



UNIVERSIDAD AUTÓNOMA CHAPINGO

DEPARTAMENTO DE INGENIERÍA AGROINDUSTRIAL

**POSGRADO EN CIENCIA Y TECNOLOGÍA
AGROALIMENTARIA**

**DINÁMICA DE LA MICROBIOTA Y METABOLÓMICA EN QUESO DE
PRENSA DE CUAJINICUILAPA, GUERRERO DURANTE LA
MADURACIÓN**

TESIS

**Que como requisito parcial
para obtener el grado de:**

DOCTOR EN CIENCIAS AGROALIMENTARIAS

Presenta:

JOSÉ ALBERTO MENDOZA CUEVAS

Bajo la supervisión de: DIANA GUERRA RAMÍREZ, DRA.



Chapingo, Estado de México, mayo 2026



DINÁMICA DE LA MICROBIOTA Y METABOLÓMICA DEL QUESO DE PRENSA DE CUAJINICUILAPA, GUERRERO DURANTE LA MADURACIÓN

Tesis realizada por **José Alberto Mendoza Cuevas** bajo la supervisión del Comité Asesor indicado, aprobada por el mismo y aceptada como requisito parcial para obtener el grado de:

DOCTOR EN CIENCIAS AGROALIMENTARIAS

DIRECTOR:



DRA. DIANA GUERRA RAMÍREZ

CODIRECTOR:



DRA. ERNESTINA VALADEZ MOCTEZUMA

ASESOR:



DR. EMMANUEL FLORES GIRÓN

LECTOR EXTERNO:



DRA. IRMA SALGADO ESCOBAR

CONTENIDO

LISTA DE CUADROS	vi
LISTA DE FIGURAS	vii
AGRADECIMIENTOS	viii
DEDICATORIAS	x
DATOS BIOGRÁFICOS	xi
RESUMEN GENERAL	xii
GENERAL ABSTRACT	xiii
1. INTRODUCCIÓN GENERAL	14
1.1. Objetivo general	15
1.2. Objetivos específicos	15
1.3. Hipótesis	16
1.4. Organización de la tesis	16
1.5. Literatura citada	17
2. REVISIÓN DE LITERATURA	19
2.1. Queso	19
2.1.1. Quesos artesanales	19
2.1.2. Queso de prensa	20
2.2. Importancia de las comunidades microbianas presentes en quesos artesanales	20
2.3. Técnicas empleadas en la identificación de las comunidades microbianas	22
2.3.1. Técnicas dependientes de cultivo	22
2.3.2. Técnicas independientes del cultivo	22
2.4. Utilización de secuenciación de alto rendimiento	23
2.5. Estudio de las comunidades microbianas mediante el empleo de las ciencias ómicas	24
2.5.1. Metagenómica	24
2.5.2. Metabolómica	27
2.5.3. Metaproteómica	28
2.6. Combinación de los enfoques ómicos para la comprensión de la microbiota del queso	29

2.7. Literatura citada	30
3. EFECTO DE LA MADURACIÓN SOBRE LAS PROPIEDADES FÍSICOQUÍMICAS Y ANTIOXIDANTES DEL QUESO DE PRENSA DE CUAJINICUILAPA, GUERRERO.....	35
3.1 Resumen	35
Abstract	36
3.2. Introducción	37
3.3. Materiales y métodos.....	38
3.3.1. Obtención de las muestras de queso de prensa	38
3.3.2. Análisis físicoquímico de las muestras de queso de prensa.....	38
3.3.3. Desgrasado de las muestras de queso de prensa	39
3.3.4. Determinación del perfil de ácidos grasos en muestras de queso de prensa	39
3.3.5. Preparación de extractos solubles en agua de queso de prensa	40
3.3.6. Determinación del contenido de fenoles totales en queso de prensa.....	40
3.3.7. Capacidad antioxidante	40
3.3.8. Perfil <i>flash</i> descriptivo del queso de prensa	41
3.4. Análisis estadístico	41
3.5. Resultados y discusión	42
3.5.1. Propiedades físicoquímicas.....	42
3.5.2. Perfil de ácidos grasos en muestras de queso de prensa	44
3.5.3. Contenido de fenoles totales en muestras de queso de prensa	49
3.5.4. Capacidad antioxidante en quesos de prensa.....	49
3.5.5. Perfil <i>flash</i> descriptivo del queso de prensa	50
3.6. Conclusiones	52
3.7. Literatura citada	52
4. DINÁMICA DE LA MICROBIOTA Y METABOLÓMICA EN QUESO DE PRENSA DE GUERRERO DURANTE SU MADURACIÓN.....	59
4.1. Resumen	59
Abstract	60
4.2. Introducción	61
4.3. Materiales y métodos.....	62
4.3.1. Obtención de las muestras de queso de prensa	62
4.3.2. Extracción y secuenciación de ADN de las muestras de queso de prensa	63
4.3.3. Análisis sin ensamblaje	63
4.3.5. Análisis de compuestos volátiles	64

4.3.6. Análisis estadístico	64
4.4. Resultados y discusión	65
4.4.1. Diversidad de la microbiota presente en el queso de prensa	65
4.4.2. Análisis de compuestos volátiles	69
4.5. Conclusiones	73
4.6. Literatura citada	73
5.CONCLUSIONES GENERALES	81

LISTA DE CUADROS

Cuadro 1. Composición químico proximal, en base seca, durante la maduración del queso de prensa, elaborado en tres queserías de Cuajinicuilapa, México.	44
Cuadro 2. Composición de perfil de ácidos grasos (%) del queso de prensa durante la maduración, de tres queserías de Cuajinicuilapa, Guerrero.	46
Cuadro 3. Composición total de ácidos grasos (%) del queso de prensa durante la maduración, de tres queserías de Cuajinicuilapa, Guerrero.	48
Cuadro 4. Contenido fenólico y capacidad antioxidante en diferentes estadios de maduración del queso prensa de Cuajinicuilapa, Guerrero.	50
Cuadro 5. Principales compuestos volátiles con descriptores sensoriales en queso de prensa.	72

LISTA DE FIGURAS

Figura 1. Mapa de dos dimensiones del perfil flash de queso prensa. A-5, B-5 y C-5 corresponden a las muestras de las queserías A, B y C con 5 días de maduración, respectivamente; mientras que A-90, B-90 y C-90 a las mismas queserías con 90 días de maduración.	51
Figura 2. Diversidad microbiana de las muestras de queso de prensa correspondientes a la quesería A durante el período de maduración.	65
Figura 3. Diversidad microbiana de las muestras de queso de prensa correspondientes a la quesería B durante el período de maduración.	67
Figura 4. Diversidad microbiana de las muestras de queso de prensa correspondientes a la quesería C durante el período de maduración.	68

AGRADECIMIENTOS

A la Secretaría de Ciencia, Humanidades, Tecnología e Innovación por el financiamiento otorgado, que me permitió avanzar en la formación académica de mis estudios de posgrado.

A la Universidad Autónoma Chapingo por permitirme ampliar mis conocimientos y mi formación académica.

Agradezco profundamente al PCyTA por las facilidades otorgadas durante mi estancia doctoral.

Expreso mi gratitud a la Dra. Diana Guerra Ramírez por su guía durante este proceso. Gracias por depositar su confianza en mí, agradezco la generosidad al compartir su conocimiento para mi crecimiento personal.

A la Dra. Ernestina Valadez Moctezuma, por su apoyo, tiempo, disposición y sus recomendaciones para esta investigación.

Al Dr. Emmanuel Flores Girón, por su valiosa contribución y acompañamiento para la mejora de este proyecto.

A mis compañeros de la octava generación del Doctorado en Ciencias Agroalimentarias, especialmente a Azucena, Valeria y Gabriel, gracias por todos los momentos de trabajo y aprendizaje, así como también por los momentos vividos fuera de las aulas, hicieron que fuera ameno el transcurso por el Doctorado.

Agradezco a mis compañeros del laboratorio (LPN) por su compañía y amistad. Específicamente a: Diana Becerra, Adela, Yesica, Anahí, Paola, Sayuri y Abigail con quienes compartí muchas experiencias y horas de trabajo.

A la Dra. Irma Salgado Escobar, por sus aportaciones, observaciones y/o comentarios para esta investigación.

A la Dra. Patricia Ruas Madiedo, gracias por permitirme realizar la estancia predoctoral bajo su supervisión. Por estar al pendiente y guiarme durante el tiempo que estuve en el Instituto de Productos Lácteos de Asturias.

Al grupo Microhealth por incluirme en sus reuniones y consejos durante mi estancia en el IPLA.

A la Doctorante Marta Lozano y a la Posdoctorante Inés, por parte de su valioso tiempo y conocimiento en el laboratorio durante la estancia predoctoral en el IPLA.

A Paula, Arianna, Emilie, Verónica, Mohamed, Copper, Catarina, gracias por esos momentos de la hora del café en donde compartíamos parte de nosotros estando lejos de nuestros países de origen, sin duda fueron parte fundamental.

A Isabel, Andrea por su amistad y cariño, gracias por estar al pendiente de mí.

A Vero por su cariño y amistad durante estos años.

DEDICATORIAS

Mi gratitud a mis padres, José Alberto Mendoza y Diohema Cuevas †, por su confianza, cariño y respaldo inquebrantable. La presencia de mi madre permanece viva en cada logro, y junto al apoyo de mi padre, han sido la base que me permitió llegar hasta aquí.

A mis hermanos; Jazmín y Sergio, gracias por estar siempre para mí. Ustedes hacen que la vida sea más amena y ligera.

A mi tía Sami, Fabby y Jesús, gracias por estar para mí, agradezco cada uno de los consejos que me han dado. ¡Los quiero mucho!

A mi tío Ángel Romero y Tía Martha Cuevas por su apoyo constante y las palabras de aliento que me ofrecieron en los momentos más necesarios.

DATOS BIOGRÁFICOS

Datos personales

Nombre:	José Alberto Mendoza Cuevas
Fecha de Nacimiento:	28 de junio de 1992
Lugar de Nacimiento:	Acapulco, Guerrero
CURP:	MECA920628HGRNVL02

Desarrollo académico

Bachillerato:	Preparatoria 8, Universidad de Guadalajara.
Licenciatura:	Licenciatura en Ciencia de los Alimentos, Universidad de Guadalajara. Cédula profesional: 10044471
Maestría:	Maestría en Ciencia y Tecnología Agroalimentaria, Universidad autónoma Chapingo. Cédula profesional: 12712845

Experiencia profesional

Administrador del Sistema de Gestión de la Inocuidad de los alimentos en la empresa “Compañía especializada de productos al consumo S.A de CV”
Desarrollador de nuevos productos en la empresa “Productos y lácteos: La costa”

RESUMEN GENERAL

Dinámica de la microbiota y metabolómica del queso de prensa de Cuajinicuilapa, Guerrero durante la maduración

Las comunidades microbianas presentes en quesos elaborados con leche cruda son muy diversas y complejas, y desempeñan un papel fundamental en el desarrollo de sus características sensoriales. El objetivo de esta investigación fue analizar la dinámica de las comunidades microbianas y su asociación con las características fisicoquímicas y metabolómicas del “queso prensa”, con el fin de explicar su influencia en calidad sensorial y funcional durante la maduración. El “queso de prensa” fue adquirido en tres queserías del municipio de Cuajinicuilapa, Guerrero, México y se tomaron muestras a los 5, 45 y 90 días de maduración. Para cada muestra se llevaron análisis de composición proximal, propiedades antioxidantes, evaluación sensorial, metagenómico tipo *shotgun* y metabolómico por GC-MS. Los resultados de la composición proximal mostraron que conforme que avanza la maduración, ocurren cambios en los nutrientes asociados a procesos de lipólisis, proteólisis y fermentación de la lactosa que podrían contribuir a las propiedades sensoriales. Los quesos con 5 d de maduración presentaron atributos como: aroma a lácteo, humedad y sensación grasa, mientras que los de 90 d se caracterizaron por un color amarillo más intenso, mayor dureza y olor a ácido propiónico. El perfil lipídico estuvo conformado por 15 ácidos grasos: nueve fueron saturados y seis insaturados. Tanto el contenido fenólico y la capacidad antioxidante exhibieron un incremento significativo a los 45 días. El análisis metagenómico reveló que la microbiota del queso de prensa estuvo dominada por las especies pertenecientes a los géneros *Staphylococcus* y *Lactobacillus*, con variaciones durante la maduración. El análisis de compuestos volátiles se identificaron 59 compuestos (cetonas, ésteres, ácidos, alcoholes, lactonas, terpenos y aldehídos) que permitieron diferenciar el perfil aromático entre quesos de las tres queserías. La maduración del queso de prensa está determinada por el conjunto de cambios fisicoquímicos y antioxidantes que se relacionan de cerca con la microbiota y la formación de compuestos volátiles. La composición microbiana y metabolitos claves permite vincular asociaciones en las propiedades sensoriales, aportando evidencia sobre la diversidad de este queso artesanal.

Palabras clave: Queso de prensa, ácidos grasos, maduración, antioxidante.

Tesis de Doctorado en Ciencias Agroalimentarias, Programa de Posgrado en Ciencia y Tecnología Agroalimentarias, Universidad Autónoma Chapingo

Autor: M.C. José Alberto Mendoza Cuevas

Director de Tesis: Dra. Diana Guerra Ramírez

GENERAL ABSTRACT

Dynamics of the microbiota and metabolomics of queso de prensa from Cuajinicuilapa, Guerrero during ripening

The microbial communities present in cheeses made from raw milk are highly diverse and complex, and play a fundamental role in the development of their sensory characteristics. The aim of this research was to analyze the dynamics of microbial communities and their association with the physicochemical and metabolomic characteristics of “*queso de prensa*”, in order to explain their influence on sensory and functional quality during ripening. “*Queso de prensa*” was obtained from three artisanal cheeseries in the municipality of Cuajinicuilapa, Guerrero, Mexico, and samples were taken at 5, 45, and 90 days of ripening. For each sample, proximate composition, antioxidant properties, sensory evaluation, shotgun metagenomics, and GC–MS-based metabolomics were performed. Proximate composition results showed that, as ripening progressed, changes occurred in nutrients associated with lipolysis, proteolysis, and lactose fermentation, which could contribute to sensory properties. Cheeses at 5 days of ripening showed attributes such as milky, moisture, and fatty mouthfeel, whereas those at 90 days were characterized by a more intense yellow color, greater hardness, and a propionic acid odor. The lipid profile consisted of 15 fatty acids: nine saturated and six unsaturated. Both phenolic content and antioxidant capacity showed a significant increase at 45 days. Metagenomic analysis revealed that the microbiota of “*queso de prensa*” was dominated by species belonging to the genera *Staphylococcus* and *Lactobacillus*, with variations during ripening. Volatile compound analysis identified 59 compounds (ketones, esters, acids, alcohols, lactones, terpenes, and aldehydes) that allowed differentiation of the aromatic profile among cheeses from the three artisanal cheeseries. The ripening of “*queso de prensa*” is determined by a set of physicochemical and antioxidant changes that are closely related to the microbiota and the formation of volatile compounds. The microbial composition and key metabolites make it possible to establish associations with the sensory properties, providing evidence of the diversity of this artisanal cheese.

Key words: prensa cheese, fatty acids, ripening, antioxidant.

Doctoral Thesis. Doctorado en Ciencias Agroalimentarias, Universidad Autónoma Chapingo
Author: M. C. José Alberto Mendoza Cuevas
Advisor: Dra. Diana Guerra Ramírez

1. INTRODUCCIÓN GENERAL

Los quesos artesanales elaborados con leche cruda son un sistema biológico complejo en los que se llevan a cabo diversos procesos fisicoquímicos, bioquímicos y microbiológicos que inciden en las características sensoriales y tecnológicas. Cada variedad de queso presenta propiedades únicas las cuales están dadas por diversos factores, por ejemplo, las condiciones geográficas y climáticas que son determinantes en la producción de leche, la constitución de las comunidades microbianas presentes tanto en la leche como durante la elaboración del queso y el tiempo de maduración (Mohamed et al., 2023, Oliveira et al., 2025; Neviani et al., 2025). Los quesos artesanales mexicanos representan un patrimonio cultural y gastronómico, cuyo valor radica en la tradición y la identidad regional (Villegas et al., 2014; Galli, 2024; Denk, 2025).

El queso de prensa es un queso artesanal elaborado con leche cruda de vaca originario de Cuajinicuilapa, Guerrero. Su proceso de elaboración y maduración favorece el desarrollo de microbiota particular que influye en las características fisicoquímicas, sensoriales y de calidad (Villegas de Gante et al., 2024; Mendoza-Cuevas et al., 2023). No obstante, a pesar de su importancia gastronómica en la región de la Costa Chica de Guerrero, este queso carece de información que describa integralmente la dinámica de la composición microbiana y bioquímica durante su maduración. En este aspecto, existe un vacío en el conocimiento con respecto a cómo evoluciona la microbiota y cómo ésta interacciona con los cambios fisicoquímicos y metabolómicos a lo largo de su maduración.

Las comunidades microbianas presentes en los quesos artesanales juegan un rol vital en el desarrollo de compuestos derivados de la proteólisis, lipólisis y

fermentación, que determinan características sensoriales tales como sabor, aroma, textura (Anastasiou et al., 2022; Khattab et al., 2019; Mayo et al., 2021; Parente et al., 2022). La dinámica de estos microorganismos depende de la interacción entre bacterias, hongos y levaduras (Mayo et al., 2021). Por ello, comprender la composición y la actividad durante el período de maduración es importante para caracterizar y valorizar los quesos artesanales.

Por otro lado, las ciencias ómicas en los últimos años se han consolidado como herramientas clave para estudiar de manera integral la composición, así como el funcionamiento de matrices alimentarias (Zheng et al., 2018; Bottari et al., 2020; Pisano et al., 2020; Papadimitriou et al., 2022; Mohamed et al., 2023). La metagenómica ayuda a la identificación de las comunidades microbianas, mientras que la metabolómica no dirigida permite identificar metabolitos y compuestos volátiles relacionados a los procesos bioquímicos que ocurren durante la maduración. La integración de ambos enfoques permite establecer relaciones entre la microbiota, la actividad metabólica y los atributos sensoriales del queso (Afshari et al., 2020; Anastasiou et al., 2022; Jiang et., 2022).

1.1. Objetivo general

Analizar la dinámica de las comunidades microbianas y el perfil metabolómico del queso de prensa producido en tres queserías artesanales de Cuajinicuilapa, Guerrero, durante 3 períodos a lo largo de 90 días de maduración mediante el análisis de sus propiedades fisicoquímicas, antioxidantes, sensoriales y estudios metagenómicos y metabolómicos con el fin de explicar los cambios fisicoquímicos y sensorial, y contribuir al conocimiento de los quesos artesanales de México.

1.2. Objetivos específicos

- Evaluar la composición fisicoquímica, la capacidad antioxidante y las propiedades sensoriales del “queso de prensa” durante tres muestreos en un período de 90 días de maduración mediante métodos convencionales para determinar el impacto del tiempo de maduración sobre las características sensoriales y la calidad del queso.

- Caracterizar la microbiota y el perfil de compuestos volátiles mediante estudios metagenómicos y metabolómicos del “queso de prensa” elaborado entres queserías de Cuajinicuilapa, Guerrero a lo largo de 90 días de maduración para identificar los microorganismos responsables de la generación de compuestos relacionados con el aroma y sabor del queso.

1.3. Hipótesis

Durante el proceso de maduración del queso de prensa de Cuajinicuilapa, Guerrero, la composición y actividad metabólica de las comunidades microbianas se modifican, y estas variaciones se relacionan directamente con los cambios fisicoquímicos, la capacidad antioxidante y la generación de compuestos volátiles responsables del desarrollo del aroma del queso.

1.4. Organización de la tesis

La presente investigación está conformada por cuatro capítulos, que en conjunto dan forma al contenido de la tesis:

Capítulo 1: incluye la introducción, donde se expone el panorama general y la relevancia del estudio.

Capítulo 2: Aborda la revisión de literatura con respecto a las generalidades sobre los quesos artesanales, la importancia de las comunidades microbianas en las características propias de los quesos, así como los últimos estudios que se han hecho respecto al microbiota de los quesos.

Capítulo 3: Presenta el primer artículo derivado del tema de investigación, en donde se muestran los resultados obtenidos sobre las características fisicoquímicas, el perfil peptídico y capacidad antioxidante del queso de Prensa durante tres estadios de maduración.

Capítulo 4: Muestra el segundo artículo derivado de la investigación, en el cual se estudió la composición de las comunidades microbianas presentes en el queso mediante secuenciación tipo *shotgun* y el perfil aromático de compuestos

volátiles generados por la microbiota y como inciden en las características sensoriales.

