

De cómo los dioses nórdicos (o un tipo de arqueas) dieron origen a los eucariotas (incluido tú)

Rafael Laso-Pérez, Departamento de Biogeoquímica y Ecología Microbiana,
Museo Nacional de Ciencias Naturales, calle José Gutiérrez Abascal, 2, 28006, Madrid
rafael.laso@mncn.csic.es

Introducción

Según la mitología griega, la humanidad fue creada por Prometeo, un titán que se había puesto de parte de los dioses olímpicos durante la batalla de estos contra los titanes. Prometeo creó a la humanidad a partir de barro dotándola del don del pensamiento y otras muchas artes, mientras que la diosa Atenea le insufló el hálito de vida. Prometeo quería que los humanos fueran como dioses así que robó para ellos el fuego de los dioses. Sin embargo, Zeus descubrió el engaño y condenó a Prometeo a vivir el resto de la eternidad encadenado a una roca donde un águila devoraba su hígado cada día, ya que por la noche el órgano se regeneraba. Este es

uno de los muchos mitos de la creación de la humanidad. En otra de las grandes mitologías, la nórdica, los seres humanos son creados por el dios Odín a partir de unos troncos varados en una playa. Aunque pueden verse puntos en común, en general suele haber divergencias entre los mitos de la creación. Pero... ¿Y si todos estos mitos fueran verdad? ¿Y si ahora se hubiese descubierto que muchas divinidades dieron forma a lo que somos? Acompáñame en este viaje en el que descubrirás porque podemos considerarnos “hijos de los dioses”.

En 2010, se tomaron unos núcleos de sedimento marino a 3282 metros de profundidad en una dorsal oceánica del

Atlántico Norte. La zona de muestreo se conoce como el Castillo de Loki y se caracteriza por sus surgencias hidrotermales. Los análisis del sedimento utilizaron el gen de ARNr 16S como marcador para estudiar la diversidad procariota, ya que este gen se ha utilizado para estudiar los distintos grupos del árbol de la vida (ver Cuadro 1). Estos análisis mostraron una gran abundancia de un grupo de arqueas para las que no existía más información que este gen: el “Deep-Sea Archaeal Group/

Marine Benthic Group B” (DSAG). Es por ello que la investigadora Anja Spang de la Universidad de Uppsala, junto con otros colegas, decidió realizar una secuenciación metagenómica (ver Cuadro 2) para intentar obtener los genomas de alguno de los organismos del grupo. El equipo científico consiguió el objetivo y en 2015 publicaron los primeros genomas de este grupo de arqueas en *Nature* (Spang *et al.*, 2015). Y aquí es donde las divinidades creadoras entran en escena.

CUADRO 1

El árbol de la vida y los estudios filogenéticos

Durante gran parte del siglo XX, el árbol de la vida se dividió en cinco grandes reinos: moneras, protistas, hongos, plantas y animales. Esta división se basaba en numerosas características (morfológicas, de estilo de vida...), pero pronto se vieron inconsistencias en esta clasificación. Todos los grupos mencionados, excepto los moneras, son eucariotas, es decir, tienen células nucleadas. Los moneras en cambio son procariotas, microorganismos consistentes en células sin núcleo y con menor complejidad estructural. En los años 70, los avances en la genómica permitieron la secuenciación de ciertos genes antes desconocidos. Esto posibilitó la reconstrucción de los primeros árboles filogenéticos para estos genes ilustrando las relaciones evolutivas entre distintos grupos de organismos. Carl Woese fue un pionero al utilizar el gen del ARNr 16S (para procariotas) y del 18S (para eucariotas) con el objetivo de obtener el primer árbol de la vida basado en una filogenia rigurosa (Woese y Fox, 1977). Utilizó este gen porque se le considera un marcador universal al ser imprescindible para el proceso de traducción. Es por ello, que este gen tiene una tasa de mutación relativamente baja, y se considera un “reloj molecular”. Este análisis evolutivo a partir del gen de ARNr 16S/18S permitió reescribir el árbol de la vida. En vez de cinco reinos, el árbol mostraba la existencia de tres grandes ramas que se bautizaron como dominios. Estos dominios corresponden a *Bacteria*, *Archaea* y *Eukarya* (Figura 1). Así, *Bacteria* y *Archaea* eran dos dominios que antes estaban agrupados en el antiguo reino de *Monera*, reino que se demostró que era un grupo parafilético. De hecho, es en este momento que se da entidad a las arqueas como grupo de microorganismos diferenciados respecto a las bacterias. *Eukarya* por otro lado agrupaba a todos los eucariotas (animales, plantas, hongos, protistas). Este nuevo sistema se conoció como el de “tres dominios” y numerosos análisis posteriores demostraron su mayor

