



BİTKİLERDE BİYOÇEŞİTLİLİĞİN GENETİK TEMELLERİ

GENETIC SOURCES OF BIODIVERSITY IN PLANTS

Kamil HALİLOĞLU

BİTKİLERDE BİYOÇEŞİTLİLİĞİN GENETİK TEMELLERİ

Kamil HALILOĞLU
Atatürk Üniversitesi

Özet

Biy çeşitliliğin yapı taşlarından bir tanesi genetik çeşitlilik tir. Genetik çeşitlilik bitki türlerinin çevre şartlarına adaptasyonu ve evrimi için gereklidir. Doğal popülasyonlarda genetik çeşitlilik, bireylerin iklim değişikliği, biyotik ve abiyotik kaynaklı çevresel değişikliklere ve baskılara karşı cevap oluşturmasını sağlar. Genetik çeşitliliği oluşturan unsurların başında miyoz bölünme gelmektedir. Miyoz bölünme sayesinde ebeveynlerden gelen genler yeni kombinasyonlar oluşturarak yavrular meydana getirir. Ayrıca miyoz bölünme içerisinde cereyan eden parça değiş tokuşu (krosingover) olayı yavrulardaki çeşitliliği daha da artırmaktadır. Biyo çeşitliliğin oluşmasında ikinci temel kaynak ise mutasyonlardır. Mutasyonlar genom içerisinde meydana gelen kalıtsal değişikliklerdir. Mutasyonlar doğal ve yapay yollar ile gerçekleşebilir. Bitkilerde yüksek düzeyde gözlenen diğer bir etken de poliploidi durumudur. Poliploidi, aynı tür içerisinde hücrelerin temel kromozom setlerinden iki katından fazla olacak şekilde katlanması veya iki farklı türün kromozomlarının bir araya gelerek katlanması olayıdır. Bitkilerde biyo çeşitliliğin diğer bir genetik etkeni genom içerisinde yer alan hareketli elementlerdir. Bu elementler genom içerisinde yeni konumlara hareket edebilmektedirler. Hareketleri sonrasında yeni konumlarındaki gen ve gen bölgelerinin çalışmasını etkileyebilmektedirler farklılıklar oluşturmaktadırlar.

Anahtar Kelimeler

Mutasyon, Poliploidi, Hareketli elementler, Miyoz bölünme, Krosingover

GENETIC SOURCES OF BIODIVERSITY IN PLANTS

Kamil HALİLOĞLU
Atatürk University

Abstract

One of the pillars of biodiversity is genetic diversity. Genetic diversity is essential for the adaptation and evolution of plant species to environmental conditions. Genetic diversity in natural populations enables individuals to respond to climate changes, biotic and abiotic environmental changes, and stresses. Meiosis is one of the most important factors contributing to genetic diversity. Through meiosis, genes from parents form new combinations and produce offspring. In addition, crossing over during meiosis further increases diversity in the offspring. The second major source of biodiversity is mutations. Mutations are hereditary changes that occur in the genome. Mutations can occur naturally or artificially. Another factor observed at high levels in plants is polyploidy. Polyploidy is a condition in which the cells of an organism have more than one pair of (homologous) chromosomes. Another genetic factor in plant biodiversity is transposable elements in the genome. These elements can move to new positions in the genome. Once they have moved, they can affect the function of genes and gene regions in their new locations and create variability.

