



Análisis de la aplicación de genómica en la restauración ecológica

Analysis of the application of genomics in ecological restoration

doi <https://doi.org/10.47230/agrosilvicultura.medioambiente.v1.n2.2023.74-82>

Recibido: 28-08-2022


Aceptado: 06-11-2023

Publicado: 20-12-2023


Cristhian Leoncio Catagua Durán¹

 <https://orcid.org/0000-0002-0016-1301>

Jessica Jessenia Moran Moran²

 <https://orcid.org/0000-0002-6487-1038>

Molina Valdiviezo Olga Jelena³

 <https://orcid.org/0000-0002-9933-7185>

1. Doctorado en Ciencias de Recursos Naturales, Universidad de La Frontera, avenida Francisco Salazar 1145, Temuco, La Araucanía, Chile.
2. Universidad Estatal del Sur de Manabí, Facultad de Ciencias Naturales y de la Agricultura, Carrera Agropecuaria, Jipijapa, Ecuador.
3. Magíster en Gestión Ambiental, Pontificia Universidad Católica del Ecuador: Sede Manabí, Departamento de Seguridad y Salud Ocupacional, Ciudadela 1ero de Mayo, Portoviejo, Ecuador.

Volumen: 1

Número: 2

Año: 2023

Paginación: 74-82

URL: <https://revistas.unesum.edu.ec/agricultura/index.php/ojs/article/view/22>

***Correspondencia autor:** c.catagua01@ufromail.cl



RESUMEN

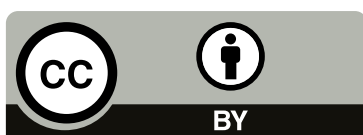
Los ecosistemas están expuestos a diferentes presiones, tanto de origen natural como antrópico, afectando la biodiversidad y disminuyendo las funciones de los servicios ecosistémicos, la restauración mediante programas ha mostrado deficiencias en los ecosistemas fragmentados, al respecto diferentes estudios han demostrado que la aplicación de genómica puede aumentar las probabilidades de restauración. La presente revisión tuvo como objetivo analizar la aplicación de genómica en la restauración ecológica, las técnicas genómicas ofrecen lo necesario para potencializar los organismos vivos para la restauración de ecosistemas y funciones ecológicas, mediante las herramientas genómicas de poblaciones acceden al estudio de mejoramiento del genotipo y la representación del genoma, meta-ómica permite caracterizar diferentes grupos taxonómicos mediante la secuenciación de ADN o ARN, la edición del genoma atribuye la modificación y potencialización de nuevos genotipos obteniendo la capacidad de mejorar las probabilidades de regeneración en un ecosistema perturbado de acuerdo a los objetivos del programa de restauración, en conclusión la genómica para la restauración ecológica tiene el potencial para regenerar los ecosistemas afectados por disturbios, aunque puede presentar limitaciones en función a procedimientos logísticos, adquisición de equipos tecnológicos, incluso con el genotipo del organismo vivo, y transmisión de patógenos.

Palabras clave: Edición del genoma, disturbios, genes, genomas, meta-ómica, regeneración ecológica.

ABSTRACT

Ecosystems are exposed to different pressures, whether of natural or anthropic origin, affecting biodiversity and decreasing the functions of ecosystem services, restoration through programs have shown deficiencies in fragmented ecosystems, while different studies have shown that the application of genomics can increase the chances of restoration. The present review aimed to analyze the application of genomics in ecological restoration, genomics techniques offer what is necessary to potentiate living organisms for the restoration of ecosystems and ecological functions, through the tools of genomics of populations accesses the study of improvement of the genotype and the representation of the genome, meta-omics allows to characterize different taxonomic groups through the sequencing of DNA or RNA, genome editing attributes the modification and potentiation of new genotypes obtaining the ability to improve the probabilities of regeneration in a disturbed ecosystem according to the objectives of the restoration program, In conclusion, genomics for ecological restoration has the potential to regenerate ecosystems affected by disturbances, although it may present limitations depending on logistical procedures, investments in the acquisition of technological equipment, even with the genotype of the living organism, transmission of pathogens.

