

REGULACIÓN DE LA EXPRESIÓN GENÉTICA EN LA BIODIVERSIDAD: INFLUENCIA DE LOS FACTORES AMBIENTALES

REGULATION OF GENE EXPRESSION IN BIODIVERSITY: INFLUENCE OF ENVIRONMENTAL FACTORS

Jeniffer Cayambe Lojano¹, Mia Coello Molina², Genesis Suarez Siguenza³, Jessica Arcos Logroño⁴

{jeniffer.cayambe@esPOCH.edu.ec¹, mia.coello@esPOCH.edu.ec², genesisism.suarez@esPOCH.edu.ec³, paola.arcos@esPOCH.edu.ec⁴}

Fecha de recepción: 11/05/2026 / Fecha de aceptación: 23/06/2026 / Fecha de publicación: 08/07/2026

RESUMEN: La expresión genética constituye un proceso biológico fundamental mediante el cual la información contenida en el ADN se transcribe y traduce en productos funcionales esenciales para el desarrollo, funcionamiento y adaptación de los organismos vivos. El presente artículo tuvo como objetivo analizar la influencia de los factores ambientales sobre la regulación de la expresión genética y su relación con la biodiversidad, la adaptación y algunos procesos asociados a la salud. Para ello, se realizó una revisión bibliográfica utilizando artículos científicos obtenidos de bases de datos académicas como PubMed y Google Scholar, considerando investigaciones recientes relacionadas con genética, epigenética y ambiente. Los estudios revisados evidencian que mecanismos como la metilación del ADN y ciertas modificaciones en las histonas desempeñan un papel fundamental en la activación y silenciamiento génico, regulando distintos procesos celulares y permitiendo la adaptación de los organismos frente a cambios ambientales. De igual manera, se identificó que factores como la nutrición, la contaminación, el estrés, las infecciones y la exposición a sustancias tóxicas pueden inducir alteraciones epigenéticas capaces de modificar la expresión génica sin alterar la secuencia primaria del ADN. Estas alteraciones pueden influir en la adaptación de las especies, la plasticidad fenotípica y el desarrollo de algunas enfermedades multifactoriales, entre ellas ciertos trastornos neurodegenerativos, el cáncer y enfermedades metabólicas. Además, algunos cambios epigenéticos pueden mantenerse durante largos periodos e incluso heredarse entre generaciones. En conjunto, la información revisada muestra que la expresión genética mantiene una relación cercana con las condiciones ambientales y los procesos adaptativos asociados con la biodiversidad.

¹Escuela Superior Politécnica de Chimborazo (ESPOCH), Sede Morona Santiago, Don Bosco y Juan Felix Pintado, Macas 140101, Ecuador, <https://orcid.org/0009-0008-7132-9870>.

²Escuela Superior Politécnica de Chimborazo (ESPOCH), Sede Morona Santiago, Don Bosco y Juan Felix Pintado, Macas 140101, Ecuador, <https://orcid.org/0009-0008-4778-4056>

³Escuela Superior Politécnica de Chimborazo (ESPOCH), Sede Morona Santiago, Don Bosco y Juan Felix Pintado, Macas 140101, Ecuador, <https://orcid.org/0009-0006-8025-6621>

⁴Escuela Superior Politécnica de Chimborazo (ESPOCH), Sede Morona Santiago, Don Bosco y Juan Felix Pintado, Macas 140101, Ecuador, <https://orcid.org/0000-0002-9462-2219>

Palabras clave: ADN, ambiente, biodiversidad, adaptación, epigenética

ABSTRACT: Gene expression constitutes a fundamental biological process thru which the information contained in DNA is transcribed and translated into functional products essential for the development, functioning, and adaptation of living organisms. The objective of this article was to analyze the influence of environmental factors on the regulation of gene expression and its relationship with biodiversity, adaptation, and some processes associated with health. To this end, a literature review was conducted using scientific articles obtained from academic databases such as PubMed and Google Scholar, considering recent research related to genetics, epigenetics, and the environment. The reviewed studies show that mechanisms such as DNA methylation and certain histone modifications play a fundamental role in gene activation and silencing, regulating various cellular processes and allowing organisms to adapt to environmental changes. Similarly, it was identified that factors such as nutrition, pollution, stress, infections, and exposure to toxic substances can induce epigenetic alterations capable of modifying gene expression without altering the primary DNA sequence. These alterations can influence species adaptation, phenotypic plasticity, and the development of some multifactorial diseases, including certain neurodegenerative disorders, cancer, and metabolic diseases. Moreover, some epigenetic changes can be maintained over long periods and even inherited across generations. Overall, the reviewed information shows that gene expression maintains a close relationship with environmental conditions and the adaptive processes associated with biodiversity.

Keywords: DNA, environment, biodiversity, adaptation, epigenetics

INTRODUCCIÓN

La expresión genética es un proceso fundamental que ocurre en los organismos vivos, ya que permite que la información que está contenida en el ADN se transcriba a ARN y posteriormente se traduzca en proteínas que participan en la determinación de las características funcionales y estructurales de los seres vivos. Este proceso constituye la base del funcionamiento celular, del desarrollo y de la adaptación biológica. Sin embargo, en las últimas décadas se ha demostrado que la expresión génica no depende únicamente de la secuencia del ADN, sino que está regulada por una compleja red de mecanismos que controlan la activación y el silenciamiento de los genes, lo que introduce un nivel adicional de regulación conocido como epigenética (1).

La epigenética es una rama de la biología que estudia los cambios en la expresión de los genes que no implican directamente una modificación en la secuencia del ADN. Los mecanismos epigenéticos que más destacan son la metilación del ADN y la modificación de las histonas, procesos que alteran la estructura de la cromatina y, por tanto, la accesibilidad del material genético a la maquinaria de transcripción. Cuando la cromatina se encuentra en un estado condensado, es decir, los genes tienden a permanecer inactivos, mientras que en un estado más relajado se facilita su expresión. Estos mecanismos permiten que células con la misma

información genética desarrollen funciones distintas, siendo esenciales para la diferenciación celular y el correcto desarrollo de los organismos.

