



Guía del usuario

Omixon HLA Twin CE 4.2.0

03/27/2020

1	Revisión e historial de cambios.....	5
2	Introducción.....	8
2.1	Información sobre la empresa	8
2.2	Información general.....	8
2.3	Tecnologías de secuenciación	8
2.4	Principio del método	8
2.4.1	Algoritmo de genotipificación de consenso (GC)	8
2.4.2	Algoritmo de genotipificación estadística (GE)	8
2.4.3	Genotipificación Twin.....	9
2.5	Uso previsto.....	9
2.6	Advertencias y precauciones.....	9
2.6.1	Limitaciones de uso del producto.....	9
2.7	Métodos de validación y características de rendimiento	9
2.7.1	Holotype HLA v1.....	9
2.7.2	Holotype HLA v2.....	11
2.7.3	Holotype HLA v3.....	11
2.8	Notas sobre la versión	12
2.9	Referencias.....	12
3	Guía de instalación.....	13
3.1	Introducción.....	13
3.1.1	Información general.....	13
3.1.2	Actualización desde HLA Twin 3.1.3 o versiones anteriores.....	13
3.2	Configuraciones disponibles.....	13
3.2.1	Información general.....	13
3.2.2	Desktop.....	13
3.2.3	Server (independiente)	14
3.2.4	Server (distribuido)	14
3.3	Requisitos del sistema	15
3.3.1	HLA Twin Desktop	15
3.3.2	HLA Twin Client	15
3.3.3	HLA Twin Server (independiente):	15
3.3.4	HLA Twin Server (distribuido)	15

3.3.5	HLA Twin Typer (distribuido).....	15
3.3.6	Espacio de almacenamiento	15
3.4	Instalación de MySQL.....	16
3.4.1	Windows	16
3.4.2	OSX.....	28
3.4.3	Linux	39
3.5	Configuración de una base de datos MySQL preexistente	39
3.6	Instalación de Desktop	39
3.6.1	Actualización desde HLA Twin 3.1.3 o versiones anteriores.....	39
3.6.2	Instalación de HLA Twin Desktop.....	39
3.7	Instalación de Server independiente	50
3.7.1	Actualización desde HLA Twin 3.1.3 o versiones anteriores.....	50
3.7.2	Notas antes de la instalación	51
3.7.3	Instalación de HLA Twin Server.....	51
3.8	Instalación de Client	64
3.8.1	Actualización desde HLA Twin 3.1.3 o versiones anteriores.....	64
3.8.2	Notas antes de la instalación	64
3.8.3	instalación de HLA Twin Client.....	65
3.9	Migración de una base de datos.....	71
3.9.1	Descripción general	71
3.9.2	Datos que se migrarán	71
3.9.3	El proceso de migración	72
3.9.4	Ubicación de la base de datos antigua	72
3.10	Instrucciones para el primer uso.....	72
3.10.1	Conexión con el servidor	72
	Cómo conectar el cliente.....	72
	Exportación e importación de la configuración de conexión	73
3.10.2	Creación del primer usuario	74
4	Guía de inicio rápido	75
4.1	Inicio de sesión.....	75
4.2	Tablero Genotyping (Genotipificación)	75
4.3	Análisis.....	76
4.3.1	Genotipificación simple: recomendada para muestras de Holotype	76
4.3.2	Resultados.....	76

4.4	Resultado del análisis de genotipificación	76
4.4.1	Resolución de problemas relacionados con los resultados faltantes.....	78
4.5	Resultados de muestra de genotipificación	78
4.6	Explorador de genes	79
4.7	Tablero de configuración.....	80
4.8	Información general.....	80
4.9	Barra lateral.....	81
4.9.1	General	81
4.9.2	Base de datos	81
4.9.3	Administration (Administración).....	81
4.9.4	Automation (Automatización).....	81
4.9.5	Export Settings (Configuración de exportación)	81
4.9.6	Screen Settings (Configuración de pantalla)	81

1 Revisión e historial de cambios

Versión	Fecha de aprobación	Autor	Resumen de cambios	Aprobado por
3.0.0	 29 Jun 2018	Adél Juhász Ágnes Pásztor	<p>Se han introducido modificaciones relacionadas con ABO y MIC en genotipificación y visualización de resultados.</p> <p>Se ha eliminado la palabra “HLA” en aquellos casos en los que también podía significar ABO o MIC.</p> <p>Se han realizado otras correcciones menores en el texto.</p>	Adél Juhász Ágnes Pásztor
3.1.0	 31 Aug 2018	Petra Hoch	<p>Se ha añadido la sección Información sobre la empresa</p> <p>Se han hecho correcciones menores en la redacción y el formato.</p>	Adél Juhász
3.1.1	 08 Nov 2018	Krisztina Rigó Petra Hoch	<p>Se han actualizado las mediciones del rendimiento de Holotype HLA v1 y se han agregado las de Holotype HLA v2.</p> <p>Se han hecho correcciones menores en la redacción y el formato.</p>	Adél Juhász
3.1.2	 13 Nov 2018	Adél Juhász	<p>Se ha añadido la definición de compatibilidad con base de datos IMGT para facilitar la descripción del período.</p> <p>Se han hecho correcciones menores en referencias al Manual.</p>	Krisztina Rigó

Versión	Fecha de aprobación	Autor	Resumen de cambios	Aprobado por
3.1.3	 13 Feb 2019	Adél Juhász	<p>Se ha añadido la descripción de la genotipificación Twin, incluida la lógica de ejecución de genotipificación estadística (o SG, por sus siglas en inglés).</p> <p>Se han modificado las recomendaciones de configuración de las carpetas temporales para la configuración del servidor.</p>	Krisztina Rigó Mónika Hulita
4.0.0	 06 Aug 2019	Adél Juhász	<p>La Guía de inicio rápido se ha actualizado con:</p> <ul style="list-style-type: none"> • Nueva estructura de tablas de resultados • Marcas de nivel de locus • Nueva ubicación de la función de historial de asignaciones • Funcionalidad para contraer/desplegar tablas • Registro de eventos • Administrador de tipificación • Panel de información inferior en el Tablero <p>Se ha eliminado la sección Omixon HLA Server</p> <p>Se ha reestructurado la sección Guía de instalación y se ha añadido:</p> <ul style="list-style-type: none"> • Configuraciones disponibles • Instalación de Desktop • Instalación de Server independiente • Guía sobre el primer uso: <ul style="list-style-type: none"> • Creación del primer usuario • Conexión con el servidor 	Marton Pogany

Versión	Fecha de aprobación	Autor	Resumen de cambios	Aprobado por
4.0.0	 09 Aug 2019	Adél Juhász	<p>La página Requisitos del sistema se ha trasladado de la Introducción a la Guía de instalación y se ha actualizado con valores reales.</p> <p>Se han añadido páginas a la Guía de instalación:</p> <ul style="list-style-type: none"> • Introducción • Instalación de Client • Migración de datos 	Marton Pogany
4.0.1	 15 Oct 2019	Adél Juhász	<p>Guía de instalación actualizada:</p> <ul style="list-style-type: none"> • Se ha eliminado H2 y en su lugar se ha hecho referencia a MySQL. • Se ha añadido la configuración de MySQL. • Los enlaces directos al Manual de instalación del software se han sustituido por referencias en forma de texto. <p>Se ha desplazado hacia arriba la Guía de instalación en la jerarquía de las páginas para que aparezca antes de la Guía de inicio rápido.</p>	Nándor Varga
4.1.0	 09 Jan 2020	Nándor Varga	<p>Se ha actualizado la Guía de inicio rápido: se ha añadido el icono del antígeno equivalente serológico a la lista de marcas.</p> <p>Se han actualizado las mediciones del rendimiento de Holotype HLA v1 y v2, y se han añadido las de Holotype HLA v3.</p>	Adél Juhász
4.2.0	 17 Mar 2020	Nándor Varga	<p>Se han actualizado las mediciones del rendimiento de Holotype HLA v1, v2, y v3.</p>	Mónika Hulita



2 Introducción

2.1 Información sobre la empresa

Este producto ha sido fabricado por Omixon Biocomputing Ltd.

Dirección:

H-1117 Budapest
Fehérvári út 50-52.
Hungría, Unión Europea

Sitio web: <http://www.omixon.com>

Contacto con departamento técnico: support@omixon.com¹

Contacto con ventas: sales@omixon.com²

2.2 Información general

Omixon HLA Twin proporciona dos algoritmos independientes para la genotipificación de los datos de secuenciación de próxima generación: la genotipificación estadística (GE) y la genotipificación de consenso (GC). Los algoritmos se desarrollaron conjuntamente con el ensayo de secuenciación de Omixon Holotype HLA. Ambos algoritmos pueden ejecutarse simultáneamente y los resultados pueden examinarse en una sola tabla. Junto con esta tabla de descripción general de alto nivel, se proporcionan estadísticas detalladas y medidas de control de calidad para cada muestra.

Las licencias de Omixon HLA Twin se conceden por tiempo, lo que permite la genotipificación ilimitada durante un periodo determinado. Si desea solicitar un presupuesto, envíe un correo electrónico a sales@omixon.com³. En la versión de evaluación se incluye una licencia válida por 90 días.

Cada versión de software está totalmente respaldada durante los 13 meses posteriores a su lanzamiento. Cuando una versión de software llegue a su fin de soporte, se dejarán de implementar correcciones de los errores que presente y no se validará con las nuevas bases de datos de IMGT. Es muy aconsejable actualizar a la versión de software más reciente antes de que llegue el fin de soporte.

2.3 Tecnologías de secuenciación

Omixon HLA Twin es compatible con los datos de secuenciación de Illumina.

2.4 Principio del método

2.4.1 Algoritmo de genotipificación de consenso (GC)

El algoritmo de genotipificación de consenso es un método basado en el ensamblaje de novo. El método del ensamblador recibe datos de genes prefiltrados basándose en la base de datos de IMGT. El resultado del ensamblaje es uno o más cóntigos, y cada uno de estos cóntigos consta de una o más regiones de fases. Las secuencias de consenso generadas se comparan con las secuencias de alelos de la base de datos de IMGT/HLA y se informa del par o los pares de alelos con incoherencias mínimas de exones clave, otros exones y no exones. El algoritmo de genotipificación de consenso informa de los resultados completos de la genotipificación de resolución (4 campos).

2.4.2 Algoritmo de genotipificación estadística (GE)

El algoritmo de genotipificación estadística es un método basado en la alineación. Las lecturas y los pares de lectura se alinean con todas las secuencias de exones definidas en las bases de datos de IMGT y, posteriormente, se asignan a los alelos que tienen la puntuación de

¹ <mailto:support@omixon.com>

² <mailto:sales@omixon.com>

³ <mailto:sales@omixon.com>

alineación más alta. Los alelos se prefiltran y emparejan. Los pares de alelos se comparan y ordenan según la cantidad combinada de lecturas de respaldo existentes en el par. Se informa de todos los pares de alelos que se consideran que tienen unos buenos resultados tomando como base los resultados de la comparación. El algoritmo de genotipificación estadístico informa de los resultados de la genotipificación de resolución basada en exones (3 campos).

2.4.3 Genotipificación Twin

La genotipificación Twin es una combinación de los algoritmos de GC y GE descritos anteriormente. Al realizar la genotipificación Twin, el algoritmo de GC se ejecuta para todos los loci objetivo. Posteriormente, el algoritmo de GE se ejecuta para los loci con los resultados de GC que cumplen una serie de condiciones predefinidas. Además de las condiciones de ejecución definidas por el usuario, el algoritmo de GE se programa para que siempre se ejecute con los loci con alelos nuevos y nunca para el locus HLA-DRB3.

2.5 Uso previsto

Omixon HLA Twin está diseñado para interpretar los datos de secuenciación de próxima generación (NGS, por sus siglas en inglés) generados con secuenciadores Illumina por el ensayo de secuenciación de Omixon Holotype HLA. El resultado de esto es una tipificación HLA a nivel de alelo de paso único altamente precisa y de muy baja ambigüedad a nivel de segundo campo. El software proporciona información de histocompatibilidad humana de genes HLA Clase I (HLA-A, B y C) y Clase II (HLA-DPA1, DPB1, DQA1, DQB1 y DRB1/3/4/5) mediante dos algoritmos independientes: la genotipificación estadística (GE) y la genotipificación de consenso (GC). Ambos algoritmos pueden ejecutarse simultáneamente y la concordancia entre estos se muestra junto al resultado del algoritmo de genotipificación primaria en caso de que se ejecuten ambos métodos. Junto con esta tabla de descripción general de alto nivel, se proporcionan estadísticas detalladas y medidas de control de calidad para cada muestra.

El software Omixon HLA Twin está diseñado para su uso en el diagnóstico in vitro por parte de profesionales de salud, como técnicos de laboratorio y médicos, que han sido capacitados en la tipificación HLA en laboratorios de diagnóstico y trabajan en laboratorios acreditados por la Federación europea de inmunogenética (EFI, por sus siglas en inglés) o la Sociedad estadounidense de histocompatibilidad e inmunogenética (ASHI, por sus siglas en inglés), así como en laboratorios habilitados para trabajar de conformidad con las especificaciones de EFI o ASHI. Los resultados generados por el software no deben utilizarse como único fundamento para tomar decisiones clínicas.

2.6 Advertencias y precauciones

2.6.1 Limitaciones de uso del producto

Los algoritmos se desarrollaron y validaron de forma rigurosa y de manera conjunta con el ensayo de secuenciación de Omixon Holotype HLA. Para lograr un rendimiento eficaz, utilice el software junto con el ensayo de Omixon Holotype HLA para la tipificación HLA mediante NGS en el sistema Illumina MiSeq. El uso de cualquier otro ensayo de secuenciación HLA o de cualquier otra plataforma de NGS distintos de los que se especifican anteriormente debe ser verificado y validado exhaustivamente por el usuario.

Para conocer una lista de las limitaciones algorítmicas y de ensayos, consulte el documento “Limitaciones conocidas del producto”.

2.7 Métodos de validación y características de rendimiento

Las estadísticas de rendimiento que se muestran a continuación se generaron con Omixon HLA Twin versión 4.2.0 y la versión 3.38.0_9 de la base de datos de IMGT. Las medidas de rendimiento se calcularon utilizando el método que describen Ng et al. (1993)¹. Los resultados de la genotipificación se compararon con la información de genotipificación de referencia disponible en una resolución de nivel de dos campos.

2.7.1 Holotype HLA v1

Se analizaron un total de 416 muestras (procedentes de 197 líneas celulares de referencia). Los datos de secuenciación se generaron usando Holotype HLA versión 1.

Medida	HLA-A	HLA-B	HLA-C	HLA-DPB1	HLA-DQA1	HLA-DQB1	HLA-DRB1	Total
Sensibilidad	99.28%	98.80%	98.68%	99.04%	99.64%	95.07%	98.56%	98.45%
Especificidad	99.98%	99.97%	99.95%	99.96%	99.96%	99.80%	99.96%	99.95%
Precisión	99.28%	98.80%	98.68%	99.04%	99.64%	95.07%	98.56%	98.45%



Medida	HLA-A	HLA-B	HLA-C	HLA-DPB1	HLA-DQA1	HLA-DQB1	HLA-DRB1	Total
Valor predictivo negativo	99.98%	99.97%	99.95%	99.96%	99.96%	99.80%	99.96%	99.95%
Tipo clasificado correctamente	99.95%	99.95%	99.91%	99.92%	99.93%	99.62%	99.93%	99.90%

2.7.2 Holotype HLA v2

Se analizaron un total de 176 muestras. Los datos de secuenciación se generaron usando Holotype HLA versión 2.

Medida	HLA-A	HLA-B	HLA-C	HLA-DPA1	HLA-DPB1	HLA-DQA1	HLA-DQB1	HLA-DRB1	HLA-DRB3	HLA-DRB4	HLA-DRB5	Total
Sensibilidad	99.71%	99.14%	97.43%	98.56%	98.57%	96.26%	96.00%	98.86%	98.20%	84.62%	98.27%	96.91%
Especificidad	99.99%	99.99%	99.92%	99.88%	99.95%	99.79%	99.82%	99.98%	99.40%	92.31%	99.42%	99.88%
Precisión	99.71%	99.14%	97.43%	98.56%	98.57%	96.26%	96.00%	98.86%	98.20%	84.62%	98.27%	96.91%
Valor predictivo negativo	99.99%	99.99%	99.92%	99.88%	99.95%	99.79%	99.82%	99.98%	99.40%	92.31%	99.42%	99.88%
Tipo clasificado correctamente	99.99%	99.97%	99.85%	99.78%	99.91%	99.61%	99.65%	99.96%	99.10%	89.74%	99.13%	99.77%

2.7.3 Holotype HLA v3

Se analizaron un total de 248 muestras. Los datos de secuenciación se generaron usando Holotype HLA versión 3.

