

El planeta microbiano

QTC-024 · 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: Conocimiento establecido

Licencia: All Rights Reserved

Resumen del artículo

La Tierra parece un planeta de bosques y animales porque esos organismos se ven. Sin embargo, por duración, abundancia, variedad metabólica y trabajo planetario, su historia es abrumadoramente microbiana. El ARN ribosómico reveló bacterias y arqueas como linajes profundos; microscopía, perforación y estudios moleculares expusieron poblaciones inmensas que el cultivo había omitido. Las cifras siguen basadas en modelos: las plantas dominan el carbono de biomasa acumulada, mientras estimaciones actualizadas redujeron recuentos de grandes compartimentos subterráneos. Aun así, los microbios operan ciclos de carbono, nitrógeno, azufre, metano y oxígeno mediante comunidades acopladas, no células aisladas. Algunas poblaciones profundas se renuevan con lentitud extraordinaria; los extremófilos establecen posibilidad bajo condiciones concretas, no ascendencia directa ni vida extraterrestre. Llamar microbiana a la Tierra es una síntesis medida sobre tiempo, diversidad y función biogeoquímica, no afirmar que los microbios pesen más que las plantas ni que se haya contado cada célula.

En 60 segundos

La mayor parte de la vida que habitó la Tierra fue microbiana, pero microbio no es una rama de un árbol. Es una categoría práctica que abarca bacterias, arqueas y muchos eucariotas microscópicos. Un censo de 1998 estimó $4-6 \times 10^{30}$ células procariotas; síntesis posteriores redujeron compartimentos importantes, incluidos sedimentos bajo el fondo marino y el subsuelo continental. Esa revisión es una fortaleza: los totales planetarios se construyen con muestras, volúmenes de hábitat y factores de conversión. Las plantas aún dominan el carbono de biomasa acumulada. El dominio microbiano reside en historia prolongada, números celulares, variedad metabólica y flujo repetido. Los microbios capturan luz de varios modos y acoplan donantes inorgánicos con aceptores; metanógenos, oxidadores de metano y socios sintróficos hacen posibles reacciones conjuntas. Comunidades profundas pueden persistir cerca de límites energéticos con renovación poblacional de años a milenios. Las biopelículas crean gradientes, los virus redirigen materia y genes, y la transferencia horizontal vuelve red la historia funcional. Como el cultivo ve organismos seleccionados, sondas ribosómicas, metagenomas y genomas unicelulares ampliaron el árbol conocido. Los extremófilos muestran tolerancias bajo condiciones declaradas. Son especialistas modernos, no fósiles del origen vital. La conclusión es sólida; recuentos, tasas y transiciones antiguas siguen revisables.

Por qué importa esta pregunta

La expresión planeta microbiano puede sonar retórica si no se separan sus dimensiones. Número celular no es biomasa; biomasa no es actividad; un gen no es una tasa medida; sobrevivir en laboratorio no es dominar un ecosistema. Mantener visibles esas distinciones explica cómo se infiere una biosfera demasiado pequeña, profunda y dispersa para censarla directamente. También muestra por qué las estimaciones corregidas no reducen la importancia microbiana. El punto no es un total espectacular, sino la convergencia de filogenia, microscopía, química, genómica y flujos sobre un planeta cuya habitabilidad e historia atmosférica construyeron en gran parte organismos que rara vez vemos.

1. El mundo visible es una capa delgada

La pregunta

Bosques, animales y flores dominan la atención humana porque su tamaño los vuelve visibles. Pero ¿qué ocurre con esa imagen cuando la historia vital se mide por duración, linajes, posibilidades bioquímicas y trabajo realizado, no por lo que una persona puede ver?

Durante la mayor parte de la historia habitada de la Tierra, la vida fue microbiana. Animales y plantas terrestres llegaron tarde a una biosfera ya alterada por células durante miles de millones de años.[29,30] El registro antiguo es desigual: los fósiles preservan formas selectivamente y las señales geoquímicas identifican procesos mejor que organismos. Ninguna cronología plausible convierte la vida macroscópica en condición predeterminada del planeta vivo.

Microbiano no significaba un reino procariota indiferenciado. Comparaciones del ARN ribosómico llevaron a Carl Woese y George Fox a reconocer bacterias y arqueas como linajes celulares profundamente distintos.[1,2] La reorganización vino de moléculas, no de apariencia. Los nombres de dominio y la posición de la raíz vital son preguntas separadas, pero la distinción bacteriana–arqueana transformó el mapa que debe contar cualquier censo.

Microbio es, por tanto, una categoría operativa, no un clado formal. Abarca bacterias, arqueas y muchos eucariotas cuyo tamaño pequeño o vida unicelular oculta historias radicalmente distintas.[1,2,24] Los virus pertenecen a la ecología microbiana porque infectan células y redirigen comunidades, pero no son microorganismos celulares. Una palabra práctica cruza varias ramas evolutivas.