Keywords: Genome editing, disturbances, genes, genomes, meta-omics, ecological regeneration.



Creative Commons Attribution 4.0
International (CC BY 4.0)

Introducción

El vínculo que tiene la naturaleza con el desarrollo de la sociedad en el mundo ha evidenciado el agotamiento y degradación de los recursos naturales, debido a las actividades antrópicas que afectan a los ecosistemas, de tal forma, fomentar el desarrollo sostenible no es suficiente cuando los ecosistemas son deteriorados (La Notte & Marques, 2019). Los ecosistemas son espacios frágiles y son considerados vulnerables a diferentes amenazas de origen antrópico y natural, la intervención humana en los ecosistemas ha representado detonantes para la alteración ecosistémica (Ciocănea *et al.*, 2019).

En este contexto, surge la necesidad de implementar alternativas para la restauración de los ecosistemas considerando la genómica y su efecto en la restauración de los ecosistemas. La restauración de ecosistemas ha incursionado dentro de la toma de decisiones para restaurar la composición de las comunidades bióticas ante las perturbaciones ocasionadas sean estas de origen antrópico o natural (Carlucci *et al.*, 2020), desde la perspectiva ecológica hay que considerar los sistemas ecológicos y si la restauración es positiva o negativa, lo que nos lleva a la siguiente pregunta ¿Cuál es el efecto de la restauración ecológica en la biodiversidad nativa sobre todos los niveles tróficos?, y aunque suene ambicioso, investigaciones futuras deben considerar el estudio de estos efectos desde la perspectiva espacio y tiempo de recuperación.

La restauración de los ecosistemas tiene el objetivo de revertir la degradación ocasionada por las perturbaciones, se ha evidenciado la utilización de genómica en programas de restauración, siendo eficientes en los procesos de recuperación (Wood *et al.*, 2020). La degradación de los ecosistemas no solo afecta a la biodiversidad endémica del área afectada, también genera pérdidas ecosistémicas influyendo en la disminución de recursos para la sociedad a escala local y mundial (Lee *et al.*, 2021).

Existen estudios en donde se utiliza la genómica para asistir a la restauración ecológica incorporando no solamente el macrobioma sino también el microbioma para una exitosa restauración, respaldando muchas funciones e interacciones ecosistémicas (Cando-Dumancela *et al.*, 2021) y la aplicación de ecosistemas de referencia para evaluar la degradación de los ecosistemas y sus respectivos indicadores ecosistémicos (Gwenzi, 2021).

En este estudio se consideró como objetivo analizar la aplicación de genómica en la restauración ecológica.

Metodología

Para realizar el análisis correspondiente a los objetivos de esta investigación se utilizaron recursos bibliográficos disponibles en distintos repositorios científicos académicos disponibles de libre acceso digital, por lo que se consiguió una cantidad relevante de información que a través del resumen y síntesis del contenido de cada uno se construye el apartado de resultados que contiene la información suficiente para exponer la aplicación de genómica en la restauración ecológica.

Resultados

Acorde a los disturbios antrópicos o naturales, la fragmentación de los ecosistemas y la biodiversidad está fuertemente relacionada a los cambios globales; la genómica tiene la función de estudiar el genoma de un individuo, pero a la vez la aplicabilidad de la información obtenida (Rico, 2021), aunque la aplicabilidad de la genómica va a depender de las características que tenga el ecosistema y el disturbio para la restauración del ecosistema afectado. En congruencia con lo anterior se aborda la siguiente pregunta ¿Cuál es el potencial de la genómica en la restauración ecológica?

Se tiene que dejar claro que el disturbio es toda acción que puede generar desequilibrio afectando la estructura ecológica con-

siderando variables de tiempo y espacio (Sasaki *et al.*, 2015; Xie *et al.*, 2019), mientras que recuperación de ecosistemas está asociado con la restauración que incluye procesos que consisten en devolver el ecosistema afectado a su estado inicial o algo cercano (McIntosh *et al.*, 2019; Dickman, 2021).