1.5. Literatura citada

- Bottari, B., Levante, A., Bancalari, E., Sforza, S., Bottesini, C., Prandi, B., De Filippis, F., Ercolini, D., Nocetti, M., & Gatti, M. (2020). The interrelationship between microbiota and peptides during ripening as a driver for Parmigiano Reggiano cheese quality. *Frontiers in Microbiology*, 11, 581658. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2020.581658>
- Cardinali, F., Rampanti, G., Paderni, G., Milanović, V., Ferrocino, I., Reale, A., Boscaino, F., Raicevic, N., Ilincic, M., Osimani, A., Aquilanti, L., Martinovic, A., & Garofalo, C. (2024). A comprehensive study on the autochthonous microbiota, volatilome, physico-chemical, and morpho-textural features of Montenegrin Njeguški cheese. *Food Research International*, 197(Pt 1), 115169. <https://doi.org/10.1016/j.foodres.2024.115169>
- Denk, E. (2025). *An important cheese in Turkish cuisine: A research on PGI-registered Erzurum civil cheese*. *Journal of Ethnic Foods*, 12, 17. <https://doi.org/10.1186/s42779-025-00277-3>
- Fontana, F., Longhi, G., Alessandri, G., Lugli, G. A., Mancabelli, L., Tarracchini, C., Viappiani, A., Anzalone, R., Ventura, M., Turrone, F., & Milani, C. (2023). Multifactorial microvariability of the Italian raw-milk cheese microbiota and implication for current regulatory scheme. *mSystems*, 8(1), e01068-22. <https://doi.org/10.1128/msystems.01068-22>
- Galli, B. D. (2024). Sustainability implications and relevance of using omics sciences to investigate cheeses with protected designation of origin. *Journal of the Science of Food and Agriculture*, 104(11), 6388–6396. <https://doi.org/10.1002/jsfa.13403>
- Kochetkova, T. V., Grabarnik, I. P., Klyukina, A. A., Zayulina, K. S., Gavirova, L. A., Shcherbakova, P. A., Kachmazov, G. S., Shestakov, A. I., Kublanov, I. V., & Elcheninov, A. G. (2023). The Bacterial Microbiota of Artisanal Cheeses from the Northern Caucasus. *Fermentation*, 9(8), 719. <https://doi.org/10.3390/fermentation9080719>
- Mayo, B., Rodríguez, J., Vázquez, L., & Flórez, A. B. (2021). Microbial Interactions within the Cheese Ecosystem and Their Application to Improve Quality and Safety. *Foods*, 10(3), 602. <https://doi.org/10.3390/foods10030602>
- Mohamed, H. M., Barzideh, Z., Siddiqi, M., & LaPointe, G. (2023). Taxonomy, Sequence Variance and Functional Profiling of the Microbial Community of Long-Ripened Cheddar Cheese Using Shotgun Metagenomics. *Microorganisms*, 11(8), 2052. <https://doi.org/10.3390/microorganisms11082052>

- Neviani, E., Gatti, M., Gardini, F., & Levante, A. (2025). Microbiota of Cheese Ecosystems: A Perspective on Cheesemaking. *Foods*, 14(5), 830. <https://doi.org/10.3390/foods14050830>
- Oliveira, W. d. C., de Freitas, A. S., Ströher, J. A., Richards, N. S. P. d. S., Oliveira, M. B. P. P., & Erhardt, M. M. (2025). Exploring the Impact of Altitude on Bacterial Communities in Informally Produced Artisanal Colonial Cheeses: Insights from 16S rRNA Gene Sequencing. *Microorganisms*, 13(5), 1116. <https://doi.org/10.3390/microorganisms13051116>
- Papadimitriou, K., Anastasiou, R., Georgalaki, M., Bounenni, R., Paximadaki, A., Charmpi, C., Alexandraki, V., Kazou, M., & Tsakalidou, E. (2022). Comparison of the microbiome of artisanal homemade and industrial Feta cheese through amplicon sequencing and shotgun metagenomics. *Microorganisms*, 10(5), 1073. <https://doi.org/10.3390/microorganisms10051073>
- Pisano, M. B., Rosa, A., Putzu, D., Cesare Marincola, F., Mossa, V., Viale, S., Fadda, M. E., & Cosentino, S. (2020). Influence of autochthonous putative probiotic cultures on microbiota, lipid components and metabolome of Caciotta cheese. *Frontiers in Microbiology*, 11, 583745. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2020.583745>
- Yuan, J., Ma, D., Yang, Y., Zhao, Y., Ren, H., Liu, X., Tan, M., & Li, K. (2025). A review and prospectes: Multi-omics and artificial intelligence-based approaches to understanding the effects of lactic acid bacteria and yeast interactions on fermented foods. *Innovative Food Science and Emerging Technologies*, 99(2025)103874. <https://doi.org/10.1016/j.ifset.2024.103874>
- Zeng, H., Wang, Y., Han, H., Cao, Y., & Wang, B. (2022). Changes in key aroma compounds and esterase activity of *Monascus*-fermented cheese across a 30-day ripening period. *Foods*, 11(24), 4026. <https://doi.org/10.3390/foods11244026>
- Zheng, X., Liu, F., Shi, X., Wang, B., Li, K., Li, B., & Zhuge, B. (2018). Dynamic correlations between microbiota succession and flavor development involved in the ripening of Kazak artisanal cheese. *Food Research International*, 105, 733–742. <https://doi.org/10.1016/j.foodres.2017.12.007>

2. REVISIÓN DE LITERATURA

2.1. Queso

El queso es un alimento lácteo fermentado obtenido por la coagulación de las proteínas de la leche como consecuencia de la adición de agentes coagulantes, y la eliminación del suero que se genera. De acuerdo con el proceso de elaboración se pueden obtener diferentes tipos de quesos: frescos, semimadurados y madurados (Chombo-Morales, 2022). En la elaboración de queso las principales materias básicas empleadas son: leche, cuajo, enzimas coagulantes y sal; sin embargo, pueden incluirse otros ingredientes dependiendo la variedad del queso (Villegas de Gante et al., 2016; Chombo-Morales, 2022). En este contexto las variedades de quesos de acuerdo con su forma, sabor y textura que existen alrededor del mundo y que son empleados en la gastronomía local en platillos típicos, se debe a que estos productos están fabricados con diversos tipos de leche, y procesos de fabricación, así como el proceso y condiciones de maduración (Nájera et al., 2021).

2.1.1. Quesos artesanales

Los quesos artesanales, son alimentos lácteos tradicionales, de elaboración a pequeña escala con leche cruda, procesos de elaboración no tecnificados, fermentación espontánea y períodos de maduración variados. Estos quesos son apreciados por los consumidores de la región en la cual son fabricados y consumidos (Penna et al., 2021; Pina et al., 2021; Mendoza-Cuevas et al., 2023). De acuerdo con Villegas de Gante et al. (2016) los quesos artesanales son alimentos elaborados y consumidos por una población por décadas o siglos. Por tal motivo son de gran relevancia en las cadenas agroindustriales de los países que los producen.

En México los quesos artesanales se consideran importantes en la gastronomía de las regiones que los producen. Hasta la fecha en el país se conocen alrededor de 40 variedades de quesos artesanales, frescos, semimadurados y madurados; siendo los quesos frescos los de mayor consumo. (Villegas de Gante et al., 2016; González-Córdova et al., 2016).

2.1.2. Queso de prensa

El queso de prensa es un queso artesanal producido principalmente en las regiones de la Costa Chica de Guerrero y la Costa de Oaxaca; teniendo a los municipios de Cuajinicuilapa en Guerrero y Santiago Pinotepa Nacional en Oaxaca como los principales productores (Villegas de Gante et al., 2024; Mendoza-Cuevas et al., 2023). El origen de este queso se remonta a más de 100 años (Mendoza-Cuevas et al., 2023). De acuerdo con Villegas de Gante et al. (2024) este queso es elaborado con leche cruda de vacas de razas cebuinas como brahman, sardo negro, indubrasil, gry así como su cruce con razas europeas, como suizo americano y suizo europeo).

El queso de prensa tiene una forma prismático-rectangular, sin embargo, algunas queserías lo moldean en forma cilíndrico-plana; presenta una consistencia firme, su color va del blanco al amarillo y su peso oscila entre 1 a los 15 kg. El queso puede ser consumido fresco, después de 2 a 5 días de elaboración y madurado hasta después de tres meses de maduración. A menudo su comercialización y consumo se da a nivel regional (Mendoza-Cuevas et al., 2023; Villegas de Gante et al., 2024).

2.2. Importancia de las comunidades microbianas presentes en quesos artesanales

Las comunidades microbianas, usualmente conocida como microbiota en los quesos están conformadas por poblaciones procariotas (bacterias), eucariotas (hongos y levaduras) y virus, siendo las bacterias los componentes mayoritarios de microbiota durante los procesos de fabricación de las diferentes variedades de quesos (Mayo et al., 2021). La composición de estos microorganismos con

respecto al número, cantidad y variedad estará condicionada por factores bióticos y abióticos del entorno de producción (Mayo et al., 2021; Parente et al., 2022).

La microbiota en cada variedad de queso, generalmente se encuentran distribuidas uniformemente por toda la matriz, sin embargo, se ha documentado que en la corteza y el núcleo del queso exhiben diferente composición de microbiana; en el caso de la corteza los microorganismos aerobios son los dominantes mientras que en el núcleo se albergan los microorganismos anaeróbicos (Tilocca et al., 2020; Choi et al., 2020). De acuerdo con Tilocca et al. (2020) para conocer las características sensoriales y la huella microbiana, con el fin de diferenciar los tipos de queso, es necesario estudiar los microorganismos del núcleo. Sin embargo, si la intención es investigar las comunidades de microorganismos relacionados con el proceso de elaboración, condiciones y entorno de maduración, así como la seguridad de los quesos se tienen que analizar los microorganismos asociados a la corteza o superficie.

Las características sensoriales, la calidad y seguridad del consumo de los quesos dependen principalmente del tipo de microorganismos; cuyas enzimas originan diferentes metabolitos secundarios derivados: los carbohidratos, las grasas y las proteínas, dando lugar a las texturas y sabores distintivos asociados al queso (Anastasiou et al., 2022; Khattab et al., 2019; Mayo et al., 2021; Parente et al., 2022).

Según Anastasious et al. (2022) los microorganismos presentes en los quesos pueden proceder de tres fuentes: la microbiota autóctona de la leche, el tipo de cultivos iniciadores empleados para inocular la leche y del entorno del lugar donde se elaboran los quesos. Sin embargo, existen otros factores que pueden modificar la microbiota en los quesos tales como: genéticos, ambientales, nutricionales, salud del animal lechero, estación del año de ordeña, etc. (Suh, 2022; Khattab et al., 2019). De igual manera, durante el proceso de maduración, ocurren una serie de cambios microbiológicos y bioquímicos, que pueden afectar el crecimiento y la interacción de los microorganismos del queso (Afshari et al., 2020a; Khattab et al., 2019).

Hoy en día el estudio de las comunidades microbianas en los quesos tiene como objetivo primordial comprender su estructura, dinámica y funciones metabólicas. Asimismo, conocer el rol que juega cada una de ellas en el desarrollo de las características únicas en cada variedad de queso (Afshari et al. 2020a; Tilocca et al., 2020; Anastasiou et al., 2022).

2.3. Técnicas empleadas en la identificación de las comunidades microbianas

Para conocer la composición de las comunidades microbianas en los quesos se han empleado dos métodos: los dependientes de cultivo y los independientes. Dichas técnicas se han utilizado en las últimas décadas, sin embargo, dependiendo de lo que se quiera obtener en las investigaciones es su elección (El Sheikha & Hu, 2018; Mayo et al., 2021; Demeric et al., 2021; Jiang et al., 2022).

2.3.1. Técnicas dependientes de cultivo

Las técnicas dependientes del cultivo como su nombre indican, consisten en proporcionar el crecimiento de los microorganismos en los medios de cultivos (electivos, selectivos o diferenciales) apropiados. Después de aislar e identificar a nivel de género y la especie, se tipifican los biotipos hasta nivel intraespecífico (Anastasiou et al., 2022; Zotta et al., 2021). Si bien las técnicas dependientes de cultivo pueden ser útiles para determinar la composición de la microbiota de acuerdo con Demirci et al. (2021), pueden presentar algunas desventajas como son las variaciones entre especies y una limitada reproducibilidad. Además, este tipo de técnicas presentan sesgos en cuanto a la selectividad incompleta debido a que puede subestimar la diversidad y, en ocasiones, inclusive no detectar algunos grupos microbianos mayoritarios, representando solo una pequeña parte de los microorganismos presentes en la composición de la microbiota del queso (Mayo et al., 2021; Zotta et al., 2021).

2.3.2. Técnicas independientes del cultivo

Las técnicas independientes de cultivo emplean la extracción del material genético del queso que posteriormente es amplificado por medio de la reacción

en cadena de la polimerasa (PCR). En esta categoría de técnica se encuentran: el polimorfismo de longitud de fragmentos de restricción terminal (T-RFLP), el polimorfismo de conformación de una sola hebra (SSCP), el análisis de heterogeneidad de longitud (LH), la electroforesis en gel de gradiente desnaturalizante (DGGE), la electroforesis en gel de temperatura (TGGE), la electroforesis en gel de gradiente de temperatura (TTGE), la PCR cuantitativa en tiempo real (qPCR), y la transcripción inversa-qPCR (RT-qPCR), entre otras más técnicas (Anastasiou et al., 2022; Afshari et al., 2020a; De Filippis et al., 2017; El Sheikha & Hu, 2018; Jiang et al., 2022; Kergoulay et al., 2015; Mayo et al., 2021). Este tipo de técnicas genotípicas proveen una información amplia e íntegra de la diversidad de las comunidades microbianas del queso a nivel de género, especie y en ocasiones hasta cepa; en consecuencia, permiten a los investigadores conocer el potencial que pueden tener las comunidades microbianas en cuanto al desarrollo tecnológico (Anastasiou et al., 2022; Ferreria et al., 2022).

2.4. Utilización de secuenciación de alto rendimiento

Por otro lado, la secuenciación de alto rendimiento (HTS, high throughput sequencing, por sus siglas en inglés) pertenece al grupo de técnicas independientes de nueva generación (Mayo et al., 2021): Esta técnica facilita la interpretación del tipo de comunidades microbianas presentes en matrices alimentarias (Salamandane et al., 2024). De igual manera según Salamandane et al. (2024) la HTS proporciona información sobre el viruloma y el resistoma, lo que permite una evaluación más precisa de la seguridad del queso.

De acuerdo con Mayo et al. (2021) la secuenciación de alto rendimiento para fines metagenómicos puede ser empleada de dos formas: secuenciación específica de genes (secuenciación dirigida) y secuenciación de todos los nucleótidos presentes (secuenciación *shotgun*). De igual manera mencionan que las técnicas HTS pueden analizar un número mucho mayor de moléculas de ácidos nucleicos (provenientes de organismos vivos o muertos), lo que permite una descripción mucho más completa de los componentes microbianos de un

queso, que por ende, proporciona información sobre la dinámica general de la población.

De acuerdo a diversos autores la HTS se aplica para conocer las comunidades de microorganismos presentes en un microambiente, por ello en productos lácteos, se han empleado para la caracterización de la microbiota del queso durante el período de maduración así como conocer la contribución de cada una de las comunidades de microorganismos presentes en la generación de características sensoriales únicas en quesos con denominación de origen, y para determinar la tipicidad (Anastasiou et al., 2022; Afshari et al., 2020a; Kamilari et al., 2019; Kergauray et al., 2015).

2.5. Estudio de las comunidades microbianas mediante el empleo de las ciencias ómicas

Hoy en día el empleo de múltiples ciencias ómicas ha tenido un auge creciente para revelar la sucesión de la microbiota en ecosistemas, detectar genes, y entender la formación de sabores en alimentos fermentados (Yuan et al., 2025). Por tal motivo, el empleo de los enfoques ómicos en el entendimiento de la dinámica que existen entre microbiota y las reacciones bioquímicas que ocurren durante todo el proceso de elaboración del queso, ha ayudado a dilucidar los mecanismos de los grupos de microorganismos que inciden en las características sensoriales y de la funcionalidad del queso. Dentro de las ciencias encargadas de investigar las interacciones entre los grupos de microorganismos presentes en la matriz del queso se encuentran la metagenómica que estudia el ADN, la metatranscriptómica que tiene como objetivo el estudio del ARN, la metaproteómica estudia las proteínas y la metabolómica encargada del estudio de los metabolitos de manera masiva (Afshari et al., 2020a; Tilocca et al., 2020; Anastasiou et al., 2022; Jiang et al., 2022).

2.5.1. Metagenómica

El término “metagenómica” apareció en 1998 (Chauhan et al., 2022), esta ciencia o enfoque se encuentra basada en el estudio del material genético específicamente del ADN, el cual es secuenciado mediante diversas técnicas o

tecnologías pertenecientes a los métodos independientes de cultivo pertenecientes a la secuenciación de alto rendimiento (secuenciación de nueva generación) (Rodríguez-Santiago & Armenol 2012; Lavezzo et al., 2016; Rubio et al., 2020; Afshari et al., 2020b; Kamilari et al., 2019; Ercolini , 2020). Asimismo, Anastasiou et al. (2022) mencionan que la metagenómica presenta dos enfoques diferentes en la HTS: la secuenciación de amplicones en donde se amplifica y secuencia un gen marcador altamente conservado o una región del genoma del ADN extraída de manera directa de una comunidad microbiana de la matriz alimentaria; siendo el gen 16S rARN para bacterias y el 18S rARN para el caso de hongos y levaduras. Mientras que en la secuenciación por *shotgun*, el ADN extraído es secuenciado en su totalidad, proporcionando identificación taxonómica y el potencial metabólico de la microbiota por medio de la reconstrucción de las rutas metabólicas.

Hoy en día, la metagenómica considerada un campo emergente del área de la microbiología, contribuye a vislumbrar los cambios biológicos causados en la estructura de los alimentos a través del conocimiento de la microbiota en los productos alimenticios (Santiago-Rodríguez et al., 2016; De Filippis et al., 2017; Afshari et al., 2018; Anastasiou et al., 2022). La utilización de la metagenómica genera una visión clara acerca del proceso de elaboración, tipicidad y características únicas de un queso con el objetivo de distinguir o discriminar las diferentes variedades de este producto lácteo (Kergourlay et al., 2015; Kamilari et al., 2019).

La metagenómica ha sido utilizada en investigaciones para identificar la microbiota en productos lácteos hasta el principio del siglo XXI, se empleó para secuenciar el genoma completo de *L. lactis* debido a que esta bacteria es una de las más empleadas en cultivos iniciadores (Afshari et al., 2020a; Anastasiou et al., 2022). En el caso de quesos, estudios metagenómicos han revelado la presencia de *Prevotella* y *Arthrobacter* en quesos irlandeses (Afshari et al. 2020a; Kergourlay et al., 2016). En el 2014 se llevó a cabo un estudio metagenómico para conocer la composición de la corteza de tres tipos de quesos revelando la

presencia de especies poco comunes: *Pseudoalteromonas haloplanktis* y *Psychrobacter immobilis* (Wolfe et al., 2014, Afshari et al., 2020). Mientras otra investigación documentó los cambios en las comunidades bacterianas asociadas al proceso de elaboración artesanal del queso de Poro hasta los 60 días de maduración, mediante pirosecuenciación 454 (Aldrete-Tapia et al., 2014). En leche cruda se han encontrado los siguientes géneros de microorganismos: *Macrococcus*, *Staphylococcus*, *Enterococcus*, *Streptococcus*, *Lactobacillus* y *Enhydrobacter*; mientras que la diversidad microbiana en la cuajada y queso está compuesta principalmente por *Streptococcus* y *Lactobacillus*. Pero después de la etapa de cuajado, las especies con dominancia son *Streptococcus thermophilus* y *Lactobacillus delbrueckii* (Aldrete-Tapia et al., 2014).

De acuerdo con Escobar-Zepeda et al. (2016), en el queso Cotija la microbiota se encuentra representada principalmente por tres géneros: *Lactobacillus*, *Leuconostoc* y *Weissella* y por alrededor de 500 géneros no dominantes. Mientras que en el queso bola de Ocosingo predominan cinco géneros *Streptococcus thermophilus*, *Lactococcus lactis*, *Lactobacillus helveticus*, *L. delbrueckii* y *L. plantarum* (Aldrete-Tapia et al., 2018). Un estudio cuyo objetivo fue conocer la microbiota de diversos quesos artesanales mexicanos, entre los que se encuentra: el cincho, demostró la presencia predominante de los géneros bacterianos: *Streptococcus*, *Lactococcus*, *Kiebsiella* y *Enterobacter*. Mientras que, del reino fungi predominan: *Saccharomyces*, *Candida*, *Scheffersomyces* y *Dikarya* (Murugesan et al., 2018). En un estudio sobre el queso adobera se destacan tres géneros: *Streptococcus*, *Lactococcus* y *Lactobacillus* (Ruvalcaba-Gómez, 2020). El análisis taxonómico de las comunidades mediante secuenciación de alto rendimiento del gen 16S en quesos artesanales procedentes del noreste del Argentina se encontró que los géneros predominantes fueron *Streptococcus*, *Enterococcus* y *Lactococcus* (Suárez et al., 2020). El estudio bajo el enfoque de la metagenómica, de cinco quesos artesanales originarios de dos regiones de Brasil demostró que *Lactococcus lactis subsp. lactis* fue la bacteria más común. Asimismo, demostraron que, en la región sur, predomina *Streptococcus thermophilus*, mientras que en la región

sureste se encontraron estreptococos pertenecientes a una nueva especie del grupo *S. salivarius* y a *S. infantarius*. La corteza de los quesos de la región sur está conformada por bacterias ácido lácticas y levaduras, siendo la dominante *D. hansenii*; mientras que la microbiota presente en las cortezas del queso de la región sureste está dominada por la bacteria *Corynebacterium variable*, y las levaduras *Diutina catenulata*, *Debaryomyces hansenii* y *Kodamaea ohmeri* (Kothe et al., 2022). Mientras que Ocampo Morales et al. (2026), en el queso Crema de Chiapas la microbiota está representada por los géneros bacterianos: *Streptococcus*, *Lactobacillus* y *Lactococcus*, y las levaduras *Candida etchellsii* y *Candida tropicalis* durante el período de maduración.

2.5.2. Metabolómica

El enfoque de la metabolómica pertenece a una de las cuatro disciplinas que hasta el momento se emplean para entender a las comunidades microbianas en alimentos, dicha ciencia tiene como objetivo primordial identificar y cuantificar de manera simultánea los metabolitos que se producen y que son modificados por el metabolismo de los microorganismos activos (Afshari et al., 2020a; Li et al., 2022; Jiang et al., 2022; Shu, 2022). El estudio de los metabolitos puede ser con enfoque dirigido o específico en el cual se busca analizar un grupo de metabolitos en una muestra. Mientras que el estudio no dirigido se enfoca en descubrir todos los metabolitos presentes en la muestra (Afshari et al., 2020b; Liu et al., 2019; Anastasiou et al., 2022). De igual forma puede ser informativa debido a que puede identificar y cuantificar los metabolitos, o discriminativa porque diferencia cierto grupos de metabolitos presentes en la muestra de estudio (Afshari et al., 2020a; Liu et al., 2019; Khattab et al., 2019). Según Afshari et al. (2020b) este campo de investigación es multidisciplinar debido a que se encuentra conformado por la química analítica, la bioquímica y la bioinformática para poder estudiar los metabolitos.

Para llevar a cabo un análisis metabolómico de una muestra se recomienda la siguiente secuencia: preparación y extracción de la muestra, separación, identificación y cuantificación (Afshari et al., 2020a; Liu et al., 2019). Dentro de

las técnicas para elucidar e identificar metabolitos se encuentran la cromatografía de alto rendimiento, la cromatografía líquida, la cromatografía de gases y electroforesis capilar, habitualmente acopladas a espectrometría de masa; así como la resonancia magnética nuclear (Afshari et al., 2020a; Li et al., 2020; Jiang et al., 2022; Shu, 2022).

Los estudios metabolómicos en los quesos se han enfocado a caracterizar las variedades de quesos por el tipo de metabolitos presentes en ellos, la verificación de procesos de elaboración de los quesos, la calidad de las materias primas empleadas en su elaboración, la prevención de fraudes o adulteraciones, la detección de microorganismos de patógenos, la seguridad alimentaria y trazabilidad del producto y la originalidad en quesos con denominación de origen (Shu, 2022; Jiang et al., 2022; Li et al., 2020; Khattab et al., 2019; Afshari et al., 2020a; Le Sheikha y Hu 2018).

