

LUCA: el antepasado que reconstruimos

QTC-023 · De los quarks a la consciencia

El universo, la vida y cómo llegamos a saberlo

Autor: Juan Segurola

Versión: v1.0 ES · 2 de septiembre de 2026

Perfil epistémico: Interpretación científica actual

Licencia: All Rights Reserved

Resumen del artículo

LUCA no es un fósil, la primera vida ni un organismo solitario. Es la última población ancestral compartida por todos los linajes celulares supervivientes, reconstruida desde descendientes moleculares. El ARN ribosómico reveló primero la división profunda entre bacterias y arqueas; duplicaciones génicas antiguas ayudaron a enraizarla. La genómica comparada mostró después un núcleo universal pequeño y dominado por traducción, mientras pérdida génica y transferencia horizontal complicaban retratos mayores. La transferencia también sirve de evidencia al restringir orden relativo. Análisis recientes combinan árboles génicos reconciliados, genomas ancestrales probabilísticos, fósiles microbianos, registros isotópicos y relojes moleculares relajados. Una reconstrucción de 2024 sitúa a LUCA cerca de hace 4.200 millones de años e infiere un organismo de grado procariota y ecológico con unas 2.600 proteínas. Esos detalles dependen de modelos. La ascendencia común es robusta; genoma, membrana, metabolismo, hábitat y edad exactos de LUCA son interpretaciones estratificadas.

En 60 segundos

LUCA significa último ancestro común universal. «Último» importa: pudo existir vida anterior, intercambiar genes o desaparecer. «Ancestro común» significa una población genealógica inferida desde descendientes, no un individuo fosilizado. La reconstrucción empieza con maquinaria molecular compartida. El ARN ribosómico dividió profundamente la vida celular en bacterias y arqueas; genes duplicados antes de esa separación aportaron dirección a la raíz. Los genes universales, sobre todo de traducción, revelan sistemas heredados, pero una intersección estricta pierde genes eliminados después. Aceptar cada gen interdominio incluye transferencias posteriores. Métodos modernos reconcilian miles de historias génicas con marcos de especies y modelan ganancia, pérdida y transferencia. La transferencia horizontal no es solo ruido: donante y receptor imponen cronología relativa. Las fechas absolutas requieren modelos de tasas y calibraciones geológicas. En 2024, duplicaciones pre-LUCA con nodos vinculados produjeron una edad cercana a 4,2 Ga y un genoma probabilístico de al menos 2,5 Mb, unas 2.600 proteínas. También sugirieron acetogénesis, ecología e inmunidad temprana. Son interpretaciones actuales, no observaciones. La membrana quedó sin resolver y otros métodos recuperan contenido ancestral distinto.

Por qué importa esta pregunta

LUCA suele ilustrarse como si los científicos hubieran encontrado su célula y secuenciado su genoma. En realidad, cada rasgo procede de una inferencia distinta y tiene un modo de fallo distinto. La

ascendencia común puede ser sólida mientras una ruta metabólica sigue discutible; un reloj puede ser matemáticamente preciso y depender de calibraciones interpretativas. Seguir la reconstrucción paso a paso muestra cómo los genomas se vuelven instrumentos históricos. También impide que un dibujo atractivo oculte el logro central: extraer una población ancestral acotada tras miles de millones de años de mutación, pérdida, transferencia y extinción.

1. Un ancestro definido por sus descendientes

La pregunta

Nada llamado LUCA fue excavado. El nombre identifica la población ancestral más reciente de la que descienden todos los linajes celulares supervivientes. Su existencia se infiere hacia atrás desde relaciones entre moléculas vivas, y cada rasgo físico exige un argumento adicional.

Un ancestro común se define por descendientes. Si seguimos hacia atrás dos linajes vivos, sus ramas acaban encontrándose; al ampliar la muestra a toda vida celular, el último encuentro compartido es LUCA. Douglas Theobald comparó modelos de ascendencia común y separada para proteínas conservadas y halló apoyo abrumador a la ascendencia común universal en los organismos muestreados.[6] La prueba concierne a linajes supervivientes del conjunto. No cuenta cada intento de vida anterior.

La palabra último evita un error común. LUCA no tiene que ser el primer replicador, protocélula o célula. Poblaciones anteriores pudieron inventar partes de la traducción, intercambiarlas y no dejar descendientes independientes. Carl Woese describió una fase comunal de progenotes donde intercambio genético y acoplamiento genotipo–fenotipo inmaduro precedieron a linajes modernos.[7,8] Esa interpretación no es necesaria para la ascendencia común, pero explica por qué el último ancestro compartido contiene ya una prehistoria larga. También recuerda que la genealogía reconstruida puede empezar mucho después que la evolución que hizo posible su maquinaria.

LUCA tampoco tuvo que ser una célula genéticamente uniforme. Un ancestro de especie suele ser una población con variación, nacimientos, muertes e intercambio. La población ancestral pudo ocupar varios hábitats conectados y conservar continuidad suficiente para originar después líneas bacterianas y arqueanas. Llamarla punto en un diagrama comprime la población en un nodo. La compresión es útil; confundir el nodo con un individuo no.