Keywords

Mutation, Polyploidy, Transposable elements, Meiosis, Crossing over

1. GİRİŞ

Genetik çeşitlilik, canlıların değişen çevre şartlarına uyum sağlaması ve herhangi bir çevresel faktörden kaynaklanan stresi tolere etmesi açısından oldukça önemlidir. Zengin bir gen havuzuna sahip olmak bir türün hayatta kalabilmesini sağlar. Popülasyonlar içerisinde farklı genetik yapıya sahip bireyler varsa, bazı bireylerin çevreye uygun olma ve yeni koşullara uyum sağlama, hayatta kalma ve bu aleli taşıyan döller üretme kapasitelerinden sorumlu olan genlere sahip olma olasılığı daha yüksektir (Çalışkan, 2012). Gen havuzu daha az çeşitliliğe sahip olan bitki popülasyonları aşırı streslere (örneğin kuraklık, hastalık salgınları) karşı daha fazla duyarlılığa sahiptir. Canlıların uzun vadede hayatta kalması, değişen çevre koşullarına uyum sağlama yeteneğine bağlıdır. Genetik çeşitliliğin azalması veya kaybı, popülasyonların veya türlerin uzun vadeli uyum yeteneğinde bir azalmasına sebep olmaktadır. Popülasyondaki bazı bireyler, çevre şartlarına veya iklim değişikliklerini tolere edebilir ve bu koşullarda yaşamaya devam edebilir fakat farklı genler taşıyan diğer bireyler ise başarılı bir şekilde uyum sağlayamaz veya üreyip hayatta kalamaz. Bu durum popülasyon içerisinde yer alan bireylerin tamamen farklı genetik çeşitliliğe sahip olmasından kaynaklanmaktadır (Ennos vd., 2000; Nonić & Šijačić-Nikolić, 2019).

Canlıların farklılığı ve değişkenliği olarak tanımlanan biyoçeşitlilik, yapısı ve işlevi açısından ekosistem için zorunludur. Bitki çeşitliliği, yeterince kayıt altına alınmamış ve arzu edilen düzeyde anlaşılmamış olmasına rağmen, doğal ürünlerin geliştirilmesi için hala anahtar konumundadır. Günümüzde tarımsal üretimi yönlendiren temel güç, artan insan nüfusu göz önüne alındığında hem gıda hem de lif ve biyo-enerji bitkileri gibi gıda dışı ürünler için artan üretimine yönelik taleptir. Geleneksel tarım içerisinde yer alan kimyasal gübre, herbisit ve pestisit kullanımları bitkisel üretime verim artışı şeklinde yansımaktadır. Ancak artık bu kimyasal bazlı tarımdan, daha çevre dostu ve sürdürülebilir bir tarım sistemine geçiş için küresel bir kaynak olarak biyoçeşitliliğe doğru bir eğilim vardır. Bitkisel genetik çeşitlilik, farklı bölgelerde ve çevre şartlarında üretim seviyelerini ve besin çeşitliliğini artırabilir. Ayrıca, agrosistemlerdeki biyoçeşitliliğin artırılması, su kaynakları ve hayvan, bitki ve mikrobiyal biyoçeşitliliği de olumlu yönde etkileyebilir (Sinapidou & Tokatlidis, 2011).

Bu çalışmamızda, bitkilerde biyoçeşitliliğin genetik temelleri hakkında bilgi verilmeye çalışılmıştır.

2. GENETİK VARYASYONUN KAYNAKLARI

Bitkilerde iki temel çoğalma tipi vardır ve bunlar vejetatif (eşeysiz) ve generatif (eşeyli) çoğalmadır. Genetik çeşitlilik her iki üreme tipinde de meydana gelir, ancak eşeysiz üremede DNA kopyalanmasındaki küçük hatalar nedeniyle DNA düzeyinde meydana gelen mutasyonlar yoluyla varyasyonlar çok daha az olurken, eşeyli üremede varyasyonlar farklı eşlerin devreye girmesi ve mayoz bölünmedeki rekombinasyondan kaynaklanmaktadır (Nonić & Šijačić-Nikolić, 2019).

Eşeysiz üreme, genetik olarak ebeveynle aynı olan döller oluşturur ve popülasyona yeni bir genetik çeşitlilik kazandırmaz. Yalnız hücre bölünmesi sürecinde bir mutasyon meydana gelirse döllerde farklılaşma gözlenir. Eşeysiz üremenin gerçekleştiği popülasyonlar tamamen klon bitkilerden oluşabilir ve bu nedenle çok az genetik çeşitliliğe sahip olabilirler veya hiç olmayabilirler. Bu durum bitkilerde klonal çoğaltım olarak da adlandırılmaktadır. Eşeysiz üremede hücreler, iki yavru hücrenin ebeveyn hücre ile aynı sayıda ve türde kromozom almasını sağlayan hücre bölünmesi olan mitoz bölünme yoluyla meydana gelir (Eriksson & Ekberg 2001). Mitozda ya da DNA'nın kopyalanmasında bir hata olursa, bu hata yavruya aktarılır ve muhtemelen yavrunun özelliklerini değiştirir, ancak eşeysiz üremede tüm mutasyonlar yavruya varyasyonlara neden olmaz (Nonić & Šijačić-Nikolić, 2019).

