



IKER  
GAZTE  
NAZIOARTEKO  
IKERKETA EUSKARAZ

## V. IKERGAZTE

NAZIOARTEKO IKERKETA EUSKARAZ

2023ko maiatzaren 17, 18 eta 19a  
Donostia, Euskal Herria

ANTOLATZAILEA:  
Udako Euskal Unibertsitatea (UEU)



Aitortu-PartekatuBerdin 3.0

### ZIENTZIAK ETA NATURA ZIENTZIAK

**Euskal estuarioetako  
sedimentuetako mikroorganismo  
harizpidunen aniztasuna:  
Genomen analisia ikuspuntu  
bioteknologikotik**

*Ainara Otamendi Elizalde,  
Ziortza Agirrezabala Urkia,  
Carla Pérez Cruz,  
Raquel Liébana Garcia,  
Iñaki Berregi Abalde,  
Anders Lanzén,  
Laura Alonso Sáez,  
Maria Teresa Dueñas Chasco  
eta Oier Etxebeste Juarez*

317-324 or.

<https://dx.doi.org/10.26876/ikergazte.v.05.40>

ANTOLATZAILEA:



BABESLEAK:



LAGUNTZAILEAK:



## Euskal estuarioetako sedimentuetako mikroorganismo harizpidunen aniztasuna: Genomen analisisia ikuspuntu bioteknologikotik

Ainara Otamendi<sup>1</sup>, Ziortza Agirrezabala<sup>1</sup>, Carla Pérez-Cruz<sup>2</sup>, Raquel Liébana<sup>2</sup>, Iñaki Berregi<sup>1</sup>, Anders Lanzén<sup>3,4</sup>, Laura Alonso-Sáez<sup>2</sup>, Maria Teresa Dueñas<sup>1</sup>, Oier Etxebeste<sup>1</sup>

<sup>1</sup>*Biologia laborategia, Kimika Aplikatua saila, Kimika Fakultatea, Euskal Herriko Unibertsitatea (EHU/UPV), Donostia.*

<sup>2</sup>*AZTI, Itsas ikerketa, Basque Research and Technology Alliance (BRTA), Sukarrieta.*

<sup>3</sup>*AZTI, Itsas ikerketa, Basque Research and Technology Alliance (BRTA), Pasaia.*

<sup>4</sup>*IKERBASQUE, Ikerketarako euskal fundazioa, Bilbo.  
ziortza.agirrezabala@ehu.eus*

### Laburpena

Itsas inguruneetan mikroorganismo-aniztasun handia dago. Mikroorganismo horien genomak estres-baldintzetara egokitzea ahalbidetzen diete, hala nola gatz-kontzentrazio handiak eta elikagai-eskasia, zein polimero konplexuak degradatzea. Ezaugarri horiei esker, itsas mikroorganismoak tresna bioteknologiko berriak garatzeko iturri baliotsua dira. Lan honetan, euskal kostaldeko estuarioetako sedimentuetatik mikrobio harizpidunak isolatu eta fenotipikoki karakterizatu dira, polisakarido konplexuak degradatzeko edo/eta ingurunera pigmentuak jariatzeko gaitasunean oinarrituta. Hala, intereseko hiru espeziereen genomak lehen aldiz sekuentziatu dira, eta haien CAZyme-en zein metabolito sekundarioen gene-multzoen azterketak iradokitzen du jarduera entzimatikoki berrien eta metabolito sekundarioen iturri gisa erabil daitezkeela.

Gako-hitzak: Itsas onddo, itsas bakterio, *Sordariomycetes*, *Hypocreales*, CAZymes, *Streptomyces*, metabolito sekundarioen gene-multzo, fukoidan.

### Abstract

*Marine environments are rich in microbial diversity. Marine microbes have developed genomic resources to adapt to stress conditions, such as high salt concentrations and nutrient scarcity, or to degrade complex polymeric substrates. These features make marine microbes a very valuable resource in the field of biotechnology. In this study, filamentous microbes from sediments of Basque estuaries were isolated and phenotypically characterized based on the capacity to degrade complex polysaccharides or/and secrete pigments to the culture medium. Thus, in this study the genomes of three isolates of interest are reported for the first time and their CAZymes well as secondary metabolite gene cluster analyses suggest that they could be used as a source of novel enzymatic activities and secondary metabolites.*

*Keywords: Marine fungi, marine bacteria, Sordariomycetes, Hypocreales, CAZymes, Streptomyces, secondary metabolite gene clusters, fucoidan.*

## 1. Sarrera eta motibazioa: itsas mikrobiota eta haren garrantzia.

Ur-inguruneek Lur planetaren azaleraren %70 baino gehiago hartzen dute, eta gehiago handiena itsasoak (Sandrin et al., 2009). Itsasoko bizidunek, mikrobio-komunitateek (bakterioak, arkeak, protistak, onddoak eta birusak) bereziki, paper garrantzitsua betetzen dute biologikoki ezinbestekoak diren elementuen (karbonoa, nitrogenoa, fosforoa, sufrea eta burdina) zikloetan eta fluxu biogeokimiko osoaren erdia prozesatzen dute, gutxi gorabehera (Fuhrman et al., 2015).