valor en comparación con el modelo de cinco reinos. A principios del siglo XXI, la reducción de los costes y los avances en secuenciación posibilitaron la obtención de un gran número de genomas de distintos organismos. En este momento, se vio que el gen del ARNr 16S/18S podría tener ciertos sesgos al utilizarse para estudiar las relaciones evolutivas. Por ello, se decidió pasar de árboles filogenéticos a árboles filogenómicos. Estos árboles se realizan utilizando múltiples genes de cada genoma. Estos genes deben ser universales (o estar presentes en la mayoría de los organismos) y de una sola copia. Los árboles construidos así han mostrado una mayor resolución evolutiva e incluso han sugerido que el árbol de la vida contiene solo dos dominios, ya que en algunos de estos árboles la rama de los eucariotas surge de dentro de las arqueas.

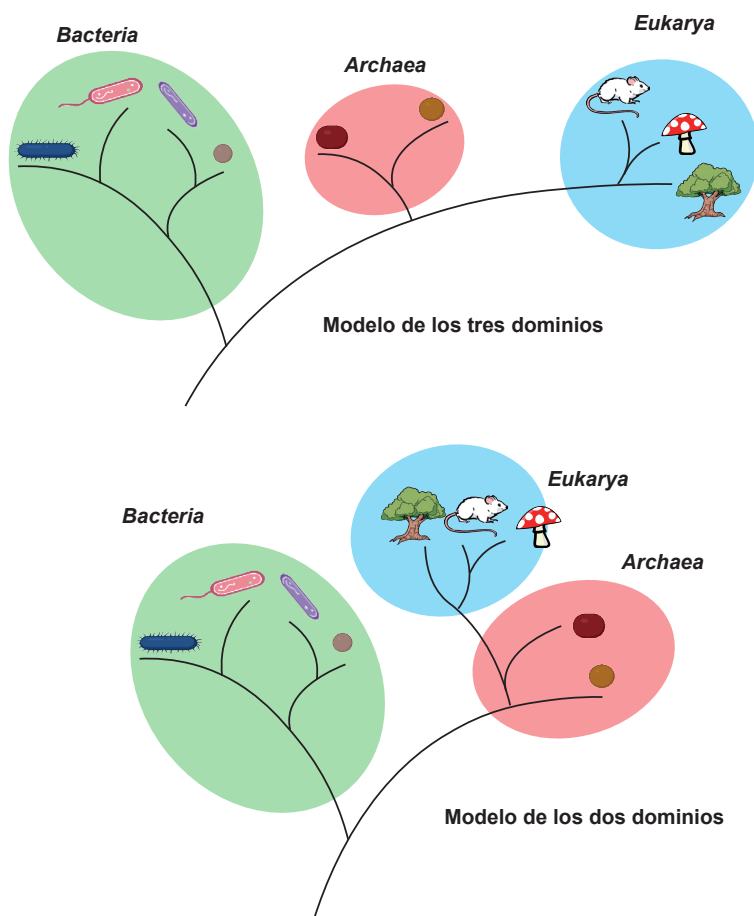


Figura 1. Comparación entre los modelos de los tres dominios y de los dos dominios. En el primero, *Bacteria*, *Archaea* y *Eukarya* forman tres grupos diferentes, mientras que en el segundo los eucariotas habrían surgido a partir de un ancestro perteneciente a las arqueas.

Una vez que obtuvieron los genomas, Spang y su grupo dieron un nombre científico al grupo DSAG. Lo bautizaron como *Lokiarchaeota* en honor al lugar de origen, recibiendo así el nombre de Loki, un dios artero de la mitología nórdica. En honor a su nombre, estas nuevas arqueas mostraron codificar en su genoma unos “trucos inusuales”. Estos “trucos” son unas proteínas conocidas como “*eukaryotic signal proteins*” (ESP, proteínas propias de eucariotas en castellano). Se pensaba que estas proteínas eran propias de los organismos eucariotas, ya que están involucradas en procesos complejos propios de las células eucariotas como la

formación del citoesqueleto, la vesiculación, la remodelación de la membrana o la fagocitosis. Sin embargo, los genomas de *Lokiarchaeota* codificaban para un número inusualmente alto de estas proteínas, mayor que cualquier otro organismo procariota. Estudios filogenómicos mostraron que los eucariotas estaban relacionados directamente con *Lokiarchaeota*, sugiriendo que ambos tenían un origen común. Estas relaciones evolutivas, junto al elevado número de ESP, sugería que el ancestro de los eucariotas era una arquea relacionada con *Lokiarchaeota* que ya poseía algunas características que luego definirían a los eucariotas.