Eşeyli üreme, iki ebeveyninden gelen genetik materyalin (haploit hücre) birleştirilmesi suretiyle yeni bir canlının oluşması olayıdır ve bu süreçte her iki ebeveyninden gelen genler eşsiz bir kombinasyon oluşturarak ve onların özelliklerine sahip bir bireye dönüşecek olan diploid zigotu oluşturur. Eşeyli üreme sayesinde bir popülasyon genetik çeşitliliğini korur ve her yeni nesilde benzersiz bireyler oluşturur. Eşeyli üreme, mayoz bölünme adı verilen ve nihai sonucun dört haploid yavru oluşan bir hücre bölünmesidir (Eriksson & Ekberg 2001). Mayoz bölünmenin ilk aşaması olan profaz I'de kromozomlar birbirleriyle eşleşir ve kromozomların farklı bölgelerini değiştirerek mevcut genlerin yeni kombinasyonları oluşturur. Bu süreç, homolog kromozomların kromatidleri arasında krosingover (parça değişimi veya rekombinasyon) olarak bilinir. Bir ebeveyn organizma tarafından üretilen gamet hücresi, ebeveynin genetik materyalinin yarısını içerir. Bu parça değiş tokuşu nedeniyle, meydana gelen yavrular anne ve babalarından farklı bir alel veya gen setine sahip olurlar. Hücre bölünmesi esnasında meydana gelen rekombinasyon, fenotipik değişkenliğin yanı sıra önemli bir genetik varyasyonun da kaynağını oluşturur (Primack vd., 2015; Nonić & Šijačić-Nikolić, 2019).

Kromozom kombinasyonları iki farklı aşamada meydana gelmektedir. Birincisi, eşey hücrelerinin (gametlerin) oluşumu sırasında ve ikincisi ise erkek ve dişi eşey hücrelerinin döllenmesi sırasında meydana gelir. Gametlerin oluşumunda ve döllenmede, tüm gen gruplarını taşıyan kromozomların çok çeşitli kombinasyonları gerçekleşir. Hücredeki kromozom sayısı oluşacak muhtemel kombinasyonların sayısını etkilemektedir. Kromozom sayısı arttıkça kombinasyon sayısı da artar. Örneğin, 23 çift insan kromozomu, $2^{23} = 8.000.000$ genotipik olarak farklı gamet verebilecek ihtimale sahiptir. Döllenme esnasında ise, kromozom kombinasyonlarının sayısı 2^{23} (anneden) 2^{23} (babadan) $= 2^{46} \Rightarrow 70$ trilyon farklı oluşma ihtimali bulunmaktadır. Sonuç olarak, diğer eşeyli çoğalan canlılar gibi bitkilerde de mayoz bölünme genetik çeşitliliğin temel kaynağını oluşturmaktadır (Nonić & Šijačić-Nikolić, 2019).

Diğer önemli bir genetik çeşitlilik kaynağı mutasyondur. Mutasyonlar, kombinasyon, rekombinasyon ve gen etkileşiminin sonucu olmayan ancak canlıların genetik yapılarında meydana gelen kalıtsal değişiklikler (White vd, 2007) veya DNA dizisindeki bir veya daha fazla nükleotitte meydana gelen değişiklikler olarak tanımlanabilir.

Mutasyonlar, popülasyonların genetik yapısında yeni aleller oluşturarak değişimler meydana getirir ve varyasyon oluşturur (Freeman, 2000). Mutasyonların doğal olarak meydana gelme sıklıkları düşüktür ve kısa bir zaman periyodunda herhangi bir popülasyon genetik anlamda çeşitlilik oluşturması düşük bir ihtimaldir. Bununla birlikte, uzun vadede mutasyonlar popülasyonlardaki genetik çeşitliliğin temel kaynağını oluştururlar (Morić, 2016).

Mutasyonlar farklı tiplerde sınıflandırılabilir. Bitkilerde mutasyonun meydana geldiği hücreler açısından değerlendirildiğinde, iki farklı hücre tipinde mutasyon oluşmaktadır. Bunlar, somatik hücrelerde veya vejetatif hücrelerde (yaprak, kök vb.) ve generatif veya gametofitik hücrelerdir.

