



Guia do utilizador

Omixon HLA Twin CE 3.1.1

11/22/2018

1	Introdução	5
1.1	Informação da empresa	5
1.2	Informações gerais	5
1.3	Tecnologias de sequenciação	5
1.4	Princípio do método	5
1.4.1	Algoritmo de genotipagem consensual (CG)	5
1.4.2	Algoritmo de genotipagem estatístico (SG)	5
1.5	Requisitos do sistema	6
1.6	Utilização prevista	6
1.7	Avisos e precauções:	6
1.7.1	Limitações conhecidas do produto	6
1.8	Métodos de validação e características de desempenho	6
1.8.1	Holotype HLA v1	7
1.8.2	Holotype HLA v2	7
1.9	Notas de versão	7
1.10	Referências	8
2	Guia de iniciação rápido	9
2.1	Iniciar sessão	9
2.2	Painel de genotipagem	9
2.3	Análise	10
2.3.1	Genotipagem simples – recomendada para amostras de holótipo	10
2.3.2	Resultados	10
2.4	Resultados de análise de genotipagem	10
2.5	Resultados de amostra de genotipagem	12
2.6	Browser de genes	13
2.7	Painel Definições	13
3	Guia de instalação	14
3.1	Windows	14
3.1.1	Passos de instalação	14
3.2	Linux	14
3.2.1	Passos de instalação	15

3.3	Mac OS X	15
3.3.1	Passos de instalação.....	15
4	Servidor Omixon HLA.....	16
4.1	Instalação	16
4.2	Arranque dos servidores.....	16
4.2.1	Nota importante	16
4.2.2	Linux	16
4.2.3	Windows	17
4.3	Configurar o ambiente do servidor	17
4.3.1	Definições do lado cliente	17
4.3.2	Configuração do lado do servidor.....	17
	Modificar a configuração	17
	Tipos de instalação	18
	Preparação do sistema de ficheiros.....	20
	Definições do servidor Omixon HLA.....	21
	Definições do servidor Omixon HLA Typer	21
	Exemplos para configuração do servidor	22
4.4	Configuração de registo	23
4.4.1	Aspetos gerais	23
4.4.2	Predefinições.....	23
4.4.3	Registo de libertação da memória.....	25
4.5	Aceitar as ligações cliente	25
4.5.1	Ligar o cliente.....	25
4.5.2	Exportar e importar a configuração de ligação.....	26
4.6	A função de superutilizador	26
4.7	Gestão de dados.....	27





1 Introdução

1.1 Informação da empresa

Este produto é fabricado pela Omixon Biocomputing Ltd

Endereço:

H-1117 Budapest
Fehérvári út 50-52.
Hungria, UE

Web site: <http://www.omixon.com>

Contacto técnico: support@omixon.com¹

Contacto comercial: sales@omixon.com²

1.2 Informações gerais

O Omixon HLA Twin disponibiliza dois algoritmos independentes para genotipagem de dados de sequenciação de nova geração: Genotipagem estatística (SG) e Genotipagem consensual (CG). Os algoritmos foram codesenvolvidos com o ensaio de sequenciação do Omixon Holotype HLA. Os dois algoritmos podem ser executados simultaneamente e os resultados podem ser examinados numa única tabela. Juntamente com esta tabela de vista geral de alta qualidade, são fornecidas estatísticas e medidas de controlo de qualidade para cada amostra.

O Omixon HLA Twin disponibiliza licenciamento com base temporal, que permite genotipagem ilimitada durante um período de tempo determinado. Contactar sales@omixon.com³ para obter um orçamento. É incluída uma licença válida por 90 dias na versão de avaliação. Cada versão de software é integralmente suportada durante 13 meses, a partir da respetiva data de lançamento. Quando uma versão de software atinge o fim do respetivo suporte técnico, as respetivas correções de erros deixarão de ser implementadas e essa versão não será validada com novas bases de dados IMGT. É extremamente aconselhável atualizar para a versão de software mais recente, antes do final do período de suporte.

1.3 Tecnologias de sequenciação

O Omixon HLA Twin suporta dados de sequenciação Illumina.

1.4 Princípio do método

1.4.1 Algoritmo de genotipagem consensual (CG)

O algoritmo de genotipagem consensual é um método baseado em montagem de novo. O método de montagem está a receber dados pré-filtrados para genes, com base na base de dados IMGT. O resultado da montagem é de um ou mais contigs, consistindo cada contig numa ou mais regiões faseadas. As sequências de consenso geradas são comparadas às sequências de alelos na base de dados IMGT/HLA e são comunicados o par ou pares de alelos com contagens de exões principais mínimos e contagens de outros exões e não-exões desfasadas. O algoritmo de genotipagem consensual indica resultados de genotipagem de resolução completa (4 campos).

1.4.2 Algoritmo de genotipagem estatístico (SG)

O algoritmo de genotipagem estatístico é um método baseado no alinhamento. As leituras e os pares lidos são alinhados com todas as sequências exónicas definidas na base de dados IMGT e, em seguida, atribuídos aos alelos com a classificação de alinhamento mais elevada. Os alelos são pré-filtrados e emparelhados. Os pares de alelos são comparados e ordenados com base na quantidade combinada de leituras suportadas no par. São comunicados todos os pares de alelos que sejam considerados equitativamente bons resultados, com base nos

¹ <mailto:support@omixon.com>

² <mailto:sales@omixon.com>

³ <mailto:sales@omixon.com>

resultados de comparação. O algoritmo de genotipagem estatístico indica resultados de genotipagem de resolução baseada em exões (3 campos).

1.5 Requisitos do sistema

Os requisitos mínimos recomendados de hardware para a ferramenta são os seguintes:

	Ambiente de trabalho	Servidor	Cliente
CPU	64 bits multinúcleos	64 bits multinúcleos	64 bits multinúcleos
Memória (mínima/recomendada)	12 GB/16 GB	12 GB/16 GB	4 GB/8 GB
Sistema operativo	Windows/Linux ou OS X de 64 bits	Windows ou Linux de 64 bits (OS X não suportado)	Windows/Linux ou OS X de 64 bits

Os requisitos de espaço de armazenamento dependem do tamanho das amostras e necessitam de ser calculados tendo em consideração os requisitos legais para armazenamento de dados, o nível mínimo de cópia de segurança e de redundância, bem como o volume anual previsto. A Omixon pode ajudar no cálculo dos requisitos de espaço de armazenamento; se necessitar de qualquer ajuda contacte support@omixon.com⁴.

1.6 Utilização prevista

O Omixon HLA Twin está concebido para a interpretação dos dados de sequenciação de nova geração (Next Generation Sequencing, NGS) gerados nos sequenciadores Illumina pelo ensaio de sequenciação do Omixon Holotype HLA. Isto resulta numa tipificação HLA de nível de alelos de passagem única extremamente exata, com taxa de ambiguidade muito baixa no nível de campo 2. O software disponibiliza informação de histocompatibilidade humana de genes HLA Classe I (HLA-A, B e C) e Classe II (HLA-DPA1, DPB1, DQA1, DQB1 e DRB1/3/4/5), através de dois algoritmos independentes: Genotipagem estatística (SG) e Genotipagem consensual (CG). Os dois algoritmos podem ser executados simultaneamente e a concordância entre ambos é sempre apresentada junto do primeiro resultado de algoritmo de genotipificação, se tiverem sido utilizados ambos os algoritmos. Juntamente com esta tabela de vista geral de alta qualidade, são fornecidas estatísticas e medidas de controlo de qualidade para cada amostra.

O software Omixon HLA Twin está concebido para utilização em diagnóstico in vitro por pessoal profissional de cuidados de saúde como, por exemplo, laboratórios técnicos e médicos, que tenham tido formação em tipificação HLA em laboratórios de diagnóstico e trabalhem em laboratórios com acreditação EFI ou ASHI (ou laboratórios com competência para trabalhar em conformidade com as especificações EFI ou ASHI). Os resultados gerados pelo software não devem ser utilizados como base única para tomar decisões clínicas.

1.7 Avisos e precauções:

1.7.1 Limitações conhecidas do produto

Os algoritmos foram codificados e extensivamente validados juntamente com o ensaio de sequenciação do Omixon Holotype HLA. Para obter o melhor desempenho, utilize o software juntamente com o ensaio Omixon Holotype HLA para tipificação HLA por NGS, no sistema Illumina MiSeq. A utilização de quaisquer outros ensaios de sequenciação HLA ou plataformas NGS, para além dos especificados acima, deve ser extensivamente verificada e validada pelo utilizador!

Para obter uma lista de limitações de ensaios e algoritmos conhecidos, consulte o documento sobre limitações conhecidas do produto!

1.8 Métodos de validação e características de desempenho

As estatísticas de desempenho apresentadas abaixo foram geradas utilizando o Omixon HLA Twin, versão 3.1.1, e a base de dados IMGT, versão 3.31.0_5. As medições de desempenho foram calculadas através do método descrito por Ng et al. (1993)¹. Os resultados de genotipagem foram comparados com a informação de genotipagem de referência disponível, numa resolução de nível de dois campos.