Medida	HLA-A	HLA-B	HLA-C	HLA-DPA1	HLA-DPB1	HLA-DQA1	HLA-DQB1	HLA-DRB1	HLA-DRB3	HLA-DRB4	HLA-DRB5	Total
Sensibilidad	99.19%	99.60%	98.79%	97.38%	94.56%	96.98%	97.18%	97.78%	99.24%	96.99%	97.66%	97.76%
Especificidad	99.99%	100.00%	99.97%	99.81%	99.88%	99.85%	99.86%	99.97%	99.81%	98.49%	99.53%	99.94%
Precisión	99.19%	99.60%	98.79%	97.38%	94.56%	96.98%	97.18%	97.78%	99.24%	96.99%	97.66%	97.76%
Valor predictivo negativo	99.99%	100.00%	99.97%	99.81%	99.88%	99.85%	99.86%	99.97%	99.81%	98.49%	99.53%	99.94%
Tipo clasificado correctamente	99.97%	99.99%	99.95%	99.65%	99.77%	99.71%	99.73%	99.94%	99.70%	97.99%	99.22%	99.88%



2.8 Notas sobre la versión

Si desea ver una lista de las nuevas características y los errores que se han corregido, consulte la sección *Release Notes* en <https://www.omixon.com/support-and-resources/hla-twin/>.

2.9 Referencias

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 y 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.

3 Guía de instalación

3.1 Introducción

3.1.1 Información general

Esto es un extracto de la *Guía de instalación del software*. Si no pudo encontrar la información que estaba buscando en este documento, consulte la *Guía de instalación del software* ampliada. Si desea más información y ayuda, escribanos a la dirección de correo electrónico support@omixon.com.⁴

3.1.2 Actualización desde HLA Twin 3.1.3 o versiones anteriores

Recuerde que el proceso de actualización es diferente al habitual. Para garantizar una actualización segura en la que no se pierdan datos, lea el capítulo de la *Guía de instalación* que aborda este tema.

3.2 Configuraciones disponibles

3.2.1 Información general

En este capítulo se explican las tres posibles configuraciones en las que puede utilizarse HLA Twin. Cada una de ellas resulta adecuada para laboratorios con distintos niveles de producción.

Cada configuración requerirá instalar una base de datos MySQL 8 bien a nivel local o de manera remota.

Esta Guía del usuario contiene instrucciones para instalar Desktop y Server (independiente), así como Client. Si desea información detallada sobre la instalación del Servidor distribuido, consulte la *Guía de instalación del software* ampliada.

3.2.2 Desktop

- Esta configuración resulta adecuada para los laboratorios más pequeños.
- Únicamente puede haber un usuario conectado simultáneamente.
- Únicamente puede analizarse una muestra simultáneamente.

El software se ejecuta en un ordenador, los usuarios tienen que compartir el mismo ordenador para trabajar con el software. HLA Twin posee su propio sistema de administración de usuarios, por lo que, independientemente de quién haya iniciado sesión en Windows, el usuario puede trabajar con su propia identidad en HLA Twin (esto es algo importante para las funciones de auditoría, flujo de trabajo y comentarios). Si el mismo software se instala en otro ordenador, ambos programas de software no pueden comunicarse y, por tanto, la información del usuario mencionada no estará disponible. Aconsejamos no hacer esto.

⁴ <mailto:support@omixon.com>.

3.2.3 Server (independiente)

- Esta configuración resulta adecuada para los laboratorios con unos niveles de producción intermedios.
- **Varios usuarios pueden trabajar simultáneamente.**
- Únicamente puede analizarse una muestra simultáneamente.

El HLA Twin Server (independiente):

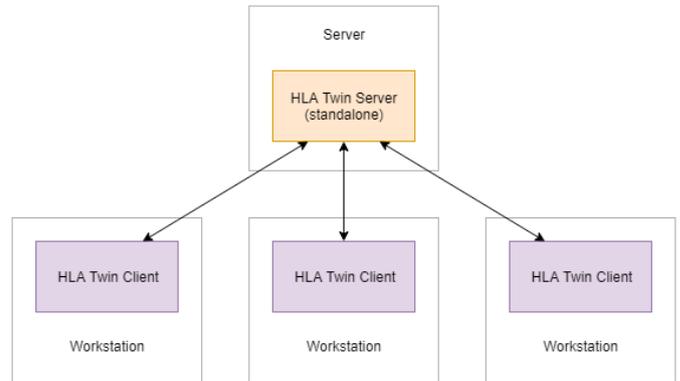
- ejecuta análisis de muestras
- prepara la información para el HLA Twin Client
- alberga todos los datos de los usuarios

El HLA Twin Client

- controla el HLA Twin Server
- muestra lo que le envía el HLA Twin Server
- es “un ente vacío”

Varias instancias del software HLA Twin Client pueden conectarse simultáneamente al HLA Twin Server.

La licencia está vinculada al HLA Twin Server; por tanto, el número de HLA Twin Clients no está limitado.



3.2.4 Server (distribuido)

- Esta configuración resulta adecuada para los laboratorios con altos niveles de producción.
- Varios usuarios pueden trabajar simultáneamente.
- **Es posible analizar de manera simultánea varias muestras (dependiendo del número de Typers).**

El HLA Twin Server (distribuido):

- **no** ejecuta análisis de muestras
- controla las instancias de HLA Twin Typer
- prepara la información para el HLA Twin Client
- alberga todos los datos de los usuarios

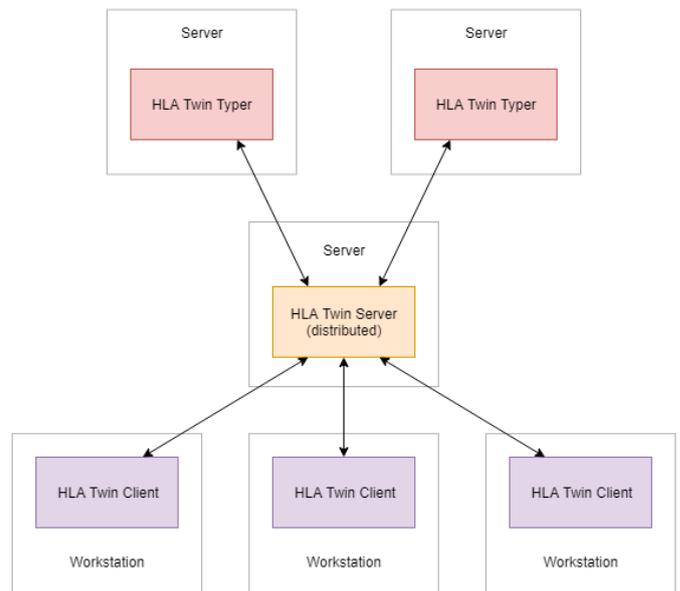
HLA Twin Typer:

- ejecuta análisis de muestras
- envía los resultados de los análisis a HLA Twin Server

El HLA Twin Client

- controla el HLA Twin Server
- muestra lo que le envía el HLA Twin Server
- es “un ente vacío”

Es posible conectar varios HLA Twin Typers a un HLA Twin Server. Una instancia de HLA Twin Server y una instancia de HLA Twin Typer pueden ejecutarse en el mismo servidor.



3.3 Requisitos del sistema

3.3.1 HLA Twin Desktop

- **CPU:** CPU de 64 bits con un mínimo de 4 núcleos físicos (8 subprocesos o vCPU)
- **Sistema operativo:** cualquier sistema operativo de 64 bits
- **RAM:** al menos 12 GB para el software, pero se recomiendan 16 GB
- **Vídeo:** tarjeta de vídeo compatible con OpenGL 2.0

3.3.2 HLA Twin Client

- **CPU:** CPU de 64 bits con al menos 2 núcleos físicos (se recomiendan 4)
- **Sistema operativo:** cualquier sistema operativo de 64 bits
- **RAM:** al menos 4 GB para el software, pero se recomiendan 6 GB
- **Vídeo:** tarjeta de vídeo compatible con OpenGL 2.0
- **Red:** al menos una conexión de 100/1000 Mbps

3.3.3 HLA Twin Server (independiente):

- **CPU:** CPU de 64 bits con un mínimo de 4 núcleos físicos (8 subprocesos o vCPU)
- **Sistema operativo:** cualquier sistema operativo de 64 bits (OSX no es compatible)
- **RAM:** al menos 18 GB para el software, pero se recomiendan 26,5 GB
- **Red:** al menos una conexión de 100/1000 Mbps

3.3.4 HLA Twin Server (distribuido)

- **CPU:** CPU de 64 bits con un mínimo de 4 núcleos físicos (8 subprocesos o vCPU)
- **Sistema operativo:** cualquier sistema operativo de 64 bits (OSX no es compatible)
- **RAM:** al menos 6 GB para el software, pero se recomiendan 8 GB
- **Red:** al menos una conexión de 100/1000 Mbps

3.3.5 HLA Twin Typer (distribuido)

- **CPU:** CPU de 64 bits con un mínimo de 4 núcleos físicos (8 subprocesos o vCPU)
- **Sistema operativo:** cualquier sistema operativo de 64 bits
- **RAM:** al menos 16 GB para el software, pero se recomiendan 22 GB
- **Red:** al menos una conexión de 100/1000 Mbps

3.3.6 Espacio de almacenamiento

Los requisitos de espacio de almacenamiento dependen del tamaño de las muestras y deben calcularse en relación con los requisitos legales para el almacenamiento de datos, el nivel mínimo de copia de seguridad y redundancia, como así también el volumen anual esperado. Omixon puede ayudarlo a calcular los requisitos de espacio de almacenamiento; si necesita ayuda, escriba a support@omixon.com⁵.

⁵ <mailto:support@omixon.com>

3.4 Instalación de MySQL

Todas las ediciones de HLA Twin dependerán de una base de datos **MySQL 8** externa que debe configurar antes de instalar HLA Twin. Se trata de una nueva mejora realizada en HLA Twin para ofrecer una experiencia de usuario más robusta y con una mayor capacidad de respuesta.

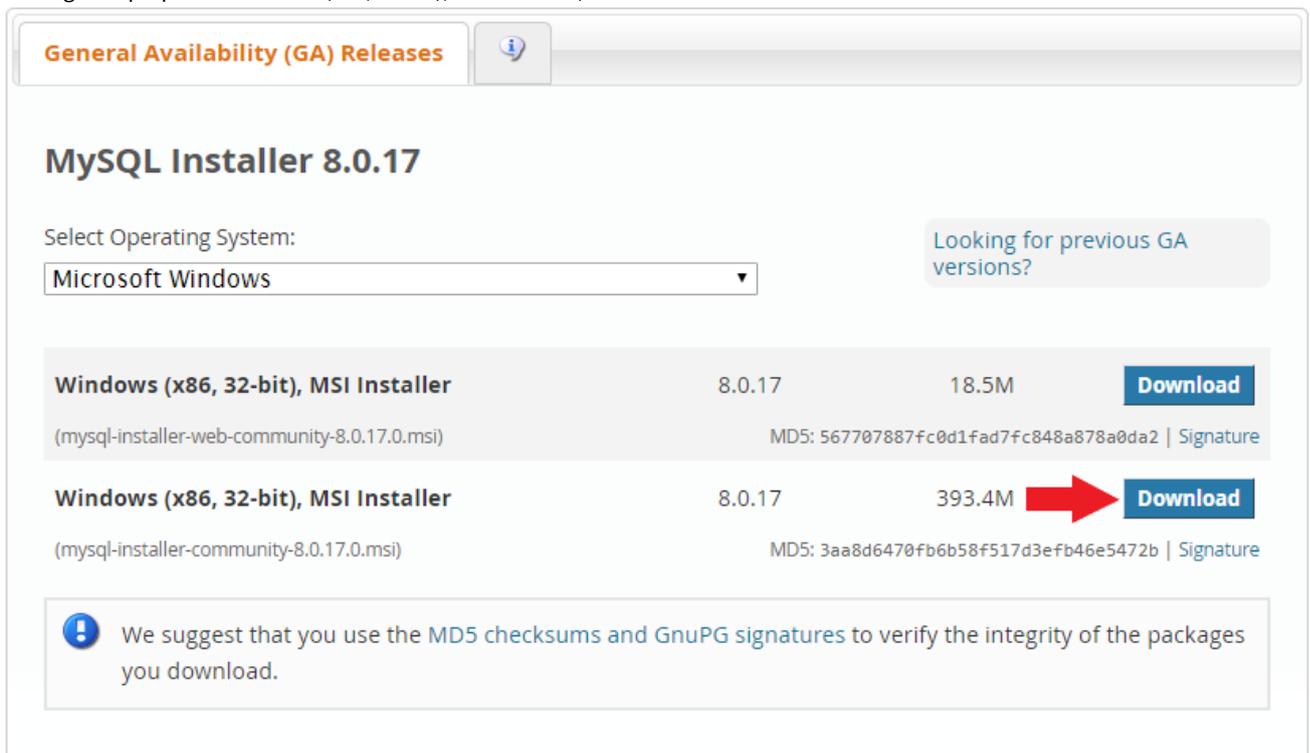
Siga las instrucciones de este capítulo antes de instalar HLA Twin.

3.4.1 Windows

Si ya dispone de un servidor **MySQL 8** en su entorno que desea usar, consulte [Configuración de una base de datos MySQL preexistente](#) (see page 39). Recomendamos utilizar una instancia local de MySQL para los usuarios de HLA Twin Desktop.

Siga estos pasos para descargar e instalar MySQL 8 para Windows.

1. Vaya a <https://dev.mysql.com/downloads/installer/>.
2. Descargue el paquete “Windows (x86, 32-bit, MSI Installer)”.



General Availability (GA) Releases

MySQL Installer 8.0.17

Select Operating System:
Microsoft Windows

Looking for previous GA versions?

Windows (x86, 32-bit), MSI Installer (mysql-installer-web-community-8.0.17.0.msi)	8.0.17	18.5M	Download
Windows (x86, 32-bit), MSI Installer (mysql-installer-community-8.0.17.0.msi)	8.0.17	393.4M	Download

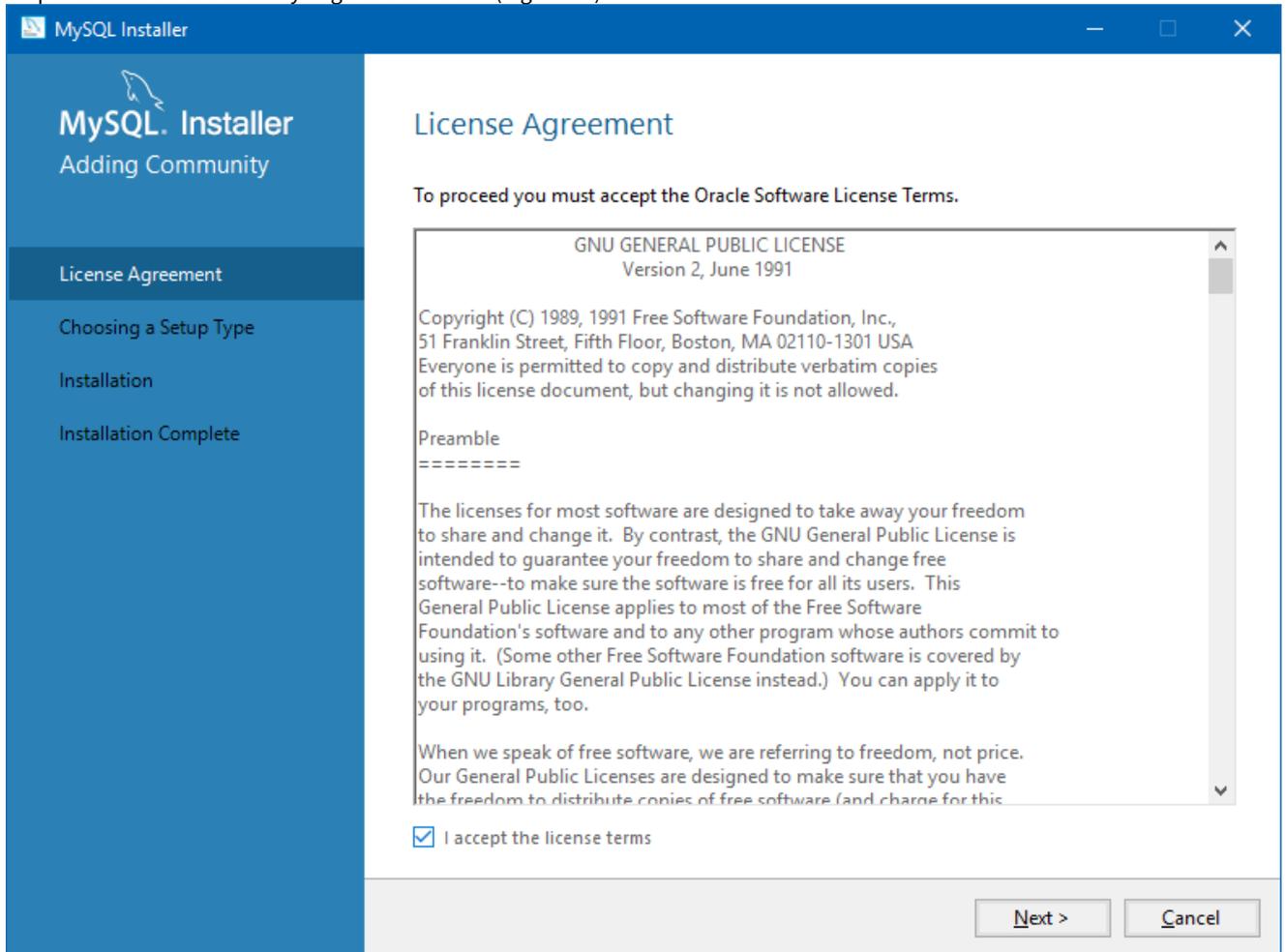
MD5: 567707887fc0d1fad7fc848a878a0da2 | Signature