Las tecnologías actuales en genómica han permitido incursionar en la restauración de ecosistemas para su posterior conservación, las técnicas empleadas como la genómica de poblaciones, metaómica, edición del genoma, tienen la capacidad de generar estudios centrados en la manipulación y modificación de organismos resistentes a diferentes condiciones de estrés (Nawaz & Satterfield, 2022), se ha documentado el alcance potencial en diferentes aplicaciones acorde al objetivo de conservación y restauración, enfrentando situaciones urgentes en un mundo cambiante en donde se requieren sistemas eficientes que permitan la recuperación de los ecosistemas, biodiversidad, y los servicios ecosistémicos (Lengefeld *et al.*, 2022).

Genómica de poblaciones

La aplicación de genómica en poblaciones puede generar información basada en secuenciación del genoma del organismo modelo para potenciar la resiliencia, a su vez las muestras mediante marcadores moleculares proporcionan una mayor resolución de la diversidad funcional y genética (Breed *et al.*, 2019).

El uso de la genómica de poblaciones para procesos de restauración en el caso de las especies vegetales consiste en incursionar en plantas nativas de un ecosistema terrestre con disturbios, aunque se tiene que considerar que, mientras exista alteraciones en la zona afectada la recolección de plantas modelos puede estar alterada lo que sería una opción poco factible para la restauración, mientras que las condiciones asociadas al clima, estructura del suelo, microbiota, patrones espaciales, extensión

geográfica, serían variables a considerar en los estudios previos en los programas de restauración (Walters *et al.*, 2022).

En este contexto, la genómica de poblaciones proporciona datos permitiendo que la adaptación de las especies forestales brinde información basada en decisiones de transferencia de la semilla; el proceso de secuenciación realiza la representación del genoma objetivo, proporcionando información sobre los mecanismos de adaptación de la especie (Cooke & Suski, 2008; Ungeger *et al.*, 2008; Li *et al.*, 2019).

En el estudio de Cordeiro *et al.*, (2019) evaluó la viabilidad genética en la especie *Centrolobium tomentosum* en la Mata Atlántica brasileña generando 2 877 marcadores de poliformismo de un solo nucleótido, demostrando el aumento del flujo genético en áreas restauradas teniendo un impacto positivo para las zonas afectadas en Sao Paulo, demostrando a la vez un aumento satisfactorio en las poblaciones de árboles reintroducidos aumentando las capacidades de los programas de restauración.

La genómica poblacional aplicada al árbol tropical *Centrolobium tomentosum* demostró una alta diversidad genética, estructura de la población, organización y las subdivisiones genéticas. Estas características han permitido identificar mecanismos de adaptación en la especie vegetal en relación al entorno tropical, incluyendo resistencia a enfermedades e incluso tolerancia a estrés por diferentes factores abióticos.

En el estudio de Pampín *et al.*, (2023) identificó 9 154 marcadores de polimorfismos de un solo nucleótido para restaurar lechos de berberechos (*Cerastoderma edule*) en Galicia – España utilizando un enfoque de genómica poblacional. Evidenció la diversidad y estructura genética incluyendo diferentes marcadores de polimorfismo de un solo nucleótido, mediante este enfoque identificaron marcadores atípicos en relación con la *Marteilia cochillia*.

Meta-ómica

Los procesos de la meta-ómica permiten la caracterización y cuantificación de los grupos taxonómicos con mayor rapidez y precisión en el estudio de secuenciación del ADN o ARN ambiental (Stec *et al.*, 2017).

La microbiota del suelo es fundamental para la restauración, está relacionada con las funciones del ecosistema, siendo indicadores eficientes para la evaluación ecológica del área afectada (Mei & Liu, 2022).