Los rasgos compartidos son pistas, no posesiones automáticas. Si bacterias y arqueas portan proteínas ribosómicas homólogas, la explicación simple puede ser herencia del ancestro común. Un gen también puede desaparecer en muchos descendientes o cruzar después entre dominios. La presencia a ambos lados se filtra mediante árboles génicos y modelos de duplicación, pérdida y transferencia.[9,10,15] LUCA no surge listando todo lo presente en dos células modernas y tomando la intersección.

La reconstrucción tiene capas. La semejanza de secuencia apoya homología; homólogos alineados apoyan árboles génicos; estos se reconcilian con un marco celular; modelos ancestrales asignan probabilidades a genes y rasgos; relojes moleculares añaden tasas y calibraciones para estimar tiempo.[14,18,23] Cada capa conserva incertidumbre de la anterior. Una célula dibujada al final nunca debe parecer más observada que la cadena que la produjo.

En qué punto estamos

LUCA empieza como relación, no como retrato de organismo. La ascendencia común universal identifica una población ancestral compartida y deja cuerpo, hábitat y fecha para inferencias posteriores. El primer mapa decisivo llegó de una molécula que ningún paleontólogo excavó: el ARN ribosómico, cuya secuencia conservada reveló una división más profunda que las apariencias microbianas.

2. El ARN ribosómico reveló la división profunda

Los microbios se agruparon antes sobre todo por forma, tinción, metabolismo y presencia de núcleo. Esas propiedades siguen siendo útiles, pero parientes lejanos convergen en formas similares y parientes próximos cambian metabolismo. Carl Woese eligió ARN ribosómico porque todo organismo celular traduce proteínas, los ribosomas contienen regiones conservadas y variables, y diferencias de secuencia acumulan historia durante lapsos enormes.

En 1977 Woese y George Fox compararon características de secuencias de ARN ribosómico y vieron que los metanógenos no eran una rama extraña de bacterias ordinarias. Representaban un linaje profundo, llamado entonces arqueobacterias.[1] La conclusión reorganizó la biología porque una diferencia oculta en ribosomas resultó más antigua que muchos rasgos visibles. Pocos organismos y catálogos parciales hacían modesto el análisis original, pero secuencias posteriores confirmaron la división central.

Woese, Otto Kandler y Mark Wheelis formalizaron bacterias, arqueas y eucariotas como tres dominios en 1990.[2] El diagrama cambió después. La propuesta eocito y genomas arqueanos Asgard apoyan una relación próxima o anidada entre eucariotas y arqueas, no tres tallos primarios igualmente independientes.[20,27,28] La revisión cambia la posición de los eucariotas. No reúne arqueas y bacterias ni borra el descubrimiento molecular original. Es una revisión de la topología profunda, no una anulación de los datos que obligaron a reconocer a las arqueas.

Un árbol de secuencias no surge contando discrepancias. Los investigadores alinean posiciones homólogas y eligen modelos de sustitución, variación de tasas y composición. Sitios rápidos borran señal antigua; linajes no relacionados convergen en composición; un mal alineamiento inventa semejanza. La filogenómica moderna usa muchos marcadores y modelos heterogéneos entre sitios. [19–21] Más genes aportan información solo si sus historias y errores no se tratan ciegamente como idénticos.

El ARN ribosómico y genes conservados de traducción establecen un marco potente sin raíz. Un árbol no enraizado dice qué ramas conectan, no por dónde entra el tiempo. Girarlo en la página mantiene relaciones. Para afirmar que un linaje divergió antes o cartografiar rasgos en LUCA hace falta una raíz. Ningún grupo celular vivo queda fuera de todas las células, así que la raíz universal tuvo que fabricarse con sucesos anteriores a la propia separación.

En qué punto estamos

Las comparaciones ribosómicas establecieron parentesco profundo y división bacterias–arqueas, pero faltaba dirección. La solución fue elegante: hallar genes duplicados antes de LUCA y usar cada copia como grupo externo de su pareja. La maniobra convierte un suceso anterior a la población ancestral en una flecha que atraviesa el árbol universal.

3. La raíz procede de duplicaciones más antiguas

La pregunta

Para enraizar un árbol familiar, los biólogos comparan normalmente un pariente situado fuera. La ascendencia celular universal contiene toda célula conocida, así que su grupo externo no puede ser otra célula. Una duplicación antigua crea la comparación desde dentro.

Supongamos que un gen ancestral se duplicó en copias A y B antes de divergir bacterias y arqueas. Después, ambos dominios heredaron descendientes de ambas copias. Las secuencias A forman una familia y las B otra. Como la separación A–B es anterior a la de especies, la familia B enraíza el árbol de A y viceversa. La lógica solo es sólida si la duplicación es realmente antigua y las copias no se redistribuyeron después de modo engañoso.

Naoyuki Iwabe y colegas aplicaron la estrategia a factores de elongación duplicados y proteínas relacionadas con ATPasas en 1989. Sus árboles de parálogos situaron la raíz entre bacterias y una rama que unía arqueas con eucariotas.[3] El resultado aportó dirección que la semejanza ribosómica sola no daba y apoyó una relación arqueas–eucariotas antes de la era genómica. El alineamiento entre parálogos antiguos y el muestreo escaso eran limitaciones importantes.

