

MICOM web: El inicio de las dietas personalizadas basadas en bacterias intestinales

Por Aleida Rueda
20 de marzo de 2026

La plataforma soluciona tres obstáculos de la biología de sistemas: la complejidad técnica, la necesidad de personalizar dietas y el alto costo computacional.

Cada vez es más común escuchar que la mejor dieta es la personalizada, la que se basa en las necesidades y requerimientos específicos de cada persona. Pero para la ciencia, eso es apenas la punta del iceberg. La verdadera personalización, que podría cambiar el paradigma de la dieta y su relación con la salud, se basa en algo mucho más específico: las bacterias del intestino.

Gracias a la biología molecular, se han dado pasos importantes para conocer mejor cómo interactúan las bacterias que forman parte de la microbiota intestinal, con el objetivo de que, en el futuro, se puedan diseñar dietas basadas en ellas.

Uno de esos avances se materializa en MICOM-Web, la primera plataforma de cómputo que sirve para que la comunidad académica y los profesionales de la salud generen modelos metabólicos con el fin de explorar cómo afecta la dieta en la interacción entre la microbiota intestinal y el tracto intestinal humano.

La plataforma, que se dio a conocer en un [artículo](#) publicado hace unas semanas en la revista *Gut Microbes*, escrito por investigadores y académicos del C3, la Red de Apoyo a la Investigación (RAI-UNAM), el Instituto Nacional de Medicina Genómica (INMEGEN) de México, Universidad de Washington, y el Institute for Systems Biology, ambos de Estados Unidos, se presenta como una solución a tres grandes obstáculos de la biología de sistemas moderna: la complejidad técnica, la necesidad de personalizar dietas y el alto costo computacional.



LNGO
Laboratorio Nacional
de Ciencias de la Complejidad

Unidad de Comunicación y Diseño
T. (+52) 55 5622 6730
Ext. 2017 y 2018
Correo electrónico:
comunicacion@c3.unam.mx
diseño@c3.unam.mx

Centro de Ciencias de la Complejidad
(C3)
Circuito Centro Cultural s/n /frente
a Universum), Cd. Universitaria,
Coyoacán 04510, Ciudad de México

www.c3.unam.mx



Centro de Ciencias de la Complejidad C3



C3UNAM

UNAM
Nuestra gran
Universidad

475+
UNIVERSIDAD
MÉXICO
1929 2026
"UNAM, rumbo al medio milenio..."



Fresno C, Oropeza-Valdez JJ, Alvarado-Luis PI, Peña-González P, Tovar AR, Torres N, Diener C, Gibbons S, Resendis-Antonio O.

MICOMWeb: a website for microbial community metabolic modeling of the human gut. Gut Microbes. 2025 Dec 31;17(1):2587968. doi: 10.1080/19490976.2025.2587968. Epub 2025 Dec 2. PMID: 41328016; PMCID: PMC12674444.



Cristóbal Fresno



Juan José Oropeza-Valdez



Perla Itzel Alvarado-Luis



Patricia Peña-González



Armando R. Tovar



Nimbe Torres



Christian Diener



Sean Gibbons



Osbaldo Resendis-Antonio



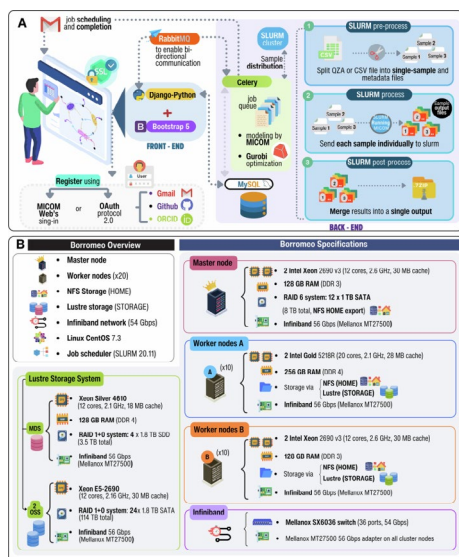
Hasta ahora, se sabe que las bacterias que conforman la microbiota intestinal tiene un papel clave en la digestión, pero desde hace algunos años hay fuertes sospechas de que también produce moléculas capaces de regular nuestro sistema inmune, y en consecuencia, tener un rol esencial en determinar qué tan sanos -o no- estamos.

