde Epigenetik Modifikasyonlar (Yang ve ark., 2023, Wang ve ark., 2024, Zhang ve ark., 2023, Li ve ark., 2024)

3.5 Güncel Araştırma Bulguları (2023–2025)

3.5.1 Isı Stresi ve Epigenetik Bellek: H3K4me3'nin Kalıcılığı

- *Arabidopsis*'te tekrarlayan ısı stresinden sonra “bellek genleri” üzerinde H3K4me3 işaretli histonların tutulmasının arttığı, histon devir hızının yavaşladığı ve bunun transkripsiyonel belleği desteklediği gösterildi.

Mekanizma, modifiye histonların yerinde korunmasıyla H3K4me3 işaretinin “eritilmeden” devamını içeriyor. Bu çalışma, ısı belleğinin yalnızca yazılma değil aynı zamanda histonsal retansiyon yoluyla korunma boyutunu da ortaya koydu (Pratx ve ark., 2023).

- Isı belleği üzerine 2023–2025 döneminde çıkan kapsamlı değerlendirmeler de H3K4me3 birikimini ve onun korunmasında histon döngüsünün kritikliğini vurgular (HSFA2, HSP lokusları gibi) (Nishio ve ark., 2024).

3.5.2 Asetilasyon Dinamikleri ve Stres Toleransı

- Histon asetilasyonu (özgül olarak H3K9ac/H3K27ac) sıcaklık, tuzluluk ve kuraklık gibi streslerde gen aktivasyonu ile birlikte artma eğiliminde. 2024 tarihli derlemeler; HAT/HDAC ekseninin ısı, ışık, tuz ve kuraklık yanıtlarındaki güncel rolünü bütünlüklü biçimde özetliyor (Wang ve ark. 2024).
- Pirinçte HDAC aktivitesinin farmakolojik baskılanması (ör. sodyum bütirat, SAHA, TSA vb.) küresel asetilasyonu artırarak hastalık direncini ve bazı çalışmalarda tuz toleransını kuvvetlendirebiliyor; seçicilik ve doz bağımlılığı önemli (Xu ve ark. 2022).

3.5.3 Ubiquitinasyon ve Gelişim/Kalite Süreçleri

- Domateste meyve olgunlaşması boyunca H2B monoubiquitinasyonunun (H2Bub1) ve ilişkili asetilasyon/metilasyon değişimlerinin (örn. H3K4me3) olgunlaşma gen ağlarına bağlandığını gösteren güncel çalışmalar ve derlemeler, epigenetik işaretlerin meyve kalitesi parametrelerine (karotenoid, etilen) bağlandığını vurguluyor (Alptekin ve ark. 2023; Ming ve ark. 2023).

3.5.4. Gelişimsel Programlarda Kombinatoriyal İşaretler

- Buğday endosperm gelişiminde H3K27me3 (baskılayıcı), H3K4me3 ve H3K9ac (aktive edici) işaretlerin dinamik ve birlikte (combinatory) hareket ederek nişasta biyosentezi gibi yolların zamansal uzamsal şekilde düzenlendiği; aynı anda ATAC-seq motif taramalarıyla ağ düzeyinde düzenleyicilerin çıkarılabildiği gösterildi (He ve ark., 2024).

3.5.5 Yöntemsel İlerlemeler: CUT&Tag ve Tek-Hücre Ufku

- CUT&Tag/CUT&RUN tabanlı yaklaşımlar bitkilerde histon işaretlerinin düşük girdi ile yüksek çözünürlükte profillenmesini

mümkün kılıyor; 2023–2024 literatürü, protokol ve uygulama kapsamını (tek-nükleozom düzlemi dâhil) ayrıntılı sunuyor. Bu, stres-zaman serilerinde ve az doku materyalinde güçlü bir avantaj (Fu ve ark., 2024).

3.5.6. Güncel Bitkisel Örnekler

Histon modifikasyonları ile ilgili farklı bitkilerde farklı amaçlarla çalışmalar gerçekleştirilmiştir. Bunlardan bazıları tablo 2’de belirtilmiştir.

Tablo 2. Histon modifikasyonların bazı bitkilerde tespit edilen özellikleri

Bitki	Modifikasyon / Yol	Deneysel Yaklaşım	Ana Bulgular / Amaç
<i>Arabidopsis thaliana</i>	H3K4me3 retansiyonu (ısı belleği)	Isı ön-uyarımı; ChIP-seq benzeri profiller	Bellek genlerinde histon devir hızı düşer; H3K4me3 işareti korunur; hızlı yeniden aktivasyon
<i>Oryza sativa</i> (pirinç)	Asetilasyon (HDACi)	HDAC inhibitörleri; patojen inok.	Global asetilasyon artışıyla pirinç patlama hastalığına direnç (doz ve seçicilik önemli)
<i>Triticum aestivum</i> (buğday)	H3K27me3/ H3K4me3/ H3K9ac kombinasyonu	WGBS/ATAC-seq ile entegre histon profileme (ChIP-seq)	Endosperm gelişiminde işaretlerin birlikte hareketi; nişasta biyosentez ağlarının zamanlaması
Domates (<i>Solanum lycopersicum</i>)	H2Bub1 ve ilişkili işaretler	Omik derleme ve deneysel veriler	Olgunlaşma gen ağlarında epigenetik kontrol; kalite bileşenleriyle bağlantı
Çeşitli bitkiler	HAT/HDAC eksenini (H3K9ac / H3K27ac)	Derleme (multi-stres)	Sıcaklık, ışık, tuz, kuraklık yanıtlarında asetilasyonun merkezi rolü

Pratx ve ark., 2023, Xu ve ark., 2022, He ve ark., 2024, Ming ve ark., 2023, Wang ve ark., 2024

3.5.7 Yorum ve Eğilimler

1. Bellek odaklı işaretler: H3K4me3 birikimi ve histon retansiyonu, ısı belleğinde tekrar tekrar öne çıkıyor; ara yüz olarak HSP/HSFA2 eksenini sık anılıyor (Zheng ve ark., 2024).
2. Asetilasyonun çok-stres rolü: HAT/HDAC dengesinin hem abiyotik (ısı, tuz, kuraklık) hem biyotik yanıtlarda ayırt edici olduğu; farmakolojik ve genetik manipülasyonların tarımsal ıslaha çevirilebilir olduğu görülüyor (Wang ve ark., 2024).

3. Kombinatorial kontrol: Gelişimde (özg. endosperm) baskılayıcı-aktif edici işaret kombinasyonları, tek işareten çok işaret kombinasyonlarının doğrudan ürün kalitesini (nişasta) etkilediğini gösteriyor (He ve ark., 2024).
4. Metodoloji sıçraması: CUT&Tag/CUT&RUN gibi düşük girdi teknikler, bitkide doku-özel ve zaman çözünürlük profillerin önünü açıyor; tek-hücre/tip uygulamalar kapıda (Fu ve ark., 2024).

3.6 Uygulama Perspektifleri ve Araçlar

3.6.1 Deneysel Profilleme Yöntemleri (Histon işaretleri / TF bağlanması)

Klasik ChIP-seq ve iyileştirmeleri. ChIP-seq, histon modifikasyonları ve TF bağlanmasını genom-geniş profilemek için standarttır; fakat bitki dokularında çok girdi gereksinimi ve yağ/zengin endosperm gibi dokularda teknik zorluklar başlıca sınırlardır. 2024'te tanımlanan UP-ChIP (ultrasensitive plant ChIP-seq) Tn5-temelli kütüphane hazırlama ile düşük girdide maliyet ve gürültüyü azaltarak pratik bir alternatif sunuyor (Zhu ve ark. 2024).

Yüksek verimli ChIP platformları. 2024'te sunulan PHILO ChIP-seq, TF bağlanması ve kromatin dinamiğini yüksek ölçekli biçimde yakalamaya yönelik bir akış sunuyor (Choudhary ve ark. 2024).

CUT&Tag/CUT&RUN. Bitkiler için düşük girdi, yüksek çözünürlük avantajı kritik: 2023 genel değerlendirmesi ve 2024 *Arabidopsis* uygulaması, bu yöntemlerin sahada kolay uygulanabildiğini ve maliyet/performans açısından ChIP-seq'e güçlü bir alternatif olduğunu gösteriyor. Tek-nükleus/tek-hücre türevleri (snCUT&Tag) ile hücre-tipi düzeyinde işaret haritalama mümkün (Fu ve ark., 2024).

Tek-hücre epigenomikleri. 2024–2025'te tek-hücre histon işaretlerinin çoklu eş-zamanlı profili için yeni yaklaşımlar (örn. TACIT/CoTACIT; protein A/G-Tn5 temelli çoklu işaret eş-profileme) hızla olgunlaşıyor; bitkilerde hassasiyet/örtüm halen sınırlı olsa da eğilim net (Xiong ve ark., 2024).

Yöntem seçimi—pratik notlar. Doku miktarı azsa CUT&Tag/CUT&RUN; dokular yağlıysa UP-ChIP; TF odağı ve throughput gerekiyorsa PHILO; hücre-tipi özgülüğü kritikse snCUT&Tag/TACIT türevleri öne çıkar.

3.6.2 Hedefli Epigenom Düzenleme (dCas9 tabanlı)

DNA metilasyonu/demetilasyonu. Bitkilerde CRISPR/dCas9 ile hedefli DNA (de)metilasyon için iki ana strateji var: (i) bitki demetilazları (DME vb.) veya memeli TET benzerleriyle demetilasyon, (ii) DRM2 veya bakteriyel MTaz füzyonlarıyla de novo metilasyon. 2023'te *Arabidopsis*'te hedefli demetilasyon araçlarıyla (dCas9-DME türevleri) lokus aktivasyonu gösterildi; 2025'te tarla bitkilerine dönük ürün geliştirme perspektifli derlemeler, SunTag-DME gibi sinyal yükselticilerle verimin ve kalıcılığın artırılacağını öngörüyor (Zheng ve He, 2023).

Histon işaret düzenleme. 2025'te dCas9-SunTag ile H3K27me3'ün hedefli demetilasyonu (PRC2 susturma işaretinin kaldırılması) bitki genlerinin transkripsiyonel yeniden etkinleştirilmesinde kullanıldı; aynı hatta asetiltransferaz/demetilaz efektörleriyle (örn. p300-HAT, LSD1/JmJC) H3K27ac↑ veya H3K4me/H3K27me3↓ yönünde düzenleme mümkün. (İlk uygulama raporları + kapsamlı araç seti derlemeleri, 2024–2025) (Fal ve ark., 2025).

Tasarım/kalıcılık. Bitkilerde kalıcılık, meristem/üreme dokularında düzenlemenin yapılmasına, RdDM ile ikincil pekiştirme olasılıklarına ve seçilen efektörün (DRM2 vs DME vs p300) kinetiğine bağlıdır. İnsan hücrelerinde kalıcılığı gösteren 2023 PNAS çalışması metodolojik çıkarımlar sunsa da (örn. hedef-dışı risklerin izlenmesi), bitkiler için doğrulama şarttır (Saunderson ve ark., 2023).

3.6.3 Hesaplamalı Kaynaklar ve Çok-Omikli Entegrasyon

Veri tabanları ve araçlar. 2024'te QHistone, *Arabidopsis*'te 27 histon modifikasyonuna ait 1534 ChIP-seq setini bir araya getirip tahmine dayalı arayüz sunar—kendi verinizle motif/işaret üst-üste bindirme ve hipotez testlerini hızlandırır (Hsieh ve ark., 2024).

Çok-omik boru hatları. Histon işaret profilleri; ATAC-seq (erişilebilirlik) ve RNA-seq (ifade) ile birleştirildiğinde düzenleyici ağların çıkarımı güçlenir. 2024 buğday endosperm epigenom atlası, H3K27me3-H3K4me3-H3K9ac işaretlerini ATAC/RNA ile eşleyerek gelişimsel zamanlamayı çözümlledi—ürün (nişasta) kalitesiyle bağ kurmanın yolu budur.

Kalite/analiz rehberleri. Veri toplama-analiz-arşiv için iyi uygulamalar (QC, replikasyon, metadata) ve tek-hücre için deneysel/istatistiksel öneriler 2024 kılavuzlarında özetlenmiştir (Grones ve ark., 2024).

3.6.4 Uygulama Vaka Fikirleri (Bitki Islahı & Fonksiyon Çözümleme)

- Stres toleransı için lokus-özgü asetilasyon: dCas9-p300 ile ısı/kuraklık yanıt genlerinde promotör H3K27ac artırımı → hızlı aktivasyon ve potansiyel stres belleği güçlendirme (deneysel doğrulama: CUT&Tag + RNA-seq). (Araç seti derlemeleri ışığında öngörü.) (Zhang ve ark., 2025)
- Transpozon komşuluğu susturma: dCas9-DRM2 ile TE kenarlarında CHH metilasyonunun artırımı → komşu genlerin ektopik aktivasyonunu baskılama; kalıcılık testi için mevsim/nesil geçişi izleme (Wang ve Bart, 2025).
- Gelişim/kalite düzenlemesi: dCas9-SunTag-demetilaz ile H3K27me3'nin hedefli kaldırılması → endosperm/olgunlaşma genlerinde zaman-özgü aktivasyon; fenotip: nişasta/kalite bileşenleri (Fal ve ark., 2025).

Tablo 3'te histon modifikasyonlarının belirlenmesinde kullanılan teknikler belirtilmiş olup bu tekniklerin hangi amaçla kullanıldığı belirtilmiştir.

Tablo 3. Tekniklerin histon modifikasyonlarında kullanımı “Hangi araç, hangi amaç için?”

Araç/Yöntem	En iyi kullanım	Artılar	Sınırlılıklar
ChIP-seq/UP-ChIP	Geniş ölçekte histon/TF profillemeye	Olgun ekosistem, motif ve ağ analizi zenginliği	Girdi/maliyet; yağlı dokularda zor
CUT&Tag/CUT&RUN	Düşük girdi, hızlı işaret haritalama	Az materyal, yüksek çözünürlük	Antikor kalitesi kritik; bazı dokularda geçirgenlik
snCUT&Tag/TACIT	Hücre-tipi/çoklu işaret	Hücre-tipi harita, eş-profillemeye	Düşük kapsama; bitkide optimizasyon gerek
dCas9-DME/TET-benzeri	Hedefli demetilasyon (aktivasyon)	Lokus özgül, potansiyel kalıcılık	Off-target ve mozaiklik riski
dCas9-DRM2/MTaz	Hedefli metilasyon (susturma)	TE/komşu gen kontrolü	Kalıcılık bağlama bağlı
dCas9-SunTag-KDM/HAT	H3K27me3↓ veya H3K27ac↑	Sinyal yükseltme ile güçlü etki	Vektör boyutu; doku-özellik
QHistone/ağ araçları	Hipotez üretimi, veri entegrasyonu	1500+ ChIP seti, tahmin	Tür sınırlı (şimdilik)

Zhu ve ark., 2024, Fu ve ark., 2023, Ouyang ve ark., 2022, Zheng ve He, 2023, Wang ve Bart, 2025, Fal ve ark., 2025, Hsieh ve ark., 2024

Tablo 4'te Histon modifikasyonlarının uygulamaları olarak hangi ormanizlarda hangi amaçla kullanıldığı belirtilmiştir.

Tablo 4. Bitkilerde Histon Modifikasyonlarının Uygulamaları

Bitki Türü	Modifikasyon Türü	İlgili Gen/ Süreç	Kullanılan Yöntem	Amaç / Sonuç
<i>Arabidopsis thaliana</i>	H3K27me3 (susturucu işaret)	<i>FLC</i> (çiçeklenme)	ChIP-seq, vernalizasyon denemeleri	Çiçeklenme zamanının epigenetik kontrolü
<i>Arabidopsis thaliana</i>	H3K4me3 retansiyonu	Isı belleği genleri (<i>HSE42</i> , <i>HSP</i>)	Isı ön-uyarımı + ChIP-seq	Isı stresinde epigenetik hafıza oluşumu
Buğday (<i>Triticum aestivum</i>)	H3K4me3 ↑	Isı stresi yanıt genleri	ChIP-seq	Isı toleransının artırılması
Buğday (<i>Triticum aestivum</i>)	H3K27me3/ H3K4me3/ H3K9ac kombinasyonu	Endosperm gelişimi	ChIP-seq + ATAC-seq + RNA-seq	Nişasta biyosentez ağlarının zamansal kontrolü
Pirinç (<i>Oryza sativa</i>)	H3K9ac ↑	Tuz stresi yanıt genleri	HDAC inhibitörleri + ChIP-qPCR	Tuz toleransının artışı
Pirinç (<i>Oryza sativa</i>)	Global asetilasyon ↑	Patojen savunma genleri	HDAC inhibitörleri (SAHA, TSA)	Pirinç patlama hastalığına karşı direnç
Domates (<i>Solanum lycopersicum</i>)	H2Bub1 ↑	Olgunlaşma genleri (etilen, karotenoid)	ChIP-seq + RNA-seq	Meyve kalitesinin epigenetik kontrolü
Domates (<i>Solanum lycopersicum</i>)	H3K9ac ↑	Savunma genleri	ChIP-qPCR + patojen inokulasyonu	Fungal patojenlere hızlı yanıt

Yang ve ark., 2023, Pratz ve ark., 2023, Wang ve ark., 2024, He ve ark., 2024, Zhang ve ark., 2023, Xu ve ark., 2022, Ming ve ark., 2023, Li ve ark., 2024

4. RNA TABANLI DÜZENLEMELER

RNA tabanlı düzenlemeler, bitkilerde epigenetik kontrolün üçüncü ana katmanını oluşturur. Küçük RNA'lar (sRNA'lar) aracılığıyla gerçekleşen bu mekanizmalar, DNA metilasyonu ve histon modifikasyonlarıyla etkileşim halinde gen ifadesinin sessizleştirilmesini sağlar (Ali ve Tang, 2025).

4.1 Genel Tanım ve Mekanizmalar

Bitkilerde RNA tabanlı düzenlemeler üç ana sınıfta toplanabilir:

- MikroRNA'lar (miRNA'lar): Genellikle 21–24 nt uzunluğunda olup hedef mRNA'ların translasyonunu baskılar veya parçalanmasına yol açar.
- Küçük girişimci RNA'lar (siRNA'lar): Çift zincirli RNA'dan türetilir, mRNA'nın hedefe özgü parçalanmasını tetikler.
- Uzun non-kodlayan RNA'lar (lncRNA'lar): Kromatin yeniden şekillenmesi ve transkripsiyonel kontrol dahil pek çok süreçte düzenleyici rol oynar.

En iyi bilinen yollardan biri RNA-directed DNA methylation (RdDM)'dir. Burada 24-nt uzunluğundaki siRNA'lar, *Pol IV*, *Pol V*, *DRM2* ve *AGO4* proteinlerinin katılımıyla hedef DNA bölgelerine yönlendirilir ve de novo metilasyon başlatılır. Bu yol, özellikle transpozonların susturulmasında ve genom stabilitesinin korunmasında kritiktir (Xie ve ark., 2024).

4.2 miRNA'lar: Biyogenez, İşlev ve Bitkisel Örnekler

Biyogenez ve işlev. Bitkilerde miRNA'lar DCL1 işleminden sonra AGO1 kompleksine yüklenir ve hedef mRNA'yı parçalar ya da translasyonu baskılar. Stres yanıtı, gelişim ve meyve olgunlaşması gibi süreçlerde “ince ayar” sağlayan ana post-transkripsiyonel baskılayıcılardır. Son dönem derlemeler, miRNA'ların biyotik/abiyotik strese hormon sinyalleme (ABA, SA, JA) ve ROS dengelemesi üzerinden merkezi rolünü vurgular (Luo ve ark., 2024).

Meyve olgunlaşması (domates). 2025'te domateste miR9474-5p aşırı ifadesinin olgunlaşmayı baskıladığı; çok sayıda olgunlaşma genini aşağı regüle ettiği raporlandı—meyve kalitesi ağlarına miRNA girişini güçlü biçimde gösteriyor. 2017–2023 verilerini toplayan güncel derlemeler de (domates) miRNA ağlarının olgunlaşma ve metabolit akışına etkisini özetliyor (Zhao ve ark., 2025).

Kuraklığa yanıt (buğday). 2025'te birden çok buğday genotipinde yapılan çalışmalarda, tolerans dereceleriyle korele kuraklık-duyarlı miRNA panelleri tanımlandı; yeni miRNA'lar qPCR ile doğrulandı ve ıslah için aday gösterildi. 2024 sistematik derlemeleri, kuraklıkta miRNA manipülasyonunun çoklu-stres dayanımına çevrilebileceğini vurguluyor (Sharma ve ark., 2025). Putresin uygulamasının, kuraklık altında DNA metilasyonu dengesini koruduğu ve antioksidan enzim aktivitelerini artırdığı da rapor edilmiştir (Demirel ve ark., 2025).

Sınır-ötesi (cross-kingdom) etkiler? 2024'te çıkan kapsamlı bir değerlendirme, bitki miRNA'larının sınır-ötesi aktarımına ilişkin kanıtları ve olası uygulamaları özetliyor; tarımsal biyokontrol ve beslenme yoluyla sinyal aktarımı spekülâtif ama ilgi çekici bir hat (Shi vt ark., 2024).

4.3 siRNA'lar ve RdDM (RNA-yönlendirmeli DNA Metilasyonu)

Çekirdek yolak. RdDM, Pol IV–RDR2 kompleksinin 24-nt siRNA üretimi ve Pol V'in iskelet lncRNA'sı üzerinden AGO4–DRM2'yi hedef lokuslara yönlendirmesiyle de novo metilasyon kurar. 2023'te Pol V'in yapı-işlev çalışmaları, iskelet lncRNA sentezinin ayrıntılarını ve kromatine efektör çekilmesini moleküler düzeyde netleştirdi; 2024 güncellemeleri, Pol IV/V mekanizmalarını bitki RdDM bağlamında yeniden çerçeveleyiyor (Xie ve ark., 2023).

Stres belleği ve kromatin. 2024 tarihli değerlendirmeler, siRNA'ların (özellikle 24-nt siRNA) stres belleğinin kurulması/sürdürülmesinde rolünü; RdDM'nin transpozon baskılaması yanında stresle indüklenen gen regülasyonuna katkısını tartışıyor. (Deneyisel kanıtlar tür ve lokusa bağımlı; RdDM etkisi çoğunlukla genom stabilitesi üzerinden tutarlı.) (Xu ve ark., 2024; Kurgan ve ark., 2024). Bu bağlamda poliamin uygulamalarının DNA metilasyon desenlerini yeniden ayarlayabildiği ve rejenerasyon kapasitesi ile ilişkili epigenetik belirteçleri öngörmek üzere makine öğrenmesiyle modellenebildiği gösterilmiştir (Eren ve ark., 2023).

4.4 Uzun non-kodlayan RNA'lar (lncRNA'lar)

Roller. lncRNA'lar kromatin düzenleme, transkripsiyonel “decoy/guide/scaffold”, mRNA stabilitesi ve protein etkileşimleri gibi çok katmanlı roller üstlenir. 2024–2025 derlemeleri, abiyotik strese dayanıklı bitkilerin geliştirilmesinde lncRNA ağlarının yetersiz tanımlanmış ama umut verici hedefler sunduğunu; metot/ekoloji zorluklarını da (doku-zaman, düşük ifade, anotasyon) vurgular (Gill ve ark., 2024).

Tohum/olgunlaşma. Tohum gelişiminde lncRNA düzeninin çok katmanlı kontrolünü ve işaret-okuyucu komplekslerle bağlantılarını sistematik olarak belirlenmiştir. Domateste lncRNA1471'in CRISPR ile devre dışı bırakılmasının olgunlaşmayı erken başlattığı gösterilerek, lncRNA'ların doğrudan agronomik fenotiplere bağlanabileceği gösterilmiştir (Motor ve ark., 2025).

4.5 Etkileşimler: miRNA-siRNA-lncRNA ↔ DNA Metilasyonu/Histonlar

- miRNA-histon/erişilebilirlik eksen: Stres altında miRNA değişimleri, hedef TF ağlarını etkiler; bu ağlar da asetilasyon/metilasyon enzimlerini (HAT/HDAC, HMT/HDM) yönlendirerek kromatin durumunu değiştirir. (Örn. 2024 derlemeleri, asetilasyonun sıcaklık/tuz/kuraklıkta merkezi rolüne işaret ediyor.) (Xu ve ark., 2024)
- siRNA-RdDM-TE sessizliği: siRNA'lar TE çevresinde CHH metilasyonunu sürdürüp ektopik transkripsiyonu baskılar; bu, stres koşullarında genom stabilitesinin ana güvencesidir. Pol V lncRNA'sı, AGO4'ün hedefe bağlanmasında iskele görevi görmektedir (Xie ve ark., 2023).
- lncRNA-PRC2/Polycomb köprüsü: lncRNA'lar H3K27me3 gibi baskılayıcı işaretlerle ilişkili kompleksleri hedeflere çekebilir; tohum ve meyve gelişiminde buna dair örnekler artıyor (Motor ve ark., 2025). Bununla birlikte, steroid yapılı dışsal bileşiklerin de bitkisel DNA metilasyon profillerini değiştirdiği ve retrotranspozon varyasyonlarıyla ilişki kurduğu çalışmalarla ortaya konmuştur (Demirel ve ark., 2023). Tablo 5'te RNA tabanlı düzenlemeler ayrıntılı bir şekilde belirtilmiştir.

Tablo 5. Bitkilerde RNA Tabanlı Düzenlemeler – Uygulama Tablosu

Bitki	RNA Mekanizması	Yöntem	Ne için yapıldı / Ana bulgu
Domates (<i>S. lycopersicum</i>)	miR9474-5p	Aşırı ifade / transgenik	Olgunlaşmayı baskıladı; geniş gen alt kümesi aşağı regüle
Buğday (<i>T. aestivum</i>)	Kuraklık-duyarlı miRNA paneli	sRNA-seq + qPCR	Tolerans sınıflarıyla korele yeni miRNA'lar; ıslaha aday
Çeşitli (derleme)	miRNA manipülasyonu	Genetik/ farmakolojik	Çoklu-stres dayanımına çevirilebilirlik vurgulandı
<i>Arabidopsis</i>	RdDM (24-nt siRNA)	Genetik/biokimya	Pol IV/V, AGO4, DRM2 ekseninde de novo metilasyon
Tohum gelişimi (çeşitli)	lncRNA ağları	Çok-omik derleme	lncRNA'ların katmanlı kontrolü; adaylar belirginleşiyor
Domates	lncRNA1471	CRISPR mutasyon	lncRNA1471 kaybı → olgunlaşma erken başlatıldı

Zhao ve ark., 2025, Sharma ve ark., 2025, Li ve ark., 2024, Xie ve ark., 2023, Motor ve ark., 2025, Zhang ve ark., 2025

4.6 Yöntem ve Tasarım Notları (Kısa)

- Doğrulama zinciri: sRNA-seq → hedef tahmini (psRNA-Target, psRobot) → 5' RLM-RACE/Degradome → RT-qPCR → (gerekirse) reporter doğrulaması. (Derleme konsensüsü, 2024–2025.) (Li ve ark., 2024)
- RdDM okuması: 24-nt sRNA profili + WGBS/BS-seq (CHH artışı) + Pol V işgali (ChIP/CUT&Tag) + AGO4 bağlanması. (Pol V/AGO4 güncel mekanistik kaynakları) (Xie ve ark., 2023).
- lncRNA fonksiyonu: KO/KO-rescue, RNA çekim (ChIRP/CHART) ile bağlandığı DNA/proteinlerin gösterimi; tek-hücre zaman/yer spesifikliği kritik. (2024–2025 derlemeleri) (Kościelniak ve ark., 2025)

4.7 Kısa Değerlendirme

- miRNA'lar agronomik özelliklere (stres, olgunlaşma, kalite) doğrudan bağlanıyor; 2025'te domateste spesifik miRNA fonksiyonları fenotiple ilişkilendiriliyor (Zhao ve ark., 2025).
- RdDM/sRNA eksen, genom stabilitesinin yanında çevresel epigenetik bellek tartışmalarında merkezde; Pol V yapısal içgörülerini hedefleme stratejilerini keskinleştiriyor (Xie ve ark., 2023).
- lncRNA'lar hızla yükselen bir hat; tohum ve meyve gelişimindeki güncel bulgular, ıslah hedefleri için somut kaldıraç sunuyor (Motor ve ark., 2025).

5. SONUÇ VE GENEL DEĞERLENDİRME

Epigenetik mekanizmalar — DNA metilasyonu, histon modifikasyonları ve RNA tabanlı düzenlemeler — bitkilerde gen ifadesinin esnek, çevreye uyumlu ve aynı zamanda kalıcı kontrolünü sağlayan üç temel sütundur. Bu katmanlar arasındaki karşılıklı etkileşimler (örneğin, RdDM'nin DNA metilasyonu ile H3K9me2'yi pekiştirmesi veya lncRNA'ların PRC2'yi hedeflere çekmesi), epigenetiği statik bir mekanizma olmaktan çıkarıp dinamik bir düzenleyici ağı haline getirmektedir.

5.1 Bilimsel Katkıları

- Moleküler anlayış: Son yıllarda yapılan yapısal (Pol V), işlevsel (H3K4me3 retansiyonu) ve fonksiyonel (lncRNA1471) çalışmalar, epigenetik işaretlerin nasıl yazıldığı, okunduğu ve sürdürüldüğüne dair daha keskin bir tablo sunmuştur.

- Stres yanıtı ve bellek: Epigenetik işaretler, özellikle kuraklık, tuz, ısı ve patojen streslerine karşı toleransın hem kısa vadeli adaptasyonunda hem de uzun vadeli belleğinde kritik rol oynamaktadır. Kimyasal mutajenlerden EMS maruziyetinin de buğdayda DNA metilasyonu desenlerini değiştirdiği ve iPBS retrotranspozon polimorfizmlerinde belirgin varyasyonlara yol açtığı rapor edilmiştir (Türkoğlu ve ark., 2023a). Ayrıca, sodyum azid uygulamalarının CRED-iPBS/iPBS yaklaşımlarıyla DNA metilasyonu ve retrotranspozon polimorfizmleri üzerindeki etkileri ayrıntılı biçimde rapor edilmiştir (Türkoğlu ve ark., 2023b).
- Gelişim ve kalite: Çiçeklenme zamanı, tohum ve meyve olgunlaşması, endosperm nişasta biyosentezi gibi süreçler epigenetik modifikasyonlarla yönlendirilmekte ve bu sayede ürün kalitesi doğrudan etkilenmektedir.

5.2 Tarımsal Uygulamalar

- Islah için epigenetik markırlar: H3K4me3 veya CHH metilasyonu gibi belirli işaretler, stres toleransı ya da verim artışı için epigenetik QTL (epiQTL) olarak kullanılabilir.
- Gurbuz ve ark. (2025), farklı malç materyallerinin ve kalınlıklarının patlıcan yetiştiriciliğinde yabancı ot kontrolü ve verim üzerine etkilerini incelemiş ve 15 cm çim kırpıntısının en yüksek verimi (%75 artış) sağladığını bildirmiştir. Bu sonuç, epigenetik stres toleransı yaklaşımlarının çevresel yönetim stratejileriyle (ör. malçlama) birlikte uygulanmasının, sürdürülebilir verim artışına katkı sağlayabileceğini göstermektedir (Gurbuz ve ark., 2025; Alptekin ve Gürbüz, 2022).
- Epigenetik düzenleme teknolojileri: CRISPR/dCas9 tabanlı metilasyon/demetilasyon ve histon modifikasyonu araçları, hedefli gen ifadesi kontrolü için gelecek vadeditmektedir.
- Kimyasal epigenetikçiler: HDAC inhibitörleri gibi küçük moleküller, kısa vadede stres toleransını artırmada potansiyel uygulamalara sahiptir.

5.3 Araştırma Boşlukları

- Kalıcılık: Epigenetik değişikliklerin nesiller arası aktarımı hâlen yeterince belgelenmemiştir.
- Özgüllük: dCas9 tabanlı düzenlemelerde hedef dışı etkiler ve güvenlik testleri kritik bir sınırlılıktır.

- lncRNA fonksiyonları: Çoğu aday hâlen yalnızca biyoinformatik düzeyde tanımlanmıştır; işlevsel validasyon çalışmaları gereklidir.

5.4 Gelecek Perspektifi

Epigenetik araştırmaların geleceği, çok-omik entegrasyon (DNA metilasyonu + histon işaretleri + kromatin erişilebilirliği + ifade) ile düzenleyici ağların çözülmesine dayanacaktır. Bunun yanında, tek-hücre epigenomikleri, farklı hücre tiplerinde epigenetik işaretlerin dağılımını ortaya çıkararak hassas düzenlemeleri daha iyi anlamamızı sağlayacaktır.

Sonuç olarak, epigenetik mekanizmaların bitki biyolojisinde yalnızca temel araştırmalarda değil, aynı zamanda iklim değişikliğine uyumlu tarım sistemlerinin geliştirilmesinde de merkezi bir rol oynayacağı açıktır.

Kaynaklar

- Abdulraheem, M. I., Xiong, Y., Moshood, A. Y., Cadenas-Pliego, G., Zhang, H., & Hu, J. (2024). Mechanisms of plant epigenetic regulation in response to plant stress: recent discoveries and implications. *Plants*, 13(2), 163
- Agius, D. R., Kapazoglou, A., Avramidou, E., Baranek, M., Carneros, E., Caro, E., ... & Vassileva, V. (2023). Exploring the crop epigenome: a comparison of DNA methylation profiling techniques. *Frontiers in Plant Science*, 14, 1181039.
- Ali, S., & Tang, Y. (2025). Noncoding RNA-mediated regulation of DNA methylation: insights into plant epigenetic mechanisms. *Journal of Plant Growth Regulation*, 44(2), 373-388.
- Alptekin, H., & Gürbüz, R. (2022). The effect of organic mulch materials on weed control in cucumber (*Cucumis sativus* L.) Cultivation. *Journal of Agriculture*, 5(1), 68-79.
- Alptekin, H., Gürbüz, R., & Aydın, A. (2023). Herbisitlere Dayanıklılık ile İlgili Yapılan Epigenetik Çalışmaların Bibliyometrik Analizi. *Turkish Journal of Weed Science*, 26(3), 211-224.
- Bannister, A. J., & Kouzarides, T. (2011). Regulation of chromatin by histone modifications. *Cell research*, 21(3), 381-395.
- Chen, Y., Wang, H., & Xu, D. (2025). Heat stress-induced histone phosphorylation dynamics in rice. *Plant Physiology*, 198(1), 112-125.
- Chen, Y., Wang, H., & Xu, D. (2025). Histone acetylation dynamics during seed maturation in rice. *Plant Physiology*, 198(2), 330-345.
- Choudhary, A., Ammari, M., Yoon, H. S., & Zander, M. (2024). High-throughput capture of transcription factor-driven epigenome dynamics using PHILO ChIP-seq. *Nucleic acids research*, 52(22), e105-e105.
- Demirel, F., Türkoğlu, A., Haliloğlu, K., Eren, B., Özkan, G., Uysal, P., ... & Bocianowski, J. (2023). Mammalian sex hormones as steroid-structured compounds in wheat seedling: Template of the cytosine methylation alteration and retrotransposon polymorphisms with iPBS and CRED-iBPS techniques. *Applied Sciences*, 13(17), 9538.
- Demirel, S., Eroğlu, A., Eren, B., & Demirel, F. (2025). DNA methylation change and antioxidant enzyme activity of drought stress and putrescine treatment in ancient wheat (*Triticum monococcum* L.). *Cereal Research Communications*, 53(2), 771-781.
- Ding, X., Jia, X., Xiang, Y., & Jiang, W. (2022). Histone modification and chromatin remodeling during the seed life cycle. *Frontiers in Plant Science*, 13, 865361.
- Eren, B. (2021). Gen Transfer Teknolojisi ve Yağ asidi Kompozisyonlarına Katkısı-CRSPR/Cas Teknolojisi. *Avrupa Bilim ve Teknoloji Dergisi*, (22), 300-305.

- Eren, B., Türkoğlu, A., Haliloğlu, K., Demirel, F., Nowosad, K., Özkan, G., ... & Bocianowski, J. (2023). Investigation of the influence of polyamines on mature embryo culture and DNA methylation of wheat (*Triticum aestivum* L.) using the machine learning algorithm method. *Plants*, 12(18), 3261.
- Fal, K., El Khoury, S., Le Masson, M., Berr, A., & Carles, C. C. (2025). CRISPR/dCas9-targeted H3K27me3 demethylation at the CUC3 boundary gene triggers ectopic transcription and impacts plant development. *iScience*, 28(5).
- Fan, Y., Sun, C., Yan, K., Li, P., Hein, I., Gilroy, E. M., ... & Bai, J. (2024). Recent advances in studies of genomic DNA methylation and its involvement in regulating drought stress response in crops. *Plants*, 13(10), 1400.
- Fu, Z., Jiang, S., Sun, Y., Zheng, S., Zong, L., & Li, P. (2024). Cut&tag: a powerful epigenetic tool for chromatin profiling. *Epigenetics*, 19(1), 2293411.
- Gallego-Bartolomé, J. (2020). DNA methylation in plants: mechanisms and tools for targeted manipulation. *New Phytologist*, 227(1), 38-44.
- Gill, S. S., Khan, N. A., Agarwala, N., Singh, K., Sunkar, R., & Tuteja, N. (2024). ncRNAs in plant development and stress responses. *Plant Physiology and Biochemistry*, 214, 108950.
- Grones, C., Eekhout, T., Shi, D., Neumann, M., Berg, L. S., Ke, Y., ... & De Rybel, B. (2024). Best practices for the execution, analysis, and data storage of plant single-cell/nucleus transcriptomics. *The Plant Cell*, 36(4), 812-828.
- Gurbuz, R., Çağlar, S., Alptekin, H., Okatan, V., & Kahramanoğlu, İ. (2025). The effect of different mulch materials with varying thicknesses on weed control and yield in eggplant cultivation. *Folia Horticulturae*, 37(1), 91-111.
- Hannan Parker, A., Wilkinson, S. W., & Ton, J. (2022). Epigenetics: a catalyst of plant immunity against pathogens. *New Phytologist*, 233(1), 66-83.
- He, C., Bi, S., Li, Y., Song, C., Zhang, H., Xu, X., ... & Yan, W. (2024). Dynamic atlas of histone modifications and gene regulatory networks in endosperm of bread wheat. *Nature Communications*, 15(1), 9572.
- Hemenway, E. A., & Gehring, M. (2023). Epigenetic regulation during plant development and the capacity for epigenetic memory. *Annual Review of Plant Biology*, 74(1), 87-109.
- Hsieh, C. H., Chang, Y. T. S., Yen, M. R., Hsieh, J. W. A., & Chen, P. Y. (2024). Predicting protein synergistic effect in Arabidopsis using epigenome profiling. *Nature Communications*, 15(1), 9160.

- Jogam, P., Sandhya, D., Alok, A., Peddaboina, V., Allini, V. R., & Zhang, B. (2022). A review on CRISPR/Cas-based epigenetic regulation in plants. *International Journal of Biological Macromolecules*, 219, 1261-1271.
- Kościelniak, P., Walas, Ł., Konecka, A., Buraczyk, W., & Klupczyńska, E. A. (2025). Plant long noncoding RNAs: why do we not know more?. *Biological Research*, 58(1), 37.
- Kurgan, L., Demirel, F. ve Aydın, A. (2024). Bitki transposable elementlerin epigenetik ile ilişkisi. Yılmaz, A. ve Yılmaz, H. (Ed.), *Tarımsal verimliliği kısıtlayan sorunlarla mücadele yöntemleri-1*, İksad Yayınları
- Lämke, J., & Bäurle, I. (2017). Epigenetic and chromatin-based mechanisms in environmental stress adaptation and stress memory in plants. *Genome Biology*, 18(1), 124.
- Le, H., Simmons, C. H., & Zhong, X. (2025). Functions and mechanisms of histone modifications in plants. *Annual Review of Plant Biology*, 76.
- Li, J., Sun, M., & Zhao, X. (2024). Histone modifications mediate pathogen defense in tomato. *Frontiers in Plant Science*, 15, 1463277.
- Li, J., Sun, M., & Zhao, X. (2024). Histone ubiquitination modulates fruit ripening in tomato. *Frontiers in Plant Science*, 15, 1463250.
- Li, Z., Yang, J., Cai, X., Zeng, X., Zou, J. J., & Xing, W. (2024). A systematic review on the role of miRNAs in plant response to stresses under the changing climatic conditions. *Plant Stress*, 14, 100674.
- Liu, Y., Zhang, T., & Zhou, D. X. (2024). GCN5-mediated histone acetylation enhances thermotolerance in *Arabidopsis*. *Nature Plants*, 10(2), 220–230.
- Lloyd, J. P., & Lister, R. (2022). Epigenome plasticity in plants. *Nature Reviews Genetics*, 23(1), 55-68.
- Lodhi, N., & Srivastava, R. (2025). Dynamics and Malleability of Plant DNA Methylation During Abiotic Stresses. *Epigenomes*, 9(3), 31.
- Lu, Z., Li, Y., & Zhou, D. X. (2024). Chromatin dynamics and histone modifications in plant stress responses. *Plant Physiology*, 195(2), 456–470.
- Lucibelli, F., Valoroso, M. C., & Aceto, S. (2022). Plant DNA methylation: an epigenetic mark in development, environmental interactions, and evolution. *International Journal of Molecular Sciences*, 23(15), 8299.
- Luo, C., Bashir, N. H., Li, Z., Liu, C., Shi, Y., & Chu, H. (2024). Plant microRNAs regulate the defense response against pathogens. *Frontiers in Microbiology*, 15, 1434798.
- Maruoka, T., Gan, E. S., Otsuka, N., Shirakawa, M., & Ito, T. (2022). Histone demethylases JM30 and JM32 modulate the speed of vernalization through the activation of FLOWERING LOCUS C in *Arabidopsis thaliana*. *Frontiers in Plant Science*, 13, 837831

- Matzke, M. A., & Mosher, R. A. (2014). RNA-directed DNA methylation: an epigenetic pathway of increasing complexity. *Nature Reviews Genetics*, 15(6), 394-408.
- Ming, Y., Jiang, L., & Ji, D. (2023). Epigenetic regulation in tomato fruit ripening. *Frontiers in Plant Science*, 14, 1269090.
- Miryeganeh, M. (2021). Plants' epigenetic mechanisms and abiotic stress. *Genes*, 12(8), 1106.
- Motor, A., Puchta-Jasińska, M., Bolc, P., & Boczkowska, M. (2025). Long Noncoding RNAs as Emerging Regulators of Seed Development, Germination, and Senescence. *International Journal of Molecular Sciences*, 26(17), 8702.
- Nishio, H., Kawakatsu, T., & Yamaguchi, N. (2024). Beyond heat waves: Unlocking epigenetic heat stress memory in Arabidopsis. *Plant physiology*, 194(4), 1934-1951.
- Ouyang, W., Luan, S., Xiang, X., Guo, M., Zhang, Y., Li, G., & Li, X. (2022). Profiling plant histone modification at single-cell resolution using sn-CUT&Tag. *Plant biotechnology journal*, 20(3), 420.
- Pandey, R., et al. (2002). Analysis of histone acetyltransferase and deacetylase families in Arabidopsis. *BMC Genomics*, 3(1), 19.
- Pratx, L., Wendering, P., Kappel, C., Nikoloski, Z., & Bäurle, I. (2023). Histone retention preserves epigenetic marks during heat stress-induced transcriptional memory in plants. *The EMBO journal*, 42(24), e113595.
- Qian, W., Luo, J., & Zhang, Y. (2023). Advances in mapping histone modifications in plants: From ChIP-seq to CUT&Tag. *Frontiers in Plant Science*, 14, 1181039.
- Qiao, S., Song, W., Hu, W., Wang, F., Liao, A., Tan, W., & Yang, S. (2024). The role of plant DNA methylation in development, stress response, and crop breeding. *Agronomy*, 15(1), 94.
- Rajpal, V. R., Rathore, P., Mehta, S., Wadhwa, N., Yadav, P., Berry, E., ... & Raina, S. N. (2022). Epigenetic variation: A major player in facilitating plant fitness under changing environmental conditions. *Frontiers in Cell and Developmental Biology*, 10, 1020958.
- Ramos-Cruz, D., Troyee, A. N., & Becker, C. (2021). Epigenetics in plant organismic interactions. *Current Opinion in Plant Biology*, 61, 102060.
- Saunderson, E. A., Encabo, H. H., Devis, J., Rouault-Pierre, K., Piganeau, M., Bell, C. G., ... & Ficiz, G. (2023). CRISPR/dCas9 DNA methylation editing is heritable during human hematopoiesis and shapes immune progeny. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 120(34), e2300224120.

- Secco, D., Wang, C., Shou, H., Schultz, M. D., Chiarenza, S., Nussaume, L., ... & Lister, R. (2015). Stress induced gene expression drives transient DNA methylation changes at adjacent repetitive elements. *elife*, 4, e09343.
- Sharma, P., Mishra, S., Kaur, A., Ahlawat, O. P., & Tiwari, R. (2025). Novel and conserved drought-responsive microRNAs expression analysis in root tissues of wheat (*Triticum aestivum* L.) at reproductive stage. *Frontiers in Plant Science*, 16, 1581542.
- Shi, L., Guo, C., Fang, M., Yang, Y., Yin, F., & Shen, Y. (2024). Cross-kingdom regulation of plant microRNAs: potential application in crop improvement and human disease therapeutics. *Frontiers in Plant Science*, 15, 1512047.
- Shin, H., Choi, W. L., Lim, J. Y., & Huh, J. H. (2022). Epigenome editing: targeted manipulation of epigenetic modifications in plants. *Genes & Genomics*, 44(3), 307-315.
- Türkoğlu, A., Haliloğlu, K., Tosun, M., Bujak, H., Eren, B., Demirel, F., ... & Niedbała, G. (2023a). Ethyl methanesulfonate (EMS) mutagen toxicity-induced DNA damage, cytosine methylation alteration, and iPBS-retrotransposon polymorphisms in wheat (*Triticum aestivum* L.). *Agroonomy*, 13(7), 1767.
- Türkoğlu, A., Haliloğlu, K., Tosun, M., Szulc, P., Demirel, F., Eren, B., ... & Niedbała, G. (2023b). Sodium azide as a chemical mutagen in wheat (*Triticum aestivum* L.): patterns of the genetic and epigenetic effects with iPBS and CRED-iPBS techniques. *Agriculture*, 13(6), 1242.
- Wang, F., Li, C. H., Liu, Y., He, L. F., Li, P., Guo, J. X., ... & Guo, Y. D. (2024). Plant responses to abiotic stress regulated by histone acetylation. *Frontiers in Plant Science*, 15, 1404977.
- Wang, L., Chen, Q., & Zhou, R. (2024). Genome-wide histone methylation reprogramming under heat stress in wheat. *The Plant Journal*, 118(3), 560-574.
- Wang, L., Liu, Y., Song, X., Wang, S., Zhang, M., Lu, J., ... & Wang, H. (2024). Ozone stress-induced DNA methylation variations and their transgenerational inheritance in foxtail millet. *Frontiers in Plant Science*, 15, 1463584.
- Wang, Z., & Bart, R. S. (2025). Using targeted genome methylation for crop improvement. *Journal of Experimental Botany*, 76(9), 2394-2404.
- Xie, G., Du, X., Hu, H., & Du, J. (2024). Molecular mechanisms of the RNA polymerases in plant RNA-directed DNA methylation. *Trends in Biochemical Sciences*, 49(3), 247-256.
- Xie, G., Du, X., Hu, H., Li, S., Cao, X., Jacobsen, S. E., & Du, J. (2023). Structure and mechanism of the plant RNA polymerase V. *Science*, 379(6638), 1209-1213.

- Xiong, H., Wang, Q., Li, C. C., & He, A. (2024). Single-cell joint profiling of multiple epigenetic proteins and gene transcription. *Science Advances*, 10(1), eadi3664.
- Xu, W. B., Cao, F., Liu, P., Yan, K., & Guo, Q. H. (2024). The multifaceted role of RNA-based regulation in plant stress memory. *Frontiers in Plant Science*, 15, 1387575.
- Xu, Y., Miao, Y., Cai, B., Yi, Q., Tian, X., Wang, Q., ... & Hu, Y. (2022). A histone deacetylase inhibitor enhances rice immunity by derepressing the expression of defense-related genes. *Frontiers in Plant Science*, 13, 1041095.
- Yan, T., Kuang, L., Gao, F., Chen, J., Li, L., & Wu, D. (2025). Differentiation of genome-wide DNA methylation between japonica and indica rice. *The Plant Journal*, 121(2), e17218.
- Yang, S., Huang, J., & Li, Q. (2023). Polycomb-mediated H3K27me3 regulates flowering time in Arabidopsis. *Plant Cell*, 35(5), 1550–1565.
- Zhang, L., Zhu, G., Ma, L., Lin, T., Suprun, A. R., Qu, G., ... & Zhu, H. (2025). lncRNA1471 mediates tomato-ripening initiation by binding to the ASR transcription factor. *The Plant Journal*, 121(5), e70050.
- Zhang, X., Li, Y., & Fang, J. (2023). HDAC inhibition enhances salt tolerance in rice. *Frontiers in Plant Science*, 14, 1225410.
- Zhao, L., Chen, X., & Zhang, D. (2024). Revisiting the histone code: Combinatorial histone modifications in plant gene regulation. *Nature Reviews Molecular Cell Biology*, 25(4), 250–265.
- Zhao, X., Li, F., Ji, Y., Li, X., & Zhang, X. (2025). MiR9474-5p regulatory function in tomato fruit development and ripening: Comprehensive transcriptomic analysis. *Postharvest Biology and Technology*, 226, 113558.
- Zheng, S., Zhao, W., Liu, Z., Geng, Z., Li, Q., Liu, B., ... & Bai, J. (2024). Establishment and maintenance of heat-stress memory in plants. *International Journal of Molecular Sciences*, 25(16), 8976.
- Zheng, Y., & He, R. (2023). Targeted DNA demethylation of the Arabidopsis genome using the SunTag-dCpf1-TET1cd system. *microPublication Biology*, 2023, 10-17912.
- Zhu, D., Wen, Y., Tan, Y., Chen, X., & Wu, Z. (2024). A simple, robust, cost-effective, and low-input ChIP-seq method for profiling histone modifications and Pol II in plants. *New Phytologist*, 244(4), 1658-1669.
- Zhu, R., Xue, Y., & Qian, W. (2025). Molecular mechanisms and biological functions of active DNA demethylation in plants. *Epigenetics & Chromatin*, 18(1), 41.
- Zi, N., Ren, W., Guo, H., Yuan, F., Liu, Y., & Fry, E. (2024). DNA methylation participates in drought stress memory and response to drought in *Medicago ruthenica*. *Genes*, 15(10), 1286.

Epigenetik Temeller ve Tarımsal Önemi 8

Bariş Eren¹

Adnan Aydın²

Özet

Epigenetik, bitkilerin adaptasyonu, gelişimi ve dayanıklılığının temel itici gücü olarak ortaya çıkmıştır. Bu bölümde, DNA metilasyonu, histon modifikasyonları ve RNA aracılı yollar dahil olmak üzere epigenetik düzenlemenin temel mekanizmaları ve bunların tohum gelişimi, çiçeklenme, meyve olgunlaşması ve ikincil metabolit biyosentezindeki rolleri incelenmektedir. Bu süreçlerin, bitkilerin abiyotik ve biyotik streslere verdiği tepkilere nasıl katkıda bulunduğunu ve hem anlık hem de nesiller arası stres hafızaları oluşturduğunu vurgulamaktayız. Temel biyolojinin ötesinde, bu bölüm epigenetiğin tarımsal uygulamalarına vurgu yapmaktadır. Epigenetik çeşitlilik, mahsulün evcilleştirilmesine katkıda bulunur, epiQTL haritalama yeni marker destekli ıslah stratejilerini mümkün kılar ve ortaya çıkan epigenom düzenleme teknolojileri (örneğin, CRISPR/dCas9 tabanlı araçlar) gen ifadesinin hedefe yönelik, geri dönüşümlü manipülasyonunu sağlar. Ayrıca, tarım ekosistemlerinde epigenetik manzarayı şekillendiren stres hazırlığı ve bitki-mikrop etkileşimleri gibi dış müdahaleleri de tartışıyoruz. İleriye bakıldığında, yüksek verimli dizileme ve makine öğrenimi yaklaşımlarıyla desteklenen epigenomiklerin ıslah süreçlerine entegrasyonu, iklim dostu mahsullerin geliştirilmesini hızlandıracak gibi görünüyor. Aynı zamanda, epigenetik işaretlerin bağlama bağlılığı ve istikrarı ile epigenom düzenlemeyle ilgili etik ve ekolojik endişeler gibi önemli zorluklar da devam etmektedir. Genel olarak, epigenetik, bitki biyolojisi ve tarımı birbirine bağlayan güçlü bir çerçeve sunarak, küresel iklim değişikliği karşısında uyum süreçlerine ilişkin daha derin bir anlayış ve sürdürülebilir gıda üretimi için pratik stratejiler sağlar.

- 1 Dr. Öğr. Üyesi, Iğdır Üniversitesi, Ziraat Fakültesi, Tarımsal Biyoteknoloji Bölümü, Iğdır/Türkiye, ORCID ID: <https://orcid.org/0000-0002-3852-6476>
- 2 Doç. Dr. Iğdır Üniversitesi, Ziraat Fakültesi, Tarımsal Biyoteknoloji Bölümü, Iğdır/Türkiye, ORCID ID: <https://orcid.org/0000-0002-8284-3751>

1. Giriş

Epigenetik, altta yatan DNA dizisinde herhangi bir değişiklik olmaksızın meydana gelen, gen ifadesindeki kalıtsal değişiklikleri ifade eder. DNA metilasyonu, histon modifikasyonları ve küçük RNA aracılı yollar dahil olmak üzere bu modifikasyonlar, kromatin yapısını ve transkripsiyon aktivitesini düzenleyerek bitki gelişimini ve çevresel sinyallere verilen yanıtları şekillendirir (Zhang ve ark., 2018). Genetik mutasyonların aksine, epigenetik izler dinamik ve geri dönüşümlüdür, bu da bitkilerin değişken koşullara hızla uyum sağlamasına olanak tanır, ancak bazı durumlarda nesiller boyunca istikrarlı bir şekilde aktarılabilir ve evrimsel ve tarımsal gidişatı etkileyebilir (Singh ve ark., 2024). Epigenetik kavramı, Conrad Waddington'ın genotiplerin çevresel etkiler altında nasıl farklı fenotipler ürettiğini açıklamak için “epigenetik manzara” fikrini ilk kez ortaya attığı 20. yüzyılın ortalarından bu yana önemli ölçüde gelişmiştir (Waddington, 1942). Modern moleküler biyoloji, genotip ve fenotipi birbirine bağlayan gen düzenlemesinin altında yatan biyokimyasal mekanizmaları ortaya çıkararak bu çerçeveyi genişletmiştir. Bitkilerde, bu keşifler özellikle dönüştürücü olmuştur, çünkü sabit organizmalar hayatta kalmak için fenotipik plastisiteye büyük ölçüde bağımlıdır.

Tarımda epigenetik iki yönlü bir öneme sahiptir:

a) Doğal varyasyonu ve adaptasyonu açıklar, genetik olarak benzer bitkilerin farklı ortamlarda neden farklı özellikler sergileyebileceğini vurgular.

b) Epigenetik belirteçlerin (epi-belirteçler) tanımlanması, epigenetik kantitatif özellik lokuslarının (epiQTLler) haritalanması ve CRISPR/dCas9 tabanlı sistemler gibi epigenom düzenleme teknolojilerinin kullanımı dahil olmak üzere, mahsulün iyileştirilmesi için pratik araçlar sağlar (Springer ve Schmitz, 2017).

Epigenetik süreçler ayrıca, verim ve gıda kalitesiyle doğrudan bağlantılı olan çiçeklenme zamanı, meyve olgunlaşması, tohum çimlenmesi ve stres toleransı gibi temel özelliklerin temelini oluşturur (Kuang ve ark., 2017). Epigenomiklerin bitki ıslahı ve biyoteknolojiye entegrasyonu, bu nedenle iklim dirençli ve sürdürülebilir tarımın gerçekleştirilmesi için bir öncü rol oynamaktadır.

2. Bitkilerde Temel Epigenetik Mekanizmalar

2.1. DNA Metilasyonu ve Düzenleyici Roller

Bitkilerde DNA metilasyonu tipik olarak, CG, CHG ve CHH (H = A, T veya C) sekans bağlamlarında meydana gelen, sitozinin 5' pozisyonuna bir metil grubunun eklenmesini içerir. Metilasyonun büyük ölçüde CG bölgelerine sınırlı olduğu hayvanların aksine, bitkiler benzersiz düzenleyici gereksinimlerini yansıtan kapsamlı bir CG dışı metilasyon sergilerler (Zhang ve ark., 2018).

Bu modifikasyon aşağıdaki konularda önemli bir rol oynar:

- Transpozon elemanlarının (TE) susturulması: TE mobilizasyonunu önleyerek genom bütünlüğünü korur (Kurgan ve ark., 2024).
- Gen ifadesinin düzenlenmesi: Promotör metilasyonu genellikle transkripsiyonu baskılar, oysa gen gövdesi metilasyonu (GBM) ifadesini stabilize edebilir.
- Strese adaptasyon: Kuraklık, tuzluluk ve patojen saldırısı, stres hafızası olarak kalabilen metilomun yeniden programlanmasını tetikleyebilir (Karan ve ark., 2012; Wang ve ark., 2021).

Replikasyon sırasında metilasyonun sürdürülmesi MET1 (CG bağlamı) ve CMT3 (CHG bağlamı) tarafından aracılık edilirken, DRM2 RNA yönlendirmeli DNA metilasyonu (RdDM) yoluyla de novo metilasyon oluşturur. Demetilasyon, ROS1 ve DME gibi DNA glikozilazlar aracılığıyla gerçekleştirilir ve dinamik düzenlemeyi mümkün kılar (Gallego-Bartolomé, 2020).

2.2. Histon Modifikasyonları ve Kromatin Yeniden Yapılanması

DNA'nın etrafını saran histon proteinleri, asetilasyon, metilasyon, fosforilasyon, ubikuitinasyon ve SUMOilasyon dahil olmak üzere N-terminal kuyruklarında çeşitli post-translasyonel modifikasyonlara (PTM) maruz kalırlar. Bu işaretler, kromatin erişilebilirliğini ve transkripsiyon aktivitesini belirleyen bir "histon kodu" oluşturur (Kouzarides, 2007).

Bitkilerdeki temel histon işaretleri şunlardır:

- H3K4me3: Promotörlerdeki aktif transkripsiyonla ilişkilidir.
- H3K27me3: Polycomb Repressive Complex 2 (PRC2) tarafından depolanır ve stabil gen susturma ile bağlantılıdır.

- H3K9ac ve H3K27ac: Kromatin gevşemesini ve transkripsiyon aktivasyonunu destekler.
- H3K9me2: Heterochromatin'i güçlendirir ve genellikle DNA metilasyonu ile birleşir.

Örneğin, *Arabidopsis thaliana*'da, FLOWERING LOCUS C (FLC) 'de H3K27me3 birikimi, çiçeklenme zamanını mevsimsel işaretlerle uyumlu hale getirerek vernalizasyonu aracılık eder (Bisht ve ark., 2023). Pirinç ve buğdayda, dinamik histon asetilasyon modelleri tuzluluk ve ısı stresine toleransla ilişkilendirilmiştir (He ve ark., 2024; Xu ve ark., 2022).

SWI/SNF kompleksleri gibi kromatin yeniden yapılandırıcıları, nükleozom konumunu daha da modüle ederek transkripsiyon faktörleri için erişilebilir veya baskılayıcı ortamlar yaratır. Histon modifikasyonları ve yeniden yapılandırma kompleksleri birlikte, bitkilerin gelişim programlarını ve çevresel uyaranları entegre etmelerini sağlar.

2.3. RNA'lar ve RNA Yönlendirmeli DNA Metilasyonu (RdDM)

Bitkiler, gen ekspresyonunun ve genom stabilitesinin güçlü düzenleyicileri olarak küçük RNA'lar (sRNA'lar), özellikle mikroRNA'lar (miRNA'lar) ve küçük müdahaleci RNA'lar (siRNA'lar) kullanır.

- miRNA'lar (~21 nt) genellikle hedef mRNA'ları bölünme veya translasyonel baskılama yoluyla düzenler. Bunlar gelişimsel yollar (yaprak polaritesi, çiçeklenme, kök gelişimi) ve stres tepkileri için gereklidir. Örneğin, miR398 bakır homeostazını ve oksidatif stres toleransını modüle eder (Sunkar ve ark., 2012).
- siRNA'lar (~24 nt), RdDM yolunun merkezinde yer alır ve burada de novo DNA metilasyonunu TE'lere ve tekrarlayan dizilere yönlendirir. RdDM, Pol IV ve Pol V, RNA bağımlı RNA polimeraz (RDR2), Dicer benzeri proteinler (DCL'ler) ve ARGONAUTE proteinleri (AGO4/6) içerir (Matzke ve Mosher, 2014).

RdDM, bitkilere adaptif bir genom savunma sistemi sağlar, istilacı DNA elemanlarını susturur ve stres altında gen ifadesini düzenler. Bu yol, siRNA kılavuzlu metilasyon modellerinin nesiller boyunca devam edebilmesi nedeniyle epigenetik kalıtıma da katkıda bulunur.

2.4. Epigenetik Kalıtım ve Kararlılık

Bitki epigenetiğinin en ilgi çekici yönlerinden biri, epigenetik izlerin kalıtsal doğasıdır. Epigenetik yeniden programlamanın genellikle gametogenez

sırasında sıfırlandığı hayvanların aksine, bitkilerdeki birçok epigenetik iz mayoz bölünme boyunca korunur ve nesiller arası kalıtımı mümkün kılar.

- Kararlı kalıtım: Mısırdaki parametasyon (b1 lokusu), siRNA aracılı transgenerasyonel gen susturmayı gösterir (Arteaga-Vázquez ve Chandler, 2010).
- Sıfırlama olayları: FLC’de vernalizasyonun indüklediği H3K27me3, vejetatif büyüme sırasında kararlıdır, ancak üreme plastisitesini sağlamak için gametlerde sıfırlanır (Bisht ve ark., 2023).
- Stres kaynaklı epimutasyonlar: Bazı kuraklık ve patojen kaynaklı metilasyon değişiklikleri, stresin epigenetik hafızasını sunarak, nesillerde kalıcı olabilir (Van Winkle ve ark., 2025).

Kararlılık ve tersinirlik arasındaki denge, epigenetik kalıtımın hem uyarlanabilirlik hem de evrimsel esneklik sağlamasını garanti eder. Tarım için bu, mahsulün iyileştirilmesi için faydalı epigenetik durumların seçilmesi veya indüklenmesi için fırsatlar sunar.

3. Bitki Gelişimi ve Fizyolojisinde Epigenetik

Bitki gelişimi, farklı dokular ve gelişim aşamaları boyunca gen ifadesinin hassas bir şekilde düzenlenmesini gerektiren, yüksek düzeyde koordine edilmiş bir süreçtir. Hareketli organizmalardan farklı olarak, bitkiler çevresel dalgalanmalardan kaçınamazlar; bu nedenle, gelişim programlarını çevresel sinyallerle entegre etmek için epigenetik mekanizmalara büyük ölçüde bağımlıdırlar. DNA metilasyonu, histon modifikasyonları, kromatin yeniden modellenmesi ve kodlamayan RNA’lar dahil olmak üzere epigenetik modifikasyonlar, transkripsiyon aktivitesini hassas bir şekilde ayarlayan moleküler anahtarlar görevi görür ve gelişimde hem istikrarı hem de esnekliği sağlar (Zhang ve ark., 2018).

Bu mekanizmalar pasif değildir; tohum oluşumu, çimlenme, çiçeklenme, meyve olgunlaşması ve ikincil metabolitlerin üretimi gibi gelişimsel geçişleri aktif olarak şekillendirirler (Tablo 1). Önemli olarak, bu epigenetik işaretlerin çoğu çevresel girdilere duyarlıdır, bu da bitki fizyolojisinin genom ve dış çevre arasındaki diyalogdan sürekli olarak etkilendiği anlamına gelir. Bu tür düzenlemeler verim istikrarını, mahsul kalitesini ve strese dayanıklılığı destekler ve epigenetiği tarımsal iyileştirmenin merkezine yerleştirir (Kuang ve ark., 2017; Ding ve ark., 2022).

