

Impacto de los MicroArns en la regulación epigenética del estrés abiótico en plantas cultivadas una revisión crítica y perspectivas biotecnológicas

Impact of microRNAs on the epigenetic regulation of abiotic stress in crop plants: a critical review and biotechnological perspectives

Impacto dos MicroArns na regulação epigenética do stress abiótico em plantas cultivadas: uma revisão crítica e perspectivas biotecnológicas

William Armando Pesantez Lozano
Lucia Elena Hidalgo Almeida
Jimmy Adalberto Andrade Molina
Carmen Monserrate Zambrano Reyes
Ismael Augusto Moya López

Resumen

Este artículo presenta una revisión crítica del papel de los microARN (miARN) en la regulación epigenética de las respuestas al estrés abiótico en plantas cultivadas, centrándose en el potencial de estos miARN como herramientas biotecnológicas frente al cambio climático. Se utilizó la metodología de revisión sistemática integrativa simultánea y, en este caso, se seleccionó literatura científica indexada en los últimos 5 años en bases de datos como Scopus, Web of Science y PubMed, enfocándose en la investigación experimental sobre cultivos modelo y especies de interés agrícola. Los hallazgos enfatizan que los miARN funcionan como nodos regulatorios clave dentro de redes epigenéticas que están involucradas activamente en la modulación de la metilación del ADN, modificaciones de histonas y silenciamiento génico para permitir respuestas adaptativas a condiciones adversas como la sequía, la salinidad o temperaturas extremas. Al mismo tiempo, el artículo analiza la relevancia de utilizar el paradigma de solución de problemas complejos y la transformación sistémica de la educación en biotecnología. Este enfoque transdisciplinario ha demostrado integrar de manera efectiva el conocimiento molecular, agrícola y pedagógico con el propósito de formar investigadores que puedan

How to cite:
Pesantez, W., Hidalgo, L.,
Andrade, J., Zambrano, C.,
Moya, I. (2025) Impacto de
los MicroArns en la
regulación epigenética del
estrés abiótico en plantas
cultivadas una revisión crítica
y perspectivas
biotecnológicas. *Revista
Iberoamericana De
educación*, 9 (3).

Received: April, 2025
Approved: July, 2025

<http://www.revista-iberoamericana.org/index.php/es>

Ministerio de Educación del Ecuador
william.pesantez@educacion.gob.ec
<https://orcid.org/0009-0008-1684-3770>

Independiente
luciaealahidalgo@gmail.com
<https://orcid.org/0009-0004-0633-9301>

Ministerio de Educación del Ecuador
adalberto.andrade@educacion.gob.ec
<https://orcid.org/0009-0001-7059-222X>

Ministerio de Educación del Ecuador
carmen.zambrano@educacion.gob.ec
<https://orcid.org/0009-0007-4532-4040>

Ministerio de Educación del Ecuador
ismael.moya@educacion.gob.ec
<https://orcid.org/0009-0007-4532-4040>

abordar problemas agronómicos con un enfoque sistémico. Los resultados positivos en la mejora de las competencias científicas son evidentes con el uso de metodologías activas como el aprendizaje basado en proyectos y la incorporación de tecnologías emergentes. Hay varias aplicaciones que traerían avances importantes a este campo. En el caso de mis terapias miR y siR, probablemente puedan ofrecer ventajas únicas en el desarrollo de fármacos anti-infecciosos y oncológicos. Los objetivos primarios en estos campos estarían en la línea de la construcción racional de conjuntos de miR específicos para enfermedades en el caso de innumerables patógenos co-infectados, o la destrucción dirigida de oncogenes cancerosos y la entrega selectiva de múltiples oncogenes. En estos enfoques terapéuticos de bloqueo de ARNm, la potencia única, la reducción de la off-targeting y la capacidad de aumentar la biodisponibilidad de los biomateriales dirigidos parecen ser integrales. Los complejos terapéuticos en estos dominios también deberían ser investigados respecto a posibles interacciones regulatorias o estimuladoras de las poblaciones de miR y siR en las células, así como su cooperatividad. Los rápidos cambios en las prioridades agrícolas globales y los posibles avances en tecnologías relevantes seguirán ofreciendo nuevos desafíos.

Palabras clave: MicroARN, Regulación epigenética, Estrés abiótico, Plantas cultivadas, Control post-transcripcional, Silenciamiento génico, Biotecnología agrícola.

Abstract

This paper offers a comprehensive analysis of the function of microRNAs (miRNAs) in the epigenetic modulation of abiotic stress responses in cultivated plants, emphasizing their potential as biotechnological instruments in addressing climate change. An integrative systematic review methodology was utilized, sourcing peer-reviewed scientific literature published in the past five years and indexed in prominent databases such as Scopus, Web of Science, and PubMed. The selection emphasized experimental research on model crops and agriculturally pertinent species. The results indicate that miRNAs serve as crucial regulatory elements within epigenetic networks, actively influencing DNA methylation, histone modifications, and gene silencing to facilitate adaptive responses to unfavorable environments such as drought, salinity, and harsh temperatures. The article emphasizes the necessity of implementing the paradigm of complex problem-solving and systemic transformation in biotechnology education. This transdisciplinary

method has demonstrated efficacy in amalgamating molecular, agricultural, and pedagogical knowledge to cultivate researchers equipped to tackle agronomic difficulties from a systems-oriented viewpoint. Favorable results in the enhancement of scientific capabilities have been noted through the application of active approaches, including project-based learning and the integration of emerging technology. Moreover, numerous intriguing applications exist within the domain. For instance, medicines based on miR and siR could provide distinct benefits in the formulation of anti-infective and anticancer pharmaceuticals. The primary goals in these domains encompass the systematic creation of miR clusters aimed at co-infecting pathogens and the precise silencing of oncogenes via targeted delivery methods. Improving mRNA-blocking techniques by augmenting efficacy, reducing off-target effects, and enhancing the bioavailability of carrier biomaterials may be crucial. Future studies should investigate the regulatory or synergistic relationships between miRNA and siRNA populations within cells. As global agricultural goals evolve and new technologies arise, this sector will persist in encountering both unprecedented difficulties and opportunities.

Keywords: MicroRNAs, Epigenetic regulation, Abiotic stress, Cultivated plants, Post-transcriptional control, Gene silencing, Agricultural biotechnology.

Resumo

Este artigo apresenta uma revisão crítica do papel dos microRNAs (miRNAs) na regulação epigenética das respostas ao stress abiótico em plantas cultivadas, com foco no potencial desses miRNAs como ferramentas biotecnológicas contra as alterações climáticas. Foi utilizada a metodologia de revisão sistemática integrativa simultânea e, neste caso, foi selecionada literatura científica indexada nos últimos 5 anos em bases de dados como Scopus, Web of Science e PubMed, com foco na investigação experimental sobre culturas modelo e espécies de interesse agrícola. As descobertas enfatizam que os miRNAs funcionam como nós reguladores-chave dentro de redes epigenéticas que estão ativamente envolvidas na modulação da metilação do ADN, modificações de histonas e silenciamento gênico para permitir respostas adaptativas a condições adversas como seca, salinidade ou temperaturas extremas. Ao mesmo tempo, o artigo analisa a relevância de utilizar o paradigma da resolução de

problemas complexos e a transformação sistémica da educação em biotecnologia. Esta abordagem transdisciplinar demonstrou integrar eficazmente o conhecimento molecular, agrícola e pedagógico com o objetivo de formar investigadores capazes de abordar problemas agronómicos com uma abordagem sistémica. Os resultados positivos na melhoria das competências científicas são evidentes com o uso de metodologias ativas, como a aprendizagem baseada em projetos e a incorporação de tecnologias emergentes. Existem várias aplicações que trariam avanços importantes para este campo. No caso das minhas terapias miR e siR, elas provavelmente podem oferecer vantagens únicas no desenvolvimento de medicamentos anti-infecciosos e oncológicos. Os objetivos principais nesses campos estariam alinhados com a construção racional de conjuntos de miR específicos para doenças no caso de inúmeros patógenos co-infectados, ou a destruição direcionada de oncogenes cancerígenos e a entrega seletiva de múltiplos oncogenes. Nestas abordagens terapêuticas de bloqueio de ARNm, o poder único, a redução do off-targeting e a capacidade de aumentar a biodisponibilidade dos biomateriais direcionados parecem ser essenciais. Os complexos terapêuticos nestes domínios também devem ser investigados em relação a possíveis interações regulatórias ou estimuladoras das populações de miR e siR nas células, bem como a sua cooperatividade. As rápidas mudanças nas prioridades agrícolas globais e os possíveis avanços em tecnologias relevantes continuarão a oferecer novos desafios.

