DOKUMENTATION TEAMPROJEKT 2018

NANTIA

LINA

LISA

Unser vorliegendes Programm dient zur Darstellung von bei der Massenspektrometrie gemessenen Proteinen. Dabei werden zwei Tabellen angezeigt, wobei die obere alle gefunden Proteine anzeigt, und die untere die zugehörigen Peptide. Dabei werden Zahlenwerte über Balken visualisiert.

Zudem können durch Auswahl einer Proteinzeile alle zugehörigen Peptide angezeigt werden. Des Weiteren besitzen beide Tabellen auch eine Suchfunktion.

Main-Klasse

In der Mainklasse wird zuerst ein QFileDialog implementiert, um ein Fenster zu öffnen, in dem der Benutzer die gewünschte anzuzeigende Datei auswählen kann.

*QFile file(QFileDialog::getOpenFileName());*

Anschließend wird ein QSplitter zur späteren Darstellung aller Elemente initialisiert. Es folgt die Initialisierung von weiteren Views und Models.

Im zweiten Teil wird nun der Parser implementiert. Dabei definieren wir uns zuerst Indexvariablen für die Spalten der Tabelle, die wir anzeigen möchten. Anschließend lesen wir die im QFileDialog ausgewählte Datei Zeile für Zeile ein, und suchen jeweils nach den Schlüsselwörtern für die jeweiligen Zeilen (bspw. „PRT“ für die Proteinzeilen). So füllen wir dann die Models mit Daten, und die Spaltenindizes mit den richtigen Headerindizes.

Dann wird der Filter implementiert. Dies geschieht mithilfe von QSortFilterProxyModels. Dabei initialisieren wir je ein ProxyModel und ein QLineEdit pro Spalte, die wir filtern wollen. Diese werden dann mittels einer Signal Slot Connection verbunden.

Anschließend werden die Checkboxen hinzugefügt, indem wir ein „checkable item“ erstellen.

Im nächsten Teil benennen wir die Spalten anhand unserer Spaltenindexvariablen.

Im Anschluss daran gehen wir nun alle Spalten durch, und zeigen im View nur die an, die wir auch darstellen wollten, indem wir die Indizes unserer Spaltenindexvariablen durchgehen.

Abschließend bestimmen wir noch für jede Spalte das Maximum, indem wir alle Reihen durchgehen, und merken es uns im Header. Dies brauchen wir zur Darstellung der Balken (vgl. Klasse bardelegate).

Zum Schluss verbinden wir noch die beiden Tabellen, und den Button zur Anzeige aller Peptide mit der Peptidtabelle, jeweils über eine Signal Slot Connection.

Dann wird der QSplitter angezeigt.