

Bitkilerin Adaptasyon Sürecinde Epigenetiğin Rolü

Abdurrahim Çetin¹

Ahmet Zafer Tel²

Özet

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

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

1. Giriş

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

Bu bölümde epigenetiğin aşağıdaki alanlardaki rolü incelenmektedir:

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

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

2. Adaptasyonun İtici Gücü Olarak Epigenetik Mekanizmalar

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



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

a) DNA Metilasyonu

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

b) Histon Modifikasyonları

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

c) Küçük RNA'lar ve RdDM Yolakları

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

3. Çevresel Stres Altında Epigenetik Plastisite

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

a) DNA Metilasyon Değişiklikleri

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

b) Histon Modifikasyonu Yeniden Yapılandırması

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

Tablo 1. Bitkilerin stres tepkisinde epigenetik plastisite

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

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

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

c) Küçük RNA'lar ve RdDM

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

3.1. Yapılan çalışmalar

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

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

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

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

4. Epigenetik Hafıza ve Nesiller Arası Kalıtım

4.1. Kavramsal Çerçeve

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

Bu hafıza iki düzeyde ortaya çıkabilir:

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

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

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

4.2. Epigenetik Hafızanın Mekanizmaları

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

4.3. Yapılan Çalışmalar

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

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

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

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

Tablo 2. Bitkilerde epigenetik hafıza ve nesiller arası kalıtım

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

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

5. Epigenetik ile Taksonomik Ayrımlar

5.1. Taksonomide Bir Araç Olarak Epigenetik Varyasyon

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

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

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

5.2. Epigenetik İşaretler ve Türlerin Farklılaşması

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

5.3. Epigenetik ve Filogenetik

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

5.4. Yapılan Çalışmalar

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

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

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

Tablo 3. Taksonomik ve tür farklılaşmasına epigenetik katkılar

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

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

6. Tarım Ekosistemlerinde Epigenetik Çeşitlilik

6.1. Kültür ve Yabani Popülasyonlarda Epigenetik Varyasyon

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

6.2. Tarımsal Streslere Epigenetik Cevaplar

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

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

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

6.3. Üreme için Epigenetik Çeşitliliğin Kullanılması

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

6.4. Sürdürülebilir Tarımda Gelecek Perspektifleri

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

Tablo 4. Tarımsal ekosistemlerde epigenetik çeşitlilik

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

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

7. Sonuç

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

Kaynaklar

- Arteaga-Vazquez, M. A., & Chandler, V. L. (2010). Paramutation in maize: RNA mediated trans-generational gene silencing. *Current opinion in genetics & development*, 20(2), 156-163.
- Ashapkin, V. V., Kutueva, L. I., Aleksandrushkina, N. I., & Vanyushin, B. F. (2020). Epigenetic mechanisms of plant adaptation to biotic and abiotic stresses. *International journal of molecular sciences*, 21(20), 7457.
- Bewick, A. J., & Schmitz, R. J. (2017). Gene body DNA methylation in plants. *Current opinion in plant biology*, 36, 103-110.
- Bird, A. (2024). Transgenerational epigenetic inheritance: a critical perspective. *Frontiers in Epigenetics and Epigenomics*, 2, 1434253.
- Cao, S., & Chen, Z. J. (2024). Transgenerational epigenetic inheritance during plant evolution and breeding. *Trends in Plant Science*, 29(11), 1203-1223.
- Demirel, F., Türkoğlu, A., Haliloğlu, K., Eren, B., Özkan, G., Uysal, P., ... & Bocianowski, J. (2023). Mammalian sex hormones as steroid-structured compounds in wheat seedling: Template of the cytosine methylation alteration and retrotransposon polymorphisms with iPBS and CRED-iBPS techniques. *Applied Sciences*, 13(17), 9538.
- Demirel, S., Eroğlu, A., Eren, B., & Demirel, F. (2025). DNA methylation change and antioxidant enzyme activity of drought stress and putrescine treatment in ancient wheat (*Triticum monococcum* L.). *Cereal Research Communications*, 53(2), 771-781.
- Ding, X., Liu, X., Jiang, G., Li, Z., Song, Y., Zhang, D., ... & Duan, X. (2022). SIJM7 orchestrates tomato fruit ripening via crosstalk between H3K-4me3 and DML2-mediated DNA demethylation. *New Phytologist*, 233(3), 1202-1219.
- Dubin, M. J., Zhang, P., Meng, D., Remigereau, M. S., Osborne, E. J., Paolo Casale, E., ... & Nordborg, M. (2015). DNA methylation in *Arabidopsis* has a genetic basis and shows evidence of local adaptation. *elife*, 4, e05255.
- Eichten, S. R., Briskine, R., Song, J., Li, Q., Swanson-Wagner, R., Hermanson, P. J., ... & Springer, N. M. (2013). Epigenetic and genetic influences on DNA methylation variation in maize populations. *The Plant Cell*, 25(8), 2783-2797.
- Eren, B. (2021). Gen Transfer Teknolojisi ve Yağ asidi Kompozisyonlarına Katkısı-CRSPR/Cas Teknolojisi. *Avrupa Bilim ve Teknoloji Dergisi*, (22), 300-305.
- Eren, B., Türkoğlu, A., Haliloğlu, K., Demirel, F., Nowosad, K., Özkan, G., ... & Bocianowski, J. (2023). Investigation of the influence of polyamines on mature embryo culture and DNA methylation of wheat (*Triticum aestivum* L.). *Plant Physiology and Biochemistry*, 202, 108001.

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

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