

ClinVar

1

Generado por Doxygen 1.8.12

Índice general

1	Lista de tareas pendientes	1
2	Índice de clases	3
2.1	Lista de clases	3
3	Índice de archivos	5
3.1	Lista de archivos	5
4	Documentación de las clases	7
4.1	Referencia de la Clase ClinVar	7
4.1.1	Descripción detallada	8
4.1.2	Documentación de las funciones miembro	8
4.1.2.1	begin()	8
4.1.2.2	ebegin()	8
4.1.2.3	ehend()	9
4.1.2.4	end()	9
4.1.2.5	erase()	9
4.1.2.6	find_Enf()	9
4.1.2.7	find_mut()	10
4.1.2.8	gbegin()	10
4.1.2.9	gend()	10
4.1.2.10	getEnfermedades() [1/2]	10
4.1.2.11	getEnfermedades() [2/2]	11
4.1.2.12	getMutacionesEnf()	11
4.1.2.13	getMutacionesGen()	11

4.1.2.14	<code>insert()</code>	12
4.1.2.15	<code>load()</code>	12
4.1.2.16	<code>lower_bound()</code>	12
4.1.2.17	<code>size()</code>	13
4.1.2.18	<code>topKMutaciones()</code>	13
4.1.2.19	<code>upper_bound()</code>	13
4.2	Referencia de la Clase enfermedad	14
4.2.1	Descripción detallada	14
4.2.2	Documentación del constructor y destructor	15
4.2.2.1	<code>enfermedad()</code>	15
4.2.3	Documentación de las funciones miembro	15
4.2.3.1	<code>getDatabase()</code>	15
4.2.3.2	<code>getID()</code>	15
4.2.3.3	<code>getName()</code>	15
4.2.3.4	<code>nameContains()</code>	15
4.2.3.5	<code>operator=()</code>	16
4.2.3.6	<code>operator<()</code>	16
4.2.3.7	<code>operator=()</code>	16
4.2.3.8	<code>operator==()</code>	18
4.2.3.9	<code>setDatabase()</code>	18
4.2.3.10	<code>setID()</code>	18
4.2.3.11	<code>setName()</code>	19
4.2.3.12	<code>toString()</code>	19
4.2.4	Documentación de las funciones relacionadas y clases amigas	19
4.2.4.1	<code>operator<<</code>	19
4.3	Referencia de la Clase ClinVar::gen_iterator	19
4.3.1	Descripción detallada	20
4.4	Referencia de la Clase ClinVar::mut_iterator	20
4.4.1	Descripción detallada	21
4.4.2	Documentación de las funciones miembro	21

4.4.2.1	operatori=()	21
4.5	Referencia de la Clase mutacion	21
4.5.1	Descripción detallada	23
4.5.2	Documentación del constructor y destructor	23
4.5.2.1	mutacion() [1/2]	23
4.5.2.2	mutacion() [2/2]	23
4.5.3	Documentación de las funciones miembro	24
4.5.3.1	delSpaces()	24
4.5.3.2	getCaf()	24
4.5.3.3	getChr()	24
4.5.3.4	getClnsig()	24
4.5.3.5	getCommon()	25
4.5.3.6	getEnfermedades()	25
4.5.3.7	getGenes()	25
4.5.3.8	getID()	25
4.5.3.9	getPos()	25
4.5.3.10	getRef_alt()	26
4.5.3.11	operatori=()	26
4.5.3.12	operator<()	26
4.5.3.13	operator=()	26
4.5.3.14	operator==()	28
4.5.3.15	setCaf()	28
4.5.3.16	setChr()	28
4.5.3.17	setClnsig()	29
4.5.3.18	setCommon()	29
4.5.3.19	setEnfermedades()	29
4.5.3.20	setGenes()	29
4.5.3.21	setID()	30
4.5.3.22	setPos()	30
4.5.3.23	setRef_alt()	30
4.5.4	Documentación de las funciones relacionadas y clases amigas	30
4.5.4.1	operator<<	30
4.6	Referencia de la Estructura ClinVar::ProbMutaciones	31
4.6.1	Descripción detallada	31
5	Documentación de archivos	33
5.1	Referencia del Archivo include/clinvar.h	33
5.1.1	Descripción detallada	34
5.2	Referencia del Archivo include/enfermedad.h	34
5.2.1	Descripción detallada	34
5.3	Referencia del Archivo include/mutacion.h	34
5.3.1	Descripción detallada	34
Índice		35

Capítulo 1

Lista de tareas pendientes

Clase **enfermedad**

Implementa esta clase, junto con su documentación asociada

Clase **mutacion**

Implementa esta clase, junto con su documentación asociada

Capítulo 2

Índice de clases

2.1. Lista de clases

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

ClinVar	7
enfermedad	
Clase enfermedad, asociada al TDA enfermedad	14
ClinVar::gen_iterator	
Clase gen_iterator para iterar sobre los genes de la clase clinvar	19
ClinVar::mut_iterator	
Clase iterator (mut_iterator) para iterar sobre las mutaciones de ClinVar	20
mutacion	
Clase mutacion, asociada a la definición de una mutación/SNP	21
ClinVar::ProbMutaciones	
Functor para ordenar topKMutaciones segun el caf	31

Capítulo 3

Indice de archivos

3.1. Lista de archivos

Lista de todos los archivos documentados y con descripciones breves:

include/ clinvar.h	
Clase ClinVar	33
include/ enfermedad.h	
Clase Enfermedad	34
include/ mutacion.h	
Clase Mutacion	34
src/ principal.cpp	??