Los procesos metaómicos son ideales para el monitoreo de organismo eucariotas aunque son más eficientes cuando se emplean organismos procariotas, la metaómica ha demostrado gran utilidad en la cuantificación y caracterización de organismos vivos, permitiendo evaluar y monitorear las áreas que han sido degradadas por disturbios. Algunos ejemplos aplicados en la microbiota del suelo se realizan mediante la cuantificación de la diversidad biológica utilizando metabarcodes, la caracterización de los taxones puede resultar efectivos en la restauración ecológica mediante el estudio de genes marcadores (Breed *et al.*, 2019).

Edición del genoma

Actualmente los ecosistemas terrestres están fragmentados debido a las actividades antropogénicas, a pesar del estrés que ha provocado, el cambio climático es otro factor a considerar, ya que puede alterar el genotipo de la especie vegetal lo que influiría en una restauración exitosa, haciendo necesario el uso de nuevos genotipos para insertarlos en programas de restauración ecológica (Song & Mitchell-Olds, 2011; de Wit, 2020).

La edición del genoma permite potencializar nuevos genotipos de forma eficiente y económica, en el caso de especies vegetales puede generar cambios en la fisiología que le permita resistir condiciones de estrés, y aplicarlas en la restauración acorde a las modificaciones genéticas de las po-

blaciones (Phelps *et al.*, 2020). Sin embargo, a pesar de ser una técnica factible la proyección que tiene hacia la restauración requiere de estudios que permitan validar su integración de forma segura y óptima en la restauración (Chen *et al.*, 2023).

Según Martín *et al.*, (2015) generar nuevos genotipos permitirá restaurar sitios desafiantes y conservar los rasgos existentes del gen local, pero requiere de estudios sobre los genes y rasgos desde un contexto de restauración ecológica.

Se ha establecido en diferentes estudios la aplicabilidad de las herramientas genómicas en diferentes campos de estudios, demostrando el potencial y la eficiencia para la restauración de los ecosistemas (Saati-Santamaría *et al.*, 2022). Según Heuertz *et al.*, (2023) la aplicación de genómica es fundamental para conservar los ecosistemas y biodiversidad, mejorando la resiliencia de las poblaciones, y las comunidades que sustentan las funciones ecosistemáticas.

A pesar del potencial que tiene la genómica para la restauración de los ecosistemas existen limitaciones como la elección de la especie endémica – emblemática, adaptabilidad, variedad metabólica, la ubicación de la perturbación, el impacto ocasionado, condiciones de campo, limitaciones que impiden que la restauración sea exitosa, aunque estas limitaciones han presentado desafíos, el estudio del potencial de la genómica ha aumentado significativamente para resolver problemas medio ambientales (Baxter & Danforth, 2023; Hassan & Ganai, 2023; Pampín *et al.*, 2023; Webster *et al.*, 2023).

Investigaciones sobre la aplicación de genómica en la restauración ecológica

Koskela *et al.*, (2014) argumenta que la utilización de germoplasma ha permitido la incorporación de especies forestales con diferentes propósitos, sea de aprovechamiento, recurso genético, conservación de semillas, restauración ecológica, entre

otros, siendo ideal el estudio de la genómica para la potencialización de los organismos vivos considerando los ecosistemas referenciales, funcionales y/o adaptados para el futuro, comprendiendo el manejo y gestión en la conservación del ecosistema, biodiversidad y servicios ecosistémicos.

Van der Heyde *et al.*, (2020) demostró que mediante secuenciación puede mejorar la comprensión de la microbiota en asociación de la restauración de sitios que han sido afectados por la extracción de minerales, evidenciando cambios direccionales de la microbiota lo que la convierte en un indicador a considerar en programas de restauración ecológica.

Aavik *et al.*, (2021) en su estudio consideró la diversidad genética asociada a las plantas nativas y el rol de las interacciones con los microorganismos como los hongos micorrízicos arbusculares, por el potencial que tiene en las plantas y la forma de tolerar el estrés combinado, siendo ideal para la restauración de zonas afectadas por alguna perturbación ecológica.