MD5: 3aa8d6470fb6b58f517d3efb46e5472b | Signature

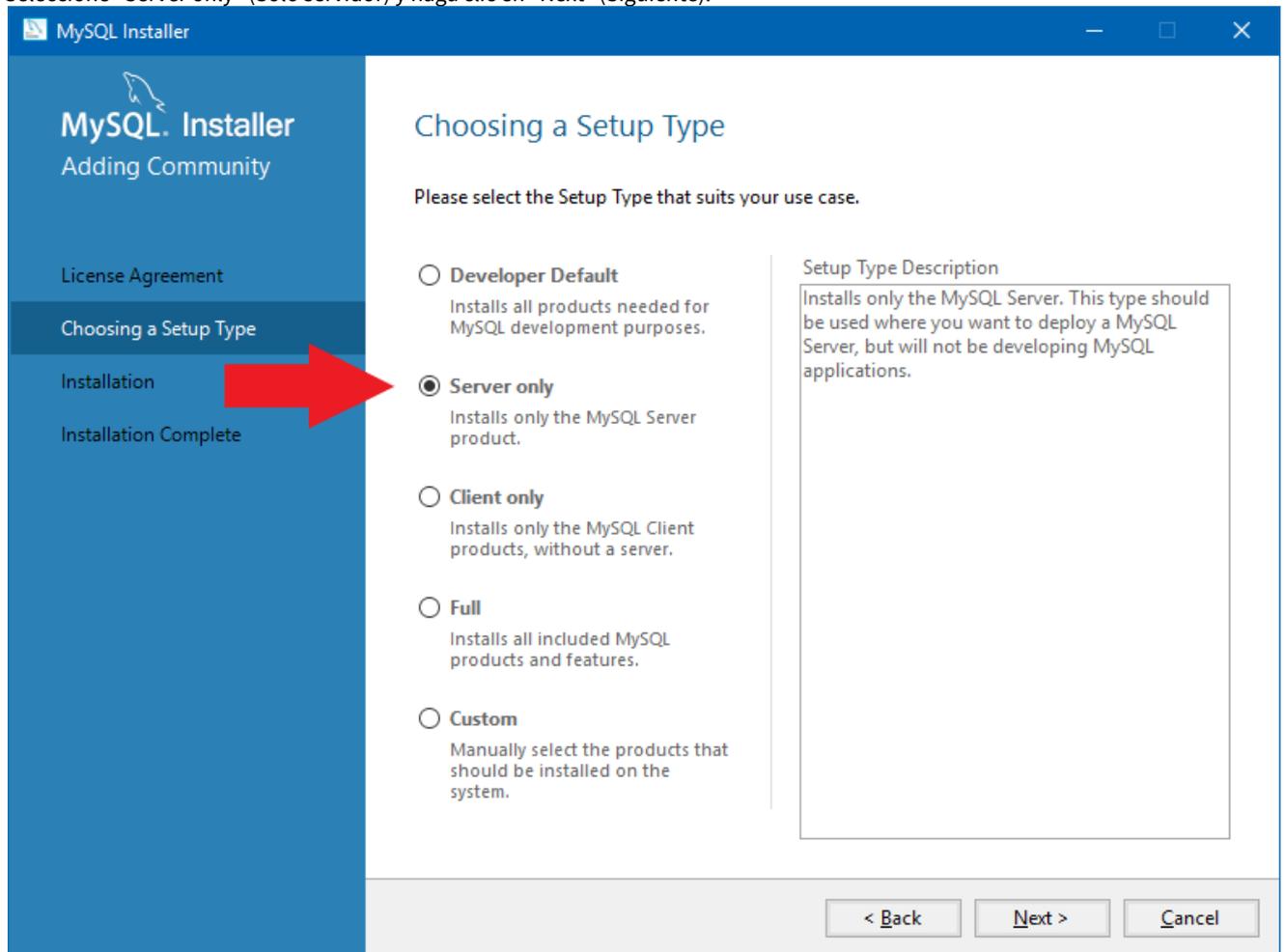
We suggest that you use the **MD5 checksums and GnuPG signatures** to verify the integrity of the packages you download.

3. Una vez descargado, inicie el instalador.

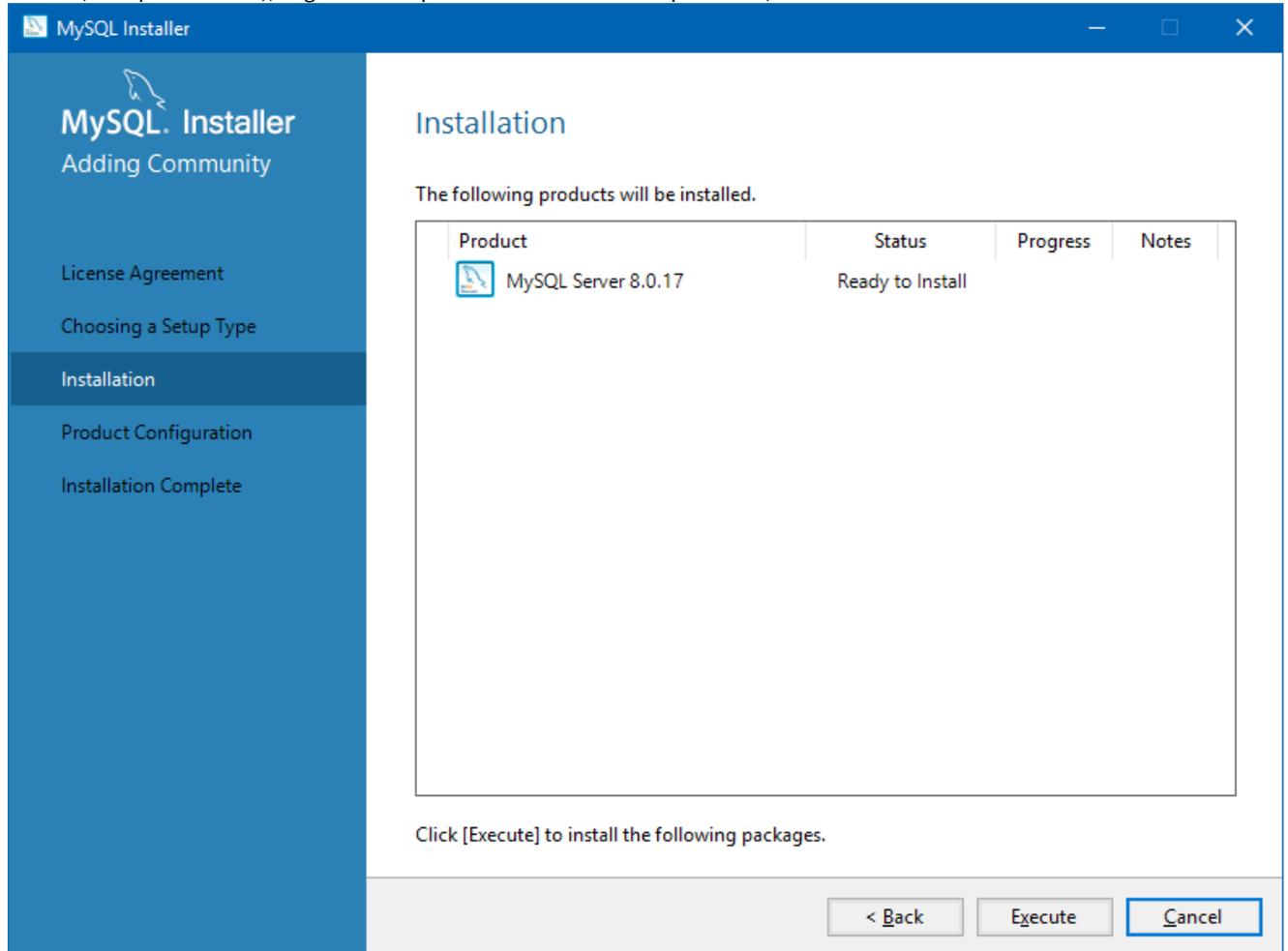
4. Acepte el acuerdo de licencia y haga clic en “Next” (Siguiete).



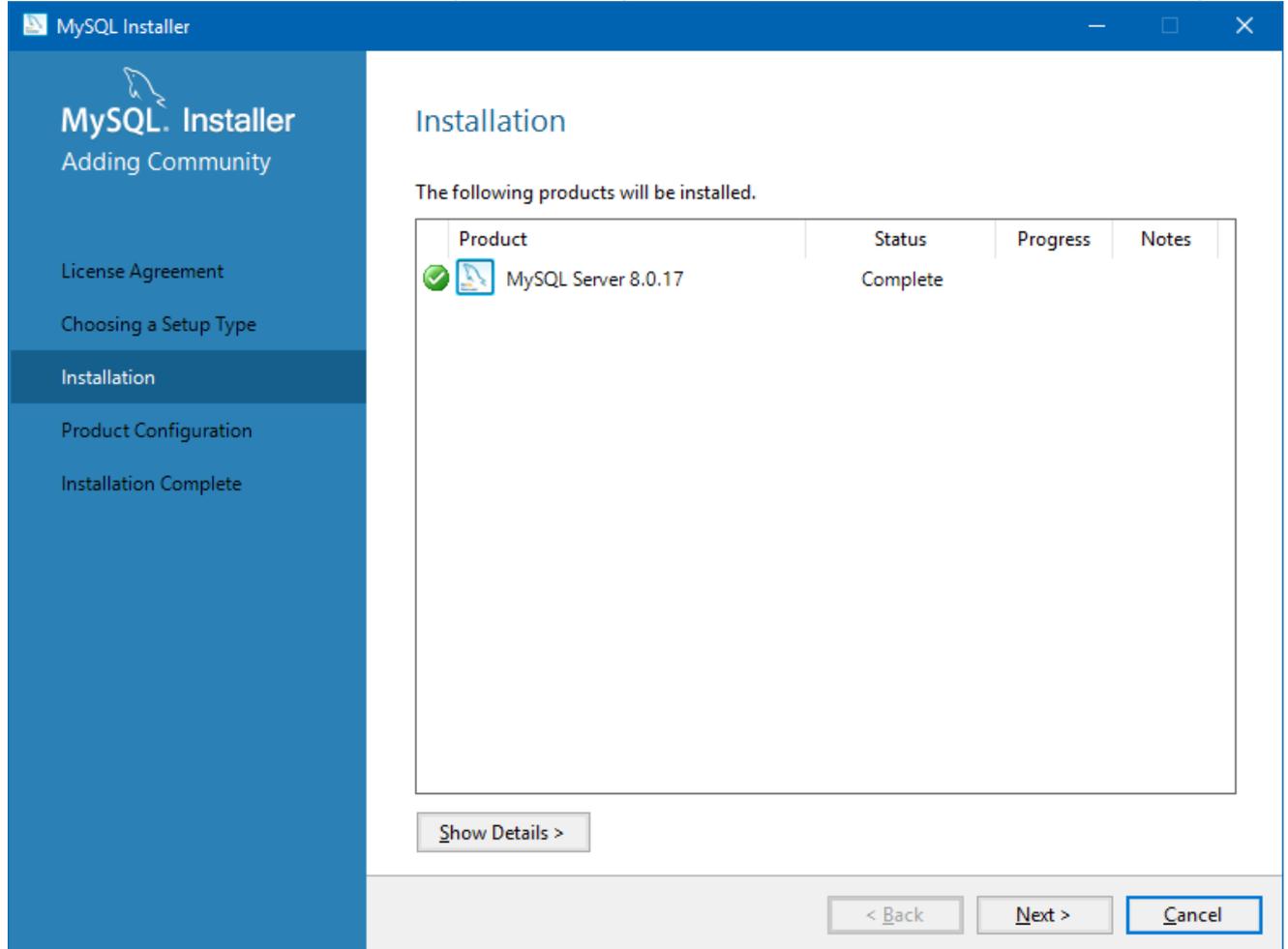
5. Seleccione “Server only” (Solo servidor) y haga clic en “Next” (Siguiente).



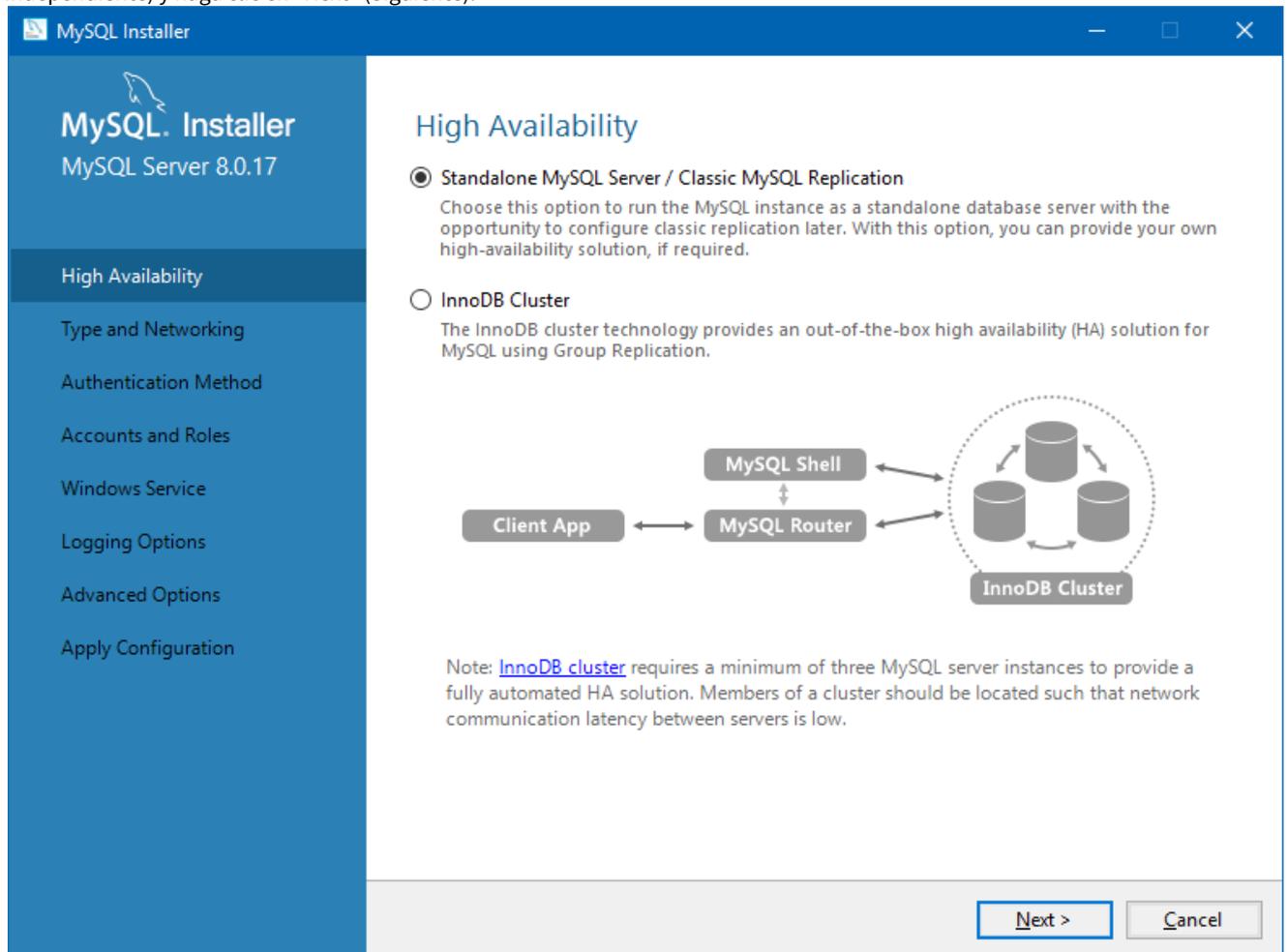
- Haga clic en "Execute" (Ejecutar) (recuerde que es posible que el instalador indique que MySQL Server no tiene el estado "Ready to Install" (Listo para instalar); haga clic en él para ver cómo resolver el problema).