Pequeño no significa químicamente simple. Los genomas microbianos codifican fototrofia oxigénica y anoxigénica, fermentación, metanogénesis y muchas maneras de usar donantes o aceptores inorgánicos ausentes en animales y plantas.[10,23,24] Un genoma muestra potencial, no actividad; aun así, ese abanico ya deshace la ecuación entre complejidad visible y versatilidad bioquímica.

La imagen centrada en animales es comprensible, pero ecológicamente incompleta. Los microorganismos sostienen descomposición, redes alimentarias y transformaciones elementales en suelos, océanos, sedimentos y rocas.[3,10,34] La afirmación exige una cautela inmediata: las plantas dominan el carbono global de biomasa acumulada en la síntesis más conocida. Un planeta microbiano no es simplemente aquel donde los microbios pesan más.

En qué punto estamos

La visibilidad era el denominador equivocado. Los microbios dominan la duración vital, gran parte de su abundancia y la mayoría de su repertorio metabólico sin dominar toda medida. Pero la conclusión no puede descansar en impresión: exige convertir muestras dispersas en estimaciones planetarias y explicar por qué cifras posteriores y menores representan mejor conocimiento, no retirada.

2. Contar lo invisible

La pregunta

Nadie contó todas las células microbianas. Los totales globales son modelos contruidos con muestras, volúmenes cartografiados de hábitat y factores de conversión. Sus revisiones muestran cómo mejora la inferencia y por qué número celular, carbono acumulado y actividad biológica nunca son cifras intercambiables.

En 1998, William Whitman, David Coleman y William Wiebe estimaron unas $4-6 \times 10^{30}$ células procariotas en la Tierra.[3] La cifra se volvió célebre porque cuantificaba la mayoría invisible. No era un recuento literal. Los autores combinaron mediciones de suelos, agua, sedimentos y subsuelo, y extrapolaron sobre volúmenes muestreados con densidades radicalmente desiguales.

Trabajos posteriores revisaron compartimentos cruciales. Una síntesis de 2018 estimó $2-6 \times 10^{29}$ células en el subsuelo continental y, al combinar inventarios, unas 23–31 petagramos de carbono en la biomasa procariota global.[5] Flujo térmico, profundidad, litología y cobertura geográfica escasa entraron en el modelo. El rango publicado describe incertidumbre dentro del marco, no todo error estructural posible.

El sedimento bajo el fondo marino cambió aún más. Una reevaluación de 2012 estimó allí $2,9 \times 10^{29}$ células y 4,1 petagramos de carbono, muy por debajo de una estimación anterior.[6] Usó mejores testigos y correlaciones con sedimentación y distancia a tierra. El resultado cubre sedimento, no toda la corteza oceánica, e ilustra por qué un total global debe conservar definiciones de hábitat.

El carbono aporta otro denominador. Yinon Bar-On, Rob Phillips y Ron Milo estimaron que las plantas dominan el carbono de biomasa terrestre pese a la enorme abundancia microbiana.[4,5] Eso no rebaja a los microbios. Una reserva pequeña sostiene gran flujo si la materia circula repetidamente. La comparación correcta depende de la pregunta: células para abundancia, carbono para reserva, producción para recambio y tasas para trabajo geoquímico.

Todo censo comparte conversiones. La microscopía puede contar células intactas y muertas; las copias génicas varían; los lípidos persisten; el carbono por célula cambia con tamaño y hambre. [3,5,6] Comunidades profundas también separan presencia de actividad.[7–9] Una cifra defendible nombra qué se midió, cómo se infirió el volumen y qué conversiones produjeron la estimación planetaria.

En qué punto estamos

Un censo es más fuerte cuando mantiene visibles denominador y extrapolaciones. Los totales revisados no borran la escala microbiana; sustituyen un mapa por otro mejor acotado. Los recuentos aún dicen poco sobre lo que hacen las células. La dimensión siguiente es metabólica: la luz solar es solo una fuente de desequilibrio utilizable.

3. La luz solar es solo una fuente de energía

La fotosíntesis es plural. Los microbios realizan fotosíntesis oxigénica y varias formas anoxigénicas con pigmentos, donantes de electrones y arquitecturas de centros de reacción distintos.[10,33] El agua no es el único donante posible ni el oxígeno el producto inevitable de capturar luz. La distribución de esos sistemas registra divergencia antigua y transferencia génica posterior, que QTC-025 reencontrará en la atmósfera.

Otros microbios explotan desequilibrios químicos. Los quimiolitótrofos oxidan hidrógeno, azufre reducido, hierro o amoníaco acoplando la reacción a un aceptor disponible.[5,10,12] Llamarlo energía química puede confundir: una molécula donante no es batería por sí sola. Aceptor, concentraciones, productos, temperatura y presión determinan juntos si hay energía disponible.

