

Curso práctico de Dinámica Molecular y Análisis de Trayectorias

Episodio 1: Introducción (entorno y datos)

Jordi Villà i Freixa

Universitat de Vic - Universitat Central de Catalunya
Facultat de Ciències, Tecnologia i Enginyeries (FCTE)

jordi.villa@uvic.cat

Curso MD y Análisis de Trayectorias
Concepción, enero 2026

1 Episodio 1: Introducción (entorno y datos)

- Capa de aplicación de OpenMM
- Panorama y escalas
- Variables y estados
- Entropía y energía libre
- Ensembles y partición
- Hamiltoniano y dinámica
- Fuerzas y gradientes
- Partición y probabilidades
- Distribución de Boltzmann
- Espacio de fases y ergodicidad
- Superficie de energía potencial
- Campos de fuerza
- Entorno y datos

Flujo general de OpenMM

- Cargar estructuras PDB/GROMACS/AMBER/CHARMM/TINKER desde los scripts oficiales (p.ej., `simulatePdb.py`, `simulateGromacs.py`, `simulateAmber.py` y `simulateCharmm.py`).
- Generar objetos 'Topology', 'System' e 'Integrator' y sincronizar 'StateReporter'/'TrajectoryReporter' para registrar energías, fuerzas y coordenadas.
- Ejecutar integraciones con pasos definidos desde la capa de aplicación y guardar checkpoints con la rutina de OpenMM-Setup (User Guide §3.5-3.15).

Entradas externas

- `simulateAmber.py` acepta `'prmtop' + '.inpcrd'`, mientras que `simulateCharmm.py` y `simulateGromacs.py` respetan sus formatos nativos.
- `simulatePdb.py` es el punto de partida tradicional para el estudio de alanina o proteínas-ligando sin parametrizar.
- Todos incluyen funciones para modificar 'reporters' y acomodar formatos de salida que luego procesaremos con scripts Python de análisis.

Objetivos del episodio

- Conectar termodinámica, mecánica estadística y simulación.
- Definir variables, funciones de estado y observables.
- Establecer el flujo de datos y el entorno de trabajo.

Escalas de tiempo y longitud

$$\Delta t_{\text{vibraciones}} \sim 10^{-15} \text{ s},$$

$$\Delta t_{\text{conformaciones}} \sim 10^{-9} \text{ s a } 10^{-3} \text{ s},$$

$$L_{\text{atomos}} \sim 10^{-10} \text{ m}, \quad L_{\text{proteinas}} \sim 10^{-8} \text{ m}.$$

- La simulación atómica resuelve escalas ultrarrápidas.
- La estadística conecta microestados con promedios macroscópicos.

$$\text{Estado} = (\mathbf{r}_1, \dots, \mathbf{r}_N, \mathbf{p}_1, \dots, \mathbf{p}_N),$$
$$\mathbf{p}_i = m_i \dot{\mathbf{r}}_i.$$

- El sistema está definido por $6N$ coordenadas en el espacio de fases.
- La energía potencial codifica la interacción entre partículas.

$$\langle A \rangle = \int A(\mathbf{r}, \mathbf{p}) \rho(\mathbf{r}, \mathbf{p}) d\mathbf{r} d\mathbf{p},$$

$$\bar{A} = \lim_{T \rightarrow \infty} \frac{1}{T} \int_0^T A(t) dt.$$

- La ergodicidad conecta promedios temporales y de conjunto.

Pipeline de simulación

- ① Preparación del sistema (topología, coordenadas, parámetros).
- ② Definición del Hamiltoniano y condiciones de contorno.
- ③ Integración temporal y generación de trayectoria.
- ④ Análisis estadístico de observables.

$$P, V, T, U, H = U + PV, G = H - TS, A = U - TS.$$

- Funciones de estado: dependen solo del estado macroscópico.
- Funciones de trayectoria: trabajo W y calor Q .

Primera ley y trabajo

$$dU = \delta Q + \delta W,$$
$$\delta W = -P dV + \sum_i f_i dx_i.$$

- La energía interna cambia por intercambio de calor o trabajo.
- En simulación, δW proviene de fuerzas sobre partículas.

Segunda ley y entropía

$$dS \geq \frac{\delta Q}{T},$$
$$S = k_B \ln \Omega.$$

- Ω es el número de microestados compatibles con el macroestado.

Potenciales termodinámicos

$$G = U + PV - TS,$$
$$A = U - TS.$$

- G minimiza a T, P constantes; A minimiza a T, V constantes.

$$dG = -S dT + V dP + \sum_i \mu_i dN_i,$$
$$dA = -S dT - P dV + \sum_i \mu_i dN_i.$$

- Las derivadas parciales dan observables medibles.

