

## ARTICULO REVISIÓN

### Metaproteómica Aplicada A Leche Y Quesos: Avances Metodológicos, Microbiota Funcional Y Aplicaciones En Autenticidad, Inocuidad Y Biopreservación

### Metaproteomics Applied to Milk and Cheese: Methodological Advances, Functional Microbiota, and Applications in Authenticity, Safety, and Biopreservation

**\*<sup>1</sup>Maldonado-Mateus Lida Yaneth, <sup>1</sup>Caballero-<sup>1</sup>Pérez, Luz Alba, <sup>2</sup>Carrillo-Vera Mary Luz<sup>2</sup>**

<sup>1</sup>Universidad de Pamplona, Facultad de Ingenierías y Arquitectura, Programa Ingeniería de Alimentos, Sede Pamplona, Grupo de Investigación en Bioprocesos y Alimentos – GIBA. Kilómetro 1, vía a Bucaramanga, Pamplona, Colombia. \*✉Correo electrónico: [lida.maldonado@unipamplona.edu.co](mailto:lida.maldonado@unipamplona.edu.co)  ORCID: <https://orcid.org/0000-0003-4631-5211>

<sup>2</sup>Universidad de Pamplona, Facultad de Ingenierías y Arquitectura, Programa Ingeniería de Alimentos, Sede Villa del rosario, Villa del rosario, Grupo de Investigación en Bioprocesos y Alimentos – GIBA. ✉Correo electrónico: [luzcaballero@unipamplona.edu.co](mailto:luzcaballero@unipamplona.edu.co)  ORCID: <http://orcid.org/0000-0003-3591-5828>

Kilómetro 1, vía a Bucaramanga, Pamplona,  
<sup>3</sup>Departamento de Investigación y desarrollo, Colanta, San Pedro de los Milagros, Antioquia, Colombia. ✉Correo electrónico: [marulacarrillo@gmail.com](mailto:marulacarrillo@gmail.com)  ORCID: <https://orcid.org/0009-0005-2653-5964>  
Tel: 3102619845, Pamplona. Norte de Santander. Colombia

**Recibido: febrero 04 de 2025; Aprobado: junio 12 de 2025; Publicado: junio 28 de 2025**

#### RESUMEN

La metaproteómica ha surgido como una herramienta clave para comprender la complejidad molecular de los productos lácteos, al integrar la identificación y cuantificación simultánea de proteínas de origen animal y microbiano con su función biológica dentro del ecosistema lácteo. Este

**<sup>1</sup>Maldonado-Mateus Lida Yaneth, <sup>1</sup>Caballero-<sup>1</sup>Pérez, Luz Alba, <sup>2</sup>Carrillo-Vera Mary Luz<sup>2</sup>**

enfoque, apoyado en técnicas de espectrometría de masas de alta resolución y análisis bioinformático avanzado, ha permitido profundizar en la dinámica del microbioma durante los procesos de fermentación, maduración y conservación de la leche y los quesos. En esta revisión se abordan los fundamentos metodológicos de la metaproteómica, los avances en el análisis de proteínas mediante enfoques bottom-up, shotgun y label-free, y su integración con técnicas multi-ómicas. Asimismo, se analizan las principales aplicaciones en la caracterización microbiana, autenticidad, inocuidad y biopreservación de los productos lácteos, destacando estudios recientes sobre la identificación de biomarcadores proteicos, la detección de fraudes y el descubrimiento de bacteriocinas y enzimas de interés biotecnológico. Finalmente, se discuten los retos actuales relacionados con la estandarización de protocolos, la curación de bases de datos y la incorporación de inteligencia artificial en la interpretación de datos metaproteómicos. La evidencia reciente muestra que la metaproteómica se consolida como un eje fundamental en la innovación científica y tecnológica para una industria láctea más segura, trazable y sostenible.