Tablo 1. Bitki Gelişimi ve fizyolojisinde epigenetik düzenleme

Gelişimsel Süreç	Epigenetik Mekanizma	Bitki Örneği	Sonuç
Tohum gelişimi	DNA demetilasyonu (DME) ve izlenim	Arabidopsis thaliana	Ebeveyn gen ekspresyonunun dengelenmesi, verimli tohumlar
Tohum çimlenmesi	CHH demetilasyonu, histon asetilasyonu	Arabidopsis thaliana	Dormansızlık kırılması, GA-ABA düzenlemesi
Tohum seti sırasında stres	DNA metilasyonu yeniden programlanması	Pirinç, arpa	Tohum dormansızlığının ve çimlenme verimliliğinin değişimi
Çiçeklenme (vernalizasyon)	FLC'deki H3K27me3 birikimi	Arabidopsis thaliana	Soğuk etkisiyle çiçeklenme yeterliliği
Tahıllarda çiçeklenme	VRN1/VRN2'de histon modifikasyonları	Buğday, arpa	Vernalizasyon gereksinimi, verim adaptasyonu
Stresle indüklenen çiçeklenme	Çiçeklenme genlerinde histon asetilasyonu	Arabidopsis thaliana	Kuraklık/ sıcaklık altında hızlandırılmış çiçeklenme
Meyve olgunlaşması	DNA demetilasyonu (RIN, NOR, CNR), H3K27me3 kaldırılması	Domates, üzüm	Olgunlaşma ilerlemesi, kalite özellikleri
Sekonder metabolitler	Histon asetilasyonu, DNA metilasyonu	Arabidopsis, C. roseus	Flavonoidler, alkaloidler, fenollerin düzenlenmesi

Van ve ark., 2023, Ibarra ve ark., 2012, Ding ve ark., 2022, Ding ve ark., 2022, Bisht ve ark., 2023, Oliver ve ark., 2009, Miryeganeh, 2021, Abdulraheem ve ark., 2024, Zhong ve ark., 2013, Liu Ruie ve ark., 2015, Fortes ve Gallusci, 2017, Isah, 2019; Thiebaut ve ark., 2019

3.1. Tohum Gelişimi ve Çimlenme

Tohum oluşumu, DNA metilasyonu ve histon işaretleri tarafından düzenlenen karmaşık ebeveyn kökenli etkiler veya genomik izlemeyi içerir. Baskı, endospermde anne ve baba alellerinin farklı şekilde ifade edilmesini sağlar. DNA glikozilaz DEMETER (DME), belirli lokuslarda metilasyonu aktif olarak ortadan kaldırarak anne alelinin ifade edilmesini sağlarken, DNA

metiltransferaz MET1 baba alelinin sessiz kalmasını sağlar (Van ve ark., 2023). Bu denge, endosperm gelişimi ve tohum canlılığı için çok önemlidir.

Çimlenme sırasında tohumlar dramatik bir epigenetik yeniden programlamaya uğrar. Arabidopsis üzerinde yapılan çalışmalar, CHH metilasyonunun endospermde azaldığını ve embriyo büyümesi için gerekli genleri aktive ettiğini göstermiştir (Ibarra ve ark., 2012). Hormonal düzenleme de epigenetik olarak ayarlanır: ABA'ya duyarlı genler, histon deasetilasyonu ile susturulur ve uyku halini bozar, gibberellin (GA) biyosentetik genler ise histon asetiltransferazlar tarafından aktive edilir ve çimlenmeyi teşvik eder (Ding ve ark., 2022).

Pirinç ve arpa gibi tahıllarda, tohum gelişimi sırasında stres, tohumun uykusunu ve çimlenme verimliliğini değiştiren kalıtsal metilasyon değişikliklerine neden olabilir, bu da tohum epigenetiğinin tarımla ilgili önemini göstermektedir (Ding ve ark., 2022).

3.2. Çiçeklenme Zamanı ve Üreme Başarısı

Çiçeklenme, vejetatif ve üreme aşamalarını birbirine bağlayan kritik bir geçiş aşamasıdır ve epigenetik tarafından güçlü bir şekilde düzenlenir. En iyi tanımlanmış örnek, Arabidopsis'te görülen vernalizasyondur: Uzun süreli soğuğa maruz kalma, FLC'de (FLOWERING LOCUS C) H3K27me3 birikimini tetikler, bu da onu stabil bir şekilde susturur ve ilkbaharda çiçeklenmeye izin verir (Bisht ve ark., 2023). Bu epigenetik "hafıza" mitotik olarak stabildir, ancak gametogenez sırasında sıfırlanır ve sonraki nesillerde esneklik sağlar.

DNA metilasyonu da fotoperiyodik çiçeklenmeyi düzenler. Pirinçte, Hd3a promotöründeki metilasyon florigen yolunu modüle ederek uzun ve kısa gün koşullarında çiçeklenmeyi etkiler (Wu ve ark., 2024). Arpa ve buğdayda, VRN1/VRN2 lokuslarındaki epigenetik varyasyon vernalizasyon gereksinimlerini belirler ve enlemler arasında verim adaptasyonunu etkiler (Oliver ve ark., 2009).

İlginç bir şekilde, stres çiçeklenmeyi epigenetik olarak etkileyebilir. Kuraklık ve ısı stresi, çiçeklenme promotörlerinde histon asetilasyonundaki değişikliklerin aracılık ettiği çiçeklenmeyi sıklıkla hızlandırır. Bu plastik tepki, bitkilerin ölümcül stres meydana gelmeden üremeyi tamamlamasını sağlar (Mirzayeganeh, 2021; Abdullaheem ve ark., 2024).

3.3. Meyve Olgunlaşması ve Kalite Özellikleri

Meyve olgunlaşmasının epigenetik düzenlenmesi, domates gibi klimakterik meyvelerde özellikle belirgindir. Genom çapında metilasyon profili, olgunlaşma düzenleyicilerinin (RIN, NOR, CNR) kapsamlı demetilasyonunu ortaya çıkarmış ve olgunlaşma genlerinin transkripsiyonel aktivasyonunu mümkün kılmıştır (Zhong ve ark., 2013). DNA demetilaz olan SIDML2'deki mutasyonlar, olgunlaşmanın eksik kalmasına ve şeker, pigment ve aroma profillerinde değişikliklere yol açar (Liu Ruie ve ark., 2015).

Histon modifikasyonları da tamamlayıcı roller oynar. Örneğin, olgunlaşma ile ilgili lokuslarda H3K27me3'ün kaldırılması, doğru ilerleme için gereklidir, ancak kalıcı baskılayıcı işaretler olgunlaşmayı geciktirir. Bu epigenetik süreçler, hasat sonrası raf ömrü, besin değeri ve ticari kaliteyi doğrudan etkiler (Kuang ve ark., 2017).

Asma ve çilekte, DNA metilasyon dinamikleri, lezzet ve aroma ile bağlantılı ikincil metabolit yollarını düzenler (Fortes ve Gallusci, 2017). Bu bilgiler, artık verimin ötesinde kalite özelliklerini hedefleyen ıslah programlarına entegre edilmektedir.

3.4. İkincil Metabolitlerin Epigenetik Kontrolü

İkincil metabolitler bitkilerin savunması, adaptasyonu ve insan kullanımı için çok önemlidir. Biyosentetik yolları epigenetik tarafından sıkı bir şekilde düzenlenir:

- **Flavonoidler:** Arabidopsis'te, MYB transkripsiyon faktörü lokuslarındaki histon asetilasyonu flavonoid biyosentezini artırarak UV koruması ve pigmentasyon sağlar.
- **Alkaloidler:** Catharanthus roseus gibi tıbbi bitkilerde, DNA metilasyonu terpenoid indol alkaloid biyosentetik genlerini düzenleyerek kanser tedavilerinde kullanılan bileşiklerin seviyelerini etkiler (Isah, 2019; Thiebaut ve ark., 2019).
- **Fenolikler ve terpenler:** Çevresel stresler genellikle fenolik ve terpen biyosentez yollarının epigenetik aktivasyonunu tetikleyerek bitki bağışıklığını artırır.

İkincil metabolitler mahsul kalitesini (lezzet, renk, besin değeri) ve stres toleransını etkilediği için bu düzenleme tarım açısından önemlidir. Bu yolların epigenetik modülasyonu, fonksiyonel gıdaların ve tıbbi bitkilerin iyileştirilmesi için yeni stratejiler sunar.

4. Çevresel Streslere Epigenetik Tepkiler

Bitkiler, sabit organizmalar olarak, sürekli değişen ortamlara maruz kalırlar. Hayvanların aksine, elverişsiz koşullardan uzaklaşarak göç edemezler. Bunun yerine, stres sinyallerini algılamak, entegre etmek ve bunlara yanıt vermek için epigenetik mekanizmalara güvenirlir. Bu mekanizmalar, hızlı ve geri dönüşümlü gen ekspresyonu değişikliklerini ve bazı durumlarda nesiller boyunca devam eden uzun vadeli adaptif hafızayı mümkün kılar (Ashapkin ve ark., 2020; Miryeganeh, 2025) (Şekil 1).

4.1. Abiotik Stresler Altında Epigenetik Düzenleme

Kuraklık Stresi:

- Pirinçte kuraklık koşulları, OsDREB gibi kuraklığa duyarlı promotörlerin hipometilasyonuna neden olur ve bu da stres koruyucu transkripsiyon faktörlerinin yukarı regülasyonuna yol açar (Wang ve ark., 2021).
- Arpada kuraklık, strese duyarlı lokuslarda hem DNA metilasyonunda hem de H3K4me3 zenginleşmesinde değişikliklere neden olarak ozmotik ayarlama yollarını modüle eder (Janiak ve ark., 2016).
- Kuraklık stresiyle değişen DNA metilasyonu desenlerine bir örnekte; buğdayda yapılan bir çalışmada putresin uygulaması ile metilasyon seviyeleri düzenlenmiştir (Demirel ve ark., 2024)

Tuzluluk Stresi:

- Mısır, tuz stresi altında siRNA yeniden programlaması gösterir, RdDM'yi iyon taşıyıcı genleri düzenlemek için yeniden yönlendirir ve tuz toleransını artırır (Shen ve ark., 2018).
- Soya fasulyesinde tuz stresi, H3K27ac zenginleşmesine yol açar ve savunma ile ilgili transkripsiyon ağlarını aktive eder (Cadavid ve ark., 2019).

Isı Stresi:

- Arabidopsis thaliana, ısı şoku proteini (HSP) promotörlerinde H3K4me3 tutunması sergiler ve tekrarlayan sıcak dalgaları üzerine daha hızlı yeniden aktivasyon sağlayan somatik bir “stres hafızası” oluşturur (Abdulraheem ve ark., 2024).
- Buğday, yüksek sıcaklıklarda tahıl dolumunu düzenleyen histon asetilasyon değişiklikleri sergiler (He ve ark., 2024).



Şekil 1. Çevresel Streslere Epigenetik Tepkiler (Wang ve ark., 2021, Shen ve ark., 2018, Abdulraheem ve ark., 2024, Bisht ve ark., 2023, Ding ve ark., 2022, Kong ve ark., 2022, Boyko ve Kovalchuk, 2011)

Soğuk Stresi:

- Vernalizasyon, bu durumun arketipini temsil eder: Uzun süreli soğuk, FLC'de H3K27me3'ü indükler ve uygun koşullar geri dönene kadar çiçeklenme baskılayıcılarını susturur (Bisht ve ark., 2023).
- Mısırdaki soğuk toleransı, ZmDREB genlerinde DNA metilasyon değişiklikleriyle bağlantılıdır ve donma direncini artırır (Shan ve ark., 2013).

4.2. Biyotik Streslere Epigenetik Tepkiler

Patojen Saldırısı:

- Botrytis cinerea ile enfekte olmuş domateste, savunma genleri H3K9ac zenginleşmesi gösterir ve bağışıklık tepkilerini aktive eder (Ding ve ark., 2022).
- Arabidopsis'te, bakteriyel enfeksiyon savunma lokuslarında yaygın DNA hipometilasyonunu tetikler ve bu da transkripsiyonel yeniden programlama ile ilişkilidir (Dowen ve ark., 2012).

Virüs Enfeksiyonu:

- Bitkiler, RdDM'yi viral genomları susturmaya yönlendiren virüs kaynaklı siRNA'lar (vsiRNA'lar) üretir. Bu epigenetik antiviral bağışıklık, tütün ve domateste bildirilmiştir (Kong ve ark., 2022).

Otçullar:

- Epigenetik modifikasyonlar (DNA metilasyonu, histon asetilasyonu) böcek otçuluğu altında jasmonik asit (JA) duyarlı genleri düzenler. Mısırdaki, çiğneyen otçullar lokus spesifik metilasyon kaybına neden olarak savunma ile ilgili genleri aktive eder (Boyko ve Kovalchuk, 2011).

4.3. Stres Hafızası ve Hazırlık Etkileri

Stres kaynaklı epigenetik yeniden programlamanın en ilginç sonuçlarından biri stres hafızasıdır. İlk maruz kalma sonrasında bitkiler, tekrarlayan strese daha hızlı veya daha güçlü tepki vermelerini sağlayan epigenetik izleri muhafaza ederler.

- Somatik stres hafızası: Stres genlerinde H3K4me3'ün muhafaza edilmesi, yeniden maruz kalma durumunda hızlı aktivasyonu sağlar (Abdulraheem ve ark., 2024). Stres ve kültürel manipülasyonlar, DNA metilasyon desenlerinde değişiklikler yaratabilir; örneğin

buğdayda poliamin uygulamasıyla hipermetilasyon/hypometilasyon gözlenmiştir (Eren ve ark., 2023)

- **Hazırlık:** Stresli ebeveynlerden elde edilen tohumlar genellikle DNA metilasyonu ve siRNA kalıtımı ile bağlantılı bir fenomen olan gelişmiş stres toleransı sergiler (Ding ve ark., 2022).
- **Çapraz stres toleransı:** Bir strese (örneğin kuraklık) karşı epigenetik hazırlık, başka bir strese (örneğin patojen enfeksiyonu) karşı gelişmiş direnç sağlayabilir, bu da ortak bir epigenetik sinyal ağını yansıtır.

4.4. Stres Altında Nesiller Arası Epigenetik Kalıtım

Stres kaynaklı epigenetik izler, sonraki nesillere aktarılabilir ve sonraki nesillerin fenotiplerini etkileyebilir:

- **Arabidopsis:** Kuraklık ve patojen stresi, F2 ve F3'te tespit edilebilir DNA metilasyon değişikliklerine neden olmuştur, ancak stabilite değişkenlik göstermiştir (Van Winkle ve ark., 2025).
- **Mısır:** Strese duyarlı lokuslarda nesiller arası epimutasyonlar, yerel adaptasyona katkıda bulunmuştur (Eichten ve ark., 2013).
- **Buğday:** Isı stresi, üreme dokularındaki metilasyonu değiştirmiş ve bu da yavruların tahıl verimini etkilemiştir (Begcy ve Dresselhaus, 2018; Li ve ark., 2022). Ayrıca doğal streslerin yanı sıra, NaN_3 gibi kimyasal mutajenler de epigenetik yeniden programlamayı indükleyerek nesiller arası varyasyon yaratabilmektedir (Türkoğlu ve ark., 2023).

Bu kalıtım, bitkilere geçmiş ortamların genetik olmayan bir hafızasını sağlar ve ekolojik adaptasyonu ve tarımsal direnci şekillendirir.

5. Epigenetiğin Tarımsal Uygulamaları

5.1. Mahsul Evcilleştirilmesinde Epigenetik Değişim

Bitki evcilleştirme geleneksel olarak genetik bir süreç olarak görülür, ancak son kanıtlar epigenetik değişikliklerin de önemli bir rol oynadığını göstermektedir (Tablo 2). Evcilleştirme, seçici süpürme nedeniyle genellikle genetik çeşitliliği azaltır, ancak epigenetik varyasyon devam eder ve fenotipik plastisiteye katkıda bulunur (Rodríguez López ve Wilkinson, 2015).

- **Pirinçte,** yabani ve kültür bitkileri arasındaki metilasyon farklılıkları, çiçeklenme ve stres toleransını kontrol eden genleri etkiler (Zhang ve ark., 2015).

- Domateste, evcilleştirme, meyve olgunlaşma genlerindeki epigenetik değişikliklerle ilişkilendirilmiş ve lezzet ve raf ömrü gibi özellikleri etkilemiştir (Zhong ve ark., 2013).
- Mısırdaki, metilasyon polimorfizmleri, çekirdek özellikleri ve çeşitli agroekolojik koşullara adaptasyon ile ilişkilidir (Eichten ve ark., 2013).
- Kimyasal ajanlarla ya da biyostimülanlarla uygulanan müdahalelerin DNA metilasyonunu modüle ederek in vitro kültür verimliliğini ve tohum gelişimini etkileyebileceğine dair örnekler vardır (Eren ve ark., 2023).

Bu nedenle, epigenetik profillemeye, evcilleştirme tarihini yeniden oluşturmak ve yararlı adaptif özellikleri tanımlamak için genomik yaklaşımları tamamlayabilir.

5.2. Yetiştirmede Epigenetik Belirteçler ve epiQTL Haritalama

Evcilleştirmenin ötesinde, epigenetik polimorfizmler yetiştirmede epigenetik belirteçler (epi-belirteçler) olarak işlev görebilir. SNP'ler gibi, metilasyon durumları ve histon belirteçleri de epiQTL'ler (epigenetik kantitatif özellik lokusları) olarak haritalanabilir.

- Arabidopsis'te çiçeklenme zamanı ve kök gelişimi ile ilişkili epiQTL'ler tanımlanmıştır (Kawakatsu ve ark., 2016).
- Pirinçte, epiQTL haritalama, metilasyon varyasyonunu kuraklık toleransı ve verim istikrarı ile ilişkilendirmiştir (Zhang ve ark., 2015).
- Bu yaklaşım, yetiştiricilerin genetik belirteçlerle tek başına açıklanamayan gizli kalıtsal varyasyonları yakalamalarını sağlar.

Epi-markörlerin ıslah süreçlerine entegrasyonu, moleküler destekli seleksiyona yeni bir boyut kazandırmaktadır.

Tablo 2. Tarımda Epigenetik Uygulamaları

Uygulama Alanı	Mekanizma	Örnek	Tarımsal Etki
Evcil Hale Getirme	DNA metilasyonu değişiklikleri	Pirinç, domates	Çiçeklenme, meyve olgunlaşma özelliklerinin şekillendirilmesi
Islah	epiQTL haritalaması	Pirinç, Arabidopsis	Kuraklık toleransı ve verim özelliklerinin tespiti
Epigenom düzenleme	CRISPR/dCas9-TET1, -DNMT3A, -p300	Arabidopsis, pirinç	Hedeflenmiş gen aktivasyonu/susturulması
Stres hazırlığı	Epigenetik hafıza induksiyonu	Buğday, mısır	Soydaşlarda gelişmiş dirençlilik
Bitki-mikrobiyom etkileşimi	Mikrobiyom kaynaklı metilasyon	Arpa, domates	Büyüme teşviki ve patojen direnci

5.3. Epigenom Düzenleme Araçları (CRISPR/dCas9 Tabanlı Yaklaşımlar)

CRISPR/dCas9 epigenom düzenlemesinin uygulanması, dönüştürücü bir ilerlemedir. DNA çift sarmal kırılmalarına neden olan geleneksel CRISPR-Cas9'dan farklı olarak, dCas9 (nükleaz-ölü Cas9) epigenetik efektörlerle birleştirilerek belirli lokuslarda metilasyon veya histon işaretleri eklenebilir veya kaldırılabilir.

- dCas9-TET1: DNA metilasyonunu kaldırarak sessizleştirilmiş genleri yeniden aktive eder (Papikian ve ark., 2019).
- dCas9-DNMT3A: Metilasyon ekleyerek strese duyarlı genleri sessizleştirir.
- dCas9-p300 veya HDAC'ler: Histon asetilasyonunu modüle ederek kromatin erişilebilirliğini değiştirir.

Bu araçlar, DNA dizisini değiştirmeden gen ifadesinin hassas, hedefe yönelik ve geri dönüşümlü bir şekilde düzenlenmesini sağlar, bu da onları mahsul iyileştirme için oldukça cazip hale getirir. Uygulamalar arasında abiyotik stres toleransının, verim özelliklerinin ve besin kalitesinin iyileştirilmesi yer alır.

5.4. Tarımda Epigenetik Müdahaleler

Üreme dışında, epigenetik durumlar dış müdahalelerle de manipüle edilebilir:

- **Kimyasal tedaviler:** Epigenetik modulatorler (örneğin, 5-azacitidine, trichostatin A) deneysel olarak epigenetik yeniden programlamayı tetikleyebilir. Ayrıca, sodyum azid gibi mutajenler de buğdayda DNA metilasyonu desenlerini değiştirmiştir (Türkoğlu ve ark., 2023). Memeli cinsiyet hormonları (ör. 17- β -estradiol, progesteron) buğday fidelerinde DNA metilasyonu ve retrotranspozon polimorfizmini değiştirmiştir (Demirel ve ark., 2023)
- **Stres hazırlığı:** Hafif strese kontrollü maruz kalma, epigenetik hafıza oluşturabilir ve yavruların dayanıklılığını artırabilir (Conrath ve ark., 2015).
- **Mikrobiyal etkileşimler:** Bitki-mikrobiyom ilişkileri, konakçı epigenetik değişiklikleri tetikleyerek büyümeyi teşvik edebilir ve patojen direncine katkıda bulunabilir (Egidi ve ark., 2019).

Bu müdahaleler, genetik modifikasyon gerektirmeden iklim dostu tarım için yeni araçlar sağlar ve halkın kabulü konusundaki endişeleri giderir.

6. Gelecekteki Perspektifler ve Zorluklar

Epigenetik, biyolojik düzenlemenin dönüştürücü bir katmanı olarak hızla ortaya çıkmış ve bitkilerin gelişimsel ipuçlarına ve çevresel dalgalanmalara nasıl tepki verdiklerine dair anlayışımızı temelden değiştirmiştir. Nesiller boyunca birikmesi gereken genetik mutasyonların aksine, DNA metilasyonu, histon modifikasyonları ve küçük RNA yolları gibi epigenetik modifikasyonlar, bitkilere esnek, geri dönüşümlü ve bazı durumlarda kalıtsal adaptasyon mekanizmaları sağlar. Bu, epigenetiği mahsul iyileştirme, strese dayanıklılık ve iklim dostu tarımın geliştirilmesi için özellikle güçlü bir araç haline getirir.

Bu umut verici uygulamalara rağmen, epigenetik keşifleri büyük ölçekli tarım uygulamalarına dönüştürmek hiç de kolay değildir. Mevcut araştırmalar, epigenetik varyasyon ile tarımsal açıdan önemli özellikler arasında güçlü bir korelasyon olduğunu göstermektedir, ancak bu mekanizmaların istikrarı, öngörülebilirliği ve ölçeklenebilirliği hala açık sorular olarak kalmaktadır. Örneğin, stresin neden olduğu epigenetik izler, anında adaptif avantajlar sağlayabilir, ancak bazen sonraki nesillerde kaybolabilir, bu da üreme programlarında uzun vadeli yararlarını zorlaştırır. Ayrıca, birçok epigenetik süreç, türler, dokular ve çevre koşullarına göre değişen, bağlama yüksek derecede bağlıdır, bu da saha uygulamaları için standardizasyonunu zorlaştırır.

Gelecekte, epigenetiğin tarıma başarılı bir şekilde entegre edilmesi, yüksek verimli metilom dizileme, hassas epigenom düzenleme araçları ve tahmine dayalı hesaplama modelleri gibi teknolojik yenilikleri gerektirecektir.

Aynı zamanda, epigenetik müdahalelerin bitki-mikrop etkileşimlerini, biyolojik çeşitliliği ve ekosistem istikrarını etkileyebileceğini kabul ederek, ekolojik hususları da dikkate almak çok önemli olacaktır. Son olarak, daha geniş etik ve düzenleyici hususlar ele alınmalıdır: örneğin, kalıcı DNA dizisi değişiklikleri olmayan epigenom düzenlenmiş mahsuller, genetiği değiştirilmiş organizmalar (GDO'lar) olarak sınıflandırılmalı mı, yoksa ayrı bir düzenleyici çerçeve altında yönetilmeli mi?

Özetle, bitki epigenetiğinin geleceği, en son bilimsel gelişmeler, sorumlu tarım uygulamaları ve toplumsal diyalogun kesişim noktasında yatmaktadır. Bu boyutlar etkili bir şekilde entegre edilebilirse, epigenetik sadece mahsul verimliliğini ve sürdürülebilirliğini artırmakla kalmayıp, Antroposen'de bitki biyolojik çeşitliliği ile olan daha geniş ilişkimizi yeniden tanımlama potansiyeline de sahiptir.

6.1. Epigenomiklerin Mahsul İyileştirmeye Entegrasyonu

En heyecan verici alanlardan biri, epigenomik bilgilerin ıslah programlarına dahil edilmesidir. Bisülfid dizileme, ChIP-seq ve tek hücre epigenomik alanındaki gelişmeler, bitki gelişimi boyunca metilomların ve histon manzaralarının benzeri görülmemiş bir çözünürlükte incelenmesini mümkün kılmaktadır. EpiQTL haritalama ile birleştirildiğinde, bu yaklaşımlar ıslahçılara kuraklık toleransı, verim ve kalite özellikleriyle bağlantılı epigenetik varyantları tanımlama olanağı sağlamaktadır (Springer ve Schmitz, 2017; Zhang ve ark., 2024).

Gelecek, epigenomik veri setlerinin transkriptomik, metabolomik ve fenomik ile birleştirilerek karmaşık kantitatif özelliklerin çözülmesini sağlayan çoklu omik entegrasyonunda yatmaktadır. Bu tür entegratif stratejiler, genomik seleksiyon modellerinde tahmin doğruluğunu artırabilir ve iklime dirençli mahsullerin ıslah döngülerini hızlandırabilir (Varotto ve ark., 2020).

6.2. Metodolojik ve Teknik Zorluklar

Epigenomik teknolojiler hızla ilerlerken, bazı önemli sınırlamalar hala devam etmektedir:

- **Bağlam bağımlılığı:** Epigenetik izler genellikle dokular, gelişim aşamaları ve ortamlar arasında farklılık gösterir, bu da tekrarlanabilirliği azaltır.
- **Nedensellik ve korelasyon:** Epigenetik değişikliklerin fenotipik değişikliklerin nedeni mi yoksa sonucu mu olduğunu belirlemek hala zordur (Quadrana ve Colot, 2016).

- Kararlılık: Stresin neden olduğu birçok epigenetik iz geçicidir ve bu da bunların nesiller boyunca kalıtılabilirliği konusunda endişelere yol açmaktadır.
- Hesaplama gereksinimi: Epigenomik veri kümeleri çok büyüktür ve varyasyon modellerini yorumlamak için gelişmiş algoritmalar ve makine öğrenimi gerektirir (Dobránszki ve ark., 2025).
- Bu sorunların çözülmesi için standartlaştırılmış deney tasarımları, sağlam biyoinformatik süreçleri ve uzun vadeli saha çalışmaları gerekecektir.

6.3. Etik, Düzenleyici ve Ekolojik Hususlar

Epigenom düzenleme teknolojilerinin (örneğin, metiltransferazlara veya demetilazlara füzyonlanmış CRISPR/dCas9) uygulanması, önemli etik ve düzenleyici sorular ortaya çıkarmaktadır. Bu araçlar DNA dizisini kalıcı olarak değiştirmediğinden, epigenom düzenlemesi yapılmış mahsullerin genetik olarak değiştirilmiş organizmalar (GDO'lar) ile aynı düzenlemelere tabi tutulması gerekip gerekmediği tartışılmaktadır (Gallego-Bartolomé, 2020).

Ekolojik bir bakış açısıyla, epigenetik müdahaleler bitki-mikrop etkileşimlerini değiştirebilir, biyolojik çeşitliliği etkileyebilir veya ekosistem düzeyindeki dinamikleri değiştirebilir. Örneğin, popülasyon ölçeğinde stres hazırlığı, ekolojik rekabet veya direnç modellerini istemeden değiştirebilir. Etik tartışmalar, düşük gelirli çiftçilerin yeni ortaya çıkan epigenomik teknolojilere eşit erişime sahip olup olmayacağı gibi epigenetik eşitlik konularına da uzanmaktadır.

6.4. Agriculture İklim Dostu ve Sürdürülebilir Tarım Doğrultusunda

Gelecekte, epigenetik, sıcak dalgalarına, kuraklığa, tuzluluğa ve patojenlere karşı direnci artırılmış mahsullerin hızlı bir şekilde geliştirilmesini sağlayarak iklim dostu tarıma bir yol sunmaktadır. Doğal ve yapay olarak indüklenen epigenetik çeşitliliğin kullanılması, iklim değişikliği karşısında gıda güvenliğini sağlamak için sürdürülebilir bir strateji sağlayabilir.

Gelecekteki çalışmaların vurgulaması gerekenler:

- Seçim için tarlada kullanıma hazır epigenetik biyobelirteçlerin geliştirilmesi.
- Stres kaynaklı epigenetik izlerin nesiller boyunca kalıcılığını izlemek için uzunlamasına çalışmalar.

- Epigenomiklerin gen bankası yönetimine entegrasyonu, hem genetik hem de epigenetik varyasyonun korunmasının sağlanması.
- Epigenetik veri paylaşımı için küresel bir çerçeve, disiplinler ve ülkeler arası işbirliğini teşvik etme.

Sonuç olarak, epigenetiğin vaat ettiği şey, bitkilerin adaptasyonu hakkında yeni bilgiler üretme ve tarım için pratik çözümler sunma konusundaki ikili yeteneğidir. Disiplinler arası işbirliğinin devam etmesiyle epigenetik, bitki bilimi alanını yeniden tanımlayabilir ve Antroposen döneminde küresel gıda üretimini güvence altına almaya yardımcı olabilir.

7. Sonuç

Epigenetik, genotip ve fenotip arasındaki boşluğu dolduran temel bir düzenleyici katmanı temsil eder ve bitkilerin gelişimsel istikrarını korurken çevresel ipuçlarına dinamik olarak yanıt vermesini sağlar. Son yirmi yılda, DNA metilasyonu, histon modifikasyonları ve küçük RNA'ların bitki gelişimi, stres tepkileri ve metabolik yolları düzenlemedeki rollerinin ortaya çıkarılmasında önemli ilerlemeler kaydedilmiştir. Bu keşifler, bitki biyolojisi hakkındaki anlayışımızı derinleştirmekle kalmamış, aynı zamanda tarımsal inovasyon için yeni yollar açmıştır. Bu bölümde incelenen kanıtlar, tohum çimlenmesi, çiçeklenme, meyve olgunlaşması, strese dayanıklılık ve ikincil metabolit üretimi gibi özelliklerde epigenetik düzenlemenin tarımsal önemini vurgulamaktadır. Ayrıca, epiQTL haritalama ve marker destekli seleksiyondan CRISPR/dCas9 tabanlı epigenom düzenlemeye kadar uzanan epigenetik uygulamalar, ıslah programlarını hızlandırmak ve iklim dostu mahsuller geliştirmek için pratik araçlar sunmaktadır. Ancak, zorluklar devam etmektedir. Epigenetik işaretlerin bağlama bağlı, dinamik ve bazen geçici doğası, bunların ıslah süreçlerinde kullanımını karmaşıklaştırmaktadır. Ayrıca, epigenom müdahalelerinin etik ve ekolojik etkileri dikkatle değerlendirilmelidir. Gelecekteki başarı, çoklu omik veri setlerinin, gelişmiş hesaplama yaklaşımlarının ve uzun vadeli saha çalışmalarının entegrasyonuna ve aynı zamanda küresel işbirliğinin ve şeffaf düzenleyici çerçevelerin teşvik edilmesine bağlı olacaktır.

Sonuç olarak, epigenetik, sürdürülebilir tarıma ve küresel gıda güvenliğine katkıda bulunmak için muazzam bir potansiyele sahiptir. Hem doğal hem de mühendislik ürünü epigenetik varyasyonları kullanarak, Antroposen'in zorluklarına daha dayanıklı, verimli ve uyum sağlayabilen mahsuller geliştirebiliriz.

Kaynaklar

- Abdulraheem, M. I., Xiong, Y., Moshood, A. Y., Cadenas-Pliego, G., Zhang, H., & Hu, J. (2024). Mechanisms of plant epigenetic regulation in response to plant stress: recent discoveries and implications. *Plants*, 13(2), 163.
- Arteaga-Vazquez, M. A., & Chandler, V. L. (2010). Paramutation in maize: RNA mediated trans-generational gene silencing. *Current opinion in genetics & development*, 20(2), 156-163.
- Ashapkin, V. V., Kutueva, L. I., Aleksandrushkina, N. I., & Vanyushin, B. F. (2020). Epigenetic mechanisms of plant adaptation to biotic and abiotic stresses. *International journal of molecular sciences*, 21(20), 7457.
- Begcy, K., & Dresselhaus, T. (2018). Epigenetic responses to abiotic stresses during reproductive development in cereals. *Plant reproduction*, 31(4), 343-355.
- Bisht, A., Eekhout, T., Canher, B., Lu, R., Vercauteren, I., De Jaeger, G., ... & De Veylder, L. (2023). PAT1-type GRAS-domain proteins control regeneration by activating DOF3.4 to drive cell proliferation in Arabidopsis roots. *The Plant Cell*, 35(5), 1513-1531.
- Boyko, A., & Kovalchuk, I. (2011). Genome instability and epigenetic modification—heritable responses to environmental stress?. *Current opinion in plant biology*, 14(3), 260-266.
- Cadavid, I. C., Balbinott, N., & Margis, R. (2023). Beyond transcription factors: more regulatory layers affecting soybean gene expression under abiotic stress. *Genetics and molecular biology*, 46(1 Suppl 1), e20220166.
- Conrath, U., Beckers, G. J., Flors, V., García-Agustín, P., Jakab, G., Mauch, F., ... & Mauch-Mani, B. (2006). Priming: getting ready for battle. *Molecular plant-microbe interactions*, 19(10), 1062-1071.
- Demirel, F., Türkoğlu, A., Haliloğlu, K., Eren, B., Özkan, G., Uysal, P., ... & Bocianowski, J. (2023). Mammalian sex hormones as steroid-structured compounds in wheat seedling: Template of the cytosine methylation alteration and retrotransposon polymorphisms with iPBS and CRED-iPBS techniques. *Applied Sciences*, 13(17), 9538.
- Demirel, S., Eroğlu, A., Eren, B., & Demirel, F. (2025). DNA methylation change and antioxidant enzyme activity of drought stress and putrescine treatment in ancient wheat (*Triticum monococcum* L.). *Cereal Research Communications*, 53(2), 771-781.
- Ding, X., Jia, X., Xiang, Y., & Jiang, W. (2022). Histone modification and chromatin remodeling during the seed life cycle. *Frontiers in Plant Science*, 13, 865361.
- Dobránszki, J., Vassileva, V., Agius, D. R., Moschou, P. N., Gallusci, P., Berger, M. M., ... & Martinelli, F. (2025). Gaining insights into epigenetic

- memories through artificial intelligence and omics science in plants. *Journal of Integrative Plant Biology*.
- Downen, R. H., Pelizzola, M., Schmitz, R. J., Lister, R., Downen, J. M., Nery, J. R., ... & Ecker, J. R. (2012). Widespread dynamic DNA methylation in response to biotic stress. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 109(32), E2183-E2191.
- Egidi, E., Delgado-Baquerizo, M., Plett, J. M., Wang, J., Eldridge, D. J., Bardgett, R. D., ... & Singh, B. K. (2019). A few Ascomycota taxa dominate soil fungal communities worldwide. *Nature communications*, 10(1), 2369.
- Eichten, S. R., Briskine, R., Song, J., Li, Q., Swanson-Wagner, R., Hermanson, P. J., ... & Springer, N. M. (2013). Epigenetic and genetic influences on DNA methylation variation in maize populations. *The Plant Cell*, 25(8), 2783-2797.
- Eren, B., Türkoğlu, A., Haliloğlu, K., Demirel, F., Nowosad, K., Özkan, G., ... & Bocianowski, J. (2023). Investigation of the influence of polyamines on mature embryo culture and DNA methylation of wheat (*Triticum aestivum* L.) using the machine learning algorithm method. *Plants*, 12(18), 3261.
- Fortes, A. M., & Gallusci, P. (2017). Plant stress responses and phenotypic plasticity in the epigenomics era: perspectives on the grapevine scenario, a model for perennial crop plants. *Frontiers in Plant Science*, 8, 82.
- Gallego-Bartolomé, J. (2020). DNA methylation in plants: mechanisms and tools for targeted manipulation. *New Phytologist*, 227(1), 38-44.
- He, C., Bi, S., Li, Y., Song, C., Zhang, H., Xu, X., ... & Yan, W. (2024). Dynamic atlas of histone modifications and gene regulatory networks in endosperm of bread wheat. *Nature Communications*, 15(1), 9572.
- Ibarra, C. A., Feng, X., Schoft, V. K., Hsieh, T. F., Uzawa, R., Rodrigues, J. A., ... & Zilberman, D. (2012). Active DNA demethylation in plant companion cells reinforces transposon methylation in gametes. *Science*, 337(6100), 1360-1364.
- Isah, T. (2019). Stress and defense responses in plant secondary metabolites production. *Biological research*, 52.
- Janiak, A., Kwaśniewski, M., & Szarejko, I. (2016). Gene expression regulation in roots under drought. *Journal of experimental botany*, 67(4), 1003-1014.
- Kawakatsu, T., Huang, S. S. C., Jupe, F., Sasaki, E., Schmitz, R. J., Urich, M. A., ... & Schork, N. J. (2016). Epigenomic diversity in a global collection of *Arabidopsis thaliana* accessions. *Cell*, 166(2), 492-505.
- Kong, X., Yang, M., Le, B. H., He, W., & Hou, Y. (2022). The master role of siRNAs in plant immunity. *Molecular Plant Pathology*, 23(10), 1565-1574.

- Kouzarides, T. (2007). Chromatin modifications and their function. *Cell*, 128(4), 693-705.
- Kuang, Y., Xu, Y., Zhang, L., Hou, E., & Shen, W. (2017). Dominant trees in a subtropical forest respond to drought mainly via adjusting tissue soluble sugar and proline content. *Frontiers in Plant Science*, 8, 802.
- Kurgan, L., Demirel, F. ve Aydın, A. (2024). Bitki transposable elementlerin epigenetik ile ilişkisi. Yılmaz, A. ve Yılmaz, H. (Ed.), Tarımsal verimliliği kısıtlayan sorunlarla mücadele yöntemleri-1, İksad Yayınları
- Li, M., Feng, J., Zhou, H., Najeeb, U., Li, J., Song, Y., & Zhu, Y. (2022). Overcoming reproductive compromise under heat stress in wheat: Physiological and genetic regulation, and breeding strategy. *Frontiers in Plant Science*, 13, 881813.
- Liu Ruie, L. R., How-Kit, A., Stammitti, L., Teyssier, E., Rolin, D., Mortain-Bertrand, A., ... & Gallusci, P. (2015). A DEMETER-like DNA demethylase governs tomato fruit ripening.
- Matzke, M. A., & Mosher, R. A. (2014). RNA-directed DNA methylation: an epigenetic pathway of increasing complexity. *Nature Reviews Genetics*, 15(6), 394-408.
- Miryeganeh, M. (2021). Plants' epigenetic mechanisms and abiotic stress. *Genes*, 12(8), 1106.
- Miryeganeh, M. (2025). Epigenetic mechanisms driving adaptation in tropical and subtropical plants: Insights and future directions. *Plant, Cell & Environment*, 48(5), 3487-3499.
- Oliver, S. N., Finnegan, E. J., Dennis, E. S., Peacock, W. J., & Trevaskis, B. (2009). Vernalization-induced flowering in cereals is associated with changes in histone methylation at the VERNALIZATION1 gene. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 106(20), 8386-8391.
- Papikian, A., Liu, W., Gallego-Bartolomé, J., & Jacobsen, S. E. (2019). Site-specific manipulation of Arabidopsis loci using CRISPR-Cas9 SunTag systems. *Nature communications*, 10(1), 729.
- Quadrana, L., & Colot, V. (2016). Plant transgenerational epigenetics. *Annual Review of Genetics*, 50(1), 467-491.
- Rodríguez López, C. M., & Wilkinson, M. J. (2015). Epi-fingerprinting and epi-interventions for improved crop production and food quality. *Frontiers in plant science*, 6, 397.
- Shan, X., Wang, X., Yang, G., Wu, Y., Su, S., Li, S., ... & Yuan, Y. (2013). Analysis of the DNA methylation of maize (*Zea mays* L.) in response to cold stress based on methylation-sensitive amplified polymorphisms. *Journal of Plant Biology*, 56(1), 32-38.

- Shen, Y., Zhang, J., Liu, Y., Liu, S., Liu, Z., Duan, Z., ... & Tian, Z. (2018). DNA methylation footprints during soybean domestication and improvement. *Genome biology*, 19(1), 128.
- Singh, V. P., Jaiswal, S., Wang, Y., Feng, S., Tripathi, D. K., Singh, S., ... & Chen, Z. H. (2024). Evolution of reactive oxygen species cellular targets for plant development. *Trends in plant science*, 29(8), 865-877.
- Springer, N. M., & Schmitz, R. J. (2017). Exploiting induced and natural epigenetic variation for crop improvement. *Nature reviews genetics*, 18(9), 563-575.
- Sunkar, R., Li, Y. F., & Jagadeeswaran, G. (2012). Functions of microRNAs in plant stress responses. *Trends in plant science*, 17(4), 196-203.
- Thiebaut, F., Hemerly, A. S., & Ferreira, P. C. G. (2019). A role for epigenetic regulation in the adaptation and stress responses of non-model plants. *Frontiers in plant science*, 10, 246.
- Türkoğlu, A., Haliloğlu, K., Tosun, M., Szulc, P., Demirel, F., Eren, B., ... & Niedbała, G. (2023). Sodium azide as a chemical mutagen in wheat (*Triticum aestivum* L.): patterns of the genetic and epigenetic effects with iPBS and CRED-iPBS techniques. *Agriculture*, 13(6), 1242.
- Van Ekelenburg, Y. S., Hornslien, K. S., Van Hautegeem, T., Fendrych, M., Van Isterdael, G., Bjerkan, K. N., ... & Grini, P. E. (2023). Spatial and temporal regulation of parent-of-origin allelic expression in the endosperm. *Plant physiology*, 191(2), 986-1001.
- Van Winkle, L. J., Ryznar, R. J., & Iannaccone, P. M. (2025). Adaptation and changing phenotypes through transgenerational epigenetics. *Epigenetics*, 20(1), 2460246.
- Varotto, S., Tani, E., Abraham, E., Krugman, T., Kapazoglou, A., Melzer, R., ... & Miladinović, D. (2020). Epigenetics: possible applications in climate-smart crop breeding. *Journal of Experimental Botany*, 71(17), 5223-5236.
- Waddington, C. H. (1942). The epigenotype. *Endeavour*, 1, 18-20.
- Wang, Q., Xu, J., Pu, X., Lv, H., Liu, Y., Ma, H., ... & Lu, Y. (2021). Maize DNA methylation in response to drought stress is involved in target gene expression and alternative splicing. *International Journal of Molecular Sciences*, 22(15), 8285.
- Wu, X., Chen, S., Lin, F., Muhammad, F., Xu, H., & Wu, L. (2024). Comparative and functional analysis unveils the contribution of photoperiod to DNA methylation, sRNA accumulation, and gene expression variations in short-day and long-day grasses. *The Plant Journal*, 118(6), 1955-1971.
- Xu, Y., Miao, Y., Cai, B., Yi, Q., Tian, X., Wang, Q., ... & Hu, Y. (2022). A histone deacetylase inhibitor enhances rice immunity by derepressing

- the expression of defense-related genes. *Frontiers in Plant Science*, 13, 1041095.
- Zhang, H., Lang, Z., & Zhu, J. K. (2018). Dynamics and function of DNA methylation in plants. *Nature reviews Molecular cell biology*, 19(8), 489-506.
- Zhang, J., Liu, Y., Xia, E. H., Yao, Q. Y., Liu, X. D., & Gao, L. Z. (2015). Autotetraploid rice methylome analysis reveals methylation variation of transposable elements and their effects on gene expression. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 112(50), E7022-E7029.
- Zhong, S., Fei, Z., Chen, Y. R., Zheng, Y., Huang, M., Vrebalov, J., ... & Giovannoni, J. J. (2013). Single-base resolution methylomes of tomato fruit development reveal epigenome modifications associated with ripening. *Nature biotechnology*, 31(2), 154-159.

Bitkilerde Epigenetik Düzenlemeler ve Abiyotik Stres Adaptasyonu

Ahmet Say¹

Ahmet Sümbül²

Özet

Bitkiler, durağan yaşam formlarına sahip olduklarından çevresel stres koşullarından kaçamazlar ve bu nedenle değişken çevre koşullarına uyum sağlamak için karmaşık düzenleyici sistemler geliştirmişlerdir. Kuraklık, tuzluluk ve aşırı sıcaklık gibi abiyotik stres faktörleri, bitkisel büyüme ve verimliliği sınırlandıran başlıca çevresel etmenlerdir. Son yıllarda yapılan çalışmalar, bu streslere verilen yanıtların yalnızca genetik temelli olmadığını, aynı zamanda epigenetik mekanizmalar tarafından da dinamik bir şekilde düzenlendiğini ortaya koymuştur. Epigenetik düzenlemeler, DNA dizisinde kalıcı bir değişiklik oluşturmaksızın gen ekspresyonunun kontrol edilmesine olanak tanıyarak bitkilerin stres toleransını artırır. Bu bölümde, stres adaptasyonunda rol oynayan başlıca epigenetik mekanizmalar olan DNA metilasyonu, histon modifikasyonları, kromatin yeniden düzenlenmesi ve küçük RNA aracılı gen düzenleme ayrıntılı olarak ele alınmıştır. RdDM yolu ile CHH metilasyonunun düzenlenmesi, H3K4me3 ve H3K9ac gibi aktif kromatin işaretlerinin strese bağlı gen ekspresyonunda rolü ve 6mA gibi yeni keşfedilen metilasyon işaretlerinin fonksiyonu tartışılmıştır. Ayrıca epigenetik stres belleği kavramı açıklanmış; bitkilerin tekrar eden streslere daha hızlı yanıt vermesinin moleküler temelleri değerlendirilmiştir. Epigenetik mekanizmaların tarımsal biyoteknoloji ve stres toleranslı bitki geliştirme stratejileri için sunduğu potansiyel de vurgulanmıştır.

- 1 Dr. Öğr. Üyesi, Erciyes Üniversitesi, Ziraat Fakültesi, Tarımsal Biyoteknoloji Bölümü, Kayseri, Türkiye ahmetsay@erciyes.edu.tr, <https://orcid.org/0000-0001-5259-7580>
- 2 Dr. Öğr. Üyesi, Sivas Cumhuriyet Üniversitesi, Suşehri Timur Karabal Meslek Yüksekokulu, Sivas, Türkiye asumbul3188@gmail.com, <https://orcid.org/0000-0001-9510-0992>

1. Giriş

Bitkiler durağan (sessil) organizmalar olduklarından, çevresel stres koşullarından kaçamazlar ve bu nedenle değişken çevre koşullarına uyum sağlayabilmek için karmaşık düzenleyici mekanizmalar geliştirmişlerdir (Rajpal ve ark., 2022). Tuzluluk, kuraklık ve yüksek sıcaklık gibi abiyotik stres faktörleri, fotosentez kapasitesini azaltarak, iyon dengesini bozarak ve oksidatif stres oluşturarak bitki büyümesini ve verimliliğini önemli ölçüde sınırlar (Ashapkin ve ark., 2020). Son yıllarda yapılan çalışmalar, bu stres yanıtlarının yalnızca genetik düzenlemelere dayanmadığını, aynı zamanda epigenetik mekanizmalar tarafından da kontrol edildiğini ortaya koymuştur (Zhang ve ark., 2018). Epigenetik düzenlemeler, genetik dizide herhangi bir değişiklik oluşturmaksızın gen ifadesinin dinamik bir şekilde kontrol edilmesini sağlar ve bu nedenle bitkilerin çevresel değişimlere daha hızlı, esnek ve çoğu durumda kalıcı uyumsal yanıtlar geliştirmesine olanak tanır (Rajpal ve ark., 2022). DNA metilasyonu, histon modifikasyonları ve küçük RNA'lar gibi epigenetik mekanizmalar; gen ifadesini yeniden programlayarak stres toleransının artırılmasında kritik rol oynar (Ashapkin ve ark., 2020). Dolayısıyla epigenetik düzenleme, bitkilerin çevresel streslere uyumunda genetik mekanizmaları tamamlayan ek bir düzenleyici katman olarak kabul edilmektedir.

1.1. Bitkilerde Abiyotik Stresin Önemi ve Genel Adaptasyon Mekanizmaları

Küresel iklim değişikliğinin etkileri sonucunda artan kuraklık, toprak tuzluluğu ve aşırı sıcaklık gibi abiyotik stres faktörleri, tarımsal üretim sistemlerinin sürdürülebilirliğini tehdit eden temel çevresel baskılar arasında yer almaktadır (Rajpal ve ark., 2022). Bu stresler, bitkilerin fizyolojik ve biyokimyasal süreçlerini bozarak büyüme ve gelişimi olumsuz yönde etkilemekte, özellikle fotosentez etkinliğinin azalmasına, hücresel su dengesinin bozulmasına, iyon homeostazının zarar görmesine ve metabolik düzensizliklerin ortaya çıkmasına yol açmaktadır (Ashapkin ve ark., 2020). Kuraklık stresi, hücre içi su potansiyelinin azalmasına bağlı olarak turgor kaybına ve büyüme hızında düşüşe neden olurken, tuz stresi fazladan birikmiş sodyum ve klor iyonlarının toksik etkisiyle iyon dengesizliği ve oksidatif hasara sebep olmaktadır (Abo-Shanab ve ark., 2025; Abdulraheem ve ark., 2024). Öte yandan sıcaklık stresi, proteinlerin denatürasyonuna, hücre zar bütünlüğünün bozulmasına ve enzimatik aktivitelerin azalmasına yol açarak hücresel işlevleri zayıflatmaktadır (Lämke ve Bäurle, 2017). Bu nedenle, abiyotik stres faktörlerinin etkileri yalnızca fizyolojik seviyede kalmamakta;

aynı zamanda bitkilerde adaptasyon kapasitesini belirleyen gen dzenleme mekanizmalarını da kapsamaktadır.

Bitkiler abiyotik stres koulları altında hayatta kalabilmek iin morfolojik, fizyolojik ve biyokimyasal dzeylerde ok ynl adaptasyon mekanizmaları gelitirmişlerdir. Morfolojik dzeyde kk sisteminin derinleşmesi, yaprak yzey alanının azaltılması ve stomaların kapanması gibi su kaybını azaltmaya ynelik stratejiler gzlenmektedir (Azeem ve ark., 2023). Fizyolojik dzeyde ise bitkiler, hcrel su potansiyelini korumak amacıyla osmoreglasyonu aktive ederken, aynı zamanda iyon toksisitesini azaltmak iin iyon homeostazını dzenlemekte ve su kullanım etkinliklerini artırmaktadır (Kiani ve ark., 2021). Biyokimyasal yanıtlar arasında prolin, trehaloz ve lsin gibi dşk molekl ağırlıklı osmoprotektanların sentezlenmesi dikkat ekmektedir. zellikle prolin, ozmotik dengeyi saėlamanın yanı sıra hcre zarlarını stabilize etmekte ve reaktif oksijen trlerinin (ROS) zararlı etkilerine karı hcreleri korumaktadır (Abo-Shanab ve ark., 2025). Buna ek olarak stres koullarında ortaya ıkan oksidatif hasara karı bitkiler, antioksidan savunma sistemlerini aktive ederek speroksit dismutaz (SOD), katalaz (CAT), peroksidaz (POD) ve askorbat peroksidaz (APX) gibi enzimlerin etkinliğini artırmakta ve ROS detoksifikasyonunu saėlamaktadır (Azeem ve ark., 2023). Bu ok katmanlı adaptif yanıtların koordinasyonu, bitkilerin stres toleransını artırarak hayatta kalma ve retkenliklerini srdrmelerini mmkn kılmaktadır.

Molekler dzeyde bitkilerin abiyotik streslere verdiėi yanıt, sinyal iletim aėlarının aktivasyonu ve stresle ilikili genlerin dzenlenmesiyle gerekleşir. Bu srete abiyotik stres hormonlarının baında gelen absisik asit (ABA), stres sinyalinin algılanmasından sonra merkezi bir dzenleyici olarak grev yapmakta ve stres yanıt genlerinin ekspresyonunu kontrol eden transkripsiyon faktrlerini aktive etmektedir (Ding ve ark., 2011). zellikle DREB, NAC, WRKY ve bZIP gibi transkripsiyon faktrleri, ABA baėımlı veya baėımsız sinyal yolları aracılıėıyla stres toleransı genlerini indklemekte ve bu sırada kromatin yeniden dzenlemesini saėlayan epigenetik mekanizmalar devreye girmektedir (Liu ve ark., 2023; Rajpal ve ark., 2022). Epigenetik dzenlemeler, DNA metilasyonu, histon modifikasyonları ve kromatin yeniden şekillendirme srelerini iermekte olup, bu mekanizmalar gen ifadesinin stres altındaki dinamik kontroln saėlamaktadır (Kim ve ark., 2012). rneėin, kuraklık stresinde H3K4me3 ve H3K9ac gibi aktif transkripsiyonla ilikili histon modifikasyonlarının stres yanıt genlerinin promotr blgelerinde arttıėı ve bunun genlerin daha hızlı ve gl aktive edilmesini saėladıėı bildirilmiştir (Kim ve ark., 2012; Ding ve ark., 2012).

Dolayısıyla epigenetik süreçler, stres sinyalinin algılanması ile gen ifadesinin düzenlenmesi arasında kritik bir düzenleyici katman oluşturmaktadır.

Tuz stresi altında bitkilerde iyon toksisitesi ve ozmotik dengenin bozulmasının yanı sıra, stresle ilişkili genlerin transkripsiyonel düzenlenmesinde önemli değişiklikler meydana gelmektedir. Özellikle iyon homeostazının korunmasında görev alan SOS1 ve HKT1 gibi taşıyıcı genlerin ekspresyonlarının epigenetik mekanizmalar tarafından düzenlendiği bildirilmektedir (Baek ve ark., 2010). Tuz stresinin, kromatin yapısının yeniden modellenmesi yoluyla gen ifadesini etkilediği ve bu süreçte aktif transkripsiyonla ilişkili histon asetilasyon işaretlerinden H3K9ac düzeylerinin arttığı gösterilmiştir (Zheng ve ark., 2019). Benzer şekilde kuraklık stresinde, özellikle absisik asit (ABA) aracılı sinyal yollarının düzenlediği NCED3 ve RD29A gibi stres yanıt genlerinde epigenetik modifikasyonların önemli rol oynadığı belirtilmiştir (Ding ve ark., 2011). Bu genlerin promotör bölgelerinde H3K4me3 gibi aktif kromatin işaretlerinin birikiminin, stres hafızasının oluşmasına katkıda bulunduğu ve bitkilerin tekrar eden stres koşullarına daha hızlı ve güçlü yanıt vermesini sağladığı ortaya konmuştur (Kim ve ark., 2012; Ding ve ark., 2012). Dolayısıyla epigenetik düzenlemeler, çevresel streslere verilen moleküler adaptasyon yanıtının temel bileşenlerinden biridir.

Sıcaklık stresi, bitkilerde gen ifadesinin yeniden düzenlenmesine yol açan önemli bir epigenetik yanıt mekanizmasını tetiklemektedir. Özellikle yüksek sıcaklık koşullarında, kromatin yapısının yeniden modellenmesinde H2A.Z histon varyantı kritik bir rol oynamaktadır. Nitekim *Arabidopsis thaliana*'da HISTONE DEACETYLASE 9 (HDA9) proteininin, YUC8 gen bölgesinden H2A.Z varyantını uzaklaştırarak kromatin gevşemesini ve sıcaklık sinyallerine bağlı gen ifadesini artırdığı gösterilmiştir (van der Woude ve ark., 2019). Bu durum, transkripsiyonel plastisitenin artmasına ve bitkinin sıcaklık stresine adaptasyon kapasitesinin yükselmesine katkı sağlamaktadır. Ayrıca sıcaklık stresine verilen yanıt sırasında ısı şok proteinleri (HSP) genlerinin promotör bölgelerinde histon asetilasyon düzeylerinin arttığı bildirilmiştir. Bu artış DNA'ya erişilebilirliği artırarak HSP genlerinin hızlı ve güçlü şekilde aktive edilmesini sağlayan önemli bir epigenetik düzenleme biçimidir (Ohama ve ark., 2017; Li ve ark., 2025). Bu bulgular, ısıya bağlı stres toleransının epigenetik düzeyde dinamik ve kontrollü bir süreç olduğunu ortaya koymaktadır.

Bitkiler bu stres koşullarına yanıt verirken sinyal iletim yolları arasında karmaşık etkileşimler gerçekleşmektedir. ROS, NO, Ca²⁺ ve hormonlar, hem kısa vadeli hem de uzun vadeli adaptasyon süreçlerinde sinyal aracısı

olarak grev yapar. Bu sinyaller, gen ekspresyonunu doęrudan etkilemekle kalmaz; aynı zamanda epigenetik dzenleyicilerin aktivasyonunu da tetikler. rneęin ROS birikimi, DNA metiltransferaz (MET1) ve demetilaz (ROS1) enzimlerinin aktivitesini modle ederek gen ekspresyonunun epigenetik kontroln saęlar (Ashapkin ve ark., 2020). Son yıllarda yapılan arařtırmalar, epigenetik mekanizmaların bu adaptif yanıtların kalıcılıęını ve sonraki streslere verilen tepkilerin hızını belirledięini ortaya koymuřtur (Ding ve ark., 2012; Rajpal ve ark., 2022). Bu nedenle, epigenetik dzenlemeler bitkisel stres fizyolojisinin temel bileřenleri haline gelmiřtir. zellikle epigenetik stres belleęi kavramı, bitkilerin aynı veya benzer streslere daha hızlı yanıt verebilmesini saęlayan nemli bir strateji olarak tanımlanmaktadır (Lmke ve Burle, 2017; Kinoshita ve Seki, 2014). Bu durum, bitkilerde yalnızca anlık uyum saęlamakla kalmayıp, gelecek nesillere aktarılan adaptif avantajların da temelini oluřturmaktadır (Mounger ve ark., 2021). Dolayısıyla bitkilerde tuz, kuraklık ve sıcaklık stresine verilen yanıtlar yalnızca genetik bir dzenleme sonucu deęil; epigenetik iřaretlerin koordineli etkileřimiyle řekillenen dinamik bir sreçtir. Bu adaptif mekanizmaların derinlemesine anlařılması, gelecekte stres toleranslı bitki trlerinin geliřtirilmesinde byk bir potansiyel tařıtmaktadır (Abdulraheem ve ark., 2024; Wu ve ark., 2025).

1.2. Epigenetik Mekanizmaların Stres Adaptasyonundaki Rol

Bitkiler çevresel stres kořullarına maruz kaldıklarında, genom dizilerinde kalıcı bir deęiřiklik meydana gelmeksizin gen ekspresyon profillerinde nemli dzenlemeler gerçekleřmektedir. Bu dzenlemeler, genetik bilginin iřlenme biçimini kontrol eden epigenetik mekanizmalar aracılıęıyla saęlanmaktadır (Rajpal ve ark., 2022). Bitkilerde bařlıca epigenetik dzenleme mekanizmaları; DNA metilasyonu, histon modifikasyonları, kromatin yeniden dzenlenmesi ve kk RNA aracılı gen susturma sreçlerini iermektedir (Ashapkin ve ark., 2020; Liu ve ark., 2023). Bu mekanizmalar, çevresel stres sinyallerinin algılanmasının ardından stresle iliřkili genlerin promotr blgelerinde kromatin yapısını deęiřtirerek genlerin aktif ya da baskılanmıř hale gelmesini saęlamaktadır (Kim ve ark., 2012; Lmke ve Burle, 2017). rneęin, histon asetilasyonu (H3K9ac) gen ifadesini destekleyecek řekilde kromatini gevřetirken, DNA metilasyonu çoęunlukla gen susturulmasıyla iliřkilidir (Lang ve ark., 2025). Bu dinamik epigenetik iřaretler, bitkilerin stres kořullarına hızlı ve dzenli adaptasyon gstermelerinde temel bir dzenleyici katman oluřturmaktadır.

1.3. DNA Metilasyonu ve Demetilasyonu

DNA metilasyonu, bitkilerde epigenetik düzenlemenin en iyi tanımlanmış mekanizmalarından biridir ve genellikle gen susturulması ile ilişkilidir. Bu süreç, sitozin bazının 5. karbonuna metil grubunun eklenmesiyle 5-metilsitozin (5mC) oluşumunu içerir (Zhang ve ark., 2018). Bitkilerde DNA metilasyonu yalnızca CG dizisiyle sınırlı olmayıp aynı zamanda CHG ve CHH (H = A, T veya C) dizilim motiflerinde de görülen üç farklı bağlamda gerçekleşmektedir ((Wu ve ark., 2025). DNA metilasyonu, özellikle gen promotör bölgelerinde gerçekleştiğinde transkripsiyonel baskılanma ile ilişkilidir ve hedef genlerin susturulmasına yol açar (Treas ve ark., 2025). Bununla birlikte, DNA metilasyonu çevresel stres koşullarına dinamik yanıt veren esnek bir mekanizmadır. Nitekim tuz stresine maruz kalan pirinçte (*Oryza sativa* L.) CHH metilasyon seviyelerinin arttığı ve bunun stresle ilişkili bazı genlerin baskılanmasına yol açtığı bildirilmiştir (Zhang ve ark., 2018). Buna karşılık, kuraklık stresine maruz kalan buğdayda DNA hipometilasyonunun gerçekleştiği ve bu durumun stres yanıt genlerinin aktivasyonunu desteklediği gösterilmiştir (Ashapkin ve ark., 2020). Bu bulgular, DNA metilasyonunun bitkilerin stres toleransı geliştirmesinde kritik ve çevreye duyarlı bir epigenetik düzenleyici olduğunu ortaya koymaktadır.

DNA metilasyonu, bitkilerde epigenetik düzenlemenin en iyi tanımlanmış mekanizmalarından biridir ve genellikle gen susturulması ile ilişkilidir. Bu süreç, sitozin bazının 5. karbonuna metil grubunun eklenmesiyle 5-metilsitozin oluşumunu içerir (Zhang ve ark., 2018). Bitkilerde DNA metilasyonu yalnızca CG dizisiyle sınırlı olmayıp aynı zamanda CHG ve veya dizilim motiflerinde de görülen üç farklı bağlamda gerçekleşmektedir (Wu ve ark., 2025). DNA metilasyonu, özellikle gen promotör bölgelerinde gerçekleştiğinde transkripsiyonel baskılanma ile ilişkilidir ve hedef genlerin susturulmasına yol açar (Zhang ve ark., 2018; Treas ve ark., 2025). Bununla birlikte, DNA metilasyonu çevresel stres koşullarına dinamik yanıt veren esnek bir mekanizmadır. Nitekim tuz stresine maruz kalan pirinçte (*Oryza sativa* L.) CHH metilasyon seviyelerinin arttığı ve bunun stresle ilişkili bazı genlerin baskılanmasına yol açtığı bildirilmiştir (Zhang ve ark., 2018). Buna karşılık, kuraklık stresine maruz kalan buğdayda DNA hipometilasyonunun gerçekleştiği ve bu durumun stres yanıt genlerinin aktivasyonunu desteklediği gösterilmiştir (Ashapkin ve ark., 2020). Bu bulgular, DNA metilasyonunun bitkilerin stres toleransı geliştirmesinde kritik ve çevreye duyarlı bir epigenetik düzenleyici olduğunu ortaya koymaktadır.

DNA metilasyonu yalnızca stres sırasında gen ekspresyonunun dzenlenmesinde rol oynamakla kalmaz, aynı zamanda stres sonrasında da bitkide bir epigenetik hafıza oluřturarak aynı stresin tekrarında daha hızlı ve gçl bir gen yanıtının verilmesini saęlar. Bu olgu, stres belleęi olarak tanımlanmakta olup, epigenetik iřaretlerin hcre blnmesiyle nesiller arası aktarılabilmesi sayesinde uzun sreli adaptif yanıtların temelini oluřturur (Rajpal ve ark., 2022). Epigenetik deęiřiklikler, mitotik ve/veya mayotik olarak kalıtılabilir, bu da transjenerasyonel stres belleęinin oluřumuna yol aęar.

Bitkilerde RdDM (RNA-directed DNA methylation) yolu, stres sırasında DNA metilasyonunun dzenlenmesinde nemli rol oynamaktadır. Bu mekanizmada metiltransferazı, yeni metilasyon iřaretlerinin (de novo DNA methylation) oluřumunu saęlarken; demetilazı ise bu metilasyon iřaretlerini geri dnřml řekilde kaldırarak epigenetik dengeyi korur (Zhang ve ark., 2018; Wu ve ark., 2025). ROS1, DM iřaretlerini aktif olarak kaldıran bir DNA glikozilaz/liyaz enzimidir. zellikle Arabidopsis thaliana zerinde yapılan ęalıřmalar, bu enzimlerin karřılıklı etkileřimi sayesinde stresle iliřkili genlerde kalıcı veya geęici DNA metilasyonu oluřtuęunu ve bu metilasyon iřaretlerinin stres sona erdikten sonra bile promotr blgelerde kısmen korunduęunu, bylece bir molekler hafıza izi oluřturduęunu ortaya koymuřtur (Ding ve ark., 2012; Kim ve ark., 2012). Bu durum, DNA metilasyonunun stres uyum stratejilerinin dzenlenmesinde dinamik ve uyarlanabilir bir epigenetik mekanizma olduęunu gstermektedir.

