
Instalación de la suite AMBER10

- Actualizado (17.03.2009)

O día 16 de marzo instalouse a versión 10 da suite AMBER.

AMBER é un conxunto de programas que permiten ao usuario realizar simulacións de dinámica molecular, fundamentalmente en biomoléculas, baseadas en teorías de campos de forza.

Esta suite está composta de aproximadamente 50 programas. A descrición dos principais pode atoparse en: <http://ambermd.org/#code>

Esta versión introduce actualizacións moi significativas respecto da versión 9. As diferenzas poden consultarse directamente na web de AMBER (<http://ambermd.org>).

Para máis información, consulte a guía de uso.