CUADRO 2

La metagenómica

La metagenómica es una técnica de secuenciación en la que se recupera todo el ADN presente en una muestra. Así, en los estudios de microbiología ambiental estas técnicas permiten la obtención de información genética de toda la comunidad presente en una muestra: una gota de agua, una cantidad de sedimento, un trozo de roca... Sin embargo, los fragmentos recuperados están mezclados y fragmentados y la labor de los investigadores en metagenómica consiste en intentar reconstruir que piezas de ADN pertenecen a un mismo genoma mediante técnicas de ensamblaje y “*binning*”. Los avances en bioinformática han permitido que estas reconstrucciones sean más fáciles, posibilitando la recuperación de cientos de nuevos genomas de microorganismos ambientales que antes eran desconocidos. A estos genomas se les conoce como genomas ensamblados metagenómicamente y su análisis permite inferir el posible rol ecológico de estos microorganismos. Sin embargo, estas hipótesis deben ser confirmadas posteriormente con nuevos experimentos de laboratorio, incluido su cultivo, puesto que las inferencias ecológicas se basan en lo que sabemos a partir de organismos ya cultivados. Se han dado ya varios casos que predicciones iniciales han dado lugar a conclusiones diferentes cuando se ha trabajado en el laboratorio. En cualquier caso, gracias a la metagenómica, el árbol de la vida se ha ampliado de forma exponencial y hoy conocemos muchos grupos presentes en distintos ambientes naturales que antes nos eran desconocidos por la dificultad para cultivarlos en el laboratorio.

El ancestro de los eucariotas era una arquea relacionada con Lokiarchaeota que ya poseía algunas características que luego definirían a los eucariotas

Este artículo provocó un terremoto en el estudio de las arqueas y su evolución. Algunos científicos pusieron en duda los hallazgos, pero pronto numerosas investigaciones confirmaron la existencia de este grupo de arqueas y su posición evolutiva. Así, se puso de manifiesto que *Lokiarchaeota* era sólo un grupo (algunos investigadores lo califican como filo y otros como clase) dentro de un linaje de arqueas conocido como *Asgard* (Figura 2). Este linaje se dividía en varios clados que recibieron los nombres de distintas divinidades de la mitología nórdica (*Odinarchaeota*, *Heimdallarchaeota*, *Thorarchaeota*...), o incluso de otras mitologías como la china al nombrarse a uno de los grupos como *Wukongarchaeota*, en honor al Rey Mono, una figura de la épica china⁴a two-domain versus a three-domain tree of life. Recientemente, un grupo de *Asgard* ha sido nombrado como *Atabeyarchaeia* en honor a la diosa puertorriqueña del suelo (Valentin-Alvarado et al., 2024).

Las revisiones más recientes acerca de las arqueas *Asgard* muestran que es un grupo muy diverso de organismos presente en multitud de ecosistemas, pero destacando

especialmente los sedimentos, sobre todo de carácter anóxico, aunque también se han encontrado en ambientes con oxígeno. Grupos como *Lokiarchaeota* o *Heimdallarchaeota* parecen abundar en sedimentos marinos, mientras que otros como *Odinarchaeota* son típicos de ambientes geotermales (Cai et al., 2021; Liu et al., 2021). No todos los grupos tienen la misma distribución, y así *Lokiarchaeota* parece agrupar a un conjunto de organismos cosmopolitas presentes en todo tipo de ambientes con distintas abundancias, mientras que otros grupos tienen distribuciones más restringidas (por ejemplo, los mencionados *Odinarchaeota* y *Heimdallarchaeota*).

Las revisiones más recientes acerca de las arqueas Asgard muestran que es un grupo muy diverso de organismos presente en multitud de ecosistemas, pero destacando especialmente los sedimentos, sobre todo de carácter anóxico

