

BÖLÜM 5

EPİGENETİK YAKLAŞIMLAR VE TARIMDA ÖNEMİ

Mürşide HATİPOĞLU¹
Çeknas ERDİNÇ²

GİRİŞ

Epigenetik, genetiğin en büyüleyici ve güncel alanlarından biri olmakla beraber; genlerin fenotiplerle nasıl etkileşime girdiğine dair anlaşılmaz bilgi, bilim insanları tarafından son yıllarda araştırılmaktadır (1). Günümüzde bu terim “DNA dizisiyle açıklanamayan mitotik ve mayotik bölünme ile kalıtılan değişikliklerin incelenmesidir (2). Epigenetik, kökeni ilk kez bilim dalı anlamıyla 18.yy. in başlarında Waddington tarafından kalitimsal olarak özdeş bireylerdeki fenotipik farklılaşmayı ifade etmek için, kalitimın üzerinde ya da genetiğe ilave olarak işlev gören mekanizmaları belirlemek için kullanılmıştır (3). 1900’lerin ortasında canlıların büyümeye ve gelişimlerini, kalitimlarını birbirinden farklı düzen olarak ifade edilirken on sekizinci yüzyılın ilk yarısında Conrad aracılığıyla biyolojik çalışma camiasına takdim edilen genler üstü genetik kavramı, bu farklı disiplinleri sentezleyerek yeni bir yönelime geçiş kolaylaştırmıştır (4).

Deoksiribonükleik asitin helozonik biçiminin yanı sıra çift zincirli sekansında ezkaza farklılığın dışında bu nükleik asitte gizli olan bilgiyi ortaya çıkarmasından sonra oluşan değişikliklere ve “genler üstü genetik” manasına gelen “epigenetik” tanımı ortaya çıkmıştır (5). Eskiden Yunancada ”epi” ön eki, “ilerisinde”, “üstünde”, “üzerinde”, “ötesinde” anlamına gelmiş ve bu doğrultuda epigenetik “genler üstü genetik” anlamını üstlenmektedir (6).

Bugünkü epigenetik terimi, DNA sekansındaki farklılıklardan kaynaklanmayan genetiksel olarak gen ifadesindeki varyasyonları irdeleyen bilim dalı olarak ifade edilmektedir. Epigenetik terimiyle beraber epizom, epigenomik, epiallel, EpiRIL (epigenetic recombinant inbred lines) terimlerin de de tasarrufu son zamanlarda ayrıntılı ve geniş bir şekilde kullanılmaya başlanmıştır. Epiallele sekans

1 Ziraat Yüksek Mühendisi, Van Yüzüncü Yıl Üniversitesi, Fen Bilimleri Enstitüsü, Tarımsal Biyoteknoloji AD., mursidehatipoglu2017@gmail.com, 0000-0002-1514-8951

2 Doç. Dr., Van Yüzüncü Yıl Üniversitesi, Ziraat Fakültesi, Tarımsal Biyoteknoloji Bölümü, ceknaserdinc@yyu.edu.tr, 0000-0003-1208-032X

