

FragScanTibo

0.1

Gegenereerd door Doxygen 1.8.18

1 Klasse Index	1
1.1 Klasse Lijst	1
2 Bestand Index	3
2.1 Bestandslijst	3
3 Klassen Documentatie	5
3.1 HMM Struct Referentie	5
3.1.1 Documentatie van data members	5
3.1.1.1 E1_dist	5
3.1.1.2 E_dist	6
3.1.1.3 e_M	6
3.1.1.4 e_M_1	6
3.1.1.5 N	6
3.1.1.6 pi	6
3.1.1.7 S1_dist	6
3.1.1.8 S_dist	6
3.1.1.9 tr	6
3.1.1.10 tr_E	7
3.1.1.11 tr_E_1	7
3.1.1.12 tr_I_I	7
3.1.1.13 tr_M_I	7
3.1.1.14 tr_R_R	7
3.1.1.15 tr_S	7
3.1.1.16 tr_S_1	7
3.2 thread_data Struct Referentie	8
3.2.1 Documentatie van data members	8
3.2.1.1 aa	8
3.2.1.2 cg	8
3.2.1.3 dna	9
3.2.1.4 format	9
3.2.1.5 hmm	9
3.2.1.6 obs_head	9
3.2.1.7 obs_seq	9
3.2.1.8 out	9
3.2.1.9 train	9
3.2.1.10 wholegenome	10
3.3 TRAIN Struct Referentie	10
3.3.1 Documentatie van data members	10
3.3.1.1 E1_dist	10
3.3.1.2 E_dist	10
3.3.1.3 noncoding	10
3.3.1.4 rtrans	11

3.3.1.5 S1_dist	11
3.3.1.6 S_dist	11
3.3.1.7 start	11
3.3.1.8 start1	11
3.3.1.9 stop	11
3.3.1.10 stop1	11
3.3.1.11 trans	11
4 Bestand Documentatie	13
4.1 FragGeneScan1.31/hmm.h Bestand Referentie	13
4.1.1 Documentatie van macro's	15
4.1.1.1 A	15
4.1.1.2 C	16
4.1.1.3 E_STATE	16
4.1.1.4 E_STATE_1	16
4.1.1.5 G	16
4.1.1.6 I1_STATE	16
4.1.1.7 I1_STATE_1	16
4.1.1.8 I2_STATE	16
4.1.1.9 I2_STATE_1	16
4.1.1.10 I3_STATE	17
4.1.1.11 I3_STATE_1	17
4.1.1.12 I4_STATE	17
4.1.1.13 I4_STATE_1	17
4.1.1.14 I5_STATE	17
4.1.1.15 I5_STATE_1	17
4.1.1.16 I6_STATE	17
4.1.1.17 I6_STATE_1	17
4.1.1.18 M1_STATE	18
4.1.1.19 M1_STATE_1	18
4.1.1.20 M2_STATE	18
4.1.1.21 M2_STATE_1	18
4.1.1.22 M3_STATE	18
4.1.1.23 M3_STATE_1	18
4.1.1.24 M4_STATE	18
4.1.1.25 M4_STATE_1	18
4.1.1.26 M5_STATE	19
4.1.1.27 M5_STATE_1	19
4.1.1.28 M6_STATE	19
4.1.1.29 M6_STATE_1	19
4.1.1.30 NOSTATE	19
4.1.1.31 NUM_STATE	19

4.1.1.32 R_STATE	19
4.1.1.33 S_STATE	19
4.1.1.34 S_STATE_1	20
4.1.1.35 T	20
4.1.1.36 TR_DD	20
4.1.1.37 TR_DM	20
4.1.1.38 TR_ER	20
4.1.1.39 TR_ES	20
4.1.1.40 TR_ES1	20
4.1.1.41 TR_GE	20
4.1.1.42 TR_GG	21
4.1.1.43 TR_II	21
4.1.1.44 TR_IM	21
4.1.1.45 TR_MD	21
4.1.1.46 TR_MI	21
4.1.1.47 TR_MM	21
4.1.1.48 TR_RR	21
4.1.1.49 TR_RS	21
4.1.2 Documentatie van functies	22
4.1.2.1 free_hmm()	22
4.1.2.2 get_corrected_dna()	22
4.1.2.3 get_prob_from_cg()	22
4.1.2.4 get_protein()	23
4.1.2.5 get_rc_dna()	23
4.1.2.6 get_train_from_file()	24
4.1.2.7 viterbi()	24
4.2 FragGeneScan1.31/hmm_lib.c Bestand Referentie	26
4.2.1 Documentatie van functies	26
4.2.1.1 dump_memory()	26
4.2.1.2 free_hmm()	27
4.2.1.3 get_prob_from_cg()	27
4.2.1.4 get_train_from_file()	27
4.2.1.5 viterbi()	28
4.3 FragGeneScan1.31/run_hmm.c Bestand Referentie	30
4.3.1 Documentatie van macro's	30
4.3.1.1 ADD_LEN	30
4.3.1.2 STRINGLEN	31
4.3.2 Documentatie van functies	31
4.3.2.1 appendSeq()	31
4.3.2.2 main()	31
4.3.2.3 print_error()	32
4.3.2.4 thread_func()	32

4.4 FragGeneScan1.31/run_hmm.h Bestand Referentie	33
4.4.1 Documentatie van typedefs	34
4.4.1.1 thread_data	35
4.4.2 Documentatie van functies	35
4.4.2.1 print_error()	35
4.4.2.2 thread_func()	36
4.5 FragGeneScan1.31/util_lib.c Bestand Referentie	36
4.5.1 Documentatie van functies	37
4.5.1.1 dmatrix()	37
4.5.1.2 dvector()	38
4.5.1.3 free_dmatrix()	38
4.5.1.4 free_dvector()	38
4.5.1.5 free_imatrix()	39
4.5.1.6 free_ivector()	39
4.5.1.7 get_protein()	39
4.5.1.8 get_rc_dna()	40
4.5.1.9 get_rc_dna_indel()	40
4.5.1.10 imatrix()	41
4.5.1.11 ivector()	41
4.5.1.12 nt2int()	42
4.5.1.13 nt2int_rc()	42
4.5.1.14 nt2int_rc_indel()	43
4.5.1.15 print_usage()	43
4.5.1.16 tr2int()	43
4.5.1.17 trinucleotide()	44
4.5.1.18 trinucleotide_pep()	44
4.6 FragGeneScan1.31/util_lib.h Bestand Referentie	44
4.6.1 Documentatie van functies	46
4.6.1.1 dmatrix()	46
4.6.1.2 dvector()	46
4.6.1.3 free_dmatrix()	46
4.6.1.4 free_dvector()	47
4.6.1.5 free_imatrix()	47
4.6.1.6 free_ivector()	47
4.6.1.7 get_protein()	48
4.6.1.8 imatrix()	48
4.6.1.9 ivector()	48
4.6.1.10 nt2int()	49
4.6.1.11 nt2int_rc()	49
4.6.1.12 print_usage()	50
4.6.1.13 tr2int()	50
4.6.1.14 trinucleotide()	50