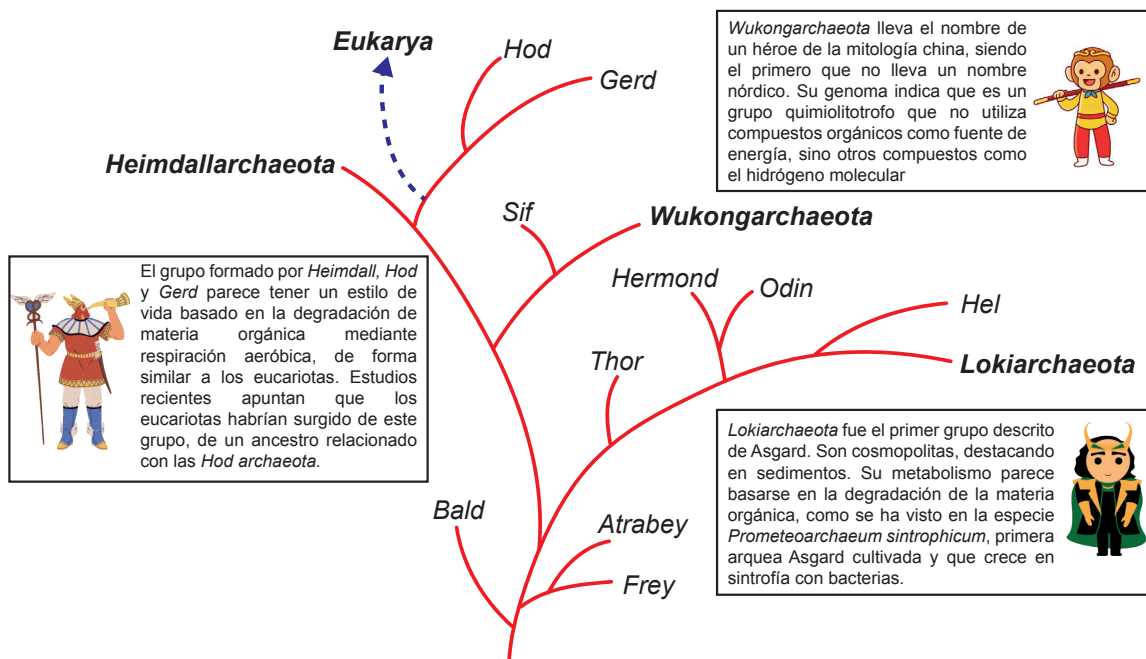


Figura 2. Árbol de la vida del grupo Asgard. Representa las relaciones evolutivas de distintos grupos. La escala no representa distancias evolutivas. Se han indicado la mayoría de grupos Asgard descritos hasta la fecha con el nombre de la divinidad correspondiente, aunque pueden faltar alguno de los clados más recientes. También se indica de dónde habrían surgido los eucariotas de acuerdo a la literatura más reciente.

De igual manera, las arqueas *Asgard* codifican en sus genomas para proteínas implicadas en muchos metabolismos sugiriendo variados estilos de vida. La mayoría de estos metabolismos se han inferido a partir de sus genomas, faltando estudios de cultivo que confirmen estas predicciones metabólicas. Así, se han localizado genes que permiten la fijación del dióxido de carbono, mostrando que algunas de estas *Asgard* son autótrofas (MacLeod et

al., 2019). No obstante, la mayoría parecen ser heterótrofas, degradando distintos tipos de materia orgánica. En algunas de estas arqueas hay genes para rodopsina, proteínas capaces de captar la luz solar como forma de obtener energía; mientras que otras codifican la maquinaria necesaria para oxidar compuestos de nitrógeno y azufre. A pesar de esta gran diversidad, los distintos grupos de *Asgard* se han conseguido agrupar en tres metabolismos prin-

cipales (Liu et al., 2021). El primero incluye a organismos anaeróbicos heterótrofos como son las *Lokiarchaeota*, o las *Thorarchaeota*. Estos organismos parecen tener el potencial para vivir en ambientes sin oxígeno, degradando la materia orgánica presente. Probablemente, como resultado de la degradación de esta materia orgánica producen compuestos como hidrógeno o acetato utilizados por otros organismos con los que establecen relaciones sintróficas (ver Cuadro 3). Por otro lado, se ha propuesto un segundo grupo de arqueas quimiolitotrofas, que correspondería a las *Wukongarchaeota*. En este caso, las

arqueas de *Wukongarchaeota* utilizarían distintos compuestos inorgánicos como el hidrógeno molecular como fuente de energía en vez de degradar la materia orgánica. Además, serían autótrofos al poder fijar dióxido de carbono. Finalmente, el tercer tipo de metabolismo sería la oxidación aerobia facultativa heterótrofa. Este estilo de vida parece estar presentes en algunos subgrupos de las *Heimdallarchaeota* como *Hodarchaeota* o *Gerdarchaeota*. Este metabolismo se basaría en la capacidad de oxidar compuestos orgánicos acoplado a la respiración de oxígeno, y es equivalente al presente en organismos eucariotas.

CUADRO 3 La sintrofia

La sintrofia es un tipo de relación simbiótica que se establece entre dos microorganismos basada en la interdependencia metabólica. En este tipo de relación simbiótica, existe un organismo que produce un metabolito que es excretado como por ejemplo hidrógeno o acetato. El otro organismo es capaz de utilizar este metabolito como nutriente, por lo que es incorporado a la célula del organismo consumidor. Lo importante, es que como consecuencia de que el segundo organismo puede usar el metabolito de desecho, la concentración en el medio de estos productos intermedios es muy baja. Esto permite que el productor pueda seguir metabólicamente activo, ya que, si el metabolito de desecho se acumulará, el metabolismo del productor no podría funcionar eficientemente o incluso no podría producirse por consideraciones termodinámicas. Como consecuencia se forman interacciones entre microorganismos que se consideran obligadas, ya que uno no puede vivir sin el otro.