Le Boucher et al. (2015) emplearon los análisis metabolómicos para investigar la influencia de adulteración con respecto a los parámetros de maduración mediante cromatografía líquida de alta rendimiento acoplado a espectrometría de masa en muestras de quesos madurados a 2, 13 y 25 días, y utilizando dos métodos de extracción.

2.5.3. Metaproteómica

Actualmente la disciplina de metaproteómica ha comenzado a tener un mayor auge debido a que proporciona una herramienta para comprender a gran escala el engranaje de las comunidades microbianas mediante el reconocimiento y cuantificación de las proteínas presentes en la microbiota, dando una percepción directa de los fenotipos de los microorganismos hasta un nivel molecular, mediante el estudio de la expresión génica de los mismos y la dinámica dentro la comunidad (Kleiner, 2019; Salvato et al., 2021; Van Den Bassche et al., 2021). Los avances de esta ciencia se deben a las nuevas tecnologías desarrolladas por los investigadores para la separación de péptidos y/o proteínas. Anastasiou et al. (2022), en la cromatografía líquida de alta resolución, una técnica que permite la

separación de las mezclas peptídicas, así como la espectrometría de masas de alta resolución que permite su identificación (Klenier, 2019; Salvato et al., 2021).

En los últimos años en la Unión Europea han surgido problemas con los quesos que cuentan con denominación de origen protegida (DOP) debido a que se han detectado adulteraciones, para contrarrestar este problema ha utilizado el enfoque de la metaproteómica (Bouroutzika et al., 2021). Asimismo, los estudios de las proteínas se han empleado para diferenciar entre proteínas originadas durante el proceso de maduración del queso, y para identificar proteínas que tengan la capacidad de ser bioactivas.

2.6. Combinación de los enfoques ómicos para la comprensión de la microbiota del queso

Desde el auge de los enfoques ómicos se han aplicado diversos estudios en queso utilizando alguna de las cuatro disciplinas para investigar la interacción de las comunidades de sus microorganismos; sin embargo, al solo abordar uno de estos enfoques, es muy difícil comprender los procesos biológicos que ocurren en la matriz del queso; en consecuencia, recientemente se han empleado los enfoques multiómicos, para proporcionar información sobre la calidad, basada en la dinámica de la microbiota y sus interacciones durante el período de maduración (Afshari et al., 2020a; Anastasiou et al., 2022; Jiang et al., 2022).

La integración de la metagenómica y metatranscriptómica permite una obtener una visión más completa de la actividad de la microbiota en el sistema de fermentación, y reconocer las funciones en el queso y detallar vías metabólicas de la fermentación para descubrir el aporte al sabor (Jiang et al., 2022). Mientras que Jiang et al. (2022) mencionan que la combinación entre la metagenómica y la metaproteómica permite predecir los genes, e investigar la expresión de las proteínas, proporcionando información sobre los cambios dinámicos en la microbiota del queso. Por otro lado, la interacción de la metagenómica y metabolómica ayuda a integrar a las comunidades de microorganismos de forma individual con los metabolitos con el objetivo de reconocer cada una de las cepas con un potencial específico en la formación del sabor del queso. Dicha

compaginación permite visualizar mejor los procesos de maduración y conocer las posibles variables que interfieren en la calidad del queso, además de exhibir las relaciones entre los géneros específicos de este y los metabolitos. Asimismo, puede emplearse para identificar biomarcadores moleculares con el fin de cotejar la maduración de los quesos.

2.7. Literatura citada

- Afshari, R., Pillidge, C.J., Dias, D.A., Osborn, M.A., & Gill, H. (2020a). Cheesomics: the future pathway to understanding cheese flavour and quality. *Critical Reviews in Food Science and Nutrition*, 60(1):33-47. doi: 10.1080/10408398.2018.1512471.
- Afshari, R., Pillidge, C. J., Read, E., Rochfort, S., Dias, D. A., Osborn, A. M., & Gill, H. (2020b). New insights into cheddar cheese microbiota-metabolome relationships revealed by integrative analysis of multi-omics data. *Scientific Reports*, 10, 3164. <https://doi.org/10.1038/s41598-020-59617-9>
- Aldrete-Tapia, A., Escobar-Ramírez, C.M., Tamplin, M.L., & Hernández-Iturriaga, M. (2018). Characterization of bacterial communities in Mexican artisanal raw milk “Bola de Ocosingo” cheese by high-throughput sequencing. *Frontiers in microbiology*, 29; 9:2598. doi: 10.3389/fmicb.2018.02598.
- Aldrete-Tapia, A., Escobar-Ramírez, C.M., Tamplin, M.L., & Hernández-Iturriaga, M. (2014). High-Throughput sequencing of microbial communities in Poro cheese, an artisanal Mexican cheese. *Food Microbiology*, 44:136-41. doi: 10.1016/j.fm.2014.05.022.
- Anastasiou, R., Kazou, M., Georgalaki, M., Aktypis, A., Zoumpopoulou, G., & Tsakalidou, E. (2022). Omics approaches to assess flavor development in cheese. *Foods*. 11;(2):188. doi: 10.3390/foods11020188.
- Bouroutzika, E., Proikakis, s., Anagnosropoulos, A.k., Katsafadou, A.I., Fthenakis, G.C., & Tsangaris, E. T. (2021). Proteomics analysis in dairy products: Cheese, a Review. *Appl. Sci.*, 1(16), 7622. <https://doi.org/10.3390/app11167622>
- Choi, J., Lee, S.I., Rackerby, B., Goddik, L., Frojen, R., Ha, S., Kim, J., & Park, S.H. (2020). Microbial community of a variety of cheeses and comparison between core and rind region of cheeses. *Journal of Dairy Science*, 103 (5). 4026-4042. <https://doi.org/10.3168/jds.2019-17455>
- Chauhan, G., Arya, M., Pathak, A., Singh, P., & Sharma, M. (2022). Metagenomics for mining of thermoalkalophilic enzymes. En *Microbial extremozymes: Novel sources and industrial applications* (pp. 259–274). Elsevier. <https://doi.org/10.1016/B978-0-12-822945-3.00015-4>

- Chombo-Morales, P. (2022). Aportación de la lactología en México. Construyendo redes de conocimiento. 1ª ed. Centro de Investigación y Asistencia en Tecnología y Diseño del Estado de Jalisco A.C.
- Demirci, T., Oraç, A., Aktaş, K., Dertli, E., Akyol, I., & Akin, N. (2021). Comparison of culture-dependent and culture-independent techniques in the detection of lactic acid bacteria biodiversity and dynamics throughout the ripening process: The case of Turkish artisanal Tulum cheese produced in the Anamur region. *Journal of Dairy Research*, 88(4), 445–451. <https://doi.org/10.1017/S0022029921000765>
- El Sheikha, A.F., & Hu, D.M. (2018). Molecular techniques reveal more secrets of fermented foods. *Critical Reviews in Food Science and Nutrition*, 60(1):11-32. doi: 10.1080/10408398.2018.1506906.
- Ercolini, D. (2020). Secrets of the cheese microbiome. Genomic technologies offer opportunities to monitor microbial strains and their metabolic features to reconstruct the history of cheese. *Food Microbiology*, 1. 466-467.
- Escobar-Zepeda, A., Sánchez-Flores, A., & Quirasco Baruch, M. (2016), Metagenomic analysis ripened cheese reveals a unique complex. *Food Microbiology*, 57:116-27. doi: 10.1016/j.fm.2016.02.004
- Ferreira, L.R., de Almeida, T.T., Andretta, M., Perin, L.M., Camargo, A.C., de Carvalho, A.F., & Nero, L.A. (2022) Further culture-independent characterization of the lactic microbiota of Serro artisanal cheese. *Braz J Microbiol*, 53(3):1593-1598. doi: 10.1007/s42770-022-00778-2.
- González-Córdova, A.F., Yescas, C., Ortiz-Estrada, A.M, De la Rosa-Alcaraz, M.A, Hernández-Mendoza, A., & Vallejo-Cordoba, B. (2016). Invited review: artisanal Mexican cheeses. *Journal of Dairy Science*. 99(5):3250-3262. doi: 10.3168/jds.2015-10103.
- Jiang, N., Wu, R., Wu, C., Wang, R., Wu, J., & Shi, H. (2022). Multi-omics approaches to elucidate the role of interactions between microbial communities in cheese flavor and quality. *Food Reviews International*. 39(8), 5446–5458. <https://doi.org/10.1080/87559129.2022.2070199>
- Kamilari, E., Tomazou, M., Antoniadis, A., & Tsaltas, D. (2019). High throughput sequencing technologies as a new toolbox for deep analysis, characterization and potentially authentication protection designation of origin cheeses?. *International Journal of Food Science*, 20; 2019:5837301. doi: 10.1155/2019/5837301.
- Kergourlay, G., Taminiau, B., Daube, G., & Champomier Vergés, M.C. (2015). Metagenomics insights into the dynamics of microbial communities in food. *International Journal of Food Microbiology*, 20; 213:31-9. doi: 10.1016/j.ijfoodmicro.2015.09.010.
- Khattab, A.R., Guirguis, H.A., Tawfik, S.M., & Farag, M.A. (2019). Cheese ripening: A review on modern technologies towards flavor enhancement,

- process acceleration, and improved quality assessment. *Trends in Food Science & Technology*, 88. 343-360.doi:[10.1016/j.tifs.2019.03.009](https://doi.org/10.1016/j.tifs.2019.03.009)
- Kleiner, M. (2019). Metaproteomics: Much more than measuring gene expression in microbial communities. *mSystems*. 4(3). E00115-19. 9. <https://doi.org/10.1128/mSystems.00115-19>.
- Kothe, C.I., Mohellibi, N., & Renault, P. (2022). Revealing the microbial heritage of traditional Brazilian cheeses through metagenomics. *Food Research International*, 157:111265. doi: 10.1016/j.foodres.2022.111265.
- Lavezzo, E., Barzon, L., Toppo, S., & Palú, G. (2016). Third generation sequencing technologies applied to diagnostic microbiology: benefits and challenges in applications and data analysis. *Expert Review of Molecular Diagnostics*, 16(9):1011-23. doi: 10.1080/14737159.2016.1217158.
- Le boucher, C., Courant, F., Royer, A.L., Jeanson, S., Lortal, S., Dervilly-Pinel, G., Thierry, A., & Le Bizec. (2015). LC-HRMS fingerprinting as an efficient approach to highlight fine differences in cheese metabolome during ripening. *Metabolomics*, 11, 1117–1130. <https://doi.org/10.1007/s11306-014-0769-0>
- Li, S., Tian, Y., Jiang, P., Lin, Y., Liu, X., & Yang, H. (2021) Recent advances in the application of metabolomics for food safety control and food quality analyses. *Crit Rev Food Sci Nutr*.;61(9):1448-1469. doi: 10.1080/10408398.2020.1761287.
- Mayo, B., Rodríguez, J., Vázquez, L., & Flórez, A.B. (2021). Microbial interactions within the cheese ecosystem and their application to improve quality and safety. *Foods* 10, 602. <https://doi.org/10.3390/foods10030602>
- Mendoza-Cuevas, J.A., Santos-Moreno, A., Rosas-Barbosa, B.T., Ybarra-Moncada, Ma.C., Flores-Girón, E., & Guerra-Ramírez, D. (2023). Cambios en el recuento de cuatro grupos bacterianos durante la maduración del Queso de Prensa (Costeño) de Cuajinicuilapa, México. *Revista mexicana de ciencias pecuarias*, 14(1), 94-109. <https://doi.org/10.22319/rmcp.v14i1.6121>
- Murugesan, S., Reyes-Mata, M.A., Nirmalkar, K., Chávez-Carbajal, A., Juárez-Hernández, I., Torres-Gómez, R.E., Pina-Escobedo, A., Maya, O., Hoyo-Vadillo, C., Ramos-Ramírez, E.G., Salazar-Montoya, J.A., & García-Mena, J. (2018). *Profiling of bacterial and fungal communities of Mexican cheeses by high throughput DNA sequencing*. *Food Research International*, 13:371-381. doi: 10.1016/j.foodres.2018.07.023.
- Nájera, A.I., Nieto, S., Barron, L.J.R. & Albisu, M. (2021) A review of the preservation of hard and semi-hard cheeses: quality and safety. *Int. J. Environ. Res. Public Health*, 18, 9789. <https://doi.org/10.3390/ijerph18189789>
- Ocampo Morales, B. N., Hernández Montes, A., Estrada, K., & Valadez Moctezuma, E. (2026). Physicochemical and microbiome changes in

- queso crema de Chiapas during ripening. *PLoS ONE*, 21(1), e0323038. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0323038>
- Parente, E., Zotta, T., & Ricciardi, A. (2022). A review of methods for the inference and experimental confirmation of microbial association networks in cheese. *International Journal of Food Microbiology*, 368, 109618. <https://doi.org/10.1016/j.ijfoodmicro.2022.109618>.
- Penna, A.L.B., Gigante, M.L., & Todorov, S.D. (2021). Artisanal Brazilian cheeses—history, marketing, technological and microbiological aspects. *Foods*, 10, 1562. <https://doi.org/10.3390/foods10071562>
- Pineda, A.P.A., Campos, G.Z., Pimentel-Filho, N.J., Franco B.D.G.d.M., & Pinto U.M. (2021) Brazilian artisanal cheeses: Diversity, microbiological safety, and challenges for the sector. *Front. Microbiol.*, 12:666922. doi: 10.3389/fmicb.2021.666922
- Rodríguez-Santiago, B., & Armengol, L. (2012). Tecnologías de secuenciación de nueva generación en diagnóstico genético pre- y postnatal. *Diagnóstico Prenatal*, 23(2). 56-66.
- Rubio, S., Pacheco-Orozco, R.A., Gómez, A.M., Perdomo, S., & García-Robles, R. (2020). Secuenciación de nueva generación (NGS) de ADN: presente y futuro en práctica clínica. *Univ. Med.*, 61(2), 49-63. <https://doi.org/10.11144/javeriana.umed61-2.sngs>
- Ruvalcaba-Gómez, J.M. (2020). Estudio de la microbiota asociada a la producción de queso adobera artesanal y sus perspectivas biotecnológicas. (Tesis Doctoral). Centro de Investigación en Biotecnología Aplicada. Instituto Politécnico Nacional. Tlaxcala.
- Salamandane, A., Leech, J., Almeida, R., Silva, C., Crispie, F., Cotter, P.D., Malfeito-Ferreira, M., & Brito, L. (2024). Metagenomic analysis of the bacterial microbiome, resistome and virulome distinguishes Portuguese Serra da Estrela PDO cheeses from similar non-PDO cheeses: An exploratory approach. *Food Res Int.*, 189:114556. doi: 10.1016/j.foodres.2024.114556
- Salvato, F., Hettich, R., & Kleiner, M. (2021). Five key aspects of metaproteomics as a tool to understand functional interactions in host-associated microbiomes. *pLoS Pathog.*, 25;17(2): e1009245. doi: 10.1371/journal.ppat.1009245.
- Santiago-Rodríguez, T.M., Cano, R., & Jiménez-Flores. (2016). Potential applications of metagenomics to assess the biological effects of food structure and function. *Food and Function*, 7, 4160-4169. DOI <https://doi.org/10.1039/C6FO00317F>
- Shu, J.H. (2022). Critical review: Metabolomics in dairy science- evaluation of milk and milk product quality. *Food Research International*, 154: 110984. doi: 10.1016/j.foodres.2022.110984.

- Suárez, N., Weckx, S., Minahk, C., Herbert., E.M., & Saavedra, L. (2020). Metagenomics-based approach for studying and selecting bioprotective strains from the bacterial community of artisanal cheese. *International Journal of Food Microbiology*, 355. 108894.
- Tilocca, B., Costanzo, N., Morittu, V.M., Spina, A.A., Soggiu, A., Britti, D., Roncada, P., & Piras, C. (2020). Milk microbiota: Characterization methods and role in cheese production. *J Proteomics*, 6; 210:103534. doi: 10.1016/j.jprot.2019.103534.
- Van Den Bossche, T., Arntzen, M.O., Becher, D., Benndor, D., Eijssink, V.G.H., Henry, C., Jagtap, P.D., Jehmlich, N., Juste, C., Kunath, B.J., Mesuere, B., Muth, T., Pope, P.B., Seifert, J., Tanca, A., Uzzau, S., Wilmes, P., Hettich, R.L., & Armengaud, J. (2021). The metaproteomics initiative: a coordinated approach for propelling the functional characterization of microbiomes. *Microbiome*, 20;9(1):243. doi: 10.1186/s40168-021-01176-w.
- Villegas de Gante, A., Santos-Moreno, A., Cervantes-Escoto, F. (2016) Los quesos mexicanos tradicionales. 1a ed. Universidad Autónoma Chapingo.
- Villegas de Gante, A., Santos-Moreno, A., Pérez-Esteban, G., & Torres-Salas, V. (2024). *Biodiversidad microbiana en quesos mexicanos tradicionales y sus implicaciones*. 1ª ed. Universidad Autónoma Chapingo.
- Wolfe, B.E., Button J.E., Santarelli, M., Dutton J.R. (2014). Cheese rind communities provide tractable systems for in situ and in vitro studies of microbial diversity. *Cell*, 158 (2):422–33.
- Yuan, J., Ma, D., Yang, Y., Zhao, Y., Ren, H., Liu, X., Tan, M., & Li, K. (2025). A review and prospectes: Multi-omics and artificial intelligence-based approaches to understanding the effects of lactic acid bacteria and yeast interactions on fermented foods. *Innovative Food Science and Emerging Technologies*, 99(2025) 103874. <https://doi.org/10.1016/j.ifset.2024.103874>
- Zotta, T., Ricciardi, A., Condelli, N., & Parente, E. (2022). Metataxonomic and metagenomic approaches for the study of undefined strain starters for cheese manufacture. *Critical Reviews in Food Science and Nutrition*, 62(14), 3898–3912. <https://doi.org/10.1080/10408398.2020.1870927>

3. EFECTO DE LA MADURACIÓN SOBRE LAS PROPIEDADES FISICOQUÍMICAS Y ANTIOXIDANTES DEL QUESO DE PRENSA DE CUAJINICUILAPA, GUERRERO.

3.1 Resumen

El queso de prensa artesanal elaborado con leche de vaca sin pasteurizar se consume en diferentes grados de maduración, sin embargo, hasta la fecha se carece de información de los beneficios o riesgos que representa este alimento según el momento de su consumo. El objetivo de este estudio fue evaluar los cambios en las características fisicoquímicas, perfil de ácidos grasos y el potencial nutracéutico del extracto acuoso libre de grasa a lo largo de 90 días de maduración, del queso de prensa elaborado en el municipio de Cuajinicuilapa, Guerrero, con el fin de conocer las características de este alimento a diferentes tiempos de maduración. El queso fue adquirido en tres queserías (A, B y C) de Cuajinicuilapa. El análisis de las muestras, a los 5, 45 y 90 días de maduración, consistió en la determinación de las propiedades fisicoquímicas, capacidad antioxidante y un perfil *flash*. Los resultados mostraron que, a medida que avanza la maduración, ocurren cambios de los nutrientes: proteína (46-34 %) y grasa (43-37%). En la fracción lipídica de los quesos, se detectaron 15 ácidos grasos, de los cuales 9 son saturados (57%) y 6 insaturados (32%). El contenido fenólico (6.69-4.57 $\mu\text{g EAG g}^{-1}$) y la capacidad antioxidante (ABTS 111.13-55.87 y CUPRAC 9.05-2.69 $\mu\text{mol ET g}^{-1}$) exhibieron un aumento significativo a los 45 d de maduración. En cuanto a las características sensoriales, los quesos con 5 d de maduración presentaron los siguientes atributos: aroma a lácteo, humedad y sensación grasa, mientras que los de 90 d se distingue un color amarillo, dureza y olor a ácido propiónico. Estos resultados indican que la maduración modifica las características fisicoquímicas, sensoriales del queso además de promover la generación de compuestos bioactivos con potencial nutracéutico.

Palabras claves: Quesos artesanales, lipólisis, péptidos bioactivos, antioxidantes, proteólisis.

Tesis de Doctorado en Ciencias Agroalimentarias, Programa de Posgrado en Ciencia y Tecnología Agroalimentarias, Universidad Autónoma Chapingo

Autor: M.C. José Alberto Mendoza Cuevas

Director de Tesis: Dra. Diana Guerra Ramírez

Artículo enviado a la Revista Mexicana de Ciencias Pecuarias

EFFECT OF RIPENING ON THE PHYSICOCHEMICAL AND ANTIOXIDANT PROPERTIES OF PRENSA CHEESE FROM CUAJINICUILAPA, GUERRERO.

Abstract

Artisanal “prensa” cheese made from unpasteurized cow’s milk is consumed at different stages of ripening; however, to date there is no information regarding the benefits or risks that this food may pose depending on the time of its consumption. The aim of this study was to evaluate the physicochemical characteristics, fatty acid profile, and nutraceutical potential of the fat-free aqueous extract over 90 days of ripening of prensa cheese produced in the municipality of Cuajinicuilapa, Guerrero, in order to characterize this food at different ripening times. The cheese was obtained from three dairies (A, B and C) in Cuajinicuilapa. Samples collected at 5, 45, and 90 days of ripening were analyzed for physicochemical properties, antioxidant capacity, and a flash profile. The results showed that, as ripening progressed, changes occurred in nutrient contents: protein (46–34%) and fat (43–37%). In the lipid fraction of the cheeses, 15 fatty acids were detected, of which 9 were saturated (57%) and 6 unsaturated (32%). Both the phenolic content ((6.69–4.57 $\mu\text{g GAE g}^{-1}$) and the antioxidant capacity (ABTS 111.13–55.87 and CUPRAC 9.05–2.69 $\mu\text{mol TE g}^{-1}$) showed a significant increase at 45 days of ripening. Regarding sensory characteristics, cheeses with 5 days of ripening exhibited the following attributes: dairy aroma, moisture, and fatty mouthfeel, whereas cheeses with 90 days of ripening were characterized by a yellow color, firmness, and a propionic acid odor. These results indicate that ripening modifies the physicochemical, sensory, and microbiological characteristics of the cheese and promotes the generation of bioactive compounds with nutraceutical potential.

Keys Word: Artisanal cheese, lipolysis, bioactive peptides, antioxidants, proteolysis.