\*Autor a quien debe dirigirse la correspondencia Lida Yaneth Maldonado Mateus-mail:  
[lida.maldonado@unipamplona.edu.co](mailto:lida.maldonado@unipamplona.edu.co)



**Palabras clave:** metaproteómica, leche, quesos, microbioma lácteo, espectrometría de masas, biopreservación.

## ABSTRACT

Metaproteomics has emerged as a key tool for understanding the molecular complexity of dairy products by integrating the simultaneous identification and quantification of both animal- and microbe-derived proteins with their biological functions

within the dairy ecosystem. Supported by high-resolution mass spectrometry and advanced bioinformatics, this approach has provided deeper insights into the dynamics of the microbiome during milk and cheese fermentation, ripening, and preservation. This review discusses the methodological foundations of metaproteomics, recent advances in bottom-up, shotgun, and label-free approaches, and its integration with multi-omics strategies. In addition, it examines the main applications in microbial characterization, authenticity, safety, and biopreservation of dairy products, highlighting recent studies on protein biomarkers, fraud detection, and the discovery of bacteriocins and enzymes of biotechnological interest. Finally, current challenges are discussed, including protocol standardization, database curation, and the incorporation of artificial intelligence into metaproteomic data interpretation. Recent evidence indicates that metaproteomics is becoming a cornerstone for scientific and technological innovation toward a safer, more traceable, and sustainable dairy industry.

**Keywords:** metaproteomics, milk, cheese, dairy microbiome, mass spectrometry, biopreservation.

## INTRODUCCIÓN

La leche y los quesos constituyen matrices alimentarias de alta complejidad bioquímica y microbiológica, cuya composición refleja la interacción entre proteínas de origen animal, microorganismos autóctonos y factores tecnológicos del procesamiento. Tradicionalmente, la caracterización de los

componentes proteicos y microbianos de los productos lácteos se ha abordado mediante técnicas microbiológicas o proteómicas convencionales. Sin embargo, estos enfoques resultan limitados para comprender la dinámica funcional del microbioma en su contexto ecológico

completo. En este sentido, la metaproteómica —disciplina que combina la proteómica masiva con herramientas bioinformáticas avanzadas para identificar y cuantificar proteínas expresadas por comunidades microbianas complejas— se ha consolidado como una herramienta de frontera en el estudio de alimentos fermentados, permitiendo vincular los perfiles proteicos con funciones metabólicas, atributos sensoriales e indicadores de calidad y autenticidad (Tilocca et al., 2020; Ferrocino et al., 2022).

Durante la última década, el desarrollo de tecnologías analíticas como la cromatografía líquida acoplada a espectrometría de masas en tándem (LC–MS/MS), junto con el uso de plataformas de análisis de datos como Mascot, MaxQuant o DIA-NN, ha impulsado la expansión de la metaproteómica en el ámbito alimentario. Estas innovaciones han permitido obtener un conocimiento más profundo de la microbiota láctea y su papel en la fermentación, maduración y seguridad de los productos derivados (Weckx et al., 2019; Duarte et al., 2024). En el caso específico de los quesos, el análisis metaproteómico ha revelado la participación sinérgica de bacterias lácticas, levaduras y mohos en la

hidrólisis de proteínas, la formación de péptidos bioactivos y la generación de compuestos aromáticos durante el proceso de maduración (Carvalho et al., 2021; Keser & Ozcan, 2025).

El estudio del microbioma lácteo mediante enfoques multi-ómicos —metagenómica, transcriptómica, metaproteómica y metabolómica— ha demostrado ser esencial para comprender la relación entre la diversidad microbiana y las propiedades funcionales de los productos lácteos. Según Ferrocino et al. (2022), la integración de estas técnicas ha permitido caracterizar comunidades bacterianas dominantes como *Lactococcus*, *Lactobacillus*, *Leuconostoc* y *Streptococcus*, así como su interacción con hongos del género *Penicillium* o *Geotrichum*, que contribuyen al desarrollo de la textura, el aroma y la tipicidad de quesos artesanales. No obstante, la explotación plena de la metaproteómica en este campo enfrenta desafíos técnicos significativos, entre ellos la complejidad de las matrices, la coextracción de proteínas animales y microbianas, y la necesidad de bases de datos taxonómicas y funcionales curadas (Duarte et al., 2024).

