

# Guida per il setup di Visual Studio Code

*Biomeccanica Multiscala 2023/24*

13 ottobre 2023

## Indice

<b>1</b>	<b>ATTENZIONE</b>	<b>2</b>
<b>2</b>	<b>WSL</b>	<b>2</b>
<b>3</b>	<b>Installazione gestore di ambienti virtuali</b>	<b>4</b>
3.1	Apple . . . . .	4
3.2	WSL on WINDOWS o UBUNTU . . . . .	4
3.3	Creazione ambiente virtuale . . . . .	4
<b>4</b>	<b>Notebook</b>	<b>6</b>
4.1	Pagina github del corso . . . . .	7

# 1 ATTENZIONE

LEGGERE SEMPRE IL CONTENUTO DEI QUADRATI ARANCIONI

## 2 WSL

PER EVITARE POSSIBILI ERRORI, COPIARE SUL TERMINALE ED ESEGUIRE I COMANDI DI QUESTA GUIDA UNO ALLA VOLTA

In caso si utilizzasse una macchina windows (**NO MacOS o Linux**), è necessario installare l'estensione WSL all'interno di visual studio code. Andare quindi sul tab relativo alle estensioni (Visualizza – > Estensioni):

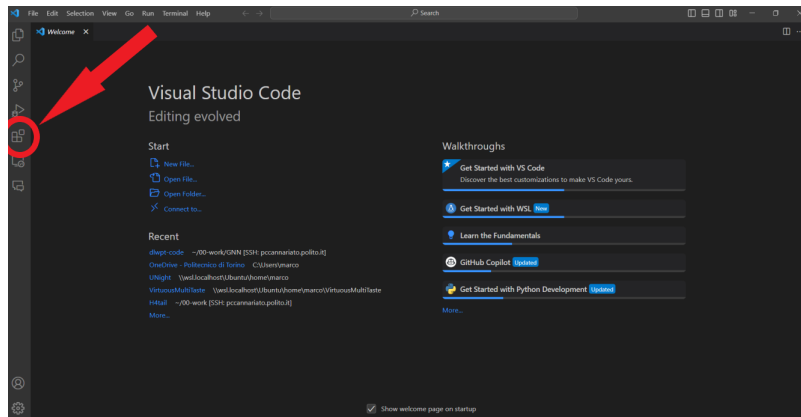


Figura 1: finestra wsl

A questo punto cercare WSL e installarlo.

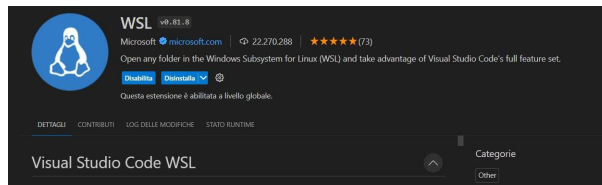


Figura 2: Estensione wsl

A questo punto, cliccare in basso a sinistra sul tasto blu/verde e selezionare connetti a WSL per collegare VSCode a WSL e, in questo modo, lavorare su Linux.

Clicca, in alto, su Terminale – > Nuovo terminale

E' possibile che la voce sia nascosta all'interno dei tre punti.

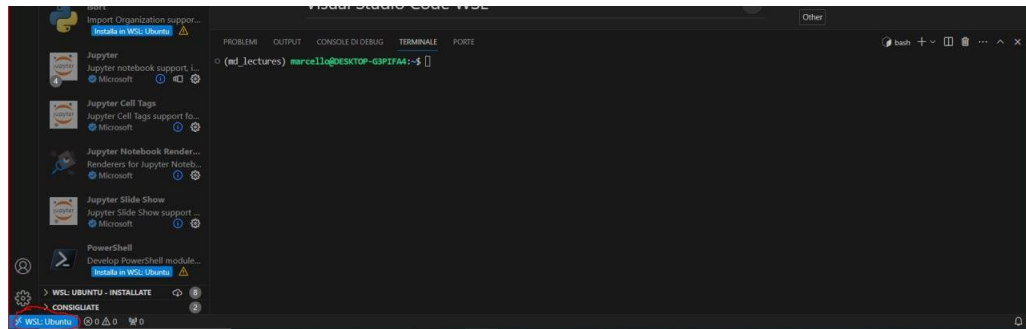


Figura 3: cliccare in basso a sinistral

Questo farà aprire un terminale, come in figura.