Johann Peter Gogarten y colegas analizaron independientemente las dos familias relacionadas de ATPasas, representadas por enzimas tipo vacuolar y tipo F.[4] Recuperaron la misma raíz general. James Brown y W. Ford Doolittle usaron después duplicaciones antiguas de aminoacil-ARNt sintetasas.[5] El acuerdo entre duplicaciones independientes importa porque cada familia génica puede portar problemas propios de transferencia, tasas y divergencia funcional.

El enraizamiento por parálogos no es un sello automático de verdad. Una duplicación situada al lado equivocado de LUCA invierte la lógica. Pérdidas ocultas dejan muestras engañosas; transferencia horizontal mueve una copia; ramas largas se atraen. Gregory Fournier y Gogarten revisaron la raíz ribosómica con modelos explícitos y señales antiguas distintas.[23] Los análisis modernos prueban varias familias, muestras y modelos, en vez de declarar decisiva una enzima.

Raíz y ascendencia común deben permanecer separadas. La comparación de Theobald apoya una ascendencia para las proteínas conservadas probadas aunque se discuta la dirección más profunda.[6] La raíz afecta al orden de divergencias y al estado asignado a LUCA. No convierte maquinaria de traducción compartida en invenciones independientes. Incertidumbre en una flecha del árbol no es incertidumbre sobre la existencia de señal hereditaria arbórea.

En qué punto estamos

Las duplicaciones antiguas orientan la separación profunda, pero no reconstruyen un genoma. Para inferir el contenido de LUCA se pregunta qué familias cruzan la división y cómo llegaron. La respuesta estricta —un gen presente en todas partes— es sorprendentemente pequeña. La realista debe recuperar pérdidas sin confundir transferencias posteriores con herencia ancestral.

4. El núcleo universal es pequeño y sesgado

Tomemos la intersección de genes de cada célula secuenciada: los supervivientes se concentran en traducción, proteínas ribosómicas, procesamiento de ARN y componentes que conectan codones con aminoácidos. J. Kirk Harris y colegas hallaron un núcleo genético pequeño para el ancestro

universal, dominado por procesamiento de información.[15] El resultado identifica maquinaria extraordinariamente persistente. No es el genoma completo de LUCA, porque presencia universal es una exigencia más dura que presencia ancestral.

La pérdida génica encoge la intersección al crecer el muestreo. Un parásito o simbiote descarta genes biosintéticos porque el huésped aporta productos. Robert Charlebois y Doolittle llamaron a la respuesta estadística «rescatar el núcleo de la extinción»: permitir pérdidas plausibles en vez de exigir que cada genoma moderno retenga cada gen antiguo.[17] El rescate introduce supuestos. Poca pérdida hace diminuto a LUCA; demasiada lo vuelve dueño improbable de casi todo.

La transferencia horizontal empuja al lado opuesto. Un gen metabólico presente en ciertas bacterias y arqueas puede ser antiguo o cruzar después el límite. Boris Mirkin y colegas formalizaron escenarios de ganancia y pérdida para historias genómicas; reconciliaciones posteriores añadieron duplicaciones y transferencias.[18] Cada suceso tiene coste o probabilidad. Una lista ancestral de genes es una historia elegida por modelo, no una capa visible común a todos los genomas.

Genes mínimos y ancestrales responden preguntas distintas. Arcady Mushegian y Eugene Koonin compararon genomas bacterianos completos para derivar un conjunto mínimo candidato para vida celular.[16] Una célula moderna puede necesitar reparación o membrana recientes; un gen ancestral se vuelve prescindible tras reemplazar una ruta. Medios ricos y dependencia del huésped cambian esencialidad. Un descendiente mínimo no se vuelve LUCA al eliminarle suficientes genes.

El núcleo estricto está sesgado hacia sistemas resistentes a reemplazo y transferencia. La traducción se conserva en parte porque sus muchos componentes interactuantes dificultan sustituirla por completo. Las rutas metabólicas son modulares y móviles. Una reconstrucción solo del núcleo dibuja a LUCA rico en procesamiento de información pero incapaz de alimentarse. [13,14] Métodos probabilísticos y atentos a transferencias restauran metabolismo, comprando completitud con supuestos adicionales.

En qué punto estamos

El núcleo universal es evidencia genuina y censo incompleto. La pérdida oculta genes ancestrales; la transferencia los imita; la persistencia favorece traducción sobre metabolismo. La complicación no termina la reconstrucción. Cambia la unidad de evidencia desde un gen compartido hacia su historia y convierte el intercambio horizontal en un bosque que a veces restringe el árbol.

5. Los genes forman un bosque alrededor del árbol

La pregunta

Un gen que salta entre linajes rompe su genealogía vertical simple. Pero un salto dirigido también afirma que donante y receptor coexistieron en un orden concreto. Reconciliada con cuidado, la violación se convierte en restricción histórica.