Ozeanoak ingurune heterogeneoak dira eta une oro mugimenduan dauden inguruneak direla kontsideratzen da. Horrek aldaketak eragiten ditu itsas ingurune ezberdinetako mikrobiotan, hainbat faktoreen ondorioz, hala nola, tenperatura, gatz-kontzentrazioa, argia, baldintza meteorologikoak eta

abar. Hori dela eta, askotan muturrekoak diren baldintzetara egokitu dira itsas mikroorganismoak; baldintza horietan bizirauteko ezinbestekoak dituzten gene eta mekanismoak garatu dituzte (Sandrin et al., 2009). Horrenbestez, itsas mikroorganismoak oro har, onuragarriak eta interesgarriak izan daitezke elikagaien industrian, industria farmazeutikoan, bioteknologian zein biomedikuntzan aplikatzeko. Hala eta guztiz ere, gaur egun itsas baliabideak, neurri handi batean, garatu gabe eta gutxietsita daude oraindik ahalmen bioteknologikoaren aldetik (Rotter et al., 2021).

## 2. Arloko egoera eta ikerketaren helburuak

Gaur egungo gizarteak eta bizimoduak berrikuntza-eskaria handitu du, besteak beste, ongizatean, osasunean, bioteknologian, biomedikuntzan zein elikaduraren arloan. Gizartearen behar horri erantzuna emateko, orain arte gutxi aztertutako eta baliabide bioteknologiko berrien iturri oparoa diren itsas inguruneak aztertzeko premia sortu da (Rotter et al., 2021). 1930eko hamarkadaz geroztik elikagai gehigarri eta osagai kosmetiko gisa asko erabiltzen dira itsas algetatik erauzitako karragenanoa edo beste polisakarido batzuk. Baina, itsas bioteknologia modernoa 1970eko hamarkadaren ondoren zabaldu zen, itsas organismoen eta haien metabolito sekundarioen buruzko ikerketa areagotuz (Rotter et al., 2021).

Aipatu bezala, itsas inguruneak askotarikoak dira mikrobiotari dagokionez eta hori funtsezkoa da itsas ekosistemen funtzio eta osasunerako (Rotter et al., 2021). Orain arte egin diren ikerketa gehienak bakterioen inguruan zentratu dira, eta onddoen erreinua ia guztiz baztertuta geratu da. Hala ere, aztertuak izan diren itsas ingurune guztietan aurkitu izan da onddoen presentzia. Horietako asko itsas zein ingurune lehorretan aurkitzeak agerian uzten du onddoek ingurune ezberdinetara egokitzeko duten gaitasuna. Azpimarratu beharra dago, ordea, gaur arte itsas inguruneetatik isola litezkeen onddoen % 10 bakarrik isolatu dela kalkulatzen dela. Horren arrazoietakoa batzuk dira itsasoko baldintza konplexuak, onddo-espezie askoren hazkuntza motela, eta espezie horietako askok laborategiko baldintzetan hazteko zailtasuna edukitzea (Amend et al., 2019).

Aipatutako gaitasun horiek organismo hauen genomak kodetuta daude eta horien azterketak intereseko geneak identifikatzea eta bioteknologian aplikagarriak izan daitezkeen molekulak ezagutzea ahalbideratzen du. Horien artean daude, esaterako, itsas polisakaridoen degradazioan parte hartzen duten entzimak (glikosil hidrolasa deritzenak), zeinak biomedikuntzan, industria farmazeutikoan zein elikagaien industrian hainbat aplikazio izan ditzaketen. Antigorputzen ingeniartzean eta tratamendu pertsonalizatuak garatzeko erabil daitezkeela aurreikusten da besteak beste (Hehemann et al., 2012).