Son yıllarda yapılan ęalıřmalarda, klasik 5-metilsitozin (5mC) DNA metilasyonuna ek olarak N6-metiladenin (6mA) modifikasyonunun da bitkilerde nemli bir epigenetik iřaret olduęu ortaya konmuřtur. Yeni nesil dizileme teknikleri ile yapılan analizler, 6mA'nın bitki genomlarında zellikle gen gvdesi blgelerinde yer aldıęını ve transkripsiyonel aktivite ile pozitif ynde iliřkili olduęunu gstermiřtir (Liang ve ark., 2020). Bu bulgu, 6mA'nın gen susturulması ile iliřkilendirilen 5mC'den farklı olarak, bazı genlerde transkripsiyonel aktivasyonu destekleyici rol oynayabileceęini iřaret etmektedir. Ayrıca epigenetik yeniden programlama sreçlerinin yalnızca 5mC deęil, aynı zamanda 6mA gibi yeni tanımlanan DNA metilasyon iřaretlerini de ięerdięi ve bu iřaretlerin ęevresel streslere verilen yanıtların dzenlenmesinde grev aldıęı bildirilmiřtir (Rajpal ve ark., 2022; Abdulraheem ve ark., 2024). RdDM (RNA-directed DNA methylation) gibi mekanizmaların, DRM2 metiltransferazını yeni metilasyon iřaretlerinin (de novo DNA methylation) oluřumuna ynlendirdięi, ROS1 demetilazının ise bu iřaretleri geri dnřml řekilde kaldırarak epigenetik dengeyi koruduęu bilinmektedir (Zhang ve ark., 2018; Wu ve ark., 2025). Bu nedenle

6mA, bitkilerde epigenetik düzenleme çeşitliliğine katkı sağlayan ve stres adaptasyon mekanizmalarının epigenetik kontrolünde rol alan alternatif bir metilasyon formu olarak dikkat çekmektedir.

1.4. Histon Modifikasyonları ve Kromatin Yeniden Düzenlenmesi

Histon proteinlerine uygulanan post-translasyonel modifikasyonlar, bitkilerde epigenetik düzenlemenin DNA metilasyonu ile birlikte işleyen ikinci büyük düzenleyici katmanını oluşturmaktadır. Histon kuyruğu olarak bilinen N-terminal bölgelerdeki lizin ve serin kalıntılarına metil ($-CH_3$), asetil ($-COCH_3$), fosfat ($-PO_4^{3-}$) ve ubikuitin gibi kimyasal grupların eklenmesiyle oluşan bu modifikasyonlar, kromatin yapısını ve buna bağlı olarak gen ifadesini dinamik biçimde düzenler (Kim ve ark., 2012). Stres koşulları, histon modifikasyon desenlerini yeniden yapılandırarak stres yanıt genlerinin aktivasyonunu veya baskılanmasını yönlendirmektedir. Özellikle H3K4me3 ve H3K9ac aktif transkripsiyonla ilişkilendirilirken; H3K27me3 gen baskılanması ile ilişkili önemli bir işaret olarak görev yapmaktadır (Liu ve ark., 2023).

Tuz stresine ilişkin yapılan çalışmalar, gen ekspresyonunun histon asetilasyonu yoluyla düzenlendiğini ortaya koymuştur. Özellikle WRKY ve DREB gibi stresle ilişkili transkripsiyon faktörü genlerinin promotör bölgelerinde H3K9ac seviyelerinin arttığı, bunun da genlerin aktif transkripsiyonunu kolaylaştırdığı gösterilmiştir (Zheng ve ark., 2019). Benzer şekilde kuraklık stresinde absisik asit (ABA) biyosentezinde görev alan NCED3 geninde H3K4me3 zenginleşmesi gözlenmiş ve bu modifikasyonun genin hızlı transkripsiyonel aktivasyonunu desteklediği bildirilmiştir (Ding ve ark., 2011). Histon asetilasyonu ve metilasyonu gibi işaretler, kromatin yapısının gevşemesini sağlayarak RNA Polimeraz II'nin promotör bölgelerine erişimini artırmakta ve stres yanıt genlerinin ifadesini kolaylaştırmaktadır (Kim ve ark., 2012).

Sıcaklık stresine verilen epigenetik yanıtlarda ise histon varyantlarının önemli bir rol oynadığı belirlenmiştir. Özellikle H2A.Z histon varyantı, yüksek sıcaklık altında kromatin esnekliğini belirleyen faktörlerden biri olarak tanımlanmıştır. Isıya maruz kalan *Arabidopsis thaliana* bitkilerinde HSFA2 ve HSP70 gibi ısı şok proteinlerini kodlayan genlerin promotör bölgelerinde H2A.Z'nin kromatinden uzaklaştırılması, bu genlerin hızlı şekilde aktive edilmesini sağlamaktadır (van der Woude ve ark., 2019). Ayrıca REF6 demetilazının, bu bölgelerde birikmiş H3K27me3 baskılayıcı işaretlerini kaldırarak termal stres belleğinin oluşumunu desteklediği bildirilmiştir (Liu ve ark., 2023). Tüm bu bulgular, histon modifikasyonlarının ve histon

varyantlarının bitkisel stres toleransının nemli bir epigenetik kontrol mekanizması olduėunu gstermektedir.

1.5. Kk RNA'lar ve RNA Tabanlı Epigenetik Dzenleme

Kk RNA'lar, bitkilerde epigenetik dzenlemenin RNA temelli bileşenleri arasında yer almakta ve stres kořullarında gen ifadesinin hassas kontrolnde kritik roller stlenmektedir. MikroRNA'lar (miRNA), kk interferans RNA'lar (siRNA) ve trans-aktif kk RNA'lar (tasiRNA), stres sinyallerini gen yanıtına dnřtren temel dzenleyici molekllerdir. Bu kk RNA'lar post-transkripsiyonel gen susturma (PTGS) yoluyla hedef mRNA'ların parçalanmasını ya da translasyonel baskılanmasını saėlamakta, ayrıca RNA-ynlendirmeli DNA metilasyonu (RdDM) mekanizması zerinden transkripsiyonel gen susturmayı (TGS) gerçekteřtirmektedir (Liu ve ark., 2023; Zhang ve ark., 2018).

Stres sırasında belirli kk RNA'ların spesifik roller stlendiėi bilinmektedir. rneėin miR398, oksidatif stres altında artan reaktif oksijen trleri (ROS) dengesini korumak amacıyla Cu/Zn-SOD (speroksit dismutaz) genlerinin translasyonel baskılanmasını dzenler (Lmke ve Burle, 2017). Bunun yanı sıra 24-nkleotit (nt) uzunluėundaki siRNA'lar, RdDM yolunun temel dzenleyicileri olup DRM2 DNA metiltransferazını belirli genom blgelerine ynlendirerek de novo DNA metilasyonu oluřturur ve bu sayede uzun sreli epigenetik gen susturulmasını destekler (Zhang ve ark., 2018; Rajpal ve ark., 2022).

RNA temelli dzenleme yalnızca gen susturma ile sınırlı deėildir; aynı zamanda mRNA stabilitesini kontrol eden ek bir epigenetik katman oluřturur. rneėin, Zhao ve ark. (2024) tarafından tanımlanan RNA-RNA etkileřim modelleri, stres altında RNA stabilizasyonunun adaptif dzenlenmede kritik olduėunu gstermiřtir. Bu bulgular, kk RNA'ların bitkilerde hem transkripsiyonel hem de transkripsiyon sonrası dzeyde epigenetik dzenleyici olarak iřlev grdėn ortaya koymaktadır.

1.6. Epigenetik Katmanların Etkileřimi

Bitkilerde çevresel stres yanıtları, çoėu zaman tek bir epigenetik mekanizma ile deėil, birbirine entegre çalıřan çok katmanlı epigenetik dzenlemeler ile kontrol edilmektedir. Bu dzenleme aėı, DNA metilasyonu, histon modifikasyonları ve kk RNA aracılı yolların etkileřimi ile oluřan dinamik bir yapıya sahiptir (Rajpal ve ark., 2022). rneėin Arabidopsis thaliana zerinde yapılan çalıřmalar, H3K9me2 histon metilasyon iřareti ile CHH DNA metilasyonu arasında gçl bir korelasyon olduėunu ortaya

koymuştur. Bu epigenetik ilişki, RNA-yönlendirmeli DNA metilasyonu (RdDM) mekanizması tarafından desteklenmekte ve heterokromatin bölgelerinde gen susturulmasını stabilize etmektedir (Zhang ve ark., 2018; Liu ve ark., 2023). RdDM yolunda görev yapan Polimeraz IV ve Polimeraz V kompleksleri, hem 24-nt siRNA üretiminde hem de bu siRNA'ların DRM2 aracılığıyla DNA metilasyonunun hedeflenmesinde kritik işlev görerek epigenetik ağın bütünlüğünü sağlamaktadır (Zhang ve ark., 2018).

Bu epigenetik etkileşimler, stres sırasında gen promotör bölgelerinde dinamik bir düzenleyici denge kurulmasını sağlar. Bazı epigenetik işaretler stres sona erdiğinde hızla ortadan kalkarken, bazıları kalıcı hale gelerek epigenetik bir “stres belleği” oluşturur (Rajpal ve ark., 2022; Kurgan ve ark., 2024). Örneğin, stres esnasında biriken bazı aktif kromatin işaretlerinin (H3K4me3) veya DNA metilasyon paternlerinin kısmen korunması, bitkilerin aynı stresle tekrar karşılaştıklarında daha hızlı ve güçlü bir transkripsiyonel yanıt vermelerine olanak tanır (Liu ve ark., 2023). Bu iki yönlü epigenetik doğa, bitkilerin hem kısa vadeli stres adaptasyonunu hem de uzun süreli çevresel bellek oluşturma yeteneğini mümkün kılarak çevresel değişkenliğe karşı hayatta kalma stratejilerini güçlendirir.

2. Sonuç

Bu bölüm, bitkilerin abiyotik streslere (tuzluluk, kuraklık, aşırı sıcaklık) verdiği yanıtların yalnızca klasik genetik düzenlemelerle açıklanamayacağını; DNA metilasyonu, histon modifikasyonları, kromatin yeniden düzenlenmesi ve küçük RNA tabanlı yolların birlikte işlediği çok katmanlı bir epigenetik ağ tarafından koordine edildiğini göstermiştir. Bu ağ, stres sinyallerinin (ROS, NO, Ca²⁺ ve hormonlar, özellikle ABA) algılanmasından sonra hedef gen bölgelerinde kromatin mimarisini dinamik biçimde açıp kapatarak gen ifadesinin zamanlamasını, şiddetini ve özgüllüğünü belirler.

Stres altında H3K4me3 ve H3K9ac gibi “aktif” işaretlerin artışı ve H3K27me3 gibi “baskılayıcı” işaretlerin bağlamsal düzenlenmesi, RNA Pol II erişilebilirliğini ve transkripsiyonel çıktıyı doğrudan şekillendirir. H2A.Z gibi histon varyantları, özellikle ısı yanıtlarında kromatin esnekliğini artırarak transkripsiyonel plastisiteyi güçlendirir. RdDM yolunun ürettiği 24-nt siRNA'lar, DRM2 aracılığıyla CHH metilasyonunu hedefleyerek uzun süreli susturmaya katkıda bulunur; ROS1 gibi demetilazlar ise bu işaretleri geri alarak dengeyi sağlar. Böylece epigenetik işaretler yalnızca anlık uyumu değil, stres sonrası kalıcı ya da yarı kalıcı “stres belleği” oluşumunu da mümkün kılar; bitkiler tekrar eden streslerde daha hızlı ve güçlü yanıtlar verir.

Bu btncl ereve, iki temel uygulama sonucuna iaret eder: (i) Islah ve molekler tasarım: Epigenetik imzaların (rneęin belirli promotrlerde H3K4me3/H3K9ac ya da hedefli CHH metilasyonu) ynlendirilmesi, stres-tolerant kultivarların rasyonel gelitirilmesini hızlandırabilir. (ii) Biyoteknolojik stratejiler: RdDM bileenleri, histon asetiltransferaz/deasetilazları veya kromatin yenileme komplekslerini hedefleyen dzenleyici mdahaleler, genom dizisini deęitirmeden tolerans fenotipini ayarlamaya imkn tanır. Ayrıca 6mA gibi yeni tanımlanan epigenetik iaretlerin gen gvdesi daęılımı ve transkripsiyonla pozitif ilikisi, aktivasyon-odaklı epigenetik kontrol iin yeni fırsatlar sunmaktadır.

Gelecek alımalar, epigenetik katmanların meknsal-zamansal znrlkte ezamanlı m (multi-omik entegrasyon), hcre tipi zgl yanıtların haritalanması ve transgenerasyonel bellek dinamiklerinin zmlenmesine odaklanmalıdır. Bu sayede, epigenetik aęın dęmlerini hedefleyen hassas dzenleme yaklaımları (epi-dzenleyici CRISPR sistemleri, kk RNA mhendislięi, kromatin dzenleyici modlasyon) tarımsal srdrlebilirlik ve iklim dayanıklılıęı iin leklenebilir zmler retebilir. Kısacası, epigenetik dzenleme; bitkilerin stres toleransında merkezi, ayarlanabilir ve kalıtılabilir bir kontrol katmanı olarak, iklim deęiiklięinin tarımsal etkilerine karı stratejik bir kaldıra sunmaktadır.

Kaynaklar

- Abdulraheem, M. I., Xiong, Y., Moshood, A. Y., Cadenas-Pliego, G., Zhang, H., ve Hu, J. (2024). Mechanisms of Plant Epigenetic Regulation in Response to Plant Stress: Recent Discoveries and Implications. *Plants*, 13(2), 163.
- Abo-Shanab, R. A., Abdel Latef, A. A. H., ve Shehata, S. A. (2025). Calcium mitigates salinity stress through regulation of ionic balance, antioxidant defense and osmolyte accumulation in *Vicia faba*. *BMC Plant Biology*, 25, 200.
- Ashapkin, V. V., Kutueva, L. I., Aleksandrushkina, N. I., ve Vanyushin, B. F. (2020). Epigenetic mechanisms of plant adaptation to biotic and abiotic stresses. *International Journal of Molecular Sciences*, 21(19), 7457.
- Azceem, M., Nadeem, M., ve Hussain, A. (2023). Salinity-induced oxidative stress and antioxidant defense responses in *Moringa oleifera*. *Scientific Reports*, 13, 2895.
- Back, D., Jiang, J., Chung, J. S., Wang, B., Chen, J., Xin, Z., ve Shi, H. (2010). Regulated AtHKT1 gene expression by small RNA during salt stress. *Plant Physiology*, 154(1), 315–327.
- Ding, Y., Avramova, Z., ve Fromm, M. (2011). The Arabidopsis trithorax-like factor ATX1 functions in dehydration stress responses via ABA-dependent and ABA-independent pathways. *Plant Journal*, 66(5), 735–744.
- Ding, Y., Fromm, M., ve Avramova, Z. (2012). Multiple exposures to drought ‘train’ transcriptional responses in Arabidopsis. *Nature Communications*, 3, 740.
- Kiani, S. P., Habibi, E., Mousavi Derazmahalleh, S., ve Heidari, B. (2021). Polyphenols involved in salt tolerance. *Frontiers in Plant Science*, 12, 646221.
- Kim, J. M., To, T. K., Ishida, J., Matsui, A., Kimura, H., ve Seki, M. (2012). Alterations of lysine modifications on the histone H3 N-tail under drought stress conditions in *Arabidopsis thaliana*. *Plant and Cell Physiology*, 53(12), 2118–2130.
- Kinoshita, T., ve Seki, M. (2014). Epigenetic memory for stress response and adaptation in plants. *Plant Cell Physiology*, 55(11), 1859–1863.
- Kurgan, L., Demirel, F. ve Aydın, A. (2024). Bitki transposable elementlerin epigenik ile ilişkisi. Yılmaz, A. ve Yılmaz, H. (Ed.), Tarımsal verimliliği kısıtlayan sorunlarla mücadele yöntemleri-1, İksad Yayınları

- Lämke, J., ve Bäurle, I. (2017). Epigenetic and chromatin-based mechanisms in environmental stress adaptation and stress memory in plants. *Genome Biology*, 18, 124.
- Lang, Z., Lei, M., ve Finnegan, E. (2025). DNA methylation and gene regulation in plants. *Epigenomes*, 9(1), 12–34.
- Li, S., Liu, J., Liu, Z., ve Yang, W. (2025). Epigenetic regulation in plant heat stress response. *Science China Life Sciences*, 68(6), 1570–1609.
- Liang, Z., Riaz, A., Chachar, S., ve ark. (2020). Epigenetic modifications of mRNA and DNA in plants. *Molecular Plant*, 13(1), 14–30.
- Liu, N., Fromm, M., ve Avramova, Z. (2023). H3K27me3 and chromatin remodeling regulate stress memory in plants. *Plant Physiology*, 191(1), 45–59.
- Mounger, J., Boquete, M. T., Schmid, M. W., Granado, R., Robertson, M. H., Voors, S. A., ve ark. (2021). Inheritance of DNA methylation differences in the mangrove *Rhizophora mangle*. *Evolution ve Development*, 23(4), 351–374.
- Ohama, N., Sato, H., Shinozaki, K., ve Yamaguchi-Shinozaki, K. (2017). Transcriptional regulatory network of plant heat stress response. *Trends in Plant Science*, 22(1), 53–65.
- Rajpal, S., Kumar, M., ve Prasad, M. (2022). Epigenetic memory engenders quick plastic and successive adaptive responses to mitigate environmental stresses. *Frontiers in Cell and Developmental Biology*, 10, 1020958.
- Tresas, T., Isaoglou, I., Roussis, A., ve Haralampidis, K. (2025). A brief overview of the epigenetic regulatory mechanisms in plants. *International Journal of Molecular Sciences*, 26(10), 4700.
- van der Woude, L. C., Perrella, G., Snoek, B. L., van Hoogdalem, M., Novák, O., van Verk, M. C., ... ve Testerink, C. (2019). HISTONE DEACETYLASE 9 stimulates auxin-dependent thermomorphogenesis in *Arabidopsis thaliana* by mediating H2A.Z depletion. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 116(50), 25343–25354.
- Wu, S., Hou, Y., Ma, Y., Wang, P., ve Lang, Z. (2025). Epigenetic regulation and its applications in plants. *Epigenetics Insights*, 18(1).
- Zhang, H., Lang, Z., ve Zhu, J. K. (2018). Dynamics and function of DNA methylation in plants. *Nature Reviews Molecular Cell Biology*, 19(8), 489–506.

- Zhao, H., Cai, Z., Rao, J., Wu, D., Ji, L., Ye, R., ... Xue, Y. (2024). SARS-CoV-2 RNA stabilizes host mRNAs to elicit immunopathogenesis. *Molecular Cell*, 84(3), 490–505.
- Zheng, Y., Ding, Y., Sun, X., ve Zhang, D. (2019). Histone acetyltransferase GCN5 regulates salt stress tolerance by modulating cell wall integrity. *Plant, Cell ve Environment*, 42(7), 2143–2160.

Eksojen Abiyotik İndükleyiciler ve Bitki Epigenetiğinde Yeniden programlamadaki Rollerini

Leyla Kurgan¹

Serap Demirel²

Fatih Demirel³

Özet

Bitkiler yaşam döngüleri boyunca kuraklık, tuzluluk ve ağır metal toksisitesi gibi birçok abiyotik stres faktörüyle karşı karşıya kalmaktadır. Bu stres koşulları yalnızca fizyolojik süreçleri değil, aynı zamanda gen ekspresyonunu düzenleyen epigenetik mekanizmaları da önemli ölçüde etkilemektedir. DNA metilasyonu, histon modifikasyonları ve RNA tabanlı düzenlemeler, bitkilerin çevresel sinyallere karşı hızlı ve esnek uyum geliştirmesini sağlayan temel mekanizmalar arasında yer almaktadır. Son yıllarda yapılan çalışmalar, eksojen olarak uygulanan poliaminler (putresin, spermidin, spermine), melatonin ve silisyum gibi moleküllerin epigenetik profiller üzerinde belirgin değişiklikler yaratarak stres toleransını artırabildiğini ortaya koymuştur. Bu bölümde, bitkilerde eksojen abiyotik uyarıların epigenetik yeniden programlama üzerindeki rolü poliaminler, tuz stresi, kuraklık ve ağır metal stresi başlıkları altında ele alınmaktadır. Bulgular, eksojen uygulamaların yalnızca geçici stres yanıtlarını değil, aynı zamanda epigenetik hafıza oluşumunu da tetikleyerek gelecek nesillerde stres toleransını artırabileceğini göstermektedir. Bu bağlamda, eksojen ajanların epigenetik mühendislik ve ıslah programlarında stratejik bir araç olarak kullanılabileceği vurgulanmaktadır.

- 1 Araş. Gör., Iğdır Üniversitesi Ziraat Fakültesi Tarımsal Biyoteknoloji Bölümü, leyla.kurgan@igdir.edu.tr, ORCID ID: 0000-0002-2052-6013
- 2 Araş. Gör. Dr., Van Yüzüncü Yıl Üniversitesi Fen Fakültesi Moleküler Biyoloji ve Genetik Bölümü, serapdemirel@yyu.edu.tr, ORCID ID: 0000-0002-1877-0797
- 3 Dr. Öğr. Üyesi, Iğdır Üniversitesi Ziraat Fakültesi Tarımsal Biyoteknoloji Bölümü, fatih.demirel@igdir.edu.tr, ORCID ID: 0000-0002-6846-8422

1. Giriş

Bitkiler, yaşamları boyunca karşılaştıkları abiyotik stres faktörlerine karşı hayatta kalabilmek için çok aşamalı ve oldukça esnek savunma mekanizmaları geliştirmiştir. Kuraklık, tuzluluk, ağır metal toksisitesi gibi çevresel stres etmenleri hem bitki fizyolojisini hem de genetik ve epigenetik düzeyde gen ekspresyonunu ciddi biçimde etkilemektedir. Son yıllarda, bitkisel stres yanıtlarının yalnızca genetik temelli olmadığını; bunun ötesinde epigenetik mekanizmalar yoluyla da düzenlendiğini gösteren birçok çalışma artan bir ivmeyle literatürde yer almaktadır (Wang ve ark., 2025; Dynkowska ve ark., 2025).

Epigenetik düzenleme; DNA metilasyonu, histon modifikasyonları ve RNA tabanlı süreçler (küçük RNA'lar (sRNA), m6A RNA metilasyonu) gibi mekanizmaları içerir ve genetik dizide herhangi bir değişikliğe neden olmadan gen ifadesinin modülasyonunu sağlar. Bu sayede bitkiler, hızlı ve çevreye duyarlı bir şekilde genetik yanıtlarını yeniden programlayabilir. Tuz veya kuraklık gibi stres durumlarında, bazı stresle ilişkili gen bölgelerinde DNA hipometilasyonu veya aktif histon işaretlerinin (H3K4me3, H3K9ac) artışı gözlemlenmekte ve bu durum gen ekspresyonunu doğrudan etkilemektedir (Arıkan ve ark., 2025; Wang ve ark., 2025). Bu stres yanıtları çoğu zaman geçici olsa da bazı durumlarda epigenetik “hafıza” olarak adlandırılan kalıcı izler bırakabilmekte ve bu izler sonraki jenerasyonlara aktarılabilir. Domates ve arpa gibi bitkilerde yapılan çalışmalarda, tuz ve kuraklık stresine karşı oluşturulan epigenetik yanıtların, sonraki nesillerde daha etkili savunma tepkileriyle sonuçlandığı gösterilmiştir (Borromeo ve ark., 2025; Safhi ve Thabet, 2025).

Bu tür epigenetik hafıza etkilerinin oluşmasında eksojen uygulamaların da önemli rol oynayabileceği son yıllarda yapılan çalışmalarla belirlenmiştir. Özellikle dışsal olarak uygulanan poliaminler (putresin, spermidin, spermine), melatonin ve silisyum gibi moleküllerin bitkilerde DNA metilasyonu ve histon modifikasyonları üzerinde belirgin etkiler yaratarak, stres toleransını artırabileceği ortaya konmuştur (Paul ve ark., 2018; Orhan ve ark., 2020; Stadnik ve ark., 2022).

Poliaminler, hücresel büyüme ve gelişme süreçlerinin yanı sıra abiyotik stres koşullarında da önemli düzenleyici moleküllerdir. Yapılan araştırmalar, poliaminlerin epigenetik mekanizmalar üzerinden gen ekspresyonunu değiştirebildiğini ve DNA metilasyon dengesini sağladığını göstermektedir (Eren ve ark., 2023; Majláth ve ark., 2025). Buğday ve fasulye gibi bitkilerde yapılan çalışmalar, putresin uygulamasının DNA hipermetilasyonunu baskılayarak genetik stabiliteyi koruduğunu ortaya koymuştur (Taşpınar ve

ark., 2017; Arslan ve ark., 2019). Benzer şekilde, EMS gibi mutajenik stres etmenlerinin de DNA metilasyon profillerinde değişikliklere yol açtığı ve epigenetik varyasyonları artırarak genomik stabiliteyi etkilediği bildirilmiştir (Türkoğlu ve ark., 2023a)

Tuz stresine karşı bitkisel yanıtlar; iyon dengesi, osmotik stres savunusu ve reaktif oksijen türlerinin detoksifikasyonu gibi çok sayıda süreci kapsar. Ancak bu fizyolojik süreçler epigenetik temelli yeniden programlama ile desteklenmektedir. Özellikle WRKY, NHX ve SOS1 gibi stresle ilişkili genlerin promotör bölgelerinde gözlenen metilasyon değişimleri, bu genlerin stres altındaki aktivitesini düzenleyerek bitkinin tolerans düzeyini belirlemektedir (Çelik ve ark., 2019; Aydınıyurt ve ark., 2025). Tuz stresine karşı epigenetik priming uygulamaları (hafif tuz dozu ile ön uyarım) ile epigenetik hafıza oluşumu da gözlemlenmiş, bu hafıza sayesinde sonraki yüksek doz tuz streslerinde bitkilerin daha hızlı ve etkili yanıt verdiği belirlenmiştir (Yung ve ark., 2024; Arıkan ve ark., 2025).

Kuraklık, bitkilerde en yaygın ve yıkıcı abiyotik stres türlerinden biridir. Son yıllarda yapılan epigenomik çalışmalar, kuraklığa karşı geliştirilen savunma yanıtlarının önemli bir bölümünün DNA metilasyonu ve histon modifikasyonlarıyla kontrol edildiğini ortaya koymuştur (Wang ve ark., 2025; Li ve ark., 2025). Elma ve sorgum bitkilerinde yapılan çalışmalar, kuraklık altında stresle ilişkili genlerin promotörlerinde H3K4me3 gibi aktif transkripsiyon işaretlerinin arttığını göstermiştir (Wang ve ark., 2025; Hu ve ark., 2025). Ayrıca transgenerasyonel düzeyde epigenetik hafıza gelişimi ve bunun gelecek nesillere aktarımı da kuraklık toleransının sürdürülebilirliği açısından büyük önem taşımaktadır (Safhi ve Thabet, 2025).

Ağır metaller, bitki büyümesi üzerinde toksik etkiler yaratırken aynı zamanda oksidatif stresin önemli bir kaynağıdır. Poliaminlerin ağır metal stresi altında DNA metilasyon dengesini koruyarak epigenetik stabiliteyi artırdığı gösterilmiştir (Paul ve ark., 2018; Dynkowska ve ark., 2025). Zn^{2+} ve Cu^{2+} gibi iyonların rejenerasyon kabiliyeti üzerindeki epigenetik etkileri, anter kültürü çalışmalarında net şekilde ortaya konmuştur (Dynkowska ve ark., 2025). Bu çalışmalar, ağır metal stresi altında epigenetik profildeki değişimlerin, sadece gen ekspresyonunu değil, aynı zamanda rejenerasyon kapasitesini ve fizyolojik dayanıklılığı da etkilediğini göstermektedir.

Bu bölümünün amacı, bitkilerde eksojen olarak uygulanan abiyotik uyarıların epigenetik tepkiler üzerindeki etkilerini dört temel stres başlığı altında (poliaminler, tuz, kuraklık ve ağır metaller) inceleyerek, epigenetik yeniden programlamanın stres toleransı üzerindeki rolünü disiplinler arası bir yaklaşımla ortaya koymaktır.

2. Poliaminler ve Epigenetik İlişkisi

Poliaminler (PA'lar), hücre içi homeostazın sağlanması, gen ekspresyonunun düzenlenmesi, hücresel büyüme ve savunma yanıtlarının modülasyonu gibi birçok yaşamsal süreçte yer alan küçük, pozitif yüklü moleküllerdir. Putresin (Put), spermidin (Spd) ve spermine (Spm) bitkilerde bulunan en yaygın poliaminler arasında yer almaktadır. Bitkilerde bu bileşiklerin endojen düzeyleri stres koşullarında önemli ölçüde değişmekte; aynı zamanda dışsal (eksojen) uygulamalarla bitkinin strese karşı toleransı artırılabilir (Sheng ve ark., 2022). Son yıllarda yapılan çok sayıda çalışma, poliaminlerin yalnızca fizyolojik değil, aynı zamanda epigenetik düzeyde de düzenleyici etkiler gösterdiğini ortaya koymuştur (Paul ve ark., 2018; Eren ve ark., 2023).

DNA metilasyonu, gen ekspresyonunu düzenleyen en temel epigenetik mekanizmalardan biridir. Poliaminlerin bu süreçteki rolü, özellikle metilasyon düzeylerindeki değişimleri dengeleme kapasiteleriyle ilişkilidir. Eren ve ark. (2023), buğday embriyo kültürlerinde farklı konsantrasyonlardaki poliamin uygulamalarının DNA metilasyon desenlerini değiştirdiğini bildirmiştir. Spermidin konsantrasyonunun artışı DNA hipermetilasyonuyla, spermine azalması ise hipometilasyonla ilişkilendirilmiştir. Bu etkiler, MSAP ve CRED-iPBS yöntemleriyle doğrulanmış, ayrıca makine öğrenmesi algoritmaları kullanılarak epigenetik ile rejenerasyon kapasitesi arasındaki ilişkiler başarıyla modellenmiştir.

Benzer şekilde, Majláth ve ark. (2025), buğday yapraklarında ışık kalitesi altında putresin uygulamasının DNA metilasyon profillerini etkilediğini ve beyaz ışık koşullarında metilasyon yanıtlarının daha belirgin olduğunu göstermiştir. Bu bulgular, poliamin metabolizması ile çevresel sinyaller arasında karmaşık bir etkileşim olduğunu ortaya koymakta ve çevresel faktörlerin epigenetik modülasyon üzerindeki etkisini vurgulamaktadır.

Poliaminlerin yalnızca düzenleyici değil, aynı zamanda epigenetik “koruyucu” ajanlar olarak da işlev gördüğü kanıtlanmıştır. Taşpınar ve ark. (2017), picloram gibi bir herbisitinin neden olduğu genetik instabilite ve DNA metilasyon artışının, putresin uygulaması ile azaltıldığını raporlamıştır. Benzer şekilde Arslan ve ark. (2019), buğdayda kuraklık stresine karşı putresin uygulamasının DNA metilasyon seviyelerini düşürerek genomik stabiliteyi koruduğunu göstermiştir. Her iki çalışmada da poliamin uygulamalarının RAPD bantlarındaki polimorfizmi azalttığı ve metilasyon homeostazını sağladığı bildirilmiştir.

Poliaminlerin epigenetik etkileri aynı zamanda gen ekspresyon profillerinde belirgin değişikliklere yol açmaktadır. Ebeed (2022), buğdayda poliamin biyosentez genlerinin (ADC, ODC, SAMDC, SPDS, SPMS) promotör bölgelerinde STRE ve MYB gibi strese duyarlı elementlerin bulunduğunu ve bu elementlerin kuraklık stresi altında aktive olduğunu bildirmiştir. Bu da poliaminlerin genetik değil, epigenetik düzeyde de stres yanıtını yönlendirdiğini göstermektedir. Ek olarak, Demirel ve ark. (2025), antik buğday türü olan *Triticum monococcum*'da kuraklık stresine karşı putresin uygulamasının DNA metilasyon düzeylerini dengelediğini ve antioksidan enzim aktivitelerini artırdığını göstermiştir. Putresin, burada hem fizyolojik hem de epigenetik savunma mekanizmalarını uyaran bir sinyal molekülü gibi işlev görmüştür.

Poliaminlerin epigenetik etkileri, doz bağımlı olarak değişiklik göstermektedir. Nikolova ve ark. (2025), farklı konsantrasyonlardaki spermine uygulamasının buğdayda çimlenme, *Fusarium* spp. miselyum gelişimi ve kök-taç çürüklüğü hastalığı üzerinde çift yönlü etkiler oluşturduğunu bildirmiştir. Düşük dozlar koruyucu etki gösterirken, yüksek dozlar hem bitki gelişimini hem de epigenetik dengeyi olumsuz etkileyebilmektedir. Bu durum, poliaminlerin biyolojik uygulamalarda dikkatli doz optimizasyonu gerektiren moleküller olduğunu göstermektedir.

Poliaminler, bitkisel stres biyolojisinde yalnızca fizyolojik düzenleyiciler değil, aynı zamanda epigenetik yeniden programlama ajanları olarak önemli bir konuma sahiptir. Özellikle DNA metilasyonu üzerindeki etkileri, gen ekspresyonunun yeniden ayarlanması, stres hafızası oluşumu ve genomik stabilitenin korunması gibi süreçlerde belirleyici rol oynamaktadır. Gelecekteki çalışmalarda, poliaminlerin epigenetik mühendislikte kullanımı, genetik ıslah programları açısından yeni kapılar açabilir.

3. Tuz Stresi ve Epigenetik İlişkisi

Tuz stresi, tarımsal üretim sistemleri açısından en yaygın ve yıkıcı abiyotik stres faktörlerinden biri olarak kabul edilmektedir. Artan toprak tuzluluğu, bitkilerin osmotik dengesini bozar, iyonik toksisiteye neden olur ve fotosentezden çimlenmeye kadar birçok fizyolojik süreci olumsuz etkiler. Ancak son yıllarda yapılan çalışmalar, bitkilerin bu stres koşullarına karşı yalnızca fizyolojik değil; aynı zamanda epigenetik düzeyde de karmaşık yanıtlar verdiğini ortaya koymuştur. DNA metilasyonu, histon modifikasyonları ve epitranskriptomik düzenlemeler, tuz stresine karşı geliştirilen toleransın merkezinde yer alan mekanizmalardır (Pandey ve ark., 2025; Kong ve ark., 2025).

Tuz stresinin neden olduğu epigenetik değişimlerin en yaygın formu DNA metilasyonudur. DNA üzerindeki metil gruplarının dağılımı, stres altındaki genlerin aktif veya baskılanmış hâle gelmesini doğrudan etkileyebilmektedir. Pandey ve ark. (2025), yer fıstığında tuz stresine maruz kalan kök hücrelerinde, osmotik dengeleme ve iyon taşınımı gibi süreçlerde görevli genlerin promotör bölgelerinde hipometilasyon saptamış ve bunun gen ekspresyon düzeylerinin artışıyla korelasyon gösterdiğini bildirmiştir. Buna karşılık, stresle baskılanan bazı genlerde ise hipermetilasyon tespit edilmiştir.

Benzer şekilde, Kong ve ark. (2025), kolza (*Brassica napus*) bitkisinde 200 mM NaCl ile yapılan stres uygulaması sonucunda, gen ekspresyon profillerinde farklılaşma ve DNA metilasyon desenlerinde anlamlı değişiklikler gözlemlenmiştir. Tolerant genotiplerde stresle ilişkili genlerin promotör bölgelerinde hipometilasyon ve H3K4me3 gibi aktif transkripsiyonla ilişkili histon işaretlerinde artış saptanmıştır. Bu durum, epigenetik modifikasyonların, stres toleransının kazanılmasında dinamik bir şekilde rol aldığını göstermektedir.

Tuz stresine karşı epigenetik priming uygulamaları, son yıllarda stres hafızasının oluşumuna dair önemli ipuçları sunmuştur. Arıkan ve ark. (2025), *Arabidopsis thaliana* bitkisine NaCl ile önce hafif dozda daha sonra yüksek dozla muamele ettiklerinde, epigenetik olarak “hazırlıklı” bir yanıtın ortaya çıktığını gözlemlenmiştir. Bu süreçte özellikle H3K4me3 işareti ile karakterize edilen aktif promotör bölgelerinde epigenetik hafıza oluşturulduğu, aynı zamanda DNA metilasyonunun azaldığı tespit edilmiştir. Bu çalışma, epigenetik düzenleyicilerin stres ön belleği (priming memory) oluşturmadaki rolünü net biçimde ortaya koymuştur.

Yung ve ark. (2024) da benzer şekilde soya fasulyesi (*Glycine max*) bitkisinde, subletal dozda tuz stresinin epigenetik hafıza oluşturduğunu ve sonraki yüksek stres uygulamasında bu belleğin hipometilasyon yoluyla aktive edilen genler sayesinde daha güçlü yanıtlar doğurduğunu bildirmiştir. Özellikle tuz taşıma, antioksidan savunma ve osmotik dengeleme genleri, bu epigenetik hafıza mekanizması sayesinde daha etkin biçimde aktive olmuştur.

Tuz stresine karşı eksojen moleküllerle epigenetik müdahale, son dönemde uygulamalı biyoteknolojide dikkat çeken bir alandır. Orhan ve ark. (2020), lahanada (*Brassica oleracea*) bitkisinde putresin uygulamasının, NaCl kaynaklı hipermetilasyonu azaltarak DNA metilasyon desenlerini stabilize ettiğini ve fizyolojik parametrelerde (su içeriği, klorofil miktarı) iyileşme sağladığını göstermiştir. Benzer şekilde, Aydınıyurt ve ark. (2025), fasulye genotiplerinde melatonin uygulamasının tuz stresine bağlı DNA metilasyon artışlarını dengeleyerek DREB, LEA ve CAT gibi stresle ilişkili genlerin

ekspresyonunu yeniden aktive ettiğini göstermiştir. Bu tür müdahaleler, epigenetik dengeyi koruyarak stres toleransını artırmada oldukça etkili stratejiler sunmaktadır.

Epigenetik düzenlemenin bir başka katmanı olan epitranskriptom, RNA düzeyindeki kimyasal modifikasyonları içermektedir. Li ve ark. (2025), pirinç (*Oryza sativa*) bitkisinde m6A RNA metiltransferazı olan OsMTA1 geninin, tuz stresi altındaki çimlenme ve büyüme üzerinde önemli rol oynadığını göstermiştir. OsMTA1'in aşırı ifadesi, stresle ilişkili mRNA'larda m6A metilasyonunu artırarak bu RNA'ların stabilitesini ve çeviri verimliliğini yükseltmiştir. Bu durum, genlerin daha hızlı ve etkili bir şekilde aktive edilmesine olanak sağlamış ve tuz stresine karşı toleransı önemli ölçüde artırmıştır.

Tuz stresine karşı geliştirilen epigenetik yanıtlar, sadece birkaç genle sınırlı olmayıp, tüm genom çapında yeniden yapılandırılmaları içerebilir. Fang ve ark. (2017), kolza tohumlarında 100 mM NaCl ile yapılan uygulamada DNA metilasyon düzeylerinin genel olarak arttığını ve bunun çimlenme yüzdesi ile fide gelişimini olumsuz etkilediğini göstermiştir. Bu, stres altında genlerin susturulmasının olası bir savunma mekanizması olarak devreye girdiğini düşündürmektedir.

Tuz stresi, bitkilerde hem genetik hem de epigenetik düzeyde derinlemesine yeniden programlama gerektiren kompleks bir stres faktörüdür. DNA metilasyonu, histon modifikasyonları ve RNA metilasyonu gibi epigenetik mekanizmalar, stresle ilişkili genlerin ekspresyonunu düzenleyerek bitkinin hayatta kalmasını sağlar. Epigenetik hafıza oluşumu, priming etkisi ve eksojen uygulamalar (putresin, melatonin gibi) yoluyla bu süreçlerin yönetilmesi, gelecekte stres-tolerant bitki ıslahı için stratejik öneme sahiptir.

4. Kuraklık Stresi ve Epigenetik İlişkisi

Kuraklık, küresel iklim değişikliği ile birlikte etkisini daha da artıran, tarımsal üretimi doğrudan tehdit eden en yaygın abiyotik stres faktörlerinden biridir. Bitkiler, su eksikliğine karşı fizyolojik adaptasyonlar geliştirmenin yanı sıra, genetik ve özellikle epigenetik düzeyde savunma mekanizmalarını aktive ederek hayatta kalma yetilerini güçlendirir. DNA metilasyonu, histon modifikasyonları ve transkripsiyonel yeniden programlama, kuraklık stresine verilen yanıtların temelinde yer alır (Wang ve ark., 2025; Yadav ve ark., 2025).

Kuraklık stresinin bitkilerde neden olduğu epigenetik yeniden programlama, çoğunlukla DNA metilasyon düzeylerinde gözlemlenen değişikliklerle ilişkilidir. Wang ve ark. (2025), elma (*Malus domestica*) bitkisinde kuraklık

stresinin CG ve CHG bölgelerinde DNA metilasyonunu artırırken, CHH bölgelerinde ise metilasyonu azalttığını göstermiştir. Aynı çalışmada, stresle ilişkili gen bölgelerinde genellikle aktif transkripsiyonla ilişkili H3K4me3 işaretlerinde artış, baskılayıcı H3K27me3 işaretlerinde ise azalma tespit edilmiştir. Bu durum, bitkilerin kuraklık koşullarında gen ekspresyonunu epigenetik mekanizmalarla yeniden yapılandırıldığını ortaya koymaktadır.

Benzer bulgular, *Triticum monococcum* (kavuzlu buğday türü) üzerinde yapılan çalışmalarda da elde edilmiştir. Demirel ve ark. (2025), dışsal putresin uygulamasının kuraklık altında DNA metilasyon düzeylerini stabilize ettiğini ve aynı zamanda antioksidan enzim aktivitelerini artırarak fizyolojik dayanımı yükselttiğini göstermiştir. Putresin, burada epigenetik dengeyi koruyarak stres koşullarında gen ekspresyonunu desteklemiştir.

Histon modifikasyonları, kuraklık stresine karşı geliştirilen epigenetik yanıtların diğer önemli bir bileşenidir. Yadav ve ark. (2025), nohut (*Cicer arietinum*) bitkisinde ABC taşıyıcı genlerinin kuraklık koşullarında epigenetik olarak düzenlendiğini ve bu genlerde H3K4me3 (aktif) işaretlerinde artış, H3K27me3 (baskılayıcı) işaretlerinde ise azalma olduğunu bildirmiştir. Bu değişiklikler, gen ekspresyon düzeyleriyle uyumlu biçimde genlerin aktive edilmesine katkı sağlamıştır. Ayrıca promotör bölgelerdeki CG metilasyonunun azaldığı ve bunun da gen ifadesini artırdığı saptanmıştır.

Hu ve ark. (2025), sorgum (*Sorghum bicolor*) bitkisinde Clade A PP2C genlerinde H3K4me3 ve H3K9ac gibi aktif histon işaretlerinin kuraklık stresi sırasında belirgin şekilde arttığını raporlamıştır. Buna karşın bazı negatif regülatör genlerde H3K27me3 gibi baskılayıcı işaretlerin biriktiği görülmüştür. Bu farklılaşmış histon profilleri, genotipe özgü stres tepkileri ile doğrudan ilişkilendirilmiştir.

Kuraklık stresine karşı bitkilerin yalnızca bireysel düzeyde değil, epigenetik hafıza geliştirerek sonraki nesillere de adaptif özellikler kazandırabildiği gösterilmiştir. Safhi ve Thabet (2025), arpa (*Hordeum vulgare*) bitkisinde iki ardışık nesilde kuraklık stresi uygulayarak, DNA metilasyon profillerinde kalıcı değişiklikler tespit etmiştir. Özellikle CG ve CHG bölgelerinde metilasyon artışı ve H3K4me3 işaretlerinin nesiller arasında aktarımı, kuraklık stresine karşı gelişmiş bir epigenetik bellek oluşumuna işaret etmektedir. Bu epigenetik işaretlerin S2 neslinde de korunmuş olması, adaptif avantajın transgenerasyonel düzeyde sürdürülebildiğini göstermektedir. Benzer şekilde Gao ve ark. (2025), switchgrass (*Panicum virgatum*) bitkisinde ardışık kuraklık stresleri uygulamış ve ikinci stres uygulamasında gen promotör bölgelerinde aktif histon işaretlerinin (H3K4me3) daha hızlı birikerek daha güçlü genetik yanıtlar oluşturduğunu göstermiştir. Bu durum, bitkinin

epigenetik plastisite yoluyla çevresel koşullara daha esnek şekilde uyum sağladığını kanıtlamaktadır.

Kuraklık stresi altında eksojen poliamin uygulamaları, yalnızca fizyolojik değil aynı zamanda epigenetik düzeyde de koruyucu etki göstermektedir. Arslan ve ark. (2019), buğdayda kuraklık stresiyle indüklenen DNA zinciri kırıklarının ve yüksek metilasyon düzeylerinin, putresin uygulamasıyla belirgin şekilde azaltıldığını ortaya koymuştur. Putresin, burada DNA hasarını sınırlamakla kalmamış, aynı zamanda epigenetik stabiliteyi sağlayarak genetik materyalin korunmasına katkı sunmuştur.

Ebeed (2022) ise buğdayda poliamin biyosentezinden sorumlu genlerin stresle uyarıldığını ve bu genlerin promotör bölgelerinde stres duyarlı transkripsiyon faktörü bağlanma elementlerinin (STRE, MYB) bulunduğunu göstermiştir. Bu epigenetik düzenleme, poliaminlerin transkripsiyonel yeniden programlamada anahtar rol oynadığını ortaya koymaktadır.

Türkoğlu ve ark. (2025), farklı kinoa (*Chenopodium quinoa*) genotiplerinde kuraklık stresi altında hem genomik hem de epigenetik varyasyonları analiz ederek, CRED-iPBS yöntemiyle DNA metilasyon değişimlerini tespit etmiştir. Benzer şekilde, sodyum azid gibi kimyasal mutajenler de CRED-iPBS tekniği ile DNA metilasyonu ve retrotranspozon polimorfizmleri üzerindeki etkileri ortaya koymak amacıyla kullanılmıştır (Türkoğlu ve ark., 2023b). Genotipler arasında epigenetik stabilite düzeyleri farklılık göstermiş ve bazı genotiplerin daha yüksek epigenetik plastisite sergilediği belirlenmiştir. Bu durum, kuraklık stresine karşı epigenetik temelli seleksiyon stratejilerinin geliştirilebileceğini göstermektedir.

Kuraklık stresine karşı bitkiler, çok katmanlı epigenetik savunma mekanizmaları geliştirerek genetik esnekliğini artırmakta ve çevresel adaptasyon kapasitesini güçlendirmektedir. DNA metilasyonu, histon modifikasyonları ve epigenetik hafıza süreçleri; stres koşullarında gen ekspresyonunun yeniden programlanmasını sağlayarak bitkisel dayanımı artırmaktadır. Bu süreçlerin dışsal ajanlarla (poliaminler, melatonin) desteklenmesi ise, uygulamalı tarım biyoteknolojisinde epigenetik temelli stres toleransı stratejilerinin önünü açmaktadır.

5. Ağır Metal Stresi ve Epigenetik İlişkisi

Ağır metaller (AM), doğada hem doğal süreçler hem de insan kaynaklı faaliyetlerle çevreye karışarak toprak ve su kaynaklarında birirmektedir. Kadmiyum (Cd), kurşun (Pb), bakır (Cu), çinko (Zn) gibi metaller, yüksek konsantrasyonlarda bitkilerde toksisiteye neden olarak hücresel düzeyde oksidatif strese, enzim inhibisyonuna, su kaybına ve fotosentetik verimliliğin

azalmasına yol açar. Bitkilerin bu olumsuz koşullara karşı geliştirdiği savunma stratejileri arasında epigenetik yeniden programlama, son yıllarda dikkat çeken mekanizmalar arasında yer almaktadır (Paul ve ark., 2018; Dynkowska ve ark., 2025).

DNA metilasyonu, ağır metal stresine karşı bitkisel adaptasyonun en temel epigenetik bileşenlerinden biridir. Paul ve ark. (2018), ağır metal toksisitesine maruz kalan bitkilerde DNA metilasyon düzeylerinin değiştiğini ve bu değişimlerin gen ekspresyonunu düzenleyerek savunma sistemlerinin aktivasyonuna katkı sağladığını bildirmiştir. Özellikle spermine ve spermidin gibi poliaminlerin DNA metilasyon profillerini dengelediği ve oksidatif stres kaynaklı zararı azalttığı vurgulanmıştır.

Dynkowska ve ark. (2025), çavdar (*Secale cereale* L.) anter kültürlerinde Cu^{2+} ve Zn^{2+} iyonlarının etkisini değerlendirdikleri çalışmalarında, ağır metal iyonlarının yalnızca fizyolojik değil, aynı zamanda epigenetik düzeyde de hücrel yanıtı etkilediğini göstermiştir. Özellikle yüksek doz Cu^{2+} iyonu, DNA metilasyonunda belirgin artışa neden olurken, Zn^{2+} iyonu glutatyon birikimi ve epigenetik stabiliteyle birlikte rejenerasyon oranlarını artırmıştır. Bu bulgular, metal iyonlarının dozuna ve tipine bağlı olarak epigenetik yanıtların farklılık gösterebileceğini ortaya koymaktadır.

Poliaminlerin ağır metal stresine karşı epigenetik savunma aracı olarak kullanımı, birçok çalışmada pozitif sonuçlar vermiştir. Paul ve ark. (2018), dışsal olarak uygulanan spermidin ve spermine'in metal stresine karşı DNA metilasyon dengesini koruyarak gen ekspresyonunu düzenlediğini ve oksidatif hasarı azalttığını bildirmiştir. Bu etkiler, ROS (reaktif oksijen türleri) üretiminin baskılanması ve antioksidatif sistemin güçlendirilmesi ile ilişkilidir. Ayrıca, PA'ların histon modifikasyonlarını da etkileyerek kromatin yapısında daha açık bir konformasyon oluşmasına olanak sağladığı düşünülmektedir.

Ağır metallerin genetik stabilite üzerindeki olumsuz etkileri, epigenetik mekanizmalarla dengelenebilmektedir. Eren ve ark. (2023) tarafından buğdayda yapılan çalışmada, farklı poliamin konsantrasyonlarının DNA metilasyon düzeylerine etkisi değerlendirilmiş; özellikle spermidin'in yüksek dozlarının DNA hipermetilasyonu ile ilişkili olduğu, spermine'in ise hipometilasyona neden olduğu belirlenmiştir. Bu doz-bağımlı etkiler, epigenetik düzenlemelerin hassas ve kontrollü olduğunu göstermekte; uygulanan dozun hücrel yanıtı yönlendirdiği anlaşılmaktadır. Benzer şekilde, steroid yapıları bileşiklerin de buğday fidelerinde DNA metilasyonu ve retrotranspozon polimorfizmleri üzerinde yönlendirici etkiler oluşturduğu gösterilmiştir (Demirel ve ark., 2023).

Ağır metal toksisitesine karşı epigenetik stabilite, rejenerasyon süreçlerinde de büyük önem taşır. Dynkowska ve ark. (2025), Zn^{2+} ve Cu^{2+} iyonlarının farklı dozlarının çavdar anter kültürlerinde rejeneratif kapasiteyi epigenetik düzeyde etkilediğini ve Zn^{2+} uygulamasının yüksek glutasyon düzeyleriyle birlikte epigenetik homeostazı desteklediğini göstermiştir. Bu, epigenetik düzenlemelerin yalnızca stres toleransı değil, aynı zamanda doku kültürü ve bitki biyoteknolojisinde rejeneratif başarı üzerinde de belirleyici olduğunu ortaya koymaktadır.

Ağır metal stresine karşı geliştirilen epigenetik savunma sistemleri, klasik genetik ıslah yaklaşımlarının ötesinde bir potansiyel sunmaktadır. Poliamin uygulamalarının stres altındaki bitkilerde hem DNA metilasyonunu hem de gen ekspresyonunu dengeleyerek daha toleranslı fenotiplerin oluşmasına katkı sunduğu görülmektedir. Bu, epigenetik varyasyonların seçim süreçlerine dahil edilerek ağır metal toleransı yüksek bitki çeşitlerinin geliştirilmesinde kullanılabileceğini göstermektedir (Paul ve ark., 2018; Eren ve ark., 2023).

Ağır metal stresi, bitkisel genomda epigenetik düzeyde kalıcı ve yönlendirici etkiler oluşturmaktadır. DNA metilasyonu, histon modifikasyonları ve poliamin aracılı sinyal yolları sayesinde bitkiler, toksisiteye karşı uyum sağlayabilir. Poliaminler, bu süreçlerde yalnızca bir sinyal molekülü değil, aynı zamanda epigenetik denge sağlayıcı ajanlar olarak öne çıkmaktadır. Gelecekte, epigenetik temelli yaklaşımlar ile ağır metal stresine dayanıklı bitkilerin geliştirilmesi, sürdürülebilir tarım açısından kritik bir araştırma alanı olmaya devam edecektir.

6. Sonuç

Bu bölümde tartışılan bulgular, eksojen abiyotik uyarıların bitkilerde epigenetik yeniden programlamada kritik bir rol oynadığını açıkça göstermektedir. Poliaminler, melatonin ve silisyum gibi moleküller; DNA metilasyonu, histon modifikasyonları ve RNA tabanlı düzenlemeler aracılığıyla gen ekspresyonunu yeniden şekillendirerek bitkisel stres toleransını artırmaktadır. Özellikle tuz, kuraklık ve ağır metal stresine karşı geliştirilen epigenetik yanıtların, yalnızca mevcut nesilde değil, sonraki nesillerde de korunabilen bir “epigenetik hafıza” oluşturabileceği ortaya konmuştur. Bu durum, sürdürülebilir tarım için epigenetik mekanizmaların klasik ıslah programlarına entegre edilmesinin önemini vurgulamaktadır. Gelecekte yapılacak çalışmaların, eksojen uygulamaların doz, süre ve bitki türüne özgü farklılıklarını dikkate alarak epigenetik mühendislik ve biyoteknolojik stratejiler geliştirmesi beklenmektedir. Böylece hem stres toleransı yüksek çeşitlerin elde edilmesi hem de çevre dostu üretim sistemlerinin yaygınlaştırılması mümkün olacaktır.

Kaynaklar

- Arıkan, B., Çakır, Ö., & Kara, N. T. (2025). Epigenetic and transcriptomic features of stress memory during salt-stress priming in *Arabidopsis*. *Plant Science*, 112775.
- Arslan, E., Agar, G., & Aydın, M. (2019). Putrescine as a protective molecule on DNA damage and DNA methylation changes in wheat under drought. *Communications Faculty of Sciences University of Ankara Series C Biology*, 28(2), 170-187.
- Aydınyurt, R., Yağcı, S., Yaprak, E., Kasapoğlu, A. G., Muslu, S., Uçar, S., ... & Aydın, M. (2025). Epigenetic Evaluation of melatonin application in bean (*Phaseolus vulgaris* L.) genotypes under drought and salt stress conditions. *Plant Molecular Biology Reporter*, 1-19.
- Borromeo, I., Del Gallo, M., & Forni, C. (2025). Salt Stress and tomato resilience: from somatic to intergenerational priming memory. *Horticulturae*, 11(3), 236.
- Çelik, Ö., Meriç, S., Ayan, A., & Atak, Ç. (2019). Epigenetic analysis of WRKY transcription factor genes in salt stressed rice (*Oryza sativa* L.) plants. *Environmental and Experimental Botany*, 159, 121-131.
- Demirel, F., Türkoğlu, A., Haliloğlu, K., Eren, B., Özkan, G., Uysal, P., ... & Bocianowski, J. (2023). Mammalian sex hormones as steroid-structured compounds in wheat seedling: Template of the cytosine methylation alteration and retrotransposon polymorphisms with iPBS and CRED-iPBS techniques. *Applied Sciences*, 13(17), 9538.
- Demirel, S., Eroğlu, A., Eren, B., & Demirel, F. (2025). DNA methylation change and antioxidant enzyme activity of drought stress and putrescine treatment in ancient wheat (*Triticum monococcum* L.). *Cereal Research Communications*, 53(2), 771-781.
- Dynkowska, W. M., Orłowska, R., Waligórski, P., & Bednarek, P. T. (2025). Cu²⁺ and Zn²⁺ Ions affecting biochemical paths and DNA methylation of rye (*Secale cereale* L.) anther culture influencing plant regeneration efficiency. *Cells*, 14(15), 1167.
- Ebeed, H. T. (2022). Genome-wide analysis of polyamine biosynthesis genes in wheat reveals gene expression specificity and involvement of STRE and MYB-elements in regulating polyamines under drought. *BMC genomics*, 23(1), 734.
- Eren, B., Türkoğlu, A., Haliloğlu, K., Demirel, F., Nowosad, K., Özkan, G., ... & Bocianowski, J. (2023). Investigation of the influence of polyamines on mature embryo culture and DNA methylation of wheat (*Triticum aestivum* L.) using the machine learning algorithm method. *Plants*, 12(18), 3261.

- Fang, Y., Li, J., Jiang, J., Geng, Y., Wang, J., & Wang, Y. (2017). Physiological and epigenetic analyses of *Brassica napus* seed germination in response to salt stress. *Acta Physiologiae Plantarum*, 39(6), 128.
- Gao, A. J., Zhang, J. W., Zhang, X. S., Song, Y. X., Zhu, W. Y., Sun, F. L., ... & Zhang, C. (2025). Epigenetic regulation of switchgrass (*Panicum virgatum* L.) in multiple drought stresses. *Industrial Crops and Products*, 225, 120560.
- Hasanuzzaman, K. Nahar and M. Fujita (Eds.), Plants under metal and metalloids stress (pp. 171–194). Springer. https://doi.org/10.1007/978-981-13-2242-6_8
- Hu, Y., He, C., Gong, X., Xu, H., Chen, X., Shen, Y., ... & Shen, X. (2025). Epigenomic studies in sorghum reveal differential enrichment of multiple histone marks at clade A PP2C genes in response to drought. *New Crops*, 2, 100059.
- Kong, F., Xiao, Y., Li, J., & Wang, J. (2025). Insights into the salt stress response of allotetraploid *Brassica napus* from epigenetic modification and expression changes. *Plant Stress*, 101016.
- Li, Y., Yin, M., Wang, J., Zhao, X., Xu, J., Wang, W., & Fu, B. (2025). Epitranscriptome profiles reveal participation of the RNA methyltransferase gene OsMTA1 in rice seed germination and salt stress response. *BMC Plant Biology*, 25(1), 115.
- Majláth, I., Benczúr, K., Rahman, A., Janda, T., Likó, I., Kádas, J., & Pál, M. (2025). Putrescine treatment has a higher effect on 5mC DNA methylation profile of wheat leaves under white than under blue light conditions. *Scientific Reports*, 15(1), 22734.
- Nikolova, T., Todorova, D., Vatchev, T., Stoyanova, Z., Lyubenova, V., Taseva, Y., ... & Sergiev, I. (2025). Dose-dependent effect of the polyamine spermine on wheat seed germination, mycelium growth of fusarium seed-borne pathogens, and in vivo fusarium root and crown rot development. *Agriculture*, 15(15), 1695.
- Orhan, E., Uzundumlu, F., Yigider, E., & Aydin, M. (2020). The effect of putrescine on DNA methylation on cabbage plant under salt stress conditions. *Turkish Journal of Agriculture and Forestry*, 44(3), 301-311.
- Pandey, S. P., Chen, C., Singh, S., Maniar, J. N., Mishra, A., Bakshi, S., ... & Sharma, S. (2025). Transcriptional response of cultivated peanut (*Arachis hypogaea* L.) roots to salt stress and the role of DNA methylation. *Plant Cell Reports*, 44(6), 124.
- Paul, S., Banerjee, A., & Roychoudhury, A. (2018). Role of polyamines in mediating antioxidant defense and epigenetic regulation in plants exposed to heavy metal toxicity. In *Plants under metal and metalloids stress: Responses, tolerance and remediation* (pp. 229-247). Singapore: Springer Singapore.

- Safhi, F. A., & Thabet, S. G. (2025). Exploring the transgenerational epigenetic inheritance of drought stress responses in barley. *Plant Biotechnology Reports*, 1-19.
- Sheng, S., Wu, C., Xiang, Y., Pu, W., Duan, S., Huang, P., ... & Liu, L. (2022). Polyamine: a potent ameliorator for plant growth response and adaptation to abiotic stresses particularly the ammonium stress antagonized by urea. *Frontiers in Plant Science*, 13, 783597.
- Taspınar, M. S., Aydın, M., Sigmaz, B., Yildirim, N., & Agar, G. (2017). Protective role of humic acids against picloram-induced genomic instability and DNA methylation in *Phaseolus vulgaris*. *Environmental Science and Pollution Research*, 24(29), 22948-22953.
- Türkoğlu, A., Haliloğlu, K., Demirel, F., Demirel, S., Işık, M. İ., Aydın, A., ... & Alipoğlu, H. (2025). Drought-Induced genomic and epigenetic variations in Quinoa genotypes revealed by iPBS and CRED-iPBS marker systems. *Scientific Reports*, 15(1), 28060.
- Türkoğlu, A., Haliloğlu, K., Tosun, M., Bujak, H., Eren, B., Demirel, F., ... & Niedbała, G. (2023a). Ethyl methanesulfonate (EMS) mutagen toxicity-induced DNA damage, cytosine methylation alteration, and iPBS-retrotransposon polymorphisms in wheat (*Triticum aestivum* L.). *Agronomy*, 13(7), 1767.
- Türkoğlu, A., Haliloğlu, K., Tosun, M., Szulc, P., Demirel, F., Eren, B., ... & Niedbała, G. (2023b). Sodium azide as a chemical mutagen in wheat (*Triticum aestivum* L.): patterns of the genetic and epigenetic effects with iPBS and CRED-iPBS techniques. *Agriculture*, 13(6), 1242.
- Wang, Y., Su, Y., Peng, H., Han, M., Lin, S., Cheng, X., ... & Zhang, Z. (2025). The histone methyltransferase PRMT5 mediates the epigenetic modification to modulate high temperatures and tea quality in tea plants (*Camellia sinensis*). *Plant, Cell & Environment*, 48:5973–5992
- Yadav, S., Kalwan, G., Gill, S. S., & Jain, P. K. (2025). The ABC transporters and their epigenetic regulation under drought stress in chickpea. *Plant Physiology and Biochemistry*, 223, 109903.
- Yung, W. S., Wang, Q., Chan, L. Y., Wang, Z., Huang, M., Li, M. W., ... & Lam, H. M. (2024). DNA hypomethylation is one of the epigenetic mechanisms involved in salt-stress priming in soybean seedlings. *Plant, Cell & Environment*, 1-13.

Tarla Bitkilerinde Abiyotik Stres Tepkilerinin Epigenetik Düzenlenmesi

Mehmet Zeki Koçak¹

Özet

Bitkiler, yaşam döngüleri boyunca hem biyotik hem de abiyotik streslerin sürekli etkisi altındadır. Tarımsal üretimde verim ve kaliteyi sınırlandıran en önemli abiyotik stres etmenleri arasında sıcaklık dalgalanmaları, kuraklık, toprak tuzluluğu ve düşük sıcaklık koşulları öne çıkmaktadır. Bu olumsuz çevresel faktörler, yalnızca ürün miktarını azaltmakla kalmayıp, aynı zamanda bitkisel üretimin ekonomik ve besinsel değerini de önemli ölçüde düşürmektedir. Bitkiler, yüksek uyum kapasitesi ve savunma yetenekleri sayesinde bu zorlu koşullar karşısında çok yönlü yanıt mekanizmaları geliştirmiştir. Özellikle genetik düzenlemelerin yanı sıra, epigenetik süreçler (DNA metilasyonu, histon modifikasyonları ve kromatin yeniden yapılanması gibi) bitkilerin stres koşullarında hayatta kalabilmesi ve gelişimini sürdürebilmesi açısından kritik bir rol üstlenmektedir. Epigenetik düzenlemeler, gen ekspresyonunun çevresel sinyallere göre dinamik olarak kontrol edilmesini sağlamakta; böylece stres faktörlerine hızlı, esnek ve kalıcı yanıtların oluşmasına aracılık etmektedir. Her bir abiyotik stres tipi, bitkilerde kendine özgü epigenetik yanıtların şekillenmesine yol açmakta ve bu durum, stres adaptasyonunun çok katmanlı ve karmaşık doğasını gözler önüne sermektedir. Örneğin, kuraklık koşullarında su tutma kapasitesini artıran genlerin aktive edilmesi veya tuzluluk altında iyon homeostazisini düzenleyen yolların epigenetik olarak kontrol edilmesi, bitkinin stres toleransını güçlendiren temel adaptasyon stratejileri arasında yer almaktadır. Bu derleme, epigenetik mekanizmaların bitkilerin abiyotik stres koşullarına karşı geliştirdiği adaptif yanıtları anlamadaki belirleyici rolünü vurgulamaktadır. Ayrıca, son yıllarda yürütülen araştırmaların ortaya koyduğu bulgular ışığında, epigenetik düzenlemelerin bitkisel stres biyolojisine kazandırdığı yeni perspektifler ele alınmaktadır. Bu bilgiler, gelecekte stres toleransı yüksek bitki çeşitlerinin geliştirilmesine yönelik yenilikçi ve sürdürülebilir tarımsal stratejilerin oluşturulmasına güçlü bir bilimsel temel sunmaktadır.

