**Guía de Comandos Anaconda para Histology Bone Analyzer**

Esta guía explica los comandos básicos de Anaconda necesarios para trabajar con el proyecto Histology Bone Analyzer. Cada comando incluye una explicación para principiantes.

**🔍 Gestión de Entornos**

**Ver entornos disponibles**

conda env list

***Explicación****: Muestra todos los entornos virtuales que has creado con Anaconda, como una lista de "mundos separados" para tus proyectos.*

**Crear un nuevo entorno**

# Sintaxis: conda create -n [nombre\_entorno] python=[versión]

conda create -n osteona python=3.9

***Explicación****: Crea un nuevo "contenedor aislado" llamado "osteona" con Python 3.9, donde instalarás las bibliotecas específicas para este proyecto.*

**Activar el entorno**

conda activate osteona

***Explicación****: "Entra" al entorno osteona. A partir de ahora, todos los comandos que ejecutes usarán las bibliotecas instaladas en este entorno específico.*

**Desactivar el entorno**

conda deactivate

***Explicación****: "Sale" del entorno y vuelve al entorno base de Anaconda o al sistema.*

**📦 Instalación de Paquetes**

**Instalar bibliotecas principales para el proyecto**

# Instalación de todas las dependencias principales

pip install opencv-python ultralytics pandas numpy matplotlib torch pillow

***Explicación****: Descarga e instala todas las "herramientas" (bibliotecas) que necesita el proyecto para funcionar.*

**Instalar una biblioteca individual**

# Con conda (preferible para paquetes complejos como pytorch)

conda install numpy

# Con pip (más compatible con todas las bibliotecas)

pip install opencv-python

***Explicación****: Instala una sola biblioteca. Conda es mejor para algunas bibliotecas complejas, pero pip funciona para casi todo.*

**Verificar bibliotecas instaladas**

pip list

***Explicación****: Muestra todas las bibliotecas instaladas en el entorno actual y sus versiones.*

**📋 Gestión de Requisitos**

**Guardar lista de requisitos**

pip freeze > requirements.txt

***Explicación****: Guarda una "receta" de todas las bibliotecas y sus versiones actuales en un archivo llamado requirements.txt.*

**Instalar desde archivo de requisitos**

pip install -r requirements.txt

***Explicación****: Lee la "receta" de bibliotecas y las instala todas automáticamente, asegurando las mismas versiones.*

**🚀 Ejecución del Proyecto**

**Navegar al directorio del proyecto**

# Cambia esta ruta a donde tengas el proyecto en tu computadora

cd C:\ruta\a\histology\_bone\_analyzer

***Explicación****: Cambia al directorio donde está guardado el proyecto en tu computadora.*

**Ejecutar las aplicaciones**

# Ejecutar Detection App

python apps/1detection\_app/detection\_app.py

# Ejecutar Breaking App

python apps/2breaking\_app/breaking\_app.py

# Ejecutar Distribution App

python apps/3ditribution\_app/distribution\_app.py

***Explicación****: Inicia la aplicación que quieras usar. Cada comando ejecuta una diferente.*

**Verificar disponibilidad de GPU**

python scripts/check\_gpu.py

***Explicación****: Comprueba si tu computadora tiene una GPU compatible que pueda acelerar los cálculos del modelo YOLO.*

**🛠️ Solución de Problemas**

**Error "ModuleNotFoundError"**

Si ves este error, significa que falta instalar una biblioteca:

pip install nombre\_de\_la\_biblioteca\_faltante

***Explicación****: Este error aparece cuando Python no encuentra una herramienta que el código necesita. Este comando la instala.*

**Actualizar una biblioteca**

pip install --upgrade nombre\_biblioteca

***Explicación****: Actualiza una biblioteca a su versión más reciente, lo que puede resolver algunos errores.*

**Limpiar caché (ayuda a resolver problemas)**

conda clean --all

***Explicación****: Elimina archivos temporales y en caché que a veces pueden causar problemas.*

**📝 Consejos para Principiantes**

1. **Siempre activa el entorno** antes de trabajar en el proyecto (conda activate osteona)
2. **No mezcles entornos** - mantén las bibliotecas de este proyecto aisladas en su entorno
3. **Usa el script de inicio rápido** - ejecuta start\_project.bat para configurar todo automáticamente (solo en Windows)
4. **Si algo falla**, verifica que estás en el entorno correcto y que todas las bibliotecas están instaladas
5. **Mantén notas** de los comandos que usas para recordarlos más fácilmente

**🔄 Flujo de Trabajo Recomendado**

1. Abre Anaconda Prompt (Windows) o Terminal (Mac/Linux)
2. Activa el entorno: conda activate osteona
3. Navega a la carpeta del proyecto: cd ruta/al/proyecto
4. Ejecuta la aplicación deseada: python apps/1detection\_app/detection\_app.py
5. Cuando termines, desactiva el entorno: conda deactivate