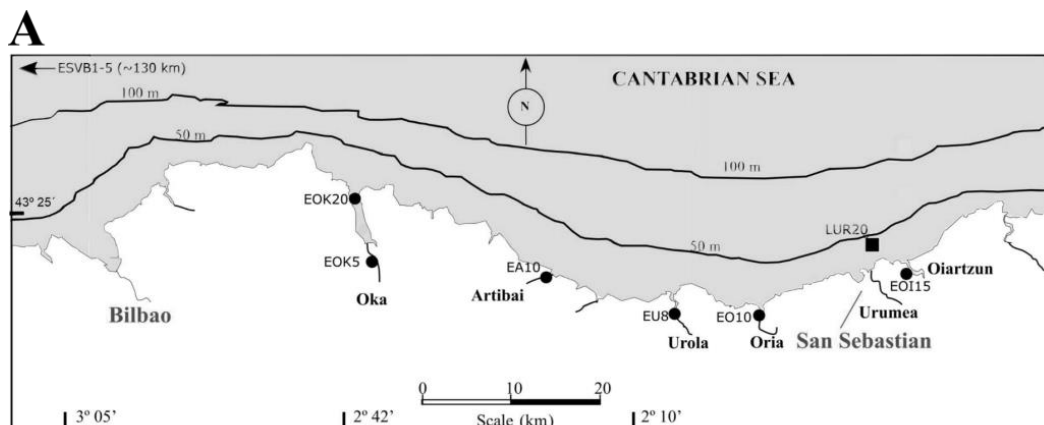
Mikroorganismo horien metabolito sekundarioak ere interesekoak izan daitezke. Mota askotarikoak izan daitezke eta batzuk onuragarriak diren moduan (pigmentuak eta antibiotikoak adibidez), beste batzuk kaltegarriak izan daitezke bai gizakiontzat baita animalia zein landareentzat ere (toxinak esaterako) (Avalos & Limón, 2022). Lan honetan pigmentuen jarioa hartu da aintzakotzat. Izan ere, koloratzaile naturalen eskaera egunetik egunera handitzen ari da, tindu sintetiko batzuen ondorioz kaltegarriak direla eta. Bakterio eta onddoetatik eratorritako pigmentuak jatorri naturaleko pigmentuen iturri alternatiboa dira eta beste pigmentu natural batzuekin alderatuta, prozesatzen errazak izatearen abantaila erakusten dute besteak beste. Propietate koloratzaileez gain, bakterio eta onddoetatik eratorritako pigmentuek aktibitate antioxidatzailea, antimikrobianoa eta minbiziaren aurkako aktibitatea ere izan ditzaketela deskribatuta dago literaturan (Narsing Rao et al., 2017).

Aurreko guztia aintzat hartuta, lan honetan, Euskal Herriko hainbat estuariotan jasotako sedimentuetatik mikroorganismo harizpidunak isolatu dira; onddoak nagusiki. Helburuetako bat izan da isolatutako organismoak identifikatzea, euskal kostaldeko bioaniztasunaren mapa bat sortzeko. Horrez gain, isolatutako andui-bildumatik, bioteknologiarako interesekoak izan daitezkeen anduiak identifikatu dira, mediora pigmentuak jariatzeko gaitasunagatik edota itsas iturriko polisakarido sulfatuak degradatzeko gaitasunagatik. Hautagaien genomak sekuentziazioa eta CAZyme-en (*Carbohydrate Active Enzyme*) zein metabolito sekundarioen gene multzoen analisia ere egin da, jarduera entzimatikoko berrien eta metabolito sekundario berrien identifikaziorako bidean.

### 3. Ikerketaren muina

Esan bezala, lan honetan euskal kostaldeko hainbat estuariotako sedimentuen laginak bildu ziren bertako mikroorganismo harizpidunak isolatu eta identifikatzeko. Lehen irudian adierazten den moduan, laginak zortzi puntu ezberdinetan bildu ziren: Bizkaiko Oka (EOK5 eta EOK20) eta Artibai (EA10) ibaietan, Gipuzkoako Urola (EU8), Oiartzun (EOI15) eta Oria (EO10) ibaietan eta Urumea ibaiaren itsas eremuan (LUR20). Jasotako sedimentu-laginetatik 294 andui isolatu ziren MEA (*malta-estraktu agarra*), PDA (*patata dextrosa agarra*), CMA (*arto irinezko agarra*), Lc eta Pc, aurrez definitutako kultura medioetan, hala nola, gure laborategian prestatutako fukoidan polisakaridodun medio minimoan (MMM).