Wright *et al.*, (2022) demostró mediante métodos de translocación en *Rattus fuscipes* para restaurar poblaciones que fueron afectadas por el estrés antrópico, su utilidad para la conservación de esta especie de roedor, siendo esencial para la restauración si se consideran la mayor cantidad de muestras genéticas para los programas de conservación.

En el estudio de Papik *et al.*, (2023) mediante la aplicación de secuenciación de amplicones de alto rendimiento, identificó las características de la diversidad procarionta en asociación a las plantas de gramíneas como tratamiento de fitorremediación en suelos contaminados por hidrocarburos de petróleo en áreas sub árticas.

Los análisis realizados sobre el potencial que tiene la genómica consolidan una herramienta eficiente para incorporarla en programas de restauración ecológica, aunque

requiere de más estudios si se considera variables como la ubicación del umbral de afectación en el ecosistema, el organismo modelo, interacciones ecológicas, variables climáticas, entre otros aspectos. En este estudio se consideró el potencial de la genómica, demostrado su eficiencia en los programas de restauración, aunque surgen las siguientes preguntas a considerar. 1) ¿Qué implica la utilización de la genómica en la restauración ecológica, considerando riesgos de incorporación de enfermedades patológicas, introducción de especies exóticas, modificación genética de las especies autóctonas en los ecosistemas por restaurar? 2) ¿Cuál es el efecto en los organismos vivos incorporados y por incorporar en el ecosistema recuperado? 3) ¿Qué relación tienen los ecosistemas recuperados como corredores biológicos, funcionarían después de la recuperación?

Conclusiones

Los análisis realizados sobre la genómica y el potencial que tiene en la restauración ecológica presentan ventajas al aumentar las probabilidades de restauración en un ecosistema fragmentado por actividades antrópicas o naturales, aunque puede presentar desventajas si se consideran procedimientos logísticos como la inversión y eficiencia de los procesos, requiriéndose de estudios previos para la aplicación en programas de restauración ecológica.

En el análisis de las herramientas genómicas como el genoma de poblaciones, metagenómica y edición del genoma se tiene que destacar la utilidad que tiene en programas de restauración ecológica, aunque se tiene que considerar los obstáculos como la adquisición de equipos tecnológicos, capacitaciones técnicas para el estudio de la especie modelo que contribuirá en la restauración de los ecosistemas y la biodiversidad influyendo en la conservación de los servicios ecosistémicos.

A pesar de la utilidad de la genómica en la restauración ecológica, existen limitaciones

asociadas con el genotipo del organismo vivo, posibles enfermedades patógenas, incluso la alteración de algunos genes, los sesgos que ocasiona la utilización del PCR, la obtención de datos precisos, la localización del umbral de perturbación, el tiempo de recuperación, entre otros, aunque el avance de la tecnología y estudios investigativos pueden solucionar las limitaciones a futuro.