Hoofdstuk 1

Klasse Index

1.1 Klasse Lijst

Hieronder volgen de klassen, structs en unions met voor elk een korte beschrijving:

HMM	5
thread_data	8
TRAIN	10

Hoofdstuk 2

Bestand Index

2.1 Bestandslijst

Hieronder volgt de lijst met alle bestanden, elk met een korte beschrijving:

FragGeneScan1.31/ hmm.h	13
FragGeneScan1.31/ hmm_lib.c	26
FragGeneScan1.31/ run_hmm.c	30
FragGeneScan1.31/ run_hmm.h	33
FragGeneScan1.31/ util_lib.c	36
FragGeneScan1.31/ util_lib.h	44

Hoofdstuk 3

Klassen Documentatie

3.1 HMM Struct Referentie

```
#include <hmm.h>
```

Public Attributen

- double [pi](#) [29]
- int [N](#)
- double [tr](#) [14]
- double [e_M_1](#) [6][16][4]
- double [e_M](#) [6][16][4]
- double [tr_R_R](#) [4][4]
- double [tr_I_I](#) [4][4]
- double [tr_M_I](#) [4][4]
- double [tr_S](#) [61][64]
- double [tr_E](#) [61][64]
- double [tr_S_1](#) [61][64]
- double [tr_E_1](#) [61][64]
- double [S_dist](#) [6]
- double [E_dist](#) [6]
- double [S1_dist](#) [6]
- double [E1_dist](#) [6]

3.1.1 Documentatie van data members

3.1.1.1 E1_dist

```
double E1_dist[6]
```

3.1.1.2 E_dist

```
double E_dist[6]
```

3.1.1.3 e_M

```
double e_M[6][16][4]
```

3.1.1.4 e_M_1

```
double e_M_1[6][16][4]
```

3.1.1.5 N

```
int N
```

3.1.1.6 pi

```
double pi[29]
```

3.1.1.7 S1_dist

```
double S1_dist[6]
```

3.1.1.8 S_dist

```
double S_dist[6]
```

3.1.1.9 tr

```
double tr[14]
```

3.1.1.10 tr_E

```
double tr_E[61][64]
```

3.1.1.11 tr_E_1

```
double tr_E_1[61][64]
```

3.1.1.12 tr_I_I

```
double tr_I_I[4][4]
```

3.1.1.13 tr_M_I

```
double tr_M_I[4][4]
```

3.1.1.14 tr_R_R

```
double tr_R_R[4][4]
```

3.1.1.15 tr_S

```
double tr_S[61][64]
```

3.1.1.16 tr_S_1

```
double tr_S_1[61][64]
```

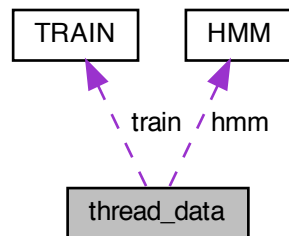
De documentatie voor deze struct is gegenereerd op grond van het volgende bestand:

- FragGeneScan1.31/[hmm.h](#)

3.2 thread_data Struct Referentie

```
#include <run_hmm.h>
```

Collaboratie diagram voor thread_data:



Public Attributen

- FILE * [out](#)
- FILE * [aa](#)
- FILE * [dna](#)
- char * [obs_head](#)
- char * [obs_seq](#)
- int [wholegenome](#)
- int [cg](#)
- int [format](#)
- HMM * [hmm](#)
- TRAIN * [train](#)

3.2.1 Documentatie van data members

3.2.1.1 aa

```
FILE* aa
```

3.2.1.2 cg

```
int cg
```

3.2.1.3 dna

FILE* dna

3.2.1.4 format

int format

3.2.1.5 hmm

HMM* hmm

3.2.1.6 obs_head

char* obs_head

3.2.1.7 obs_seq

char* obs_seq

3.2.1.8 out

FILE* out

3.2.1.9 train

TRAIN* train

3.2.1.10 wholegenome

```
int wholegenome
```

De documentatie voor deze struct is gegenereerd op grond van het volgende bestand:

- FragGeneScan1.31/[run_hmm.h](#)

3.3 TRAIN Struct Referentie

```
#include <hmm.h>
```

Public Attributen

- double [trans](#) [44][6][16][4]
- double [rtrans](#) [44][6][16][4]
- double [noncoding](#) [44][4][4]
- double [start](#) [44][61][64]
- double [stop](#) [44][61][64]
- double [start1](#) [44][61][64]
- double [stop1](#) [44][61][64]
- double [S_dist](#) [44][6]
- double [E_dist](#) [44][6]
- double [S1_dist](#) [44][6]
- double [E1_dist](#) [44][6]

3.3.1 Documentatie van data members

3.3.1.1 E1_dist

```
double E1_dist[44][6]
```

3.3.1.2 E_dist

```
double E_dist[44][6]
```

3.3.1.3 noncoding

```
double noncoding[44][4][4]
```


3.3.1.4 rtrans

```
double rtrans[44][6][16][4]
```

3.3.1.5 S1_dist

```
double S1_dist[44][6]
```

3.3.1.6 S_dist

```
double S_dist[44][6]
```

3.3.1.7 start

```
double start[44][61][64]
```

3.3.1.8 start1

```
double start1[44][61][64]
```

3.3.1.9 stop

```
double stop[44][61][64]
```

3.3.1.10 stop1

```
double stop1[44][61][64]
```

3.3.1.11 trans

```
double trans[44][6][16][4]
```

De documentatie voor deze struct is gegenereerd op grond van het volgende bestand:

- [FragGeneScan1.31/hmm.h](#)

