

SEMESTRE	CRÉDITOS	CARÁCTER	TIPO DE ENSEÑANZA	IDIOMA DE IMPARTICIÓN
1º	6	Optativa	Presencial/ Semipresencial/ Virtual	Español
MÓDULO		Docencia		
MATERIA		M3		
CENTRO RESPONSABLE DEL TÍTULO		Escuela Internacional de Posgrado		
MÁSTER EN EL QUE SE IMPARTE		Máster Universitario en Investigación y Avances en Microbiología		
CENTRO EN EL QUE SE IMPARTE LA DOCENCIA		Estación Experimental del Zaidín		
PROFESORES ⁽¹⁾				
María Jesús Delgado Igeño				
DIRECCIÓN		Dpto. Microbiología del Suelo y Sistemas Simbióticos, Edificio Verde, 2ª planta, despacho nº 218. Estación Experimental del Zaidín, CSIC, c/ Profesor Albareda nº 1, Granada 18008 Correo electrónico: mariajesus.delgado@eez.csic.es		
TUTORÍAS		Durante el desarrollo del curso		
Nuria Ferrol González				
DIRECCIÓN		Dpto. Microbiología del Suelo y Sistemas Simbióticos, Edificio Verde, planta baja, despacho nº 013. Estación Experimental del Zaidín, CSIC, c/ Profesor Albareda nº 1, Granada 18008 Correo electrónico: nuria.ferrol@eez.csic.es		
TUTORÍAS		Durante el desarrollo del curso		
Silvia Marqués Martín				
DIRECCIÓN		Dpto. de Protección Ambiental, Casa Blanca, 2ª planta, despacho nº 316. Estación Experimental del Zaidín, CSIC, c/ Profesor Albareda nº 1, Granada 18008 Correo electrónico: silvia.marques@eez.csic.es		
TUTORÍAS		Durante el desarrollo del curso		

¹ Consulte posible actualización en Acceso Identificado > Aplicaciones > Ordenación Docente. Esta guía docente debe ser cumplimentada siguiendo la "Normativa de Evaluación y de Calificación de los estudiantes de la Universidad de Granada" (<http://secretariageneral.ugr.es/pages/normativa/fichasugr/ngc7121/>)



María Socorro Mesa Banqueri	
DIRECCIÓN	Dpto. Microbiología del Suelo y Sistemas Simbióticos, Edificio Verde, 2ª planta, despacho nº 220. Estación Experimental del Zaidín, CSIC, c/Profesor Albareda nº 1, Granada 18008 Correo electrónico: socorro.mesa@eez.csic.es
TUTORÍAS	Durante el desarrollo del curso
Álvaro Peix Geldart	
DIRECCIÓN	Dpto. Desarrollo Sostenible de Sistemas Agroforestales y Ganaderos, 3ª planta, despacho nº 301. Instituto de Recursos Naturales y Agrobiología de Salamanca Correo electrónico: alvaro.peix@csic.es
TUTORÍAS	Durante el desarrollo del curso
Sonia María Rodríguez Ruano	
DIRECCIÓN	Dpto. Ecología Microbiana, Nutrición y Salud, 1ª planta, despacho nº 116. Instituto de Agroquímica y Tecnología de los Alimentos (IATA-CSIC) Correo electrónico: soniamrr@ugr.es
TUTORÍAS	Durante el desarrollo del curso
COMPETENCIAS GENERALES Y ESPECÍFICAS	
COMPETENCIAS BÁSICAS Y GENERALES CB1: Poseer y comprender conocimientos que aporten una base u oportunidad de ser originales en el desarrollo y/o aplicación de ideas, a menudo en un contexto de investigación. CB2: Aplicar los conocimientos adquiridos y su capacidad de resolución de problemas en entornos nuevos o poco conocidos dentro de contextos más amplios (o multidisciplinares) relacionados con su área de estudio. CB3: Integrar conocimientos y enfrentarse a la complejidad de formular juicios a partir de una información que, siendo incompleta o limitada, incluya reflexiones sobre las responsabilidades sociales y éticas vinculadas a la aplicación de sus conocimientos y juicios. CB4: Comunicar sus conclusiones –y los conocimientos y razones últimas que las sustentan– a públicos especializados y no especializados de un modo claro y sin ambigüedades. CB5: Poseer las habilidades de aprendizaje que les permitan continuar estudiando de un modo que habrá de ser en gran medida autodirigido o autónomo. COMPETENCIAS ESPECÍFICAS CE1: Reconocer un problema microbiológico que ofrezca interés para la investigación, describirlo apropiadamente en su entorno (antecedentes, estado de la cuestión, hipótesis planteada por otros autores, etc.) y plantear con claridad los objetivos de la investigación correspondiente. CE2: Diseñar el proceso de investigación apropiado para resolver el problema planteado, seleccionando las metodologías y técnicas más eficaces y los experimentos oportunos de acuerdo con los objetivos de la investigación propuesta. CE3: Poner a punto las técnicas necesarias para la resolución del problema planteado, contrastando su corrección y validación. CE4: Realizar la investigación diseñada, trabajando dentro de un equipo y/o en colaboración con otros investigadores. CE5: Elaborar los datos de laboratorio y presentar los resultados de forma lógica y funcional. CE6: Establecer, de forma crítica, la relevancia y significación de los resultados obtenidos respecto de los objetivos propuestos, y elaborar las conclusiones pertinentes, en el marco del conocimiento científico actual sobre el tópico en cuestión.	