Doctoral Thesis. Doctorado en Ciencias Agroalimentarias, Universidad Autónoma Chapingo
Author: M. C. José Alberto Mendoza Cuevas
Advisor: Dra. Diana Guerra Ramírez

3.2. Introducción

El queso es un alimento primordial en la gastronomía local de diversas sociedades y forma parte integral en la elaboración platillos típicos (López-Expósito et al., 2017; Santiago-López, et al., 2018). Además de su valor gastronómico, es un alimento nutritivo y que aporta proteínas de alta calidad, lípidos de fácil digestión, vitaminas y minerales (Białek et al., 2020; Sarić et al., 2022). En los últimos años, diversas investigaciones indican que los quesos son una fuente de compuestos bioactivos, como péptidos y ácidos grasos insaturados, los cuales pueden tener efectos benéficos para la salud humana (Hernández-Galán et al., 2016; Barać et al., 2018; Öztürk & Akin, 2018; Manzo et al., 2019; Criste et al., 2020; Ochoa-Flores et al., 2021; Shaukat et al., 2021; Aguilar-Toalá et al., 2022; Sarić et al., 2022; Stankov et al., 2023, Bezerra et al., 2024).

Las características de un queso dependen del origen de la leche utilizada y el método de elaboración, sin embargo, durante el proceso de maduración se obtienen los atributos sensoriales, nutricionales, así como la generación de compuestos bioactivos (Öztürk & Akin, 2018; Manzo et al., 2019; Nájera et al., 2021; Sarić et al., 2022; Bezerra et al., 2024). En el transcurso del proceso de maduración de un queso, ocurren cambios bioquímicos y químicos que dan lugar a la textura, la apariencia, la microestructura y el sabor característico en cada una de las variedades de quesos (Białek et al., 2020; Criste et al., 2020; Akarca, 2020; Sarić et al., 2022).

El queso de prensa artesanal de las regiones de la Costa Chica de Guerrero y la Costa de Oaxaca; se produce principalmente en los municipios de Cuajinicuilapa en Guerrero y Santiago Pinotepa Nacional en Oaxaca (Mendoza-Cuevas et al., 2023; Villegas de Gante et al., 2024), y posee una forma prismático-rectangular, presenta una consistencia firme, su color va del blanco al amarillo y su peso oscila entre 1 kg a los 15 kg (Mendoza-Cuevas et al., 2023; Villegas de Gante et al., 2024).

El origen de este queso se remonta a más de 100 años (Mendoza-Cuevas et al., 2023), sin embargo, los estudios que permitan entender sus características fisicoquímicas y sensoriales son escasas. En este contexto, el objetivo de este trabajo fue evaluar las características fisicoquímicas, el perfil de ácidos grasos, el potencial antioxidante de un extracto acuoso enriquecido en péptidos y las propiedades sensoriales del queso de prensa elaborado en el municipio Cuajinicuilapa, Guerrero, a lo largo de 90 días de maduración, con el fin de aportar información sobre los cambios fisicoquímicos y sensoriales a diferentes tiempos de maduración y contribuir al conocimiento de los quesos artesanales de México.

3.3. Materiales y métodos

3.3.1. Obtención de las muestras de queso de prensa

Las muestras del queso de prensa artesanal, elaborados con leche cruda de vaca, se adquirieron en marzo de 2023 de tres queserías (A, B y C) del municipio de Cuajinicuilapa, Guerrero, México (16°28'18' N, 99°24'55' O). De cada quesería se adquirieron cuatro piezas de queso recién elaborados de un kilogramo de peso. Las muestras se trasladaron al municipio de San Marcos, Guerrero (16°47'46' N, 99°23'05' O) a un espacio con características similares a aquellas de las queserías de Cuajinicuilapa. En este lugar, las muestras de los quesos se dejaron madurar durante 5, 45 y 90 días. después de cada tiempo de maduración, las muestras se almacenaron en bolsas de polietileno y se conservaron a -17 °C hasta su análisis.

3.3.2. Análisis fisicoquímico de las muestras de queso de prensa

La composición proximal de cada una de las muestras de queso en diferentes períodos de maduración fue determinada mediante espectroscopia de infrarrojo cercano FoodScan™ Lab (FOSS Analytical AB, Hillerød, Dinamarca), utilizando 50 g de la muestra rallada obtenida del centro de cada queso (Yoo et al., 2019). El pH se midió utilizando un potenciómetro 420 A+ Thermo Orion™ (Thermo Fisher Scientific, Massachusetts, Estados Unidos) como lo describen Tekin & Güler (2019). Mientras que, para las mediciones de acidez titulable, se utilizó el método

reportado por la AOAC (2002). Los resultados obtenidos se expresan como porcentaje de ácido láctico, todos los análisis se realizaron por cuadruplicado.

3.3.3. Desgrasado de las muestras de queso de prensa

Una muestra de 120 g de queso, de cada unidad experimental, previamente molida se mezcló con 240 mL de hexano en un matraz Erlenmeyer. Cada matraz fue agitado a 150 rpm durante 3 horas manteniendo una temperatura de 37 °C en una incubadora orbital (Sev-Prendo INO-650 M, Mex). Una vez completado el tiempo de extracción se eliminó el hexano, empleando un evaporador rotativo modelo R-210 (Büchi Labortechnik AG, Fawil 1, Sui) a 30°C. Las muestras libres de grasa se almacenaron a -17 °C y la grasa extraída se conservó a 4 °C hasta su análisis (Hewavitharana et al., 2020).

3.3.4. Determinación del perfil de ácidos grasos en muestras de queso de prensa

La producción de ésteres metílicos de ácidos grasos (FAMES) para determinar el perfil de ácidos grasos en las muestras de las grasas de los quesos, se llevó a cabo según el método descrito por López-Yerena et al. (2018) mediante las reacciones de esterificación y transesterificación.

Los FAMES se analizaron en un cromatógrafo de gases Agilent 6890 con detector de ionización de llama (FID) utilizando una columna SP-2560 (75 m × 0,18 mm de diámetro interior × 0,14 µm de espesor de película). La temperatura inicial del horno fue de 140 °C con rampas de 4 °C establecidas por minuto hasta una temperatura final de 240 °C. Tanto la temperatura del inyector como la del detector fueron de 240 °C. Se utilizó helio como gas de arrastre a un flujo de 1,6 mL min⁻¹. Como estándar se empleó una mezcla de ésteres metílicos de ácidos grasos 37 DAME mix (Sigma Aldrich).

Los FAMES se identificaron comparando sus tiempos de retención con los tiempos de retención de los estándares de referencia y los resultados se expresan como porcentaje (%) del total de ácidos grasos presentes en la muestra.

3.3.5. Preparación de extractos solubles en agua de queso de prensa

Los extractos enriquecidos en péptidos se obtuvieron según el procedimiento descrito por Barac et al. (2019) con algunas modificaciones. Las muestras de queso libres de grasa (20 g) se mezclaron con 60 mL de agua destilada. El pH se ajustó a 4.6 con HCl 1M. La mezcla se homogeneizó (15 min) en un vortexer Symphony DS41(VNR, USA), se sonicó (15 min) en un Sonicator Modelo 8890 (Cole-Parmer, Illinois, USA) y se incubó (1 h a 40 °C y 110 rpm) en una incubadora orbital (Sev-Prendo INO-650 M, Mex). A continuación, las muestras se centrifugaron (4500 rpm, 20 min, 4 °C) en una centrifuga (5718R Frontier™, Ohaus, Nueva Jersey, EE. UU.). Los sobrenadantes se filtraron consecutivamente, primero a través del papel filtro Whatman™ No.41 y después por Whatman™ No.1. El filtrado se liofilizó (Labconco, Corp. KS, EE. UU.) y se utilizó para cuantificar el contenido fenólico y la capacidad antioxidante.

3.3.6. Determinación del contenido de fenoles totales en queso de prensa

El contenido fenólico se determinó siguiendo el método Folin-Ciocalteu adaptado a microplacas (Shaukat et al., 2021). El extracto enriquecido en péptidos previamente liofilizado (10 mg) se mezcló con 1 mL de agua destilada, posteriormente se tomó una alícuota de 25 µL del extracto, 125 µL de agua destilada, 20 µL del reactivo Folin-Ciocalteu y 30 µL de solución de Na₂CO₃ al 20%. La absorbancia se midió a 760 nm después de 30 minutos de incubación en un lector de microplacas modelo Synergy 2 (Biotek International, Vermont, EE. UU.). Los resultados se expresaron como microgramos equivalentes de ácido gálico por g de muestra (EGA µg g⁻¹). El análisis se hizo por cuatuplicado.

3.3.7. Capacidad antioxidante

3.3.7.1. Ensayo ABTS

El ensayo ABTS se evaluó de acuerdo con el método de Revilla et al. (2016) con algunas modificaciones. Una alícuota (20 µL) del extracto en estudio, se mezcló con 180 µL de la solución ABTS.*. La disminución de absorbancia de la mezcla de reacción se midió a 734 nm. Los resultados se expresaron como micromol equivalente de Trolox por gramo de extracto (µmol ET g⁻¹).

3.3.7.2 Ensayo CUPRAC

Se determinó la capacidad antioxidante con el método de la reducción de iones de cobre II (CUPRAC) reportado por Ozyürek et al. (2008) adaptado a microplacas. Una alícuota (20 µL) del extracto, 50 µL de solución $\text{CuCl}_2 \cdot 2\text{H}_2\text{O}$, 50 µL de solución de neocuproína, 50 µL de buffer de acetato de amonio y 30 µL de agua destilada. La absorbancia se midió a 540 nm después de 30 minutos de incubación en un lector de microplacas modelo Synergy 2 (Biotek International, Vermont, EE. UU). Los resultados se expresaron como micromol equivalente de Trolox por gramo de extracto ($\mu\text{mol ET g}^{-1}$)

3.3.8. Perfil *flash* descriptivo del queso de prensa

El análisis sensorial descriptivo de las muestras de queso de prensa en diferentes estados de maduración se llevó a cabo por el método descrito por Torres-Salas et al. (2023) con modificaciones. Se empleó un panel de 13 personas, durante la primera sesión, a cada panelista se le presentaron las muestras de los quesos A, B y C, con 5 y 90 días de maduración. Las seis muestras fueron presentadas de forma aleatoria y simultánea en vasos de plástico del No. 0, codificados con números aleatorios de tres dígitos. A continuación, los panelistas crearon una lista de atributos para diferenciar las muestras. Posteriormente se consensó la información en una lista de 10 atributos (color amarillo, sabor salado, aroma a lácteo, olor a pies, sabor ácido, sabor residual, dureza, humedad, granulosis y sensación grasosa). En una segunda sesión, a cada panelista se le presentaron nuevamente las seis muestras, simultáneamente, y se le pidió jerarquizarlas para cada atributo utilizando una escala ordinal del 1 al 6, considerando 6 como la muestra con la mayor intensidad del atributo.

3.4. Análisis estadístico

El análisis estadístico se fundamentó en un diseño con medias repetidas y asignación de tratamientos completamente al azar, evaluando el efecto de las queserías (A, B y C) a través del tiempo de maduración (5, 45 y 90 días) con cuatro repeticiones.

Las variables respuesta evaluadas incluyeron parámetros fisicoquímicos, perfil de ácidos grasos, compuestos fenólicos y capacidad antioxidante (ABTS). Los datos se analizaron mediante un modelo mixto, considerando el tiempo de maduración como efecto aleatorio y las queserías como efecto fijo (Stroup et al., 2018); las comparaciones de medias se realizaron mediante el método de Tukey-Kramer ($p \leq 0.05$), utilizando el paquete SAS versión 9.1 (SAS Institute, Inc., Cary, NC, EUA). El análisis del perfil *flash* se efectuó mediante un diseño completamente al azar, seleccionando panelistas con diferencias significativa ($p \leq 0.05$) en la mayoría de los atributos, mediante el programa SAS 9.0 (SAS Institute Inc., Cary, NC, USA). Con los datos de los panelistas seleccionados se hizo un análisis procrusteano generalizado (APG) (Torres-Salas et al., 2023) mediante el programa XLSTAT versión 2014 (Addinsoft, USA).

3.5. Resultados y discusión

3.5.1. Propiedades fisicoquímicas

Los resultados del análisis fisicoquímico de las muestras del queso de prensa durante el período de maduración se muestran en el Cuadro 1. Se observó una disminución significativa ($p \leq 0.05$) del contenido de humedad conforme avanzó la maduración, con reducciones de 61 % para los quesos de las queserías A y B; mientras que para la quesería C fue de 57%. Esta tendencia es semejante a lo reportado en queso Graviere, donde la humedad disminuyó hasta 36.36 % a los 90 días de maduración (Ioannidou et al., 2022). Asimismo, el queso añejo de Zacazonapan mostró una tendencia a disminuir el contenido de humedad a 28.77 % a los 180 días de maduración (Torres-Salas et al., 2023). La disminución del contenido de humedad durante el período de maduración se atribuye primordialmente a la deshidratación paulatina del queso, y al intercambio de compuestos volátiles entre la superficie y el ambiente de la sala de maduración (Ioannidou et al., 2022). Este fenómeno también puede estar influenciado por factores como la elaboración del queso, la temperatura de maduración, el proceso de sinéresis, la adicción de sal y la producción de ácido láctico (Yoo et al., 2019; Sardiñas-Valdés et al., 2021; Torres-Salas et al., 2023).

Para el caso de las proteínas, en general hubo una disminución estadísticamente significativa ($p \leq 0.05$) en los quesos de las tres queserías, durante la maduración. La reducción entre los días 5 al 90 fue de 20 %, para los quesos de las queserías A y C; mientras que para los quesos de la quesería B fue de 26 %.

La disminución en el contenido puede ser atribuido a la hidrólisis de las proteínas por el agente coagulante y enzimas nativas o microbianas, que generan compuestos de menor peso molecular (Fox et al., 2017; Ioannidou et al., 2022). El contenido de grasa se mantuvo sin diferencias significativas ($p \leq 0.05$) durante el tiempo de maduración, este resultado concuerda con lo reportado en el queso Provolone (Manzo et al., 2019) y el queso Mozzarella (Gulzar et al., 2019); donde el contenido de grasa no mostró diferencias estadísticas, aunque el contenido de grasa sea constante, estas pueden sufrir cambios debido a diferentes reacciones enzimáticas como la lipólisis, proceso metabólico que da lugar a la hidrólisis de los triacilglicéridos, por la acción de la lipasa, para producir glicerina y ácidos grasos libres (Ioannidou et al., 2022). El contenido de sal disminuyó significativamente durante los 90 días de maduración ($p \leq 0.05$), con reducciones de 58 % en los quesos de la quesería A, 53% en los quesos de la quesería B, y 29 % en los quesos de la quesería C, lo cual puede deberse a la migración de la sal hacia la superficie del queso y su pérdida asociada al lactosuero o al intercambio de humedad con el ambiente (Ramírez-Navas et al., 2017).

Los sólidos totales aumentaron significativamente ($p \leq 0.05$) a lo largo de la maduración, lo cual puede estar relacionado con la pérdida de humedad, la concentración de componentes de la leche (grasa, proteínas), y la actividad enzimática (Fox et al., 2017).

El pH aumentó constantemente entre los 5-90 días de maduración, con diferencias significativas ($p \leq 0.05$) (Cuadro 1). Esta tendencia puede deberse al consumo de ácido láctico por parte del hongos y levaduras y a la liberación de amoníaco y aminas asociadas con la desaminación y descarboxilación de aminoácidos libres (Öztürk & Akin, 2018; Jiao et al., 2021).

Cuadro 1. Composición químico proximal, en base seca, durante la maduración del queso de prensa, elaborado en tres queserías de Cuajinicuilapa, México.

Parámetros	Tiempo (días)	Quesería A	Quesería B	Quesería C
Humedad (%)	5	35.44±0.41 ^{Ca}	36.90±0.21 ^{Ba}	39.82±0.66 ^{Bc}
	45	15.66 ±0.62 ^{Ba}	14.56±0.22 ^{Aa}	18.07±0.19 ^{Ab}
	90	13.24±0.58 ^{Ab}	14.15±0.29 ^{Aab}	16.91±0.25 ^{Ab}
Proteína (%)	5	45.04±0.05 ^{Ba}	46.53±0.17 ^{Ba}	44.41±0.41 ^{Ca}
	45	38.81±0.82 ^{Ab}	35.92±0.36 ^{Aa}	38.51±0.30 ^{Bb}
	90	36.03±0.33 ^{Aa}	34.33±0.93 ^{Aa}	35.53±0.32 ^{Aa}
Grasa (%)	5	43.45±0.13 ^{Aa}	42.91±0.11 ^{Aa}	42.32±0.36 ^{Aa}
	45	41.56±0.42 ^{Ab}	42.93±0.49 ^{Ab}	39.25±0.34 ^{Aa}
	90	42.17±0.32 ^{Ab}	42.38±0.31 ^{Ab}	37.25±0.27 ^{Aa}
Sal (%)	5	4.01±0.02 ^{Bb}	3.83±0.01 ^{Bb}	3.49±0.08 ^{Ba}
	45	1.82±0.05 ^{Aa}	1.79 ±0.01 ^{Aa}	2.77±0.08 ^{Aa}
	90	1.67 ±0.15 ^{Aa}	1.79±0.07 ^{Aa}	2.46±0.12 ^{Ab}
Sólidos totales (%)	5	7.48±0.12 ^{Aa}	6.72 ±0.14 ^{Aa}	9.77±0.39 ^{Ab}
	45	17.78±0.75 ^{Ba}	19.34 ±0.64 ^{Bb}	19.44±0.60 ^{Bb}
	90	20.11±0.38 ^{Ca}	21.48±0.80 ^{Ca}	25.06±0.34 ^{Cb}
pH	5	5.34±0.01 ^{Ab}	5.10±0.01 ^{Aa}	5.33±0.01 ^{Ab}
	45	5.50±0.01 ^{Bb}	5.29±0.02 ^{Ba}	5.49±0.01 ^{Bb}
	90	5.55 ±0.01 ^{Bb}	5.38±0.01 ^{Ba}	5.43±0.01 ^{Bb}
Acidez titulable (%)	5	1.05±0.02 ^{Ab}	1.33±0.04 ^{Ac}	0.62±0.03 ^{Aa}
	45	1.68±0.02 ^{Bb}	1.80±0.03 ^{Bb}	0.75±0.01 ^{Aa}
	90	1.84±0.02 ^{Cb}	2.41±0.03 ^{Cc}	1.09±0.03 ^{Ba}

Los valores representan la media ± error estándar. Medias con letra minúscula en filas y medias con letra mayúscula en columna, seguidas de diferente letra, indican significancia estadística ($p \leq 0.05$).

La acidez titulable mostró un incremento a través del período de maduración del día 5 al día 90 ($p \leq 0.05$) principalmente en las queserías A y B como consecuencia por la acumulación de péptidos, aminoácidos generados durante la etapa de la proteólisis (Fox et al., 2017).

3.5.2. Perfil de ácidos grasos en muestras de queso de prensa

El perfil de ácidos grasos (AG) del queso de prensa se muestran en el Cuadro 2. En total se detectaron 15 AG, nueve fueron saturados, de los cuales el más abundante fue el ácido palmítico, y seis fueron insaturados, destacando el ácido oleico. Como se observa, los ácidos grasos saturados (AGS) se encuentran en mayor proporción que los ácidos grasos insaturados (AGI), con valores promedios entre 57 % y 32 % esta tendencia es similar con lo reportado para

diversas variedades de queso (Danezis et al., 2020; Ochoa-Flores et al., 2021; Mureşan et al., 2021; Aguilar-Toalá et al., 2022; Di Grigoli et al., 2022). El contenido mayor de AGS en el queso podría explicarse a la constitución de la grasa láctea, que está conformada mayoritariamente por ácidos grasos saturados (Barac et al., 2018; Criste et al., 2020).

La composición y proporción del perfil de AG en las diferentes variedades de quesos puede variar el contenido de AG en la leche cruda y el método de elaboración (Barac et al., 2018; Moneeb et al., 2019; Danezis et al., 2020).

Como se muestra en el Cuadro 3, la composición de la mayoría de los ácidos grasos en el queso de prensa no presentó cambios significativos ($p < 0.05$) durante la maduración (Cuadro 2). En contraste se observaron diferencias significativas en el ácido caproico, caprílico, cáprico, oleico y linoleico, lo cual puede ser atribuido: a la actividad lipolítica de las bacterias ácido lácticas (BAL) (Stankov et al., 2023). Durante la maduración de los quesos, los AG más abundantes fueron, en orden descendente, el ácido palmítico (C16:0), ácido oleico (C18:Δ⁹c), ácido esteárico (C 18:0), y el ácido mirístico (C 14:0). Estos resultados coinciden con lo reportado en queso blanco serbio en salmuera, queso Formaggella, queso Coahlo y queso artesanal de oveja (Barac et al., 2018; Formaggioni et al., 2020; Borba et al., 2022; Stankov et al., 2023).

Aunque los ácidos grasos saturados se han asociados con efectos negativos contra la salud, distintos estudios revelan que el consumo de queso no se relaciona con un mayor riesgo de enfermedades cardiovasculares (Barac et al., 2018; Sarić et al., 2022; Bittante et al., 2024). En particular el ácido esteárico, presenta un efecto metabólico neutro sobre el colesterol de baja densidad (LDL) y que puede ser convertido en ácido oleico (Barac et al., 2018; Moneeb et al., 2019; Sarić et al., 2022).

De igual manera los AGS de cadena corta y mediana como el ácido butírico (C4:0), el ácido caprílico (C8:0) y el ácido cáprico (C10:0), han exhibido efectos benéficos que comprende la disminución del colesterol sérico y hepático, así como propiedades antiproliferativas, antivirales y antibacterianas (Barac et al., 2018; Ochoa-Flores et al., 2021). Asimismo, los AGS de cadena impar como el

Cuadro 2. Composición de perfil de ácidos grasos (%) del queso de prensa durante la maduración, de tres queserías de Cuajinicuilapa, Guerrero.