La evolución metodológica ha sido rápida. Los enfoques bottom-up y shotgun han

permitido analizar mezclas complejas de proteínas mediante digestión enzimática y búsqueda masiva contra bases de datos públicas (New Perspectives in Proteomics, 2024). Asimismo, las estrategias de cuantificación label-free o por adquisición independiente de datos (DIA-SWATH) facilitan la comparación de perfiles proteicos entre distintas condiciones experimentales o especies lácteas (Zhu et al., 2024). De este modo, la metaproteómica se ha convertido no solo en una herramienta descriptiva, sino también en un medio para diferenciar especies de leche, evaluar tratamientos tecnológicos y detectar fraudes alimentarios, como demuestran los estudios aplicados a quesos mozzarella y mascarpone (Picariello et al., 2025; Rutigliano et al., 2025).

Otro campo emergente es la metaproteómica funcional de bacterias lácticas, donde se examinan las proteínas secretadas o “secretomas” con propiedades antimicrobianas o probióticas. Mazzeo et al. (2024) caracterizaron proteínas secretadas por cepas de *Lactiplantibacillus plantarum* procedentes de alimentos fermentados, identificando bacteriocinas, glucanasas y proteínas de adhesión implicadas en la biopreservación. De igual manera,

Karbowiak et al. (2025) combinaron análisis genómicos y proteómicos para descubrir compuestos antimicrobianos novedosos en cepas de *Lactocaseibacillus paracasei* y *L. plantarum* capaces de inhibir *Listeria monocytogenes*, aportando una base científica para estrategias naturales de conservación de alimentos.

La metaproteómica también ha contribuido al estudio de la autenticidad y trazabilidad en productos lácteos. La comparación proteómica entre leches de diferentes especies —bovina, ovina y caprina— permitió a Zhu et al. (2024) identificar biomarcadores específicos como la  $\beta$ -lactoglobulina o la k-caseína (CSN3), útiles para detectar adulteraciones o certificar denominaciones de origen. En el mismo sentido, Evans (2025) revisó el uso de la proteómica en contextos arqueológicos, evidenciando que las proteínas lácteas son biomoléculas estables que pueden emplearse para rastrear el origen animal y la evolución histórica de los productos lácteos.

Desde el punto de vista tecnológico, la metaproteómica ha facilitado la evaluación de procesos emergentes no térmicos, como la irradiación o los campos eléctricos pulsados (PEF), aplicados para mejorar la

inocuidad sin alterar la calidad sensorial. En este contexto, Suo et al. (2025) demostraron mediante análisis transcriptómico y proteómico que la sobreexpresión del regulador LlrG en *Lactococcus lactis* incrementa la resistencia al estrés por radiación ionizante, activando rutas antioxidantes y de metabolismo energético. Estos resultados abren nuevas perspectivas para la selección de cepas robustas aplicables en fermentaciones controladas y tratamientos de biopreservación en la industria láctea.

Por otra parte, el estudio de los procesos de proteólisis y maduración de los quesos ha sido uno de los campos donde la proteómica ha tenido mayor impacto. Petrella et al. (2015) utilizaron LC-MS/MS para identificar péptidos derivados de la degradación de caseínas en mozzarella de búfala, diferenciando quesos frescos de aquellos producidos con leche almacenada o cuajada envejecida. De manera complementaria, Rocchetti et al. (2023) integraron metabolómica y proteómica para estudiar los defectos de coloración rosa en productos lácteos, destacando el potencial de las técnicas multi-ómicas en el control de calidad industrial.

La aplicación de la metaproteómica al análisis del microbioma lácteo ofrece, además, una herramienta poderosa para abordar aspectos de inocuidad alimentaria y resistencia antimicrobiana. Los enfoques multi-ómicos han permitido detectar genes y proteínas relacionados con la tolerancia a estrés oxidativo, ácidos o antibióticos, así como evaluar el impacto de tratamientos tecnológicos sobre las poblaciones microbianas (Ferrocino et al., 2022; Next Generation Risk Assessment, 2018). En este sentido, la incorporación de cepas autóctonas caracterizadas por su estabilidad proteómica y capacidad de respuesta adaptativa puede contribuir al diseño de fermentaciones más seguras y sostenibles.

