

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, Zootekni 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 aktarılabilen 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 deđer bir esneklik sađlamaktadır. Yabancı otlarda, bu mekanizmalar tarımsal ekosistemlere hızlı adaptasyonu sađlamakta ve herbisit maruziyeti, dalgalanan su bulunabilirliđi veya besin maddesi noksanlıđından kaynaklanan stres altında varlıklarını srdrmelerini sađlamaktadır. 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) bađlamalarında 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 sađlayan “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 diđer kritik rol, bitki genomlarının byk bir blmn oluřturan ve kontrol edilmediđi takdirde genom btnlđ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 dayanıklılıđın altında yatan merkezi bir epigenetik mekanizma olarak konumlandırılmaktadır (Zhang ve ark., 2018; Springer ve Schmitz, 2017). Benzer řekilde EMS gibi mutajenler de buđdayda DNA metilasyon desenlerini deđiřtirerek stres kořullarında epigenetik varyasyonu artırmıřtır (Trkođlu 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,toplulukdinamiklerini 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 sađladıđı 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 aktarıldıđında, 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 bakıldıđında, 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.
- Arıkan, 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.