Ácido graso	Tiempo (días)	Quesería A	Quesería B	Quesería C
Ácido Caproico (C6:0)	5	0.2930±0.02 ^{Ba}	0.2280±0.04 ^{Ba}	0.5005± 0.01 ^{Cb}
	45	0.2015±0.01 ^{Aa}	0.3930±0.071 ^{Ca}	0.2675±0.001 ^{Ba}
	90	0.2300±0.01 ^{Aa}	0.1370± 0.01 ^{Aa}	0.0993±0.03 ^{Aa}
Ácido Caprílico (C8:0)	5	0.3865±0.08 ^{Ba}	0.4135± 0.03 ^{Ba}	0.5120± 0.06 ^{Cb}
	45	0.2660±0.04 ^{Aa}	0.3260 ±0.07 ^{Aa}	0.3615±0.02 ^{Ba}
	90	0.4255±0.03 ^{Bb}	0.2965± 0.01 ^{Aa}	0.1330± 0.01 ^{Aa}
Ácido Cáprico (C10:0)	5	1.1630±0.15 ^{Aa}	1.4250 ±0.08 ^{Ba}	1.4285 ±0.18 ^{Ba}
	45	0.8925±0.07 ^{Aa}	1.5045±0.07 ^{Bb}	0.2330±0.01 ^{Aab}
	90	1.2005±0.16 ^{Aa}	1.1720±0.03 ^{Aa}	0.9615±0.01 ^{Aa}
Ácido Láurico (C12:0)	5	1.7345±0.18 ^{Aa}	2.2375±0.08 ^{Aa}	1.9565±0.21 ^{Aa}
	45	1.4665±0.08 ^{Aa}	2.4470±0.01 ^{Ab}	1.8200±0.01 ^{Aa}
	90	1.8550±0.15 ^{Ab}	1.9660±0.08 ^{Ab}	1.5505±0.08 ^{Aa}
Ácido Mirístico (C14:0)	5	8.3995±0.65 ^{Aa}	8.9690±0.40 ^{Aa}	8.7980±0.64 ^{Aa}
	45	7.5020±0.25 ^{Aa}	9.4555±0.09 ^{Ab}	8.5190±0.01 ^{Ab}
	90	8.8685±0.67 ^{Aa}	8.1940±0.22 ^{Aa}	8.4120±0.30 ^{Aa}
Ácido Pentadecanoico (C15:0)	5	1.5465±0.04 ^{Ab}	1.1865±0.04 ^{Aa}	1.6055±0.04 ^{Ab}
	45	1.4540±0.04 ^{Ab}	1.2445±0.04 ^{Aa}	1.5750±0.04 ^{Ab}
	90	1.6270±0.04 ^{Ab}	1.1420±0.04 ^{Aa}	1.5950±0.04 ^{Ab}
Ácido Palmítico (C16:0)	5	27.582±0.67 ^{Aa}	29.936±0.56 ^{Aa}	28.656±0.642 ^{Aa}
	45	27.825±0.46 ^{Aa}	30.571±0.24 ^{Aa}	28.434±0.04 ^{Aa}
	90	29.030±0.07 ^{Aa}	29.877±0.29 ^{Aa}	29.617±1.23 ^{Aa}
Ácido Palmitoleico (C16:1)	5	1.0760±0.42 ^{Aa}	1.4385±0.02 ^{Aa}	1.6350±0.06 ^{Aa}
	45	1.3440±0.03 ^{Aa}	1.4525±0.01 ^{Aa}	1.6040±0.01 ^{Aa}
	90	1.4640±0.03 ^{Aa}	1.3400±0.01 ^{Aa}	1.0245±0.41 ^{Aa}

Cuadro 2. Composición del perfil de ácidos grasos (%) del queso de prensa durante la maduración, de tres queserías de Cuajinicuilapa, Guerrero (Continuación).

Ácido graso	Tiempo (días)	Quesería A	Quesería B	Quesería C
Ácido Heptadecanoico (C17:0)	5	1.0690±0.07 ^{Ab}	0.7880±0.07 ^{Aa}	1.1690±0.07 ^{Ab}
	45	1.3560±0.07 ^{Bb}	0.7965±0.07 ^{Aa}	1.2620±0.07 ^{Ab}
	90	1.1330±0.07 ^{Ab}	0.7925±0.07 ^{Aa}	1.3575±0.07 ^{Ab}
Ácido Esteárico (C18:0)	5	13.798±0.22 ^{Aa}	13.495±0.12 ^{Aa}	11.314±0.21 ^{Aa}
	45	15.128±0.40 ^{Aa}	13.171±0.12 ^{Aa}	12.262±0.15 ^{Aa}
	90	14.041±0.70 ^{Aa}	14.054±0.11 ^{Aa}	13.910±1.23 ^{Aa}
Ácido Elaídico (C18: Δ^9 t)	5	2.8260±0.02 ^{Aa}	2.6550±0.09 ^{Aa}	2.5585±0.06 ^{Aa}
	45	3.0715±0.10 ^{Ab}	2.6915±0.03 ^{Aa}	2.4600±0.02 ^{Aa}
	90	2.7760±0.12 ^{Aa}	2.7115±0.03 ^{Aa}	2.8880±0.27 ^{Aa}
Ácido Oleico (C18: Δ^9 c)	5	25.884±0.30 ^{Aa}	26.146±0.41 ^{Aa}	26.146±0.41 ^{Aa}
	45	26.695±0.44 ^{Aa}	25.039±0.20 ^{Aa}	28.018±0.44 ^{Aa}
	90	25.323±1.41 ^{Aa}	25.393±0.08 ^{Aa}	31.710±2.78 ^{Bb}
Ácido Linoelaídico (C18: 2 $\Delta^{9,12}$ t)	5	0.2840±0.02 ^{Ab}	0.3080±0.08 ^{Ab}	0.1860±0.01 ^{Aa}
	45	0.2820±0.04 ^{Ab}	0.3150±0.01 ^{Ab}	0.2090±0.04 ^{Aa}
	90	0.2700±0.01 ^{Ab}	0.3070±0.03 ^{Ab}	0.2050±0.03 ^{Aa}
Ácido Linoleico (C18: 2 $\Delta^{9,12}$ c)	5	1.0020±0.02 ^{Aa}	1.5720±0.57 ^{Aa}	2.7075±0.57 ^{Bb}
	45	1.0120±0.03 ^{Aa}	1.5975±0.03 ^{Ab}	1.3915±0.03 ^{Aa}
	90	0.9925±0.07 ^{Aa}	1.5855±0.07 ^{Ab}	1.5230±0.07 ^{Ab}
Ácido cis-11-eicosenoico (C20: Δ^9)	5	0.5605±0.01 ^{Ac}	0.3850±0.02 ^{Ab}	0.2015±0.04 ^{Aa}
	45	0.5650±0.01 ^{Ac}	0.3955±0.01 ^{Ab}	0.2060±0.02 ^{Aa}
	90	0.5450±0.01 ^{Ac}	0.3725±0.02 ^{Ab}	0.2065±0.01 ^{Aa}

Los valores representan la media $\pm$ error estándar. Medias con letra minúscula en filas y medias con letra mayúscula en columna, seguidas de diferente letra, indican significancia estadística ($p \leq 0.05$).

ácido pentadecanoico (C15:0) y el ácido heptadecanoico (C17:0) han sido asociados positivamente al mejorar la sensibilidad de la insulina y la diabetes tipo II (Sarić et al., 2022)

En los quesos de prensa estudiados, predominaron los AG de cadena mediana (40 % a 45.5 %), seguidos por los AG de cadena larga (29.5% a 35.8 %) y en menor proporción los AG de cadena corta (0.09 % a 0.29 %), ver cuadro 3.

Los AG de cadena corta y mediana aportan directamente al sabor del queso y actúan como precursores de múltiples compuestos aromáticos, mientras que los AG de cadena larga contribuyen al sabor, la textura y la cremosidad (Zhang et al., 2022).

También los AG de cadena corta, por su alta volatilidad, presentan aromas intensos y pueden participar como sustratos en la formación de otros compuestos aromáticos (Zhang et al., 2022)

Cuadro 3. Composición total de ácidos grasos (%) del queso de prensa durante la maduración, de tres queserías de Cuajinicuilapa, Guerrero.

Ácidos grasos	Tiempo (días)	Quesería A	Quesería B	Quesería C
AGS	5	55.9725±1.35 ^{Aa}	58.6785±1.35 ^{Aa}	55.9400±1.35 ^{Aa}
	45	56.0920±1.35 ^{Aa}	59.9095±1.35 ^{Aa}	55.7345±1.35 ^{Aa}
	90	58.4105±1.35 ^{Aa}	57.6315±1.35 ^{Aa}	57.6372±1.35 ^{Aa}
AGI	5	31.6330± 0.91 ^{Aa}	32.5045±0.91 ^{Aa}	34.0730±0.91 ^{Aa}
	45	32.9700± 0.91 ^{Aa}	31.4910±0.91 ^{Aa}	33.889± 0.91 ^{Aa}
	90	31.3705± 0.91 ^{Aa}	31.162± 0.91 ^{Aa}	37.557± 0.91 ^{Ab}
AGCC	5	0.2930±0.02 ^{Aa}	0.2280±0.02 ^{Ba}	0.5005±0.02 ^{Cb}
	45	0.2015±0.02 ^{Ba}	0.3930±0.02 ^{Cb}	0.2675±0.02 ^{Ba}
	90	0.2300±0.02 ^{Ab}	0.1370±0.02 ^{Ab}	0.099±0.02 ^{Aa}
AGCM	5	40.8120±1.18 ^{Aa}	44.1675±1.18 ^{Aa}	42.9565±1.18 ^{Aa}
	45	39.4065±1.18 ^{Aa}	45.5485±1.18 ^{Ab}	41.9425±1.18 ^{Aa}
	90	43.0065±1.18 ^{Ba}	42.6475±1.18 ^{Aa}	42.2695±1.18 ^{Aa}
AGCL	5	14.8675±0.24 ^{Ab}	14.2830±0.24 ^{Ab}	12.4830±0.24 ^{Aa}
	45	16.4840±0.17 ^{Bb}	13.9680±0.17 ^{Aa}	13.5245±0.17 ^{Aa}
	90	15.1740±0.86 ^{ABa}	14.8470±0.86 ^{Aa}	15.2683±0.86 ^{Bb}
AGMI	5	30.3470±0.72 ^{Aa}	30.6245±0.72 ^{Aa}	31.1795±0.72 ^{Aa}
	45	31.6760±0.72 ^{Aa}	29.5785±0.72 ^{Aa}	32.2885±0.72 ^{Aa}
	90	30.1080±0.72 ^{Aa}	29.8170±0.72 ^{Aa}	35.8295±0.72 ^{Bb}
AGPI	5	1.2860±0.56 ^{Aa}	1.8800±0.56 ^{Aa}	2.8935±0.56 ^{Ac}
	45	1.2940±0.03 ^{Aa}	1.9125±0.03 ^{Aa}	1.6005±0.03 ^{Aa}
	90	1.2625±0.07 ^{Aa}	1.8925±0.07 ^{Aa}	1.7280±0.07 ^{Ab}

Los valores representan la media ± error estándar. Medias con letra minúscula en filas y medias con letra mayúscula en columna, seguidas de diferente letra, indican significancia estadística ($p \leq 0.05$).

3.5.3. Contenido de fenoles totales en muestras de queso de prensa

El contenido de fenoles totales (CFT) en los extractos solubles en agua del queso de prensa se muestra en el Cuadro 4, en este se muestran diferencias estadísticas ($p < 0.05$) tanto para el efecto del período de maduración como la quesería de origen. En las muestras de las queserías A y C, el CFT mostró una tendencia ascendente, de acuerdo con lo reportado para otros quesos (Azarashkan et al., 2022; Kalle et al., 2024; Uzunsoy, 2024). Por el contrario, la quesería B presentó un incremento a los 45 días, seguido de una disminución a los 90 días de maduración, comportamiento similar al reportado en el queso Ras (El-Sayed et al., 2025).

El CFT en los quesos depende principalmente de la alimentación del ganado, debido a que la dieta rica en forraje y pasto fresco ayudan a su transferencia de compuestos fenólicos desde el pasto (Ianni et al., 2020; Mureşan et al., 2021; Kalle et al., 2024). Sin embargo, estos compuestos también pueden ser originados durante el período de maduración del queso por el catabolismo de ácidos grasos libres, empleando como precursor a la tirosina (Kalle et al., 2024). En cambio, la concentración del CFT puede disminuir durante la maduración y el almacenamiento por las reacciones químicas y enzimáticas que experimentan estos compuestos inestables (Levkov et al., 2014), así como por la obstrucción del proceso de salazón en su cuantificación por el ensayo Folin-Ciocalteu (Kose & 2020).

3.5.4. Capacidad antioxidante en quesos de prensa

Como se muestra en el Cuadro 4, los valores de la capacidad antioxidante por ABTS y CUPRAC mostraron diferencias significativas ($p < 0.05$) tanto por los tiempos de maduración, como para la quesería de origen. La tendencia general es un aumento de la capacidad antioxidante a los 45 días de maduración, y una disminución al final de la maduración. En la literatura, estudios han reportado en quesos artesanales tendencias similares a las obtenidas este estudio (Bezerra et al., 2024; Salık & Çakmakçı, 2026; Utkuç et al., 2025). Estos cambios podrían estar relacionados con la actividad proteolítica, durante la cual se liberan y

acumulan péptidos que, con una maduración prolongada, se degradan y pierden su actividad biológica (Bottesini et al., 2013; Torres-Salas et al., 2023). La variabilidad en los diferentes quesos puede atribuirse la composición de la leche, la capacidad antioxidante con los aminoácidos libres, así como a los péptidos bioactivos generados durante el período de maduración (Kose & Ocak, 2020; Uzunsoy, 2024).

Cuadro 4. Contenido fenólico y capacidad antioxidante en diferentes estadios de maduración del queso prensa de Cuajinicuilapa, Guerrero.

Parámetro	Tiempo (días)	Quesería A	Quesería B	Quesería C
Fenoles	5	5.12±0.25 ^{Aa}	4.57±0.25 ^{Aa}	4.59±0.25 ^{Aa}
totales (µg	45	5.55±0.25 ^{Aa}	6.01±0.25 ^{ABc}	6.44±0.25 ^{Bb}
EAG g ⁻¹)	90	5.61±0.25 ^{Aa}	5.06±0.25 ^{Bbc}	6.69±0.25 ^{Ccb}
ABTS (µmol	5	70.15±3.83 ^{Ab}	55.87±3.83 ^{Aa}	58.12±3.83 ^{Aa}
ET g ⁻¹)	45	87.53±3.83 ^{Ba}	82.22±3.83 ^{CBa}	101.43±3.83 ^{Bb}
	90	83.64±3.83 ^{Bb}	76.71±3.83 ^{Ba}	111.13±3.89 ^{Cc}
CUPRAC	5	2.69±0.15 ^{Aa}	9.05±0.15 ^{Cc}	6.65±0.15 ^{Cb}
(µmol ET g ⁻¹)	45	8.96±0.15 ^{Cc}	6.72±0.15 ^{Bb}	5.77±0.15 ^{Ba}
	90	6.19±0.15 ^{Bb}	5.47±0.15 ^{Aa}	5.23±0.15 ^{Aa}

Los valores representan la media ± error estándar. Medias con letra minúscula en filas y medias con letra mayúscula en columna, seguidas de diferente letra, indican significancia estadística ($p \leq 0.05$).

3.5.5. Perfil *flash* descriptivo del queso de prensa

Después de realizar la evaluación del perfil *flash* los panelistas se redujeron 10 panelistas y de los 10 atributos a 8, que ayudaron a describir el queso de prensa. En la figura 1, se muestra que el perfil *flash* descriptivo del queso, explicó el 81.44 % de la variabilidad total (F1: 69.81 y F2: 11.63 %). A los 5 días de maduración, el queso de la quesería C presentó un aroma a lácteo como atributo predominante, mientras que los de las queserías A y B están caracterizados por sensación a grasa, humedad y granulosidad. En cambio, a los 90 días, el queso

proveniente de la quesería A se caracteriza por color amarillo y olor a ácido propiónico, mientras que la dureza y sabor residual predominaron en las muestras de las queserías B y C.

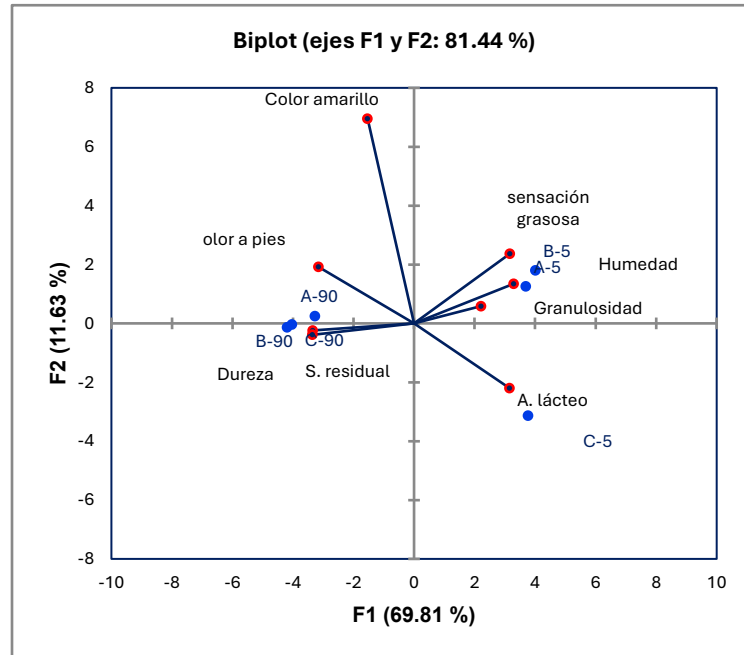


Figura 1. Mapa de dos dimensiones del perfil flash de queso prensa. A-5, B-5 y C-5 corresponden a las muestras de las queserías A, B y C con 5 días de maduración, respectivamente; mientras que A-90, B-90 y C-90 a las mismas queserías con 90 días de maduración.

Las características sensoriales de los quesos se encuentran relacionadas con los cambios estructurales y bioquímicos generados por la interacción entre los nutrientes y los microorganismos durante el período de maduración (Galli et al., 2019). Atributos como el color, la apariencia, la textura y el sabor juegan un papel crucial para la aceptabilidad del consumidor e influyen en la calidad del producto (Szkolnicka et al., 2024) durante la maduración; la proteólisis constituye la reacción bioquímica más compleja, ya que determina cambios en dureza, elasticidad y capacidad de fusión, además de intervenir sustancialmente en el desarrollo del sabor y el aroma característicos de cada variedad de queso (Galli et al., 2019; Torres-Salas et al., 2023).

3.6. Conclusiones

El queso de prensa de Cuajinicuilapa, Guerrero elaborado en tres diferentes queserías presento una composición fisicoquímica con cambios ligados al período de maduración, aunque con una tendencia similar entre las queserías estudiadas.

El perfil de ácidos grasos del queso de prensa de las tres queserías estudiadas presentó una mayor proporción de ácidos grasos saturados, siendo C16:0 (ácido palmítico) el más abundante durante el período de maduración. Asimismo, se observó que los principales ácidos grasos corresponden a cadenas de longitud mediana.

Los extractos solubles en agua de los quesos de prensa en distintos días de maduración exhibieron propiedades antioxidantes. El contenido de fenoles totales y la capacidad antioxidante mostraron un aumento significativo a los 45 días de maduración, lo que permite inferir que esta etapa es la más adecuada para el consumo.

La evaluación sensorial mediante la técnica de perfil *flash* permitió distinguir los quesos en diferentes días de maduración, los quesos de 5 días se caracterizaron por los atributos de humedad, aroma a lácteo y granulosidad; mientras que los quesos de 90 días destacaron por su dureza, color amarillo, olor a ácido propiónico y sabor residual.

3.7. Literatura citada

- Aguilar-Toalá, J. E., Torres-Llanaez, M. J., Hernández-Mendoza, A., Reyes-Díaz, R., Vallejo-Córdova, B., & González-Córdova, A. F. (2022). Antioxidant capacity and identification of radical scavenging peptides from Crema de Chiapas, Fresco and Cocido cheeses. *Journal of Food Science and Technology*, 59(7), 2705–2713. <https://doi.org/10.1007/s13197-021-05291-2>
- Akarca, G. (2020). Lipolysis and aroma occurrence in Erzincan Tulum cheese, which is produced by adding probiotic bacteria and ripened in various packages. *Food Sci. Technol., Campinas*, 40(1): 102-116. <https://doi.org/10.1590/fst.33818>

- AOAC International. (2002). *Method 920.124: Acidity of cheese. Titrimetric method*. Gaithersburg, MD: AOAC International.
- Azarashkan, Z., Motamedzadegan, A., Ghorbani-HasanSaraei, A., Biparva, P., & Rahaiee, S. (2022). Investigation of the physicochemical, antioxidant, rheological, and sensory properties of ricotta cheese enriched with free and nano-encapsulated broccoli sprout extract. *Food Science & Nutrition*, 10(11), 4059–4072. <https://doi.org/10.1002/fsn3.3001>
- Barać, M., Kresojević M, Špirović-Trifunović B, et al. (2018). Fatty acid profiles and mineral content of Serbian traditional white brined cheeses, *Mljekarstvo*; 68 (1):37-45. <https://doi.org/10.15567/mljekarstvo.2018.0105>.
- Barać, M., Vucic, T., Zilic, S., Pesic, M., Sokovic, M., Petrovic, J., Kostic, A., Sredovic Ignjatovic, I., & Milincic, D. (2019). The Effect of In Vitro Digestion on Antioxidant, ACE-Inhibitory and Antimicrobial Potentials of Traditional Serbian White-Brined Cheeses. *Foods*, 8(3), 94. <https://doi.org/10.3390/foods8030094>
- Bezerra, D. A. F. V. A., Souza, K. M. S., Sales, D. C., Araújo, E. O. M., Urbano, S. A., Cipolat-Gotet, C., Anaya, K., Ribeiro, C. V. D. M., Porto, A. L. F., & Rangel, A. H. N. (2024). Effect of ripening time on the content of bioactive peptides and fatty acids profile of artisanal Coalho cheese. *PLoS ONE*, 19(7), e0306552. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0306552>
- Białek, A., Białek, M., Lepionka, T., Czerwonka, M., & Czauderna, M. (2020). Chemometric analysis of fatty acids profile of ripening cheeses. *Molecules*, 25(8), 1814. <https://doi.org/10.3390/molecules25081814>
- Bittante, G., Amalfitano, N., Tagliapietra, F., Schiavon, S., Cipolat Gotet, C., & Stocco, G. (2024). Characterization of the detailed fatty acid profiles of a large number of types of cheese from the mountains and plains. *Foods*, 13, 4040. <https://doi.org/10.3390/foods1324404>
- Borba, K. S., Gadelha, T. S., Sant'Ana, A. M. S., Pacheco, M. T. B., Pinto, L. S., Madruga, M. S., Medeiros, A. N., Bessa, R. J. B., Alves, S. P. A., Magnani, M., Pimentel, T. C., & do Egypto Queiroga, R. C. R. (2022). Fatty acids, essential amino acids, minerals and proteins profile in whey from goat cheese: Impacts of raising system. *Small Ruminant Research*, 217, 106842. <https://doi.org/10.1016/j.smallrumres.2022.106842>
- Bottesini, C., Paoletta, S., Lambertini, F., Galaverna, G., Tedeschi, T., Dossena, A., Marchelli, R., & Sforza, S. (2013). Antioxidant capacity of water soluble extracts from Parmigiano-Reggiano cheese. *International Journal of Food Sciences and Nutrition*, 64(8), 953–958. <https://doi.org/10.3109/09637486.2013.821696>
- Criste, A., Copolovici, L., Copolovici, D., Kovacs, M., Madden, R. H., Corcionivoschi, N., Gundogdu, O., Berchez, M., & Urcan, A. C. (2020).

