

Clinvar

V0

Generado por Doxygen 1.8.11

Índice

1	Índice de clases	1
1.1	Lista de clases	1
2	Indice de archivos	2
2.1	Lista de archivos	2
3	Documentación de las clases	2
3.1	Referencia de la Clase Clinvar	2
3.1.1	Documentación de los 'Typedef' miembros de la clase	4
3.1.2	Documentación de las funciones miembro	4
3.1.3	Documentación de las funciones relacionadas y clases amigas	8
3.1.4	Documentación de los datos miembro	8
3.2	Referencia de la Clase Enfermedad	8
3.2.1	Descripción detallada	9
3.2.2	Documentación del constructor y destructor	10
3.2.3	Documentación de las funciones miembro	10
3.2.4	Documentación de los datos miembro	13
3.3	Referencia de la Clase Clinvar::gen_iterator	13
3.3.1	Documentación de las funciones miembro	14
3.3.2	Documentación de las funciones relacionadas y clases amigas	14
3.3.3	Documentación de los datos miembro	14
3.4	Referencia de la Clase Clinvar::iterator	14
3.4.1	Documentación de las funciones miembro	15
3.4.2	Documentación de las funciones relacionadas y clases amigas	15
3.4.3	Documentación de los datos miembro	15
3.5	Referencia de la Clase Mutacion	16
3.5.1	Descripción detallada	17
3.5.2	Documentación del constructor y destructor	17
3.5.3	Documentación de las funciones miembro	18
3.5.4	Documentación de los datos miembro	22
3.6	Referencia de la Clase ProbMutaciones	23
3.6.1	Descripción detallada	23
3.6.2	Documentación de las funciones miembro	23

4 Documentación de archivos	24
4.1 Referencia del Archivo /home/elena/GradoInformatica/Segundo/1Cuatrimestre/ED/EDant/TDA Clinvar/include/clinvar.h	24
4.2 Referencia del Archivo /home/elena/GradoInformatica/Segundo/1Cuatrimestre/ED/EDant/TDA Clinvar/include/enfermedad.h	24
4.2.1 Documentación de las funciones	25
4.3 Referencia del Archivo /home/elena/GradoInformatica/Segundo/1Cuatrimestre/ED/EDant/TDA Clinvar/include/mutacion.h	25
4.3.1 Documentación de las funciones	25
4.4 Referencia del Archivo /home/elena/GradoInformatica/Segundo/1Cuatrimestre/ED/EDant/TDA Clinvar/src/clinvar.cpp	26
4.5 Referencia del Archivo /home/elena/GradoInformatica/Segundo/1Cuatrimestre/ED/EDant/TDA Clinvar/src/enfermedad.cpp	26
4.5.1 Documentación de las funciones	26
4.6 Referencia del Archivo /home/elena/GradoInformatica/Segundo/1Cuatrimestre/ED/EDant/TDA Clinvar/src/mutacion.cpp	26
4.6.1 Documentación de las funciones	27
4.7 Referencia del Archivo /home/elena/GradoInformatica/Segundo/1Cuatrimestre/ED/EDant/TDA Clinvar/src/principal.cpp	27
4.7.1 Documentación de las funciones	27
Índice	29

1. Índice de clases

1.1. Lista de clases

Lista de las clases, estructuras, uniones e interfaces con una breve descripción:

Clinvar	2
Enfermedad	
Clase enfermedad, asociada al TDA enfermedad	8
Clinvar::gen_iterator	13
Clinvar::iterator	14
Mutacion	
Clase mutacion, asociada a la definición de una mutación/SNP	16
ProbMutaciones	
Clase ProbMutaciones la cual determinará cuando una mutación es mas probable que otra	23

2. Índice de archivos

2.1. Lista de archivos

Lista de todos los archivos con descripciones breves:

/home/elena/GradolInformatica/Segundo/1Cuatrimestre/ED/EDant/TDA Clinvar/include/clinvar.h	24
/home/elena/GradolInformatica/Segundo/1Cuatrimestre/ED/EDant/TDA Clinvar/include/enfermedad.h	24
/home/elena/GradolInformatica/Segundo/1Cuatrimestre/ED/EDant/TDA Clinvar/include/mutacion.h	25
/home/elena/GradolInformatica/Segundo/1Cuatrimestre/ED/EDant/TDA Clinvar/src/clinvar.cpp	26
/home/elena/GradolInformatica/Segundo/1Cuatrimestre/ED/EDant/TDA Clinvar/src/enfermedad.cpp	26
/home/elena/GradolInformatica/Segundo/1Cuatrimestre/ED/EDant/TDA Clinvar/src/mutacion.cpp	26
/home/elena/GradolInformatica/Segundo/1Cuatrimestre/ED/EDant/TDA Clinvar/src/principal.cpp	27

3. Documentación de las clases

3.1. Referencia de la Clase Clinvar

```
#include <clinvar.h>
```

Clases

- class [gen_iterator](#)
- class [iterator](#)

Tipos públicos

- typedef string [IDgen](#)
- typedef string [IDmut](#)
- typedef string [IDenf](#)
- typedef map< [IDenf](#), [Enfermedad](#) >::iterator [enfermedad_iterator](#)

Métodos públicos

- void **load** (string nombreDB)
Se encarga de leer los elementos de un fichero dado por el argumento nombreDB, e insertar toda la información en ClinVar.
- void **insert** (const **Mutacion** &x)
Este método se encarga de insertar una nueva mutación en ClinVar. Esto implica actualizar todas las estructuras necesarias para mantener la coherencia interna de la representación propuesta.
- bool **erase** (**IDmut** ID)
borrar una mutación de la base de datos dado su ID. No sólo borra la mutación del repositorio principal de datos sino que además se encarga de borrar toda referencia a dicho elemento dentro de él. En el caso de que una enfermedad estuviese asociada únicamente a la mutación que está siendo eliminada, esta enfermedad también debe eliminarse de ClinVar.
- **iterator** **find_Mut** (**IDmut** ID)
Busca la mutación con identificador ID dentro de ClinVar.
- **enfermedad_iterator** **find_Enf** (**IDenf** ID)
Busca la enfermedad con identificador ID dentro de ClinVar.
- **vector**< **Enfermedad** > **getEnfermedades** (**Mutacion** &mut)
Devuelve un vector con todas las enfermedades asociadas a una mutación en la base de datos clinvar.
- **list**< **IDenf** > **getEnfermedades** (string keyword)
Devuelve una lista de los identificadores de enfermedad que contienen la palabra keyword como parte del nombre de la enfermedad. Utilizar enfermedad.nameContains() para programar este método.
- **set**< **IDmut** > **getMutacionesEnf** (**IDenf** ID)
Devuelve un conjunto ordenado (en orden creciente de IDmut) de todas las mutaciones que se encuentran asociadas a la enfermedad con identificador ID. Si no tuviese ninguna enfermedad asociada, devuelve el conjunto vacío.
- **set**< **IDmut** > **getMutacionesGen** (**IDgen** ID)
Devuelve un conjunto ordenado (en orden creciente de IDmut) de todas las mutaciones que se encuentran asociadas a los genes con identificador ID. Si no tuviese ninguna enfermedad asociada, devuelve el conjunto vacío.
- **set**< **Mutacion**, **ProbMutaciones** > **topKMutaciones** (int k, string keyword)
Dado un string 'keyword', el sistema recupera todas las enfermedades cuyo nombre contiene keyword, y devuelve un set ordenado de mutaciones, en orden decreciente de probabilidad, con las k mutaciones más frecuentes en la población asociadas con esas enfermedades.
- **iterator** **begin** ()
- **iterator** **end** ()
- **iterator** **lower_bound** (string cromosoma, unsigned int posicion)
- **iterator** **upper_bound** (string cromosoma, unsigned int posicion)
- **enfermedad_iterator** **ebegin** ()
- **enfermedad_iterator** **eend** ()
- **gen_iterator** **gbegin** ()
- **gen_iterator** **gend** ()

Atributos privados

- **set**< **Mutacion** > **mutDB**
- **unordered_map**< **IDmut**, **set**< **Mutacion** >::iterator > **IDm_map**
- **map**< **IDgen**, **list**< **set**< **Mutacion** >::iterator > > **gen_map**
- **map**< **IDenf**, **Enfermedad** > **EnfDB**
- **multimap**< **IDenf**, **set**< **Mutacion** >::iterator > **IDenf_map**

Amigas

- class **iterator**
- class **gen_iterator**

3.1.1. Documentación de los 'Typedef' miembros de la clase

3.1.1.1. `typedef map<IDenf, Enfermedad>::iterator Clinvar::enfermedad_iterator`

3.1.1.2. `typedef string Clinvar::IDenf`

3.1.1.3. `typedef string Clinvar::IDgen`

3.1.1.4. `typedef string Clinvar::IDmut`

3.1.2. Documentación de las funciones miembro

3.1.2.1. `Clinvar::iterator Clinvar::begin ()`

3.1.2.2. `Clinvar::enfermedad_iterator Clinvar::ebegin ()`

3.1.2.3. `Clinvar::enfermedad_iterator Clinvar::eend ()`

3.1.2.4. `Clinvar::iterator Clinvar::end ()`

3.1.2.5. `bool Clinvar::erase (IDmut ID)`

borrar una mutación de la base de datos dado su ID. No sólo borra la mutación del repositorio principal de datos sino que además se encarga de borrar toda referencia a dicho elemento dentro de él. En el caso de que una enfermedad estuviese asociada únicamente a la mutación que está siendo eliminada, esta enfermedad también debe eliminarse de ClinVar.

Parámetros

<i>in</i>	<i>ID</i>	ID de la mutación a borrar
-----------	-----------	----------------------------

Devuelve

Devuelve verdadero si el elemento ha sido borrado correctamente, falso en caso contrario.

3.1.2.6. `Clinvar::enfermedad_iterator Clinvar::find_Enf (IDenf ID)`

Busca la enfermedad con identificador ID dentro de ClinVar.

Parámetros

<i>in</i>	<i>ID</i>	ID de la enfermedad a buscar.
-----------	-----------	-------------------------------

Devuelve

iterador de la posición donde se encuentra la enfermedad, si no lo encuentra devuelve `eend()`

3.1.2.7. Clinvar::iterator Clinvar::find_Mut (IDmut *ID*)

Busca la mutación con identificador ID dentro de ClinVar.

Parámetros

in	ID	ID de la mutación a buscar
----	----	----------------------------

Devuelve

iterador de la posición donde se encuentra la mutación, si no lo encuentra devuelve `end()`

3.1.2.8. Clinvar::gen_iterator Clinvar::gbegin ()

3.1.2.9. Clinvar::gen_iterator Clinvar::gend ()

3.1.2.10. vector< Enfermedad > Clinvar::getEnfermedades (Mutacion & mut)

Devuelve un vector con todas las enfermedades asociadas a una mutación en la base de datos clinvar.

Parámetros

in	mut	mutación sobre la que buscar las enfermedades.
----	-----	--

Devuelve

vector con todas las enfermedades asociadas a la mutación mut

3.1.2.11. list< Clinvar::IDenf > Clinvar::getEnfermedades (string keyword)

Devuelve una lista de los identificadores de enfermedad que contienen la palabra keyword como parte del nombre de la enfermedad. Utilizar `enfermedad.nameContains()` para programar este método.

Parámetros

in	keyword	palabra a buscar como parte de nombre de las enfermedades
----	---------	---

Devuelve

lista de identificadores de enfermedad que contienen la palabra keyword

3.1.2.12. set< Clinvar::IDmut > Clinvar::getMutacionesEnf (IDenf ID)

Devuelve un conjunto ordenado (en orden creciente de IDmut) de todas las mutaciones que se encuentran asociadas a la enfermedad con identificador ID. Si no tuviese ninguna enfermedad asociada, devuelve el conjunto vacío.

Parámetros

in	ID	Identificador de la enfermedad.
----	----	---------------------------------

Devuelve

devuelve el conjunto de identificadores ordenados de mutación asociados a la enfermedad.

3.1.2.13. set< Clinvar::IDmut > Clinvar::getMutacionesGen (IDgen *ID*)

Devuelve un conjunto ordenado (en orden creciente de IDmut) de todas las mutaciones que se encuentran asociadas a los genes con identificador ID. Si no tuviese ninguna enfermedad asociada, devuelve el conjunto vacío.

Parámetros

in	<i>ID</i>	Identificador del gen.
----	-----------	------------------------

Devuelve

devuelve el conjunto de identificadores ordenados de mutación asociados al gen.

3.1.2.14. void Clinvar::insert (const Mutacion & *x*)

Este método se encarga de insertar una nueva mutación en ClinVar. Esto implica actualizar todas las estructuras necesarias para mantener la coherencia interna de la representación propuesta.

Parámetros

in	<i>x</i>	mutación a insertar en ClinVar
----	----------	--------------------------------

3.1.2.15. void Clinvar::load (string *nombreDB*)

Se encarga de leer los elementos de un fichero dado por el argumento nombreDB, e insertar toda la información en ClinVar.

Parámetros

in	<i>nombreDB</i>	nombre del fichero de la DB
----	-----------------	-----------------------------

3.1.2.16. Clinvar::iterator Clinvar::lower_bound (string *cromosoma*, unsigned int *posicion*)**3.1.2.17. set< Mutacion, ProbMutaciones > Clinvar::topKMutaciones (int *k*, string *keyword*)**

Dado un string 'keyword', el sistema recupera todas las enfermedades cuyo nombre contiene keyword, y devuelve un set ordenado de mutaciones, en orden decreciente de probabilidad, con las k mutaciones más frecuentes en la población asociadas con esas enfermedades.

Parámetros

in	<i>k</i>	número de mutaciones que queremos conseguir.
in	<i>keyword</i>	palabra que queremos buscar.

Devuelve

devuelve un set ordenado de mutaciones, en orden decreciente de probabilidad, con las k mutaciones más frecuentes en la población asociadas con esas enfermedades

3.1.2.18. `Clinvar::iterator Clinvar::upper_bound (string cromosoma, unsigned int posicion)`

3.1.3. Documentación de las funciones relacionadas y clases amigas

3.1.3.1. `friend class gen_iterator [friend]`

3.1.3.2. `friend class iterator [friend]`

3.1.4. Documentación de los datos miembro

3.1.4.1. `map<IDenf,Enfermedad> Clinvar::EnfDB [private]`

Base de datos de enfermedades

3.1.4.2. `map<IDgen, list< set<Mutacion>::iterator> > Clinvar::gen_map [private]`

Asocia genes con mutaciones

3.1.4.3. `multimap<IDenf,set<Mutacion>::iterator> Clinvar::IDenf_map [private]`

Asocia enfermedad con mutaciones

3.1.4.4. `unordered_map<IDmut,set<Mutacion>::iterator> Clinvar::IDm_map [private]`

Asocia IDmutacion con mutación

3.1.4.5. `set<Mutacion> Clinvar::mutDB [private]`

Base de datos que contiene toda la información asociada a una mutacion

La documentación para esta clase fue generada a partir de los siguientes ficheros:

- `/home/elena/GradoInformatica/Segundo/1Cuatrimestre/ED/EDant/TDA Clinvar/include/clinvar.h`
- `/home/elena/GradoInformatica/Segundo/1Cuatrimestre/ED/EDant/TDA Clinvar/src/clinvar.cpp`

3.2. Referencia de la Clase Enfermedad

Clase enfermedad, asociada al TDA enfermedad.

```
#include <enfermedad.h>
```

Métodos públicos

- `Enfermedad ()`
Constructor de enfermedad por defecto.
- `Enfermedad (const string &name, const string &ID, const string &database)`
Constructor parametrizado de la clase.
- `void setName (const string &name)`
Establece el nombre de la enfermedad.
- `void setID (const string &ID)`
Establece el ID de la enfermedad.
- `void setDatabase (const string &database)`
Establece la base de Datos de la enfermedad.
- `string getName () const`
Obtiene el nombre de la enfermedad.
- `string getID () const`
Obtiene el ID de la enfermedad.
- `string getDatabase () const`
Obtiene la base de datos de la enfermedad.
- `Enfermedad & operator= (const Enfermedad &e)`
operador de asignación
- `string toString () const`
Muestra el valor de los atributos de la clase enfermedad.
- `bool operator== (const Enfermedad &e) const`
Compara si son iguales dos enfermedades.
- `bool operator!= (const Enfermedad &e) const`
Compara si son distintas dos enfermedades.
- `bool operator< (const Enfermedad &e) const`
Compara si una enfermedad es mayor que otra, comparando por orden alfabético por el campo name.
- `bool operator> (const Enfermedad &e) const`
Compara si una enfermedad es mayor que otra, comparando por orden alfabético por el campo name.
- `bool nameContains (const string &str) const`
Comprueba si una cadena de caracteres está incluido en el nombre de la enfermedad.

Atributos privados

- `string name`
- `string ID`
- `string database`

3.2.1. Descripción detallada

Clase enfermedad, asociada al TDA enfermedad.

`enfermedad::enfermedad, enfermedad::setName, enfermedad::setID, enfermedad::setDatabase, enfermedad::getName, enfermedad::getID, enfermedad::getDatabase, enfermedad::operator=, enfermedad::toString, enfermedad::operator==, enfermedad::operator!=, enfermedad::operator<, enfermedad::nameContains`
Descripción: contiene toda la información asociada a una enfermedad almacenada en la BD ClinVar-dbSNP (nombre de la enfermedad, id, BD que provee el id)

Autor

Elena María Gómez Ríos

3.2.2. Documentación del constructor y destructor

3.2.2.1. Enfermedad::Enfermedad ()

Constructor de enfermedad por defecto.

fichero de implementacion de la clase enfermedad

3.2.2.2. Enfermedad::Enfermedad (const string & *name*, const string & *ID*, const string & *database*)

Constructor parametrizado de la clase.

Parámetros

in	<i>name</i>	nombre de la enfermedad. Almacenar completo en minúscula.
in	<i>ID</i>	ID único para la enfermedad.
in	<i>database</i>	Base de datos que provee el ID.

3.2.3. Documentación de las funciones miembro

3.2.3.1. string Enfermedad::getDatabase () const

Obtiene la base de datos de la enfermedad.

Devuelve

base de datos que provee el ID de la enfermedad.

3.2.3.2. string Enfermedad::getID () const

Obtiene el ID de la enfermedad.

Devuelve

ID de la enfermedad.

3.2.3.3. string Enfermedad::getName () const

Obtiene el nombre de la enfermedad.

Devuelve

nombre de la enfermedad.

3.2.3.4. bool Enfermedad::nameContains (const string & *str*) const

Comprueba si una cadena de caracteres está incluido en el nombre de la enfermedad.

Parámetros

in	str	string a comprobar.
----	-----	---------------------

Devuelve

Devuelve true si el nombre de la enfermedad contiene a str.

3.2.3.5. bool Enfermedad::operator!= (const Enfermedad & e) const

Compara si son distintas dos enfermedades.

Parámetros

in	e	enfermedad a comparar.
----	---	------------------------

Devuelve

Devuelve true si son distintas y false si no lo son.

3.2.3.6. bool Enfermedad::operator< (const Enfermedad & e) const

Compara si una enfermedad es mayor que otra, comparando por orden alfabético por el campo name.

Parámetros

in	e	enfermedad a comparar.
----	---	------------------------

Devuelve

Devuelve true si e es mayor que el que lo llama. False en otro caso.

3.2.3.7. Enfermedad & Enfermedad::operator= (const Enfermedad & e)

operador de asignación

Parámetros

in	e	enfermedad a copiar.
----	---	----------------------

Devuelve

copia de la enfermedad.

3.2.3.8. bool Enfermedad::operator== (const Enfermedad & e) const

Compara si son iguales dos enfermedades.

Parámetros

<i>in</i>	<i>e</i>	enfermedad a comparar.
-----------	----------	------------------------

Devuelve

Devuelve true si son iguales y false si no lo son.

3.2.3.9. bool Enfermedad::operator> (const Enfermedad & e) const

Compara si una enfermedad es mayor que otra, comparando por orden alfabético por el campo name.

Parámetros

<i>in</i>	<i>e</i>	enfermedad a comparar.
-----------	----------	------------------------

Devuelve

Devuelve true si e es menor que el que lo llama. False en otro caso.

3.2.3.10. void Enfermedad::setDatabase (const string & database)

Establece la base de Datos de la enfermedad.

Parámetros

<i>in</i>	<i>database</i>	Base de datos que provee el ID.
-----------	-----------------	---------------------------------

3.2.3.11. void Enfermedad::setID (const string & ID)

Establece el ID de la enfermedad.

Parámetros

<i>in</i>	<i>ID</i>	ID único para la enfermedad.
-----------	-----------	------------------------------

3.2.3.12. void Enfermedad::setName (const string & name)

Establece el nombre de la enfermedad.

Parámetros

<i>in</i>	<i>name</i>	nombre de la enfermedad. Almacenar completo en minúscula.
-----------	-------------	---

3.2.3.13. string Enfermedad::toString () const

Muestra el valor de los atributos de la clase enfermedad.

Devuelve

Devuelve un string con los atributos de la clase enfermedad.

3.2.4. Documentación de los datos miembro**3.2.4.1. string Enfermedad::database [private]**

Base de datos que provee el ID

3.2.4.2. string Enfermedad::ID [private]

ID único para la enfermedad

3.2.4.3. string Enfermedad::name [private]

Nombre de la enfermedad.

Precondición

Almacenar completo en minúscula.

La documentación para esta clase fue generada a partir de los siguientes ficheros:

- /home/elena/GradoInformatica/Segundo/1Cuatrimestre/ED/EDant/TDA Clinvar/include/[enfermedad.h](#)
- /home/elena/GradoInformatica/Segundo/1Cuatrimestre/ED/EDant/TDA Clinvar/src/[enfermedad.cpp](#)

3.3. Referencia de la Clase Clinvar::gen_iterator

```
#include <clinvar.h>
```

Métodos públicos

- const [Mutacion](#) & operator* ()
- [gen_iterator](#) & operator++ ()
- [gen_iterator](#) operator++ (int)
- [gen_iterator](#) & operator-- ()
- [gen_iterator](#) operator-- (int)
- bool operator== (const [gen_iterator](#) &itc)
- bool operator!= (const [gen_iterator](#) &itc)
- [gen_iterator](#) & operator= (const [gen_iterator](#) &itc)

Atributos privados

- map< [IDgen](#), list< set< [Mutacion](#) >::iterator > >::iterator itmap
- list< set< [Mutacion](#) >::iterator >::iterator itlist
- [Clinvar](#) * ptrclinvar

Amigas

- class [Clinvar](#)

3.3.1. Documentación de las funciones miembro

3.3.1.1. `bool Clinvar::gen_iterator::operator!= (const gen_iterator & itc)`

3.3.1.2. `const Mutacion & Clinvar::gen_iterator::operator* ()`

3.3.1.3. `Clinvar::gen_iterator & Clinvar::gen_iterator::operator++ ()`

3.3.1.4. `Clinvar::gen_iterator Clinvar::gen_iterator::operator++ (int)`

3.3.1.5. `Clinvar::gen_iterator & Clinvar::gen_iterator::operator-- ()`

3.3.1.6. `Clinvar::gen_iterator Clinvar::gen_iterator::operator-- (int)`

3.3.1.7. `Clinvar::gen_iterator & Clinvar::gen_iterator::operator= (const gen_iterator & itc)`

3.3.1.8. `bool Clinvar::gen_iterator::operator== (const gen_iterator & itc)`

3.3.2. Documentación de las funciones relacionadas y clases amigas

3.3.2.1. `friend class Clinvar [friend]`

3.3.3. Documentación de los datos miembro

3.3.3.1. `list<set<Mutacion>::iterator>::iterator Clinvar::gen_iterator::itlist [private]`

3.3.3.2. `map<IDgen, list< set<Mutacion>::iterator> >::iterator Clinvar::gen_iterator::itmap [private]`

3.3.3.3. `Clinvar* Clinvar::gen_iterator::ptrclinvar [private]`

La documentación para esta clase fue generada a partir de los siguientes ficheros:

- `/home/elena/GradoInformatica/Segundo/1Cuatrimestre/ED/EDant/TDA Clinvar/include/clinvar.h`
- `/home/elena/GradoInformatica/Segundo/1Cuatrimestre/ED/EDant/TDA Clinvar/src/clinvar.cpp`

3.4. Referencia de la Clase Clinvar::iterator

```
#include <clinvar.h>
```


Métodos públicos

- `const Mutacion & operator* ()`
fichero de implementacion de la clase clinvar
- `iterator & operator++ ()`
- `iterator operator++ (int)`
- `iterator & operator-- ()`
- `iterator operator-- (int)`
- `bool operator== (const iterator &itc)`
- `bool operator!= (const iterator &itc)`
- `iterator & operator= (const iterator &itc)`

Atributos privados

- `set< Mutacion >::iterator it`

Amigas

- `class Clinvar`

3.4.1. Documentación de las funciones miembro

3.4.1.1. `bool Clinvar::iterator::operator!= (const iterator & itc)`

3.4.1.2. `const Mutacion & Clinvar::iterator::operator* ()`

fichero de implementacion de la clase clinvar

3.4.1.3. `Clinvar::iterator & Clinvar::iterator::operator++ ()`

3.4.1.4. `Clinvar::iterator Clinvar::iterator::operator++ (int)`

3.4.1.5. `Clinvar::iterator & Clinvar::iterator::operator-- ()`

3.4.1.6. `Clinvar::iterator Clinvar::iterator::operator-- (int)`

3.4.1.7. `Clinvar::iterator & Clinvar::iterator::operator= (const iterator & itc)`

3.4.1.8. `bool Clinvar::iterator::operator== (const iterator & itc)`

3.4.2. Documentación de las funciones relacionadas y clases amigas

3.4.2.1. `friend class Clinvar [friend]`

3.4.3. Documentación de los datos miembro

3.4.3.1. `set<Mutacion>::iterator Clinvar::iterator::it [private]`

La documentación para esta clase fue generada a partir de los siguientes ficheros:

- `/home/elena/GradoInformatica/Segundo/1Cuatrimestre/ED/EDant/TDA Clinvar/include/clinvar.h`
- `/home/elena/GradoInformatica/Segundo/1Cuatrimestre/ED/EDant/TDA Clinvar/src/clinvar.cpp`

3.5. Referencia de la Clase Mutacion

Clase mutacion, asociada a la definición de una mutación/SNP.

```
#include <mutacion.h>
```

Métodos públicos

- **Mutacion** ()
Constructor de enfermedad por defecto.
- **Mutacion** (const **Mutacion** &m)
Constructor de copia de la clase.
- **Mutacion** (const string &str)
Constructor parametrizado de la clase.
- void **setId** (const string &id)
Establece el identificador del SNP/mutación.
- void **setChr** (const string &chr)
Establece el identificador del cromosoma.
- void **setPos** (const unsigned int &pos)
Establece el identificador de la posición dentro del cromosoma.
- void **setRef_alt** (const std::vector< string > &ref_alt)
Establece la(s) base(s) en el genoma de referencia y alternativa(s) posible(s).
- void **setGenes** (const std::vector< string > &genes)
Establece los gen(es) asociado(s) al SNP.
- void **setCommon** (const bool &common)
Establece el indicador de si el SNP es común en la población.
- void **setCaf** (const std::vector< float > &caf)
Establece la frecuencia de cada base del SNP en la población.
- void **setEnfermedades** (const std::vector< **Enfermedad** > &Enfermedades)
Establece las enfermedades asociadas al SNP.
- void **setClnsig** (const std::vector< int > &clnsig)
Establece la relevancia clínica del SNP para cada enfermedad.
- string **getId** () const
Obtiene el identificador del SNP/mutación.
- string **getChr** () const
Obtiene identificador del cromosoma.
- unsigned int **getPos** () const
Obtiene el identificador de la posición dentro del cromosoma.
- const vector< string > & **getRef_alt** () const
Obtiene la(s) base(s) en el genoma de referencia y alternativa(s) posible(s).
- const vector< string > & **getGenes** () const
Obtiene los gen(es) asociado(s) al SNP.
- bool **getCommon** () const
Obtiene el indicador de si el SNP es común en la población.
- const vector< float > & **getCaf** () const
Obtiene la frecuencia de cada base del SNP en la población.
- const vector< **Enfermedad** > & **getEnfermedades** () const
Obtiene las enfermedades asociadas al SNP.
- const vector< int > & **getClnsig** () const
Obtiene la relevancia clínica del SNP para cada enfermedad.

- `Mutacion & operator= (const Mutacion &m)`
operador de asignación
- `bool operator== (const Mutacion &m) const`
Compara si son iguales dos mutaciones.
- `bool operator< (const Mutacion &m) const`
Compara si una mutacion es menor que otra, comparando por por Chr y pos.
- `bool operator> (const Mutacion &m) const`
Compara si una mutacion es mayor que otra, comparando por por Chr y pos.

Atributos privados

- `string ID`
- `string chr`
- `unsigned int pos`
- `vector< string > ref_alt`
- `vector< string > genes`
- `bool common`
- `vector< float > caf`
- `vector< Enfermedad > enfermedades`
- `vector< int > clnsig`

3.5.1. Descripción detallada

Clase mutacion, asociada a la definición de una mutación/SNP.

`mutacion::mutacion, mutacion::setID, mutacion::setChr, mutacion::setPos, mutacion::setRef_alt, mutacion::setGenes, mutacion::setCommon, mutacion::setCaf, mutacion::setEnfermedades, mutacion::setClnsig, mutacion::getID, mutacion::getChr, mutacion::getPos, mutacion::getRef_alt, mutacion::getGenes, mutacion::getCommon, mutacion::getCaf, mutacion::getEnfermedades, mutacion::getClnsig, mutacion::operator=, mutacion::operator==, mutacion::operator<`

Descripción: contiene toda la información asociada a una mutación almacenada en la BD ClinVar-dbSNP

Autor

Elena María Gómez Ríos

3.5.2. Documentación del constructor y destructor

3.5.2.1. `Mutacion::Mutacion ()`

Constructor de enfermedad por defecto.

fichero de implementacion de la clase mutacion

3.5.2.2. `Mutacion::Mutacion (const Mutacion & m)`

Constructor de copia de la clase.

Parámetros

<code>in</code>	<code>m</code>	mutacion a copiar
-----------------	----------------	-------------------

3.5.2.3. Mutacion::Mutacion (const string & str)

Constructor parametrizado de la clase.

Parámetros

<code>in</code>	<code>str</code>	cadena que contiene todos los atributos de la clase
-----------------	------------------	---

3.5.3. Documentación de las funciones miembro**3.5.3.1. const vector< float > & Mutacion::getCaf () const**

Obtiene la frecuencia de cada base del SNP en la población.

Devuelve

la frecuencia de cada base del SNP en la población.

3.5.3.2. string Mutacion::getChr () const

Obtiene identificador del cromosoma.

Devuelve

identificador del cromosoma.

3.5.3.3. const vector< int > & Mutacion::getClnsig () const

Obtiene la relevancia clínica del SNP para cada enfermedad.

Devuelve

la relevancia clínica del SNP para cada enfermedad.

3.5.3.4. bool Mutacion::getCommon () const

Obtiene el indicador de si el SNP es común en la población.

Devuelve

el indicador de si el SNP es común en la población.

3.5.3.5. `const vector< Enfermedad > & Mutacion::getEnfermedades () const`

Obtiene las enfermedades asociadas al SNP.

Devuelve

las enfermedades asociadas al SNP.

3.5.3.6. `const vector< string > & Mutacion::getGenes () const`

Obtiene los gen(es) asociado(s) al SNP.

Devuelve

los gen(es) asociado(s) al SNP.

3.5.3.7. `string Mutacion::getID () const`

Obtiene el identificador del SNP/mutación.

Devuelve

identificador del SNP/mutación.

3.5.3.8. `unsigned int Mutacion::getPos () const`

Obtiene el identificador de la posición dentro del cromosoma.

Devuelve

identificador de la posición dentro del cromosoma.

3.5.3.9. `const vector< string > & Mutacion::getRef_alt () const`

Obtiene la(s) base(s) en el genoma de referencia y alternativa(s) posible(s).

Devuelve

la(s) base(s) en el genoma de referencia y alternativa(s) posible(s).

3.5.3.10. `bool Mutacion::operator< (const Mutacion & m) const`

Compara si una mutacion es menor que otra, comparando por Chr y pos.

Parámetros

<code>in</code>	<code>m</code>	mutacion a comparar.
-----------------	----------------	----------------------

Devuelve

Devuelve true si e es mayor que el que lo llama. False en otro caso.

3.5.3.11. Mutacion & Mutacion::operator= (const Mutacion & m)

operador de asignación

Parámetros

in	<i>m</i>	mutación a copiar.
----	----------	--------------------

Devuelve

copia de la mutación.

3.5.3.12. bool Mutacion::operator== (const Mutacion & m) const

Compara si son iguales dos mutaciones.

Parámetros

in	<i>m</i>	mutación a comparar.
----	----------	----------------------

Devuelve

Devuelve true si son iguales y false si no lo son.

3.5.3.13. bool Mutacion::operator> (const Mutacion & m) const

Compara si una mutacion es mayor que otra, comparando por por Chr y pos.

Parámetros

in	<i>m</i>	mutacion a comparar.
----	----------	----------------------

Devuelve

Devuelve true si e es menor que el que lo llama. False en otro caso.

3.5.3.14. void Mutacion::setCaf (const std::vector< float > & caf)

Establece la frecuencia de cada base del SNP en la población.

Parámetros

in	<i>caf</i>	frecuencia de cada base del SNP en la población.
----	------------	--

3.5.3.15. void Mutacion::setChr (const string & chr)

Establece el identificador del cromosoma.

Parámetros

in	<i>chr</i>	nombre de el identificador del cromosoma.
----	------------	---

3.5.3.16. void Mutacion::setClnsig (const std::vector< int > & clnsig)

Establece la relevancia clínica del SNP para cada enfermedad.

Parámetros

in	<i>clnsig</i>	relevancia clínica del SNP para cada enfermedad.
----	---------------	--

3.5.3.17. void Mutacion::setCommon (const bool & common)

Establece el indicador de si el SNP es común en la población.

Parámetros

in	<i>common</i>	indicador de si el SNP es común en la población.
----	---------------	--

3.5.3.18. void Mutacion::setEnfermedades (const std::vector< Enfermedad > & Enfermedades)

Establece las enfermedades asociadas al SNP.

Parámetros

in	<i>enfermedades</i>	enfermedades asociadas al SNP.
----	---------------------	--------------------------------

3.5.3.19. void Mutacion::setGenes (const std::vector< string > & genes)

Establece los gen(es) asociado(s) al SNP.

Parámetros

in	<i>genes</i>	gen(es) asociado(s) al SNP.
----	--------------	-----------------------------

3.5.3.20. void Mutacion::setId (const string & id)

Establece el identificador del SNP/mutación.

Parámetros

in	<i>id</i>	nombre de el identificador del SNP/mutación.
----	-----------	--

3.5.3.21. void Mutacion::setPos (const unsigned int & pos)

Establece el identificador de la posición dentro del cromosoma.

Parámetros

in	<i>pos</i>	nombre de el identificador de la posición dentro del cromosoma.
----	------------	---

3.5.3.22. void Mutacion::setRef_alt (const std::vector< string > & ref_alt)

Establece la(s) base(s) en el genoma de referencia y alternativa(s) posible(s).

Parámetros

in	<i>ref_alt</i>	base(s) en el genoma de referencia y alternativa(s) posible(s).
----	----------------	---

3.5.4. Documentación de los datos miembro

3.5.4.1. vector<float> Mutacion::caf [private]

Frecuencia de cada base del SNP en la población. En primer lugar debe indicarse la frecuencia de la base 'ref' (posición 0 de ref-alt), seguida por las frecuencias de las bases alternativas indicadas en 'ref-alt', en el mismo orden.

3.5.4.2. string Mutacion::chr [private]

Identificador del cromosoma

3.5.4.3. vector<int> Mutacion::clnsig [private]

Relevancia clínica del SNP para cada enfermedad utilizando el código numérico del campo CLNSIG. En caso de que existan varias enfermedades asociadas a la mutación, cada una de ellas puede presentar diferente código CLNSIG, por lo que se deben almacenar en el vector clnsig en el mismo orden que las enfermedades asociadas. En caso de presentarse sólo un código CLNSIG y varias enfermedades, este código se aplica a todas ellas.

3.5.4.4. bool Mutacion::common [private]

Indica si el SNP es común en la población

3.5.4.5. vector<Enfermedad> Mutacion::enfermedades [private]

Enfermedades asociadas al SNP

3.5.4.6. vector<string> Mutacion::genes [private]

Gen(es) asociado(s) al SNP

3.5.4.7. `string Mutacion::ID` `[private]`

Identificador del SNP/mutación

3.5.4.8. `unsigned int Mutacion::pos` `[private]`

Identificador de la posición dentro del cromosoma

3.5.4.9. `vector<string> Mutacion::ref_alt` `[private]`

Base(s) en el genoma de referencia y alternativa(s) posible(s). La primera posición la ocupará el string con la(s) base(s) del genoma de referencia, y, a continuación, aparecerán la(s) base(s) alternativas en el mismo orden que se indica en el fichero

La documentación para esta clase fue generada a partir de los siguientes ficheros:

- [/home/elena/GradoInformatica/Segundo/1Cuatrimestre/ED/EDant/TDA Clinvar/include/mutacion.h](#)
- [/home/elena/GradoInformatica/Segundo/1Cuatrimestre/ED/EDant/TDA Clinvar/src/mutacion.cpp](#)

3.6. Referencia de la Clase ProbMutaciones

clase [ProbMutaciones](#) la cual determinará cuando una mutación es mas probable que otra

```
#include <clinvar.h>
```

Métodos públicos

- `bool operator()` (`const Mutacion &a, const Mutacion &b`)
compara dos mutaciones por id de forma creciente

3.6.1. Descripción detallada

clase [ProbMutaciones](#) la cual determinará cuando una mutación es mas probable que otra

3.6.2. Documentación de las funciones miembro

3.6.2.1. `bool ProbMutaciones::operator() (const Mutacion & a, const Mutacion & b)` `[inline]`

compara dos mutaciones por id de forma creciente

Parámetros

in	<i>a</i>	mutacion a comparar.
in	<i>b</i>	mutacion a comparar.

Devuelve

true si a tiene mayor probabilidad que b

Postcondición

no modifica el conjunto.

La documentación para esta clase fue generada a partir del siguiente fichero:

- /home/elena/GradoInformatica/Segundo/1Cuatrimestre/ED/EDant/TDA Clinvar/include/[clinvar.h](#)

4. Documentación de archivos

4.1. Referencia del Archivo /home/elena/GradoInformatica/Segundo/1Cuatrimestre/ED/EDant/TDA Clinvar/include/clinvar.h

```
#include <string>
#include <iostream>
#include <algorithm>
#include <set>
#include <map>
#include <unordered_map>
#include <list>
#include "enfermedad.h"
#include "mutacion.h"
#include <fstream>
#include <queue>
#include <unordered_set>
```

Clases

- class [ProbMutaciones](#)
clase [ProbMutaciones](#) la cual determinará cuando una mutación es mas probable que otra
- class [Clinvar](#)
- class [Clinvar::iterator](#)
- class [Clinvar::gen_iterator](#)

4.2. Referencia del Archivo /home/elena/GradoInformatica/Segundo/1Cuatrimestre/ED/EDant/TDA Clinvar/include/enfermedad.h

```
#include <string>
#include <iostream>
#include <algorithm>
```

Clases

- class [Enfermedad](#)

Clase enfermedad, asociada al TDA enfermedad.

Funciones

- ostream & [operator<<](#) (ostream &os, const [Enfermedad](#) &e)

Imprime enfermedad con todos sus campos.

4.2.1. Documentación de las funciones

4.2.1.1. ostream& operator<< (ostream & os, const Enfermedad & e)

Imprime enfermedad con todos sus campos.

Parámetros

in	os	flujo.
in	e	enfermedad a mostrar.

Devuelve

La enfermedad por salida estandar.

4.3. Referencia del Archivo /home/elena/GradolInformatica/Segundo/1Cuatrimestre/ED/EDant/TDA Clinvar/include/mutacion.h

```
#include <string>
#include <iostream>
#include <vector>
#include <sstream>
#include "enfermedad.h"
```

Clases

- class [Mutacion](#)

Clase mutacion, asociada a la definición de una mutación/SNP.

Funciones

- ostream & [operator<<](#) (ostream &os, const [Mutacion](#) &m)

Imprime mutación con todos sus campos.

4.3.1. Documentación de las funciones

4.3.1.1. ostream& operator<< (ostream & os, const Mutacion & m)

Imprime mutación con todos sus campos.

Parámetros

<i>in</i>	<i>os</i>	flujo.
<i>in</i>	<i>m</i>	mutación a mostrar.

Devuelve

La mutación por salida estandar.

4.4. Referencia del Archivo /home/elena/GradolInformatica/Segundo/1Cuatrimestre/ED/EDant/TDA Clinvar/src/clinvar.cpp

```
#include "clinvar.h"
```

4.5. Referencia del Archivo /home/elena/GradolInformatica/Segundo/1Cuatrimestre/ED/EDant/TDA Clinvar/src/enfermedad.cpp

```
#include "enfermedad.h"
```

Funciones

- ostream & [operator<<](#) (ostream &os, const [Enfermedad](#) &e)
Imprime enfermedad con todos sus campos.

4.5.1. Documentación de las funciones

4.5.1.1. ostream& operator<< (ostream & os, const Enfermedad & e)

Imprime enfermedad con todos sus campos.

Parámetros

<i>in</i>	<i>os</i>	flujo.
<i>in</i>	<i>e</i>	enfermedad a mostrar.

Devuelve

La enfermedad por salida estandar.

4.6. Referencia del Archivo /home/elena/GradolInformatica/Segundo/1Cuatrimestre/ED/EDant/TDA Clinvar/src/mutacion.cpp

```
#include "mutacion.h"
#include <assert.h>
```

Funciones

- ostream & operator<< (ostream &os, const Mutacion &m)
Imprime mutación con todos sus campos.

4.6.1. Documentación de las funciones

4.6.1.1. ostream& operator<< (ostream & os, const Mutacion & m)

Imprime mutación con todos sus campos.

Parámetros

in	os	flujo.
in	m	mutación a mostrar.

Devuelve

La mutación por salida estandar.

4.7. Referencia del Archivo /home/elena/GradolInformatica/Segundo/1Cuatrimestre/ED/EDant/TDA Clinvar/src/principal.cpp

```
#include "clinvar.h"
```

Funciones

- int main (int argc, char *argv[])

4.7.1. Documentación de las funciones

4.7.1.1. int main (int argc, char * argv[])

Índice alfabético

/home/elena/GradolInformatica/Segundo/1Cuatrimestre/↔ Clinvar::gen_iterator, 13
ED/EDant/TDA Clinvar/include/clinvar.h, 24
/home/elena/GradolInformatica/Segundo/1Cuatrimestre/↔
ED/EDant/TDA Clinvar/include/enfermedad.h, 24
/home/elena/GradolInformatica/Segundo/1Cuatrimestre/↔
ED/EDant/TDA Clinvar/include/mutacion.h, 25
/home/elena/GradolInformatica/Segundo/1Cuatrimestre/↔
ED/EDant/TDA Clinvar/src/clinvar.cpp, 26
/home/elena/GradolInformatica/Segundo/1Cuatrimestre/↔
ED/EDant/TDA Clinvar/src/enfermedad.cpp, 26
/home/elena/GradolInformatica/Segundo/1Cuatrimestre/↔
ED/EDant/TDA Clinvar/src/mutacion.cpp, 26
/home/elena/GradolInformatica/Segundo/1Cuatrimestre/↔
ED/EDant/TDA Clinvar/src/principal.cpp, 27

begin
Clinvar, 4

caf
Mutacion, 22

chr
Mutacion, 22

Clinvar, 2
begin, 4
Clinvar::gen_iterator, 14
Clinvar::iterator, 15
ebegin, 4
eend, 4
end, 4
EnfDB, 8
enfermedad_iterator, 4
erase, 4
find_Enf, 4
find_Mut, 4
gbegin, 6
gen_iterator, 8
gen_map, 8
gend, 6
getEnfermedades, 6
getMutacionesEnf, 6
getMutacionesGen, 7
IDenf, 4
IDenf_map, 8
IDgen, 4
IDm_map, 8
IDmut, 4
insert, 7
iterator, 8
load, 7
lower_bound, 7
mutDB, 8
topKMutaciones, 7
upper_bound, 8

Clinvar, 14
itlist, 14
itmap, 14
operator!=, 14
operator*, 14
operator++, 14
operator--, 14
operator=, 14
operator==, 14
ptrclinvar, 14
Clinvar::iterator, 14
Clinvar, 15
it, 15
operator!=, 15
operator*, 15
operator++, 15
operator--, 15
operator=, 15
operator==, 15

clnsig
Mutacion, 22

common
Mutacion, 22

database
Enfermedad, 13

ebegin
Clinvar, 4

eend
Clinvar, 4

end
Clinvar, 4

EnfDB
Clinvar, 8

Enfermedad, 8
database, 13
Enfermedad, 10
getDatabase, 10
getID, 10
getName, 10
ID, 13
name, 13
nameContains, 10
operator!=, 11
operator<, 11
operator>, 12
operator=, 11
operator==, 11
setDatabase, 12
setID, 12
setName, 12
toString, 12
enfermedad.cpp

- operator<<, 26
- enfermedad.h
 - operator<<, 25
- enfermedad_iterator
 - Clinvar, 4
- enfermedades
 - Mutacion, 22
- erase
 - Clinvar, 4
- find_Enf
 - Clinvar, 4
- find_Mut
 - Clinvar, 4
- gbegin
 - Clinvar, 6
- gen_iterator
 - Clinvar, 8
- gen_map
 - Clinvar, 8
- gend
 - Clinvar, 6
- genes
 - Mutacion, 22
- getCaf
 - Mutacion, 18
- getChr
 - Mutacion, 18
- getClnsig
 - Mutacion, 18
- getCommon
 - Mutacion, 18
- getDatabase
 - Enfermedad, 10
- getEnfermedades
 - Clinvar, 6
 - Mutacion, 18
- getGenes
 - Mutacion, 19
- getID
 - Enfermedad, 10
 - Mutacion, 19
- getMutacionesEnf
 - Clinvar, 6
- getMutacionesGen
 - Clinvar, 7
- getName
 - Enfermedad, 10
- getPos
 - Mutacion, 19
- getRef_alt
 - Mutacion, 19
- IDenf
 - Clinvar, 4
- IDenf_map
 - Clinvar, 8
- IDgen
 - Clinvar, 4
- IDm_map
 - Clinvar, 8
- IDmut
 - Clinvar, 4
- ID
 - Enfermedad, 13
 - Mutacion, 22
- insert
 - Clinvar, 7
- it
 - Clinvar::iterator, 15
- iterator
 - Clinvar, 8
- itlist
 - Clinvar::gen_iterator, 14
- itmap
 - Clinvar::gen_iterator, 14
- load
 - Clinvar, 7
- lower_bound
 - Clinvar, 7
- main
 - principal.cpp, 27
- mutDB
 - Clinvar, 8
- Mutacion, 16
 - caf, 22
 - chr, 22
 - clnsig, 22
 - common, 22
 - enfermedades, 22
 - genes, 22
 - getCaf, 18
 - getChr, 18
 - getClnsig, 18
 - getCommon, 18
 - getEnfermedades, 18
 - getGenes, 19
 - getID, 19
 - getPos, 19
 - getRef_alt, 19
 - ID, 22
 - Mutacion, 17, 18
 - operator<, 19
 - operator>, 20
 - operator=, 20
 - operator==, 20
 - pos, 23
 - ref_alt, 23
 - setCaf, 20
 - setChr, 20
 - setClnsig, 21
 - setCommon, 21
 - setEnfermedades, 21
 - setGenes, 21
 - setID, 21

- setPos, [22](#)
- setRef_alt, [22](#)
- mutacion.cpp
 - operator<<, [27](#)
- mutacion.h
 - operator<<, [25](#)
- name
 - Enfermedad, [13](#)
- nameContains
 - Enfermedad, [10](#)
- operator!=
 - Clinvar::gen_iterator, [14](#)
 - Clinvar::iterator, [15](#)
 - Enfermedad, [11](#)
- operator<
 - Enfermedad, [11](#)
 - Mutacion, [19](#)
- operator<<
 - enfermedad.cpp, [26](#)
 - enfermedad.h, [25](#)
 - mutacion.cpp, [27](#)
 - mutacion.h, [25](#)
- operator>
 - Enfermedad, [12](#)
 - Mutacion, [20](#)
- operator*
 - Clinvar::gen_iterator, [14](#)
 - Clinvar::iterator, [15](#)
- operator()
 - ProbMutaciones, [23](#)
- operator++
 - Clinvar::gen_iterator, [14](#)
 - Clinvar::iterator, [15](#)
- operator--
 - Clinvar::gen_iterator, [14](#)
 - Clinvar::iterator, [15](#)
- operator=
 - Clinvar::gen_iterator, [14](#)
 - Clinvar::iterator, [15](#)
 - Enfermedad, [11](#)
 - Mutacion, [20](#)
- operator==
 - Clinvar::gen_iterator, [14](#)
 - Clinvar::iterator, [15](#)
 - Enfermedad, [11](#)
 - Mutacion, [20](#)
- pos
 - Mutacion, [23](#)
- principal.cpp
 - main, [27](#)
- ProbMutaciones, [23](#)
 - operator(), [23](#)
- ptrclinvar
 - Clinvar::gen_iterator, [14](#)
- ref_alt
 - Mutacion, [23](#)
- setCaf
 - Mutacion, [20](#)
- setChr
 - Mutacion, [20](#)
- setClnsig
 - Mutacion, [21](#)
- setCommon
 - Mutacion, [21](#)
- setDatabase
 - Enfermedad, [12](#)
- setEnfermedades
 - Mutacion, [21](#)
- setGenes
 - Mutacion, [21](#)
- setID
 - Enfermedad, [12](#)
 - Mutacion, [21](#)
- setName
 - Enfermedad, [12](#)
- setPos
 - Mutacion, [22](#)
- setRef_alt
 - Mutacion, [22](#)
- toString
 - Enfermedad, [12](#)
- topKMutaciones
 - Clinvar, [7](#)
- upper_bound
 - Clinvar, [8](#)