1 Doç. Dr. Iğdır Üniversitesi Ziraat Fakültesi, Tarla Bitkileri Bölümü, Iğdır/Türkiye, mehmetzekikocak@gmail.com, ORCID ID: <https://orcid.org/0000-0002-8368-2478>

1. Giriş

Dünya nüfusunun hızla artması ve küresel iklim değişikliğinin bitkisel üretim üzerindeki olumsuz yansımaları, tarımsal verimlilik ve ürün kalitesinin sürdürülebilir biçimde artırılmasını zorunlu kılmaktadır. Bu hedefe ulaşabilmenin, bitki fizyolojisi, genetik ve biyoteknoloji disiplinlerinin entegrasyonunu temel alan modern ıslah programlarıyla mümkün olabilmektedir. Genetik materyal aktarımı bu süreçlerin vazgeçilmez bir ön koşulu olmakla birlikte, son yıllarda epigenetik mekanizmaların bitki fenotipi üzerindeki etkilerine dair artan bilgi birikimi, bitki geliştirme çalışmalarına yeni bir ivme kazandırmıştır. Nitekim bitki gelişim süreçleri, fenotipik plastisite ve çevresel stres faktörlerine karşı verilen adaptif yanıtlar, büyük ölçüde epigenetik düzenleme tarafından yönlendirilmektedir. Bu durum, genotip-fenotip ilişkilerinin yeniden yorumlanmasına zemin hazırlamıştır (Chassy ve ark., 2002; Steinwand ve Ronald, 2020). Epigenetik varyasyonların yalnızca gelişimsel süreçler ve stres yanıtları üzerinde değil; aynı zamanda solunum etkinliği, enerji kullanım verimliliği, verim bileşenleri ve tohum kalitesi gibi tarımsal açıdan kritik özellikler üzerinde de etkili olduğu ortaya konmuştur. Moleküler düzeyde ise, gen transkripsiyonunun yalnızca DNA dizisi tarafından değil, genlerin kromozom içerisindeki organizasyonu ve epigenetik düzenleme mekanizmaları tarafından da belirlendiği vurgulanmaktadır (Meyer, 2015; Tresas ve ark., 2025). Bu bulgular, epigenetik süreçlerin bitki verim ve kalite parametrelerini düzenlemenin ötesinde, özellikle abiyotik stres koşullarında adaptif yanıtların şekillenmesinde de merkezi bir rol üstlendiğini göstermektedir. Çevresel değişiklikler, gen ekspresyonundaki farklılıklar ve fenotipik varyasyonlarla ilişkili kalıtsal epigenetik değişimlere yol açabilmekte; bu durum epibreeding yaklaşımlarının geliştirilmesi için değerli bir kaynak oluşturmaktadır (Liu ve ark., 2015; Yetgin, 2023; Hamdan ve ark., 2025).

Abiyotik stres faktörleri arasında sıcaklık dalgalanmaları, kuraklık, tuzluluk ve ağır metal toksisitesi öne çıkmaktadır. Bitkiler, iklimsel değişkenliklerin öngörülemezliği nedeniyle bu streslere sıklıkla maruz kalmakta ve buna karşı epigenetik mekanizmalar aracılığıyla gen ekspresyonunun yeniden düzenlenmesini içeren kompleks adaptasyon stratejileri geliştirmektedir (Ali ve ark., 2021; Hamdan ve ark., 2025). Bu süreçler, gen ifadesinde kalıcı değişikliklere yol açarak yalnızca vejetatif büyüme döneminde yeni hücrelere değil, aynı zamanda nesiller arası aktarım yoluyla yavru bireylere de taşınabilmektedir. Bu olgu, epigenetik kalıtımın somut bir yansımasıdır. Dolayısıyla epigenetik, genotip ve fenotip arasındaki köprü olarak tanımlanmakta; gen aktivitesinin aynı DNA dizisi bağlamında alternatif biçimlerde düzenlenebilmesini mümkün kılmaktadır (Kubota, 2016; Zhang

ve ark., 2024). Epigenetik modifikasyonlar, bitki ıslah programlarında kullanılabilecek yeni nesil belirteçler olarak değerlendirilmektedir. Model bitkilerden tarla bitkilerine epigenetik sistemlerin aktarımı çeşitli zorluklar içerse de, bu sorunları aşmaya yönelik yüksek verimli teknolojiler hızla gelişmektedir.

Tablo 1. Bitkilerde epigenetik düzenleme mekanizmaları, fizyolojik etkileri, stres toleransındaki rolleri ve tarımsal önemi

Epigenetik Mekanizma	Moleküler Temel	Fizyolojik Etkiler	Stres Toleransındaki Rol	Tarımsal Önemi
DNA Metilasyonu	Sitozin bazlarına metil grubu eklenmesi	Gen ekspresyonunun baskılanması veya düzenlenmesi; gelişimsel süreçlerin kontrolü	Kuraklık, tuzluluk ve sıcaklık stresine yanıt veren genlerin açılıp kapanmasını sağlar	Çimlenme, büyüme ve verim parametrelerinde stabilite sağlar; stres koşullarında adaptasyonu artırır.
Histon Modifikasyonları	Histon proteinlerinde kimyasal değişiklikler; kromatin yapısının gevşemesi veya sıkılaşması	Transkripsiyonel aktivitenin düzenlenmesi; hücre döngüsü ve farklılaşmada rol	Abiyotik stres sinyallerine hızlı transkripsiyonel yanıt oluşumunu sağlar.	Epigenetik çeşitliliği artırarak ıslah çalışmalarına katkı sağlar.
Küçük RNA'lar (miRNA, siRNA, tasiRNA)	mRNA'nın parçalanması veya translasyonunun baskılanması	Gelişimsel ve metabolik genlerin ince ayarlı düzenlenmesi	Tuz stresi, kuraklık ve patojenlere karşı savunma yanıtlarını kontrol eder	Enerji kullanımını optimize ederek stres altında verim kaybını azaltır.
Kromatin Yeniden Şekillenmesi	Nükleozomların konumlarının değişmesi; DNA'ya erişimin yeniden düzenlenmesi	Uzun süreli gen aktivasyonu veya baskılanması	Çevresel stres koşullarına epigenetik hafıza kazandırır.	Streslere dayanıklı yeni bitki çeşitlerinin geliştirilmesine temel oluşturur.

Zhang ve ark., 2018; Luo ve ark., 2017; Khrainesh ve ark., 2012; Han ve ark., 2015

Kromatin yapısındaki değişimlere aracılık eden epigenetik düzenlemeler, gen ekspresyonunu doğrudan etkileyerek bitki büyümesini yönlendirmekte ve çevresel girdilere karşı fenotipik yanıtların belirlenmesinde rol oynamaktadır. DNA dizisi varyasyonlarının yanı sıra epigenetik modifikasyonların dikkate alınması, ıslah çalışmalarında öngörü gücünü artırmakta; bitki performansını daha doğru tahmin etme ve ürün verimini yükseltme potansiyeli sunmaktadır.

Bu bağlamda, epibreeding olarak adlandırılan epigenetik varyasyonların bitki geliştirme amacıyla kullanılması, tarımsal ıslah alanında geniş bir uygulama yelpazesi sunmaktadır (Kakoulidou ve ark., 2021; Samantara ve ark., 2021). Epigenetik, DNA dizisinde herhangi bir değişiklik olmaksızın; DNA metilasyonu, histonların post-translasyonel modifikasyonları ve RNA aracılı susturma gibi mekanizmalar yoluyla gen ekspresyonunda meydana gelen kalıtsal değişimlerin incelenmesini kapsamaktadır. Tarımsal açıdan önemli epigenetik varyantlar birçok kültür bitkisinde tanımlanmıştır. Örneğin, çeltikte cüce fenotip, elmada antosiyanin üretimi, kolzada yağ içeriği, güvercin bezelyesinde heterozis, ananasta somatik embriyogenez, soyada verim ve stabilite artışı, kavunda cinsiyet belirlenmesi ve domateste meyve olgunlaşması epigenetik varyasyonlarla ilişkilendirilmiştir (Kumari ve ark., 2022). Bu bulgular, epigenetik düzenlemelerin DNA metilasyonu, histon modifikasyonları ve küçük RNA'lar aracılığıyla gen ekspresyonunu yeniden şekillendirdiğini; böylelikle bitki fizyolojisi, verimlilik ve stres toleransında kritik bir rol üstlendiğini açıkça ortaya koymaktadır (Yetgin, 2023).

2. Epigenetik Modifikasyonlar

Epigenetik modifikasyonlar, DNA dizisinde herhangi bir değişiklik olmaksızın gen ekspresyonunu düzenleyen, kalıtsal veya geri dönüşümlü moleküler mekanizmalardır. Bitkilerde bu mekanizmalar; gelişimsel süreçlerin kontrolünde, stres yanıtlarının düzenlenmesinde ve çevresel adaptasyonun sağlanmasında kritik roller üstlenir. Epigenetik düzenleme sistemleri, DNA metilasyonu, histon post-translasyonel modifikasyonları, kromatin yeniden yapılanması ve küçük RNA aracılı yolları kapsamaktadır. Bu mekanizmalar genellikle koordineli bir şekilde çalışarak fenotipik plastisiteyi artırmakta ve bitkilerin çevresel değişkenliklere karşı adaptif yanıtlar geliştirmesine aracılık etmektedir (Thakur ve Prasad, 2024).

2.1. DNA Metilasyonu;

DNA metilasyonu, bitkilerde en kapsamlı şekilde incelenmiş epigenetik mekanizmalardan biridir. Temel olarak, sitozin bazının C5 pozisyonuna metil grubunun eklenmesiyle 5-metilsitozin (5mC) oluşumunu ifade eder (Law & Jacobsen, 2010). Bu kimyasal işaret, genom üzerinde kalıcı, kuşaklar arası aktarılabilir ve gen ekspresyonunun mekânsal-zamansal düzenlenmesinde kritik rol oynar. Bitkilerde DNA metilasyonu yalnızca gen aktivitesini düzenlemekle kalmaz; transpozon elementlerinin susturulması, genomik stabilitenin korunması ve genomik imprinting gibi süreçlerde de merkezi işlev üstlenir (Talarico ve ark., 2024).

Memelilerde DNA metilasyonu genellikle CG bölgeleriyle sınırlıyken, bitkilerde CG, CHG ve CHH (H = A, C veya T) metilasyon motifleri yaygın olarak bulunur (Lister et al., 2009; Zhang et al., 2018). Bu geniş metilasyon spektrumu, bitkilere stres koşullarına karşı dinamik düzenleme kapasitesi kazandırır (He et al., 2011; Miryeganeh & Saze, 2020). Çevresel stres faktörlerinin tetiklediği metilasyon desenlerindeki değişiklikler, gen ekspresyonunu yeniden şekillendirerek fenotipik esnekliği artırmakta ve stres toleransını güçlendirmektedir (Sun ve ark., 2022).

2.2. Histon Modifikasyonları;

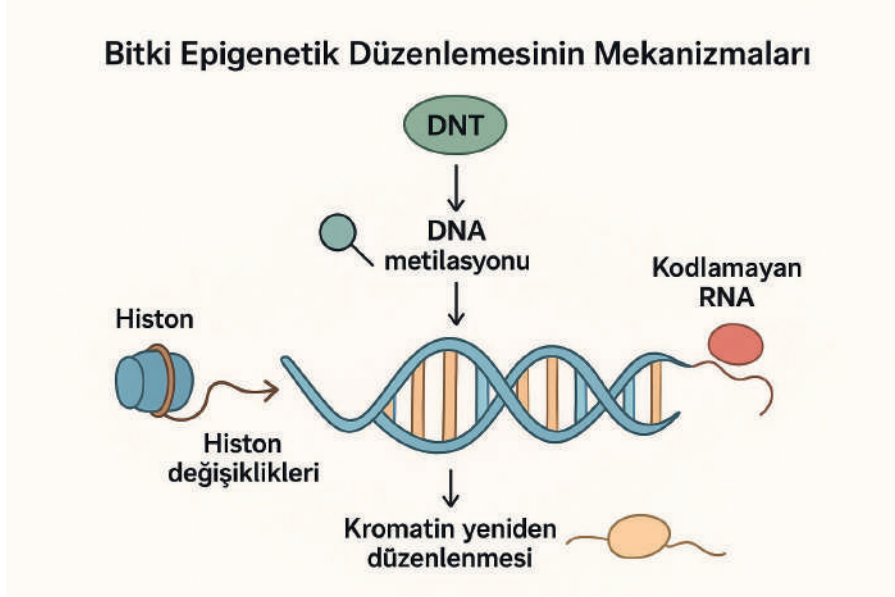
Histon modifikasyonları, DNA dizisi değişmeden kromatin yapısının ve gen ekspresyonunun dinamik biçimde düzenlenmesini sağlayan temel epigenetik mekanizmalardır. Nükleozom histon kuyruklarındaki asetilasyon, metilasyon, fosforilasyon, ubiquitinasyon ve sumolasyon gibi değişiklikler kromatinin erişilebilirliğini belirler. Genel olarak asetilasyon gen aktivasyonu ile, metilasyon ise bağlandığı bölgeye bağlı olarak aktivasyon ya da baskılama ile ilişkilidir. Örneğin, H3K4me3 ve H3K36me3 aktif kromatin bölgeleriyle, H3K9me2 ve H3K27me3 ise susturulmuş bölgelerle bağlantılıdır (Loscalzo ve Handy, 2014).

Arabidopsis thaliana’da PRC2 aracılı H3K27me3 işareti, FLC geninin susturulmasında ve çiçeklenme zamanlamasının kontrolünde kritik rol oynamaktadır. Bu mekanizma, antisens transkriptler (COOLAIR), transkripsiyonel süreçler ve ışık/şeker sinyalleriyle etkileşim içinde işlemektedir. Histon asetilasyonu tarafında ise GCN5 ve ilişkili HAT’lar, HDAC’lar ve JmjC-domain demetilazlar, bitki gelişimi, hormon sinyali ve stres yanıtlarının düzenlenmesinde işlev görmektedir. Histon modifikasyonları, “epigenetik stres hafızası” oluşumuna da aracılık etmektedir. Kuraklık, sıcaklık ve soğuk gibi abiyotik streslerde histon işaretlerinin korunması veya yeniden düzenlenmesi, bitkilerin stres sonrası adaptif tepkiler geliştirmesinde kritik rol oynamaktadır. Nitekim H3K4, H3K9, H3K27 ve H3K36 metilasyonlarının, stres koşullarında bağlamsal olarak farklı gen setlerini düzenlediği ve hormon sinyalleriyle çapraz konuşmalar kurduğu gösterilmiştir. Ayrıca SUMO yolunun histon asetilasyonu ile kesişmesi (ör. ZmGCN5’in SUMOylasyonu) stres adaptasyonuna yeni düzenleyici katmanlar eklemektedir (Zhang ve ark., 2020; Liu ve ark., 2023).

2.3. miRNA Modifikasyonları;

MikroRNA’lar (miRNA’lar), bitkilerde gen ekspresyonunun post-transkripsiyonel düzeyde düzenlenmesinde görev alan küçük RNA molekülleridir. Genellikle 20–24 nükleotid uzunluğunda olan miRNA’lar,

hedef mRNA'ların parçalanmasını veya translasyon baskılanmasını sağlar. Bununla birlikte, miRNA biyogenezi ve işlevselliği çeşitli modifikasyonlarla hassas biçimde kontrol edilmektedir. MIR genlerinden RNA Pol II aracılığıyla sentezlenen pri-miRNA'lar, DCL1, HYL1 ve SE gibi proteinlerle işlenir; ardından HEN1 aracılığıyla 3' uçlarında 2'-O-metilasyonla stabilize edilir. Başlıca miRNA modifikasyonları arasında metilasyon, uridilasyon, adenilasyon ve RNA editlenmesi yer alır (Jia ve ark., 2025).



Şekil 1. Bitki Epigenetik Düzenlemesinin Mekanizması

Bu değişiklikler miRNA'ların stabilitesi, hedef özgüllüğü ve yıkım süreçlerini düzenleyerek gelişimsel programların ve stres yanıtlarının hassas kontrolünü sağlar. Örneğin, miR156-SPL modülü çiçeklenme geçişinde metilasyon ile stabilize edilirken, uridilasyon stres altında hızlı gen ekspresyon değişikliklerine aracılık eder. Ayrıca, virüs kaynaklı küçük RNA'larla rekabet eden miRNA modifikasyonları bağışıklık tepkilerini düzenler. Tarımsal biyoteknoloji açısından miRNA modifikasyonlarının manipülasyonu, stres toleransı yüksek ve verim kapasitesi artırılmış bitki çeşitlerinin geliştirilmesinde önemli fırsatlar sunmaktadır. CRISPR/dCas9 tabanlı epigenetik düzenleme yaklaşımları ile miRNA biyogenezinde görevli enzimlerin hedeflenmesi, epibreeding uygulamaları için yeni ufuklar açmaktadır (Nowak ve ark., 2024).

3. Tarımsal Önemi;

Epigenetik mekanizmalar, bitkilerde çevresel sinyallerin, gelişimsel ipuçlarının ve stres faktörlerinin bütüncül bir şekilde entegre edilmesini sağlayarak fizyolojik ve metabolik süreçlerin esnek uyumunu mümkün kılmaktadır. Bu düzenleme kapasitesi sayesinde bitkiler, kuraklık, tuzluluk, aşırı sıcaklık ve patojen saldırıları gibi abiyotik ve biyotik stres koşullarına karşı hızlı, etkili ve çoğu zaman kalıcı fenotipik yanıtlar geliştirebilmektedir.

DNA metilasyonu, histon modifikasyonları, küçük RNA'lar ve kromatin yeniden şekillenmesi gibi epigenetik düzenleyici yollar, gen ekspresyonunun hassas kontrolünü üstlenerek stres yanıtlarının dinamik biçimde koordine edilmesini sağlamaktadır. Bu mekanizmalar; büyüme, fotosentez etkinliği, enerji kullanımı ve besin dağılımı gibi tarımsal açıdan kritik fizyolojik parametrelerin optimize edilmesine aracılık eder (Tresas ve ark., 2025). Böylelikle bitkiler, stres koşullarında hem ürün verimini hem de tohum kalitesini koruma ve hatta artırma potansiyeline sahip olur. Epigenetik düzenlemelerin önemi yalnızca stres toleransının güçlendirilmesiyle sınırlı değildir. Aynı zamanda fenotipik çeşitliliğin, adaptif özelliklerin ve genetik olmayan kalıtsal varyasyonların zenginleşmesine katkı sağlayarak sürdürülebilir tarım ve modern ıslah çalışmalarında yenilikçi stratejilerin geliştirilmesine güçlü bir bilimsel temel sunmaktadır. Özellikle nesiller arası epigenetik aktarım, bitkilerin deneyimlediği stres koşullarına bağlı olarak progeny bireylerde daha yüksek tolerans düzeyleri ve iyileştirilmiş verim performansı şeklinde somut faydalar sağlayabilmektedir (Abdulraheem ve ark., 2024).

4. Sonuç

Epigenetik mekanizmalar, bitki biyolojisinde merkezi bir düzenleyici katmanı temsil ederek çevresel sinyallerin, gelişimsel ipuçlarının ve stres yanıtlarının entegrasyonunu düzenler ve bunların adaptif fizyolojik ve metabolik çıktılara dönüştürülmesini sağlar. DNA metilasyonu, histon modifikasyonları, küçük RNA'lar ve kromatin yeniden şekillenmesi, gen ekspresyonunu hassas bir şekilde ayarlamak üzere birlikte işlev görmek ve böylece bitkilerin kuraklık, tuzluluk, aşırı sıcaklık dalgalanmaları ve patojen saldırıları gibi abiyotik ve biyotik stres faktörlerine karşı direnç göstermelerini mümkün kılmaktadır. Bu mekanizmalar yalnızca stres toleransı sağlamakla kalmaz; aynı zamanda fotosentetik etkinliği, enerji kullanımını ve üreme başarısını optimize ederek olumsuz koşullar altında ürün verimi ve tohum kalitesini güvence altına almaktadır. Dahası, bazı epigenetik modifikasyonların kalıtsal niteliği, strese ilişkin moleküler bir hafıza oluşturarak sonraki nesillerin

geliştirilmiş tolerans ve üstün performansla donatılmasını sağlamaktadır. Son yıllarda kaydedilen ilerlemeler, epigenetik varyasyonların bitki ıslahında değerli belirteçler olarak kullanılabileceğini ortaya koymuş ve epibreeding kavramının gelişmesine zemin hazırlamıştır. Bu yaklaşım, geleneksel ve moleküler ıslah stratejilerini tamamlayıcı nitelikte olup, yüksek verimli ve iklim değişikliklerine dayanıklı kültürlerin geliştirilmesi için umut vadeden bir yol sunmaktadır. Bununla birlikte, önemli ilerlemelere rağmen, model bitkilerden başlıca tarımsal türlere elde edilen bulguların aktarılması, epigenetik işaretlerin kuşaklar arası stabilitesinin çözülmesi ve epigenetik düzenlemenin karmaşıklığını tam anlamıyla ortaya koyabilmek için çoklu-omik yaklaşımların entegrasyonu gibi kritik zorluklar halen varlığını sürdürmektedir. Buna ek olarak, epigenetiğin sistem biyolojisi, yapay zekâ ve iklim dostu tarımsal uygulamalarla birleştirilmesi, adaptif plastisitenin daha derinlemesine anlaşılmasına katkı sağlayacak ve sürdürülebilir gıda üretimi için yeni ufuklar açacaktır. Sonuç olarak, epigenetik yalnızca bitki dayanıklılığına ilişkin anlayışımızı derinleştirmekle kalmayıp, aynı zamanda küresel iklim değişikliği çağında tarım için dönüştürücü bir potansiyel de taşımaktadır. Epigenetik bilgidен yararlanılarak, artan dünya nüfusunun gıda güvenliğini sağlamak amacıyla, toleransı, stabilitesi ve üretkenliği artırılmış bitki çeşitlerinin geliştirilmesine yönelik yenilikçi stratejiler tasarlamak mümkün olacaktır.

Kaynaklar

- Abdulraheem, M. I., Xiong, Y., Moshood, A. Y., Cadenas-Pliego, G., Zhang, H., & Hu, J. (2024). Mechanisms of plant epigenetic regulation in response to plant stress: recent discoveries and implications. *Plants*, 13(2), 163.
- Ali, S., Khan, N., & Tang, Y. (2022). Epigenetic marks for mitigating abiotic stresses in plants. *Journal of Plant Physiology*, 275, 153740.
- Chassy, B. M., Parrott, W. A., & Roush, R. (2005). Crop biotechnology and the future of food: a scientific assessment. *CAST Commentary. QTA*, 2, 2011-05.
- Hamdan, S., Al-Fayez, M., & Chahine, A. (2025). The Role of Epigenetics in Plant Adaptation to Environmental Stress. *Research of Scientia Naturalis*, 2(1), 42-51.
- Han, S. K., Wu, M. F., Cui, S., & Wagner, D. (2015). Roles and activities of chromatin remodeling ATPases in plants. *The Plant Journal*, 83(1), 62–77.
- Kakoulidou, I., Avramidou, E. V., Baránek, M., Brunel-Muguet, S., Farrona, S., Johannes, F., & Maury, S. (2021). Epigenetics for crop improvement in times of global change. *Biology*, 10(8), 766.
- He, X.J., Chen, T., & Zhu, J.K. (2011). Regulation and function of DNA methylation in plants and animals. *Cell Research*, 21, 442–465.
- Jia, H., Li, P., Li, M., Liu, N., Dong, J., Qu, Q., & Cao, Z. (2025). Trans-Kingdom RNA Dialogues: miRNA and milRNA Networks as Biotechnological Tools for Sustainable Crop Defense and Pathogen Control. *Plants*, 14(8), 1250.
- Kawakatsu, T., & Ecker, J.R. (2019). Diversity and dynamics of DNA methylation: Epigenomic resources and tools for crop breeding. *Plant and Cell Physiology*, 60(1), 243–254.
- Khraiwesh, B., Zhu, J. K., & Zhu, J. (2012). Role of miRNAs and siRNAs in biotic and abiotic stress responses of plants. *Biochimica et Biophysica Acta (BBA) - Gene Regulatory Mechanisms*, 1819(2), 137–148.
- Kumari, P., Khan, S., Wani, I. A., Gupta, R., Verma, S., Alam, P., & Alaklabi, A. (2022). Unravelling the role of epigenetic modifications in development and reproduction of angiosperms: a critical appraisal. *Frontiers in genetics*, 13, 819941.
- Kubota, T. (2016). Epigenetic alterations induced by environmental stress associated with metabolic and neurodevelopmental disorders. *Environmental epigenetics*, 2(3), 017.
- Law, J.A., & Jacobsen, S.E. (2010). Establishing, maintaining and modifying DNA methylation patterns in plants and animals. *Nature Reviews Genetics*, 11, 204–220.

- Lister, R., et al. (2009). Human DNA methylomes at base resolution show widespread epigenomic differences. *Nature*, 462, 315–322.
- Liu, X., Luo, M., Yang, S., & Wu, K. (2015). Role of epigenetic modifications in plant responses to environmental stresses. In *Nuclear Functions in Plant Transcription, Signaling and Development* (pp. 81-92). New York, NY: Springer New York.
- Liu, R., Wu, J., Guo, H., Yao, W., Li, S., Lu, Y., ... & Zhang, H. (2023). Post-translational modifications of histones: Mechanisms, biological functions, and therapeutic targets. *MedComm*, 4(3), e292.
- Loscalzo, J., & Handy, D. E. (2014). Epigenetic modifications: basic mechanisms and role in cardiovascular disease (2013 Grover Conference series). *Pulmonary circulation*, 4(2), 169-174.
- Luo, M., Liu, X., Singh, P., Cui, Y., Zimmerli, L., & Wu, K. (2017). Chromatin modifications and remodeling in plant abiotic stress responses. *Biochimica et Biophysica Acta (BBA) - Gene Regulatory Mechanisms*, 1860(1), 39–46.
- Meyer, P. (2015). Epigenetic variation and environmental change. *Journal of Experimental Botany*, 66(12), 3541-3548.
- Miryeganeh, M., & Saze, H. (2020). Epigenetic inheritance and plant evolution. *Population Ecology*, 62(1), 17–27.
- Nowak, K., Wójcik, A. M., Konopka, K., Jarosz, A., Dombert, K., & Gaj, M. D. (2024). miR156-SPL and miR169-NFYA modules regulate the induction of somatic embryogenesis in Arabidopsis via LEC-and auxin-related pathways. *International Journal of Molecular Sciences*, 25(17), 9217.
- Talarico, E., Zambelli, A., Araniti, E., Greco, E., Chiappetta, A., & Bruno, L. (2024). Unravelling the epigenetic code: DNA methylation in plants and its role in stress response. *Epigenomes*, 8(3), 30.
- Thakur, R., & Prasad, P. (2024). Epigenetic regulation of abiotic stress responses in plants. *Biochimica et Biophysica Acta (BBA)-General Subjects*, 1868(9), 130661.
- Tresas, T., Isaoglou, I., Roussis, A., & Haralampidis, K. (2025). A Brief Overview of the Epigenetic Regulatory Mechanisms in Plants. *International Journal of Molecular Sciences*, 26(10), 4700.
- Samantara, K., Shiv, A., de Sousa, L. L., Sandhu, K. S., Priyadarshini, P., & Mohapatra, S. R. (2021). A comprehensive review on epigenetic mechanisms and application of epigenetic modifications for crop improvement. *Environmental and Experimental Botany*, 188, 104479.
- Steinwand, M. A., & Ronald, P. C. (2020). Crop biotechnology and the future of food. *Nature Food*, 1(5), 273-283.

- Sun, M., Yang, Z., Liu, L., & Duan, L. (2022). DNA methylation in plant responses and adaption to abiotic stresses. *International Journal of Molecular Sciences*, 23(13), 6910.
- Yetgin, A. (2023). Exploring the Role of Epigenetics in Plant Adaptation to Environmental Stress. *Journal of Epigenetics*, 4(2), 10-21.
- Zhang, H., Lang, Z., & Zhu, J.K. (2018). Dynamics and function of DNA methylation in plants. *Nature Reviews Molecular Cell Biology*, 19, 489–506.
- Zhang, Y. Z., Yuan, J., Zhang, L., Chen, C., Wang, Y., Zhang, G., ... & Duan, C. G. (2020). Coupling of H3K27me3 recognition with transcriptional repression through the BAH-PHD-CPL2 complex in Arabidopsis. *Nature communications*, 11(1), 6212.
- Zhang, M., Hu, T., Ma, T., Huang, W., & Wang, Y. (2024). Epigenetics and environmental health. *Frontiers of Medicine*, 18(4), 571-596.

Geleceğin Yabancı Ot Bilimi ve Kontrol Stratejilerinin Şekillendirilmesinde Epigenetik Mekanizmaların Rolü

Seren Doğar¹

Harun Alptekin²

Ramazan Gürbüz³

Özet

Yabancı ot bilimi, moleküler biyolojideki gelişmelerin yabancı ot adaptasyonuna ve kalıcılığına katkıda bulunan karmaşık düzenleyici katmanları ortaya çıkarmasıyla paradigma değişimine uğramaktadır. Bunlar arasında, DNA metilasyonu, histon modifikasyonları ve küçük kodlamayan RNA'lar dahil olmak üzere epigenetik mekanizmalar, stres tepkilerinin, fenotipik esnekliğin ve direnç evriminin temel düzenleyicileri olarak ortaya çıkmaktadır. Genetik mutasyonların aksine, epigenetik modifikasyonlar geri dönüşümlü ve dinamik olup, yabancı otların herbisit maruziyeti, kuraklık, tuzluluk veya besin kısıtlaması gibi dalgalanan çevre koşullarına hızla yanıt vermesini sağlamaktadır. Son araştırmalar, epigenetik düzenlemenin, sitokrom P450'ler ve glutasyon transferazlar aracılığıyla detoksifikasyon yollarını geliştirerek veya hedef bölge genlerinin ekspresyonunu değiştirerek herbisit direncine aracılık edebileceğini göstermektedir. Dahası, epigenetik stres hafızası, adaptif özelliklerin nesiller arası kalıtımını kolaylaştırarak, yavruların tekrarlayan tarımsal uygulamalardan kaynaklanan baskılar altında hayatta kalmaya olanak sağlamaktadır. Bu uyarlanabilir esneklik, genellikle öngörülebilir genetik direnç modellerine dayanan geleneksel yabancı ot yönetimi stratejileri için bir zorluk teşkil etmektedir. Ancak bu içgörüler,

- 1 Arş. Gör., Iğdır Üniversitesi, Ziraat Fakültesi, Bitki koruma Bölümü, Iğdır/Türkiye, ORCID ID: <https://orcid.org/0000-0003-2757-594X>
- 2 Dr. Öğr. Üyesi, Iğdır Üniversitesi, Ziraat Fakültesi, Zootehni Bölümü, Iğdır/Türkiye, ORCID ID: <https://orcid.org/0000-0001-9319-311X>
- 3 Doç. Dr., Iğdır Üniversitesi, Ziraat Fakültesi, Bitki koruma Bölümü, Iğdır/Türkiye, ORCID ID: <https://orcid.org/0000-0003-3558-9823>

inovasyon için yeni yollar da açmaktadır. CRISPR/dCas9 gibi epigenom düzenleme araçları, epigenetik efektörlerle birleştirildiğinde, DNA dizilerini değiştirmeden gen ifadesini manipüle etmek için kullanılabilmekte ve direnç mekanizmalarının hedefli olarak baskılanması için potansiyel sunabilmektedir. Ayrıca, epigenetik biyobelirteçlerin öngörülen modellere entegre edilmesi, dirençli popülasyonların erken tespitini sağlayabilmekte ve bölgeye özgü yönetimi yönlendirebilmektedir. Tarımsal sistemler sürdürülebilirliğe doğru geçiş yaparken, epigenetik süreçleri anlamak ve bunlardan yararlanmak, daha etkili, uyarlanabilir ve çevre dostu yabancı ot kontrol stratejileri tasarlamak için kritik öneme sahip olacaktır. Bu nedenle, epigenetiğin yabancı ot bilimine dahil edilmesi, yalnızca temel araştırmaların bir sınırını değil, aynı zamanda entegre yabancı ot yönetiminin geleceğini şekillendirmek için pratik bir çerçeveyi de temsil etmektedir.

1. Giriş

Yabancı otlar, dünya çapında tarımsal üretim alanlarında son derece önemli verim ve kalite kayıplarına sebep olan en önemli bitki koruma sorunlarının başında gelmektedir. Yetiştirilen kültür bitkileriyle ışık, besin maddeleri ve su için kültür bitkileriyle rekabet ederken aynı zamanda zararlılar ve hastalıklar için konukçuluk görevi görmektedirler (Zimdahl ve Basinger, 2024). Herbisit geliştirme ve yabancı ot yönetimi uygulamalarında yıllardır süren yeniliklere rağmen, yabancı ot türlerinin çok farklı çevreye uyum sağlama kapasitesinden dolayı kontrol stratejilerini sekteye uğratmaya ve gıda güvenliğini tehdit etmeye devam etmektedir (Powles ve Yu, 2010). Geleneksel olarak, yabancı ot bilimindeki araştırmalar, herbisit direnci kazandıran genetik mutasyonlara, rekabet gücünü artıran fizyolojik özelliklere ve yabancı ot-kültür bitkisi rekabetini etkileyen ekolojik dinamiklere odaklanmıştır (Délye, 2013; Neve ve ark., 2014). Bu alanlar kritik öneme sahip olmakla birlikte, giderek artan bulgular, DNA dizilimindeki varyasyondan bağımsız gen ifadesindeki kalıtsal değişikliklerin (toplu olarak epigenetik mekanizmalar olarak adlandırılır) yabancı ot uyumunu şekillendirmede merkezi bir rol oynadığını göstermektedir (Richards ve ark., 2017; Verhoeven ve Preite, 2014).

DNA metilasyonu, histon transkripsiyon sonrası modifikasyonları ve küçük RNA'lar tarafından düzenlemeyi içeren epigenetik modifikasyonlar, çevresel dış uyaranlara yanıt olarak gen aktivitesini yöneten esnek bir düzenleyici ağ oluşturmaktadır (Chinnusamy ve Zhu, 2009; Kim ve ark., 2012; Zhang ve ark., 2018). Bu mekanizmalar bitkilerin herbisit uygulaması, kuraklık, tuzluluk ve besin kısıtlaması gibi çevresel ipuçlarını adaptif moleküler ve fenotipik tepkilere entegre etmesine olanak tanımaktadır (Richards ve ark., 2017). Genetik mutasyonların aksine, epigenetik değişiklikler genellikle geri

döndürülebilirlik ancak hücre bölünmeleri boyunca kalıtılabilecek veya hatta sonraki nesillere aktarılabilir kadar kararlıdır (Hauser ve ark., 2011; Verhoeven ve Preite, 2014). Bu tür bir esneklik, yabancı otlara adaptasyonel bir avantaj sağlayarak, uzun vadeli genetik sabitleme gerektirmeden yönetim baskılarına hızlı tepkiler vermelerini sağlayabilmektedir.

Son çalışmalar, epigenetik düzenlemenin hem hedef bölgedeki hem de hedef olmayan bölgedeki herbisit direncini aracılık edebileceğini, birden fazla stres faktörüne karşı çapraz toleransı kolaylaştırabileceğini ve nesiller boyunca devam eden stres hafızası oluşturabileceğini vurgulamaktadır (Délye, 2013; Ghanizadeh ve Harrington, 2017). Örneğin, DNA metilasyon yeniden programlaması, değişmiş detoksifikasyon enzim ifadesiyle ilişkilendirilmiştir (Zhang ve ark., 2018), histon modifikasyonları ise dirençle ilişkili genlerin kromatin erişilebilirliğini etkilemektedir. Bununla birlikte, küçük RNA'lar, stres sinyal yollarını adaptif metabolik yanıtlarla ilişkilendirerek transkripsiyonel yolları hassas bir şekilde düzenleyebilmektedirler (Richards ve ark., 2017). Bu bakış açısıyla, klasik genetik paradigmanın ötesinde, epigenetik plastisite'nin yabancı ot direncinin bir itici gücü olarak hareket ettiği bir modele doğru direnç olgusunun genişletilmiş bir anlayışına işaret etmektedir (Hauser ve ark., 2011).

Uygulamalı bir bakış açısıyla, epigenetik bilginin yabancı ot bilimine entegrasyonu önemli fırsatlar sunmaktadır. Epigenetik biyobelirteçler, dirençli popülasyonların erken tespitini, adaptasyonun öngörücü modellemesini ve bölgeye özgü yönetim stratejilerini mümkün kılabilir (Zhang ve ark., 2018). Dahası, CRISPR/dCas9 tabanlı epigenom düzenleme gibi yeni moleküler araçlar, direnç yollarının hedefli bir şekilde manipüle edilmesi, potansiyel olarak herbisit duyarlılığının geri kazanılması veya strese uyum sağlayan özelliklerin baskılanması için umut vaat etmektedir (Gallego-Bartolomé, 2020). Tarım, kimyasal girdileri azaltırken verimliliği koruma gibi iki zorlukla karşı karşıyayken, epigenetik sürdürülebilir ve adaptif yabancı ot kontrol stratejileri tasarlamak için bir sınır sunmaktadır (Springer ve Schmitz, 2017).

Bu bağlamda, mevcut çalışma, yabancı ot adaptasyonu ve direncinde epigenetik mekanizmaların rolünü inceleyerek, gelecekteki yabancı ot yönetimi üzerindeki etkilerini vurgulamaktadır. Temel moleküler içgörüler uygulamalı agronomik stratejilerle birleştirilerek, epigenetiğin yabancı ot biliminin kavramsal ve pratik çerçevesini yeniden şekillendireceğini ve daha dirençli ve sürdürülebilir tarım ekosistemlerine geçişi yönlendireceğini düşünmekteyiz.

1. Kavramsal ve Teorik Çerçeve

Yabancı otlar, tarımsal sistemlerdeki ortamlara en etkili bir şekilde gelişen bitki grupları arasında yaygın olarak kabul edilmekte ve genellikle yetiştirilen kültür bitkileri için son derece elverişsiz koşullar altında dahi gelişebilmektedirler (Baker, 1974). Ortama uyum sağlama başarıları, toprak işleme, ürün rotasyonu, herbisit uygulaması ve değişen iklim koşulları gibi sürekli bozulmaların güçlü seçici baskılar uyguladığı tarımsal ekosistemlerin dinamik doğasıyla yakından bağlantılıdır. Geleneksel ekolojik teori, bozulmanın hızlı yaşam döngülerine, yüksek üreme potansiyeline ve geniş ekolojik toleransa sahip türleri desteklediğini varsaymaktadır. Yabancı otlar, çeşitli ortamlarda çimlenmelerine, büyümelerine ve çoğalmalarına olanak tanıyan olağanüstü fenotipik esneklik göstererek bu stratejinin tipik bir örneğidir (Zimdahl, 2018).

Çağdaş tarımda, iklim değişikliği, kaynak kısıtlamaları ve sürdürülebilir üretime yönelik artan talep gibi küresel zorluklar, yabancı ot-ürün etkileşimlerinin seçici manzarasını yeniden şekillendiriyor (Patterson, 1995; Ziska ve Dukes, 2011). Yükselen atmosferik CO₂, değişen yağış düzenleri ve artan sıcaklık değişkenliği yalnızca ürün performansını değiştirmekle kalmıyor, aynı zamanda ürünler ve yabancı otlar arasındaki rekabet gücünü etkilemektedir. Bu bağlamda, yabancı otların hem kısa vadeli fizyolojik tepkiler hem de uzun vadeli kalıtsal değişiklikler yoluyla hızla uyum sağlama yeteneği, kalıcılıklarında merkezi bir faktör olarak ortaya çıkmıştır. Bu adaptif süreçler, yabancı ot biliminin klasik genetiğin ötesine genişletilerek, çevresel stres faktörlerine yanıt olarak hızlı, geri dönüşümlü ve genellikle kalıtsal değişiklikleri aracılık eden düzenleyici mekanizmaları da kapsamayı gerekliliğinin altını çizmektedir (Richards ve ark., 2017).

Yabancı ot direnci araştırmalarındaki baskın çerçeve, tarihsel olarak genetik mutasyonları, özellikle de herbisit hedef bölgelerini değiştiren veya detoksifikasyon yollarını geliştirenleri vurgulamıştır (Délye, 2013; Neve ve ark., 2014). Bu genetik paradigma, direncin birçok örneğini açıklamış olsa da, tarla popülasyonlarında gözlemlenen adaptif yanıtların tüm spektrumunu yakalamaktan uzak kalmaktadır. Giderek artan bulgular, epigenetik modifikasyonların, genetik değişimi tamamlayan ve bazı durumlarda ondan önce gelen kritik düzenleme katmanları olduğuna işaret etmektedir (Richards ve ark., 2017). Epigenetik, DNA dizisinde değişiklik olmadan, öncelikli olarak DNA metilasyonu, histon modifikasyonları ve küçük RNA yolları aracılığıyla oluşan gen fonksiyonundaki kalıtsal değişiklikleri ifade etmektedir. Bu mekanizmalar, çevre ile genom arasında esnek bir düzenleyici arayüz sağlayarak, yabancı otların seçici baskılara yanıt olarak gen ifadesini

düzenlemektedir. Örneğin, herbisit maruziyeti, detoksifikasyon enzim ekspresyonunu düzenleyen metilasyon değişikliklerini tetikleyebilirken, kuraklık veya besin stresi, strese duyarlı genlerin kromatin erişilebilirliğini değiştiren histon modifikasyonlarına neden olabilmektedir. Daha da önemlisi, bu değişikliklerin bazıları nesiller boyunca devam edebilir ve yavruları tekrarlayan zorluklara hazırlayan bir tür “stres hafızası” oluşturabilmektedir (Hauser ve ark., 2011). Hızlı, genetik olmayan adaptasyon kapasitesi, yabancı ot direncinin kavramsal çerçevesini genişleterek, nadir mutasyonların deterministik bir modelinden, hem genetik hem de epigenetik süreçler tarafından şekillendirilen dinamik bir esneklik ve dayanıklılık modeline geçmektedir. Epigenetiğin rolünün farkına varmak, yalnızca yabancı ot adaptasyonuna ilişkin teorik anlayışımızı geliştirmekle kalmaz, aynı zamanda yönetim stratejileri için de derin çıkarımlar sağlayacaktır.

2. Bitkilerde Epigenetik Mekanizmalar

En kapsamlı olarak incelenen epigenetik modifikasyonlardan biri olan DNA metilasyonu, tipik olarak CG, CHG veya CHH dizi bağlamlarında sitozin kalıntılarına bir metil grubunun eklenmesini içermektedir. Bitkilerde metilasyon kalıpları, çevresel uyarılara yanıt olarak korunur veya yeniden programlanır, böylece altta yatan DNA dizisini değiştirmeden transkripsiyonel aktivite düzenlenmektedir (Zhang ve ark., 2018). Yabancı otlarda, metilasyon profillerindeki değişimler, herbisit detoksifikasyonu, stres tepkisi veya gelişim zamanlamasıyla ilişkili genleri susturabilmekte veya etkinleştirebilmektedir. Örneğin, herbisit kaynaklı metilasyon yeniden programlaması, sitokrom P450'lerin veya glutatyon S-transferazların geçici aktivasyonunu sağlayarak metabolik direnci kolaylaştırabilmektedir (Pan ve ark., 2021). Ayrıca, metilasyon işaretleri nesiller boyunca kalıcı bir şekilde miras alınabilir ve bu da tekrarlayan tarımsal baskılar altında yabancı otların dayanıklılığını artıran nesiller arası stres hafızasına katkıda bulunabilmektedir (Hauser ve ark., 2011).

DNA'nın sarıldığı histon proteinleri, asetilasyon, metilasyon, fosforilasyon ve ubikitinasyon gibi çeşitli translasyon sonrası modifikasyonlara uğrar ve bu değişiklikler kromatin mimarisini ve dolayısıyla transkripsiyonel mekanizmanın spesifik genlere erişilebilirliğini etkilemektedir (Kouzarides, 2007). Strese maruz kalan bitkilerde, histon asetilasyonu genellikle savunma ile ilgili genlerin transkripsiyonel aktivasyonunu teşvik ederken, histon metilasyonu kalıntıya ve buna bağlı olarak gen ifadesini artırabilmekte veya baskılayabilmektedir (Thakur ve Prasad, 2024). Yabancı otlarda, bu tür histon modifikasyonları, değiştirilmiş çimlenme zamanlaması ve abiyotik strese karşı gelişmiş tolerans dahil olmak üzere hızlı fenotipik ayarlamalarla

ilişkilendirilmiştir ve bu da onların bozulmuş tarımsal ekosistemlerde adaptif durumlar arasında hızla geçiş yapmalarına olanak tanımaktadır. Histon düzenlemesinin yanı sıra, mikroRNA'lar (miRNA'lar) ve küçük girişimci RNA'lar (siRNA'lar) gibi küçük kodlamayan RNA'lar, hedef mRNA'ların transkripsiyonel susturulmasını veya transkripsiyon sonrası düzenlenmesini yönlendirerek önemli bir rol oynar ve böylece stres toleransında, gelişimsel esneklikte ve herbisit detoksunda önemli yolları modüle edebilmektedir (Chen, 2009). Örneğin, stres kaynaklı miRNA'lar, kök gelişimi ve stres sinyallemesini düzenleyen hormonal yolları yeniden programlayarak kaynak sınırlı koşullar altında uyum yeteneğini artırabilir. Bu epigenetik süreçlerin tanımlayıcı bir özelliği, geçici çevresel maruziyetlerin hücre bölünmeleri veya nesiller boyunca aktarılan kalıtsal epigenetik durumlara yol açtığı stres hafızası oluşturma yetenekleridir (Hauser ve ark., 2011). Yabancı otlarda, bu tür hafıza popülasyonların tekrarlayan stresörleri “öngörmesini” sağlar, bu da bir nesilde herbisit veya kuraklığa maruz kalmanın, genetik mutasyonlar olmaksızın bile, gelişmiş toleransla yavruları hazırlayabileceği anlamına gelir. Histon modifikasyonları, küçük RNA'lar ve stres hafızasının bu dinamik etkileşimi, yabancı ot dayanıklılığına ilişkin genişletilmiş bir bakış açısının altını çizerek, aynı yönetim stratejilerinin tekrar tekrar kullanılmasının kuşaklar arası direnci ve uyumu istemeden güçlendirebileceğini vurgulamaktadır (Richards ve ark., 2017).

3. Epigenetik ve Herbisit Direnci

Yabancı otlardaki herbisit direnci geleneksel olarak hedef bölge direnci (TSR) ile açıklanmaktadır. Bu dirençte, asetolaktat sentaz (ALS), asetil-CoA karboksilaz (ACCase) veya 5-enolpiruvilşikimat-3-fosfat sentaz (EPSPS) gibi enzimleri kodlayan genlerdeki nokta mutasyonları herbisit bağlanmasını azaltmakta ve yabancı otlara herbisitlere karşı güçlü bir direnç kazandırmaktadır (Powles ve Yu, 2010; Délye, 2013). Bununla birlikte, son bulgular epigenetik modifikasyonların hedef genlerin transkripsiyonel aktivitesini veya kopya sayısı ifadesini değiştirerek de TSR'yi modüle edebileceğini göstermektedir. Örneğin, promotör bölgelerindeki DNA metilasyon değişiklikleri, dizi mutasyonları olmadan ALS veya EPSPS ifadesini yukarı düzenleyebilir ve gen amplifikasyonunu taklit edebilirken, histon asetilasyonu ve kromatin yeniden şekillenmesi transkripsiyonel erişilebilirliği daha da artırabilir ve yabancı otların herbisit stresine dayanması için geri dönüşümlü bir yol sağlayabilmektedir (Sen ve ark., 2022). TSR'nin ötesinde, hedef dışı direnç (NTSR), gelişmiş herbisit metabolizması, sekestrasyon veya azaltılmış translokasyonu içeren daha karmaşık bir olguyu temsil etmekte olup, sitokrom P450'ler, glutatyon S-transferazlar (GST'ler) ve ABC taşıyıcıları

gibi önemli detoksifikasyon enzimlerinin, genellikle herbisit maruziyeti veya çevresel stres tarafından tetiklenen epigenetik düzenleme altında çalıştığı gösterilmiştir (Pan ve ark., 2022; Sen ve ark., 2022). Bununla birlikte, küçük RNA'lar detoksifikasyon ve strese yanıt veren yolları düzenlemede önemli bir rol oynamakta ve böylece NTSR'yi güçlendirmektedir. Daha da önemlisi, bu dinamik ve geri dönüşümlü modifikasyonlar çapraz direnci kolaylaştırabilir; böylece bir herbisite maruz kalan yabancı otlar, paylaşılan düzenleyici yollar aracılığıyla daha önce uygulanmamış herbisitlere karşı da direnç geliştirebilir ve bu da popülasyonların yeni kimyasallara “önceden adapte olmasına” ve yeni herbisit yeniliklerinin etkinliğini azaltmasına olanak tanımaktadır (Délye, 2013; Richards ve ark., 2017). Dahası, epigenetik işaretlerin nesiller boyunca kalıcılığı, sürekli herbisitlerin selektif baskısı olmasa bile uzun vadeli dayanıklılık için bir mekanizma sağlamaktadır. Bütün burlar birlikte göz önünde tutulduğunda yabancı ot biliminde büyük bir paradigma değişimini temsil etmektedir: Direnç artık yalnızca nadir genetik mutasyonların bir sonucu olarak değil, aynı zamanda adaptasyonu hızlandıran dinamik düzenleyici ağların bir ürünü olarak da görülmelidir. Bu ön kabul, yabancı ot kontrol stratejileri için önemli sonuçlar doğurmakta ve yabancı otlar kimyasal sınıflar arasında detoksifikasyon yollarını epigenetik olarak başlatabiliyorsa, herbisit rotasyonunun tek başına direnci azaltmak için yeterli olmayabileceğini göstermektedir. Bunun yerine, epigenetik modellere entegre etmek, epigenetik biyobelirteçleri izlemek için tanı araçları geliştirmek ve CRISPR/dCas9 tabanlı epigenom düzenleme gibi yeni müdahaleleri araştırmak, direnci düzenleyici köklerinden azaltmak için yenilikçi yollar sunabilmektedir (Springer ve Schmitz, 2017; Gallego-Bartolomé, 2020).

4. Çevresel Stres ve Yabancı Ot Epigenomiği

Kuraklık, tuzluluk, aşırı sıcaklıklar ve herbisit maruziyeti gibi abiyotik ve antropojenik stresler, yabancı ot adaptasyonunun kritik itici güçlerini temsil etmekte ve epigenetik mekanizmalar bu zorluklara hızlı ve esnek yanıtlar sağlamada merkezi bir rol oynamaktadır. Örneğin kuraklık stresi, genellikle kök uzaması, ozmoprotektan birikimi ve stoma düzenlemesi ile ilişkili genleri düzenleyen DNA metilasyon değişikliklerini indükler ve böylece sınırlı nem altında su kullanım verimliliğini ve hayatta kalmayı sağlayabilmektedir (Chwialkowska ve ark., 2016). Benzer şekilde, tuzluluk stresi, yüksek tuz konsantrasyonları altında iyon taşıyıcı genleri aktive ederek ve hücresel homeostazi koruyarak histon asetilasyon ve metilasyon modellerini yeniden şekillendirebilmektedir (Karan ve ark., 2012; Wang ve ark., 2021). Hem sıcak hem de soğuk olmak üzere aşırı sıcaklıkların, belirli histon izlerinin

birikimini ve strese duyarlı küçük RNA'ların aktivitesini değiştirdiği, fizyolojik toleransı şekillendirdiği ve genellikle sonraki nesilleri benzer koşullar için “hazırlayan” kalıtsal izler bıraktığı bilinmektedir (Lämke ve Bäurle, 2017). Bu doğal stres faktörlerinin ötesinde, herbisit maruziyeti, DNA metilasyonu ve kromatin yeniden şekillenmesinde yaygın kaymalara neden olan bir “epimutajen” görevi görerek önemli bir antropojenik stres uygulamakta ve bu da sitokrom P450'ler, glutatyon S-transferazlar ve ABC taşıyıcıları gibi detoksifikasyon enzimlerini etkilemektedir (Pan ve ark., 2022; Sen ve ark., 2022). Yabancı otlardan ve model bitkilerden elde edilen bulgular, lethal olmayan herbisit dozlarının bitki nesilleri boyunca devam eden epigenetik stres hafızaları oluşturabileceğini ve böylece stabil genetik mutasyonların yokluğunda bile hayatta kalmayı artırabileceğini göstermektedir (Délye, 2013; Vidalis ve ark., 2016). Daha da önemlisi, yabancı otlar bu stres faktörlerini nadiren izole olarak deneyimler; bunun yerine kuraklıktan, besin kısıtlamasından, patojenlerden ve kimyasal kontrolden kaynaklanan eş zamanlı veya ardışık baskılarla karşılaşılır ve epigenetik ağlar, sinyal yolları arasındaki çapraz konuşmayı aracılık eden bütünleştirici merkezler olarak işlev görür. Örneğin, herbisit tepkisinde rol oynayan küçük RNA'lar mantar patojenlerine karşı savunma yollarını da düzenleyebilirken, kuraklık kaynaklı histon modifikasyonları çimlenme ve büyüme için gerekli olan hormonal sinyal yollarını etkileyebilir (Springer & Schmitz, 2017). Bu etkileşim, birden fazla stres faktörünün bir araya geldiği karmaşık ve değişken tarımsal ekosistemlere adaptasyonu kolaylaştırmada epigenetik düzenlemenin çok yönlülüğünü vurgulamaktadır. Yabancı ot bilimi açısından bakıldığında, çevresel epigenomik alanındaki araştırmaların ilerlemesi, iklimsel değişkenlik ve herbisit rejimleri altında popülasyon tepkilerini öngörmek için stres kaynaklı epigenetik belirteçlerin belirlenmesi ve adaptif epialellerin kuşaklar arası kalıtımını bozan stratejilerin tasarlanması da dahil olmak üzere, öngörücü yönetim için umut verici fırsatlar sunmaktadır. Bu tür bütünleştirici yaklaşımlar, adaptasyon ve direncin yalnızca genetik değil, aynı zamanda epigenetik boyutlarını da ele alarak sürdürülebilir yabancı ot yönetimi çerçevelerini güçlendirebilmektedir.

5. Yabancı Ot Biliminde Uygulamalı Perspektifler

Herbisit direnci için fenotipik analizler veya hedef bölge genlerinin DNA dizilimi gibi geleneksel tanı yaklaşımları değerli bilgiler sağlamıştır ancak kararlı genetik mutasyonlar ortaya çıkmadan önce erken adaptif yanıtları tespit etme kabiliyetleri sınırlı olmaktadır. Bu bağlamda, DNA metilasyon imzaları, histon modifikasyon kalıpları ve küçük RNA profilleri dahil olmak üzere epigenetik biyobelirteçler, yabancı ot popülasyonlarında

direnç evriminin erken tespiti için umut verici araçlar olarak ortaya çıkmaktadır. Örneğin, sitokrom P450'ler veya glutatyon S-transferazlar gibi detoksifikasyon genlerinin promotör bölgelerindeki metilasyon kaymaları, hedef bölge dışı metabolik direncin başlangıcı için erken uyarı sinyalleri olarak işlev görebilir (Pan ve ark., 2022; Sen ve ark., 2022). Bu tür biyobelirteçleri izleyebilen sahada uygulanabilir analizlerin geliştirilmesi, araştırmacıların ve uygulayıcıların direnç yaygınlaşmadan önce müdahale etmelerini sağlayarak entegre yönetim programlarının etkinliğini artıracaktır (Délye, 2013). Tanılamanın ötesinde, yabancı ot bilimindeki tahmini modelleme, epigenetik dinamiklerin dahil edilmesiyle de zenginleştirilebilir. Geleneksel modeller, yabancı ot çimlenmesini, çıkışını ve direnç evrimini tahmin etmek için yaygın olarak kullanılmıştır; ancak, genellikle direncin yalnızca genetik mutasyonlardan kaynaklandığını varsayarlar. Herbisit maruziyetine, kuraklığa veya ürün rotasyonuna yanıt olarak gen ifadesini değiştiren kalıtsal ancak geri döndürülebilir modifikasyonlar olan epigenetik stres hafızasını entegre ederek, modeller, özellikle birden fazla herbisit sınıfı arasında çapraz direnç durumlarında, direnç gelişiminin hızını ve öngörülemezliğini daha doğru bir şekilde yakalayabilmektedir (Vidalis ve ark., 2016; Lämke ve Bäurle, 2017). Bu tür zenginleştirilmiş modeller, karar destek sistemlerini güçlendirerek çiftçilerin direnç risklerini daha iyi tahmin etmelerine ve kontrol önlemlerinin zamanlamasını ve türünü optimize etmelerine olanak tanır. Daha da önemlisi, epigenetik bilgi, uzun vadeli sürdürülebilirlik için kültürel, mekanik, biyolojik ve kimyasal stratejilerin entegrasyonunu vurgulayan Entegre Yabancı Ot Yönetimi (IWM) ilkeleriyle yakından uyumludur. Stres hafızasının ve epigenetik plastisite rolünün anlaşılması, epigenetik olarak kalıtılan özelliklerin istikrarını bozmak için ürün rotasyonlarını, örtü bitkilerini ve herbisit çeşitlendirmesini bilgilendirebilirken, biyolojik kontrol ajanları veya rekabetçi ürün çeşitleri gibi yeni ekolojik yaklaşımlar, yabancı ot epigenetik düzenlemesine müdahale etmek için tasarlanabilir (Baulcombe ve Dean, 2014; Springer ve Schmitz, 2017). İleriye bakıldığında, epigenetik aynı zamanda, uzaktan algılama, toprak sağlığı ölçümleri ve yabancı ot popülasyon dinamiklerini birleştiren dijital araçlar tarafından giderek daha fazla bilgilendirilen sahaya özgü yönetim stratejilerinin bulunduğu hassas tarımın daha geniş hedefleriyle de örtüşmektedir. CRISPR/dCas9 gibi epigenom düzenleme platformları, yabancı otlardaki dirençle ilişkili genlerin seçici olarak susturulması için gelecekte bir olasılık sunmaktadır; ancak etik, ekolojik ve biyogüvenlik hususları önemli olmaya devam etmektedir (Varshney ve ark., 2020). Epigenetik içgörülerin yabancı ot bilimine entegrasyonu, reaktif yönetimden proaktif yönetime doğru bir paradigma değişimini temsil ediyor ve epigenetiği yalnızca uyum sağlamanın mekanik

bir açıklaması olarak değil, aynı zamanda sürdürülebilir ve dirençli tarımsal ekosistem yönetiminin temel taşı olarak konumlandırmaktadır.

6. Teknolojik Gelişmeler ve Gelecekteki Yönler

Bitki epigenetiğindeki en umut verici sınırlardan biri, DNA dizilerini değiştirmeden gen ifadesini hassas bir şekilde değiştirmek için geleneksel genetik modifikasyonun ötesine geçen epigenom düzenleme teknolojilerinin geliştirilmesidir. Kalıcı DNA kırıkları ve dizi düzenlemeleri oluşturan klasik CRISPR/Cas9 sisteminin aksine, DNA metiltransferazlar, demetilazlar veya histon asetiltransferazlar gibi epigenetik efektörlerle birleştirilen CRISPR/dCas9 (ölü Cas9), kromatin durumlarının geri dönüşümlü modifikasyonlarını mümkün kılarak esnek ve kalıtsal olmayan bir gen düzenleme modu sunmaktadır (Hilton ve ark., 2015; Papikian ve ark., 2019). Yabancı otlar için bu tür yaklaşımlar teorik olarak dirençle ilişkili genleri susturmak, herbisit kaynaklı stres hafızasını bozmak veya popülasyonları kimyasal kontrole yeniden duyarlı hale getirmek için kullanılabilir ve böylece sürdürülebilir direnç yönetiminin yeni bir katmanı sağlanır. CRISPR/dCas9'un ötesinde, sentetik transkripsiyon faktörleri ve programlanabilir RNA güdümlü kompleksler, bitki gen ağlarının hassas düzenlenmesi için güçlü araçlar olarak ortaya çıkmaktadır (Gallego-Bartolomé, 2020). Bu teknolojiler hâlâ büyük ölçüde *Arabidopsis thaliana* ve pirinç gibi model sistemlerle sınırlı olsa da, tarımsal açıdan önemli yabancı otlar da dahil olmak üzere model olmayan türlere adaptasyonları, çevre dostu ve türe özgü müdahaleler tasarlamak için derin bir potansiyel taşımaktadır. Bu düzenleme araçlarına paralel olarak, yüksek verimli dizilemedeki hızlı gelişmeler kapsamlı epigenomik haritalamaya olanak sağlamıştır. DNA metilasyonu için tüm genom bisülfid dizilemesi (WGBS), histon modifikasyonları için kromatin immünopresipitasyon dizilemesi (ChIP-seq) ve RNA yönlendirmeli düzenleme için küçük RNA dizilemesi (sRNA-seq) gibi teknikler artık yüksek çözünürlüklü epigenomik manzaralar oluşturmak için rutin olarak kullanılmaktadır (Springer ve Schmitz, 2017). Yabancı ot biliminde, bu tür yöntemler herbisit direnci, stres adaptasyonu ve istilacılıkla ilişkili türlere özgü epigenetik imzaların belirlenmesinin önünü açmaktadır. Karşılaştırmalı popülasyon düzeyindeki epigenomik çalışmalar, tarımsal uygulamaların, herbisit kullanımının ve iklim değişkenliğinin yabancı ot topluluklarının düzenleyici esnekliğini nasıl şekillendirdiğini daha da ortaya çıkarabilir (Verhoeven ve Preite, 2014). Transkriptomik ve metabolomik veri kümeleriyle entegre edildiğinde, bu yüksek verimli yaklaşımlar yabancı ot adaptasyonunu modellemek ve farklı yönetim rejimleri altında popülasyon yörüngelerini tahmin etmek için sistem düzeyinde bir çerçeve

sağlar. Bu laboratuvar içgörülerini uygulamalı bağlamlara dönüştürmek, direncin erken tespiti için epigenetik belirteçleri içeren teşhis kitleri veya hassas tarım platformlarına rehberlik etmek için epigenetik parametrelerle zenginleştirilmiş tahmini modeller gibi sahaya hazır yenilikler gerektirecektir (Lämke ve Bäurle, 2017). Uzun vadede, ekolojik güvenliğin, hedef dışı etkilerin ve düzenlemelere uyumun dikkatli bir şekilde değerlendirilmesi elzem olsa da, biyostimülan, mikrobiyal aşılama veya kimyasal modülatör şeklinde yeni müdahaleler ortaya çıkabilmektedir (Duncan ve ark., 2020). Epigenetik, genomik ve dijital tarımın bir araya gelmesi, yabancı ot biliminde bir paradigma değişimine işaret ediyor: iklim değişikliği, kaynak kısıtlamaları ve artan direnç tarımsal ekosistemleri zorlarken, epigenetik, uyarlanabilir süreçler için açıklayıcı bir güç ve proaktif yönetim için eyleme geçirilebilir araçlar sunmaktadır. Gelecekteki araştırmalar, başlıca yabancı ot türleri için referans epigenomlar oluşturmaya, nesiller arası epigenetik kalıtımın istikrarını ve geri döndürülebilirliğini keşfetmeye ve epigenetik esnekliği kullanan veya azaltan teknolojiler geliştirmeye odaklanmalıdır. Bu gelişmeleri Entegre Yabancı Ot Yönetimi (IWM) çerçevelerine yerleştirmek, yabancı ot uyarlanabilirliğinin korkuyla değil öngörüyle ele alındığı, reaktif tepkilerden öngörülü, moleküler olarak bilgilendirilmiş stratejilere geçişi sağlayacaktır.