KAYNAKLAR

1. Varotto, S.; Tani, E.; Abraham, E.; Krugman, T.; Kapazoglou, A.; Melzer, R.; Radanović, A.; Miladinović, D. Epigenetics: Possible Applications in Climate-Smart Crop Breeding. *J. Exp. Bot.* 2020; 71, 5223–5236.
2. Youngson NA.; Whitelaw, E. Transgenerational epigenetic effects. *Annu Rev Genom Hum* 2008; G, 9, 233– 257.
3. Khatib, H. 2012. Livestock Epigenetics. Wiley Blackwell, Oxford.
4. Holliday, R. Epigenetics: a historical overview. *Epigenetics*, 2006; 1(2), 76-80.
5. Karaçay, B. Kalitimın yeni boyutu: epigenetik. *Bilim ve Teknik Dergisi*, 505, 2009; 32-37.
6. Güneş, S., & Kulaç, T. The role of epigenetics in spermatogenesis. *Turkish journal of urology*, 2013; 39(3), 181.
7. Karaca M, Aydin A, Ince AG. Cytosine methylation polymorphisms in cotton using TD-MS-RAPD PCR. *Modern Phytomorphology*. 2009; 13:13-19.
8. Coolen, M.W., Statham, W.L., Qu, W., Campbell, M.J., Henders, A.K., Montgomery, G.W., Martin, N.G., Susan, C.J. Impact of the genome on the epigenome is manifested in DNA methylation patterns of imprinted regions in monozygotic and dizygotic twins. *PLoS ONE* 2011; 6(10): e25590.
9. İzmirli M, Tufan T, Alptekin D. DNA Methylation. *Arşiv Kaynak Tarama Dergisi (Archives Medical Review Journal)*, 21(4): 2012;274-282
10. Karaçay, 2009) Karaçay B (2009): Kalitimın Yeni Boyutu: Epigenetik. Bilim
11. Heijmans, B.T., Tobia, E.W., Steinb, A.D., Putter, H., Blauwd, G.J., Sussere, E.S., Slagboom, P.E., Lumeye,L.H. Persistent epigenetic differences associated with prenatal exposure to famine in humans. *PNAS* 105: 2008; 17046–17049.
12. Dietrich, M. R. Richard Goldschmidt: hopeful monsters and other'heresies'. *Nature Reviews Genetics*, 2003; 4(1), 68
13. Holliday, R. Epigenetics: a historical overview. *Epigenetics*, 2006; 1(2), 76-80
14. Manikkam, M., Tracey, R., Guerrero-Bosagna, C., & Skinner, M. K. Plastics derived endocrine disruptors (BPA, DEHP and DBP) induce epigenetic transgenerational inheritance of obesity, reproductive disease and sperm epimutations. *PloS ONE*, 2013 8(1), e55387.
15. Karaçay, B. Kalitimın yeni boyutu: epigenetik. *Bilim ve Teknik Dergisi*, 505,2009; 32-37.
16. Karaçay, B. Kalitimın yeni boyutu: epigenetik. *Bilim ve Teknik Dergisi*, 505, 2009;32-37.
17. Tchurikov, N.A. Molecular Mechanisms of Epigenetics. *Biochemistry*. 70, 406-Teknik Aralık: 2005; 32-37
18. Bora G, Yurter HE Epigenetik Hastalıklar ve Tedavi Yaklaşımları, Hacettepe Tip Dergisi; 2005; 38: 48-54
19. Meaney, M. J., and Szyf, M. Maternal care as a model for experience-dependent chromatin plasticity Trends in Neuroscience, 28(9), 2005;456-463.
20. Yokus B.: Epigenom ve Epigenetik Dicle Univ Vet Fak Derg 2013; 1(2):5-13
21. Cokus, S. J., Feng, S., Zhang, X., Chen, Z., Merriman, B., Haudenschild, C. D., & Jacobsen, S. E. Shotgun bisulphite sequencing of the *Arabidopsis* genome reveals DNA methylation patterning. *Nature*, 452(7184), 2008; 215–219.
22. Kim, D. G., Jung, K. H., Lee, D. G., Yoon, J. H., Choi, K. S., Kwon, S. W., ... & Kim, Y. S. 20 (S)-Ginsenoside Rg3 is a novel inhibitor of autophagy and sensitizes hepatocellular carcinoma to doxorubicin. *Oncotarget*, 2014; 5(12), 4438.
23. Bartels, A.; Han, Q.; Nair, P.; Stacey, L.; Gaynier, H.; Mosley, M.; Huang, Q.Q.; Pearson, J.K.; Hsieh, T.-F.; An, Y.-Q.C.; et al. *Biochimica et Biophysica Acta*. 1809: 2018; 459-468.
24. Meyer, P. DNA Methylation Systems and Targets in Plants. *FEBS Lett.* 2011; 585, 2008–2015 Molecular Research, 15, 1. doi: 10.4238/gmrm16039879
25. Egger G, Liang G, Aparicio A, Jones AP. Epigenetics in human disease and prospects for epigenetic therapy. *Nature*. 2004; 429:457-63