En conjunto, las evidencias científicas publicadas entre 2015 y 2025 muestran que la metaproteómica se ha convertido en una herramienta estratégica para la investigación, el desarrollo y la innovación en la industria láctea. Su capacidad para integrar información estructural, funcional y taxonómica de proteínas microbianas y lácteas permite optimizar procesos de fermentación, mejorar la trazabilidad, detectar adulteraciones y fortalecer la inocuidad de los productos. No obstante,

persisten limitaciones relacionadas con la falta de estandarización de protocolos, la necesidad de bases de datos específicas y los retos computacionales asociados al análisis de grandes volúmenes de información (Tilocca et al., 2020; Duarte et al., 2024).

En este contexto, el presente artículo tiene como objetivo revisar los avances recientes en la aplicación de la metaproteómica en leche y quesos, destacando sus fundamentos metodológicos, las principales áreas de aplicación —caracterización microbiana, autenticidad, inocuidad y biopreservación— y las perspectivas futuras de esta disciplina en el marco de la ciencia y tecnología alimentaria.

## 1. Fundamentos metodológicos de la metaproteómica aplicada a matrices lácteas

La metaproteómica representa una evolución natural de la proteómica clásica hacia un enfoque integrador, que permite estudiar simultáneamente la composición, función e interacción de las proteínas en comunidades microbianas complejas. En el ámbito de los alimentos, este enfoque posibilita la identificación de proteínas de origen animal y microbiano que coexisten

en matrices como la leche y el queso, ofreciendo una visión más completa del ecosistema lácteo (Tilocca et al., 2020).

Los avances instrumentales, particularmente en espectrometría de masas de alta resolución, han impulsado la capacidad de detección y cuantificación de proteínas en muestras altamente complejas. El uso de plataformas como Orbitrap, Q-TOF y DIA-SWATH ha permitido superar las limitaciones de las técnicas tradicionales basadas en geles (2D-PAGE), favoreciendo la identificación masiva de péptidos y proteínas sin necesidad de marcadores isotópicos (New Perspectives in Proteomics, 2024).

Los enfoques bottom-up y shotgun se han consolidado como las estrategias más empleadas en matrices lácteas. El primero consiste en la digestión enzimática (generalmente con tripsina) de proteínas totales y el análisis de los péptidos generados mediante LC-MS/MS, mientras que el segundo aplica una estrategia no dirigida que analiza de manera simultánea todas las fracciones proteicas presentes en la muestra (Duarte et al., 2024). Estas metodologías, combinadas con herramientas bioinformáticas avanzadas —



como MetaProteomeAnalyzer, MaxQuant o Unipept—, permiten asignar identidad taxonómica y función a las proteínas detectadas, estableciendo vínculos entre la composición microbiana y las rutas metabólicas activas (Weckx et al., 2019).

Un elemento crítico en los estudios metaproteómicos es la selección de bases de datos adecuadas. Duarte et al. (2024) demostraron que, en microbiomas lácteos de baja diversidad, las bases de datos derivadas de genomas de referencia (RefSeq, UniProt) ofrecen resultados comparables a las generadas a partir de metagenomas específicos, reduciendo el costo computacional sin sacrificar la precisión taxonómica. Sin embargo, la falta de curación funcional y la redundancia entre secuencias siguen siendo desafíos relevantes para la interpretación de datos.

En la actualidad, los experimentos metaproteómicos se benefician de la integración con otras técnicas “ómicas” como la metagenómica, la transcriptómica y la metabolómica, conformando un enfoque multi-ómico. Esta integración permite correlacionar la abundancia de proteínas con la expresión génica y la producción de metabolitos, generando modelos predictivos

del comportamiento microbiano en procesos fermentativos o de maduración (Ferrocino et al., 2022). La tendencia, según Suo et al. (2025), apunta hacia la aplicación de la proteómica cuantitativa DIA (Data Independent Acquisition), que mejora la reproducibilidad y la cobertura proteica en comparación con los métodos tradicionales dependientes de datos.

## 2. Aplicaciones de la metaproteómica en leche

La leche es una de las matrices biológicas más estudiadas en proteómica debido a su complejidad, la presencia de proteínas mayoritarias (caseínas y proteínas del suero) y su papel como sustrato microbiano. La metaproteómica ha permitido explorar no solo las proteínas nativas del fluido lácteo, sino también los cambios estructurales inducidos por tratamientos tecnológicos y los procesos bioquímicos durante el almacenamiento y la fermentación.