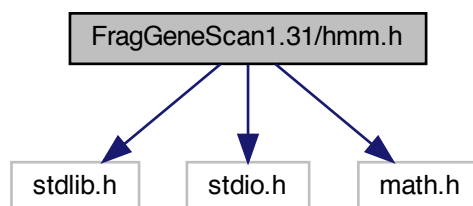
Hoofdstuk 4

Bestand Documentatie

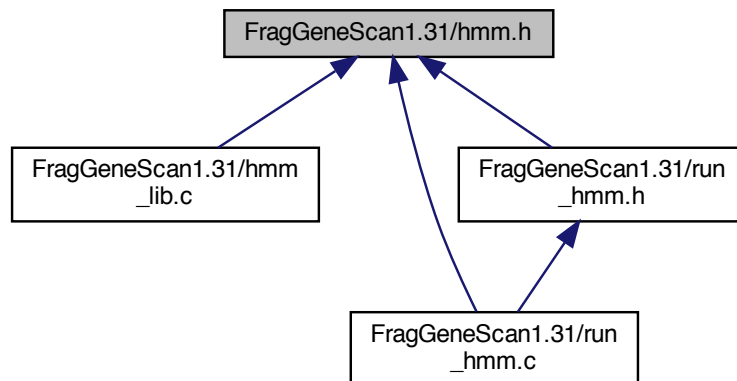
4.1 FragGeneScan1.31/hmm.h Bestand Referentie

```
#include <stdlib.h>
#include <stdio.h>
#include <math.h>
```

Include afhankelijkheidsgraaf voor hmm.h:



Deze graaf geeft aan welke bestanden direct of indirect afhankelijk zijn van dit bestand:



Klassen

- struct [HMM](#)
- struct [TRAIN](#)

Macros

- `#define` [A](#) 0
- `#define` [C](#) 1
- `#define` [G](#) 2
- `#define` [T](#) 3
- `#define` [NUM_STATE](#) 29
- `#define` [NOSTATE](#) -1
- `#define` [S_STATE](#) 0
- `#define` [E_STATE](#) 1
- `#define` [R_STATE](#) 2
- `#define` [S_STATE_1](#) 3
- `#define` [E_STATE_1](#) 4
- `#define` [M1_STATE](#) 5
- `#define` [M2_STATE](#) 6
- `#define` [M3_STATE](#) 7
- `#define` [M4_STATE](#) 8
- `#define` [M5_STATE](#) 9
- `#define` [M6_STATE](#) 10
- `#define` [M1_STATE_1](#) 11
- `#define` [M2_STATE_1](#) 12
- `#define` [M3_STATE_1](#) 13
- `#define` [M4_STATE_1](#) 14
- `#define` [M5_STATE_1](#) 15
- `#define` [M6_STATE_1](#) 16
- `#define` [I1_STATE](#) 17
- `#define` [I2_STATE](#) 18

- `#define I3_STATE` 19
- `#define I4_STATE` 20
- `#define I5_STATE` 21
- `#define I6_STATE` 22
- `#define I1_STATE_1` 23
- `#define I2_STATE_1` 24
- `#define I3_STATE_1` 25
- `#define I4_STATE_1` 26
- `#define I5_STATE_1` 27
- `#define I6_STATE_1` 28
- `#define TR_MM` 0
- `#define TR_MI` 1
- `#define TR_MD` 2
- `#define TR_II` 3
- `#define TR_IM` 4
- `#define TR_DD` 5
- `#define TR_DM` 6
- `#define TR_GE` 7
- `#define TR_GG` 8
- `#define TR_ER` 9
- `#define TR_RS` 10
- `#define TR_RR` 11
- `#define TR_ES` 12
- `#define TR_ES1` 13

Functies

- `int get_prob_from_cg` (`HMM` *hmm, `TRAIN` *train, char *O)
- `void get_train_from_file` (char *filename, `HMM` *hmm_ptr, char *mfilename, char *mfilename1, char *nfilename, char *sfilename, char *pfilename, char *s1filename, char *p1filename, char *dfilename, `TRAIN` *train_ptr)
- `void viterbi` (`HMM` *hmm_ptr, `TRAIN` *train_ptr, char *O, FILE *out_filename, FILE *log_filename, FILE *dna_filename, char *head, int metagene, int cg, int format)
- `void free_hmm` (`HMM` *hmm)
- `void get_protein` (char *dna, char *protein, int strand, int whole_genome)
- `void get_rc_dna` (char *dna, char *dna1)
- `void get_corrected_dna` (char *dna, char *dna_f)

4.1.1 Documentatie van macro's

4.1.1.1 A

```
#define A 0
```

4.1.1.2 C

```
#define C 1
```

4.1.1.3 E_STATE

```
#define E_STATE 1
```

4.1.1.4 E_STATE_1

```
#define E_STATE_1 4
```

4.1.1.5 G

```
#define G 2
```

4.1.1.6 I1_STATE

```
#define I1_STATE 17
```

4.1.1.7 I1_STATE_1

```
#define I1_STATE_1 23
```

4.1.1.8 I2_STATE

```
#define I2_STATE 18
```

4.1.1.9 I2_STATE_1

```
#define I2_STATE_1 24
```

4.1.1.10 I3_STATE

```
#define I3_STATE 19
```

4.1.1.11 I3_STATE_1

```
#define I3_STATE_1 25
```

4.1.1.12 I4_STATE

```
#define I4_STATE 20
```

4.1.1.13 I4_STATE_1

```
#define I4_STATE_1 26
```

4.1.1.14 I5_STATE

```
#define I5_STATE 21
```

4.1.1.15 I5_STATE_1

```
#define I5_STATE_1 27
```

4.1.1.16 I6_STATE

```
#define I6_STATE 22
```

4.1.1.17 I6_STATE_1

```
#define I6_STATE_1 28
```

4.1.1.18 M1_STATE

```
#define M1_STATE 5
```

4.1.1.19 M1_STATE_1

```
#define M1_STATE_1 11
```

4.1.1.20 M2_STATE

```
#define M2_STATE 6
```

4.1.1.21 M2_STATE_1

```
#define M2_STATE_1 12
```

4.1.1.22 M3_STATE

```
#define M3_STATE 7
```

4.1.1.23 M3_STATE_1

```
#define M3_STATE_1 13
```

4.1.1.24 M4_STATE

```
#define M4_STATE 8
```

4.1.1.25 M4_STATE_1

```
#define M4_STATE_1 14
```


4.1.1.26 M5_STATE

```
#define M5_STATE 9
```

4.1.1.27 M5_STATE_1

```
#define M5_STATE_1 15
```

4.1.1.28 M6_STATE

```
#define M6_STATE 10
```

4.1.1.29 M6_STATE_1

```
#define M6_STATE_1 16
```

4.1.1.30 NOSTATE

```
#define NOSTATE -1
```

4.1.1.31 NUM_STATE

```
#define NUM_STATE 29
```

4.1.1.32 R_STATE

```
#define R_STATE 2
```

4.1.1.33 S_STATE

```
#define S_STATE 0
```

4.1.1.34 S_STATE_1

```
#define S_STATE_1 3
```

4.1.1.35 T

```
#define T 3
```

4.1.1.36 TR_DD

```
#define TR_DD 5
```

4.1.1.37 TR_DM

```
#define TR_DM 6
```

4.1.1.38 TR_ER

```
#define TR_ER 9
```

4.1.1.39 TR_ES

```
#define TR_ES 12
```

4.1.1.40 TR_ES1

```
#define TR_ES1 13
```

4.1.1.41 TR_GE

```
#define TR_GE 7
```

4.1.1.42 TR_GG

```
#define TR_GG 8
```

4.1.1.43 TR_II

```
#define TR_II 3
```

4.1.1.44 TR_IM

```
#define TR_IM 4
```

4.1.1.45 TR_MD

```
#define TR_MD 2
```

4.1.1.46 TR_MI

```
#define TR_MI 1
```

4.1.1.47 TR_MM

```
#define TR_MM 0
```

4.1.1.48 TR_RR

```
#define TR_RR 11
```

4.1.1.49 TR_RS

```
#define TR_RS 10
```

4.1.2 Documentatie van functies

4.1.2.1 free_hmm()

```
void free_hmm (  
    HMM * hmm )
```

Hier is de call graaf voor deze functie:



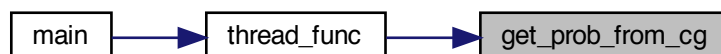
4.1.2.2 get_corrected_dna()

```
void get_corrected_dna (  
    char * dna,  
    char * dna_f )
```

4.1.2.3 get_prob_from_cg()

```
int get_prob_from_cg (  
    HMM * hmm,  
    TRAIN * train,  
    char * O )
```

Hier is de caller graaf voor deze functie:



4.1.2.4 get_protein()

```
void get_protein (
    char * dna,
    char * protein,
    int strand,
    int whole_genome )
```

Hier is de caller graaf voor deze functie:



4.1.2.5 get_rc_dna()

```
void get_rc_dna (
    char * dna,
    char * dna1 )
```

Hier is de call graaf voor deze functie:



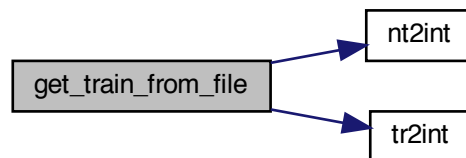
Hier is de caller graaf voor deze functie:



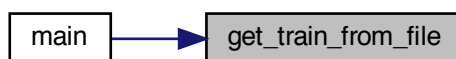
4.1.2.6 get_train_from_file()

```
void get_train_from_file (
    char * filename,
    HMM * hmm_ptr,
    char * mfilename,
    char * mfilename1,
    char * nfilename,
    char * sfilename,
    char * pfilename,
    char * slfilename,
    char * plfilename,
    char * dfilename,
    TRAIN * train_ptr )
```

Hier is de call graaf voor deze functie:



Hier is de caller graaf voor deze functie:

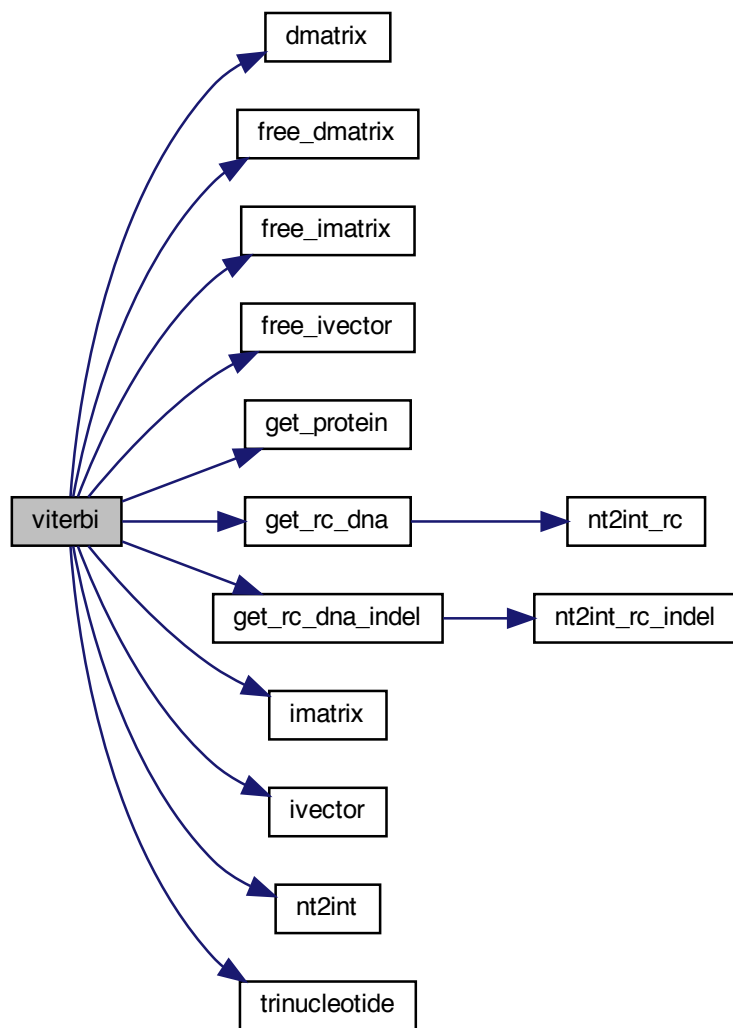


4.1.2.7 viterbi()

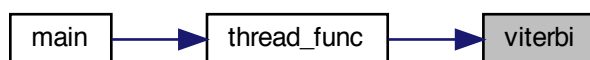
```
void viterbi (
    HMM * hmm_ptr,
    TRAIN * train_ptr,
    char * O,
    FILE * out_filename,
    FILE * log_filename,
    FILE * dna_filename,
```

```
char * head,  
int metagene,  
int cg,  
int format )
```

Hier is de call graaf voor deze functie:



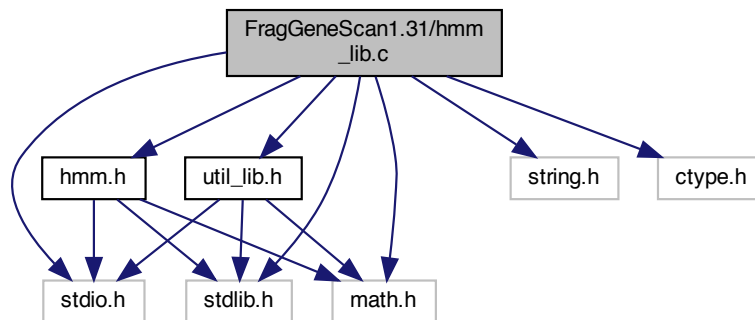
Hier is de caller graaf voor deze functie:



4.2 FragGeneScan1.31/hmm_lib.c Bestand Referentie

```
#include <stdio.h>
#include <math.h>
#include <string.h>
#include <stdlib.h>
#include <ctype.h>
#include "hmm.h"
#include "util_lib.h"
```