Somatik hücrelerdeki kalıtsal materyaldeki değişikliklerin bir sonucu oluşan farklılıklar somatik mutasyonun bir sonucudur. Bu değişiklikler birbirini takip eden mitoz bölünme ile aktarılır, bu nedenle tek tek organlarda değişikliklere neden olabilir ve organizmaya zarar verebilir, ancak bir sonraki nesile yani döllere aktarılmazlar. Sadece gametlerde meydana gelen ve onlar üzerinden bir sonraki nesle aktarılan üreme dokularındaki değişiklikler, genetik çeşitliliği artıran gerçek mutasyonları temsil eder (Bošković & Isajev, 2007).

Mutasyonlar doğal koşullarda kendiliğinden oluşabilir (spontane mutasyonlar) ya da laboratuvar koşullarında meydana getirilebilir (indüklenmiş mutasyonlar). Genetik çeşitlilik kaynağı olarak spontane mutasyonlar sınırlıdır çünkü nispeten nadiren meydana gelirler ve ortaya çıkmaları için uzun yıllar beklemek gerekir. Mutasyonun canlıda yaptığı etkiye göre, faydalı, zararlı (daha sık) veya nötr olarak değerlendirilebilir.

Fenotipik değişikliklerin boyutuna göre makro-mutasyonlar ve mikro-mutasyonlar meydana gelebilir. Makromutasyonlar fenotipte büyük, fark edilebilir değişikliklere yol açarken, mikromutasyonların küçük değişikliklerinin tespit edilmesi daha zordur ve fark edilmezler. Tüm mutasyon değişiklikleri, kaynaklandığı yere bağlı olarak çeşitli mutasyon türleri ve alt türlerine göre genom mutasyonları, kromozom yapısı mutasyonları, gen mutasyonları ve kromozom dışı mutasyonları şeklinde sınıflandırılabilir.

Poliploidi, somatik hücrelerde diploid kromozom sayısından fazla (ikiden fazla) kromozom takımı bulunması durumuna verilen isimdir. Organizmalar çoğunlukla diploit olmakla birlikte, hücre bölünmesinin olması gerektiği gibi gerçekleşmemesi sonucu, poliploit hücre ve organizmalar ortaya çıkabilir ve sıklıkla indirgenmemiş gametleri ve türler arası

hibridizasyonu içerir (Leitch & Leitch, 2008). Bitkilerde poliploid canlıların meydana gelmesi, değişen kromozom sayılarına (anöploidi ve poliploidi), genom boyutuna, (retro) transposable element hareketliliğine, eklemelere, silmelere ve plastik genom yapılarına bağlanabilir. Genellikle bir veya birkaç nesil içinde poliplidi sonucunda genom içerisinde meydana gelen büyük ölçekli değişikliklere dayanma yeteneği, transkriptom, metabolom ve proteomun yeniden yapılandırılması ile ilişkilidir ve bitkide değişmiş bir fenotip ile sonuçlanabilir. Böylece, poliploid kaynaklı değişiklikler, yeni özelliklere sahip ata türlere üstünlük sağlayabilen bireyler oluşturabilir. Bu süreç, bitkilerde oluşan biyoçeşitlilik anlamında farklılaşmamın arkasındaki önemli bir güç olarak karşımıza çıkmaktadır. (Leitch & Leitch, 2008).