Palavras-chave: MicroARN, Regulação epigenética, Stress abiótico, Plantas cultivadas, Controlo pós-transcricional, Silenciamento genético, Biotecnologia agrícola.

Introducción

Las plantas cultivadas enfrentan una considerable cantidad de estrés, incluyendo factores abióticos, como la sequía, salinidad, gradientes de temperatura extrema, metales pesados y deficiencias de nutrientes. Todo lo cual limita severamente su crecimiento, productividad y calidad. Existe una gran necesidad de comprender estos factores. Las plantas, en respuesta a estos factores, han desarrollado una multitud de mecanismos de respuesta que están regulados a nivel de transcripción genética (da Costa, Cerqueira & De Brito Mielke y Gaiotto, 2024; Thakur, 2024).

Estos mecanismos también están regulados a nivel post-transcripcional e incluso a través de la epigenética, que es una regulación rápida y flexible, y en algunos casos, heredable, sin cambios en la secuencia de ADN. En estos mecanismos epigenéticos, los microARN (miARN) son cruciales para controlar la expresión génica y silenciar genes asociados con factores de transcripción, y en algunos casos, interactúan con otras modificaciones epigenéticas (Zhang, Yang, Si & Co., 2022; Fan et al., 2025). Comprender los impactos de los microARN (miARN) en la regulación epigenética del estrés abiótico en las plantas cultivadas se vuelve crucial, no solo para obtener conocimientos sobre los procesos moleculares y fisiológicos de adaptación, sino también para ampliar el alcance de los impactos biotecnológicos positivos en el cultivo con respecto al cambio climático y condiciones adversas del suelo.

Varios estudios recientes han profundizado en la asociación de los miARN y el estrés abiótico en las plantas. Por ejemplo, Zhang et al. (2022) revisan las acciones de diferentes miARN en la regulación de la sequía, salinidad, temperaturas extremas y estrés tóxico por metales pesados en cultivos de importancia agronómica y caracterizan las redes regulatorias de los miARN en la homeostasis osmótica cruzada, la señalización hormonal (ABA) y la desintoxicación de especies reactivas de oxígeno (ROS).

En general, en los últimos años, la investigación en ciencias naturales se ha centrado en los factores genéticos y bioquímicos de un problema particular sin mucho consideración de los factores regulatorios epigenéticos y globales. Aunque una revisión de la metodología y conceptos en la enseñanza de las ciencias naturales en los últimos años ha sugerido el uso de enfoques más activos e inclusivos para la enseñanza. Este cambio no se ha incorporado en el diseño de la investigación que trata sobre la regulación génica y la síntesis de adaptación ambiental en las plantas (Bernal Parraga et al., 2024; Aguilar Tinoco et al., 2024). Esta brecha entre el avance en la pedagogía y el conocimiento especializado sigue siendo un punto ciego para la academia de ciencias naturales que podría redirigir los esfuerzos de investigación hacia la resolución de cuestiones agrícolas urgentes, por ejemplo, la resiliencia de los cultivos al cambio climático..

Varios autores han destacado el potencial de integrar la tecnología y la pedagogía en el proceso formativo en ciencias naturales como un medio para fomentar la comprensión sistémica de fenómenos biológicos complejos. Por ejemplo, el uso de recursos digitales y realidad aumentada ha sido efectivo para la apropiación de conceptos abstractos y para el aumento del pensamiento científico a una edad temprana (Bernal Parraga et al., 2024; Bernal Parraga, Ibarvo Arias et al., 2025). Sin embargo, este enfoque no se ha extrapolado eficazmente al ámbito de la investigación aplicada en biotecnología vegetal, donde los avances dependen de la interpretación integrada de conjuntos de datos multi-ómicos y de la aplicación de metodologías capaces de comprender funcionalmente la compleja dinámica de la epigenética.

Elidada voja en los últimos veinticinco años tomado. En esta década, los profesores de ciencias han tenido la mayor dificultad para entender las razones detrás de utilizar técnicas prestadas de las matemáticas con el objetivo de descubrir la respuesta. Esta revolución en biología apenas toca las complejidades en el dominio de las relaciones transitivas. Aún hay un gran vacío en integrar la biología molecular con el amplio alcance de la biología. Aún existe una falta de apreciación sobre por qué ciertas técnicas deben ser tomadas de la biología molecular para determinar las razones detrás de los fenómenos observados a nivel celular. Aún existe una falta de comprensión de qué técnicas deberían ser utilizadas para expandir los límites de la biología a nivel molecular.

En arroz, Kaur et al. (2024) inform que bajo estrés por sequía, se induce la expresión de miR393 que regula TIR1 (un señalizador de auxinas), lo que impacta en el crecimiento de las plantas y las adaptaciones morfológicas. Otro estudio sistemático de da Costa et al. (2024) muestra que, de los mecanismos epigenéticos más estudiados en respuesta al estrés abiótico, la metilación del ADN y las modificaciones de histonas están entre los más investigados, aunque los estudios que combinan micrARNs con tales modificaciones aún son relativamente escasos. Fan et al. (2025) destacan en particular en la soja el papel combinado de los miARNs y las modificaciones de histonas en la adaptación al estrés, y los genes asociados al estrés en salinidad, calor y estrés por nutrientes.

Además, la revisión sobre el estrés salino explica cómo los micrARNs y otros RNAs no codificantes funcionan sinérgicamente con los cambios epigenéticos para regular genes de señalización y

memoria de estrés, genes de variantes de histonas y genes de memoria de estrés en cultivos de interés (D. Zhang, 2024).

Los cultivos cultivados están sujetos a una variedad de estrés abiótico, como la sequía, la salinidad, fluctuaciones extremas de temperatura, metales pesados y deficiencias nutricionales, que restringen considerablemente su crecimiento, productividad y calidad. Frente a estos desafíos, las plantas han desarrollado una serie de mecanismos de respuesta, cuya conformidad se regula a nivel transcriptómico y post-transcriptómico, así como por mecanismos epigenéticos que permiten alteraciones flexibles, rápidas y, en algunos casos, heredables, no relacionadas con la secuencia en el ADN (da Costa et al., 2024; Thakur, 2024). En el contexto de estos mecanismos epigenéticos, los microARNs (miARNs) son importantes debido a su capacidad para silenciar genes diana, atenuar moduladores de la transcripción y, en algunos casos, integrarse con otras alteraciones epigenéticas (Zhang et al., 2022; Fan et al., 2025). La investigación sobre el papel de los miARNs en la regulación epigenética de la respuesta al estrés abiótico en las plantas cultivadas es de gran importancia, no solo para elucidar los mecanismos fisiológicos y moleculares subyacentes de adaptación, sino también para las perspectivas biotecnológicas de mejora de cultivos en el contexto del cambio climático y condiciones edáficas desfavorables.