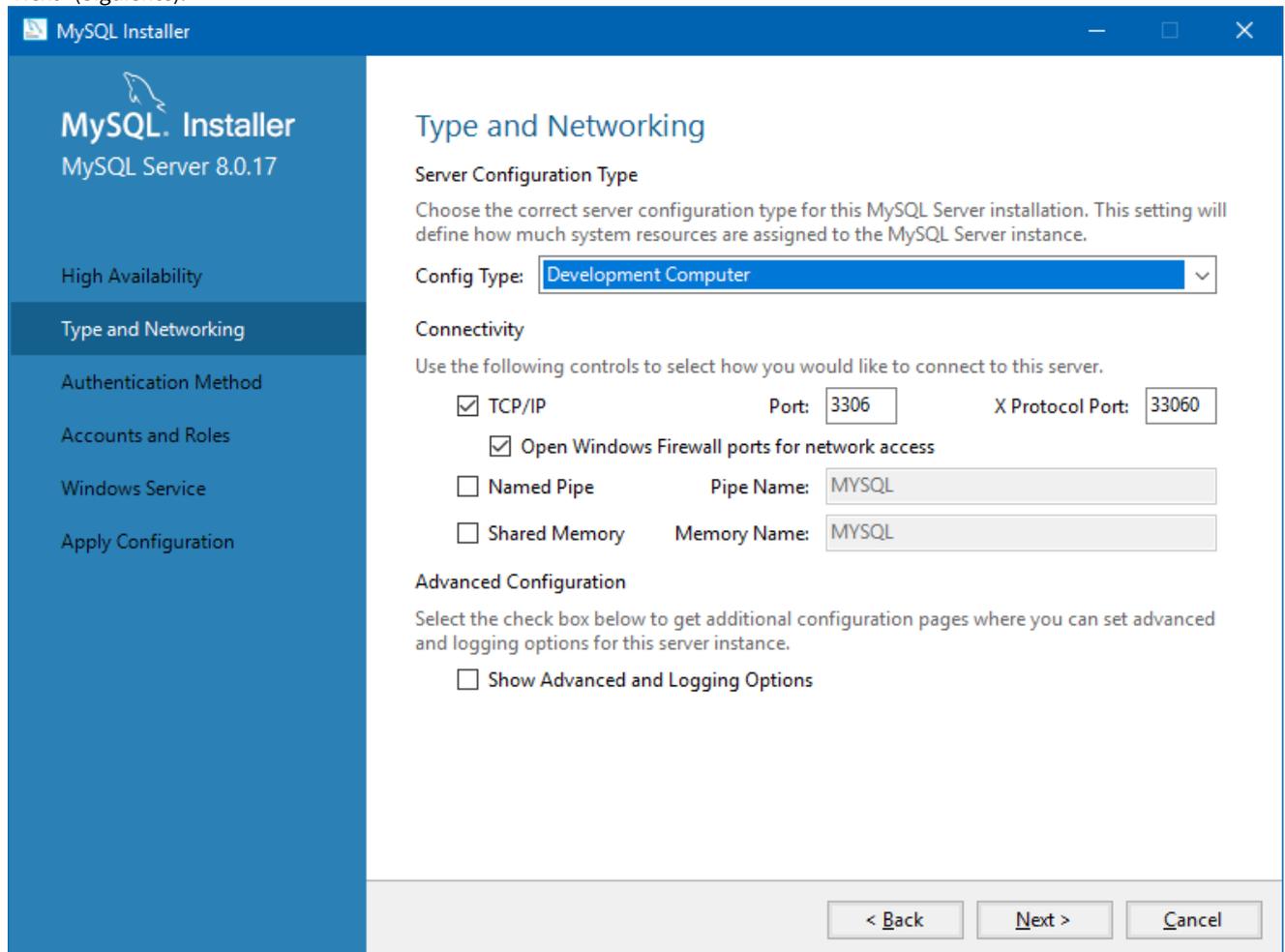
7. Cuando haya finalizado la instalación, verá una marca de color verde al lado del icono de MySQL. Haga clic en “Next” (Siguiete) y, **cuando aparezca la ventana “Product Configuration” (Configuración del producto), vuelva a hacer clic en “Next” (Siguiete).**



8. Seleccione la opción “Standalone MySQL Server / Classic MySQL Replication” (Replicación de MySQL Server / Classic MySQL independiente) y haga clic en “Next” (Siguiente).



9. Utilice los valores predeterminados en la pantalla “Type and Networking” (Tipo y conexión en red) y, a continuación, haga clic en “Next” (Siguiente).



MySQL Installer

MySQL. Installer
MySQL Server 8.0.17

High Availability

Type and Networking

Authentication Method

Accounts and Roles

Windows Service

Apply Configuration

Type and Networking

Server Configuration Type
Choose the correct server configuration type for this MySQL Server installation. This setting will define how much system resources are assigned to the MySQL Server instance.

Config Type:

Connectivity
Use the following controls to select how you would like to connect to this server.

TCP/IP Port: X Protocol Port:

Open Windows Firewall ports for network access

Named Pipe Pipe Name:

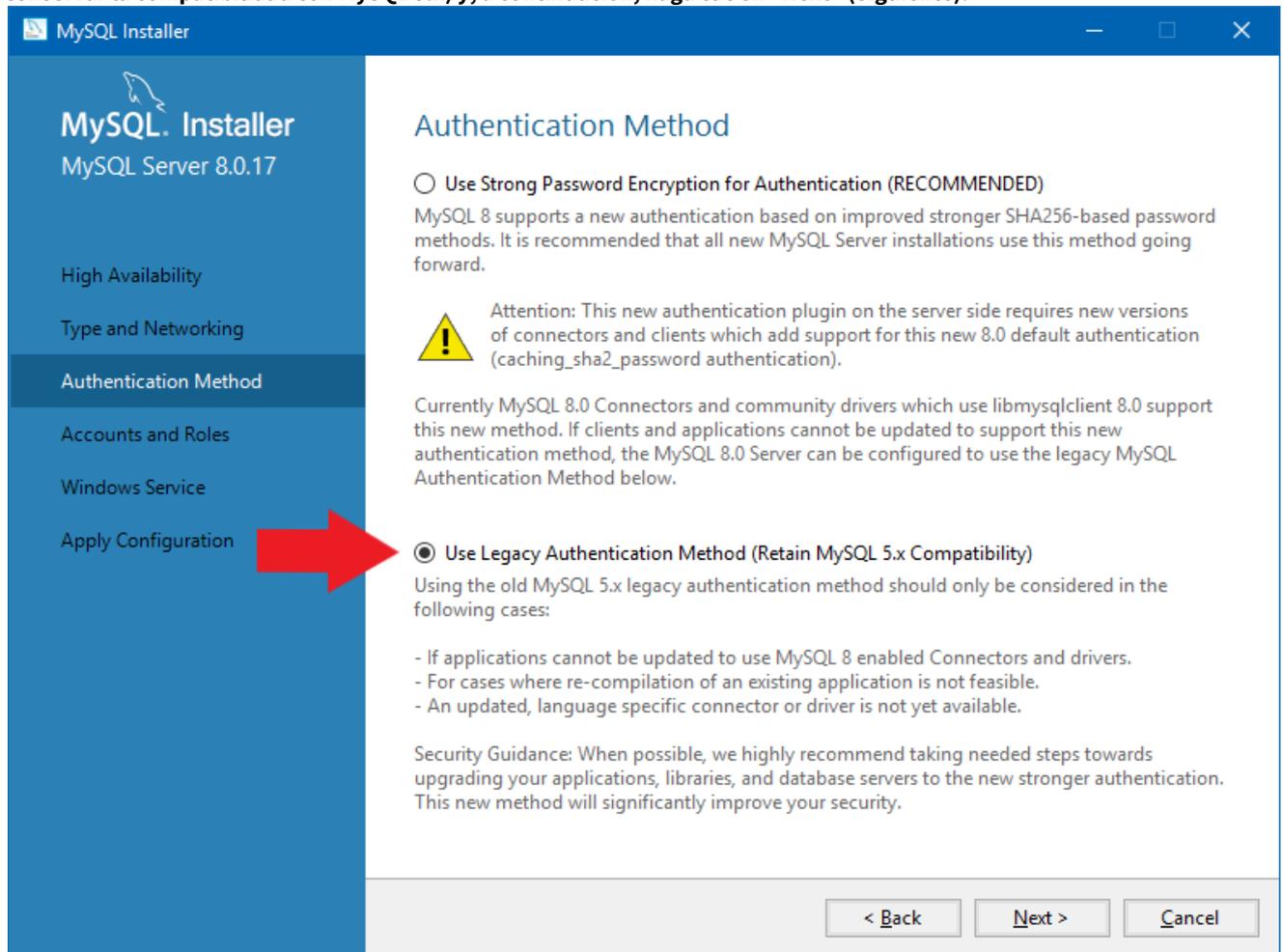
Shared Memory Memory Name:

Advanced Configuration
Select the check box below to get additional configuration pages where you can set advanced and logging options for this server instance.

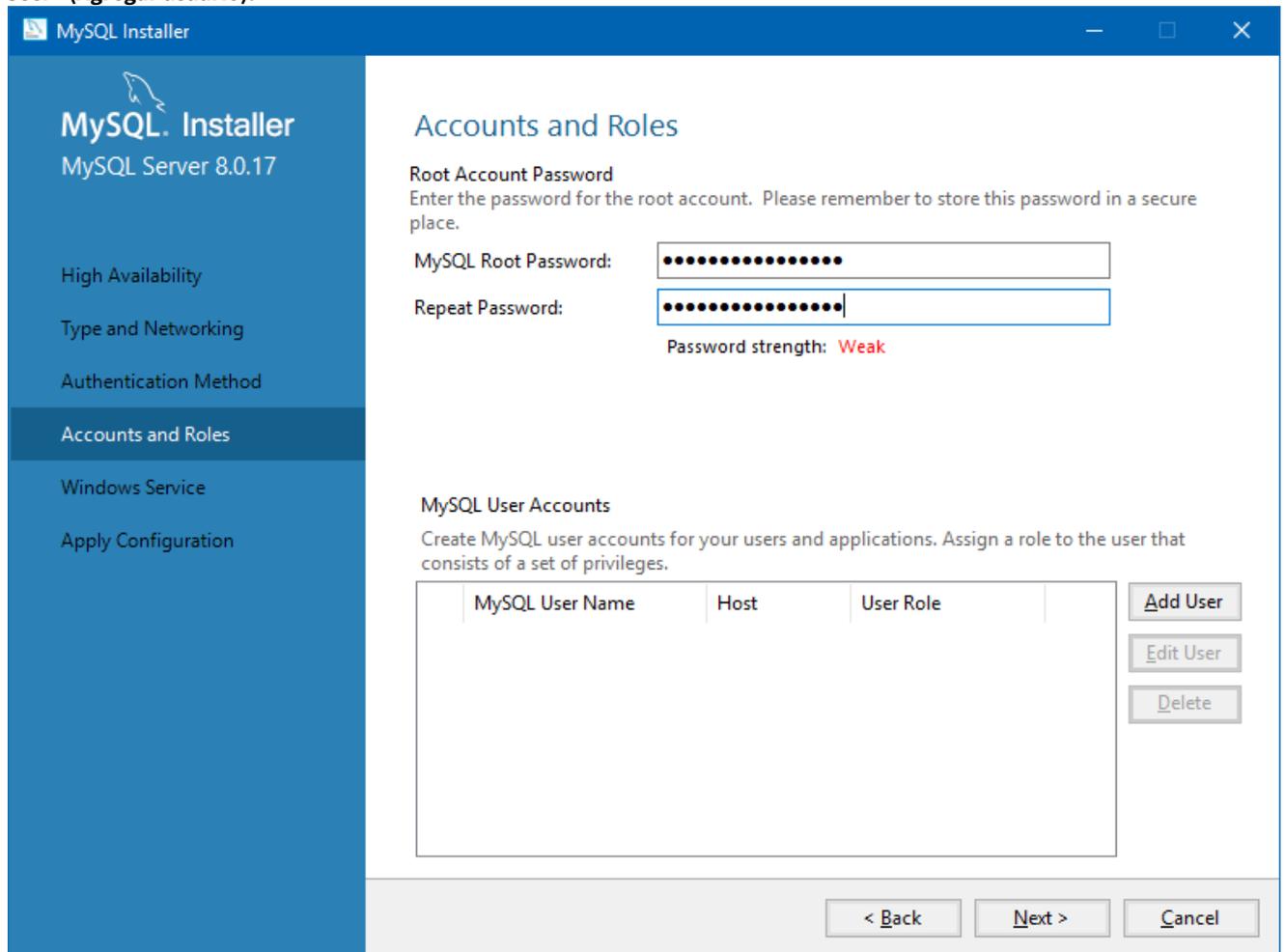
Show Advanced and Logging Options

< Back Next > Cancel

10. Seleccione “Use Legacy Authentication Method (Retain MySQL 5.x Compatibility)” (Usar método de autenticación heredado, conservar la compatibilidad con MySQL 5.x) y, a continuación, haga clic en “Next” (Siguiete).



11. Especifique la “MySQL Root Password” (Contraseña raíz de MySQL) (**anote esta contraseña**) y, a continuación, haga clic en **“Add User” (Agregar usuario)**.



MySQL Installer

MySQL. Installer
MySQL Server 8.0.17

High Availability

Type and Networking

Authentication Method

Accounts and Roles

Windows Service

Apply Configuration

Accounts and Roles

Root Account Password
Enter the password for the root account. Please remember to store this password in a secure place.

MySQL Root Password:

Repeat Password:

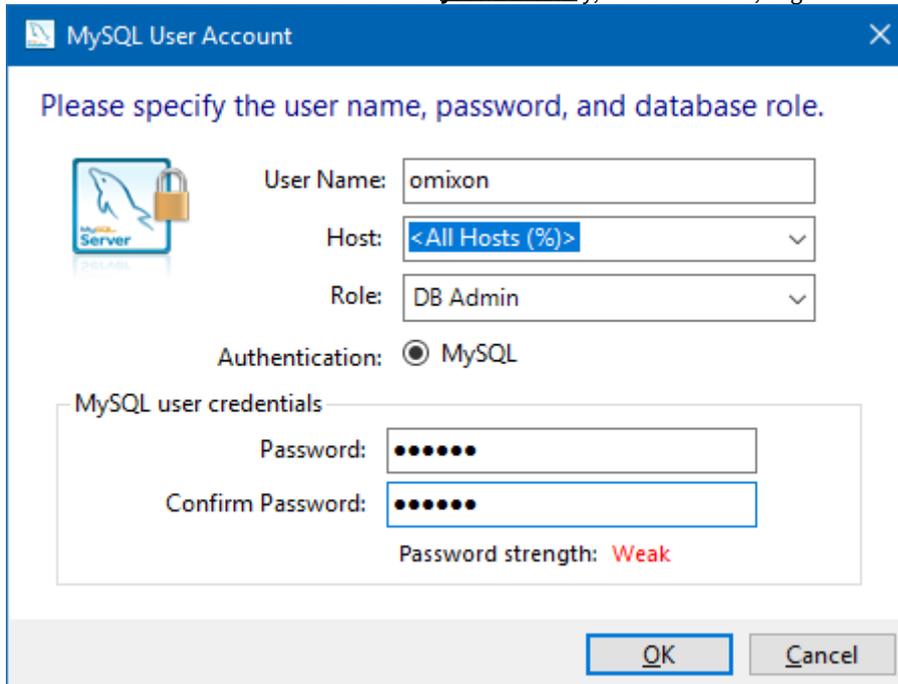
Password strength: **Weak**

MySQL User Accounts
Create MySQL user accounts for your users and applications. Assign a role to the user that consists of a set of privileges.

MySQL User Name	Host	User Role
-----------------	------	-----------

< Back Next > Cancel

12. Escriba "omixon" como nombre de usuario **y contraseña** y, a continuación, haga clic en "Ok" (Aceptar) y "Next" (Siguiete).



MySQL User Account

Please specify the user name, password, and database role.