26. Sasaki, E., Kawakatsu, T., Ecker, J. R., & Nordborg, M. Common alleles of CMT2 and NRPE1 are major determinants of CHH methylation variation in *Arabidopsis thaliana*. *PLoS genetics*, 2009; 15(12), e1008492.
27. Al-Lawati, A., Al-Bahry, S., Victor, R., Al-Lawati, A. H., & Yaish, M. W. Salt stress alters DNA methylation levels in alfalfa (*Medicago* spp). *Genet Mol Res*, 2016; 15(1), 15018299.
28. Maury, S., Huguet, F., Leguay, T., Lacombe, F., Maynadié, M., Girard, S., & Béné, M. C. Adverse prognostic significance of CD20 expression in adults with Philadelphia chromosome-negative B-cell precursor acute lymphoblastic leukemia. *haematologica*, 2010; 95(2), 324.
29. Salmon, A., Clotault, J., Jenczewski, E., Chable, V. and Manzanares-Dauleux, M.J. *Brassica oleacea* Displays a High Level of DNA Methylation Polymorphism. *Plant Science*, 174, 2008; 61-70.
30. Zhang, Y. Mechanisms of epigenetic inheritance. *Current opinion in cell biology*, 19(3), 2007;266-272
31. Şahin, Ö., Ayaz, G. B., ve Ayaz, U. Bitki epigenetiği. *Madde diyalektik ve Toplum*, 1(2),2018; 135-144.
32. Zhang, H.; Ma, Z.-Y.; Zeng, L.; Tanaka, K.; Zhang, C.-J.; Ma, J.; Bai, G.; Wang, P.; Zhang, S.-W.; Liu, Z.-W. DTF1 Is a Core Component of RNA-Directed DNA Methylation and May Assist in the Recruitment of Pol IV. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA* 2013; 110, 8290–8295.
33. Chen, Z.J. Genomic and Epigenetic Insights into the Molecular Bases of Heterosis. *Nature Reviews Genetics*,2013; 14, 471-482
34. Richards EJ. Natural epigenetic variation in plant species: a view from the field. *Current Opinion in Genetics and Development*. 2011; 14:204-209.
35. Kakutani, T. Epi-alleles in plants: inheritance of epigenetic information over generations. *Plant and cell physiology*, 43(10), 2002; 1106-1111.
36. Richards EJ. Natural epigenetic variation in plant species: a view from the field. *Current Opinion in Genetics and Development*. 2011; 14:204-209.
37. Wang, Q., Zhang, M., Teng, W., Zhou, Z., & Tan, K.A review: research progress of biology in ark shell *Scapharca subcrenata* insight from aquaculture. *Journal of Dalian Ocean University*, 2015; 30(4), 437-443.
38. Ashikawa, I. Surveying CpG Methylation at 50-CCGG in the Genomes of Rice Cultivars. *Plant. Mol. Biol.* 2001; (45) 31-39.
39. Song, J. Y., Chang, W., & Song, J. W. Cluster analysis on the structure of the cryptocurrency market via Bitcoin-Ethereum filtering. *Physica A: Statistical Mechanics and its Applications*, 2019; 527, 121339.
40. Boyko A, Kovalchuk I. Epigenetic control of plant stress response. *Environmental Mutagenesis and Genomics*. 2008; 49:61-72.
41. Sunkar, R., Chinnusamy, V., Zhu, J., Zhu, J. K. Small RNAs as big players in plant abiotic stress responses and nutrient deprivation. *Trends Plant Science*, 2007;12: 301–309.
42. Costa, L., A.R. Vicente, P.M. Civello, A.R. Chaves and G.A. Martinez.UV-C treatment delays postharvest senescence in broccoli florets. *Postharvest Biol. Technol.* 2006; 39:204-210.
43. Chen, C., Ridzon, D.A., Broome, A.J., Zhou, Z., Lee, D.H., Nguyen, J.T., Barbisin, M., Xu, N.L., Mahuvakar, V. R., Andersen, M.R., Lao, K.Q., Livak, K.J., Guegler, K.J., Real-time quantification of microRNAs by stem-loop RT- PCR. *Nucleic Acids Research*, 2005; 33 (20), e179
44. Hauser, A. R., Jain, M., Bar-Meir, M., & McColley, S. A. Clinical significance of microbial infection and adaptation in cystic fibrosis. *Clinical microbiology reviews*, 2011;24(1), 29-70.
45. Reik, W., Dean, W., Walter, J. Epigenetic reprogramming in mammalian development. *Science*, 293: 2001; 1089-1093.
46. Cushman JC. Bohnert HJ. Genomic approaches to plant stress tolerance. *Curr Opin Plant Biol*, 2000; 3: 117-24.
47. Heo JB, Lee YS, Sung S. Epigenetic regulation by long noncoding RNAs in plants. *Chromosome Research*. 2013; 21:685-693.

48. Kim, S., Park, B., Kwon, S., Kim, J., Lim, M., Park, Y., Kim, D., Suh., S., Jin, Y., Ahn, J., ve Lee, Y. Delayed flowering time in Arabidopsis and Brassica rapa by the overexpression of flowering locus C (FLC) homolog isolated from Chinese cabbage (Brassica rapa L. ssp. pekinensis). *Plant Cell Reports*, 2007; 26(3), 327-336.
49. Saze, H., Shiraishi, A., Miura, A., & Kakutani, T. Control of genomic DNA methylation by a jmjc domain-containing protein in Arabidopsis thaliana. *science*, 319(5862), 2008;462-465.
50. Liu, W.; Zhang, Y.; He, H.; He, G.; Deng, X.W. From Hybrid Genomes to Heterotic Trait Output: Challenges and Opportunities. *Curr. Opin. Plant Biol.* 2022; 66, 102193.
51. Chen, Z.J. Genomic and Epigenetic Insights into the Molecular Bases of Heterosis. *Nature Reviews Genetics*, 2013; 14, 471-482
52. Borges D, Guzman-Novoa E, Goodwin PH, Effects of prebiotics and probiotics on honey bees (*Apis mellifera*) infected with the microsporidian parasite *nosema ceranae*. *Microorganisms*, 2021;9(3), 481.
53. Güvercin, R. S. Pamukta (*Gossypium* ssp.) F1 melezlerinin lif verimine etkili bazı karakterlerde heterosis, heterobeltilosis ve ekonomik heterosis. *Journal of Agricultural Sciences*, 2011; 17(2).
54. Swanson JM, Kinsbourne M, Nigg J, Lanphear B, Stefanatos GA, Volkow N et al. Etiologic subtypes of attentiondeficit/hyperactivity disorder: brain imaging, molecular genetic and environmental factors and the dopamine hypothesis. *Neuropsychol Rev*, 2007;17:39-59.
55. İnce, A. G., & Karaca, M. Epigenetik Mekanizmalar ve Tarımsal Üretimde Epigenetik Yaklaşımlar. *Türk Bilimsel Derlemeler Dergisi*, 2009;12(2), 51-58.
56. Ayaz, G. B., Şahin, Ö., & Ayaz, U. Epigenetik alanındaki tarım uygulamaları. *Madde, diyalektik ve toplum*, 3, 2018;254-262.
57. Zhang, Y. Mechanisms of epigenetic inheritance. *Current opinion in cell biology*, 19(3), 2007; 266-272
58. Jablonka, E., & Lamb, M. J. The changing concept of epigenetics. *Annals of the New York Academy of Sciences*, 981(1), 2002; 82-96.