- Determination of changes in the microbial and chemical composition of Tāga cheese during maturation. *PLoS ONE*, 15(12), e0242824. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0242824>
- Danezis, G. P., Tsiplakou, E., Pappa, E. C., Pappas, A. C., Mavrommatis, A., Sotirakoglou, K., Georgiou, C. A., & Zervas, G. (2020). Fatty acid profile and physicochemical properties of Greek protected designation of origin cheeses, implications for authentication. *European Food Research and Technology*, 246, 1741–1753. <https://doi.org/10.1007/s00217-020-03527-7>
- Di Grigoli, A., Ponte, M., Bonanno, A., Maniaci, G., & Alabiso, M. (2022). Effects of grazing season on physico-chemical characteristics and fatty acids of nutritional interest of Caciocavallo Palermitano cheese. *Animals*, 12, 544. <https://doi.org/10.3390/ani12050544>
- El-Metwally, R. I., El-Menawy, R. K., & Ismail, M. M. (2023). Correlation between free fatty acids content and textural properties of Gouda cheese supplemented with denatured whey protein paste. *Journal of Food Science and Technology*, 60, 590–599. <https://doi.org/10.1007/s13197-022-05643-6>
- El-Sayed, S. M., Kholif, A. M. M., El-Sayed, H. S., & Youssef, A. M. (2025). Augmenting the quality and shelf life of Ras cheese by adding microencapsulated allspice berry extract nanoemulsion. *Food Bioprocess Technology*, 18, 588–604. <https://doi.org/10.1007/s11947-024-03473-2>
- Formaggioni, P., Malacarne, M., Franceschi, P., Zucchelli, V., Faccia, M., Battelli, G., Brasca, M., & Summer, A. (2020). Characterisation of Formaggella della Valle di Scalve Cheese Produced from Cows Reared in Valley Floor Stall or in Mountain Pasture: Fatty Acids Profile and Sensory Properties. *Foods*, 9(4), 383. <https://doi.org/10.3390/foods9040383>
- Fox, P. F., Guinee, T. P., Cogan, T. M., & McSweeney, P. L. H. (2017). *Fundamentals of cheese science* (2nd ed.). New York, NY: Springer.
- Frélin, M., Martin, B., Buchin, S., Desserre, B., Lavigne, R., Tixier, E., Cirié, C., Bord, C., Montel, M.-C., Delbès, C., & Ferlay, A. (2019). Milk fat composition modifies the texture and appearance of Cantal-type cheeses but not their flavor. *Journal of Dairy Science*, 102(2), 1131–1143. <https://doi.org/10.3168/jds.2018-15534>
- Galli, B. D., Baptista, D. P., Cavalheiro, F. G., & Gigante, M. L. (2019). *Lactobacillus rhamnosus* GG improves the sensorial profile of Camembert-type cheese: An approach through flash-profile and CATA. *LWT*, 107, 72–78. <https://doi.org/10.1016/j.lwt.2019.02.077>
- Gulzar, N., Rafiq, S., Nadeem, M., & et al. (2019). Influence of milling pH and storage on quality characteristics, mineral and fatty acid profile of buffalo

- Mozzarella cheese. *Lipids in Health and Disease*, 18, 33. <https://doi.org/10.1186/s12944-019-0976-9>
- Hernández-Galán, L., Cardador-Martínez, A., López-del-Castillo, M., Picque, D., Spinnler, H. E., & Martín del Campo, S. T. (2016). Antioxidant and angiotensin-converting enzyme inhibitory activity in fresh goat cheese prepared without starter culture: a preliminary study. *CyTA - Journal of Food*, 15(1), 49–57. <https://doi.org/10.1080/19476337.2016.1202325>
- Ianni, A., Bennato, F., Martino, C., Grotta, L., & Martino, G. (2020). Volatile flavor compounds in cheese as affected by ruminant diet. *Molecules*, 25(3), 461. <https://doi.org/10.3390/molecules25030461>
- Ioannidou, M. D., Maggira, M., & Samouris, G. (2022). Physicochemical Characteristics, Fatty Acids Profile and Lipid Oxidation during Ripening of Graviera Cheese Produced with Raw and Pasteurized Milk. *Foods*, 11(14), 2138. <https://doi.org/10.3390/foods11142138>
- Kalle, A., Lambropoulos, I., Bourazas, K., & Roussis, I. G. (2024). Antioxidant activity and peptide levels of water-soluble extracts of Feta, Metsovone and related cheeses. *Applied Sciences*, 14(1), 265. <https://doi.org/10.3390/app14010265>
- Kose, S., & Ocak, E. (2020). Determination of antioxidant and antimicrobial activity of Herby cheese. *Journal of Food Processing and Preservation*, 44. <https://doi.org/10.1111/jfpp.14841>
- Liao, J., Zheng, Z., Liu, Z., & You, C. (2021). Study of the compositional, microbiological, biochemical, and volatile profile of red-veined cheese, an internal Monascus-ripened variety. *Frontiers in Nutrition*, 8, 649611. <https://doi.org/10.3389/fnut.2021.649611>
- López-Expósito, I., Miralles, B., Amigo, L., & Hernández-Ledesma, B. (2017). Health effects of cheese components with a focus on bioactive peptides. En J. Frias, C. Martinez-Villaluenga, & E. Peñas (Eds.), *Fermented foods in health and disease prevention* (pp. 239–273). Academic Press. <https://doi.org/10.1016/B978-0-12-802309-9.00011-X>
- López-Yerena, A., Guerra-Ramírez, D., Jácome-Rincón, J., Espinosa-Solares, T., Reyes-Trejo, B., Famiani, F., & Cruz-Castillo, J. G. (2018). Initial evaluation of fruit of accessions of *Persea schiedeana* Nees for nutritional value, quality and oil extraction. *Food Chemistry*, 245, 879–884. <https://doi.org/10.1016/j.foodchem.2017.11.088>
- Manzo, N., Santini, A., Pizzolongo, F., Aiello, A., Marrazzo, A., Meca, G., Durazzo, A., Lucarini, M., & Romano, R. (2019). Influence of Ripening on Chemical Characteristics of a Traditional Italian Cheese: Provolone del Monaco. *Sustainability*, 11(9), 2520. <https://doi.org/10.3390/su11092520>

- Mendoza-Cuevas, J.A., Santos-Moreno, A., Rosas-Barbosa, B.T., Ybarra-Moncada, Ma.C., Flores-Girón, E., & Guerra-Ramírez, D. (2023). Cambios en el recuento de cuatro grupos bacterianos durante la maduración del Queso de Prensa (Costeño) de Cuajinicuilapa, México. *Revista mexicana de ciencias pecuarias*, 14(1), 94-109. <https://doi.org/10.22319/rmcp.v14i1.6121>
- Moneeb, A., Aguilar-Pérez, C., Ayala-Burgos, A., Solorio-Sanchez, F., & Ku-Vera, J. (2019). FATTY ACIDS PROFILE OF FRESH CHEESE PRODUCED IN AN INTENSIVE SILVOPASTORAL SYSTEM IN THE TROPICS. *Tropical and Subtropical Agroecosystems*, 22(3). doi:<http://dx.doi.org/10.56369/tsaes.2679>
- Mureșan, C. C., Marc, R. A., Anamaria Semeniciu, C., Ancuța Socaci, S., Fărcaș, A., Fracisc, D., Rodica Pop, C., Rotar, A., Dodan, A., Mureșan, V., & Mureșan, A. E. (2021). Changes in Physicochemical and Microbiological Properties, Fatty Acid and Volatile Compound Profiles of Apuseni Cheese during Ripening. *Foods*, 10(2), 258. <https://doi.org/10.3390/foods10020258>
- Nájera, A. I., Nieto, S., Barron, L. J. R., & Albisu, M. (2021). A Review of the Preservation of Hard and Semi-Hard Cheeses: Quality and Safety. *International Journal of Environmental Research and Public Health*, 18(18), 9789. <https://doi.org/10.3390/ijerph18189789>
- Narloch, I., & Wejnerowska, G. (2023). A Comparative Analysis on the Environmental Impact of Selected Methods for Determining the Profile of Fatty Acids in Cheese. *Molecules*, 28(13), 4981. <https://doi.org/10.3390/molecules28134981>
- Ochoa-Flores, A. A., Hernández-Becerra, J. A., Velázquez-Martínez, J. R., Piña-Gutiérrez, J. M., Hernández-Castellano, L. E., Toro-Mujica, P., Chay-Canul, A. J., & Vargas-Bello-Pérez, E. (2021). Chemical and fatty acid composition of Manchego type and Panela cheeses manufactured from either hair sheep milk or cow milk. *Journal of Dairy Science*, 104(7), 7457–7465. <https://doi.org/10.3168/jds.2020-19301>
- Öztürk, H. İ., & Akın, N. (2018). Comparison of some functionalities of water-soluble peptides derived from Turkish cow and goat milk Tulum cheeses during ripening. *Food Science and Technology*, 38(4), 674–682. <https://doi.org/10.1590/1678-457X.11917>
- Ramírez-Navas, J. S., Aguirre-Londoño, J., Aristizabal-Ferreira, V. A., & Castro-Narváez, S. (2017). La sal en el queso: diversas interacciones. *Agronomía Mesoamericana*, 28(1), 303-316. <https://doi.org/10.15517/am.v28i1.21909>
- Revilla, I., González-Martín, M. I., Vivar-Quintana, A. M., Blanco-López, M. A., Lobos-Ortega, I. A., & Hernández-Hierro, J. M. (2016). Antioxidant capacity of different cheeses: Affecting factors and prediction by near infrared

- spectroscopy. *Journal of Dairy Science*, 99(7), 5074–5082. <https://doi.org/10.3168/jds.2015-10564>
- Salık, M. A., & Çakmakçı, S. (2026). Development and techno-functional characterization of Beyaz cheese fortified with walnut (*Juglans regia* L.) leaf powder and *Lactobacillus acidophilus* LA-5. *Probiotics and Antimicrobial Proteins*, 18(2), 1736–1754. <https://doi.org/10.1007/s12602-025-10629-9>
- Santiago-López, L., Aguilar-Toalá, J.E., Hernández-Mendoza, A., Vallejo-Cordoba, B., Liceaga, A.M., & González-Córdova, A.F. (2018). Invited review: Bioactive compounds produced during cheese ripening and health effects associated with aged cheese consumption. *J Dairy Sci.*, 101(5):3742-3757. doi: 10.3168/jds.2017-13465
- Sardiñas-Valdés, M., García-Galindo, H. S., Chay-Canul, A. J., Velázquez-Martínez, J. R., Hernández-Becerra, J. A., & Ochoa-Flores, A. A. (2021). Ripening Changes of the Chemical Composition, Proteolysis, and Lipolysis of a Hair Sheep Milk Mexican Manchego-Style Cheese: Effect of Nano-Emulsified Curcumin. *Foods*, 10(7), 1579. <https://doi.org/10.3390/foods10071579>
- Sarić, Z., Hozić, L., Žilić, S., Dizdarević, T., Sredović-Ignjatović, I., Špirović, B., ... Barać, M. (2022). Protein, fatty acid, mineral profiles and antioxidant potential of Kupres cheese at different stages of ripening. *Mljekarstvo*, 72(4), 189–200. <https://doi.org/10.15567/mljekarstvo.2022.0401>
- Shaukat, A., Nadeem, M., Qureshi, T. M., Kanwal, R., Sultan, M., Kashongwe, O. B., Shamshiri, R. R., & Murtaza, M. A. (2021). Effect of in vitro digestion on the antioxidant and angiotensin-converting enzyme inhibitory potential of buffalo milk processed Cheddar cheese. *Foods*, 10(7), 1661. <https://doi.org/10.3390/foods10071661>
- Stankov, S., Fidan, H., Dincheva, I., Balabanov, A., & Petrova, I. (2023). Changes in physicochemical, microbiological and fatty acid composition during the ripening period of artisan sheep cheese from Bulgaria. *Food Science And Applied Biotechnology*, 6(1), 38-46. <https://doi.org/10.30721/fsab2023.v6.i1.218>
- Szkolnicka, K., Dmytrów, I., Mituniewicz-Matek, A., & Meghzili, B. (2024). Camembert-Type Cheese with Sweet Buttermilk: The Determination of Quality Properties and Microstructure. *Foods*, 13(16), 2515. <https://doi.org/10.3390/foods13162515>
- Tekin, A., & Güler, Z. (2019). Glycolysis, lipolysis and proteolysis in raw sheep milk Tulum cheese during production and ripening: Effect of ripening materials. *Food Chemistry*, 286, 160–169. <https://doi.org/10.1016/j.foodchem.2019.01.190>

- Torres-Salas, V., Hernández-Montes, A., & Hernández-Rodríguez, B. E. (2023). Análisis sensorial, textural y actividad antioxidante de queso añejo de Zacazonapan durante la maduración. *Biotechnia*, 25(2), 204–213. <https://doi.org/10.18633/biotechnia.v25i2.1897>
- Uzkuç, H., Saritaş, S., Çelebi Uzkuç, N. M., Karagül Yüceer, Y., & Esatbeyoglu, T. (2025). Comparison of in vitro antioxidant activities of kefir, yogurt, and cheese produced from goat milk. *Food Chemistry X*, 33, 103394. <https://doi.org/10.1016/j.fochx.2025.103394>
- Uzunsoy, I. (2024). Antimicrobial and antioxidant activities of water-soluble extracts of Camis cheeses produced by different traditional methods. *Food Science & Nutrition*, 12(9), 6699–6710. <https://doi.org/10.1002/fsn3.4305>
- Villegas de Gante, A., Santos-Moreno, A., Pérez-Esteban, G., & Torres-Salas, V. (2024). Biodiversidad microbiana en quesos mexicanos tradicionales y sus implicaciones. 1ª ed. Universidad Autónoma Chapingo.
- Yoo, J., Song, M., Park, W., Oh, S., Ham, J. S., Jeong, S. G., & Kim, Y. (2019). A comparison of quality characteristics in dairy products made from Jersey and Holstein milk. *Food Science of Animal Resources*, 39(2), 255–265. <https://doi.org/10.5851/kosfa.2019.e20>

4. DINÁMICA DE LA MICROBIOTA Y METABOLÓMICA EN QUESO DE PRENSA DE GUERRERO DURANTE SU MADURACIÓN

4.1. Resumen

Las comunidades microbianas presentes en un queso desempeñan un papel fundamental durante su maduración, ya que intervienen en las transformaciones bioquímicas de carbohidratos, lípidos y proteínas, generando compuestos volátiles que determinan gran parte del aroma y sabor característicos del producto final. El objetivo de este estudio fue caracterizar integralmente la microbiota y el perfil de compuestos volátiles del “queso de prensa” en diferentes tiempos de maduración, mediante enfoques metagenómicos y metabolómicos, para evaluar la seguridad microbiológica y establecer marcadores de calidad fisicoquímica y sensorial de producto. El “queso de prensa” fue elaborado artesanalmente en tres queserías de Cuajinicuilapa, Guerrero y se dejó madurar durante 90 días, el análisis de las comunidades microbianas se determinó por metagenómica *shotgun*, mientras que los compuestos volátiles se analizaron por CG-MS usando microextracción en fase sólida (SPME). La microbiota del queso estuvo conformada principalmente por las especies de los géneros *Staphylococcus* y *Lactobacillus*. En total se identificaron 59 compuestos volátiles, de los cuales nueve contribuyen de manera determinante a la diferenciación del perfil aromático entre queserías y a lo largo del período de maduración.

Palabras claves: microbiota, queso artesanal, compuestos volátiles.

Tesis de Doctorado en Ciencias Agroalimentarias, Programa de Posgrado en Ciencia y Tecnología Agroalimentarias, Universidad Autónoma Chapingo

Autor: M.C. José Alberto Mendoza Cuevas

Director de Tesis: Dra. Diana Guerra Ramírez

4. MICROBIOTA DYNAMICS AND METABOLOMICS OF PRENSA CHEESE DURING RIPENING

Abstract

The microbial communities present in cheese play a fundamental role during ripening, as they drive the biochemical transformations of carbohydrates, lipids, and proteins, generating volatile compounds that determine much of the characteristic aroma and flavor of the final product. The aim of this study was to comprehensively characterize the microbiota and volatile compound profile of “queso de prensa” at different ripening times, using metagenomic and metabolomic approaches to assess microbiological safety and establish physicochemical and sensory quality markers for the product. The “queso de prensa” was produced artisanally in three cheesemaking facilities in Cuajinicuilapa, Guerrero, and ripened for 90 days. Microbial communities were analyzed by shotgun metagenomics, while volatile compounds were analyzed by GC–MS using solid-phase microextraction (SPME). The cheese microbiota consisted mainly of species belonging to the genera *Staphylococcus* and *Lactobacillus*. In total, 59 volatile compounds were identified, nine of which made a decisive contribution to differentiating the aromatic profile among cheesemaking facilities and over the ripening period

Keys Word: microbiota, arisanal cheese, volatile compounds

Doctoral Thesis. Doctorado en Ciencias Agroalimentarias, Universidad Autónoma Chapingo
Author: M. C. José Alberto Mendoza Cuevas
Advisor: Dra. Diana Guerra Ramírez

4.2. Introducción

El queso es uno de los alimentos fermentados tradicionales más populares y empleado en la preparación de platillos gastronómicos (Galli, 2024; Denk, 2025). Cada variedad presenta propiedades únicas determinadas por diversos factores, como la región de origen y las condiciones climáticas, el tipo de leche y el proceso de elaboración (Mohamed et al., 2023, Oliveira et al., 2025; Neviani et al., 2025); sin embargo, entre los factores con mayor impacto se encuentran las comunidades microbianas, las cuales desempeñan un rol crucial sobre las características sensoriales, de seguridad y calidad de los quesos (Zheng et al., 2018; Bottari et al., 2020; Fontana et al., 2023; Cardinali et al., 2024; Oliveira et al., 2025).

Durante la maduración, la microbiota del queso lleva a cabo cambios bioquímicos en carbohidratos, lípidos y proteínas, generando compuestos responsables del aroma y sabor. Estos compuestos se originan durante el proceso de lipólisis, proteólisis y la fermentación de la lactosa (Fontana et al., 2023; Cardinali et al., 2024; Eramo et al., 2025; Neviani et al., 2025; Oliveira et al., 2025).

La microbiota del queso está compuesta mayoritariamente por bacterias ácido lácticas (BAL) que contribuyen a la producción de ácido láctico, la textura y el sabor del queso. Su presencia y proporciones varían dependiendo del tipo de queso y se ven influenciadas por el origen de la leche, el ambiente de la quesería, y los utensilios utilizados durante la elaboración (Mayo et al., 2021; Kochetkova et al., 2023; Neviani et al., 2025). Esta microbiota puede complementarse con otros microorganismos, como bacterias no lácticas, hongos y levaduras comunidad dinámica que varía con forme al tiempo maduración (Mayo et al., 2021; Neviani et al., 2025).

La relevancia de esta diversidad microbiana ha impulsado el uso de métodos metagenómicos para caracterizarla en diversos quesos artesanales de distintas partes del mundo (Zheng et al., 2018; Bottari et al., 2020; Pisano et al., 2020; Papadimitriou et al., 2022; Mohamed et al., 2023; Fontana et al., 2023; Cardinali et al., 2024; Oliveira et al., 2025). En México se han aplicado estudios

metagenómicos en quesos artesanales como el queso poro (Aldrete-Tapia et al., 2014) queso Cotija (Escobar-Zepeda et al., 2016), queso bola de Ocosingo (Aldrete-Tapia et al., 2018), queso adobera (Ruvalcaba-Gómez, 2020) y queso crema de Chiapas (Ocampo Morales et al., 2026). Sin embargo, para el queso de prensa no se ha documentado mediante enfoques ómicos particularmente en lo que respecta a la composición microbiana ni el perfil de compuestos volátiles derivados de su maduración.

El queso de prensa un queso artesanal tradicional de las regiones de la Costa Chica de Guerrero y la Costa de Oaxaca, se caracteriza por su forma prismático-rectangular, consistencia firme, y color que varía del blanco al amarillo con pesos que oscilan entre 1 y 15 kg (Mendoza-Cuevas et al., 2023; Villegas de Gante et al., 2024).

A pesar de su importancia regional, no existe información sobre la diversidad microbiana y los compuestos volátiles asociados a su maduración. En este contexto, el objetivo de este estudio fue caracterizar la composición microbiana y los compuestos volátiles asociados a las características sensoriales del queso de prensa artesanal elaborado en tres queserías de Cuajinicuilapa Guerrero en diferentes tiempos de maduración, con la finalidad de establecer relación entre la microbiota, metabolitos y atributos sensoriales, y contribuir al conocimiento de la diversidad de los quesos artesanales mexicanos.

4.3. Materiales y métodos

4.3.1. Obtención de las muestras de queso de prensa

Se obtuvieron piezas de queso prensa artesanal de tres queserías (A, B y C) del municipio de Cuajinicuilapa, Guerrero, México (16°28'18' N, 99°24'55' O), en marzo de 2023. De cada quesería se adquirieron cuatro piezas de queso recién elaborados, de un kilogramo de peso. Las muestras se trasladaron al municipio de San Marcos, Guerrero (16°47'46' N, 99°23'05' O) a un espacio con características similares a aquellas de las queserías de Cuajinicuilapa. Las muestras de los quesos se dejaron madurar durante 5, 45 y 90 días. Las muestras

se conservaron en congelación a -17 °C hasta su análisis. Adicionalmente, porciones de 100 g de cada muestra fueron envasadas al vacío y enviadas al Instituto de Productos Lácteos de Asturias (IPLA-CSIC) para su análisis.

4.3.2. Extracción y secuenciación de ADN de las muestras de queso de prensa

La extracción de ADN de las muestras de queso de prensa se llevó a cabo mediante el protocolo descrito por Carlino et al. (2024). Para ello, se rallaron 10 g de queso, y tras su homogenización mediante stomacher y lavados con PBS, se procedió a la extracción de ADN siguiendo protocolos optimizados con el kit Dneasy Powersoil Pro (Qiagen, Alemnia). Las concentraciones de ADN se determinaron mediante Qubit 2.0 (Invitrogen/Life Technologies, Vallejo, CA, EE. UU.). El ADN se almacenó a -20 °C. La secuenciación del ADN se determinó mediante metagenómica *shotgun* en un servicio externo (Prebiomics, Italia).