CE7: Elaborar un “reporte” científico/técnico o trabajo de investigación que comunique a la comunidad científica la aportación de la investigación realizada, manejando las tecnologías de la información útiles para la adquisición y difusión de resultados en investigación.

CE8: Presentar públicamente ideas, procedimientos o informes de investigación sobre Microbiología, para asesorar a personas y a organizaciones.

OBJETIVOS O RESULTADOS DE APRENDIZAJE (SEGÚN LA MEMORIA DE VERIFICACIÓN DEL TÍTULO)

El alumno sabrá/comprenderá: Conocimiento del estado actual de la investigación en biodiversidad microbiana en distintos ecosistemas. Esto incluye los siguientes aspectos generales: las técnicas moleculares generales y específicas utilizadas en los estudios de diversidad biológica de microorganismos, análisis de genotecas de 16S, metagenomas, comparación de genomas. Biodiversidad de bacterias en cuanto a su metabolismo: Biodiversidad de microorganismos que intervienen en el ciclo del nitrógeno. Biodiversidad de hongos micorrícicos. Biodiversidad de endosimbiontes, microorganismos endofíticos y asociativos

El alumno será capaz de: Aislar microorganismos procariotas a partir de muestras medioambientales. Manejar las técnicas de manipulación de DNA ambiental y su análisis mediante técnicas dependientes de la reacción en cadena de la polimerasa (PCR); obtener genotecas para el análisis de la biodiversidad microbiana. Realizar la identificación genotípica de procariotas. Usar “software” bioinformático especializado, bases de datos y “workflows” para el análisis de secuencias de DNA y la identificación de la biodiversidad microbiana a partir de cualquier muestra biológica

BREVE DESCRIPCIÓN DE CONTENIDOS (SEGÚN LA MEMORIA DE VERIFICACIÓN DEL TÍTULO)

Clases teóricas: Técnicas moleculares generales y específicas utilizadas en los estudios de diversidad biológica de microorganismos. Metagenomas. Comparación de genomas. Biodiversidad de bacterias en cuanto a su metabolismo: Biodiversidad de microorganismos que intervienen en el ciclo del nitrógeno. Biodiversidad de hongos micorrícicos. Biodiversidad de bacterias endosimbiontes, endófitas y asociativas de plantas.

Clases prácticas: Aislamiento de DNA de muestras medioambientales. Amplificación del gen 16S rRNA a partir de DNA ambiental y de cultivo puro. Electroforesis de amplicones del gen 16S rRNA. Construcción de genotecas 16S rRNA de las muestras ambientales: clonación de los amplicones. Transformación. Análisis de los clones de la genoteca: aislamiento de DNA plasmídico y amplificación del 16S rDNA. Electroforesis de los amplicones del gen 16S rRNA. Análisis de la población: “Amplified Ribosomal DNA Restriction Analysis” (ARDRA). Restricción. Electroforesis. Visualización y análisis de resultados

Conceptos básicos de Bioinformática. Análisis de secuencias de DNA (Sanger, masiva de nueva generación [NGS]) y uso de Bases de Datos para la identificación de microorganismos