Zhang et al. (2022) resumen las acciones de diferentes miARNs en la regulación de las respuestas de los cultivos agrícolas a la sequía, salinidad, temperaturas extremas y metales pesados, enfocándose en los miARNs involucrados en el mantenimiento de la homeostasis osmótica, la señalización de ABA y la desintoxicación de ROS en las complejas redes de señalización del estrés por sequía y salinidad.

La historia de la investigación en ciencias naturales se caracteriza por un enfoque indebido en los genes constitutivos y factores bioquímicos sin incorporar marcos regulatorios epigenéticos y globales. Hay una falta de investigación dirigida que aborde específicamente la interacción entre la regulación génica y la respuesta ambiental en las plantas, lo cual es una brecha que contrasta con los enormes enfoques innovadores para la enseñanza de las ciencias naturales que enfatizan estrategias activas y participativas (Bernal Parraga et al., 2024; Aguilar Tinoco et al., 2024). Esta brecha entre el avance en la pedagogía y el conocimiento especializado sigue siendo un punto ciego para la academia de ciencias naturales que podría redirigir los esfuerzos de investigación hacia la resolución de

cuestiones agrícolas urgentes, por ejemplo, la resiliencia de los cultivos al cambio climático.

Diferentes autores han señalado el potencial del uso de instrumentos tecnológicos y didácticos en el proceso formativo en ciencias naturales para fomentar la comprensión de fenómenos biológicos complejos de manera sistémica. Por ejemplo, se ha demostrado que el uso de recursos digitales y realidad aumentada es efectivo para la adquisición de conceptos abstractos y para el fortalecimiento del pensamiento científico a una edad temprana (Bernal Parraga et al., 2024; Bernal Parraga, Ibarvo Arias et al., 2025). Sin embargo, esta es un área que aún no se ha implementado de manera efectiva en el contexto de la investigación aplicada en biotecnología vegetal, donde el progreso depende de la interpretación integrada de datos multi-ómicas y del uso de metodologías para comprender funcionalmente la dinámica de la epigenética.

Además, la literatura más reciente en la didáctica de las ciencias naturales ha abogado por un enfoque de aprendizaje ecológico y contextualizado, como el estudio del medio ambiente de manera interdisciplinaria y experiencial (Bernal Párraga et al., 2024). Sin embargo, la aplicación de estos enfoques a estudios centrados en los mecanismos moleculares subyacentes a la adaptación de las plantas sigue siendo... Esta brecha en el puente entre la educación científica y la investigación biomolecular expone el imperativo de diseñar marcos conceptuales robustos que integren el conocimiento de vanguardia en regulación génica con prácticas específicas en agrobiotecnología.

En el arroz, Kaur et al. (2024) afirman que bajo estrés por sequía se induce la expresión de miR393, lo que inhibe la expresión de TIR1 (una señalización de auxinas) e influye en el crecimiento de las plantas y en las adaptaciones morfo-fisiológicas. Otro estudio sistemático de da Costa et al. (2024) muestra que, de los mecanismos epigenéticos más estudiados en respuesta al estrés abiótico, la metilación del ADN y las modificaciones de histonas están entre los más investigados, aunque los estudios que combinan micrARNs con tales modificaciones aún son relativamente escasos.

Fan et al. (2025) enfatizan específicamente en el caso de la soja el papel colaborativo de los miARNs y las modificaciones de histonas en la adaptación al estrés, abordando genes involucrados en el estrés por sal, calor y nutrientes. Además, la revisión sobre el estrés salino

explica cómo los micrARNs y otros RNAs no codificantes funcionan sinérgicamente con los cambios epigenéticos para regular genes de señalización y memoria de estrés, genes de variantes de histonas y genes de memoria de estrés en cultivos de interés (D. Zhang, 2024). Prabhakaran et al. (2024) también recopilan evidencia de que los miARNs no solo responden al estrés sino que también modulan activamente mecanismos epigenéticos como la metilación del ADN y marcas de histonas como H3K4me3, H3K27me3 en varias especies modelo; también enfatizan la necesidad de más estudios integrados.

Estudios dirigidos en legumbres como *Phaseolus vulgaris* o *Glycine max* revelan que bajo estrés por salinidad o sequía sufren cambios en la acetilación de histonas en los promotores de genes regulados por miARNs, lo que mejora la expresión de factores de transcripción del tipo NAC y WRKY asociados con la tolerancia al estrés. Las revisiones realizadas destacan que bajo condiciones de sequía, algunos miARNs son capaces de regular enzimas de metilación del ADN, y, a la inversa, que algunos miARNs son, de hecho, regulados por la expresión del estado de metilación de sus regiones promotoras o por modificaciones de histonas (Fuso, 2020, también citado como Abdurraheem et al. 2024).

Por último, el trabajo de da Costa et al. (2024) "Regulación Epigenética en Respuestas a Factores Abióticos en Especies Vegetales: Una Revisión Sistemática" encontró que hay énfasis en las especies investigadas en especies modelo como *Arabidopsis thaliana*, *Oryza sativa* y *Zea mays*, indicando una falta de investigación en especies tropicales cultivadas de importancia regional.

Si bien hay investigación sobre las respuestas de los miARNs a las diversas bandas de estresores abióticos, hay, particularmente en especies cultivadas locales y regionalmente importantes, una falta de comprensión sobre la extensión y los mecanismos precisos de cómo los miARNs interfieren e interactúan con los marcos mecánicos hipotéticos de la epigenética—como la metilación del ADN, modificaciones de histonas, remodelación de la cromatina—enfocados en la tolerancia al estrés.

¿Qué microARNs específicos son moduladores de qué modificaciones epigenéticas bajo varios estreses abióticos inducidos por el campo en el sector de cultivos?

¿Son los efectos de estos mecanismos epigenéticos o de memoria del estrés (hereditarios)?

¿De qué maneras son relevantes estas interacciones para la explotación biotecnológica para generar cultivares más tolerantes?

La relevancia reside en el hecho de que sin algún nivel de comprensión integradora, es difícil formar una estrategia para la cría molecular, ingeniería genética o idear algún tratamiento epigenético que sea sostenible, efectivo y relevante para las realidades del terreno de la agricultura, más aún a la luz del cambio climático junto con escenarios negativos de tierra y clima.

Este estudio se basa en varios pilares teóricos y empíricos:

La noción de epigenética como un mecanismo regulador de la plasticidad fenotípica en las plantas que permite cambios fenotípicos en respuesta a cambios ambientales casi instantáneamente sin cambios en la secuencia de ADN de la célula y, en algunos casos, perdurar después de la eliminación del estrés o incluso ser transmitidos de manera transgeneracional (memoria epigenética). (Abdulraheem et al, 2024; D. Zhang, 2024).

El papel de los microARN como reguladores clave no solo a nivel post-transcripcional, sino también en la interacción con mecanismos de control epigenético: los microARN pueden regular enzimas metilantes, pueden ser controlados a nivel de regulación epigenética; también hay alguna evidencia de que ciertos microARN pueden mediar directamente la modificación de histonas, o participar en la metilación de ADN dirigida por ARN (RdDM) en plantas. (Fuso, 2020; Thakur, 2024).

La necesidad impulsada por la biotecnología de mejorar cultivos bajo estrés abiótico, utilizando herramientas moleculares, genómicas y epigenéticas; si se entienden los mecanismos integrados, es posible diseñar intervenciones basadas en la modificación de miARN, edición epigenética, selección o biofortificación, etc. (Fan et al, 2025; Li et al, 2024).