Los genomas procariotas son mosaicos. Genes de resistencia, metabolismo y adaptación ecológica cruzan linajes por transformación, virus y elementos móviles. Doolittle sostuvo en 1999 que ningún árbol único representa las historias de todos los genes como si los genomas fueran linajes sellados.[9] La afirmación se exageró a veces como «no hay árbol». Un bosque de árboles discordantes puede coexistir con un esqueleto estadístico en sistemas más verticales.

Los métodos de árbol de especies modelan ahora la discordancia. Sophie Abby y colegas compararon árboles celulares candidatos reconciliando transferencias laterales y vieron que los patrones de transferencia podían apoyar un árbol, no solo corromperlo.[10] Una transferencia propuesta conecta ramas contemporáneas. Una topología que exige sucesos imposibles o innecesariamente complejos puntúa peor. El método no vuelve cierta cada transferencia; usa su coherencia colectiva.

Las transferencias también contienen cronología relativa. Si el linaje A donó un gen a B, la rama donante existía antes o durante el suceso receptor. Adrián Davín y colegas usaron muchas restricciones así para ordenar ramas del árbol de la vida.[11] John Wolfe y Gregory Fournier aplicaron lógica relacionada a la metanogénesis y restringieron cuándo existían linajes productores de metano.[12] El orden relativo precede a un calendario absoluto.

El árbol temprano fue probablemente menos rígido que las ramas de manual. Woese propuso una fase comunal con amplio intercambio de innovaciones, y Kalin Vetsigian, Woese y Nigel Goldenfeld modelaron convergencia del código genético impulsada por intercambio.[7,29] Son interpretaciones y modelos, no un registro recuperado de tráfico. Explican cómo la evolución colectiva estabiliza sistemas compartidos antes de que los linajes ganen coherencia vertical.

La mejor imagen actual no es un árbol inmaculado ni una red indiferenciada. Genes de traducción, contenido génico, duplicaciones antiguas y reconciliación de transferencias conservan cantidades distintas de señal vertical.[10,19–21] Un árbol resume descendencia celular mientras aristas transversales registran genes adquiridos. LUCA representa una población ancestral dentro de historia reticulada. Su genoma depende de decidir qué aristas descienden por el nodo y cuáles cruzan después.

En qué punto estamos

La transferencia vuelve mosaicos los genomas tempranos, pero también aporta orden y prueba árboles. Tras reconciliar historias génicas se plantea una pregunta más ambiciosa: ¿qué química realizaba la población ancestral? La respuesta no se lee solo de presencia universal. Se reconstruye ruta a ruta, con la ecología moderna informando —nunca recordando directamente— el pasado.

6. El metabolismo se reconstruye, no se recuerda

Una ruta metabólica es más que un gen homólogo. Sus enzimas necesitan funciones, sustratos, cofactores y contexto compatibles. Los descendientes reemplazan pasos, invierten dirección o reclutan una proteína para otra tarea. Los reconstructores forman familias, infieren árboles, los reconcilian con linajes y evalúan si suficientes componentes ancestrales forman una ruta coherente. El resultado es fisiología ponderada por probabilidades, no un fósil metabólico intacto dentro de cada célula.

Madeline Weiss y colegas buscaron entre 6,1 millones de genes procariotas agrupados en 286.514 conjuntos. Solo 355 familias —cerca del 0,1 por ciento— cumplieron sus criterios filogenéticos para LUCA.[13] Desde funciones y cofactores infirieron un ancestro anaerobio, dependiente de hidrógeno, fijador de carbono y nitrógeno, termófilo y rico en química de hierro-azufre y metales. La selectividad hizo defendible la lista; asociaciones ecológicas modernas ayudaron todavía a convertir genes en hábitat.

La ruta de Wood–Ljungdahl se volvió central en ese retrato. Acetógenos y metanógenos modernos usan rutas relacionadas para fijar dióxido de carbono con hidrógeno mediante enzimas ricas en metales. Su economía energética encaja con modelos hidrotermales.[13,25] Pero una distribución actual refleja herencia, pérdida y transferencia, y una ruta ensamblada desde piezas inferidas quizá no operaba en la dirección moderna. La plausibilidad antigua es más fuerte que la prueba histórica exclusiva.

Las membranas exponen un vacío persistente. Bacterias y arqueas usan estereoquímica, cadenas y enlaces lipídicos distintos. La reconstrucción de 2024 recuperó aparato celular básico y enzimas asociadas con ambos tipos, pero no identificó de modo concluyente la membrana de LUCA.[14] Escenarios rivales invocan lípidos mixtos, reemplazo posterior o divergencia temprana.[26] Un metabolismo ricamente reconstruido puede habitar una frontera no resuelta.

Los métodos discrepan por razones de principio. Un núcleo estricto minimiza asignaciones falsas pero pierde genes eliminados. Un modelo de presencia y ausencia restaura pérdidas probables, quizá empujando ganancias demasiado atrás. Reconciliar árboles distingue transferencia, duplicación y pérdida, aunque los árboles antiguos son ruidosos.[13–15,18] La respuesta no es elegir el retrato más detallado, sino etiquetar qué rasgos reaparecen entre métodos y cuáles dependen de uno.