Desde hace muchos años, los científicos han tratado de entender cómo se heredan las características de los seres vivos y cómo cambian con el tiempo. En 1859, Charles Darwin propuso la teoría de la evolución. A partir de eso, se entendió que las características de los organismos no dependen solo de los genes. El ambiente también influye en su desarrollo y adaptación.

Con el paso del tiempo, varias investigaciones demostraron que factores del entorno afectan la expresión genética. La alimentación, el estrés, el clima, los contaminantes y algunas enfermedades pueden provocar cambios epigenéticos. Estos cambios influyen en la salud, el crecimiento y la capacidad de adaptación de los organismos.

Algunos de estos cambios pueden pasar a las siguientes generaciones. Esto muestra que existe otra forma de herencia además de la genética tradicional. Este tema es importante para entender la biodiversidad, porque explica cómo las especies logran adaptarse rápido a los cambios del ambiente sin modificar su ADN.

La relación entre el ambiente y la expresión genética también influye en la salud humana. Factores como el tabaquismo, la mala alimentación, la obesidad y la exposición a sustancias tóxicas pueden modificar los patrones epigenéticos. Estos cambios aumentan el riesgo de desarrollar enfermedades como el cáncer, la diabetes y algunos trastornos neurodegenerativos.

Por esta razón, la epigenética ayuda a entender cómo el entorno influye en las características biológicas y en la aparición de enfermedades. Actúa como una conexión entre el genotipo y el fenotipo, mostrando cómo los factores externos afectan el funcionamiento de los genes.

El estudio de la regulación genética desde la epigenética es importante para comprender la relación entre los seres vivos y su entorno. Además, aporta información útil para prevenir enfermedades, desarrollar tratamientos y proteger la biodiversidad. Por ello, el presente artículo tiene como objetivo analizar la influencia de los factores ambientales en la regulación de la expresión genética, destacando la importancia de los mecanismos epigenéticos en la adaptación biológica y en la dinámica evolutiva de los seres vivos.

Finalmente, el conocimiento sobre los mecanismos epigenéticos permite comprender de mejor manera los procesos de adaptación de las especies frente a los cambios ambientales. Esto contribuye al desarrollo de investigaciones orientadas a la salud, la conservación de la biodiversidad y avances biotecnológicos.

MATERIALES Y MÉTODOS

La presente revisión bibliográfica se desarrolló siguiendo los lineamientos establecidos por la metodología PRISMA (Preferred Reporting Items for Systematic Reviews and Meta-Analyses), la cual permite organizar de manera sistemática la búsqueda, selección y análisis de información

científica. Esta metodología se empleó con el propósito de identificar estudios relevantes relacionados con la epigenética, la expresión génica y la influencia de los factores ambientales sobre los mecanismos epigenéticos.

La pregunta de investigación planteada para esta revisión fue: ¿Cómo influyen los factores ambientales en los mecanismos epigenéticos y en la regulación de la expresión génica? A partir de esta interrogante se establecieron los criterios de búsqueda y selección de los artículos científicos incluidos en el estudio.

La búsqueda bibliográfica se realizó en diferentes bases de datos académicas y científicas, entre ellas Google Scholar, PubMed, Scielo y ScienceDirect, debido a que contienen información actualizada y confiable relacionada con biología molecular, genética y epigenética. Para la localización de los artículos se utilizaron palabras clave tanto en español como en inglés, entre las cuales destacan: “ADN”, “ambiente”, “biodiversidad”, “adaptación”, “epigenética”; “DNA” “environmental”, “biodiversity” “adaptation”, “epigenetics”. Asimismo, se emplearon operadores booleanos como AND y OR para mejorar la precisión de la búsqueda y ampliar los resultados obtenidos.

Posteriormente, se establecieron criterios de inclusión y exclusión para seleccionar los documentos más relevantes para la investigación, con el objetivo de garantizar que la información recopilada sea confiable y se encuentre actualizada. Se seleccionaron 26 artículos científicos publicados entre los años 2020 y 2025, debido a que el tema de la epigenética y como el ambiente influye en su expresión génica ha tenido avances significativos en los últimos 5 años seleccionando documentos relacionados directamente con epigenética y expresión génica, así como investigaciones con enfoque en factores como la nutrición, contaminación, estrés y sustancias tóxicas, y como estos afectan la regulación genética. También se incluyeron revisiones bibliográficas y artículos originales publicados en revistas científicas reconocidas en español e inglés.

Por otro lado, para los criterios de exclusión se descartaron 6 artículos de los 26 seleccionados, debido a que dos de estos eran documentos duplicados, mientras que los cuatro restantes una o más de las siguientes características: archivos sin acceso completo, que no contaban con un autor o fecha, estudios que no abordaban mecanismos epigenéticos y publicaciones que no guardaban relación directa con el objetivo de la investigación. Además, se descartaron fuentes con escaso respaldo científico o información poco actualizada, es decir, artículos que fueron publicados fuera del periodo 2020-2025.

El proceso de selección de los artículos se realizó en varias etapas. En la primera fase se identificaron los estudios mediante la búsqueda en las bases de datos seleccionadas. Posteriormente, se eliminaron los artículos duplicados encontrados en más de una plataforma. En una segunda etapa se revisaron los títulos y resúmenes para determinar su relevancia respecto al tema investigado. Finalmente, se efectuó una lectura completa de los documentos seleccionados con el fin de verificar que cumplieran con los criterios establecidos.

Luego del proceso de selección, los artículos se organizaron en base al tema de investigación, como epigenética, metilación del ADN, factores ambientales y la relación entre la expresión génica y enfermedades. En base a esta organización se logró comparar la información e identificar los hallazgos más destacados e importantes de cada estudio.

Después, se realizó una síntesis de la información mediante la revisión y comparación de los resultados obtenidos en los diferentes artículos seleccionados. Para asegurar que la información es verídica y confiable, se verificó que los documentos provinieran de revistas científicas reconocidas, contaran con autores identificados, fecha de publicación y relación directa con el tema investigado. Además, el proceso de selección de artículos se llevó a cabo siguiendo las etapas del diagrama PRISMA: identificación, filtrado, elegibilidad e inclusión.