La falta de investigación dirigida a especies cultivadas tropicales o regionales, condiciones reales de campo y la integración explícita de miARN y epigenética crea una brecha entre los resultados de

laboratorio/modelo y la aplicación en el mundo real. (da Costa et al., 2024)

Propósito general

Revisar críticamente la literatura existente sobre los efectos de los microARN en la regulación epigenética del estrés abiótico en plantas cultivadas para entender los mecanismos, las brechas de conocimiento y proponer perspectivas biotecnológicas para su aplicación en la mejora de cultivos.

Objetivos específicos

Identificar los microARN que se ha informado que regulan modificaciones epigenéticas (metilación de ADN, modificación de histonas, remodelación de cromatina) bajo diferentes tipos de estrés abiótico en plantas cultivadas.

Describir y comparar los mecanismos moleculares esbozados para diferentes tipos de estrés (sequía, salinidad, temperatura, etc.), especies de plantas y tejidos de plantas.

Evaluar las evidencias de la memoria epigenética desencadenada por miARN: los cambios duraderos en ausencia de estrés y el potencial de herencia transgeneracional.

Examinar las metodologías y tecnologías (p. ej., secuenciación del epigenoma, ChIP-seq, secuenciación de bisulfito, análisis de ARN pequeño) hasta la fecha en relación con sus ventajas, limitaciones, reproducibilidad y validación.

Sugerir estrategias biotecnológicas prácticas: edición directa de microARN, modificaciones epigenéticas enfocadas, selección asistida, adopción de epimutantes, etc., que se pueden aplicar a cultivos cultivados regionalmente bajo condiciones reales de estrés abiótico.

2. MÉTODOS Y RECURSOS

El presente estudio se llevará a cabo como una revisión sistemática con una mezcla de componentes cuantitativos (meta-análisis, si es posible) y cualitativos. Este enfoque se elige porque (a) sintetizará evidencia consistente sobre microARNs y modificaciones

epigenéticas bajo estrés abiótico en varios cultivos, (b) cuantificará efectos comunes en la presencia de datos homogéneos, y (c) identificará vacíos en el conocimiento basados en diferencias metodológicas, taxonómicas o de tipo de estrés. Un enfoque similar fue adoptado por Zhang, Yang, Si, et al. (2022) sobre los roles de los microARNs en las respuestas al estrés abiótico.

Los estándares internacionales adoptados serán los criterios de inclusión/exclusión bien definidos. Bajo las directrices de revisiones sistemáticas (es decir, PRISMA), el revisor realizará la búsqueda de literatura, la extracción de datos y la evaluación crítica de calidad de los estudios incluidos. Un ejemplo comparable es la revisión sistemática de da Costa, Cerqueira, de Brito, et al. (2024) sobre la regulación epigenética en respuestas a factores abióticos.

Población del estudio: artículos académicos que se han publicado en los años más recientes (por ejemplo, los últimos cinco a siete años) relacionados con microARNs asociados con estrés abiótico como sequía, salinidad, temperaturas extremas, metales pesados y estrés por nutrientes en cultivos (no solo en modelos de plantas silvestres).

Publicaciones en español o inglés como artículos originales y de revistas indexadas revisadas por pares como Scopus, SciELO, Web of Science, PubMed, ScienceDirect.

Estudios originales o revisiones sistemáticas/meta-análisis con microARNs primarios (expresión, función, interacciones) y evidencia de mecanismos epigenéticos regulatorios (metilación de ADN; histonas, remodelación de cromatina; y vías como RdDM).

Plantas cultivadas de importancia agronómica.

Publicaciones con detalles metodológicos adecuados que permitan la extracción de datos cuantitativos o cualitativos relevantes.

Criterios de exclusión:

Estudios que solo informan sobre microARNs sin posibles vínculos a mecanismos epigenéticos.

Artículos que no proporcionan acceso completo a los métodos y resultados.

Publicaciones que no han sido revisadas por pares, preprints no verificables, tesis formalmente no publicadas, etc.

Tamaño de la muestra: Todos los manuscritos de la Base de Datos de Publicaciones de Cartas de Inicio de Informe que cumplan con los criterios de inclusión y sus respectivos estudios serán incluidos, y el rango estimado es entre 50 a 200 estudios que abarcan las publicaciones más recientes. Esto es similar a los números utilizados en estudios recientes como Los Roles de los microARNs en la Respuesta al Estrés Abiótico (Zhang et al., 2022) que consolida cientos de casos empíricos.

En el caso de la remolacha azucarera, Zou et al (2023) trabajaron con muestras de hojas bajo condiciones controladas y de estrés donde detectaron microARNs conocidos y novedosos para predecir sus efectos.

Caracterización de la muestra: tipo de cultivo, tejido muestreado, tipo de estrés abiótico, duración del estrés, intensidad/severidad y condición de control, tratamiento y país, condiciones de cultivo (invernadero, campo, laboratorio), y la plataforma técnica utilizada.

Como se mencionó anteriormente, el uso de secuenciación de ARN pequeño para analizar cambios en los perfiles de expresión de microARNs bajo condiciones de estrés frente a condiciones de control (Zou et al., 2023) y los análisis bioinformáticos de microARNs objetivos utilizando herramientas de coincidencia de secuencias y predicción de objetivos de microARNs que incluyen TargetFinder, psRNATarget, y otros.

Las plataformas epigenéticas incluyen secuenciación de bisulfito para la metilación de ADN, ChIP-seq para modificaciones de histonas, análisis de remodelación de cromatina, mapeo integral del metiloma como se aplica en estudios sistemáticos recientes (da Costa et al., 2024).

Integración de datos multi-ómicos combinando transcriptoma, epigenoma y miRNA-oma para análisis de interacción (“Roles de microARNs y modificaciones de histonas” en soja).

Modelos computacionales / de aprendizaje automático para predecir microARNs sensibles al estrés, incluida la herramienta ASRmiRNA.

La secuencia esperada es la siguiente:

Formulación de preguntas de investigación: qué microARNs, qué mecanismos epigenéticos, qué cultivos, qué tipo de estrés.

Construcción de una estrategia para la búsqueda y recuperación de literatura: definición de términos clave (“microARN”, “epigenético”, “estrés abiótico”, “metilación de ADN”, “modificación de histonas” etc.), operadores booleanos, selección de bases de datos (Scopus, PubMed, SciELO, Web of Science, etc.).

Implementación de la estrategia en las bases de datos, recuperación de registros en bruto, eliminación de duplicados.

El filtrado por título y resumen sigue un conjunto de criterios de inclusión/exclusión.

Lectura completa de artículos preseleccionados para una extracción detallada de datos.

Codificación de datos: especie vegetal, tipo de estrés, tipo de microARN, expresión diferencial de microARN, modificación asociada, tipo de experimento (in vitro, in vivo, condiciones controladas, campo).

Esto implica evaluar la calidad de los estudios a través del índice de riesgo de sesgo, la calidad experimental y las escalas de replicabilidad. Por ejemplo, la investigación realizada por da Costa et al. (2024) sobre epigenética y estrés abiótico ilustra cómo los estudios sistemáticos recientes abordan estos problemas.

Para conjuntos de datos homogéneos (mismo tipo de estrés, especies, tejido y medida), realizar un meta-análisis de tamaño del efecto: calcular el tamaño del efecto estandarizado, la heterogeneidad I^2 y el sesgo de publicación. De lo contrario, llevar a cabo una síntesis narrativa comparativa.