Microestados y macroestados

$$S = k_B \ln \Omega, \quad \Omega = \sum_{\text{micro}} 1.$$

- Incrementos de entropía favorecen estados con más configuraciones.

$$\Delta G = \Delta H - T\Delta S,$$
$$\Delta A = \Delta U - T\Delta S.$$

- En equilibrio, $\Delta G = 0$ para procesos a T, P fijos.

$$\mu_i = \left(\frac{\partial G}{\partial N_i} \right)_{T, P, N_{j \neq i}} .$$

- Controla intercambios de materia y equilibrio de fases.

$$P(\text{estado}) \propto e^{-\beta G}, \quad \beta = 1/(k_B T).$$

- La energía libre gobierna el peso estadístico de macroestados.

Ejemplo: equilibrio $A \rightleftharpoons B$

$$K = e^{-\beta \Delta G},$$
$$\Delta G = -k_B T \ln K.$$

- La estabilidad relativa se expresa en términos de ΔG .

Ensembles clásicos

- Microcanónico (NVE): N, V, E fijos.
- Canónico (NVT): N, V, T fijos.
- Isothermo-isobárico (NPT): N, P, T fijos.

Función de partición canónica

$$Z = \frac{1}{h^{3N} N!} \int e^{-\beta H(\mathbf{r}, \mathbf{p})} d\mathbf{r} d\mathbf{p}.$$

- Central para derivar energías libres y promedios.

$$\langle A \rangle = \frac{1}{Z} \int A e^{-\beta H} d\mathbf{r} d\mathbf{p}.$$

- En simulación, se estiman con promedios temporales.

$$\Delta = \int dV e^{-\beta P V} Z(N, V, T),$$
$$G = -k_B T \ln \Delta.$$

- Incluye fluctuaciones de volumen controladas por el barostato.

$$C_V = \frac{\langle E^2 \rangle - \langle E \rangle^2}{k_B T^2},$$
$$\kappa_T = \frac{\langle V^2 \rangle - \langle V \rangle^2}{k_B T \langle V \rangle}.$$

- Las fluctuaciones conectan estadística y respuesta macroscópica.

$$H(\mathbf{r}, \mathbf{p}) = \sum_{i=1}^N \frac{\mathbf{p}_i^2}{2m_i} + U(\mathbf{r}).$$

- Se separa en energía cinética y potencial.

$$\dot{\mathbf{r}}_i = \frac{\partial H}{\partial \mathbf{p}_i},$$
$$\dot{\mathbf{p}}_i = -\frac{\partial H}{\partial \mathbf{r}_i}.$$

- Equivalentes a la segunda ley de Newton.

$$m_i \ddot{\mathbf{r}}_i = -\nabla_i U(\mathbf{r}).$$

- La fuerza es el gradiente negativo del potencial.

$$\frac{dH}{dt} = 0 \quad (\text{NVE ideal}).$$

- La integración numérica introduce errores controlables.

Flujo en el espacio de fases

$$\frac{d\rho}{dt} = \{\rho, H\} = 0 \quad (\text{ecuación de Liouville}).$$

- La densidad de probabilidad se conserva en el flujo hamiltoniano.

Fuerzas a partir del potencial

$$\mathbf{F}_i = -\nabla_i U(\mathbf{r}).$$

- En MD, el coste dominante es evaluar U y \mathbf{F}_i .

$$U = \sum_{i < j} u(r_{ij}), \quad r_{ij} = \|\mathbf{r}_i - \mathbf{r}_j\|.$$

- Simplifican la energía total con interacciones binarias.

Ejemplo: Lennard-Jones

$$u_{\text{LJ}}(r) = 4\epsilon \left[\left(\frac{\sigma}{r} \right)^{12} - \left(\frac{\sigma}{r} \right)^6 \right].$$

- Repulsión a corta distancia, atracción a media distancia.

$$u_C(r) = \frac{1}{4\pi\epsilon_0} \frac{q_i q_j}{r_{ij}}.$$

- Dominante en sistemas biomoleculares.

$$\nabla U \equiv \left(\frac{\partial U}{\partial r_1}, \dots, \frac{\partial U}{\partial r_{3N}} \right),$$

$$\text{Hess} = \nabla \nabla U.$$

- El Hessiano describe curvaturas locales (modos normales).

Separación cinética/potencial

$$Z = Z_{\text{kin}} Z_{\text{conf}},$$
$$Z_{\text{kin}} = \prod_i \left(\frac{2\pi m_i}{\beta h^2} \right)^{3/2}.$$

- Z_{conf} depende solo de $U(\mathbf{r})$.