Bibliografía

- Aavik, T., Träger, S., Zobel, M., Honnay, O., Van Geel, M., Bueno, C. G., & Koorem, K. (2021). The joint effect of host plant genetic diversity and arbuscular mycorrhizal fungal communities on restoration success. *Functional Ecology*, 35(12), 2621-2634. <https://doi.org/10.1111/1365-2435.13914>
- Baxter, I., & Danforth, D. (2023). Inclusive collaboration across plant physiology and genomics: Now is the time! *Plant Direct*, 7(5), 1-12. <https://doi.org/10.1002/pld3.493>
- Breed, M. F., Harrison, P. A., Blyth, C., Byrne, M., Gaget, V., Gellie, N. J. C., Groom, S. V. C., Hodgson, R., Mills, J. G., Prowse, T. A. A., Steane, D. A., & Mohr, J. J. (2019). The potential of genomics for restoring ecosystems and biodiversity. *Nature Reviews Genetics*, 20(10), 615-628. <https://doi.org/10.1038/s41576-019-0152-0>
- Cando-Dumancela, C., Liddicoat, C., McLeod, D., Young, J. M., & Breed, M. F. (2021). A guide to minimize contamination issues in microbiome restoration studies. *Restoration Ecology*, 29(4), 1-7. <https://doi.org/10.1111/rec.13358>
- Carlucci, M. B., Brancalion, P. H. S., Rodrigues, R. R., Loyola, R., & Cianciaruso, M. V. (2020). Functional traits and ecosystem services in ecological restoration. *Restoration Ecology*, 28(6), 1372-1383. <https://doi.org/10.1111/rec.13279>
- Chen, L., Wang, G., Teng, M., Wang, L., Yang, F., Jin, G., Du, H., & Xu, Y. (2023). Non-gene-editing microbiome engineering of spontaneous food fermentation microbiota-Limitation control, design control, and integration. *Comprehensive Reviews in Food Science and Food Safety*, 22, 1902-1932. <https://doi.org/10.1111/1541-4337.13135>
- Ciocănea, C. M., Corpade, P. C., Onose, D. A., Vânău, G. O., Maloș, C., Petrovici, M., Gheorghe, C., Dedu, S., Manta, N., & Szép, R. E. (2019). The assessment of lotic ecosystems degradation using multi-Criteria analysis and gis techniques. *Carpathian Journal of Earth and Environmental Sciences*, 14(2), 255-268. <https://doi.org/10.26471/CJEES/2019/014/077>
- Cooke, S. J., & Suski, C. D. (2008). Ecological restoration and physiology: An overdue integration. *BioScience*, 58(10), 957-968. <https://doi.org/10.1641/B581009>
- Cordeiro, E. M. G., Menezes, C., Patricia, M., Sujii, S., Dias, K., Baldin, J., Ricardo, P., Rodrigues, R., Brancalion, P. H. S., & Zucchi, M. I. (2019). Diversity, genetic structure, and population genomics of the tropical tree *Centrolobium tomentosum* in remnant and restored Atlantic forests. *Conservation Genetics*, 20(5), 1073-1085. <https://doi.org/10.1007/s10592-019-01195-z>
- de Wit, M. M. (2020). Democratizing CRISPR? Stories, practices, and politics of science and governance on the agricultural gene editing frontier. *Elementa*, 8. <https://doi.org/10.1525/elementa.405>
- Dickman, C. R. (2021). Ecological consequences of Australia's "Black Summer" bushfires: Managing for recovery. *Integrated Environmental Assessment and Management*, 17(6), 1162-1167. <https://doi.org/10.1002/ieam.4496>
- Gwenzi, W. (2021). Rethinking restoration indicators and end-points for post-mining landscapes in light of novel ecosystems. *Geoderma*, 387, 114944. <https://doi.org/10.1016/j.geoderma.2021.114944>
- Hassan, S., & Ganai, B. A. (2023). Deciphering the recent trends in pesticide bioremediation using genome editing and multi-omics approaches: a review. *World journal of microbiology & biotechnology*, 39(6), 151. <https://doi.org/10.1007/s11274-023-03603-6>
- Heuertz, M., Carvalho, S. B., Galindo, J., Rinkevich, B., Robakowski, P., Aavik, T., Altinok, I., Barth, J. M. I., Cotrim, H., Goessen, R., González-Martínez, S. C., Grebenc, T., Hoban, S., Kopatz, A., McMahon, B. J., Porth, I., Raeymaekers, J. A. M., Träger, S., Valdecantos, A., ... Garnier-Géré, P. (2023). The application gap: Genomics for biodiversity and ecosystem service management. *Biological Conservation*, 278(January). <https://doi.org/10.1016/j.biocon.2022.109883>
- Koskela, J., Vinceti, B., Dvorak, W., Bush, D., Dawson, I. K., Loo, J., Kjaer, E. D., Navarro, C., Padolina, C., Bordács, S., Jamnadass, R., Graudal, L., & Ramamonjisoa, L. (2014). Utilization and transfer of forest genetic resources: A global review. *Forest Ecology and Management*, 333, 22-34. <https://doi.org/10.1016/j.foreco.2014.07.017>
- La Notte, A., & Marques, A. (2019). Adjusted macroeconomic indicators to account for ecosystem

