



DESCRIPTION

ASCQ-PROT est un projet axé bioinformatique. Il a été proposé dans le cadre du **Plateau de Protéomique de la Génopole de Lille**. C'est un outil qui permet l'identification d'une protéine. Son fonctionnement est basé sur la comparaison des données issues de la spectrométrie de masse avec les masses des fragments issus de la digestion théorique (par un agent de clivage) des protéines d'une banque de données FASTA. Le développement a été fait en prenant en compte les suggestions des utilisateurs potentiels.

CARACTERISTIQUES

- Logiciel libre et code source ouvert.
- Codé en C (facile à comprendre et à adapter avec des notions de C).
- Besoin mémoire et disque dur n'est pas un facteur limitant (Programmation dynamique et banque FASTA non stockée en mémoire).
- Interface complète sur la ligne de commande (utile pour faire des scripts pour plusieurs recherches par exemple).
- Options configurables facilement et rapidement grâce à un fichier de configuration.
- Recherche pouvant être faite en plusieurs passes.
- Clivages ratés illimités.
- Prise en compte des modifications chimiques les plus fréquentes.
- Fonction de score simple, compréhensible et efficace.
- Résultats pouvant être stockés dans un simple fichier texte.
- Nombreuses informations utiles pour chaque protéine candidate.
- Suivi du projet assuré (site Web, mise à jour...).

