

Grupo de prácticas B1

Francisco Coca Cruz, 53911747T

Adrián Sánchez Cerrillo, 76655183R

Enfermedad

Función de abstracción

- **name:** Nombre de la enfermedad.
- **ID:** Identificador único de la enfermedad.
- **database:** Base de datos que provee el ID.

Función invariante de representación

Admitimos tres “string” cualesquiera (Siempre es ‘true’)

Mutación

Función de abstracción

- **ID:** Identificador de mutación.
- **chr:** Identificador del cromosoma.
- **pos:** Posición de la mutación en el cromosoma.
- **ref_alt:** Vector que contiene en su primer elemento la base(s) del genoma de referencia, y a continuación las diferentes alternativas.
- **genes:** Genes asociados a la mutación.
- **common:** Booleano que indica si la mutación es común en la población.
- **caf:** Frecuencia de aparición en la población de las distintas posibilidades de bases.
- **enfermedades:** Enfermedades asociadas a la mutación.
- **clnsig:** Número que indica la relevancia clínica de la mutación.

Función invariante de representación

chr tiene que tomar como valor “1”, “2”, ... , “22”, “X”, “Y” o “MT”

pos debe ser positivo

ref_alt debe guardar en su primer elemento la base genoma de referencia, y debe de haber al menos una alternativa.

caf tiene que tener el mismo tamaño que “ref_alt”

enfermedades y **clnsig** deben tener el mismo tamaño para que a cada enfermedad se le asocie una relevancia clínica