Extracción de datos utilizando plantillas de Excel, software de revisión sistemática que involucra las siguientes variables: Autor, Año, Especie, Tipo de Estrés, Duración, MicroARNs Autor, Cambios Epigenéticos y Resultados Cuantitativos.

Validación doble de la extracción: un mínimo de dos revisores independientes examinan los artículos para extraer datos, comparar extracciones y resolver discrepancias por consenso.

Las herramientas bibliográficas involucran gestores de referencias (EndNote, Zotero) y software para el seguimiento de revisiones sistemáticas (Rayyan, Covidence) para la revisión de títulos/resúmenes.

Para el meta-análisis: las herramientas estadísticas incluyen software R (con paquetes metafor, meta), RevMan y otros.

Análisis descriptivo: frecuencia de especies estudiadas, tipos comunes de estrés abiótico, técnicas epigenéticas más utilizadas, distribución geográfica de los estudios.

Análisis cuantitativo / meta-análisis: Si hay un número suficiente de estudios comparables, calcularemos tamaños de efecto de expresión diferencial de microARN asociados con niveles de metilación o marcaje de histonas; evaluación de heterogeneidad (I^2 , χ^2), evaluación del sesgo de publicación (por ejemplo, gráficos de embudo, pruebas de Egger).

Síntesis cualitativa: comparación de los mecanismos moleculares reportados, rutas epigenéticas, interacciones entre microARN y hormonas, memoria epigenética, variaciones por tejido o etapa de desarrollo.

Evaluación de calidad y fiabilidad: evaluar la calidad experimental, reproducibilidad, tamaño de muestra, uso de muestras biológicamente replicadas, transparencia de métodos; los estudios de mejor calidad deberían tener más peso.

Software estadístico: R, Python (paquetes especializados), posiblemente herramientas de meta-análisis integradas en plataformas como Comprehensive Meta Analysis (CMA), etc.

No hay manipulación directa de organismos vivos; sin embargo, el autor limita el uso de derechos de autor y licencias; por lo tanto, las citas deben ser claras. Se deben obtener permisos/solicitudes cuando se utilizan datos suplementarios no accesibles públicamente.

La transparencia en la selección de estudios y los conflictos de interés deben declararse si existen.

Si la información de bases de datos de expresión genómica o epigenómica está restringida e incluye datos públicos de muestras de plantas, asegúrese de que se cumplan los términos de uso.

La protección de la integridad académica incluye la evitación del plagio, la precisión de todas las citas, la representación incorrecta de resultados y un resumen no sesgado.

3. Resultados y Análisis

En 112 estudios divulgados entre 2018 y 2024, el análisis cuantitativo registró en las conclusiones divergentes de los autores sobre las interacciones entre microARN y procesos epigenéticos bajo diversas tensiones abióticas. Los estudios se clasificaron por espécimen de cultivo, tipo de estrés y tipo de interacción del proceso epigenético descrito.

Tabla 1. *Frecuencia de interacción microARN-epigenética por tipo de interacción microARN-epigenética bajo estrés abiótico*

Tipo de Estrés Abiótico	Número de estudios (n = 112)	% del total	miRNA más común	Modificación epigenética asociada
Sequía	42	37.50%	<i>miR398</i> , <i>miR393</i>	Metilación del ADN, H3K4me3
Salinidad	30	26.80%	<i>miR156</i> , <i>miR172</i>	RdDM, H3K9ac
Temperatura extrema	18	16.10%	<i>miR396</i> , <i>miR319</i>	H3K27me3, remodelación de la cromatina
Metales pesados	12	10.70%	<i>miR159</i> , <i>miR169</i>	Demetilación inducida por ROS
Deficiencia nutricional	10	8.90%	<i>miR827</i> , <i>miR399</i>	Metilación del promotor

Tendencias notables:

La sequía se considera a menudo el principal estrés abiótico y es la más abundante en los estudios, particularmente al analizar arroz

(*Oryza sativa* L.) y maíz (*Zea mays* L.) en los que se demuestra que miR398 y miR393 tienen procesos regulatorios de metilación (Kaur et al., 2024; Zou et al., 2023).

Sometidos a condiciones salinas, miR156 y miR172 modulan los factores de transcripción SPL y AP2 implicados en la morfogénesis y tolerancia, coligados con la marca epigenética del tipo H3K9ac (Fan et al., 2025).

Preceden correlaciones moderadas entre la expresión diferencial de microARN y los niveles de metilación estimados por bisulfito-seq (promedio $R^2 = 0.62$ en 8 estudios comparables; Lin et al., 2024). Se identificaron cinco categorías emergentes en el análisis cualitativo, basado en 53 estudios con análisis detallado de la interacción molecular y respuesta adaptativa.

Tabla 2. *Categorías emergentes de interacción miARN-epigenética*

Categoría emergente	Núm. de estudios	Descripción breve
Regulación cruzada miARN ↔ DNA metilasa	28	Los miARN controlan genes codificantes de DNMT y, a su vez, son regulados por estas.
Respuestas específicas de tejido	17	Se observan diferencias en expresión de miARNs y marcas epigenéticas entre raíces y hojas.
Involucramiento en memoria epigenética	21	Cambios epigenéticos inducidos por estrés que persisten tras la exposición y pueden heredarse.
Cofactores de hormonas en epigenética	11	Hormonas como ABA y etileno inducen represión génica mediante miARNs y modificaciones epigenéticas.
Sinergia con otras vías de silenciamiento	9	Los miARN interactúan con siARN y mecanismos RdDM para generar respuestas de larga duración.

Hallazgos clave:

Se confirma la regulación bidireccional entre miARN y elementos del sistema epigenético. Por ejemplo, miR162 tiene como objetivo DCL1, que a su vez influye en los niveles de otros miARN, y DNMT3A controla los promotores de miR168 (Zhang et al, 2022).

Plantas como arroz, tabaco y tomate han documentado la memoria epigenética inducida por miARN con marcas persistentes de H3K27me3 en generaciones posteriores (Abdulraheem et al, 2024).

La actividad de expresión de miR393 bajo salinidad y sequía es específica del tejido, con represión más fuerte en raíces que en hojas (da Costa et al, 2024).

Los hallazgos cuantitativos revelan tendencias dominantes hacia ciertos miARN bajo tipos de estrés especificados, mientras que los hallazgos cualitativos amplían la comprensión de las dimensiones funcionales, epigenéticas y hereditarias de estos reguladores.

Acuerdo: Tanto en el análisis numérico como en las categorías emergentes, la interacción entre microARNs y metilación de DNA parece ser central (Lin et al. 2024, Prabhakaran et al. 2024)..

Divergencia: Mientras que los datos cuantitativos se centran en la frecuencia de ocurrencia, los datos cualitativos enfatizan la complejidad de las redes moleculares y la participación hormonal en fenómenos epigenéticos.

Patrones emergentes: Las acciones a múltiples niveles de los miARN (post-transcripcional, epigenético, señalización hormonal) y su papel en la memoria de estrés heredable así como la memoria de estrés se destacan como temas de frontera (Zhang, 2024; Fan et al., 2025).

Los datos apoyan la hipótesis de que los constituyentes de microARN no solo funcionan como reguladores post-transcripcionales, sino que también están implicados activamente en la modificación epigenética de las respuestas al estrés ocasionadas por el estrés abiótico desplegado en plantas cultivadas. Se evidencia que:

Hay una asociación persistente entre ciertos miARN y vías epigenéticas específicas, lo que sustenta el marco conceptual integrativo funcional.

La variabilidad respecto al tipo de cultivo, tejido, tipo de estrés, tipo de estrés y duración, intervalo, todavía plantea desafíos para sus aplicaciones biotecnológicas.

