

# VARIACIÓN EPIGENÉTICA Y SU IMPACTO EN LA BIODIVERSIDAD

*L. Iglesias<sup>1</sup> y J.L. Casas<sup>2</sup>*

- 1 LABORATORIO DE BIOTECNOLOGÍA Y ECOLOGÍA APLICADA. UNIVERSIDAD VERACRUZANA. CAMPUS PARA LA CULTURA, LAS ARTES Y EL DEPORTE. AV. DE LAS CULTURAS VERACRUZANAS NO. 101. COLONIA EMILIANO ZAPATA, CP. 91090.
- 2 CIBIO. UNIVERSIDAD DE ALICANTE, CTRA. SAN VICENTE DEL RASPEIG S/N. 03690, ALICANTE, ESPAÑA.

## ABSTRACT

Recent advances in the field of genomics have opened up new perspectives for understanding the influence of the environment on genome expression. Epigenetics can provide a broad overview on the study of genetic variation and its impact on biological diversity. Epigenetic processes play an important role in natural variation and microevolution by generating a great number of polymorphisms on which natural selection can act on. This paper discusses gene expression modification by diverse dynamic processes, the structure of DNA formed by silent introns, repetitive elements, and DNA methylation and histone acetylation. The resulting impact on biodiversity is also discussed.

Desde que Gregor Mendel comenzara a mediados del siglo XIX a descubrir los secretos de la herencia de los caracteres hasta los avances alcanzados en el desarrollo del proyecto para descifrar el Genoma Humano, la ciencia de la Genética ha recorrido un largo camino. Hoy en día son motivo de discusión

nuevas interrogantes que ponen en tela de juicio conceptos y dogmas en el ámbito genético que hasta hace poco resultaban incuestionables. Una de las más fascinantes ha sido los esfuerzos que se han realizado para tratar de esclarecer cómo, cuándo y por qué se regula la expresión génica y comprender la influencia del ambiente sobre la expresión del genoma. Esto es lo que en la actualidad se le ha dado llamar el *paradigma epigenético*.

La epigenética (del griego *epi*, en o sobre) se refiere a un conjunto de eventos moleculares (modificaciones del ADN y la cromatina) que van a ser responsables de la modulación de la expresión de los genes sin alterar la secuencia de ADN (BIRD 2007). Este término, acuñado por Conrad Waddington (WADDINGTON, 1942) y definido entonces como la relación entre el “genotipo y el fenotipo” o como el proceso mediante el cual el “genotipo genera el fenotipo” ha sido ampliamente documentado por JABLONKA y LAMB (1994) desde la perspectiva de su historia etimológica.

Los cambios epigenéticos se nos presentan como modificaciones covalentes producidas por la adición

de grupos funcionales (metilos, acetilos, fosfatos) o de proteínas (ubiquitina, SUMO) al ADN o algunas de sus proteínas asociadas, con repercusiones en la regulación transcripcional tales como activar, inhibir o modificar la expresión de genes. La metilación de los residuos de citosinas del ADN constituye el mecanismo epigenético mejor conocido (FINNEGAN et al., 1993). Existen claras evidencias de que aproximadamente el 30% de los residuos de citosinas en el genoma vegetal se encuentra metilado (JANOUSEK et al., 2002). Estas metilaciones reprimen la transcripción, impidiendo que los factores de transcripción se unan al ADN (FINNEGAN et al., 2000). De esta manera, ya se ha comprobado cómo la metilación del ADN juega un papel muy importante en el desarrollo de la planta así como en los procesos de diferenciación de órganos o tejidos y durante la embriogénesis (FINNEGAN et al., 2000, CHAKRABARTY et al. 2003).

Otro mecanismo epigenético es el de la impronta genética (*imprinting*) descrito en plantas entre otros por MESSING y GROSSNIKLAUS (1999). Como se sabe cada gen de nuestro genoma suele estar duplicado, siendo uno de ellos de origen materno y el otro paterno. La impronta se inicia durante el proceso de la gametogénesis y se transmite al embrión (TAKEDA & PASZKOWSKI, 2006). El grado de expresión o silenciamiento por esta vía depende también de metilaciones diferenciales que se pueden reprogramar en las líneas germinales.