- degradation: an illustrative example. *Ecosystem Health and Sustainability*, 5(1), 133-143. <https://doi.org/10.1080/20964129.2019.1634979>
- Lee, C. K. F., Duncan, C., Nicholson, E., Fatoyinbo, T. E., Lagomasino, D., Thomas, N., Worthington, T. A., & Murray, N. J. (2021). Mapping the extent of mangrove ecosystem degradation by integrating an ecological conceptual model with satellite data. *Remote Sensing*, 13(11), 1-19. <https://doi.org/10.3390/rs13112047>
- Lengefeld, E., Stringer, L. C., & Nedungadi, P. (2022). Livelihood security policy can support ecosystem restoration. *Restoration Ecology*, 30(7), 1-11. <https://doi.org/10.1111/rec.13621>
- Li, Y., Pinto-Tomás, A. A., Rong, X., Cheng, K., Liu, M., & Huang, Y. (2019). Population genomics insights into adaptive evolution and ecological differentiation in streptomycetes. *Applied and Environmental Microbiology*, 85(7). <https://doi.org/10.1128/AEM.02555-18>
- Martín, M., Marín, D., Serrot, P. H., & Sabater, B. (2015). Evolutionary reversion of editing sites of *ndh* genes suggests their origin in the Permian-Triassic, before the increase of atmospheric CO₂. *Frontiers in Ecology and Evolution*, 3, 1-12. <https://doi.org/10.3389/fevo.2015.00081>
- McIntosh, A. C. S., Drozdowski, B., Degenhardt, D., Powter, C. B., Small, C. C., Begg, J., Farr, D., Janz, A., Lupardus, R. C., Ryerson, D., & Schieck, J. (2019). Monitoring ecological recovery of reclaimed wellsites: Protocols for quantifying recovery on forested lands. *MethodsX*, 6, 876-909. <https://doi.org/10.1016/j.mex.2019.03.031>
- Mei, R., & Liu, W. T. (2022). Meta-Omics-Supervised characterization of respiration activities associated with microbial immigrants in anaerobic sludge digesters. *Environmental Science and Technology*, 56, 6689-6698. <https://doi.org/10.1021/acs.est.2c01029>
- Nawaz, S., & Satterfield, T. (2022). On the nature of naturalness? Theorizing 'nature' for the study of public perceptions of novel genomic technologies in agriculture and conservation. *Environmental Science and Policy*, 136(September 2021), 291-303. <https://doi.org/10.1016/j.envsci.2022.06.008>
- Pampín, M., Casanova, A., Fernández, C., Blanco, A., Hermida, M., Vera, M., Pardo, B. G., Coimbra, R. M., Cao, A., Iglesias, D., Carballal, M. J., Villalba, A., & Martínez, P. (2023). Genetic markers associated with divergent selection against the parasite *Marteilia cochillia* in common cockle (*Cerastoderma edule*) using transcriptomics and population genomics data. *Frontiers in Marine Science*, 10(April), 1-14. <https://doi.org/10.3389/fmars.2023.1057206>
- Papik, J., Strojček, M., Musilova, L., Guritz, R., Leewis, M.-C., Leigh, M. B., & Uhlík, O. (2023). Legacy effects of phytoremediation on plant-associated prokaryotic communities in remediated subarctic soil. *Microbiology Spectrum*, 11(2), 1-13. <https://doi.org/10.1128/spectrum.04448-22>
- Phelps, M. P., Seeb, L. W., & Seeb, J. E. (2020). Transforming ecology and conservation biology through genome editing. *Conservation Biology*, 34(1), 54-65. <https://doi.org/10.1111/cobi.13292>
- Rico, Y. (2021). A comprehensive landscape genomics approach for seed sourcing strategies in landscapes under varying degrees of habitat disturbance. *Molecular ecology resources*, 21(1), 14-17. <https://doi.org/10.1111/1755-0998.13237>
- Saati-Santamaría, Z., Baroncelli, R., Rivas, R., & García-Fraile, P. (2022). Comparative genomics of the genus *Pseudomonas* reveals host- and environment-specific evolution. *Microbiology Spectrum*, 10(6), 1-15. <https://doi.org/10.1128/spectrum.02370-22>
- Sasaki, T., Furukawa, T., Iwasaki, Y., Seto, M., & Mori, A. S. (2015). Perspectives for ecosystem management based on ecosystem resilience and ecological thresholds against multiple and stochastic disturbances. *Ecological Indicators*, 57, 395-408. <https://doi.org/10.1016/j.ecolind.2015.05.019>
- Song, B. H., & Mitchell-Olds, T. (2011). Evolutionary and ecological genomics of non-model plants. *Journal of Systematics and Evolution*, 49(1), 17-24. <https://doi.org/10.1111/j.1759-6831.2010.00111.x>
- Stec, K. F., Caputi, L., Buttigieg, P. L., D'Alelio, D., Ibarbalz, F. M., Sullivan, M. B., Chaffron, S., Bowler, C., Ribera d'Alcalà, M., & Iudicone, D. (2017). Modelling plankton ecosystems in the meta-omics era. Are we ready? *Marine Genomics*, 32, 1-17. <https://doi.org/10.1016/j.margen.2017.02.006>
- Ungerer, M. C., Johnson, L. C., & Herman, M. A. (2008). Ecological genomics: Understanding gene and genome function in the natural environment. *Heredity*, 100(2), 178-183. <https://doi.org/10.1038/sj.hdy.6800992>
- Van der Heyde, M., Bunce, M., Dixon, K., Wardell-Johnson, G., White, N. E., & Nevill, P. (2020). Changes in soil microbial communities in post mine ecological restoration: Implications for monitoring using high throughput DNA sequencing. *Science of the Total Environment*, 749, 142262. <https://doi.org/10.1016/j.scitotenv.2020.142262>