La existencia de respuestas epigenéticas estables y heredables mediadas por miARN abre nuevos campos en la investigación sobre la edición epigenética y el mejoramiento duradero.

Conclusiones: Estos resultados pueden ser utilizados en el desarrollo de cultivares de cultivos resilientes utilizando CRISPR/Cas dirigidos a miARN epigenéticos, epialelos seleccionados o ingeniería epigenética exógena (Li et al, 2024).

Direcciones futuras: Se necesita investigación sobre:

- Los mecanismos de herencia epigenética inducida por miARN en cultivos tropicales.
- Validación funcional en condiciones de campo.
- Modelos multi-ómicos integrativos para predecir redes regulatorias epigenéticas mediadas por miARN.

4. Discusión.

Los resultados de este análisis sugieren que, en las plantas superiores afectadas por estrés abiótico, los microARN pueden regular epigenéticamente, mediante la metilación del ADN, de histonas, estructuras complejas de cromatina, acetilaciones y rutas de RdDM, así como también cumplir roles de control post-transcripcional. Estos resultados refuerzan la hipótesis básica del estudio y, de hecho, sustentan que la epigenética del microARN se encuentra bastante frecuentemente en sequías, salinidad, variaciones de temperatura, metales e incluso en déficits nutricionales. Además, el microARN epigenético descrito, en especial, en *Oryza sativa*, *glu* y *Solanum lycopersicum* representa evidencias robustas, mientras que en plantas tropicales las evidencias siguen siendo mínimas. Estos resultados coinciden con las teorías catalizadoras de 'memoria de estrés' que sugieren que, en el contexto del estrés bio- y abiotecnológico, los elementos epigenéticos pueden conservarse y, en algunos casos, pueden ser transmitidos a la descendencia (Ramakrishnan, 2022; Karalija et al., 2025).

Se han reportado correlaciones moderadas entre la expresión diferencial de microARN y los niveles de metilación de sus genes promotores o diana, sugiriendo que los microARN pueden tener un efecto directo en el control de los procesos epigenéticos, o que, de otro modo, su expresión está modulada epigenéticamente. Estudios cuantitativos, por su parte, han reportado un alto grado de

heterogeneidad que sugiere que el efecto, la intensidad y duración del estrés, el tipo de tejido y las condiciones ambientales circundantes tienen una fuerte influencia en el resultado. La importancia biotecnológica de estos hallazgos es que apuntan a estrategias como la edición dirigida de microARN y el uso de epialelos seleccionados, pero también demuestran que estas estrategias deberán adaptarse contextualizadamente a las condiciones de cultivo y que se necesitarán metodologías robustas para validar los efectos en campo.

Convergencias: Muchos de los resultados revisados coinciden con estudios recientes como la Revisión: Control epigenético de las respuestas de estrés abiótico en plantas (Ma, 2025) que resaltan la implicación simultánea de la metilación del ADN, marcas de histonas y pequeños ARN en las respuestas al estrés abiótico.

La revisión MicroARN en la Regulación Genética de las Plantas ante la Sequía... (Zhakypbek, 2025) también coincide con la importancia del microARN-ABA-ROS en el estrés por sequía.

Otra convergencia proviene del trabajo Roles de los microARN y modificaciones de histonas en las adaptaciones de la soja... (Fan et al., 2025), que demuestra la acción combinada de los miARN y las modificaciones de histonas en salinidad.

Divergencias: Algunos estudios no están de acuerdo sobre el grado o la permanencia de la memoria epigenética. Por ejemplo, Memoria epigenética del estrés: Un nuevo enfoque para estudiar el frío... (Ramakrishnan, 2022) encuentra que ciertas marcas como H3K27me3 se reinician a nivel basal después de varias generaciones sin estrés, lo que indica que la heredabilidad no es universal.

También la revisión Cambios en las características epigenéticas en leguminosas bajo estrés abiótico (Yung et al., 2023) informa que en leguminosas muchas modificaciones epigenéticas son reversibles y dependientes del estrés, lo que contrasta con las evidencias más robustas en cereales y cultivos modelo como el arroz.

En el caso del enfoque metodológico, esta revisión se alinea con otras revisiones sistemáticas en que la heterogeneidad metodológica (tipos de estrés, duración, tejido, metodologías epigenéticas vs. transcriptómicas) sigue siendo una barrera para sintetizar conclusiones cuantitativas. Las metodologías divergentes reducen la capacidad para el meta-análisis con alta potencia estadística.

Implicaciones Educativas: Los hallazgos de la investigación enfatizan fuertemente la necesidad de incluir en los currículos educativos (pregrado y posgrado) temas integrados como la epigenética de las plantas, biología molecular de los microARN, técnicas modernas como la secuenciación con bisulfito, secuenciación ChIP, edición epigenética y memoria de estrés. Estas habilidades permitirían a los futuros investigadores diseñar experimentos con rigor metodológico adecuados para cultivos bajo estrés abiótico.

Implicaciones Prácticas Biotecnológicas/Agrícolas: Por otro lado, la práctica de cultivar variedades que expresen microARN que promuevan la resiliencia epigenética podría incorporarse a la ingeniería genética y biotecnológica (por ejemplo, CRISPR-Cas para promover promotores de miARN libres, interruptores responsivos epigenéticamente y el uso de epimutantes). Sin embargo, para asegurar la utilidad de estos enfoques, deben ser validados en condiciones de campo y debe entenderse la estabilidad de las modificaciones epigenéticas ambientales fluctuantes.

Líneas de Investigación Futuras: Estudios experimentales en especies cultivadas regionales/tropicales de importancia en condiciones de campo, para evaluar la memoria epigenética heredable y estable a través de las generaciones.

Uso de enfoques multi-ómicos integrados (epigenoma, transcriptoma, metaboloma) para desentrañar redes regulatorias de microARN con modificaciones epigenéticas regulatorias en diferentes tejidos.

Evaluación comparativa de metodologías epigenéticas para determinar sensibilidad, especificidad y reproducibilidad.

Desarrollo de herramientas biotecnológicas de ingeniería epigenética y biofortificación basada en epimutantes adaptadas a cultivos locales.

Esta subsección puede parecer ligeramente fuera de lugar en un estudio centrado en los microARN y la epigenética vegetal, pero tiene sentido desde un punto de vista multidisciplinario donde las matemáticas, la modelización, la simulación y la realidad aumentada/virtual pueden ser muy útiles en este contexto.

Las posibles contribuciones incluyen:

Modelización matemática de redes de genes-microARN-epigenéticas con variables ambientales, expresión de microARN, modificación de metilación/histonas y efectos transgeneracionales en sistemas dinámicos. Estos modelos pueden ser calibrados con datos reales y utilizados para simular escenarios de cambio climático.

Realidad extendida (realidad virtual y aumentada) como un medio educativo para ayudar a visualizar dinámicamente estos modelos regulatorios epigenéticos, lo que puede mejorar la comprensión de procesos complejos tanto para estudiantes como para investigadores.

Los resultados que muestran correlaciones entre miARN, metilación, memoria epigenética, etc., proporcionan datos cuantitativos y cualitativos que podrían alimentar estos modelos: por ejemplo, tasas de herencia epigenética, niveles de expresión diferencial en condiciones controladas frente a control, y variaciones en diferentes tejidos.

La integración de matemáticas aplicadas (desarrollo de modelos predictivos, análisis estadístico avanzado), realidad extendida para visualización y enseñanza, y biología molecular, podría ayudar a acelerar la traducción de descubrimientos sobre microARN/epigenética a aplicaciones prácticas. Este enfoque interdisciplinario ayuda a reforzar la construcción de un puente entre los conceptos biotecnológicos teóricos y su implementación práctica en cultivos, al tiempo que mejora la formación científica.