En el ámbito de la autenticidad y diferenciación de especies, Zhu et al. (2024) aplicaron proteómica cuantitativa *label-free* para comparar las proteínas de la leche de vaca, oveja y cabra, identificando más de 700 proteínas, entre ellas biomarcadores



diferenciales como la k-caseína (CSN3) y la  $\beta$ -lactoglobulina (LGB). Estos resultados ofrecen herramientas analíticas robustas para la detección de mezclas fraudulentas o para la certificación de denominaciones de origen.

Asimismo, las investigaciones recientes han demostrado que la proteómica es útil para evaluar el impacto de procesos físicos no térmicos en la calidad láctea. El tratamiento por irradiación gamma o campos eléctricos pulsados (PEF) puede modificar la conformación proteica sin alterar significativamente la calidad sensorial. Estudios como los de Suo et al. (2025) evidencian, mediante análisis integrados de transcriptómica y proteómica, que la sobreexpresión del regulador LlrG en *Lactococcus lactis* incrementa la resistencia al estrés por radiación, fortaleciendo las rutas antioxidantes y de metabolismo energético. Estos hallazgos respaldan el uso de cepas adaptadas para procesos de esterilización o conservación en productos probióticos.

Desde una perspectiva estructural, la proteómica ha permitido caracterizar las interacciones entre calcio y micelas de caseína, cruciales para la estabilidad de la

leche y la textura de los quesos. Di Luccia et al. (2017) demostraron mediante LC-MS/MS que las variaciones en la proporción de micelas afectan la agregación de caseínas y la formación del coágulo durante la coagulación enzimática, aportando información valiosa para optimizar la formulación de productos lácteos frescos y fermentados.

Por otro lado, la metaproteómica ha revelado la diversidad microbiana presente en la leche cruda y procesada. Ferrocino et al. (2022) destacaron que el uso combinado de metataxonomía (16S/ITS) y proteómica permite identificar comunidades microbianas dominantes y su función en la fermentación. Este tipo de estudios ofrece nuevas oportunidades para la gestión del microbioma lácteo en términos de inocuidad, estabilidad y calidad sensorial.

### 3. Aplicaciones de la metaproteómica en quesos

El queso representa una de las matrices más desafiantes y ricas para la metaproteómica, debido a la coexistencia de proteínas animales, microbianas y metabolitos secundarios generados durante la maduración. La aplicación de estas técnicas ha permitido comprender la

relación entre la diversidad microbiana, la proteólisis y el desarrollo sensorial de los quesos artesanales e industriales.

Uno de los aportes pioneros fue el de Petrella et al. (2015), quienes caracterizaron los productos de proteólisis en mozzarella de búfala mediante 2D-PAGE y LC-MS/MS, identificando péptidos derivados de  $\alpha$ 1-caseína y  $\beta$ -caseína como marcadores de frescura y autenticidad. Posteriormente, Rocchetti et al. (2023) integraron proteómica y metabolómica para estudiar la formación de pigmentos y reacciones de pardeamiento no enzimático responsables del color rosado en quesos, asociando la acumulación de compuestos de Maillard con cambios específicos en las proteínas del suero.

La metaproteómica también ha permitido examinar las dinámicas fermentativas y microbianas durante la maduración. Keser y Ozcan (2025) analizaron la fermentación cruzada de cepas autóctonas de *Lactobacillus* en geles ácidos, identificando proteínas asociadas a la proteólisis, metabolismo de aminoácidos y formación de compuestos volátiles. De manera complementaria, Carvalho et al. (2021) demostraron que la diversidad bacteriana en quesos orgánicos y convencionales

influye directamente en el perfil proteómico, afectando la textura y el desarrollo de compuestos bioactivos.