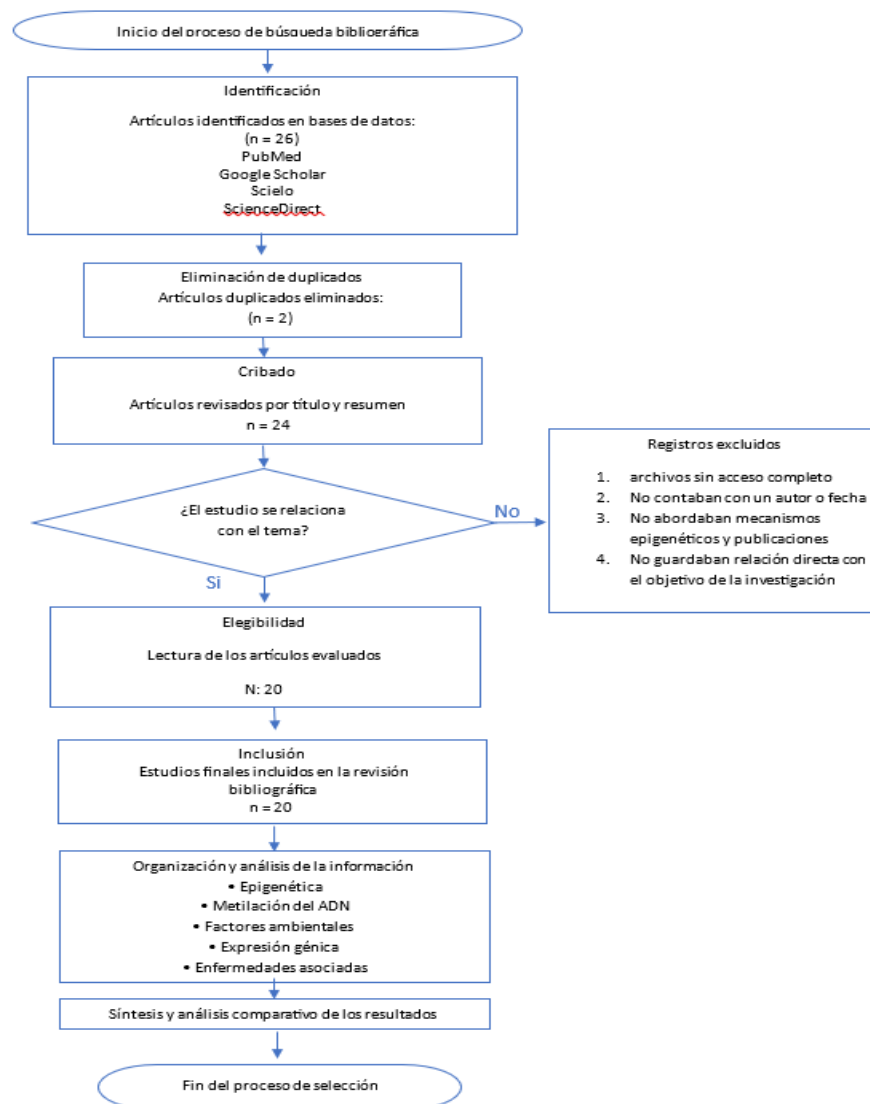


Figura 1. Diagrama de flujo del proceso de selección de artículos según la metodología PRISMA.

Fuente: Elaboración propia

El análisis descriptivo y comparativo, lo que permitió comprender de mejor manera cómo diversos factores ambientales, como la alimentación, la exposición a sustancias tóxicas, el estrés, los contaminantes y los hábitos de vida, pueden modificar los mecanismos epigenéticos y alterar la expresión de los genes. Asimismo, se identificó que muchas de estas modificaciones pueden asociarse con enfermedades metabólicas, cardiovasculares y trastornos del desarrollo.

Finalmente, la aplicación de la metodología PRISMA permitió garantizar una búsqueda sistemática, organizada y transparente de la información científica utilizada en esta revisión bibliográfica. Además, facilitó la selección de estudios relevantes y actualizados, contribuyendo a una mejor comprensión de la relación existente entre los factores ambientales, la epigenética y la expresión génica.

RESULTADOS

1. Expresión genética

1.1 Concepto de Expresión genética

La expresión genética es el proceso mediante el cual la información codificada en el ADN se expresa mediante transcripción a ARN y, posteriormente, se traduce para sintetizar productos funcionales, como proteínas. Este proceso es fundamental para comprender el papel de los genes y descubrir nuevas rutas biológicas, que pueden utilizarse para comprender su evolución (2).

En 1859, con la publicación de la teoría evolución de las especies por Charles Darwin se descubrió que las características físicas no dependen estrictamente de los genes; con la introducción del término selección natural dio inicio a diversos estudios sobre la genética y cuál es la influencia del ambiente en su expresión (3).

Con este antecedente, se comienza a realizar estudios experimentales con el fin de demostrar que el ambiente puede inducir cambios en la expresión génica. Por ejemplo, un estudio realizado en el año 2023 sobre las abejas orquídeas revela que los machos recolectan compuestos químicos del entorno que utilizan como feromonas durante el cortejo. Este fenómeno ocurre con una regulación positiva de genes en funciones relacionadas con la transcripción, la unión de odorantes y la actividad de receptores en los túbulos de Malpighi (4).

2. Epigenética

La expresión genética no depende exclusivamente del ADN, sino de los procesos y mecanismos empleados en la transcripción del ARN. La epigenética es una rama de la biología que estudia cómo se activan o desactivan los genes sin cambiar la secuencia del ADN los mecanismos principales que estudia esta rama son: la metilación del ADN en la citosina en dinucleótidos CpG y la modificación de histonas.

Estos mecanismos epigenéticos actúan principalmente a través de modificaciones en la cromatina, como la metilación del ADN y los cambios en las histonas, los cuales determinan el

grado de compactación del material genético. Cuando la cromatina se encuentra condensada, los genes tienden a permanecer inactivos, mientras que en estados más relajados se facilita su expresión. Este control estructural resulta fundamental para la diferenciación celular, ya que permite que células con la misma información genética desarrollen funciones específicas. Además, estas modificaciones pueden verse influenciadas por factores ambientales, lo que refuerza su papel en la regulación dinámica de la expresión génica (1).

