

# VMD



- Opis
- Verzije
- Službena dokumentacija
- Napomene
- Primjer korištenja

## Opis

**VMD (Visual Molecular Dynamics)** je računalno-kemijska aplikacija za vizualizaciju molekula i njihovih trajektorija.

## Verzije

Verzija	Modul	Podrška	Supek	Padobran
1.9.3	scientific/vmd/1.9.3	GPU + CPU	✓	✗

## Službena dokumentacija

- [VMD korisnički priručnik](#)

## Napomene

**!** VMD je potrebno koristiti isključivo za **vizualizaciju**.

**!** Budući da aplikacija podržava GPU ubrzanje, potrebno je pokretati je na pristupnom **GPU čvoru**, odnosno **login-gpu.hpc.srce.hr**.

Kako bi se aplikacija uspješno pokrenula, potrebno je spojiti se na pristupni GPU čvor uz proslijđivanje X11.

U slučaju korištenja **Linuxa** ili **macOS-a**, koristite naredbu:

```
ssh -X -i ~/.ssh/id_rsa username@login-gpu.hpc.srce.hr
```

U slučaju korištenja **Windowsa**, potrebno je preuzeti aplikaciju **Xming** te je pokrenuti prije pokretanja **PuTTY-ja**.

Unutar PuTTY-ja, potrebno je uključiti **X11 forwarding** (*Connection → SSH → X11, Enable X11 forwarding*).

## Primjer korištenja

```
module load scientific/vmd/1.9.3
```

```
vmd input.gro
```