En qué punto estamos

El metabolismo ancestral emerge de historias reconciliadas e interpretación funcional, así que la confianza varía por rasgo. La traducción es más firme que la termofilia; la maquinaria celular, más que una membrana. Falta fechar la fisiología. Para poner LUCA en calendario, la divergencia debe convertirse en tiempo con tasas variables y rocas que calibran sin nombrarlo directamente.

7. Los relojes moleculares necesitan anclas geológicas

La pregunta

Ninguna muestra de LUCA entró en un espectrómetro de masas. Un reloj molecular estima su edad combinando cambio de secuencia, un modelo de tasas evolutivas variables y restricciones fechadas desde fósiles, isótopos o sucesos geológicos en otras partes del árbol.

El reloj molecular más simple imagina sustituciones acumuladas a tasa estable. Durante miles de millones de años, genes y linajes aceleran, frenan, se saturan y cambian restricciones. Los relojes relajados permiten variar tasas bajo distribuciones especificadas. Aún necesitan calibración: un fósil asignado a una rama, una señal isotópica ligada a metabolismo o un suceso geológico que limite un linaje. La precisión matemática interna no vuelve directa una calibración incierta.

Las calibraciones microbianas son especialmente difíciles. Un estromatolito establece vida sin identificar un grupo corona; un isótopo de metano señala un proceso sin nombrar organismo; una forma celular rara vez ofrece anatomía diagnóstica. Holly Betts y colegas integraron evidencia genómica y fósil en un reloj relajado de vida temprana, mostrando alcance y dependencia.[22] Mover una calibración o su posición filogenética mueve edades posteriores.

Las duplicaciones antiguas aportan otra vez palanca. La misma duplicación pre-LUCA produce divergencias correspondientes en dos árboles de parálogos. Edmund Moody y colegas vincularon esos nodos espejo para asignarles distribuciones temporales compartidas.[14] Usaron cinco

parálogos pre-LUCA, calibraciones fósiles e isotópicas y relojes alternativos. Vincular nodos añade información si genes duplicados y divergencias correspondientes están bien identificados.

Su análisis principal situó a LUCA cerca de hace 4.200 millones de años, con intervalo publicado de 4,09–4,33 Ga.[14] Es mucho antes que las comunidades fósiles aceptadas y deja poco tiempo tras formarse la Tierra. No es una roca fechada con el cumpleaños de LUCA. El intervalo depende de alineamientos, raíz, duplicaciones, tasas, calibraciones y reloj; la incertidumbre entre estructuras alternativas puede superar la banda posterior impresa.

Las transferencias añaden restricciones relativas. Davín y colegas usaron orden donante–receptor para fechar el árbol, y Wolfe y Fournier aplicaron esa lógica a metanógenos.[11,12] Un reloj combina antes–después con calibraciones absolutas. Donantes extintos ocultos o dirección errónea engañan. Una fecha responsable de LUCA viaja con intervalo, calibraciones, raíz, familia de reloj y pruebas de sensibilidad, no como cifra aislada.

En qué punto estamos

Los relojes no descubren una fecha escondida en secuencias; negocian entre cambio molecular, anclas geológicas y modelos de tasa. La estimación de 4,2 Ga es potente porque su maquinaria puede inspeccionarse. El mismo análisis produjo el retrato reciente más detallado de LUCA, cuya resolución exige separar probabilidad posterior y hecho observado.

8. Un retrato detallado sigue siendo un modelo

Moody y colegas reconstruyeron para LUCA un genoma de al menos 2,5 megabases, con intervalo publicado de 2,49–2,99 Mb y unas 2.600 proteínas codificadas.[14] Se parece a muchos procariotas modernos y supera ampliamente un núcleo universal estricto. La diferencia procede del método: la reconciliación probabilística permite que genes ancestrales se perdieran o transfirieran después. El detalle se gana modelando historias, no descubriendo más genes universales.

El organismo reconstruido era anaerobio y acetógeno, usaba la ruta de Wood–Ljungdahl y estaba integrado en un ecosistema cuyos subproductos sostenían otros organismos.[14] No era una primera célula solitaria. El análisis también asignó componentes de un sistema temprano parecido a CRISPR–Cas. Cas1 y Cas2 no aparecieron, por lo que el sistema propuesto difiere de un aparato adaptativo moderno completo. La continuidad funcional durante cuatro mil millones de años sigue siendo inferencia.

Algunos rasgos eran más firmes que otros. El análisis apoyaba traducción, maquinaria energética de membrana, direccionamiento de proteínas y organización celular de grado procariota. No determinó concluyentemente la membrana.[14,26] Cada familia inferida tenía probabilidades posteriores distintas. Comprimirlas en una ilustración hace que ribosomas, acetogénesis, inmunidad y contorno fosfolipídico parezcan igual de ciertos cuando no lo son.