El epigenoma es un conjunto de moléculas unidas al complejo ADN/histonas, este sistema es complejo, dinámico y puede ser modificado. Depende de alteraciones químicas en el ADN y las histonas, que a su vez son reguladas por factores ambientales.

2.1 ¿Qué es epigenética?

Según Chaparro (2024), el concepto de epigenética admite diversas interpretaciones, aunque todas convergen en una misma base conceptual. Se define como aquello que trasciende la información genética, ya sea como un conjunto de procesos que regulan la relación entre el genotipo y el fenotipo, como una forma de herencia que va más allá de la secuencia del ADN, o como modificaciones que se establecen sobre el material genético e influyen en su funcionamiento. En este sentido, la epigenética explica cómo la información genética se traduce en características observables y cómo ciertos mecanismos regulatorios pueden transmitirse entre células e incluso entre generaciones.

El autor también señala que, si bien el término fue introducido en 1942, su desarrollo ha cobrado especial relevancia en las últimas décadas, evidenciado por el incremento sostenido de investigaciones y publicaciones científicas en este campo. El presente apartado se limita a exponer los fundamentos esenciales, sin profundizar en aspectos propios de la biología celular o molecular.

Al respecto, Solís (2022) señala que tanto los factores genéticos y ambientales se vinculan de manera probabilística y dinámica a lo largo de la vida; y es fundamental conocer cómo se da esta relación en diferentes contextos.

2.2 ¿Cómo funcionan los mecanismos epigenéticos?

El funcionamiento de los mecanismos epigenéticos se relaciona con la organización del material genético dentro de las células. En organismos eucariotas, el ADN se localiza en el núcleo celular y se encuentra asociado a proteínas denominadas histonas, formando la cromatina, la cual puede compactarse en cromosomas (5).

Además de la metilación del ADN y las modificaciones de histonas, los ARN no codificantes, especialmente los microARN (miARN), constituyen otro mecanismo epigenético importante. Estas pequeñas moléculas regulan la expresión génica a nivel postranscripcional al promover la degradación del ARN mensajero o inhibir su traducción. Asimismo, interactúan con otros mecanismos epigenéticos, como la metilación del ADN y las modificaciones de histonas,

participando en procesos de desarrollo, diferenciación celular y respuesta a factores ambientales (6).

El código genético es un conjunto de reglas que dictamina la secuencia de nucleótidos que codifican aminoácidos, estos se unen entre sí en para formar biomoléculas como las proteínas que son responsables de la estructura y función de los seres vivos. Este proceso ocurre mediante la transcripción y la traducción del ADN. En este contexto, se estima que solo una parte pequeña del genoma corresponde a regiones codificantes, mientras que, la mayoría está constituida por secuencias no codificantes que cumplen funciones regulatorias. Esto permite que la expresión génica no sea uniforme entre los distintos tipos celulares ni entre organismos, dando lugar a la expresión génica diferencial, base de la diversidad biológica (5) .

La metilación del ADN constituye uno de los principales mecanismos epigenéticos involucrados en la regulación de la expresión génica y está mediada por mecanismos que activan o silencian regiones específicas del ADN. Estos actúan mediante modificaciones sobre el ADN o las histonas, alterando la estructura de la cromatina y la accesibilidad a la maquinaria de transcripción.

Las modificaciones en la metilación en regiones CpG y en los inicios del proceso de transcripción alteran directamente los patrones de expresión en diversos genes. Además, la metilación anormal del ADN ha sido identificada como un biomarcador importante para identificar distintas enfermedades, especialmente aquellas que tienen relación con trastornos metabólicos y cardiovasculares (7).

Entre los procesos más estudiados se encuentra la metilación del ADN, generalmente asociada con la represión génica y altamente influenciada por factores ambientales. Asimismo, existen otras modificaciones, como la acetilación, hidroxilación y ubiquitinación, que participan en la regulación de la actividad génica en distintos organismos (5).

3. Factores ambientales que influyen en la expresión génica

La epigenética comprende procesos de regulación de la expresión génica que responden tanto al desarrollo como a las señales externas del ambiente. Los factores ambientales y genéticos tienen una relación de manera dinámica y probabilística a lo largo de la vida, lo que influye directamente en procesos epigenéticos y en cómo se expresan los genes, e incluso transmitirse entre generaciones. Además, estos mecanismos contribuyen a la denominada plasticidad fenotípica, permitiendo respuestas adaptativas frente a diferentes condiciones ambientales (8). Según Miranda Furtado et al. (2019), citados en Solís (2022), “la reprogramación epigenética se ve fuertemente afectada por factores ambientales, que juegan un papel importante en la adquisición y el mantenimiento de las marcas epigenéticas”. Además, los cambios en la estructura de la cromatina pueden definirse por el ambiente, así también, pueden ser heredados, lo que contribuye a la adaptación de las especies frente a los cambios y condiciones ambientales. Estas interacciones permiten comprender mejor las diferencias en el desarrollo humano y la aparición de diversas enfermedades relacionadas con alteraciones epigenéticas.

Si bien los experimentos han confirmado que muchas alteraciones epigenéticas causadas por factores ambientales presentan respuestas plásticas, algunas pueden integrarse permanentemente en el genoma mediante la integración genética, promoviendo una rápida adaptación transgeneracional en los peces. Estos factores ambientales podrían causar patrones irregulares de metilación del ADN en genes relacionados con diversos eventos biológicos, lo que podría provocar disfunción orgánica al inducir alteraciones en genes relacionados con el estrés oxidativo o la apoptosis. Además, estos problemas ambientales alteran la metilación del ADN y las histonas, lo que conlleva una disminución de la capacidad reproductiva.

