




# Ponencia sobre la cuantificación de bacterias cultivables mediante el método de “Goteo por Sellado en Placa Masivo”

Luisa Estela Vázquez-Martínez\* 

Licenciatura en Biotecnología, Facultad de Ciencias Biológicas, Benemérita Universidad Autónoma de Puebla, Puebla, México.

Email: [luisae.vazquezmartinez@viep.com.mx](mailto:luisae.vazquezmartinez@viep.com.mx)

08 de Septiembre de 2022

<http://doi.org/10.5281/zenodo.7063483>

**Editado por:** Yolanda Elizabeth Morales-García (Facultad de Ciencias Biológicas, Benemérita Universidad Autónoma de Puebla).

**Revisado por:** Jesús Muñoz-Rojas (Instituto de Ciencias, Benemérita Universidad Autónoma de Puebla).

## Colección de ESMOS

### Resumen

La cuantificación de bacterias es crítica si se desean comprender los procesos microbiológicos de muestras ambientales, industriales o

clínicas, ya que solo así se determinará si los microorganismos son suficientes para desarrollar una función benéfica o perjudicial. Existen varios métodos de conteo bacteriano con buenos límites de detección, sin embargo, son poco eficientes cuando se trata de procesar varias muestras; debido a la cantidad de material requerido para procesar cada muestra y al consumo de tiempo experimental. Por esta razón, en este estudio se muestra la evaluación del método de “Goteo por Sellado en Placa Masivo” (GSPM), que muestra un enorme potencial para facilitar la cuantificación. Esto se evidencia al hacer 3 experimentos que demuestran su versatilidad con las muestras, su rapidez, ahorro de recursos en cuanto a material, su reproducibilidad y cuantificación simultánea [1].

**Palabras clave:** cuantificación bacteriana; UFC; GSPM; número de bacterias; cuantificación masiva.

<https://sites.google.com/view/esmosbuap/esmos-2022/esmos-15>

## Referencia

[1]. Corral-Lugo A, Morales-García YE, Pazos-Rojas LA, Ramírez-Valverde A, Martínez-Contreras RD, Muñoz-Rojas J. Cuantificación de bacterias cultivables mediante el método de “Goteo en Placa por Sellado (o estampado) Masivo.” Rev Colomb Biotecnol. 2012;14(2):147–56.