“Ha sido un cambio de paradigma, porque ahora sabemos que no somos sólo humanos, también somos bacterias. De acuerdo con el último cálculo, por cada célula humana hay una bacteria. Este conjunto de microorganismos es una maquinaria metabólica impresionante y por eso hay un gran interés en ellas porque parecen ser una especie de monitor sobre estados de salud o estados de enfermedad”, explica Osbaldo Resendis, creador de MICOM-Web, investigador del INMEGEN, C3 y la RAI.

A pesar de las sospechas sobre su importancia, hasta hace unos años no era posible entender qué hacía cada una de estas bacterias y cómo interactuaban entre sí bajo distintas dietas. Era un reto porque analizar tal cantidad de microorganismos requería una gran capacidad de cómputo.

Pero MICOM-Web ha logrado lo que parecía imposible: analizar las interacciones de miles de bacterias en tiempo récord.

“Es una aportación computacional para poder elucidar y discernir la interacción que existe entre las bacterias y cómo esta interacción a nivel metabolismo puede surgir o puede dar cabida a los fenotipos de enfermedad o de bienestar en el ser humano”, explica Resendis.



Descripción general de MICOMWeb [\[enlace\]](#)

A) Infraestructura de alto nivel (front-end a back-end) y estrategia de procesamiento SLURM.

B) Borromeo es el clúster SLURM utilizado para el procesamiento back-end de MICOMWeb. Se presenta una descripción general, así como las especificaciones de los nodos y del almacenamiento.

La plataforma no sólo permite simular esas interacciones a escala genómica sino que, con ellas, será posible establecer hipótesis que posteriormente sean verificables en experimentos sobre cuáles son los metabolitos importantes para que aparezcan enfermedades específicas, como diabetes tipo 2 o cáncer.

Un potente simulador

“MICOM-Web funciona como un simulador de vuelo para el metabolismo”, explican los autores en el artículo. En este caso, la simulación sucede cuando los usuarios cargan datos de muestras de la microbiota de una persona y las someten a dietas predefinidas o diseñadas por ellos mismos, por ejemplo, una dieta alta en fibra frente a una dieta procesada. De esta manera se puede predecir qué metabolitos (como los ácidos grasos de cadena corta, esenciales para la salud) producirán una comunidad bacteriana específica.

Pero llegar a este potente simulador llevó su tiempo. Durante muchos años se trabajó con software que permitía modelar la interacción de una o varias decenas de bacterias. No podían ser más porque cada una tiene su reconstrucción metabólica que son miles de reacciones bioquímicas. Así que simular el crecimiento de una decena de bacterias era un problema mayúsculo y conforme escalaban a dos o tres órdenes de magnitud, el número de reacciones bioquímicas de las bacterias se volvía simplemente inmanejable.

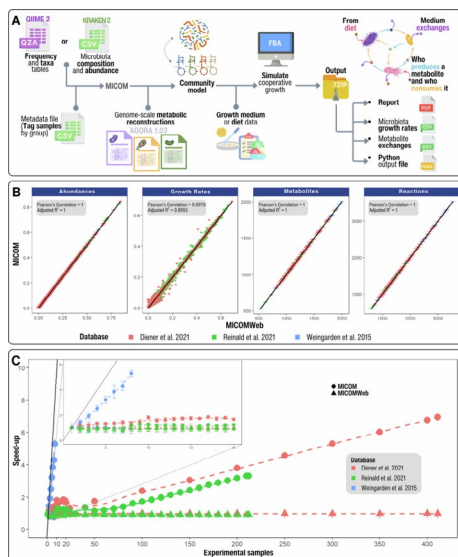
Eso cambió cuando el grupo de investigación probó reducir la complejidad a través de una optimización de los recursos que las bacterias requieren para sobrevivir.