Las modificaciones epigenéticas controlan la expresión génica y son esenciales para la activación y desactivación de genes, regulando y manteniendo así la diferenciación celular (9). La epigenética también se ve modificada por diversos factores ambientales, como la dieta y los contaminantes, lo que permite que el entorno de un individuo influya en la expresión génica y, por consiguiente, en los fenotipos y resultados clínicos (10). Factores externos como la alimentación, el estrés y la exposición a sustancias químicas pueden regular la expresión de los genes mediante mecanismos epigenéticos, sin modificar la secuencia del ADN. Estas modificaciones alteran la estructura de la cromatina y la actividad genética, influyendo en distintos procesos biológicos y en el desarrollo de enfermedades (11). Por otro lado, las modificaciones en la expresión génica pueden verse influenciados por factores ambientales y, en algunos casos, ser heredables, afectando directamente a la capacidad de adaptación de los organismos frente al ambiente. Además, la alimentación, los hábitos de vida y otros factores ambientales pueden generar cambios en el epigenoma, relacionados con la aparición de diversas enfermedades y alteraciones en el desarrollo humano (12).

Factores ambientales como fármacos, sustancias químicas tóxicas, humo, temperatura, componentes dietéticos e infecciones se consideran causas modificables de enfermedad debido a sus efectos en los procesos biológicos, ya que pueden alterar la expresión de numerosos genes (9). Estas interacciones entre genes y ambiente pueden generar cambios epigenéticos que, en algunos casos, pueden transmitirse entre generaciones, produciendo efectos duraderos (13).

Los factores ambientales son importantes ya que cumplen una función fundamental en la regulación de la expresión génica, especialmente durante etapas tempranas del desarrollo. Durante los últimos años una serie de estudios han demostrado que factores como la nutrición, la exposición a sustancias tóxicas, el estrés psicosocial y las infecciones influyen directamente en la actividad genética a través de mecanismos epigenéticos. Estos factores interactúan con la secuencia del ADN, de tal modo que logran modificar la metilación del ADN y la estructura de la cromatina. Por ende, pueden alterar el desarrollo normal del organismo y aumentar el riesgo de trastornos en etapas posteriores de la vida (14).

3.1 Relación ambiente–genética

La epigenética ha mostrado importantes avances desde que Conrad Waddington propuso este concepto en 1942 con el objetivo de relacionar el genotipo y el fenotipo mediante mecanismos de regulación biológica. En la actualidad, la epigenética comprende distintos procesos encargados de regular la expresión génica tanto durante el desarrollo de los organismos como en respuesta

a estímulos ambientales. Estos mecanismos permiten explicar cómo factores externos pueden influir en la actividad de los genes sin modificar la secuencia del ADN (8).

Diversas investigaciones recientes han dado como resultado que las modificaciones epigenéticas alteran la expresión génica, ya que pueden heredarse entre generaciones. En organismos como la langosta del desierto (*Schistocerca gregaria*), los cambios en el comportamiento y en la estrategia de supervivencia han sido asociados con variaciones en neurotransmisores como la serotonina y la dopamina, generando respuestas fisiológicas, características que transmitirse. De igual manera, estudios realizados en *Arabidopsis thaliana* evidencian que individuos con el mismo genoma presentan diferentes patrones de metilación del ADN, algunos de los cuales pueden mantenerse a lo largo de varias generaciones. En animales también se han identificado un método similar. Investigaciones con *Caenorhabditis elegans* ponen en evidencia que este organismo responde a agresiones ambientales mediante pequeños ARN reguladores, los cuales son capaces de mantenerse durante generaciones. Asimismo, experimentos en ratones demostraron que la metilación de genes relacionados con la pigmentación puede heredarse, y que factores como la alimentación influyen en la estabilidad de estas modificaciones epigenéticas (8).

Estos hallazgos han fortalecido el concepto de plasticidad fenotípica, entendido como la capacidad de los organismos para adaptarse rápidamente a cambios ambientales. En este contexto, la epigenética se relaciona con procesos evolutivos, la adaptación de las especies y problemáticas actuales como la desigualdad social y el cambio climático, debido a que las condiciones ambientales y sociales pueden generar efectos biológicos capaces de repercutir en generaciones futuras (8).

3.2 Epigenética, adaptación y evolución

La epigenética también ha permitido comprender mejor los procesos de adaptación y evolución de las especies frente a cambios ambientales. Diversos estudios sugieren que ciertas modificaciones epigenéticas favorecen la denominada plasticidad fenotípica, es decir, la capacidad de los organismos para responder rápidamente a las condiciones del entorno sin necesidad de alterar directamente la secuencia genética. Este fenómeno podría influir en la selección natural y en la supervivencia de las especies, especialmente en ambientes cambiantes. Además, investigaciones relacionadas con transposones (elementos móviles del ADN descubiertos por Barbara McClintock) indican que estos pueden participar en la regulación de la expresión génica y en la adaptación biológica. Algunos científicos consideran que estos mecanismos podrían facilitar respuestas evolutivas más rápidas frente a factores ambientales adversos (8).

La relación entre epigenética y ambiente también se ha vinculado con problemáticas actuales como el cambio climático y la desigualdad social. Las condiciones ambientales desfavorables, la contaminación, el estrés y las dificultades socioeconómicas pueden generar alteraciones epigenéticas relacionadas con la salud y la calidad de vida. De esta manera, el ambiente no solo influye en el individuo, sino que puede producir efectos biológicos con repercusiones a largo plazo e incluso transgeneracionales (8).

3.3 Implicaciones biológicas

Las implicaciones biológicas de la epigenética se evidencian en su relación con diversas enfermedades multifactoriales. Un estudio realizado en el 2025 revela que los cambios epigenéticos se asocian a varias enfermedades, tales como el asma, cáncer, obesidad, diabetes y demencia (15). Por otro lado, Borrego et al. (2024), destacan que las variaciones epigenéticas causan enfermedades neurodegenerativas, debido a las modificaciones de los cromosomas o las histonas en el ADN, sobre todo a enfermedades como el Alzheimer o el Parkinson.

La epigenética analiza las modificaciones que regulan la expresión de los genes sin alterar la secuencia nucleotídica del ADN, cambios que pueden ser inducidos por estímulos físicos, químicos, nutricionales y ambientales. Al respecto, el autor destaca el impacto crítico de dichas variaciones en la salud humana, puesto que intervienen directamente en los procesos de diferenciación celular, el desarrollo embrionario y el origen de múltiples patologías vinculadas a fallos en el control epigenético. Asimismo, destaca que ciertos trastornos genéticos y neurológicos, así como algunas psicopatologías, se relacionan con modificaciones epigenéticas que alteran el funcionamiento normal de los genes (16).