Include afhankelijkheidsgraaf voor hmm_lib.c:



Funcities

- void `dump_memory` (void *p, int size)
- void `viterbi` (HMM *hmm_ptr, TRAIN *train_ptr, char *O, FILE *fp_out, FILE *fp_aa, FILE *fp_dna, char *head, int whole_genome, int cg, int format)
- int `get_prob_from_cg` (HMM *hmm_ptr, TRAIN *train_ptr, char *O)
- void `get_train_from_file` (char *filename, HMM *hmm_ptr, char *mfilename, char *mfilename1, char *nfilename, char *sfilename, char *pfilename, char *p1filename, char *dfilename, TRAIN *train_ptr)
- void `free_hmm` (HMM *hmm_ptr)

4.2.1 Documentatie van functies

4.2.1.1 dump_memory()

```
void dump_memory (
    void * p,
    int size )
```


4.2.1.2 free_hmm()

```
void free_hmm (
    HMM * hmm_ptr )
```

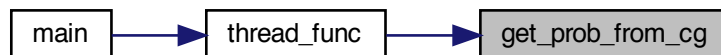
Hier is de call graaf voor deze functie:



4.2.1.3 get_prob_from_cg()

```
int get_prob_from_cg (
    HMM * hmm_ptr,
    TRAIN * train_ptr,
    char * O )
```

Hier is de caller graaf voor deze functie:

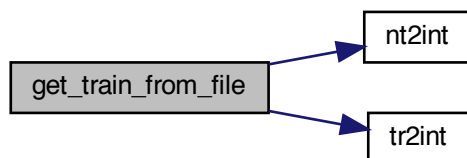


4.2.1.4 get_train_from_file()

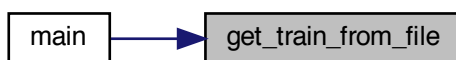
```
void get_train_from_file (
    char * filename,
    HMM * hmm_ptr,
    char * mfilename,
    char * mfilename1,
    char * nfilename,
    char * sfilename,
    char * pfilename,
    char * slfilename,
    char * plfilename,
```

```
char * dfilename,  
TRAIN * train_ptr )
```

Hier is de call graaf voor deze functie:



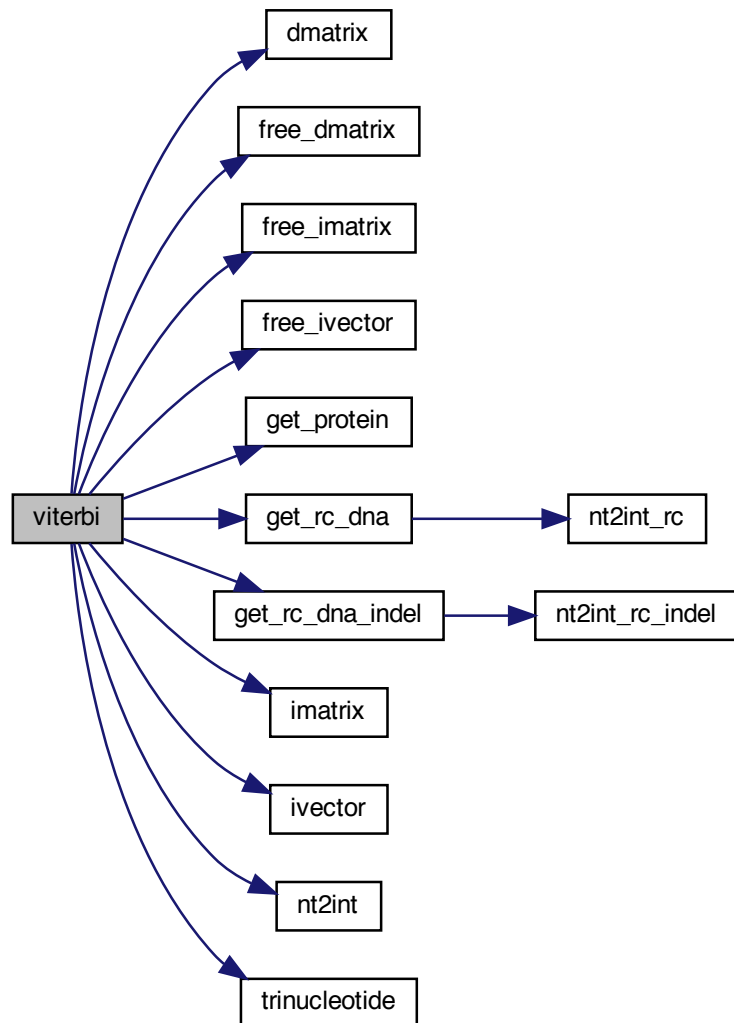
Hier is de caller graaf voor deze functie:



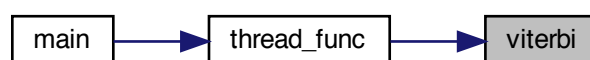
4.2.1.5 viterbi()

```
void viterbi (  
    HMM * hmm_ptr,  
    TRAIN * train_ptr,  
    char * O,  
    FILE * fp_out,  
    FILE * fp_aa,  
    FILE * fp_dna,  
    char * head,  
    int whole_genome,  
    int cg,  
    int format )
```

Hier is de call graaf voor deze functie:



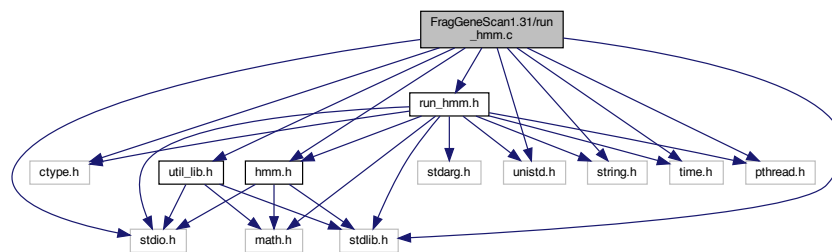
Hier is de caller graaf voor deze functie:



4.3 FragGeneScan1.31/run_hmm.c Bestand Referentie

```
#include <ctype.h>
#include <stdio.h>
#include <stdlib.h>
#include <unistd.h>
#include <string.h>
#include <time.h>
#include "hmm.h"
#include "run_hmm.h"
#include "util_lib.h"
#include <pthread.h>
```

Include afhankelijkheidsgraaf voor run_hmm.c:



Macros

- #define `ADD_LEN` 1024
- #define `STRINGLEN` 4096

Functies

- int `main` (int argc, char **argv)
- void * `thread_func` (void *threadarr)
- int `appendSeq` (char *input, char **seq, int input_max)
- void `print_error` (const char *error_message,...)
- void `print_file_error` (const char *error_message, char *file)

