



Registro RENIECYT-SECIHTI: 2000001

# Supercomputación para Químico-Biológicas

*El curso que ninguna universidad de América Latina te estaba dando hasta ahora.  
"No necesitas ser programador.  
Necesitas ser el científico que sabe exprimir cada núcleo de CPU de un supercomputador  
mientras los demás siguen esperando que alguien más lo haga por ellos."*

**Constancia con folio de red SEP-CONOCER EC0301 y EC0366 (validez oficial)**

**Masterclass GRATIS:** 4 de junio del 2026

(Registro: <https://www.pharbiois.com/contacto>)

**Más información del curso:** <https://biologohpc.nfinnovations.com>

**Modalidad del curso:** 100% Sincrónico/asincrónico

**Duración:** 15 horas (10 horas sincrónicas, 2 fines de semana) y 5 horas tareas, actividades extras,  
etc

**Idioma:** Español

**Curso inicia:** Sábado 13 de junio del 2026 (11:00 horas, hora centro de México)

**Sincrónico:** ZOOM (sábados y domingos)

**Asincrónico:** <https://pharbiois.milaulas.com/> (acceso a material y  
clases)



## Profesores:



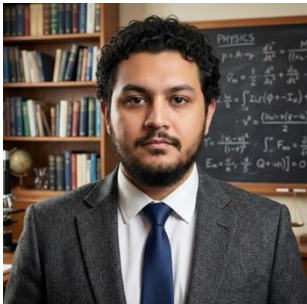
### **Fabian Jimenez**

Investigador doctoral en medicina computacional y simulación molecular, con larga trayectoria en HPC y aplicaciones de investigación aplicados al descubrimiento terapéutico. CTO de NF Innovations, con publicaciones internacionales y colaboraciones activas en varios países. Su trabajo conecta infraestructura CPU y GPU de frontera con el diseño racional de fármacos para enfermedades catastróficas.



### **William Lituma, Biomedico**

Biomédico especializado en bioinformática y quimioinformática, combinando análisis genómico (NGS, BLAST) y modelos predictivos en Python/R para el descubrimiento de candidatos terapéuticos. Experto en modelado molecular, docking y dinámica molecular (AutoDock, GROMACS, PyRx), con base sólida en genómica del cáncer, metagenómica y diagnóstico clínico, conectando datos biológicos con decisiones de investigación de alto impacto.



### **Hugo Chancay, Físico**

Físico especialista en sistemas dinámicos y caos, con experiencia en computación cuántica y modelado computacional de alta precisión. Domina simulaciones de DFT y sistemas cuánticos, utilizando Python para análisis numérico y visualización de fenómenos complejos, desde la mecánica clásica hasta los fenómenos cuánticos.



*Tres perfiles complementarios, una sola visión: fundamentos sólidos + implementación real para que tu HPC no sea teoría, sino rendimiento.*

## ACERCA DEL CURSO

Este curso introduce a estudiantes e investigadores del área químico-médico-biológica al uso de Linux y supercomputación (HPC) aplicada a simulación molecular y ciencia computacional. Los participantes aprenderán a trabajar en servidores remotos, automatizar flujos de trabajo científicos y utilizar SLURM para ejecutar y optimizar simulaciones en supercomputadores. Al finalizar, contarán con bases prácticas para integrarse a proyectos de modelado molecular, dinámica molecular, bioinformática y descubrimiento de fármacos en entornos HPC profesionales.

## TEMARIO

### **Los 4 Bloques de Élite**

*El temario está diseñado para que cada bloque te deje con una habilidad concreta, operativa e inmediatamente aplicable.*

### **Bloque I — La Arquitectura del Poder Computacional**

Antes de dominar una herramienta, necesitas entender por qué existe y qué problema físico resuelve. En este primer bloque, saldrás de la niebla conceptual que rodea a los supercomputadores. Entenderás qué está pasando cuando un nodo de cómputo ejecuta tus moléculas, qué significa que la red InfiniBand sea 10 veces más rápida que el Ethernet de tu oficina, y por qué la Física Newtoniana es la razón por la que necesitas un supercomputador para estudiar proteínas. Al terminar, la arquitectura HPC dejará de ser una caja negra intimidante.