⁴ <mailto:support@omixon.com>

1.8.1 Holotype HLA v1

No total, foram analisadas 416 amostras (resultantes de 197 linhas de célula de referência). Os dados de sequenciação foram gerados utilizando o Holotype HLA, versão 1.

Medição	HLA-A	HLA-B	HLA-C	HLA-DPB1	HLA-DQA1	HLA-DQB1	HLA-DRB1	Total
Sensibilidade	99,52%	98,56%	98,68%	99,04%	99,52%	95,55%	98,32%	98,45%
Especificidade	99,98%	99,97%	99,95%	99,96%	99,95%	99,80%	99,96%	99,95%
Precisão	99,52%	98,56%	98,68%	99,04%	99,52%	95,55%	98,32%	98,45%
Valor preditivo negativo	99,98%	99,97%	99,95%	99,96%	99,95%	99,80%	99,96%	99,95%
Tipo corretamente classificado	99,97%	99,94%	99,91%	99,92%	99,91%	99,61%	99,92%	99,90%

1.8.2 Holotype HLA v2

No total, foram analisadas 176 amostras. Os dados de sequenciação foram gerados utilizando o Holotype HLA, versão 2.

Medição	HLA-A	HLA-B	HLA-C	HLA-DPA1	HLA-DPB1	HLA-DQA1	HLA-DQB1	HLA-DRB1	HLA-DRB3	HLA-DRB4	HLA-DRB5	Total
Sensibilidade	100,00%	98,58%	97,73%	99,71%	98,86%	95,71%	96,88%	99,43%	98,21%	89,71%	98,28%	97,58%
Especificidade	100,00%	99,98%	99,93%	99,97%	99,96%	99,76%	99,84%	99,99%	99,64%	96,57%	99,43%	99,90%
Precisão	100,00%	98,58%	97,73%	99,71%	98,86%	95,71%	96,88%	99,43%	98,21%	89,71%	98,28%	97,58%
Valor preditivo negativo	100,00%	99,98%	99,93%	99,97%	99,96%	99,76%	99,84%	99,99%	99,64%	96,57%	99,43%	99,90%
Tipo corretamente classificado	100,00%	99,96%	99,87%	99,94%	99,92%	99,55%	99,69%	99,98%	99,40%	94,85%	99,14%	99,82%

1.9 Notas de versão

Para obter a lista das novas funcionalidades e correções de erros, consulte a secção *Release Notes* em <https://www.omixon.com/support-and-resources/hla-twin/>



1.10 Referências

¹Ng J, Nurlay CK, Baxter-Lowe LA, Chepak M, Cappe PA, Hagland J, KaKuraya D, Manes D, Rosner G, Schmeckpaper B, Yang SY, Dupont B and Hartzman RJ (1993), Large-scale oligonucleotide typing for HLA-DRB1/3/4 and HLA-DQB1 is highly accurate, specific, and reliable. *Tissue Antigens*, 42: 473–479.

2 Guia de iniciação rápido

2.1 Iniciar sessão

Após inicializar a execução do software HLA, o utilizador deve iniciar sessão na aplicação.

Introduzir nome de utilizador e palavra-passe nos campos respetivos e clicar em iniciar sessão. Na primeira vez em que se inicia sessão, é criado um superutilizador.

2.2 Painel de genotipagem

Depois de iniciar sessão no software, o painel de genotipagem ficará visível. Este é o painel de início do software. Todas as funções de genotipagem encontram-se disponíveis aqui.

O painel é constituído pelos seguintes subecrãs:

- **Painel de informação:** este inclui todas as funções principais e algumas informações de alto nível acerca da pasta atual e ficheiros selecionados. Também mostra informações acerca do utilizador atual e da base de dados IMGT ativa e disponibiliza algumas funções de navegação.
- **Browser de ficheiros:** esta parte do ecrã pode ser utilizada para navegação entre todas as pastas acessíveis.

O painel de informação encontra-se na parte superior do ecrã. Tem 3 secções diferentes:

- A parte superior mostra:
 - o ID do utilizador atual;
 - o painel do widget de utilização de memória;
 - o painel de estado do gestor de processo;
 - o botão do tutorial de boas-vindas;
 - o botão de terminar sessão;
 - e o botão sair.
- A parte central mostra:
 - os botões de navegação: Back (Retroceder), Forward (Avançar), Up (Para Cima) e Home (Início) (Home permite regressar ao painel de genotipagem.)
 - a informação disponível acerca das bases de dados IMGT utilizadas à direita dos botões de navegação
 - os botões de ajuda específicos de contexto e de marcadores do lado direito do ecrã
- A parte inferior apresenta uma série de botões que permite ao utilizador escolher entre as funções principais deste painel:
 - as opções de análise de dados e tipificação para enviar a genotipagem
 - as opções de análise de dados e tipificação para visualizar os resultados
 - as funções de browser de ficheiros para navegar entre amostras e pastas
 - Definições da aplicação

A secção principal do ecrã é o Browser de ficheiros, no qual é possível navegar clicando nas unidades e nomes de pastas – tal como num browser de ficheiros normal. Utilizar o browser para navegar para a pasta em que se encontram armazenadas as respetivas amostras de genotipificação. Todos os ficheiros de amostras estão marcados com um pequeno sinal de ADN e possuem o seu próprio nome exclusivo, que é idêntico ao nome que foi gerado pela ficha de amostras. No caso de leituras de pares, o software emparelha automaticamente os ficheiros com base nos respetivos nomes e apenas o ficheiro FASTQ «R1» é apresentado no browser de ficheiros para reduzir a redundância e auxiliar a navegação. Ao passar com o rato sobre o ficheiro de amostra, o utilizador pode verificar o tamanho de cada ficheiro FASTQ. Após a análise de uma amostra, será apresentado no browser de ficheiros o ficheiro de resultados de genotipagem, como ficheiro separado. O ficheiro de resultado tem a extensão .htr. Como predefinição, todos os ficheiros de resultados são colocados automaticamente na pasta em que se encontram os dados da amostra. Todos os ficheiros de análise estão marcados com um pequeno sinal de tabela. O nome do ficheiro de análise é composto pelo nome da amostra e por um carimbo de hora, que corresponde à hora em que a análise foi enviada. Ao passar com o rato sobre o ficheiro de análise, o utilizador pode ver todas as informações disponíveis acerca da análise. Ao visualizar um ficheiro .htr, o utilizador pode ver, no canto extremo direito, o resumo de qualidade de alto nível dos resultados de tipificação. Os resultados

são anotados, utilizando um sistema de «semáforo». Tal como num semáforo, são utilizadas três cores diferentes, que têm significados diferentes. Ao contrário do que acontece num semáforo real, encontram-se disponíveis «cores combinadas».

As funções de genotipagem ficam desativadas – os botões ficam a cinzento – se não houver amostras apresentadas no ecrã. Logo que o utilizador localize um ficheiro FASTQ (ou qualquer outro formato suportado), os botões de genotipagem ficam ativos.

Para enviar uma análise, consulte a secção Análise.

Estão disponíveis informações detalhadas acerca deste ecrã e sobre todas as funções disponíveis neste manual do utilizador no Manual Omixon/secção do painel de genotipagem (Omixon Handbook/Genotyping Dashboard).

2.3 Análise

Quando for localizada pelo menos uma amostra, o utilizador dispõe de várias opções para iniciar a genotipagem.

2.3.1 Genotipagem simples – recomendada para amostras de holótipo

A genotipagem com os parâmetros predefinidos pode ser iniciada através de um único clique no botão «Analyze» (Análise), apresentado em cada linha de cada amostra. Para digitar várias amostras com o protocolo de holótipo, clique no rato e na tecla Ctrl ou Shift para as seleccionar e, em seguida, clique no botão «Simple Genotyping» (Genotipagem simples), no menu principal. Pode verificar se a tipificação está a ser executada no gestor de processos apresentado no canto superior direito. Estão disponíveis informações detalhadas acerca desta e de outras funções relacionadas, como a genotipagem com parâmetros personalizados e nova análise de amostras, neste manual do utilizador no Guia do utilizador/secção do painel de genotipagem.

2.3.2 Resultados

Logo que a barra de progressão alcance 100% no gestor de processos, aparecerá um novo ficheiro de resultados no browser de ficheiros. No caso de serem digitadas várias amostras de uma vez, será apresentado um resultado para cada uma delas, logo que fique pronto – o utilizador pode começar a visualizar os primeiros resultados, enquanto os restantes ainda estiverem a ser calculados. Os ficheiros de resultados apresentam um resultado em semáforo para visualização geral rápida e o utilizador pode visualizar mais detalhes clicando no botão «View» (Ver), no final de cada linha. Para apresentação de vários resultados, utilizar as teclas Ctrl ou Shift para os seleccionar e, em seguida, o botão «View results» (Ver resultados), no menu superior.