- Walters, S. J., Robinson, T. P., Byrne, M., & Nevill, P. (2022). Seed sourcing in the genomics era: multispecies provenance delineation for current and future climates. *Restoration Ecology*, 30(S1), 1-14. <https://doi.org/10.1111/rec.13718>
- Webster, M. T., Beaurepaire, A., Neumann, P., & Stolle, E. (2023). Population genomics for insect conservation. *Annual Review of Animal Biosciences*, 11, 115-140. <https://doi.org/10.1146/annurev-animal-122221-075025>
- Wood, G., Marzinelli, E. M., Vergés, A., Campbell, A. H., Steinberg, P. D., & Coleman, M. A. (2020). Using genomics to design and evaluate the performance of underwater forest restoration. *Journal of Applied Ecology*, 57(10), 1988-1998. <https://doi.org/10.1111/1365-2664.13707>
- Wright, A. L., Anson, J. R., Leo, V., Wright, B. R., Newsome, T. M., & Grueber, C. E. (2022). Urban restoration of common species: population genetics of reintroduced native bush rats *Rattus fuscipes* in Sydney, Australia. *Animal Conservation*, 25(6), 825-836. <https://doi.org/10.1111/acv.12787>
- Xie, Z., Li, X., Jiang, D., Lin, S., Yang, B., & Chen, S. (2019). Threshold of island anthropogenic disturbance based on ecological vulnerability Assessment. A case study of Zhujiajian Island. *Ocean and Coastal Management*, 167, 127-136. <https://doi.org/10.1016/j.ocecoaman.2018.10.014>

Cómo citar: Catagua Durán, C. L., Moran Moran, J. J., & Olga Jelena, M. V. (2023). Análisis de la aplicación de genómica en la restauración ecológica. *Agrosilvicultura Y Medioambiente*, 1(2), 74-82. <https://doi.org/10.47230/agrosilvicultura.medioambiente.v1.n2.2023.74-82>