4.3.1 Documentatie van macro's

4.3.1.1 ADD_LEN

```
#define ADD_LEN 1024
```

4.3.1.2 STRINGLEN

```
#define STRINGLEN 4096
```

4.3.2 Documentatie van functies

4.3.2.1 appendSeq()

```
int appendSeq (
    char * input,
    char ** seq,
    int input_max )
```

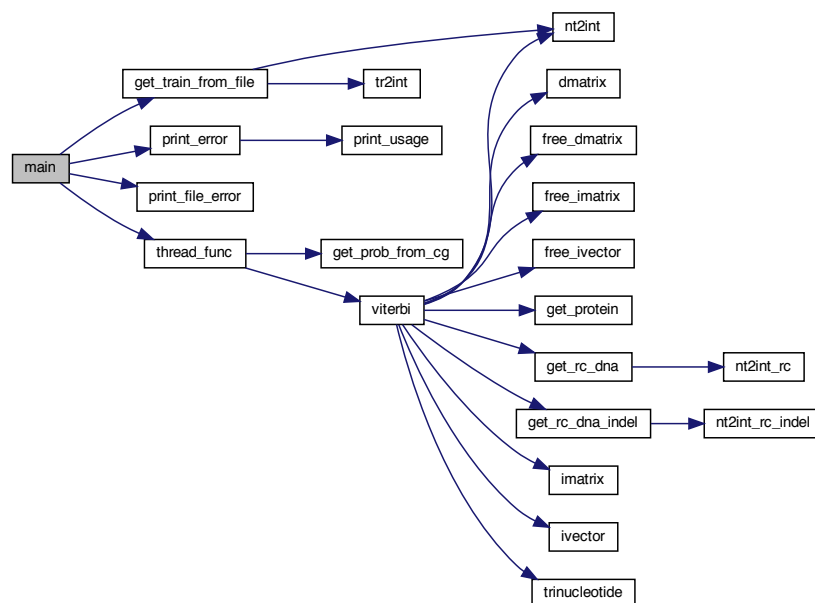
4.3.2.2 main()

```
int main (
    int argc,
    char ** argv )
```

Entry point of program

1. Initialization of variables and datatypes
2. Check File acessibility

Hier is de call graaf voor deze functie:



4.3.2.3 print_error()

```
void print_error (
    const char * error_message,
    ... )
```

Error function:

1. Print error message
2. Call [print_usage\(\)](#) from util_lib
3. EXIT program

Hier is de call graaf voor deze functie:



Hier is de caller graaf voor deze functie:



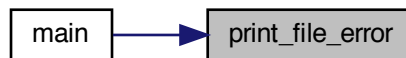
4.3.2.4 print_file_error()

```
void print_file_error (
    const char * error_message,
    char * file )
```

Error function:

1. Print error message
2. EXIT program

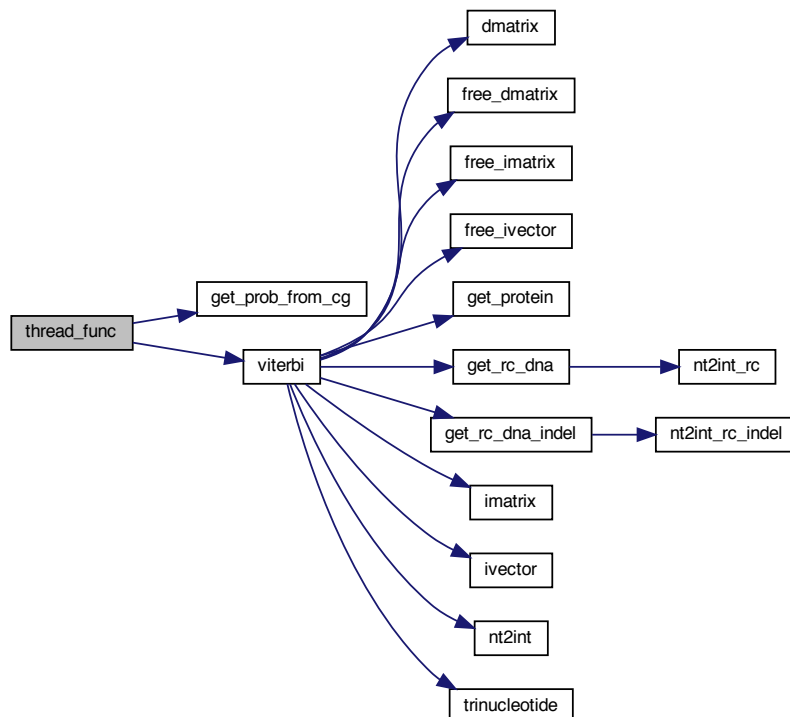
Hier is de caller graaf voor deze functie:



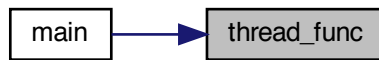
4.3.2.5 thread_func()

```
void* thread_func (  
    void * threadarr )
```

Hier is de call graaf voor deze functie:



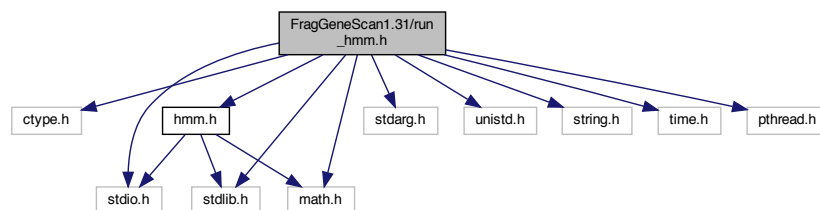
Hier is de caller graaf voor deze functie:



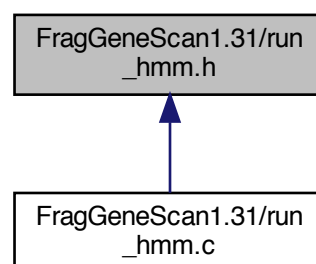
4.4 FragGeneScan1.31/run_hmm.h Bestand Referentie

```
#include <ctype.h>
#include <stdio.h>
#include <stdlib.h>
#include <stdarg.h>
#include <math.h>
#include <unistd.h>
#include <string.h>
#include <time.h>
#include "hmm.h"
#include <pthread.h>
```

Include afhankelijkheidsgraaf voor run_hmm.h:



Deze graaf geeft aan welke bestanden direct of indirect afhankelijk zijn van dit bestand:



Klassen

- struct [thread_data](#)

Typedefs

- typedef struct [thread_data](#) [thread_data](#)

Functies

- void * [thread_func](#) (void *threadarr)
- void [print_error](#) (const char *error_message,...)
- void [print_file_error](#) (const char *error_message, char *file)