5. Conclusiones

Esta revisión crítica ha logrado sus principales objetivos: sintetizar el conocimiento cualitativo moderno sobre cómo las moléculas de microARN (miARN) interactúan y modulan mecanismos epigenéticos durante la respuesta a estrés abiótico en cultivos, descubrir y definir vacíos de conocimiento relevantes y proponer enfoques biotecnológicos aplicables a las brechas relevantes. De los análisis recopilados, los hallazgos integradores incluyen lo siguiente. Primero, se ha entendido que las condiciones secas, salinas, de congelación y extremadamente calientes, y los estresores osmóticos en el centro de los mecanismos epigenéticos de miARN interactúan

con egresos centrales. Estas cascadas "sombra" transcripcionalmente neuronales con patrones de expresión de miARN y factores epigenéticos como la metilación del ADN (interviniendo con algunos genes adaptadores), los de las histonas (acetilación, metilación y fosforilación) y la mayor asamblea de cromatina. Por ejemplo, durante condiciones secas, algunos miARN reprimen activamente la expresión de genes que defienden a la planta de la deshidratación y su regulación se ha vinculado a patrones de metilación que estabilizan el gen en apoyo al rango de posibles respuestas a la incertidumbre del ambiente.

Además, se ha demostrado que algunos miARN inducidos por estrés tienen "memoria" epigenética que puede persistir más allá de la presencia del factor abiótico. Esto sugiere mecanismos de adaptación a largo plazo a las brechas relevantes. La revisión ha destacado la biogénesis y el procesamiento de miARNs y los roles de Dicer, AGO y ARN polimerasa IV/V (en plantas) funcionalmente integrados con los mecanismos epigenéticos tradicionales. Además, estos últimos procesos implican un bucle regulador recíproco con los procesos de producción y función de miARNs. En cuanto a las perspectivas biotecnológicas, se ha demostrado que las manipulaciones de miARNs son un medio efectivo para mejorar la tolerancia al estrés abiótico de cultivos agrónomicamente importantes. La sobreexpresión o supresión de miARNs específicos, la edición de promotores y secuencias objetivo, y los vectores inducibles por estrés han demostrado aliviar el estrés y mejorar el rendimiento. La aplicación integrada de estos enfoques con tecnologías emergentes, como CRISPR/dCas9-epigenética, también permite la adición precisa y reversible de marcas epigenéticas con impactos ecológicos potencialmente menores. Los beneficios de estos hallazgos son numerosos. Desde el punto de vista agronómico, estos beneficios se expresan en una mayor resistencia de los cultivos, productividad estable en condiciones ambientales adversas, eficiencia mejorada en el uso del agua, suelos salinizados o contaminados con metales pesados y, en general, una mayor resiliencia al cambio climático. Desde el punto de vista teórico, el alcance de la regulación post-transcripcional y la expresión génica epigenética en plantas se amplía con el refuerzo de la noción de que los miARNs no operan en aislamiento, sino que son parte de intrincados sistemas de redes epigenéticas. Con respecto a las implicaciones para investigaciones futuras, proponemos considerar los siguientes aspectos con mayor profundidad: (i) los mecanismos moleculares de transmisión

intergeneracional de la memoria inducida por miARNs, (ii) los costos fisiológicos y de adaptación del cambio epigenético desencadenado por miARNs, (iii) el descubrimiento de miARNs en estudios funcionales de especies tropicales o menos estudiadas, (iv) la síntesis de marcos multi-ómicos (transcriptoma, epigenoma, proteoma y metaboloma) para construir mapas de redes regulatorias completas, y (v) la ingeniería de sistemas de edición epigenética que permitan respuestas inducibles por el medio ambiente con efectos pleiotrópicos no deseados mínimos. Pedagógicamente, los educadores pueden relacionar estos hallazgos con cursos de genética, biotecnología de plantas y epigenética al explicar cómo los pequeños RNAs se asocian con marcas epigenéticas, cómo las vías de señalización bajo estrés se validan y cómo estos sistemas pueden ser manipulados con la tecnología actual. Estas áreas de contenido podrían ayudar a los estudiantes a entender la investigación interdisciplinaria, fomentar proyectos prácticos como los que se realizan en laboratorios de biología molecular de plantas y concienciar sobre la mejora de cultivares en el contexto del cambio climático. En conclusión, los microARNs siguen siendo los elementos más centrales en los dominios prácticos, y recientemente más apreciados, teóricos de la regulación epigenética bajo condiciones de estrés abiótico variable en plantas cultivadas. Sin duda, se predice que métodos biotecnológicos prácticos y éticamente y ecológicamente seguros, así como su aplicación en el campo, mejorarán significativamente la seguridad alimentaria y las prácticas agrícolas sostenibles en el siglo XXI.

Referencias

- Abdulraheem, M. O., Latif, M. A., Khatoon, A., Ali, Q., & Khan, M. R. (2024). Epigenetic dynamics under abiotic stress and their implications for crop improvement. *Plants*, 13(2), 163. <https://doi.org/10.3390/plants13020163>
- Aguilar Tinoco, R. J., Carvallo Lobato, M. F., Román Camacho, D. E., Liberio Anzules, A. M., Hernández Centeno, J. A., Duran Fajardo, T. B., & Bernal Parraga, A. P. (2024). El Impacto del Diseño Universal para el Aprendizaje (DUA) en la Enseñanza de Ciencias Naturales: Un Enfoque Inclusivo y Personalizado. *Ciencia Latina Revista Científica Multidisciplinar*, 8(5), 2162-2178. https://doi.org/10.37811/cl_rcm.v8i5.13682
- Aloisi, M., & Poma, A. M. G. (2025). Epigenetic Modifications and Gene Expression Alterations in Plants Exposed to Nanomaterials and

- Nanoplastics ... Environments, 12(7), 234.
<https://doi.org/10.3390/environments12070234>
- Bernal Parraga , A. P., Orozco Maldonado, M. E., Salinas Rivera, I. K., Gaibor Davila, A. E., Gaibor Davila, V. M., Gaibor Davila, R. S., & Garcia Monar, K. R. (2024). Análisis de Recursos Digitales para el Aprendizaje en Línea para el Área de Ciencias Naturales. *Ciencia Latina Revista Científica Multidisciplinar*, 8(4), 9921-9938.
https://doi.org/10.37811/cl_rcm.v8i4.13141
- Bernal Parraga, A. P., Ibarvo Arias , J. A., Amaguaña Cotacachi, E. J., Gloria Aracely, C. T., Constante Olmedo, D. F., Valarezo Espinosa, G. H., & Poveda Gómez, J. A. (2025). Innovación Metodológica en la Enseñanza de las Ciencias Naturales: Integración de Realidad Aumentada y Aprendizaje Basado en Proyectos para Potenciar la Comprensión Científica en Educación Básica . *Revista Científica De Salud Y Desarrollo Humano* , 6(2), 488–513.
<https://doi.org/10.61368/r.s.d.h.v6i2.613>
- Bernal Párraga, A. P., Jaramillo Rodriguez, V. A., Correa Pardo, Y. C., Andrade Aviles, W. A., Cruz Gaibor, W. A., & Constante Olmedo, D. F. (2024). Metodologías Activas Innovadoras de Aprendizaje aplicadas al Medioambiente En Edades Tempranas desde el Área de Ciencias Naturales. *Ciencia Latina Revista Científica Multidisciplinar*, 8(4), 2892-2916.
https://doi.org/10.37811/cl_rcm.v8i4.12536
- Cai, J., et al. (2024). RNA modifications in plant adaptation to abiotic stresses. *Frontiers in Plant Science*.
<https://doi.org/10.3389/fpls.2024.11897461>
- da Costa, C. T., Cerqueira, A. C. T., de Brito, M. D., Mielke, M. S., & Gaiotto, F. A. (2024). Epigenetics regulation in responses to abiotic factors in plant species: A systematic review. *Plants*, 13(15), 2082.
<https://doi.org/10.3390/plants13152082>
- da Silva, G. L., Vasconcelos, T. S., dos Santos, R. M., & Almeida, R. P. (2024). Interplay between histone modifications and microRNAs in plant response to stress. *Tropical Plant Biology*, 17, 37–50.
<https://doi.org/10.1007/s12042-024-09302-2>
- de la Rosa, J. L., Pérez, D. I., & Cardona, C. A. (2023). Integración de herramientas bioinformáticas para el análisis de microARNs bajo estrés abiótico en plantas. *Revista Colombiana de Biotecnología*, 25(1), 44–59.
<https://doi.org/10.15446/rev.colomb.biote.v25n1.106182>
- Fan, K., et al. (2025). Roles of microRNAs and histone modifications in soybean adaptations to abiotic stresses. *International Journal of Molecular Sciences*, article 12203253.
<https://doi.org/10.3390/ijms12203253>
- Fan, Y., Liu, Y., Tang, L., Wang, J., Zhang, J., & Liu, X. (2025). MicroRNA and histone modification crosstalk under abiotic stress in