Todas estas propuestas de metabolismos para las arqueas *Asgard* se han basado en análisis del genoma a partir de muestras ambientales. Sin embargo, estas propuestas son inferencias que requieren de experimentos adicionales para confirmarlas como es el cultivo de estos microorganismos en el laboratorio. Hasta la fecha se han conseguido escasos cultivos de las arqueas *Asgard*. Y es aquí donde volvemos a hablar de mitología y enlazamos con los dioses griegos. El primer caso de cultivo de una arquea *Asgard* fue *Prometheoarchaeum syntrophicum*, que pertenece al clado de las *Lokiarchaeota* (Imachi et al., 2020, 2024). Los investigadores japoneses que cultivaron esta arquea la nombraron así en honor de Prometeo, haciendo analogía entre la relación evolutiva de las arqueas *Asgard* con los eucariotas, y la implicación de Prometeo en la creación de la humanidad a partir de barro. Curiosamente tanto el Prometeo griego como el Loki nórdico son seres mitológicos astutos, considerados arteros por sus acciones. Los avances más recientes nos

han permitido saber que los eucariotas no surgieron del grupo de *Asgard* cercano a *P. syntrophicum*, sino de otro del que hablaremos más adelante. Sin embargo, al ser el primer *Asgard* cultivado, su estudio ha sido muy relevante para plantear hipótesis sobre los mecanismos evolutivos.

Prometheoarchaeum syntrophicum fue cultivada a partir de sedimentos marinos en un proceso de laboratorio que duró más de 5 años debido al lento crecimiento de este organismo, el cual crece bajo condiciones anaerobias utilizando materia orgánica (Imachi et al., 2020). Uno de los hechos más interesantes de este cultivo, fue mostrar la relación sintrófica que *Prometheoarchaeum syntrophicum* establece con algunas bacterias. A pesar de los esfuerzos, no se ha conseguido cultivar a esta arquea de manera aislada, sino sólo con un compañero sintrófico, concretamente una bacteria sulfatorreductora del grupo *Halodesulfovibrio* (Imachi et al., 2024). Los análisis de laboratorio han mostrado que *P. syntrophicum* fermenta aminoácidos produciendo hidrógeno (y acetato). Este hidrógeno es utilizado por la bacteria para reducir sulfato a sulfuro, estableciendo una interdependencia metabólica, que también se refleja a nivel físico. De hecho, imágenes microscópicas han mostrado que ambos organismos establecen una estrecha relación basada en que *P. syntrophicum* parece formar unas

*El primer caso de cultivo
de una arquea Asgard
fue Prometheoarchaeum
syntrophicum, que pertenece
al clado de las Lokiarchaeota*

prolongaciones de su membrana que le permiten interactuar con otros microorganismos, incluidos su compañero sintrófico. Estas prolongaciones no son estructuras celulares comunes en organismos procariotas. De hecho, el cultivo de un pariente cercano a *P. syntrophicum* llamado "*Candidatus Lokiarchaeum ossiferum*" ha podido mostrar la arquitectura de estas prolongaciones. En "*Ca. Lokiarchaeum ossiferum*" los científicos encontraron que las prolongaciones celulares se sustentaban con base a un citoesqueleto de actina, una de las proteínas marcadoras de eucariotas que aparecen en el linaje de *Asgard* (Rodrigues-Oliveira et al., 2023). Esto parecía indicar que los citoesqueletos de actina, no son características únicas de eucariotas, sino que ya estaban presentes en las arqueas *Asgard* permitiéndoles ensamblar complejas estructuras celulares de membrana.

Pero, ¿cómo se propone entonces que los eucariotas tienen una relación evolutiva con las arqueas *Asgard*? ¿Cómo surgen de ellas? ¿Por qué se podría decir que los seres vivos eucariotas, incluidos los seres humanos, "son creados" por parte de estos "dioses" microbianos? Para responder a estas preguntas, tenemos que hablar primero de las hipótesis que se habían planteado sobre el origen de los eucariotas como células con una mayor complejidad. Todas las células eucariotas tienen (o

Los citoesqueletos de actina, no son características únicas de eucariotas, sino que ya estaban presentes en las arqueas Asgard

sus antecesores han tenido) mitocondrias indicando que el origen de este orgánulo es clave para entender el proceso de eucariogénesis. Este hecho no ha pasado desapercibido y se han propuesto varias teorías que utilizan los datos conocidos sobre el material genético de la mitocondria.