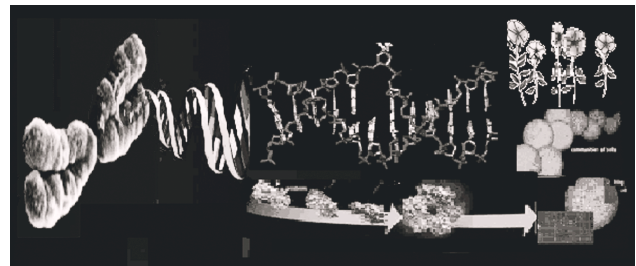
Aunque aun no se ha logrado descifrar completamente cómo opera este lenguaje epigenético, sí se conoce que a diferencia de los procesos genéticos los epigenéticos pueden en algunos casos ser inducidos por el ambiente. Los cambios epigenéticos, una vez producidos, pueden ser parcialmente estables y heredables, al menos en plantas (PATTERSON et al., 1993, CUBAS et al., 1999, RICHARDS, 2006, JIRTLE & SKINNER 2007). Al respecto se ha indicado que la herencia transgeneracional de la metilación del ADN parece descansar en la acción del enzima metiltransferasa, que replica los patrones de metilación durante los procesos de mitosis y meiosis (TAKEDA & PASZKOWSKI 2006). Incluso después que se han establecido los perfiles epigenómicos se puede generar variación genética sustancial durante las subsiguientes divisiones

mitóticas de una célula aun en ausencia de factores ambientales específicos. Así se puede afirmar que el estatus epigenético de los genes y genomas varía en mayor proporción si se compara con la secuencia de ADN relativamente estática.

Los mecanismos epigenéticos parecen ser particularmente activos en respuesta a estrés ambiental (LU et al., 2007) o a factores genómicos como pueden ser acontecimientos de hibridación (XIONG et al., 1999). En plantas, las alteraciones epigenéticas parecen presentarse especialmente durante la formación de híbridos interespecíficos y poliploides. De igual forma se ha detectado variaciones epigenéticas asociadas a la variación que se origina en los cultivos de tejidos vegetales (KAEPPLER et al., 2000, XU et al., 2004). Los cambios epigenéticos inducidos por cultivo de tejidos pueden manifestarse como la activación de loci quiescentes o por epimutaciones de loci sensibles al control de la expresión a nivel cromatínico.

Se abre con todos estos hallazgos nuevas perspectivas para comprender el origen de la notable biodiversidad que existe y cómo los organismos vivos cambian espacial y temporalmente. La programación y reprogramación del genoma que se produce desde la etapa de célula germinal de todos los organismos generan nuevos fenotipos con nuevas expresiones que se manifiestan tanto a nivel molecular como morfológico. De éste modo los efectos epigenéticos generan un gran número de polimorfismos sobre los cuales actúa la selección natural (Fig. 1).

Por todo ello es posible afirmar que los procesos epigenéticos juegan un papel muy significativo en la variación natural y la microevolución (BOSSDORF et al., 2007). De hecho éstos pueden llegar incluso a incrementar el potencial evolutivo de los organismos en respuesta a estrés abiótico y jugar un papel impor-



**Figura 1.** La epigenética y su impacto en la biodiversidad vegetal.

tante en los procesos de especiación y evolución (RAPP & WENDEL 2005, RICHARDS, 2006). Esto se debe al hecho de que los procesos epigenéticos pueden proporcionar un segundo sistema de herencia muy similar a la herencia genética que permite la evolución por selección natural. A diferencia de la variación genética, la epigenética puede verse afectada por interacciones ecológicas y proporcionar una vía adicional para acelerar el cambio evolutivo (BOSSDORF et al., 2007).

En definitiva, la epigenética nos ha presentado una nueva dimensión que nos puede ayudar a explicar mejor cómo las poblaciones biológicas pueden alcanzar una alta diversidad y cómo pueden en muchos casos adaptarse “como un guante” a inesperados y profundos cambios en su hábitat natural.