4.3.3. Análisis sin ensamblaje

Las lecturas de baja calidad y las potencialmente contaminantes se eliminaron utilizando el software fastp (v 0.23.4) (Chen et al., 2025). Posteriormente, se utilizó Bowtie2 (v4.5) para mapear las lecturas metagenómicas contra las bases de datos de referencia “[Homo sapiens] hg37 and human contamination Bowtie2” (v0.1), así como el genoma de referencia de abeja Amel_HAv3.1 (GCF_003254395.2_Amel_HAv3.1_genomic.fna), con el objetivo de eliminar posibles contaminaciones. Los datos brutos de secuenciación *shotgun* metagenómica fueron depositados en el Sequence Read Archive (SRA) de NCBI.

El análisis taxonómico de los perfiles microbianos del queso de prensa se determinó sin ensamblaje siguiendo los protocolos de MetaPhlAn 3.0 (v3.0.4) y Kraken 2 (v2.0.9), empleando las bases de datos ChocoPhlAn (“mpa_vJun23_CHOCOPhlAnSGB_202307”) y Maxikraken (“maxikraken2_1903_140GB”) (Chen et al., 2025). Las muestras se clasificaron según sus perfiles taxonómicos a nivel de familia, género, especie y cepa. El análisis funcional de los metagenomas del queso de prensa se efectuó utilizando HUMAnN 3.0 (v3.0.0) y la base de datos UniRef90 (“uniref90_201901”). Las

abundancias de familias génicas y rutas metabólicas se renormalizaron y expresaron en unidades de copias por millón (McMurdie & Holmes, 2013; Cao et al., 2022; Chen et al., 2025).

4.3.5. Análisis de compuestos volátiles

Los compuestos volátiles fueron analizados según el método descrito por Walsh et al. (2020). Para la preparación de la muestra, se rallaron 4 g de queso que se introdujeron en los viales para su posterior sellado. Se utilizó la fibra ARR11-DVB-120/20 DVB/PDMS (CTC Technologies) que se expuso al espacio de cabeza por encima de las muestras durante 20 minutos a 40°C, antes de ser sometida a las rampas de temperatura del inyector. El análisis de los compuestos volátiles mediante cromatografía de gases (CG-MS) en el equipo Agilent 8890 y detector de masas MSD 5977B (Agilent Technologies), tras la separación de los metabolitos en la columna HP-INNOWax (30mx250umx0.25um) utilizando helio como gas portador, siguiendo procedimientos estandarizados.

4.3.6. Análisis estadístico

Los análisis estadísticos de los resultados del estudio metagenómico adicionales se llevaron a cabo en R (v4.2.2). Para caracterizar la diversidad microbiana intra e Inter muestras, se calcularon estimadores de diversidad alfa y beta utilizando los paquetes Phyloseq (McMurdie & Holmes, 2013) y Microbiome R (Lahti & Shetty, 2017). Se generaron análisis de coordenadas principales (PCoA) y gráficos de composición con el paquete Microbiome R. Las diferencias estadísticamente significativas ($p_{adj} < 0.25$) en la composición de la microbiota, familias génicas microbianas y rutas metabólicas se calcularon mediante métodos estadísticos múltiples: aldex, ANCOM, ANCOMBC, LEfSe, metagenomeSeq y DESeq2, implementados en el paquete microbiomeMarker R (Segata et al., 2011; Cao et al., 2022). Previo al análisis diferencial, las lecturas metagenómicas fueron normalizadas utilizando el método de escalado por suma total (TSS) incluido en este paquete. En consecuencia, los datos se normalizaron dividiendo por el tamaño de la biblioteca de cada muestra.

Para el análisis metabólico se empleó un análisis de Componentes Principales (PCA) y Random Forest.

4.4. Resultados y discusión

4.4.1. Diversidad de la microbiota presente en el queso de prensa

La biodiversidad microbiana de los quesos prensa mostró variaciones asociadas tanto a la quesería de origen como al período de maduración. En las muestras provenientes de la quesería A, la comunidad microbiana estuvo conformada principalmente por *Staphylococcus piscifermentans*, *S. sciuri*, *Lactobacillus acidipiscis*, *S. equorum* y *Kocuria rhizophila* (Figura 2).

En el caso de la quesería B, la microbiota estuvo dominada por las especies del género *Lactobacillus*, entre las que destacan *L. pentosus*, *L. plantarum*, *L. futsaii*.

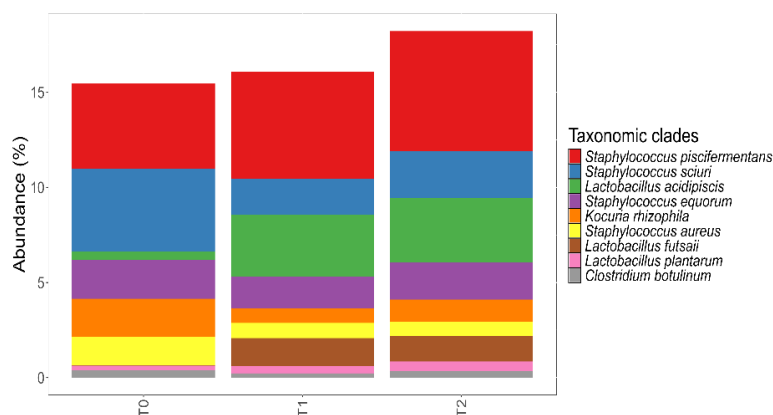


Figura 2. Diversidad microbiana de las muestras de queso de prensa correspondientes a la quesería A durante el período de maduración.

Asimismo, se detectaron otras especies menos abundantes como: *Streptococcus agalactiae*, *Acidipropionibacterium acidipropionici* (Figura 3).

Por su parte, las muestras de la quesería C mostraron una composición microbiana integrada principalmente por *Staphylococcus* sp. SDB 2975, *S. piscifermentans*, *Lactobacillus pentosus*, *L. plantarum*, *L. futsaii* (Figura 4).

Las especies *S. piscifermentans*, *S. sciuri*, *S. equorum*, y *S. sp. SDB 2975* (también conocida como *S. debuckii* 2975) pertenecen al grupo de los *Staphylococcus* coagulasa negativa (ECN) (Ruaro et al., 2013; Dimov, 2023). Diversos estudios han demostrado que distintas especies de ECN forman parte de las comunidades microbianas dominantes y subdominantes en quesos artesanales de distintas partes del mundo (Dimov, 2023). Su presencia contribuye de forma positiva en las características sensoriales, ya que poseen enzimas extracelulares con actividades proteolítica y lipolítica capaces de generar compuestos aromáticos, provenientes del catabolismo de carbohidratos, aminoácidos y ácidos grasos, además de producir metabolitos que pueden ayudar a la inhibición de microorganismos patógenos, razón por la cual los ECN se consideran microorganismos GRAS, por sus siglas en inglés *Generally Recognized as Safe*. En años recientes, especies de ECN han sido empleadas como cultivos iniciadores en la elaboración de quesos (Grecelle et al., 2020; Dimov, 2023, Ribeiro et al., 2025).

La distribución de estas especies en quesos artesanales ha sido ampliamente documentada. Por ejemplo, *S. sciuri* se ha reportado en quesos franceses para untar, así como en quesos tradicionales de Alemania, Brasil, Medio Oriente, en queso tagala, queso domati, queso ras y queso feta (Al-Gamal et al., 2019; Dimov, 2023). En cuanto a *S. equorum*, Ribeiro et al. (2025) demostraron que algunas cepas aisladas de quesos curados exhibieron actividad antilisterial. Asimismo, estudios en quesos franceses, observaron que la especie *S. equorum* puede producir compuestos volátiles como 3-metil-3-buten-1-ol y 4-metil-2-pentanona, responsables de notas afrutadas y dulces los cuales provenientes del catabolismo de la lactosa, ácidos orgánicos, proteínas y ácidos grasos.

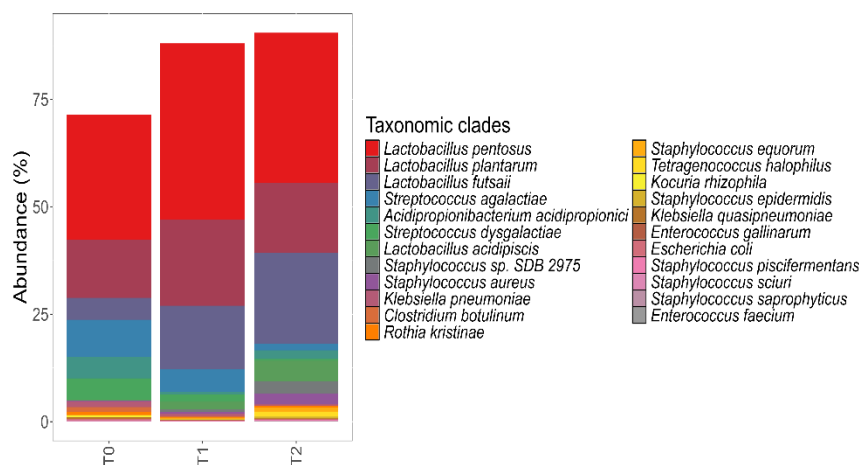


Figura 3. Diversidad microbiana de las muestras de queso de prensa correspondientes a la quesería B durante el período de maduración.

Las especies del género *Lactobacillus* identificadas en los quesos de prensa presentan características tecnológicas relevantes que han sido ampliamente documentadas en quesos artesanales. *L. acidipiscis* es una BAL halotolerante que se ha sido reportada en quesos tradicionales como Cotija, doble crema, Halloumi, Minas y Kopanisti griego (Kazou et al., 2018). Esta bacteria se asociada con la producción de alcoholes y compuestos carbonílicos generados del catabolismo de los aminoácidos, los cuales contribuyen al desarrollo de sabores fuertes y picantes (Kazou et al., 2017; Kazou et al., 2018).

Lactobacillus pentosus es otra BAL común en quesos artesanales tradicionales alrededor del mundo. Debido a su actividad proteolítica, lipolítica, así como a su capacidad de acidificación moderada, esta especie posee un valor tecnológico importante, ya que participa en la formación de la cuajada, la maduración del queso y el desarrollo de sabor. Por tal motivo ha sido empleada como cultivo iniciador o auxiliares con el fin de acelerar la maduración y aumentar la producción de aminoácidos libres y compuestos aromáticos volátiles (Morales et al., 2011; Ciocia et al., 2013; Pangallo et al., 2019). Además, diversas cepas de *L. pentosus* exhiben propiedades probióticas y actividad antimicrobiana, y participa en los atributos sensoriales como son la textura y el sabor de los quesos

debido a la producción de exopolisacáridos y generación de compuestos volátiles (Ruiz- Moyano et al., 2019; Ruiz- Moyano et al., 2019; Agostini et al., 2018; Elbanna, Metry, & Elgarhy, 2015; Pan et al., 2014).

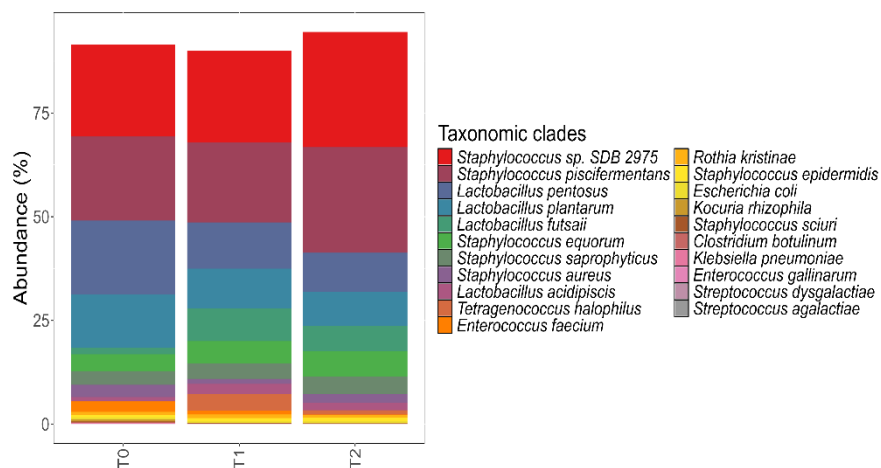


Figura 4. Diversidad microbiana de las muestras de queso de prensa correspondientes a la quesería C durante el período de maduración.

Lactobacillus plantarum es una BAL que se encuentra distribuida en alimentos fermentados. Algunas de sus cepas han sido utilizadas como cultivos complementarios para acelerar la maduración durante la fabricación de los quesos (Duan et al., 2019). Asimismo, presenta un potencial probiótico, antioxidante, anticancerígeno y antimicrobiano (Papadopoulou et al., 2018; Zhang et al., 2021; Barzegar, Behbahani & Falah, 2021; Ngamsomchat et al., 2022; Liang et al., 2024). Investigaciones han demostrado que cepas productoras de exopolisacáridos de *L. plantarum*, solas o en combinación con probióticos, contribuyen a mejorar la textura, el sabor y la retención de humedad ayudando en la aceptabilidad del queso (Wang et al., 2019; Hegab et al., 2021; Zhang et al., 2021).

Por último, *Lactobacillus futsaii* ha sido aislada en diversos quesos mexicanos y se ha destacado por su participación en el metabolismo del selenio (Morales-Estrada et al., 2020).

Kocuria rhizophila ha sido identificada en quesos con elevada salinidad, como el queso Domiati, donde forma parte de los microorganismos no dominantes de la microbiota, su presencia puede influir en las características sensoriales del color y el sabor en las diferentes variedades de quesos (El-Baradei et al., 2006; Shi et al., 2021).

4.4.2. Análisis de compuestos volátiles

Se determinó el perfil de compuestos volátiles del queso de prensa; se identificaron 59 compuestos y se agruparon en siete familias según su estructura química: Cetonas (16), Ésteres (14), Ácidos (8), Alcoholes (7), Lactonas (5), Terpenos (5) y Aldehídos (4). Después de un análisis multivariado, basado en un análisis de componentes principales (PCA) y un enfoque de peso de evidencia, se encontró que 25 compuestos volátiles, Cuadro 5, contribuyen en la diferenciación de las muestras estudiadas. En este sentido, los compuestos clasificados en el nivel 1, representaron los compuestos clave debido a que pueden explicar la diferencia entre queserías, así como los cambios a través del período de maduración, este grupo está conformado mayoritariamente por ácidos orgánicos de cadena corta y mediana, así como ésteres. Mientras que, los compuestos nivel 2 son considerados conductores específicos que pueden estar asociados a una quesería específica o a un tiempo de maduración, incluyen ácidos carboxílicos y derivados, hidrocarburos aromáticos, aldehídos, así como terpenos. Por último, los compuestos clasificados como nivel 3 conformado por terpenos, ésteres y cetonas pueden aportar al perfil sensorial del queso. De acuerdo con esta clasificación, se identificaron nueve compuestos volátiles dentro los principales responsables de diferenciar el perfil aromático de las muestras durante los 90 días de maduración; estos compuestos fueron: el éster etílico del ácido butanoico, los ésteres metílicos de los ácidos octanoico, hexanoico y, decanoico, los ácidos: propiónico, pentanoico, heptanoico y decanoico.

Las cetonas fueron los compuestos que presentaron la mayor abundancia en los quesos. En general, se observó una tendencia hacia el aumento en la

concentración durante el período de maduración. Este grupo de compuestos exhibió una tendencia relativamente estable durante los días de maduración, siendo la 2-nonanona, la 2-undecanona y la 2-heptanona las que mostraron concentraciones constantes. Este comportamiento es similar con lo reportado para diversas variedades de quesos (Reyes-Díaz et al., 2020; Atallah et al., 2022; Silva et al., 2025). Compuestos como las metilcetonas pueden incidir de forma positiva en el aroma de los quesos debido a la generación de notas afrutadas, florales, dulces, a moho y ceroso a éster (Reyes-Díaz et al., 2020; Silva et al., 2025). Estos compuestos, asociados con olores intensos y característicos que se acentúan conforme avanza el período de maduración (Akarca, 2020), se originan a partir del catabolismo de los ácidos grasos, proceso que implica la oxidación a β -cetoácidos y su posterior descarboxilación (Ianni et al., 2019; Santamaria-García et al., 2023).

Los ésteres constituyeron el segundo grupo de mayor relevancia dentro del perfil de compuestos volátiles del queso. Los ésteres etílicos que predominaron durante la maduración: decanoico, hexanoico, octanoico y butanoico, los cuales han sido encontrados en muestras de queso de cabra, queso Canastra, queso fermentado con *Monascus*, queso fresco mexicano (Reyes-Díaz et al., 2020; Zeng et al., 2022; Silva et al., 2025). Los ésteres son derivados del metabolismo de los ácidos grasos libres mediante reacciones de esterificación y alcoholisis catalizadas por esterasas y alcohol acetiltransferasas. Estos compuestos volátiles pueden proporcionar un aroma agradable caracterizado por notas dulces, afrutadas y florales, que contribuyen de manera significativa al carácter sensorial del queso. Además, los ésteres pueden atenuar la intensidad de sabores picantes y amargos derivados de ácidos grasos y aminas (Ianni et al., 2019; Zeng et al., 2022; Araújo-Rodrigues et al., 2022).

Los ácidos: propiónico, pentanoico, heptanoico n-decanoico representaron el tercer grupo con mayor abundancia, y son clave para la diferenciación entre muestras. El ácido del propiónico, clave en la generación de notas sabor a nuez, dulce, rancio, avinagrado en diversos quesos como el tipo suizo, el cheddar, el grana Padano, dicho ácido se produce por la acción del microorganismo

Propionibacterium freudenreichii mediante la fermentación propiónica del ácido láctico en conjunto con el ácido acético y CO₂ o por la acción de bacterias lácticas no específicas (Fröhlich-Wyder, 2017; Martín-Miguélez et al., 2025). Asimismo, el ácido pentanoico o valérico al igual que el ácido propiónico, es un ácido de cadena corta, que aporta aromas intensos y fuertes en los quesos asociados con la actividad de las estereasas (Zeng et al., 2022; Santamarina-García et al., 2023). El ácido heptanoico pertenece a los ácidos de cadena mediana que presenta descriptores de notas a rancio, grasa, picante, caprinas, el cual se ha encontrado en diversos quesos como: queso de cabra tipo cheddar, queso Idiazabal y Caciocavallo de Apulia (Attaie & Richter, 1996; Santamarina-García et al., 2023; Vacca et al., 2024). El ácido n-decanoico es un ácido graso de cadena media que se encuentra comúnmente en los quesos madurados generando notas jabonosas y grasas, se ha reportado en queso: Idiazabal, Idiazabal entre otros (Atallah et al., 2022; Santamarina-García et al., 2023). Los ácidos carboxílicos son compuestos volátiles que se generan a partir del catabolismo de los carbohidratos, ácidos grasos y aminoácidos por acción de las bacterias lácticas no iniciadoras presentes durante la maduración del queso (Ianni et al., 2019; Saidi et al., 2020). Los ácidos de cadena corta y mediana desempeñan un papel importante en el desarrollo del aroma, ya que además de contribuir directamente en las características propias del queso, son precursores de otros compuestos aromáticos, como ésteres, aldehídos, metilcetonas (Zeng et al., 2022). No obstante, cuando se acumulan en concentraciones elevadas, estos ácidos pueden generar sabores desagradables, ácidos, agrios, rancios, picantes y lácteos (Ianni et al., 2019; Santamarina-García et al., 2023; Martín-Miguélez et al., 2025).

Por otro lado, los alcoholes tienen un papel importante en el perfil aromático de los quesos, ya que contribuyen en el sabor y generación de aroma alcohólico, dulce, afrutado e intensos (Akarca, 2020; de Jesus Filho et al., 2021). En alimentos fermentados, estos compuestos se originan principalmente de cuatro vías metabólicas: el metabolismo de la lactosa, la reducción de

Cuadro 5. Principales compuestos volátiles con descriptores sensoriales en queso de prensa.

Compuesto volátil	Nivel	Olor (Pubchem)
éster etílico del ácido butanoico	1	Olor a piña
éster metílico del ácido octanoico	1	Olor intenso, a vino, afrutado y a naranja
éster metílico del ácido hexanoico	1	No se detectó olor perceptible
éster metílico del ácido decanoico	1	No se detectó olor perceptible
ácido propiónico	1	Olor ligeramente picante, desagradable y rancio
ácido pentanoico	1	Olor desagradable, similar al ácido butírico
γ-Terpineno	2:	N/A
ácido heptanoico	1	Olor desagradable, rancio; leve olor a sebo cuando está espectroscópicamente puro.
nonanal	1	Olor a naranja y rosa
n-ácido decanoico	1	Olor rancio
estireno	2	Aroma característico, dulce, balsámico, casi floral, extremadamente penetrante
éster etílico del ácido decanoico	1	No se detectó olor perceptible
d-Limoneno	3	Similar al alcanfor
benzaldehído	2	Olor característico o aceite volátil de almendra
éster 3-metilbutilo del ácido butanoico	1	No se detectó olor perceptible
ácido octanoico	1	Olor débil, afrutado y ácido
éster propílico del ácido hexanoico	3	No se detectó olor perceptible
ácido butanoico	2	Olor desagradable, rancio
éster etílico del ácido hexanoico	2	No se detectó olor perceptible
ácido hexanoico	1	Olor característico a cabra
2-nonanona	3	No se detectó olor perceptible
ácido 2-metilpropanoico	1	Olor penetrante, similar al del ácido butírico, pero no tan desagradable
éster 1-metilbutilo del ácido butanoico	3	No se detectó olor perceptible
ácido acético	2	pungente

Nivel 1: alta probabilidad, Nivel 2: contribuye de manera específica, Nivel 3: contribuyen en el perfil sensorial

metilcetona, el catabolismo de aminoácidos y la degradación de los ácidos linoleico y linolénico (Zeng et al., 2022).

Finalmente, los terpenos son compuestos presentes de forma natural en la leche y se incorporan al queso principalmente a través de la dieta del ganado, especialmente de forrajes y plantas aromáticas consumidas durante el pastoreo (Akarca, 2020).

4.5. Conclusiones

La caracterización de las comunidades microbianas y de los compuestos volátiles del queso de prensa permitió identificar patrones distintivos entre queserías y tiempos de maduración. Cada quesería presentó una composición microbiana particular, destacando en su conformación las especies de los géneros *Staphylococcus* y *Lactobacillus*. Estos hallazgos reflejan diferencias en el proceso de elaboración y en las condiciones de maduración del queso.

Los compuestos volátiles presentes en los quesos estudiados corresponden, en términos generales, a ésteres, ácidos, alcoholes, cetonas y terpenos. De este grupo; nueve compuestos mostraron alta capacidad discriminante para diferenciar los quesos de prensa elaborados en las tres queserías a lo largo del período de maduración.