### **Bloque II — El Lenguaje de los Servidores**

Linux es el sistema operativo del 100% de los supercomputadores del mundo. No el 90%. El 100%. Si no hablas Linux, no puedes operar ciencia computacional de escala. Al terminar este bloque, moverás archivos entre servidores remotos, filtrarás datos con una línea de texto, y navegarás la estructura de un clúster HPC con total naturalidad. El servidor remoto dejará de ser territorio extranjero.

### **Bloque III — La Automatización del Científico Inteligente**

Fresno Norte No 14. San Miguel Tehuisco, Alcaldía Tlalpan C.P.14500  
[pharmacologicalandbiotechnology@gmail.com](mailto:pharmacologicalandbiotechnology@gmail.com), [ventas@pharbiois.com](mailto:ventas@pharbiois.com).

RFC: PBI191119GWA












Existe una diferencia crítica entre el investigador que usa herramientas computacionales y el que orquesta pipelines. En este bloque aprenderás a crear automatizaciones que eliminarán el trabajo manual repetitivo de tu flujo de investigación, gestionando el software científico más avanzado del mundo sobre HPC de forma reproducible y transferible. Este es el bloque donde la productividad científica da un salto cuántico.

### **Bloque IV — El Dominio del Gestor de Colas**

SLURM — el gestor de trabajos que gobierna la mayoría de los supercomputadores del mundo — tiene su propio lenguaje. Aquí aprenderás a escribir scripts SLURM elegantes, robustos y profesionales. Lanzarás el Benchmark de Rendimiento CPU: una simulación molecular real con distintas configuraciones de paralelización, medirás el rendimiento en ns/día, y determinarás — con datos propios — cuál es la configuración óptima para tu sistema. Ese es el tipo de conocimiento que se cita en la sección de Métodos de una publicación Q1.



### **Herramientas que dominarás al finalizar**

-  Linux Terminal (bash)  SSH / SCP en Yeesuan Cloud
-  Nano / Vim  grep / find / awk
-  Bash Scripting  Environment Modules
-  GROMACS  SLURM
-  HPC Cloud (YEESUAN)

### **Tu Inversión — Lo Que Cuesta vs. Lo Que Vale**

Seamos directos sobre los números, porque la transparencia también es un valor científico.

#### **Opciones de Acceso**

Opción	Precio	Incluye
 Curso 1 — Acceso Individual	\$1027 MXN / \$59 USD	10 h en vivo · Scripts · Certificado · Acceso al clúster HPC real
 Ruta Completa — 5 Cursos	\$297 USD	Los 5 Cursos · Ahorro de \$58 · Acceso a la comunidad permanente

Para inscribirse, realizar pago a la cuenta CLABE SANTANDER: 0141-8065-5079-1315-04, a nombre de Pharmaceutical and Biotechnological Innovation Services SAS De CV ó en plataforma:

<https://www.pharbiois.com/inscribirme-linuxsupercomputo>

El comprobante se envía al correo: [pharmaceuticalandbiotechnology@gmail.com](mailto:pharmaceuticalandbiotechnology@gmail.com) y/o [ventas@pharbiois.com](mailto:ventas@pharbiois.com).

También puede pagar por PayPal, Mercado Pago (TDD, TDC, OXXO, etc.) o Stripe en plataforma: <https://www.pharbiois.com/inscribirme-linuxsupercomputo>

Fresno Norte No 14. San Miguel Tehuisco, Alcaldía Tlalpan C.P.14500  
[pharmacologicalandbiotechnology@gmail.com](mailto:pharmacologicalandbiotechnology@gmail.com), [ventas@pharbiois.com](mailto:ventas@pharbiois.com).

RFC: PBI191119GWA



## ● ¿Esto te suena familiar?

Llevas meses — quizás años — leyendo papers en los que los autores escriben con total naturalidad:

*"All simulations were performed on the [X] HPC cluster using 128 cores for 100 ns..."*

**Y mientras lees esa línea, por dentro sabes exactamente lo que eso significa para tu carrera: ellos publican en Nature Computational Science, JCTC y JCIM. Tú tienes una revisión mayor esperándote porque tu metodología no tiene ese respaldo computacional.**

Si alguna vez te has encontrado en alguna de estas situaciones, este Curso fue diseñado específicamente para ti:

- 😞 **Intentaste instalar GROMACS en tu laptop** y después de 3 horas de errores en la terminal, lo dejaste para "después". Ese "después" lleva meses esperando.
- ⌚ **Corriste una simulación pequeña en tu computadora personal** y tardó 4 días en completar lo que un clúster HPC haría en 45 minutos.
- 🚫 **Tu universidad tiene acceso a un clúster HPC nacional** (FENIX, NLHPC, SINAPAD, CENAPAD) que básicamente nadie en tu laboratorio sabe usar.
- 📊 **Un revisor de revista te pidió "extender las simulaciones"** y tuviste que responder con evasivas porque no tienes la infraestructura.
- 😬 **La línea de comandos te intimida.** Ves a alguien escribir en una terminal negra a toda velocidad y sientes que eso no es para ti.