4.4.1 Documentatie van typedefs

4.4.1.1 thread_data

```
typedef struct thread\_data thread\_data
```

4.4.2 Documentatie van functies

4.4.2.1 print_error()

```
void print_error (  
    const char * error_message,  
    ... )
```

Error function:

1. Print error message
2. Call [print_usage\(\)](#) from util_lib
3. EXIT program

Hier is de call graaf voor deze functie:



Hier is de caller graaf voor deze functie:



4.4.2.2 print_file_error()

```
void print_file_error (
    const char * error_message,
    char * file )
```

Error function:

1. Print error message
2. EXIT program

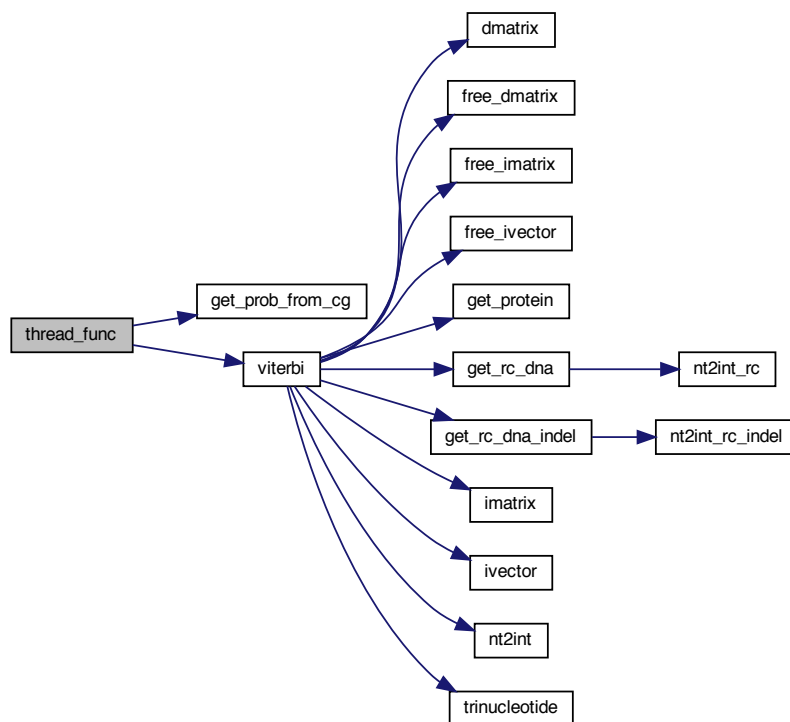
Hier is de caller graaf voor deze functie:



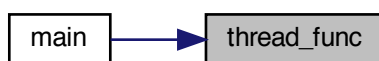
4.4.2.3 thread_func()

```
void* thread_func (
    void * threadarr )
```

Hier is de call graaf voor deze functie:



Hier is de caller graaf voor deze functie:

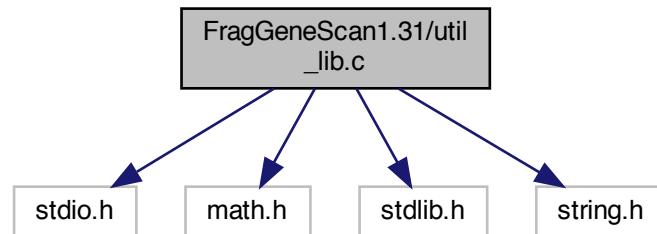


4.5 FragGeneScan1.31/util_lib.c Bestand Referentie

```
#include <stdio.h>
#include <math.h>
#include <stdlib.h>
```

```
#include <string.h>
```

Include afhankelijkheidsgraaf voor util_lib.c:



Functies

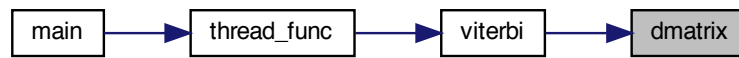
- double ** **dmatrix** (int num_row, int num_col)
- int ** **imatrix** (int num_row, int num_col)
- double * **dvector** (int nh)
- int * **ivector** (int nh)
- void **free_dvector** (double *v)
- void **free_ivector** (int *v)
- void **free_dmatrix** (double **m, int num_row)
- void **free_imatrix** (int **m, int num_row)
- int **tr2int** (char *tr)
- int **nt2int** (char nt)
- int **nt2int_rc** (char nt)
- int **nt2int_rc_indel** (char nt)
- int **trinucleotide** (char a, char b, char c)
- int **trinucleotide_pep** (char a, char b, char c)
- void **get_rc_dna** (char *dna, char *dna1)
- void **get_rc_dna_indel** (char *dna, char *dna1)
- void **get_protein** (char *dna, char *protein, int strand, int whole_genome)
- void **print_usage** ()

4.5.1 Documentatie van functies

4.5.1.1 dmatrix()

```
double** dmatrix (  
    int num_row,  
    int num_col )
```

Hier is de caller graaf voor deze functie:



4.5.1.2 dvector()

```
double* dvector (
    int nh )
```

4.5.1.3 free_dmatrix()

```
void free_dmatrix (
    double ** m,
    int num_row )
```

Hier is de caller graaf voor deze functie:



4.5.1.4 free_dvector()

```
void free_dvector (
    double * v )
```

Hier is de caller graaf voor deze functie:



4.5.1.5 free_imatrix()

```
void free_imatrix (
    int ** m,
    int num_row )
```

Hier is de caller graaf voor deze functie:



4.5.1.6 free_ivector()

```
void free_ivector (
    int * v )
```

Hier is de caller graaf voor deze functie:



4.5.1.7 get_protein()

```
void get_protein (
    char * dna,
    char * protein,
    int strand,
    int whole_genome )
```

Hier is de call graaf voor deze functie:



Hier is de caller graaf voor deze functie:



4.5.1.8 `get_rc_dna()`

```
void get_rc_dna (
    char * dna,
    char * dna1 )
```

Hier is de call graaf voor deze functie:



Hier is de caller graaf voor deze functie:



4.5.1.9 `get_rc_dna_indel()`

```
void get_rc_dna_indel (
    char * dna,
    char * dna1 )
```

Hier is de call graaf voor deze functie:



Hier is de caller graaf voor deze functie:



4.5.1.10 imatrix()

```
int** imatrix (  
    int num_row,  
    int num_col )
```

Hier is de caller graaf voor deze functie:



4.5.1.11 ivector()

```
int* ivector (  
    int nh )
```

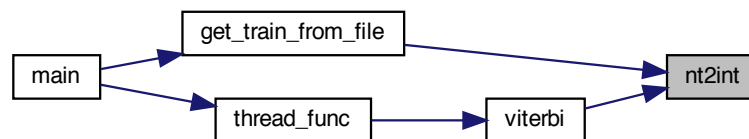

Hier is de caller graaf voor deze functie:



4.5.1.12 nt2int()

```
int nt2int (  
    char nt )
```

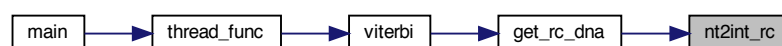
Hier is de caller graaf voor deze functie:



4.5.1.13 nt2int_rc()

```
int nt2int_rc (  
    char nt )
```

Hier is de caller graaf voor deze functie:



4.5.1.14 nt2int_rc_indel()

```
int nt2int_rc_indel (  
    char nt )
```

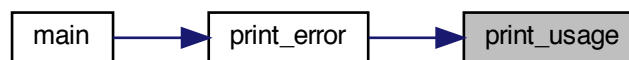
Hier is de caller graaf voor deze functie:



4.5.1.15 print_usage()

```
void print_usage ( )
```

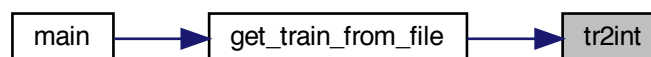
Hier is de caller graaf voor deze functie:



4.5.1.16 tr2int()

```
int tr2int (  
    char * tr )
```

Hier is de caller graaf voor deze functie:



4.5.1.17 trinucleotide()

```
int trinucleotide (  
    char a,  
    char b,  
    char c )
```

Hier is de caller graaf voor deze functie:



4.5.1.18 trinucleotide_pep()

```
int trinucleotide_pep (  
    char a,  
    char b,  
    char c )
```

Hier is de caller graaf voor deze functie:

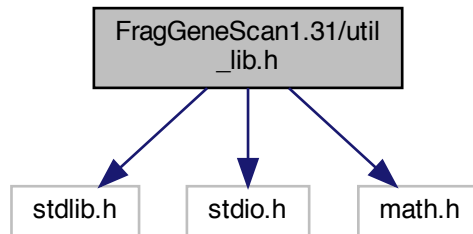


4.6 FragGeneScan1.31/util_lib.h Bestand Referentie

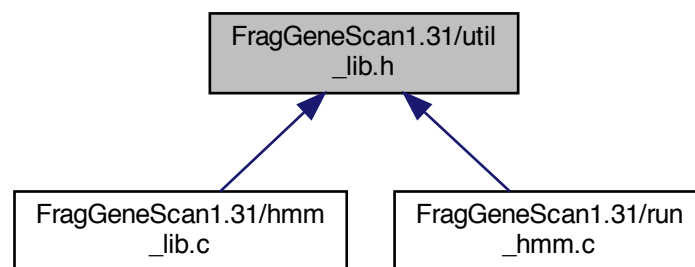
```
#include <stdlib.h>  
#include <stdio.h>
```

```
#include <math.h>
```

Include afhankelijkheidsgraaf voor util_lib.h:



Deze graaf geeft aan welke bestanden direct of indirect afhankelijk zijn van dit bestand:



Functies

- double ** **dmatrix** (int num_row, int num_col)
- double * **dvector** (int nh)
- int ** **imatrix** (int num_row, int num_col)
- int * **ivector** (int nh)
- void **free_dvector** (double *v)
- void **free_dmatrix** (double **m, int num_row)
- void **free_ivector** (int *v)
- void **free_imatrix** (int **m, int num_row)
- int **tr2int** (char *nt)
- int **nt2int** (char nt)
- int **nt2int_rc** (char nt)
- int **trinucleotide** (char a, char b, char c)
- void **get_protein** (char *dna, char *protein, int strand, int whole_genome)
- void **print_usage** ()

4.6.1 Documentatie van functies

4.6.1.1 dmatrix()

```
double** dmatrix (  
    int num_row,  
    int num_col )
```

Hier is de caller graaf voor deze functie:



4.6.1.2 dvector()

```
double* dvector (  
    int nh )
```

4.6.1.3 free_dmatrix()

```
void free_dmatrix (  
    double ** m,  
    int num_row )
```

Hier is de caller graaf voor deze functie:



4.6.1.4 free_dvector()

```
void free_dvector (  
    double * v )
```

Hier is de caller graaf voor deze functie:



4.6.1.5 free_imatrix()

```
void free_imatrix (  
    int ** m,  
    int num_row )
```

Hier is de caller graaf voor deze functie:



4.6.1.6 free_ivector()

```
void free_ivector (  
    int * v )
```

Hier is de caller graaf voor deze functie:



4.6.1.7 get_protein()

```
void get_protein (
    char * dna,
    char * protein,
    int strand,
    int whole_genome )
```

Hier is de call graaf voor deze functie:



4.6.1.8 imatrix()

```
int** imatrix (
    int num_row,
    int num_col )
```

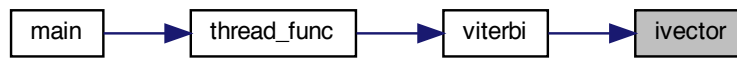
Hier is de caller graaf voor deze functie:



4.6.1.9 ivector()

```
int* ivector (
    int nh )
```

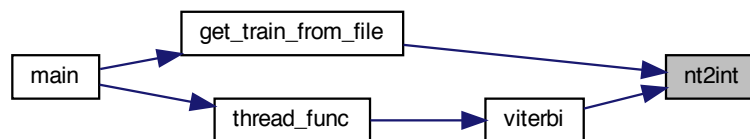
Hier is de caller graaf voor deze functie:



4.6.1.10 nt2int()

```
int nt2int (  
    char nt )
```

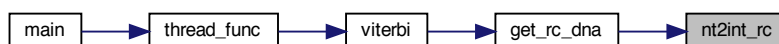
Hier is de caller graaf voor deze functie:



4.6.1.11 nt2int_rc()

```
int nt2int_rc (  
    char nt )
```

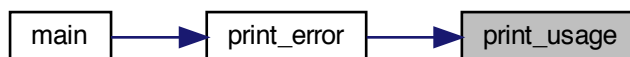
Hier is de caller graaf voor deze functie:



4.6.1.12 print_usage()

```
void print_usage ( )
```

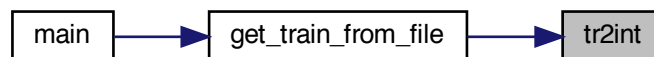
Hier is de caller graaf voor deze functie:



4.6.1.13 tr2int()

```
int tr2int (
    char * nt )
```

Hier is de caller graaf voor deze functie:



4.6.1.14 trinucleotide()

```
int trinucleotide (
    char a,
    char b,
    char c )
```

Hier is de caller graaf voor deze functie:



