

A era digital e suas implicações sociais: Desafios e contribuições

OS AVANÇOS DA EPIGENÉTICA VEGETAL EM TEMPOS DE MUDANÇAS CLIMÁTICAS: UMA REVISÃO DE LITERATURA

Felipe Cruz Paula¹, Vinicius Alves Porto Rodrigues ², Giulia Bousquet Da Silva Pinto¹, Fernando Frasão Xavier Lubanco¹, Clícia Grativol¹.

¹Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, Av. Alberto Lamego, 2000 - Parque Califórnia, 28013-602, Campos dos Goytacazes - RJ, felipe.cpaula64@gmail.com, giulia.bousquet.28@gmail.com, fernandofxlubanco@gmail.com, cgrativol@uenf.br

²Universidade Federal do Espírito Santo, Alto Universitário, S/N - Guararema, 29500-000, Alegre - ES, Brasil, viniciusbio1311@gmail.com

Resumo

Os mecanismos epigenéticos conferem às plantas recursos que possibilitam a adaptação a ambientes específicos e, conseqüentemente, a diferentes estresses, aumentando sua capacidade de sobrevivência. Na biologia das plantas, a metilação do DNA desempenha um papel crucial, influenciando seu desenvolvimento, resposta ao estresse, aclimação e adaptação. Nessa perspectiva, observa-se que a metilação do DNA pode induzir respostas genéticas distintas em diferentes ambientes. Portanto, esta revisão bibliográfica teve como objetivo investigar os avanços dos mecanismos epigenéticos, com ênfase na metilação do DNA, quando associados às mudanças climáticas. Em conjunto, esses estudos destacaram a importância da epigenética como uma ferramenta fundamental para compreender e aprimorar a adaptação das plantas às transformações climáticas e aos desafios ambientais, oferecendo novas estratégias para o desenvolvimento de culturas mais resilientes e adaptáveis.

Palavras-chave: Epigenoma. Metilação do DNA. Alterações climáticas.

Área do Conhecimento: Ciências Biológicas - Genética
Introdução

Sendo organismos de fixação, as plantas estão frequentemente sujeitas a uma diversidade de estímulos de natureza abiótica e biótica. Assim, a busca por adaptação a esses ambientes promovem mudanças moleculares e morfológicas. Segundo Nelson *et al.* (2014), com o aumento da temperatura global, as conseqüências do efeito estufa e as condições persistentemente desfavoráveis, tais como escassez de água, aumento da salinização de solos aráveis, calor e frio extremos, podem desencadear problemas no desenvolvimento vegetal (NELSON *et al.*, 2014). Neste sentido, os mecanismos epigenéticos fornecem recursos que permitem que as plantas se adaptem a determinados ambientes e conseqüentemente em diferentes estresses, o que resulta em maior capacidade de sobrevivência das mesmas (SALLAM; MOUSSA, 2021).

A epigenética estuda a regulação gênica herdável que não está relacionada a mudanças na estrutura primária do DNA. As principais alterações epigenéticas são a metilação de DNA, as alterações pós-traducionais de histonas, como metilação, acetilação, fosforilação, dentre outras, e ainda, RNAs não codificantes. Considerando que essas modificações estão associadas a um *crosstalk* de regulação, sugere-se que as mesmas podem estar relacionadas ao controle da expressão e regulação gênica (FRANCO; 2017).

Os mecanismos epigenéticos estão envolvidos com o desenvolvimento e respostas a mudanças ambientais de plantas, uma vez que podem modular a expressão gênica de uma maneira muito específica. Um dos mecanismos envolvidos no processo de controle epigenético da expressão de genes em plantas é a metilação do DNA, que consiste na adição de um grupamento metil no quinto carbono do anel de citocinas e é caracterizado como uma marca epigenética conservada em plantas e

A era digital e suas implicações sociais: Desafios e contribuições

animais e, desempenha papel importante na estabilidade do genoma, no desenvolvimento e em vários fenômenos mutagênicos (HE; CHEN; ZHU, 2011).