Capítulo 4

Documentación de las clases

4.1. Referencia de la Clase ClinVar

Clases

- class [gen_iterator](#)
Clase [gen_iterator](#) para iterar sobre los genes de la clase clinvar.
- class [mut_iterator](#)
Clase iterator ([mut_iterator](#)) para iterar sobre las mutaciones de [ClinVar](#).
- struct [ProbMutaciones](#)
functor para ordenar topKMutaciones segun el caf

Métodos públicos

- void [load](#) (string nombreDB)
Carga el fichero de mutaciones en todas las estructuras de la clase clinvar.
- void [insert](#) (const [mutacion](#) &x)
Inserta una mutacion en la clase clinvar, insertandola segun el orden predeterminado en todas las estructuras.
- bool [erase](#) (IDmut ID)
Elimina una mutacion de todas las estructuras de clinvar.
- [mut_iterator](#) [find_mut](#) (IDmut ID)
Busca una mutacion en la clase clinvar.
- enfermedad_iterator [find_Enf](#) (IDenf ID)
Busca una enfermedad en la clase clinvar.
- vector< [enfermedad](#) > [getEnfermedades](#) ([mutacion](#) &mut)
Devuelve las enfermedades de una mutacion.
- list< IDenf > [getEnfermedades](#) (string keyword)
Devuelve las enfermedades que contienen una palabra clave en el nombre.
- set< IDmut > [getMutacionesEnf](#) (IDenf ID)
Busca las mutaciones que tienen un determinado ID en sus enfermedades.
- set< IDmut > [getMutacionesGen](#) (IDgen ID)
Busca las mutaciones que tienen un determinado ID en sus genes.
- void **Reinsertar** ([mutacion](#) una, priority_queue< [mutacion](#), vector< [mutacion](#) >, [ClinVar::ProbMutaciones](#) > &cola)
- set< [mutacion](#), [ProbMutaciones](#) > [topKMutaciones](#) (int k, string keyword)

- Busca las mutaciones que tienen una palabra clave en el nombre y devuelve las k más probables.*

 - `int size ()`
Tamaño del conjunto clinvar.
 - `void LecturaFichero ()`
Imprime el tamaño de todos los conjuntos que hay en clinvar Para comprobar la correcta lectura del fichero.
 - `mut_iterator lower_bound (string cromosoma, unsigned int posicion)`
Busca una mutacion con chr mayor o igual que cromosoma y pos mayor o igual que posicion.
 - `mut_iterator upper_bound (string cromosoma, unsigned int posicion)`
Busca una mutacion con chr mayor que cromosoma y pos mayor que posicion.
 - `mut_iterator begin ()`
Devuelve un objeto `mut_iterator` apuntando al principio de las mutaciones de clinvar.
 - `mut_iterator end ()`
Devuelve un objeto `mut_iterator` apuntando al final de las mutaciones de clinvar.
 - `enfermedad_iterator ebegin ()`
Devuelve un enfermedad_iterator apuntando al principio de las enfermedades de clinvar.
 - `enfermedad_iterator eend ()`
Devuelve un enfermedad_iterator apuntando al final de las enfermedades de clinvar.
 - `gen_iterator gbegin ()`
Devuelve un objeto `gen_iterator` apuntando al principio de los genes de clinvar.
 - `gen_iterator gend ()`
Devuelve un objeto `gen_iterator` apuntando al final de los genes de clinvar.

4.1.1. Descripción detallada

Definición en la línea 37 del archivo clinvar.h.

4.1.2. Documentación de las funciones miembro

4.1.2.1. begin()

```
mut_iterator ClinVar::begin ( )
```

Devuelve un objeto `mut_iterator` apuntando al principio de las mutaciones de clinvar.

Devuelve

`mut_iterator` apuntando al principio de las mutaciones de clinvar

4.1.2.2. ebegin()

```
enfermedad_iterator ClinVar::ebegin ( )
```

Devuelve un enfermedad_iterator apuntando al principio de las enfermedades de clinvar.

Devuelve

enfermedad_iterator apuntando al principio de las enfermedades de clinvar

4.1.2.3. `eend()`

```
enfermedad_iterator ClinVar::eend ( )
```

Devuelve un `enfermedad_iterator` apuntando al final de las enfermedades de `clinvar`.