La posibilidad termodinámica no es uso biológico. Una reacción debe rendir suficiente energía libre localmente, avanzar a velocidad accesible y acoplarse mediante maquinaria celular.[8,10,15] Muchos ecosistemas sin luz aún dependen indirectamente de fotosíntesis porque oxígeno, nitrato o materia orgánica enterrada llegaron de la superficie. La independencia es un balance de reacciones, no una etiqueta unida a la oscuridad.

Las arqueas metanógenas muestran varias arquitecturas para conservar energía mientras producen metano biológico.[13] Sus rutas usan dióxido de carbono, compuestos metilados o acetato en ambientes distintos. El metano solo no es biofirma: también lo producen reacciones geológicas. Isótopos, coproductos, genes, contexto y tasas medidas deben converger antes de asignar una fuente.

A veces la unidad metabólica es una asociación. La oxidación anaerobia del metano suele realizarse en consorcios arqueanos y bacterianos, enlazada con procesos socios como reducción de sulfato.[14,15] Mantener bajos los intermediarios puede volver favorable una reacción acoplada que ninguno sostiene por separado. La organización comunitaria entra en el cálculo energético.

En qué punto estamos

El metabolismo microbiano se expande donde coinciden donantes, aceptores y catalizadores compatibles, pero ninguna ruta escapa al balance energético. Esa regla vuelve reveladora la biosfera profunda. Muy por debajo de sustratos frescos abundantes, las células persisten con potencias y recambios distintos del crecimiento de laboratorio, separando otra vez abundancia y actividad.

4. La biosfera profunda vive despacio

La pregunta

Una célula detectada cientos de metros bajo el fondo marino no está automáticamente viva, activa ni es autóctona. La ciencia de la biosfera profunda debe separar contaminación, restos preservados, mantenimiento y reproducción mientras mide sistemas cuyas escalas naturales pueden superar la carrera de quien investiga.

Células y actividades microbianas aparecen ampliamente en sedimentos marinos profundamente enterrados, incluidas muestras cientos de metros bajo el fondo.[6,9,32] La perforación vuelve la observación un problema adversarial. Fluidos y organismos superficiales pueden entrar en el

testigo, mientras moléculas antiguas persisten tras cesar la actividad. Trazadores, manipulación estéril y patrones espaciales son evidencia, no detalles domésticos.

El subsuelo continental también es populoso y heterogéneo. Sus células estimadas ocupan fracturas, poros y aguas limitados por temperatura, disponibilidad líquida, porosidad y química de roca.[5] Un total global no define un ecosistema profundo universal. Los sondeos alcanzan geología accesible y conexiones locales de fluidos pueden unir aparente aislamiento con recarga superficial o materia orgánica enterrada.

En sedimento marino, las actividades medidas suelen disminuir con profundidad y energía disponible.[9] Incluso una célula sin luz puede depender finalmente de carbono fotosintético enterrado o de oxidantes llevados por circulación oceánica. Otros ambientes usan reacciones agua-roca o sustratos radiolíticos. El grado de independencia superficial debe demostrarse para cada red de reacciones.

El suministro escaso cambia el tempo. Revisiones de vida profunda infieren potencias y recambios extraordinariamente bajos desde gradientes geoquímicos, inventarios celulares y tasas de reacción.[7,8,32] Son promedios poblacionales de comunidades heterogéneas, no películas de una célula dividiéndose tras mil años. Las células pueden invertir en reparación, mantenimiento, reemplazo o crecimiento intermitente, y la partición es difícil de observar.

Por eso, tiempos generacionales desde años hacia milenios son interpretaciones actuales, no mediciones directas de ciclos celulares.[7,8] Dividir producción inferida por población acumulada introduce supuestos: cuántas células viven, si la biomasa es estable y si todas comparten actividad. La biosfera profunda es real; su reloj biológico se reconstruye.

En qué punto estamos

La vida profunda está establecida, pero su tempo se infiere uniendo control de contaminación, inventarios y tasas químicas. La distinción entre reserva y flujo ya es inevitable. También importa a escala planetaria, porque los microbios no necesitan la mayor biomasa para procesar repetidamente los mismos elementos y remodelar océanos y atmósfera.

5. Los microbios operan ciclos planetarios

El metabolismo microbiano del carbono enlaza atmósfera, océano, suelo, biomasa, sedimento y roca. Fotosíntesis y quimiosíntesis fijan carbono; respiración y fermentación devuelven productos; otras células consumen intermediarios.[10,34] Una ruta genómica es solo potencial, así que los balances globales dependen de tasas, gradientes e inventarios. El ciclo es una contabilidad construida desde muchos hábitats.

El nitrógeno se transforma igualmente. La fijación vuelve disponible el nitrógeno atmosférico, mientras nitrificación, desnitrificación y anammox lo mueven entre formas reducidas, oxidadas y gaseosas.[11,12] Plantas y animales participan, pero conversiones químicas clave son microbianas. Fertilizantes y combustión alteran ahora esas redes sin reemplazar su maquinaria celular.