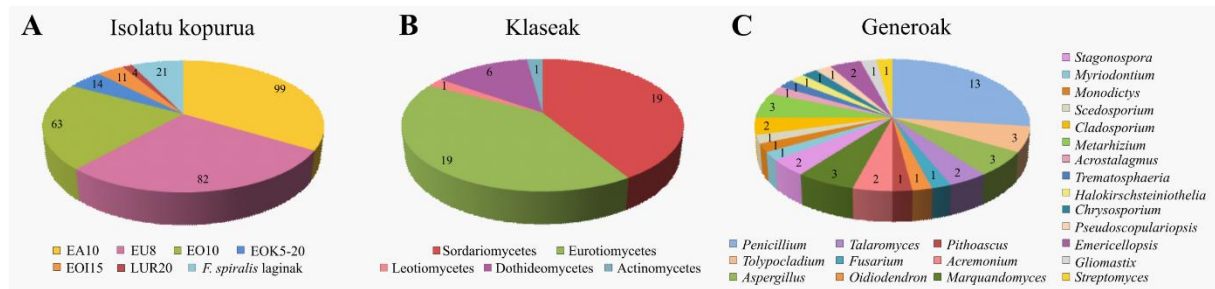
1. irudia. A. Laginketa egin zen euskal kostako zortzi puntuak. Puntuak estuarioak adierazten dituzte; laukiak itsas eremua. B. Isolatutako andui batzuen fenotipoak MEA medioan.



#### 3.1. Euskal kostaldeko mikrobiota harizpidunaren bildumaren karakterizazioa

Lanaren lehen helburua lortzeko, hau da, Euskal Herriko estuarioetan aurki daitezkeen mikroorganismoak identifikatzeko, lehenik, haien DNA laginak erauzi ziren. Ondoren, PCR teknika erabili zen genero (eta kasu batzuetan espezie) bakoitzarentzat identifikagarriak diren ITS izeneko eremuak amplifikatzeko. Gerora, Sanger sekuentziazio bidez sekuentziatu ziren ITS eremuok Madrilgo Secugen enpresan. Sekuentzia horiek NCBI datu-baseko sekuentziekin konparatu ziren Blast eginez. Gure bildumako 294 anduietatik 47-ren generoa identifikatu zen (bildumaren %16; andui gehiagoren identifikazioarekin lanean dihardugu).

**2. irudia. Euskal kostaldeko harizpi-itxurako mikroorganismoen aniztasuna. A. Leku edo erabilitako prozedura bakoitzarekin isolatutako andui kopurua. B. C. ITS eremuen sekuentziazio bidez identifikatutako anduei dagozkien klase eta generoak.**