**Todo eso termina aquí.**

## ✅ ¿Qué lograrás en exactamente 10 horas?

En dos fines de semana de formación intensiva, operarás un supercomputador real. No una simulación. No un tutorial de YouTube. Un clúster HPC real en la nube al que te conectarás mediante SSH desde tu propio computador, ejecutando trabajos científicos reales con impacto medible en tus investigaciones.

**Al finalizar el Curso 1, serás capaz de:**

- 🗝️ **Conectarte de forma autónoma a cualquier clúster HPC del mundo** mediante SSH — el mismo protocolo que usa el investigador del MIT, del Max Planck Institute y del EMBL.
- 📁 **Navegar, organizar y gestionar datos científicos masivos en servidores remotos** con la fluidez de quien lleva años haciéndolo.

Fresno Norte No 14. San Miguel Tehuisco, Alcaldía Tlalpan C.P.14500  
[pharmacologicalandbiotechnology@gmail.com](mailto:pharmacologicalandbiotechnology@gmail.com), [ventas@pharbiois.com](mailto:ventas@pharbiois.com).

RFC: PBI191119GWA

# Pharmaceutical and Biotechnological Innovation-Services SAS de CV

www.pharbiois.com



- ⚡ **Transferir datasets completos de forma eficiente y segura** entre tu computadora local y el clúster, con verificación de integridad incluida.
- 🤖 **Automatizar flujos de trabajo científicos con scripts** que trabajan mientras tú duermes — eliminando el trabajo manual repetitivo.
- 🧩 **Gestionar el software científico más avanzado del mundo** sobre infraestructura HPC profesional — cargando GROMACS 2025 con total control.
- 🚀 **Enviar, monitorear y cancelar trabajos de simulación al gestor de colas SLURM** de forma autónoma — el mismo sistema que gobierna los supercomputadores más potentes del planeta.
- 🏆 **Optimizar la arquitectura CPU de tu simulación**, identificando el balance exacto entre procesos paralelos y subprocesos multi-hilo que maximiza los nanosegundos por día (ns/día).

## **El Entorno Que Cambia Todo**

Hay cientos de tutoriales gratuitos de Linux en YouTube. Cursos de "introducción a la terminal" en Coursera. Videos de "cómo usar GROMACS" en blogs personales.

### **Este Curso no es ninguna de esas cosas.**

La diferencia no está en el contenido. Está en el entorno donde aprendes.

**Desde el minuto uno del primer día, tienes abierta una sesión SSH en un nodo de login de un clúster HPC real en la nube — infraestructura del mismo nivel técnico que los centros de supercómputo que mencionan los papers que lees.**

Cada comando que ejecutas afecta a un sistema de archivos distribuido real (Lustre/GPFS). Cada trabajo que envías pasa por el mismo gestor de colas (SLURM) que utilizan el Barcelona Supercomputing Center y el Pittsburgh Supercomputing Center. No practicamos. Hacemos ciencia.

### **¿Me conviene económicamente este curso?**

- El BioExcel Summer School europeo 5 días, solo en inglés, con viaje y visa incluidos cuesta entre €226 y €1,054 por participante. El Curso 1 es el 5% de ese costo.
- Contratar a un consultor externo para configurar tu primer trabajo de GROMACS en un clúster cuesta entre \$200 y \$500 USD por sesión. Una sesión de aprendizaje aquí cuesta \$59 y te deja la habilidad para siempre.
- Las horas de cómputo HPC en tu institución que hoy están siendo desperdiciadas tienen un valor de \$50–\$200 USD por 100 horas CPU. Al finalizar el Curso, esas horas empiezan a trabajar para ti.