Ao trabalhar com os resultados da análise no software Omixon HLA, tenha em atenção que as sequências de iniciadores não afetam os resultados, uma vez que são cortadas antes da análise. Estão disponíveis informações detalhadas acerca da interpretação de resultados neste manual do utilizador nas secções do Guia do utilizador/Resultados de análise de genotipagem e no Guia do utilizador/Resultados de amostra de genotipagem.

2.4 Resultados de análise de genotipagem

Conforme descrito na secção de Resultados, o utilizador pode visualizar os respetivos resultados, realçando uma ou várias amostras e clicando no botão «View results» (Ver resultados). Isto permitirá navegar até à secção seguinte do HLA Twin: Os resultados de análise de genotipagem.

i Nota
Se for possível encontrar mais de 50 melhores resultados correspondentes num locus, o LD não será calculado. Se premir o botão de detalhes «Show LD» (Mostrar LD), não será apresentada nenhuma informação.

Na secção de resultados de genotipagem, o utilizador pode verificar que esta deve ser dividida em duas partes maiores:

- Painel de informação – ter em atenção que a estrutura deste painel é bastante idêntica à do painel de informação do painel de genotipagem (ver mais detalhes acima)
- A tabela de resultados, que tem a tabela de vista geral, é constituída pelos resultados das amostras previamente realçadas.

A parte inferior do painel de informação inclui uma série de botões que permite ao utilizador escolher entre as funções principais deste painel.

- Detalhes de amostras e navegar para alinhamento
- Botões de configuração de visualização
- Botões de atribuição:
- Tabela de exportação
- Mais opções para comentar amostras/aprovar amostras/cancelar a aprovação de uma amostra/mostrar Desequilíbrio de ligação

Na tabela de resultados de análise de genotipagem, o utilizador pode ver uma vista geral de alto nível dos respetivos resultados, para cada locus de cada amostra.

A tabela inclui as seguintes colunas:

- Aprovação
 - Indica se uma amostra está aprovada, pronta para aprovação ou se ainda está a ser trabalhada
- Amostra
 - Contém o nome do ficheiro .htr que é gerado com base no nome da amostra e um carimbo de hora, que corresponde à hora em que a análise foi enviada.
 - Caso alguma amostra tenha sido analisada várias vezes, a visualização das amostras segue a ordem das análises. O utilizador pode utilizar o carimbo de hora para rastrear as horas das diferentes análises.
- Alelos
 - Mostra os dois alelos, Alelo 1 e Alelo 2, em linhas diferentes
- Colunas separadas para os loci analisados
 - No canto extremo esquerdo do resultado apresentado, o utilizador pode ver um pequeno sinal de «marca de verificação», que indica se está a visualizar o «Best matching allele» (Alelo melhor correspondente). Pode atribuir este resultado clicando simplesmente na marca de verificação – o sinal passa a verde, indicando que o resultado se encontra atribuído.

Junto da marca de verificação, o utilizador pode ver as luzes do semáforo.

- Semáforo de concordância:
o sistema de semáforo de concordância apresenta os seguintes resultados:

- (verde): os resultados de SG e de CG são completamente concordantes (no 3.º campo),
- (amarelo): os resultados de SG e CG são concordantes até quatro dígitos (2.º campo),
- (vermelho/amarelo): os resultados de SG e CG são concordantes até dois dígitos (1.º campo),
- (vermelho): os resultados de SG e CG são discordantes.

Ter em atenção que o semáforo de concordância é apresentado apenas para os alelos com maior correspondência.

O segundo semáforo baseia-se nas medidas de controlo de qualidade (CQ) do nível de locus

- Semáforo de controlo de qualidade:
Estas luzes baseiam-se nas medidas de controlo de qualidade do nível de locus.
 - (verde) – APROVADO: o locus foi aprovado em todos os testes de CQ,
 - (amarelo/verde) – INFO: um ou mais testes de CQ produziram resultados inferiores à média,
 - (amarelo) – VERIFICAR: um ou mais testes de CQ produziram resultados preocupantes, é necessária verificação manual dos resultados,
 - (vermelho/amarelo) – INVESTIGAR: uma ou mais testes de CQ apresentaram resultados de fraca qualidade, é necessária verificação manual e, eventualmente, nova análise,
 - (vermelho) – FALHOU: um ou mais testes de CQ apresentaram resultados de qualidade muito fraca, é necessária verificação manual para determinar a causa e o locus ou a amostra necessitam provavelmente de ser novamente sequenciados ou tipificados através de métodos alternativos.
- Também podem ser apresentados mais alguns marcadores para os alelos:

- Os alelos apresentados no tipo de letra azul são homozigotos.
- Os alelos raros são marcados com um ponto de exclamação .
- Os alelos novos que contêm novidades exónicas (ou exónicas e intrónicas) são marcados com , enquanto os alelos novos que contêm apenas novidades intrónicas são marcados com .
- Os alelos desequilibrados são apresentados com tipo de letra em itálico.
- Os alelos com sequência de alelos expandida são marcados com um *signal de mais* .
- Caso se encontre na lista de alelos menores desequilibrados um alelo menor com amplificação baixa reconhecida, este alelo é marcado com . Neste caso, recomenda-se vivamente a validação do resultado homozigoto através de um método de genotipagem alternativo (por exemplo, SSO).
- Os alelos hemizigotos são marcados com !. No caso de um locus ser hemizigoto, apenas um alelo é apresentado e a outra célula é deixada vazia. No caso de não ser possível determinar a zigosidade de um locus com base nos dados disponíveis, os alelos são marcados com ?.

Ao passar com o rato sobre as secções diferentes da tabela, é apresentada uma janela de contexto, que inclui mais informações disponíveis acerca das secções.

A partir do painel de resultados de análise de genotipagem, o utilizador pode entrar nos resultados de amostra de genotipagem ou diretamente no browser de genomas.

Nos resultados de amostra de genotipagem, o utilizador pode verificar as métricas de qualidade detalhadas da amostra analisada. Para aceder, o utilizador deve realçar a amostra que pretende ver e clicar no botão «Sample Details» (Detalhes de amostra), na linha inferior da secção superior.

No Browser de genomas, o utilizador pode visualizar os resultados detalhados para cada um dos loci digitados. Para aceder, o utilizador deve realçar a amostra que pretende ver e clicar no botão «Browse Alignment» (Navegar no alinhamento), na linha inferior da secção superior.

Para obter mais informações, consultar a secção de resultados de análise de genotipagem do Manual Omixon (Omixon Handbook/ Genotyping Analysis result).

Unable to render include or excerpt-include. Could not retrieve page.

2.5 Resultados de amostra de genotipagem

Na secção de resultados de amostra de genotipagem, o utilizador pode verificar os detalhes dos resultados de genotipagem, as métricas de qualidade e os dados estatísticos para cada locus de uma amostra selecionada.

A secção de resultados de amostra de genotipagem pode ser dividida em duas partes maiores:

- Painel de informação – ter em atenção que a estrutura deste painel é bastante idêntica à do painel de informação do painel de genotipagem (ver mais detalhes acima)
- Painel de detalhes, que pode mostrar os resultados de genotipificação, métricas de qualidade e dados de estatística

A parte inferior do painel de informação apresenta uma série de botões que permitem ao utilizador escolher entre as funções principais deste painel.

- Abrir o browser
- Informação de genotipificação detalhada
- Personalizar os resultados apresentados
- Atribuir alelos
- Comentar

No painel de detalhes, o utilizador pode escolher entre três separadores diferentes, para decidir o que pretende visualizar:

- Genótipo
 - Na secção de genótipo, o utilizador pode verificar o genótipo que é selecionado pelo software.
 - É possível adicionar/remover alelos manualmente.
- Controlo de qualidade

- São calculadas várias medidas de controlo de qualidade para todos os loci. Cada medida, de cada locus, é marcada com um sistema de semáforo.
 - A tabela de controlo de qualidade tem uma coluna para todas as métricas e colunas separadas para cada um dos loci apresentados.
 - A linha «Overall» (Geral) indica o resultado geral de cada um dos loci, com base no sistema de semáforo.
 - Cada métrica tem a sua própria linha na tabela. Imediatamente junto do nome da métrica, é apresentado um «i» pequeno. Ao passar com o rato sobre a marca «i», é apresentada uma janela de contexto, que inclui uma descrição mais detalhada da métrica selecionada.
 - Para cada uma das métricas, o utilizador pode ver o semáforo, o valor da métrica e uma pequena marca «i», com informação acerca dos limites específicos da métrica. Ao passar com o rato sobre a marca «i», é apresentada uma janela de contexto, que inclui informações mais detalhadas acerca dos limites da métrica selecionada.
- Dados de estatística
 - Secção de vista geral – encontram-se disponíveis contagens e proporções para vários passos diferentes da análise.
 - Secção de desequilíbrio de alelos – este valor representa o desequilíbrio de alelos por região, para todos os genes.
 - Secção de tamanho fragmentado – este histograma mostra a distribuição de tamanho fragmentado das leituras emparelhadas.
 - Secção da qualidade de leitura – neste gráfico, é apresentada a qualidade de base para cinco bases, para as leituras processadas. As posições de leitura encontram-se no eixo x, enquanto os valores de qualidade são mostrados no eixo y.