Un LUCA complejo no vuelve complejo por definición el origen de la vida. Significa que hubo evolución sustancial antes del último ancestro de los linajes supervivientes. Poblaciones anteriores pudieron ser más simples, comunales y dependientes de geoquímica.[7,24,30,31] La hipótesis de Patrick Forterre sobre dominios impulsados por virus es un ejemplo específico y no consensuado.[30] Las rutas rivales pertenecen al espacio anterior y circundante a LUCA, no al resultado establecido de ascendencia común.

La reconstrucción funciona cuando se lee por capas. La ascendencia común universal es robusta. El marco bacterias–arqueas y un ancestro rico en traducción están bien apoyados. Tamaño genómico, edad exacta y complejidad amplia son estimaciones actuales basadas en modelos. Rutas, hábitat, temperatura, inmunidad y membrana reciben apoyo diferente.[6,13,14,24,31] LUCA no es fotografía. Es una síntesis auditable cuyas discrepancias muestran dónde futuros genomas, modelos y bioquímica ancestral cambiarán la imagen.

En qué punto estamos

LUCA es una de las reconstrucciones más ambiciosas de la ciencia: una población inferida desde descendientes moleculares tras miles de millones de años de pérdida e intercambio. Su rasgo más fuerte no es un rostro, sino una cadena de inferencia visible. El artículo siguiente sigue la realidad dominante de la historia vital: el planeta microbiano de descendientes bacterianos y arqueanos.

Lo que sabemos y cómo lo sabemos

- Los datos moleculares conservados apoyan con fuerza la ascendencia común universal de linajes celulares actuales.[1,2,6]
- Duplicaciones génicas antiguas enraízan la división celular profunda sin un grupo externo celular.[3–5]
- El núcleo génico universal estricto es pequeño y está muy enriquecido en traducción y procesamiento de información.[15–17]
- La transferencia horizontal crea historias discordantes, pero también restringe árboles y cronología relativa.[9–12]
- La reconstrucción probabilística reciente apoya un LUCA procariota y ecológico, dejando la membrana sin resolver.[14,26]

Lo que todavía no sabemos

- La diversidad genética, estructura poblacional y cantidad de intercambio dentro de la población ancestral de LUCA.
- Qué genes inferidos se heredaron verticalmente por LUCA y cuáles llegaron mediante transferencia horizontal profunda.
- La composición exacta de membrana, temperatura, hábitat y dependencia geoquímica de LUCA.
- Cuánta incertidumbre queda fuera de intervalos publicados porque no se promediaron raíces, calibraciones y modelos alternativos.
- La duración y organización de la evolución celular entre las primeras células y LUCA.

Qué podría hacernos cambiar de opinión

- Reconstrucciones ancestrales independientes que converjan en genes y funciones bajo modelos distintos de transferencia y pérdida.
- Resurrección experimental de proteínas antiguas que confirme o refute sustratos, temperaturas y funciones de rutas inferidas.
- Nuevos genomas de ramas profundas que alteren raíces bacterianas o arqueanas y marcadores conservados.

- Mejores calibraciones microbianas con posición filogenética segura y relojes moleculares promediados entre modelos.
- Una historia de biosíntesis de membrana que resuelva si LUCA usó lípidos bacterianos, arqueanos, mixtos o reemplazados.

Si solo recuerdas una cosa

LUCA es una población ancestral reconstruida, no la primera vida ni un fósil. La ascendencia común es robusta; genoma, metabolismo, hábitat y edad de unos 4,2 Ga siguen siendo interpretaciones estratificadas.

Artículos relacionados

- QTC-022 — Las primeras células que nunca vimos
- QTC-024 — El planeta microbiano
- QTC-027 — De la información a la herencia: árbol, red y virus

Referencias

- [1] Carl R. Woese; George E. Fox. Phylogenetic Structure of the Prokaryotic Domain: The Primary Kingdoms. *Proceedings of the National Academy of Sciences* 74, 5088–5090 (1977). DOI 10.1073/pnas.74.11.5088. <https://doi.org/10.1073/pnas.74.11.5088>
- [2] C R Woese; O Kandler; M L Wheelis. Towards a Natural System of Organisms: Proposal for the Domains Archaea, Bacteria, and Eucarya. *Proceedings of the National Academy of Sciences* 87, 4576–4579 (1990). DOI 10.1073/pnas.87.12.4576. <https://doi.org/10.1073/pnas.87.12.4576>
- [3] N Iwabe; K Kuma; M Hasegawa; S Osawa; T Miyata. Evolutionary Relationship of Archaeobacteria, Eubacteria, and Eukaryotes Inferred from Phylogenetic Trees of Duplicated Genes. *Proceedings of the National Academy of Sciences* 86, 9355–9359 (1989). DOI 10.1073/pnas.86.23.9355. <https://doi.org/10.1073/pnas.86.23.9355>
- [4] J P Gogarten; H Kibak; P Dittrich; L Taiz; E J Bowman; B J Bowman; M F Manolson; R J Poole; T Date; T Oshima; J Konishi; K Denda; M Yoshida. Evolution of the Vacuolar H⁺-ATPase: Implications for the Origin of Eukaryotes. *Proceedings of the National Academy of Sciences* 86, 6661–6665 (1989). DOI 10.1073/pnas.86.17.6661. <https://doi.org/10.1073/pnas.86.17.6661>
- [5] J R Brown; W F Doolittle. Root of the Universal Tree of Life Based on Ancient Aminoacyl-tRNA Synthetase Gene Duplications. *Proceedings of the National Academy of Sciences* 92, 2441–2445 (1995). DOI 10.1073/pnas.92.7.2441. <https://doi.org/10.1073/pnas.92.7.2441>
- [6] Douglas L. Theobald. A Formal Test of the Theory of Universal Common Ancestry. *Nature* 465, 219–222 (2010). DOI 10.1038/nature09014. <https://doi.org/10.1038/nature09014>
- [7] Carl Woese. The Universal Ancestor. *Proceedings of the National Academy of Sciences* 95, 6854–6859 (1998). DOI 10.1073/pnas.95.12.6854. <https://doi.org/10.1073/pnas.95.12.6854>
- [8] Carl R. Woese. On the Evolution of Cells. *Proceedings of the National Academy of Sciences* 99, 8742–8747 (2002). DOI 10.1073/pnas.132266999. <https://doi.org/10.1073/pnas.132266999>
- [9] W. Ford Doolittle. Phylogenetic Classification and the Universal Tree. *Science* 284, 2124–2128 (1999). DOI 10.1126/science.284.5423.2124. <https://doi.org/10.1126/science.284.5423.2124>