TEMARIO DETALLADO DE LA ASIGNATURA

TEMARIO TEÓRICO:

El temario teórico consta de dos módulos:

Módulo 1: Técnicas de análisis de la diversidad microbiana

CLASE T*1: Técnicas generales para el estudio de la biodiversidad microbiana

CLASE T2: Técnicas moleculares específicas I: Secuenciación masiva (NGS): Conceptos y aplicaciones

CLASE T3: Técnicas moleculares específicas II: Otras herramientas moleculares para el estudio de la biodiversidad microbiana *in situ*

CLASE T4: Técnicas moleculares específicas III: Transcriptómica, proteómica y metabolómica

CLASE T5: Bioinformática aplicada a la Biodiversidad microbiana: conceptos básicos, herramientas y bases de datos

CLASE T6: Genómica comparada

Módulo 2: Ejemplos de análisis de la diversidad bacteriana en grupos funcionales específicos

CLASE T7: Biodiversidad de microorganismos que intervienen en el ciclo del Nitrógeno



CLASE T8: Aplicación de las herramientas de análisis masivo al estudio de la diversidad microbiana en la naturaleza. Metagenómica

CLASE T9: Diversidad de hongos micorrícicos

CLASE T10: Biodiversidad de bacterias endosimbiontes, endófitas y asociativas de plantas I

CLASE T11: Biodiversidad de bacterias endosimbiontes, endófitas y asociativas de plantas II

CLASE T12: Biodiversidad de bacterias endosimbiontes, endófitas y asociativas de plantas III

TEMARIO PRÁCTICO:

Clase P*1: Análisis de secuencias de DNA para la identificación de microorganismos

Clase P2: Exploración de la biodiversidad microbiana a partir de datos de secuenciación masiva

Clase P3: Exposición de un trabajo bibliográfico por parte de los alumnos

Los alumnos podrán elegir de una lista de trabajos propuestos o un trabajo relacionado con su propio trabajo de investigación. La presentación se llevará a cabo en 20 minutos, distribuidos en 15 de exposición y 5 de preguntas

PRÁCTICAS DE LABORATORIO:

Las prácticas de laboratorio consistirá en el desarrollo de un caso práctico que incluye las clases P1 y P2:

Clase L*1: Aislamiento de DNA de muestras medioambientales obtenidas de diferentes ecosistemas. Comprobación en geles de agarosa

Clase L2: Aislamiento de microorganismos del medio ambiente en distintos medios selectivos

Clase L3: Amplificación del gen 16S rRNA a partir de colonias y de DNA ambiental. Electroforesis. Control paralelo con DNA genómico de cultivos puros

Clase L4: Construcción de una genoteca del gen 16S rRNA de las muestras medioambientales: Transformación y siembra en medio selectivo

Clase L5: Preparación de plásmidos de la genoteca para su posterior secuenciación/análisis

Clase L6: Análisis de la biodiversidad de las muestras: análisis de la restricción del ADN 16S rRNA amplificado (ARDRA)

*T, clase teórica

*P, clase práctica

*L, práctica de laboratorio

BIBLIOGRAFÍA

Achim Quaiser A, Bodi X, Dufresne A, Naquin D, Francez AJ, Dheilly A, Coudouel S, Pedrot M, Vandenkoornhuysen P. 2014. Unraveling the stratification of an iron-oxidizing microbial mat by metatranscriptomics. PLoS ONE 9: e102561

Alguacil MM, Torrecillas E, Torres P, García-Orenes F, Roldán A. 2012. Long-term effects of irrigation with waste water on soil AM fungi diversity and microbial activities: The implications for agro-ecosystem resilience. PLoS ONE 7: e47680.

Bedini S, Turrini A, Rigo C, Argese E, Giovannetti M. 2010. Molecular characterization and glomalin production of arbuscular mycorrhizal fungi colonizing a heavy metal polluted ash disposal island, downtown Venice. Soil. Biol. Biochem. 42: 758-765

Castellano-Hinojosa A, Correa-Galeote D, Bedmar EJ. 2015. Isolation of N₂-fixing rhizobacteria from *Lolium perenne* and evaluating their plant growth promoting traits. J. Basic Microbiol. 55: 1-7. DOI 10.1002/jobm.201500247.