User Name: omixon

Host: <All Hosts (%)>

Role: DB Admin

Authentication: MySQL

MySQL user credentials

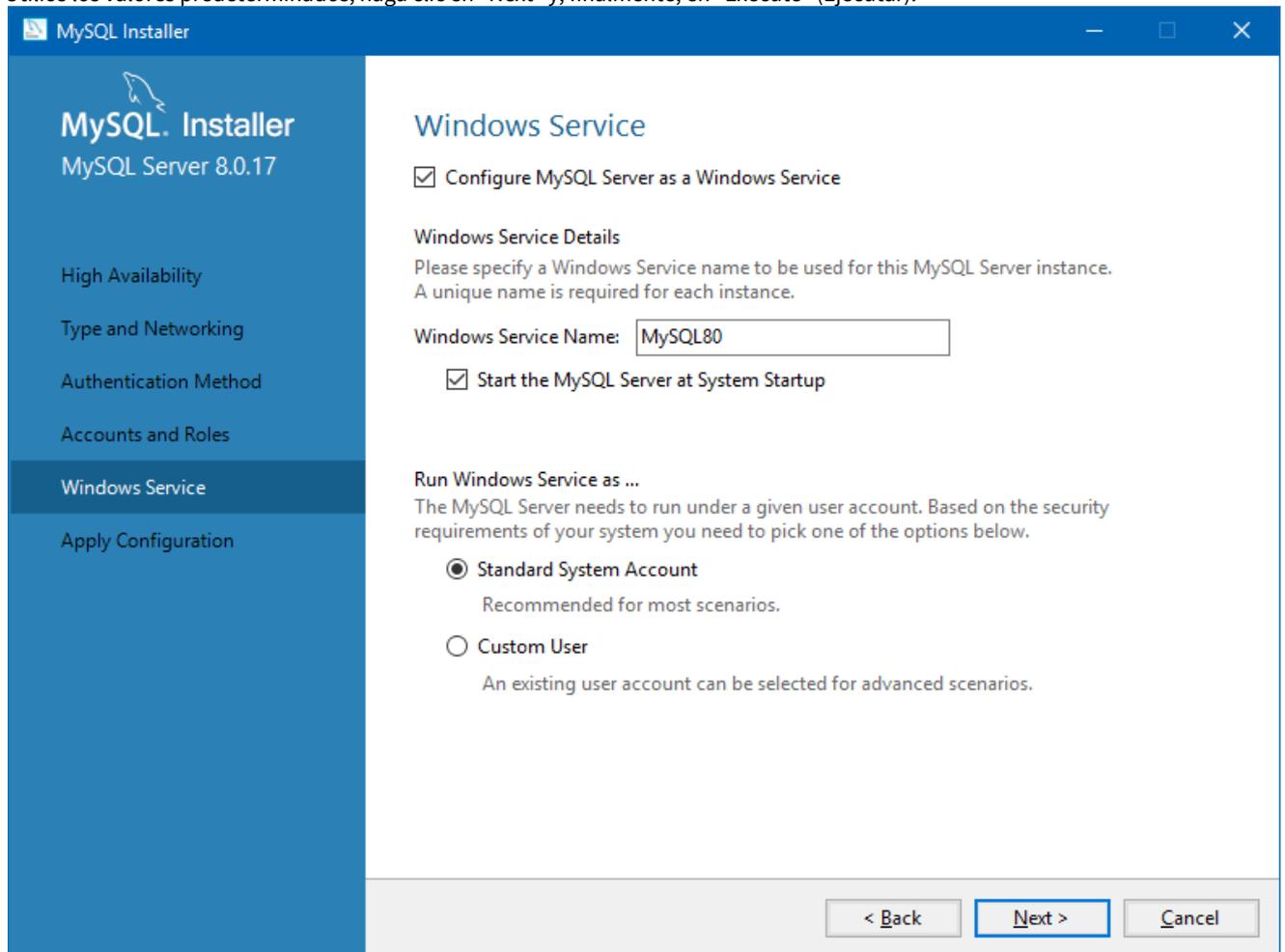
Password: ●●●●●●

Confirm Password: ●●●●●●

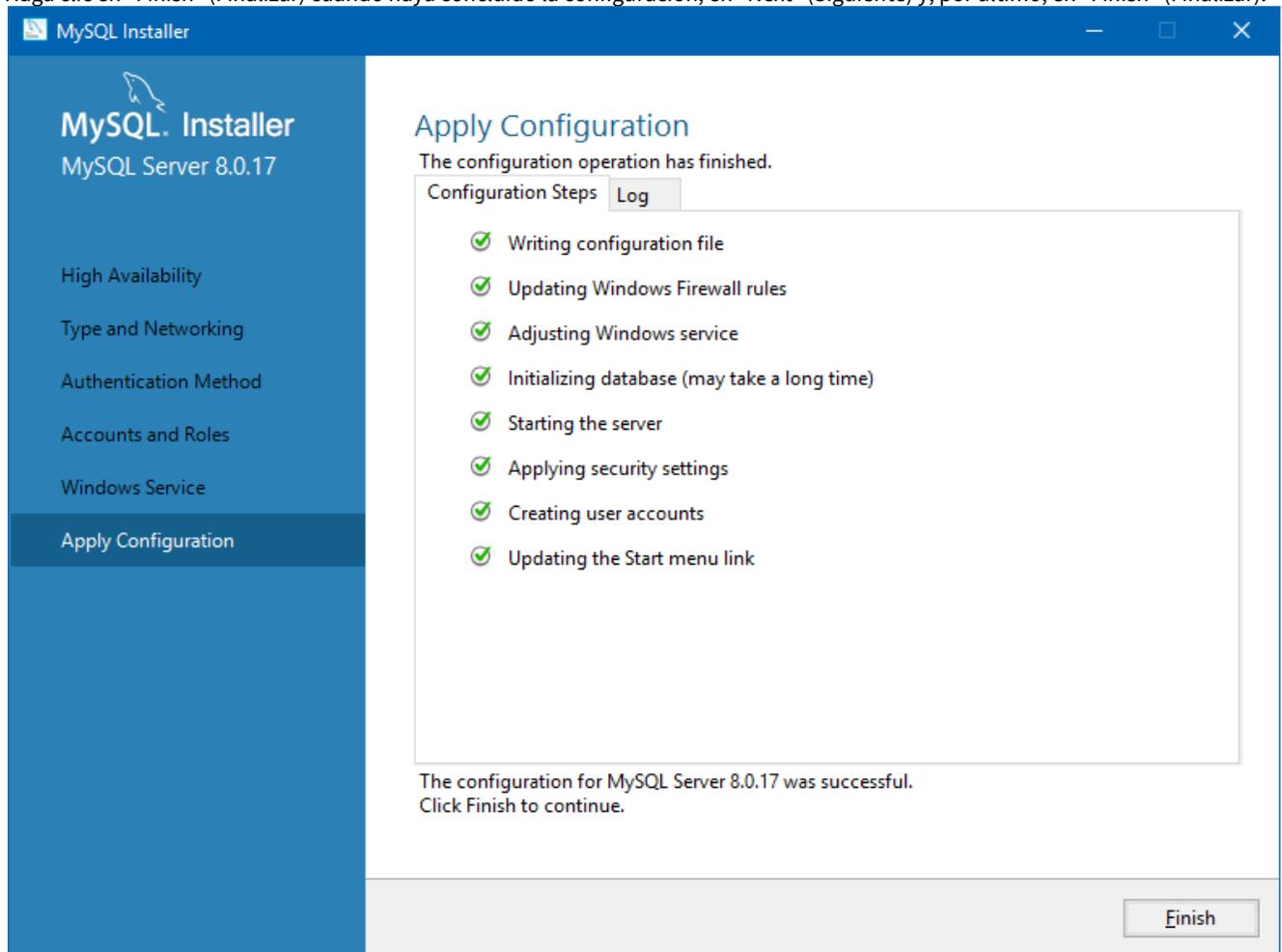
Password strength: Weak

OK Cancel

13. Utilice los valores predeterminados, haga clic en “Next” y, finalmente, en “Execute” (Ejecutar).



14. Haga clic en “Finish” (Finalizar) cuando haya concluido la configuración, en “Next” (Siguiete) y, por último, en “Finish” (Finalizar).



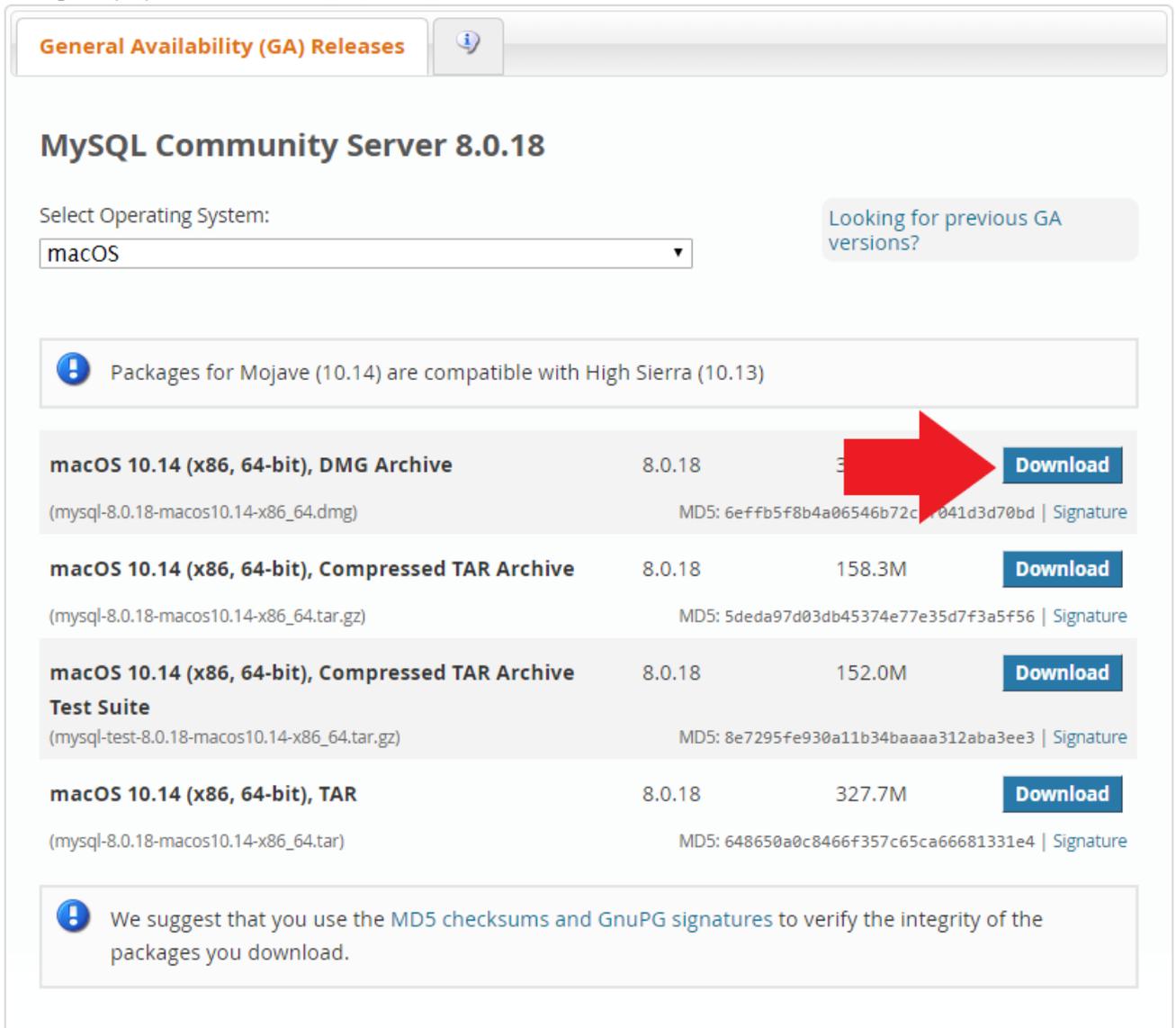
Ahora MySQL está configurado correctamente. Puede proceder a instalar HLA Twin.

3.4.2 OSX

Si ya dispone de un servidor **MySQL 8** en su entorno que desea usar, consulte [Configuración de una base de datos MySQL preexistente](#) (see page 39). Recomendamos utilizar una instancia local de MySQL para los usuarios de HLA Twin Desktop.

Siga estos pasos para descargar e instalar MySQL 8 para OS X.

1. Vaya a <https://dev.mysql.com/downloads/mysql/>.
2. Descargue el paquete “macOS 10.14 (x86, 64-bit), DMG Archive”.



General Availability (GA) Releases

MySQL Community Server 8.0.18

Select Operating System:
macOS

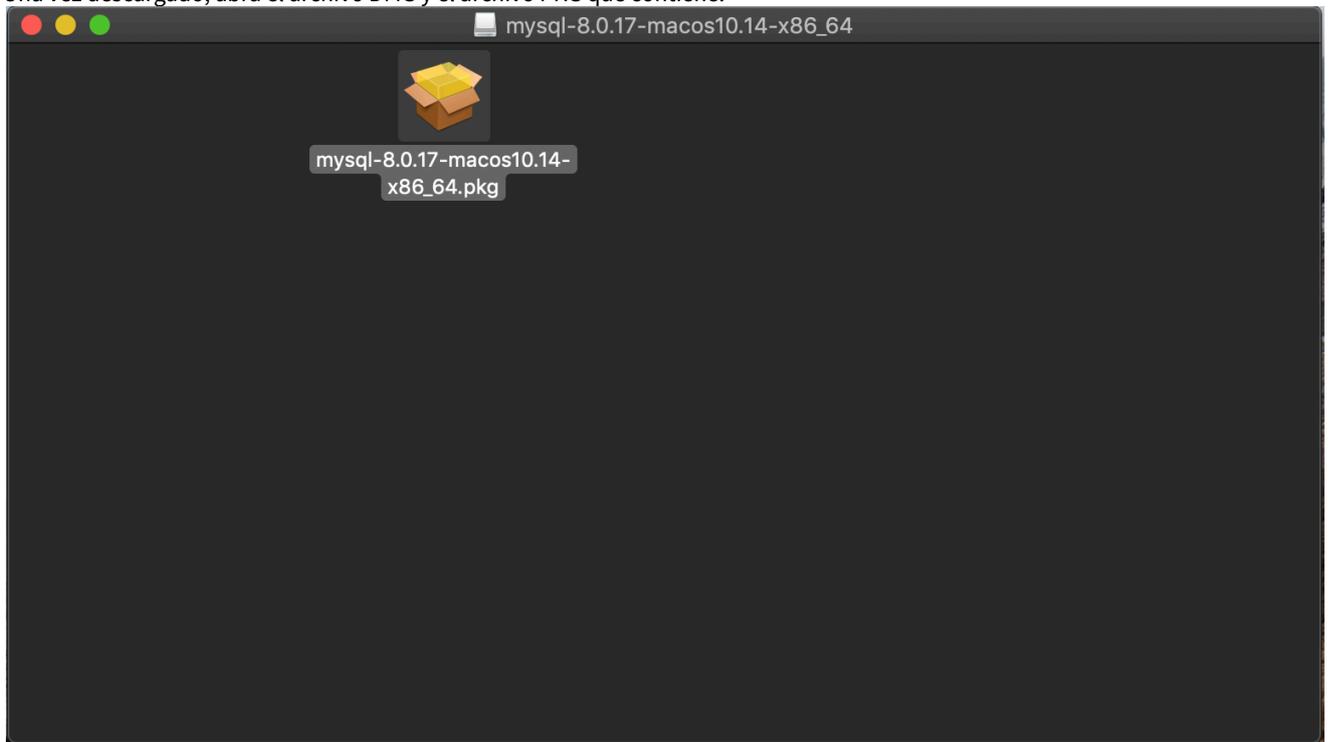
Looking for previous GA versions?

! Packages for Mojave (10.14) are compatible with High Sierra (10.13)

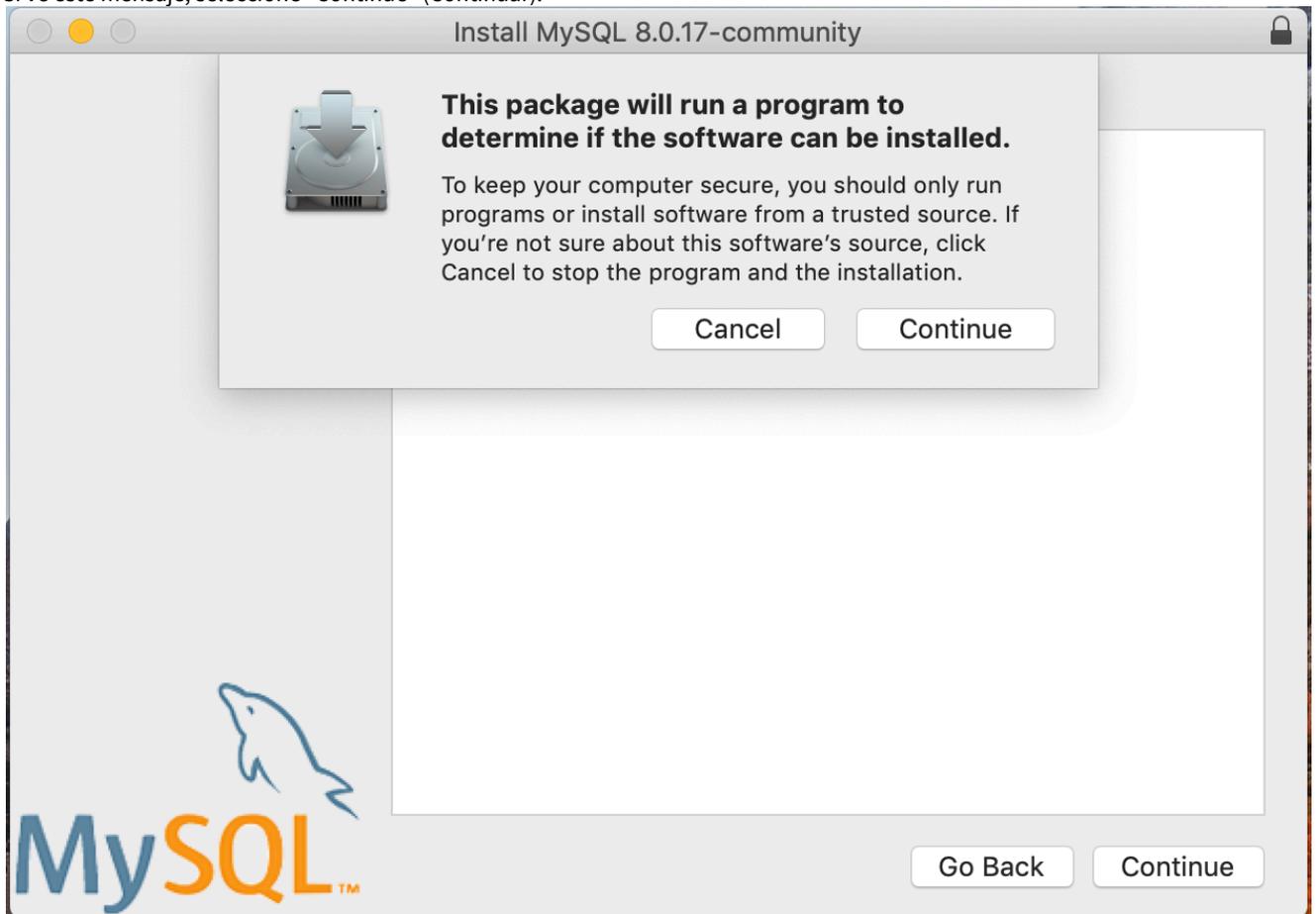
macOS 10.14 (x86, 64-bit), DMG Archive (mysql-8.0.18-macos10.14-x86_64.dmg)	8.0.18	327.7M	Download
macOS 10.14 (x86, 64-bit), Compressed TAR Archive (mysql-8.0.18-macos10.14-x86_64.tar.gz)	8.0.18	158.3M	Download
macOS 10.14 (x86, 64-bit), Compressed TAR Archive Test Suite (mysql-test-8.0.18-macos10.14-x86_64.tar.gz)	8.0.18	152.0M	Download
macOS 10.14 (x86, 64-bit), TAR (mysql-8.0.18-macos10.14-x86_64.tar)	8.0.18	327.7M	Download

! We suggest that you use the [MD5 checksums](#) and [GnuPG signatures](#) to verify the integrity of the packages you download.