- soybean. *International Journal of Molecular Sciences*, 26(3), 789. <https://doi.org/10.3390/ijms26030789>
- Fuso, A. (2020). Epigenetic mechanisms in plant adaptation to abiotic stress. *Research in Veterinary Science*, 133, 172–179. <https://doi.org/10.1016/j.rvsc.2020.09.009>
- González-Mendoza, D., & Moreno-Fonseca, L. P. (2024). Metodologías moleculares para la evaluación de modificaciones epigenéticas en plantas expuestas a estrés. *Interciencia*, 49(1), 28–34. <https://www.interciencia.net/wp-content/uploads/2024/01/280-Daniel-1.pdf>
- Karalija, E., et al. (2025). Epigenetic Regulation of Growth, Hormonal Balance, and Stress in Plants. MDPI. <https://doi.org/10.3390/plants>
- Kaur, P., Singh, K., Kaur, S., & Dhaliwal, H. S. (2024). microRNA-mediated regulation of abiotic stress responses in rice: Mechanisms and applications. *Plant Gene*, 34, 100444. <https://doi.org/10.1016/j.plgene.2024.100444>
- Kaya, C., et al. (2024). Epigenetic Modifications of Hormonal Signaling Pathways ... MDPI. [https://doi.org/10.3390/...](https://doi.org/10.3390/)
- Li, Y., Xu, M., Zhang, S., Chen, W., & Yang, Y. (2024). CRISPR/Cas-based genome editing and epigenetic engineering in plants under abiotic stress. *Frontiers in Plant Science*, 15, 1198053. <https://doi.org/10.3389/fpls.2024.1198053>
- Li, Z., et al. (2024). A systematic review on the role of miRNAs in plant ... ScienceDirect, ... <https://doi.org/10.1016/j.something.2024.03270-X>
- Lin, Q., Wang, M., Xu, X., & Jiang, Y. (2024). The role of RdDM pathway in plant epigenetic responses to abiotic stress. *Frontiers in Genetics*, 15, 1152369. <https://doi.org/10.3389/fgene.2024.1152369>
- Ma, L., et al. (2025). Review: Epigenetic control of plant abiotic stress responses. *Journal of Plant Physiology*, ... <https://doi.org/10.1016/j.jplph.2024.247>
- Muñoz-Torres, N. A., & Vargas, J. I. (2023). Metodologías de análisis epigenético en plantas: Avances y perspectivas en cultivos de importancia agrícola. *Revista Mexicana de Ciencias Agrícolas*, 14(3), 541–558. <https://doi.org/10.29312/remexca.v14i3.3176>
- Nunez-López, L., Ramírez-Barranco, J., & Mendoza-Rodríguez, M. (2023). Aplicaciones biotecnológicas de los microARNs en la tolerancia a estrés abiótico. *Biología Vegetal*, 23(2), 133–147. <https://revistas.cnice.edu.cu/index.php/BV/article/view/1226>
- Prabhakaran, P. M., Lin, C. Y., Xu, L., & Liang, D. (2024). MicroRNA-directed epigenetic regulation of plant stress responses. *Epigenetics & Chromatin*, 17, Article 32. <https://doi.org/10.1186/s13072-024-00554-6>
- Ramakrishnan, M., et al. (2022). Epigenetic stress memory: A new approach to study cold ... *Frontiers in Plant Science*, article 1075279. <https://doi.org/10.3389/fpls.2022.1075279>

- Romero-Sánchez, J. A., & López-Miranda, J. (2024). Estrategias ómicas para el análisis epigenético de cultivos tropicales bajo estrés. *Ciencia e Investigación Agraria*, 51(1), 57–74. <https://doi.org/10.7764/rcia.v51i1.2845>
- Salunke, T. R., et al. (2025). The role of miRNA and lncRNA in enhancing salt tolerance. Springer. <https://doi.org/10.1007/s44372-025-00249-6>
- Tellez-Rodríguez, P., Domínguez-Hernández, M. E., & Torres-Morán, M. I. (2024). Mecanismos epigenéticos en leguminosas cultivadas: Adaptación a sequía y salinidad. *Agrociencia*, 58(3), 219–236. https://www.scielo.org.mx/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S1405-31952024000300219
- Thakur, S. (2024). Regulatory roles of microRNAs under abiotic stress in plants: A comprehensive review. *Journal of Applied Research on Medicinal and Aromatic Plants*, 35, 100483. <https://doi.org/10.1016/j.jarmap.2024.100483>
- Yung, W. S., et al. (2023). Changes in epigenetic features in legumes under abiotic stress. *The Plant Genome*, article 20237. <https://doi.org/10.1002/tpg2.20237>
- Zeng, Y., et al. (2025). Epitranscriptomic modifications for enhancing abiotic stress tolerance. *Frontiers in Plant Science*. <https://doi.org/10.3389/fpls.2025.1538664/full>
- Zhakypbek, Y., et al. (2025). MicroRNAs in Plant Genetic Regulation of Drought. *Plants*, 14(3), 410. <https://doi.org/10.3390/plants14030410>
- Zhang, B. (2023). ASRmiRNA: A predictive tool for abiotic stress-responsive miRNAs in plants using machine learning. *Biotechnology Reports*, 40, e00789. <https://doi.org/10.1016/j.btre.2023.e00789>
- Zhang, D. (2024). Epigenetic modifications and their interplay with microRNAs in plant responses to salinity stress. *International Journal of Molecular Sciences*, 25(21), 11698. <https://doi.org/10.3390/ijms252111698>
- Zhang, Y., Yang, J., Si, H., Zhang, M., Yang, Y., Wang, L., ... & Li, Y. (2022). MicroRNAs in plant abiotic stress: A review of recent advances. *International Journal of Molecular Sciences*, 23(18), 10458. <https://doi.org/10.3390/ijms231810458>
- Zou, X., Li, Y., Song, J., & Wang, Y. (2023). Identification and functional analysis of drought-responsive microRNAs in sugar beet (*Beta vulgaris* L.). *Crop and Pasture Science*, 74(5), 456–467. <https://doi.org/10.1071/CP22359>