

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 stresi karşısında 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 stresi karşısında 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 birikmektedir. 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 yapıli 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 glutatyon 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 metalloid 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 metalloid 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.