Podem ser selecionados loci diferentes do lado esquerdo da secção inferior.

Para os loci selecionados, o utilizador pode aceder ao browser de genomas, clicando nos botões «Browse Alignment» (Navegar no alinhamento), «Browse Allele 1» (Navegar no alelo 1), «Browse Allele 2» (Navegar no alelo 2).

Para obter mais informações, consultar a secção de resultados de amostra de genotipagem do Manual Omixon (Omixon Handbook/ Genotyping Sample result).

2.6 Browser de genes

This page has not yet been translated to Portuguese.

2.7 Painel Definições

This page has not yet been translated to Portuguese.

3 Guia de instalação

O nosso software pode ser instalado nos seguintes sistemas operativos

- Windows
- Linux
- Mac OS X

3.1 Windows

Fornecemos um pacote de instalação para sistemas operativos Windows, com Java Runtime Environment (JRE) integrado. Testámos o software Omixon HLA com o Windows 7, Windows 8/8.1 e o Windows 10 de 64 bits.

3.1.1 Passos de instalação

- Iniciar o ficheiro executável – surge o ecrã de boas-vindas do assistente de configuração
 - Caso o utilizador tenha instalado anteriormente o HLA Twin, escolher «Yes, update the existing installation» (Sim, atualizar a instalação existente), no assistente de instalação
 - Caso o utilizador pretenda executar uma nova instalação, escolher «No, install to a different directory» (Não, instalar num diretório diferente), no assistente de instalação
 - Depois de escolher conforme pretendido, clicar em seguinte.
- Aceitar o acordo de licença do software para continuar com a instalação e clicar em seguinte
- Selecionar o caminho em que se pretende instalar a aplicação, clicar em seguinte
- Selecionar o diretório de dados, os ficheiros de dados permanentes serão armazenados aqui.
 - Caso o utilizador tenha instalado anteriormente o HLA Twin, não deve alterar o caminho proposto – deve direcionar para a pasta de base de dados previamente utilizada.
 - Depois de escolher o diretório, clicar em seguinte
- Selecionar o diretório de ficheiros temporários, clicar em seguinte
- Definir a quantidade máxima de memória a ser utilizada pela aplicação
- Apenas na instalação do servidor Omixon HLA Typer: Definir o endereço IP e a porta do *servidor Omixon HLA*
- Selecionar a pasta de menu Iniciar
 - Caso pretenda criar a pasta de menu Iniciar, o utilizador deve assinalar a caixa de verificação «Create Start Menu folder» (Criar pasta de menu Iniciar) e dar nome à pasta
 - Caso pretenda tornar a pasta visível para todos os utilizadores, o utilizador deve assinalar a caixa de verificação «Create shortcuts for all users» (Criar atalhos para todos os utilizadores)
 - Clicar em seguinte, a instalação terá início agora
- Com a instalação terminada, a caixa de diálogo Conclusão da configuração do Omixon HLA indica o sucesso

A aplicação pode ser iniciada clicando no ícone de arranque ou executando o ficheiro executável a partir do diretório da aplicação. Para obter mais informações e passos de desinstalação detalhados, consultar o Guia de instalação abrangente no Manual Omixon.

3.2 Linux

Fornecemos um pacote instalador para sistemas operativos Linux, com Java Runtime Environment (JRE) integrado:

Os pacotes de instalação são ficheiros individuais de Shell script, adequados para instalar em vários sistemas de distribuição Linux.

O instalador transferido não tem as permissões necessárias para se executar automaticamente. Abrir uma janela terminal para o tornar executável, através do seguinte comando:

```
chmod +x installer_name
```

Após, pode ser iniciado com o seguinte comando:

```
./installer_name
```

3.2.1 Passos de instalação

- Iniciar o instalador Shell script – surge o ecrã de boas-vindas do assistente de configuração
 - Caso o utilizador tenha instalado anteriormente o HLA Twin, selecionar «Yes, update the existing installation» (Sim, atualizar a instalação existente), no assistente de instalação
 - Caso o utilizador pretenda executar uma nova instalação, selecionar «No, install to a different directory» (Não, instalar num diretório diferente), no assistente de instalação
 - Depois de escolher conforme pretendido, clicar em seguinte.
- Aceitar o acordo de licença do software para continuar com a instalação e clicar em seguinte
- Selecionar o caminho em que se pretende instalar a aplicação, clicar em seguinte
- Selecionar o diretório de dados, os ficheiros de dados permanentes serão armazenados aqui.
 - Caso o utilizador tenha instalado anteriormente o HLA Twin, não deve alterar o caminho proposto – deve direcionar para a pasta de base de dados previamente utilizada.
 - Depois de escolher o diretório, clicar em seguinte
- Selecionar o diretório de ficheiros temporários, clicar em seguinte
- Definir a quantidade máxima de memória a ser utilizada pela aplicação
- Apenas na instalação do servidor Omixon HLA Typer: Definir o endereço IP e a porta do *servidor Omixon HLA*
- Selecionar Directory for Symlinks (Diretório para Symlinks), clicar em seguinte – a instalação começará agora
- Com a instalação terminada, a caixa de diálogo Conclusão da configuração do Omixon HLA indica o sucesso

É colocado um ícone da aplicação no menu do sistema. Ao clicar neste ícone, a aplicação é iniciada e está pronta a utilizar.

Para obter mais informações e passos de desinstalação detalhados, consultar o Guia de instalação abrangente no Manual Omixon.

3.3 Mac OS X

Como o Mac OS X é um sistema operativo exclusivamente de 64 bits e o Java Runtime Environment é atualizado regularmente, o instalador não inclui um Java Runtime Environment (JRE).

Isto evita quaisquer conflitos entre os JRE diferentes, mas pode provocar problemas de incompatibilidade. A versão de JRE necessária é: 1.8
Caso não se encontre instalado no Mac, o Java será transferido automaticamente durante a instalação.

3.3.1 Passos de instalação

- Abrir o instalador que contém um arquivo DMG. Clicar no ícone *Omixon HLA Installer.app*
 - Caso o utilizador tenha instalado anteriormente o HLA Twin, escolher «Yes, update the existing installation» (Sim, atualizar a instalação existente), no assistente de instalação
 - Caso o utilizador pretenda executar uma nova instalação, escolher «No, install to a different directory» (Não, instalar num diretório diferente), no assistente de instalação
 - Depois de escolher conforme pretendido, clicar em seguinte.
- Aceitar o acordo de licença do software para continuar com a instalação e clicar em seguinte
- Utilizar o caminho predefinido indicado para instalar a aplicação, clicar em seguinte
- Utilizar a localização predefinida do diretório de dados, no qual os dados permanentes – por exemplo, os resultados – serão armazenados
- Selecionar o diretório de ficheiros temporários, clicar em seguinte – a instalação terá início agora
- Definir a quantidade máxima de memória a ser utilizada pela aplicação
- Com a instalação terminada, a caixa de diálogo Conclusão da configuração do Omixon HLA indica o sucesso

O *Omixon HLA* encontra-se agora disponível na lista de aplicações. Ao clicar no ícone *Omixon-HLA*, a aplicação é iniciada e está pronta a utilizar.

Para obter mais informações e passos de desinstalação detalhados, consultar o Guia de instalação abrangente no Manual Omixon.

4 Servidor Omixon HLA

O servidor Omixon HLA aceita ligações de vários clientes em simultâneo. Permite trabalho colaborativo e a partilha de resultados de análise entre utilizadores.

A versão servidor-cliente também inclui um serviço automático que permite a tipificação automática de amostras, conforme são produzidas. Antes do serviço poder começar a funcionar, é necessário definir os detalhes de protocolo, a frequência de processamento, a identificação de amostras e vários outros parâmetros – para obter ajuda, contactar support@omixon.com⁵.

4.1 Instalação

A Omixon disponibiliza três instaladores separados para a versão de servidor:

- Instalador de servidor – inclui o *servidor Omixon HLA*, o *servidor Omixon HLA Typer* e um único cliente;
- Instalador de cliente – contém apenas o cliente
- Instalador de servidor Typer – inclui apenas o *servidor Omixon HLA Typer*

O servidor é agregado a um cliente, por isso não é necessário instalar um cliente separadamente no computador servidor.

São necessários direitos de administrador de sistema para executar os instaladores do servidor. Os instaladores do servidor também podem ser executados a partir da linha de comandos, caso não exista nenhuma GUI disponível (para obter mais detalhes, contactar support@omixon.com⁶). Não são necessários direitos de administrador de sistema para a instalação do cliente.

