目的：将PANDA生成的Protein表格（原文件为.txt格式）修改成符合Qprotein6格式的表格。

具体需求：

PANDA生成的Protein文件已经接近Qprotein6程序的结果了。但是还有一些地方需要修改，主要包括下列几点：

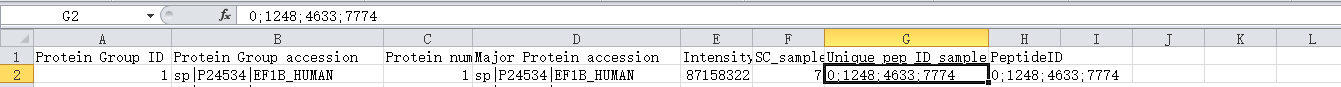
1. Protein Group accession列含有“sp|”和“|XXXX-HUMAN”字符，这个与之前的SILVER生成的AccNo列的格式一样，可以直接按AccNo的需求修改此列，只不过不需要再修改标题为“Protein Group”了，修改后所处的表格位置与之前要求相同；
2. Major Protein accession列因为没有引入PE排序算法，所以建议整行删除；
3. 其它列建议保留：尤其是Protein number、Protein Group ID列如不影响后续GetSAINTFile和MergeData程序的运行，请保留；
4. 其他如Qprotein6一样，加入Length行；根据Protein Group accession的数据生成Major protein 和gene列；根据输入的参数，替换相应的sample1、sample3、sample3……
5. 需要计数Unique\_pep\_ID\_sample1的个数，生成Unique\_Peptides\_sample1，并删除Unique\_Pep\_ID\_sample1列。

与Qprotein6程序的区别：

1. 不需要整合三张表格的数据；
2. 去掉了ionscore的值；
3. 只需要去掉Major Protein accession列；
4. 没有计算Unique Peptides 数量，需要计数并生成相应列。

例：

原表格如下图所示：



修改后的表格为：



160822