Per chi avesse WSL, digitare i seguenti comandi sul terminale:

- N.B. sudo serve per ottenere i privilegi da sudoer, viene richiesta la password, è la stessa password che è stata creata quando si è generato il nuovo utente.
- N. B. NEL MOMENTO IN CUI VIENE INSERITA LA PASSWORD UBUNUTU NON MOSTRA ALCUN CARATTERE A TERMINALE, DOPO AVER INSERITO LA PASSWORD PREMERE INVIO

```
sudo apt-get update  
sudo apt-get upgrade
```

## 3 Installazione gestore di ambienti virtuali

A questo punto è necessario installare miniconda  
(<https://docs.conda.io/projects/miniconda/en/latest/>) :

### 3.1 Apple



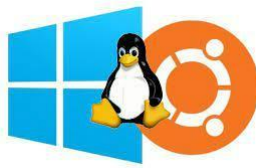
#### PROCESSORE INTEL

```
mkdir -p ~/miniconda3
curl https://repo.anaconda.com/miniconda/Miniconda3-latest-MacOSX-x86_64.sh -o ~/miniconda3/miniconda.sh
bash ~/miniconda3/miniconda.sh -b -u -p ~/miniconda3
rm -rf ~/miniconda3/miniconda.sh
~/miniconda3/bin/conda init bash
~/miniconda3/bin/conda init zsh
```

#### PROCESSORE M1

```
mkdir -p ~/miniconda3
curl https://repo.anaconda.com/miniconda/Miniconda3-latest-MacOSX-arm64.sh -o ~/miniconda3/miniconda.sh
bash ~/miniconda3/miniconda.sh -b -u -p ~/miniconda3
rm -rf ~/miniconda3/miniconda.sh
~/miniconda3/bin/conda init bash
~/miniconda3/bin/conda init zsh
```

### 3.2 WSL on WINDOWS o UBUNTU



```
mkdir -p ~/miniconda3
wget https://repo.anaconda.com/miniconda/Miniconda3-latest-Linux-x86_64.sh -O ~/miniconda3/miniconda.sh
bash ~/miniconda3/miniconda.sh -b -u -p ~/miniconda3
rm -rf ~/miniconda3/miniconda.sh
~/miniconda3/bin/conda init bash
```

### 3.3 Creazione ambiente virtuale

Creare adesso un ambiente che contenga le librerie necessarie per i laboratori:

```
conda create --name bmlab python=3.11
```

Dopo aver installato l'ambiente bisogna attivarlo e installare i pacchetti

```
conda activate bmlab  
conda config --add channels conda-forge  
conda install jupyterlab matplotlib numpy mdanalysis seaborn
```

## 4 Notebook

Per utenti TUTTI MAC OS o WSL Infine, installare l'estensione di Jupyter per poter utilizzare i jupyter notebook su VSCode

