

1 Personal opinion and difficulties

Realizar estas prácticas ha sido bastante complicado, no por estas en si, sino por la programación del máster. Ha sido un asunto transversal, que ha atravesado el desarrollo todas las asignaturas, debido a la organización del tiempo. Al intentar seguir el programa y realizar todas las asignaturas a alvez, se evidencia una falta de horas en el día para avanzar todas las tareas. De esta manera, al ser unas prácticas online en la que debería trabajar a mi ritmo, la mayor parte del trabajo se ha ido posponiendo hasta que fuera inevitable.

Además de este asunto, también he tenido mi aprendizaje y dificultades particulares de esta práctica. El principal asunto ha sido el síndrome de la página en blanco, podríamos llamarlo. En contré una gran dificultad a la hora de encontrar un paper sobre el que empezar a trabajar, al pensar que no iba a ser la elección idónea. Además de tener una serie de requisitos, que no se iban a cumplir perfectamente, había que ser realista, iba pasando de paper a paper buscando un tema en el que centrarme, lo cual era muy complicado ya que nada me convencía al 100%.

A este problema se le sumó el hecho de que la metabolómica está bastante más atrasada que el resto de ómicas. Quizá sea por su naturaleza de estudio, ya que mientras que la proteómica y la genómica estudian secuencias de proteínas o ácidos nucléicos con estructuras bastante fijas y definidas, la metabolómica estudia la presencia y cantidad de diferentes metabolitos y sus interacciones, lo que es bastante más complicado de estudiar conceptual y realistamente, al haber una gran parte de confusión y ruido al pasar de secuencias de proteínas a metabolitos. Esto implica que hay pocas bases de datos de las que extraer información, hay pocos estudios que construyan unos sobre otros, superponiendo información y creando algo similar al genoma humano, por ejemplo. Por el momento solo tenemos bases de datos que contienen los resultados experimentales de cada grupo de investigación si eso.

2 Article:

Metabolic coupling between soil aerobic methanotrophs and denitrifiers in rice paddy fields

3 Abstract

In rice paddy fields there is a lot of microbial denitrification, typically linked to oxidation of electron donors such as methane (CH_4) in *anoxic* and *hypoxic* conditions.

Whether and how *aerobic* methane oxidation couples with denitrification in *anoxic* paddy fields is unknown.

They are going to use different omic techniques to study that relation.

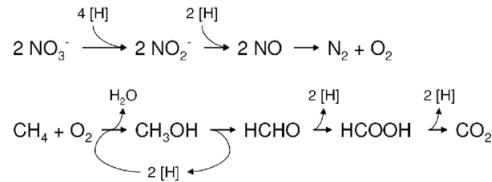
Results: Positive relation between CH_4 oxidation and denitrification activities and genes. CH_4 and methanotroph addition promote gene expression in

denitrification. There is a high importance of intermediates between aerobic CH₄ oxidation and denitrification

4 Intro

The justification of this paper is to understand the denitrification process to efficiently use nitrogen fertilizer and reduce greenhouse gases emissions (N₂O and CH₄).

It has been seen the relation between *anoxic* and *hypoxic* methane oxidation and denitrification. The problem is the taxa capable of those processes where not found in surface leyar of paddy fields (is partially oxic because of diffusion of oxygen from rice roots). **over 70% of the produced CH₄ in hypoxic conditions is consumed by aerobic methanotrophs before escaping to the atmosphere.** It's been seen that CH₄ oxidation significantly promotes N removal via denitrification. However, the taxa and pathways in rice paddy fields remain unkown.



CH₄ may promote denitrification by cooperation between aerobic metanotrophs and denitrifiers via O₂ consumption and intermediates exchange. Some metanotrophs were capable of partial denitrification. **Hypothesis: Microbial aerobic CH₄ oxidation may promote soil denitrification in rice pad-dies by a mutualism process.**

1. Field survey across china
2. Microcosm experiments (Coupling between CH₄ oxidation and denitrification genes: *narG*, *nirK*, *nirS*, *norB*, *nosZI* and *nosZII*; unther CH₄ and aerobic metanotrophs addition)
3. DNA-SIP with MAGs and ¹³C-metabolomics.

5 Methods

Field survey

¹³CH₄-DNA-stable isotope probing (SIP)

Microcosm experiments

¹³C-metagenome-assembled genomes

¹³C-metabolomics: intermediates derived form ¹³CH₄.

Stat analysis

6 Results

7 Replication