Relativamente aos passos do Assistente de configuração, consulte os Guias de instalação do respetivo sistema operativo, que se encontram nas secções anteriores deste manual.

Antes de iniciar a instalação do servidor, parar a execução de qualquer outro software Omixon, certificando-se de que seleciona o diretório de instalação adequado, quer no caso de uma instalação nova, quer para uma atualização.

O utilizador pode copiar e utilizar o instalador de cliente em vários PC. Caso já tenha uma versão de ambiente de trabalho instalada, deve certificar-se de que seleciona uma «localização de instalação» diferente, para garantir que a sua instalação existente não é substituída.

4.2 Arranque dos servidores

4.2.1 Nota importante

O servidor arranca automaticamente após a instalação. No caso de ter sido instalado anteriormente, o servidor arranca normalmente quando o computador é ligado. Antes de o primeiro cliente poder estabelecer ligação, é necessário configurar o servidor. As novas definições aplicam-se quando o servidor é iniciado/reiniciado, após o ficheiro de configuração ser guardado.

4.2.2 Linux

Entrar no diretório de instalação e iniciar o servidor daemon, executando o executável do servidor a partir da linha de comandos, com um dos seguintes argumentos de entrada. Os argumentos disponíveis são listados quando o servidor é iniciado sem nenhum.

Utilização

executável de servidor omixon hla {start/stop/status/restart/force-reload}

⁵ <mailto:support@omixon.com>

⁶ <mailto:support@omixon.com>

start (iniciar)	stop (parar)	status (estado)	restart or force-reload (reiniciar ou forçar recarregamento)
Inicia o servidor se o estado for de parado.	Encerra o servidor se o estado for de execução.	Regressa ao estado de execução.	Reinicia o servidor ou inicia-o, se não estiver em execução.

O arranque automático não é predefinido. Para configurar o arranque automático e especificar em que nível de execução iniciar o serviço, utilizar um utilitário de configuração de serviço como *chkconfig* ou *update-rc.d*.

4.2.3 Windows

Para iniciar, parar e definir o tipo de arranque para o *servidor Omixon HLA* e o *servidor Omixon HLA Typer*, iniciar «Painel de Controlo → Ferramentas administrativas → Serviços» e modificar as propriedades de serviço do «Omixon HLA Server» (Servidor Omixon HLA) ou do «Omixon HLA Typer Server» (Servidor Omixon HLA Typer). Por predefinição, o tipo de arranque está definido para automático e o serviço é executado através da conta de utilizador do sistema.

4.3 Configurar o ambiente do servidor

4.3.1 Definições do lado cliente

Para começar com as predefinições e estabelecer ligação ao servidor com um cliente, a única configuração necessária é fornecer o endereço IP do anfitrião do *servidor Omixon HLA* ou o nome de anfitrião e a porta de acesso para o cliente.

Isto pode ser efetuado iniciando o cliente e clicando no botão «Switch server» (Alternar servidor), na parte inferior da janela de contexto. Continuar para «Add new server» (Adicionar servidor novo) e fornecer o endereço IP no campo «Server host» (Anfitrião de servidor). Clicar em «Add» (Adicionar) para terminar a edição da ligação e clicar em «Connect» (Ligar), no servidor novo para ligar ao cliente.

IMPORTANTE

Apenas podem ser ligadas a mesma edição (CE ou RUO) e versão (2.5.1, 2.6.0, etc.) do servidor e do cliente. Caso estes detalhes sejam diferentes (por exemplo, devido ao facto de o servidor ter sido atualizado e o cliente não) será apresentada uma mensagem de erro se for tentada alguma ligação.

4.3.2 Configuração do lado do servidor

Os seguintes ficheiros de configuração são os marcadores de posição dos servidores

- *omixon-hla-[twin | explore]-server.vmoptions* para o *servidor Omixon HLA*
- *omixon-hla-[twin | explore]-typer-server.vmoptions* para o *servidor Omixon HLA Typer*.

Modificar a configuração

Caso seja necessária modificação manual da configuração, poderá ser efetuada editando o ficheiro de configuração do servidor, após a instalação estar concluída. Os ficheiros de configuração encontram-se no diretório de instalação e têm uma extensão «vmoptions». Dado ambos os servidores e o cliente agregado também terem ficheiros de configuração com a mesma extensão, deve garantir-se que o ficheiro de configuração que pertence ao servidor correto seja personalizado.

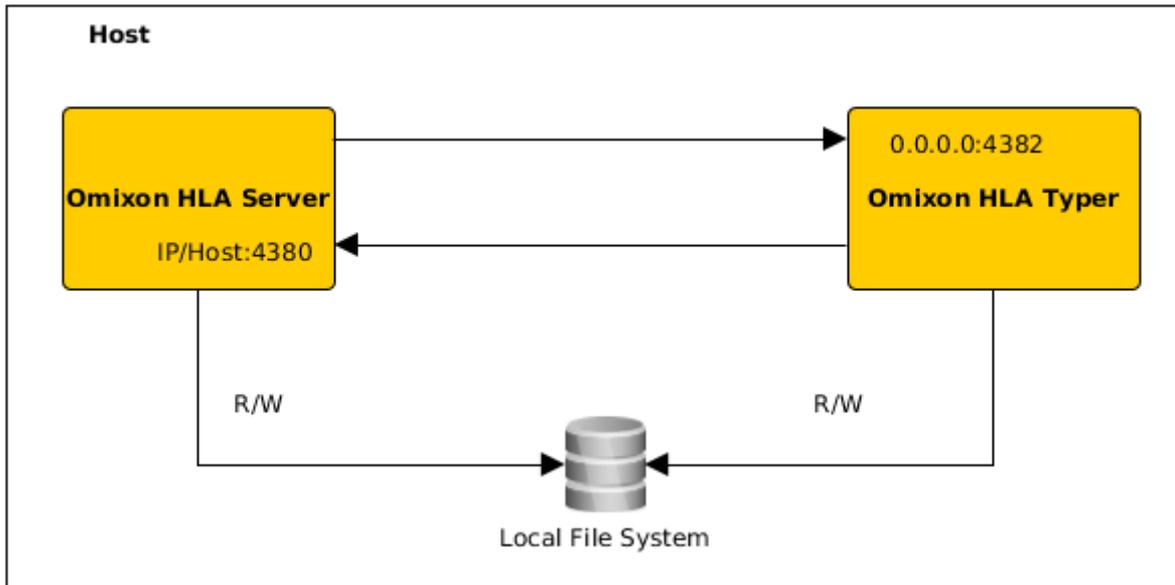
As modificações têm efeito apenas após reiniciar o servidor.

IMPORTANTE

A última linha do ficheiro vmoptions deve ser seguida de um avanço de linha.

Tipos de instalação

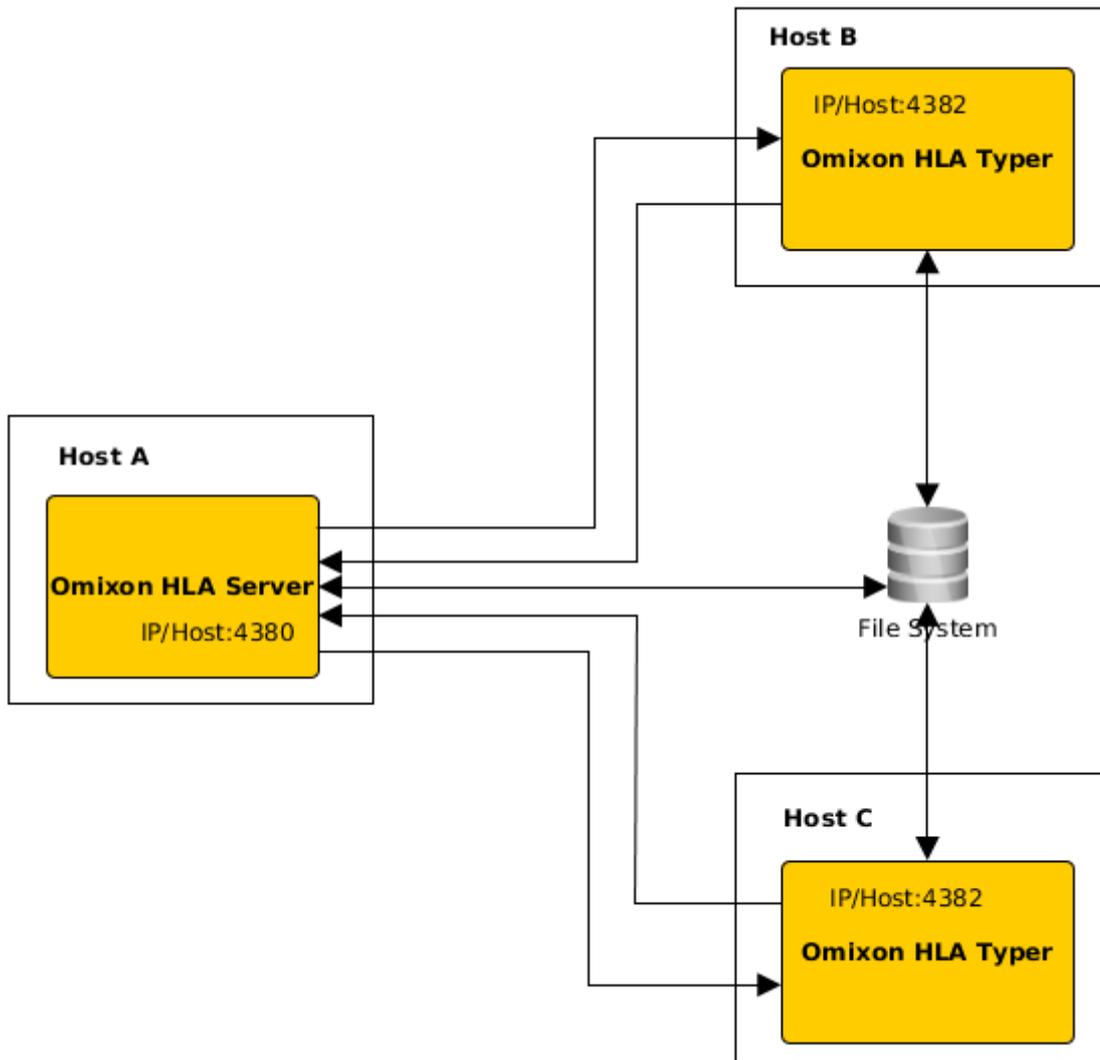
Instalação predefinida: O servidor Omixon HLA e o servidor Omixon HLA Typer encontram-se instalados no mesmo anfitrião. Isto pode ser conseguido executando simplesmente o instalador de servidor, dado que inclui ambos os servidores.