El azufre conecta rocas, aguas y células mediante oxidación y reducción de múltiples compuestos.[10,14] En sedimentos anóxicos, la reducción de sulfato puede acoplarse con materia orgánica o consumo de metano. En fuentes y otras interfaces, gradientes fuertes acercan sustratos reducidos y

oxidantes. El depósito visible suele ser producto de zonas de reacción invisibles organizadas en milímetros.

La metanogénesis y la oxidación microbiana del metano regulan fuentes y sumideros biológicos mayores.[13–15] Ningún lado pertenece a un organismo o hábitat universal. La consecuencia atmosférica neta es la diferencia entre producción, consumo, transporte y oxidación, cada cual incierto. Detectar metano sin ese balance no establece qué proceso lo produjo o preservó.

El oxígeno ofrece el mayor ejemplo histórico. La fotosíntesis oxigénica evolucionó en linajes microbianos y finalmente cambió las condiciones redox superficiales, mientras metabolismos microbianos aún gobiernan retroalimentaciones de carbono y nutrientes.[4,10,11,30,33] Una reserva modesta ejecuta gran flujo mediante reutilización rápida. QTC-025 preguntará cómo las rocas conservan el tiempo y estructura de esa transformación atmosférica.

En qué punto estamos

Los ciclos planetarios son redes de reacciones acopladas, no trofeos asignados a una especie. Su escala emerge del recambio repetido y de interfaces donde el producto de un organismo alimenta a otro. Para entender esa organización, el paso siguiente es dejar de tratar células aisladas como unidad natural del trabajo microbiano.

6. Las comunidades son máquinas metabólicas

Una biopelícula no es una multitud suspendida en líquido uniforme. Las células construyen matrices que retienen agua y moléculas, resisten perturbación y crean gradientes químicos abruptos en distancias microscópicas.[16] El oxígeno puede desaparecer cerca de la superficie mientras procesos anaerobios continúan debajo. La arquitectura comunitaria crea nichos vecinos que un matraz bien mezclado elimina deliberadamente.

La sintrofia refuerza la dependencia. Los socios mantienen hidrógeno, formiato u otros intermediarios a concentraciones que vuelven favorable un conjunto acoplado de reacciones.[15] Ninguna población quizá crezca sola bajo iguales condiciones globales. La unidad metabólica significativa es la red cerrada de intercambio, y perturbar un miembro cambia la termodinámica del resto.

Los genes también cruzan fronteras poblacionales. La transferencia horizontal distribuye funciones entre linajes microbianos, de modo que resistencia, metabolismo o adaptación suelen formar redes aunque la descendencia vertical siga recuperable en marcadores conservados.[24,25] Un árbol génico y un marco de especies responden preguntas relacionadas, pero distintas. QTC-027 seguirá esa diferencia hacia herencia y virus.

Los virus participan sin ser células. La infección mata huéspedes, libera materia orgánica, redirige metabolismo y a veces mueve genes.[17,18] Estudios oceánicos encuentran abundancia y diversidad virales enormes, pero una secuencia o partícula no prueba por sí sola infección activa. Los totales globales dependen de muestreo, clasificación y modelos de partículas sin marcador universal.

Los metagenomas también revelan potencial colectivo, no una ecología terminada. La secuenciación ambiental recupera genes sin cultivo, pero abundancia de secuencia no es abundancia celular, asignación a un genoma, expresión ni tasa de reacción.[17,18,21–23]

Transcritos, proteínas, metabolitos, espacio y flujos aportan enlaces distintos del potencial a la actividad. Las comunidades son máquinas solo cuando esos enlaces se cierran.

En qué punto estamos

Las comunidades microbianas fabrican gradientes, intercambian metabolitos, mueven genes y redirigen materia mediante infección. Su conducta colectiva no se reconstruye desde un aislado o una capa de secuencias. Pero algunos organismos viven cerca de límites físicos llamativos, planteando otro peligro: confundir adaptación moderna con una ventana a la vida temprana.

7. Los extremos revelan adaptación, no ascendencia

La pregunta

Un microbio que crece a temperatura récord demuestra que la vida puede funcionar allí bajo el experimento declarado. No muestra que la mayoría de células naturales prospere allí, que la vida temprana se pareciera a él ni que exista vida en otro mundo.

Cultivos de laboratorio han demostrado proliferación celular microbiana a 121 °C y 122 °C bajo alta presión.[27,28] Esos resultados ampliaron el rango medido de crecimiento, pero importan las cláusulas experimentales. La presión evitó ebullición, el medio aportó sustratos concretos y el crecimiento se juzgó con evidencia celular y química especificada. Un récord es una observación acotada, no una línea universal en todo hábitat.