- [10] Sophie S. Abby; Eric Tannier; Manolo Gouy; Vincent Daubin. Lateral Gene Transfer as a Support for the Tree of Life. *Proceedings of the National Academy of Sciences* 109, 4962–4967 (2012). DOI 10.1073/pnas.1116871109. <https://doi.org/10.1073/pnas.1116871109>
- [11] Adrián A. Davín; Eric Tannier; Tom A. Williams; Bastien Boussau; Vincent Daubin; Gergely J. Szöllősi. Gene Transfers Can Date the Tree of Life. *Nature Ecology & Evolution* 2, 904–909 (2018). DOI 10.1038/s41559-018-0525-3. <https://doi.org/10.1038/s41559-018-0525-3>
- [12] Joanna M. Wolfe; Gregory P. Fournier. Horizontal Gene Transfer Constrains the Timing of Methanogen Evolution. *Nature Ecology & Evolution* 2, 897–903 (2018). DOI 10.1038/s41559-018-0513-7. <https://doi.org/10.1038/s41559-018-0513-7>
- [13] Madeline C. Weiss; Filipa L. Sousa; Natalia Mrnjavac; Sinje Neukirchen; Mayo Roettger; Shijulal Nelson-Sathi; William F. Martin. The Physiology and Habitat of the Last Universal Common Ancestor. *Nature Microbiology* 1, 16116 (2016). DOI 10.1038/nmicrobiol.2016.116. <https://doi.org/10.1038/nmicrobiol.2016.116>
- [14] Edmund R. R. Moody; Sandra Álvarez-Carretero; Tara A. Mahendrarajah; James W. Clark; Holly C. Betts; Nina Dombrowski; Lénárd L. Szánthó; Richard A. Boyle; Stuart Daines; Xi Chen; Nick Lane; Ziheng Yang; Graham A. Shields; Gergely J. Szöllősi; Anja Spang; Davide Pisani; Tom A. Williams; Timothy M. Lenton; Philip C. J. Donoghue. The Nature of the Last Universal Common Ancestor and Its Impact on the Early Earth System. *Nature Ecology & Evolution* 8, 1654–1666 (2024). DOI 10.1038/s41559-024-02461-1. <https://doi.org/10.1038/s41559-024-02461-1>
- [15] J. Kirk Harris; Scott T. Kelley; George B. Spiegelman; Norman R. Pace. The Genetic Core of the Universal Ancestor. *Genome Research* 13, 407–412 (2003). DOI 10.1101/gr.652803. <https://doi.org/10.1101/gr.652803>
- [16] A R Mushegian; E V Koonin. A Minimal Gene Set for Cellular Life Derived by Comparison of Complete Bacterial Genomes. *Proceedings of the National Academy of Sciences* 93, 10268–10273 (1996). DOI 10.1073/pnas.93.19.10268. <https://doi.org/10.1073/pnas.93.19.10268>
- [17] Robert L. Charlebois; W. Ford Doolittle. Computing Prokaryotic Gene Ubiquity: Rescuing the Core from Extinction. *Genome Research* 14, 2469–2477 (2004). DOI 10.1101/gr.3024704. <https://doi.org/10.1101/gr.3024704>
- [18] Boris G Mirkin; Trevor I Fenner; Michael Y Galperin; Eugene V Koonin. Algorithms for Computing Parsimonious Evolutionary Scenarios for Genome Evolution, the Last Universal Common Ancestor and Dominance of Horizontal Gene Transfer in the Evolution of Prokaryotes. *BMC Evolutionary Biology* 3, 2 (2003). DOI 10.1186/1471-2148-3-2. <https://doi.org/10.1186/1471-2148-3-2>
- [19] Gareth A. Coleman; Adrián A. Davín; Tara A. Mahendrarajah; Lénárd L. Szánthó; Anja Spang; Philip Hugenholtz; Gergely J. Szöllősi; Tom A. Williams. A Rooted Phylogeny Resolves Early Bacterial Evolution. *Science* 372, eabe0511 (2021). DOI 10.1126/science.abe0511. <https://doi.org/10.1126/science.abe0511>
- [20] Tom A. Williams; Gergely J. Szöllősi; Anja Spang; Peter G. Foster; Sarah E. Heaps; Bastien Boussau; Thijs J. G. Ettema; T. Martin Embley. Integrative Modeling of Gene and Genome Evolution Roots the Archaeal Tree of Life. *Proceedings of the National Academy of Sciences* 114, E4602–E4611 (2017). DOI 10.1073/pnas.1618463114. <https://doi.org/10.1073/pnas.1618463114>