Distribución de configuraciones

$$P(\mathbf{r}) = \frac{e^{-\beta U(\mathbf{r})}}{Z_{\text{conf}}}.$$

- Base del muestreo Monte Carlo y MD con termostato.

Energía libre configuracional

$$A = -k_B T \ln Z_{\text{conf}} + \text{const.}$$

- Relaciona el muestreo con ΔA entre estados.

Distribución de velocidades

$$P(\mathbf{v}) \propto e^{-\beta \sum_i \frac{1}{2} m_i v_i^2}.$$

- Permite inicializar velocidades a temperatura T .

Teorema de equipartición

$$\langle K \rangle = \frac{3N}{2} k_B T.$$

- Cada grado de libertad cuadrático aporta $\frac{1}{2} k_B T$.

$$P(E) = \frac{1}{Z} e^{-\beta E}.$$

- El peso exponencial penaliza estados de alta energía.

Distribución de Maxwell-Boltzmann

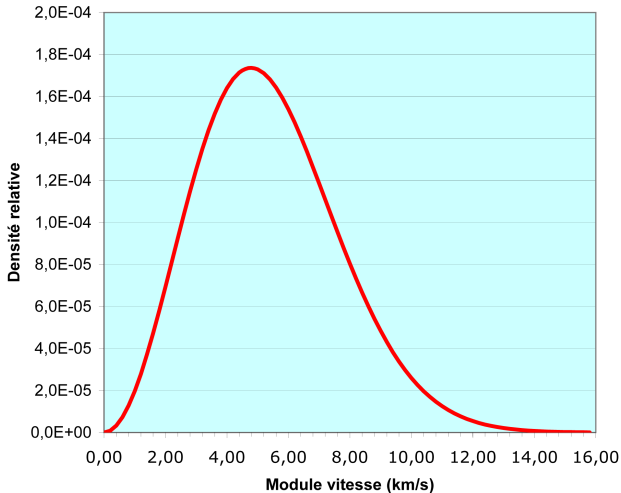
$$f(v) = 4\pi \left(\frac{m}{2\pi k_B T} \right)^{3/2} v^2 e^{-\frac{mv^2}{2k_B T}}.$$

- Caracteriza la distribución de velocidades en equilibrio.

- La mayoría de partículas se agrupan alrededor de v_m .
- El ensanchamiento crece con T .

Ejemplo gráfico

**Distribution des vitesses
des molécules d'hélium à 5500 K
(Distribution de Maxwell-Boltzmann)**



- Inicializar velocidades según $f(v)$ evita sesgos térmicos.
- Permite comprobar que el termostato reproduce el equilibrio.

$$\Gamma = (\mathbf{r}, \mathbf{p}) \in \mathbb{R}^{6N}.$$

- Cada punto representa un microestado completo.

Ecuación de Liouville

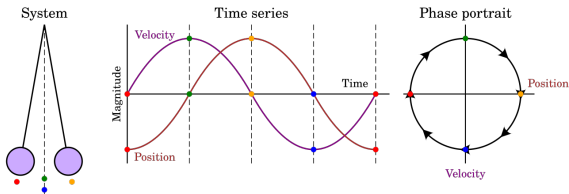
$$\frac{\partial \rho}{\partial t} + \{\rho, H\} = 0.$$

- El volumen en Γ se conserva (teorema de Liouville).

$$\lim_{T \rightarrow \infty} \frac{1}{T} \int_0^T A(t) dt = \langle A \rangle_{\text{ensemble}}.$$

- Supuesto clave para sustituir promedios de conjunto por tiempo.

Trayectorias en Γ



Fuente: Wikimedia Commons (CC BY-SA 4.0). [2]

- Órbitas cerradas: movimiento periódico.
- Órbitas abiertas: difusión en regiones de alta energía.

$$U(\mathbf{r}) : \mathbb{R}^{3N} \rightarrow \mathbb{R}.$$

- Describe el paisaje energético donde se mueve el sistema.

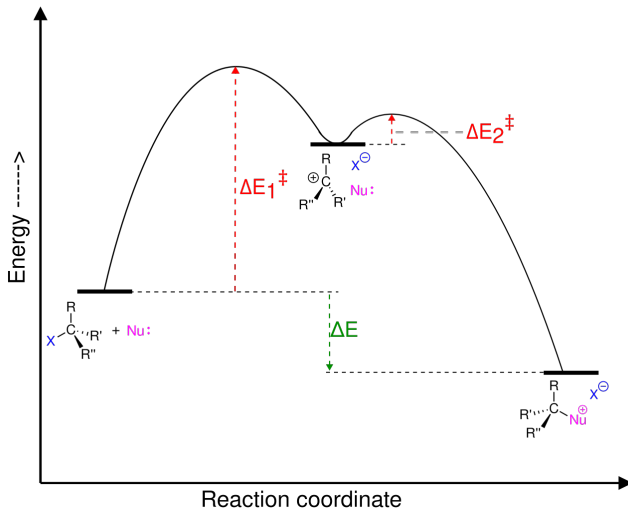
$$\xi = \xi(\mathbf{r}), \quad F(\xi) = -k_B T \ln P(\xi).$$

- Proyección que resume la dinámica en una coordenada clave.