Otros extremófilos toleran alta salinidad, acidez o alcalinidad fuertes, frío, desecación y radiación mediante adaptaciones moleculares y fisiológicas distintas.[26] La palabra extremo está centrada en humanos: el óptimo de un acidófilo daña un organismo neutro, mientras el oxígeno es tóxico para anaerobios estrictos. Varios estreses combinados pueden ser más difíciles que cualquiera probado por separado.

Los extremófilos modernos son linajes evolucionados, no fósiles vivientes. Sus genomas actuales contienen herencia antigua, innovaciones posteriores, pérdidas y transferencias como otros organismos.[24,26] Un termófilo ayuda a probar si una arquitectura proteica funciona a alta temperatura, pero su hábitat no identifica el ambiente de LUCA ni de las primeras células.

La tolerancia también difiere de la importancia ecológica. Crecer en un límite establece posibilidad bajo una receta; no establece poblaciones naturales grandes, tasas altas ni persistencia cuando temperatura, presión, pH y energía escasa actúan juntos.[26–28] El control de contaminación es decisivo cerca de récords, pues pocas células de crecimiento rápido procedentes de una fase más fría pueden imitar crecimiento débil.

El techo térmico exacto sigue siendo una inferencia experimental ligada a presión, medio, criterios de crecimiento y control de esterilidad.[27,28] Un nuevo récord puede moverlo, mientras la estabilidad macromolecular explica por qué no subirá sin límite. Los extremófilos amplían la habitabilidad plausible; no aportan evidencia de haber encontrado un ambiente extraterrestre habitado.

En qué punto estamos

Los extremos enseñan posibilidad solo cuando las condiciones experimentales acompañan al récord. No resucitan células ancestrales ni pueblan otro planeta por analogía. La misma disciplina rige el

retrato microbiano mayor: como la mayoría de organismos nunca se cultivó, hubo que reconstruir todo el planeta combinando métodos con puntos ciegos distintos.

8. Un planeta microbiano se reconstruye

El cultivo definió durante mucho tiempo el mundo microbiano accesible. La gran anomalía del recuento en placa nombró la brecha entre células vistas al microscopio y colonias formadas con una receta de laboratorio.[19,20] La fracción depende del ambiente y método, no es un porcentaje fijo. Una placa selecciona organismos que toleran nutrientes, superficies, temperatura, atmósfera y asociaciones; no crecer no significa faltar en la naturaleza.

Las sondas de ARN ribosómico y la secuenciación aflojaron ese filtro. Se podían identificar linajes in situ y comparar moléculas conservadas sin cultivar primero cada organismo.[1,2,20] La detección molecular introdujo preguntas propias sobre extracción, copias, contaminación y material inactivo. Cambió qué organismos eran visibles, no la obligación de demostrar qué representa una señal.

La secuenciación ambiental aleatoria amplió la vista desde marcadores hacia genes y rutas colectivos.[21,22,34] Los metagenomas revelan potencial bioquímico comunitario, mientras ensamblaje y agrupación intentan asociar fragmentos con poblaciones. Una ruta montada en una muestra puede repartirse entre socios, y la abundancia relativa de lecturas no equivale automáticamente a células o tasa de reacción.

Genomas unicelulares, genomas ensamblados desde metagenomas y cultivo dirigido añadieron linajes profundos al árbol vital.[23–25,31] Cada vía compensa un obstáculo: comunidades mezcladas, células no cultivadas o contexto fisiológico perdido. Cada una también tiene errores característicos —sesgo de amplificación, bins incompletos, contaminación o selección de laboratorio— que datos independientes deben revelar.

La conclusión planetaria nace de triangulación. La microscopía restringe células; estudios moleculares cartografían linajes y potencial; la química mide inventarios y gradientes; las tasas conectan comunidades con ciclos; el contexto geológico prolonga la historia.[3–6,10,24,30] Estos métodos establecen un planeta microbiano y dejan totales, recambio y transiciones antiguas revisables. QTC-025 sigue una de esas transiciones en el registro rocoso de la atmósfera.

En qué punto estamos

La Tierra es microbiana por medidas convergentes, no por una cifra irrepetible. El retrato sobrevive censos revisados porque sus bases incluyen tiempo profundo, amplitud filogenética, variedad metabólica y flujo planetario. Los microbios también alteraron la atmósfera. El artículo siguiente pregunta cómo las rocas conservan esa historia invisible sin ser fotografías simples del aire antiguo.

Lo que sabemos y cómo lo sabemos

- Bacterias y arqueas son linajes celulares profundamente distintos revelados por evidencia molecular comparada.[1,2]
- Los recuentos planetarios de células y biomasa son extrapolaciones explícitas revisadas al remuestrear hábitats mayores.[3–6]
- Los microorganismos ejecutan transformaciones centrales de los ciclos de carbono, nitrógeno, azufre, metano y oxígeno.

