

StarDrop 6.4版本的简介

分子对接和比对

StarDrop新的生成化合物构象的通用接口将专业的准备好的3D对接和叠合模型与数据分析、2D构效关系分析和预测模型无缝地整合在一个优雅的环境中。

这使您能实时地评价在三维模式中的多次迭代设计。检查返回的构象，同时考虑来自实验和其他预测方法的数据，可以帮助您理解关键的结合相互作用。

计算化学家可以通过StarDrop生成化合物构象的通用接口将其验证过的3D模型共享给他们的同事，这个接口是与主要的计算化学供应商的软件相配的，包括：

- FlexX™ – BioSolveIT
- Gold™ – Cambridge Crystallographic Data Centre
- MOE™ – Chemical Computing Group
- AutoDock Vina – The Scripps Research Institute
- POSIT™ – OpenEye Scientific

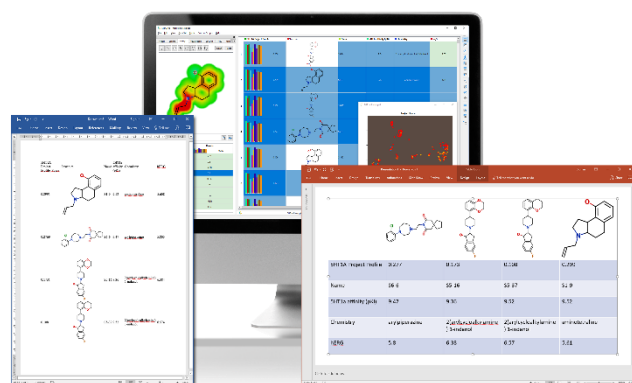
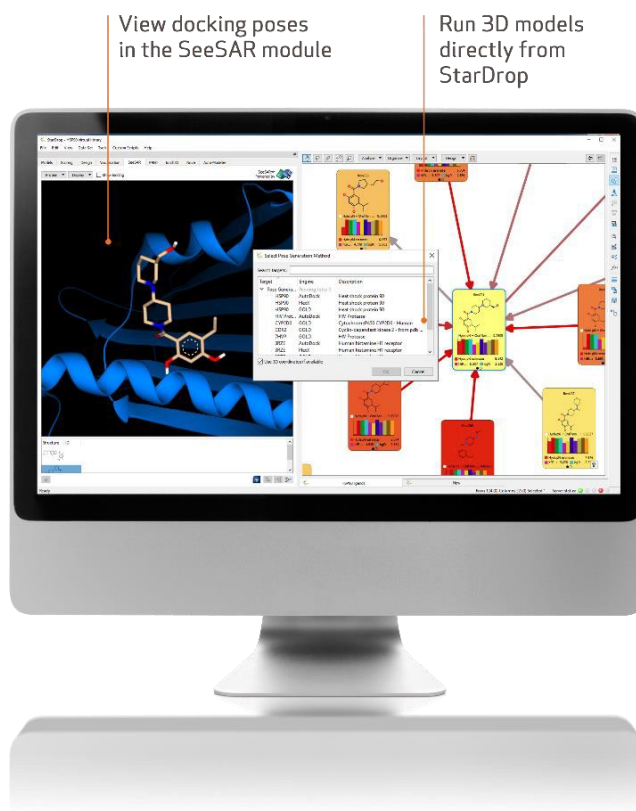
SeeSAR™和BIOSTER™模块

SeeSAR模块已经升级，进一步增强了其蛋白-配体复合物的可视化效果。BIOSTER模块也已经更新，目前包含超过28,000个有先例的转化，并包含原始的参考文献，可以与Nova™联用。

其他更新

新的复制粘贴功能使您能非常简单地直接从StarDrop中复制选中的化合物标识，结构和任何数据，然后在Excel、Word、PowerPoint®等文件中创建汇总表，以展示、分享您的结果。

另外，StarDrop 6.4现在支持增强的立体化学的导入、导出和编辑功能；显著改善了软件性能和内存使用，使其更容易处理大型数据集和更多的属性；使用性的增强功能包括新增的对数据和文本的操作，以及标记化合物的快捷键。



如果您感兴趣，需要进一步了解或者试用，请联系：

邮箱：support-cadd@cloudscientific.com

电话：021-54975000