Otro campo emergente es el estudio de los secretomas bacterianos. Mazzeo et al. (2024) caracterizaron las proteínas secretadas por *Lactiplantibacillus plantarum* aisladas de quesos, detectando bacteriocinas (Plantaricinas F/N, J/K) y proteínas de adhesión implicadas en la biopreservación natural. De manera similar, Karbowiak et al. (2025) combinaron genómica y proteómica para descubrir compuestos antimicrobianos en *L. paracasei* y *L. plantarum*, lo que refuerza el potencial de la metaproteómica en el desarrollo de cultivos protectores y biopreservantes para la industria quesera.

Asimismo, estudios recientes como el de Suo et al. (2025) sobre *Lactococcus lactis* IL1403, han integrado transcriptómica y proteómica para identificar mecanismos de resistencia al estrés oxidativo y radiación ionizante, confirmando que la modulación de rutas metabólicas como la del glutatión y el ciclo TCA mejora la tolerancia microbiana. Este tipo de resultados demuestra la utilidad del enfoque multi-ómico para seleccionar cepas robustas con

aplicaciones biotecnológicas directas en quesos fermentados.

#### **4. Retos y perspectivas de la metaproteómica en productos lácteos**

A pesar de los avances, la aplicación de la metaproteómica en leche y quesos enfrenta limitaciones técnicas y bioinformáticas que deben resolverse para consolidar su uso rutinario en la industria. Entre los principales desafíos se encuentran la complejidad de las matrices (alta concentración de lípidos y sales), la baja abundancia de proteínas microbianas respecto a las lácteas, y la falta de protocolos estandarizados de extracción y normalización (Tilocca et al., 2020).

Asimismo, la interpretación de los datos depende de la calidad y cobertura de las bases de datos utilizadas. Duarte et al. (2024) subrayan la necesidad de desarrollar repositorios especializados para microbiomas lácteos, que integren información de genomas completos, proteínas hipotéticas y rutas metabólicas asociadas. La falta de interoperabilidad entre bases de datos limita la comparación interlaboratorios y la reproducibilidad de los resultados.

A futuro, la tendencia apunta hacia la integración multi-ómica y el análisis asistido

por inteligencia artificial (IA). Los modelos predictivos basados en aprendizaje automático pueden correlacionar perfiles proteómicos con características tecnológicas y sensoriales, facilitando la optimización de procesos fermentativos y la predicción de defectos en la maduración (Ferrocino et al., 2022; Next Generation Risk Assessment, 2018).

En el contexto de la seguridad alimentaria, la metaproteómica se perfila como una herramienta valiosa para monitorear la presencia de proteínas alergénicas, toxinas bacterianas o biomarcadores de contaminación cruzada (Rutigliano et al., 2025). Además, su combinación con metagenómica permite detectar genes de resistencia antimicrobiana y evaluar la viabilidad de bacterias probióticas durante el procesamiento o almacenamiento de productos fermentados.

En el ámbito industrial, la estandarización de protocolos de muestreo, la automatización del análisis proteómico y la creación de bases de datos públicas específicas para lácteos serán pasos decisivos hacia su aplicación rutinaria. Finalmente, la colaboración entre universidades, centros de investigación y empresas permitirá traducir los hallazgos

metaproteómicos en innovaciones tangibles para la trazabilidad, autenticidad e

inocuidad del sector lácteo.

## CONCLUSIONES

La metaproteómica ha emergido como una herramienta poderosa para comprender la complejidad molecular de la leche y los quesos, al permitir la identificación simultánea de proteínas lácteas y microbianas y el análisis funcional de sus interacciones. Durante la última década, su integración con otras técnicas ómicas ha transformado el estudio de los microbiomas alimentarios, ofreciendo una visión holística de la fermentación, maduración, autenticidad e inocuidad.

Los avances instrumentales —como el uso de espectrometría de masas de alta resolución y plataformas de análisis cuantitativo label-free o DIA-SWATH— han mejorado la sensibilidad y precisión de los análisis, mientras que los nuevos algoritmos bioinformáticos han facilitado la asignación funcional de proteínas a nivel de cepa. No obstante, aún existen retos en la estandarización de protocolos, la curación de bases de datos específicas para

productos lácteos y la interoperabilidad de resultados.