7. Zorluklar ve Etik Hususlar

Bitki epigenetiğindeki önemli ilerlemelere rağmen, yabancı otlardaki epigenetik mekanizmalar üzerine araştırmalar henüz başlangıç aşamasında olup, bilginin çoğu *Arabidopsis thaliana* gibi model bitkilerden veya pirinç, mısır ve buğday gibi başlıca ürünlerden elde edilmektedir (Springer ve Schmitz, 2017). Buna karşılık, genellikle poliploid, genetik olarak heterojen ve yüksek kaliteli referans genomlardan yoksun olan yabancı otlar, epigenomik çalışmalarda yeterince temsil edilmemekte ve bu da epigenetik düzenlemenin adaptasyonlarını nasıl yönlendirdiğini anlamada önemli bilgi boşlukları yaratmaktadır. Sınırlı genom kaynakları, genetik ve epigenetik katkıları birbirinden ayırma zorluğuyla birleşince, ilerleme daha da kısıtlanmaktadır (Verhoeven ve Preite, 2014). Doğal saha koşullarında epigenetik işaretlerin kararlılığı ve geri döndürülebilirliği konusunda da kritik belirsizlikler devam etmektedir. Örneğin, doğal yabancı ot popülasyonlarında stres kaynaklı metilasyon modellerinin birden fazla nesil boyunca ne ölçüde devam ettiği veya çevresel baskılar ortadan kalktığında ne kadar çabuk eski haline döndüğü hala belirsizliğini korumaktadır (Lämke & Bäurle, 2017; Vidalis ve ark., 2016). Bu belirsizlikler tarım arazilerindeki epigenetik modellerin tahmin gücünü azaltmakta ve direnç yönetimi çerçevelerine entegrasyonlarını

zorlaştırmaktadır. Aynı zamanda, CRISPR/dCas9 gibi epigenom düzenleme araçlarının ortaya çıkışı benzeri görülmemiş fırsatlar sunmakla birlikte derin ekolojik ve etik endişeleri de gündeme getirmektedir. Yabancı otlardaki epigenetik düzenleyicileri hedeflemek teorik olarak herbisit direnç mekanizmalarını baskılayabilir veya stres hafızasını bozabilir; ancak hedef dışı etkiler hedef dışı türleri, faydalı toprak mikrobiyotasını veya yabancı ot-ürün rekabeti dinamiklerini istemeden etkileyebilmektedir (Gallego-Bartolomé, 2020; Papikian ve ark., 2019). Üstelik, epigenetik modifikasyonlar doğası gereği geri döndürülebilir ve bağlama bağlı olduğundan, müdahaleler zaman içinde öngörülemeyen sonuçlar doğurabilir ve potansiyel olarak tarımsal ekosistem dayanıklılığını istikrarsızlaştırabilir. Genetiği değiştirilmiş organizmaları (GDO'lar) düzenleyen düzenleyici çerçeveler, epigenetiği değiştirilmiş organizmaları (EMO'lar) tam olarak kapsamaz ve bu da yeni politikalar ve uluslararası fikir birliği gerektiren düzenleyici bir gri alan yaratır (Faltus, 2023). Sosyoekonomik zorluklar manzarayı daha da karmaşık hale getirir: Tanı araçlarının, yüksek verimli epigenomik platformların veya epigenomu hedefleyen müdahalelerin geliştirilmesi ve dağıtımı, küçük çiftçileri dışlama ve teknolojik kontrolü birkaç şirket arasında birleştirme riski taşıyan önemli yatırımlar gerektirir (Heinemann ve ark., 2011). Epigenetik teknolojiler üzerindeki fikri mülkiyet anlaşmazlıkları, küresel gıda sistemlerindeki mevcut eşitsizlikleri derinleştirebilirken, genetik mühendisliğinin başka bir biçimi olarak algılanan müdahalelere yönelik kamuoyu şüpheliği, benimsenmesini engelleyebilir. Pratik ve düzenleyici risklerin ötesinde, doğal adaptif süreçlerin kasıtlı olarak manipüle edilmesiyle ilgili etik sorular ortaya çıkmaktadır. Epigenetik esneklik, yabancı otların hayatta kalmasını, bozulmuş habitatlarda kolonileşmesini ve biyoçeşitlilik desteği ve toprak stabilizasyonu gibi ekosistem hizmetleri sağlamasını sağlayan evrimsel araçların bir parçasıdır (Richards ve ark., 2017). Bu adaptasyon kapasitelerinin hedefli müdahalelerle bastırılması, kısa vadede tarımsal verimliliği artırabilir, ancak daha geniş ekolojik sürdürülebilirliği baltalayabilir. Bu nedenle, etik yabancı ot yönetimi, epigenetik ilerlemelerin gıda güvenliğini güçlendirirken tarımsal ekosistem sağlığını da koruduğundan emin olmak için inovasyonu ihtiyati ilkelerle dengelemeyi, araştırmalarda şeffaflığı korumayı ve paydaşları kapsayıcı bir diyaloga dahil etmeyi gerektirir.

8. SONUÇ

Epigenetik bilimin yabancı ot araştırmalarına entegrasyonu, adaptasyon, kalıcılık ve direncin tarımsal ekosistemlerde nasıl anlaşıldığı konusunda köklü bir değişimi temsil etmektedir. Yıllardır yabancı ot yönetimi stratejileri, herbisit hedef genlerindeki nadir mutasyonların veya detoksifikasyon

yollarının amplifikasyonunun popülasyon düzeyinde hayatta kalmayı açıkladığı varsayımıyla, büyük ölçüde genetik direnç modellerine dayandırılmıştır. Ancak, giderek artan araştırmaların sonuçlarına göre, epigenetik modifikasyonların (DNA metilasyonu, histon modifikasyonları ve küçük RNA aracılı düzenleme) dinamik ve geri dönüşümlü bir kontrol katmanı ekleyerek yabancı otların çevresel ve antropojenik streslere hızla yanıt vermesini sağladığını göstermektedir. Bu mekanizmalar yalnızca anında toleransı değil, aynı zamanda stres hafızasının nesiller arası aktarımını da kolaylaştırarak, yabancı otlara bozulmuş tarım arazilerinde önemli bir adaptasyon ve ortama hakimiyet avantajı sağlamaktadır. Bu keşiflerin pratik etkileri önemli olup, epigenetik biyobelirteçler, fenotipik semptomlar belirginleşmeden çok önce, direncin erken tespiti için umut vaat etmektedir. Epigenetik verilerle zenginleştirilmiş öngörücü modelleme, çiftçilere ve araştırmacılara yabancı ot popülasyonlarının farklı kontrol uygulamalarına nasıl tepki vereceği konusunda daha ayrıntılı bir anlayış sunabilmektedir. Bununla birlikte, CRISPR/dCas9 tabanlı epigenom düzenleme gibi yeni teknolojiler, bir gün direnç yollarına karşı hedefli ve geri döndürülebilir müdahaleler sağlayabilir. Aynı zamanda, epigenetik bakış açılarının Entegre Yabancı Ot Yönetimi (IWM) çerçeveleriyle birleştirilmesi, yabancı ot popülasyonlarının uyum yeteneğini hesaba katarak kültürel, mekanik ve ekolojik stratejileri güçlendirebilmektedir. Bununla birlikte, epigenetiğin yabancı ot bilimde gelecekteki uygulamaları da çözümsüz zorluklar barındırmaktadır. Epigenetik kalıtımın istikrarı, epigenetik ve genetik adaptasyonlar arasındaki etkileşim ve türler ve ortamlar arasında tepkilerin değişkenliği konusunda bilgi eksiklikleri devam etmektedir. Sonuç olarak, yabancı ot adaptasyonunda epigenetik mekanizmaların rolü yalnızca teorik bir ilgi konusu değil, aynı zamanda 21. yüzyılda yabancı ot biliminin gidişatını şekillendirecek pratik bir sınırdır. Moleküler biyoloji, ekoloji ve tarımsal uygulamaları bir araya getiren epigenetik, daha adaptif, dirençli ve sürdürülebilir yabancı ot yönetimi stratejileri için bir çerçeve sunmaktadır. Bu bakış açısını benimsemek, disiplinler arası iş birliği, ileriye dönük politikalar ve geleneksel paradigmaları yeniden düşünme isteği gerektirmektedir. Böylece, yabancı ot bilimi, küresel değişim çağında reaktif kontrolün ötesine geçerek tarımsal ekosistemlerin proaktif ve bilinçli bir şekilde yönetilmesine doğru ilerleyebilir.

Kaynaklar

- Baker, H. G. (1974). The evolution of weeds. Annual review of ecology and systematics, 1-24.
- Baulcombe, D. C., & Dean, C. (2014). Epigenetic regulation in plant responses to the environment. Cold Spring Harbor perspectives in biology, 6(9), a019471.
- Chen, X. (2009). Small RNAs and their roles in plant development. Annual Review of Cell and Developmental, 25(1), 21-44.
- Chinnusamy, V., & Zhu, J. K. (2009). Epigenetic regulation of stress responses in plants. Current opinion in plant biology, 12(2), 133-139.
- Chwialkowska, K., Nowakowska, U., Mroziewicz, A., Szarejko, I., & Kwasniewski, M. (2016). Water-deficiency conditions differently modulate the methylome of roots and leaves in barley (*Hordeum vulgare* L.). Journal of Experimental Botany, 67(4), 1109-1121.
- Délye, C. (2013). Unravelling the genetic bases of non-target-site-based resistance (NTSR) to herbicides: a major challenge for weed science in the forthcoming decade. Pest management science, 69(2), 176-187.
- Duncan, E. J., Gluckman, P. D., & Dearden, P. K. (2014). Epigenetics, plasticity, and evolution: How do we link epigenetic change to phenotype?. Journal of Experimental Zoology Part B: Molecular and Developmental Evolution, 322(4), 208-220.
- Gallego-Bartolomé, J. (2020). DNA methylation in plants: mechanisms and tools for targeted manipulation. New Phytologist, 227(1), 38-44.
- Ghanizadeh, H., & Harrington, K. C. (2017). Non-target site mechanisms of resistance to herbicides. Critical Reviews in Plant Sciences, 36(1), 24-34.
- Hauser, M. T., Aufsatz, W., Jonak, C., & Luschnig, C. (2011). Transgenerational epigenetic inheritance in plants. Biochimica et Biophysica Acta (BBA)-Gene Regulatory Mechanisms, 1809(8), 459-468.
- Heinemann, J. A., Agapito-Tenfen, S. Z., & Carman, J. A. (2013). A comparative evaluation of the regulation of GM crops or products containing dsRNA and suggested improvements to risk assessments. Environment international, 55, 43-55.
- Hilton, I. B., D'ippolito, A. M., Vockley, C. M., Thakore, P. I., Crawford, G. E., Reddy, T. E., & Gersbach, C. A. (2015). Epigenome editing by a CRISPR-Cas9-based acetyltransferase activates genes from promoters and enhancers. Nature biotechnology, 33(5), 510-517.
- Karan, R., DeLeon, T., Biradar, H., & Subudhi, P. K. (2012). Salt stress induced variation in DNA methylation pattern and its influence on gene expression in contrasting rice genotypes. PloS one, 7(6), e40203.

- Kim, J. M., To, T. K., & Seki, M. (2012). An epigenetic integrator: new insights into genome regulation, environmental stress responses and developmental controls by histone deacetylase 6. *Plant and Cell Physiology*, 53(5), 794-800.
- Kouzarides, T. (2007). Chromatin modifications and their function. *Cell*, 128(4), 693-705.
- Lämke, J., & Bäurle, I. (2017). Epigenetic and chromatin-based mechanisms in environmental stress adaptation and stress memory in plants. *Genome biology*, 18(1), 124.
- Neve, P., Busi, R., Renton, M., & Vila-Aiub, M. M. (2014). Expanding the eco-evolutionary context of herbicide resistance research. *Pest management science*, 70(9), 1385-1393.
- Pan, L., Guo, Q., Wang, J., Shi, L., Yang, X., Zhou, Y., & Bai, L. (2022). CY-P81A68 confers metabolic resistance to ALS and ACCase-inhibiting herbicides and its epigenetic regulation in *Echinochloa crus-galli*. *Journal of Hazardous Materials*, 428, 128225.
- Papikian, A., Liu, W., Gallego-Bartolomé, J., & Jacobsen, S. E. (2019). Site-specific manipulation of Arabidopsis loci using CRISPR-Cas9 SunTag systems. *Nature communications*, 10(1), 729.
- Park, J., Lim, C. J., Shen, M., Park, H. J., Cha, J. Y., Iniesto, E., & Yun, D. J. (2018). Epigenetic switch from repressive to permissive chromatin in response to cold stress. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 115(23), E5400-E5409.
- Patterson, D. T. (1995). Effects of environmental stress on weed/crop interactions. *Weed science*, 43(3), 483-490.
- Powles, S. B., & Yu, Q. (2010). Evolution in action: plants resistant to herbicides. *Annual review of plant biology*, 61(1), 317-347.
- Richards, C. L., Alonso, C., Becker, C., Bossdorf, O., Bucher, E., Colomé-Tatché, M., & Verhoeven, K. J. (2017). Ecological plant epigenetics: Evidence from model and non-model species, and the way forward. *Ecology letters*, 20(12), 1576-1590.
- Faltus, T. (2023). The applicability of the European GMO legislation to epigenetically modified organisms. *Frontiers in Bioengineering and Biotechnology*, 11, 1124131.
- Sen, M. K., Hamouzova, K., Košnarová, P., Roy, A., & Soukup, J. (2022). Herbicide resistance in grass weeds: Epigenetic regulation matters too. *Frontiers in Plant Science*, 13, 1040958.
- Springer, N. M., & Schmitz, R. J. (2017). Exploiting induced and natural epigenetic variation for crop improvement. *Nature reviews genetics*, 18(9), 563-575.

- Thakur, R., & Prasad, P. (2024). Epigenetic regulation of abiotic stress responses in plants. *Biochimica et Biophysica Acta (BBA)-General Subjects*, 1868(9), 130661.
- Varshney, R. K., Bohra, A., Yu, J., Graner, A., Zhang, Q., & Sorrells, M. E. (2021). Designing future crops: genomics-assisted breeding comes of age. *Trends in plant science*, 26(6), 631-649.
- Verhoeven, K. J., & Preite, V. (2014). Epigenetic variation in asexually reproducing organisms. *Evolution*, 68(3), 644-655.
- Vidalis, A., Živković, D., Wardenaar, R., Roquis, D., Tellier, A., & Johannes, F. (2016). Methylome evolution in plants. *Genome biology*, 17(1), 264.
- Wang, W., Qin, Q., Sun, F., Wang, Y., Xu, D., Li, Z., & Fu, B. (2016). Genome-wide differences in DNA methylation changes in two contrasting rice genotypes in response to drought conditions. *Frontiers in plant science*, 7, 1675.
- Zhang, H., Lang, Z., & Zhu, J. K. (2018). Dynamics and function of DNA methylation in plants. *Nature reviews Molecular cell biology*, 19(8), 489-506.
- Zimdahl, R. L. (2018). *Fundamentals of weed science* (5th ed.). Academic Press.
- Zimdahl, R. L., & Basinger, N. T. (2024). *Fundamentals of weed science*. Elsevier. Academic Press.
- Ziska, L. H., & Dukes, J. (2011). *Weed biology and climate change*. John Wiley & Sons.

Entomolojide Epigenetik: Moleküler Mekanizmalar, Uygulamalar ve Araştırma Perspektifleri Durumu

İsmail Alaserhat¹

Dilek Doğan Akdağ²

Özet

Entomolojide epigenetik mekanizmalar, moleküler temelleri, biyolojik işlevleri ve uygulama alanları açısından giderek daha fazla önem kazanmaktadır. DNA metilasyonu, histon modifikasyonları ve RNA tabanlı düzenlemeler aracılığıyla gen ekspresyonu çevresel koşullara duyarlı biçimde kontrol edilir. Böceklerde kaste ayrımı, polifenizm, gelişimsel plastisite, sosyal davranış örüntüleri ve epigenetik hafıza gibi süreçler bu düzenlemelerin temel yansımalarıdır. Ayrıca epigenetik-patojen etkileşimleri, bağışıklık yanıtlarının modülasyonu ve simbiyotik ilişkilerin sürdürülmesinde belirleyici rol oynar. Bu çalışmanın temel amacı, epigenetik mekanizmaların böcek biyolojisindeki rolünü ve bu bilgilerin hem temel bilim hem de uygulamalı entomoloji açısından sunduğu araştırma ve kullanım olanaklarını ortaya koymaktır. Uygulamalı entomoloji alanında pestisit direnci, çevresel biyo-göstergeler, popülasyon adaptasyonu ve transgenerasyonel kalıtım gibi konular epigenetik düzenlemelerle yakından ilişkilidir. Gelecekte CRISPR/dCas9 temelli epigenetik düzenleme yaklaşımları, türe-özel epigenom haritaları ve gen, RNA ile protein düzeyindeki verilerin birlikte değerlendirilmesi, hem temel araştırmaların hem de uygulamalı biyolojik kontrol stratejilerinin gelişiminde kritik rol üstlenecektir. Sonuç olarak epigenetik mekanizmalar, böceklerin fenotipik çeşitliliğini ve çevresel uyum kapasitesini açıklayan dönüştürücü bir paradigma sunmaktadır.

- 1 Doç. Dr. İsmail ALASERHAT, Iğdır Üniversitesi, Ziraat Fakültesi, Bitki Koruma Bölümü, ismail.alaserhat@igdir.edu.tr, i_alaserhat36@hotmail.com, ORCID ID: 0000-0002-6929-0179
- 2 Arş. Gör. Dr. Dilek DOĞAN AKDAĞ, Iğdır Üniversitesi, Ziraat Fakültesi, Bitki Koruma Bölümü, dilek.dogan@igdir.edu.tr, ORCID ID: 0000-0001-9692-7211

1. Giriş

Epigenetik, genetik dizide herhangi bir değişiklik olmaksızın gen ekspresyonunun kalıtsal ve geri dönüşümlü şekilde düzenlenmesini sağlayan moleküler mekanizmaları ifade eder. Bu süreçler, çevresel sinyalleri genom düzeyinde fenotipik yanıtlara dönüştürebilme kapasiteleri sayesinde, özellikle hücre farklılaşması, gelişimsel süreçler ve çevresel adaptasyonlarda önemli rol oynar (Glastad et al., 2019; Villagra and Frías-Lasserre, 2020; Palli, 2021).

Böcekler, çevresel streslere karşı geliştirdikleri fenotipik plastisiteleri (farklı fenotipler- morfolojik, davranışsal veya fizyolojik farklılıklar), sosyal yapıları ve hızlı evrimsel tepkileriyle epigenetik çalışmalar için ideal model organizmalardır (Ferro et al., 2019; Mukherjee et al., 2020; Gegner et al., 2021; Du and Goodisman, 2024). Metamorfoz, polyphenism (aynı genotipten çevresel etkiyle farklı fenotip oluşması – örneğin arılarda kraliçe-işçi ayrımı) ve kast ayrışmaları gibi biyolojik olayların epigenetik düzeyde nasıl düzenlendiği entomoloji literatüründe gün geçtikçe daha çok araştırılmaktadır (Mukherjee and Dobrindt, 2022). Bu kitap bölümü, entomolojide epigenetik mekanizmaların moleküler temellerini, biyolojik uygulamalarını ve araştırma perspektiflerini bilimsel çerçevede incelemeyi amaçlamaktadır.

2. Epigenetik Mekanizmalar ve Moleküler Temeller

Epigenetik düzenlemeler üç temel mekanizma aracılığıyla gerçekleşir: DNA metilasyonu, histon modifikasyonları ve RNA tabanlı düzenleme yolları. Bu mekanizmalar, gen ekspresyonunun hücresel çevreye ve gelişimsel aşamalara duyarlı şekilde kontrol edilmesini sağlar (Glastad et al., 2019).

2.1. DNA Metilasyonu

DNA metilasyonu, sitozin bazlarının 5. karbonuna metil grubunun eklenmesiyle oluşur ve genellikle CpG dinükleotid dizilerinde gözlenir. Bu modifikasyon, gen susturulmasına neden olabilir ve gelişimsel yollarda anahtar düzenleyici rol oynar (Pirithiraj et al., 2020).

Örneğin, *Bombyx mori*, *Tribolium castaneum* ve *Galleria mellonella* gibi türlerde DNMT1 ve DNMT3 enzimleri tespit edilmiştir. Buna karşın, *Drosophila melanogaster* gibi bazı Diptera türlerinde klasik DNA metilasyon enzimlerinden yoksunluk, alternatif epigenetik yolların devreye girdiğini göstermektedir (Şekil 1) (Mukherjee and Dobrindt, 2022; Glastad et al., 2019).

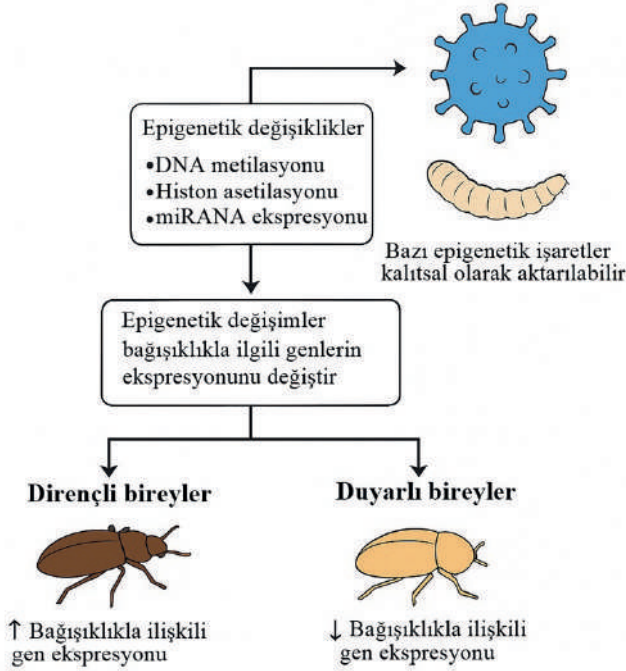
2.2. Histon Modifikasyonları

Histon proteinlerinin asetilasyon, metilasyon, fosforilasyon gibi kimyasal değişiklikleri, kromatin yapısını gevşeterek [euchromatin (açık kromatin) formu] veya sıkılaştırarak [(kapalı kromatin) formu] gen ekspresyonunu düzenler. Bu durum, genlerin aktif ya da baskılanmış olmasını doğrudan etkiler. Bu süreçte histon asetiltransferazlar (HAT) ve histon deasetilazlar (HDAC) görev alır (Villagra & Frías-Lasserre, 2020).

- **Histon asetiltransferazlar (HAT);** bu enzimler histonların lizini üzerinde asetil grupları ekleyerek kromatin yapısını açar ve transkripsiyonel olarak aktif hale getirir.
- **Histon deasetilazlar (HDAC)** ise bu grupları uzaklaştırarak kromatin sıkılaşmasına ve gen ifadesinin baskılanmasına neden olur.

Villagra and Frías-Lasserre (2020), bu mekanizmaların sadece bireysel gelişim süreçlerinde değil, aynı zamanda **transgenerasyonel kalıtım**, **davranışsal plastisite**, **fenotipik esneklik** ve **çevresel adaptasyon** gibi kompleks biyolojik olaylarda da rol oynadığını vurgulamaktadır. Örneğin, histon modifikasyonları sayesinde çevresel sinyaller - stres, beslenme, sıcaklık gibi - gen ekspresyonuna epigenetik yanıtlar üreterek böceklerin çevresel değişkenliğe hızlı adaptasyonunu mümkün kılar.

Bu durumun çarpıcı bir örneği, sosyal böceklerde gözlenen **kast ayrışması** ve **fenotipik farklılıklardır**. Benjamin et al. (2021)'in çalışmasında da belirtildiği gibi, işçi ve kraliçe gibi farklı kastların oluşumu, büyük oranda histon modifikasyonları ile kontrol edilmektedir. Bu epigenetik kontrol mekanizması, aynı genetik temele sahip bireylerin çevresel ve sosyal faktörlere bağlı olarak farklı fenotiplere yönelmesini mümkün kılar.



Şekil 1. DNA metilasyonunun bağışıklıkla ilişkili genlerin regülasyonundaki rolü

2.3. RNA Tabanlı Epigenetik Düzenlemeler

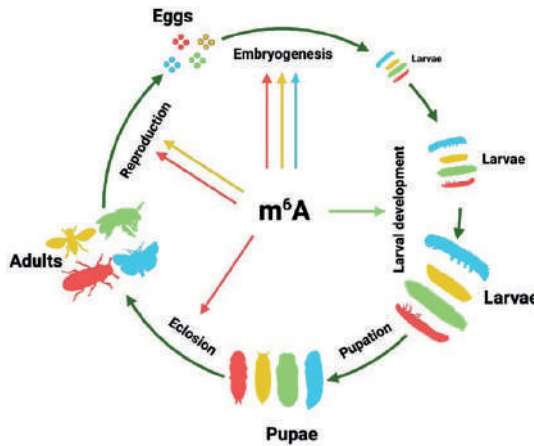
Epigenetik düzenlemeler yalnızca DNA ve histon modifikasyonlarıyla sınırlı kalmayıp, giderek artan bir şekilde RNA düzeyinde gerçekleşen mekanizmaları da kapsamaktadır. Bu bağlamda, miRNA, siRNA ve özellikle uzun kodlamayan RNA'lar (lncRNA) gibi düzenleyici RNA molekülleri, post-transkripsiyonel düzeyde gen ekspresyonunu kontrol ederek epigenetik ağın önemli bileşenlerini oluşturur. Bu küçük RNA'lar, hedef mRNA'lara bağlanarak ya translasyonun baskılanmasına neden olur ya da mRNA stabilitesini azaltarak gen ifadesini sessizleştirir (Jiao and Palli, 2024).

Bunların yanı sıra, mesajcı RNA (mRNA) üzerinde gerçekleşen kimyasal modifikasyonlar, epitranskriptom olarak adlandırılan yeni bir düzenleme düzeyini ortaya koymuştur. Bu bağlamda en çok çalışılan modifikasyonlardan biri olan N6-metiladenosin (m6A), ökaryotik mRNA'ların kaderini belirlemede önemli rol oynayan, reversibl (geri dönüşümlü) ve dinamik bir epigenetik işarettir (Zaccara et al., 2020; Jiao and Palli, 2024).

m6A modifikasyonu; mRNA stabilitesi, translasyon etkinliği, hücre farklılaşması, gelişimsel zamanlama ve stres yanıtı gibi çok sayıda biyolojik sürecin düzenlenmesinde işlev görür. Bu modifikasyon, üç ana protein grubu aracılığıyla gerçekleştirilir:

- **“Yazıcılar” (Writers):** m6A modifikasyonunun oluşumunda görev alır. Bu kompleksin başlıca üyeleri **METTL3**, **METTL14**, **WTAP**, **VIRMA** ve **ZC3H13** gibi proteinlerdir. METTL3, katalitik alt birimi oluştururken, METTL14 yapısal destek sağlar. WTAP ise kompleksi RNA'ya yönlendirir (Jiao and Palli, 2024).
- **“Siliciler” (Erasers):** m6A işaretini ortadan kaldırarak modifikasyonun geri dönüşümlü olmasını sağlar. **FTO** ve **ALKBH5** gibi demetilaz enzimler bu grupta yer alır ve çevresel koşullara bağlı olarak m6A düzeyini dinamik biçimde ayarlar (Chen et al., 2019).
- **“Okuyucular” (Readers):** m6A modifikasyonunu tanıyan proteinlerdir. Başlıcaları arasında **YTHDC1/2**, **YTHDF1/2/3**, **IGF2BP1/2/3** ve **HNRNPA2B1** yer alır. Bu proteinler, m6A işaretli mRNA'ların translasyon verimliliğini, lokalizasyonunu ve bozunmasını kontrol ederek işlevsel sonuçlar doğurur (Jiao and Palli, 2024).

Jiao and Palli (2024), bu mekanizmaların özellikle böceklerde gelişim, bağışıklık ve çevresel adaptasyon gibi süreçlerle ilişkili olduğunu göstermektedir. m6A düzenleyicileri, böcek gelişiminde embriyogenez, larval büyüme ve metamorfik geçişler gibi kritik aşamaları kontrol etmekte (Şekil 2); aynı zamanda çevresel stres faktörlerine karşı epigenetik bir tampon görevi görmektedir.



Şekil 2. Böcek gelişimi ve üremesinde m6A RNA modifikasyonunun rolü (Jiao and Palli, 2024).

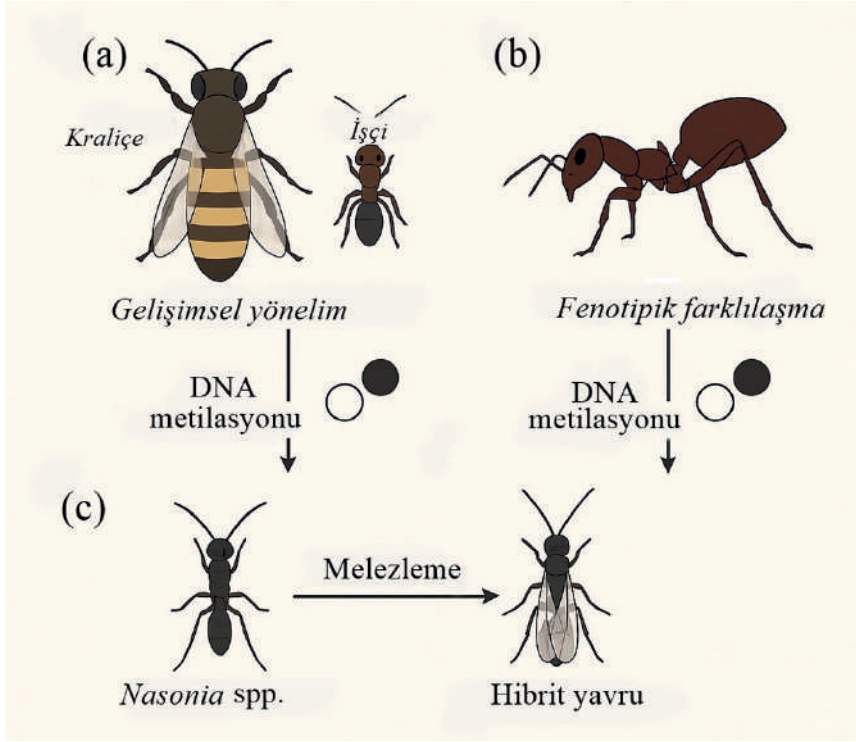
m6A modifikasyonlarının epigenetik hafıza, hücre kaderi tayini ve genetik programların çevresel sinyallere uyarlanması gibi çok boyutlu işlevleri nedeniyle, bu modifikasyonlar sadece model organizmalarda değil; entomolojik araştırmalarda, özellikle **zararlı kontrolü, gelişim biyolojisi ve çevresel risk analizlerinde** de araştırma odağı hâline gelmiştir (Liu et al., 2022; Zhang et al., 2022).

3. Epigenetik Düzenlemelerin Fenotipik Yansımaları

Epigenetik mekanizmalar, böceklerde genetik olarak özdeş bireylerin morfolojik, fizyolojik ve davranışsal olarak farklılaşmasını sağlayan temel biyolojik süreçleri yönlendirir. Özellikle sosyal yaşayan türlerde görülen kast sistemi, polifenizm (genetik olarak aynı, çevresel etkilerle farklı olan fenotipler) ve gelişimsel plastisite (genetik yapı sabit + çevreye uyum için esnek gelişim) gibi olgular epigenetik regülasyonun fenotip oluşturmadaki etkisini açıkça göstermektedir (Benjamin et al., 2021; Oldroyd and Yagound, 2021).

3.1. Kaste Ayrımı ve Polyphenism

Kaste ayrımı, aynı genoma sahip bireylerin çevresel sinyaller ve epigenetik modifikasyonlar yoluyla kraliçe, işçi veya asker gibi farklı rollere bürünmesini ifade eder. Örneğin bal arısı, *Apis mellifera* Linnaeus (Hymenoptera: Apidae) larvalarının kraliçe veya işçi olarak gelişim göstermesi, büyük oranda mRNA üzerindeki DNA metilasyonu profilleri ile belirlenmektedir (Oldroyd and Yagound, 2021). Benzer şekilde, *Camponotus floridanus* (Buckley) (Hymenoptera: Formicidae) karıncalarında işçi kastları arasında gözlenen morfolojik farklılıklar (örneğin baş boyutu) DNA metilasyonu ve histon modifikasyonları ile ilişkilendirilmiştir (Glastad et al., 2019). Ayrıca, *Nasonia* cinsine ait farklı türler arasında (örneğin *N. vitripennis* ve *N. giraulti*) yapılan deneysel melezleme çalışmalarında, her türe özgü DNA metilasyon motiflerinin hibrit bireylerde korunduğu ve bu epigenetik imzaların yavru fenotipini etkilediği (Şekil 3) rapor edilmiştir (Glastad et al., 2019).



Şekil 3. Kraliçe ve işçi kastlar arasındaki fenotipik ayrımın DNA metilasyonunun rolü

3.2. Gelişimsel Plastisite ve Çevresel Etkileşimler

Epigenetik mekanizmalar, organizmaların çevresel sinyallere verdiği gelişimsel tepkilerin şekillenmesinde kritik rol oynar. Özellikle larval evrede maruz kalınan besin miktarı, sıcaklık dalgalanmaları, hormonal sinyaller ve sosyal uyarılar gibi çevresel faktörler, DNA metilasyonu, histon modifikasyonları ve kodlamayan RNA'lar aracılığıyla gen ekspresyon profillerini etkileyerek kalıcı fenotipik farklılıkların ortaya çıkmasına neden olabilir (Villagra and Frías-Lasserre, 2020).

Bu epigenetik yanıtlar, gelişimsel plastisite kavramıyla açıklanır; yani aynı genotipe sahip bireylerin çevresel farklılıklara göre değişen fenotipler sergileyebilme yeteneği. Gelişimsel plastisite, türlerin çevresel stres faktörlerine karşı uyum sağlama kapasitesini artırırken, aynı zamanda hızlı evrimsel süreçlerde doğal seçim için yeni varyasyonlar oluşturabilir.

Örneğin, bal arısı (*Apis mellifera*) larvalarında *Dnmt3* geninin ifadesinin RNA girişimi (RNAi) yoluyla baskılanması, işçi gelişim yolundan saparak

kraliçeye özgü fenotipin ortaya çıkmasına yol açmaktadır. Bu deneysel müdahale, larvaların yalnızca dışsal bir çevresel faktör olan arı sütüne maruz kalmadan da kraliçe olarak gelişebileceğini göstermiştir. Bu durum, *Dnmt3*-aracılı DNA metilasyonunun kast diferansiyasyonu üzerindeki belirleyici rolünü ortaya koymaktadır (Pirithiraj et al., 2020).

Ayrıca Villagra and Frías-Lasserre (2020), epigenetik düzenleyicilerin – özellikle DNA metilasyonu ve histon modifikasyonlarının – sinir sistemi gelişimi, öğrenme kapasitesi, davranışsal esneklik ve sosyal etkileşimler gibi karmaşık fenotipleri şekillendirmede önemli rol oynadığını vurgulamaktadır. Epigenetik plastisite, özellikle böceklerde, çevresel değişimlere kısa sürede uyum sağlayabilme ve adaptif morfolojik varyasyonlar üretme kapasitesi ile ilişkilendirilmiştir. Örneğin, bazı çekirgelerde gözlenen göçmen (gregarious) ve yalnız (solitarious) fenotip geçişlerinin, histon modifikasyonlarıyla ilişkili epigenetik yeniden programlama süreçleriyle gerçekleştiği gösterilmiştir.

Bu bağlamda, epigenetik mekanizmalar yalnızca bireysel gelişim süreçlerini düzenlemekle kalmaz, aynı zamanda türlerin çevresel değişkenlik karşısında uyarlanabilirliğini artırarak evrimsel esnekliğe katkı sağlar. Dolayısıyla epigenetik plastisite, hem gelişimsel biyolojide hem de çevresel stres yanıtlarının evrimi konusunda temel bir paradigma haline gelmiştir (Şekil 4).

4. Epigenetik ve Sosyal Davranış

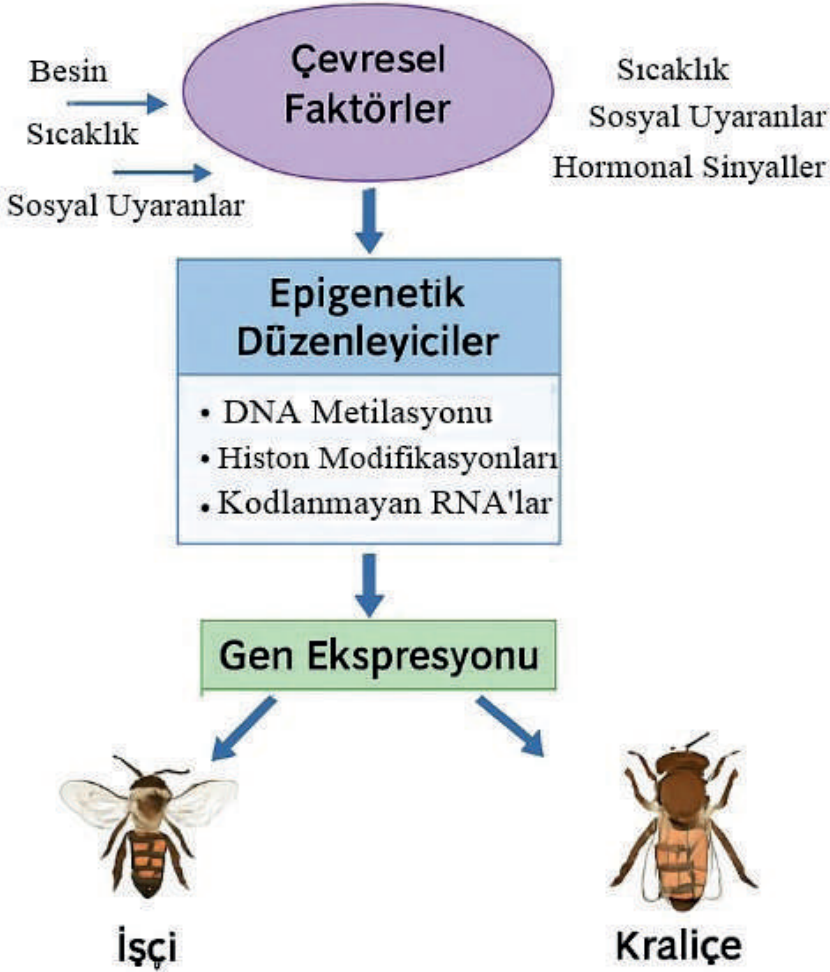
Sosyal böcekler, epigenetik düzenlemelerin davranışsal plastisite üzerindeki etkilerini anlamak için ideal model organizmalardır. Özellikle arılar, karıncalar ve termitler gibi sosyal türlerde gözlenen iş bölümü, saldırganlık, sosyal etkileşim ve bakım davranışları gibi kompleks sosyal davranış örüntüleri, epigenetik mekanizmalarla ilişkilidir (Weitekamp et al., 2017; Glastad et al., 2019). Bu organizmalarda, aynı genoma sahip bireylerin farklı sosyal roller üstlenmesi, çevresel sinyallere verilen farklı epigenetik yanıtlarla açıklanabilir.

4.1. Davranışsal Plastisite

İşçi arılarda yaşa bağlı görev değişimleri - örneğin larva bakımından yiyecek aramaya geçiş - çevresel koşullara duyarlı biçimde düzenlenmekte ve bu değişimlerin temelinde **dinamik DNA metilasyon desenleri** yer almaktadır (Oldroyd and Yagound, 2021). Bu epigenetik yeniden yapılandırma, transkripsiyonel programların esnekliğini artırmakta ve bireyin davranışsal geçiş yapmasına olanak tanımaktadır. Benzer şekilde, *Harpegnathos saltator* (Hymenoptera: Formicidae) gibi bazı türlerde işçi bireylerin, kraliçe benzeri davranışlara geçiş yapabildiği ve bu dönüşüm sürecinin DNA metilasyonu

ve kromatinin yeniden şekillenmesiyle bağlantılı olduğu belirtilmiş (Glastad et al., 2019).

Oldroyd ve Yagound (2021), yaşa bağlı davranışsal geçişlerin kalıcı değil, çevresel etkilere bağlı olarak tersine çevrilebilir nitelikte olabileceğini vurgulamaktadır. Bu geçici epigenetik modifikasyonlar, sosyal böcek kolonilerinin değişen çevre koşullarına uyum sağlamasında temel bir rol oynar.

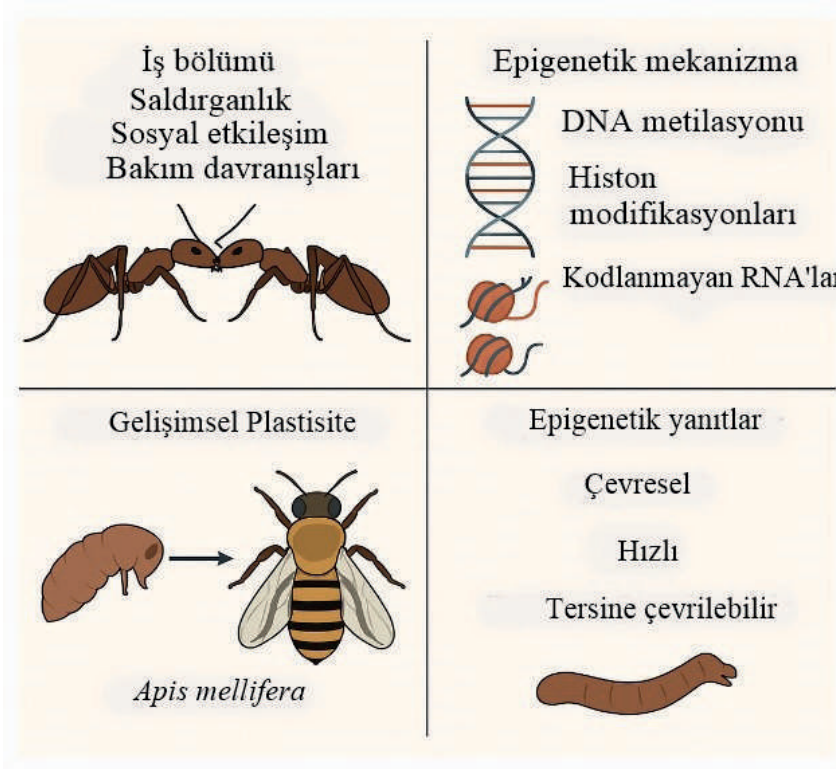


Şekil 4. Çevresel sinyallerin epigenetik düzenleyiciler aracılığıyla gen ekspresyonunu ve fenotipi şekillendirme süreci

4.2. Saldırganlık ve Sosyal Etkileşimler

Sosyal etkileşimlerin doğası - özellikle saldırganlık, dominantlık oluşumu, sosyal rekabet gibi durumlar - moleküler düzeyde epigenetik düzenlemelerle ilişkilendirilmiştir. *Camponotus floridanus* ve *Harpegnathos saltator* (Hymenoptera: Formicidae) türlerinde yapılan çalışmalar, işçiler arası sosyal etkileşimlerin **histon modifikasyonları** ve **m6A RNA metilasyonu** gibi epigenetik işaretçilerle ilişkili olduğunu göstermektedir (Glastad et al., 2019). Özellikle, sosyal hiyerarşi değişimi sırasında gen ekspresyonunu kontrol eden bu epigenetik mekanizmaların aktive olduğu belirlenmiştir. Weitekamp et al. (2017) ise saldırganlık davranışının, **nöronal gen regülasyonu** ile bağlantılı epigenetik değişikliklerle bağlantılı olduğunu ortaya koymuştur. Bu çalışmada, sosyal etkileşimlerin beyindeki nöroepigenetik mekanizmaları tetiklediği, bu durumun da bireylerin sosyal konumuna göre davranışsal kalıplar geliştirmesine neden olduğu bildirilmiştir.

Sonuç olarak; epigenetik düzenleyiciler, sosyal böceklerde hem bireysel davranışın hem de koloni düzeyindeki sosyal organizasyonun sürekliliğinde temel belirleyicilerdir. Dinamik DNA metilasyonu, histon modifikasyonları ve RNA düzeyindeki epigenetik işaretler sayesinde organizmalar çevresel ve sosyal uyarılara karşı hızlı ve geri dönüşümlü yanıtlar geliştirebilmektedir. Bu durum, sosyal böceklerdeki davranışsal esnekliğin ve kast hiyerarşisinin evrimsel temelini oluşturmaktadır (Şekil 5).



Şekil 5. Sosyal böceklerde görev dağılımı ve davranışsal plastisitenin epigenetik mekanizmalarla düzenlenmesi

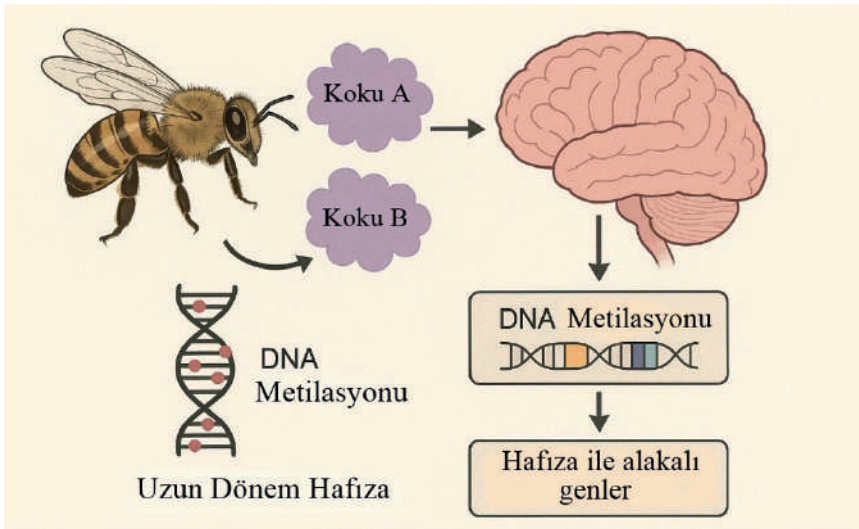
4.3. Epigenetik Hafıza ve Sosyal Öğrenme

Sosyal böceklerde yalnızca görev dağılımı ve saldırganlık gibi davranışsal kalıplar değil, aynı zamanda öğrenme, hafıza ve bilgi aktarımı gibi bilişsel süreçler de epigenetik mekanizmalarla şekillenmektedir. **Epigenetik hafıza**, böceğin yaşamı boyunca çevresel veya sosyal deneyimlere yanıt olarak ortaya çıkan ve gen ekspresyonunu uzun süreli olarak etkileyen moleküler izleri ifade eder. Bu süreç, sosyal öğrenme kapasitesinin kalıcılığı ve bireyler arası bilgi aktarımı açısından büyük önem taşır. Örneğin, **bal arılarında (*Apis mellifera*)** yapılan çalışmalarda, **kokuya dayalı öğrenme** süreçlerinin ardından beynin belirli bölgelerinde DNA metilasyon desenlerinde anlamlı değişiklikler gözlenmiştir. Bu epigenetik değişiklikler, koku hafızasının konsolidasyonu (pekiştirilmesi) ve uzun süreli bellek oluşumunda rol oynayan genlerin ekspresyonunu etkilemektedir (Pirithiraj et al., 2020). Bu bulgular, çevresel uyaranların sinir sistemi üzerindeki etkisinin yalnızca geçici

nörotransmitter düzeyinde değil, aynı zamanda kalıcı **epigenetik imzalar** yoluyla da gerçekleştiğini göstermektedir.

Benzer şekilde, Oldroyd ve Yagound (2021) epigenetik hafızanın yaşa bağlı görev geçişlerinde ve koloni içi öğrenme süreçlerinde potansiyel bir modülatör olabileceğini vurgulamaktadır. Özellikle genç işçilerin deneyimli bireylerden **sosyal öğrenme** yoluyla edindiği davranış kalıplarının, epigenetik yollarla stabilize edildiği ve sonraki davranışsal kararları etkileyebileceği ileri sürülmektedir. Weitekamp et al. (2017) ise sosyal deneyimlerin nöroepigenetik düzeyde beyinde yeniden yazıldığına ve bireylerin sosyal etkileşimler sonucunda **davranışsal kalıpları öğrenip saklayabildiğine** dikkat çekmektedir. Bu süreçte histon asetilasyonu, DNA metilasyonu ve m6A gibi RNA düzeyindeki modifikasyonların birlikte işleyerek sinaptik plastisiteyi ve öğrenmeye dayalı davranış değişimlerini desteklediği gösterilmiştir.

Sonuç olarak epigenetik hafıza, sosyal böceklerin yalnızca bireysel gelişimi değil, aynı zamanda **koloni içi bilgi akışı** ve **davranışsal sürekliliğin sağlanması** açısından da kritik öneme sahiptir (Şekil 6). Bu bağlamda, öğrenme ve hafızaya dair süreçlerin epigenetik düzeyde kodlanması, sosyal yaşamın evrimsel olarak nasıl istikrarlı bir biçimde sürdürülebildiğini açıklamak için önemli bir mekanizma sunar.



Şekil 6. Sosyal böceklerde kokuya dayalı öğrenme ve bellek oluşumunun epigenetik mekanizmalarla düzenlenmesi

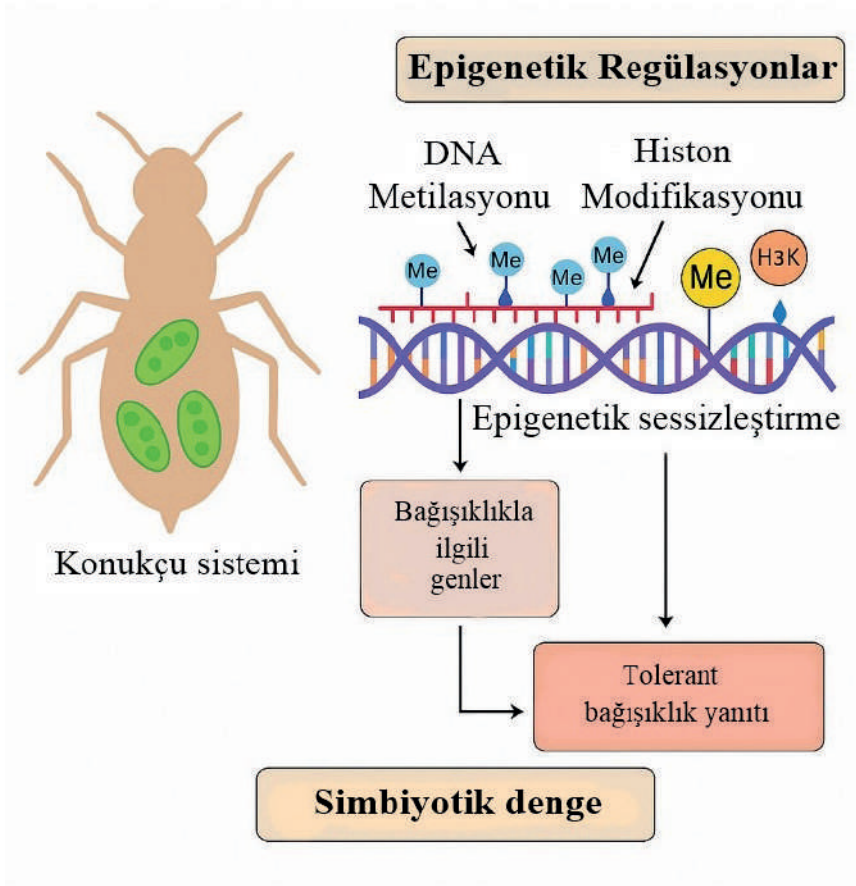
5. Epigenetik-Patojen Etkileşimleri

Böcekler ve patojenleri arasındaki etkileşimler yalnızca enfeksiyon süreçleri ile sınırlı kalmaz; aynı zamanda konak organizmanın **epigenetik mekanizmaları** üzerinde de derin bir etkide bulunur. Son yıllarda yapılan çalışmalar, bu ilişkilerin bağışıklık yanıtlarının düzenlenmesinden davranışsal değişimlere kadar geniş bir yelpazede **epigenetik modülasyon** içerdiğini göstermiştir (Mukherjee and Dobrindt, 2022; Du and Goodisman, 2024). Bu bağlamda epigenetik, hem konağın savunma kapasitesini hem de simbiyotik dengeyi sürdüren moleküler ağları şekillendiren önemli bir katman olarak değerlendirilmektedir.

5.1. Bağışıklık ve Patojenik Homeostazda Epigenetik Kontrol

Böceklerin doğuştan gelen bağışıklık sistemleri, patojenleri tanıyıp uygun savunma yanıtları geliştirmekle kalmaz, aynı zamanda yararlı simbiyotik mikroorganizmalarla olan dengeyi de korumaktadır. Bu hassas ayırım, büyük ölçüde **epigenetik düzenleyiciler** tarafından sağlanır. Özellikle **DNA metilasyonu** ve **histon modifikasyonları**, bağışıklıkla ilişkili genlerin ekspresyonunu çevresel sinyallere göre dinamik olarak ayarlayarak, konak organizmanın **homeostatik dengesini** kurmasına yardımcı olur (Şekil 7) (Mukherjee and Dobrindt, 2022).

Bu bağlamda, simbiyotik bakterilerin konak hücrelerde **aşırı bağışıklık aktivasyonuna yol açmadan** tolere edilmesi için bazı bağışıklık genlerinin metilasyon düzeylerinin artırıldığı gösterilmiştir. Örneğin, Mukherjee and Dobrindt (2022), simbiyotik dengeye katkı sağlayan genlerdeki DNA metilasyon desenlerinin değişimini haritalandırarak, bu genlerin aşırı ifade edilmesini önleyen **epigenetik “sessizleştirme”** mekanizmalarının aktif olduğunu ortaya koymuştur.



Şekil 7. Epigenetik düzenlemeler yoluyla sosyal davranış ve bağışıklık tepkilerinin farklılaşması

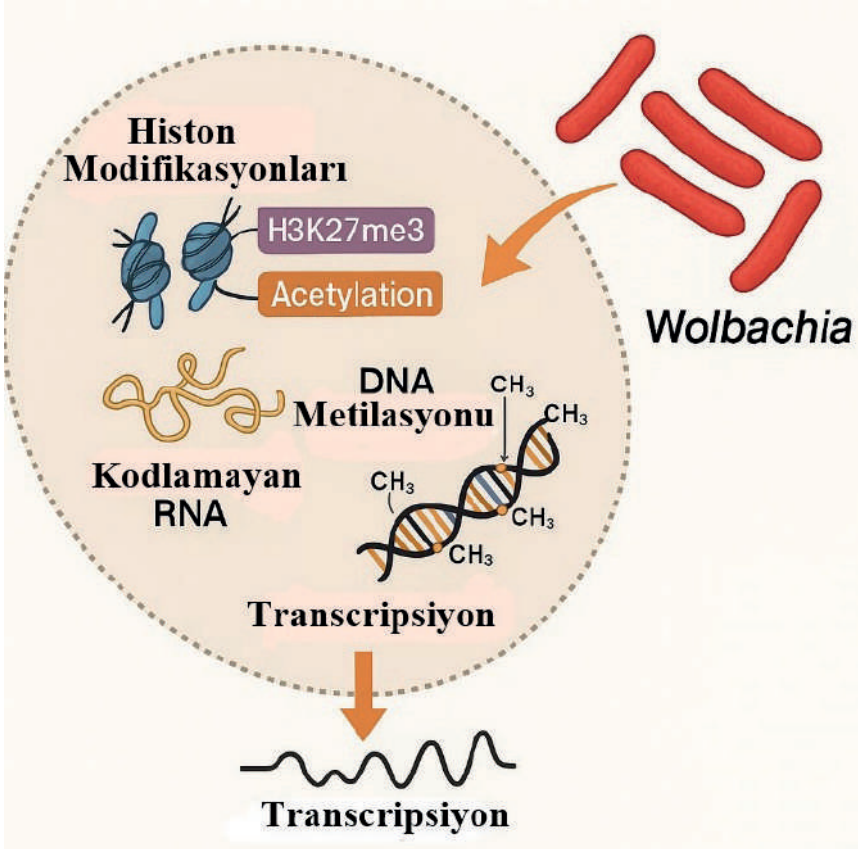
5.2. Patojenin Konak Epigenomu Üzerindeki Etkisi

Epigenetik etkileşimler yalnızca konak bağışıklığının mikroorganizmalara verdiği yanıtları değil, aynı zamanda bazı mikroorganizmaların konak üzerinde oluşturduğu etkileri de kapsamaktadır. Özellikle simbiyotik ya da parazitik yaşam formları, konak organizmanın **epigenetik yapısını manipüle ederek** kendi yaşam döngülerini sürdürebilecekleri avantajlı ortamlar oluşturabilmektedir.

Bu bağlamda, *Wolbachia* gibi endosimbiyotik bakteriler, konağın gen ekspresyonunu **epigenetik yollarla modüle etme** kapasitesine sahiptir. Du et al. (2024), *Wolbachia*'nın konak kromatin yapısını etkileyerek **histon modifikasyonları**, **kodlamayan RNA'lar** ve muhtemelen **DNA**

metilasyonu aracılığıyla transkripsiyonel profilleri değiştirdiğini ortaya koymuştur. Bu değişimler konak fizyolojisi üzerinde önemli sonuçlar doğurmakta; bağışıklık tepkisi, üreme biyolojisi ve davranışsal yanıtlar gibi süreçleri şekillendirmektedir.

Wolbachia'nın konak epigenomuna müdahalesi sonucunda bazı gen bölgelerinde **histon H3K27me3** gibi baskılayıcı işaretlerin arttığı, bazı bölgelerde ise **asetilasyonu** gibi aktive edici modifikasyonların yoğunlaştığı gösterilmiştir. Bu durum, simbiyotik mikroorganizmanın konağın genetik ifadesi üzerinde seçici kontrol sağladığını ve simbiyotik ilişkinin sürekliliğini koruduğunu göstermektedir (Şekil 8). Ayrıca, konak türler arasında bu epigenetik etkilerin farklı düzeylerde gözlenmesi, **konak-spesifik evrimsel adaptasyonların** da bir göstergesidir.



Şekil 8. *Wolbachia*'nın konak epigenomu üzerindeki etkileri: H3K27me3, histon asetilasyonu ve ncRNA mekanizmaları

5.3. Saha Uygulamaları ve Potansiyel

Epigenetik-patojen etkileşimleri, yalnızca temel biyolojik anlayış açısından değil, aynı zamanda **uygulamalı biyolojik kontrol stratejileri** açısından da çığır açıcı bir potansiyele sahiptir. Zararlı böcek türlerinin epigenetik mekanizmalarının, simbiyotik ya da patojenik mikroorganizmalar aracılığıyla hedeflenmesi, onların **fizyolojik zindeliklerini düşürerek** popülasyonlarını kontrol altına almak için kullanılabilir.

Du et al. (2024) çalışmasında, belirli mikrobiyal ajanların konak DNA metilasyon düzenini bozarak stres yanıtlarını zayıflattığı ve bağışıklık baskılanması ile zindelik düşüşü sağladığını bildirmişlerdir. Bu tür yaklaşımlar, **kimyasal pestisitlerin çevresel risklerinden kaçınmak ve sürdürülebilir entegre zararlı yönetimi (IPM)** programları geliştirmek açısından büyük önem taşır.

Ayrıca epigenetik modifikasyonların kalıtsal olabilme potansiyeli, bu müdahalelerin **birkaç jenerasyon (döl) boyunca etkili olabileceği** anlamına gelmektedir. Bu durum, gelecekte **epigenetik hedefli biyopestisitlerin** geliştirilmesine yönelik çalışmalara da temel oluşturabilir.

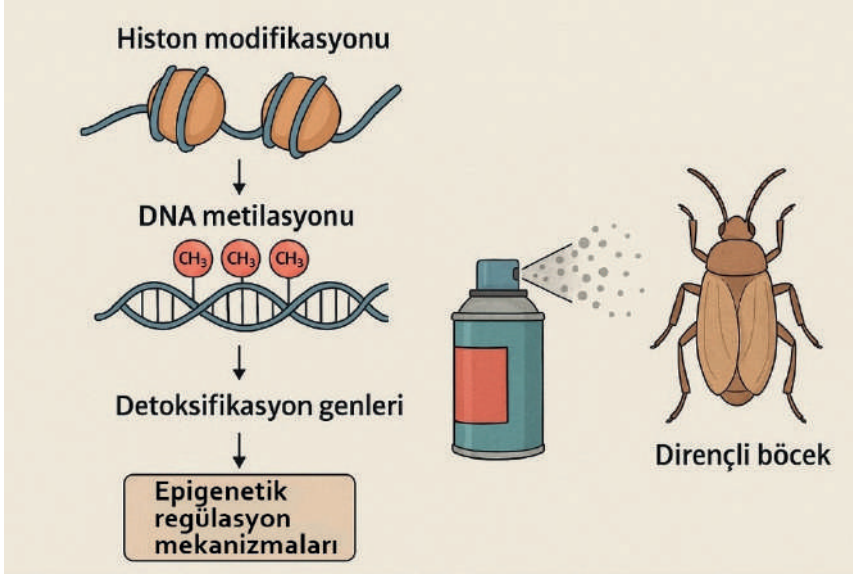
6. Entomolojide Epigenetik Araştırmaların Uygulamaları

Epigenetik düzenlemeler, entomolojide yalnızca temel biyolojik süreçleri anlamakla sınırlı kalmayıp, çevresel streslere adaptasyon, zararlı yönetimi ve popülasyon dinamikleri gibi uygulamalı alanlara da ışık tutmaktadır. Böceklerin hızlı çevresel değişimlere yanıt verme kapasitesinde, genetik olmayan ancak kalıcı ve nesiller arası aktarılabilir nitelikteki epigenetik modifikasyonların önemli rol oynadığı görülmektedir (Du and Goodisman, 2024).

6.1. Zararlı Yönetiminde Epigenetik

Zararlı türlerin pestisitlere karşı geliştirdiği direnç mekanizmalarının yalnızca mutasyonlara değil, aynı zamanda **epigenetik modifikasyonlara** da dayandığı anlaşılmıştır. Özellikle DNA metilasyonu ve histon modifikasyonları, detoksifikasyon genlerinin ekspresyonunu artırarak pestisitlere karşı direnç gelişimini kolaylaştırmaktadır (Şekil 9). Örneğin, **CYP450, GST ve ABC transporter** gibi gen aileleri, metilasyon desenlerindeki değişikliklerle birlikte daha yüksek düzeyde ifade edilerek pestisit etkilerini azaltmaktadır (Lai and Wang, 2025). Bu durum, **epigenetik hedefli pestisitlerin** geliştirilmesi fikrini gündeme getirmiştir. Epigenetik inhibitörlerin, klasik pestisitlerle kombinasyonu, dirençli popülasyonları daha etkili şekilde baskılayabilecek

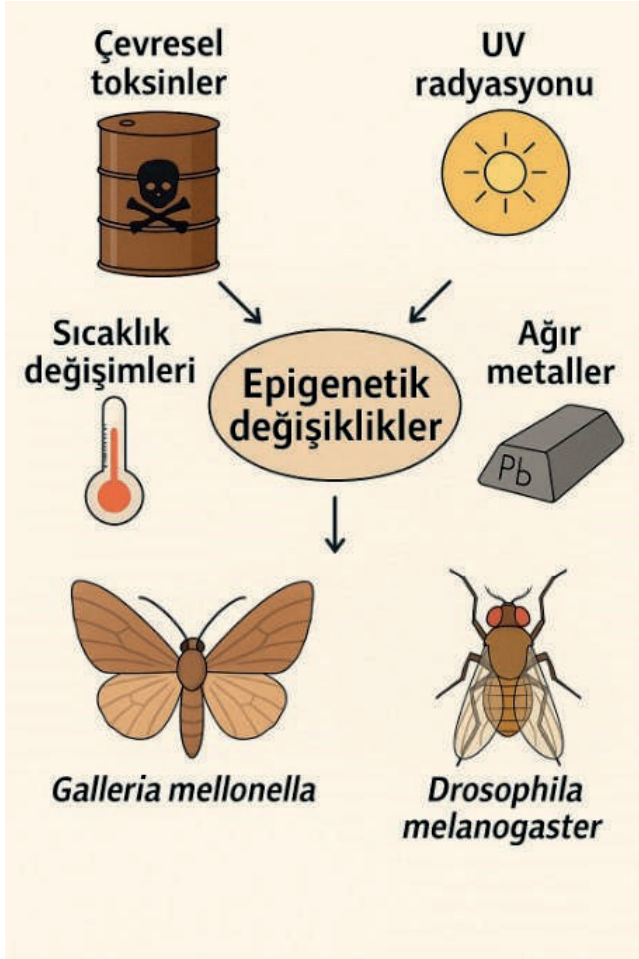
entegre stratejilerin temelini oluşturabilir (Lai and Wang, 2025; Zhang et al., 2021).



Şekil 9. Zararlı yönetimde epigenetik mekanizmaların pestisit direnci üzerindeki etkisi

6.2. Epigenetik Biyo-Gösterge Olarak Kullanımı

Çevresel toksinler, UV radyasyonu, sıcaklık değişimleri ve ağır metaller gibi faktörler, böceklerin epigenomunda belirgin değişimlere neden olabilmektedir. Özellikle **DNA metilasyonundaki azalma** ya da **histon asetilasyonundaki artış**, bu organizmaların çevresel streslere maruz kaldığını göstermektedir (Şekil 10) (Villagra and Frías-Lasserre, 2020). Bu nedenle, böcek türleri - özellikle *Galleria mellonella* (Lepidoptera: Pyralidae) ve *Drosophila melanogaster* (Diptera: Drosophilidae) - çevresel kaliteyi değerlendirmek için **epigenetik biyo-göstergeler** olarak kullanılmaktadır. Bu yaklaşım, geleneksel biyo gösterge kavramının ötesine geçerek, canlı organizmaların çevresel değişikliklere verdiği **moleküler yanıtları** doğrudan değerlendirme imkânı sunar.