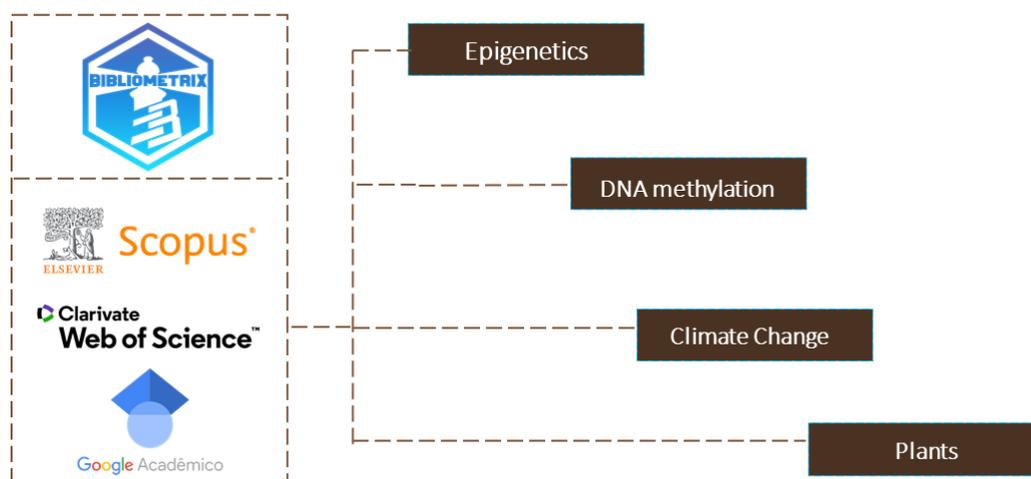
Nas plantas, a metilação desempenha um papel-chave, influenciando seu desenvolvimento, resposta a estresse, aclimatização e adaptação. Pode contribuir também para o silenciamento transcricional de elementos transponíveis e DNA/RNA exógeno, mantendo a estabilidade do genoma e controlando a transcrição de genes (CHEN, 2013; LUKENS; ZAN, 2007). Além disso, nos vegetais, existe a metilação do DNA dependente de RNA (RdDM) que é uma via de silenciamento transcricional que funciona para direcionar mudanças nas modificações epigenéticas e na expressão gênica nos *loci* alvos, ocorrendo em três diferentes contextos CG, CHG e CHH (MATZKE; KANNO; MATZKE, 2015).

Nesta perspectiva, sugere-se que, quando associados a diferentes ambientes, a metilação do DNA pode desencadear distintas respostas genéticas, e a compreensão desses mecanismos atrelados a estresses abióticos se torna primordial. Assim, a presente revisão bibliográfica teve como intuito investigar os avanços dos mecanismos epigenéticos, com foco na metilação do DNA quando integrados a alterações climáticas.

Metodologia

Este trabalho de revisão de literatura foi desenvolvido com o auxílio da ferramenta bibliometrix, a partir de pesquisas de artigos científicos nas plataformas eletrônicas nas seguintes bases de dados: Google Acadêmico, Web of Science e Scopus. As palavras-chave utilizadas foram as seguintes: “*Epigenetics*”, “*DNA Methylation*”, “*Climate Change*” e “*Plants*”. Foram selecionados artigos publicados nos dois últimos anos, 2022 e 2023. Foram utilizados como critérios de inclusão, os artigos que contemplaram inovação e associados com os mecanismos epigenéticos atrelados a diferentes estresses ambientais. Foram excluídos os artigos repetidos e aqueles que não entraram em consonância com a proposta desta revisão nem se enquadraram nos critérios de inclusão mencionados.

Figura 1- Pipeline da metodologia utilizada com o auxílio da ferramenta bibliometrix.



Fonte: Autores, 2023.

A era digital e suas implicações sociais: Desafios e contribuições

Resultados

Na presente revisão de literatura resultou em 20 trabalhos científicos que foram utilizados, todavia, foram selecionados 05 deles para promover a discussão acerca dos avanços epigenéticos, com foco na metilação do DNA e sua associação com às mudanças climáticas (Tabela 1). Destacando também os termos mais citados dos artigos, que foram selecionados com o auxílio da ferramenta bibliometrix (Figura 2).

Tabela 1 - Artigos selecionados com o auxílio da ferramenta bibliometrix, nos anos de 2022 a 2023.

Ano	Autor e Revista	Mecanismo Epigenético	Estresse	DOI
2022	Sammarco, I., Münzbergová, Z., & Latzel, V./ <i>Fronteiras em Plant Science</i>	Metilação do DNA	Temperatura	doi.org/10.3389/fpls.2022.827166
2023	Kumar, M., Rani, K./ <i>Molecular Biology Reports</i>	Modificações de histonas Metilação do DNA dirigida por RdDM	Estresse hídrico Temperatura	doi.org/10.1007/s11033-023-08539-6
2023	Margot M. J Berger, Linda Stammitti, Natalia Carrillo, Erna Blancquaert, Bernadette Rubio, Emeline Teyssier, Philippe Gallusci/ <i>OENO One</i>	Metilação do DNA	Temperatura Estresse hídrico	doi.org/10.20870/oen-o-one.2023.57.2.7405
2022	Rajpal, V. R., Rathore, P., Mehta, S., Wadhwa, N., Yadav, P., Berry, E., Goel, S., Bhat, V./ <i>Frontiers in Cell and Developmental Biology</i>	Metilação do DNA	Estresses abióticos	doi.org/10.3389/fcell.2022.1020958
2022	Koetle, M. J., Snyman, S. J., Rutherford, R. S./ <i>Tropical Plant Biology</i>	Metilação do DNA	Estresse hídrico.	doi.org/10.1007/s12042-022-09323-9

Fonte: Autores, 2023.