La propuesta, que se publicó en un [artículo](#) de 2020, se llamó MICOM y parte de la idea de que hay cierta cantidad de macronutrientes con los cuales van a crecer todas las bacterias; si se distribuyen de manera equitativa en función de su distribución, esto será útil para estimar la actividad metabólica de la comunidad de bacterias. Con MICOM, ya no es necesario modelar reacción por reacción, sino que se modela en función de los macronutrientes que usa cada tipo de bacteria. Esto permitió pasar de decenas a modelar cientos de bacterias.

Sin embargo, usar MICOM requería saber Python o algún conocimiento avanzado de cómputo. Así que los investigadores crearon MICOM-Web para resolver ese desafío. Al estar alojada en el Laboratorio Nacional de Ciencias de la Complejidad, la herramienta elimina la barrera del “código” de manera que ahora una persona nutrióloga o un gastroenteróloga puede utilizar modelos matemáticos de vanguardia para explorar cómo la microbiota responde a un cambio alimenticio, todo desde un navegador de internet y sin necesidad de conocimiento sofisticado de algún lenguaje de programación ni una gran infraestructura de cómputo.

“Esto es gracias al poder de cómputo del C3 y, muy particularmente, al [Laboratorio Nacional de Ciencias de la Complejidad](#) (LNCC), que ofrece una infraestructura muy robusta para que este software se instale aquí, y sea factible manejar cientos de muestras de manera simultánea y en poco tiempo. Ahora, los investigadores no exploran 10 bacterias, ni 20, ni 100, sino miles. Esto nos acerca a un escenario mucho más realista de lo que sucede en la microbiota intestinal”, dice Resendis.

La plataforma también implica un avance en su optimización. A diferencia de las versiones anteriores que consumían grandes cantidades de memoria RAM y tiempo de procesamiento, MICOM-Web ha demostrado ser entre 10 y 200 veces más rápida en la ejecución de tareas complejas.



Comparación entre MICOMWeb y MICOM. [\[Enlace\]](#)

A) Modelado de comunidades microbianas con el paquete Python MICOM. **B)** Comparación de la reproducibilidad de MICOMWeb frente a MICOM en cuanto a abundancias, tasas de crecimiento, número de metabolitos y reacciones. **D)** Curva de aceleración para los tres conjuntos de datos de ejemplo utilizando MICOM y MICOMWeb. También se incluye un zoom integrado de las primeras 20 muestras.

La dieta digital

El hecho de que esta plataforma computacional simule la microbiota en función de los macronutrientes es justo lo que permite poner el foco en la alimentación y abrir una nueva perspectiva sobre las dietas del futuro. La idea es simple: las dietas definen el ambiente y los macronutrientes con los cuales las bacterias van a crecer, por lo tanto, una determinada dieta modificará su distribución y aumentará o disminuirá el riesgo de que aparezca alguna enfermedad.

“Podríamos crear una dieta que aumente la cantidad de bacterias que producen ácidos grasos de cadena corta (AGCC) -acetato, propionato, butirato- que ya se sabe que generan bienestar en el humano” porque reducen la inflamación, mejoran el funcionamiento intestinal, regulan el metabolismo y el sistema inmune.

“Ese es el sueño: que a partir de la microbiota de un individuo se pueda definir la mejor dieta para él”, dice Resendis.

Pero ese sueño no es tan lejano. Gracias al potencial de MICOM-Web, el grupo de investigadores propone un nuevo concepto: la microbiota digital. Es parecido al gemelo digital, que consiste en hacer una imagen en sílico de una persona, con sus riñones, sus pulmones, su corazón, y probar en él algunos medicamentos, identificar cuál es el mejor, y después regresar al paciente real.

Lo mismo puede pasar con la microbiota: llega el individuo, se le toma muestra de su microbiota, se aplican cambios en su alimento a computadora y luego se monitorea su evolución. Aquellos cambios que aumenten la presencia de bacterias benéficas pueden servir para diseñar una dieta ad hoc al paciente. Esa es la verdadera personalización.