Transpozon elementler (TE'ler), bitki ve hayvan genomunun büyük bir bölümünü oluşturabilen hareketli genetik elementlerdir ve bitkilerde genetik biyoçeşitliliğin oluşmasında önemli katkıları bulunmaktadır. TE'ler genom içerisindeki hareketleri sonucu gen ifadesini değiştirerek genomu etkileyebilirler. Bazı TE'ler genom içerisinde hareket ederek yeni farklı bir konuma yerleşebilir ve komşu genlerin işlevini bozabilir veya eski haline getirebilir ya da yeni düzenleyici unsurlar oluşturabilir. Bazı TE'ler ise oldukça kararlı bir özellik göstererek uzun süreler boyunca genomda aynı konumda kalabilirler (Kumar & Bennetzen, 1999). TE'ler genom içerisinde hareket mekanizmalarına göre iki sınıf altında değerlendirilmektedir. Bunlar, sınıf I TE'ler ve sınıf II TE'lerdir. Retrotranspozonlar olarak da bilinen sınıf I TE'ler RNA'yı ara molekül olarak kullanarak kendisini yeniden DNA olarak yeniler. Yeni DNA kopyası kendisini genom içerisinde farklı bir bölgeye entegre edebilir. İkinci sınıf TE'ler DNA transpozonları olarak da bilinirler ve bir DNA fragmentinin orijinal konumundan taşındığı ve farklı bir bölgeye yerleştirildiği "kes ve yapıştır" adı verilen bir işlemle genom boyunca hareket edebilir (Lopes vd., 2013; Hassan vd., 2024).

Genom evrimi, kromozoma bağlı yeniden düzenlemeleri, duplikasyonları ve genetik varyasyonları içerir. Bu gibi varyasyonlarda bitkilerde biyoçeşitliliğin ortaya çıkmasında önemli bir etkidir. Transpozonlar ve bitki genomları arasındaki etkileşim, hibridizasyon ve poliploidi gibi süreçlerin yanı sıra elverişsiz ortamlara adaptasyonu da mümkün kılmıştır (Canapa vd., 2016; Hassan vd., 2024).

3. SONUÇ

Bitki biyoçeşitliliği, çok sayıda bitki türünü, bunların genetik çeşitliliğini ve içinde yaşadıkları ekosistemleri kapsamaktadır. Ekosistemin devamlılığı, insan refahı ve küresel sürdürülebilirlik için temel oluşturmaktadır.

Biyoçeşitliliğin yapı taşlarından bir tanesi genetik çeşitliliktir. Genetik çeşitlilik mutasyon, doğal seçilim, genetik rekombinasyon ve gen akışı gibi çeşitli faktörlerden kaynaklanır. Bu süreçler, popülasyonlar içinde genetik varyasyonların birikmesine ve farklı bitki türleri arasında farklı özelliklerin ortaya çıkmasına neden olur.

Bitkilerdeki genetik çeşitlilik, çevresel deđişikliklere adaptasyonda, hastalık ve zararlılara karşı dayanıklılıkta ve yeni özelliklerin kazandırılmasında çok önemli bir rol oynar. Bitki ıslah programları, ürün geliştirme çabaları ve dayanıklı tarım sistemlerinin geliştirilmesi için temel teşkil eder.

Sonuç olarak, bitki biyoçeşitliliđini ve genetik kaynakları koruyarak ekosistemlerin dayanıklılıđını sağlayabilir, gıda güvenliđini destekleyebilir, sürdürülebilir tarımı teşvik edebilir ve çevresel deđişikliklerin bitki popülasyonları ve insan toplumları üzerindeki etkilerini azaltabiliriz.