- Sedimentos profundos y subsuelo continental contienen grandes poblaciones microbianas bajo fuerte limitación energética.[5–9,32]
- Métodos moleculares y genómicos revelan linajes y potencial metabólico sin exigir cultivo previo.[20–25,31]

Lo que todavía no sabemos

- El número, biomasa y fracción activa exactos de células microbianas en hábitats profundos poco muestreados.
- Cómo mantenimiento, reparación, latencia y reproducción reparten los diminutos presupuestos energéticos profundos.
- La diversidad taxonómica y funcional completa de linajes no cultivados y virus.
- Los límites naturales de la vida cuando temperatura, presión, actividad del agua, pH y energía escasa actúan juntos.
- La secuencia y estructura ecológica precisas de innovaciones microbianas que transformaron la atmósfera antigua.

Qué podría hacernos cambiar de opinión

- Muestreo global normalizado que cambie sustancialmente volúmenes, densidades celulares o conversiones de carbono de grandes hábitats.
- Mediciones unicelulares prolongadas que separen directamente reparación, mantenimiento y división bajo energía profunda.
- Cultivos y genomas cerrados que confirmen o reorganicen linajes mayores reconstruidos desde fragmentos ambientales.
- Crecimiento reproducible más allá de récords fisicoquímicos con control de contaminación y balance energético completo.
- Registros rocosos que reordenen el tiempo de la fotosíntesis oxigénica u otros metabolismos microbianos globales.

Si solo recuerdas una cosa

La Tierra es microbiana por historia, abundancia, metabolismo y flujo planetario, no solo biomasa. Sus cifras son modelos; comunidades, vida profunda y extremófilos revelan dimensiones distintas y comprobables de dominio.

Artículos relacionados

- QTC-023 — LUCA: el antepasado que reconstruimos
- QTC-025 — Cómo leer una atmósfera en una roca

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] Norman R. Pace. A molecular view of microbial diversity and the biosphere. *Science* 276, 734–740 (1997). DOI 10.1126/science.276.5313.734. <https://doi.org/10.1126/science.276.5313.734>

- [3] William B. Whitman; David C. Coleman; William J. Wiebe. Prokaryotes: The unseen majority. *Proceedings of the National Academy of Sciences* 95, 6578–6583 (1998). DOI 10.1073/pnas.95.12.6578. <https://doi.org/10.1073/pnas.95.12.6578>
- [4] Yinon M. Bar-On; Rob Phillips; Ron Milo. The biomass distribution on Earth. *Proceedings of the National Academy of Sciences* 115, 6506–6511 (2018). DOI 10.1073/pnas.1711842115. <https://doi.org/10.1073/pnas.1711842115>
- [5] C. Magnabosco; L.-H. Lin; H. Dong; M. Bomberg; W. Ghiorse; H. Stan-Lotter; K. Pedersen; T. L. Kieft; E. van Heerden; T. C. Onstott. The biomass and biodiversity of the continental subsurface. *Nature Geoscience* 11, 707–717 (2018). DOI 10.1038/s41561-018-0221-6. <https://doi.org/10.1038/s41561-018-0221-6>
- [6] Jens Kallmeyer; Robert Pockalny; Rishi Ram Adhikari; David C. Smith; Steven D’Hondt. Global distribution of microbial abundance and biomass in seafloor sediment. *Proceedings of the National Academy of Sciences* 109, 16213–16216 (2012). DOI 10.1073/pnas.1203849109. <https://doi.org/10.1073/pnas.1203849109>
- [7] Bo Barker Jørgensen; Antje Boetius. Feast and famine—microbial life in the deep-sea bed. *Nature Reviews Microbiology* 5, 770–781 (2007). DOI 10.1038/nrmicro1745. <https://doi.org/10.1038/nrmicro1745>
- [8] Tori M. Hoehler; Bo Barker Jørgensen. Microbial life under extreme energy limitation. *Nature Reviews Microbiology* 11, 83–94 (2013). DOI 10.1038/nrmicro2939. <https://doi.org/10.1038/nrmicro2939>
- [9] Steven D’Hondt; Bo Barker Jørgensen; D. Jay Miller; Anja Batzke; Ruth Blake; Barry A. Cragg; Heribert Cypionka; Gerald R. Dickens; Timothy Ferdelman; Kai-Uwe Hinrichs; Nils G. Holm; Richard Mitterer; Arthur Spivack; Guizhi Wang; Barbara Bekins; Bert Engelen; Kathryn Ford; Glen Gettemy; Scott D. Rutherford; Henrik Sass; C. Gregory Skilbeck; Ivano W. Aiello; Gilles Guérin; Christopher H. House; Fumio Inagaki; Patrick Meister; Thomas Naehr; Sachiko Niitsuma; R. John Parkes; Axel Schippers; David C. Smith; Andreas Teske; Juergen Wiegel; Christian Naranjo Padilla; Juana Luz Solis Acosta. Distributions of microbial activities in deep seafloor sediments. *Science* 306, 2216–2221 (2004). DOI 10.1126/science.1101155. <https://doi.org/10.1126/science.1101155>
- [10] Paul G. Falkowski; Tom Fenchel; Edward F. Delong. The microbial engines that drive Earth’s biogeochemical cycles. *Science* 320, 1034–1039 (2008). DOI 10.1126/science.1153213. <https://doi.org/10.1126/science.1153213>
- [11] Donald E. Canfield; Alexander N. Glazer; Paul G. Falkowski. The evolution and future of Earth’s nitrogen cycle. *Science* 330, 192–196 (2010). DOI 10.1126/science.1186120. <https://doi.org/10.1126/science.1186120>
- [12] Marcel M. M. Kuypers; Hannah K. Marchant; Boran Kartal. The microbial nitrogen-cycling network. *Nature Reviews Microbiology* 16, 263–276 (2018). DOI 10.1038/nrmicro.2018.9. <https://doi.org/10.1038/nrmicro.2018.9>
- [13] Rudolf K. Thauer; Anne-Kristin Kaster; Henning Seedorf; Wolfgang Buckel; Reiner Hedderich. Methanogenic archaea: ecologically relevant differences in energy conservation. *Nature Reviews Microbiology* 6, 579–591 (2008). DOI 10.1038/nrmicro1931. <https://doi.org/10.1038/nrmicro1931>