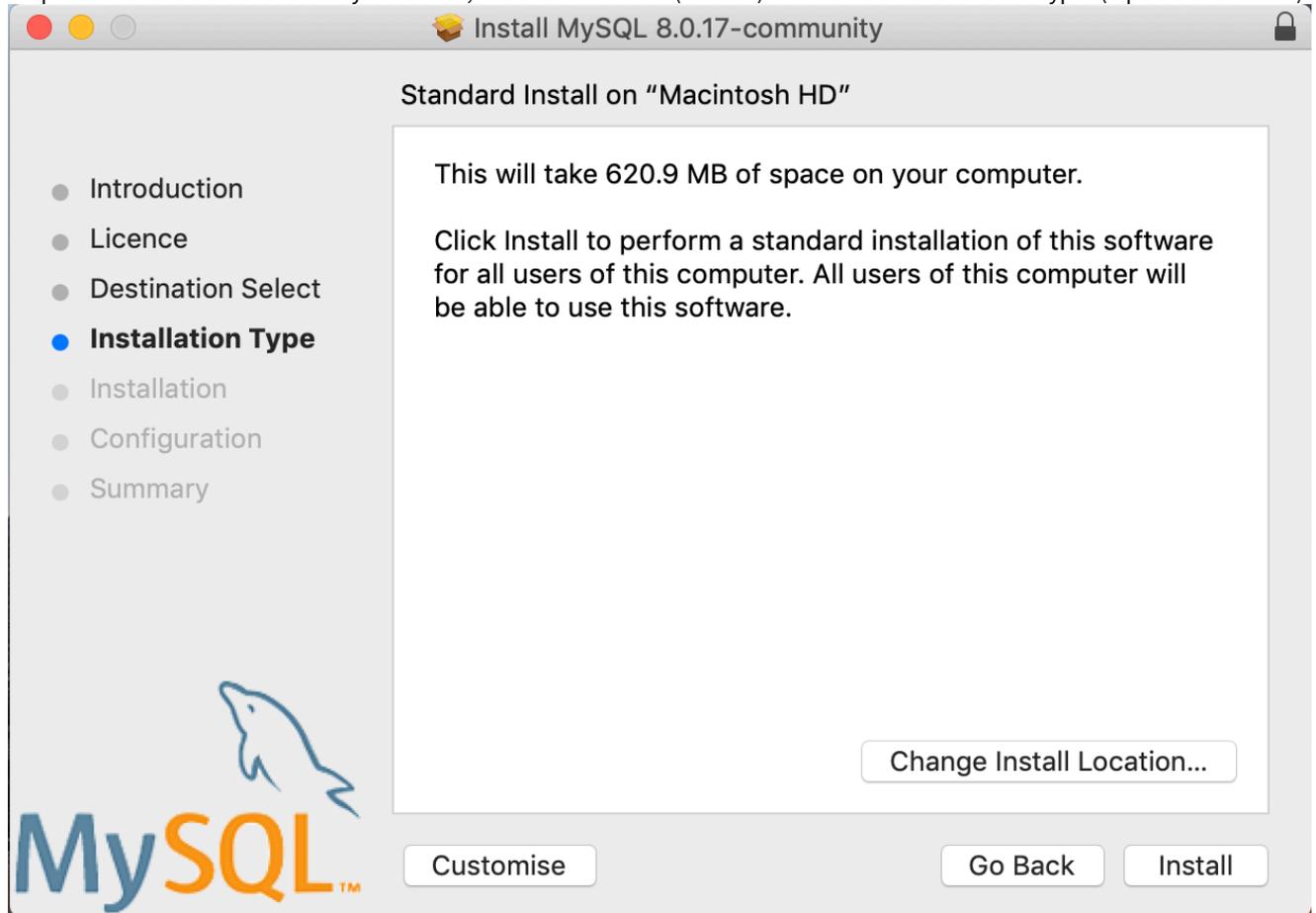
3. Una vez descargado, abra el archivo DMG y el archivo PKG que contiene.



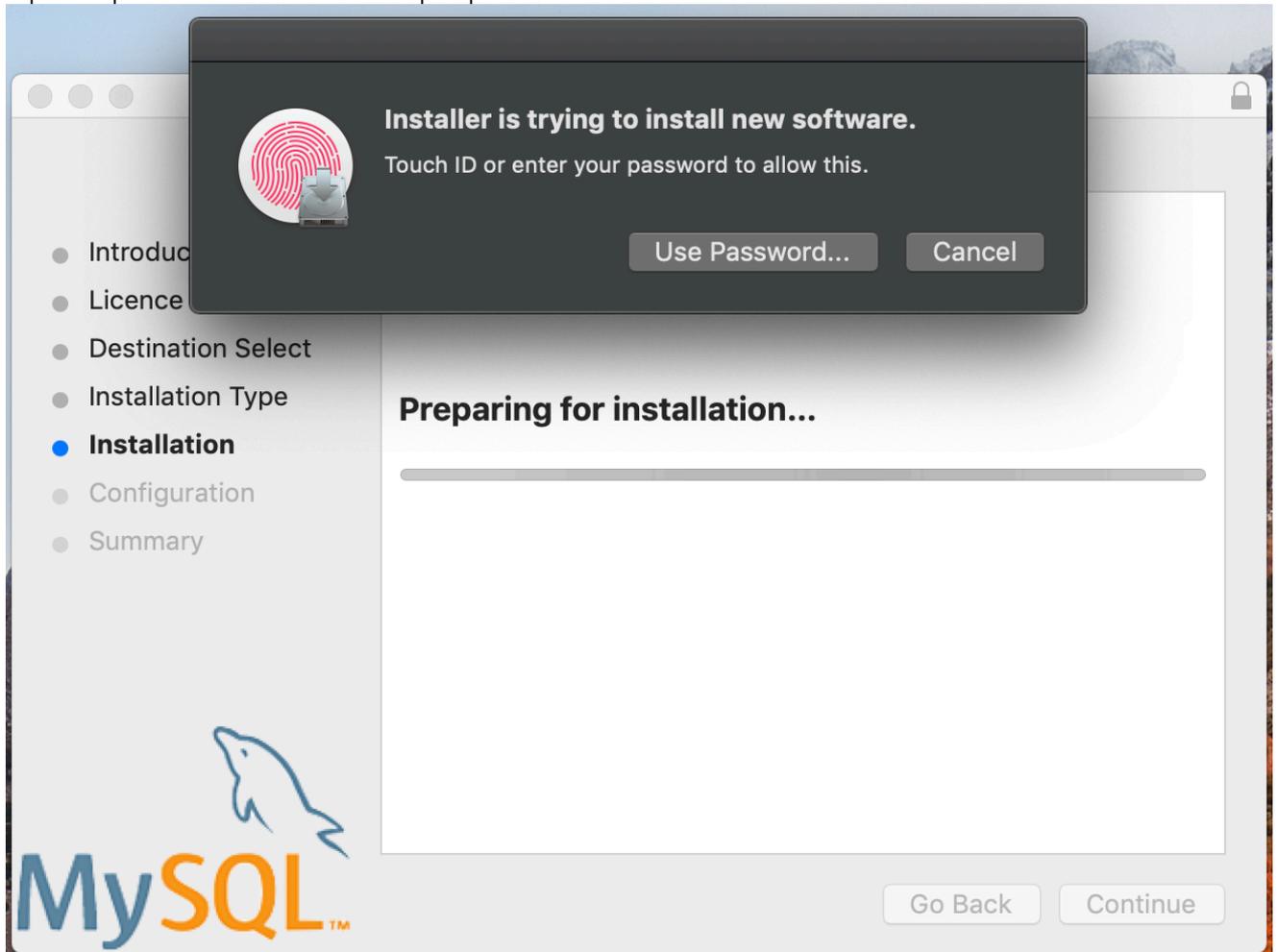
4. Si ve este mensaje, seleccione "Continue" (Continuar).



5. Después de revisar la introducción y la licencia, seleccione "Install" (Instalar) en la ventana "Installation Type" (Tipo de instalación).



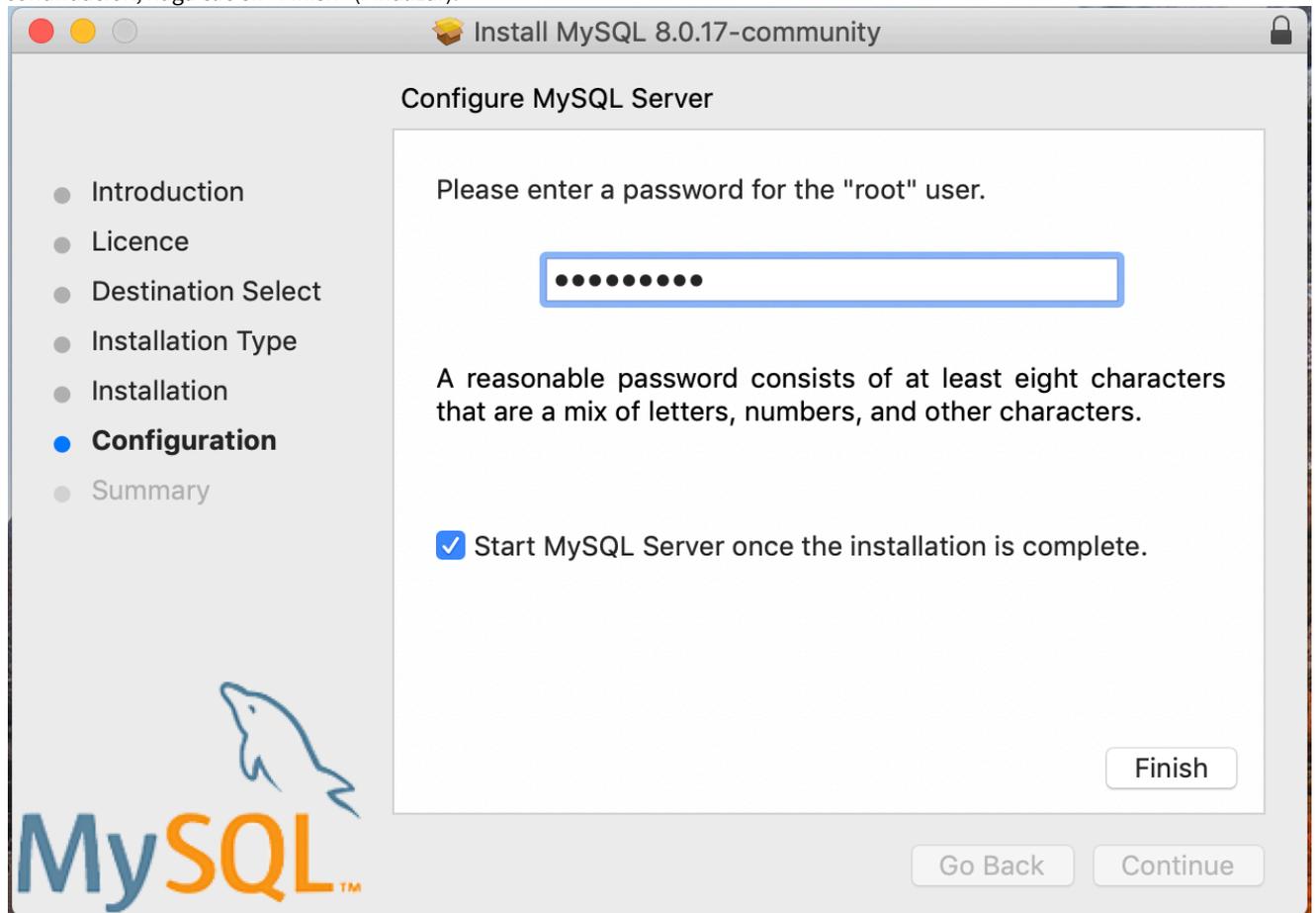
6. Es posible que OS X necesite autenticación para poder continuar.



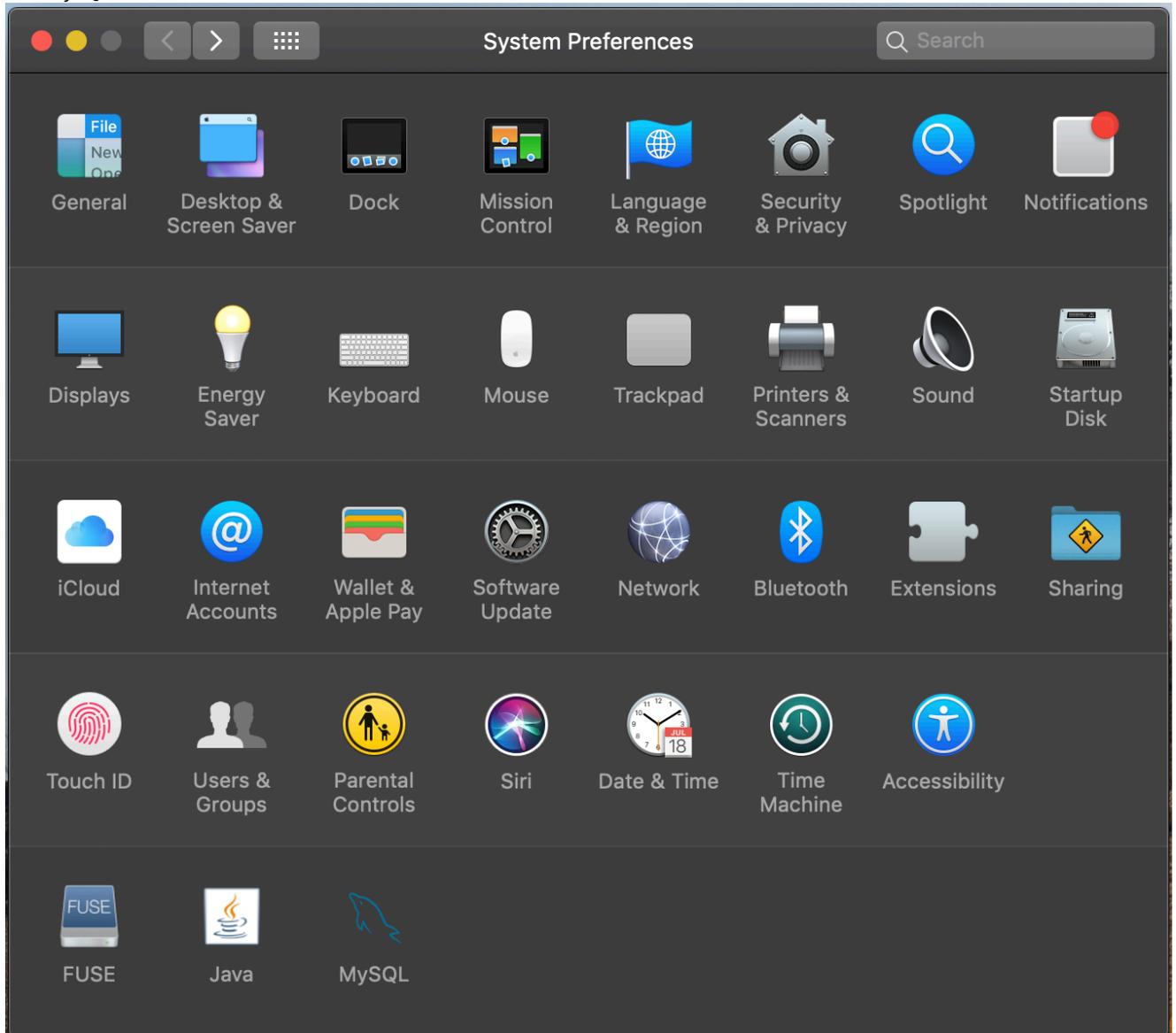
7. Seleccione “Use Legacy Password Encryption” (Usar cifrado de contraseña heredado) y haga clic en “Next” (Siguiete).