Barreras y estados metaestables

- Mínimos locales: conformaciones metaestables.
- Barreras: controlan las escalas de transición.

Ejemplo de superficie



Fuente: Wikimedia Commons (CC BY-SA 4.0). [4]

Dinámica sobre la superficie

- Integración clásica produce trayectorias en $U(\mathbf{r})$.
- Los termostatos aseguran muestreo canónico.

Descomposición del potencial

$$U = U_{\text{bond}} + U_{\text{angle}} + U_{\text{dihedral}} + U_{\text{nonbond}}.$$

- Separación entre términos enlazados y no enlazados.

$$U_{\text{bond}} = \sum_b k_b (r_b - r_b^0)^2,$$

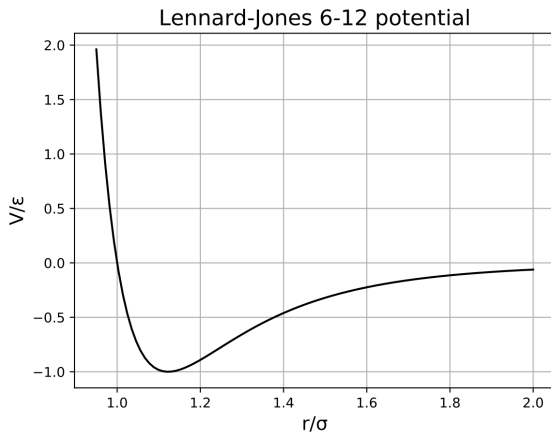
$$U_{\text{angle}} = \sum_a k_a (\theta_a - \theta_a^0)^2.$$

- Aproximación armónica alrededor de geometrías de equilibrio.

$$U_{\text{dihedral}} = \sum_d \frac{V_d}{2} [1 + \cos(n_d \phi_d - \gamma_d)].$$

- Controlan barreras rotacionales y preferencias conformacionales.

Ejemplo LJ



Fuente: Wikimedia Commons (CC BY-SA 4.0). [1]

Parámetros y validación

- Los campos de fuerza se ajustan a datos cuánticos y experimentales.
- La validación incluye densidades, energías y conformaciones.

- Variable de entorno `COURSE_DIR`.
- Estructura: `data/` (entradas) y `results/` (salidas).

- Sistema simple: alanina.
- Sistema complejo: proteína + ligando.

- 1 Descarga de datos base.
- 2 Preparación de topología y coordenadas.
- 3 Validación del entorno de cálculo.

- Controlar versiones de librerías y semillas aleatorias.
- Guardar archivos de entrada y scripts.

Resumen del episodio

- La base termodinámica se conecta con el muestreo estadístico.
- El potencial define fuerzas y probabilidades.
- El entorno de trabajo garantiza reproducibilidad.

Referencias I

- [1] AdiPhysics. *Lennard Jones potential graph*. CC BY-SA 4.0. URL: https://commons.wikimedia.org/wiki/File:Lennard_Jones_potential_graph.svg (visited on 01/12/2026).
- [2] Krishnavedala. *Pendulum phase portrait illustration*. CC BY-SA 4.0. URL: https://commons.wikimedia.org/wiki/File:Pendulum_phase_portrait_illustration.svg (visited on 01/12/2026).
- [3] Gilles MAIRET. *Distribution de Maxwell-Boltzmann. Distribution des vitesses de l'hélium a 5500 K*. CC BY-SA 3.0. URL: https://commons.wikimedia.org/wiki/File:Distribution_de_Maxwell-Boltzmann._Distribution_des_vitesses_de_l%27h%C3%A9lium_%C3%A0_5500_K.png (visited on 01/12/2026).

- [4] Unknown author. *Potential Energy Surface for a generic SN1 reaction*. CC BY-SA 4.0. Source: LibreTexts (Organic Chemistry, Morsch et al.)
URL: https://commons.wikimedia.org/wiki/File:Potential_Energy_Surface_for_a_generic_SN1_reaction.svg
(visited on 01/12/2026).