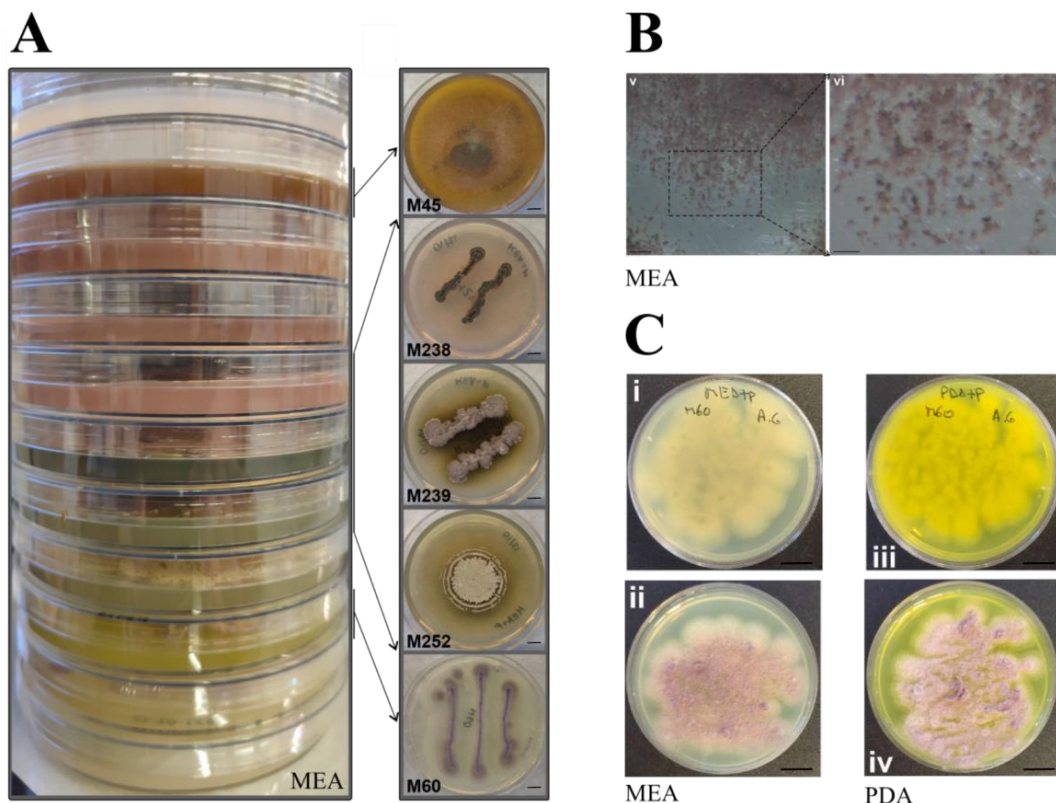


Horrela, 2. irudian adierazten den moduan, euskal kostaldeko mikrobiota kultibagarria (laborategiko baldintzetan haz daitekeena) Eurotiomycetes (gehiengoa *Penicillium* generokoak) eta Sordariomycetes (*Marquandomyces*, *Tolypocladium*, eta *Metarhizium* generokoak nagusiki) klaseek osatzen dutela ikusi zen, mikroorganismo harizpidunei dagokienez. Neurri txikiagoan, Dothideomycetes eta Leotiomycetes onddo klaseetako espezieak ere identifikatu diren. Horiez gain, bakterio espezie bat ere identifikatu zen, Actinomycetes klasekoa (*Streptomyces* generoa).

**3.2. Pigmentuak jariatzeko gaitasuna**

Isolatutako anduien artean, esan bezala, batzuk pigmentuen ekoizle izateko hautagaitzat identifikatu ziren. Kasu honetan, eta 3. irudian argi ikus daitekeen moduan, hautagaitzat hartu ziren hazkuntza-medioaren kolore-aldaketa eragiten zutenak.

**3. irudia. A. Pigmentuak jariatzen dituzten andui batzuen irudiak. Petri plaken diametroa: 9 cm. Eskala-barrak: 1 cm. B. M60 anduiaren garapen-egiturak. Eskala-barrak: 0,1 (v) eta 0,01 cm (vi). C. M60 anduiaren kolonia moreak eta medioari ematen dion kolore horia erakusten dituzten irudiak, MEA eta PDA medioetan. Plaken diametroa: 5.5 cm. Eskala-barrak: 1 cm.**



Pigmentuak jariatzen dituzten anduietatik M60 anduia hartu zen hautagai nagusitzat, kolore moreko fenotipoaren (ikusi 3C panela) eta hazkuntza-medioari ematen dion kolore hori esanguratsuan



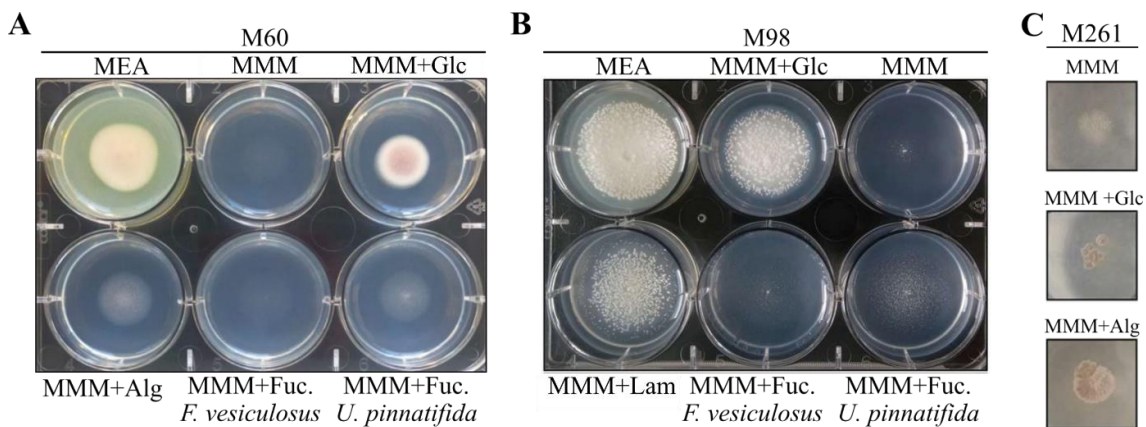
oinarrituta. Ikus daitekeen moduan, hazkuntza-medioak kolore horia hartzen du bai MEA (*malta-estraktu agarra*) eta bai PDA (*patata dextrosa agarra*) medioan ere, bigarren horren kasuan nabarmenagoa izanik.

### 3.3. Polisakaridoak degradatzeko gaitasuna

Isolatutako anduien azterketa fenotipikoaz gain, polisakaridoak degradatzeko duten gaitasuna ere aztertu zen. Horretarako, mikroorganismo hauek karbono-iturri ezberdinez hornitutako kultura-medioetan hazi ziren: glukosa, laminarina, alginatoa edo fukoidana (azken kasu horretan, *Fucus vesiculosus* edo *Undaria pinnatifida* algetatik eratorritako bi produktu komertzial ezberdin). Laminarina, alginatoa eta fukoidana itsas jatorria duten egitura anitzeko polisakaridoak dira; algetatik erauziak hain zuzen.