A era digital e suas implicações sociais: Desafios e contribuições

sugere fortemente o papel da epigenética no desenvolvimento de adaptabilidade em populações naturais em cenários climáticos instáveis e desafiadores.

Por fim, o quinto estudo conduzido por Koetle *et al.* (2022), avaliou a tolerância à seca de dez epimutantes obtidos *in vitro* através de desmetilação de 5-Azacidina (Azac) e subsequente remetilação com imidaclopride (IMI), sob estresse osmótico por polietilenoglicol (PEG) e estresse térmico. A aclimação fora do ambiente de cultivo envolveu quatro ciclos de estresse hídrico repetidos em estufa. Análises morfofisiológicas destacaram que os epimutantes demonstraram maior tolerância ao estresse hídrico e rápida recuperação pós-estresse. Este estudo estabeleceu um método alternativo de avaliação da tolerância à seca em cana-de-açúcar, com base em características morfofisiológicas.

Conclusão

Perspectivas futuras apontam que a exploração dos mecanismos moleculares da metilação do DNA, abrangendo enzimas de metilação, desmetilação e proteínas de reconhecimento, tais como a 5-Azacidina mencionados por Koetle *et al.* (2022) e Sammarco *et al.* (2022), permitirá manipulações mais precisas e uma compreensão aprofundada de como a metilação do DNA influencia o desenvolvimento e as respostas das plantas.

Por outro lado, novos estudos podem fornecer *insights* mais profundos sobre como as modificações epigenéticas são transmitidas entre gerações e como elas influenciam as características das plantas ao longo do tempo, assim como as memórias epigenéticas transmitidas (KUNDARIYA *et al.*, 2022).

Em conjunto, esses estudos enfatizam a importância da epigenética como uma ferramenta essencial para entender e melhorar a adaptação das plantas às mudanças climáticas e aos desafios ambientais, oferecendo novas estratégias para o desenvolvimento de culturas mais resilientes e adaptadas.

Referências

BERGER, M. M. J. et al. Epigenetics: an innovative lever for grapevine breeding in times of climatic changes: This article is published in cooperation with the 22nd GiESCO International Meeting, hosted by **Cornell University in Ithaca**, NY, July 17-21, 2023. *OENO One*, v. 57, n. 2, p. 265–282, 2023.

CHEN, Q. et al. Research of total levels on DNA methylation in plant based on HPLC analysis. *American journal of molecular biology*, v. 03, n. 02, p. 98–101, 2013.

FRANCO, MM Epigenética no melhoramento genético e reprodução animal. **Arquivos Latino-Americanos de Produção Animal**, v. 25, n. 1-2, 5 de maio de 2017.

HE, X.; CHEN, T.; ZHU, J. Regulation and function of DNA methylation in plants and animals. *CellResearch*, v. 21, n. 3, p. 442–465, 2011

KOETLE, M. J.; SNYMAN, S. J.; RUTHERFORD, R. S. Ex vitro Morpho-physiological screening of drought tolerant sugarcane epimutants generated via 5-azacytidine and imidacloprid treatments. *Tropical plant biology*, v. 15, n. 4, p. 288–300, 2022.

KUMAR, M.; RANI, K. Epigenomics in stress tolerance of plants under the climate change. **Molecular biology reports**, v. 50, n. 7, p. 6201–6216, 2023

KUNDARIYA, H. et al. Methylome decoding of RdDM-mediated reprogramming effects in the Arabidopsis MSH1 system. **Genome biology**, v. 23, n. 1, p. 167, 2022.

MATZKE, M. A.; KANNO, T.; MATZKE, A. J. M. RNA-directed DNA methylation: The evolution of a complex epigenetic pathway in flowering plants. **Annual review of plant biology**, v. 66, n. 1, p. 243–267, 2015.

A era digital e suas implicações sociais: Desafios e contribuições

NELSON, G. C. et al. Agriculture and climate change in global scenarios: why don't the models agree. **Agricultural economics** (Amsterdam, Netherlands), v. 45, n. 1, p. 85–101, 2014.

RAJPAL, V. R. et al. Epigenetic variation: A major player in facilitating plant fitness under changing environmental conditions. **Frontiers in cell and developmental biology**, v. 10, 2022.

SALLAM, N.; MOUSSA, M. DNA methylation changes stimulated by drought stress in ABA-deficient maize mutant vp10. **Plant physiology and biochemistry**, v. 160, p. 218–224, 2021.

SAMMARCO, I.; MÜNZBERGOVÁ, Z.; LATZEL, V. DNA methylation can mediate local adaptation and response to climate change in the clonal plant *Fragaria vesca*: Evidence from a European-scale reciprocal transplant experiment. **Frontiers in plant science**, v. 13, 2022.

Agradecimentos

O presente trabalho foi realizado com apoio da Fundação Carlos Chagas Filho de Amparo à Pesquisa do Estado do Rio de Janeiro - FAPERJ.