4.6. Literatura citada

- Agostini, C., Eckert, C., Vincenzi, A., Machado, B. L., Jordon, B. C., Kipper, J. P., Dullius, A., Dullius, C. H., Lehn, D. N., Sperotto, R. A., Pozzobon, A., Granada, C. E., Maciel, M. J., & Volken de Souza, C. F. (2018). Characterization of technological and probiotic properties of indigenous *Lactobacillus* spp. from south Brazil. 3 *Biotech*, 8, 451. <https://doi.org/10.1007/s13205-018-1469-7>
- Akarca, G. (2020). Lipolysis and aroma occurrence in Erzincan Tulum cheese, which is produced by adding probiotic bacteria and ripened in various packages. *Food Science and Technology, Campinas*, 40(1), 102–116. <https://doi.org/10.1590/fst.33818>
- Al-Gamal, M. S., Ibrahim, G. A., Sharaf, O. M., Radwan, A. A., Dabiza, N. M., Youssef, A. M., & El-Ssayad, M. F. (2019). The protective potential of selected lactic acid bacteria against the most common contaminants in

- various types of cheese in Egypt. *Heliyon*, 5(3), e01362. <https://doi.org/10.1016/j.heliyon.2019.e01362>
- Araújo-Rodrigues, H., Martins, A. P. L., Tavaría, F. K., Santos, M. T. G., Carvalho, M. J., Dias, J., Alvarenga, N. B., & Pintado, M. E. (2022). Organoleptic chemical markers of Serpa PDO cheese specificity. *Foods*, 11, 1898. <https://doi.org/10.3390/foods11131898>
- Atallah, A. A., Ismail, E. A., Yehia, H. M., Elkhadragey, M. F., & Khater, E.-S. G. (2022). Proteolytic development and volatile compounds profile of Domiati cheese under modified atmosphere packaging. *Fermentation*, 8(8), 358. <https://doi.org/10.3390/fermentation8080358>
- Attaie, R., & Richter, R. (1996). Formation of volatile free fatty acids during ripening of Cheddar-like hard goat cheese. *Journal of Dairy Science*, 79(5), 717–724. [https://doi.org/10.3168/jds.S0022-0302\(96\)76418-4](https://doi.org/10.3168/jds.S0022-0302(96)76418-4)
- Barzegar, H., Alizadeh Behbahani, B., & Falah, F. (2021). Safety, probiotic properties, antimicrobial activity, and technological performance of *Lactobacillus* strains isolated from Iranian raw milk cheeses. *Food Science & Nutrition*, 9(8):4094–4107. <https://doi.org/10.1002/fsn3.2365>
- Bockelmann, W., Koslowsky, M., Goerges, S., Scherer, S., Franz, C. M., & Heller, K. J. (2017). Growth inhibition of *Listeria monocytogenes* by bacteriocin-producing *Staphylococcus equorum* SE3 in cheese models. *Food Control*, 71, 50–56. <https://doi.org/10.1016/j.foodcont.2016.06.019>
- Bottari, B., Levante, A., Bancalari, E., Sforza, S., Bottesini, C., Prandi, B., De Filippis, F., Ercolini, D., Nocetti, M., & Gatti, M. (2020). The interrelationship between microbiota and peptides during ripening as a driver for Parmigiano Reggiano cheese quality. *Frontiers in Microbiology*, 11, 581658. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2020.581658>
- Cao, Y., Dong, Q., Wang, D., Zhang, P., Liu, Y., & Niu, C. (2022). *microbiomeMarker: An R/Bioconductor package for microbiome marker identification and visualization*. *Bioinformatics*, 38(16), 4027–4029. <https://doi.org/10.1093/bioinformatics/btac438>
- Cardinali, F., Rampanti, G., Paderni, G., Milanović, V., Ferrocino, I., Reale, A., Boscaino, F., Raicevic, N., Ilincic, M., Osimani, A., Aquilanti, L., Martinovic, A., & Garofalo, C. (2024). A comprehensive study on the autochthonous microbiota, volatilome, physico-chemical, and morpho-textural features of Montenegrin Njeguški cheese. *Food Research International*, 197(Pt 1), 115169. <https://doi.org/10.1016/j.foodres.2024.115169>
- Carlino, N., Blanco-Míguez, A., Punčochář, M., Mengoni, C., Pinto, F., Tatti, A., Manghi, P., Armanini, F., Avagliano, M., Barcenilla, C., Breselge, S., Cabrera-Rubio, R., Calvete-Torre, I., Coakley, M., Cobo-Díaz, J. F., De Filippis, F., Dey, H., Leech, J., Klaassens, E. S., ... Pasolli, E. (2024). Unexplored microbial diversity from 2,500 food metagenomes and links

- with the human microbiome. *Cell*, 187(20), 5775–5795.e15. <https://doi.org/10.1016/j.cell.2024.07.039>
- Chen, S. (2025). fastp 1.0: An ultra-fast all-round tool for FASTQ data quality control and preprocessing. *iMeta*, 4(5), e70078. <https://doi.org/10.1002/imt2.107>
- Ciocia, F., McSweeney, P. L. H., Piraino, P., & Parente, E. (2013). Use of dairy and non-dairy *Lactobacillus plantarum*, *Lactobacillus paraplantarum* and *Lactobacillus pentosus* strains as adjuncts in cheddar cheese. *Dairy Science & Technology*, 93, 623–640. <https://doi.org/10.1007/s13594-013-0131-8>
- de Jesus Filho, M., Klein, B., Wagner, R., & Teixeira Godoy, H. (2021). Key aroma compounds of Canastra cheese: HS-SPME optimization assisted by olfactometry and chemometrics. *Food Research International*, 150, 110788. <https://doi.org/10.1016/j.foodres.2021.110788>
- Denk, E. (2025). An important cheese in Turkish cuisine: A research on PGI-registered Erzurum civil cheese. *Journal of Ethnic Foods*, 12, 17. <https://doi.org/10.1186/s42779-025-00277-3>
- Dimov, S. G. (2023). The controversial nature of some non-starter lactic acid bacteria actively participating in cheese ripening. *BioTech*, 12(4), 63. <https://doi.org/10.3390/biotech12040063>
- Duan, C., Li, S., Zhao, Z., Wang, C., Zhao, Y., Yang, G., Niu, C., Gao, L., Liu, X., & Zhao, L. (2019). Proteolytic activity of *Lactobacillus plantarum* strains in Cheddar cheese as adjunct cultures. *Journal of Food Protection*, 82(12), 2108–2118. <https://doi.org/10.4315/0362-028X.JFP-19-276>
- Elbanna, K., Metry, W., & Elgarhy, H. (2015). Exopolysaccharide from *Lactobacillus pentosus* strain H2 and its impact on rheological properties and the sensory evaluation of low fat yoghurt and UF-soft cheese. *International Journal of Nutrition and Food Sciences*, 4(5), 555–564. <https://doi.org/10.11648/j.ijnfs.20150405.17>
- El-Baradei, G., Delacroix-Buchet, A., & Ogier, J. C. (2007). Biodiversity of bacterial ecosystems in traditional Egyptian Domiati cheese. *Applied and Environmental Microbiology*, 73(4), 1248–1255. <https://doi.org/10.1128/AEM.01667-06>
- Eramo, V., Massaro, F., Forniti, R., Porcelli, F., & Botondi, R. (2025). ¹H NMR-based characterization of the aqueous extract of aged Toma Piemontese PDO cheese: Qualitative impact of gaseous ozone to control surface microbiota versus normal ripening conditions. *International Dairy Journal*, 170, 106358. <https://doi.org/10.1016/j.idairyj.2025.106358>
- Fontana, F., Longhi, G., Alessandri, G., Lugli, G. A., Mancabelli, L., Tarracchini, C., Viappiani, A., Anzalone, R., Ventura, M., Turroni, F., & Milani, C. (2023). Multifactorial microvariability of the Italian raw-milk cheese microbiota and

- implication for current regulatory scheme. *mSystems*, 8(1), e01068-22.
<https://doi.org/10.1128/msystems.01068-22>
- Fröhlich-Wyder, M. T., Bisig, W., Guggisberg, D., Jakob, E., Turgay, M., & Wechsler, D. (2017). Cheeses with propionic acid fermentation. En P. L. H. McSweeney, P. F. Fox, P. D. Cotter, & D. W. Everett (Eds.), *Cheese* (4th ed.). Academic Press. <https://doi.org/10.1016/B978-0-12-417012-4.00035-1>
- Galli, B. D. (2024). Sustainability implications and relevance of using omics sciences to investigate cheeses with protected designation of origin. *Journal of the Science of Food and Agriculture*, 104(11), 6388–6396.
<https://doi.org/10.1002/jsfa.13403>
- Grecelle, C. B. Z., Mascitti, A. K., da Silva, L., Lunge, V. R., & da Costa, M. (2020). Characterization of *Staphylococcus* species isolated in production stages of Brazilian colonial cheese. *Journal of Tropical Pathology*, 49(1), 1–10.
<https://doi.org/10.5216/rpt.v49i1.60380>
- Hegab, O. W., Abdel-Latif, E. F., Zaki, H. M. B. A., & Moawad, A. A. (2021). Fundamental role of *Lactobacillus plantarum* and inulin in improving safety and quality of Karish cheese. *Open Veterinary Journal*, 11(3), 356–363.
<https://doi.org/10.5455/OVJ.2021.v11.i3.4>
- Ianni, A., Bennato, F., Martino, C., Grotta, L., & Martino, G. (2020). Volatile flavor compounds in cheese as affected by ruminant diet. *Molecules*, 25(3), 461.
<https://doi.org/10.3390/molecules25030461>
- Kazou, M., Alexandraki, V., Pot, B., Tsakalidou, E., & Papadimitriou, K. (2017). Complete genome sequence of the dairy isolate *Lactobacillus acidipiscis* ACA-DC 1533. *Genome Announcements*, 5(e01533-16).
<https://doi.org/10.1128/genomea.01533-16>
- Kazou, M., Alexandraki, V., Blom, J., Pot, B., Tsakalidou, E., & Papadimitriou, K. (2018). Comparative genomics of *Lactobacillus acidipiscis* ACA-DC 1533 isolated from traditional Greek Kopanisti cheese against species within the *Lactobacillus salivarius* clade. *Frontiers in Microbiology*, 9, 1244.
<https://doi.org/10.3389/fmicb.2018.01244>
- Kochetkova, T. V., Grabarnik, I. P., Klyukina, A. A., Zayulina, K. S., Gavirova, L. A., Shcherbakova, P. A., Kachmazov, G. S., Shestakov, A. I., Kublanov, I. V., & Elcheninov, A. G. (2023). The Bacterial Microbiota of Artisanal Cheeses from the Northern Caucasus. *Fermentation*, 9(8), 719.
<https://doi.org/10.3390/fermentation9080719>
- Lahti, L., & Shetty, S. (2017). *Tools for microbiome analysis in R* (Version 2.1.24). Recuperado de <https://microbiome.github.io/tutorials/>

- Liang, Y., Chang, C., Jiang, T., Zheng, T., Ji, Y., Guo, Y., Pan, D., Zhang, T., & Wu, Z. (2024). Antioxidant peptides derived from cheese products via single and mixed *Lactobacillus* strain fermentation. *Journal of Agricultural and Food Chemistry*, 72(38), 21221–21230. <https://doi.org/10.1021/acs.jafc.4c05721>
- Martín-Miguélez, J. M., Martín, I., Robledo, J., Ventanas, S., & Córdoba, J. J. (2025). Effect of artisanal processing on volatile compounds and sensory characteristics of traditional soft-ripened cheeses matured with selected lactic acid bacteria. *Foods*, 14(2), 231. <https://doi.org/10.3390/foods14020231>
- Mayo, B., Rodríguez, J., Vázquez, L., & Flórez, A. B. (2021). Microbial Interactions within the Cheese Ecosystem and Their Application to Improve Quality and Safety. *Foods*, 10(3), 602. <https://doi.org/10.3390/foods10030602>
- McMurdie, P. J., & Holmes, S. (2013). phyloseq: An R package for reproducible interactive analysis and graphics of microbiome census data. *PLOS ONE*, 8(4), e61217. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0061217>
- Mohamed, H. M., Barzideh, Z., Siddiqi, M., & LaPointe, G. (2023). Taxonomy, Sequence Variance and Functional Profiling of the Microbial Community of Long-Ripened Cheddar Cheese Using Shotgun Metagenomics. *Microorganisms*, 11(8), 2052. <https://doi.org/10.3390/microorganisms11082052>
- Morales Estrada, A., González Olivares, L. G., Contreras López, E., & Rodríguez Serrano, G. (2020). SelA and SelD genes involved in selenium absorption metabolism in lactic acid bacteria isolated from Mexican cheeses. *International Dairy Journal*, 103, 104629. <https://doi.org/10.1016/j.idairyj.2019.104629>
- Morales, F., Morales, J. I., Hernández, C. H., & Hernández-Sánchez, H. (2011). Isolation and partial characterization of halotolerant lactic acid bacteria from two Mexican cheeses. *Applied Biochemistry and Biotechnology*, 164, 889–905. <https://doi.org/10.1007/s12010-011-9182-6>
- Neviani, E., Gatti, M., Gardini, F., & Levante, A. (2025). Microbiota of Cheese Ecosystems: A Perspective on Cheesemaking. *Foods*, 14(5), 830. <https://doi.org/10.3390/foods14050830>
- Ngamsomchat, A., Kaewkod, T., Konkit, M., Tragoolpua, Y., Bovonsombut, S., & Chitov, T. (2022). Characterisation of *Lactobacillus plantarum* of dairy-product origin for probiotic Chèvre cheese production. *Foods*, 11(7), 934. <https://doi.org/10.3390/foods11070934>
- Ocampo Morales, B. N., Hernández Montes, A., Estrada, K., & Valadez Moctezuma, E. (2026). Physicochemical and microbiome changes in queso crema de Chiapas during ripening. *PLoS ONE*, 21(1), e0323038. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0323038>

- Oliveira, W. d. C., de Freitas, A. S., Ströher, J. A., Richards, N. S. P. d. S., Oliveira, M. B. P. P., & Erhardt, M. M. (2025). Exploring the Impact of Altitude on Bacterial Communities in Informally Produced Artisanal Colonial Cheeses: Insights from 16S rRNA Gene Sequencing. *Microorganisms*, 13(5), 1116. <https://doi.org/10.3390/microorganisms13051116>
- Pan, D. D., Wu, Z., Peng, T., Zeng, X. Q., & Li, H. (2014). Volatile organic compounds profile during milk fermentation by *Lactobacillus pentosus* and correlations between volatiles, flavor, and carbohydrate metabolism. *Journal of Dairy Science*, 97(2), 624–631. <https://doi.org/10.3168/jds.2013-7131>
- Pangallo, D., Kraková, L., Puškárová, A., Šoltys, K., Bučková, M., Koreňová, J., Budiš, J., & Kuchta, T. (2019). Transcription activity of lactic acid bacterial proteolysis-related genes during cheese maturation. *Food Microbiology*, 82, 416–425. <https://doi.org/10.1016/j.fm.2019.06.010>
- Papadopoulou, O. S., Argyri, A. A., Varzakis, E. E., Tassou, C. C., & Chorianopoulos, N. G. (2018). Greek functional Feta cheese: Enhancing quality and safety using a *Lactobacillus plantarum* strain with probiotic potential. *Food Microbiology*, 74, 21–33. <https://doi.org/10.1016/j.fm.2018.02.005>
- Papadimitriou, K., Anastasiou, R., Georgalaki, M., Bounenni, R., Paximadaki, A., Charmpi, C., Alexandraki, V., Kazou, M., & Tsakalidou, E. (2022). Comparison of the microbiome of artisanal homemade and industrial Feta cheese through amplicon sequencing and shotgun metagenomics. *Microorganisms*, 10(5), 1073. <https://doi.org/10.3390/microorganisms10051073>
- Pisano, M. B., Rosa, A., Putzu, D., Cesare Marincola, F., Mossa, V., Viale, S., Fadda, M. E., & Cosentino, S. (2020). Influence of autochthonous putative probiotic cultures on microbiota, lipid components and metabolome of Caciotta cheese. *Frontiers in Microbiology*, 11, 583745. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2020.583745>
- Reyes-Díaz, R., González-Córdova, A. F., Estrada-Montoya, M. del C., Méndez-Romero, J. I., Mazorra-Manzano, M. A., Soto-Valdez, H., & Vallejo-Cordoba, B. (2020). Volatile and sensory evaluation of Mexican Fresco cheese as affected by specific wild *Lactococcus lactis* strains. *Journal of Dairy Science*, 103(1), 242–253. <https://doi.org/10.3168/jds.2019-17188>
- Ribeiro, A. C., Tavares Alves, D., Campos, G. Z., da Costa, T. G., Dora Gombossy de Melo Franco, B., Almeida, F. A. d., & Pinto, U. M. (2025). Clarifying the dual role of *Staphylococcus* spp. in cheese production. *Foods*, 14(22), 3823. <https://doi.org/10.3390/foods14223823>
- Ruaro, A., Andrichetto, C., Torriani, S., & Lombardi, A. (2013). Biodiversity and characterization of indigenous coagulase-negative staphylococci isolated

- from raw milk and cheese of North Italy. *Food Microbiology*, 34(1), 106–111. <https://doi.org/10.1016/j.fm.2012.11.013>
- Ruiz-Moyano, S., Gonçalves dos Santos, M. T. P., Galván, A. I., Merchán, A. V., González, E., Córdoba, M. de G., & Benito, M. J. (2019). Screening of autochthonous lactic acid bacteria strains from artisanal soft cheese: Probiotic characteristics and prebiotic metabolism. *LWT – Food Science and Technology*, 114, 108388. <https://doi.org/10.1016/j.lwt.2019.108388>
- Saidi, V., Sheikh-Zeinoddin, M., Kobarfard, F., Soleimanian-Zad, S., & Sedaghat Doost, A. (2020). Profiling of bioactive metabolites during the ripening of a semi-hard non-starter culture cheese to detect functional dietary neurotransmitters. *Biocatalysis and Agricultural Biotechnology*, 28, 101734. <https://doi.org/10.1016/j.bcab.2020.101734>
- Santamarina-García, G., Amores, G., Hernández, I., Morán, L., Barrón, L. J. R., & Virto, M. (2023). Relationship between the dynamics of volatile aroma compounds and microbial succession during the ripening of raw ewe milk-derived Idiazabal cheese. *Current Research in Food Science*, 6, 100425. <https://doi.org/10.1016/j.crfs.2023.100425>
- Shi, Q., Wang, X., Ju, Z., Liu, B., Lei, C., Wang, H., & Li, H. (2021). Technological and safety characterization of *Kocuria rhizophila* isolates from traditional ethnic dry-cured ham of Nuodeng, Southwest China. *Frontiers in Microbiology*, 12, 761019. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2021.761019>
- Silva, A. d. A. D., Tavares, D. G., Andrade, R. P., Santos, T. L. d., & Duarte, W. F. (2025). Physicochemical profile of Canastra cheese inoculated with starter cultures of *Kluyveromyces lactis* and *Torulaspora delbrueckii*. *Foods*, 14(1), 121. <https://doi.org/10.3390/foods14010121>
- Vacca, M., Celano, G., Serale, N., Costantino, G., Calabrese, F. M., Calasso, M., & De Angelis, M. (2024). Dynamic microbial and metabolic changes during Apulian Caciocavallo cheesemaking and ripening produced according to a standardized protocol. *Journal of Dairy Science*, 107(9), 6541–6557. <https://doi.org/10.3168/jds.2023-24049>
- Walsh, A. M., Macori, G., Kilcawley, K. N., & Cotter, P. D. (2020). Meta-analysis of cheese microbiomes highlights contributions to multiple aspects of quality. *Nature Food*, 1(8), 500–510. <https://doi.org/10.1038/s43016-020-0129-3>
- Wang, J., Wu, T., Fang, X., & Yang, Z. (2019). Manufacture of low-fat Cheddar cheese by exopolysaccharide-producing *Lactobacillus plantarum* JLK0142 and its functional properties. *Journal of Dairy Science*, 102(5), 3825–3838. <https://doi.org/10.3168/jds.2018-15154>
- Zeng, H., Wang, Y., Han, H., Cao, Y., & Wang, B. (2022). Changes in key aroma compounds and esterase activity of *Monascus*-fermented cheese across a 30-day ripening period. *Foods*, 11(24), 4026. <https://doi.org/10.3390/foods11244026>

- Zhang, X., Hao, X., Wang, H., Li, X., Liu, L., Yang, W., Zhao, M., Wang, L., & Massounga Bora, A. F. (2021). The effects of *Lactobacillus plantarum* combined with inulin on the physicochemical properties and sensory acceptance of low-fat Cheddar cheese during ripening. *International Dairy Journal*, 115, 104947. <https://doi.org/10.1016/j.idairyj.2020.104947>
- Zheng, X., Liu, F., Shi, X., Wang, B., Li, K., Li, B., & Zhuge, B. (2018). Dynamic correlations between microbiota succession and flavor development involved in the ripening of Kazak artisanal cheese. *Food Research International*, 105, 733–742. <https://doi.org/10.1016/j.foodres.2017.12.007>

5.CONCLUSIONES GENERALES

El estudio permitió caracterizar integralmente al queso de prensa elaborado artesanalmente en Cuajinicuilapa, Guerrero, mostrando su composición fisicoquímica, perfil lipídico, capacidad antioxidante, atributos sensoriales, diversidad microbiana y perfil de compuestos volátiles durante 90 días de maduración. Los resultados demostraron que, aunque existe variación entre queserías, los quesos de Prensa comparten patrones similares que aportan a sus características.

Durante el período de maduración se observaron cambios en las características fisicoquímicas y el perfil lipídico, en el que predominaron los ácidos grasos saturados y de cadena mediana.

El contenido de fenoles totales y la capacidad antioxidante alcanzaron sus máximos a los 45 días, indicando que un período intermedio favorece la liberación de compuestos bioactivos.

El perfil sensorial permitió diferenciar las muestras de queso con 5 y 90 días de maduración mediante atributos como aroma a lácteo, sensación grasa, color amarillo, dureza y olor a ácido propiónico.

El análisis de la composición de la microbiota reveló que las especies del género *Staphylococcus* y *Lactobacillus* constituyen los microorganismos predominantes y cuyas proteolíticas y lipolíticas probablemente influyen en las propiedades fisicoquímicas, sensoriales y formación de metabolitos durante el período de maduración. Asimismo, el análisis de perfil de compuestos volátiles identificó 50 compuestos, de los cuales nueve son claves para discriminar entre queserías y tiempo de maduración, confirmando la interacción de la microbiota en el desarrollo de sabores y aromas.