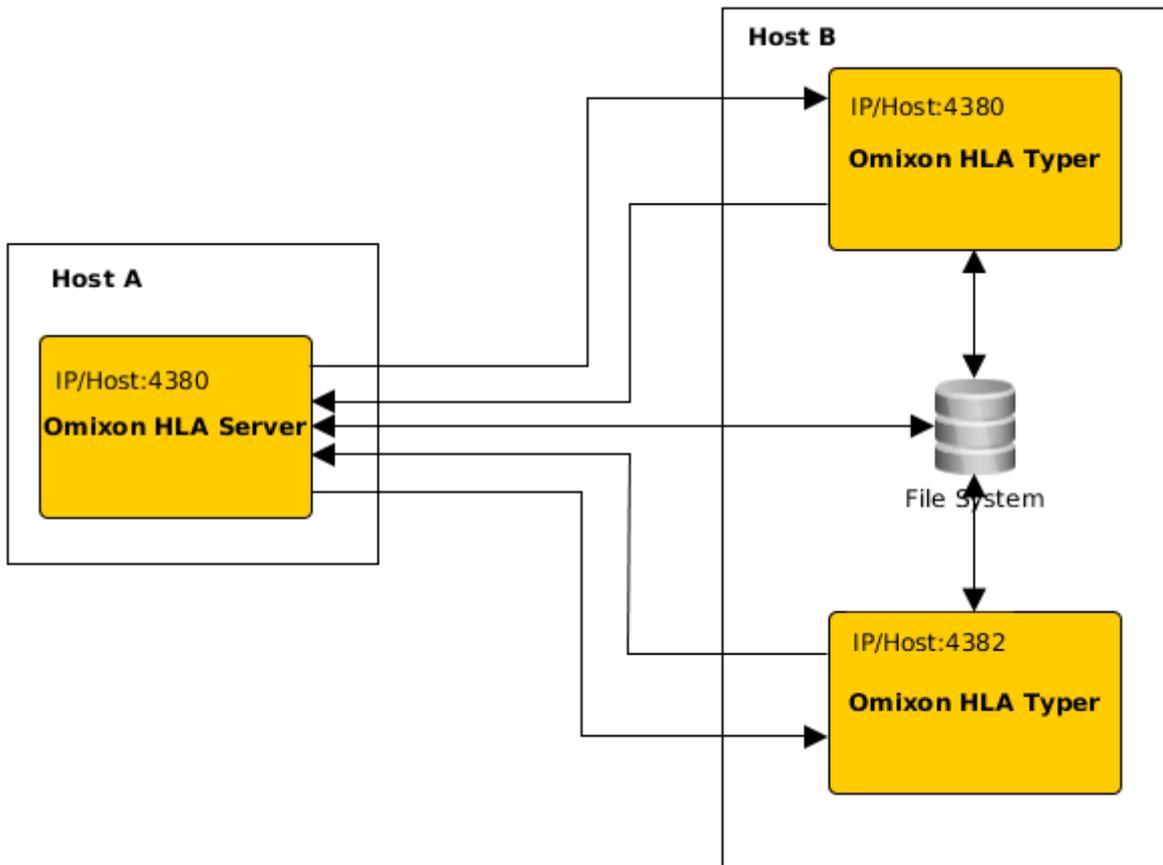
Nota

Não é possível aceder ao servidor Omixon Typer diretamente através dos clientes, apenas através do servidor Omixon HLA.

Servidor(es) typer separado(s): Dado o servidor Omixon HLA Typer necessitar de mais recursos de hardware (CPU, RAM), pode ser instalado em anfitriões separados para melhor desempenho. Para executar o servidor Omixon HLA Typer num anfitrião separado, o servidor Omixon HLA deve ser instalado num anfitrião utilizando a instalação predefinida – ver acima – e o servidor Omixon HLA Typer num servidor diferente, com o instalador de servidor typer separado. No caso de tarefa de genotipagem de lote, a análise das amostras pode ser distribuída pelas instâncias do servidor typer configurado. Podem ser implementadas em anfitriões diferentes – ver abaixo



ou – se estiverem disponíveis mais recursos de hardware no anfitrião – na mesma máquina:



Neste tipo de implementação, os ficheiros *omixon-hla-[twin | explore]-typer-server.vmoptions* devem incluir as entradas seguintes

- Domixon.server.host=*nome do anfitrião/ip do servidor Omixon HLA*
- Domixon.server.port=*porta do servidor Omixon HLA (predefinição 4380)*
- Dtyper.server.host=*anfitrião/ip do servidor Omixon HLA Typer*
- Dtyper.server.port=*porta do servidor Omixon HLA Typer*

IMPORTANTE

Atualmente, todos os servidores devem ser instalados em anfitriões com o mesmo sistema operativo (Windows ou Linux), não são suportados sistemas heterogéneos.

Preparação do sistema de ficheiros

Se o *servidor Omixon HLA* e o *servidor Omixon HLA Typer* se forem executados no mesmo anfitrião (instalação predefinida), não são necessárias definições adicionais do sistema de ficheiros. Caso contrário, devem ser efetuadas as seguintes preparações: O *servidor Omixon HLA* e o *servidor Omixon HLA Typer* devem ter acesso de leitura à pasta em que se encontram armazenados os respetivos ficheiros de amostras.

Adicionalmente, o armazenamento de amostras deve ser montado no mesmo caminho em ambos os anfitriões, para que os ficheiros de amostras fiquem acessíveis para ambos os servidores.

IMPORTANTE

Caso pretenda alterar os ficheiros de amostras (por exemplo, copiando, movendo ou eliminando-os), então o servidor Omixon HLA também deve ter acesso de escrita ao respetivo armazenamento.



Além disso, o *servidor Omixon HLA* e o *servidor Omixon HLA Typer* utilizam uma pasta de trabalho dedicada para troca de ficheiros – por exemplo, de onde a base de dados de consulta, os resultados de genotipagem, etc., estão a ser extraídos ou escritos. Esta pasta deve estar acessível para ambos os nós, com permissão de leitura e escrita.

O utilizador deve definir o caminho para esta pasta de trabalho nos ficheiros *omixon-hla-[edition]-server.vmoptions* e *omixon-hla-[edition]-typer-server.vmoptions* nas variáveis *-Dogve.temp.dir* e *-Djava.io⁷.tmpdir*.

Definições do servidor Omixon HLA

O *servidor Omixon HLA* pode ser configurado, modificando o ficheiro *omixon-hla-[edition]-server.vmoptions*, que se encontra no diretório de instalação do software.

Definir anfitrião e porta de comunicação

Pode ser necessário definir parâmetros de anfitrião e de porta. Para tal, modificar os seguintes parâmetros predefinidos:

-Domixon.server.host=0.0.0.0

-Domixon.server.port=4380

Anfitrião

O valor do parâmetro *-Domixon.server.host* pode ser o nome do anfitrião (por exemplo: *omixon-server*), o nome de domínio completo (por exemplo: *omixon-server.mycompany.com*⁸) ou o endereço IP da máquina que executa o *servidor Omixon HLA*.