El grupo ya ha aplicado esta dieta digital con pacientes con prediabetes, en los que no sólo prueban distintas dietas sino que también analizan cuál de ellas favorece la acción del medicamento (en este caso, metformina).

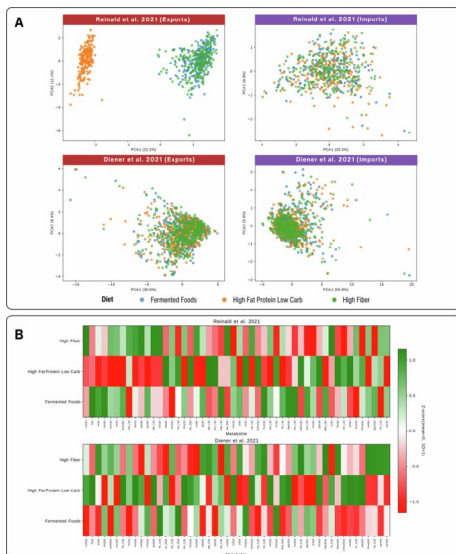
En el artículo donde reportan este experimento, publicado a principios de año, tomaron muestras de la microbiota de dos individuos, como estudio de caso, y en computadora se les dieron dietas distintas: a uno se le dio una dieta mediterránea y al otro, una de milpa. Y encontraron que, conforme el tiempo pasa, cada dieta tiene un efecto específico en cada individuo. Por ejemplo: quien consumió la dieta mediterránea tuvo un aumento en sus niveles de acetato, mientras que el de la milpa tuvo más butirato.

Lo que concluyen es que la dieta tendrá efectos distintos en función de cada individuo y por lo tanto este tipo de investigaciones pueden ayudar a responder qué dieta es la más adecuada para cada persona.

Para Resendis, lo más importante por ahora es que más investigadores del área de microbiología usen MICOM-Web, para que se hagan miles de hipótesis y enriquezca la investigación sobre las interacciones bacterianas.

“Queremos invitarles a que la usen, a investigadores, profesionales de la salud, médicos, nutricionistas y cualquier persona que esté interesada en experimentar con dietas y bacterias”.

El plan es que la interacción entre bacterias detone la interacción entre especialistas. De acuerdo con Resendis, sólo con investigación interdisciplinaria se logrará una medicina más personalizada, con dietas, tratamientos y diagnósticos ad hoc para cada persona y con base en el complejo diálogo químico que ocurre en sus propias comunidades bacterianas.



Perfil de intercambio metabólico comparativo de dietas. [Enlace]

A) Diagrama de dispersión del análisis de componentes principales (PCA) de los flujos de exportación para los 50 metabolitos principales, mostrados por separado para las cohortes de diabetes tipo 2 y COVID-19. Las tres intervenciones dietéticas (alta fibra, alta grasa/proteína y alimentos fermentados) están codificadas por colores. Las filas corresponden a la cohorte (arriba: COVID-19; abajo: Diabetes) y las columnas a la dirección del flujo (izquierda: exportaciones; derecha: importaciones). Los ejes de los componentes están etiquetados con el porcentaje de varianza explicada en los datos. **B)** El mapa de calor de los 50 flujos de exportación principales para las tres dietas, donde la cohorte se presenta en la parte superior e inferior para COVID-19 y diabetes tipo 2, respectivamente.

LIGAS DE INTERÉS

Artículo sobre MICOM-Web:

- “MICOMWeb: a website for microbial community metabolic modeling of the human gut”
<https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/41328016/>

■ Artículo sobre dieta digital:

“Digital modeling of metformin and diet interactions on gut-microbiota metabolism in prediabetic patients”

<https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S2001037025005690>

■ Taller: MICOM-web Modelado del metabolismo en microbiota

<https://www.youtube.com/live/pjcdHau6XaQ?si=t-1D0slXykP489aQE>