A finales de los años 60, la bióloga Lynn Margulis propuso la teoría endosimbiótica como hipótesis sobre el origen de la célula eucariota (Sagan, 1967). En ella proponía que la célula eucariota había surgido a raíz de un evento de simbiosis entre varios organismos, que con el tiempo se habría convertido en una relación tan estrecha por la que uno de estos organismos, el hospedador, habría incorporado al otro a su interior como simbionte intracelular o endosimbionte. Con el tiempo, el endosimbionte habría dado origen a la mitocondria, perdiendo gran parte de su genoma, pero conservando la función de central de energía de la célula. Según avanzaban las investigaciones, esta teoría fue ganando cada vez más apoyos.

Estudios filogenéticos llegaron a proponer que el endosimbionte incorporado estaba relacionado con una *Alphaproteobacteria* del grupo *Rickettsiales* que habría tenido capacidad para utilizar el oxígeno, permitiendo al hospedador vivir en ambientes óxicos (Wagan y Wu, 2015). Sin embargo, existían menos certezas respecto al organismo hospedador, aquel que incorporó al endosimbionte. Algunos estudios genéticos sugerían que el hospedador podría haber sido un antecesor de los eucariotas relacionado con las arqueas, pero diferente a ellas (modelo de los tres dominios), mientras que otros afirmaban que habría sido una arquea (modelo del oocito o de los dos dominios). La falta de evidencias claras evitaba que alguno de los dos modelos se impusiera claramente.

El descubrimiento de las arqueas *Asgard* dio un vuelco a este debate, ya que aportaba nuevas evidencias en dirección al modelo de los dos dominios. Numerosos estudios genéticos parecían relacionar a estas arqueas con los eucariotas. De hecho, el descubrimiento de nuevos grupos de arqueas *Asgard* aportó nuevos datos. Al incorporar a estos clados recientemente

descubiertos, las reconstrucciones del árbol de la vida sugieren que los eucariotas están muy relacionados con un clado conocido como *Heimdallarchaeota*, concretamente con un grupo llamado *Hodarchaeota*. Este hecho es relevante porque como se ha mencionado antes, las *Heimdallarchaeota* parecen tener la capacidad de utilizar oxígeno en su metabolismo de manera similar a como lo hacen los eucariotas (Liu et al., 2021). Hasta ahora, se pensaba que el hospedador habría sido un organismo incapaz de utilizar el oxígeno, y que el endosimbionte le habría dado esta capacidad, suponiendo un hecho crítico de la teoría. Sin embargo, si el antecesor de los eucariotas tuviese ca-

pacidades similares a las de *Hodarchaeota*, la capacidad de utilizar oxígeno habría sido anterior a la endosimbiosis, y quizás no habría sido el hecho que desencadenó la eucariogénesis (Apler et al., 2024). En cualquier caso, la posible capacidad de utilizar oxígeno de los antecesores de los eucariotas podría haber permitido su éxito durante el evento de la Gran Oxidación (cuadro 4), dándole una ventaja en el nuevo mundo que se abría paso. Los genomas del grupo de *Hodarchaeota* tam-

*Los eucariotas están
muy relacionados con
un clado conocido como
Heimdallarchaeota,
concretamente con un grupo
llamado Hodarchaeota*

bién codifican un número alto de ESP, sugiriendo una vez más su cercanía con los eucariotas. Así, hasta ahora este grupo de organismos parece ser el más relacionado dentro del mundo procariota con los actuales eucariotas. Por así decirlo, *Hodar-*

chaeota sería nuestro tío tatarabuelo muy, muy lejano, sería un dios nórdico, concretamente un hijo ciego del dios Odin que fue engañado por el dios Loki para matar a su hermano.

CUADRO 4 La Gran Oxidación

La Gran Oxidación fue un evento de la historia de la Tierra acaecido hace 2000-2400 millones de años. Durante este evento, se produjo una gran acumulación de oxígeno en la atmósfera que hasta ese momento era anóxica. La razón de este evento fue la aparición de la fotosíntesis oxigénica realizada por cianobacterias, por la que se produce oxígeno como producto final. Este oxígeno fue primero consumido por minerales y otros compuestos (dando lugar a registros geológicos como bandas de hierro), para luego se empezó a acumular en la atmósfera. Como resultado se dio un cambio en las condiciones de vida en la Tierra, afectando negativamente a muchos organismos anaerobios, mientras que los organismos aerobios prosperaron en este nuevo ambiente.

