

TDA Conjunto Mutaciones

V1

Generado por Doxygen 1.8.11

Índice

1 Documentación Práctica	2
1.1 Introducción	2
1.2 Conjunto como TDA contenedor de información	2
1.3 Representación	2
1.3.1 Función de Abstracción :	2
1.3.2 Invariante de la Representación:	3
1.4 "Se Entrega / Se Pide"	3
1.4.1 Se entrega	3
1.4.2 Se Pide	3
1.5 "Fecha Límite de Entrega"	3
2 Lista de tareas pendientes	3
3 Índice de clases	4
3.1 Lista de clases	4
4 Índice de archivos	4
4.1 Lista de archivos	4
5 Documentación de las clases	4
5.1 Referencia de la Clase conjunto	4
5.1.1 Descripción detallada	6
5.1.2 Documentación de los 'Typedef' miembros de la clase	6
5.1.3 Documentación del constructor y destructor	6
5.1.4 Documentación de las funciones miembro	7
5.1.5 Documentación de los datos miembro	11
6 Documentación de archivos	11
6.1 Referencia del Archivo conjunto.h	11
6.1.1 Documentación de las funciones	11
6.2 Referencia del Archivo documentacion.dox	12
6.3 Referencia del Archivo principal.cpp	12
6.3.1 Documentación de las funciones	12

1. Documentación Práctica

Versión

v1

Autor

Carlos Cano y Juan F. Huete

1.1. Introducción

En la práctica anterior hemos creado el TDA Mutación y TDA Enfermedad. El objetivo de esta práctica es crear un TDA contenedor para almacenar y gestionar un conjunto de mutaciones.

1.2. Conjunto como TDA contenedor de información

Nuestro conjunto será un contenedor que permite almacenar la información de la base de datos de mutaciones. Para un mejor acceso, los elementos deben estar ordenados según chr/posición, en orden creciente. Como TDA, lo vamos a dotar de un conjunto restringido de métodos (inserción de elementos, consulta de un elemento por chr/pos o por ID, etc.). Este conjunto "simulará" un set de la stl, con algunas claras diferencias pues, entre otros, no estará dotado de la capacidad de iterar (recorrer) a través de sus elementos, que se hará en las siguientes prácticas.

Asociado al conjunto, tendremos los tipos

```
conjunto::value_type // tipo de dato almacenado en el conjunto
conjunto::size_type  // numero de elementos del conjunto
conjunto::iterator    // iterador sobre los elementos del conjunto
conjunto::const_iterator //Iterador constante
```

que permiten hacer referencia a los elementos almacenados en cada una de las posiciones y el número de elementos del conjunto, respectivamente. Es requisito que el tipo `conjunto::value_type` tenga definidos los operadores `operator<` y `operator=`.

1.3. Representación

El alumno deberá realizar una implementación utilizando como base el TDA vector de la STL. En particular, la representación que se utiliza es un VECTOR ORDENADO de entradas, teniendo en cuenta el valor de los atributos chr/pos, tal y como se especificó al definir el `operator<` en el TDA Enfermedad.

1.3.1. Función de Abstracción :

Función de Abstracción: $AF: Rep \Rightarrow Abs$

```
dado C =(vector<mutaciones> vm ) ==> Conjunto BD;
```

Un objeto abstracto, BD, representando una colección ORDENADA de mutaciones según chr/pos, se instancia en la clase conjunto como un vector ordenado de mutaciones.

1.3.2. Invariante de la Representación:

Propiedades que debe cumplir cualquier objeto

```
BD.size() == C.vm.size();

Para todo i, 0 <= i < C.vm.size() se cumple
    C.vm[i].chr está en ("1", "2", "3", "4", "5", "6", "7", "8", "9", "10", "11", "12", "13", "14", "15", "16", "17", "18", "19", "20", "21", "22", "X", "Y", "MT")
    C.vm[i].pos > 0;
Para todo i, 0 <= i < C.vm.size()-1 se cumple:
    a) si C.vm[i].chr == C.vm[i+1].chr, entonces: C.vm[i].pos < C.vm[i+1].pos
    b) si C.vm[i].chr != C.vm[i+1].chr, entonces C.vm[i].chr < C.vm[i+1].chr
    (donde el orden para el número de cromosoma se rige por "1"<"2"<"3"<...<"22"<"X"<"Y"<"MT")
```

1.4. "Se Entrega / Se Pide"

1.4.1. Se entrega

- [conjunto.h](#) Plantilla con la especificación del TDA conjunto.
- Función de abstracción e Invariante de representación del TDA conjunto.
- [principal.cpp](#) Plantilla del fichero con el main del programa. Este programa debe tomar como entrada el fichero de datos "clinvar_20160831.vcf", cargar las mutaciones en un conjunto de mutaciones y exhibir la funcionalidad del TDA Conjunto.

1.4.2. Se Pide

- [conjunto.hxx](#) Implementación del TDA conjunto.
- [principal.cpp](#) Completar su implementación.
- Analizar la eficiencia teórica y empírica de las operaciones de inserción, búsqueda y borrado en el conjunto.

1.5. "Fecha Límite de Entrega"

La fecha límite de entrega será el 6 de Noviembre a las 23:50 hrs.

2. Lista de tareas pendientes

Clase [conjunto](#)

Implementa esta clase siguiendo la especificación asociada

Miembro [main](#) (int argc, char *argv[])

- ¿Existe la mutación con ID "rs147165522"? Imprimir la mutación y las enfermedades asociadas
- ¿Existe la mutación en chr/pos "14"/67769578? Imprimir la mutación y las enfermedades asociadas
- ¿Cómo podríamos calcular el número de mutaciones del cromosoma 3? (utiliza lower_bound / upper_bound)
- Analiza la eficiencia teórica y empírica de las operaciones find, insert y erase

3. Índice de clases

3.1. Lista de clases

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

conjunto	
Clase conjunto	4

4. Índice de archivos

4.1. Lista de archivos

Lista de todos los archivos con descripciones breves:

conjunto.h	11
principal.cpp	12

5. Documentación de las clases

5.1. Referencia de la Clase conjunto

Clase conjunto.

```
#include <conjunto.h>
```

Tipos públicos

- typedef mutacion [value_type](#)
- typedef unsigned int [size_type](#)
- typedef vector< mutacion >::[iterator](#) [iterator](#)
- typedef vector< mutacion >::[const_iterator](#) [const_iterator](#)

Métodos públicos

- `conjunto ()`
constructor primitivo.
- `conjunto (const conjunto &d)`
constructor de copia
- `pair< conjunto::value_type, bool > find (const str &chr, const unsigned int &pos) const`
busca una entrada en el conjunto
- `pair< conjunto::value_type, bool > find (const str &ID) const`
- `pair< conjunto::value_type, bool > find (const conjunto::value_type &e) const`
- `conjunto::size_type count (const str &chr, const unsigned int &pos) const`
cuenta cuantas entradas coinciden con los parámetros dados.
- `conjunto::size_type count (const str &ID) const`
- `conjunto::size_type count (const conjunto::value_type &e) const`
- `bool insert (const conjunto::value_type &e)`
Inserta una entrada en el conjunto.
- `bool erase (const str &chr, const unsigned int &pos)`
Borra una entrada en el conjunto . Busca la entrada con chr/pos o id en el conjunto (utiliza e.getID() en el tercer caso) y si la encuentra la borra.
- `bool erase (const string &ID)`
- `bool erase (const conjunto::value_type &e)`
- `void clear ()`
Borra todas las entradas del conjunto, dejandolo vacio.
- `size_type size () const`
numero de entradas en el conjunto
- `bool empty () const`
Chequea si el conjunto esta vacio (size()==0)
- `conjunto & operator= (const conjunto &org)`
operador de asignación
- `conjunto::iterator lower_bound (const str &chr, const unsigned int &pos) const`
cuenta cuantas entradas hay en el conjunto por debajo ('antes', '<') de los parámetros dados.
- `conjunto::iterator lower_bound (const conjunto::value_type &e) const`
- `conjunto::iterator upper_bound (const str &chr, const unsigned int &pos) const`
cuenta cuantas entradas hay en el conjunto por encima ('después', '>') de los parámetros dados.
- `conjunto::iterator upper_bound (const conjunto::value_type &e) const`

Métodos privados

- `bool cheq_rep () const`
Chequea el Invariante de la representacion.

Atributos privados

- `vector< mutacion > vm`

5.1.1. Descripción detallada

Clase conjunto.

`conjunto::conjunto`, `find`, `size`, Tipos `conjunto::value_type`, `conjunto::size_type` Descripción

Un conjunto es un contenedor que permite almacenar en orden creciente un conjunto de elementos no repetidos. En nuestro caso el conjunto va a tener un subconjunto restringido de métodos (inserción de elementos, consulta de un elemento, etc). Este conjunto "simulará" un conjunto de la stl, con algunas claras diferencias pues, entre otros, no estará dotado de la capacidad de iterar (recorrer) a través de sus elementos.

Asociado al conjunto, tendremos el tipo

`conjunto::value_type`

que permite hacer referencia al elemento almacenados en cada una de las posiciones del conjunto, en nuestro caso mutaciones (SNPs). Es requisito que el tipo `conjunto::value_type` tenga definidos los operadores `operator<` y `operator=`.

El número de elementos en el conjunto puede variar dinámicamente; la gestión de la memoria es automática.

Tareas pendientes Implementa esta clase siguiendo la especificación asociada

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

5.1.2.1. `typedef vector<mutacion>::const_iterator conjunto::const_iterator`

5.1.2.2. `typedef vector<mutacion>::iterator conjunto::iterator`

5.1.2.3. `typedef unsigned int conjunto::size_type`

5.1.2.4. `typedef mutacion conjunto::value_type`

5.1.3. Documentación del constructor y destructor

5.1.3.1. `conjunto::conjunto ()`

constructor primitivo.

5.1.3.2. `conjunto::conjunto (const conjunto & d)`

constructor de copia

Parámetros

<code>in</code>	<code>d</code>	conjunto a copiar
-----------------	----------------	-------------------

5.1.4. Documentación de las funciones miembro

5.1.4.1. `bool conjunto::cheq_rep () const [private]`

Chequea el Invariante de la representacion.

Invariante

IR: `rep ==> bool`

- Para todo i , $0 \leq i < \text{vm.size}()$ se cumple
 - `vm[i].chr` está en ("1", "2", "3", "4", "5", "6", "7", "8", "9", "10", "11", "12", "13", "14", "15", "16", "17", "18", "19", "20", "21", "22", "X", "Y", "MT")
 - `vm[i].pos > 0`;
- Para todo i , $0 \leq i < \text{C.vm.size}()-1$ se cumple: a) si `vm[i].chr == vm[i+1].chr`, entonces: `vm[i].pos < vm[i+1].pos` b) si `vm[i].chr != vm[i+1].chr`, entonces `vm[i].chr < vm[i+1].chr` (donde el orden para el número de cromosoma se rige por "1"<"2"<"3"<...<"22"<"X"<"Y"<"MT")

Devuelve

true si el invariante es correcto, falso en caso contrario

5.1.4.2. `void conjunto::clear ()`

Borra todas las entradas del conjunto, dejandolo vacio.

Postcondición

El conjunto se modifica, quedando vacio.

5.1.4.3. `conjunto::size_type conjunto::count (const str & chr, const unsigned int & pos) const`

cuenta cuantas entradas coinciden con los parámetros dados.

Parámetros

in	<i>chr</i>	de la mutación.
in	<i>pos</i>	de la mutación.
in	<i>ID</i>	de la mutación.
in	<i>e</i>	entrada. Utilizar <code>e.getID()</code> para buscar cuántas mutaciones tienen el mismo ID, el resto de los valores de entrada no son tenidos en cuenta

Devuelve

Como el conjunto de mutaciones no puede tener entradas repetidas, devuelve 1 (si se encuentra la entrada) o 0 (si no se encuentra).

Postcondición

no modifica el conjunto.

5.1.4.4. **conjunto::size_type conjunto::count (const str & *ID*) const**

5.1.4.5. **conjunto::size_type conjunto::count (const conjunto::value_type & *e*) const**

5.1.4.6. **bool conjunto::empty () const**

Chequea si el conjunto esta vacio ([size\(\)](#)==0)

Postcondición

No se modifica el conjunto.

5.1.4.7. **bool conjunto::erase (const str & *chr*, const unsigned int & *pos*)**

Borra una entrada en el conjunto . Busca la entrada con chr/pos o id en el conjunto (utiliza e.getID() en el tercer caso) y si la encuentra la borra.

Parámetros

in	<i>chr</i>	de la mutación a borrar.
in	<i>pos</i>	de la mutación a borrar.
in	<i>ID</i>	de la mutación a borrar.
in	<i>e</i>	entrada con e.getID() que geremos borrar, el resto de los valores no son tenidos en cuenta

Postcondición

Si esta en el conjunto su tamaño se decrementa en 1.

5.1.4.8. **bool conjunto::erase (const string & *ID*)**

5.1.4.9. **bool conjunto::erase (const conjunto::value_type & *e*)**

5.1.4.10. **pair<conjunto::value_type,bool> conjunto::find (const str & *chr*, const unsigned int & *pos*) const**

busca una entrada en el conjunto

Parámetros

in	<i>chr</i>	cromosoma de la mutación a buscar.
in	<i>pos</i>	posición en el cromosoma de la mutación.
in	<i>ID</i>	identificador de la mutación a buscar
in	<i>e</i>	entrada. Utilizar e.getID() o la combinación e.getChr()/e.getPos() para buscar una mutación con igual ID o Chr/Pos, el resto de los valores de entrada pueden ser ignorados.

Devuelve

Si existe una mutación en el conjunto con ese chr/pos o ID, respectivamente, devuelve un par con una copia de la mutación en el conjunto y con el segundo valor a true. Si no se encuentra, devuelve la mutación con la definicion por defecto y false

Postcondición

no modifica el conjunto.

```
Uso 1:
if (C.find("1", 6433456).second ==true) cout << "Found." ;
else cout << "Not found.";
```

```
Uso 2:
if (C.findID("rs12345").second ==true) cout << "Found." ;
else cout << "Not found.";
```

5.1.4.11. `pair<conjunto::value_type,bool> conjunto::find (const str & ID) const`

5.1.4.12. `pair<conjunto::value_type,bool> conjunto::find (const conjunto::value_type & e) const`

5.1.4.13. `bool conjunto::insert (const conjunto::value_type & e)`

Inserta una entrada en el conjunto.

Parámetros

<i>e</i>	entrada a insertar
----------	--------------------

Devuelve

true si la entrada se ha podido insertar con éxito, esto es, no existe una mutación con igual par chr/pos ni igual ID en el conjunto. False en caso contrario.

Postcondición

Si e no esta en el conjunto, el `size()` sera incrementado en 1.

5.1.4.14. `conjunto::iterator conjunto::lower_bound (const str & chr, const unsigned int & pos) const`

cuenta cuantas entradas hay en el conjunto por debajo ('antes', '<') de los parámetros dados.

Parámetros

in	<i>chr</i>	de la mutación.
in	<i>pos</i>	de la mutación.
in	<i>e</i>	entrada.

Devuelve

Devuelve un iterador al primer elemento que cumple que "elemento<e" es falso, esto es, el primer elemento que es mayor o igual que e

Postcondición

no modifica el conjunto.

5.1.4.15. **conjunto::iterator conjunto::lower_bound (const conjunto::value_type & e) const**

5.1.4.16. **conjunto& conjunto::operator= (const conjunto & org)**

operador de asignación

Parámetros

in	org	conjunto a copiar.
----	-----	--------------------

Devuelve

Crea y devuelve un conjunto duplicado exacto de org.

5.1.4.17. **size_type conjunto::size () const**

numero de entradas en el conjunto

Postcondición

No se modifica el conjunto.

Devuelve

numero de entradas en el conjunto

5.1.4.18. **conjunto::iterator conjunto::upper_bound (const str & chr, const unsigned int & pos) const**

cuenta cuantas entradas hay en el conjunto por encima ('después', '>') de los parámetros dados.

Parámetros

in	chr	de la mutación.
in	pos	de la mutación.
in	e	entrada. Devuelve un iterador al primer elemento que cumple que "elemento>e", esto es, el primer elemento ESTRICTAMENTE mayor que e

Postcondición

no modifica el conjunto.

5.1.4.19. `conjunto::iterator conjunto::upper_bound (const conjunto::value_type & e) const`

5.1.5. Documentación de los datos miembro

5.1.5.1. `vector<mutacion> conjunto::vm [private]`

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

- [conjunto.h](#)

6. Documentación de archivos

6.1. Referencia del Archivo conjunto.h

```
#include <string>
#include <vector>
#include <iostream>
#include "mutacion.h"
```

Clases

- class [conjunto](#)
Clase conjunto.

Funciones

- `ostream & operator<< (ostream &sal, const conjunto &C)`
imprime todas las entradas del conjunto

6.1.1. Documentación de las funciones

6.1.1.1. `ostream& operator<< (ostream & sal, const conjunto & C)`

imprime todas las entradas del conjunto

Postcondición

No se modifica el conjunto. Implementar tambien esta funcion

6.2. Referencia del Archivo documentacion.dox

6.3. Referencia del Archivo principal.cpp

```
#include "mutacion.h"
#include "enfermedad.h"
#include "conjunto.h"
#include <iostream>
#include <fstream>
#include <vector>
```

Funciones

- bool **load** (**conjunto** &cm, const string &s)
lee un fichero de mutaciones, linea a linea
- int **main** (int argc, char *argv[])

6.3.1. Documentación de las funciones

6.3.1.1. bool load (conjunto & cm, const string & s)

lee un fichero de mutaciones, linea a linea

Parámetros

in	s	nombre del fichero
in, out	cm	objeto tipo conjunto sobre el que se almacenan las mutaciones

Devuelve

true si la lectura ha sido correcta, false en caso contrario

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

Tareas pendientes ¿Existe la mutación con ID "rs147165522"? Imprimir la mutación y las enfermedades asociadas

Tareas pendientes ¿Existe la mutación en chr/pos "14"/67769578? Imprimir la mutación y las enfermedades asociadas

Tareas pendientes ¿Cómo podríamos calcular el número de mutaciones del cromosoma 3? (utiliza lower_bound / upper_bound)

Tareas pendientes Analiza la eficiencia teórica y empírica de las operaciones find, insert y erase