En el ámbito práctico, la metaproteómica se consolida como una herramienta clave para la caracterización de cepas autóctonas, la detección de fraudes, la optimización de fermentaciones y el desarrollo de estrategias naturales de biopreservación. Su integración con la metagenómica, metabolómica y transcriptómica, junto con la aplicación de modelos de inteligencia artificial, permitirá avanzar hacia una industria láctea más segura, trazable y sostenible.

En síntesis, la metaproteómica no solo contribuye a comprender los mecanismos moleculares que definen la calidad sensorial y nutricional de los productos lácteos, sino que abre nuevas oportunidades para la innovación científica y tecnológica en la producción de alimentos funcionales, seguros y auténticos.

## REFERENCIAS BIBLIOGRAFICAS

- Carvalho, R. S., De Souza, C. H. B., Ramos, C. L., & Schwan, R. F. (2021). Bacterial diversity in organic and conventional Minas Frescal cheese. *Food Research International*, 147, 110512.
- Di Luccia, A., Alviti, G., Saccotelli, M. A., & Monetta, P. (2017). Quantitative proteomics reveals new insights into calcium and casein micelle interactions. *Journal of Dairy Science*, 100(12), 9923-9933.
- Duarte, W. F., Carvalho, B. F., & Zotta, T. (2024). Database selection for shotgun metaproteomics of low-diversity dairy microbiomes. *International Journal of Food Microbiology*, 418, 110898.
- Ferrocino, I., Rantsiou, K., & Cocolin, L. (2022). Investigating dairy microbiome: an opportunity to ensure quality, safety and typicity. *Current Opinion in Biotechnology*, 73, 164-170.
- Keser, D., & Ozcan, T. (2025). Cross-over fermentation dynamics and proteomic properties of acid gels with indigenous *Lactobacillus* spp. isolated from cheeses. *Food Microbiology*, 128, 104010.
- Karbowiak, M., Kowalczyk, M., & Fiorella, F. (2025). Novel antimicrobial compounds from fermented food-derived *Lactobacillus paracasei* B1 and *L. plantarum* O24 strains: Genomic and proteomic analysis. *LWT*, 234, 118597.
- Mazzeo, M. F., Romano, R., & Cacace, G. (2024). Proteomics for depicting the secreted protein patterns of *Lactiplantibacillus plantarum* strains isolated from different food matrices. *Food Bioscience*, 60, 104055.
- Petrella, G., Romano, R., & Di Luccia, A. (2015). Study of proteolysis in river buffalo mozzarella cheese using a proteomics approach. *Food Chemistry*, 181, 338-344.
- Picariello, G., Addeo, F., & Ferranti, P. (2025). A cheese or not a cheese? Proteomics redefines the regulatory categorization of mascarpone. *Proteomics*, 25(4), 223-238.
- Rocchetti, G., Lucini, L., & Dossena, A. (2023). Metabolomics and proteomics approaches provide a better understanding of non-enzymatic browning and pink discoloration in dairy products. *Food Bioscience*, 56, 103328.

- Rutigliano, M., Balestrieri, F., & Lolli, V. (2025). High-moisture mozzarella cheese features and detection of commercial frauds: A review. *International Dairy Journal*, 163, 105678.
- Ruiz, L., Sánchez, B., Ruas-Madiedo, P., & Margolles, A. (2016). Tackling probiotic and gut microbiota functionality through proteomics. *Proteomics*, 16(19), 2470-2483.
- Suo, Y., Zhang, C., & Liu, J. (2025). Transcriptomics and proteomics analyses reveal the role of LlrG in ionizing radiation stress resistance of *Lactococcus lactis* subsp. *lactis* IL1403. *Food Bioscience*, 64, 105321.
- Tilocca, B., Costanzo, N., Spina, A. A., & Roncada, P. (2020). Milk microbiota: Characterization methods and role in cheese production. *Journal of Proteomics*, 210, 103534.
- Weckx, S., De Vuyst, L., & Leroy, F. (2019). Omics approaches to understand sourdough fermentation processes. *Food Microbiology*, 77, 123-135.
- Zhu, H., Wang, Y., & Gao, L. (2024). Label-free proteomics reveals differential proteins of sheep, goat, and cow milk. *Journal of Dairy Science*, 107(2), 1350-1362.