En este contexto, existen diferentes factores de riesgo como la alimentación, el tabaquismo, la obesidad y el sedentarismo que juegan un papel clave en el desarrollo de enfermedades multifactoriales. Para fundamentar, Hernández et al. (2020) expone que vicios como el tabaquismo, el sedentarismo, la obesidad y niveles alto de colesterol derivan en enfermedades cardiovasculares, esto sumado a antecedentes familiares, reforzando la importancia del entorno en la salud y la enfermedad.

3.4 Biodiversidad y adaptación molecular

La genética molecular constituye una herramienta fundamental para el análisis de la biodiversidad y la conservación de las especies, debido a que permite estudiar la variabilidad genética presente en los organismos y comprender los mecanismos relacionados con su adaptación y evolución. El avance de técnicas como la reacción en cadena de la polimerasa (PCR), la secuenciación de ADN, el análisis de ADN mitocondrial y el uso de marcadores moleculares ha facilitado la identificación de diferencias genéticas entre poblaciones, así como el estudio de relaciones filogenéticas y procesos hereditarios. Estas metodologías proporcionan información precisa sobre la estructura genética de las especies y permiten evaluar su capacidad de respuesta frente a cambios ambientales (17).

La diversidad genética representa una parte importante de la biodiversidad, debido a que permite que los organismos puedan responder y adaptarse a diferentes condiciones del ambiente. Cuando esta variabilidad disminuye, las especies pueden volverse más sensibles frente a enfermedades, cambios climáticos o modificaciones en su hábitat. En la actualidad, problemas como la contaminación, la deforestación, la fragmentación de ecosistemas, el uso excesivo de recursos naturales y el cambio climático han contribuido al aumento de la pérdida de biodiversidad y al riesgo de desaparición de numerosas especies animales y vegetales. Por esta razón, la genética

de la conservación busca preservar los recursos genéticos y mantener poblaciones capaces de adaptarse a futuras condiciones ambientales (17).

El empleo de marcadores moleculares, especialmente microsatélites y polimorfismos de nucleótido único (SNP), ha permitido analizar niveles de diversidad genética, determinar parentescos, identificar procesos de aislamiento poblacional y detectar características adaptativas importantes en distintas especies. Estas herramientas también aportan al desarrollo de programas enfocados en la conservación, el manejo reproductivo y la protección de especies amenazadas. De igual forma, el análisis del ADN mitocondrial ha permitido comprender mejor algunos procesos evolutivos y migratorios, además de brindar información sobre el origen y la distribución de diferentes poblaciones.

La regulación epigenética también se relaciona con la adaptación biológica y con la interacción entre la genética y el ambiente. Procesos como la metilación del ADN, ciertos cambios en las histonas y la acción de pequeños ARN reguladores intervienen en la activación o silenciamiento de genes sin modificar la secuencia genética. Estas alteraciones pueden producirse por factores ambientales como la alimentación, el estrés, las infecciones, la temperatura o la exposición a sustancias tóxicas. Como consecuencia, los organismos pueden generar respuestas que favorecen su supervivencia frente a condiciones ambientales adversas.

En algunos casos, ciertos cambios epigenéticos pueden mantenerse durante largos periodos e incluso transmitirse entre generaciones, influyendo en procesos evolutivos y en la plasticidad fenotípica de las especies. La relación entre genética, epigenética y ambiente demuestra que la expresión genética no constituye un proceso estático, sino dinámico y sensible a las condiciones del entorno. Esta interacción influye directamente en la biodiversidad, la evolución y la capacidad adaptativa de los organismos, permitiendo comprender mejor los procesos biológicos relacionados con la conservación de las especies y el equilibrio de los ecosistemas (17).

La relación entre genética, epigenética y ambiente demuestra que la expresión genética responde constantemente a las condiciones del entorno. Esta interacción influye en la biodiversidad, la evolución y la capacidad de adaptación de los organismos, además de ayudar a comprender mejor algunos procesos biológicos relacionados con la conservación de las especies y el equilibrio de los ecosistemas.

Según Manrique Julio (2025), los cambios epigenéticos producidos por factores ambientales tienen relación con la variabilidad fenotípica y la adaptación ecológica de los organismos. La autora señala que estos cambios pueden alterar la expresión genética, influir en los fenotipos y, en algunos casos, transmitirse a generaciones posteriores, proporcionando un mecanismo que favorece la adaptación de la descendencia a nuevas condiciones ambientales. Asimismo, destaca que los mecanismos epigenéticos son esenciales para comprender la interacción entre genes y ambiente, la plasticidad fenotípica y las respuestas evolutivas frente al estrés ambiental, lo que resalta su importancia en el estudio de la biodiversidad y en la capacidad adaptativa de las especies (18).

3.5 Metales pesados, pesticidas y contaminantes como moduladores epigenéticos

La exposición a contaminantes ambientales constituye uno de los factores externos con mayor capacidad para modificar la expresión genética mediante mecanismos epigenéticos. Sustancias como pesticidas, herbicidas, metales pesados, partículas contaminantes y compuestos químicos persistentes pueden alterar procesos celulares relacionados con la regulación génica, especialmente durante etapas sensibles del desarrollo embrionario y fetal. Entre los principales mecanismos afectados destacan la metilación del ADN, las modificaciones de histonas y la remodelación de la cromatina, los cuales participan en la activación o silenciamiento de genes sin alterar la secuencia primaria del ADN ((19).

Los pesticidas y herbicidas han sido asociados con alteraciones epigenéticas capaces de influir en el desarrollo biológico y neurológico. El glifosato, por ejemplo, ha sido relacionado con modificaciones en la metilación del ADN y con cambios en la regulación de genes implicados en procesos celulares esenciales. Asimismo, ciertos compuestos organoclorados y disruptores endocrinos pueden alterar el metiloma espermático y modificar la expresión de genes vinculados al desarrollo y adaptación de los organismos (19) .