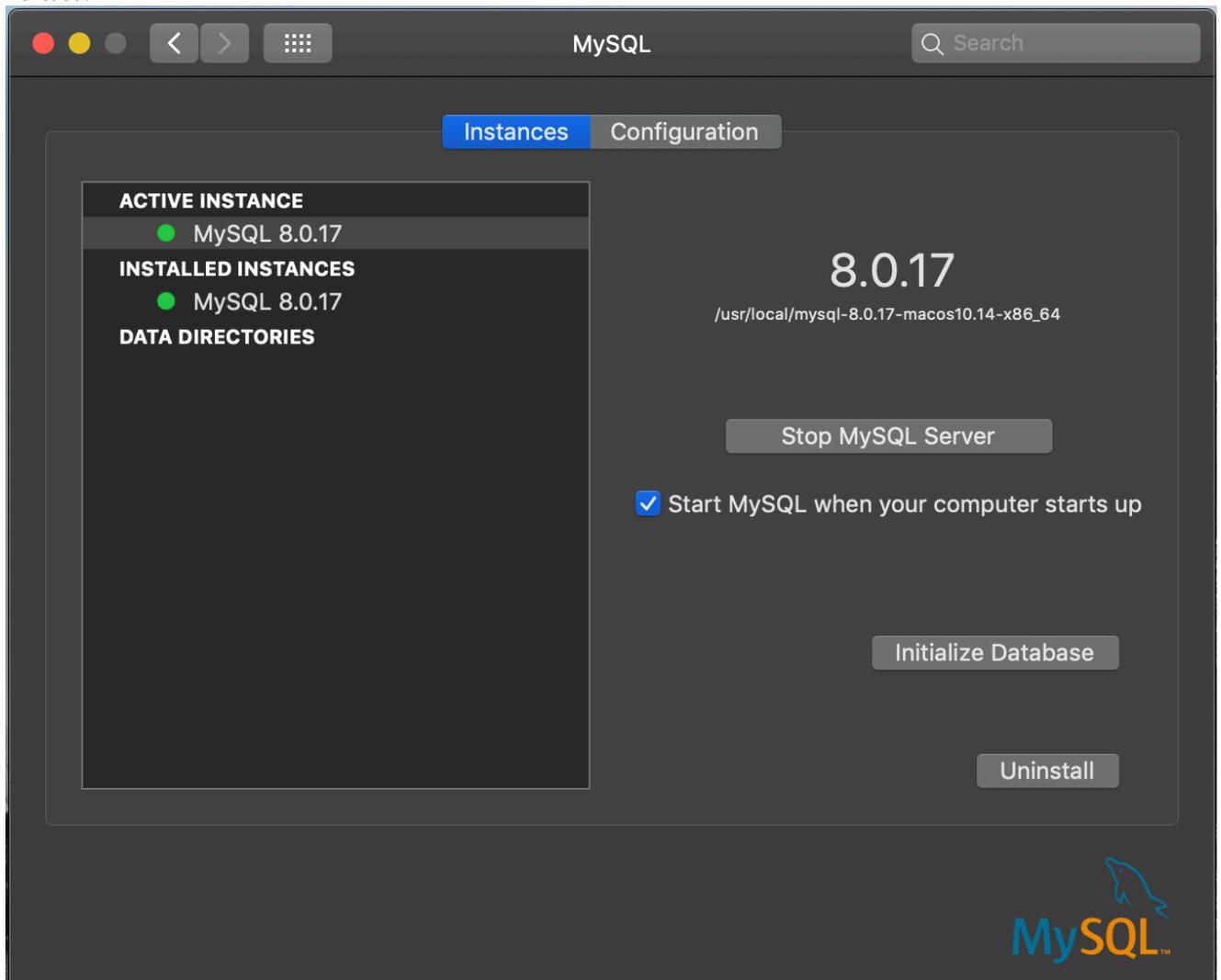
8. Especifique la “MySQL Root Password” (Contraseña raíz de MySQL) (**anote esta contraseña**), asegúrese de que la opción “Start MySQL Server once the installation is complete” (Iniciar MySQL Server cuando finalice la instalación) esté establecida y, a continuación, haga clic en “Finish” (Finalizar).



9. Una vez terminada la instalación, abra la opción Preferencias del Sistema situada en la parte superior izquierda del menú Apple. Abra MySQL en la fila inferior.

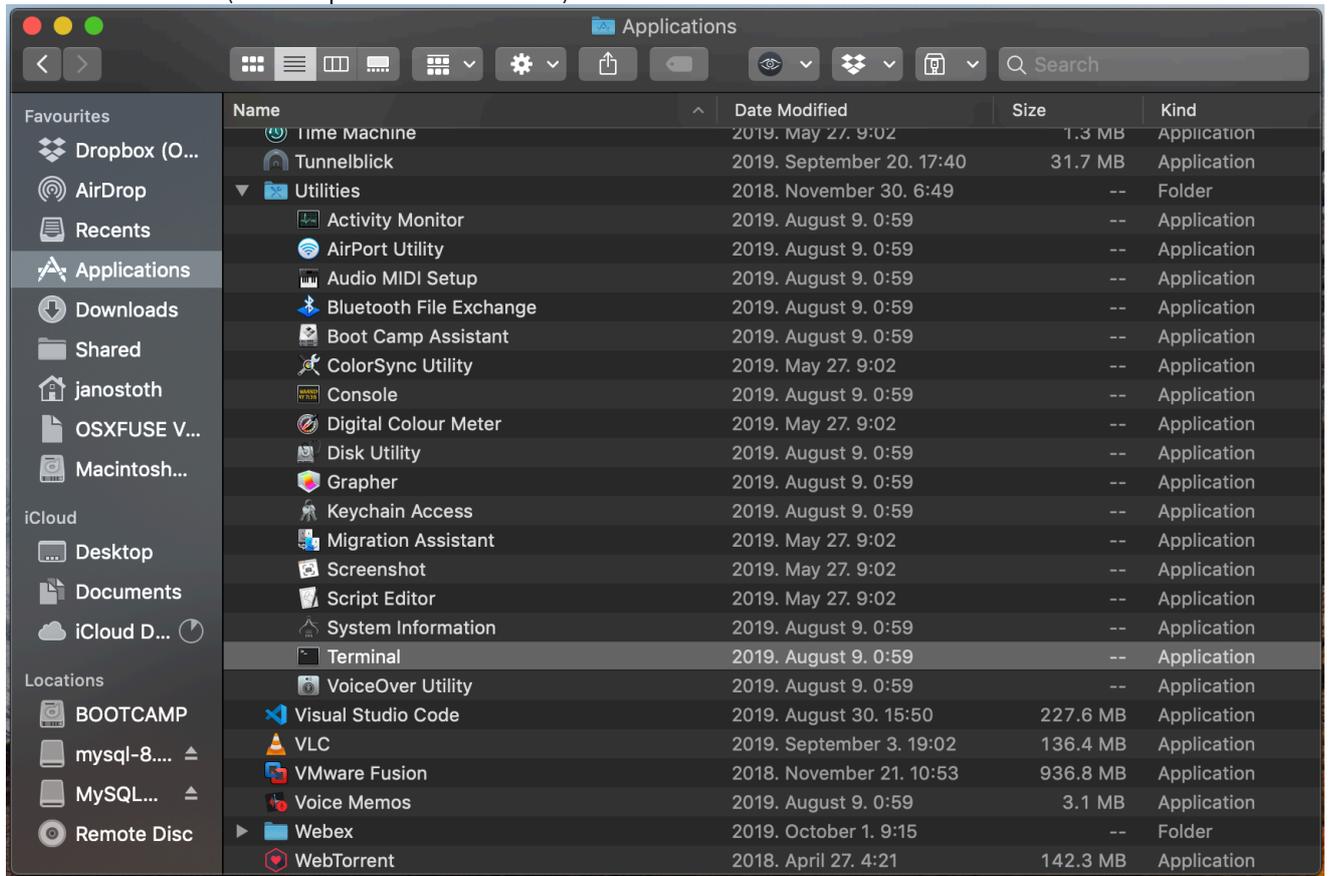


10. Asegúrese de que MySQL esté ejecutándose (punto verde situado al lado de esta opción en la lista situada a la izquierda) y que la casilla de verificación de la derecha “Start MySQL when your computer starts up” (Iniciar MySQL cuando se inicie mi ordenador) esté marcada.



11. Si todo está correcto, cierre esta ventana.

12. Abra Terminal en OSX (Finder - Aplicaciones - Utilidades).





13. Ejecute los siguientes comandos en orden secuencial.
 - a. `cd /usr/local/mysql/bin`
 - b. `./mysql -u root -p`
 - c. Escriba la contraseña raíz de MySQL que haya establecido en el instalador.
 - d. `CREATE USER 'omixon'@'localhost' IDENTIFIED BY 'omixon';`
 - e. `GRANT ALL PRIVILEGES ON omixon_database . * TO 'omixon'@'localhost';`
 - f. `FLUSH PRIVILEGES;`
 - g. `quit`

```
bin — -bash — 134x36
Last login: Tue Oct  8 18:59:34 on ttys000
Janoss-MacBook-Pro:~ janostoth$ cd /usr/local/mysql/bin/
Janoss-MacBook-Pro:bin janostoth$ ./mysql -u root -p
Enter password:
Welcome to the MySQL monitor.  Commands end with ; or \g.
Your MySQL connection id is 8
Server version: 8.0.17 MySQL Community Server - GPL

Copyright (c) 2000, 2019, Oracle and/or its affiliates. All rights reserved.

Oracle is a registered trademark of Oracle Corporation and/or its
affiliates. Other names may be trademarks of their respective
owners.

Type 'help;' or '\h' for help. Type '\c' to clear the current input statement.

[mysql> CREATE USER 'omixon'@'localhost' IDENTIFIED BY 'omixon';
Query OK, 0 rows affected (0.00 sec)

[mysql> GRANT ALL PRIVILEGES ON * . * TO 'omixon'@'localhost';
Query OK, 0 rows affected (0.00 sec)

[mysql> FLUSH PRIVILEGES;
Query OK, 0 rows affected (0.00 sec)

[mysql> quit
Bye
Janoss-MacBook-Pro:bin janostoth$
```

Si el resultado parece el mismo que el mostrado en la captura de pantalla, significa que todo está configurado correctamente. Ahora puede proceder a instalar HLA Twin.

3.4.3 Linux

Si ya dispone de un servidor **MySQL 8** en su entorno que desea usar, consulte [Configuración de una base de datos MySQL preexistente](#)(see page 39). Recomendamos utilizar una instancia local de MySQL para los usuarios de HLA Twin Desktop.

Existe una enorme cantidad de repositorios de Linux con diferentes paquetes MySQL, por lo que en este documento únicamente se proporcionará una lista de parámetros de configuración en los que tendrá que fijarse durante la configuración:

- HLA Twin únicamente funciona con la versión 8 de MySQL.
- MySQL necesita utilizar “Legacy Password Encryption” (Cifrado de contraseña heredado).
- Es posible que tenga que cambiar la directiva de contraseñas en MySQL para permitir la conexión de HLA Twin.

Después de haber instalado el servidor de MySQL 8, asegúrese de crear un nuevo usuario llamado omixon, para lo cual tendrá que escribir los siguientes comandos en el terminal:

1. `mysql -u root -p`
2. `CREATE USER 'omixon'@'localhost' IDENTIFIED BY 'omixon';`
3. `GRANT ALL PRIVILEGES ON omixon_database . * TO 'omixon'@'localhost';`
4. `FLUSH PRIVILEGES;`

Después de configurar el servidor de MySQL, puede proceder a instalar HLA Twin.

3.5 Configuración de una base de datos MySQL preexistente

HLA Twin Server permite almacenar su base de datos interna (que contiene datos de usuarios, bases de datos de referencia e información de auditoría) en una base de datos **MySQL 8** ya existente. De esta forma no tendría que configurar un servidor MySQL independiente para HLA Twin.

Recuerde que la capacidad de respuesta de la interfaz del usuario de HLA Twin dependerá de la velocidad de la red entre MySQL y HLA Twin. Su servidor MySQL debe utilizar “**Legacy Password Encryption**” (**Cifrado de contraseña heredado**) para que HLA Twin pueda conectarse con él.

Debe crear un nuevo usuario en su base de datos preexistente para permitir que HLA Twin pueda utilizarlo. Para ello, ejecute los siguientes comandos:

1. `CREATE USER 'omixon'@'localhost' IDENTIFIED BY 'omixon';`
2. `GRANT ALL PRIVILEGES ON omixon_database . * TO 'omixon'@'localhost';`
3. `FLUSH PRIVILEGES;`

Ahora HLA Twin podrá crear su propia base de datos en MySQL.

3.6 Instalación de Desktop

3.6.1 Actualización desde HLA Twin 3.1.3 o versiones anteriores

- No podrá actualizar su versión anterior de HLA Twin 3.1.3 Desktop tal y como era posible en versiones anteriores. Asimismo, el instalador no le permitirá instalar el nuevo HLA Twin en la misma carpeta en la que estaba instalada la versión anterior.
- La base de datos interna de su instalación antigua debe migrarse **para conservar los datos de sus usuarios y la información de auditoría**. La migración forma parte del proceso de instalación (paso 8). Para obtener más información, consulte [Migración de una base de datos](#)(see page 71).
- Una vez que haya finalizado correctamente la instalación y migración, puede desinstalar del ordenador las versiones anteriores de HLA Twin Desktop.

3.6.2 Instalación de HLA Twin Desktop

Antes de proceder con la instalación de HLA Twin, tendrá que instalar el servidor de base de datos MySQL 8. Consulte el capítulo *Instalación de MySQL* para obtener más información.

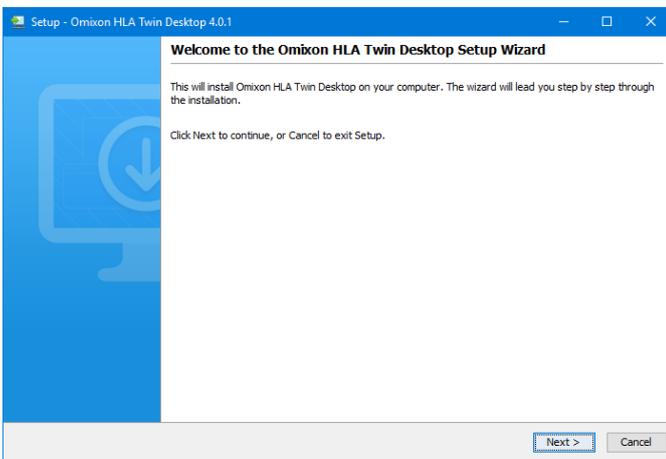


Este paso depende del sistema operativo que esté utilizando.

- **Usuarios de Windows:** Abra el instalador (omixon_hla_twin_XXX_windows-x64_with_jre-**desktop**.exe).
- **Usuarios de Linux:** Abra una ventana de terminal, obtenga los permisos para el instalador (chmod +x omixon_hla_twin_XXX_unix_with_jre-**desktop**.sh) y, a continuación, ejecútelos.

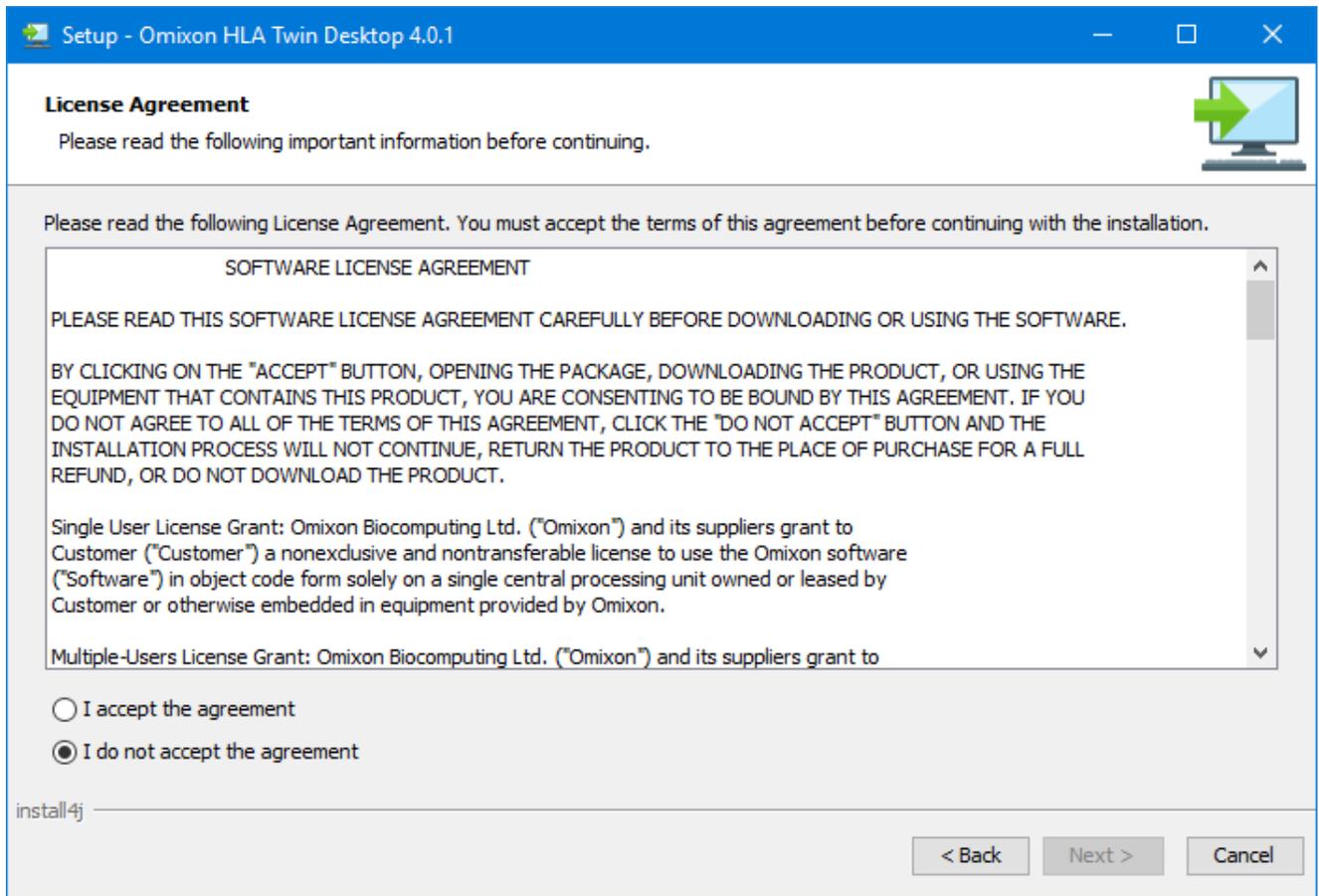
Usuarios de OS X: Abra el instalador

(omixon_hla_twin_XXX_macos_with_jre-**desktop**.dmg) (si está usando OS X 10.14.6 Mojave o una versión posterior, es posible que aparezca un mensaje de error. En ese caso, escríbanos a la dirección de correo electrónico support@omixon.com⁶).