Fresno Norte No 14. San Miguel Tehuisco, Alcaldía Tlalpan C.P.14500  
[pharmacologicalandbiotechnology@gmail.com](mailto:pharmacologicalandbiotechnology@gmail.com), [ventas@pharbiois.com](mailto:ventas@pharbiois.com).

RFC: PBI191119GWA



## ¿Y después del Curso 1?

Este Curso no es un curso aislado. Es el primer escalón de una ruta que te llevará a publicar ciencia computacional de nivel internacional.

Los participantes que completan el Curso 1 obtienen acceso preferencial y precio especial al:

### ● **Curso 2: Preparación de Sistemas Moleculares**

*"Tienes el supercomputador en tus manos. Ahora aprende a construir el sistema que vas a simular."*

Partiendo de una estructura cristalográfica real descargada del RCSB PDB, construirás desde cero el sistema topológico completo de un complejo proteína-ligando: limpieza estructural, generación de topología, parametrización de ligandos, solvatación y neutralización iónica. La ciencia comienza donde termina la biología que ya conoces.



## La Ruta Completa — MD Elite Track

**Curso 1 → Linux & HPC para Científicos (\$59)**

Curso 2 → Preparación de Sistemas Moleculares (\$59)

Curso 3 → Pipeline de Simulación GROMACS (\$69)

Curso 4 → Análisis de Trayectorias Completo (\$79)

Curso 5 → MMPBSA: Energía Libre de Unión (\$89)

**Ruta Completa Bundle \$297 USD (ahorro de \$58)**

Al completar los 5 Cursos, estarás ejecutando simulaciones de 100 ns, extrayendo RMSD, RMSF, Radio de Giro, SASA y Puentes de Hidrógeno, y calculando energías libres de unión con MMPBSA el arsenal completo de un científico computacional publicable en Q1.



## Los cupos son limitados y hay una razón científica para eso

No es una táctica de marketing. Es una decisión pedagógica: con más de 50 estudiantes simultáneos en sobre un clúster HPC, el soporte en tiempo real se vuelve complejo y la calidad de la experiencia se degrada. Cada participante merece atención real cuando algo falla en su terminal.

Cuando los cupos se llenan, la siguiente cohorte abre en el siguiente ciclo.



¿Estás listo para dejar de leer papers sobre simulaciones y empezar a escribirlos?



**RESERVAR MI LUGAR — \$1026 MXN / \$59 USD**

*Acceso inmediato al grupo de preparación pre-curso · Credenciales de acceso 48 h antes del inicio*



**[ACCEDER A LA RUTA COMPLETA — \$297 USD]**

*Los 5 Cursos · La transformación completa · El precio más inteligente*

Fresno Norte No 14. San Miguel Tehuisco, Alcaldía Tlalpan C.P.14500  
[pharmacologicalandbiotechnology@gmail.com](mailto:pharmacologicalandbiotechnology@gmail.com), [ventas@pharbiois.com](mailto:ventas@pharbiois.com).

RFC: PBI191119GWA

Pharmaceutical and Biotechnological  
Innovation-Services SAS de CV  
www.pharbiois.com



*¿Tienes preguntas antes de inscribirte? Escríbenos directamente. Respondemos en menos de 24 horas con respuestas técnicas reales, no con scripts de ventas.*

### ¿Qué Obtendrás al Finalizar?

- **Certificado oficial:** Emitido por **Pharbiois, México**, con folio de validez de la red SEP-CONOCER y NF Innovations, Washington, USA.
- **Autonomía tecnológica:** Ejecuta tus propios experimentos en HPC sin depender de expertos en sistemas.
- **Comprensión conceptual sólida:** Marco teórico claro sobre cómo funcionan los supercomputadores y cuándo utilizarlos.
- **Habilidades prácticas inmediatas:** Experiencia directa con herramientas y plataformas reutilizables en tu investigación.
- **Ventaja competitiva:** Diferenciación de tu perfil académico y profesional al dominar tecnologías de frontera.

## Pharbiois y NF Innovations Trabajando juntos en ciencia.

Fresno Norte No 14. San Miguel Tehuisco, Alcaldía Tlalpan C.P.14500  
[pharmacologicalandbiotechnology@gmail.com](mailto:pharmacologicalandbiotechnology@gmail.com), [ventas@pharbiois.com](mailto:ventas@pharbiois.com).  
RFC: PBI191119GWA