Ya conocemos a los dioses sospechosos de “crear” los eucariotas: parece que una arquea relacionada con las *Hodarchaeota* habría sido el hospedador, mientras que una *Alphaproteobacteria* habría sido el endosimbionte que dio origen a la mitocondria (Figura 3). ¿Pero cómo se dio la “creación” o mejor dicho la eucariogénesis? Desde la propuesta de la teoría endosimbiótica han existido diversas propuestas sobre cómo se desarrolló esta interacción: modelos basados en el intercambio de

hidrógeno, modelos de flujo inverso... El hecho de que tengamos escasos cultivos de *Asgard* ha dificultado poder confirmar estas propuestas de eucariogénesis. De hecho, cuando se dispuso del cultivo de *P. syntrophicum*, se interpretó como algo relevante para la eucariogénesis la relación sintrófica de esta arquea con otros microorganismos basada en la interacción por protuberancias. Así se propuso un modelo de eucariogénesis denominado “*entanglement–engulf–endogenize model*” (que

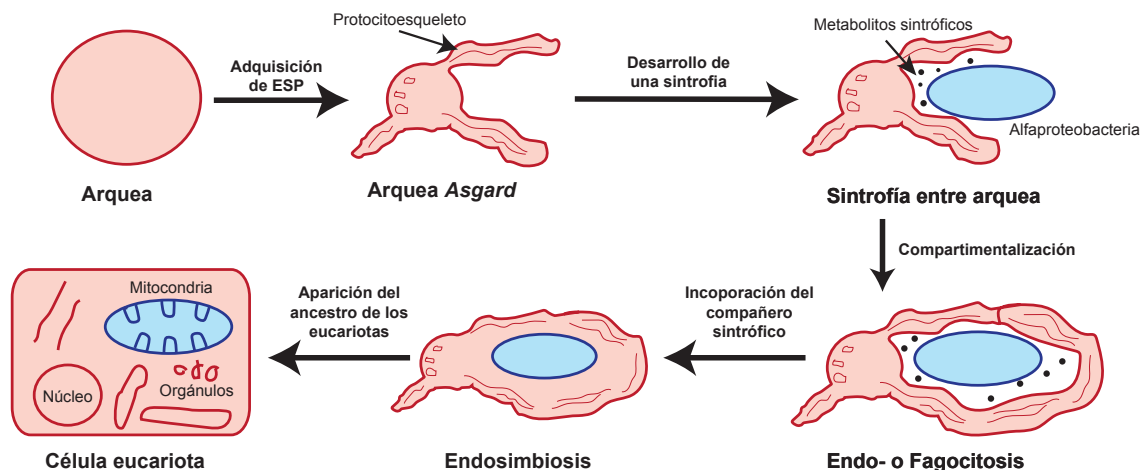


Figura 3. Esquema simplificado del proceso de eucariogénesis desde las arqueas *Asgard* hasta la célula eucariótica mediante la incorporación de una alfaproteobacteria que dio origen a las mitocondrias. Se muestra el papel de las ESP (proteínas distintivas de eucariotas) en el desarrollo de un protocitoesqueleto que habría posibilitado el desarrollo de prolongaciones para la interacción sintrófica con una alfaproteobacteria que habría sido finalmente incorporada como endosimbionte.

sería modelo de enredamiento-engullimiento-endogenización) por el que las arqueas *Asgard* habrían desarrollado numerosas prolongaciones en torno a organismos sintróficos cercanos hasta engullirlos e incorporarlos como simbioses. Estos organismos engullidos serían el endosimbionte y habría conferido la capacidad de utilizar oxígeno. A pesar de lo atractivo de este modelo, como ya se ha mencionado, las actuales evidencias sugieren que las arqueas *Asgard* que dieron origen a los eucariotas ya tenían capacidad de usar el oxígeno. Lo que sí ha aportado el estudio de *P. syntrophicum* es el conocimiento de que las arqueas *Asgard* parecen tener

la capacidad de remodelar su membrana pudiendo desencadenar eventuales procesos de endo/fagocitosis que habrían dado lugar a la incorporación del endosimbionte al interior celular.

Las arqueas Asgard habrían desarrollado numerosas prolongaciones en torno a organismos sintróficos cercanos hasta engullirlos e incorporarlos como simbioses

La investigación con *Asgard* no ha hecho más que empezar. Artículos recientes sugieren que los mecanismos de la inmunidad en eucariotas podrían tener un origen en *Asgard* (Leão et al., 2024). También se han descubierto en *Asgard* mecanismos avanzados de expresión génica que se pensaban que eran distintivos de los eucariotas como proteínas argonautas (Bastiaanssen et al., 2024). Todo esto sugiere que existen muchas características eucariotas que podrían haber estado ya presentes en el organismo arqueal que dio origen al grupo. Futuras investigaciones permitirán conocer mejor a este linaje de arqueas y su relación con la eucariogénesis.