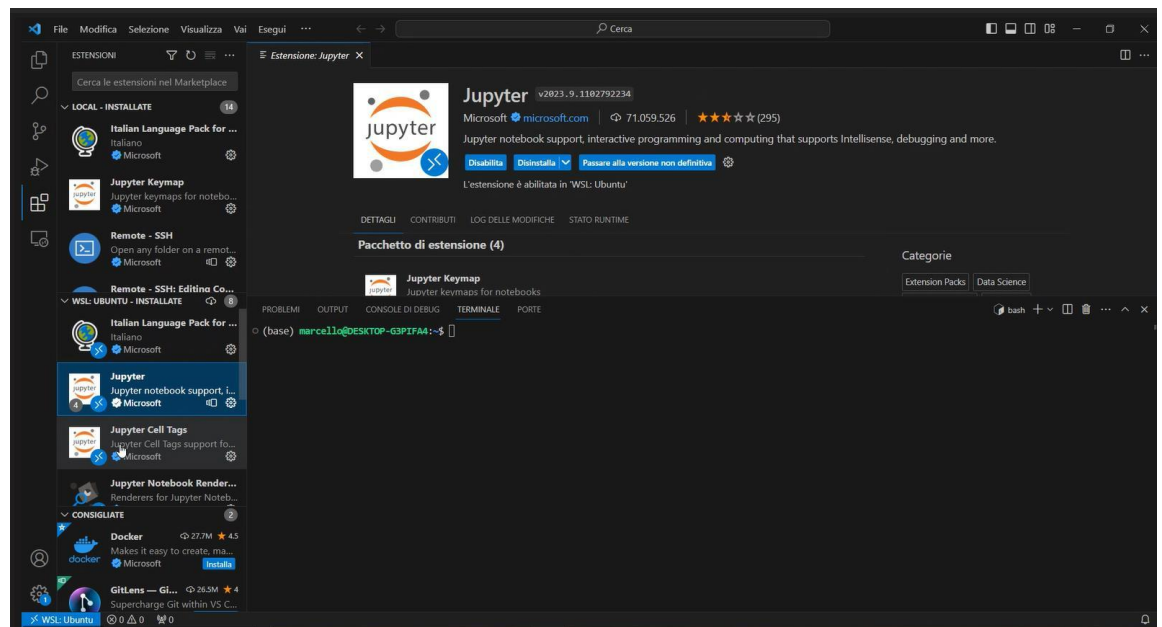


Figura 4: Estensione jupyter notebook

## 4.1 Pagina github del corso

A questo punto, si possono clonare i file relativi al laboratorio che si trovano alla pagina github del corso:

<https://github.com/lorenzopallante/BiomeccanicaMultiscala>

The screenshot shows the GitHub repository page for 'Biomeccanica Multiscala'. The repository is owned by 'lorenzopallante' and is the official repo for the Biomeccanica Multiscala course. It is managed by Prof. Marco A. Deriu, who is the Master's Degree in Biomedical engineering at Politecnico di Torino, ITALY.

**Instructors**

- Marco A. Deriu
- Lorenzo Pallante
- Eric A. Zizzi
- Marcello Miceli
- Marco Cannariato

**Schedule**

Title	Topic	Materials
LAB 0	System Setup	<a href="#">Open in Colab</a>
LAB 1	Intro Colab&Python	<a href="#">Open in Colab</a>
LAB 2	Exercises on probability	<a href="#">Open in Colab</a>
LAB 3	Intro Linux&Bash	<a href="#">Open in Colab</a>
LAB 4	Bash Scripting	<a href="#">Open in Colab</a>
LAB 5	Visualisation Tools	<a href="#">Open in Colab</a>
LAB 6	GROMACS - Classical MD	<a href="#">Open in Colab</a>
LAB 7	Enhanced Sampling - Simulated Annealing	<a href="#">Open in Colab</a>
LAB 8	Enhanced Sampling - Steered MD	<a href="#">Open in Colab</a>

**Releases**

No releases published  
[Create a new release](#)

**Packages**

No packages published  
[Publish your first package](#)

**Contributors**

- lorenzopallante Lorenzo Pallante
- marcocannariato Marco Cannariato
- ericzizzi Eric A. Zizzi
- micmar15r

**Languages**

Jupyter Notebook 99.9% Other 0.1%

**Suggested Workflows**

Based on your tech stack

- [SLSA Generic generator](#) - Generate SLSA3 provenance for your existing release workflows
- [Publish Python Package](#) - Publish a Python Package to PyPi on release.

Figura 5: Pagine colab del corso

Scaricare il file 01-IntroColabPython.ipynb al link:

[https://github.com/lorenzopallante/BiomeccanicaMultiscala/blob/7a4b2e9510d6cb82758617cbb50d93c4dd1af74/LAB/01-Intro\\_ColabPython/01-Intro\\_ColabPython.ipynb](https://github.com/lorenzopallante/BiomeccanicaMultiscala/blob/7a4b2e9510d6cb82758617cbb50d93c4dd1af74/LAB/01-Intro_ColabPython/01-Intro_ColabPython.ipynb)