KAYNAKLAR / REFERENCES

- Caliskan, M. (2012). Genetic diversity in microorganisms. InTech, Rijeka. <https://doi.org/10.5772/2641>. ISBN: 978-953-51-0064-5
- Ennos, RA, Worrell, R., Arkle, P. & Malcolm, D.C. (2000). Genetic diversity and conservation. In: Genetic variation and conservation of British native trees and shrubs current knowledge and policy implications. Forestry commission technical paper 31. Forestry Commission, Edinburgh
- Eriksson, G. & Ekberg, I. (2001). An introduction to forest genetics. Swedish University of Agricultural Sciences, Uppsala, pp 1–166
- Freeman, W.H. (2000). Sources of variation. In: Griffiths AJF, Miller JH, Suzuki DT, Lewontin RC, Gelbart WM (eds) An introduction to genetic analysis, 7th edn. W.H. Freeman, New York. ISBN: 10: 0- 7167-3520-2. <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/books/NBK22012/>
- Hassan, A.H., Mokhtar, M.M. & El Allali, A. (2024). Transposable elements: multifunctional players in the plant genome. *Front. Plant Sci.* 14:1330127. doi: 10.3389/fpls.2023.1330127
- Kumar, A. & Bennetzen, J.L. (1999). Plant retrotransposons. *Annual Reviews* 4139 El Camino Way, PO Box 10139, Palo Alto, CA 94303- 0139, USA.
- Leitch, A.R. & Leitch, I.J. (2008). Genomic plasticity and the diversity of polyploid plants. *Science*, 320(5875), 481-483.
- Lopes, F.R., Jjingo, D., Silva, C.R.D., Andrade, A.C., Marraccini, P., Teixeira, J.B., et al. (2013). Transcriptional activity, chromosomal distribution and expression effects of transposable elements in coffee genomes. *PLoS One* 8, 1–16. doi: 10.1371/journal.pone.0078931
- Morić, M. (2016). Genetic diversity of pedunculated oak (*Quercus robur* L.) in field trials whit progeny from selected seeds stands. Doctoral thesis, University of Zagreb – Faculty of Forestry, pp 14–19
- Nonić, M. & Šijačić-Nikolić, M. (2019). Genetic Diversity: Sources, Threats, and Conservation. In: Leal Filho, W., Azul, A., Brandli, L., Özuyar, P., Wall, T. (eds) *Life on Land. Encyclopedia of the UN Sustainable Development Goals*. Springer, Cham. https://doi.org/10.1007/978-3-319-71065-5_53-1
- Primack, R.B., Milić, D., Radenković, S., Obreht, D., BjelićČabrilo, O. & Vujić, A. (2015). An introduction to conservation biology (Uvod u konzervacionu biologiju). Faculty of Natural Sciences and Mathematics, Novi Sad, 372 pages
- Sinapidou, E. & Tokatlidis, I.S. (2011). Genetic Mechanisms Enhancing Plant Biodiversity. In: Lichtfouse, E. (eds) *Genetics, Biofuels and Local Farming Systems. Sustainable Agriculture Reviews*, vol 7. Springer, Dordrecht. https://doi.org/10.1007/978-94-007-1521-9_3
- White, T.L., Adams, W.T. & Neale, D.B. (2007). *Forest genetics*. CAB International, Wallingford, 682 pages.

Yazar Hakkında / About Author

**Prof. Dr. Kamil HALİLOĐLU | Atatürk Üniversitesi |
kamil[at]atauni.edu.tr | ORCID: 0000-0002-4014-491X**

Ankara Üniversitesi Ziraat Fakültesi'nden 1990 yılında mezun oldu. 1995 yılında Amerika Birleşik Devletleri Nebraska Üniversitesi Bitki İslahı Bölümün'den, yüksek lisansını ve 2000 yılında Doktora derecelerini aldı. 2000 yılında Atatürk Üniversitesi Ziraat Fakültesi Tarla Bitkileri Bölümünde öğretim üyesi olarak göreve başladı. 2009 yılında İngiltere Rothamstad Biyoteknoloji Araştırma Merkezinde doktora sonrası araştırmalarda bulundu. 2011 Atatürk Üniversitesi Ziraat Fakültesi Tarla Bitkileri Bölümü'nde Profesörlük kadrosuna atandı. Bitki genetik mühendisliği, bitki doku kültürü uygulamaları ve bitki ıslahı alanlarında uluslararası düzeyde uzmanlığı olan Halilođlu'nun, ağırlıklı olarak uluslararası olmak üzere 160'dan fazla bilimsel yayını, 2 kitap bölümü ve çok sayıda araştırma/uygulama projesi raporu bulunmaktadır.

**Prof. Dr. Kamil HALİLOĐLU | Atatürk University |
kamil[at]atauni.edu.tr | ORCID: 0000-0002-4014-491X**

He graduated from Ankara University, Faculty of Agriculture in 1990. In 1995, he received his master's degree from the Department of Plant Breeding at the University of Nebraska, United States of America and received his PhD degree in 2000. In 2000, he started to work as a faculty member at Atatürk University, Faculty of Agriculture, Department of Field Crops. In 2009, he conducted postdoctoral research at Rothamstad Biotechnology Research Centre in England. In 2011, he was appointed as a Professor at Atatürk University, Faculty of Agriculture, Department of Field Crops. Halilođlu, who has international expertise in the fields of plant genetic engineering, plant tissue culture applications and plant breeding, has more than 160 scientific publications, mainly international, 2 book chapters and many research / application project reports.