Para recapitular

En 2015 se describen por primera vez un grupo de arqueas conocido como *Lokiarchaeota*. Otros estudios han detectado otros clados relacionados que han recibido el nombre de dioses de diferentes mitologías, sobre todo nórdicos.

Estas arqueas se conocen como arqueas *Asgard* y una característica destacada es que codifican en sus genomas una gran cantidad de ESP, proteínas características de los eucariotas, que se pensaban exclusivas de estos.

Estas ESP están relacionadas con procesos de remodelación celular: cambios en la membrana, citoesqueleto, tráfico vesicular...

Hasta ahora la mayoría de las arqueas *Asgard* se conocen por sus genomas ambientales. Hay escasos cultivos de estas arqueas destacando *Prometheoarchaeum syntrophicum*, que vive en una relación sintrófica con bacterias y desarrolla prolongaciones celulares para interactuar con su compañero sintrófico.

Hasta fechas recientes, la teoría endosimbiótica era la más aceptada para explicar el origen de los eucariotas. Estos habrían surgido por un proceso de interacción entre un hospedador (probablemente incapaz de utilizar oxígeno) y un organismo que habría sido incorporado convirtiéndose en un endosimbionte, que daría lugar a la mitocondria. Se pensaba que el hospedador podría ser una arquea o un organismo relacionado.

Los estudios más actuales indican que los eucariotas parecen haber surgido de una arquea *Asgard*, concretamente de una arquea relacionada con el grupo *Hodarchaeota*. Este grupo de arqueas tienen la capacidad en sus genomas de utilizar oxígeno, sugiriendo que el posible hospedador que dio origen a las células eucariotas podría haber utilizado ya oxígeno. Esto indicaría que la capacidad de utilizar oxígeno fue anterior a la incorporación de un alfa-proteobacteria que daría lugar a la mitocondria.

Bibliografía

- Appler, K.E. et al. 2024. Oxygen metabolism in descendants of the archaeal-eukaryotic ancestor. 2024.07.04.601786 Preprint at <https://doi.org/10.1101/2024.07.04.601786>.
- Bastiaanssen, C. et al. 2024. RNA-guided RNA silencing by an Asgard archaeal Argonaute. *Nature Communications*, 15: 5499.
- Cai, M. et al. 2021. Ecological features and global distribution of Asgard archaea. *Science of the Total Environment*, 758: 143581.
- Imachi, H. et al. 2020. Isolation of an archaeon at the prokaryote–eukaryote interface. *Nature*, 577: 519–525.
- Imachi, H. et al. 2024. Promethearchaeum syntrophicum gen. nov., sp. nov., an anaerobic, obligately syntrophic archaeon, the first isolate of the lineage ‘Asgard’ archaea, and proposal of the new archaeal phylum Promethearchaeota phyl. nov. and kingdom Promethearchaeati regn. nov. *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, 74: 006435.
- Liu, Y. et al. 2021. Expanded diversity of Asgard archaea and their relationships with eukaryotes. *Nature*, 593: 553–557.
- MacLeod, F. et al. 2019. Asgard archaea: Diversity, function, and evolutionary implications in a range of microbiomes. *AIMS Microbiology*, 5: 48–61.
- Rodrigues-Oliveira, T. et al. 2023. Actin cytoskeleton and complex cell architecture in an Asgard archaeon. *Nature*, 613: 332–339.
- Sagan, L. 1967. On the origin of mitosing cells. *Journal of Theoretical Biology*, 14: 225–IN6.
- Spang, A. et al. 2015. Complex archaea that bridge the gap between prokaryotes and eukaryotes. *Nature*, 521: 173–179.
- Valentin-Alvarado, L.E. et al. 2024. Asgard archaea modulate potential methanogenesis substrates in wetland soil. *Nature Communications* 15: 6384.
- Wang, Z. y Wu, M. 2015. An integrated phylogenomic approach toward pinpointing the origin of mitochondria. *Scientific Reports*, 5: 7949.
- Woese, C.R. y Fox, G.E. 1977. Phylogenetic structure of the prokaryotic domain: the primary kingdoms. *Proceedings of the National Academy of Sciences USA*, 74: 5088–5090.
- Woese, C.R., Kandler, O. y Wheelis, M.L. 1990. Towards a natural system of organisms: proposal for the domains Archaea, Bacteria, and Eucarya. *Proceedings of the National Academy of Sciences USA*, 87:4576–4579.
- Leão, P. et al. 2024. Asgard archaea defense systems and their roles in the origin of eukaryotic immunity. *Nature Communications*, 15: 6386.