## REFERENCIAS

- BIRD, A. 2007. Perceptions of epigenetics. *Nature*, 447: 396-398.
- BOSSDORF, O., RICHARDS, C.L. & PIGLIUCCI, M. 2007. Epigenetics for ecologists. *Ecology Letters*, 10: 1-10.
- CHAKRABARTY, D., YU, K.W. & PAEK, K.Y. 2003. Detection of DNA methylation changes during somatic embryogenesis of Siberian ginseng (*Eleutherococcus senticosus*). *Plant Sci.*, 165: 61-68.
- CUBAS, P., VINCENT, C. & COEN, E. 1999. An epigenetic mutation responsible for natural variation in floral symmetry. *Nature*, 401:157-161.
- FINNEGAN, E.S., BRETTELL, R.I.S. & DENNIS, E.S. 1993. The role of DNA methylation in the regulation of plant expression. In: J.P. Jost and H.P. Saluz (Eds.) *DNA Methylation: Molecular Biology and Biological Significance*, Birkhauser, Basel, pp. 218-261.
- FINNEGAN, E.J., PEACOCK, W.J., AND DENNIS, E.S. 2000. DNA methylation, a key regulator of plant development and other processes. *Curr. Opin. Genet. Dev.*, 10: 217-223.
- JABLONKA, E. & LAMB, M.J. 2002. The changing concept of epigenetics. *Annals of the New York Academy of Sciences*, 981: 82-96.
- JANOUSEK, B., MATSUNAGA, S., KEJNOVSKY, E., ZLUBOVA, J. & VYSKOT, B. 2002. DNA methylation analysis of a male reproductive organ specific gene (MROS1) during pollen development. *Genome*, 45: 930-938.
- JIRTLE, R.L. & SKINNER, M.K. 2007. Environmental epigenomics and disease susceptibility. *Nat. Rev. Genet.*, 8: 253-262.
- KAEPLER, S.M., KAEPLER, H.F. & RHEE, Y. 2000. Epigenetic aspects of somaclonal variation in plants. *Plant Molecular Biology*, 43: 179-188.
- LU, G.Y., WU, X.M., CHEN, B.Y., GAO, G.Z. & XU, K. 2006. Detection of DNA methylation changes during seed germination in rapeseed (*Brassica napus*). *Chin. Sci. Bull.*, 51:182-190.
- LU, G., WU, X., CHEN, B., GAO, G. & XU, K. 2007. Evaluation of Genetic and Epigenetic Modification in Rapeseed (*Brassica napus*) Induced by Salt Stress. *Journal of Integrative Plant Biology*, 49 (11): 1599-1607.
- MESSING, J. & GROSSNIKLAUS, U. 1999. Genomic imprinting in plants. *Res. Probl. Cell Differ*, 25: 23-40.
- PATTERSON, G.I., THORPE, C.J. & CHANDLER, V.L. 1993. Paramutation, an allelic interaction, is associated with a stable and heritable reduction of transcription of the maize b regulatory gene. *Genetics*, 135: 881-894.
- RAPP, R.A. & WENDEL, J.F. 2005. Epigenetics and plant evolution. *New Phytol.*, 168: 81-91.
- RICHARDS, E.J. 2006. Inherited epigenetic variation - revisiting soft inheritance. *Nat. Rev. Genet.*, 7: 395-401.
- TAKEDA, S. & PASZKOWSKI, J. 2006. DNA methylation and epigenetic inheritance during plant gametogenesis. *Chromosoma*, 115:27-35.
- XIONG, L.Z., XU, C.G., SAGHAI MAROOF, M.A. & ZHANG, Q.F. 1999. Patterns of cytosine methylation in an elite rice hybrid and its parental lines by a methylation-sensitive amplification polymorphism technique. *Mol. Gen. Genet.*, 261: 439-446.
- XU, M.L., LI, X.Q. & KORBAN, S.S. 2004. DNA-methylation alterations and exchanges during in vitro cellular differentiation in rose (*Rosa hybrida* L.). *Theor. Appl. Genet.*, 109: 899-910.
- WADDINGTON, C.H. 1942. The epigenotype. *Endeavour*, 1: 18-20.