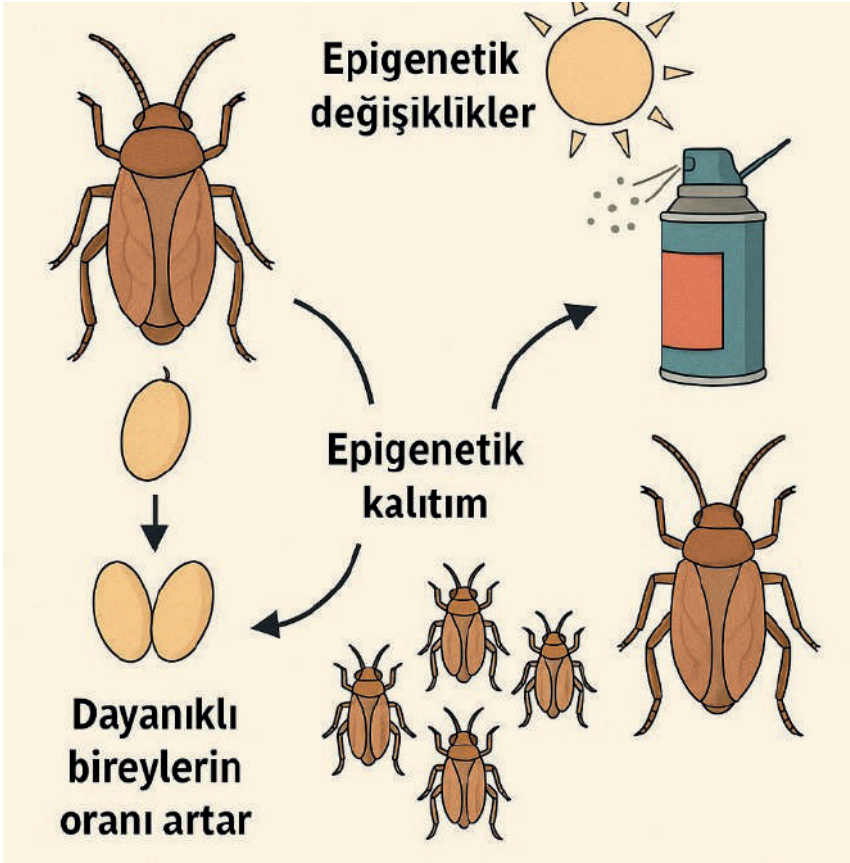


Şekil 10. Epigenetik düzenleme mekanizmaları yoluyla pestisit direnci gelişimi: Histon modifikasyonu, DNA metilasyonu ve detoksifikasyon genlerinin aktivasyonu sonucunda dirençli böcek oluşumu

6.3. Genetik Olmayan Kalıtım ve Popülasyon Adaptasyonu

Epigenetik kalıtım, çevresel faktörlere maruz kalma sonucu oluşan değişikliklerin nesiller boyunca aktarılmasıdır. Du et al. (2024), bazı böcek türlerinde epigenetik işaretlerin nesiller arası korunduğunu ve bu durumun popülasyonun yeni çevresel koşullara hızlı adaptasyonunu sağladığını belirtmektedirler. Örneğin, kuraklık veya pestisit baskısı altında kalan bireylerde görülen epigenetik değişiklikler, yavrulara aktarılabilmekte ve böylece popülasyon genelinde **dayanıklı birey oranı** artmaktadır. Bu da, genetik mutasyonlara gerek kalmaksızın **popülasyon düzeyinde** çevresel

toleransın artmasını sağlar (Şekil 11) (Gapp et al., 2014; Du and Goodisman, 2024).



Şekil 11. Çevresel stres kaynaklı epigenetik değişikliklerin nesiller arası aktarımı ve popülasyon adaptasyonuna katkısı

7. Çevresel Stres Faktörleri ve Epigenetik Uyum

Böceklerin çevresel stres faktörlerine verdiği tepkiler, yalnızca klasik genetik mutasyonlara dayanmaz; aynı zamanda epigenetik mekanizmalar yoluyla da şekillenir. Isı, toksinler, radyasyon, beslenme yetersizlikleri ve pestisitler gibi stresörler, hücresel işleyişi doğrudan etkileyen epigenetik düzenlemeleri tetikleyebilir (Glastad et al., 2019; Du and Goodisman, 2024). Bu tür düzenlemeler, organizmaların kısa süre içinde çevreye uyum sağlamasını mümkün kılar ve popülasyon düzeyinde adaptif yanıtların ortaya çıkmasına zemin hazırlar.

7.1. Çevresel Sinyallere Epigenetik Yanıt

Çevresel stresörler, genellikle DNA metilasyonu, histon modifikasyonları ve regülatör RNA düzeyleri üzerinden etkili olur. Örneğin; *Tribolium castaneum* (Coleoptera: Tenebrionidae)'da yüksek sıcaklık koşullarında, ısı şok proteinlerini (HSP) kodlayan genlerin promotör bölgelerindeki metilasyon seviyelerinde belirgin azalmalar gözlenmiştir. Bu durum, gen ekspresyonunun artmasını ve ısıya karşı dirençli fenotiplerin ortaya çıkmasını sağlar (Villagra and Frías-Lasserre, 2020). Ayrıca, UV maruziyeti ve toksik kimyasallarla karşılaşma gibi durumlar, histon H3K9 asetilasyonu ve H3K4 trimetilasyonu gibi aktive edici işaretlerin artmasına neden olabilir. Bu modifikasyonlar, strese karşı savunma genlerinin hızlı transkripsiyonunu mümkün kılar. Besin kısıtlaması altında ise lncRNA ve miRNA gibi kodlamayan RNA'ların ekspresyon düzeylerinde artış saptanmıştır; bu moleküller gelişimsel yolları ve metabolik adaptasyonu doğrudan etkiler (Villagra and Frías-Lasserre, 2020).

Bu dinamik epigenetik yanıtlar, çevresel koşullara bağlı olarak gen ekspresyonunun hızlı, fakat geri dönüşümlü şekilde ayarlanmasını sağlar. Bu özellikleriyle, epigenetik mekanizmalar genetik mutasyonlara kıyasla daha esnek ve zamanla sınırlı adaptasyon yolları sunar.

7.2. Transgenerasyonel Epigenetik Kalıtım

Epigenetik işaretlerin yalnızca bireyin yaşamı süresince değil, sonraki nesillere de aktarılabilmesi, “transgenerasyonel epigenetik kalıtım” olarak adlandırılmaktadır. Bu mekanizma, çevresel stresin gamet hücrelerinde epigenetik izler bırakması ve bu izlerin döllenmiş zigotlarda korunarak yavrulara geçmesiyle işler (Gapp et al., 2014; Du and Goodisman, 2024). Örneğin, pestisit veya ağır metale maruz kalan dişi bireylerin yumurtalarında DNA metiltransferaz (DNMT) genlerinin aşırı ekspresyon gösterdiği tespit edilmiştir. Bu artış, yavrularda hem bağışıklık sistemi genlerinin regülasyonunu hem de gelişimsel hızlarını etkileyerek çevresel toleransın erken yaşta kazanılmasını sağlamaktadır. Ayrıca, histon H3K27me3 gibi baskılayıcı işaretlerin bazı gen bölgelerinde birden fazla nesil boyunca kalıcılık gösterdiği gözlenmiştir; bu da stres tepkilerinin kalıtsal olarak sürdürülebileceğini göstermektedir.

Bu tür kalıtsal epigenetik düzenlemeler, özellikle hızlı çevresel değişimlerin yaşandığı habitatlarda hayatta kalma başarısını artırır ve evrimsel süreçlerde genetik değişimlerin yanında epigenetik adaptasyonun da önemli bir rolü olduğunu ortaya koyar.

8. Gelecek Perspektifleri ve Araştırma Yönelimleri

Epigenetik araştırmalar, entomolojide moleküler biyolojinin sınırlarını zorlayarak böceklerin fizyolojik, gelişimsel ve çevresel süreçlerine dair yeni bakış açıları sunmaktadır. Artan veri üretim kapasitesi, düşük maliyetli dizileme teknolojileri ve yüksek çözünürlüklü analiz yöntemleri, epigenetik çalışmaların ölçeğini ve çözünürlüğünü genişletmiştir. Ancak hâlen teknik, biyolojik ve etik açılardan önemli zorluklar ve yanıt bekleyen sorular bulunmaktadır.

8.1. Teknik Gelişmeler ve Veri Entegrasyonu

Yeni nesil dizileme (NGS), bisülfid sekanslama (BS-seq), kromatin immünopresipitasyonu sekanslama (ChIP-seq) ve transkriptom analizi (RNA-seq) gibi tekniklerin entegre biçimde kullanılması, epigenetik düzenleme süreçlerinin çok katmanlı şekilde değerlendirilmesine olanak tanımaktadır. Özellikle bisülfid sekanslama ile DNA metilasyon desenlerinin nükleotid bazında haritalanması, ChIP-seq ile histon modifikasyonlarının kromatin düzeyinde lokalizasyonu ve RNA-seq ile gen ekspresyon profillerinin belirlenmesi, birlikte analiz edildiğinde gen düzenlenmesinin epigenetik mimarisine dair detaylı bilgiler sunmaktadır.

Bu tekniklerin entomolojik sistemlere uyarlanması hâlâ başlangıç aşamasındadır. Pek çok çalışma, model organizmalarla sınırlı kalmakta ve türler arası karşılaştırmalarda biyolojik varyasyonlar tam olarak kontrol edilememektedir. Gelecekte, bu tekniklerin daha fazla türde sistematik biçimde kullanılması, epigenetik düzenleme ile davranış, metabolizma ve stres yanıtları arasındaki ilişkilerin açığa çıkarılmasına katkı sağlayacaktır.

8.2. Tür-Özel Epigenom Haritaları

Epigenetik profil haritalarının çoğu hâlen *Drosophila melanogaster* gibi model türlere dayansa da, sosyal böcekler (*Apis mellifera*, *Camponotus floridanus*) gibi organizmalarda yapılan çalışmalar, farklı kast sistemleri, yaş evreleri ve çevresel koşulların epigenetik belirteçleri nasıl şekillendirdiğine dair önemli bilgiler sunmaktadır.

Model olmayan türler için tür-özel epigenom haritalarının çıkarılması, hem uygulamalı biyolojiye hem de evrimsel süreçlerin anlaşılmasına ciddi katkılar sağlayacaktır (Jiao and Palli, 2024). Özellikle larval dönemdeki gelişim evrelerinde ya da çevresel stres altında olan bireylerde epigenetik değişikliklerin nasıl farklılaştığının tespiti, biyolojik çeşitliliğin moleküler temellerini anlamamıza yardımcı olacaktır.

8.3. Uygulamalı Entomolojiye Katkılar

Epigenetik bilginin uygulamalı entomoloji alanına entegrasyonu, zararlı kontrolü, vektör yönetimi ve faydalı türlerin desteklenmesi gibi alanlarda yeni stratejilerin gelişmesine olanak sunmaktadır. Örneğin, pestisit direncinde rol oynayan genlerin epigenetik düzeyde baskılanması ya da düzenlenmesi, direnç gelişimini geciktiren veya önleyen biyoteknolojik yaklaşımların temelini oluşturabilir. Ayrıca, doğal düşmanların veya tozlayıcıların çevresel streslere karşı dayanıklılıklarının artırılması amacıyla epigenetik programlama tekniklerinin kullanımı, tarımsal ekosistemlerde sürdürülebilir üretim hedefleriyle uyumlu çözümler sunmaktadır.

8.4. Etik ve Ekolojik Sorgulamalar

Epigenetik düzenleme teknolojilerinin doğrudan çevresel sistemlere uygulanması, beraberinde etik ve ekolojik sorumlulukları da getirmektedir. Spesifik genlerin veya epigenetik yolların modifikasyonu yoluyla popülasyonların yapay olarak yönlendirilmesi, uzun vadede tür içi genetik çeşitlilikte daralmaya, türler arası etkileşimlerde bozulmaya ve ekosistem dengesinde geri dönüşü olmayan kaymalara neden olabilir.

Bu nedenle, epigenetik müdahalelerin uygulanabilirliği değerlendirirken sadece kısa vadeli faydalar değil; popülasyon dinamikleri, evrimsel süreklilik ve biyoetik ilkeler bütüncül şekilde ele alınmalıdır. Çevreye yönelik epigenetik müdahalelerin potansiyel ekolojik ve etik riskler barındırabileceği belirtilmekte ve bu nedenle bu tür uygulamaların kontrollü deneysel sistemlerde test edilmesi, sonuçların şeffaf değerlendirme süreçleriyle kamuya açık biçimde raporlanması gerektiği vurgulanmaktadır (Casadesús and Low, 2013; Bošković and Rando, 2018; Glastad et al., 2019; Du and Goodisman, 2024).

9. Sonuç

Epigenetik mekanizmalar, böcek biyolojisinin temel yapı taşlarından biri olarak günümüzde giderek artan bir öneme sahiptir. DNA metilasyonu, histon modifikasyonları ve kodlamayan RNA'lar gibi epigenetik düzenleyiciler, genetik dizilimde herhangi bir değişiklik olmaksızın gen ekspresyonunun kontrol edilmesini sağlar. Bu düzenlemeler; fenotipik plastisite, gelişimsel farklılaşma, kaste ayrımı, çevresel stres faktörlerine adaptasyon, bağışıklık yanıtları ve simbiyotik etkileşimlerin şekillendirilmesi gibi çok sayıda biyolojik sürecin merkezinde yer almaktadır.

Entomoloji alanında yapılan epigenetik çalışmalar, sadece temel biyolojik soruların çözümüne değil, aynı zamanda tarımsal zararlıların

yönetimi, pestisit direncinin anlaşılması, biyolojik vektör kontrolü, çevresel toksisite değerlendirmesi ve faydalı türlerin üretiminde yeni stratejilerin geliştirilmesine de hizmet etmektedir. Epigenetik süreçlerin dinamik ve çevreye duyarlı yapısı, böceklerin hızlı çevresel değişimlere uyum sağlama kapasitelerini açıklamakta önemli bir araç haline gelmiştir.

Gelecekte, epigenetik bilgilerin sistem biyolojisi yaklaşımlarıyla entegre edilmesi büyük bir gereklilik halini alacaktır. Özellikle genetik, transkriptomik, proteomik ve metabolomik verilerin epigenomik verilerle birlikte yorumlanması, böceklerin yaşam döngüsünün farklı evrelerinde gerçekleşen moleküler değişimlerin çok katmanlı olarak anlaşılmasını mümkün kılacaktır. Bu da hem temel araştırmaların derinleşmesini hem de uygulamalı çözümlerin daha hedefe yönelik geliştirilmesini sağlayacaktır.

Buna ek olarak, model olmayan böcek türleri için tür-özgü epigenom haritalarının çıkarılması, çevresel stres faktörlerinin transgenerasyonel epigenetik etkilerinin detaylandırılması ve epigenetik mühendislik tekniklerinin (örneğin CRISPR/dCas9-temelli epigenom düzenleme) entomolojik sistemlerde uygulanması, epigenetik entomolojinin gelecekteki en heyecan verici araştırma alanlarını oluşturmaktadır. CRISPR/Cas teknolojilerinin epigenetik düzenlemede kullanımı, stres toleransı ve metabolik profillerin yönlendirilmesi açısından bitki biyolojisinde olduğu gibi entomolojide de gelecek vaat etmektedir (Eren, 2021)

Sonuç olarak, epigenetik, böceklerin çevresel koşullara verdiği yanıtların ve evrimsel süreçlerdeki rolünün anlaşılmasında yalnızca tamamlayıcı değil, aynı zamanda dönüştürücü bir paradigma sunmaktadır. Bu bilgi birikiminin, hem sürdürülebilir tarım hem de çevresel sağlık açısından yenilikçi çözümler üretme potansiyeli oldukça yüksektir.

Kaynaklar

- Benjamin, R.K., Wurm, Y., Oldroyd, B.P. (2021). The role of DNA methylation in insect caste systems and behavior. *Annual Review of Entomology*, 66, 489–507.
- Bošković, A., Rando, O.J., (2018). Transgenerational Epigenetic Inheritance. *Annual Review of Genetics*, 52, 21-41.
- Casadesús, J., Low, D.A. (2013). Programmed heterogeneity: epigenetic mechanisms in bacteria. *The Journal of Biological Chemistry*, 288(20), 13929-13935.
- Chen, X.Y, Zhang, J., Zhu, J.S. (2019). The role of m6A RNA methylation in human cancer. *Molecular Cancer*, 18:1–9.
- Du, J., Goodisman, M.A.D., (2024). The role of epigenetics in insects in changing environments. *Insect Molecular Biology*, 33, 429–431.
- Eren, B. (2021). Gen Transfer Teknolojisi ve Yağ asidi Kompozisyonlarına Katkısı-CRSPR/Cas Teknolojisi. *Avrupa Bilim ve Teknoloji Dergisi*, (22), 300-305.
- Ferro, K., Peuß, R., Yang, W., Rosenstiel, P., Schulenburg, H., Kurtz, J. (2019). Experimental evolution of immunological specificity. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 116, 20598-20604.
- Gapp, K., von Ziegler, L., Tweedie-Cullen, R.Y., Mansuy, I.M. (2014). Early life epigenetic programming and transmission of stress-induced traits in mammals. How and when can environmental factors influence traits and their transgenerational inheritance? *Bioessays*, 36, 491–502.
- Gegner, J., Vogel, H., Billion, A., Förster, F., Vilcinskas, A. (2021). Complete metamorphosis in *Manduca sexta* involves specific changes in DNA methylation patterns. *Frontiers in Ecology and Evolution*, 9, 104.
- Glastad, K.M., Hunt, B.G., Goodisman, M.A.D. (2019). Epigenetics in insects: Genome regulation and the generation of phenotypic diversity. *Annual Review of Entomology*, 64, 185–203.
- Jiao, H., Palli, S.R. (2024). RNA modification in insects. *Frontiers in Insect Science*, 01-09.
- Lai, Y., Wang, S. (2025). Epigenetic regulation in insect–microbe interactions. *Annual Review of Entomology*, 70:293–311.
- Liu, C., Cao, J., Zhang, H., Wu, J., Yin, J. (2022). Profiling of transcriptome-wide N6-methyladenosine (m6A) modifications and identifying m6A associated regulation in sperm tail formation in *Anopheles sinensis*. *International Journal of Molecular Sciences*, 23(9), 4630.
- Mukherjee, K., Baudach, A., Vogel, H., Vilcinskas, A. (2020) Seasonal phenotype-specific expression of microRNAs during metamorphosis in the Eu-

- ropean map butterfly *Araschnia levana*. Archives of Insect Biochemistry and Physiology, 104:e21657.
- Mukherjee, K., Dobrindt, U. (2022). The emerging role of epigenetic mechanisms in insect defense against pathogens. Current Opinion in Insect Science, 49, 8–14.
- Oldroyd, B.P., Yagound, B. (2021). The role of epigenetics, particularly DNA methylation, in the evolution of caste in insect societies. Philosophical Transactions of the Royal Society B, 376(1826), 20200115.
- Palli, S.R. (2021). Epigenetic regulation of post-embryonic development. Current Opinion in Insect Science, 43, 63-69.
- Pirithiraj, U., Soundararajan, R.P., Justin, G.L., (2020). Epigenetics Mechanisms in Insects: A Review. International Journal of Current Microbiology and Applied Sciences, 9(5), 2961-2971.
- Villagra, C., Frías-Lasserre, D., (2020). Epigenetic Molecular Mechanisms in Insects. Neotropical Entomology, 49, 615–642.
- Zaccara, S., Jaffrey, S.R. (2020). A unified model for the function of YTHDF proteins in regulating m6A-modified mRNA. Cell, 181, 1582–95.
- Zhang, G., Xu, Y., Wang, X., Zhu, Y., Wang, L., Zhang, W. (2022). Dynamic FMR1 granule phase switch instructed by m6A modification contributes to maternal RNA decay. Nature Communications, 13, 859.

Yabancı Otlarda Epigenetik Stres Hafızası ve Nesiller Arası Adaptasyon

Harun Alptekin¹

Seren Doğar²

Ramazan Gürbüz³

Özet

Yabancı otlar, değişken ve sık sık dönüşen çevresel koşullara yüksek derecede uyum sağlamak kapasiteleri sayesinde, tarımsal üretim alanlarında ve ekosistemler üzerinde ciddi baskılar oluşması küresel tarımın karşılaştığı en önemli zorluklardan birisi olarak karşımıza çıkmaktadır. Geleneksel olarak, yabancı ot adaptasyonu genellikle genetik çeşitliliğe ve hızlı üreme kapasitelerine bağlı olduğu düşünülse de, yabancı ot dayanıklılığını şekillendirmede epigenetik mekanizmaların kritik bir rolü bulunmaktadır. DNA metilasyonu, histon modifikasyonları ve küçük RNA kaynaklı düzenleme de dahil olmak üzere epigenetik süreçler, DNA dizisini değiştirmeden gen ifadesinde kalıtsal değişikliklere izin vererek bitkilerin çevresel stres faktörlerine hızlı ve esnek bir şekilde karşılık vermesini sağlar. Bu süreçler, herbisit uygulaması, kuraklık, tuzluluk veya besin maddesi noksanlığı gibi stres koşullarına daha önce maruz kalmanın, yabancı otları sonraki karşılaşmalarda daha güçlü tepkiler vermeye hazırladığı stres hafızası olgusunun merkezinde giderek daha fazla kabul görmektedir. Epigenetik düzenlemenin özellikle önemli bir yönü, nesiller arası kalıtım kapasitesidir. Stres kaynaklı bazı epigenetik modifikasyonlar yavrulara aktarılabilir, böylece çevresel koşulların kalıtsal bir “hafızası” sağlanır ve nesiller boyunca adaptif avantajlar sağlanır. Bu kalıtım biçimi, genetik mutasyon ve doğal seçilimin yavaş temposunu aşarak yabancı ot adaptasyonunu hızlandırır. Tarımsal ekosistemlerde bu

- 1 Dr. Öğr. Üyesi, Iğdır Üniversitesi, Ziraat Fakültesi, Zootehni Bölümü, Iğdır/Türkiye, ORCID ID: <https://orcid.org/0000-0001-9319-311X>
- 2 Arş. Gör., Iğdır Üniversitesi, Ziraat Fakültesi, Bitki koruma Bölümü, Iğdır/Türkiye, ORCID ID: <https://orcid.org/0000-0003-2757-594X>
- 3 Doç. Dr., Iğdır Üniversitesi, Ziraat Fakültesi, Bitki koruma Bölümü, Iğdır/Türkiye, ORCID ID: <https://orcid.org/0000-0003-3558-9823>

durum, herbisit direncinin hızla ortaya çıkmasını, yabancı otların abiyotik stres altında kalıcılığını ve istilacı türlerin yeni habitatlara yerleşme yeteneğini açıklayabilmektedir. Yabancı otlardaki epigenetik stres hafızasını anlamak, yalnızca geleneksel yabancı ot adaptasyon modellerini yeniden şekillendirmekle kalmaz, aynı zamanda yabancı ot yönetim stratejileri için de yol göstermektedir. Epigenetik hafıza ile ön hazırlık, tekrarlayan tarımsal uygulamaların, gelecekteki strese önceden adapte olmuş popülasyonları seçerek yabancı ot dayanıklılığını istemeden güçlendirebileceğini göstermektedir. Sonuç olarak, yabancı ot araştırmalarında epigenetik bakış açılarının uygulanması, adaptasyonu izlemek için biyobelirteçlerden yararlanarak ve stres hafızası mekanizmalarını etkisiz hale getiren agronomik uygulamaları uyarlayarak sürdürülebilir kontrolü ilerletilebilmektedir. Epigenetik esnekliği yabancı ot biyolojisinin ön saflarına yerleştiren bu bakış açısı, hem araştırma hem de yönetimde bir paradigma değişimine ihtiyaç duyulduğunu ve yabancı otların, kalıtsal epigenetik hayatta kalma araçlarıyla donatılmış, oldukça dinamik organizmalar olarak kabul edilmesi gerektiğini vurgulamaktadır.

1. Giriş

Yabancı otlar, yoğun tarım uygulamalarının dayattığı çeşitli ve genellikle zorlu koşullar altında gelişerek, tarımsal ekosistemlerdeki en uyumlu organizmalar arasında yer almaktadır. Birçok farklı ortama kolay bir şekilde adapte olmalarının altında yatan temel faktör, çevresel streslere klasik genetik çeşitliliğin ötesine geçen şekillerde yanıt verme kapasiteleridir. Son yıllarda, epigenetik mekanizmalar (DNA metilasyonu, histon modifikasyonları ve küçük RNA yolları gibi DNA dizisinde değişiklik içermeyen kalıtsal modifikasyonlar) bitki stres tepkilerinin güçlü düzenleyicileri olarak ortaya çıkmaktadır. Bu modifikasyonlar, yabancı otların herbisit maruziyeti, toprak besin maddesi dengesizlikleri, kuraklık ve aşırı sıcaklıklar gibi dalgalanan çevre koşullarına ve antropojenik baskılara hızla uyum sağlamasını mümkün kılmaktadır.

Epigenetik düzenlemenin en çarpıcı özelliklerinden birisi, stres hafızasındaki rolüdür. Bir yabancı ot çevresel bir stres faktörüne maruz kaldığında, epigenetik değişiklikler genomunu sonraki streslere daha hızlı veya daha güçlü tepkiler vermeye hazırlayabilmektedir. Bu “hafıza”, bitkinin yaşamı boyunca devam ederek gelişimini, üremesini ve hayatta kalmasını etkileyebilmektedir. Daha da önemlisi, belirli epigenetik işaretler yavrulara aktarılabilmekte ve nesiller arası adaptasyonun temelini oluşturmaktadır. Bu tür bir kalıtım, yabancı ot popülasyonlarının yeni mutasyonlara ihtiyaç duymadan nesiller boyunca adaptif özellikler biriktirmesini sağlayarak tarımsal ekosistemlerdeki değişim süreçlerini hızlandırmaktadır.

Yabancı otlardaki herbisit direnci temel olarak iki geniş mekanizma ile açıklanmaktadır: hedef bölge direnci (TSR) ve hedef bölge dışı direnç (NTSR). TSR, herbisit bağlanma bölgelerini deđiřtiren veya ALS, ACCase veya EPSPS gibi hedef proteinlerin aşırı ekspresyonuna yol açan DNA mutasyonlarından kaynaklanmaktadır (Gaines ve ark., 2020; Sen ve ark., 2021). Buna karşılık, NTSR, gelişmiş detoksifikasyon ve azaltılmış emilim veya translokasyon gibi daha karmařık ve daha az anlaşılmış süreçleri kapsamaktadır (Délye, 2013; Ghanizadeh ve Harrington, 2017). Detoksifikasyon, henüz geliştirilmemiş olanlar da dahil olmak üzere, birden fazla herbisit sınıfına karşı öngörlemeyen çapraz direnç sağlayabildiđi için özellikle önem arz etmektedir. Herbisit detoksifikasyonunda rol oynayan temel enzimler (sitokrom P450’ler, glutatyon transferazlar (GST’ler) ve ABC taşıyıcıları) da bazal stres tepki yollarıyla bağlantılıdır ve bu da herbisit metabolizması ile bitki stres fizyolojisi arasındaki örtüşmeyi vurgulamaktadır (Délye ve ark., 2015; Radwan, 2012; Markus ve ark., 2018).

Son arařtırmalar, DNA metilasyonu, histon modifikasyonları ve küçük RNA’lar dahil olmak üzere epigenetik mekanizmaların yabancı ot direncini daha da şekillendirebileceđini vurgulamaktadır. Kimyasal stresör görevi gören herbisitler, geçici epigenetik deđiřiklikleri tetikleyebilecek oksidatif stres ve transkripsiyonel yeniden programlamaya neden olmaktadır. Bunlar genleri “açık” veya “kapalı” konuma getirerek detoksifikasyon enzimlerinin (örn. P450’ler, GST’ler, ABC taşıyıcıları) aşırı üretimine veya pro-herbisitlerin aktivasyonunun deđiřmesine yol açabilmektedir. Yapılan çalıřmalar bunu desteklemektedir: dirençli ve duyarlı bitkiler detoksifikasyonla iliřkili lokuslarda (örn. *Echinochloa crus-galli*’deki CYP81A68) (Pan ve ark., 2022), ayrıca *Conyza canadensis*’te (Margaritopoulou ve ark., 2018), atrazin stresi altındaki pirinçte (Lu ve ark., 2016) ve glifosata maruz kalan buđdayda (Nardemir ve ark., 2015) farklı DNA metilasyonu göstermektedir. Yapılan ilk çalıřmalar DNA metilasyonunu salt susturma olarak ele alırken, genom çapındaki analizler artık etkisinin genomik bağlama göre deđiřtiđini (promotörlerde, gen gövdelerinde veya düzenleyici bölgelerde) ve böylece gen ifadesini dinamik olarak etkilediđini göstermektedir (Zhang ve ark., 2018; Akhter ve ark., 2021).

Epigenetik stres hafızası, dirençli yabancı ot poplasyonlarının hızla ortaya çıkmasının en önemli sebebi olduđu düşünlmektedir (Markus ve ark., 2018). Epigenetik esneklik, herbisitlere karşı geçici tolerans sağlayarak, kararlı genetik direnç ortaya çıkana kadar hayatta kalmayı sağlamaktadır. Herbisitlerin ötesinde, kuraklıđa veya besin maddesi noksanlıđına maruz kalma, fizyolojik verimliliđi ve stres direncini artıran uzun süreli epigenetik izler bırakarak kaynakların sınırlı olduđu ortamlarda yabancı otların ortama

dayanıklılığını sağlamaktadır. Bu değişiklikler nesiller boyunca aktarılabilir ve yalnızca genetik mutasyonlara dayanan klasik adaptasyon modellerine meydan okuyan nesiller arası bir epigenetik kalıtım katmanı sağlamaktadır. Tarımsal üretim açısından bu, yabancı ot yönetimi stratejilerinin istemeden sadece genetik olarak dirençli bireyleri değil, aynı zamanda epigenetik olarak hazırlanmış popülasyonları da seçebileceği, direnç değişimini hızlandırabileceği ve uzun vadeli yabancı ot kontrol çalışmalarını zorlaştırabileceği anlamına gelmektedir.

Epigenetik stres hafızası önemli bir şekilde, dirençli yabancı ot popülasyonlarının hızla ortaya çıkışı için ikna edici bir açıklama sunmaktadır. Epigenetik esneklik, herbisitlere karşı geçici tolerans sağlayarak, stabil genetik direnç ortaya çıkana kadar hayatta kalmayı sağlamaktadır (Margaritopoulou ve ark., 2018). Herbisitlerin ötesinde, kuraklık ve besin kıtlığı, fizyolojik verimliliği ve stres direncini artıran uzun süreli epigenetik işaretler oluşturabilir ve böylece kaynakların sınırlı olduğu ortamlarda yabancı otların kalıcılığını teşvik edebilir (Hauser ve ark., 2011; Rendina González ve ark., 2018). Bu değişiklikler nesiller boyunca da kalıtılabilir ve yalnızca genetik mutasyonlara dayanan klasik adaptasyon modellerine meydan okuyan nesiller arası epigenetik kalıtım katmanı sağlar (Minow ve ark., 2020; Banerjee ve ark., 2019). Tarım açısından bu, yabancı ot yönetimi stratejilerinin istemeden yalnızca genetik olarak dirençli bireyleri değil, aynı zamanda epigenetik olarak hazırlanmış popülasyonları da seçebileceği, direnç evrimini hızlandırabileceği ve uzun vadeli kontrol çabalarını zorlaştırabileceği anlamına gelir (Sen ve ark., 2022; Miryeganeh, 2025). Bu nedenle, yabancı otlarda epigenetik stres hafızası ve kuşaklar arası kalıtımın incelenmesi, dirençlerinin altında yatan mekanizmaları anlamak için önemlidir. Moleküler epigenetiği yabancı ot bilimiyle entegre etmek, epigenetik düzenleyicileri hedeflemek, stres hafızasını bozan ürün rotasyonları tasarlamak veya epigenom izleme yoluyla adaptasyon modellerini tahmin etmek gibi sürdürülebilir yabancı ot yönetimi stratejileri için yeni yollar açabilir (Vatov ve ark., 2025). Bu bakış açısı, yabancı otlara ilişkin anlayışımızı yeniden şekillendirerek, onları yalnızca fırsatçı rakipler olarak değil, sürekli değişen bir tarım ortamında hayatta kalmak için epigenetik araçlarla donatılmış son derece dinamik organizmalar olarak konumlandırılmaktadır.

2. Bitkilerde Epigenetik Mekanizmalar

Bitkilerde epigenetik düzenleme, DNA dizisinde değişiklik olmaksızın meydana gelen kalıtsal ancak geri dönüşümlü gen ifadesi modifikasyonlarını içermektedir. Bu süreçler, bitkilerin çevresel streslere, gelişimsel ipuçlarına ve ekolojik baskılara uyum sağlaması için kritik öneme sahiptir ve böylece

dikkate deęer bir esneklik saęlamaktadır. Yabancı otlarda, bu mekanizmalar tarımsal ekosistemlere hızlı adaptasyonu saęlamakta ve herbisit maruziyeti, dalgalanan su bulunabilirlięi veya besin maddesi noksanlıęından kaynaklanan stres altında varlıklarını srdrmelerini saęlamaktadır. Stres hafızası ve adaptasyonunun altında yatan temel mekanizmalar, ç epigenetik yol zerine kuruludur: DNA metilasyonu, histon modifikasyonları ve kodlamayan RNA'ları oluřturmaktadır (Hauser ve ark., 2011).

2.1 DNA Metilasyonu

DNA metilasyonu, bitkilerde en çok incelenen ve korunan epigenetik modifikasyonlar arasındadır ve CG, CHG veya CHH (H = A, T veya C) baęlamalarında sitozin kalıntılarına bir metil grubunun eklenmesiyle karakterize edilmektedir. Bu modifikasyon gen ifadesinin dzenlenmesi ve genom stabilitesinin korunması iin bir temeldir. Anormal metilasyon rntleri ise ciddi geliřimsel anormalliklere yol aabilmektedir (Law ve Jacobsen, 2010). Belirli bir DNA metilasyon durumunun oluřturulması, zel enzimler ve dzenleyici yollar tarafından dzenlenen de novo metilasyon, koruma ve aktif demetilasyon srelerinin dinamik etkileřimi yoluyla elde edilmektedir. Bu karřıt aktiviteler, epigenetik dengeyi saęlayan “metilstat” adı verilen bir mekanizma tarafından koordine edilmektedir (Zhang ve ark., 2018). İřlevsel olarak, DNA metilasyonu birka rol oynamaktadır. Bunlar: stressiz kořullar altında, enerjiyi korumak iin strese yanıt veren genleri bastırırken, abiyotik veya biyotik strese maruz kalma, tolerans yollarını aktive eden hızlı metilasyon yeniden programlamasını tetikleyebilmektedir (Chwialkowska ve ark., 2016). Metilasyonun bir dięer kritik rol, bitki genomlarının byk bir blmn oluřturan ve kontrol edilmedięi takdirde genom btnlęn tehlikeye atabilen transpozonal elementlerin susturulmasıdır (Fedoroff, 2012). Bu hareketli elementlerin baskılanmasını srdrerek bitkiler, stres altında seici mobilizasyona izin verirken kromozomal stabiliteyi korurlar; bu da adaptif varyasyona yol aabilen bir mekanizmadır. Toplu olarak, DNA metilasyonu geliřimsel dzenlemeyi, transpozon susturulmasını ve stres hafızasını btnleřtirerek, dalgalanan ortamlarda esneklik ve dayanıklılıęın altında yatan merkezi bir epigenetik mekanizma olarak konumlandırılmaktadır (Zhang ve ark., 2018; Springer ve Schmitz, 2017). Benzer řekilde EMS gibi mutajenler de buędayda DNA metilasyon desenlerini deęiřtirerek stres kořullarında epigenetik varyasyonu artırmıřtır (Trkoęlu ve ark., 2023a)

2.2 Histon Modifikasyonları

Histon proteinleri DNA'yı kromatine paketler ve transkripsiyon sonrası modifikasyonları epigenetik düzenlemenin bir diğer temel katmanını oluşturmaktadır. Histon kuyruklarının asetilasyonu, metilasyonu, fosforilasyonu ve ubiquitinasyonu kromatin yapısını değiştirerek genlerin transkripsiyonel olarak aktif mi yoksa baskılanmış mı olduğunu belirlemektedir. Örneğin, histon asetilasyonu genellikle gevşemiş bir kromatin durumunu destekler ve transkripsiyonel aktivasyonu kolaylaştırırken, histon metilasyonu modifiye edilmiş kalıntıya ve kromatin içeriğine bağlı olarak gen ekspresyonunu baskılayabilmekte veya aktive edebilmektedir (Liu ve ark., 2010; Kouzarides, 2007). Bu mekanizmalar sayesinde bitkiler, çevresel sinyallere yanıt olarak kromatin yapılarını dinamik olarak yeniden şekillendirebilir ve bu da kayda değer bir transkripsiyonel esneklik sağlamaktadır. Gerçekten de, kuraklık, tuzluluk ve aşırı sıcaklıklar gibi abiyotik stresler ve patojen enfeksiyonu gibi biyotik baskılar, genellikle savunma ve strese duyarlı yolları düzenleyen histon modifikasyonu yeniden programlamasıyla birlikte görülmektedir (Kim ve ark., 2015; Luo ve ark., 2012). Son bulgular, herbisit maruziyetinin kromatin modifikasyonlarını indükleyebileceğini ve detoksifikasyon genlerini aktive ederek veya herbisite duyarlı yolları baskılayarak yabancı otlara hızlı adaptif tepkiler sağlayabileceğini göstermektedir (Margaritopoulou ve ark., 2018). Dolayısıyla, histon modifikasyonları, çevresel ipuçlarını stres altında bitkinin hayatta kalması için kritik olan gen ekspresyon modellerine bağlayan moleküler bir santral görevi görmektedir.

2.3 Kodlamayan RNA'lar

Küçük kodlamayan RNA'lar (örneğin siRNA ve miRNA), strese yanıt veren genlerin ekspresyonunu yönlendiren temel moleküler düzenleyiciler arasında yer almaktadır. Bu moleküller, RNA kaynaklı susturma komplekslerini (RISC'ler) tamamlayıcı mRNA hedeflerine yönlendirerek transkript bölünmesine, transkripsiyonel baskılamaya veya RNA yönlendirmeli DNA metilasyonu (RdDM) yoluyla DNA metilasyonunun yönlendirilmesine yol açmaktadır. Yabancı otlarda, küçük RNA'lar herbisit detoksifikasyonu, oksidatif stres hafifletilmesi veya metabolik ayarlamalarla ilişkili gen ağlarını düzenleyebilmektedir. RNA aracılı susturmanın sağladığı esneklik, bitkilerin genellikle tek bir nesil içinde dalgalanan ortamlara yanıt olarak gen ifade modellerini ince ayar yapmalarını sağlamaktadır (Song ve ark., 2019).

2.4 Genetik Mutasyonlar ve Epigenetik Değişiklikler Arasındaki Ayrım

Genetik mutasyonlar ve epigenetik değişiklikler arasında önemli bir ayrım yapılmalıdır. Mutasyonlar, genellikle replikasyon hatalarından kaynaklanan veya çevresel mutajenler tarafından tetiklenen DNA dizisindeki kalıcı değişikliklerdir. Klasik Darwinci evrimin temelini oluştururlar, ancak nispeten yavaş meydana gelirler. Buna karşılık, epigenetik modifikasyonlar DNA kodunun kendisini değiştirmez; bunun yerine genlerin nasıl ve ne zaman ifade edileceğini düzenler. Bu işaretler dinamik, geri dönüşümlü ve bazen kalıtsaldır ve bitkilerin kalıcı genetik değişiklikler olmadan strese hızlı tepki vermesini sağlamaktadır. Mutasyonların bir popülasyon içinde düzelmesi nesiller sürebilirken, epigenetik değişiklikler tek bir bitkinin ömrü içinde meydana gelebilir ve bazı durumlarda yavrulara aktarılabilir. Bu esneklik, yabancı otlara değişimsel bir avantaj sağlayarak kısa süreli uyum ile uzun süreli adaptasyon arasındaki boşluğu kapatmaktadır (Springer ve Schmitz, 2017).

3. Epigenetik Stres Belleği Kavramı

3.1 Bitki Biyolojisinde Tanımı ve Önemi

Epigenetik stres belleği, bitkilerin DNA dizisini değiştirmeden gen ifadesini değiştiren kalıtsal moleküler modifikasyonlar yoluyla önceki çevresel zorlukları “hatırlama” yeteneğini ifade etmektedir. Bu bellek, bitkilerin ilk stres sona ermiş olsa bile sonraki streslere daha hızlı ve verimli bir şekilde yanıt vermesini sağlamaktadır. Geçici olan ani stres tepkilerinin aksine, stres belleği genellikle gelişim aşamaları boyunca sabittir ve bazı durumlarda gelecek nesillere aktarılabilir. Bitki biyolojisinde, bitkiler hareketsiz organizmalar oldukları için bu tür bir bellek büyük önem taşımaktadır. Olumsuz koşullardan kaçma yeteneğinden yoksun olan bitkiler, tekrarlayan kuraklık, sıcak hava dalgaları, patojen saldırıları veya herbisitler gibi kimyasal baskılarla başa çıkmak için dinamik moleküler stratejilere güvenirlir (Crisp ve ark., 2016).

3.2 Stres Hazırlığı ve Bellek Oluşumunun Moleküler Temeli

Moleküler düzeyde, stres belleği, kromatin yapısını ve gen ifadesini değiştiren epigenetik modifikasyonlar yoluyla oluşturulmaktadır. DNA metilasyonu, strese duyarlı genleri baskılayabilmekte veya aktive edebilmekte ve böylece bitki bir stres etkiyle karşılaştığında, etkilenen genlerin tekrar maruz kaldığında daha hızlı yeniden aktivasyon için “dengeli” bir durumda kalmasını sağlamaktadır. Benzer şekilde, belirli lokuslardaki asetilasyon veya

metilasyon gibi histon modifikasyonları, toleransı destekleyen transkripsiyonel durumları koruyarak yer imi görevi görmektedir. siRNA'lar ve miRNA'lar da dahil olmak üzere küçük RNA'lar, hedef genlerin ekspresyonunu ince ayarlayarak ve RNA yönlendirmeli DNA metilasyon yolu aracılığıyla epigenetik işaretleri güçlendirerek başka bir düzenleyici katman eklemektedir. Bu mekanizmalar topluca, önceki stres maruziyetinin gelecekteki zorluklara hazırlığı artırdığı fizyolojik bir durum olan hazırlamanın moleküler temelini oluşturmaktadır (Lämke ve Bäurle, 2017).

3.3 Model Bitkiler ve Kültür Bitkisi Türlerinden Örnekler

Arabidopsis thaliana üzerinde yapılan araştırmalar, epigenetik stres hafızası hakkında temel bilgilerin çoğunu sağlamıştır. Örneğin, kuraklık stresine tekrarlanan maruz kalma, kuraklığa duyarlı genlerin promotör bölgelerinde metilasyon değişikliklerine neden olmakta ve sonraki kuraklık döngüleri sırasında daha hızlı gen aktivasyonuna izin vermektedir (Ding ve ark., 2012). Benzer şekilde, *Arabidopsis*'teki ısı stresi, sonraki nesillerde termotoleransı artıran stabil histon modifikasyonlarına yol açmaktadır (Lämke & Bäurle, 2017). Pirinç (*Oryza sativa*) ve mısır (*Zea mays*) gibi kültür bitkisi türlerinde, stres kaynaklı DNA metilasyon değişiklikleri sırasıyla tuzluluk ve besin maddesi yoksunluğuna yanıt olarak gözlemlenmiştir ve bu modifikasyonlar gelişmiş stres toleransı ile ilişkili olmuştur (Wang ve ark., 2016). Bazı durumlarda, bu epigenetik işaretler yavrulara aktarılır ve kalıtsal bir epigenetik hafızayı düşündürmektedir (Chinnusamy & Zhu, 2009). Bu tür bulgular, stres hafızasının model sistemlerle sınırlı olmadığını, ancak tarımsal açıdan önemli bitkilerde yaygın olduğunu göstermektedir.

3.4 Tarımsal Ekosistemlerde Yabancı Otlarla İlişkisi

Stres hafızası kavramı, herbisit uygulamaları, toprak işleme ve dengesiz su koşulları veya besin maddesi bulunabilirliği gibi tekrarlayan streslerle karakterize edilen oldukça rahatsız edici ortamlarda gelişen yabancı otlar için özellikle önemlidir. Epigenetik hafıza, yabancı otların önceki maruziyetleri “hatırlayarak” ve stres tepki sistemlerini buna göre hazırlayarak bu zorluklara dayanmalarını sağlamaktadır. Örneğin, herbisite kaynaklı stres, kararlı genetik direnç mutasyonları ortaya çıkmadan önce bile, tekrarlanan kimyasal uygulamalar sırasında hayatta kalmayı kolaylaştıran geçici epigenetik durumlar oluşturabilmektedir (Margaritopoulou ve ark., 2018). Benzer şekilde, kuraklık veya toprak tuzluluğu döngülerine maruz kalan yabancı otlar, büyüme mevsimleri boyunca dayanıklılık sağlayan epigenetik işaretlerini koruyabilmektedirler (Rendina González ve ark., 2018). Daha da önemlisi, bu değişikliklerin bazıları kuşaktan kuşağa aktarılabilen ve bu da yabancı

ot popülasyonlarının adaptasyonunu birkaç nesil içinde hızlandırabilmektedir (Hauser ve ark., 2011). Anlık stres tepkilerini uzun vadeli adaptif stratejilerle bütünleştirme kapasitesi, epigenetik stres hafızasının sağladığı evrimsel avantajı vurgulamakta ve onu tarımsal ekosistemlerde yabancı otların kalıcılığı ve yayılmasında merkezi bir faktör haline getirmektedir.

4. Yabancı Otlarda Stres Kaynaklı Epigenetik Tepkiler

4.1 Herbisitlere Kaynaklı Epigenetik Değişimler ve Hedef Dışı Bölge Direnci

Tekrarlanan herbisit uygulamalarına maruz kalan yabancı otlar, genellikle hedef bölge mutasyonları veya gelişmiş detoksifikasyon gibi iyi tanımlanmış genetik mekanizmalar yoluyla direnç geliştirmektedirler. Ancak ortaya çıkan bulgular, epigenetik değişikliklerin direnç fenotiplerinin şekillenmesinde de rol oynadığını göstermektedir. Herbisitler, oksidatif stresi tetikleyen ve gen ekspresyon ağlarını değiştiren kimyasal stresörler olarak etki etmektedir. Bazı durumlarda bu olay, detoksifikasyon, taşıma veya stres sinyal yollarında yer alan lokuslarda DNA metilasyon kaymalarını ve kromatin yeniden şekillenmesini tetiklemektedir. Bu değişiklikler, yabancı otların herbisit uygulamalarını herbisit doğrudan hedefinde değişiklik olmadan tolere ettiği hedef dışı bölge direnci (NTSR) oluşturabilmektedir. Epigenetik olarak aracılık edilen bu direnç, genetik mutasyonlardan daha esnek ve geri dönüşümlüdür (Guo ve ark., 2024), ancak nesiller boyunca devam edebilir ve yoğun herbisit kullanımı sırasında önemli bir adaptasyon avantajı sağlamaktadır. Benzer şekilde, bitki sistemlerinde de sodyum azid uygulamaları, DNA metilasyonu ve retrotranspozon polimorfizmleri üzerinde belirgin değişimlere yol açtığı CRED-iPBS analizleriyle ortaya konmuştur (Türkoğlu ve ark., 2023b).

4.2 Abiyotik Streslere Tepkiler: Kuraklık, Tuzluluk, Besin Eksikliği ve Sıcaklık

Yabancı otlar, tarımsal alanlarda sıklıkla öngörülemeyen abiyotik streslerle karşılaşmaktadırlar. Epigenetik mekanizmalar, bu tür zorluklarla hızla başa çıkmalarını sağlamaktadır. Kuraklık stresi altında, değişen histon asetilasyonu ve DNA metilasyon kalıpları, stoma düzenlenmesi ve ozmoprotektan biyosentezi ile ilişkili genleri aktive etmektedir (Chwialkowska ve ark., 2016). Antik buğdayda yapılan çalışmalarda da putresin uygulamasının kuraklık stresine karşı DNA metilasyonunu dengelediği ve antioksidan savunmayı güçlendirdiği gösterilmiştir (Demirel ve ark., 2025). Tuzluluk stresinde, küçük RNA'lar iyon taşıyıcılarını düzenlemede ve hücrel homeostazı korumada önemli bir rol oynamaktadır (Song ve ark., 2019). Besin

maddesi eksikliklerinin, özellikle azot ve fosfor kısıtlamasının, kök yapısını ve besin edinim stratejilerini optimize eden kararlı epigenetik değişikliklere neden olduğu bilinmektedir (Kou ve ark., 2011). Bu bağlamda poliamin uygulamalarının da DNA metilasyonu ve stres toleransı arasında köprü rolü oynadığı buğday çalışmalarında gösterilmiştir (Eren ve ark., 2023). Sıcak hava dalgaları veya ani soğuklar da dahil olmak üzere sıcaklık dalgalanmaları, yabancı otların gelecekteki stres döngülerine hızlı uyum sağlamasını olanaklı kılan kalıtsal epigenetik izler de bırakabilmektedir (Lämke ve Bäurle, 2017). Toplu olarak, bu tepkiler, çevre ve gen ifadesi arasında dinamik bir arayüz görevi gören epigenomun esnekliğini vurgulamaktadır.

4.3 Stres Tipi ve Epigenetik Esneklik Arasındaki Etkileşim

Tüm stresler aynı epigenetik tepkileri ortaya çıkarmamaktadır. Stresin tipi, süresi ve yoğunluğu, epigenetik modifikasyonların özgülüğünü belirlemektedir. Akut stres geçici histon modifikasyonlarını tetikleyebilirken, kronik veya tekrarlayan stresin kararlı DNA metilasyon kalıpları veya kuşaklar arası etkilere neden olma olasılığı daha yüksektir (Lämke ve Bäurle, 2017). Bununla birlikte, stres yolları arasındaki çapraz iletişim, yabancı otların geniş spektrumlu tolerans geliştirmesine olanak tanımaktadır. Örneğin, kuraklığa bağlı aşılama (drought-induced priming), daha sonraki sıcaklık veya tuzluluk stresine karşı toleransı artırabilmektedir; bu olgu, strese duyarlı gen ağlarının örtüşen epigenetik düzenlenmesiyle açıklanabilmektedir (Ding ve ark., 2012). Bu birbirine bağlılık, tarımsal ekosistemlerde yaygın olan karmaşık, çok faktörlü stres koşulları altında yabancı otların hayatta kalmasını artırmaktadır.

4.4 Yabancı ot Türlerinde Örnek Çalışmalar

Birden fazla yabancı ot türü, stresin epigenetik düzenlemeyi nasıl şekillendirebileceğini göstermektedir. *Amaranthus palmeri*'de glifosat uygulaması, detoksifikasyonda rol oynayan genlerdeki DNA metilasyonundaki değişikliklerle ilişkilendirilmiş ve bu da belirgin herbisit direncine katkıda bulunmuştur (Kreiner ve ark., 2019). *Conyza canadensis*, tuzluluk stresi altında artan tolerans ve istilacı başarı ile ilişkili epigenetik değişiklikler sergilemektedir (Shah ve ark., 2022). *Avena sterilis* (Kısır yabani yulaf) 'da kuraklık döngülerinin, sonraki nesillere kadar devam eden histon modifikasyonlarını tetiklediği ve stres direncini artırdığı gösterilmiştir (Hou ve ark., 2023). Yetiştirilen bir çok tarım ürününde çok ciddi sorunlara sebep olan çok yıllık bir yabancı ot olan *Sorghum halepense* (Geliç/Kanyaş), hem herbisitlere hem de abiyotik stres faktörlerine yanıt olarak epigenetik esneklik göstererek, bozulmuş tarlalarda varlığını sürdürmesini desteklemektedir

(Margaritopoulou ve ark., 2018). Bu örnek çalışmalar, epigenetik esnekliđin yabancı otların tarımsal ortamlara adaptasyonunu nasıl güçlendirdiđinin çeşitli yollarını vurgulamaktadır.

5. Nesiller Arası Epigenetik Kalıtım

5.1 Gametler Aracılığıyla Epigenetik Aktarımın Mekanizmaları

Nesiller arası epigenetik kalıtım, stres kaynaklı epigenetik modifikasyonların ana bitkilerden yavrularına gametler aracılığıyla aktarılmasıyla meydana gelmektedir. Kısa süreli uyum sağlamanın aksine, bu kalıtsal deđişiklikler gelecek nesillerin fizyolojisini, gelişimini ve strese dayanıklılıđını şekillendirmektedir. Başlıca mekanizmalar arasında hücre bölünmeleri boyunca korunan stabil DNA metilasyon kalıpları (Quadrana ve Colot, 2016; Springer ve Schmitz, 2017), gametogenez sırasında korunan histon modifikasyonları (Liu ve ark., 2019) ve embriyoda epigenetik işaretleri yönlendiren küçük RNA'ların etkisi (Martínez ve Köhler, 2017) yer almaktadır. Bu süreçler bir araya geldiğinde, yavruların genetik olarak deđiştirilmemesini, ancak yine de ana neslin karşılaştıđı ortamlara benzer ortamlara epigenetik olarak hazırlanmasını sağlamaktadır. Bitkilerde steroid yapılı bileşiklerin DNA metilasyon profillerinde önemli deđişikliklere yol açtıđı, bu etkilerin retrotranspozon polimorfizmleriyle de ilişkili olduđu bildirilmiştir (Demirel ve ark., 2023).

5.2 Yabancı Otlar ve İstilacı Türlerden Elde Edilen Bulgular

Nesiller arası epigenetik kalıtım, *Arabidopsis thaliana* gibi model bitkilerde kapsamlı bir şekilde incelenmiş olsa da, artan kanıtlar bunun yabancı otlarda da aynı derecede önemli olduđunu göstermektedir. Örneđin, *Amaranthus* türlerinde tekrarlanan herbisit maruziyeti, yavrularda kalıcı olan DNA metilasyon modellerindeki deđişikliklerle ilişkilendirilmiştir ve bu da direnç gelişimini hızlandırma potansiyeline sahip olmuştur (Délye, 2013). Benzer şekilde, *Conyza canadensis* gibi istilacı türler, tuzluluk ve kuraklık stresi altında kalıtsal epigenetik deđişiklikler sergileyerek marjinal toprakların kolonizasyonunu mümkün kılmaktadır (Richards ve ark., 2017). Bu sonuçlar, epigenetik kalıtımın kontrollü laboratuvar ortamlarının ötesine uzandıđını ve dinamik tarımsal ekosistemlerde yabancı otların ortama hakim olmalarında aktif bir rol oynadıđını göstermektedir.

5.3 Tarımsal Ekosistemlerde Hızlı Kolonizasyon ve Kalıcılıktaki Rolü

Yabancı otların bozulmuş habitatlarda hızla kolonileşme yeteneği kısmen epigenetik kalıtımla açıklanmaktadır. Birikmeleri için birçok nesil gerektiren genetik mutasyonların aksine, epigenetik işaretler tek bir üreme döngüsü içinde aktarılabilir ve herbisit uygulaması, besin kısıtlamaları veya su kıtlığı gibi stres koşullarına önceden adapte olmuş yavruların ortaya çıkmasına neden olabilmektedir. Bu hızlı kalıtım, bitkiler veya diğer türler adapte olmadan önce yabancı otların farklı ortamları işgal etmesine izin vererek ekolojik başarıyı hızlandırmaktadır. Bunnula birlikte, *Sorghum halepense* gibi uzun ömürlü çok yıllık yabancı otlarda epigenetik kalıtım, strese dayanıklı özelliklerin yalnızca tohumlarda değil, aynı zamanda vejetatif üreme organlarında da devam etmesini sağlayarak rekabet üstünlüklerini pekiştirmektedir (Richards ve ark., 2017).

5.4 Geçici Stres Belleği ile Kararlı Kalıtsal İşaretler Arasındaki Ayrım

Yalnızca strese maruz kalan nesli etkileyen geçici stres belleği ile yavrulara kadar uzanan kararlı kuşaklar arası kalıtım arasında ayrım yapmak son derece önemlidir. Geçici bellek genellikle histon asetilasyonu veya stres ortadan kalktıktan sonra kaybolan kısa ömürlü küçük RNA aktivitesi tarafından sağlanmaktadır. Buna karşılık, özellikle DNA metilasyonu veya kalıcı histon modifikasyonlarını içeren kararlı kalıtsal işaretler, birkaç nesil boyunca sürebilmektedir. Bu ayrım yabancı ot yönetimi açısından kritik öneme sahiptir. Kısa süreli hafıza, tek bir popülasyonu bir üretim sezonu içerisinde tekrarlanan herbisit uygulamasına karşı dirençli hale getirebilirken, istikrarlı kalıtım bu adaptasyonları yıllar boyunca yayabilir ve eradikasyonu önemli ölçüde zorlaştırabilmektedir (Heard ve Martienssen, 2014).

6. Epigenetik ve Herbisit Direnci

6.1 Direncin Geleneksel Genetik Mekanizmaları ve Epigenetik Katkıları

Yabancı otlardaki herbisit direnci geleneksel olarak genetik mutasyonlarla açıklanmıştır. Bunlar arasında, mutasyonların herbisit bağlama bölgesini değiştirdiği hedef bölge direnci (TSR) ve gelişmiş detoksifikasyon veya değiştirilmiş taşımanın herbisit etkinliğini azalttığı hedef bölge dışı direnç (NTSR) yer almaktadır. Bu genetik mekanizmalar merkezi öneme sahip olsa da, tarla popülasyonlarında gözlemlenen direncin hızını, çeşitliliğini ve geri dönüşümlülüğünü tam olarak açıklayamamaktadır. Bu konuda giderek artan

araştırmalar, epigenetik değişikliklerin (DNA metilasyonu kaymaları, histon yeniden şekillenmesi ve küçük RNA aktivitesi) tamamlayıcı bir rol oynadığını ve yabancı otların genetik mutasyonlar sabitlenmeden önce herbisit stresine dayanmasını sağladığını göstermektedir (Déllye, 2013).

6.2 Geçici Stres Toleransından Kalıcı Dirence Giden Yol

Epigenetik mekanizmalar, herbisit maruziyetine ilk müdahale eden mekanizmalar olarak işlev görebilmektedir. Bitkilere lethal olmayan dozlarda herbisit uygulandığında, stres sinyalleri kromatin yeniden yapılanmasını tetikleyebilir ve stres tepkisi genlerini yeniden programlayarak geçici toleransa yol açabilmektedir. Bu stres hafızası oluşturma, bireysel bitkilerin hayatta kalmasını ve çoğalmasını sağlayarak, tekrarlanan kimyasal baskıya dayanabilen bir tohum bankasının korunmasını sağlamaktadır. Zamanla, epigenetik olarak sağlanan bu tolerans, genetik mutasyonların ortaya çıkıp yayılması için bir fırsat oluşturabilmekte ve kısa vadeli esnekliği uzun vadeli evrimsel adaptasyonla etkili bir şekilde ilişkilendirebilmektedir (Cusser ve ark., 2021).

6.3 Herbisit Tepkisinin İncelenmesinde Epigenom Düzenlemenin Potansiyel Rolü

CRISPR/dCas9 tabanlı epigenom düzenlemenin son zamanlardaki gelişimi, epigenetiğin herbisit direncindeki rolünü incelemek için güçlü araçlar sağlamaktadır. DNA dizisini değiştiren geleneksel genom düzenlemenin aksine, epigenom düzenleme belirli lokuslara epigenetik işaretler ekleyebilmekte veya kaldırabilmektedir. Araştırmacılar, bu yaklaşımı model yabancı otlarda uygulayarak, detoksifikasyon sırasında DNA metilasyonunun veya histon modifikasyonlarının ya da taşıma genlerinin dirence katkıda bulunup bulunmadığını doğrudan test edebilmektedirler. Bu tür çalışmalar yalnızca mekanik yolları açıklığa kavuşturmakla kalmayacak, aynı zamanda yabancı ot kontrol stratejileri için yeni hedefler de ortaya çıkaracaktır (Gallego-Bartolomé, 2020).

7. Yabancı Ot Ekolojisi ve Adaptasyonu Üzerindeki Etkileri

7.1 Ekolojik Esnekliğin Bir Etkeni Olarak Epigenetik

Yabancı otlar, çeşitli ve değişken koşullar altında yerleşip varlıklarını sürdürmelerini sağlayan olağanüstü ekolojik esneklikleriyle öne çıkmaktadırlar. Epigenetik düzenleme, bu esneklik için moleküler bir temel sağlayarak çevresel ipuçlarına yanıt olarak gen ifadesinde hızlı ve geri dönüşümlü değişimlere olanak tanımaktadır. Kalıcı DNA değişiklikleri

gerektirmeden stres-tepki ağlarını düzenleyerek, yabancı otlar büyüme, üreme ve rekabet stratejilerini yerel tarımsal ekolojik koşullara uyum sağlayacak şekilde dinamik olarak ayarlayabilmektedirler. Bu kapasite, birçok yabancı otun neden geniş coğrafi aralıklarda ve heterojen tarım arazilerinde geliştiğini açıklayabilmektedir (Cusser ve ark., 2021).

7.2 Yabancı Otların Uygunluğuna, Rekabet Gücüne ve İstila Başarısına Etkisi

Epigenetik esneklik, yabancı otlarda tohumun dormansi hali, çimlenme zamanı, allelopatik potansiyeli ve hem abiyotik hem de biyotik stres faktörlerine karşı tolerans gibi temel uygunluk özelliklerini geliştirebilmektedir. Bu özellikler, kültür bitkilerine ve diğer bitki türlerine karşı rekabet avantajları sağlamaktadır. İstilacı yabancı otlar için epigenetik mekanizmalar, önemli bir genetik çeşitliliğin olmadığı durumlarda bile yeni habitatlara hızlı adaptasyonu kolaylaştırabilmektedir. Örneğin, istilacı popülasyonlar, stres direnciyle ilişkili özellikleri düzenlemek için kalıtsal epigenetik modifikasyonlara dayanabilmekte ve bu da onların yeni ortamları daha etkili bir şekilde kolonize olup ortamı domine etmelerini sağlayabilmektedir (Richards ve ark., 2017).

7.3 Yabancı Ot Türlerinin Adağtasyonunu Şekillendirmede Epigenetik

Genetik mutasyonlar değişimin temel itici gücü olmaya devam ederken, epigenetik modifikasyonlar, anlık uyumsal tepkiler ile uzun vadeli adaptasyon arasında köprü kurarak değişim süreçlerini hızlandırabilmektedir. Stres kaynaklı epigenetik durumlar nesiller boyunca devam ederek popülasyon yapısını ve seçici dinamikleri etkileyebilmektedir. Zamanla, epigenetik olarak hazırlanmış fenotipler, tarımsal baskılar altında hayatta kalma oranlarını artırabilmekte ve dolaylı olarak faydalı genetik mutasyonların sabitlenmesini kolaylaştırabilmektedir. Genetik ve epigenetik mekanizmalar arasındaki bu etkileşim, epigenetik işaretlerin yabancı otların kalıcılığı ve çeşitlenmesi için katalizör görevi gördüğü katmanlı bir değişim modeliyle sonuçlanmaktadır (Bossdorf ve ark., 2008).

7.4 Tarımsal Ekosistemlerde Ekolojik Sonuçlar

Epigenetiğin ekolojik rolü, bireysel türlerin ötesine uzanmaktadır. Epigenetikolarakyönlendirilenyabancıotdayanıklılığı, topluluk dinamiklerini değiştirebilmekte, yabancı otlar ve kültür bitkileri arasındaki rekabet dengelerini bozabilmekte ve kontrol stratejilerini karmaşıktırabilmektedir. Örneğin, stres hafızası, belirli yabancı ot popülasyonlarının tekrarlayan

kuraklık veya herbisit rejimleri altında baskın hale gelmesine ve tek tip yönetim uygulamalarının etkinliğini azaltmasına neden olabilmektedir. Tarımsal ekosistem düzeyinde bu, yabancı ot topluluklarının daha fazla öngörülemezliğine ve dayanıklılığına dönüşmekte ve çiftçilerden daha uyurlanabilir ve çeşitlendirilmiş yönetim yaklaşımları talep etmektedir (Richards ve ark., 2017).