Chahboune R, Barrijal S, Moreno S, Bedmar EJ. 2011. Identification of *Bradyrhizobium* species isolated from root nodules of *Cytisus villosus* grown in Morocco. Syst. App. Microbiol. 34: 440-445

Cobo-Díaz, J.F., Fernández-González, A.J., Villadas, P.J., Robles, A.B., Toro, N., and Fernández-López, M. 2015. Metagenomic assessment of the potential microbial nitrogen pathways in the rhizosphere of a mediterranean forest after a wildfire. Microb. Ecol. 69:895-904

de Lajudie, P. M., Andrews, M., Ardley, J., Eardly, B., Jumas-Bilak, E., Kuzmanović, N., Lassalle, F., Lindström, K., Mhamdi, R., Martínez-Romero, E., Moulin, L., Mousavi, S. A., Nesme, X., Peix, A., Puławska, J., Steenkamp, E., Stępkowski, T., Tian, C. F., Vinuesa, P., Wei, G., Young, P. 2019. Minimal standards for the description of new genera and species of rhizobia and agrobacteria. Int. J. Syst. Evol. Microbiol. 69, 1852-1863.



- El Batanony NH, Castellano-Hinojosa A, Correa-Galeote D, Bedmar EJ. 2015. The diversity of rhizobia nodulating the *Medicago*, *Melilotus* and *Trigonella* inoculation group in Egypt is marked by the dominance of two genetic types. *Symbiosis*. DOI 10.1007/s13199-015-0365-8
- Gómez-Villalba, C. Calvo, R. Vilchez, J. González-López & B. Rodelas. 2006. TGGE analysis of the diversity of ammonia-oxidizing and denitrifying bacteria in submerged filter biofilms for the treatment of urban wastewater. *Appl. Microbiol. Biotechnol.* 72:393-400.
- Goodwin S, John D. McPherson JD, W. Richard McCombie WR. 2016. Coming of age: ten years of next-generation sequencing technologies. *Nature* 17: 333-351
- Gosalbes MJ, Durbán A, Pignatelli M, Abellan JJ, Jiménez-Hernández N, Pérez-Cobas AE, Latorre A, Moya A. 2011. Metatranscriptomic approach to analyze the functional human gut microbiota. *PLoS ONE* 6: e17447. doi:10.1371/journal.pone.0017447
- Gosling P, Mead A, Proctor M, Hammond HP, Bending GD. 2013. Contrasting arbuscular mycorrhizal communities colonizing different host plants show a similar response to a soil phosphorus concentration gradient. *New Phytologist* 198: 546-556
- Grube M, Gaya E, Kauserud H, Smith AM, Avery SV, Fernstad SJ, Muggia L, Martin MD, Eivindsen T, Koljalg U, Bendiksby M. 2017. The next generation fungal diversity researcher. *British Mycological Society* 1749-4613
- Gutiérrez T, Singleton DR, Berry D, Yang T, Aitken MD and Teske A. 2013. Hydrocarbon-degrading bacteria enriched by the Deepwater Horizon oil spill identified by cultivation and DNA-SIP. *ISME J.* 7, 2091–2104
- Knight R, Vrbanac A, Taylor BC, Aksenov A, Callewaert C, et al. 2018. Best practices for analysing microbiomes. *Nat. Rev. Microbiol.* 16: 410-422. doi: 10.1038/s41579-018-0029-9
- Marchetti M, Capela D, Glew M, Cruveiller S, Chane-Woon-Ming B, et al. 2010. Experimental Evolution of a plant pathogen into a legume symbiont. *PLoS Biol.* 8: e1000280. doi:10.1371/journal.pbio.1000280
- Mardis ER. 2013. Next-Generation Sequencing Platforms. *Annu. Rev. Anal. Chem.* 6: 287-303
- Melkonian, R., Moulin, L., Bena, G., Tisseyre, P., Chaintreuil, C., Heulin, K., Rezkallah, N., Klonowska, A., Gonzalez, S., Simon, M., Chen, W.M., James, E.K., and Laguerre, G. 2014. The geographical patterns of symbiont diversity in the invasive legume *Mimosa pudica* can be explained by the competitiveness of its symbionts and by the host genotype. *Environ. Microbiol.* 16:2099-2111
- Menéndez E, Flores-Félix JD, Ramírez-Bahena MH, et al. 2020. Genome analysis of *Endobacterium cerealis*, a novel genus and species isolated from *Zea mays* roots in North Spain. *Microorganisms* 8:E939. Published 2020 Jun 22
- Miranda-Sánchez, F., Rivera, J., and Vinuesa, P. 2016. Diversity patterns of Rhizobiaceae communities inhabiting soils, root surfaces and nodules reveal a strong selection of rhizobial partners by legumes. *Environ. Microbiol.* 18:2375-2391
- Nilsson RH, Sten Ansla S, Bahram M, Wurzbache C, Baldrian P, Tedersoo L. 2019. Mycobiome diversity: high-throughput sequencing and identification of fungi *Nature Rev. Microbiol.* 17: 95-109
- Peix, A., Ramírez-Bahena, M.H., Velázquez, E., Bedmar, E. 2015. Bacterial associations with legumes. *Crit. Rev. Plant Sci.* 34: 17-42
- Ramírez-Bahena MH, Flores-Félix JD, Chahboune R, Toro M, Velázquez E, Peix A. 2016. *Bradyrhizobium centrosemae* (symbiovar *centrosemae*) sp. nov., *Bradyrhizobium americanum* (symbiovar *phaseolarum*) sp. nov. and a new symbiovar (tropici) of *Bradyrhizobium viridifuturi* establish symbiosis with *Centrosema* species native to America. *Syst. Appl. Microbiol.* 39: 378-383
- Ramírez-Bahena MH, Flores-Félix JD, Velázquez E, Peix A. 2020. The Mimosoid tree *Leucaena leucocephala* can be nodulated by the symbiovar *genistearum* of *Bradyrhizobium canariense*. *Syst. Appl. Microbiol.* 43:126041
- Schlaeppli K, Bender SF, Mascher F, Russo G, Patrignani A, Camenzind T, Hempel S, Rillig MC, van der Heijden MGA. 2016. High-resolution community profiling of arbuscular mycorrhizal fungi. *New Phytologist* 212: 780-791.
- See-Too WS, Salazar S, Ee R, Convey P, Chan KG, Peix A. 2017. *Pseudomonas versuta* sp nov., isolated from Antarctic soil. *Syst. Appl. Microbiol.* 40: 191-198
- Shokralla S, Jennifer L. Spall JL, Gibson JF, Hajibabaei M. 2012. Next-generation sequencing technologies for environmental DNA research. *Mol. Ecol.* 21, 1794-1805
- Talbi C., Delgado MJ, Girard L, Ramírez-Trujillo A, Caballero-Mellado J, Bedmar EJ. 2010. *Burkholderia phymatum* capable of nodulating *Phaseolus vulgaris* are present in Moroccan soils. *App. Environ. Microbiol.*, 76: 4587-4591
- Zhulin IB. 2015. Databases for microbiologists. *J. Bacteriol.* 197: 2458-2467. doi:10.1128/JB.00330-15