IMPORTANTE

Na configuração da ligação do cliente, «Server host» (Anfitrião servidor) deve ser definido com exatamente o mesmo valor que «-Domixon.server.host», na configuração do servidor Omixon HLA.

Deve certificar-se de que o nome de anfitrião do servidor direciona para o mesmo IP nas máquinas de servidor e cliente, caso contrário os clientes receberão um erro de ligação recusada. É um problema de configuração comum, o nome de anfitrião direcionar para um IP diferente no servidor (por exemplo, para 127.0.0.1 através de uma interface de rede interna), o que provoca recusa de ligação.

É sempre seguro especificar um endereço IP exato, quer para o servidor, quer para os clientes, que seja acessível a todas as máquinas associadas em toda a rede.

Porta

Recomenda-se deixar a predefinição de porta para *-Domixon.server.port*. Porém, no caso de necessitar de modificação – consultar as indicações acima, a este respeito – pode ser alterada para qualquer porta. Deve certificar-se de que a porta configurada e a porta seguinte se encontram livres e acessíveis, dado que serão utilizadas para comunicação entre o servidor e o(s) cliente(s).

IMPORTANTE

Verificar se a porta definida e a seguinte se encontram livres para utilizar com as máquinas de servidor e clientes.

Definições do servidor Omixon HLA Typer

O *servidor Omixon HLA Typer* pode ser configurado, modificando o ficheiro *omixon-hla-[edition]-typer-server.vmoptions*, que se encontra no diretório de instalação do software.

No caso de o *servidor Omixon HLA* e do *servidor Omixon HLA Typer* se encontrarem instalados no mesmo anfitrião (instalação de servidor predefinida), a predefinição é suficiente para a comunicação HTTP entre os dois servidores.

No caso de o *servidor Omixon HLA Typer* estar instalado num anfitrião diferente, o utilizador deve modificar os valores de configuração em conformidade. Adicionalmente, o endereço IP/nome de anfitrião do servidor *typer* também deve ser alterado:

-Domixon.server.host=nome de anfitrião/ip do servidor Omixon HLA

⁷ <http://Djava.io>

⁸ <http://twin-server.mycompany.com>



- Domixon.server.port*=porta do servidor Omixon HLA (predefinição 4380)
- Dtyper.server.host*=anfitrião/ip do servidor Omixon HLA Typer
- Dtyper.server.port*=porta do servidor Omixon HLA Typer

Exemplos para configuração do servidor

Servidor Omixon HLA e primeiro servidor Omixon HLA num anfitrião, segundo servidor Omixon HLA Typer num anfitrião diferente

- Instalar o *servidor Omixon HLA* num anfitrião com o instalador de servidor e o *servidor Omixon HLA Typer* num anfitrião diferente, com o instalador de servidor typer
- *omixon-hla-[edition]-server.voptions* e *omixon-hla-[edition]-typer-server.voptions* no anfitrião do *servidor Omixon HLA* devem incluir:

- Domixon.server.host*=<IP ou nome de anfitrião do anfitrião do servidor Omixon>
 - Domixon.server.port*=4380

- *omixon-hla-[edition]-typer-server.voptions* no anfitrião do *servidor Omixon HLA Typer* deve incluir:

- Domixon.server.host*=<IP ou nome de anfitrião do anfitrião do servidor Omixon>
 - Domixon.server.port*=4380
 - Dtyper.server.host*=<IP ou nome de anfitrião do anfitrião do servidor Typer>
 - Dtyper.server.port*=4382

- Deve certificar-se de que ambas as portas escolhidas e a porta *omixon.server.port* +1 se encontram livres e acessíveis (tendo em conta outros processos, definições de firewall, etc.)
- Preparar pastas de trabalho e de armazenamento. Devem ser considerados os seguintes critérios:

- A(s) conta(s) de utilizador que executa(m) os dois servidores devem ter acesso de leitura e escrita à pasta de trabalho e, no mínimo, acesso de leitura à pasta de armazenamento
- O caminho de acesso à pasta de armazenamento deve ser exatamente o mesmo, em ambos os anfitriões
- O caminho para a pasta de trabalho deve ser definido em *omixon-hla-[edition]-server.voptions*, bem como em *omixon-hla-[edition]-typer-server.voptions* da seguinte forma:

- Dogve.temp.dir*=<caminho para a pasta de trabalho>
 - Djava.io.tmpdir*=<caminho para a pasta de trabalho>

- Reiniciar ambos os servidores após concluir as definições *voptions*
- Configurar o acesso ao servidor do lado cliente, adicionando exatamente o mesmo IP/nome de anfitrião e porta, conforme definido em *-Domixon.server.host* e *-Domixon.server.port*, nos servidores
- Estabelecer ligação ao *servidor Omixon HLA* com um cliente

Servidor Omixon HLA e Servidor Omixon HLA Typer no mesmo anfitrião (instalação de servidor predefinida)

- Instalar o *servidor Omixon HLA* e o *servidor Omixon HLA Typer* com o instalador de servidor num anfitrião
- *omixon-hla-[twin|explore]-server.voptions* e *omixon-hla-[twin|explore]-typer-server.voptions*, no diretório de instalação do servidor Omixon, devem incluir:

- Domixon.server.host*=<IP ou nome de anfitrião do anfitrião do servidor Omixon>
 - Domixon.server.port*=4380

- Deve certificar-se de que *omixon.server.port* e *omixon.server.port* + 1 se encontram livres e acessíveis (tendo em conta outros processos, definições de firewall, etc.)
- Reiniciar ambos os servidores após concluir as definições *voptions*
- Configurar o acesso ao servidor do lado cliente, adicionando exatamente o mesmo IP/nome de anfitrião e porta, conforme definido em *-Domixon.server.host* e *-Domixon.server.port*, em *omixon-hla-[edition]-server.voptions*



- Estabelecer ligação ao *servidor Omixon HLA* com um cliente

4.4 Configuração de registo

4.4.1 Aspetos gerais

O *servidor Omixon HLA* e o *servidor Omixon HLA Typer* são executados em JVM diferentes e ambos possuem a sua própria configuração de registo. A aplicação instalada inclui definições de registo predefinidas, esta secção é dedicada à configuração de registo personalizada.

4.4.2 Predefinições

O registo da aplicação baseia-se na estrutura Simple Logging Facade for Java (SLF4J), as configurações dos servidores podem encontrar-se em

- *\${install_dir}/conf/omixon/logback.xml* para o *servidor Omixon HLA*
- *\${install_dir}/conf/typer/logback.xml* para o *servidor Omixon HLA Typer*

As configurações têm o formato e conteúdo seguintes:



```
<?xml version="1.0" encoding="UTF-8" ?>
<!-- ===== -->
<!-- Logback configuration file for Omixon Server (PRODUCTION) -->
<!-- ===== -->

<configuration scan="true" debug="false">
  <contextName>server</contextName>

  <appender name="OMIXON-SERVER"
class="ch.qos.logback.core.rolling.RollingFileAppender">
    <file>logs/server.log</file>
    <rollingPolicy class="ch.qos.logback.core.rolling.TimeBasedRollingPolicy">
      <fileNamePattern>logs/server.%d{yyyy-MM-dd}.log</fileNamePattern>
      <maxHistory>30</maxHistory>
    </rollingPolicy>
    <encoder>
      <pattern>[%d{yyyy-MM-dd - HH:mm:ss.SSS}] [%contextName] [%thread]
[%c] %5p - %m %n</pattern>
    </encoder>
  </appender>

  <appender name="AUTOMATION" class="ch.qos.logback.core.FileAppender">
    <file>logs/automation.log</file>
    <rollingPolicy class="ch.qos.logback.core.rolling.TimeBasedRollingPolicy">
      <fileNamePattern>logs/automation.%d{yyyy-MM-dd}.log</fileNamePattern>
      <maxHistory>30</maxHistory>
    </rollingPolicy>
    <encoder>
      <pattern>[%d{yyyy-MM-dd - HH:mm:ss.SSS}] [%contextName] [%thread]
[%c] %5p - %m %n</pattern>
    </encoder>
  </appender>

  <logger name="org.springframework" level="WARN" /> <!-- explicitly removes these from
logs -->
  <logger name="ch.qos.logback" level="WARN" />

  <logger name="com.omixon" level="INFO" additivity="false">
    <appender-ref ref="OMIXON-SERVER" />
  </logger>
  <logger name="omixon.automation" level="INFO" additivity="false">
    <appender-ref ref="AUTOMATION" />
  </logger>

  <root level="INFO">
    <appender-ref ref="OMIXON-SERVER" />
  </root>
</configuration>
```

A pasta de registo predefinida é $\${install_dir}/logs$. Modificar a etiqueta `<file>` da configuração para criar os ficheiros de registo num diretório diferente. Caso o utilizador tenha mais servidores, isto proporciona a possibilidade de os configurar para criar os respetivos ficheiros de registo num diretório comum, para facilidade de acesso.

