

BİDGE Yayınları

Test Kitap

Editör: Zeynel Karacagil

ISBN: -

1. Baskı

Sayfa Düzeni: Gözde YÜCEL

Yayınlama Tarihi: -

BİDGE Yayınları

Bu eserin bütün hakları saklıdır. Kaynak gösterilerek tanıtım için yapılacak kısa alıntılar dışında yayıncının ve editörün yazılı izni olmaksızın hiçbir yolla çoğaltılamaz.

Sertifika No: 71374

Yayın hakları © BİDGE Yayınları

www.bidgeyayinlari.com.tr - bidgeyayinlari@gmail.com

Krc Bilişim Ticaret ve Organizasyon Ltd. Şti.

Güzeltepe Mahallesi Abidin Daver Sokak Sefer Apartmanı No: 7/9 Çankaya /
Ankara



İÇİNDEKİLER

DENEME 3	1
<i>DEMO DEMO</i>	
DENEME 2	15
<i>DEMO DEMO</i>	
DENEME	24
<i>DEMO DEMO</i>	

CHAPTER 1

SPORA BAĞLILIK VE YAŞAM DOYUMU İLİŞKİSİ

Halil UYSAL¹

Giriş

Günümüzde spor, insan yaşamı için her geçen gün daha çok anlam ifade etmektedir. Özellikle son dönemlerde yoğun hayat temposu, teknolojik aletlere olan bağımlılık, besinlere kolaylıkla ulaşma gibi durumların getirmiş olduğu yaşam tarzından dolayı sağlık problemleri giderek artmaktadır (Uğun & Özşarı, 2024). Sporun, bireylerin sosyalleşme süreçleri, mental sağlıkları ve kendini gerçekleştirme adına ciddi faydaları bulunmaktadır. Sportif etkinliklerin fiziksel ve mental gelişime doğrudan katkısının bilinmesi, spora erken yaşta başlanması ve sürdürülebilir bir beceri haline getirilmesinin de gerekliliğini ortaya koymaktadır (Özgün, Türkmen & Ayhan, 2021). Spor, insanlara olumsuz duyguların yerini olumlu duygulara bırakacağı bir ortam sağlamaktadır (Kara & ark., 2023). Sportif etkinliklere katılım sağlamada istikrarlı bir görüntü çizen gençlerin kaygı düzeylerinin akranlarına oranla daha düşük seviyelerde olduğu belirtilmektedir (Ashdown-Franks & ark., 2017). Ayrıca sportif etkinliklere devamlı katılımın, bireylerin öz benlikleri, sportmenlik ve mutluluk duyguları, mental iyi oluşları ve akademik

¹ PhD, Mersin Üniversitesi, Beden Eğitimi ve Spor Anabilim Dalı, Orcid: 0000-0001-6538-7312

başarı düzeyleri üzerinde olumlu etkilerinin olduğu ortaya konmuştur (Gagliardi & ark., 2020; Özsarı & ark., 2023).

Sportif faaliyetler içerisinde yer alan bireyler sosyal olarak kendilerini güvende hissetmektedirler (Özsarı & Fişekçioğlu, 2023). Bireylerin ilgi duyduğu etkinliklere yönelik hissettikleri faktörlerin başında bağlılık duygusunun geldiği belirtilmektedir (Cihan, Ilgar, & Sırgancı, 2019). Bağlılık, güçlü istek duygusu, bazen kontrolsüz davranmak ve ısrarcı bir davranmak gibi üç önemli yönü bulunan bir kavram olarak karşımıza çıkmaktadır (Shaffer, Hall, & Vander Bilt, 2000). Bağlılığın, kendini adama, zinde olma ve özümseme gibi pozitif düşüncelerle birlikte gün yüzüne çıkan olumlu bir durum olduğu vurgulanmaktadır (Schaufeli & ark., 2002). Bağlılık, sadık kalabilme ve bireyin bir kişi, bir düşünce veya bir kuruma karşı yerine getirmek mecburiyetinde olduğu sorumlulukları ifade etmektedir (Balay, 2014). Bağlılık, birçok etkinlikte olduğu gibi spora düzenli katılımın gerçekleşmesi noktasında pozitif etkiler yaratır (Wheatley & Bickerton, 2016). Sporda bağlılık, sporcuların hedeflerine ulaşmak adına göstereceği çaba ve bu uğurda zaman harcama arzusu olarak tanımlanmıştır (Lonsdale, Hodge, & Raedeke, 2007). Spora bağlılık, bir sporcunun sportif etkinliklere katılımı ile ilgili ısrarcı yaklaşımın doğrudan etki yarattığı mental bir durum olarak tarif edilmektedir (Scanlan & ark., 2013). Sporcu bağlılığı kavramı; sportif etkinliklerde çok yönlü kalıcı deneyimler yaşayabilmesi adına sporcunun özgüven, çaba ve zindelik gibi kendine has özellikleri kullanabilmesi olarak tanımlanabilmektedir (Kelecek & Göktürk, 2017). Sporcuların, spora katılımında devamlılık ve kalıcılığı üzerinde psikolojik bir faktör olarak bağlılık kavramının destekleyici etkilerini araştıran önemli çalışmalar bulunmaktadır (Casper, Gray, & Babkes Stellino, 2007; Kang, Lee, & Kwon, 2019; Scanlan & ark., 2013).

Yaşam doyumu, bireylerin ellerinde mevcut varlıkları ile istek ve beklentilerinin kıyaslanmasıyla ortaya çıkan durumdur. Bu

kıyaslama ile birlikte beliren yaşam doyumu belirli bir zaman dilimi veya belirli bir olaya bağılı kalmadan genel yaşantı ile ilgili doyumu ifade etmektedir (Özer & Karabulut, 2003). Bireyin yaşantısı ile ilgili bilişsel yargıların ve algıladığı memnuniyetin belirtisi olan yaşam doyumunun, yaşamda mutlu kalabilmek ve yaşama anlam katabilmek adına önemli bir faktör olduğu belirtilmektedir (Yaşartürk, Akyüz, & Karataş, 2017). Sporcuların yaşantılarında mutlu olabilmeleri ve spor yaşantılarının bir anlam kazanabilmesi için ihtiyaç duydukları temel bir unsur da “yaşam doyumu” dur (Doğru, 2019). Spor, içinde barındırdığı antrenman, müsabaka, sosyal iletişim vb. faktörler ile sporcuların hayatlarında önemli bir yer tutar. Sportif etkinlikler sporcuların fiziksel gelişimlerinin yanı sıra yaşam doyumu gibi bilişsel durumlar üzerinde de etkilere sahiptir (Han & Polat, 2022). Bu bağlamda sporcuların ilgilendikleri spor branşı özelinde mevcut bulundukları durum ile hedef ve beklentileri arasında meydana gelen uyum ya da uyumsuzluk sportif yaşam doyumları üzerinde belirleyici öneme sahip gözlenmektedir.

Günümüzde sporcuların başarıya ulaşmak ve elde edilen başarının devamlı olması olabilmesi adına rakipleriyle fiziksel ve mental anlamda çok yoğun bir mücadele içine girmekte ve bu yoğun mücadele durumu sporcuların çeşitli duygu durumlara sürekli maruz kalmasını gerekli kılmaktadır (Kelecek & Göktürk, 2017). Spora bağlılık ve yaşam doyumu arasındaki ilişkinin sporcuların mental sağlıklarının iyileştirilmesi ve buna bağılı olarak performanslarının desteklenebileceğı değerlendirilmektedir (Han & Polat, 2022). Bu bağlamda araştırma kapsamında sporcuların spora bağılılık ve yaşam doyumu düzeyleri arasındaki ilişkinin incelenmesi amaçlanmıştır.

Gereç ve Yöntem

Araştırma Modeli

Araştırma ilişkişel tarama modeli kullanılarak yürütölmüştür. İlişkişel tarama modelleri değışkenler arasındaki birlikte değışimin

varlığını veya derecesini belirlemeyi amaçlayan araştırma modelleridir (Karasar, 2019). Araştırma modeli kapsamında oluşturulan hipotezler aşağıda sunulmuştur.

Araştırma Grubu

Araştırmaya kolayda örnekleme yöntemi ile ulaşılan 289 kadın (% 45.4), 347 erkek (% 54.6) olmak üzere toplamda 636 sporcu gönüllü olarak katılım sağlamıştır.

Veri Toplama Araçları

Spora bağlılık Ölçeği: Türkçe uyarlaması Kayhan, Bardakçı & Caz (2020) tarafından yapılan ölçek, Guillen & Martinez-Alvarado (2014) tarafından geliştirilmiştir. Geliştirilen ölçek 10 madde ve iki alt boyuttan oluşmaktadır. Alt boyutları dinç olma ve odaklanmadır. Ölçek 7’li derecelendirme tipinde dizayn edilmiştir. Bu araştırma için ölçeğin Cronbach’s Alfa (α) değeri dinç olma boyutu .71; odaklanma boyutu .69 ve ölçek geneli .81 olarak tespit edilmiştir.

Yaşam Doyumu Ölçeği: Diener & ark. (1985) tarafından geliştirilmiştir. Ölçeğin Türkçe uyarlaması Dağlı & Baysal (2016) tarafından yapılmıştır. Ölçek tek boyut ve 5 maddeden oluşmaktadır. Ölçek 5’li likert tipinde dizayn edilmiştir. Bu araştırma için ölçeğin Cronbach’s Alfa (α) değeri .89 olarak tespit edilmiştir.

Verilerin Analizi

Araştırmada öncelikli olarak kayıp değerlere bakılmış, ardından uç değerler incelenmiştir. Araştırma ölçeklerine ilişkin güvenirlik analizleri için Cronbach’s Alfa (α) yapılmıştır. Basıklık ve çarpıklık değerleri incelenmiş ve normal dağılım varsayımının kanıtlandığını gözlenmiştir. Bu sonuçlar dikkate alınarak araştırma parametrik testler kullanılarak yürütülmüştür. Betimsel istatistiğin yanı sıra uygun istatistik programlarından yararlanılarak korelasyon ve regresyon analizlerine yer verilmiştir.

Bulgular

Araştırma kapsamında elde edilen verilen uygun istatistiksel programlar aracılığıyla yapılan analizi sonucunda ulaşılan istatistiki bilgiler aşağıda sunulmuştur.

Tablo 1. Araştırma Ölçekleri Çarpıklık ve Basıklık Değerleri

Spora Bağlılık			Yaşam Doyumu Ölçeği	
	Skewness	Kurtosis	Skewness	Kurtosis
Dinç olma	-1,005	,886	-,561	-,046
Odaklanma	-1,042	,876		

Tablo 1 incelendiğinde skewness ve kurtosis değerleri kabul edilebilir değer olan +1 ile -1 aralığında olduğu görülmektedir. Normal dağılımın iki unsuru çarpıklık ve basıklık değerlerinin +1 ile -1 arasında olması gerektiği vurgulanmaktadır (Kline, 2011).

Tablo 2: Katılımcıların demografik bilgileri

		<i>N</i>	%
Cinsiyet	Erkek	347	54,6
	Kadın	289	45,4
	Toplam	636	100
Spor yılı	1-3 yıl	342	53,8
	4-6 yıl	153	24,1
	7 ve üzeri	141	22,2
	Toplam	636	100
Branş	Atletizm	103	16,2
	Basketbol	58	9,1
	Futbol	153	24,1
	Güres	33	5,2
	Kickboks	20	3,1
	Hokey	32	5,0
	Voleybol	104	16,4
	Su topu	28	4,4
	Masa Tenisi	36	5,7
	Okculuk	47	7,4
	Hentbol	22	3,5
	Toplam	636	100

Tablo 2 incelendiğinde araştırmaya 347 erkek (%54,6), 289 kadın (%45,4) olmak üzere toplam 636 sporcunun katıldığı görülmektedir. Araştırmaya katılan 342 (%53,8) sporcu 1-3 yıl arasında spor deneyimine, 153 (%24,1) sporcu 4-6 yıl spor deneyimine, 141 (%22,2) sporcu ise 7 ve üzeri yıl spor deneyimine sahiptir. Araştırmaya katılan sporcuların branş dağılımları dikkate alındığında atletizm 103 (% 16.2), basketbol 58 (% 9.1), futbol 153

(% 24.1), güreş 33 (% 5.2), kickboks 20 (% 3.1), hokey 32 (% 5.0), voleybol 104 (% 16.4), su topu 28 (% 4.4), masa tenisi 36 (% 5.7), okçuluk 47 (% 7.4), hentbol 22 (% 3.5) sporcu şeklinde dağılım göstermektedir.

Tablo 3 . Araştırma değişkenleri korelasyon analizi sonuçları

	1	2	3
1-Dinç olma	-		
2-Odaklanma	.668**	-	
3-Yaşam doyumu	.410**	.362**	-

** $p<0.01$.

Tablo 3’ de gösterilen araştırmanın korelasyon analizi sonuçlarına göre; spora bağlılık ölçeği alt boyutu dinç olma ile yaşam doyumu arasında anlamlı, pozitif ve orta düzeyli ($r=.410$), Spora bağlılık ölçeğinin diğer bir alt boyutu olan odaklanma ile yaşam doyumu arasında anlamlı, pozitif ve orta düzeyli ($r=.362$) bir ilişki söz konusudur.

Tablo 4. Spora bağlılık-yaşam doyumu regresyon analizi sonuçları

Model	B	Std. Error	Beta (β)	t	F ₍₂₋₆₃₃₎ = 70.385 p=.000 D-W=1.784	R=.427 R ² =.182 Adj. R ² = .179
(Constant)	-.801	.398	-	-2.011		
Dinç olma	.520	.083	.303**	6.264		
Odaklanma	.189	.057	.160**	3.307		

** $p<0.01$. Bağımlı değişken: Yaşam Doyumu

Tablo 4’de bağımsız değişken olan spora bağlılık ile bağımlı değişken olan yaşam doyumu, arasında yapılan regresyon analizi sunulmuştur. model istatistiksel olarak anlamlıdır ($F_{(2-633)}= 70.385$; $p<.001$). Modelin R² değeri .182, düzeltilmiş R² değeri .179 olarak

bulgulanmıştır. Bu sonuç spora bağlılık bağımsız değişkeninin, bağımlı değişken olan yaşam doyumu üzerindeki değişimlerin yaklaşık % 18'ini açıkladığını göstermektedir. Beta göstergeleri göz önüne alınarak bu ilişkideki bağımsız değişkenlerin, bağımlı değişkeni etkileme gücüne bakıldığında; ilk olarak anlamlı pozitif yordama spora bağlılık alt boyutu olan dinç olma ($\beta=.303$) boyutunda, ikinci olarak pozitif yordama odaklanma ($\beta=.160$) boyutundadır. Spora bağlılık arttıkça yaşam doyumunun artacağı ifade edilebilir.

Tartışma ve Sonuç

Araştırma kapsamında sporcuların spora bağlılıkları ve yaşam doyumları arasındaki ilişkinin varlığı araştırılmış ve elde edilen bulgular sunulmuştur. Elde edilen verilere uygulanan korelasyon analizi sonuçlarına göre spora bağlılık ve yaşam doyumu arasında pozitif ve orta düzeyli bir ilişkinin olduğu bulgulanmıştır. Ayrıca araştırma kapsamında yürütülen regresyon analizi sonuçlarına göre spora bağlılığın dinç olma ve odaklanma alt boyutlarının yaşam doyumu üzerinde pozitif yönde yordama gücüne sahip olduğu tespit edilmiştir.

Araştırma bulguları ışığında alan yazın tarandığında spora bağlılık ve yaşam doyumu kavramlarının birlikte kullanıldığı çalışmaların sınırlı olsa da varlığından söz edilmekle birlikte benzer çalışmalar ile araştırma sonuçları tartışılmıştır. İnan & Koç (2021) tarafından yürütülen çalışmada sporcuların yaşam doyumu ve spora bağlılıkları arasında pozitif ve orta düzeyli bir ilişki olduğu vurgulanmıştır. Benzer bir çalışmada fiziksel ve zihinsel faktörlerin yaşam doyumu üzerinde etkili olduğunu ve fiziksel aktivitelere katılım göstermenin yaşam doyumu üzerinde olumlu etkisi olduğunu göstermektedir (Payne, Mowen, & Montoro-Rodriguez, 2006). Han & Polat (2022) tarafından kış sporları ile ilgilenen sporcular üzerinde yapılan çalışmada spora bağlılığın

yaşam doyumu anlamlı ilişkisinin olduğu ve regresyon analizi sonuçlarına göre spora bağlılığın yaşam doyumu üzerinde pozitif doğrultuda yordayıcı olduğu tespit edilmiştir. Ekizoğlu (2023) tarafından açık yüzme sporcuları ile yürütülen çalışmada, katılımcıların spora bağlılık ve yaşam doyumu düzeyleri arasında pozitif ve anlamlı ilişkilerin varlığı tespit edilmiş ve spora bağlılığın yaşam doyumunu pozitif yönde yordadığı belirtilmiştir. Ayrıca fiziksel aktivitenin yaşam doyumu üzerinde olumlu etkilerinin istatistiksel olarak anlamlı olduğunu bulgulayan çalışmalar mevcuttur (Olefir, Kuznetsov, & Plokhikh, 2019; Moreno-Murcia & ark., 2017; Zullig & White, 2011; Martin & ark., 2015; Wu & ark., 2023; Zhou & ark., 2023).

Sonuç olarak araştırma bulguları ve alan yazında mevcut çalışmalar ışığında özellikle sporcuların spora bağlılıkları ile yaşam doyumları arasındaki ilişkinin olumlu yönde seyrettiği; ayrıca sporcuların spora bağlılıklarının yaşam doyumlarını pozitif yönde yordama gücüne sahip olduğu söylenebilmektedir. Diğer yandan sedanter bireylerin, öğrencilerin, yetişkinlerin de bireysel veya grup olarak fiziksel aktiviteye katılımlarının yaşam doyumları üzerinde olumlu etkilere sahip olduğu gözlenebilmektedir. Spor ve fiziksel aktivite katılım oranının artırılması, ilgi duyulan spor branşına ve fiziksel aktiviteye olan bağlılığın güçlendirilmesinin bireylerin yaşam kalitesi ve algılarını pozitif yönde etkileyebileceği söylenebilir.

Kaynakça

- Ashdown-Franks, G., Sabiston, C., Solomon-Krakus, S., & O'Loughlin, J. (2017). Sport participation in high school and anxiety symptoms in young adulthood. *Mental Health and Physical Activity*, 12, 19-24. Doi:10.1016/j.mhpa.2016.12.001
- Balay, R. (2014). *Yönetici ve öğretmenlerde örgütsel bağlılık*. Ankara: Pegem Akademi.
- Casper, J., Gray, D., & Babkes Stellino, M. (2007). A sport commitment model perspective on adult tennis player' participation frequency and purchase intention. *Sport Management Review*, 10(3), 253-278. Doi:10.1016/s1441-3523(07)70014-1
- Cihan, B., Ilgar, E., & Sırgancı, G. (2019). "Spora bağlılık ölçeği'nin geçerlik ve güvenirlik çalışması. *Gençlik Araştırmaları Dergisi*, 7(17), 171-191.
- Dağlı, A., & Baysal, N. (2016). Yaşam doyumu ölçeğinin Türkçe'ye uyarlanması: Geçerlik ve güvenirlik çalışması. *Elektronik Sosyal Bilimler Dergisi*, 15(59), 1250-1262. Doi: 10.17755/esosder.75955
- Diener, E., Emmons, R., Larsen, R., & Griffin, S. (1985). The satisfaction with life scale. *Journal of Personality Assessment*, 49(1), 71-75. Doi: 10.1207/s15327752jpa4901_13
- Doğru, Z. (2019). Voleybol milli takım gelişim kampına çağrılan 14-15 yaş grubu erkek sporcuların hedef yönelimleri ve yaşam doyum düzeyleri. *Beden Eğitimi ve Spor Araştırmaları Dergisi*, 11(1), 67-83. Doi: 10.30655/besad.2019.17

- Ekizoğlu, Ö. (2023). Açık su yüzme sporcularının spora bağlılıklarının yaşam doyumuna etkisi. *Spor Eğitim Dergisi*, 7(1), 68-76. Doi:10.55238/seder.1260479
- Gagliardi, A., Walker, G., Dahab, K., Seehusen, C., Provance, A., Albright, J., & Howell, D. (2020). Sports participation volume and psychosocial outcomes among healthy high school athletes. *Journal of Clinical and Translational Research*, 6(2), 54-60. Doi:10.18053/jctres.06.202002.003
- Guillen, F., & Martinez-Alvarado, J. (2014). The sport engagement scale: An adaptation of the utrecht work engagement scale (UWES) for the sport environment. *Universitas Psychologica*, 13(3), 15-24. Doi:10.11144/Javeriana.UPSY13-3.sesa
- Han, M., & Polat, E. (2022). Kış sporları ile ilgilenen sporcuların spora bağlılık ve yaşam doyumları arasındaki ilişkilerin incelenmesi. *SPORMETRE Beden Eğitimi ve Spor Bilimleri Dergisi*, 20(3). Doi:10.33689/spormetre.1079970
- İnan, H., & Koç, M. (2021). The relationship between life satisfaction of the school of physical education and sports student and their levels of sports engagement. *Journal of Educational Issues*, 7(2), 1-17. Doi:10.5296/jei.v7i2.18756
- Kang, S., Lee, K., & Kwon, S. (2019). Basic psychological needs, exercise intention and sport commitment as predictors of recreational sport participation' exercise adherence. *Psychology & Health*, 35(8), 916-932. Doi:10.1080/08870446.2019.1699089
- Kara, M., Özsarı, A., Kara, N., & Çetin, M. (2023). Sportmenlik ve affetme esnekliği: Genç karate sporcuları araştırması. *Gençlik Araştırmaları Dergisi*, 11(29), 56-68. Doi:10.52528/genclikarastirmalari.1210491

- Karasar, N. (2019). *Bilimsel araştırma yöntemi* (34 b.). Ankara: Nobel.
- Kayhan, R., Bardakçı, S., & Caz, Ç. (2020). Adaptation of the sport engagement scale to Turkish. *Journal of The Human and Social Science Research*, 9(3), 2905-2922. Doi: 10.15869/itobiad.676854
- Kelecek, S., & Göktürk, E. (2017). Kadın futbolcularda sporcu bağlılığının sporcu tükenmişliğini belirlemedeki rolü. *Başkent Üniversitesi Sağlık Bilimleri Fakültesi Dergisi*, 2(2), 162-173.
- Kline, R. (2011). *Principles and practice of structural equation modeling* (5th b.). New York: The Guilford Press.
- Londsale, C., Hodge, K., & Raedeke, T. (2007). Athlete engagement: I. A qualitative investigation of relevance and dimensions. *International Journal of Sport Psychology*, 38(4), 451-470.
- Martin, J., Byrd, B., Watts, M., & Dent, M. (2015). Gritty, hardy and resilient: Predictors of sport engagement and life satisfaction in wheelchair basketball players. *Journal of Clinical Sport Psychology*, 9(4), 345-359. Doi:10.1123/jcsp.2015-0015
- Moreno-Murcia, J., Belando, N., Huéscar, E., & Torres, M. (2017). Social support physical exercise and life satisfaction in women. *Revista Latinoamericana de Psicología*, 49, 194-202. Doi:10.1016/j.rlp.2016.08.002
- Olefir, V., Kuznetsov, M., & Plokhikh, V. (2019). Effect of physical exercise and perceived stress interaction on students' satisfaction with life. *Pedagogics Psychology, Medical-Biological Problems of Physical Training and Sports*, 23(1), 30-35. Doi:10.15561/18189172.2019.0105

- Özer, M., & Karabulut, Ö. (2003). Yaşlılarda yaşam doyumu. *Turkish Journal of Geriatrics*, 6(2), 72-74.
- Özgün, A., Türkmen, M., & Ayhan, B. (2021). Sorcuların covid-19'a yakalanma kaygısı ve spora bağlılık durumları arasındaki ilişkinin incelenmesi. *Uluslararası Güncel Eğitim Araştırmaları Dergisi*, 7(1), 298-315.
- Özsarı, A., & Fişekçioğlu, B. (2023). Spora yönelik tutum, sosyal güvende hissetme ve memnuniyet ilişkisi. *Akdeniz Spor Bilimleri Dergisi*, 6(2), 658-669. Doi: 10.38021asbid.1155801
- Özsarı, A., Kara, M., Çetin, M., & Kara, N. (2023). The relationship between sportsmanship and happiness (A research on martial arts athletes). *GSI Journal Serie A: Advancement in Tourism, Recreation and Sports Science (ATRSS)*, 6(1), 248-258. Doi:10.53353/atrss.1134462
- Payne, L., Mowen, A., & Montoro-Rodriguez, J. (2006). The role of leisure style in maintaining the health of older adults with arthritis. *Journal of Leisure Research*, 38(1), 20-45. Doi:10.1080/00222216.2006.11950067
- Scanlan, T., Russel, D., Scanlan, L., Klunchoo, T., & Chow, G. (2013). Project on elite athlete commitment (PEAK): IV. Identification of new candidate commitment source in the sport commitment model. *Journal of Sport and Exercise Psychology*, 35(5), 525-535. Doi:10.1123/jsep.35.5.525
- Schaufeli, W., Salanova, M., Gpnzalez-Roma, V., & Bakker, A. (2002). The measurement of engagement and burnout: A two sample confirmatory factor analytic approach. *Journal of Happiness Studies: An Interdisciplinary Forum on Subjective Well-Being*, 3(1), 71-92. Doi:10.1023/A:1015630930326

- Shaffer, H., Hall, M., & Vander Bilt, J. (2000). "Computer addiction": a critical consideration. *The American Journal of Orthopsychiatry*, 70(2), 162-168. Doi:10.1037/h0087741
- Uğun, H., & Özsarı, A. (2024). Beden eğitim ve spor dersine yönelik tutumun bireysel ve sosyal sorumluluğa etkisi. *Çanakkale Onsekiz Mart Üniversitesi Spor Bilimleri Dergisi*, 7(4), 26-42.
- Wheatley, D., & Bickerton, C. (2016). Subjective well-being and engagement in arts, culture and sport. *Journal of Cultural Economics*, 41(1), 23-45. Doi: 10.1007/s10824-016-9270-0
- Wu, Q., Tan, Y., Sun, G., & Ding, Q. (2023). The relationship between self-concept clarity, athletic identity, athlete engagement and the mediating roles of quality of life and smartphone use in Chinese youth athletes. *Heliyon*, 9(10), 1-12. Doi: 10.1016/j.heliyon.2023.e21197
- Yaşartürk, F., Akyüz, H., & Karataş, İ. (2017). Rekreatif etkinliklere katılan üniversite öğrencilerinin serbest zamanda sıkılma algısı ile yaşam doyum düzeyleri arasındaki ilişkinin incelenmesi. *Uluslararası Kültürel ve Sosyal Araştırmalar Dergisi*, 3(Special Issue 2), 239-252.
- Zhou, G., Yang, B., Li, H., Feng, Q., & Chen, W. (2023). The influence of physical exercise on college student' life satisfaction: The chain mediating role of self-control and psychological distress. *Frontiers in Psychology*, 14. Doi: 10.3389/fpsyg.2023.1071615
- Zullig, K. J., & White, R. J. (2011). Physical activity, life satisfaction, and self-rated health of middle school students. *Applied research in Quality of Life*, 6(3), 277-289. Doi:10.1007/s11482-010-9129-z

CHAPTER 2

BÖLÜM BAŞLIĞI

1. Yazar Adı-(Metin HAKARAR)¹
2. Yazar Adı-(Metin HAKARAR)²
3. Yazar Adı-(Metin HAKARAR)³
4. Yazar Adı-(Metin HAKARAR)⁴
5. Yazar Adı-(Metin HAKARAR)⁵

Giriş

Bölüm Başlığı: Bölüm başlıkları, **1-Bölüm Başlığı** stili ile yazılmalıdır. Bu stil, Times New Roman yazı tipinde, 14 punto, kalın ve ortalanmış olarak ayarlanmıştır. Bölüm başlıkları şablonun formatına uygun olarak numaralandırılır ve manuel numara eklenmemelidir. Başlıklar arasında ek boşluk bırakılmamalıdır.

¹ Unvan, Kurum,Bölüm, Orcid: XXXX-XXXX-XXXX-XXXX (lütfen link değil numara şeklinde yazın)

² Unvan, Kurum,Bölüm, Orcid: XXXX-XXXX-XXXX-XXXX (lütfen link değil numara şeklinde yazın)

³ Unvan, Kurum,Bölüm, Orcid: XXXX-XXXX-XXXX-XXXX (lütfen link değil numara şeklinde yazın)

⁴ Unvan, Kurum,Bölüm, Orcid: XXXX-XXXX-XXXX-XXXX (lütfen link değil numara şeklinde yazın)

⁵ Unvan, Kurum,Bölüm, Orcid: XXXX-XXXX-XXXX-XXXX (lütfen link değil numara şeklinde yazın)

AaÇçĞ

1-Bölüm...

AaÇçĞ

2-Yazar

AaÇçĞğ

3-Başlık

AaÇçĞğİ

4-İç Metin

AaÇçĞğİ

5-Tablo-Ş...

AaÇçĞğİ

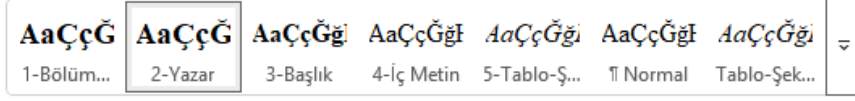
¶ Normal

AaÇçĞğİ

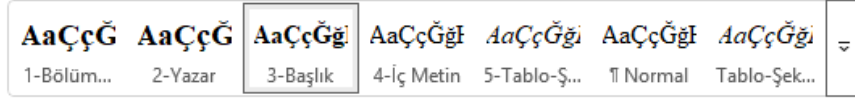
Tablo-Şek...

▼

Yazar Bilgisi: Yazar bilgileri, **2-Yazar** stili ile yazılmalıdır. Bu stil Times New Roman yazı tipinde, 14 punto, kalın ve sağa yaslı olarak ayarlanmıştır. Dipnotlar her bölümde yeniden başlatılmalıdır ve şu bilgileri içermelidir: Unvan, Kurum, Bölüm ve yalnızca rakamlardan oluşan ORCID numarası (örneğin: 0000-0001-2345-6789). Dipnot formatını değiştirmeden, bilgileri manuel olarak yazınız ve kopyala-yapıştır yapmayınız.



Giriş Başlığı: Giriş başlığı, **3-Başlık** stili ile yazılmalıdır. Bu stil, Times New Roman yazı tipinde, 12 punto, kalın ve ortalanmış olarak ayarlanmıştır. **Giriş başlığı, şablonun zorunlu bir parçasıdır ve silinemez.** Formatı değiştirmeden belirtilen şekilde kullanınız.



İç Başlık: İç başlıklar kesinlikle **numaralandırılmamalıdır.** İç başlıklar, **3-Başlık** stili ile yazılmalıdır. Bu stil, Times New Roman yazı tipinde, 12 punto, kalın ve sola yaslı olarak ayarlanmıştır. İç başlıkların formatını değiştirmeden belirtilen şekilde yazınız ve başlıklar arasında öncesinde ve sonrasında gereksiz boşluk bırakmayınız.

Başlık 1

Başlık 2

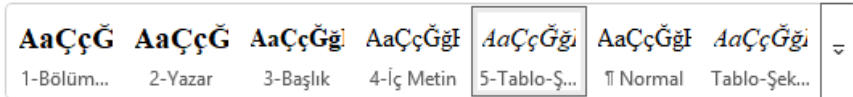
Başlık 3



İç Metin: Tüm metinler, 4-İç Metin stili ile yazılmalıdır. Bu stil Times New Roman yazı tipinde, 12 punto, iki yana yaslı ve paragraf başı 1,25 cm girintili olarak ayarlanmıştır. Lütfen bu formatı değiştirmeden ve sadece bu stil ile yazınız.



Tablo, Şekil, Grafik, Çizim, Resim vb Başlıkları: Tablo, Şekil, Grafik, Çizim, Resim vb başlıkları, **5-Tablo ve Şekil Başlığı** stili ile yazılmalıdır. Bu stil Times New Roman yazı tipinde, 12 punto, italik ve ortalınmış olarak ayarlanmıştır. Tablo, Şekil, Grafik, Çizim, Resim vb. nesnelerin başlıkları nesne üstün yer almalıdır. Başlıkların formatını değiştirmeden yazınız.



Tablo 1 Başlığı

X	X	X	X	X	X	X
X	X	X	X	X	X	X
X	X	X	X	X	X	X
X	X	X	X	X	X	X

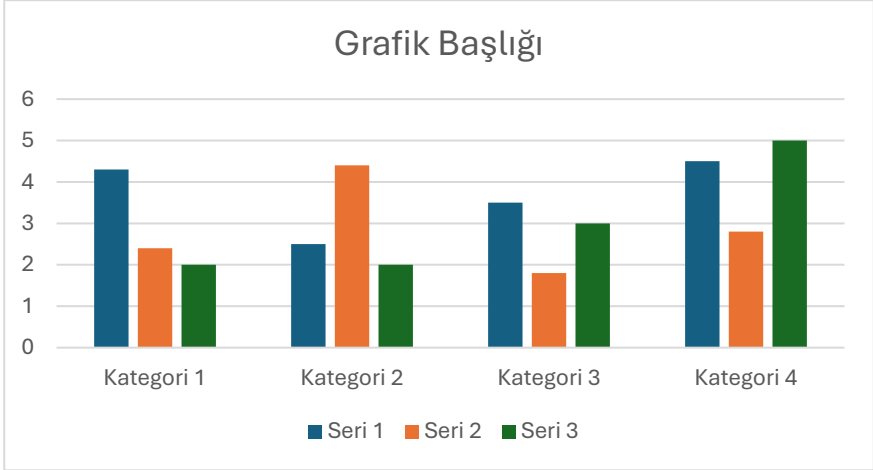
Kaynak: xxxxxxxxxxxx

Şekil 1 Başlığı



Kaynak: xxxxxxxxxxxx

Grafik 1 Başlığı



Kaynak: xxxxxxxxxxx

Resim 1 Başlığı



Kaynak: xxxxxxxxxxx

Tablo, Şekil, Grafik, Çizim, Resim vb Kaynakları: Tablo, Şekil, Grafik, Çizim, Resim vb kaynağı, ilgili nesnenin hemen altında belirtilmelidir. Kaynak bilgisi **7-Tablo ve Şekil Kaynak** stili ile yazılmalıdır. Bu stil, Times New Roman yazı tipinde, 10 punto boyutunda ve normal (italik veya kalın olmadan) olarak ayarlanmıştır. Kaynak bilgisi Tablo, Şekil, Grafik, Çizim, Resim vb formatını bozmayacak şekilde yazılmalı ve tüm kaynak bilgileri eksiksiz olmalıdır. Ayrıca eklenen bütün nesneler **7-Tablo ve Şekil Kaynak** sitili ile eşleştirilmelidir. Nesnelerin hepsi ortalanmış şekilde olmalıdır. Sayfa düzeninde dikey olarak sığmayan tablo ve diğer nesneler için sayfayı yataya çevirebilirsiniz.

Genel Uyarılar ve Bilgilendirme:

Bu şablonun sayfa ebatları, dipnotları, alt ve üst bilgileri değiştirilmemelidir. Alt veya üst bilgiye kesinlikle yazar bilgisi ya da başka bir içerik eklenmemelidir. Ayrıca, şablonda kesinlikle sayfa numarası eklemeyiniz. Bu kurallara uyulması, şablonun standartlarına uygun şekilde kullanılmasını sağlamak için zorunludur.

Dosya Kaydetme ve Formatları:

Hazırlanan metin, şablona uygun bir şekilde tamamlandıktan sonra hem **.docx** hem de **.pdf** formatlarında kaydedilmelidir.

- **.docx Dosyası:** Şablon üzerinde yapılan düzenlemeler, Word formatında kaydedilerek teslim edilmelidir.
- **.pdf Dosyası:** Aynı dosya, Word'den PDF formatına dönüştürülerek kaydedilmelidir. PDF'e dönüştürme sırasında şablon özelliklerinin bozulmadığından emin olunuz.

Sayfa Geçişleri ve Paragraf Düzeni:

Kesinlikle ve kesinlikle sayfalar arasında geçiş yapmak için **manuel kesme (break)** kullanılmamalıdır. Paragrafların sonunda veya sayfa geçişlerinde elle sayfa sonu verilmemeli ya da herhangi bir ek boşluk bırakılmamalıdır. Belgenin sayfa düzeni ve geçişleri, Word'ün varsayılan ayarlarına bırakılmalı, kullanıcı tarafından herhangi bir müdahalede bulunulmamalıdır.

Madde İşaretleme Kuralları:

Madde işaretlemede yalnızca şablonda tanımlı olan şu stiller kullanılmalıdır:

- **8-Madde Nokta:** Madde işaretlemelelerinde nokta (•) kullanımı için bu stil seçilmelidir.
- **9-Madde Rakam:** Madde işaretlemelelerinde rakam (1, 2, 3...) kullanımı için bu stil seçilmelidir.
- **10-Madde Harf:** Madde işaretlemelelerinde harf (a, b, c...) kullanımı için bu stil seçilmelidir.

Bu stiller dışında herhangi bir işaretleme veya özel sembol kullanmayınız. Stil dışında yapılan işaretlemeleler şablon düzenine uygun kabul edilmeyecektir.

- Deneme 1
- Deneme 1

1. Deneme 1
2. Deneme 1

Kaynakça

Geçerli belgede kaynak yok.

CHAPTER 3

EPİGENETİĞİN TARIMDAKİ ÖNEMİ

BERNA BAŞ¹

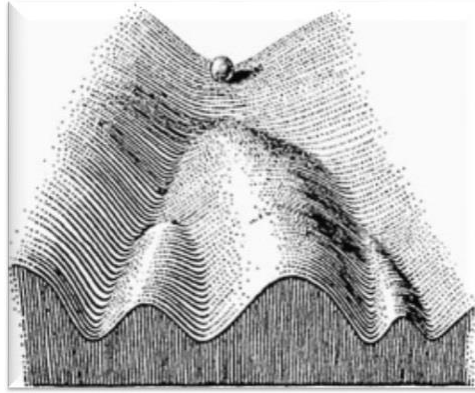
Giriş

Epigenetik terimi DNA dizisinde bir değişim olmadan, kardeş hücrelere de geçebilen gen aktivitelerindeki değişimi kapsayan olayları açıklamak için kullanılmaktadır (Weinhold, 2006). Epigenetik kelimesini ilk olarak Waddington isimli araştırmacı kullanmış olup yaptığı bir çalışmada ısı, kimyasal gibi koşulların değiştiği çevrelerde meyve sineklerinin gelişimlerinin değişimini ve bu değişimlerinde gelecek kuşaklara da geçebileceğini gözlemlemiştir (Waddington, 1942). Mendel genetiğiyle açıklanamayan bu sonuçların epigenetik düzenlemeyle yani “genlerin ötesinde anlamında” gerçekleşebileceğini ifade etmiştir. Waddington epigenetik metaforunu şekil 1 'de görüldüğü gibi betimlemiştir. Biyotik ve abiyotik streslere maruz kalan bitkiler epigenetik değişimler yoluyla bağışıklık sistemlerini güçlendirerek ve sinyal iletim mekanizmalarını çalıştırarak yeni koşullara adapte olabilmektedirler (Arnold, Kruuk & Nicotra, 2019; Bakhtiari & ark., 2019 Akhter & ark., 2021; Huang & Jin, 2022), böylece hücreler homeostazını da koruyabilmektedirler. Bitkilerde epigenetik kalıtım

¹ Doktor Öğretim Üyesi, Gaziantep Üniversitesi, Fen Edebiyat Fakültesi, Biyoloji Bölümü, Orcid: 0000-0003-2455-2849

iki şekilde gerçekleşmektedir; birincisi DNA üzerinde kodlanmayan bilgi sonraki nesillere aktarılmaktadır diğeri ise nesiller arası varyantlarda görülen bireysel düzenlemelerdeki epigenetik modifikasyonlar korunarak kalıtılmaktadır (Chachar & ark., 2022; Lloyd & Lister, 2022).

Şekil 1. Waddington 'un "epigenetic landscape" (epigenetik manzara) başlığıyla hazırladığı epigenetik metaforu. Hücresel farklılaşmayı açıklamak amacıyla hazırlanan resimde görülen top hücreyi, tepeler ve vadiler silsilesinin her biri ise hücrenin farklı bir gelişim dönemini temsil etmektedir. Top yukardan aşağı hareket ederken çeşitli çevresel faktörlerin engeliyle karşılaşacak bir vadiden diğesine iteklenecek ama top yine ilerlemesini sürdürecektir



Kaynak: (https://frontlinegenomics.com/epigenetics-and-ancestry-how-our-history-shapes-who-we-are/#:~:text=The%20term%20epigenetics%20was%20first,representing%20a%20different%20developmental%20fate)

Günümüzde tarım sektörünün en önemli sorunlarından biri de hiç şüphesiz ki küresel iklim değişiminin ürün verimliliğine olumsuz etkileridir. Artan dünya popülasyonunun gıda ihtiyacını karşılamak için gıda güvencesinin sürdürülebilir bir tarım

politikasıyla garantiye alınması gerekir. İnterdisipliner çalışmalar gerektiren epigenetik araştırmaları biyokimya, fizyoloji, genetik, biyoteknoloji gibi farklı alanların integrasyona ihtiyaç duymaktadır. Genetik varyasyondan ziyade, bitki epigenetik değişimlerin fenotipe etkisiyle ilgili bilgi kazanımı ürün gelişim sürecini hızlandırmaktadır (Merce & ark., 2020). Bitkiler biyotik/abiyotik strese maruz kalınca epigenetiğin temel mekanizmalarını oluşturan stres sinyalizasyon yollarını kullanmaktadırlar. Tarımsal ekosistemden yararlanarak kısa sürede stres dayanıklılığı ve ürün kalitesi/kantitesi ıslah edilmiş bitki çeşidi elde etmek için bitkilerin epigenetik düzenlenme mekanizmalarına dayalı projeler geliştirilebilir. Epigenetik varyasyonlar çevresel baskılara bitkinin vereceği tepkilere göre değerlendirildiği için (Meyer, 2015; Takatsuka & Umeda, 2015), kalıtımla aktarılan stres dayanıklılık mekanizması stabil olmayıp, bitkinin genetik yapısına, stres yoğunluğu ve süresine bağlı olarak değişebileceği unutulmamalıdır (Song & ark., 2021). Evrimsel süreç stabil bir moleküler temele dayalı uzun vadeli değişimi temsil eder, oysa kontrol edilemeyen ve beklenmedik stres koşullarında organizmanın hayatta kalması için kısa vadeli adaptasyon mekanizmaları elzemdir. İşte epigenetik mekanizmalar bir popülasyondan sürekli değişen çevreye en iyi adapte olabilen organizmaların seleksiyonuna olanak sağlayabilmektedir (Duarte-Aké, Us-Camas & De-la-Peña, 2023).

Stres maruziyeti sırasında bitkiler transkripsiyonu yeniden programlayarak ve transkriptomun ifade edilme düzeyini değiştirerek epigenetik değişimlere başvurmakta olup, bu değişimler de kromatinde yapısal modifikasyonlara neden olmaktadır. Dolayısıyla epigenetik düzenlenmelerin temelini oluşturan mekanizmalara DNA metilasyonu, transkripsiyon sonrası histon modifikasyonları ve non coding RNA molekülleri aracılık etmektedir (Gupta & Salgotra, 2022). Stresle teşvik edilen epigenetik değişimler enzimlerle gerçekleştirilmektedir.

Methyltransferases, demethylases, histon acetyltransferases, histon deacetylases enzimleri DNA 'ya ve histonlara metil grubu ekleyen/çıkarıcı ve histonlara acetyl grubu ekleyen/çıkarıcı en önemli enzimlerdir. Bu derleme tarımsal bitkilerin stres koşullarına adaptasyonunda epigenetik değişimlerin rolünü ve bununla bağlantılı bazı fizyolojik gelişmeleri sunmaktadır.

Bitki Epigenetik Düzenlenmenin Moleküler Mekanizması

Bitkiler strese girdikleri zaman gen ifadesinde ayarlamalar yapan epigenetik mekanizmaları kullanırlar. Genel stratejiler DNA metilasyonu, histon modifikasyonu ve LncRNA-aracılı gen susturmadır.

DNA Metilasyonu (DM) ve Bitki Gelişimine Etkileri

Metilasyon reaksiyonu bir moleküle metil (CH₃) grubunun eklenmesidir. DM sürecinde DNA üzerindeki SpG (Sitozin(phosphorous)**Guanin**) dinükleotid bölgelerinde bulunan sitozin molekülüne metil grubu eklenir, demethylation ise DNA 'dan bu metil grubunun ayrılmasıdır. Metilasyonun sonuçları fenotipte değişimlere neden olacak seviyede gen ifade düzeyleri etkilenir (Kovalchuk, 2021). Bu arada DNA metilasyonu ve histon metilasyonu karıştırılmamalıdır. DNA ve histon, her iki molekül de metilasyona uğrar ama fizyolojik sonuçları çok farklıdır. Histon metilasyonu transkripsiyonu kontrol ederken, DNA metilasyonu kalıtımla geçer ve genlerin susturulmasıyla sonuçlanır (Cuerda-Gil & Slotkin, 2016). DM gen ifadesi, gen imprinting, genomun stabilitesi, transposon elementlerin inaktivasyonu gibi olayları kontrol eder ve DM sistemi bozulduğunda anormal bitki gelişimleri gözlenir (Zhang, Lang & Zhu, 2018). Örneğin domateste *SIDML2* geni olgunlaşma sürecinde demetilasyon aracılı olayları düzenlemektedir (Lang & ark., 2017). Yüzlerce genin ifadesinden sorumlu olan ilgili gen domatesin olgunlaşma döneminde, demetilasyonla olgunlaşma faktörlerini aktif hale getirirken olgunlaşmaya-bağılı bazı genlerin de baskılanmasına neden olmaktadır. Yani süreçle ilgili genlerin bazılarının aktivasyonu-bazılarının inaktivasyonu dengesini ayarlamaktadır. DNA metilasyon olayı transkripsiyon faktörlerinin

DNA ile bağlantı kurmasına engel olur ve ilgili gen baskılanırken, demetilasyon da ise DNA üzerindeki metil grupları kaldırıldığı için, metil grupları olmayan DNA bölgelerine transkripsiyon faktörleri kolayca bağlanmakta ve böylece transkripsiyon aktif hale geçmektedir. Yukardaki domates örneğinde olduğu gibi olgunlaşmaya-bağı DNA demetilasyonu dönemsel olup olgunlaşma süreci tamamlandıktan sonra demetilasyon düzeyi azalmaktadır. Melez bitki örneklerinde DNA sekans değişimine dayalı yeni varyant seleksiyonu, epigenetik değişimlerden beklenmez. Ancak yine de özellikle gen ifadesini düzenleyen cis-elementlerinin (promoterde bulunan kodlanmayan bölgeler) metilasyon/demetilasyon dengesi değiştirilerek yeni fenotipler elde edilebilir. Diğer bir ifadeyle epigenetik düzenlenmeyle aynı genlerin aktivasyon/inaktivasyonu değiştirilmek suretiyle yeni kombinasyonlar ortaya çıkarılabilir (Tonosaki & ark., 2022).

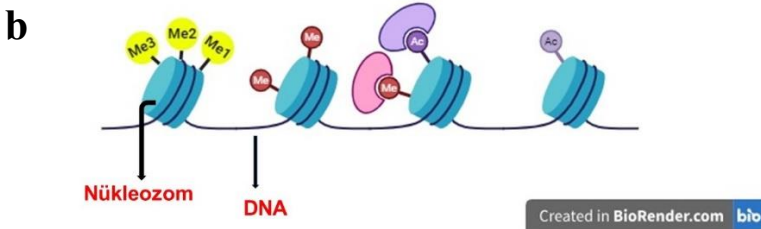
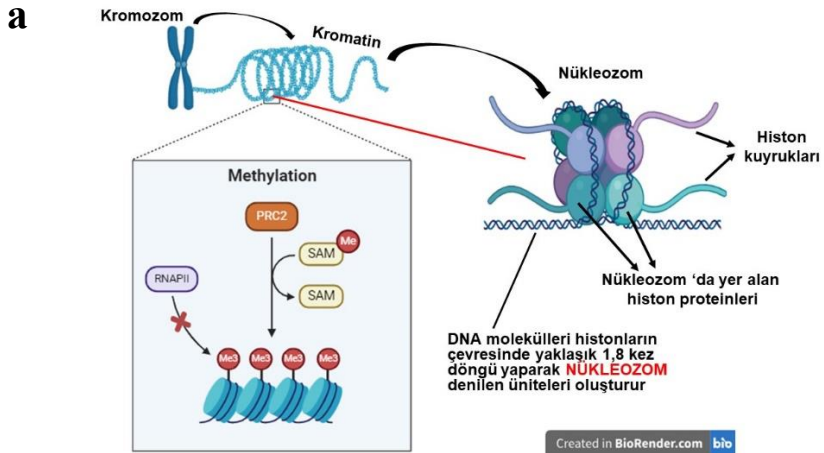
Kavramları somutlaştırmak için DNA, kromatin, histon bağlantılarının basit modüler yapısı şekil 2 'de verilmiştir. Eukaryotik kromozomlar, kromatin fibrillerinin yoğunlaşmasıyla oluşan kapalı kompakt bir yapıya sahiptirler. Kromozomların yapısında yer alan DNA molekülleri belli bir düzen içinde histon proteinleriyle bağlanırlar, 8 adet histon proteini oktamere yapı oluşturur bu oktamerin çevresinde uzun DNA iplikçikleri yaklaşık 1,8 kez dönerek nükleozom denilen alt birimi meydana getirirler (Luger & ark., 1997). Yani kromatin yapı protein ve DNA 'nın oluşturduğu alt ünite olan nükleozomlardan meydana gelmiştir, kromozom ise kromatinin daha çok yoğunlaşmasıyla oluşan bir yapıdır.

Elma 'da yüksek soğuklama koşullarında metilasyon azalmış hemen ardından bitki normal gelişme ve meyve tutumu göstermiş (Kumar, Rattan & Singh, 2016), *Arabidopsis* 'te yüksek tuzluluk metilasyonu azaltırken demetilasyon düzeyini yükseltmiş (Zemach & ark., 2013), çeltikte tuz stresi kök DNA metilasyonunda önemli değişimlere neden olurken yapraklarda metilasyon değişimi düşük seviyede kalmış (Wang & ark., 2015), yine çeltikle ilgili yapılan başka bir çalışmada genomun bazı bölgelerinde hipometilasyon ve hipermetilasyon birlikte gelişmiş (Pathak & ark., 2021), *Arabidopsis* 'te *Pseudomonas syringae* enfeksiyonuna karşı bitki savunma genleri

tetiklenecek şekilde DM deęiřmiř (L3pez S3nchez & ark., 2016), mısıır bitkilerinde *ZmMRP4* gen metilasyonu tohumda inorganik fosfatın miktarının y3kselmesine neden olurken (Pilu & ark., 2009) *pl* gen metilasyonu ise renk oluřumunu azaltmıřtır (Cocciolone & ark., 2001).

Temel gıdalardan olan buędayda klasik ıřlahla yeni varyant eldesi uzun s3rmektedir. Son yapılan bir arařtırmada buędayda epigenetik olarak kontrol edilen 3zelliklere dayalı ıřlahla yeni bir fenotipin ortaya 3ıkıřını kolaylařtırmak amacıyla metiltransferaz inhibit3r3 olan zebularine (Zeb) ile DNA metilasyonu yıkıma uęratılmıřtır (Finnegan & ark., 2025). Buęday verimi 3zerinde 3nemli parametrelerden olan 3i3ek salkım geliřimi, bařak3ık yoęunluęu dolayısıyla dane hacmi ve sayısının 3nemli oranda deęiřtięi, bařak3ık yoęunluęunun artıř nedeni olarak stres adaptasyon geni Q 'nın transkript miktarındaki artmıřtan kaynaklandıęı, ancak bu geliřmelerle birlikte trizomi, telosentrik kromozom oluřumu gibi kromazomal hasarların da meydana gelmesinden dolayı epi-ıřlah i3in Zeb 'in uygun bir se3im olmadıęı rapor edilmiřtir. Buędayla ilgili yapılan dięer 3alıřmada tuz stresi kořullarında geliřtirilen buędayların yeřil aksamına yapılan silikon uygulamasının epigenetik ve fizyolojik reaksiyonları test edilmiřtir (Tobiasz-Salach & ark., 2024). Elde edilen sonu3lara g3re NaCl stresine maruz kalan buędaylarda SiO₂ g3bresi tuz stresini yatıřtırmakta, uygulanan silikon konsantrasyonuna baęlı olarak metilasyon seviyesi deęiřmekte ve silikon muamelesiyle bitki stresle m3cadele yeteneęini geliřtirmek amacıyla fizyolojik ve biyokimyasal reaksiyonları d3zenlemektedir.

Şekil 2. a)Kromatinde yer alan nükleozomun modüler yapısı. b)Nükleozomda histonlar 1 veya 2 veya 3 metil grubu alabilir, metilasyon hem DNA hem nokleozomda görülür ve DNA 'nın veya genlerin susmasıyla sonuçlanır, demetilasyon ise bunun zıt yönünde hareket eder. Asetilasyon ise histonların açılmasını sağlar ve gen ifadesini artırır, deasetilasyonda ters yönde işleyerek genlerin baskılanması yönünde çalışır



Kaynak: Şekil BioRender programıyla yazar tarafından oluşturulmuştur

Histon Metilasyonu (HM)

Histon metilasyonu, nükleozomu oluşturan histon proteinlerindeki amino asitlere metil grubunun aktarılmasıyla ilgili bir reaksiyondur. Histonların elektrostatik özelliğini etkilemeyen HM (Ueda & Seki, 2020), transkripsiyonu hem azaltabilir hem de artırabilir (Swygert & Peterson, 2014). Metilasyonun hangi amino asitlerde gerçekleşeceğine ve kaç adet metil grubunun transfer edileceğine veya metil grubunun ayrılacağına (demetilasyon) bağlı olarak, ilgili proteinlerde translasyon sonrası değişim olup-olmayacağı ve transkripsiyonun seviyesi HM ile düzenlenmektedir (Tsukada & ark., 2006; Xu & ark., 2017; Zhao, Zhan & Jiang, 2019).

Çeltikte SDG724 gen bölgesine ait histon metilasyonu çiçeklenmeyi teşvik etmekte olup ilgili gende görülen mutasyon fonksiyon kayıplarına neden olmakta ve çiçeklenme gecikmektedir (Sun & ark., 2012). Kolza 'da *FLOWERING LOCUS C* kromatininde histon metilaz enzimini kodlayan gen *BrSDG8* 'de görülen mutasyon erken çiçeklenmeye neden olmakta ve yapraklı baş oluşumu, tohum verimi gibi özellikler etkilenmektedir (Fu & ark., 2020). Çiçeklenmeye geçiş süreci ve süresi önemli tarımsal özelliklerdir. Kolzayla ilgili yapılan başka bir çalışmada çiçeklenme dönemine geçişi kontrol eden *BrA REF6* ve *BrA ELF6* genleri H3K27 histonun metilasyon düzeyini ayarlamaktadır (Poza-Viejo & ark., 2022). Mutant analiz sonuçlarına göre *BrA REF6* gen mutasyonunda çiçeklenme gen ifadesi değişmediği için çiçeklenme ertelenmiş, *BrA ELF6* gen mutasyonunda ise H3K27 demetilasyonu yükselmiş ve çiçeklenmenin erken geliştiği rapor edilmiştir. Histon metilasyonu karmaşık bir olay olup metilasyonun derecesine bağlı olarak gen ifadesi ya baskılanmakta ya da aktif hale geçmektedir.

Histon Asetilasyonu (HA) ve Deasetilasyonu (HD)

Araştırma sonuçları göstermiştir ki, dinamik bir yapıya sahip olan histonlar çevresel değişkenlerin etkisi altındadır. Histon asetilasyon veya deasetilasyonu histon proteinlerindeki amino asitlere asetil grubunun (-COCH₃) eklenmesi veya çıkarılmasıdır, reaksiyon histon acetyltransferases veya histon deacetylases enzimleriyle gerçekleştirilir (Kumar, Thakur & Prasad, 2021). Negatif yüklü asetil grupları histonun kuyruk bölgesindeki pozitif

yüklü lizin ve arjinin amino asitlerinin + yük özelliğini azaltarak nötralize eder ve hidrofobik bir çevre oluşturur (Onufriev & Schiessel, 2019). Sonuçta histon ile negatif yüklü DNA arasındaki ilgi azalarak kapalı durumdaki kromatin açık duruma geçer (Li S & ark., 2019). Böylece ilgili genlerin promoter bölgelerine çeşitli transkripsiyon faktörleriyle RNA polimeraz enzimleri bağlanarak transkripsiyon başlatılır. Özet olarak asetilasyon reaksiyonu moleküllerin elektrik yük özelliğini etkileyen bir prosestir. Bu nedenle histon asetilasyonu DNA ile histon molekülleri arasındaki interaksyonu güçlendirerek DNA 'nın kapalı konumda olmasına neden olacak ve gen transkripsiyonu azalacak veya duracaktır. Histon deasetilasyonu ise ters yönde işleyerek DNA-histon bağlarını gevşeterek ilgili DNA bölgesini aktif hale getirecektir.

Histon Modifikasyonlarının Bitki Gelişimine Etkileri

Sert çevre koşullarında tarım bitkilerinin histon modifikasyonlarıyla kromatin ve gen ifade düzeyindeki değişim mekanizmalarını ilgilendiren araştırma çalışmaları az sayıda mevcut olup, çoğunluğu derleme makalelerdir. Translasyon sonrası histon modifikasyonları genellikle metilasyon ve asetilasyon üzerine kurgulanmış olup aslında histon fosforilasyon, ADP-ribosilasyon, ubiquitinasyon, suksinilasyon, butirilasyon diğer modifikasyon çeşitleridir (Huang & ark., 2014). Ancak bunların mekanizmasıyla ilgili deneysel çalışmalar çok azdır, bazıları bitkilerde henüz ele alınmamıştır.

Bitkiler bir strese maruz kaldığı zaman hangi mekanizmayı kullanabileceklerine karar verebilecek hafızaya sahiptirler (yada buna sistem de denilebilir), dolayısıyla bitkiler geçici veya daimi olarak epiallel denilen epigenetik stres hafızası yaratabilecek kabiliyete sahiptirler (Herrera, Medrano & Bazaga, 2016; Springer & Schmitz, 2017; Schmid & ark., 2018; Sudan, Raina & Singh, 2018; Kumar & Rani, 2023).

Çeltikte GTP-bağlı proteini kodlayan *epid1* alleli bodurlaşmaya neden olmaktadır, *d1* (Dwarf1) geni DNA demetilasyonu ve histon asetilasyonu ile birlikte aktiflendiği zaman bitki boy/şekil düzenini tekrar ayarlayarak normal gelişim göstermektedir (Miura & ark., 2009). Yine çeltikte epigenetik

değişimlerle *OsSPL14* epiallel gen ifadesi artmakta ve sonuçta salkım dallanması ve dane verimi de artış göstermektedir (Miura & ark., 2010), histon asetilasyonu ile *WOX11* geni kök gelişiminin düzeniyle (Zhou & ark., 2017) ve *PGL2* geni de dane uzunluğu, ağırlığı, toplam hasılat artışıyla ilişkilendirilmiştir (Song & ark., 2015). Soya fasulyesinde epigenetik regülasyon sistemiyle ilgili *MSH1* gen hattına sahip çeşitle yabancı çeşit çaprazlanmış ve elde edilen epi-varyantın çevresel faktörlerden daha az etkilendiği ve ürün stabilitesinin de iyileştirildiği rapor edilmiştir (Raju & ark., 2018). Kurak koşullarda mısır bitkilerinde histon asetilasyonu artarak epigenetik reaksiyonlar gelişmekte ve bitkiyi susuzluk stresine dayanıklı hale getirmektedir (Li & ark., 2021). Mısır bitkilerinde histon deasetilaz geni *HDA108* nükleusta, H3K9 histon metilasyonunu azaltarak ve H3/H4 histon asetilasyonunu artırarak bitkinin boy, yaprak gelişimi ve fertilitatesini etkilemektedir (Forestan & ark., 2018). *HDA101* histon deasetilaz geninin fazla miktarda ifade olması asetile olan histonların miktarını etkilemekte ve mısır bitkilerinde morfolojik ve gelişimsel kusurlara neden olmaktadır (Rossi & ark., 2007). *HDA101* geni baskılayıcı proteinlerle interaksiyona girince hedef-gen bölgesinde hipoasetilasyona neden olmakta fakat transkript seviyesi etkilenmemektedir (Varotto & ark., 2003). Ancak bunun sonucunda mısır koçanlarında dane hacmi etkilenmektedir. *HDA101*, bazı inaktif genleri hedef almakta ve hiperasetilasyona neden olmaktadır, böylece inaktif genlerin ifadesi de artmaktadır (Yang & ark., 2016). *Arabidopsis thaliana* 'da trichostatin A uygulaması histon deasetilaz enzimini inhibe etmekte ve *Botrytis cinerea* fungal patojen dayanıklılık artışı gelişmektedir (Hu & ark., 2019). Belirtilen bu ve benzeri epi-karakter özellikler kullanılarak DNA sekans dizi değişimi olmadan stres elastikiyeti yükseltilmiş bitki seleksiyonu sürdürülebilir eko-tarım sistemleri için önemli potansiyele sahiptir.

LncRNA 'ların Epigenetik Değişimlerdeki Rolü

Epigenetik düzenlenme sırasında LncRNA 'lar gen aktivasyonu için epigenetik regülatörlerle direkt bağlantı kurmakta ve bu epigenetik regülatörlerle transkripsiyonu takip etmektedir (Yang & ark., 2023). Tuz stres adaptasyonunda soya bitkisinin köklerinde DNA metilasyonu ile LincRNA ve LncNAT transkript

seviyesi yükselmiş (Chen & ark., 2019), kurak koşullarda çeltikte DNA metilasyon yoluyla kuraklığa özgü 271 adet yeni LncRNA transkript örnekleri rapor edilmiştir (Li P & ark., 2019). Benzer şekilde *Arabidopsis* 'te oksin biyosentezi, bir LncRNA olan APOLO transkriptleri aracılığıyla DNA ve histon metilasyonu düzenlenerek ayarlanmaktadır (Fonouni-Farde & ark., 2022). Sunulan örnekler epigenetik düzenleyicilerin gen ifadesindeki önemini ortaya koymaktadır.

Tarımda Epigenetik Uygulamaların Zorlukları

Araştırma sonuçlarından edinilen epigenetik mekanizmaya dayalı stres özellikleri ıslah edilmiş varyantların pratik uygulamalara transferinde bazı dezavantajlar bulunmaktadır. Son derece karmaşık mekanizmalara sahip olan epigenetik özellikler bitkinin doku, gelişim dönemi ve çevresel değişkenlerden etkilendiği için çok fazla testleme yapılması gerekir. Bu karmaşık mekanizmalar DNA metilasyonu, histon modifikasyonları ve ncRNA arasındaki interaksiyonların etkisiyle ilgilidir. Ancak daha az çalışılan ubikitinasyon, suksinilasyon, butrilasyon vb reaksiyonların metilasyon ve asetilasyon/deasetilasyon modifikasyonlarıyla bağlantıları ve bunların bitki üzerindeki etkisi çok az bilinmektedir. Kısacası epigenetik düzenlenme çok geniş ve karmaşık bir ağ sistemine sahiptir. Epigenom çalışmalarında standart teknikler bulunmamaktadır.

Bir stres faktörüne dayanıklı olan bir bitki varyantı farklı bir stresle karşılaşınca tepkisi de değişebilmektedir. Bu nedenle özellikle tarımsal bitki ıslah çalışmalarında güvenilir metodlar geliştirmek için, epi-karakterlerin generasyonlar arası geçiş dinamikleri ve stabilitesinin çok iyi bilinmesi gerekir (Li & ark., 2023). Epigenetik mekanizmalara dayalı yapılan seleksiyon çalışmaları az sayıda tarım bitkileriyle sınırlıdır. Her bir bitki çeşidi kendine özgü genom ve epigenom karakterlere sahiptir. Bir bitkiden elde edilen bulguların/bilgilerin diğer bitkilere transfer edilememesi standart bir epigenetik mekanizma geliştirmede ki en önemli zorluklardan birisidir. Stres toleranslığıyla ilgili tarım bitkilerinin epi-ıslah çalışmalarında ele alınacak ilgili bitkinin üç değişkeni arasındaki interaksiyon mutlaka dikkate alınmalıdır, bunlar;

1)bitkinin genleri veya genetik özellikleri

2)bu genlerin epigenetik düzen mekanizmaları

3)farklı bölgelerde ve farklı mevsimlerde karşılaşılan stresler arasındaki interaksiyon çok iyi çalışılmalıdır

Sonuç

Dinamik bir yapıya sahip olan histon modifikasyonları ekstrem abiyotik koşullarda çok farklı metilasyon örnekleri göstermektedir. Epigenetik regülatör ağ sistemindeki stres tepkileri ortaya çıkarıldıkça stres elastikiyeti yüksek bitki varyantlarının da seleksiyonu mümkün olabilecektir. Epigenetik modifikasyonların kalıtımı DNA sekanslarında bir değişim olmaksızın gelecek nesillere de aktarılacağı için yeni kuşaklardaki bireylerin de stres adaptasyonlarına yardım edecektir (Quadrana & Colot, 2016).

Genellikle epigenetik mekanizmalara ait çalışmalar *Arabidopsis* üzerindeki araştırmalardan elde edilmekle beraber, çeltik, kolza, mısır, soya fasulyesi, domates gibi tarım ürünlerinde de önemli araştırma bulguları mevcuttur. Araştırma bulgularından pratik uygulamalara geçişte henüz standart tekniklerin olmayışı, çevresel değişkenlere bağlı olarak epi-özelliklerin elastikiyeti, henüz deneyimli araştırmacı yetersizliği gibi engeller epigenetiğe dayalı uniform çözümü zorlaştırmaktadır.

Tarımsal bitki ıslahında halen klasik genetik kurallarına dayandırılan yaklaşıma odaklanılmaktadır. Oysa epigenetik bilgiye dayalı epigenetik bileşenlerle tarımsal ıslah çalışmaları, ürün gelişiminde yeni fırsatlar sunabilir.

Kaynakça

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, 1096.

Arnold, P. A., Kruuk, L. E. B. & Nicotra, A. B. (2019). How to analyse plant phenotypic plasticity in response to a changing climate. *The New Phytologist*, 222, 1235-1241.

Bakhtiari, M., Formenti, L., Caggia, V., Glauser, G. & Rasmann, S. (2019). Variable effects on growth and defense traits for plant ecotypic differentiation and phenotypic plasticity along elevation gradients. *Ecology and Evolution*, 9(7), 3740-3755. Doi: 10.1002/ece3.4999

Chachar, S., Chachar, M., Riaz, A., Shaikh, A. A., Li, X., Li, X., Guan, C. & Zhang, P. (2022). Epigenetic modification for horticultural plant improvement comes of age. *Scientia Horticulturae*, 292, 110633.

Chen, R., Li, M., Zhang, H., Duan, L., Sun, X., Jiang, Q., Zhang, H. & Hu, Z. (2019). Continuous salt stress-induced long non-coding RNAs and DNA methylation patterns in soybean roots. *BMC genomics*, 20 (1), 730. Doi: 10.1186/s12864-019-6101-7

Cocciolone, S. M., Chopra, S., Flint-Garcia, S. A., McMullen, M. D. & Peterson, T. (2001). Tissue-specific patterns of a maize Myb transcription factor are epigenetically regulated. *Plant J.* 27, 467–478. doi: 10.1046/j.1365-313x.2001.01124.x

Cuerda-Gil, D. & Slotkin, R. K. (2016). Non-canonical RNA-directed DNA methylation. *Nature Plants*, 2 (11):16163. doi: 10.1038/nplants.2016.163

Duarte-Aké, F., Us-Camas, R. & De-la-Peña, C. (2023). Epigenetic Regulation in Heterosis and Environmental Stress: The Challenge of Producing Hybrid Epigenomes to Face Climate Change. *Epigenomes*, 7 (3), 14.

Finnegan, E. J., Crisp, P. A., Zhang, P., Eglitis-Sexton, J., Greenwood, J., Hintzsche, J., Li, J., Taylor, J., Wallace, X. & Swain, S. (2025). Testing the potential of zebularine to induce heritable changes in crop growth and development. *Theoretical and Applied Genetics*, 138 (1), 1-19. Doi: 10.1007/s00122-024-04799-3

Forestan, C., Farinati, S., Rouster, J., Lassagne, H., Lauria, M., Dal Ferro, N. & Varotto, S. (2018). Control of Maize Vegetative and Reproductive Development, Fertility, and rRNAs Silencing by *HISTONE DEACETYLASE 108*. *Genetics*, 208 (4), 1443-1466. Doi: 10.1534/genetics.117.300625

Fonouni-Farde, C., Christ, A., Blein, T., Legascue, M. F., Ferrero, L., Moison, M., Lucero, L., Ramírez-Prado, J. S., Latrasse, D., Gonzalez, D., Benhamed, M., Quadrana, L., Crespi, M. & Ariel, F. (2022). The Arabidopsis APOLO and human UPAT sequence-unrelated long noncoding RNAs can modulate DNA and histone methylation machineries in plants. *Genome Biology*, 23 (1), 181. Doi: 10.1186/s13059-022-02750-7

Fu, W., Huang, S., Gao, Y., Zhang, M., Qu, G., Wang, N., Liu, Z. & Feng, H. (2020). Role of BrSDG8 on bolting in Chinese cabbage (*Brassica rapa*). *Theoretical and Applied Genetics*, 133 (10), 2937-2948. Doi: 10.1007/s00122-020-03647-4

Gupta, C., & Salgotra, R. K. (2022). Epigenetics and its role in effecting agronomical traits. *Frontiers in Plant Science*, 13, 925688.

Herrera, C. M., Medrano, M. & Bazaga, P. (2016). Comparative spatial genetics and epigenetics of plant populations: heuristic value and a proof of concept. *Molecular Ecology*, 25 (8), 1653-1664. Doi: 10.1111/mec.13576

Hu, Y., Lu, Y., Zhao, Y. & Zhou, D. X. (2019). Histone Acetylation Dynamics Integrates Metabolic Activity to Regulate Plant Response to Stress. *Frontiers in Plant Science*, 10, 1236. Doi: 10.3389/fpls.2019.01236

Huang, H., Sabari, B. R., Garcia, B. A., Allis, C. D. & Zhao, Y. (2014). SnapShot: histone modifications. *Cell*, 159, 458–458.e1.

Huang, C.-Y. & Jin, H. (2022). Coordinated epigenetic regulation in plants: A potent managerial tool to conquer biotic stress. *Frontiers of Plant Science*, 12, 795274.

Kovalchuk, I. (2021). Role of DNA methylation in genome stability. In *Genome Stability* (pp. 435-452). Academic Press.

Kumar G, Rattan U. K. & Singh, A. K. (2016) Chilling-Mediated DNA Methylation Changes during Dormancy and Its Release Reveal the Importance of Epigenetic Regulation during Winter Dormancy in Apple (*Malus x domestica* Borkh.). *PLoS ONE*, 11 (2), e0149934. Doi: 10.1371/journal.pone.0149934

Kumar, V., Thakur, J. K. & Prasad, M. (2021). Histone acetylation dynamics regulating plant development and stress responses. *Cellular and Molecular Life Sciences*, 78, 4467-4486. Doi: 10.1007/s00018-021-03794-x

Kumar, M. & Rani, K. (2023). Epigenomics in stress tolerance of plants under the climate change. *Molecular Biology Reports*, 50 (7), 6201-6216. Doi: 10.1007/s11033-023-08539-6

Lang, Z., Wang, Y., Tang, K., Tang, D., Datsenka, T., Cheng, J., Zhang, Y., Handa, A. K. & Zhu, J. K. (2017). Critical roles of DNA demethylation in the activation of ripening-induced genes and inhibition of ripening-repressed genes in tomato fruit. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 114 (22), E4511–E4519. <https://doi.org/10.1073/pnas.1705233114>

Li, P., Yang, H., Wang, L., Liu, H., Huo, H., Zhang, C., Liu, A., Zhu, A., Hu, J., Lin, Y. & Liu, L. (2019). Physiological and Transcriptome Analyses Reveal Short-Term Responses and Formation of Memory Under Drought Stress in Rice. *Frontiers in Genetics*, 10, 55. Doi: 10.3389/fgene.2019.00055

Li, S., Lin, Y. J., Wang, P., Zhang, B., Li, M., Chen, S., Shi, R., Tunlaya-Anukit, S., Liu, X., Wang, Z., Dai, X., Yu, J., Zhou, C., Liu, B., Wang, J. P., Chiang, V. L. & Li, W. (2019). The AREB1 Transcription Factor Influences Histone Acetylation to Regulate Drought Responses and Tolerance in *Populus trichocarpa*. *The Plant Cell*, 31 (3), 663-686. Doi: [10.1105/tpc.18.00437](https://doi.org/10.1105/tpc.18.00437)

Li, S., He, X., Gao, Y., Zhou, C., Chiang, V. L. & Li, W. (2021). Histone Acetylation Changes in Plant Response to Drought Stress. *Genes*, 12 (9), 1409. Doi: [10.3390/genes12091409](https://doi.org/10.3390/genes12091409)

Li, Y., Mo X., Xiong J., Huang K., Zheng M., Jiang Q., Su G., Ou Q., Pan H. & Jiang C. (2023). Deciphering the probiotic properties and safety assessment of a novel multi-stress-tolerant aromatic yeast *Pichia kudriavzevii* HJ2 from marine mangroves. *Food Bioscience*, 56, 103248. Doi: 10.1016/j.fbio.2023.103248.

Lloyd, J. P. B. & Lister, R. (2022). Epigenome plasticity in plants. *Nature Reviews. Genetics*, 23, 55-68. Doi: [10.1038/s41576-021-00407-y](https://doi.org/10.1038/s41576-021-00407-y)

López Sánchez, A., Stassen, J. H., Furci, L., Smith, L. M. & Ton, J. (2016). The role of DNA (de) methylation in immune responsiveness of Arabidopsis. *The Plant Journal*, 88 (3), 361-374.

Luger, K., Mader, A. W., Richmond, R. K., Sargent, D. F. & Richmond, T. J. (1997). Crystal structure of the nucleosome core particle at 2.8 Å resolution. *Nature*, 389, 251-260. doi: 10.1038/38444

Mercede, C., Bayer, P. E., Fernandez, C. T., Batley, J. & Edwards, D. (2020). Induced methylation in plants as a crop improvement tool: Progress and perspectives. *Agronomy*, 10, 1484. doi: 10.3390/agronomy10101484

Meyer, P. (2015). Epigenetic variation and environmental change. *Journal of Experimental Botany*, 66, 3541-3548. Doi: 10.1093/jxb/eru502

Miura, K., Agetsuma, M., Kitano, H., Yoshimura, A., Matsuoka, M., Jacobsen, S. E. & Ashikari, M. (2009). A metastable DWARF1 epigenetic mutant affecting plant stature in rice. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 106 (27), 11218-11223. Doi: [10.1073/pnas.0901942106](https://doi.org/10.1073/pnas.0901942106)

Miura, K., Ikeda, M., Matsubara, A., Song, X. J., Ito, M., Asano, K., Matsuoka, M., Kitano, H. & Ashikari, M. (2010). OsSPL14 promotes panicle branching and higher grain productivity in rice. *Nature Genetics*, 42 (6), 545-549. Doi: 10.1038/ng.592

Onufriev, A. V. & Schiessel, H. (2019). The nucleosome: From structure to function through physics. *Current Opinion in Structural Biology*, 56, 119-130. Doi: 10.1016/j.sbi.2018.11.003

Pathak, H., Kumar, M., Molla, K. A. & Chakraborty, K. (2021). Abiotic stresses in rice production: impacts and management. *Oryza*, 58, 103-125. Doi: 10.35709/ory.2021.58.spl.4

Pilu, R., Panzeri, D., Cassani, E., Cerino Badone, F., Landoni, M. & Nielsen, E. A. (2009). Paramutation phenomenon is involved in the genetics of maize low phytic acid1–241 (*lpa1–241*) trait. *Heredity*, 102, 236-245. doi: 10.1038/hdy.2008.96

Poza-Viejo, L., Payá-Milans, M., San Martín-Uriz, P., Castro-Labrador, L., Lara-Astiaso, D., Wilkinson, M. D., Piñeiro, M., Jarillo, J. A. & Crevillén, P. (2022). Conserved and distinct roles of H3K27me3 demethylases regulating flowering time in *Brassica rapa*. *Plant, Cell & Environment*, 45 (5), 1428-1441. Doi: 10.1111/pce.14258

Quadrana, L. & Colot, V. (2016). Plant transgenerational epigenetics. *Annual Review of Genetics*, 50 (1), 467-491.

Raju, S. K. K., Shao, M. R., Sanchez, R., Xu, Y. Z., Sandhu, A., Graef, G. & Mackenzie, S. (2018). An epigenetic breeding system in soybean for increased yield and stability. *Plant Biotechnology Journal*, 16 (11), 1836-1847. Doi: 10.1111/pbi.12919

Rossi, V., Locatelli, S., Varotto, S., Donn, G., Pirona, R., Henderson, D. A., Hartings, H. & Motto, M. (2007). Maize histone deacetylase *hda101* is involved in plant development, gene transcription, and sequence-specific modulation of histone modification of genes and repeats. *The Plant Cell*, 19 (4), 1145-1162. Doi: 10.1105/tpc.106.042549

Schmid, M. W., Heichinger, C., Coman Schmid, D., Guthörl, D., Gagliardini, V., Bruggmann, R., Aluri, S., Aquino, C., Schmid, B., Turnbull, L. A. & Grossniklaus, U. (2018). Contribution of epigenetic variation to adaptation in *Arabidopsis*. *Nature communications*, 9 (1), 4446. Doi: 10.1038/s41467-018-06932-5

Song, X. J., Kuroha, T., Ayano, M., Furuta, T., Nagai, K., Komeda, N., Segami, S., Miura, K., Ogawa, D., Kamura, T., Suzuki, T., Higashiyama, T., Yamasaki, M., Mori, H., Inukai, Y., Wu, J., Kitano, H., Sakakibara, H., Jacobsen, S. E. & Ashikari, M. (2015). Rare allele of a previously unidentified histone H4 acetyltransferase enhances grain weight, yield, and plant biomass in rice. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 112 (1), 76-81. Doi: 10.1073/pnas.1421127112

Song, Z. T., Zhang, L. L., Han, J. J., Zhou, M. & Liu, J. X. (2021). Histone H3K4 methyltransferases SDG25 and ATX1 maintain heat-stress gene expression during recovery in *Arabidopsis*. *The Plant Journal*, 105 (5), 1326-1338.

Springer, N. M. & Schmitz, R. J. (2017). Exploiting induced and natural epigenetic variation for crop improvement. *Nature Reviews. Genetics*, 18 (9), 563-575. Doi: 10.1038/nrg.2017.45

Sudan, J., Raina, M. & Singh, R. (2018). Plant epigenetic mechanisms: role in abiotic stress and their generational heritability. *3 Biotech*, 8 (3), 172. Doi: 10.1007/s13205-018-1202-6

Sun, C., Fang, J., Zhao, T., Xu, B., Zhang, F., Liu, L., Tang, J., Zhang, G., Deng, X., Chen, F., Qian, Q., Cao, X. & Chu, C. (2012). The histone methyltransferase SDG724 mediates H3K36me2/3 deposition at MADS50 and RFT1 and promotes flowering in rice. *The Plant Cell*, 24 (8), 3235-3247. Doi: 10.1105/tpc.112.101436

Swygert, S. G. & Peterson, C. L. (2014). Chromatin dynamics: Interplay between remodeling enzymes and histone modifications. *Biochimica et Biophysica Acta*, 1839, 728-736. Doi: 10.1016/j.bbagr.2014.02.013

Takatsuka, H. & Umeda, M. (2015). Epigenetic control of cell division and cell differentiation in the root apex. *Frontiers of Plant Science*, 6, 1178. Doi: 10.3389/fpls.2015.01178

Tobiasz-Salach, R., Stadnik, B., Mazurek, M., Buczek, J. & Leszczyńska, D. (2024). Foliar Application of Silicon Influences the Physiological and Epigenetic Responses of Wheat Grown Under Salt Stress. *International journal of molecular sciences*, 25 (24), 13297. Doi: 10.3390/ijms252413297

Tonosaki, K., Fujimoto, R., Dennis, E. S., Raboy, V. & Osabe, K. (2022). Will epigenetics be a key player in crop breeding?. *Frontiers in Plant Science*, 13, 958350. Doi: 10.3389/fpls.2022.958350.

Tsukada, Y. I., Fang, J., Erdjument-Bromage, H., Warren, M. E., Borchers, C. H., Tempst, P. & Zhang, Y. (2006). Histone

demethylation by a family of JmjC domain-containing proteins. *Nature*, 439 (7078), 811-816. Doi: 10.1038/nature04433

Ueda, M. & Seki, M. (2020). Histone modifications form epigenetic regulatory networks to regulate abiotic stress response. *Plant Physiology*, 182, 15-26. Doi: 10.1104/pp.19.00988

Varotto, S., Locatelli, S., Canova, S., Pipal, A., Motto, M. & Rossi, V. (2003). Expression profile and cellular localization of maize Rpd3-type histone deacetylases during plant development. *Plant Physiology*, 133 (2), 606-617. Doi: 10.1104/pp.103.025403

Wang, W., Huang, F., Qin, Q., Zhao, X., Li, Z. & Fu, B. (2015). Comparative analysis of DNA methylation changes in two rice genotypes under salt stress and subsequent recovery. *Biochemical and Biophysical Research Communications*, 465 (4), 790-796.

Waddington, C. H. (1942). The epigenotype. *Endeavour*, 1, 18-20.

Weinhold, B. (2006). Epigenetics: the science of change. *Environmental health perspectives*, 114(3), A160-A167. Doi: [10.1289/ehp.114-a160](https://doi.org/10.1289/ehp.114-a160)

Xu, Y., Zhang, S., Lin, S., Guo, Y., Deng, W., Zhang, Y. & Xue, Y. (2017). WERAM: a database of writers, erasers and readers of histone acetylation and methylation in eukaryotes. *Nucleic Acids Research*, 45 (D1), D264–D270. Doi: 10.1093/nar/gkw1011

Yang, H., Liu, X., Xin, M., Du, J., Hu, Z., Peng, H., Rossi, V., Sun, Q., Ni, Z. & Yao, Y. (2016). Genome-Wide Mapping of Targets of Maize Histone Deacetylase HDA101 Reveals Its Function and Regulatory Mechanism during Seed Development. *The Plant Cell*, 28 (3), 629-645. Doi: 10.1105/tpc.15.00691

Yang, W., Bai, Q., Li, Y., Chen, J. & Liu, C. (2023). Epigenetic modifications: Allusive clues of lncRNA functions in plants. *Computational and structural biotechnology journal*, 21, 1989-1994. Doi: 10.1016/j.csbj.2023.03.008

Zemach, A., Kim, M. Y., Hsieh, P. H., Coleman-Derr, D., Eshed-Williams, L., Thao, K., Harmer, S. L. & Zilberman, D. (2013). The Arabidopsis nucleosome remodeler DDM1 allows DNA methyltransferases to access H1-containing heterochromatin. *Cell*, 153 (1), 193-205. Doi: 10.1016/j.cell.2013.02.033

Zhang, H., Lang, Z. & Zhu, J. K. (2018). Dynamics and function of DNA methylation in plants. *Nature Reviews in Molecular Cell Biology*, 19, 489-506. Doi: 10.1038/s41580-018-0016-z

Zhao, T., Zhan, Z. & Jiang, D. (2019). Histone modifications and their regulatory roles in plant development and environmental memory. *Journal of Genetics and Genomics*, 46, 467-476. Doi: 10.1016/j.jgg.2019.09.005

Zhou, S., Jiang, W., Long, F., Cheng, S., Yang, W., Zhao, Y. & Zhou, D. X. (2017). Rice Homeodomain Protein WOX11 Recruits a Histone Acetyltransferase Complex to Establish Programs of Cell Proliferation of Crown Root Meristem. *The Plant Cell*, 29 (5), 1088-1104. Doi: 10.1105/tpc.16.00908