8. Yabancı Ot Yönetimi Perspektifleri

Geleneksel yabancı ot kontrol stratejileri genellikle tekrarlayan herbisit uygulamalarına ve monokültür tarımsal uygulamalara dayanmaktadır. Kısa vadede etkili olsalar da, bu uygulamalar yabancı ot popülasyonlarında epigenetik stres hafızasını istemeden de olsa güçlendirebilmektedir. Aynı stres faktörlerine tekrar tekrar maruz kalmak, yabancı otları sonraki uygulamalara hazırlayan DNA metilasyon işaretlerini veya histon modifikasyonlarını stabilize ederek onları hayatta kalma konusunda etkili bir şekilde eğitebilmektedir. Bu tür yönetim stratejileri, yalnızca genetik olarak dirençli değil, aynı zamanda kontrol önlemlerine dayanacak şekilde epigenetik olarak şartlandırılmış popülasyonlar oluşturma riskini de taşır ve direnç kazanım süreçlerini hızlandırmaktadır (Délye, 2013; Richards ve ark., 2017). Aynı zamanda, epigenetik mekanizmaların anlaşılması, yenilikçi yönetim için yeni olanaklar sunmaktadır. Ortaya çıkan kavramlardan biri, metilasyon yollarını, kromatin yeniden şekillenmesini veya RNA yönlendirmeli DNA metilasyonunu bozan epigenetik herbisitler veya inhibitörleri tasarlama potansiyelidir. Bu tür yaklaşımlar, stres hafızasının altında yatan moleküler mekanizmaya müdahale ederek yabancı ot direncini zayıflatabilmektedir. Her ne kadar hala büyük ölçüde teorik olsa da, epigenom düzenleme teknolojilerindeki gelişmeler, bitkileri etkilemeden yabancı otlardaki stres tepkisi yollarını seçici olarak değiştirmek için araçlar sağlayabilmektedir (Gallego-Bartolomé, 2020; Papikian ve ark., 2019). Kimyasal yaklaşımların ötesinde, agronomik uygulamalar da stres hafızasının oluşumuna müdahale edecek şekilde yapılandırılabilir. Ürün rotasyonu, ara ekim ve farklı toprak işleme teknikleri, stres ortamını değiştirerek yabancı otların sürekli olarak aynı epigenetik işaretleri güçlendirmesini engelleyebilmektedir. Benzer şekilde, genellikle stres tetikleyicisi olan lethal olmayan herbisit maruziyetlerinin azaltılması, epigenetik olarak koşullandırılmış toleransın ortaya çıkmasını sınırlandırabilmektedir. Kültürel ve mekanik kontrol yöntemlerinin dahil edilmesi, seçim baskılarını çeşitlendirerek stres hafızası döngülerini bozma olasılığını artırmaktadır (Cusser ve ark., 202; Lämke ve Bäurle, 2017). Bir diğer umut verici yol ise yabancı ot popülasyonlarında izlenebilen epigenetik biyobelirteçlerin geliştirilmesidir. DNA metilasyon imzalarını veya küçük

RNA örüntülerini profilleyerek, araştırmacılar hangi popülasyonların belirli yönetim rejimleri altında direnç veya tolerans geliştirme olasılığının yüksek olduğunu tahmin edebilirler. Bu tür öngörücü izleme, erken uyarı sistemi görevi görerek, çiftçilerin dirençli veya strese dayanıklı popülasyonlar baskın hale gelmeden önce uygulamalarını ayarlamalarına olanak tanıyabilmektedir. Epigenom izlemenin hassas tarım çerçevelerine entegre edilmesi, proaktif yabancı ot yönetimine doğru bir paradigma değişimini temsil edecektir (Springer ve Schmitz, 2017).

9. Gelecekteki Araştırma Yönleri

Bitki epigenetiğinin anlaşılmasında önemli ilerlemeler kaydedilmiş olsa da, yabancı ot bilimindeki uygulaması henüz başlangıç aşamasındadır. Gelecekteki araştırmalar, epigenetik plastisitenin kalıcılık, herbisitlere direnç ve istila dinamiklerine nasıl katkıda bulunduğunu belirlemek için moleküler uygulamaları yabancı ot biyolojisiyle birleştirmeye odaklanmalıdır. Daha güçlü bir disiplinlerarası çerçeve oluşturmak, yabancı ot bilimcilerinin, moleküler biyologların ve agronomistlerin, tarımsal ekosistemlerde epigenetik olarak yönlendirilen adaptasyonun karmaşıklığını birlikte ele almalarına olanak tanıyacaktır (Richards ve ark., 2017). Epigenetik tek başına hareket etmediği ve genetik, transkriptomik, proteomik ve metabolomik süreçlerle kesiştiği için, çoklu omik yaklaşımlar, yabancı otların çeşitli biyolojik düzeylerde strese nasıl tepki verdiğine dair bütünsel bir bakış açısı sağlayabilir. Örneğin, epigenomik profilemeyi transkriptom analizleriyle birleştirmek, stres kaynaklı DNA metilasyonunu detoksifikasyon yollarıyla bağlayan temel düzenleyici ağları belirleyebilirken, proteomik ve metabolomiklerin entegrasyonu, bu moleküler değişikliklerin herbisit toleransı, kuraklık dayanıklılığı veya allelopatik etkileşimler gibi işlevsel özelliklere nasıl dönüştüğünü ortaya çıkarabilmektedir (Springer ve Schmitz, 2017). Yabancı ot epigenetiğindeki temel zorluklardan biri, genetik mutasyonları epigenetik modifikasyonlardan ayırmaktır, çünkü direnç veya stres toleransı ile ilişkili birçok özellik her iki mekanizma tarafından da yönetilebilmekte ve bu da nedenselliği atfetmeyi zorlaştırmaktadır. Gelecekteki araştırmalar, genetik katkıları epigenetik katkılardan açıkça ayırmak için izogenik hatlar, klonal çoğaltım ve epimutant popülasyonlar gibi deneysel tasarımları geliştirmelidir. Çeşitli yabancı ot türlerinde epigenetik işaretleri analiz etmek için standartlaştırılmış yöntemler geliştirmek de önemli olacaktır (Bossdorf ve ark., 2008). Yeni ortaya çıkan genom düzenleme araçları, özellikle CRISPR/dCas9 tabanlı epigenom düzenleme, spesifik epigenetik işaretler ile stres adaptasyonu arasındaki nedensel bağlantıları araştırmak için yeni fırsatlar sunmaktadır. CRISPR/Cas teknolojilerinin epigenetik

mhendislikte kullanımı, yalnızca kltr bitkilerinde deđil yabancı ot biyolojisinde de potansiyel uygulamalara sahiptir (Eren, 2021). Hedeflenen lokuslarda DNA metilasyonunu veya histon iřaretlerini seęici olarak ekleyerek, ıkararak veya deđiřtirerek arařtırmacılar, epigenetiđin herbisit direnci veya stres hafızasındaki rol hakkındaki hipotezleri dođrudan test edebilirler. ođu uygulama yabancı otları ve kltr bitkilerini modellemekle sınırlı olsa da, bu tekniklerin yabancı otlara geniřletilmesi, onların adaptasyon potansiyellerine dair anlayıřımızı kkten deđiřtirebilir (Gallego-Bartolom , 2020; Papikian ve ark., 2019). Sonu olarak, yabancı ot epigenetiđi zerine yapılan arařtırmaların ilerlemesi, srdrlebilir tarım iin son derece  nemli sonular dođuracaktır. Epigenetik stres hafızasının ve kalıtımının yabancı ot dinamiklerini nasıl řekillendirdiđini aıklayarak, bilim insanları bu sreleri  ng ren ve bozan y netim stratejileri tasarlayabilirler. Bu bilgi, epigenetik olarak adapte olabilen yabancı otlara karřı rekabet avantajı sađlayarak, dayanıklılıđı artırılmıř rnler iin yetiřtirme programlarına da rehberlik edebilmektedir (Richards ve diđerleri, 2017).

10. SONU

Yabancı otlar, yalnızca genetik eřitlilikleri nedeniyle deđil, aynı zamanda son derece  nemli epigenetik esneklik kapasiteleri nedeniyle de kresel tarımsal retkenliđe y nelik sregelen en  nemli tehditlerden birini oluřtırmaya devam etmektedir. Bu alıřmada, DNA metilasyonu, histon modifikasyonları ve kk RNA'lar gibi mekanizmaların, yabancı otların evresel stresleri algılamasını, bunlara tepki vermesini ve hatta hatırlamasını sađlayan dinamik bir dzenleyici katman sađladığı aıka ortaya ıkmıřtır. Yavař ve geri d ndrlemez bir řekilde ortaya ıkan genetik mutasyonların aksine, epigenetik modifikasyonlar hızlı, geri d ndrlebilir ve bazı durumlarda kalıtsal olup, yabancı otlara hem kısa vadeli esneklik hem de uzun vadeli adaptasyon potansiyeli sunmaktadır. Epigenetik stres hafızası kavramı, ister herbisitlerden, ister kuraklıktan veya besin kısıtlamalarından kaynaklansın,  nceki stres deneyimlerinin, yabancı otları gelecekte daha hızlı ve daha gl tepkiler vermeye hazırlayan kalıcı molekler izler bırakabileceđinin altını izmektedir. Daha da  nemlisi, bu izler yavrulara aktarıldığında, nesiller arası adaptasyon mekanizması oluřturarak, evrimsel sreleri klasik modellerin  ng rdđnn  tesinde hızlandırır. Bu ikili kapasite -hem anında uyum sađlama hem de kalıtsal deđiřim- epigenetiđi yabancı ot ekolojisi, direnci ve istila dinamiklerinin merkezine yerleřtirmektedir. Yabancı ot kontrol perspektifinden bakıldığında, bu olgular, diren ve kalıcılıđı salt genetik olgular olarak ele alan mevcut erevelere meydan okumaktadır. Epigenetiđin rolnn kabul edilmesi, stres hafızası, esnekliđi ve kalıtımı

hesaba katan bütünleşik stratejilere doğru bir geçişi zorunlu kılmaktadır. Gelecekteki yaklaşımlar arasında, stres hazırlamayı bozmak için agronomik uygulamaların çeşitlendirilmesi, epigenetik biyobelirteçlerin öngörücü araçlar olarak izlenmesi ve potansiyel olarak epigenetik düzenleyicilerin kendilerinin hedeflenmesi yer alabilmektedir. Sonuç olarak, yabancı otlarda epigenetik çalışmaları, yabancı ot biliminde bir paradigma değişimine işaret etmektedir. Gen merkezli adaptasyon modellerinden epigenetik-genetik modellere geçişle, araştırmacılar ve uygulayıcılar yabancı ot popülasyonlarının dayanıklılığını daha iyi anlayabilir ve daha sürdürülebilir kontrol önlemleri geliştirebilirler. Yabancı otlar, pasif rakipler olmaktan çok, epigenetik hayatta kalma araçlarıyla donatılmış oldukça dinamik organizmalar olarak ortaya çıkmaktadır; bu, modern tarımın zorluklarının üstesinden gelmek için olmazsa olmaz bir farkındalıktır.

Kaynaklar

- Akhter, Z., Bi, Z., Ali, K., Sun, C., Fiaz, S., Haider, F. U., & Bai, J. (2021). In response to abiotic stress, DNA methylation confers epigenetic changes in plants. *Plants*, 10(6), 1096.
- Arikan, B., Özden, S., & Turgut-Kara, N. (2018). DNA methylation related gene expression and morphophysiological response to abiotic stresses in *Arabidopsis thaliana*. *Environmental and Experimental Botany*, 149, 17-26.
- Ashapkin, V. V., Kutueva, L. I., Aleksandrushkina, N. I., & Vanyushin, B. F. (2020). Epigenetic mechanisms of plant adaptation to biotic and abiotic stresses. *International journal of molecular sciences*, 21(20), 7457.
- Banerjee, A. K., Guo, W., & Huang, Y. (2019). Genetic and epigenetic regulation of phenotypic variation in invasive plants-linking research trends towards a unified framework. *NeoBiota*, (49), 77-103.
- Bossdorf, O., Richards, C. L., & Pigliucci, M. (2008). Epigenetics for ecologists. *Ecology letters*, 11(2), 106-115.
- Chinnusamy, V., & Zhu, J. K. (2009). Epigenetic regulation of stress responses in plants. *Current opinion in plant biology*, 12(2), 133-139.
- Chwialkowska, K., Nowakowska, U., Mroziejewicz, A., Szarejko, I., & Kwasniewski, M. (2016). Water-deficiency conditions differently modulate the methylome of roots and leaves in barley (*Hordeum vulgare* L.). *Journal of Experimental Botany*, 67(4), 1109-1121.
- Crisp, P. A., Ganguly, D., Eichten, S. R., Borevitz, J. O., & Pogson, B. J. (2016). Reconsidering plant memory: Intersections between stress recovery, RNA turnover, and epigenetics. *Science Advances*, 2(2), e1501340.
- Cusser, S., Helms IV, J., Bahlai, C. A., & Haddad, N. M. (2021). How long do population level field experiments need to be? Utilising data from the 40-year-old LTER network. *Ecology Letters*, 24(5), 1103-1111.
- Délye, C. (2013). Unravelling the genetic bases of non-target-site-based resistance (NTSR) to herbicides: a major challenge for weed science in the forthcoming decade. *Pest management science*, 69(2), 176-187.
- Délye, C., Duhoux, A., Pernin, F., Riggins, C. W., & Tranel, P. J. (2015). Molecular mechanisms of herbicide resistance. *Weed Science*, 63(SP1), 91-115.
- Demirel, E., Türkoğlu, A., Haliloğlu, K., Eren, B., Özkan, G., Uysal, P., Pour-Aboughadareh, A., Leśniewska-Bocianowska, A., Jamshidi, B., & Bocianowski, J. (2023). Mammalian sex hormones as steroid-structured compounds in wheat seedling: Template of the cytosine methylation alteration and retrotransposon polymorphisms with iPBS and CRED-iBPS techniques. *Applied Sciences*, 13(17), 9538.

- Demirel, S., Eroğlu, A., Eren, B., & Demirel, F. (2025). DNA methylation change and antioxidant enzyme activity of drought stress and putrescine treatment in ancient wheat (*Triticum monococcum* L.). *Cereal Research Communications*, 53(2), 771-781.
- Ding, Y., Fromm, M., & Avramova, Z. (2012). Multiple exposures to drought train transcriptional responses in Arabidopsis. *Nature communications*, 3(1), 740.
- Eren, B. (2021). Gen Transfer Teknolojisi ve Yağ asidi Kompozisyonlarına Katkısı-CRSPR/Cas Teknolojisi. *Avrupa Bilim ve Teknoloji Dergisi*, (22), 300-305.
- Eren, B., Türkoğlu, A., Haliloğlu, K., Demirel, F., Nowosad, K., Özkan, G., Niedbała, G., Pour-Aboughadareh, A., Bujak, H., & Bocianowski, J. (2023). Investigation of the influence of polyamines on mature embryo culture and DNA methylation of wheat (*Triticum aestivum* L.) using the machine learning algorithm method. *Plants*, 12(18), 3261.
- Fedoroff, N. V. (2012). Transposable elements, epigenetics, and genome evolution. *Science*, 338(6108), 758-767.
- Gaines, T. A., Duke, S. O., Morran, S., Rigon, C. A., Tranel, P. J., Küpper, A., & Dayan, F. E. (2020). Mechanisms of evolved herbicide resistance. *Journal of Biological Chemistry*, 295(30), 10307-10330.
- Gallego-Bartolomé, J. (2020). DNA methylation in plants: mechanisms and tools for targeted manipulation. *New Phytologist*, 227(1), 38-44.
- Ghanizadeh, H., & Harrington, K. C. (2017). Non-target site mechanisms of resistance to herbicides. *Critical Reviews in Plant Sciences*, 36(1), 24-34.
- Guo, Y., Wang, T., Lu, X., Li, W., Lv, X., Peng, Q., Zhang, J., Gao, J., & Hu, M. (2024). Comparative genome-wide analysis of circular RNAs in *Brassica napus* L.: target-site versus non-target-site resistance to herbicide stress. *Theoretical and Applied Genetics*, 137(7), 176.
- Hauser, M. T., Aufsatz, W., Jonak, C., & Luschnig, C. (2011). Transgenerational epigenetic inheritance in plants. *Biochimica et Biophysica Acta (BBA)-Gene Regulatory Mechanisms*, 1809(8), 459-468.
- Heard, E., & Martienssen, R. A. (2014). Transgenerational epigenetic inheritance: myths and mechanisms. *Cell*, 157(1), 95-109.
- Hou, P., Qu, M., Yun, P., Li, A., Ahmed, H. A. I., Peng, Y., & Chen, L. (2023). *Avena sativa* under drought stress. In *Medicinal Plant Responses to Stressful Conditions* (pp. 63-80). CRC Press.
- Kim, J. M., To, T. K., Nishioka, T., & Seki, M. (2010). Chromatin regulation functions in plant abiotic stress responses. *Plant, Cell & Environment*, 33(4), 604-611.
- Kou, H. P., Li, Y., Song, X. X., Ou, X. F., Xing, S. C., Ma, J., Von Wettstein, D., & Liu, B. (2011). Heritable alteration in DNA methylation induced

- by nitrogen-deficiency stress accompanies enhanced tolerance by progenies to the stress in rice (*Oryza sativa* L.). Journal of plant physiology, 168(14), 1685-1693.
- Kouzarides, T. (2007). Chromatin modifications and their function. Cell, 128(4), 693-705.
- Kreiner, J. M., Giacomini, D. A., Bemm, F., Waithaka, B., Regalado, J., Lanz, C., Wright, S. I. (2019). Multiple modes of convergent adaptation in the spread of glyphosate-resistant *Amaranthus palmeri*. Proceedings of the National Academy of Sciences, 116(42), 21076–21084.
- Lämke, J., & Bäurle, I. (2017). Epigenetic and chromatin-based mechanisms in environmental stress adaptation and stress memory in plants. Genome biology, 18(1), 124.
- Law, J. A., & Jacobsen, S. E. (2010). Establishing, maintaining and modifying DNA methylation patterns in plants and animals. Nature Reviews Genetics, 11(3), 204-220.
- Liu, C., Lu, F., Cui, X., & Cao, X. (2010). Histone methylation in higher plants. Annual review of plant biology, 61(1), 395-420.
- Lu, Y. C., Feng, S. J., Zhang, J. J., Luo, F., Zhang, S., & Yang, H. (2016). Genome-wide identification of DNA methylation provides insights into the association of gene expression in rice exposed to pesticide atrazine. Scientific reports, 6(1), 18985.
- Luo, M., Liu, X., Singh, P., Cui, Y., Zimmerli, L., & Wu, K. (2012). Chromatin modifications and remodeling in plant abiotic stress responses. Biochimica et Biophysica Acta (BBA)-Gene Regulatory Mechanisms, 1819(2), 129-136.
- Margaritopoulou, T., Tani, E., Chachalis, D., & Travlos, I. (2018). Involvement of epigenetic mechanisms in herbicide resistance: the case of *Conyza canadensis*. Agriculture, 8(1), 17.
- Markus, C., Pecinka, A., Karan, R., Barney, J. N., & Merotto Jr, A. (2018). Epigenetic regulation—contribution to herbicide resistance in weeds?. Pest Management Science, 74(2), 275-281.
- Martinez, G., & Köhler, C. (2017). Role of small RNAs in epigenetic reprogramming during plant sexual reproduction. Current Opinion in Plant Biology, 36, 22-28.
- Minow, M. A., & Colasanti, J. (2020). Does variable epigenetic inheritance fuel plant evolution?. Genome, 63(5), 253-262.
- Miryeganeh, M. (2025). Epigenetic mechanisms driving adaptation in tropical and subtropical plants: Insights and future directions. Plant, Cell & Environment, 48(5), 3487-3499.
- Nardemir, G., Agar, G., Arslan, E., & Aygun Erturk, F. (2015). Determination of genetic and epigenetic effects of glyphosate on *Triticum aestivum* with

- RAPD and CRED-RA techniques. Theoretical and Experimental Plant Physiology, 27(2), 131-139.
- Pan, L., Guo, Q., Wang, J., Shi, L., Yang, X., Zhou, Y., Yu, Q., & Bai, L. (2022). CYP81A68 confers metabolic resistance to ALS and ACCase-inhibiting herbicides and its epigenetic regulation in *Echinochloa crus-galli*. Journal of Hazardous Materials, 428, 128225.
- Papikian, A., Liu, W., Gallego-Bartolomé, J., & Jacobsen, S. E. (2019). Site-specific manipulation of Arabidopsis loci using CRISPR-Cas9 SunTag systems. Nature communications, 10(1), 729.
- Quadrana, L., & Colot, V. (2016). Plant transgenerational epigenetics. Annual Review of Genetics, 50(1), 467-491.
- Radwan, D. E. M. (2012). Salicylic acid induced alleviation of oxidative stress caused by clethodim in maize (*Zea mays* L.) leaves. Pesticide biochemistry and physiology, 102(2), 182-188.
- Rendina González, A. P., Preite, V., Verhoeven, K. J., & Latzel, V. (2018). Transgenerational effects and epigenetic memory in the clonal plant *Trifolium repens*. Frontiers in Plant Science, 9, 1677.
- Richards, C. L., Alonso, C., Becker, C., Bossdorf, O., Bucher, E., Colomé-Tatché, M., & Verhoeven, K. J. (2017). Ecological plant epigenetics: Evidence from model and non-model species, and the way forward. Ecology letters, 20(12), 1576-1590.
- Sen, M. K., Hamouzova, K., Košnarová, P., Roy, A., & Soukup, J. (2022). Herbicide resistance in grass weeds: Epigenetic regulation matters too. Frontiers in Plant Science, 13, 1040958.
- Sen, M. K., Hamouzová, K., Mikulka, J., Bharati, R., Košnarová, P., Hamouz, P., Roy, A., & Soukup, J. (2021). Enhanced metabolism and target gene overexpression confer resistance against acetolactate synthase-inhibiting herbicides in *Bromus sterilis*. Pest Management Science, 77(4), 2122-2128.
- Song, X., Li, Y., Cao, X., & Qi, Y. (2019). MicroRNAs and their regulatory roles in plant-environment interactions. Annual review of plant biology, 70(1), 489-525.
- Springer, N. M., & Schmitz, R. J. (2017). Exploiting induced and natural epigenetic variation for crop improvement. Nature reviews genetics, 18(9), 563-575.
- Türkoğlu, A., Haliloğlu, K., Tosun, M., Bujak, H., Eren, B., Demirel, F., Szulc, P., Karagöz, H., Selwet, M., Özkan, G., & Niedbala, G. (2023a). Ethyl methanesulfonate (EMS) mutagen toxicity-induced DNA damage, cytosine methylation alteration, and iPBS-retrotransposon polymorphisms in wheat (*Triticum aestivum* L.). Agronomy, 13(7), 1767.

- Türkoğlu, A., Haliloğlu, K., Tosun, M., Szulc, P., Demirel, F., Eren, B., Szulc, P., Karagöz, H., Selwet, M., Özkan, G., & Niedbała, G. (2023b). Sodium azide as a chemical mutagen in wheat (*Triticum aestivum* L.): patterns of the genetic and epigenetic effects with iPBS and CRED-iPBS techniques. *Agriculture*, 13(6), 1242.
- Vatov, E., & Gechev, T. (2025). Recent evidence for transgenerational adaptation resulting from stress induced changes in the cytosine methylation landscape of plants. *Plant Stress*, 100812.
- Shah, A. T., Reshi, Z. A., & Altaf, M. (2022). DNA Methylation of ABC Transporters Differs in Native and Non-native Populations of *Conyza canadensis* L. *Frontiers in Ecology and Evolution*, 9, 781498.
- Wang, W. S., Pan, Y. J., Zhao, X. Q., Dwivedi, D., Zhu, L. H., Ali, J., & Li, Z. K. (2011). Drought-induced site-specific DNA methylation and its association with drought tolerance in rice (*Oryza sativa* L.). *Journal of experimental botany*, 62(6), 1951-1960.
- Zhang, H., Lang, Z., & Zhu, J. K. (2018). Dynamics and function of DNA methylation in plants. *Nature reviews Molecular cell biology*, 19(8), 489-506.

Bitkilerin Adaptasyon Sürecinde Epigenetiğin Rolü

Abdurrahim Çetin¹

Ahmet Zafer Tel²

Özet

Bu bölüm bitkilerde görülen başkalaşım süreci ve adaptasyonu şekillendiren sistematik, ekoloji ve epigenetik arasındaki etkileşimi incelemektedir. İlk olarak, çevresel strese hızlı ve geri dönüşümlü tepkiler verilmesini sağlayan epigenetik mekanizmaların (DNA metilasyonu, histon modifikasyonları ve kısa RNA yolları) rolünü vurgulanmaktadır. Bu süreçler, fenotipik plastisiteyi ve bazı durumlarda nesiller arası kalıtımı destekleyerek, bitkilere DNA dizisi değişikliklerinin ötesinde bitkilerde görülen değişimlerde esneklik sağlar. İkinci olarak, epigenetik varyasyonun taksonomi ve filogenetiği nasıl etkilediği incelenmektedir. Epigenetik farklılıklar, mangrovarlar, *Spartina* ve klonal karahindibalarda görüldüğü gibi, yakın akraba olan taksonları ayırt edebilir ve önemli genetik varyasyon olmasa bile ekolojik farklılıkları ortaya çıkarabilir. Bu, epigenetiğin sistematik için değerli bir tamamlayıcı araç olduğunu göstermektedir. Son olarak, ıslah ve monokültür tarımın genetik çeşitliliği azalttığı tarımsal ekosistemlerdeki epigenetik çeşitlilik ele alınmaktadır. Buna rağmen etkisini sürdüren epigenetik varyasyon tarımsal baskılar altındaki stres toleransı, verim istikrarı ve dayanıklılığa katkıda bulunmaktadır. Epigenetik belirteçler, epiQTL haritalama ve CRISPR/dCas9 gibi epigenom düzenlemeye dayalı gelişmeler, sürdürülebilir ve iklim dostu tarım için epigenetik çeşitliliğin potansiyelini ortaya koymaktadır. Sonuç olarak epigenetik; ekoloji, taksonomi ve bitki bilimi arasındaki boşluğu doldurarak, bitki evrimine yeni bakış açıları ve küresel iklim zorlukları karşısında tarımsal iyileştirme için pratik yollar sunmaktadır.

- 1 Arş. Gör, Bingöl Üniversitesi, Fen Edebiyat Fakültesi, Moleküler Biyoloji ve Genetik Bölümü, Bingöl/Türkiye, ORCID ID: <https://orcid.org/0000-0003-2021-8472>
- 2 Profesör, Iğdır Üniversitesi, Ziraat Fakültesi, Tarımsal Biyoteknoloji Bölümü, Iğdır/Türkiye, ORCID ID: <https://orcid.org/0000-0002-1204-3839>

1. Giriş

Bitkilerin gelişim süreçlerindeki farklılaşma ve adaptasyonlar geleneksel olarak genetik, morfoloji ve ekoloji açısından incelenmiştir. DNA dizi varyasyonları evrimsel biyolojinin temel taşı olmaya devam ederken, epigenetik mekanizmaların (DNA dizisinde değişiklik içermeyen, gen işlevinde kalıtsal değişiklikler) bitkilerin çevresel ve gelişimsel ipuçlarına verdiği tepkileri şekillendirmede önemli bir rol oynadığı giderek daha fazla kabul görmektedir (Richards ve ark., 2017). DNA metilasyonu, histon modifikasyonları ve kısa RNA yolakları gibi epigenetik modifikasyonlar, bitkilere gen ifadesini düzenlemede hızlı, esnek ve genellikle geri dönüşümlü imkânlar sağlar. Bu süreçler fenotipik plastisiteyi destekleyerek bitkilerin kuraklık, tuzluluk ve sıcaklık gibi abiyotik streslerin yanında patojen ve otobur saldırıları gibi biyotik baskılarla başa çıkmasını sağlar (Ashapkin ve ark., 2020). Önemli olarak, bazı durumlarda epigenetik oluşumlar nesiller arasında aktarılır, uzun vadeli adaptasyona katkıda bulunur ve hatta evrimsel yörüngeleri etkiler (Cao ve Chen, 2024; Van Winkle ve ark., 2025). Bireysel adaptasyonun ötesinde, epigenetik varyasyonlar taksonomik ve ekolojik farklılaşmaya katkıda bulunur. Yakın akraba türler veya popülasyonlar, sınırlı genetik farklılıklar sergileyebilir, ancak önemli epigenetik farklılıklar genellikle ekolojik nişler veya habitat gradyanları ile uyumluluk göstermektedir (Lira-Medeiros ve ark., 2010). Bu, epigenetiği sistematik ve filogenetik alanlarında umut verici bir tamamlayıcı araç olarak öne çıkarır ve tamamen genetik belirteçlerin cevap veremediği evrimsel soruları çözmeye yardımcı olur. Islah etme ve monokültür uygulamalarının genellikle genetik çeşitliliği azalttığı tarımsal ekosistemlerde, epigenetik çeşitlilik çevresel istikrarsızlığa karşı önemli bir tampon görevi görür. Epigenetik belirteçler, epiQTL'ler ve epigenom düzenleme teknolojilerinden yararlanmak, küresel iklim değişikliği karşısında dayanıklılık sağlayarak sürdürülebilir ürünler iyileştirme için umut vaat etmektedir (Springer & Schmitz, 2017).

Bu bölümde epigenetiğin aşağıdaki alanlardaki rolü incelenmektedir:

- Bitkilerin evrimsel adaptasyonu – epigenetik temelli adaptasyonun mekanizmaları ve vaka çalışmaları.
- Taksonomik ayrımlar – epigenetik varyasyonun sistematik ve tür farklılaşmasına nasıl bilgi sağladığı.
- Tarımsal ekosistemler – epigenetik çeşitliliğin dayanıklılığı ile ıslah ve sürdürülebilir tarım için önemi.

Sistematik, ekoloji ve epigenetiği entegre ederek, genetik olmayan kalıtım ve plastisitenin Antroposen’de bitki evrimini ve tarımsal potansiyeli nasıl şekillendirdiğine dair bütünsel bir bakış açısı sunmayı amaçlamaktayız.

2. Adaptasyonun İtici Gücü Olarak Epigenetik Mekanizmalar

Dayanaksız organizmalar olan bitkiler, genetik mutasyonlara gerek kalmadan esneklik sağlayan mekanizmalar aracılığıyla çevresel dalgalanmalarla başa çıkmak zorundadır. Epigenetik düzenleme, bitkilerin gen ifadesini hızlı ve tersine çevrilebilir bir şekilde yeniden şekillendirmesine olanak tanır ve evrimsel adaptasyon için gerekli olan fenotipik plastisiteyi sağlar (Şekil 1). Bu epigenetik plastisite, bazen hücre bölünmelerinde ve hatta jenerasyonlar boyunca devam eden strese hızlı tepki verilmesini sağlar ve böylece kısa vadeli iklimlendirme ile uzun vadeli adaptasyonu birbirine bağlar (Ashapkin et al., 2020; Miryeganeh, 2025).



Şekil 1. Bitki adaptasyonunu yönlendiren epigenetik mekanizmalara örnekler (Dubin et al., 2014, Wang et al., 2021, Jin et al., 2024, He et al., 2024, Shen et al., 2017, Miryeganeh, 2025)

a) DNA Metilasyonu

DNA metilasyonu, bitkilerde en kapsamlı şekilde incelenen epigenetik işaretlerden biridir ve genellikle CG, CHG ve CHH bağlamlarında görülür. Transpozon (TE) bölgelerinde, metilasyon TE aktivitesini bastırır ve genomu stabilize eder. Stres altında, metilasyon kalıpları değişebilir ve adaptasyonda rol oynayan önemli genleri susturabilir veya aktive edebilir. Örneğin, pirinçte kuraklık stresi, su taşıma verimliliğini doğrudan etkileyen aquaporin genlerinin promotörlerinde dinamik metilasyon değişiklikleriyle ilişkilendirilmiştir (Wang et al., 2021). Ayrıca poliamin uygulamaları, buğdayda DNA metilasyon desenlerini modüle edebilmekte ve hücresel stabiliteyi etkilemektedir (Eren et al., 2023)

b) Histon Modifikasyonları

Histon kuyrukları, çok sayıda transkripsiyon sonrası modifikasyona maruz kalır. Örneğin: Histon asetilasyonu (H3K9ac, H3K27ac) genellikle kromatini açarak strese yanıt veren genlerin transkripsiyonunu kolaylaştırır. Histon metilasyonu, kalıntıya ve içeriğe bağlı olarak ya aktive edilebilir (H3K4me3) ya da baskılanabilir (H3K27me3, H3K9me2). *Arabidopsis thaliana*'da, ısı şoku gen promotörlerinde H3K4me3 birikimi, bitkilerin önceki maruziyeti “hatırlamasını” sağlar; bu fenomen stres hafızası olarak tanımlanır (Jin et al., 2024).

c) Küçük RNA'lar ve RdDM Yolakları

Küçük müdahaleci RNA'lar (siRNA'lar), RNA yönlendirmeli DNA metilasyonunu (RdDM) yönlendirerek, tekrarlayan dizileri ve TE'leri susturmak için hedef alır. Bu yollar, genom stabilitesine katkıda bulunur, ancak adaptif yanıtları da etkiler. Örneğin, tuz stresi altında siRNA popülasyonlarındaki değişikliklerin, belirli lokuslarda metilasyonu yeniden yönlendirdiği ve böylece mısırdaki iyon homeostazisiyle bağlantılı transkripsiyon programlarını değiştirdiği gösterilmiştir (Shen et al., 2017).

3. Çevresel Stres Altında Epigenetik Plastisite

Epigenetik plastisite, çevresel baskılar altında bitkilerdeki epigenetik durumların dinamik olarak ayarlanmasını ifade eder. Yavaş bir şekilde meydana gelen DNA mutasyonlarının aksine, DNA metilasyonunun yeniden programlanması, histon modifikasyonları ve küçük RNA aktivitesi gibi epigenetik değişiklikler saatler veya günler içinde gerçekleşebilir ve bitkilerin hızla iklimlendirilmesini sağlar (Tablo 1). Bu modifikasyonlar kısa vadeli iklimlendirme ile uzun vadeli adaptasyon arasında bir köprü oluşturarak şekilde geri dönüşümlü olabilir veya bazı durumlarda istikrarlı bir halde kalıtsal olarak aktarılabilir (Ashapkin et al., 2020).

a) DNA Metilasyon Değişiklikleri

DNA metilasyonu, stres altında özellikle dinamiktir. Örneğin, pirinçte kuraklık stresi, DREB transkripsiyon faktörlerinin promotör hipometilasyonu ile bunların ekspresyonunun artırılmasına ve kuraklığa karşı tolerans kazanmasına yol açar (Wang et al., 2021). Tersine, tuzluluk stresi altında, mısırdaki belirli lokuslar, enerji maliyetli yolları susturmak için hipermetilasyon sergiler ve kaynakları stres savunmasına yeniden tahsis eder (Shen ve ark., 2017).

b) Histon Modifikasyonu Yeniden Yapılandırması

Histon işaretleri ayrıca stres tepkilerinin kritik araçlarıdır. *Arabidopsis thaliana*'da, ısı stresine maruz kalmak, ısı şoku genlerinde H3K4me3 birikimini tetikler ve yeniden maruz kalındığında daha hızlı yeniden aktivasyonu sağlayan bir “stres hafızası” oluşturur (Jin et al., 2024). Buna karşılık, soğuk stresi çiçeklenme baskılayıcılarında H3K27me3 birikimini artırarak, uygun koşullar geri dönene kadar çiçeklenmeyi geciktirir (Pan et al., 2025).

Tablo 1. Bitkilerin stres tepkisinde epigenetik plastisite

Stres Türü	Bitki Örneği	Epigenetik Mekanizma	Adaptif Sonuç
Kuraklık	Pirinç (<i>Oryza sativa</i>)	DREB TF genlerinin promotör hipometilasyonu	Gelişmiş kuraklık toleransı ve su kullanım verimliliği
Sıcaklık	<i>Arabidopsis thaliana</i>	HSP promotörlerinde H3K4me3 birikimi	Daha hızlı gen reaktivasyonu (stres hafızası)
Tuzluluk	Mısır (<i>Zea mays</i>)	siRNA rehberliğinde RdDM değişiklikleri	İyon homeostazı ve tuz toleransı
Soğuk	<i>Arabidopsis thaliana</i>	FLC lokusunda H3K27me3 zenginleşmesi	Soğuk koşullarda çiçeklenmenin gecikmesi
Patojen	Domates (<i>Solanum lycopersicum</i>)	Savunma geni promotörlerinde H3K9ac zenginleşmesi	Botrytis cinerea'ya karşı daha güçlü bağışıklık yanıtı
Virüs Enfeksiyonu	Domates (<i>S. lycopersicum</i>)	Virüs kaynaklı siRNA aracılı RdDM	Virüs DNA'sının epigenetik olarak susturulması
Poliaminler	Buğday (<i>Triticum aestivum</i>)	DNA metilasyon değişiklikleri	Embriyo kültürü başarısı ve stres toleransı
Memeli cinsiyet hormonları	Buğday (<i>Triticum aestivum</i>)	DNA metilasyon değişimleri, retrotranspozon polimorfizmleri	Genomik stabilitede değişim, epigenetik yeniden programlama

Mutajen (EMS)	Buğday (<i>Triticum aestivum</i>)	DNA metilasyonu değişimleri (hiper / hipometilasyon), genomik instabilite	Genetik çeşitlilik, epigenetik yeniden programlama
NaN ₃	Buğday (<i>Triticum aestivum</i>)	Sitozin metilasyonu değişimleri, genomik instabilite	Mutajen etkisi ile epigenetik yeniden programlama

**Wang et al., 2021, Jin et al., 2024, Shen et al., 2017, Pan et al., 2025, Ding et al., 2022, Wang et al., 2019, Eren ve ark., 2023, Demirel et al., 2023, Türkoğlu et al., 2023a, Türkoğlu et al., 2023b*

c) Küçük RNA'lar ve RdDM

Küçük RNA'lar stres altında transkripsiyon programlarını yeniden yapılandırır. Mısırdaki tuz stresi, siRNA popülasyonlarını yeniden şekillendirir ve RdDM yollarını, iyon dengesi ve tuz toleransı ile ilgili belirli lokusları susturmak veya aktive etmek için yeniden yönlendirir (Shen et al., 2017). Domateste virüs enfeksiyonu, virüs kaynaklı siRNA'lar üretir ve RdDM'yi viral DNA'ya yönlendirerek epigenetik antiviral bağışıklık sağlar (Wang et al., 2019).

3.1. Yapılan çalışmalar

Kuraklık stresi altındaki pirinç: Genom çapında bisülfid dizileme, kuraklıkla ilişkili promotörlerde hipometilasyon tespit ederek transkripsiyon faktörü ekspresyonunu ve su kullanım verimliliğini artırmıştır (Wang et al., 2021). Kuraklık, DNA metilasyon desenlerini değiştirir; örneğin putresin uygulaması ile metilasyon düşmüş ve bazı koruyucu enzim aktiviteleri artmıştır (Demirel et al., 2025).

Isı stresi altındaki Arabidopsis: H3K4me3 aracılı stres hafızası, tekrarlanan stres üzerine HSP gen ekspresyonunu hızlandırır (Jin et al., 2024).

Tuzluluk stresi altındaki mısır: Değişen siRNA profilleri, tuza duyarlı lokuslarda metilasyon modellerini yeniden şekillendirerek iyon düzenlemesini iyileştirir (Shen et al., 2017).

Domates patojen savunması: *Botrytis cinerea* enfeksiyonu, savunma gen promotörlerinde lokal H3K9ac zenginleşmesine yol açarak bağışıklık aktivasyonunu artırır (Ding et al., 2022).

4. Epigenetik Hafıza ve Nesiller Arası Kalıtım

4.1. Kavramsal Çerçeve

Epigenetik hafıza, strese veya gelişimsel ipuçlarına maruz kaldıktan sonra epigenetik izlerin (DNA metilasyonu, histon modifikasyonları, küçük RNA'lar) kararlı bir şekilde korunmasını ifade eder.

Bu hafıza iki düzeyde ortaya çıkabilir:

a) Somatik hafıza – epigenetik belirteçler, bireyin yaşamı boyunca mitotik bölünmeler yoluyla korunur (örneğin, Arabidopsis'te stres hazırlığı).

b) Nesiller arası hafıza – belirteçler, orijinal stresin yokluğunda bile mayoz bölünme yoluyla sonraki nesillere aktarılır (Cao ve Chen, 2024).

Bu kalıtım, yalnızca DNA dizisinin kalıtsal bilgi sağladığına dair klasik görüşe meydan okumaktadır. Ancak bunun ile birlikte Bird (2024) tarafından vurgulandığı gibi, yeniden maruz kalma olmaksızın iki veya daha fazla nesil boyunca kalıcılığın olduğuna dair sağlam kanıtlar mevcuttur (Tablo 2).

4.2. Epigenetik Hafızanın Mekanizmaları

DNA Metilasyonunun Korunması: Koruma metiltransferazları (MET1, CMT3) DNA replikasyonu sırasında sitozin metilasyonunu korur. Bazı stres kaynaklı metilasyon durumları nesiller boyunca devam edebilir. Histon İşaretinin Kararlılığı: H3K4me3 gibi işaretler, yeniden stres durumunda hızlı bir şekilde yeniden aktivasyonun sağlanabileceği şekilde strese yanıt veren genlerin promotörlerinde kalabilir. RNA Aracılı Kalıtım: siRNA'lar ve lncRNA'lar, RdDM'yi gelecek kuşaklarda yönlendirerek, susturulmuş veya aktive edilmiş durumları sürdürebilir (Matzke & Mosher, 2014).

4.3. Yapılan Çalışmalar

Arabidopsis'te Isı Stresi Hafızası: Isıya maruz kalma, HSP promotörlerinde H3K4me3 tutulmasını tetikler ve tekrarlayan stres sırasında daha hızlı aktivasyon sağlar. Bu somatik hafızadır, ancak gamet epigenomlarını da etkileyebilir (Jin et al., 2024).

Arabidopsis'te Vernalizasyon ve Çiçeklenme: Soğuğa maruz kalma, mitotik olarak stabil olan FLC'de (çiçeklenme baskılayıcı) H3K27me3 birikimine neden olur ve kışın ardından çiçeklenmeyi sağlar. Ancak, izler germ hattında sıfırlanır, bu nedenle bu durum nesiller arası değildir (Ibrar et al., 2023).

Mısırdı (Zea mays) Paramütasyon: b1 lokusunda, susturulmuş bir alel, küçük RNA'lar aracılığıyla durumunu aktif bir alele aktarabilir, bu da DNA dizisi değişikliğinden bağımsız olarak, birden fazla nesil boyunca kalıtsal susturma ile sonuçlanır (Arteaga-Vázquez & Chandler, 2010).

Arabidopsis'te Stresin Neden Olduğu Epimütasyonlar: Deneysel kanıtlar, kuraklık veya patojenlerin neden olduğu metilasyon değişikliklerinin, genellikle değişken bir stabilite ile de olsa, F2 ve F3 nesillerinde de devam edebileceğini göstermektedir (Van Winkle ve ark., 2025).

Tablo 2. Bitkilerde epigenetik hafıza ve nesiller arası kalıtım

Örnek	Epigenetik İşaret	Hafıza Türü	Nesiller Arası Kararlılık
Sıcaklık Stresi (<i>Arabidopsis</i>)	HSP'deki H3K4me3 tutulumu	Somatik hafıza	Birey içinde, yeniden maruz kalma yanıtı
Vernalizasyon (<i>Arabidopsis</i>)	FLC'deki H3K27me3	Somatik hafıza	Gametlerde sıfırlanma, kalıtsal değil
Paramütasyon (<i>Zea mays</i>)	b1'deki siRNA rehberliğinde DNA metilasyonu	Nesiller arası	Birkaç nesil boyunca kararlı
Kuraklık Stresi (<i>Arabidopsis</i>)	DNA metilasyonu değişiklikleri	Nesiller arası (kısmi)	F2/F3'te tarlada gözlemlendi
Patojen Stresi (<i>Lycopersicon</i> / <i>Arabidopsis</i>)	siRNA'lar tarafından yönlendirilen RdDM değişiklikleri	Nesiller arası	Hemen sonraki nesillere aktarılır

Jin et al., 2024, Ibrar et al., 2023, Arteaga-Vázquez & Chandler, 2010, Van Winkle et al., 2025, Matzke & Mosher, 2014

5. Epigenetik ile Taksonomik Ayrımlar

5.1. Taksonomide Bir Araç Olarak Epigenetik Varyasyon

Klasik taksonomi, büyük ölçüde morfolojik özelliklere ve son zamanlarda DNA dizisi verilerine dayanmaktadır. Ancak, yakından ilişkili türler veya alt türler genellikle minimum genetik farklılıklar gösterirken, belirgin fenotipik farklılıklar sergilerler (Tablo 3). Epigenetik varyasyon, dizilime dayalı olmayan ek bir biyolojik çeşitlilik katmanı sağlayarak, ince ölçekli taksonomik ayrımların çözülmesine yardımcı olur (Richards et al., 2017).

Metilasyona duyarlı amplifiye polimorfizm (MSAP) ve epiGBS (sekanslama yoluyla epigenotipleme) gibi teknikler, bitki taksonları içinde ve

arasında, bazen genetik çeşitliliği aşan önemli epigenetik çeşitlilik olduğunu ortaya çıkarmıştır. Bu farklılıklar, özellikle morfolojik plastisite geleneksel yaklaşımları karmaşıktırdığında, sınıflandırmaya bilgi sağlayabilir (Heer et al., 2018).

5.2. Epigenetik İşaretler ve Türlerin Farklılaşması

Gen gövdesi metilasyonu (GBM): Farklı GBM modelleri, türlere özgü gelişimsel ve fizyolojik özelliklerle ilişkilendirilmiştir (Bewick & Schmitz, 2017). Histon modifikasyonları: Taksonomide daha az çalışılmış olsa da, türlere özgü kromatin imzaları morfolojik farklılaşmaya katkıda bulunabilir. Küçük RNA'lar: bazı bitki türlerinde siRNA popülasyonları, türler arasında transpozon aktivitesini farklı şekilde düzenleyerek genomik farklılaşmaya katkıda bulunabilir. Örneğin, *Spartina* türlerinde hibritleşmeye bağlı yakın transpozon çevresi metilasyon reorganizasyonu gösterilmiştir (Parisod et al., 2009)

5.3. Epigenetik ve Filogenetik

Epigenetik verileri filogenetiğe entegre etmek yeni ancak bütüncül açıya umut verici bir yaklaşımdır. DNA dizileri filogenetik ağaçların omurgasını oluştururken, epigenetik işaretler çevresel faktörlerin neden olduğu farklılaşmayı ve adaptif farklılaşmayı yakalayabilir. Epigenomik modeller, bazı yakın akraba taksonların neredeyse aynı genomlara sahip olmalarına rağmen neden farklı ekolojik nişleri işgal ettiklerini de açıklayabilir. Örneğin, mangrovlarda, tuzluluk gradyanları boyunca epigenetik farklılaşma ekolojik uzmanlaşma ile korelasyon gösterir, bu da filogeografik modellere epigenetik katkıyı düşündürür (Lira-Medeiros et al., 2010).

5.4. Yapılan Çalışmalar

Mangrovlar (*Laguncularia racemosa*): Zıt habitatlardaki (tuzlu bataklık ve nehir kenarı) popülasyonlar, ekolojik adaptasyonla uyumlu olarak, genetik farklılık göstermezken, epigenetik farklılıklar (DNA metilasyon polimorfizmleri) açısından çarpıcı farklılıklar sergilemiştir (Lira-Medeiros ve ark., 2010).

Spartina melezleri: Allopoliploid melez *Spartina anglica*, ebeveynlerinde bulunmayan yeni epigenetik durumlar sergilemiş ve hızlı ekolojik kolonizasyona yardımcı olmuştur (Parisod ve ark., 2009).

Karahindiba (*Taraxacum officinale*): Klonal soylar, genetik değişiklik olmadan fenotipik çeşitliliğe katkıda bulunan geniş epigenetik varyasyonlar göstermiştir (Verhoeven ve ark., 2010).

Tablo 3. Taksonomik ve tür farklılaşmasına epigenetik katkılar

Takson / Tür	Epigenetik Özellik	Taksonomik / Adaptif Sonuç
<i>Laguncularia racemosa</i> (mangrovlar)	DNA metilasyon farklılaşması	Genetik farklılaşma olmadan habitat spesifik adaptasyon
<i>Spartina anglica</i> (allopoliploid)	Hibritlerde yeni epigenetik durumlar	Hızlı kolonizasyon ve ekolojik farklılaşma
<i>Taraxacum officinale</i> (karahindiba)	Klonal hatlarda metilasyon polimorfizmleri	Fenotipik plastiklik ve ekolojik başarı
Birçok anjiyosperm	Gen vücut metilasyonu (GBM) varyasyonu	Tür-spesifik özellikler ve evrimsel yollar
Birçok takson	Epigenetik çeşitlilik (MSAP/epiGBS)	Sistematik için ek işaretleyici

Lira-Medeiros et al., 2010, Parisod ve ark., 2009, Verhoeven et al., 2010, Bewick & Schmitz, 2017, Richards et al., 2017

6. Tarım Ekosistemlerinde Epigenetik Çeşitlilik

6.1. Kültür ve Yabani Popülasyonlarda Epigenetik Varyasyon

Evcilleştirme ve seçici ıslah genellikle genetik çeşitliliği azaltır, ancak epigenetik çeşitlilik nispeten yüksek kalabilir ve ek bir adaptasyon potansiyeli sağlar (Richards ve ark., 2017). Çalışmalar, mahsullerin yabani akrabalarının genellikle daha fazla epigenetik varyasyon barındırdığını ve bunun da onları çevresel streslere karşı koruyabileceğini göstermektedir (Tablo 4). Örneğin, yabani arpa türleri, yetiştirilen türlere kıyasla kuraklığa karşı daha geniş epigenetik tepkiler sergiler (Rodríguez López & Wilkinson, 2015).

6.2. Tarımsal Streslere Epigenetik Cevaplar

Tarımsal ekosistemler bitkileri benzersiz streslere maruz bırakır: Monokültür koşulları genetik ve mikrobiyal çeşitliliği azaltır, ancak epigenetik esneklik fenotipik varyasyonu mümkün kılarak tekdüzeliği azaltabilir. Gübre ve pestisit maruziyeti DNA metilasyonu ve histon belirteçleri değişikliklere neden olabilir ve bazen besin alımını veya savunma yollarını değiştirebilir (Kooke ve ark., 2015).

İklim değişikliği faktörleri (sıcak dalgaları, tuzluluk, düzensiz yağışlar) bitkilerin hayatta kalmasını ve verimini şekillendiren epigenetik yeniden programlamayı tetikler. Örnek: Mısırdaki yoğun tarımsal yönetim genetik çeşitliliği azaltmıştır, ancak metilasyona duyarlı belirteçlerle tespit edilebilen

epigenetik polimorfizmleri korumuştur ve bu da yerel adaptasyonla ilişkilendirilmiştir (Eichten ve ark., 2013).

6.3. Üreme için Epigenetik Çeşitliliğin Kullanılması

Epigenetik çeşitlilik, aşağıdaki şekillerde üreme programlarına entegre edilebilir: Epigenetik belirteçler (epi-belirteçler): Verim veya stres toleransı ile ilişkili, tespit edilebilir metilasyon modelleri. Epigenetik kantitatif özellik lokusları (epiQTLler): Tarım özellikleriyle bağlantılı epigenetik varyantların haritalandırılması (Springer & Schmitz, 2017). Epigenom düzenleme: Epigenetik durumları manipüle etmek ve direnci artırmak için DNA metiltransferazlar, demetilazlar veya histon modifiye edicilerle birleştirilmiş CRISPR/dCas9 araçlarının kullanılması.

6.4. Sürdürülebilir Tarımda Gelecek Perspektifleri

Epigenetik çeşitliliğin kullanılması, genetik modifikasyon olmadan değişen ortamlara hızla uyum sağlayan mahsuller geliştirerek iklim dostu tarıma katkıda bulunabilir. Uzun vadeli hedefler şunlardır: Epigenetik direnç belirteçleri için mahsul germplazmasının taranması. Yararlı epimütasyonları koruyan veya hatta indükleyen ıslah stratejilerinin tasarlanması. Epigenetik profillemenin gen bankası yönetimine entegre edilmesi, hem genetik hem de epigenetik kaynakların korunmasının sağlanması.

Tablo 4. Tarımsal ekosistemlerde epigenetik çeşitlilik

Tarla Bitkisi / Sistem	Epigenetik Mekanizma	Gözlem	Tarımsal İlgililik
Arpa (<i>Hordeum vulgare</i>)	DNA metilasyonu polimorfizmleri	Yaban kaynakları, kültürlere göre daha geniş kuraklık yanıtları gösteriyor	Yaban akrabaları epigenetik rezervuarlar olarak kullanılabilir
Mısır (<i>Zea mays</i>)	MSAP tabanlı metilasyon çeşitliliği	Epigenetik çeşitlilik, genetik varyasyonun azalmasına rağmen devam etti	Yoğun tarım altında yerel adaptasyon
<i>Arabidopsis</i> (model)	DNA metilasyonu ve histon modifikasyonları	Gübre ve besin stresinin neden olduğu kararlı epigenetik değişiklikler	Besin yönetimi için etkiler
Pirinç (<i>Oryza sativa</i>)	epiQTL haritalaması	Verim ve stres toleransı ile ilişkili epigenetik varyasyon	İklimle dayanıklı bitkiler için ıslah potansiyeli

Rodríguez López & Wilkinson, 2015, Eichten et al., 2013, Kooke et al., 2015, Springer & Schmitz, 2017

7. Sonuç

Epigenetik süreçler, bitki evrimini geleneksel evrim anlayışından uzak bir şekilde, tür sınırları koruyucu şekilde taksonomi ve tarımsal direnci anlamak için güçlü bir çerçeve sağlar. DNA dizisi mutasyonlarının aksine, epigenetik modifikasyonlar dinamik, geri dönüşümlü ve çevresel işaretlere duyarlıdır, bu da bitkilerin değişken koşullara hızla uyum sağlamasına olanak tanır. Evrimsel adaptasyonda, DNA metilasyonu, histon modifikasyonları ve küçük RNA aracılı susturma gibi mekanizmalar, bitkilerin hem kısa vadeli stres tepkileri hem de uzun vadeli adaptif hafıza oluşturmalarını sağlar. *Arabidopsis*, pirinç, mısır ve buğdayda yapılan çalışmalar, stresin neden olduğu epigenetik değişikliklerin biyolojik bağlama bağlı olarak istikrarlı bir şekilde kalıtsal olabileceğini veya sıfırlanabileceğini göstermektedir (Jin ve ark., 2024; Van Winkle ve ark., 2025). Bu durum geleneksel bitki evrimine meydan okumaktadır. Taksonomi ve sistematikte, epigenetik varyasyon genetik ve morfolojik belirteçleri tamamlayarak, DNA dizisi farklılığının minimum olduğu durumlarda türlerin farklılaşması hakkında bilgi sağlar. Mangrov (*Laguncularia*), *Spartina* ve klonal *Taraxacum* soyları, epigenetik farklılaşmanın ekolojik uzmanlaşma ile nasıl uyumlu olduğunu göstererek, filogenetik çerçevelere entegrasyonunu desteklemektedir (Lira-Medeiros et al., 2010; Parisod ve ark., 2009). Tarım ekosistemlerinde, epigenetik çeşitlilik, ehilleştirme ve monokültür tarımı nedeniyle genetik çeşitliliğin azaldığı durumlarda bile çevresel strese karşı kritik bir tampon görevi görmeye devam etmektedir. Epigenetik belirteçler, epiQTl'ler ve epigenom düzenleme, iklim dostu ve sürdürülebilir tarım için bu çeşitliliği kullanmak adına umut vaat eden araçlardır (Springer & Schmitz, 2017; Rodríguez López & Wilkinson, 2015). Benzer şekilde, CRISPR/Cas teknolojisinin bitkisel özellikleri değiştirme kapasitesi de sürdürülebilir tarım için önemli bir uygulama alanı sunmaktadır (Eren, 2021). Gelecekte, epigenetik işaretler ve adaptif fenotipler arasındaki nedensel ilişkileri çözmek için çoklu omik yaklaşımları (genomik, epigenomik, transkriptomik, fenomik) hesaplamalı modelleme ile birleştirmek çok önemli olacaktır. Nesiller arası kalıtımı ölçmek ve kararlı epimütasyonları tanımlamak için standartlaştırılmış yöntemlerin geliştirilmesi aynı derecede öneme sahiptir. Sonuç olarak, epigenetik, bitki bilimcilerin kullanabileceği evrimsel ve ekolojik araçların sayısını arttırmaktadır. Buda epigenetiğin; geleneksel evrim anlayışından uzak bir şekilde tür sınırları içinde sistematik, ekoloji ve tarımı birbirine bağlayarak, iklim değişikliği çağında bitkilerin adaptasyonunu anlamaya ve şekillendirmeye yönelik bir araç olabileceğini ortaya koyar.

Kaynaklar

- Arteaga-Vazquez, M. A., & Chandler, V. L. (2010). Paramutation in maize: RNA mediated trans-generational gene silencing. *Current opinion in genetics & development*, 20(2), 156-163.
- Ashapkin, V. V., Kutueva, L. I., Aleksandrushkina, N. I., & Vanyushin, B. F. (2020). Epigenetic mechanisms of plant adaptation to biotic and abiotic stresses. *International journal of molecular sciences*, 21(20), 7457.
- Bewick, A. J., & Schmitz, R. J. (2017). Gene body DNA methylation in plants. *Current opinion in plant biology*, 36, 103-110.
- Bird, A. (2024). Transgenerational epigenetic inheritance: a critical perspective. *Frontiers in Epigenetics and Epigenomics*, 2, 1434253.
- Cao, S., & Chen, Z. J. (2024). Transgenerational epigenetic inheritance during plant evolution and breeding. *Trends in Plant Science*, 29(11), 1203-1223.
- Demirel, F., Türkoğlu, A., Haliloğlu, K., Eren, B., Özkan, G., Uysal, P., ... & Bocianowski, J. (2023). Mammalian sex hormones as steroid-structured compounds in wheat seedling: Template of the cytosine methylation alteration and retrotransposon polymorphisms with iPBS and CRED-iBPS techniques. *Applied Sciences*, 13(17), 9538.
- Demirel, S., Eroğlu, A., Eren, B., & Demirel, F. (2025). DNA methylation change and antioxidant enzyme activity of drought stress and putrescine treatment in ancient wheat (*Triticum monococcum* L.). *Cereal Research Communications*, 53(2), 771-781.
- Ding, X., Liu, X., Jiang, G., Li, Z., Song, Y., Zhang, D., ... & Duan, X. (2022). SIJM7 orchestrates tomato fruit ripening via crosstalk between H3K-4me3 and DML2-mediated DNA demethylation. *New Phytologist*, 233(3), 1202-1219.
- Dubin, M. J., Zhang, P., Meng, D., Remigereau, M. S., Osborne, E. J., Paolo Casale, E., ... & Nordborg, M. (2015). DNA methylation in *Arabidopsis* has a genetic basis and shows evidence of local adaptation. *elife*, 4, e05255.
- Eichten, S. R., Briskine, R., Song, J., Li, Q., Swanson-Wagner, R., Hermanson, P. J., ... & Springer, N. M. (2013). Epigenetic and genetic influences on DNA methylation variation in maize populations. *The Plant Cell*, 25(8), 2783-2797.
- Eren, B. (2021). Gen Transfer Teknolojisi ve Yağ asidi Kompozisyonlarına Katkısı-CRSPR/Cas Teknolojisi. *Avrupa Bilim ve Teknoloji Dergisi*, (22), 300-305.
- Eren, B., Türkoğlu, A., Haliloğlu, K., Demirel, F., Nowosad, K., Özkan, G., ... & Bocianowski, J. (2023). Investigation of the influence of polyamines on mature embryo culture and DNA methylation of wheat (*Triticum aestivum* L.). *Plant Physiology and Biochemistry*, 312, 118207.

- tivum L.) using the machine learning algorithm method. *Plants*, 12(18), 3261.
- He, C., Bi, S., Li, Y., Song, C., Zhang, H., Xu, X., ... & Yan, W. (2024). Dynamic atlas of histone modifications and gene regulatory networks in endosperm of bread wheat. *Nature Communications*, 15(1), 9572.
- Heer, K., JeannieMounger, Richards, C. L., & Opgenoorth, L. (2018). The diversifying field of plant epigenetics. *New Phytologist*, 217(3), 998-992.
- Ibrar, D., Ahmad, R., Hasnain, Z., Gul, S., Rais, A., & Khan, S. (2023). Epigenetic-based control of flowering and seed development in plants: A review. *Plant Breeding*, 142(6), 732-744.
- Jin, Q., Chachar, M., Ali, A., Chachar, Z., Zhang, P., Riaz, A., ... & Chachar, S. (2024). Epigenetic regulation for heat stress adaptation in plants: new horizons for crop improvement under climate change. *Agronomy*, 14(9), 2105.
- Kooke, R., Johannes, F., Wardenaar, R., Becker, F., Etcheverry, M., Colot, V., ... & Keurentjes, J. J. (2015). Epigenetic basis of morphological variation and phenotypic plasticity in *Arabidopsis thaliana*. *The Plant Cell*, 27(2), 337-348.
- Lira-Medeiros, C. F., Parisod, C., Fernandes, R. A., Mata, C. S., Cardoso, M. A., & Ferreira, P. C. G. (2010). Epigenetic variation in mangrove plants occurring in contrasting natural environment. *PloS one*, 5(4), e10326.
- Matzke, M. A., & Mosher, R. A. (2014). RNA-directed DNA methylation: an epigenetic pathway of increasing complexity. *Nature Reviews Genetics*, 15(6), 394-408.
- Miryeganeh, M. (2025). Epigenetic mechanisms driving adaptation in tropical and subtropical plants: Insights and future directions. *Plant, Cell & Environment*, 48(5), 3487-3499.
- Pan, X., Lu, X., Huang, L., Hu, Z., Zhuo, M., Ji, Y., ... & Zhou, B. (2025). Histone modification H3K27me3 is essential during chilling-induced flowering in *Litchi chinensis*. *Plant Physiology*, 197(1), kiae619.
- Parisod, C., Salmon, A., Zerjal, T., Tenaillon, M., Grandbastien, M. A., & Ainouche, M. (2009). Rapid structural and epigenetic reorganization near transposable elements in hybrid and allopolyploid genomes in *Spartina*. *New Phytologist*, 184(4), 1003-1015.
- Richards, C. L., Alonso, C., Becker, C., Bossdorf, O., Bucher, E., Colomé-Tatché, M., ... & Verhoeven, K. J. (2017). Ecological plant epigenetics: Evidence from model and non-model species, and the way forward. *Ecology letters*, 20(12), 1576-1590.
- Rodríguez López, C. M., & Wilkinson, M. J. (2015). Epi-fingerprinting and epi-interventions for improved crop production and food quality. *Frontiers in plant science*, 6, 397.

- Shen, Y., Zhang, J., Liu, Y., Liu, S., Liu, Z., Duan, Z., ... & Tian, Z. (2018). DNA methylation footprints during soybean domestication and improvement. *Genome biology*, 19(1), 128.
- Springer, N. M., & Schmitz, R. J. (2017). Exploiting induced and natural epigenetic variation for crop improvement. *Nature reviews genetics*, 18(9), 563-575.
- Türkoğlu, A., Haliloğlu, K., Tosun, M., Bujak, H., Eren, B., Demirel, F., ... & Niedbała, G. (2023a). Ethyl methanesulfonate (EMS) mutagen toxicity-induced DNA damage, cytosine methylation alteration, and iPBS-retrotransposon polymorphisms in wheat (*Triticum aestivum* L.). *Agronomy*, 13(7), 1767.
- Türkoğlu, A., Haliloğlu, K., Tosun, M., Szulc, P., Demirel, F., Eren, B., ... & Niedbała, G. (2023b). Sodium azide as a chemical mutagen in wheat (*Triticum aestivum* L.): patterns of the genetic and epigenetic effects with iPBS and CRED-iPBS techniques. *Agriculture*, 13(6), 1242.
- Van Winkle, L. J., Ryznar, R. J., & Iannaccone, P. M. (2025). Adaptation and changing phenotypes through transgenerational epigenetics. *Epigenetics*, 20(1), 2460246.
- Verhoeven, K. J., Jansen, J. J., Van Dijk, P. J., & Biere, A. (2010). Stress-induced DNA methylation changes and their heritability in asexual dandelions. *New Phytologist*, 185(4), 1108-1118.
- Wang, C., Wang, C., Zou, J., Yang, Y., Li, Z., & Zhu, S. (2019). Epigenetics in the plant-virus interaction. *Plant Cell Reports*, 38(9), 1031-1038.
- Wang, Q., Xu, J., Pu, X., Lv, H., Liu, Y., Ma, H., ... & Lu, Y. (2021). Maize DNA methylation in response to drought stress is involved in target gene expression and alternative splicing. *International Journal of Molecular Sciences*, 22(15), 8285.

DNA Metilasyonundan Epigenom Düzenlemeye: Bitki Epigenetik Mekanizmalarının Stres Toleransı ve Ürün İyileştirmeye Entegre Edilmesi

Leyla Kurgan¹

Barış Eren²

Özet

Bitkilerin çevresel strese adaptasyonu yalnızca genetik çeşitliliğe değil, aynı zamanda DNA dizisini değiştirmeden gen ifadesini düzenleyen dinamik epigenetik mekanizmalara da dayanır. Bu düzenlemenin temel katmanları arasında DNA metilasyonu, histon modifikasyonları, kromatin yeniden modellenmesi, küçük RNA'lar ve epitranskriptomik işaretler bulunur; bunların tümü stres tepkilerini ve gelişimsel esnekliği şekillendirmek için etkileşime girer. Bu mekanizmalar, bitkilerin kuraklık, tuzluluk, ısı ve ağır metal stresi sırasında transkripsiyonel programlarını hassas bir şekilde ayarlamasını ve bazı durumlarda nesiller içinde veya nesiller boyunca devam edebilen stres hafızası oluşturmalarını sağlar.

