



EXPLORANDO LA EPIGENÉTICA DEL ALBINISMO VEGETAL EN AGAVE ANGUSTIFOLIA MEDIANTE LA BIOTECNOLOGÍA

Mauricio Andrade-Marcial; [Clelia De-la-Peña](mailto:clelia@cicy.mx)

Centro de Investigación Científica de Yucatán, Unidad de Biotecnología, Mérida Yucatán 97205.

clelia@cicy.mx

Palabras clave: Albinismo, Biotecnología, Epigenética

Introducción. El albinismo en plantas es un fenómeno poco común en la naturaleza que se caracteriza por la pérdida total o parcial de pigmentos fotosintéticos, abriendo una nueva investigación a través de la biotecnología. Aunque se han logrado avances en la comprensión de la naturaleza de este fenómeno, las bases epigenéticas y biológicas aún permanecen inexploradas. Durante la micropropagación de *Agave angustifolia* Haw., se identificaron tres fenotipos diferentes: verde (G), variegado (V) y albino (A). Sorprendentemente, las plantas albinas no mutantes, como el modelo de *A. angustifolia*, han proporcionado una nueva perspectiva en la exploración de la epigenética. Estas plantas, que carecen de clorofila y la capacidad de fotosintetizar, han demostrado ser una herramienta valiosa para comprender los procesos de biogénesis de los cloroplastos (1-5). La estabilidad de estos modelos albinos no mutantes permite investigaciones más detalladas sobre cómo los mecanismos epigenéticos influyen en la regulación génica y en la adaptación de las plantas al entorno. También, mediante la proteómica cuantitativa, identificamos enzimas clave y acumulación diferencial de aminoácidos, revelando adaptaciones en ausencia de cloroplastos.

Metodología. En este estudio se utilizaron técnicas ómicas para evaluar las diferencias a nivel transcritos y proteínas entre las plantas albinas y las plantas verdes. También, para comprender las diferencias fisiológicas y epigenéticas entre los somaclones de *Agave*, se analizaron parámetros morfofisiológicos y cambios en los patrones de metilación del ADN en los tres fenotipos durante su desarrollo *in vitro*. Se evaluaron las marcas de histonas (H3K4me2, H3K36me2, H3K9ac, H3K9me2 y H3K27me3) para investigar las implicaciones en la compactación de la cromatina relacionadas con el albinismo de *A. angustifolia*.

Resultados. El análisis epigenético reveló que la metilación global del ADN aumentó en el fenotipo verde durante los dos primeros subcultivos, pero

posteriormente disminuyó. Esta hipometilación se correlacionó con la aparición de brotes variegados en las plántulas verdes. Una correlación similar se observó en el fenotipo variegado, donde un aumento del 2 % en los niveles globales de metilación del ADN se correlacionó con la generación de brotes albino en las plántulas variegadas. En las plantas albinas, se observó un aumento significativo en la marca de histona H3K9ac en comparación con las plantas variegadas o verdes, indicando un cambio en la compactación de la cromatina relacionado con el albinismo.

Además, se demostró que los aminoácidos y las vías biosintéticas relacionadas con ellos se ven afectados en plantas con fenotipos albinos y variegados. Se identificaron cambios significativos en la acumulación de aminoácidos y enzimas clave en la biosíntesis de aminoácidos en los somaclones albino y variegado, en comparación con plantas verdes.

Conclusiones. Nuestros hallazgos sugieren la existencia de una "memoria de estrés epigenético" durante las condiciones *in vitro* que induce cambios en la cromatina, favoreciendo la generación de brotes variegados y albino. Además, demostramos la influencia de la biotecnología en el estudio no solo de la epigenética sino las ómicas (transcriptómica, proteómica y metabolómica) en plantas con fenotipos albinos y variegados. Se identificaron cambios significativos en la expresión de genes relacionados a la biogénesis del cloroplasto así como en la acumulación de aminoácidos y enzimas clave en la biosíntesis de aminoácidos en los somaclones albino y variegado, en comparación con plantas verdes.

Agradecimiento. Agradecemos al CONAHCYT por los proyectos financiados y las becas otorgadas.

Bibliografía.

(1) Andrade-Marcial M, Pacheco-Arjona R, Góngora-Castillo E, De-la-Peña C (2022) *BMC Plant Biology* 22: 352

- (2) Andrade-Marcial M, Ruíz-May E, Elizalde-Contreras JM, Pacheco N, Herrera-Pool E, De-la-Peña C (2023) *Plant Physiology and Biochemistry* 201: 107902
- (3) Duarte-Aké F, Castillo-Castro E, Pool FB, Espadas F, Santamaría JM, Robert ML, De-la-Peña C (2016) *Plant Cell Reports* 35: 2489–2502
- (4) Hernández-Castellano S, Garruña-Hernández R, Us-Camas R, Kú-Gonzalez Á, De-la-Peña C (2020) *Molecular Genetics and Genomics* 295: 787-805
- (5) Us-Camas R, Castillo-Castro E, Aguilar-Espinosa M, Limones-Briones V, Rivera-Madrid R, Robert-Díaz ML, De-la-Peña C (2017) *Plant Science* 263: 156-167