Asimismo, metales pesados como plomo, mercurio, arsénico, manganeso y cadmio tienden a inducir procesos de hipo o hipermetilación en zonas determinadas del ADN, afectando directamente a los genes relacionados con el desarrollo, la respuesta celular y la adaptación al ambiente. Estas sustancias también provocan estrés oxidativo y alteraciones en el equilibrio celular, lo que favorece la aparición de alteraciones epigenéticas que son capaces de modificar la actividad génica y la estabilidad fisiológica de los organismos. Por otro lado, los contaminantes atmosféricos derivados de la combustión de hidrocarburos, como las partículas de diésel, el dióxido de nitrógeno y la materia particulada PM2.5 son importantes para que se den estos cambios en la expresión génica. Estos contaminantes actúan alterando la accesibilidad de la cromatina y patrones de metilación en genes relacionados con diferentes funciones celulares. Además, diferentes investigaciones han observado que la exposición prolongada a partículas contaminantes puede afectar la función mitocondrial y la regulación de procesos metabólicos fundamentales (19).

La evidencia científica actual demuestra que la interacción entre ambiente y genética desempeña un papel fundamental en la regulación epigenética. Los cambios inducidos por contaminantes ambientales no solo afectan la salud y el funcionamiento biológico de los organismos, sino que también pueden influir en la adaptación, la biodiversidad y los procesos evolutivos, resaltando la importancia de reducir la exposición a sustancias tóxicas para preservar la estabilidad genética y ambiental (19).

DISCUSIÓN

Los estudios analizados evidencian que la regulación de la expresión genética constituye un proceso dinámico influenciado tanto por factores internos como por estímulos ambientales. En este sentido, la epigenética se posiciona como un mecanismo fundamental para comprender cómo el ambiente puede modificar la actividad génica sin alterar la secuencia primaria del ADN. Diversos autores coinciden en que procesos como la metilación del ADN, las modificaciones de

histonas y la acción de ARN no codificantes participan directamente en la activación o silenciamiento génico, regulando funciones celulares relacionadas con el desarrollo, la diferenciación celular y la adaptación biológica (1,5). Asimismo, estudios y artículos analizados concuerdan que la metilación del ADN y la modificación de histonas juegan un papel fundamental en la regulación de los genes y en la manera en que los organismos se adaptan a su entorno (5).

Los resultados obtenidos en la presente revisión concuerdan con investigaciones recientes que demuestran que factores ambientales como la alimentación, el estrés, la contaminación, las infecciones y la exposición a sustancias químicas pueden inducir modificaciones epigenéticas capaces de alterar la expresión génica (8,11). Además, algunos autores mencionan que estos cambios podrían influir en la evolución y adaptación de las especies para afrontar diversas condiciones ambientales actuales, especialmente aquellas que mantienen una relación directa con el cambio climático, como el aumento de la temperatura, la contaminación del aire y los cambios en los ecosistemas.

En este contexto, los factores ambientales influyen en la expresión génica, en especial en etapas tempranas del desarrollo. Según diversos estudios, se ha demostrado que hay factores como la nutrición, la exposición a sustancias tóxicas, el estrés psicosocial y las infecciones (14). En concordancia con esto, los factores de riesgo como el sedentarismo, el tabaquismo y la obesidad tienen un impacto significativo en la regulación epigenética. Estos factores interactúan con la predisposición genética, alterando la metilación del ADN y la manera en cómo está estructurada la cromatina, asociándose con la alteración en el desarrollo normal del organismo y aumentar el riesgo de trastornos en etapas posteriores de la vida (20).

De igual manera, los hallazgos relacionados con contaminantes ambientales resaltan la importancia de controlar la exposición a sustancias tóxicas. Los metales pesados, pesticidas, partículas contaminantes y compuestos químicos persistentes han sido asociados con alteraciones epigenéticas que afectan procesos celulares esenciales y favorecen el desarrollo de enfermedades (19).

En el ámbito de la biodiversidad, la regulación epigenética también desempeña un papel importante en la capacidad adaptativa de las especies. La interacción entre genética, epigenética y ambiente permite explicar cómo los organismos responden frente a cambios ecológicos y climáticos, contribuyendo a la estabilidad y supervivencia de las poblaciones (17,18). De esta manera, se evidencia que herramientas de genética molecular y epigenética representan una alternativa relevante para el estudio de la conservación biológica.

Finalmente, toda la serie de artículos e investigaciones demuestran que los cambios epigenéticos son reversibles, mientras que, otros pueden prolongarse durante toda la vida del organismo e incluso ser heredados, lo que plantea importantes implicaciones en la evolución y en la salud. Por lo tanto, es de suma importancia que estas alteraciones sigan siendo investigadas, con el fin de comprender mejor como suceden estas adaptaciones y prevenir el desarrollo de ciertas enfermedades (13).

CONCLUSIONES

La regulación de la expresión genética cumple una función importante en el funcionamiento de los organismos, ya que controla qué genes se activan y cuáles permanecen inactivos de acuerdo con las necesidades celulares y las condiciones del entorno. Los mecanismos epigenéticos participan directamente en este proceso sin modificar la secuencia del ADN. Gracias a esta regulación, las células pueden desarrollar funciones específicas, mantener su actividad biológica y responder a distintos estímulos ambientales que influyen en el desarrollo y adaptación de los seres vivos.

Los factores ambientales influyen directamente en la expresión genética y pueden producir cambios epigenéticos que afectan el funcionamiento celular y la salud de los organismos. Aspectos como la alimentación, el estrés, los hábitos de vida y la exposición a contaminantes alteran los mecanismos de regulación genética y favorecen la aparición de diversas enfermedades. Esto demuestra que el ambiente tiene una relación directa con la respuesta biológica de los individuos y con los procesos que intervienen en su desarrollo, adaptación y estado de salud.

La relación entre genética, epigenética y ambiente permite comprender mejor los procesos de adaptación, evolución y biodiversidad. Las modificaciones epigenéticas ayudan a que las especies respondan de manera rápida a los cambios ambientales y fortalecen su capacidad adaptativa frente a diferentes condiciones ecológicas. Además, el estudio de estos mecanismos aporta información útil para la conservación de la biodiversidad, el equilibrio de los ecosistemas y el desarrollo de estrategias orientadas a la prevención y tratamiento de enfermedades.

REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

1. Jouve de la Barreda N. La epigenética. Sus mecanismos y significado en la regulación génica. Cuad Bioet. 2020 Sep 1;31(103):405–19. doi:10.30444/CB.79 PubMed PMID: 33375806.
2. Julca I, Tan QW, Mutwil M. Toward kingdom-wide analyses of gene expression. Trends in Plant Science. Elsevier Ltd; 2023. p. 235–49. doi:10.1016/j.tplants.2022.09.007 PubMed PMID: 36344371.
3. Michael Ruse. Introducción: “La teoría darwiniana de la evolución.” 2023 Feb.
4. Darragh K, Ramírez SR. The transcriptomic signature of adaptations associated with perfume collection in orchid bees. J Evol Biol. 2024 Feb 1;37(2):141–51. doi:10.1093/jeb/voad012 PubMed PMID: 38271116.
5. Ximena Carrasco Chaparro. Acompañando en el camino de la crianza de 0 a 10 años: La aventura/arte/tarea de ser padres en el siglo XXI. In: Alfonso Correa Del Río, editor. Acompañando en el camino de la crianza de 0 a 10 años: La aventura/arte/tarea de ser padres en el siglo XXI [Internet]. Santiago, Chile: Editorial Al Viento; 2024 [cited 2026 May 5]. p. 399–408. Available from: https://colegioanibalesquivel.cl/documentos/2024/08agosto/manual_padres.pdf
6. William Armando Pesantez LozanoLucia Elena Hidalgo AlmeidaJimmy Adalberto Andrade MolinaCarmen Monserrate Zambrano ReyesIsmael Augusto Moya López.

- Articulo+2025+IBEROAMERICANA++Impacto+de+los+MicroArns+en+la+regulacion+epigenetica.
7. Park SJ. El perfil de metilación del ADN de todo el genoma identifica biomarcadores de la competencia y un modelo atómico potencial para el trastorno metabólico Genome-Wide DNA Methylation Profiling Identifies Competitor Biomarkers and a Potential Atomic Model for Metabolic Disorder. Archivos de Medicina. 2022 Oct 28;18(10):1565. doi:10.36648/1698-9465.22.18.1565
 8. Ruiz EM, Rocha JR. The Conversation [Internet]. 2020 [cited 2026 May 7]. p. 1–5. Epigenética, desigualdad y cambio climático. Available from: <https://theconversation.com/epigenetica-desigualdad-y-cambio-climatico-131114> doi:<https://doi.org/10.64628/AAO.f6qyc7j3p>
 9. Collins B. Epigenetics: Unlocking the Influence of Environmental Factors on Gene Expression. J Biochem Biotech. 2024;7(3):23. doi:10.35841/aabb-7.3.204
 10. Chen CHS, Yuan TH, Lu TP, Lee HY, Chen YH, Lai LC, et al. Exposure-associated DNA methylation among people exposed to multiple industrial pollutants. Clin Epigenetics. 2024 Dec 1;16(1). doi:10.1186/s13148-024-01705-y PubMed PMID: 39164771.
 11. Reza Noyola M, Recillas Targa F, Rojas Del Castillo E. UNIVERSIDAD NACIONAL AUTÓNOMA DE MÉXICO Programa de Maestría y Doctorado en Ciencias Bioquímicas Instituto de Fisiología Celular Agotamiento de DNA mitocondrial y sus efectos sobre el patrón de metilación del DNA nuclear mediados por las concentraciones de SAM y NAD+. [Ciudad de México]: Universidad Nacional Autónoma De México; 2024.
 12. Solís M. Revisión sistemática de la epigenética y sus aplicaciones en salud. Revista GICOS. 2022 Mar 25;7(3):131–46. doi:10.53766/gicos/2022.07.03.09
 13. Klibaner-Schiff E, Simonin EM, Akdis CA, Cheong A, Johnson MM, Karagas MR, et al. Environmental exposures influence multigenerational epigenetic transmission. Clinical Epigenetics. BioMed Central Ltd; 2024. doi:10.1186/s13148-024-01762-3 PubMed PMID: 39420431.
 14. HUGO A. ARROYO. FACTORES AMBIENTALES QUE INFLUYEN EN LOS TRASTORNOS DEL DESARROLLO. Medicina (Buenos Aires) [Internet]. 2022 [cited 2026 May 5];82(Suplemento 3):35–41. Available from: <https://www.scielo.org.ar/pdf/medba/v82s3/1669-9106-medba-82-s3-35.pdf>
 15. Cañarte Murillo JR, Hernández González GZ, Pionce Ruíz SD, Guashpa Rodríguez MG. Epigenética y su impacto en la expresión génica: un enfoque hacia las enfermedades multifactoriales. Arandu UTIC. 2025 Apr 8;12(1):3629–40. doi:10.69639/arandu.v12i1.830
 16. Jouve de la Barreda N. La epigenética transgeneracional y sus implicaciones bioéticas. Cuad Bioet. 2023 May 1;34(111):233–49. doi:10.30444/CB.155 PubMed PMID: 37804494.
 17. Ángel Vázquez Gil. La genética molecular en la conservación de los recursos zoogenéticos. Revista de Producción Animal [Internet]. 2021 [cited 2026 May 7];33(2):83–111. Available from: <https://revistas.reduc.edu.cu/index.php/rpa/article/view/e3878>
 18. Yohana E, Julio M. A epigenética: uma ferramenta importante na avaliação ambiental em Ecotoxicologia Epigenetics: An Important Environmental Assessment Tool in Ecotoxicology.
 19. Héctor Paul Quintero Montaña. La epigenética en la configuración del fenotipo autista [Internet]. [Quito]: Universidad Andina Simón Bolívar; 2025 [cited 2026 May 8]. Available from: <http://hdl.handle.net/10644/10412>

20. Erick de la Cruz-Hernández, María Fernanda Hernández Landero, Adriana Contreras Paredes. La metilación del ADN en el cáncer y su diagnóstico. Comalcalco, Tabasco; 2025 Jul.