Horrela, gure bildumako anduiak polisakarido ezberdinak degradatu eta haietatik karbonoa elikagaitzat eskuratzeko gai ote ziren behatu zen. Kasu honetan, M60, M98 eta M261 anduiak hartu ziren hautagaitzat. Laugarren irudiaren A (M60 anduiari dagokiona), B (M98 anduiari dagokiona) eta C (M261 anduiari dagokiona) paneletan ikus daitekeenez, M98 anduiak laminarina eta fukoidan-dun medioetan, eta M261 anduiak alginatoz hornitutako medioan, MMM kontrol negatiboan baino hazkuntza erradial hobea erakutsi zuten. M60-aren kasuan ere (4B panela), nahiz eta hain nabarmena ez izan, ikus daiteke alginato zein *U. pinnatifida*-tik eratorritako fukoidan-dun medioetan kontrol negatiboan baino hazkuntza erradial hobea lotzen dela. Hortaz, ondoriozta daiteke ezen hiru mikroorganismo hauek gai lirakeela polisakarido horien kateak moztu eta karbono-iturri moduan erabiltzeko, bioteknologiarako interesgarri izan daitezkeen aktibitate entzimotikoak kodetu ditzaketela iradokiz.

#### 4. irudia. M60 (A), M98 (B) eta M261 (C) anduien fenotipoa karbono-iturri ezberdinez hornitutako kultura-medioetan. Glc: glukosa, Lam: laminarina, Fuc: fukoidan, Alg: alginato.