Devuelve

`enfermedad_iterator` apuntando al final de las enfermedades de `clinvar`

4.1.2.4. `end()`

```
mut_iterator ClinVar::end ( )
```

Devuelve un objeto `mut_iterator` apuntando al final de las mutaciones de `clinvar`.

Devuelve

`mut_iterator` apuntando al final de las mutaciones de `clinvar`

4.1.2.5. `erase()`

```
bool ClinVar::erase (
    IDmut ID )
```

Elimina una mutacion de todas las estructuras de `clinvar`.

Parámetros

<i>ID</i>	ID de la mutacion a ser borrada
-----------	---------------------------------

Devuelve

true si tiene exito borrando, false en caso contrario

4.1.2.6. `find_Enf()`

```
enfermedad_iterator ClinVar::find_Enf (
    IDenf ID )
```

Busca una enfermedad en la clase `clinvar`.

Parámetros

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

Devuelve

Iterador a la enfermedad si la encuentra

4.1.2.7. find_mut()

```
mut_iterator ClinVar::find_mut (
    IDmut ID )
```

Busca una mutacion en la clase clinvar.

Parámetros

<i>ID</i>	ID de la mutacion a buscar
-----------	----------------------------

Devuelve

Iterador a la mutacion si la encuentra

4.1.2.8. gbegin()

```
gen_iterator ClinVar::gbegin ( )
```

Devuelve un objeto [gen_iterator](#) apuntando al principio de los genes de clinvar.

Devuelve

enfermedad_iterator apuntando al principio de los genes de clinvar

4.1.2.9. gend()

```
gen_iterator ClinVar::gend ( )
```

Devuelve un objeto [gen_iterator](#) apuntando al final de los genes de clinvar.

Devuelve

enfermedad_iterator apuntando al final de los genes de clinvar

4.1.2.10. getEnfermedades() [1/2]

```
vector<enfermedad> ClinVar::getEnfermedades (
    mutacion & mut )
```

Devuelve las enfermedades de una mutacion.

Parámetros

<i>mut</i>	mutacion sobre la que buscar las enfermedades
------------	---

Devuelve

vector de enfermedades de la mutacion

4.1.2.11. getEnfermedades() [2/2]

```
list<IDenf> ClinVar::getEnfermedades (
    string keyword )
```

Devuelve las enfermedades que contienen una palabra clave en el nombre.

Parámetros

<i>keyword</i>	Palabra clave a buscar en el nombre de las enfermedades
----------------	---

Devuelve

lista de ID de enfermedades que contienen la palabra clave

4.1.2.12. getMutacionesEnf()

```
set<IDmut> ClinVar::getMutacionesEnf (
    IDenf ID )
```

Busca las mutaciones que tienen un determinado ID en sus enfermedades.

Parámetros

<i>ID</i>	ID de las enfermedades a buscar en el conjunto de mutaciones
-----------	--

Devuelve

set con el conjunto de ID de las mutaciones que tienen enfermedades con el ID pasado como parametro

4.1.2.13. getMutacionesGen()

```
set<IDmut> ClinVar::getMutacionesGen (
    IDgen ID )
```

Busca las mutaciones que tienen un determinado ID en sus genes.

Parámetros

<i>ID</i>	ID de los genes a buscar en el conjunto de mutaciones
-----------	---

Devuelve

set con el conjunto de ID de las mutaciones que tienen genes con el ID pasado como parametro

4.1.2.14. insert()

```
void ClinVar::insert (
    const mutacion & x )
```

Inserta una mutacion en la clase clinvar, insertandola segun el orden predeterminado en todas las estructuras.

Parámetros

<i>x</i>	Mutacion a ser insertada
----------	--------------------------

4.1.2.15. load()

```
void ClinVar::load (
    string nombreDB )
```

Carga el fichero de mutaciones en todas las estructuras de la clase clinvar.

Parámetros

<i>nombreDB</i>	Nombre del fichero de mutaciones
-----------------	----------------------------------

4.1.2.16. lower_bound()

```
mut_iterator ClinVar::lower_bound (
    string cromosoma,
    unsigned int posicion )
```

Busca una mutacion con chr mayor o igual que cromosoma y pos mayor o igual que posicion.

Parámetros

<i>cromosoma</i>	cromosoma de la mutacion a buscar
<i>posicion</i>	posicion de la mutacion a buscar

Devuelve

mut_iterator iterador apuntando a la mutacion encontrada

4.1.2.17. `size()`

```
int ClinVar::size ( )
```

Tamaño del conjunto clinvar.

Devuelve

int con el valor de mutaciones cargadas en clinvar

4.1.2.18. `topKMutaciones()`

```
set<mutacion, ProbMutaciones> ClinVar::topKMutaciones (
    int k,
    string keyword )
```

Busca las mutaciones que tienen una palabra clave en el nombre y devuelve las k más probables.