- [14] Katrin Knittel; Antje Boetius. Anaerobic oxidation of methane: progress with an unknown process. *Annual Review of Microbiology* 63, 311–334 (2009). DOI 10.1146/annurev.micro.61.080706.093130. <https://doi.org/10.1146/annurev.micro.61.080706.093130>
- [15] Alfons J. M. Stams; Caroline M. Plugge. Electron transfer in syntrophic communities of anaerobic bacteria and archaea. *Nature Reviews Microbiology* 7, 568–577 (2009). DOI 10.1038/nrmicro2166. <https://doi.org/10.1038/nrmicro2166>
- [16] Hans-Curt Flemming; Jost Wingender; Ulrich Szewzyk; Peter Steinberg; Scott A. Rice; Staffan Kjelleberg. Biofilms: an emergent form of bacterial life. *Nature Reviews Microbiology* 14, 563–575 (2016). DOI 10.1038/nrmicro.2016.94. <https://doi.org/10.1038/nrmicro.2016.94>
- [17] Curtis A. Suttle. Marine viruses—major players in the global ecosystem. *Nature Reviews Microbiology* 5, 801–812 (2007). DOI 10.1038/nrmicro1750. <https://doi.org/10.1038/nrmicro1750>
- [18] Jennifer R. Brum; J. Cesar Ignacio-Espinoza; Simon Roux; Guilhem Doulier; Silvia G. Acinas; Adriana Alberti; Samuel Chaffron; Corinne Cruaud; Colomban de Vargas; Josep M. Gasol; Gabriel Gorsky; Ann C. Gregory; Lionel Guidi; Pascal Hingamp; Daniele Iudicone; Fabrice Not; Hiroyuki Ogata; Stéphane Pesant; Bonnie T. Poulos; Sarah M. Schwenck; Sabrina Speich; Celine Dimier; Stefanie Kandels-Lewis; Marc Picheral; Sarah Searson; Tara Oceans Coordinators; Peer Bork; Chris Bowler; Shinichi Sunagawa; Patrick Wincker; Eric Karsenti; Matthew B. Sullivan. Patterns and ecological drivers of ocean viral communities. *Science* 348, 1261498 (2015). DOI 10.1126/science.1261498. <https://doi.org/10.1126/science.1261498>
- [19] James T. Staley; Allan Konopka. Measurement of in situ activities of nonphotosynthetic microorganisms in aquatic and terrestrial habitats. *Annual Review of Microbiology* 39, 321–346 (1985). DOI 10.1146/annurev.mi.39.100185.001541. <https://doi.org/10.1146/annurev.mi.39.100185.001541>
- [20] R I Amann; W Ludwig; K H Schleifer. Phylogenetic identification and in situ detection of individual microbial cells without cultivation. *Microbiological Reviews* 59, 143–169 (1995). DOI 10.1128/mr.59.1.143-169.1995. <https://doi.org/10.1128/mr.59.1.143-169.1995>
- [21] Jo Handelsman. Metagenomics: application of genomics to uncultured microorganisms. *Microbiology and Molecular Biology Reviews* 68, 669–685 (2004). DOI 10.1128/MMBR.68.4.669-685.2004. <https://doi.org/10.1128/MMBR.68.4.669-685.2004>
- [22] J. Craig Venter; Karin Remington; John F. Heidelberg; Aaron L. Halpern; Doug Rusch; Jonathan A. Eisen; Dongying Wu; Ian Paulsen; Karen E. Nelson; William Nelson; Derrick E. Fouts; Samuel Levy; Anthony H. Knap; Michael W. Lomas; Ken Nealson; Owen White; Jeremy Peterson; Jeff Hoffman; Rachel Parsons; Holly Baden-Tillson; Cynthia Pfannkoch; Yu-Hui Rogers; Hamilton O. Smith. Environmental genome shotgun sequencing of the Sargasso Sea. *Science* 304, 66–74 (2004). DOI 10.1126/science.1093857. <https://doi.org/10.1126/science.1093857>
- [23] Christian Rinke; Patrick Schwientek; Alexander Sczyrba; Natalia N. Ivanova; Iain J. Anderson; Jan-Fang Cheng; Aaron Darling; Stephanie Malfatti; Brandon K. Swan; Esther A. Gies; Jeremy A. Dodsworth; Brian P. Hedlund; George Tsiamis; Stefan M. Sievert; Wen-Tso Liu; Jonathan A. Eisen; Steven J. Hallam; Nikos C. Kyrpides; Ramunas Stepanauskas; Edward M. Rubin; Philip Hugenholtz; Tanja Woyke. Insights into the phylogeny and coding potential of microbial dark matter. *Nature* 499, 431–437 (2013). DOI 10.1038/nature12352. <https://doi.org/10.1038/nature12352>