ENLACES RECOMENDADOS (OPCIONAL)

Bases de datos y herramientas de identificación (taxonómica y funcional) de secuencias:



UNIVERSIDAD
DE GRANADA

INFORMACIÓN SOBRE TITULACIONES DE LA UGR
masteres.ugr.es

NCBI: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/>
 EMBL-EBI: <https://www.ebi.ac.uk/>
 IMG: <http://img.jgi.doe.gov/>
 KEGG: <https://www.kegg.jp/>
 SILVA: <https://www.arb-silva.de>

Herramientas y “workflows” para el análisis de secuencias y biodiversidad microbiana:

Molecular Bioinformatics Tools: <http://molbiol-tools.ca/>
 Galaxy: <https://usegalaxy.org>
 USEARCH: <https://www.drive5.com/usearch/>
 QIIME: <http://qiime.org/>

METODOLOGÍA DOCENTE

Las actividades formativas están en relación a las competencias expuestas, así como a los contenidos que se van a detallar y explicar a los alumnos
 La docencia se impartirá en base a charlas, seminarios y discusiones de artículos científicos relacionados con estas competencias
 Además se realizará una parte práctica del curso en la que los alumnos se familiarizarán con las técnicas moleculares expuestas y discutidas en la parte teórica

EVALUACIÓN (INSTRUMENTOS DE EVALUACIÓN, CRITERIOS DE EVALUACIÓN Y PORCENTAJE SOBRE LA CALIFICACIÓN FINAL, ETC.)