Parámetros

<i>keyword</i>	palabra clave en el nombre de las mutaciones
<i>k</i>	numero de mutaciones máximo de las más probables para devolver

Devuelve

set con el conjunto de mutaciones más probables con la determinada palabra clave en el nombre

4.1.2.19. `upper_bound()`

```
mut_iterator ClinVar::upper_bound (
    string cromosoma,
    unsigned int posicion )
```

Busca una mutacion con chr mayor que cromosoma y pos mayor que posicion.

Parámetros

<i>cromosoma</i>	cromosoma de la mutacion a buscar
<i>posicion</i>	posicion de la mutacion a buscar

Devuelve

`mut_iterator` iterador apuntando a la mutacion encontrada

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

- `include/clinvar.h`

4.2. Referencia de la Clase enfermedad

Clase enfermedad, asociada al TDA enfermedad.

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

Métodos públicos

- `enfermedad ()`
Construye una enfermedad vacia.
- `enfermedad (const string &name, const string &ID, const string &database)`
Constructor por parametros.
- `void setName (const string &name)`
Asignar nuevo nombre a la enfermedad.
- `void setID (const string &ID)`
Asignar nuevo ID a la enfermedad.
- `void setDatabase (const string &database)`
Asignar nuevo database a la enfermedad.
- `string getName () const`
Devuelve el nombre de la enfermedad.
- `string getID () const`
Devuelve el ID de la enfermedad.
- `string getDatabase () const`
Devuelve la database de la enfermedad.
- `enfermedad & operator= (const enfermedad &e)`
Operator =.
- `string toString () const`
Devuelve un string con los datos de la enfermedad.
- `bool operator== (const enfermedad &e) const`
Operator ==.
- `bool operator!= (const enfermedad &e) const`
Operator !=.
- `bool operator< (const enfermedad &e) const`
Operator <.
- `bool nameContains (const string &str) const`
Comprueba si el nombre de la enfermedad contiene el string.

Amigas

- `ostream & operator<< (ostream &os, const enfermedad &e)`
Operator <<.

4.2.1. Descripción detallada

Clase enfermedad, asociada al TDA enfermedad.

`enfermedad::enfermedad`, 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)

Tareas pendientes Implementa esta clase, junto con su documentación asociada

Clase enfermedad con los atributos propios de la enfermedad

Definición en la línea 36 del archivo enfermedad.h.

4.2.2. Documentación del constructor y destructor

4.2.2.1. enfermedad()

```
enfermedad::enfermedad (
    const string & name,
    const string & ID,
    const string & database )
```

Constructor por parametros.

Parámetros

<i>name</i>	nombre de la enfermedad
<i>ID</i>	de la enfermedad
<i>database</i>	de la enfermedad

4.2.3. Documentación de las funciones miembro

4.2.3.1. getDatabase()

```
string enfermedad::getDatabase ( ) const
```

Devuelve la database de la enfermedad.

Devuelve

database

4.2.3.2. getID()

```
string enfermedad::getID ( ) const
```

Devuelve el ID de la enfermedad.

Devuelve

ID

4.2.3.3. getName()

```
string enfermedad::getName ( ) const
```

Devuelve el nombre de la enfermedad.

Devuelve

name

4.2.3.4. nameContains()

```
bool enfermedad::nameContains (
    const string & str ) const
```

Comprueba si el nombre de la enfermedad contiene el string.

Parámetros

<i>str</i>	string para buscar
------------	--------------------

Devuelve

true o false

Busca el string dentro del string de campo name

4.2.3.5. operator!=()

```
bool enfermedad::operator!= (
    const enfermedad & e ) const
```

Operator !=.

Parámetros

<i>e</i>	Enfermedad orig para comparar
----------	-------------------------------

Devuelve

true o false

Compara enfermedad this con la de origen para ver si son distintas

4.2.3.6. operator<()

```
bool enfermedad::operator< (
    const enfermedad & e ) const
```

Operator <.

Parámetros

<i>e</i>	Enfermedad orig para comparar
----------	-------------------------------

Devuelve

true o false

Compara enfermedad this con la de origen para ver si this es menor que orig, orden alfabetico por campo name

4.2.3.7. operator=()

```
enfermedad& enfermedad::operator= (
    const enfermedad & e )
```

Operator =.

Parámetros

<i>e</i>	enfermedad origen para hacer la asignacion
----------	--

Hace una asignacion de la enfermedad origen a this, realizando las comprobaciones necesarias

4.2.3.8. operator==()

```
bool enfermedad::operator== (
    const enfermedad & e ) const
```

Operator ==.

Parámetros

<i>e</i>	Enfermedad orig para comparar
----------	-------------------------------

Devuelve

true o false

Compara enfermedad this con la de origen para ver si son iguales

4.2.3.9. setDatabase()

```
void enfermedad::setDatabase (
    const string & database )
```

Asignar nuevo database a la enfermedad.