4.4.3 Registo de libertação da memória

Para diagnosticar quaisquer problemas de memória, o ficheiro de registo Java Garbage Collection (GC) é o melhor lugar para começar. Disponibiliza várias estatísticas acerca da Java Virtual Machine (JVM) enquanto a aplicação é executada. Os ficheiros *vmoptions* do *servidor Omixon HLA* e do *servidor Omixon HLA Typer* incluem as seguintes definições:

```
-Xloggc:$omixon_install_dir/logs/app-gcmonitor.log
-XX:+PrintGCDetails
-XX:+PrintGCDateStamps
-XX:+PrintGCTimeStamps
-XX:+UseGCLogFileRotation
-XX:NumberOfGCLogFiles=5
-XX:GCLogFileSize=20M
```

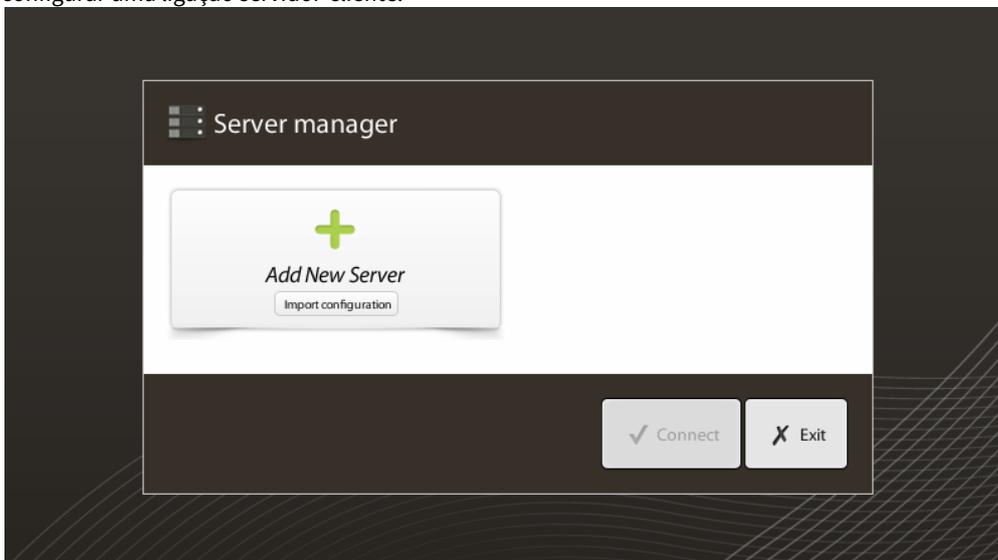
Para desativar o registo GC, comentar ou remover as definições supramencionadas do ficheiro *vmoptions*. Modificar o valor de configuração *-Xloggc* para criar os ficheiros de registo num diretório diferente.

4.5 Aceitar as ligações cliente

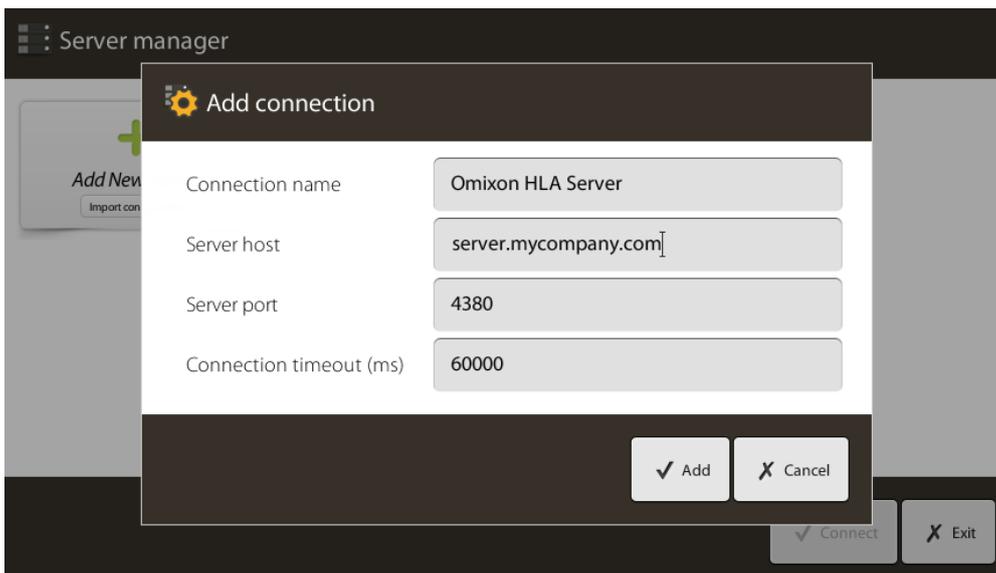
Após configurar e iniciar o servidor, devem ouvir-se os pedidos de ligação recebidos de clientes.

4.5.1 Ligar o cliente

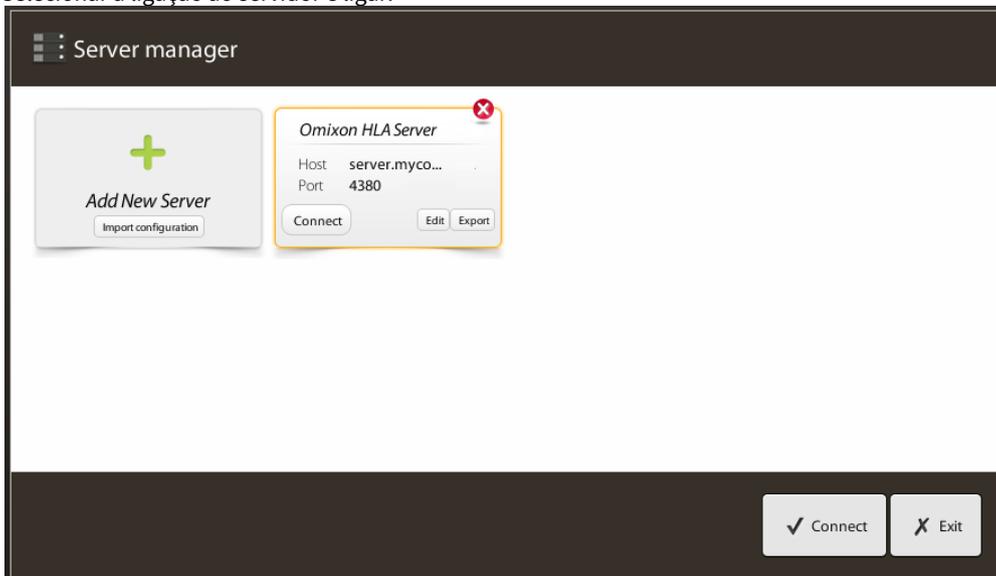
Iniciar a aplicação cliente. No ecrã «Server Manager» (Gestor do servidor), seleccionar «Add New Server» (Adicionar servidor novo) para configurar uma ligação servidor-cliente.



Atribuir nome à ligação e introduzir exatamente as mesmas definições de anfitrião e de porta que foram definidas para o servidor.



Selecionar a ligação ao servidor e ligar.



IMPORTANTE

Verificar as definições de firewall no computador servidor. Configurar a respetiva firewall para permitir que o servidor Omixon HLA aceite as ligações recebidas.

4.5.2 Exportar e importar a configuração de ligação

Ao invés de configurar a ligação manualmente, os utilizadores podem optar por importar um ficheiro de configuração, clicando no botão «Import configuration» (Importar configuração), no cartão «Add New Server» (Adicionar servidor novo), na caixa de diálogo «Gestor do servidor». O ficheiro é fornecido pelo administrador do sistema, que necessita de exportar as definições de ligação para um ficheiro, clicando em «Export» (Exportar), na ligação selecionada no «Server Manager» (Gestor do servidor).

4.6A função de superutilizador

O primeiro utilizador a registar-se torna-se num «Superuser» (Superutilizador) por predefinição.

Isto não é possível alterar posteriormente, contudo também poderão ser concedidos direitos de superutilizador a outros utilizadores.



Recomenda-se que o administrador de sistema se registe em primeiro lugar, para concluir a configuração. O superutilizador tem permissão para criar e gerir outras contas de utilizador, que podem ser utilizadas para início de sessão, através dos clientes. Consultar o capítulo de Gestão de utilizadores, do manual do utilizador, para obter mais informações sobre Funções e permissões de utilizadores.

4.7 Gestão de dados

Todas as análises são efetuadas pela aplicação servidor e os resultados são armazenados no servidor. Os resultados podem ser visualizados – e exportados – através do cliente.

Pesquisar no sistema de ficheiros do servidor remoto significa que não é necessário transferir os dados através da rede, entre o cliente o servidor; a tarefa inicia-se imediatamente.