CONVOCATORIA ORDINARIA

- El método de evaluación está basado esencialmente en la evaluación continua de los estudiantes, de forma que la asistencia, obligatoria al 80% como mínimo de las clases, constituirá el 50% de la evaluación
- Se valorará además la realización de un trabajo complementario con exposición pública del mismo con un 25%
- Las respuestas al desarrollo de un supuesto práctico con un 25%

CONVOCATORIA EXTRAORDINARIA

La evaluación se basará en las respuestas del desarrollo de un supuesto práctico con un 100% de la calificación

DESCRIPCIÓN DE LAS PRUEBAS QUE FORMARÁN PARTE DE LA EVALUACIÓN ÚNICA FINAL ESTABLECIDA EN LA *NORMATIVA DE EVALUACIÓN Y DE CALIFICACIÓN DE LOS ESTUDIANTES DE LA UNIVERSIDAD DE GRANADA*

La evaluación en tal caso consistirá en la realización de un supuesto práctico con un 100% de la calificación

ESCENARIO A (ENSEÑANZA-APRENDIZAJE PRESENCIAL Y NO PRESENCIAL)

ATENCIÓN TUTORIAL

HORARIO (Según lo establecido en el POD)	HERRAMIENTAS PARA LA ATENCIÓN TUTORIAL (Indicar medios telemáticos para la atención tutorial)
Durante el desarrollo del curso	El alumno podrá solicitar tutoría por correo electrónico la cual tendrá lugar mediante videoconferencia con Google Meet

MEDIDAS DE ADAPTACIÓN DE LA METODOLOGÍA DOCENTE

Las clases teóricas y prácticas se realizarán por videoconferencia mientras que las de laboratorio serán presenciales, de manera que siempre se respeten las condiciones de Salud Pública requeridas por la pandemia de la COVID-19



UNIVERSIDAD
DE GRANADA

INFORMACIÓN SOBRE TITULACIONES DE LA UGR
masteres.ugr.es

MEDIDAS DE ADAPTACIÓN DE LA EVALUACIÓN (Instrumentos, criterios y porcentajes sobre la calificación final)	
Convocatoria Ordinaria	
La asistencia obligatoria al 80% como mínimo de las clases presenciales y por videoconferencia y constituirá el 50% de la evaluación. Se valorará además la realización de un trabajo complementario con exposición pública del mismo por videoconferencia con un 25% y las respuestas al desarrollo de un supuesto práctico oral por videoconferencia con un 25%	
Convocatoria Extraordinaria	
La evaluación se basará en las respuestas del desarrollo de un supuesto práctico oral por videoconferencia con un 100%	
Evaluación Única Final	
La evaluación se basará en las respuestas del desarrollo de un supuesto práctico oral por videoconferencia con un 100%	
ESCENARIO B (SUSPENSIÓN DE LA ACTIVIDAD PRESENCIAL)	
ATENCIÓN TUTORIAL	
HORARIO (Según lo establecido en el POD)	HERRAMIENTAS PARA LA ATENCIÓN TUTORIAL (Indicar medios telemáticos para la atención tutorial)
Durante el desarrollo del curso	El alumno podrá solicitar tutoría por correo electrónico la cual tendrá lugar mediante videoconferencia con Google Meet
MEDIDAS DE ADAPTACIÓN DE LA METODOLOGÍA DOCENTE	
Las clases teóricas y prácticas se realizarán por videoconferencia. Las prácticas de laboratorio se impartirán de forma virtual interactiva	
MEDIDAS DE ADAPTACIÓN DE LA EVALUACIÓN (Instrumentos, criterios y porcentajes sobre la calificación final)	
Convocatoria Ordinaria	
La asistencia obligatoria al 80% como mínimo de las clases por videoconferencia y constituirá el 50% de la evaluación. Se valorará además la realización de un trabajo complementario con exposición pública del mismo por videoconferencia con un 25%, y las respuestas al desarrollo de un supuesto práctico oral por videoconferencia con un 25%	
Convocatoria Extraordinaria	
La evaluación se basará en las respuestas del desarrollo de un supuesto práctico oral por videoconferencia con un 100%	
Evaluación Única Final	
La evaluación se basará en las respuestas del desarrollo de un supuesto práctico oral por videoconferencia con un 100%	