Parámetros

<i>database</i>	Nuevo database
-----------------	----------------

4.2.3.10. setID()

```
void enfermedad::setID (
    const string & ID )
```

Asignar nuevo ID a la enfermedad.

Parámetros

<i>ID</i>	Nuevo ID
-----------	----------

4.2.3.11. setName()

```
void enfermedad::setName (
    const string & name )
```

Asignar nuevo nombre a la enfermedad.

Parámetros

<i>name</i>	Nuevo nombre
-------------	--------------

4.2.3.12. toString()

```
string enfermedad::toString ( ) const
```

Devuelve un string con los datos de la enfermedad.

Devuelve

string con los datos de la enfermedad separados por espacios

4.2.4. Documentación de las funciones relacionadas y clases amigas

4.2.4.1. operator<<

```
ostream& operator<< (
    ostream & os,
    const enfermedad & e ) [friend]
```

Operator <<.

Parámetros

<i>os</i>	Ostream
<i>e</i>	Enfermedad this para imprimir

Permite imprimir por pantalla una enfermedad

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

- include/[enfermedad.h](#)

4.3. Referencia de la Clase ClinVar::gen_iterator

Clase [gen_iterator](#) para iterar sobre los genes de la clase clinvar.

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

Métodos públicos

- `bool operator()` (`map< IDgen, list< mut_iterator > >::iterator a`, `map< IDgen, list< mut_iterator > >::iterator b`)
operator() para ordenar segun los criterios establecidos de IDgen
- `const mutacion & operator*` ()
Para ver el contenido de donde apunta `gen_iterator`.
- `listit & operator++` (`int`)
Avanza `gen_iterator` una posicion, notacion posfija.
- `void setitmap` (`map< IDgen, list< mut_iterator > >::iterator otro`)
Para inicializar el map de `gen_iterator`.

4.3.1. Descripción detallada

Clase `gen_iterator` para iterar sobre los genes de la clase `clinvar`.

Definición en la línea 146 del archivo `clinvar.h`.

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

- `include/clinvar.h`

4.4. Referencia de la Clase ClinVar::mut_iterator

Clase iterator (`mut_iterator`) para iterar sobre las mutaciones de `ClinVar`.

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

Métodos públicos

- `bool operator()` (`iterator_mut uno`, `iterator_mut otro`)
operator() para ordenar segun el criterio establecidos de cromosoma/posicion
- `const mutacion & operator*` ()
Para ver el contenido al que apunta `mut_iterator`.
- `iterator_mut & operator++` (`int`)
Avanza `mut_iterator` una posicion, notacion posfija.
- `mut_iterator & operator=` (`const mut_iterator &orig`)
Asigna a un `mut_iterator` el valor de otro `mut_iterator`.
- `bool operator!=` (`const mut_iterator &orig`)
Compara un `mut_iterator` con otro.
- `void setit` (`iterator_mut otro`)
Inicializa el valor de it atributo de `mut_iterator`.
- `iterator_mut getit` () `const`
Devuelve el valor de it, atributo de `mut_iterator`.
- `IDmut getID` ()
Devuelve el valor del ID del elemento al que apunta `mut_iterator`.
- `vector< IDenf > getEnfID` ()
Devuelve un vector con el ID de las enfermedades del elemento al que apunta `mut_iterator`.

4.4.1. Descripción detallada

Clase iterator ([mut_iterator](#)) para iterar sobre las mutaciones de [ClinVar](#).

Definición en la línea 46 del archivo clinvar.h.

4.4.2. Documentación de las funciones miembro

4.4.2.1. operator!=()

```
bool ClinVar::mut_iterator::operator!= (
    const mut\_iterator & orig ) [inline]
```

Compara un [mut_iterator](#) con otro.

Devuelve

true si son distintos

Definición en la línea 92 del archivo clinvar.h.

```
92                                     {
93     return (it != orig.it);
94 }
```

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

- [include/clinvar.h](#)

4.5. Referencia de la Clase mutacion

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

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

Métodos públicos

- **mutacion** ()
Crea una mutacion vacia inicializando los atributos.
- **mutacion** (const **mutacion** &m)
Construye una mutacion como una copia de otra.
- **mutacion** (const string &str)
Construye una mutacion a partir de un string.
- string **delSpaces** (string &input)
Funcion auxiliar para eliminar espacios.
- void **setID** (const string &id)
Establecer un ID a la mutacion.
- void **setChr** (const string &chr)
Establecer un chr (Numero de cromosoma) a la mutacion.
- void **setPos** (const unsigned int &pos)
Establecer una nueva posicion.
- void **setRef_alt** (const std::vector< string > &ref_alt)
Establecer nuevas bases (ref_alt)
- void **setGenes** (const std::vector< string > &genes)
Establecer nuevos genes.
- void **setCommon** (const bool &common)
Dar nuevo valor a common.
- void **setCaf** (const std::vector< float > &caf)
Nuevo caf a establecer.
- void **setEnfermedades** (const std::vector< **enfermedad** > &enfermedades)
Nuevas enfermedades a establecer.
- void **setClnsig** (const std::vector< int > &clnsig)
Establecer un nuevo setClnsig.
- string **getID** () const
Devuelve el ID.
- string **getChr** () const
Devuelve los cromosomas.
- unsigned int **getPos** () const
Devuelve la posicion.
- const std::vector< string > & **getRef_alt** () const
Devuelve las bases.
- const std::vector< string > & **getGenes** () const
Devuelve los genes.
- bool **getCommon** () const
Devuelve Common.
- const std::vector< float > & **getCaf** () const
Devuelve caf.
- const std::vector< **enfermedad** > & **getEnfermedades** () const
Devuelve las enfermedades.
- const std::vector< int > & **getClnsig** () const
Devuelve Clnsig.
- **mutacion** & **operator=** (const **mutacion** &m)
Operator =.
- bool **operator==** (const **mutacion** &m) const
Operator ==.
- bool **operator!=** (const **mutacion** &m) const
Operator !=.
- bool **operator<** (const **mutacion** &m) const
Operator <.

Amigas

- ostream & `operator<<` (ostream &os, const `mutacion` &m)
Operator <<.

4.5.1. Descripción detallada

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

`mutacion::mutacion`,

Tareas pendientes Implementa esta clase, junto con su documentación asociada

Crea una mutacion con todos los datos identificadores de dicha mutacion

Definición en la línea 35 del archivo mutacion.h.

4.5.2. Documentación del constructor y destructor

4.5.2.1. `mutacion()` [1/2]

```
mutacion::mutacion (
    const mutacion & m )
```

Construye una mutacion como una copia de otra.

Parámetros

<i>m</i>	Mutacion a copiar
----------	-------------------

4.5.2.2. `mutacion()` [2/2]

```
mutacion::mutacion (
    const string & str )
```

Construye una mutacion a partir de un string.

Parámetros

<i>str</i>	String del que se extrae la informacion para construir la mutacion
------------	--

Se van extrayendo los valores avanzando un indice de lectura sobre el string, y leyendo en orden cada valor

ORDEN DE APARICION: 1º: chr - numero de cromosoma (1-23) 2º: pos - posicion, numero largo, empieza en 1 3º: ID - rsXXXX, X numeros 4º: ref_alt - Bases, desde que acaba ID hasta RS mayus 5º: genes - Genes, GENEINFO (buscar) hasta el final (;) 6º: common - COMMON, buscar, valores 0 o 1 o no aparecer (poner a 0) 7º: clnsig -

CLNSIG, buscar (num) y hasta final (;) 8º: caf - CAF, buscar num y hasta (;), sino poner a 0 9º: enfermedades - Buscar NOMBRE: name CLNDBN, ID: ID CLNDSDBID, DATABASE database CLNDSDB Con las 3 se tiene una enfermedad

4.5.3. Documentación de las funciones miembro

4.5.3.1. delSpaces()

```
string mutacion::delSpaces (
    string & input )
```

Funcion auxiliar para eliminar espacios.

Parámetros

<i>input</i>	String del que se van a eliminar los espacios
--------------	---

4.5.3.2. getCaf()

```
const std::vector<float>& mutacion::getCaf ( ) const
```

Devuelve caf.

Devuelve

caf

4.5.3.3. getChr()

```
string mutacion::getChr ( ) const
```

Devuelve los cromosomas.

Devuelve

chr

4.5.3.4. getClnsig()

```
const std::vector<int>& mutacion::getClnsig ( ) const
```

Devuelve Clnsig.

Devuelve

Clnsig

4.5.3.5. getCommon()

```
bool mutacion::getCommon ( ) const
```

Devuelve Common.

Devuelve

common

4.5.3.6. getEnfermedades()

```
const std::vector<enfermedad>& mutacion::getEnfermedades ( ) const
```

Devuelve las enfermedades.

Devuelve

enfermedades

4.5.3.7. getGenes()

```
const std::vector<string>& mutacion::getGenes ( ) const
```

Devuelve los genes.

Devuelve

genes

4.5.3.8. getID()

```
string mutacion::getID ( ) const
```

Devuelve el ID.

Devuelve

el ID

4.5.3.9. getPos()

```
unsigned int mutacion::getPos ( ) const
```

Devuelve la posicion.

Devuelve

posicion

4.5.3.10. getRef_alt()

```
const std::vector<string>& mutacion::getRef_alt ( ) const
```

Devuelve las bases.

Devuelve

bases (ref_alt)

4.5.3.11. operator!=()

```
bool mutacion::operator!= (
    const mutacion & m ) const
```

Operator !=.

Parámetros

<i>m</i>	mutacion para comparar con this
----------	---------------------------------

Devuelve

bool true o false

Compara this con la mutacion origen (m) para determinar si son distintas o no

4.5.3.12. operator<()

```
bool mutacion::operator< (
    const mutacion & m ) const
```

Operator <.

Parámetros

<i>m</i>	mutacion origen para comparar con this
----------	--

Devuelve

bool true o false

Compara por numero de cromosoma que la mutacion orig sea mayor que this, en caso de igual numero de cromosoma comprueba la posicion

4.5.3.13. operator=()

```
mutacion& mutacion::operator= (
    const mutacion & m )
```


Operator =.

Parámetros

<i>m</i>	mutacion para asignar a this
----------	------------------------------

Devuelve

*this

Asigna la mutacion origen a this, haciendo las comprobaciones necesarias

4.5.3.14. operator==()

```
bool mutacion::operator== (
    const mutacion & m ) const
```

Operator ==.

Parámetros

<i>m</i>	mutacion para comparar con this
----------	---------------------------------

Devuelve

bool true o false

Compara this con la mutacion origen (m) para determinar si son iguales o no

4.5.3.15. setCaf()

```
void mutacion::setCaf (
    const std::vector< float > & caf )
```

Nuevo caf a establecer.

Parámetros

<i>caf</i>	Vector de float con el nuevo caf
------------	----------------------------------

4.5.3.16. setChr()

```
void mutacion::setChr (
    const string & chr )
```

Establecer un chr (Numero de cromosoma) a la mutacion.

Parámetros

<i>chr</i>	Nuevo numero de cromosoma a establecer
------------	--

4.5.3.17. setClnsig()

```
void mutacion::setClnsig (
    const std::vector< int > & clnsig )
```

Establecer un nuevo setClnsig.

Parámetros

<i>clnsig</i>	Vector de enteros con los clnsig a establecer
---------------	---

4.5.3.18. setCommon()

```
void mutacion::setCommon (
    const bool & common )
```

Dar nuevo valor a common.

Parámetros

<i>common</i>	Con el nuevo valor true o false para common de la clase
---------------	---

4.5.3.19. setEnfermedades()

```
void mutacion::setEnfermedades (
    const std::vector< enfermedad > & enfermedades )
```

Nuevas enfermedades a establecer.

Parámetros

<i>enfermedades</i>	Vector de enfermedades con las nnuevas enfermedades
---------------------	---

4.5.3.20. setGenes()

```
void mutacion::setGenes (
    const std::vector< string > & genes )
```

Establecer nuevos genes.

Parámetros

<i>genes</i>	Vector string con los nuevos genes a establecer
--------------	---

4.5.3.21. setID()

```
void mutacion::setID (
    const string & id )
```

Establecer un ID a la mutacion.

Parámetros

<i>id</i>	String con el nuevo ID a establecer
-----------	-------------------------------------

4.5.3.22. setPos()

```
void mutacion::setPos (
    const unsigned int & pos )
```

Establecer una nueva posicion.

Parámetros

<i>pos</i>	Posicion a establecer
------------	-----------------------

4.5.3.23. setRef_alt()

```
void mutacion::setRef_alt (
    const std::vector< string > & ref_alt )
```

Establecer nuevas bases (ref_alt)

Parámetros

<i>ref_alt</i>	Nuevas bases a establecer
----------------	---------------------------

4.5.4. Documentación de las funciones relacionadas y clases amigas**4.5.4.1. operator<<**

```
ostream& operator<< (
    ostream & os,
    const mutacion & m ) [friend]
```

Operator <<.

Parámetros

<i>os</i>	argumento ostream
<i>m</i>	mutacion this

Devuelve

os

Permite imprimir por pantalla una mutacion

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

- `include/mutacion.h`

4.6. Referencia de la Estructura ClinVar::ProbMutaciones

functor para ordenar topKMutaciones segun el caf

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

Métodos públicos

- `bool operator() (const mutacion &m1, const mutacion &m2)`

4.6.1. Descripción detallada

functor para ordenar topKMutaciones segun el caf

Definición en la línea 192 del archivo clinvar.h.

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

- `include/clinvar.h`

Capítulo 5

Documentación de archivos

5.1. Referencia del Archivo include/clinvar.h

Clase [ClinVar](#).

```
#include <string>
#include <iostream>
#include <fstream>
#include <iterator>
#include <queue>
#include <vector>
#include <set>
#include <map>
#include <list>
#include <unordered_map>
#include "enfermedad.h"
#include "mutacion.h"
#include "clinvar.hxx"
```

Clases

- class [ClinVar](#)
- class [ClinVar::mut_iterator](#)
Clase iterator ([mut_iterator](#)) para iterar sobre las mutaciones de [ClinVar](#).
- class [ClinVar::gen_iterator](#)
Clase [gen_iterator](#) para iterar sobre los genes de la clase [clinvar](#).
- struct [ClinVar::ProbMutaciones](#)
functor para ordenar [topKMutaciones](#) segun el [caf](#)

'typedefs'

- typedef string [IDgen](#)
- typedef string [IDmut](#)
- typedef string [IDenf](#)
- typedef set< [mutacion](#) >::iterator [iterator_mut](#)
- typedef list< [iterator_mut](#) >::iterator [listit](#)
- typedef unordered_map< [IDmut](#), [iterator_mut](#) >::iterator [unordered_iterator](#)
- typedef map< [IDenf](#), [enfermedad](#) >::iterator [enfermedad_iterator](#)

5.1.1. Descripción detallada

Clase [ClinVar](#).

5.2. Referencia del Archivo include/enfermedad.h

Clase Enfermedad.

```
#include <string>
#include <iostream>
#include "enfermedad.hxx"
```

Clases

- class [enfermedad](#)

Clase enfermedad, asociada al TDA enfermedad.

5.2.1. Descripción detallada

Clase Enfermedad.

5.3. Referencia del Archivo include/mutacion.h

Clase Mutacion.

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

Clases

- class [mutacion](#)

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

5.3.1. Descripción detallada

Clase Mutacion.

Índice alfabético

begin
 ClinVar, 8

ClinVar, 7
 begin, 8
 ebegin, 8
 eend, 8
 end, 9
 erase, 9
 find_Enf, 9
 find_mut, 10
 gbegin, 10
 gend, 10
 getEnfermedades, 10, 11
 getMutacionesEnf, 11
 getMutacionesGen, 11
 insert, 12
 load, 12
 lower_bound, 12
 size, 12
 topKMutaciones, 13
 upper_bound, 13

ClinVar::ProbMutaciones, 31

ClinVar::gen_iterator, 19

ClinVar::mut_iterator, 20
 operator!=, 21

delSpaces
 mutacion, 24

ebegin
 ClinVar, 8

eend
 ClinVar, 8

end
 ClinVar, 9

enfermedad, 14
 enfermedad, 15
 getDatabase, 15
 getID, 15
 getName, 15
 nameContains, 15
 operator!=, 16
 operator<, 16
 operator<<, 19
 operator=, 16
 operator==, 18
 setDatabase, 18
 setID, 18
 setName, 18

toString, 19

erase
 ClinVar, 9

find_Enf
 ClinVar, 9

find_mut
 ClinVar, 10

gbegin
 ClinVar, 10

gend
 ClinVar, 10

getCaf
 mutacion, 24

getChr
 mutacion, 24

getClnsig
 mutacion, 24

getCommon
 mutacion, 24

getDatabase
 enfermedad, 15

getEnfermedades
 ClinVar, 10, 11
 mutacion, 25

getGenes
 mutacion, 25

getID
 enfermedad, 15
 mutacion, 25

getMutacionesEnf
 ClinVar, 11

getMutacionesGen
 ClinVar, 11

getName
 enfermedad, 15

getPos
 mutacion, 25

getRef_alt
 mutacion, 25

include/clinvar.h, 33

include/enfermedad.h, 34

include/mutacion.h, 34

insert
 ClinVar, 12

load
 ClinVar, 12

lower_bound
 ClinVar, 12

mutacion, 21
 delSpaces, 24
 getCaf, 24
 getChr, 24
 getClnsig, 24
 getCommon, 24
 getEnfermedades, 25
 getGenes, 25
 getID, 25
 getPos, 25
 getRef_alt, 25
 mutacion, 23
 operator!=, 26
 operator<, 26
 operator<<, 30
 operator=, 26
 operator==, 28
 setCaf, 28
 setChr, 28
 setClnsig, 29
 setCommon, 29
 setEnfermedades, 29
 setGenes, 29
 setID, 30
 setPos, 30
 setRef_alt, 30

nameContains
 enfermedad, 15

operator!=
 ClinVar::mut_iterator, 21
 enfermedad, 16
 mutacion, 26

operator<
 enfermedad, 16
 mutacion, 26

operator<<
 enfermedad, 19
 mutacion, 30

operator=
 enfermedad, 16
 mutacion, 26

operator==
 enfermedad, 18
 mutacion, 28

setCaf
 mutacion, 28

setChr
 mutacion, 28

setClnsig
 mutacion, 29

setCommon
 mutacion, 29

setDatabase
 enfermedad, 18

setEnfermedades
 mutacion, 29

setGenes
 mutacion, 29

setID
 enfermedad, 18
 mutacion, 30

setName
 enfermedad, 18

setPos
 mutacion, 30

setRef_alt
 mutacion, 30

size
 ClinVar, 12

toString
 enfermedad, 19

topKMutaciones
 ClinVar, 13

upper_bound
 ClinVar, 13