- [24] 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>
- [25] Donovan H. Parks; Christian Rinke; Maria Chuvochina; Pierre-Alain Chaumeil; Ben J. Woodcroft; Paul N. Evans; Philip Hugenholtz; Gene W. Tyson. Recovery of nearly 8,000 metagenome-assembled genomes substantially expands the tree of life. *Nature Microbiology* 2, 1533–1542 (2017). DOI 10.1038/s41564-017-0012-7. <https://doi.org/10.1038/s41564-017-0012-7>
- [26] Lynn J. Rothschild; Rocco L. Mancinelli. Life in extreme environments. *Nature* 409, 1092–1101 (2001). DOI 10.1038/35059215. <https://doi.org/10.1038/35059215>
- [27] Kazem Kashefi; Derek R. Lovley. Extending the upper temperature limit for life. *Science* 301, 934 (2003). DOI 10.1126/science.1086823. <https://doi.org/10.1126/science.1086823>
- [28] Ken Takai; Kentaro Nakamura; Tomohiro Toki; Urumu Tsunogai; Masayuki Miyazaki; Junichi Miyazaki; Hisako Hirayama; Satoshi Nakagawa; Takuro Nunoura; Koki Horikoshi. Cell proliferation at 122 °C and isotopically heavy CH₄ production by a hyperthermophilic methanogen under high-pressure cultivation. *Proceedings of the National Academy of Sciences* 105, 10949–10954 (2008). DOI 10.1073/pnas.0712334105. <https://doi.org/10.1073/pnas.0712334105>
- [29] Abigail C. Allwood; Malcolm R. Walter; Balz S. Kamber; Craig P. Marshall; Ian W. Burch. Stromatolite reef from the Early Archaean era of Australia. *Nature* 441, 714–718 (2006). DOI 10.1038/nature04764. <https://doi.org/10.1038/nature04764>
- [30] Timothy W. Lyons; Christopher T. Reinhard; Noah J. Planavsky. The rise of oxygen in Earth's early ocean and atmosphere. *Nature* 506, 307–315 (2014). DOI 10.1038/nature13068. <https://doi.org/10.1038/nature13068>
- [31] Hiroyuki Imachi; Masaru K. Nobu; Nozomi Nakahara; Yuki Morono; Miyuki Ogawara; Yoshihiro Takaki; Yoshinori Takano; Katsuyuki Uematsu; Tetsuro Ikuta; Motoo Ito; Yohei Matsui; Masayuki Miyazaki; Kazuyoshi Murata; Yumi Saito; Sanae Sakai; Chihong Song; Eiji Tasumi; Yuko Yamanaka; Takashi Yamaguchi; Yoichi Kamagata; Hideyuki Tamaki; Ken Takai. Isolation of an archaeon at the prokaryote–eukaryote interface. *Nature* 577, 519–525 (2020). DOI 10.1038/s41586-019-1916-6. <https://doi.org/10.1038/s41586-019-1916-6>
- [32] William D. Orsi. Ecology and evolution of seafloor and subseafloor microbial communities. *Nature Reviews Microbiology* 16, 671–683 (2018). DOI 10.1038/s41579-018-0046-8. <https://doi.org/10.1038/s41579-018-0046-8>
- [33] Donald A. Bryant; Niels-Ulrik Frigaard. Prokaryotic photosynthesis and phototrophy illuminated. *Trends in Microbiology* 14, 488–496 (2006). DOI 10.1016/j.tim.2006.09.001. <https://doi.org/10.1016/j.tim.2006.09.001>
- [34] Mary Ann Moran. The global ocean microbiome. *Science* 350, aac8455 (2015). DOI 10.1126/science.aac8455. <https://doi.org/10.1126/science.aac8455>