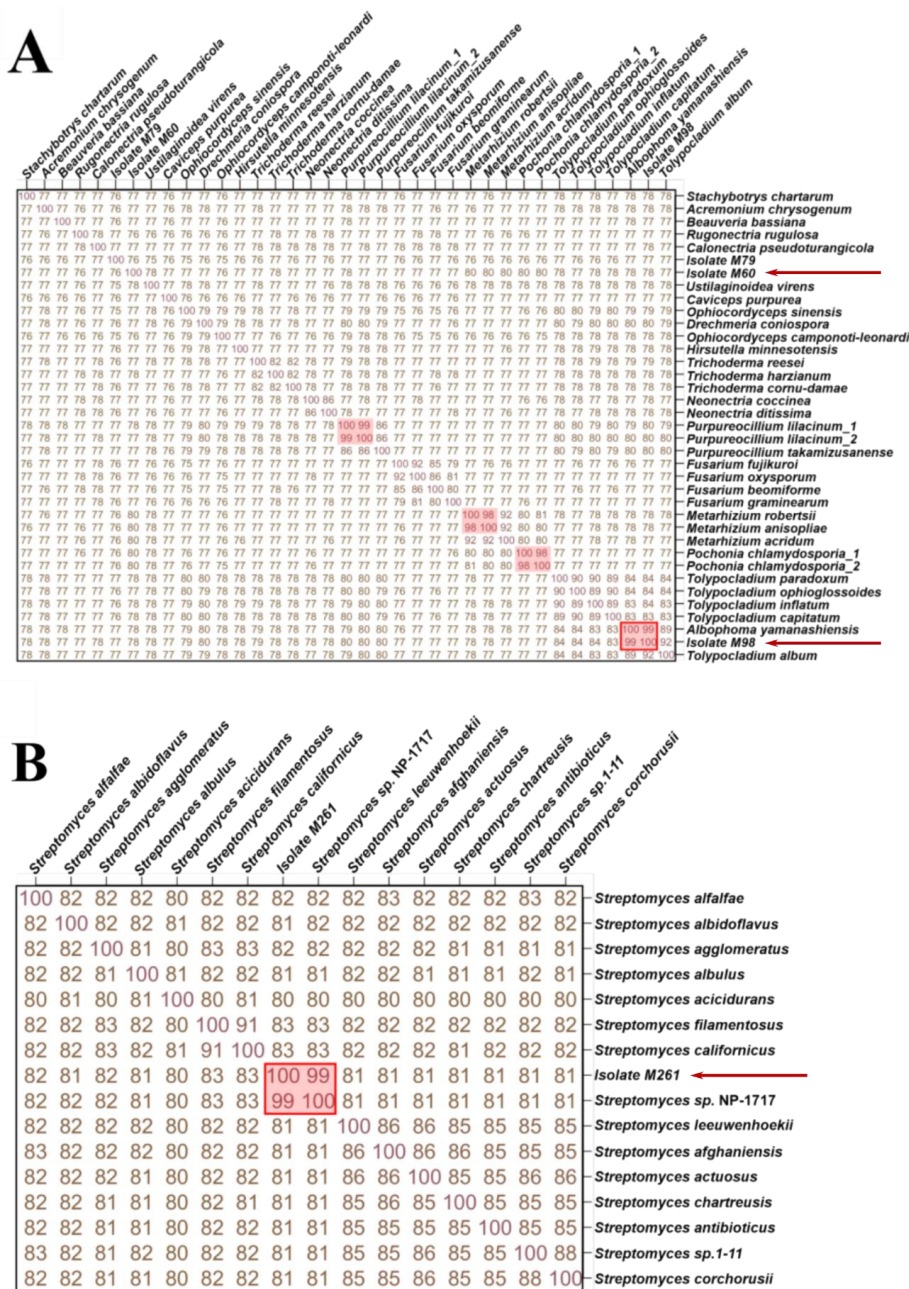


### 3.4. M60, M98 eta M261 intereseko anduiei dagozkien espezieen determinazioa

Orain arte azaldu denez, sortutako bildumatik hiru andui aukeratu ziren eduki lezaketen ahalmen bioteknologikoarengatik: M60, M98 eta M261. Haien DNA laginak erauzi eta andui bakoitza zein espezieri zegokion aurrerako ITS eremuen amplifikazioa eta sekuentziazioa egin ondoren (ikusi 3.1. atala), DNA genomikoa; hau da, DNA osoa, sekuentziatu zen Illumina plataforman. DNA genomikoa sekuentziatuta, alde batetik, ANI (*Average Nucleotide Identity*) analisisia egin zen ITS sekuentziekin aurrerandako espezieak baieztatzeko (ikusi 5. irudia) eta, bestetik, DNA genomikoaren analisisia egin zen CAZyme-ak edo metabolito sekundarioen sintesirako beharrezkoak diren proteinak kodetzen dituzten geneen edo gene-multzoen azterketarako (ikusi 6. irudia).

M98 anduiarentzat ANI analisisiak baliorik handiena *Albophoma yamanashiensis* espeziearekin eman zuten (5A panela). M261 anduiari dagokionez, berriz, *Streptomyces* generoko bakterio bat dela ikusi zen (5B panela; *Streptomyces* sp. NP-1717). M60 anduiaren kasuan, ANI analisisiak *Metarhizium* eta *Pochonia* generoetatik gertu kokatu zuten (% 80ko balioarekin, 5A panela). Datu horrekin, ITS sekuentziazioen emaitzekin eta aurretik bibliografian deskribatuta dagoen fenotipo bereizgarria (Mongkolsamrit et al., 2020) kontuan hartuta, M60 anduia *Marquandomyces marquandii* espeziekoa dela ondorioztatu zen.

### 5. irudia. M60 (A), M98 (A) eta M261 (B) anduien genomaren ANI analisiak.



### 3.5. M60, M98 eta M261 anduien genomek ustez kodetutako CAZyme-en eta M60-aren metabolito sekundarioen gene-multzoen azterketa

Lehen atalean aipatu da itsas mikroorganismoek ingurune berrietara egokitzeko garatu dituzten mekanismoek interes bioteknologikoa izan dezaketela. Horrenbestez, M60 anduiak hazkuntza-medioa kolore horiz tindatzen duela ikusirik eta bai M60, M98 bai M261 anduek itsas polisakarido espezifikoak degradatzeko erakutsitako gaitasunari jarraikiz, hiru hautagaien genomak azterketari ekin zitzaion.

Alde batetik, hiru anduien CAZyme-ak aztertu ziren polisakaridoak degradatzeko aktibitate entzimatikoa posibleak identifikatzeko asmoz. Azterketa dbCan2 datu-basearen bitartez egin zen, eta 6. irudiko A panelean ikus daitezke M60 (laranjaz), M98 (urdinez) eta M261 (horiz) anduien genomak ustez kodetzen dituzten CAZyme-en laburpena. Analisi hauen arabera, hiru anduek hainbat glikosil hidrolasa (lotura glikosidikoaren hidrolisia katalizatzen duten entzimak) kodetzen dituzte, tartean bakterioetan alginatoa zein fukoidana degradatzeko beharrezkoak diren familietakoak. Horrenbestez, polisakaridoak degradatzeko gaitasuna azalduta geratuko litzateke.





hornitutako hazkuntza-medioetan sortutako biomasa neurtuko da eta, bestetik, RNA sekuentziazioa egingo da, polisakarido ezberdinak degradatzean zer gene-multzo aktibatzen diren aztertuko delarik. Horrez gain, M60, M98 eta M261 anduien genomaren sekuentziazioa berregingo da, oraingoan Nanopore sekuentziazioaren bidez, bi helburu nagusirekin: bata, genomaren mihizadura eta gene-multzoen azterketa hobetzea; eta bestea, RNA-seq azterketetan erabili ahal izateko andui bakoitzaren genomari dagozkion erreferentziazko fitxategiak ahalik eta osatuenak izatea. Ondoren, polisakarido horien degradazioan parte hartzen duten entzimak identifikatu, isolatu eta degradazio hori nola gertatzen den ulertzea planteatzen da ondoren aplikazio bioteknologikoak izan ditzaketelakoan.

## 6. Erreferentziak

Anthony, A., Gaetan, B., Michael, C., P, E. V., L, E. C., Gutiérrez, M. H., Joseph, H., Y, H. E. F., Giuseppe, I., C, J. A., Maiko, K., T, P. K., Alisha, Q. C., Seshagiri, R., Mertixell, R., Jason, S., José, V.-M., K, W. A., Oded, Y., & S, G. A. (2019). Fungi in the Marine Environment: Open Questions and Unsolved Problems. *MBio*, *10*(2), e01189-18. <https://doi.org/10.1128/mBio.01189-18>

Avalos, J., & Limón, M. C. (2022). Fungal Secondary Metabolism. *Encyclopedia*, *2*(1), 1–13. <https://doi.org/10.3390/encyclopedia2010001>

Fuhrman, J. A., Cram, J. A., & Needham, D. M. (2015). Marine microbial community dynamics and their ecological interpretation. *Nature Reviews Microbiology*, *13*(3), 133–146. <https://doi.org/10.1038/nrmicro3417>

Hehemann, J.-H., Kelly, A. G., Pudlo, N. A., Martens, E. C., & Boraston, A. B. (2012). Bacteria of the human gut microbiome catabolize red seaweed glycans with carbohydrate-active enzyme updates from extrinsic microbes. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, *109*(48), 19786–19791. <https://doi.org/10.1073/pnas.1211002109>

Mongkolsamrit, S., Khonsanit, A., Thanakitpipattana, D., Tasanathai, K., Noisriboom, W., Lamlertthon, S., Himaman, W., Houbraken, J., Samson, R. A., & Luangsa-Ard, J. (2020). Revisiting *Metarhizium* and the description of new species from Thailand. *Studies in mycology*, *95*, 171–251. <https://doi.org/10.1016/j.simyco.2020.04.001>

Narsing Rao, M. P., Xiao, M., & Li, W.-J. (2017). Fungal and Bacterial Pigments: Secondary Metabolites with Wide Applications. *Frontiers in Microbiology*, *8*. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2017.01113>

Rotter, A., Barbier, M., Bertoni, F., Bones, A. M., Cancela, M. L., Carlsson, J., Carvalho, M. F., Ceglowska, M., Chirivella-Martorell, J., Conk Dalay, M., Cueto, M., Dailianis, T., Deniz, I., Díaz-Marrero, A. R., Drakulovic, D., Dubnika, A., Edwards, C., Einarsson, H., Erdoğan, A., ... Vasquez, M. I. (2021). The Essentials of Marine Biotechnology. *Frontiers in Marine Science*, *8*. <https://doi.org/10.3389/fmars.2021.629629>

Sandrin, T. R., Dowd, S. E., Herman, D. C., & Maier, R. M. (2009). Chapter 6 - Aquatic Environments. In R. M. Maier, I. L. Pepper, & C. P. Gerba (Eds.), *Environmental Microbiology (Second Edition)* (pp. 103–122). Academic Press. <https://doi.org/https://doi.org/10.1016/B978-0-12-370519-8.00006-7>

## 7. Eskerrak eta oharrak

Lan hau Eusko Jaurlaritzaren finantzaketarekin (KK-2021/0034, KK-2022/00107, IT1662-22 eta PIBA\_2020\_1\_0032\_GVB0 proiektuen bidez) eta UPV/EHU-ren finantzaketarekin (GIU19/04 proiektua) burutu da. A.O. Margarita Salas deialdiko laguntzarekin aritu zen. Z.A.-k KK-2022/00107 proiektuak finantzatutako doktoratu aurreko kontratua du. Lan hau Elkartek deialdiko EMOTION akronimodun KK-2022/00107 proiektuaren baitan gauzatzen ari da.