- [21] Laura A. Hug; Brett J. Baker; Karthik Anantharaman; Christopher T. Brown; Alexander J. Probst; Cindy J. Castelle; Cristina N. Butterfield; Alex W. Hernsdorf; Yuki Amano; Kotaro Ise; Yohey Suzuki; Natasha Dudek; David A. Relman; Kari M. Finstad; Ronald Amundson; Brian C. Thomas; Jillian F. Banfield. A New View of the Tree of Life. *Nature Microbiology* 1, 16048 (2016). DOI 10.1038/nmicrobiol.2016.48. <https://doi.org/10.1038/nmicrobiol.2016.48>
- [22] Holly C. Betts; Mark N. Puttick; James W. Clark; Tom A. Williams; Philip C. J. Donoghue; Davide Pisani. Integrated Genomic and Fossil Evidence Illuminates Life's Early Evolution and Eukaryote Origin. *Nature Ecology & Evolution* 2, 1556–1562 (2018). DOI 10.1038/s41559-018-0644-x. <https://doi.org/10.1038/s41559-018-0644-x>
- [23] G. P. Fournier; J. P. Gogarten. Rooting the Ribosomal Tree of Life. *Molecular Biology and Evolution* 27, 1792–1801 (2010). DOI 10.1093/molbev/msq057. <https://doi.org/10.1093/molbev/msq057>
- [24] David Penny; Anthony Poole. The Nature of the Last Universal Common Ancestor. *Current Opinion in Genetics & Development* 9, 672–677 (1999). DOI 10.1016/S0959-437X(99)00020-9. [https://doi.org/10.1016/S0959-437X\(99\)00020-9](https://doi.org/10.1016/S0959-437X(99)00020-9)
- [25] Nick Lane; William F. Martin. The Origin of Membrane Bioenergetics. *Cell* 151(7), 1406–1416 (2012). DOI 10.1016/j.cell.2012.11.050. <https://doi.org/10.1016/j.cell.2012.11.050>
- [26] Jonathan Lombard; Purificación López-García; David Moreira. The Early Evolution of Lipid Membranes and the Three Domains of Life. *Nature Reviews Microbiology* 10, 507–515 (2012). DOI 10.1038/nrmicro2815. <https://doi.org/10.1038/nrmicro2815>
- [27] J A Lake; E Henderson; M Oakes; M W Clark. Eocytes: A New Ribosome Structure Indicates a Kingdom with a Close Relationship to Eukaryotes. *Proceedings of the National Academy of Sciences* 81, 3786–3790 (1984). DOI 10.1073/pnas.81.12.3786. <https://doi.org/10.1073/pnas.81.12.3786>
- [28] Anja Spang; Jimmy H. Saw; Steffen L. Jørgensen; Katarzyna Zaremba-Niedzwiedzka; Joran Martijn; Anders E. Lind; Roel van Eijk; Christa Schleper; Lionel Guy; Thijs J. G. Ettema. Complex Archaea That Bridge the Gap Between Prokaryotes and Eukaryotes. *Nature* 521, 173–179 (2015). DOI 10.1038/nature14447. <https://doi.org/10.1038/nature14447>
- [29] Kalin Vetsigian; Carl Woese; Nigel Goldenfeld. Collective Evolution and the Genetic Code. *Proceedings of the National Academy of Sciences* 103, 10696–10701 (2006). DOI 10.1073/pnas.0603780103. <https://doi.org/10.1073/pnas.0603780103>
- [30] Patrick Forterre. Three RNA Cells for Ribosomal Lineages and Three DNA Viruses to Replicate Their Genomes: A Hypothesis for the Origin of Cellular Domain. *Proceedings of the National Academy of Sciences* 103, 3669–3674 (2006). DOI 10.1073/pnas.0510333103. <https://doi.org/10.1073/pnas.0510333103>
- [31] Nicolas Glansdorff; Ying Xu; Bernard Labedan. The Last Universal Common Ancestor: Emergence, Constitution and Genetic Legacy of an Elusive Forerunner. *Biology Direct* 3, 29 (2008). DOI 10.1186/1745-6150-3-29. <https://doi.org/10.1186/1745-6150-3-29>