Son keşifler, küçük RNA'ların ve N6-metiladenozin (m6A) gibi RNA modifikasyonlarının transkripsiyon sonrası düzenlemedeki rolünü vurgulayarak bitki epigenetik ağlarının karmaşıklığını daha da genişletmektedir. Daha da önemlisi, özellikle DNA veya kromatin değiştiricileriyle birleştirilmiş CRISPR/dCas9 tabanlı sistemler olmak üzere epigenom düzenleme teknolojilerinin ortaya çıkışı, epigenetik durumların hedefli ve geri dönüşümlü bir şekilde manipüle edilmesine olanak tanır. Bu tür yaklaşımlar, kararlı epialeller oluşturabilir, epigenetik nicel özellik lokuslarını (epiQTLler) belirleyebilir ve nihayetinde bitki ıslahı ve iklim direnci için yeni araçlar sağlayabilir.

- 1 Araş. Gör., Iğdır Üniversitesi Ziraat Fakültesi Tarımsal Biyoteknoloji Bölümü, Iğdır/Türkiye, leyla.kurgan@igdir.edu.tr, ORCID ID: <https://orcid.org/0000-0002-2052-6013>
- 2 Dr. Öğr. Üyesi, Iğdır Üniversitesi, Ziraat Fakültesi, Tarımsal Biyoteknoloji Bölümü, Iğdır/Türkiye, bariseren86@gmail.com, ORCID ID: <https://orcid.org/0000-0002-3852-6476>

Umut verici ilerlemeye rağmen, bitkilere verimli uygulama, hedef dışı etkilerin en aza indirilmesi ve saha koşullarında indüklenen epigenetik değişikliklerin istikrarının sağlanması gibi zorluklar devam etmektedir. Çoklu omik analizlerini epigenom düzenlemeyle entegre eden gelecekteki araştırmalar, temel epigenetik içgörülerin tarımsal uygulamalara dönüştürülmesi için çok önemli olacaktır. Genel olarak, mekanik anlayışı yenilikçi düzenleme stratejileriyle birleştirmek, bitki epigenetiğini iklim değişikliği çağında sürdürülebilir ürün iyileştirmenin ön saflarına yerleştirmektedir.

1. Giriş

Küresel tarım, iklim değişikliği, toprak bozulması ve kuraklık, tuzluluk, aşırı sıcaklıklar ve ağır metal kirliliği gibi artan abiyotik stresler nedeniyle benzeri görülmemiş zorluklarla karşı karşıyadır. Bu stres faktörleri bitki büyümesini, verimi ve dayanıklılığı önemli ölçüde bozarak küresel gıda güvenliğini tehdit etmektedir. Geleneksel ıslah programları öncelikle genetik çeşitliliğe dayanmaktadır; ancak, DNA metilasyonu, histon modifikasyonları, kodlamayan RNA'lar ve kromatin yeniden modellenmesi gibi epigenetik mekanizmaların, strese yanıt veren gen ifadesini modüle etmede ve bitki plastisitesini artırmada önemli bir rol oynadığı giderek daha açık hale gelmektedir (Abdulraheem, Fawehinmi ve Yun, 2024).

Bu mekanizmalar arasında, DNA metilasyonu bitkilerde en kapsamlı şekilde incelenen epigenetik izdir ve CG, CHG ve CHH bağlamlarında (burada H = A, T veya C) ortaya çıkar. DNA metilasyonu sadece gen ekspresyonunu düzenlemekle kalmaz, aynı zamanda transpozonları susturur ve genom stabilitesini korur (Qiao et al., 2024). Stres koşulları altında, DNA metilasyon manzaralarının dinamik olarak yeniden programlanması gözlemlenmiştir; promotör bölgelerinin hipermetilasyonu veya hipometilasyonu, strese yanıt veren genlerin transkripsiyonunu doğrudan etkilemektedir. Örneğin, kuraklık, tuzluluk ve ısı streslerinin çeşitli mahsullerde farklı metilasyon modellerine neden olduğu gösterilmiştir, bu da metilomun adaptif yanıtlarda önemli bir rol oynadığını düşündürmektedir (Abdulraheem ve ark., 2024; Qiao ve ark., 2024).

Ancak kritik bir soru hala çözülmemiş durumda: Bu değişiklikler geçici mi, yoksa gelişim aşamaları boyunca ve hatta sonraki nesillerde uzun vadeli stres hafızası oluşturabilirler mi? Transjenerasyonel epigenetik kalıtım kavramı, belirli DNA metilasyon işaretlerinin ve kromatin durumlarının mayoz bölünmeden sonra da devam edebileceğini ve bitkilere tekrarlayan streslere karşı direnci artıran bir tür “moleküler hafıza” sağlayabileceğini gösteren kanıtların artmasıyla birlikte ivme kazanmıştır (Trends in Plant Science, 2024).

Son yıllarda, CRISPR/dCas9 tabanlı epigenom düzenlemedeki gelişmeler, bitkilerde DNA metilasyonu ve demetilasyonunun hassas bir şekilde manipüle edilmesi için yeni yollar açmıştır (Fadul, 2023). Geleneksel genetik modifikasyondan farklı olarak, bu yaklaşımlar DNA dizisini değiştirmeden epigenetik durumları değiştirir ve gen ifadesini tersine çevrilebilir ve hedefe yönelik bir şekilde ince ayarlamak için umut verici bir strateji sunar. Metiltransferazları veya demetilazları belirli lokuslara yönlendirerek, strese yanıt veren yolları modüle etmek mümkün hale gelir ve bu da yenilikçi, transgenik olmayan ıslah stratejilerinin önünü açar (Seem et al., 2024).

Bununla birlikte, epigenom düzenlemesinin mahsullerde geniş ölçekli olarak uygulanmasını engelleyen birkaç zorluk bulunmaktadır: potansiyel hedef dışı etkiler, eklenen epigenetik işaretlerin stabilitesi, büyük ve karmaşık bitki genomları için dağıtım sistemleri ve laboratuvar bulgularının saha koşullarına aktarılması. Bu sınırlamaların aşılması, epigenetik stratejilerin sürdürülebilir mahsul iyileştirme programlarının ayrılmaz bir parçası haline gelmesini sağlayabilir.

Bu çalışma, bitki stres tepkilerinde DNA metilasyonunun rolünü kapsamlı bir şekilde ele alacak ve hedefli epigenom düzenlemenin ortaya çıkan potansiyelini değerlendirecektir. Amacımız, son gelişmeleri vurgulamak, mevcut araştırma boşluklarını belirlemek ve epigenetik yaklaşımları bitki ıslahına entegre etmek için gelecekteki perspektifleri tartışmaktır.

2. Stres Toleransında DNA Metilasyonu ve Kromatin Bazlı Düzenleme

Bitkiler, çevresel stresler altında gen ifadesini hızla ayarlamak için DNA metilasyonu ve kromatin yeniden yapılandırması gibi epigenetik mekanizmalar kullanır. DNA metilasyonu (5-mC), CG, CHG ve CHH sekans bağlamlarında meydana gelir ve DNA metiltransferazlar (ör. MET1, CMT'ler, DRM) tarafından katalize edilir ve DNA demetilazlar (ROS1/DML) tarafından tersine çevrilir. Bu epigenetik katman, transpozonları susturmak ve genomik stabiliteyi korumakla kalmaz, aynı zamanda strese yanıt veren genleri de düzenler (Miryeganeh, 2021; Nunez-Vazquez, Desvoyes ve Gutierrez, 2022).

Kuraklık, tuzluluk veya sıcaklık stresi altında bitkiler genellikle DNA metilasyon yapısını yeniden programlar. Örneğin, promotör hipometilasyonu strese indüklenebilir genleri aktive edebilirken, hipermetilasyon kaynakları korumak için genleri baskılayabilir. Bu tür dinamik metilasyon değişiklikleri pirinç, mısır ve Arabidopsis dahil olmak üzere birçok türde rapor edilmiştir (Miryeganeh, 2021; Nunez-Vazquez et al., 2022).

Histon modifikasyonları, DNA metilasyonunu tamamlar. H3K4me3 ve H3K9ac gibi aktif işaretler, açık kromatin ve stres yanıt genlerinin transkripsiyonel aktivasyonu ile ilişkilidir, oysa H3K27me3 gibi baskılayıcı işaretler, genlerin ihtiyaç duyulana kadar sessiz durumda kalmasına yardımcı olur (Nunez-Vazquez ve ark., 2022). Örneğin, kuraklık veya tuz stresi altındaki Arabidopsis'te, stresle ilişkili gen promotörlerinde artan H3K4me3 seviyeleri, daha yüksek transkripsiyon ile ilişkilidir (Nunez-Vazquez et al., 2022).

Modifikasyonların ötesinde, kromatin yeniden modelleme kompleksleri, stres sinyallerine yanıt olarak nükleozomları yeniden konumlandırır ve kromatin yapısını ayarlar. ATP bağımlı yeniden modelleyiciler de dahil olmak üzere bu kompleksler, DNA erişilebilirliğini modüle eder ve böylece stres altında transkripsiyonu düzenler (Lämke ve Bäurle, 2017).

Özetle, DNA metilasyonu, histon modifikasyonları ve kromatin yeniden modellenmesi arasındaki koordinasyon, bitkilere epigenetik plastisite sağlar. Bu plastisite, stres karşısında esnek gen düzenlemesini mümkün kılar ve bu mekanizmaları, mahsullerde stres direncini mühendislik açısından umut verici hedefler haline getirir.

3. RNA Aracılı ve Epitranskriptomik Düzenleme

DNA metilasyonu ve histon modifikasyonlarının ötesinde, RNA tabanlı düzenleme bitkilerde epigenetik kontrolün bir başka kritik katmanını temsil eder. 24-nt küçük müdahaleci RNA'ları (siRNA'lar) içeren RNA yönlendirmeli DNA metilasyonu (RdDM) yolu, metilasyonu transpozonlara ve tekrarlayan sekanslara yönlendirmede merkezi bir rol oynar ve böylece stres altında genom stabilitesini güçlendirir (Matzke & Mosher, 2014; Zhang, Lang, & Zhu, 2018). Bu küçük RNA'lar ayrıca strese duyarlı genleri de düzenler; örneğin, kuraklık ve tuzluluk altında siRNA bolluğundaki değişiklikler, değişen promotör metilasyonu ve stres toleransı fenotipleri ile ilişkilendirilmiştir (Calarco et al., 2012; Zhang et al., 2018).

MikroRNA'lar (miRNA'lar), transkripsiyon faktörlerini ve sinyal bileşenlerini hedefleyerek stres tepkilerini daha da iyileştirir. Oksidatif stresde miR398, patojen savunmasında miR393 ve kuraklıkta miR166 gibi stres tepkisine duyarlı birkaç miRNA, hormon sinyalleşmesi ve kromatin düzenleyicileri ile kesişerek entegre bir düzenleyici ağ oluşturur (Song ve ark., 2019). Önemli olarak, miRNA ekspresyonu epigenetik olarak düzenlenebilir, bu da kromatin durumu ve küçük RNA'lar arasında karşılıklı kontrol olduğunu gösterir.

Son yıllarda, epitranskriptomik modifikasyonlar, özellikle N6-metiladenozin (m6A), bitkilerde gen düzenlemesinin ek bir katmanı olarak ortaya çıkmıştır. m6A, RNA stabilitesini, eklemeyi ve çeviriyi etkiler ve ısı ve kuraklık gibi stres koşulları m6A yapısını önemli ölçüde değiştirir (Liu & Pan, 2016; Anderson et al., 2018). Örneğin, m6A metiltransferazlarında kusurlu olan Arabidopsis mutantları, stres toleransında bozulma gösterir ve bu da bu RNA modifikasyonunun işlevsel önemini vurgular (Anderson et al., 2018).

Küçük RNA'lar ve RNA metilasyonu birlikte dinamik bir transkripsiyon sonrası düzenleyici çerçeve oluşturur. Bu sistem, bitkilerin genom bütünlüğünü korurken, gen ifadesini değişken ortamlara hızla adapte etmelerini sağlar. Küçük RNA biyolojisini epitranskriptomik düzenleme ile entegre etmek, bitkilerin çoklu düzenleyici katmanlarda karmaşık stres tepkilerini nasıl koordine ettiklerini anlamak için çok önemli olacaktır.

4. Epigenetik Stres Hafızası ve Nesiller Arası Kalıtım

Geçici transkripsiyon tepkilerinin aksine, bitkiler stres hafızası oluşturabilirler, bu da onların tekrarlayan çevresel zorluklara daha verimli bir şekilde tepki vermelerini sağlar. Bu hafıza kısa süreli olabilir (tek bir yaşam döngüsü içinde korunur) veya nesiller arası olabilir (yavrulara da geçer). Bu hafızanın moleküler temeli, DNA metilasyonu, histon modifikasyonları ve küçük RNA'lar gibi epigenetik işaretlerin korunmasını içerir (Baulcombe & Dean, 2014; Lämke & Bäurle, 2017).

Nesiller arası stres hafızası, kuraklık veya ısı hazırlığı yeniden maruz kaldığında stres tepkili genlerin daha hızlı ve daha güçlü bir şekilde indüklenmesine yol açan Arabidopsis'te iyi belgelenmiştir. Bu, stresin ortadan kalkmasından sonra bile stresle indüklenebilir promotörlerde H3K4me3 gibi sürdürülen histon işaretleriyle ilişkilidir (Lämke & Bäurle, 2017). Benzer şekilde, baskılayıcı bir işaret olan H3K27me3'ün birikmesi, hücre bölünmeleri boyunca stres kaynaklı gen susturmayı koruyarak, iyileşme sırasında gelişimsel veya metabolik durumları muhafaza edebilir (Luo ve ark., 2012).

Transgenerasyonel kalıtım, epigenetik değişikliklerin gametogenez ve embriyogenezin kapsamlı yeniden programlama olaylarından kaçtığı zaman meydana gelir. Küçük RNA'lar bu süreçte merkezi bir rol oynar. Örneğin Arabidopsis poleninde, transpozonlardan türetilen küçük RNA'lar bir sonraki nesilde DNA metilasyon modellerini güçlendirerek genom stabilitesini korur ve epigenetik durumları aktarır (Calarco et al., 2012). Stres kaynaklı epialleller — DNA dizisi değişikliği olmaksızın gen ifadesinde kalıtsal

değişiklikler — pirinç, domates ve mısır gibi mahsullerde gözlemlenmiştir ve bu mahsullerde çiçeklenme zamanını, meyve gelişimini veya stres toleransını etkileyebilirler (Quadrana & Colot, 2016).

Çok yıllık türler ve açık tohumlu bitkiler, uzun vadeli stres hafızasının çarpıcı örneklerini sunar. Norveç ladininde, embriyogenez sırasında değişen sıcaklıklara maruz kalmak, tomurcuk fenolojisini on yıllarca etkileyen kalıcı epigenetik durumlar oluşturur (Kvaalen & Johnsen, 2008). Bu örnekler, epigenetik varyasyonun iklim değişikliği altında ekolojik adaptasyona ve uzun vadeli hayatta kalmaya nasıl katkıda bulunabileceğini göstermektedir.

Bununla birlikte, nesiller arası kalıtımın kapsamı ve istikrarı hala tartışma konusudur. Bazı epigenetik izler sadık bir şekilde aktarılırken, diğerleri sıfırlanır ve istikrarın belirleyicileri henüz tam olarak anlaşılamamıştır (Heard & Martienssen, 2014). Bu soruların çözülmesi, bitki ıslahında ve iklim direncinde epigenetik hafızadan yararlanmak için çok önemlidir.

5. Epigenom Düzenleme ve Üretimde Tercüme Uygulamaları

Doğal epigenetik varyasyon stres toleransı ve gelişimsel plastisiteye katkıda bulunurken, epigenom düzenleme teknolojilerinin ortaya çıkması artık mahsulün iyileştirilmesi için epigenetik durumların hassas bir şekilde manipüle edilmesini mümkün kılmaktadır. DNA dizisini değiştiren geleneksel transgenik teknolojinin aksine, epigenom düzenleme, alta yatan genetik kodu değiştirmeden kromatin veya DNA metilasyon modellerini değiştirerek, mahsulün iyileştirilmesi için potansiyel olarak geri dönüşümlü ve transgenik olmayan bir yaklaşım sunmaktadır (Gallego-Bartolomé, 2020).

En yaygın olarak araştırılan sistem, katalitik olarak inaktif Cas9 (dCas9) 'un DNA metiltransferazlar (örneğin DNMT3A), demetilazlar (örneğin TET1), histon asetiltransferazlar (HAT'ler) veya histon deasetilazlar (HDAC'ler) gibi epigenetik efektörlerle birleştirildiği CRISPR/dCas9 tabanlı platformları içerir. Spesifik tek kılavuz RNA'lar (sgRNA'lar) tarafından yönlendirilen bu kompleksler, tanımlanmış genomik bölgeleri hedefleyebilir ve epigenetik durumlarını modüle edebilir. Arabidopsis'te, dCas9-TET1 kullanılarak FLOWERING WAGENINGEN (FWA) promotörünün hedeflenen DNA demetilasyonu, gen ekspresyonunu geri kazandırdı ve çiçeklenme zamanını değiştirdi, bu da bitkilerde lokus spesifik epigenom düzenlemesinin kavram kanıtını gösterdi (Gallego-Bartolomé et al., 2018).

Model türlerin ötesinde, epigenom düzenleme tarım ürünlerinde umut vaat etmektedir. Stresle indüklenebilir promotörleri modüle etme yeteneği, yabancı DNA eklemekten kuraklık veya tuzluluk toleransını artırabilir. Dahası, hedefe yönelik epigenetik modifikasyonlar, nesiller boyunca kalıtsal

olabilen stabil epialleller oluşturabilir ve bu da tarım ürünleri yetiştiricileri için araç setini genişletebilir (Quadrana & Colot, 2016). Bu tür yaklaşımlar, epigenetik varyasyonu verim, çiçeklenme ve strese dayanıklılık gibi tarımsal özelliklerle ilişkilendiren epiQTLlerin keşfini tamamlar (Bewick ve Schmitz, 2017).

Bununla birlikte, önemli zorluklar devam etmektedir. Bunlar arasında, büyük veya karmaşık genomlara sahip bitki türlerinde düzenleme yapılarının verimli bir şekilde iletilmesi, hedef dışı epigenetik etkilerin en aza indirilmesi ve saha koşullarında indüklenen epigenetik işaretlerin kararlılığının sağlanması yer almaktadır. Ayrıca, belirli modifikasyonların geri dönüşümlülüğü, uzun vadeli ıslah yararlarını sınırlayabilirken, epigenom düzenlemesi yapılmış bitkilerin düzenleyici ve toplumsal kabulü hala tartışma konusudur (Springer & Schmitz, 2017).

Bu sınırlamalara rağmen, epigenom düzenlemesinin ıslah stratejilerine entegrasyonu heyecan verici fırsatlar sunmaktadır. Genomik, transkriptomik ve epigenomik bilimlerini CRISPR tabanlı araçlarla birleştirerek, bitki bilimcileri DNA dizisinde kalıcı değişiklikler yapmadan iklime dayanıklı mahsuller geliştirmek için yeni yollar yaratabilirler. Bu yaklaşım, epigenetik mekanizmalar üzerine yapılan temel araştırmaları sürdürülebilir tarımda pratik uygulamalarla birleştirir.

6. Sonuç

Epigenetik düzenleme, bitkilere çevresel zorluklara hızlı ve esnek yanıtlar verebilmelerini sağlayan güçlü bir gen ekspresyonu kontrol katmanı sağlar. DNA metilasyonu, histon modifikasyonları, kromatin yeniden modellenmesi, küçük RNA'lar ve epitranskriptomik işaretler birlikte stres toleransı ve gelişimsel plastisiteyi düzenleyen dinamik bir düzenleyici ağ oluşturur. Birden fazla model tür ve mahsulden elde edilen kanıtlar, bu mekanizmaların sadece kısa vadeli tepkileri şekillendirmekle kalmayıp, aynı zamanda stres hafızasını ve bazı durumlarda uzun vadeli adaptasyona katkıda bulunabilecek nesiller arası kalıtımı da oluşturduğunu göstermektedir (Lämke & Bäurle, 2017; Quadrana & Colot, 2016).

Epigenom düzenleme teknolojilerinin, özellikle CRISPR/dCas9 tabanlı yaklaşımların ortaya çıkışı, epigenetik düzenlemeyi hedefli bir şekilde kullanmak için yeni fırsatlar yaratmıştır. Altta yatan DNA dizisini değiştirmeden kromatin durumlarını değiştiren bu araçlar, istikrarlı epialleller oluşturmak, stres toleransını iyileştirmek ve iklim değişikliği altında mahsul performansını artırmak için potansiyel uygulamalar sunmaktadır. Bununla birlikte, uygulama verimliliği, hedef dışı etkiler, indüklenen işaretlerin

kararlılığı ve düzenleyici kurumların kabulü gibi önemli zorluklar devam etmektedir (Gallego-Bartolomé, 2020; Springer & Schmitz, 2017).

Gelecekteki araştırmaların hedefleri şunlar olmalıdır:

- Stresin neden olduğu epigenetik izlerin stabilitesini ve kalıtımını açıklığa kavuşturmak.
- Doğal epigenetik varyasyonların haritalandırılmasını ve bunların tarımsal önemi hakkında bilgiyi genişletmek.
- Epigenetik düzenlemeyi fizyolojik ve verim özellikleriyle ilişkilendirmek için çoklu omik yaklaşımları entegre etmek.
- Bitkilerde epigenom düzenlemeyi uygulamak için güvenli ve verimli stratejiler geliştirmek.

Sonuç olarak, bitki epigenetiği hakkındaki temel bilgileri yeni ortaya çıkan düzenleme teknolojileriyle birleştirmek, sürdürülebilir bitki ıslahı için umut verici bir yol sunmaktadır. Epigenetik bilgiler, bitkilerin adaptasyonuna ilişkin anlayışımızı derinleştirmekle kalmaz, aynı zamanda çevresel değişiklikler karşısında küresel gıda güvenliğini sağlamak için pratik stratejiler de sunar.

Kaynaklar

- Abdulraheem, M. I., Xiong, Y., Moshood, A. Y., Cadenas-Pliego, G., Zhang, H., & Hu, J. (2024). Mechanisms of plant epigenetic regulation in response to plant stress: recent discoveries and implications. *Plants*, 13(2), 163.
- Fadul, S. M., Arshad, A., & Mehmood, R. (2023). CRISPR-based epigenome editing: mechanisms and applications. *Epigenomics*, 15(21), 1137-1155.
- Qiao, S., Song, W., Hu, W., Wang, F., Liao, A., Tan, W., & Yang, S. (2024). The role of plant DNA methylation in development, stress response, and crop breeding. *Agronomy*, 15(1), 94.
- Lidoy, J., López-García, Á., Amate, C., García, J. M., Flors, V., García-Garrido, J. M., ... & Pozo, M. J. (2023). Regulation of mycorrhizal colonization under stress in tomato depends on symbiotic efficiency. *Environmental and Experimental Botany*, 215, 105479.
- Miryeganeh, M. (2021). Plants' epigenetic mechanisms and abiotic stress. *Genes*, 12(8), 1106.
- Nunez-Vazquez, R., Desvoyes, B., & Gutierrez, C. (2022). Histone variants and modifications during abiotic stress response. *Frontiers in Plant Science*, 13, 984702.
- Lämke, J., & Bäurle, I. (2017). Epigenetic and chromatin-based mechanisms in environmental stress adaptation and stress memory in plants. *Genome biology*, 18(1), 124.
- Anderson, S. J., Kramer, M. C., Gosai, S. J., Yu, X., Vandivier, L. E., Nelson, A. D., ... & Gregory, B. D. (2018). N6-methyladenosine inhibits local ribonucleolytic cleavage to stabilize mRNAs in Arabidopsis. *Cell reports*, 25(5), 1146-1157.
- Calarco, J. P., Borges, F., Donoghue, M. T., Van Ex, F., Jullien, P. E., Lopes, T., ... & Martienssen, R. A. (2012). Reprogramming of DNA methylation in pollen guides epigenetic inheritance via small RNA. *Cell*, 151(1), 194-205.
- Liu, N., & Pan, T. (2016). N 6-methyladenosine-encoded epitranscriptomics. *Nature structural & molecular biology*, 23(2), 98-102.
- Matzke, M. A., & Mosher, R. A. (2014). RNA-directed DNA methylation: an epigenetic pathway of increasing complexity. *Nature Reviews Genetics*, 15(6), 394-408.
- Song, Q. X., Liu, Y. F., Hu, X. Y., Zhang, W. K., Ma, B., Chen, S. Y., & Zhang, J. S. (2011). Identification of miRNAs and their target genes in developing soybean seeds by deep sequencing. *BMC plant biology*, 11(1), 5.
- Zhang, H., Lang, Z., & Zhu, J. K. (2018). Dynamics and function of DNA methylation in plants. *Nature reviews Molecular cell biology*, 19(8), 489-506.
- Baulcombe, D. C., & Dean, C. (2014). Epigenetic regulation in plant responses to the environment. *Cold Spring Harbor perspectives in biology*, 6(9), a019471.

- Calarco, J. P., Borges, F., Donoghue, M. T., Van Ex, F., Jullien, P. E., Lopes, T., ... & Martienssen, R. A. (2012). Reprogramming of DNA methylation in pollen guides epigenetic inheritance via small RNA. *Cell*, 151(1), 194-205.
- Heard, E., & Martienssen, R. A. (2014). Transgenerational epigenetic inheritance: myths and mechanisms. *Cell*, 157(1), 95-109.
- Kvaalen, H., & Johnsen, Ø. (2008). Timing of bud set in *Picea abies* is regulated by a memory of temperature during zygotic and somatic embryogenesis. *New Phytologist*, 177(1), 49-59.
- Lämke, J., & Bäurle, I. (2017). Epigenetic and chromatin-based mechanisms in environmental stress adaptation and stress memory in plants. *Genome biology*, 18(1), 124.
- Luo, M., Liu, X., Singh, P., Cui, Y., Zimmerli, L., & Wu, K. (2012). Chromatin modifications and remodeling in plant abiotic stress responses. *Biochimica et Biophysica Acta (BBA)-Gene Regulatory Mechanisms*, 1819(2), 129-136.
- Quadrana, L., & Colot, V. (2016). Plant transgenerational epigenetics. *Annual Review of Genetics*, 50(1), 467-491.
- Gallego-Bartolomé, J. (2020). DNA methylation in plants: mechanisms and tools for targeted manipulation. *New Phytologist*, 227(1), 38-44.
- Gallego-Bartolomé, J., Liu, W., Kuo, P. H., Feng, S., Ghoshal, B., Gardiner, J., ... & Jacobsen, S. E. (2019). Co-targeting RNA polymerases IV and V promotes efficient de novo DNA methylation in *Arabidopsis*. *Cell*, 176(5), 1068-1082.
- Quadrana, L., & Colot, V. (2016). Plant transgenerational epigenetics. *Annual Review of Genetics*, 50(1), 467-491.
- Springer, N. M., & Schmitz, R. J. (2017). Exploiting induced and natural epigenetic variation for crop improvement. *Nature reviews genetics*, 18(9), 563-575.
- Bewick, A. J., & Schmitz, R. J. (2017). Gene body DNA methylation in plants. *Current opinion in plant biology*, 36, 103-110.
- Gallego-Bartolomé, J. (2020). DNA methylation in plants: mechanisms and tools for targeted manipulation. *New Phytologist*, 227(1), 38-44.
- Lämke, J., & Bäurle, I. (2017). Epigenetic and chromatin-based mechanisms in environmental stress adaptation and stress memory in plants. *Genome biology*, 18(1), 124.
- Quadrana, L., & Colot, V. (2016). Plant transgenerational epigenetics. *Annual Review of Genetics*, 50(1), 467-491.
- Springer, N. M., & Schmitz, R. J. (2017). Exploiting induced and natural epigenetic variation for crop improvement. *Nature reviews genetics*, 18(9), 563-575.

İn vitro Bitki Doku Kültürü Kaynaklı Epigenetik Değişimler, Özellikle DNA Metilasyonu ve Somaklonal Varyasyon Ekseninde

Ahmet Say¹

Onur Okumuş²

Ahmet Sümbül³

Özet

İn vitro bitki doku kültürü süreçlerinde ortaya çıkan epigenetik yeniden programlama, bitki genomunun metilasyon dinamiklerini değiştirerek somaklonal varyasyonun (SV) temel belirleyicilerinden biri haline gelir. DNA metilasyonu, CG, CHG ve CHH bağlamlarında MET1, CMT3 ve DRM2/RdDM yolları aracılığıyla düzenlenir ve gen ifadesi, transpozon baskılanması ve genom stabilitesinin korunmasında kritik rol üstlenir. Doku kültürü mikroçevresindeki stres faktörleri (antioksidatif dengesizlikler, sürekli alt kültürlenme, bitki büyüme düzenleyicileri ve kültür süresi) epigenetik instabiliteyi tetikler. Bu süreç, geçici veya kalıcı metilasyon değişiklikleri ile hücresel yeniden programlanmayı etkileyerek fenotipik sapmalar oluşturur. Epigenetik kökenli bu değişimler, ticari mikroçoğaltma sistemlerinde klonal sadakat sorunlarına yol açsa da, ıslah programları için değerli bir varyasyon kaynağı oluşturur. Metilasyon değişimlerinin izlenmesinde MSAP ve metAFLP gibi hızlı tarama yöntemleri ile bisülfid dizileme gibi yüksek çözünürlüklü yaklaşımlar birlikte kullanılmaktadır. Epigenetik stabilitenin yönetimi; kültür koşullarının optimizasyonu, stres yönetimi ve epigenetik profil izlemesiyle mümkün olup kontrollü varyasyon üretimi açısından stratejik önem taşır.

- 1 Dr. Öğr. Üyesi, Erciyes Üniversitesi, Ziraat Fakültesi, Tarımsal Biyoteknoloji Bölümü, Kayseri, Türkiye ahmetsay@erciyes.edu.tr, <https://orcid.org/0000-0001-5259-7580>
- 2 Arş. Gör., Erciyes Üniversitesi, Ziraat Fakültesi, Tarla Bitkileri Bölümü, Kayseri, Türkiye okumus@erciyes.edu.tr, <https://orcid.org/0000-0001-6957-3729>
- 3 Dr. Öğr. Üyesi, Sivas Cumhuriyet Üniversitesi, Suşehri Timur Karabal Meslek Yüksekokulu, Sivas, Türkiye asumbul3188@gmail.com, <https://orcid.org/0000-0001-9510-0992>

1. Giriş

Bitki doku kültürü (BDK) tekniklerinin ortaya çıkışı, modern bitki bilimi araştırmalarında ve tarımsal üretimde, özellikle ticari mikroçoğaltma (mikropropagasyon), ıslah programları, germplazm (genetik materyal) koruma ve patojensiz bitki üretimi gibi alanlarda en önemli araçlardan biri haline gelmiştir (Ghosh et al., 2021; Krishna et al., 2016). Bu yöntemler, klonlama yoluyla çok sayıda, genetik ve fizyolojik açıdan benzer bitkinin kısa sürede ve yıl boyunca üretilmesine olanak tanır (Ghosh et al., 2021). Bitki hücrelerinin totipotens (tek bir hücreden tüm bir organizmayı yeniden oluşturma yeteneği) ve gelişimsel plastisite (farklı çevresel koşullara uyum sağlama yeteneği) kavramlarına dayanarak bitki rejenerasyonunu sağlar (Fehér, 2019; Thorpe, 2007).

Ancak, her ne kadar doku kültürü rejenerantlarının klonal olarak özdeş olması amaçlansa da, durum her zaman böyle değildir (Ghosh et al., 2021). Laboratuvar ortamındaki yapay mikroçevre koşullarındaki dalgalanmalar ve sürekli alt kültüre maruz kalma, bitki hücrelerinde strese neden olarak genetik ve epigenetik istikrarsızlıkları tetikler (Cassells & Curry, 2001; Ghosh et al., 2021). Bu durum, rejenerantlarda Doku Kültürü Kaynaklı Varyasyon (TCIV) olarak bilinen moleküler ve fenotipik değişikliklere yol açar. Bu fenomene, genellikle indükleyici ortamı kategorik olarak belirtmek için Somaklonal Varyasyon (SV) adı verilir (Larkin & Scowcroft, 1981; Ghosh et al., 2021). SV, kromozom sayısındaki veya yapısındaki değişiklikler, DNA dizi varyasyonları ve transpozon aktivasyonu gibi genetik değişiklikleri içerebilir (Kaeppeler et al., 2000; Larkin & Scowcroft, 1981). Bununla birlikte, mevcut kanıtlar, DNA metilasyonu modelindeki bozulmalar gibi epigenetik varyasyonların, doku kültürü sürecinde genetik mutasyonlardan çok daha sık meydana geldiğini göstermektedir (Ghosh et al., 2021; Miguel & Marum, 2011).

Epigenetik mekanizmalar, DNA dizisini değiştirmeden gen ifadesindeki kalıtsal değişikliklerdir (Law & Jacobsen, 2010). Bitkilerde DNA metilasyonu CG, CHG ve CHH bağlamlarında gerçekleşir ve düzeyi/dağılımı tür ile dokuya göre farklılık gösterir (Ghosh et al., 2021; Bednarek & Orłowska, 2020). Bu metilasyon değişiklikleri, in vitro ortamdaki hücre farklılaşması ve yeniden programlanması (dediferansiyasyon ve rediferansiyasyon) sırasında dinamik olarak değişir ve bu durum, tür içi fenotipik çeşitliliğe önemli katkıda bulunabilen kalıtsal metilasyon değişikliklerine neden olabilir (Huang et al., 2012; Ghosh et al., 2021). TCIV/SV'nin neden olduğu klonal uygunluk kaybı, ticari mikroçoğaltma sistemleri için ciddi bir darboğaz teşkil ederken, diğer yandan bu varyasyon havuzu, dar genetik tabana

sahip trlerin ıslah programlarında, stres direnci veya geliřtirilmiř tarımsal zellikler gibi istenen varyantların seimi iin deęerli bir kaynak sunmaktadır (Ghosh et al., 2021; Krishna et al., 2016). Bu nedenle, BDK kaynaklı DNA metilasyonunun molekler temelini hassas ve kapsamlı bir řekilde anlamak, hem mikrooęaltma sistemlerinin darboęazlarını ařmak hem de bu varyasyon potansiyelini bitki ıslahında kontroll bir řekilde kullanmak iin stratejiler geliřtirmeye yardımcı olacaktır (Ghosh et al., 2021).

2. Epigenetik Kavramı ve Bitkilerde Epigenetik Dzenleme

2.1. Epigenetik Mekanizmaların Tanımı ve Kapsamı

Epigenetik, DNA dizilimini deęiřtirmeyen, ancak gen ekspresyonundaki kalıtsal deęiřiklikleri dzenleyen dinamik bir mekanizma grubunu ifade eder (Law & Jacobsen, 2010; Miguel & Marum, 2011). Bu epigenetik olaylar, kromozomal blgelerin, gen aktivite durumlarını kaydetmek, sinyal vermek veya sonraki nesillere aktarmak zere yapısal adaptasyonunu temsil eder (Bird, 2007; Miguel & Marum, 2011). Epigenetik varyasyonlar, DNA dizisindeki mutasyonlardan baęımsız olarak ortaya ıkar ve Bitki Doku Kltr (BDK) sırasında gzlemlenen Somaklonal Varyasyon (SV) veya Doku Kltr Kaynaklı Varyasyon (TCIV) fenomenlerinin altında yatan ana nedenlerden biri olarak kabul edilir (Ghosh et al., 2021; Kaeppler et al., 2000; Krishna et al., 2016).

Epigenetik dzenleme, DNA metilasyonu, histon modifikasyonları ve RNA interferansı (RNAi) gibi temel mekanizmaların karmařık etkileřimiyle kromatin yapısını kritik olarak etkiler (Henderson & Jacobsen, 2007; Huettel et al., 2007; Miguel & Marum, 2011). Bu mekanizmalar, hresel gen ekspresyonunu evresel strese, sıcaklıęa, ıřıęa ve hormonlara yanıt olarak modle eder (Chen & Tian, 2007; Miguel & Marum, 2011; Fortes & Gallusci, 2017).

BDK'nın temelini oluřturan, farklılařmıř somatik hcrelerin totipotens durumuna geebilme yeteneęi (geliřimsel plastisite), epigenetik mekanizmalar tarafından sıkı bir řekilde kontrol edilir (Fehr, 2019; Miguel & Marum, 2011). BDK rejenerasyonu sırasında hcreler yeniden programlama srecinden (dediferansiyasyon ve rediferansiyasyon) geer ve bu sre, epigenetik belirtelerin dinamik olarak yeniden dzenlenmesini zorunlu kılar (Lee & Seo, 2018; Miguel & Marum, 2011). Mevcut kanıtlar, DNA metilasyonu modelindeki deęiřiklikler gibi epigenetik varyasyonların, doku kltr srecinde genetik mutasyonlardan ok daha sık meydana geldięini ve SV'nin bařlıca molekler temeli olduęunu gstermektedir (Ghosh et al.,

2021; Kaeppler & Phillips, 1993; Miguel & Marum, 2011; Bednarek & Orłowska, 2020).

2.2. DNA Metilasyonu: Bitkilerdeki Temel Epigenetik Markör

DNA metilasyonu, sitozin kalıntılarının metil grubu (-CH₃) ile modifiye edilmesiyle gerçekleşir ve bitki gelişiminde, genomik damgalanmada (genomic imprinting), transpozon susturmada ve gen regülasyonunda hayati bir rol oynar (Ghosh et al., 2021; Law & Jacobsen, 2010; Zhang et al., 2018). Bu modifikasyon sonucu 5-metilsitozin (5-mC) oluşur ve bu, yüksek bitkilerde baskın olan metillenmiş bazdır (Ghosh et al., 2021; Wion & Casadesús, 2006). Bitki genomlarında sitozin metilasyon oranı, memelilere göre oldukça yüksektir ve %30'un üzerine çıkabilir (Ghosh et al., 2021; Law & Jacobsen, 2010).

Metilasyon Dizilim Bağlamları: Bitkilerde DNA metilasyonu, üç farklı dizilim bağlamında meydana gelir (Ghosh et al., 2021; Law & Jacobsen, 2010):

1. Simetrik CG (CpG) Bağlamı: Sitozin ve ardından Guanin (CG). Bu bağlam, bitkilerde metilasyonun en yüksek sıklıkta olduğu yerdir (Ghosh et al., 2021).
2. Simetrik CHG Bağlamı: Sitozin, ardından herhangi bir nükleotid (A, T veya G olarak H) ve Guanin (CHG) gelir.

2.3. Metilasyonun Kurulması ve Sürdürülmesi

Metilasyon paternlerinin kurulması (*de novo* metilasyon) ve hücre bölünmeleri sırasında korunması (bakım metilasyonu), farklı DNA metiltransferaz (DMT) enzimleri tarafından sağlanır (Ghosh et al., 2021; Law & Jacobsen, 2010; Zhang et al., 2018):

1. *De Novo* Metilasyon (DRM2): Domains Rearranged Methyltransferase 2 (DRM2), tüm CG, CHG ve CHH bağlamlarında yeni metilasyonun kurulmasından sorumludur (Cao & Jacobsen, 2002; Ghosh et al., 2021). DRM2, özellikle RNA'ya Bağımlı DNA Metilasyonu (RdDM) yolu için kritik bir role sahiptir (Ghosh et al., 2021; Zhang & Zhu, 2011).
2. CG Bakımı (MET1): DNA Methyltransferase 1 (MET1), DNA replikasyonundan sonra hemimetillenmiş CG bağlamını tanır ve metilasyonun korunmasını sağlar (Ghosh et al., 2021; Law & Jacobsen, 2010).
3. CHG Bakımı (CMT3): Chromomethylase 3 (CMT3), esas olarak CHG metilasyonunun bakımını yürütür (Ghosh et al., 2021). CMT3, histon modifikasyonları ile ilişkilidir.

RNA'ya Bağımlı DNA Metilasyonu (RdDM) Yolu:

RdDM, bitkilere özgü bir *de novo* metilasyon yoludur ve özellikle transpozon aktivitesinin baskılanmasında, biyotik ve abiyotik stres tepkilerinde ve CHH metilasyonunun bakımında hayati rol oynar (Ghosh et al., 2021; Zhang & Zhu, 2011). Bu karmaşık süreç şunları içerir:

- RNA polimeraz IV (POL IV) ve RNA polimeraz V (POL V) gibi RNA polimerazların, RNA'ya bağımlı RNA polimeraz 2 (RDR2), Dicer-like 3 (DCL3) ve Argonaute (AGO) proteinlerinin iş birliği (Ghosh et al., 2021; Gallego-Bartolomé, 2020; Pikaard & Scheid, 2014).
- POL IV ve RDR2'nin ürettiği çift sarmallı RNA'lar, DCL3 tarafından 24-nükleotid küçük müdahale eden RNA'lara (siRNA'lar) kesilir (Ghosh et al., 2021).
- RdDM temelli DRM2 etkinliği özellikle CHH bağlamında yeni metilasyon işaretlerinin oluşumuna aracılık eder; bu süreç doku kültürü stresleriyle ilişkili olarak değişebilir (Ghosh et al., 2021; Bednarek & Orłowska, 2020).

2.4. Histon Modifikasyonları ve Kromatin Dinamikleri

DNA metilasyonu, genellikle Histon Modifikasyonları ile birlikte çalışarak kromatin yapısını ve gen ekspresyonunu düzenler. Histon proteinlerinin (H3, H4) kuyrukları, asetilasyon ve metilasyon gibi kovalent modifikasyonlara uğrar (Kouzarides, 2007; Miguel & Marum, 2011; Cheng, 2014).

• Asetilasyon: Histon Asetiltransferazlar (HAT) tarafından katalizlenen hiperasetilasyon, genellikle aktif gen ekspresyonu (ökromatin) ile ilişkilidir (Hebbes et al., 1988; Miguel & Marum, 2011).

• Metilasyon: H3K4 üzerindeki metilasyon aktif transkripsiyonu gösterirken, H3K9 üzerindeki metilasyon ise transkripsiyonel baskılama (heterokromatin) ile bağlantılıdır (Shilatifard, 2006; Miguel & Marum, 2011). Özellikle H3K27me3 (Histon 3 Lizin 27 trimetilasyonu), bitkilerde çok sayıda geni susturan önemli bir baskılama mekanizmasıdır (Zhang et al., 2007; Miguel & Marum, 2011).

• Çapraz Etkileşim: CMT3, kromodomenleri aracılığıyla metillenmiş histonlara bağlanarak (H3K9me2) DNA metilasyonu ve histon modifikasyonu arasında önemli bir bağlantı kurar (Pikaard & Scheid, 2014; Law & Jacobsen, 2010).

BDK sırasında hücreler dediferansiyasyona uğradığında, kromatin yapısında değişimler gözlenir; örneğin *Arabidopsis* protoplastlarında

heterokromatinin ökromatine dönüştüğü rapor edilmiştir (Tessadori et al., 2007; Lee & Seo, 2018).

2.5. BDK Çevresi ve Somaklonal Epigenetik Varyasyonun Kaynakları

BDK ortamındaki yapay koşullar (PGR'ler, sürekli alt kültür, besin kısıtlaması, oksidatif stres), hücreleri travmatik strese sokar ve bu stres, somaklonal varyasyonu (SV) indükler (Cassells & Curry, 2001; Krishna et al., 2016; Ghosh et al., 2021). DNA metilasyonundaki değişiklikler, SV'nin altında yatan ana faktör olarak kabul edilir (Ghosh et al., 2021; Miguel & Marum, 2011; Kaeppler et al., 2000).

- PGR Etkisi: Eksogenöz olarak uygulanan Bitki Gelişim Düzenleyicileri (PGR'ler), PGR konsantrasyonu ve oranı, hücre döngüsü bozulmasına ve genetik/epigenetik anormalliklere yol açabilir (Peschke & Philips, 1992; Krishna et al., 2016). Örneğin, 2,4-D (auxin) gibi PGR'ler, sitozin metilasyon seviyelerini artırabilir (LoSchiavo et al., 1989; Huang et al., 2012; Sales & Butardo, 2014). Oksin seviyeleri, *Coffea canephora*'da somatik embriyogenez sırasında IAA konsantrasyonunun dinamik olarak değişmesine neden olur (Ayil-Gutiérrez et al., 2013).

- Oksidatif Stres: BDK ortamındaki stres, reaktif oksijen türlerinin (ROS) aşırı üretimine neden olarak DNA'da hasara ve metilasyon paternlerinde değişikliklere yol açar (Cassells & Curry, 2001; Krishna et al., 2016).

- Kültür Süresi ve Yöntemi: İn vitro kültür süresinin ve alt kültür döngüsü sayısının artması, SV olasılığını artırır (Bairu et al., 2006; Sun et al., 2013; Clarindo et al., 2012). Kallus fazından geçen dolaylı rejenerasyon, direkt rejenerasyona göre daha yüksek SV oranlarıyla ilişkilidir (Zayova et al., 2010; Krishna et al., 2016).

- Kalıtlılabilirlik: BDK sırasında indüklenen DNA metilasyon değişiklikleri, epiallel olarak bilinen kalıtsal epigenetik varyasyonlara yol açabilir (Ghosh et al., 2021; Springer, 2013). Bu epialleller, sonraki generasyonlara mitotik veya mayotik olarak aktarılabilir ve istenen tarımsal özelliklerin (örneğin, muzda hastalığa direnç) seçilmesi için bir çeşitlilik kaynağı sunar (Ghosh et al., 2021; Krishna et al., 2016).

3. Bitki Doku Kültüründe DNA Metilasyonu Mekanizması

DNA metilasyonu, bitkilerde epigenetik gen düzenlemesinin temel mekanizmalarından biridir ve çoğunlukla sitozin kalıntılarının 5. karbonuna metil grubunun eklenmesiyle gerçekleşir (Miguel & Marum, 2011). Bitki

genomlarında metilasyon üç farklı bağlamda gözlenir: CG, CHG ve CHH (H = A, T veya C) (Ghosh et al., 2021). Bu bağlamlar farklı metiltransferaz enzim grupları tarafından düzenlenmekte olup, söz konusu enzimler MET1 (METHYLTRANSFERASE 1), CMT'ler (CHROMOMETHYLASE) ve DRM'ler (DOMAINS REARRANGED METHYLTRANSFERASE) olarak sınıflandırılır (Miguel & Marum, 2011; Ghosh et al., 2021).

MET1 yolu, çoğunlukla CG metilasyonunun korunmasından sorumludur. DNA eşlenmesi esnasında metillenmiş kalıptan metilsiz yeni zincire metil grubunun kopyalanmasını sağlayarak epigenetik hafızayı korur (Miguel & Marum, 2011). Bu yönüyle MET1, hücre bölünmesi sırasında epigenetik stabilitenin anahtarıdır.

CMT yolu, CMT3 başta olmak üzere CHG bağlamındaki metilasyonu sürdürür ve genellikle H3K9me2 histon işaretleriyle koordineli çalışır (Bednarek & Orłowska, 2020). Bu yol, heterokromatin bölgelerinde transpozon sessizliğinin sürdürülmesinde kritik öneme sahiptir.

DRM yolu ise de novo metilasyon sürecinden sorumludur ve RNA-yönlendirmeli DNA metilasyonu (RdDM) mekanizması ile ilişkilidir (Miguel & Marum, 2011). RdDM'de küçük interferans RNA'lar (siRNA), genomdaki tekrarlı dizileri ve transpozonları hedef alarak DRM2 enzimini bu bölgelere yönlendirir ve yeni metilasyon işaretleri oluşturur (Bednarek & Orłowska, 2020).

İn vitro doku kültürü sırasında bu metilasyon yolları yeniden programlama süreçleri nedeniyle yoğun biçimde aktifleştirilmektedir. Özellikle kallus oluşumu ve somatik embriyogenez sırasında CG ve CHG metilasyonunun geçici olarak azalırken, CHH bağlamındaki metilasyonun artabildiği ve bunun stres koşullarına adaptif bir yanıt olduğu bildirilmiştir (Ghosh et al., 2021). Aynı zamanda, RdDM yolunun aktifleşmesiyle transpozon baskılama dinamikleri değişmekte, bu da somaklonal varyasyonun epigenetik temelini oluşturmaktadır (Bednarek & Orłowska, 2020).

Bu mekanizmaların ortak işleyişi, doku kültürü koşullarında görülen DNA metilasyon paternlerinin neden genomun bazı bölgelerinde kaybolduğunu, bazılarında ise yeniden oluştuğunu açıklamaktadır. Bu nedenle, DNA metilasyon mekanizmasının anlaşılması, hem epigenetik stabilitenin korunmasına yönelik stratejiler hem de kontrollü varyasyon üretimi açısından büyük önem taşır (Ghosh et al., 2021).

4. DNA Metilasyonunun Tespiti: MSAP, metAFLP ve Bisülfid Dizileme Yaklaşımları

DNA metilasyonunun belirlenmesi, doku kültürü kaynaklı epigenetik varyasyonların çözümlemesinde kritik öneme sahiptir. İn vitro rejenerasyon süreçleri sırasında metilasyon paternlerinin değişimi, gen ekspresyonu, genom stabilitesi ve somaklonal varyasyon düzeyi üzerinde doğrudan etkili olduğundan, bu değişimlerin kantitatif ve kalitatif olarak izlenmesi gereklidir (Ghosh et al., 2021). Bitkilerde DNA metilasyonunun belirlenmesine yönelik yaklaşımlar, hedeflenen çözünürlük düzeyine göre moleküler belirteç temelli, enzimatik duyarlılığa dayalı ve dizileme tabanlı yöntemler olarak sınıflandırılabilir (Bednarek & Orłowska, 2020).

4.1 Methylation-Sensitive Amplified Polymorphism (MSAP)

MSAP, HpaII ve MspI gibi metilasyona duyarlı restriksiyon enzimlerinin farklı kesim paternlerinden yararlanan, genomik metilasyon farklılıklarını saptamaya yönelik modifiye edilmiş bir AFLP (Amplified Fragment Length Polymorphism) yöntemidir (Ghosh et al., 2021). Bu enzimler, aynı tanıma dizisini (5'-CCGG-3') hedef alır ancak sitozin metilasyonuna farklı duyarlılıklar gösterir. Böylece, metilasyonlu ve metilasyonsuz bölgeler arasında ayırt edici bant desenleri elde edilir (Bednarek & Orłowska, 2020). MSAP yöntemi, genellikle genom dizisi bilinmeyen türlerde dahi uygulanabilir olması nedeniyle özellikle tarla bitkilerinde yaygın kullanıma sahiptir. Bobadilla Landey ve ark. (2013), Coffea arabica embriyo kültürlerinden elde ettikleri rejenerantlarda MSAP yöntemiyle yalnızca %0,07–0,18 oranında epigenetik polimorfizm tespit ederek mikroçoğaltma sürecinin epigenetik açıdan oldukça stabil yürütüldüğünü bildirmiştir.

4.2 metAFLP Tekniği

MSAP metodunun daha gelişmiş bir formu olan metAFLP (methylation-sensitive amplified fragment length polymorphism), hem DNA dizisi değişimlerini hem de metilasyon paternlerini aynı anda saptamaya olanak sağlar (Orłowska & Bednarek, 2020). Bu yöntemde, metilasyona duyarlı restriksiyon çiftleri ile klasik AFLP analizleri birlikte yürütülür ve “toplam doku kültürü kaynaklı varyasyon” (TTCIV) metrikleri hesaplanır. Hordeum vulgare (arpa) rejenerantları üzerinde yapılan çalışmalarda, metAFLP yöntemiyle tespit edilen metilasyon değişikliklerinin %5–10 aralığında olduğu, bu değişimlerin büyük bölümünün asimetrik (CHH) bağlamda meydana geldiği belirlenmiştir (Orłowska & Bednarek, 2020). Böylece metAFLP, doku kültürü koşullarının optimize edilmesinde (ör. Cu²⁺, Ag⁺ konsantrasyonları, kültür süresi gibi faktörlerde) kullanılan istatistiksel

yaklařımlarla birlikte epigenetik optimizasyon iin etkin bir ara haline gelmiřtir.

4.3 Bislfit Dizileme (Whole-Genome Bisulfite Sequencing, WGBS)

Bislfit dizileme, DNA'daki metillenmemiř sitozinlerin sodyum bislfit ile urasile dnřtrlmesi esasına dayanır. Ardından yapılan dizileme ile metillenmiř (C olarak kalır) ve metillenmemiř (T'ye dnřmiř) bazlar ayırt edilerek baz znrlğnde metilasyon haritaları oluřturulur (Ghosh et al., 2021). Bu yntem, hem simetrik hem de asimetrik baėlamalarda metilasyon tespitini mmkn kılar ve diėer yntemlere kıyasla en yksek znrlk dzeyini saėlar. Ancak yksek maliyet ve biyoinformatik analiz gereksinimleri nedeniyle, oėu doku kltr alıřmasında MSAP veya metAFLP gibi daha ekonomik teknikler tercih edilmektedir (Bednarek & Orłowska, 2020).

Genel olarak, bu yntemlerin birlikte kullanımı bitki doku kltr srelerinde epigenetik deėiřimlerin hem lokal (gen/tekrarlı blge bazında) hem de genomik dzeyde deėerlendirilmesine olanak tanır. Bylece, DNA metilasyonundaki deėiřimlerin somaklonal varyasyonla iliřkisi btncl bir yaklařımla ortaya konulabilmektedir (Ghosh et al., 2021; Orłowska & Bednarek, 2020).

5. Epigenetik Yeniden Programlama ve Somaklonal Varyasyonun İliřkisi

Bitki doku kltr rejenerasyonu sırasında gzlenen varyasyonların nemli bir blm, DNA dizisi deėiřikliklerinden ok epigenetik yeniden programlama ile iliřkili olup, zellikle DNA metilasyon paternlerinin bozulması bu srete belirleyici rol oynar (Miguel & Marum, 2011; Ghosh et al., 2021). İ*n vitro* ortamda eksplantların dediferansiye olup kallus oluřturması ve ardından yeniden organize olarak bitki rejenerantına dnřmesi, yoėun bir epigenetik dzenleme gerektirir. Bu srete MET1, CMT3 ve DRM2 gibi metiltransferazların dzenlediėi metilasyon dnglerinde geici instabiliteleler meydana gelir (Ghosh et al., 2021). Bu deėiřimler, genom blgeleri arasında hipermetilasyon veya hipometilasyon gibi iki ynl metilasyon kaymalarına yol aabilir (Bednarek & Orłowska, 2020).

Somaklonal varyasyon (SV), bu epigenetik instabilitenin fenotipik ıktısı olarak tanımlanabilir (Krishna et al., 2016). Genomda yer alan tekrarlı DNA dizileri ve transpozon blgeleri, doku kltr sırasında metilasyon kaybına en duyarlı blgelerdir (Miguel & Marum, 2011). zellikle CHH baėlamında artan de novo metilasyon, doku kltr stresine karřı bir savunma yanıtı

iken, bazı bölgelerdeki metilasyon kaybı genomik yeniden düzenlemelere yol açabilmektedir (Ghosh et al., 2021). Orłowska ve Bednarek'in (2020) Arpa anter kültüründe metAFLP ve Taguchi istatistikleriyle TTCIV'nin ~%7–10 aralığında yönlendirilebildiği gösterilmiştir. Benzer şekilde Bobadilla Landey et al. (2013), *Coffea arabica* rejenerantlarının çoğunda genetik stabilitenin korunduğunu ancak metilasyon temelli epigenetik farklılıkların düşük seviyede dahi olsa tespit edilebildiğini belirtmiştir.

Epigenetik değişimlerin bir kısmı geçici ve geri dönüşebilir nitelik taşıırken, bazı değişiklikler stabil olarak kalıtsal hale gelebilir (Miguel & Marum, 2011). Bu özellik, SV'nin hem mikroçoğaltma sistemlerinde klonal sadakat kaybının nedeni hem de bitki ıslahı için yeni varyasyon kaynağı olmasını sağlamaktadır (Krishna et al., 2016). Nitekim SV ile elde edilen fenotipler arasında tuzluluk toleransı, artan antioksidan aktivite veya sekonder metabolit artışı gibi tarımsal açıdan avantajlı özellikler de rapor edilmiştir (Ghosh et al., 2021; Orłowska et al., 2024).

6. Sonuç

Bitki doku kültürü sırasında ortaya çıkan epigenetik yeniden programlama, somaklonal varyasyonun temel belirleyicilerinden biri olup, bu süreçte DNA metilasyonu merkezi bir rol oynar. CG, CHG ve CHH bağlamalarında gerçekleşen metilasyon değişimleri; gen ekspresyonu, transpozon aktivitesi ve kromatin dinamiği üzerinde derin etkiler oluşturarak fenotipik çeşitliliği artırır. Bu durum ticari mikroçoğaltma sistemleri için istenmeyen klonal sapmalara neden olsa da, bitki ıslahı açısından stratejik bir varyasyon kaynağı sunmaktadır. Epigenetik varyasyonun kontrol altına alınması, optimize edilmiş kültür ortamı, antioksidatif ortam düzenlemesi ve metilasyon profili takibi gibi yaklaşımlarla mümkün olabilmektedir (Bednarek & Orłowska, 2020). Bu nedenle epigenetik süreçlerin anlaşılması, sadece doku kültürü genetiğinin değil, aynı zamanda modern bitki biyoteknolojisi ve ıslah stratejilerinin de temelini oluşturmaktadır.

Kaynakça

- Bairu, M. W., Fennell, C. W., & van Staden, J. (2006). The effect of plant growth regulators on somaclonal variation in Cavendish banana (Musa AAA cv. 'Zelig'). *Scientia Horticulturae*, 108(4), 347–351.
- Bednarek, P. T., & Orłowska, R. (2020). Plant tissue culture environment as a switch-key of (epi)genetic changes. *Plant Cell, Tissue and Organ Culture*, 140, 245–257.
- Bird, A. (2007). Perceptions of epigenetics. *Nature*, 447, 396–398.
- Bobadilla Landey, R., Cenci, A., Georget, F., Bertrand, B., Camayo, G., Herrera, J. C., Santoni, S., Lashermes, P., Simpson, J., & Etienne, H. (2013). High genetic and epigenetic stability in *Coffea arabica* plants derived from embryogenic suspensions and secondary embryogenesis as revealed by AFLP, MSAP and the phenotypic variation rate. *PLoS ONE*, 8(2), e56372.
- Cassells, A., & Curry, R. (2001). Oxidative stress and physiological, epigenetic and genetic variability in plant tissue culture: implications for micropropagators and genetic engineers. *Plant Cell, Tissue and Organ Culture*, 64(2), 145–157.
- Chen, Z. J., & Tian, L. (2007). Roles of dynamic and reversible histone acetylation in plant development and polyploidy. *Biochimica et Biophysica Acta*, 1769, 295–307.
- Cheng, X. (2014). Structural and functional coordination of DNA and histone methylation. *Cold Spring Harbor Perspectives in Biology*, 6, a018747.
- Clarindo, W. R., Carvalho, C. R., & Mendonça, M. A. C. (2012). Ploidy instability in long-term in vitro cultures of *Coffea arabica* L. monitored by flow cytometry. *Plant Growth Regulation*, 68(3), 533–538.
- Fehér, A. (2019). Callus, dedifferentiation, totipotency, somatic embryogenesis: what these terms mean in the era of molecular plant biology? *Frontiers in Plant Science*, 10, 536.
- Fortes, A., & Gallusci, P. (2017). Plant stress responses and phenotypic plasticity in the epigenomics era: perspectives on the grapevine scenario, a model for perennial crop plants. *Frontiers in Plant Science*, 8, 82.
- Gallego-Bartolomé, J. (2020). DNA methylation in plants: mechanisms and tools for targeted manipulation. *New Phytologist*, 227, 38–44.
- Ghosh, A., Igamberdiev, A. U., & Debnath, S. C. (2021). Tissue culture-induced DNA methylation in crop plants: A review. *Molecular Biology Reports*, 48, 823–841.

- Hebbes, T. R., Thorne, A. W., & Cranerobinson, C. (1988). A direct link between core histone acetylation and transcriptionally active chromatin. *EMBO Journal*, 7(5), 1395–1402.
- Henderson, I. R., & Jacobsen, S. E. (2007). Epigenetic inheritance in plants. *Nature*, 447, 418–424.
- Huang, H., Han, S., Wang, Y., Zhang, X., & Han, Z. (2012). Variations in leaf morphology and DNA methylation following in vitro culture of *Malus xiaojinensis*. *Plant Cell, Tissue and Organ Culture*, 111(2), 153–161.
- Huettel, B., Kanno, T., Daxinger, L., Bucher, E., van der Winden, J., Matzke, A. J. M., & Matzke, M. (2007). RNA-directed DNA methylation mediated by DRD1 and Pol IVb: a versatile pathway for transcriptional gene silencing in plants. *Biochimica et Biophysica Acta*, 1769, 358–374.
- Kaeppeler, S. M., & Phillips, R. L. (1993). Tissue culture-induced DNA methylation variation in maize. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 90, 8773–8776.
- Kaeppeler, S. M., Kaeppeler, H. F., & Rhee, Y. (2000). Epigenetic aspects of somaclonal variation in plants. *Plant Molecular Biology*, 43(2/3), 179–188.
- Kouzarides, T. (2007). Chromatin modifications and their function. *Cell*, 128(4), 693–705.
- Krishna, H., Alizadeh, M., Singh, D., Singh, U., Chauhan, N., Eftekhari, M., & Sadh, R. K. (2016). Somaclonal variations and their applications in horticultural crops improvement. *3 Biotech*, 6(1), 54.
- Larkin, P., & Scowcroft, W. (1981). Somaclonal variation—A novel source of variability from cell cultures for plant improvement. *Theoretical and Applied Genetics*, 60(4), 197–214.
- Law, J. A., & Jacobsen, S. E. (2010). Establishing, maintaining and modifying DNA methylation patterns in plants and animals. *Nature Reviews Genetics*, 11, 204–220.
- Lee, K., & Seo, P. J. (2018). Dynamic epigenetic changes during plant regeneration. *Trends in Plant Science*, 23(3), 235–247.
- LoSchiavo, F., Pitto, L., Giuliano, G., Torti, G., Nuti-Ronchi, V., Marazziti, D., Vergara, R., Orselli, S., & Terzi, M. (1989). DNA methylation of embryogenic carrot cell cultures and its variations as caused by mutation, differentiation, hormones and hypomethylating drugs. *Theoretical and Applied Genetics*, 77, 325–331.
- Miguel, C., & Marum, L. (2011). An epigenetic view of plant cells cultured in vitro: Somaclonal variation and beyond. *Journal of Experimental Botany*, 62(11), 3713–3725.
- Orłowska, R., & Bednarek, P. T. (2020). Precise evaluation of tissue culture-induced variation during optimisation of in vitro regeneration regime in barley. *Plant Molecular Biology*, 103, 33–50.

- Orłowska, R., et al. (2024). An insight into tissue culture-induced variation origin... *BMC Plant Biology*, 24, 43.
- Peschke, V. M., & Philips, R. L. (1992). Genetic implications of somaclonal variation in plants. *Advances in Genetics*, 30, 41–75.
- Pikaard, C. S., & Scheid, O. M. (2014). Epigenetic regulation in plants. *Cold Spring Harbor Perspectives in Biology*, 6(12), a019315.
- Sales, E. K., & Butardo, N. G. (2014). Molecular analysis of somaclonal variation in tissue culture derived bananas using MSAP and SSR markers. *International Journal of Biological, Veterinary, Agricultural and Food Engineering*, 8, 63–610.
- Shilatifard, A. (2006). Chromatin modifications by methylation and ubiquitination: implications in the regulation of gene expression. *Annual Review of Biochemistry*, 75, 243–269.
- Springer, N. M. (2013). Epigenetics and crop improvement. *Trends in Genetics*, 29, 241–247.
- Sun, S., Zhong, J., Li, S., & Wang, X. (2013). Tissue culture-induced somaclonal variation of decreased pollen viability in torenia (*Torenia fournieri* Lindl.). *Botanical Studies*, 54(1), 36.
- Tessadori, F., Chupeau, M.-C., Chupeau, Y., Knip, M., Germann, S., van Driel, R., Fransz, P., & Gaudin, V. (2007). Large-scale dissociation and sequential reassembly of pericentric heterochromatin in dedifferentiated Arabidopsis cells. *Journal of Cell Science*, 120(7), 1200–1208.
- Thorpe, T. A. (2007). History of plant tissue culture. *Molecular Biotechnology*, 37(2), 169–180.
- Wion, D., & Casadesús, J. (2006). N6-methyl-adenine: an epigenetic signal for DNA–protein interactions. *Nature Reviews Microbiology*, 4(3), 183–192.
- Zayova, E., Vassilevska-Ivanova, R., Kraptchev, B., & Stoeva, D. (2010). Somaclonal variations through indirect organogenesis in eggplant (*Solanum melongena* L.). *Biodiversity and Conservation*, 3, 1–5.
- Zhang, H., & Zhu, J. K. (2011). RNA-directed DNA methylation. *Current Opinion in Plant Biology*, 14(2), 142–147.
- Zhang, H., Lang, Z., & Zhu, J. K. (2018). Dynamics and function of DNA methylation in plants. *Nature Reviews Molecular Cell Biology*, 19, 489–506.
- Zhang, X., Clarenz, O., Cokus, S., Bernatavichute, Y. V., Pellegrini, M., Goodrich, J., & Jacobsen, S. E. (2007). Whole-genome analysis of histone H3 lysine 27 trimethylation in Arabidopsis. *PLoS Biology*, 5(6), e129.

Küresel Tarımda Güncel Eğilimler: Epigenetik Yaklaşımlar

Editörler:

Barış EREN

Adnan AYDIN

Fatih DEMİREL