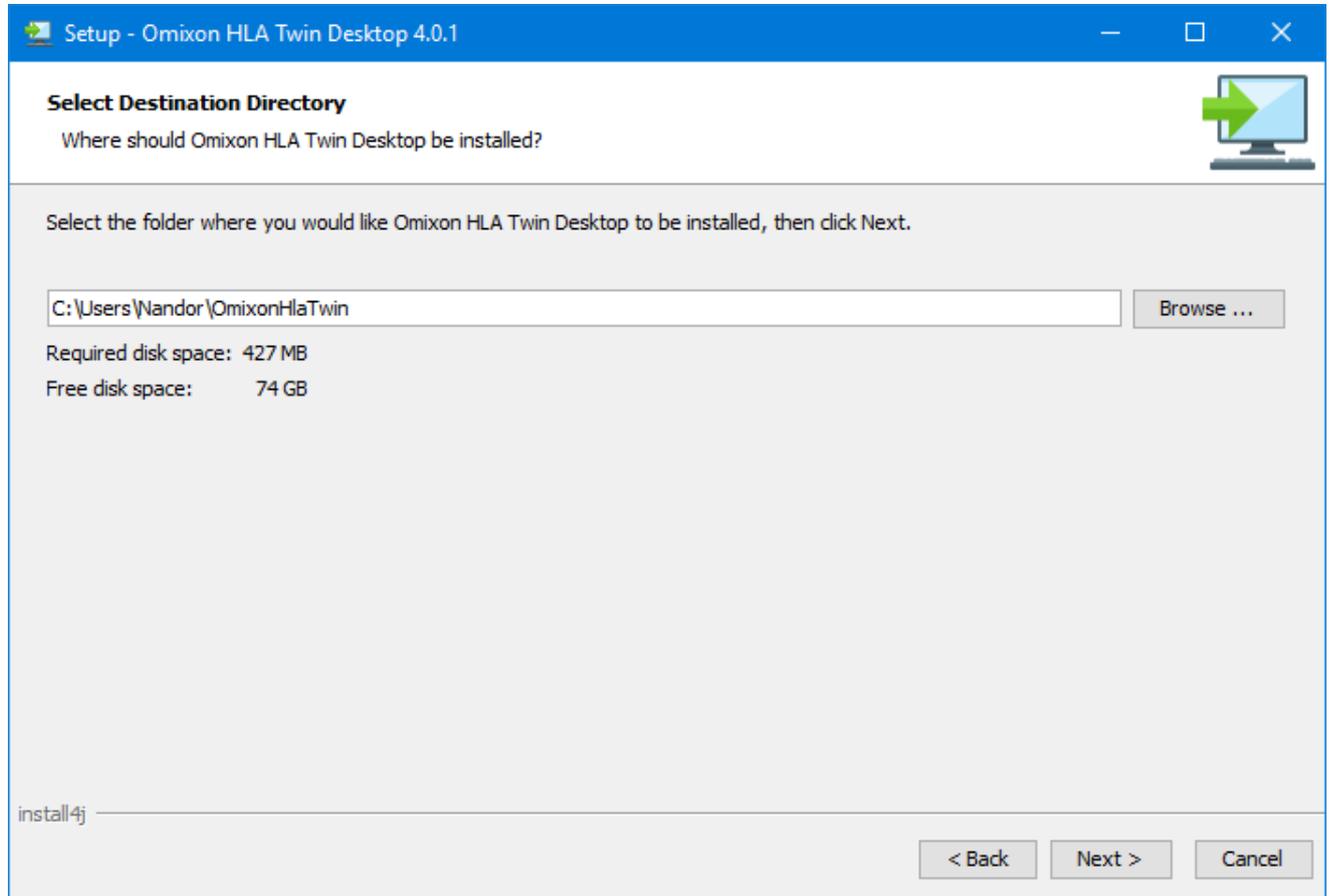
⁶ <mailto:support@omixon.com>

1. Acepte el acuerdo de licencia.

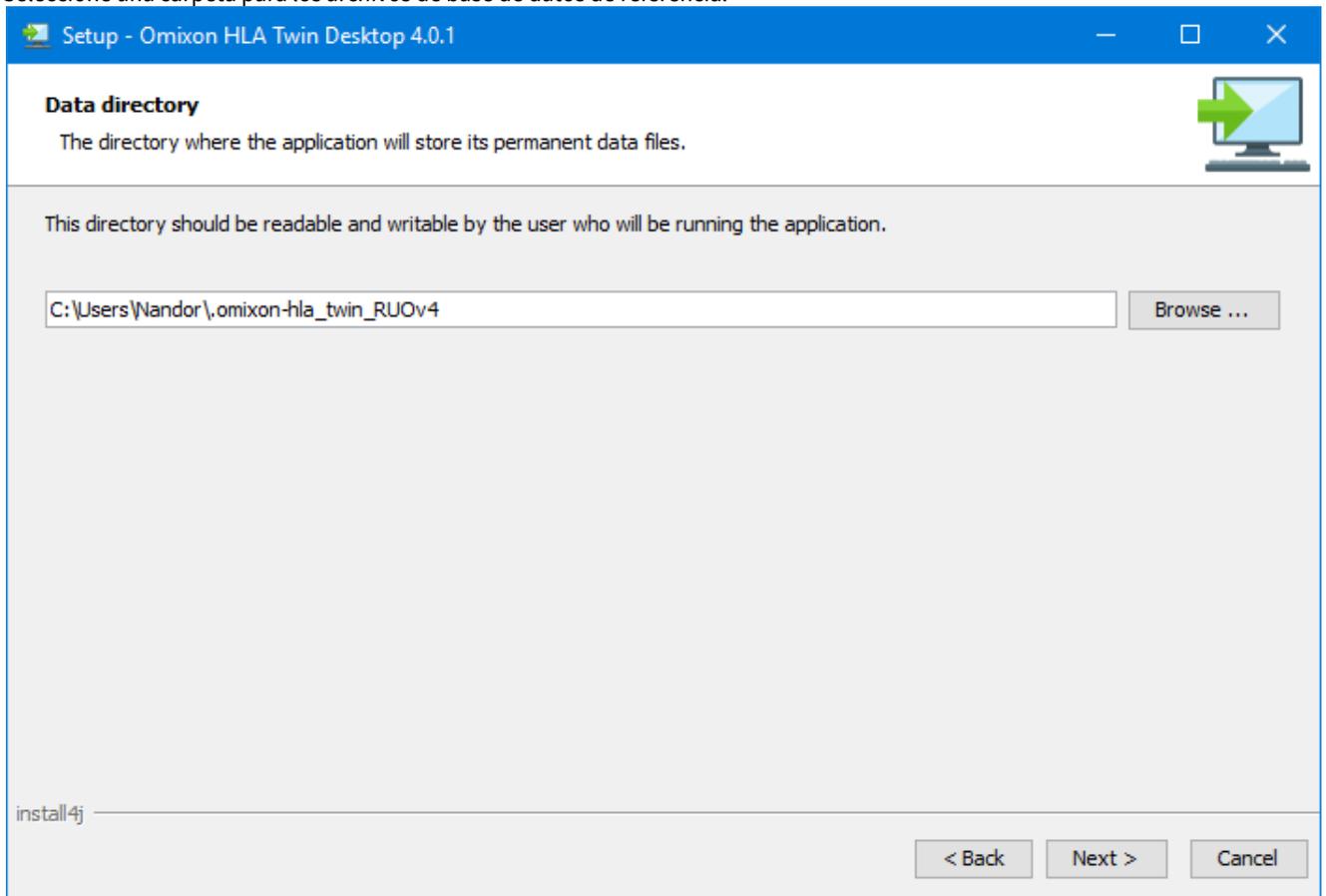


2. Seleccione una carpeta de instalación.

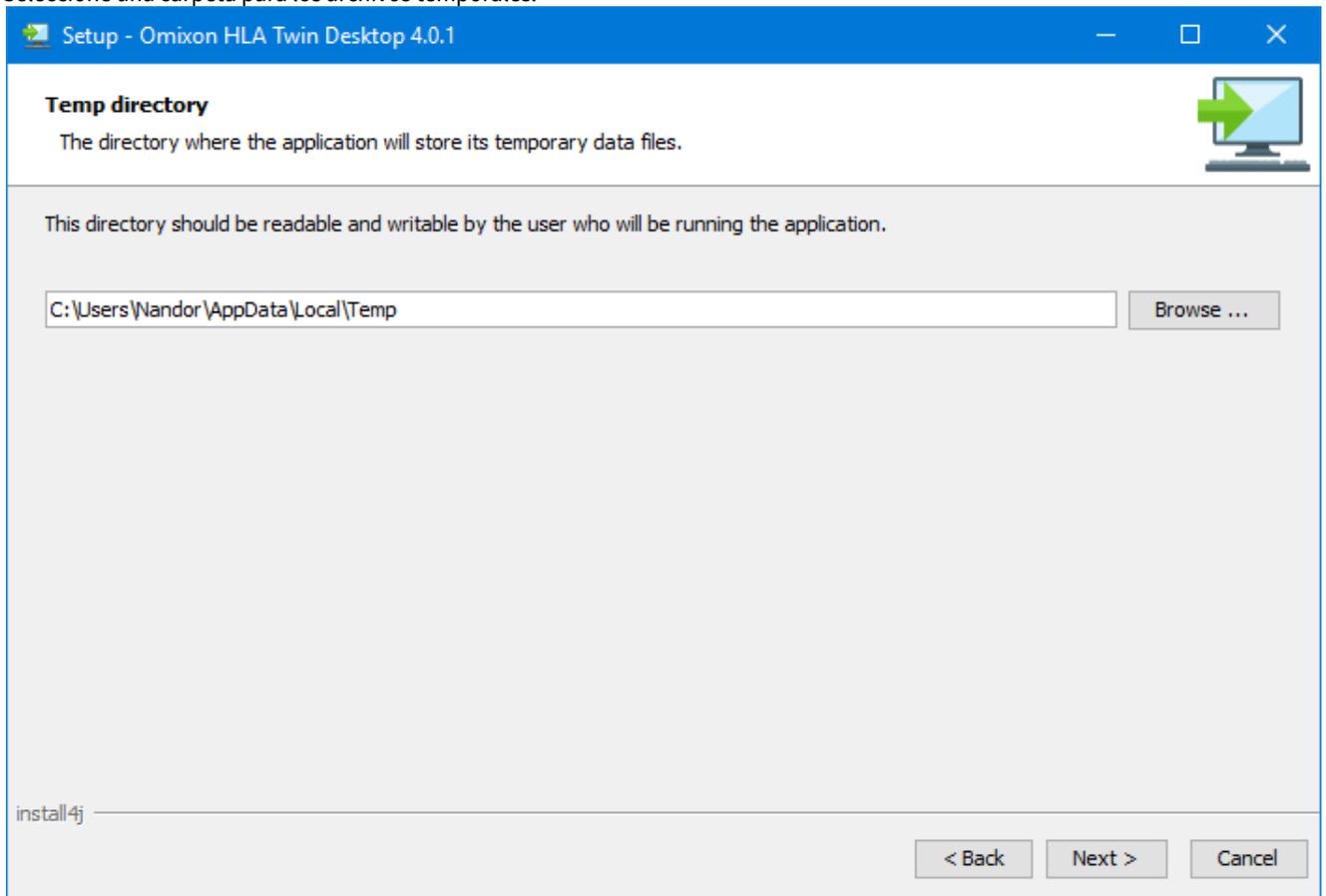
Los usuarios de Windows deben tener en cuenta que quizá les interese cambiar el directorio de destino para que otros usuarios de Windows puedan acceder al software (esto mismo se aplica a otras carpetas de instalación usadas en los próximos pasos).



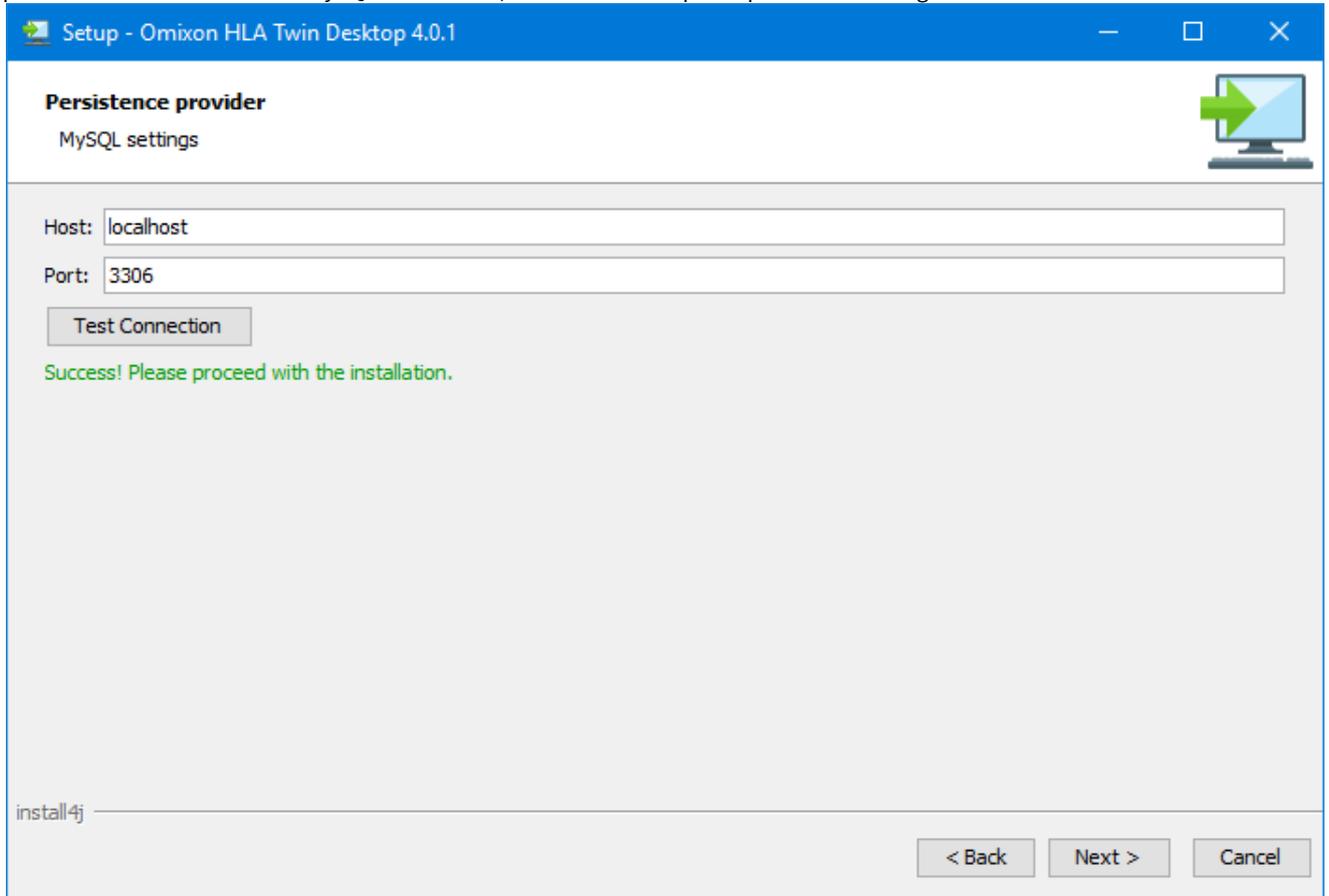
3. Seleccione una carpeta para los archivos de base de datos de referencia.



4. Seleccione una carpeta para los archivos temporales.

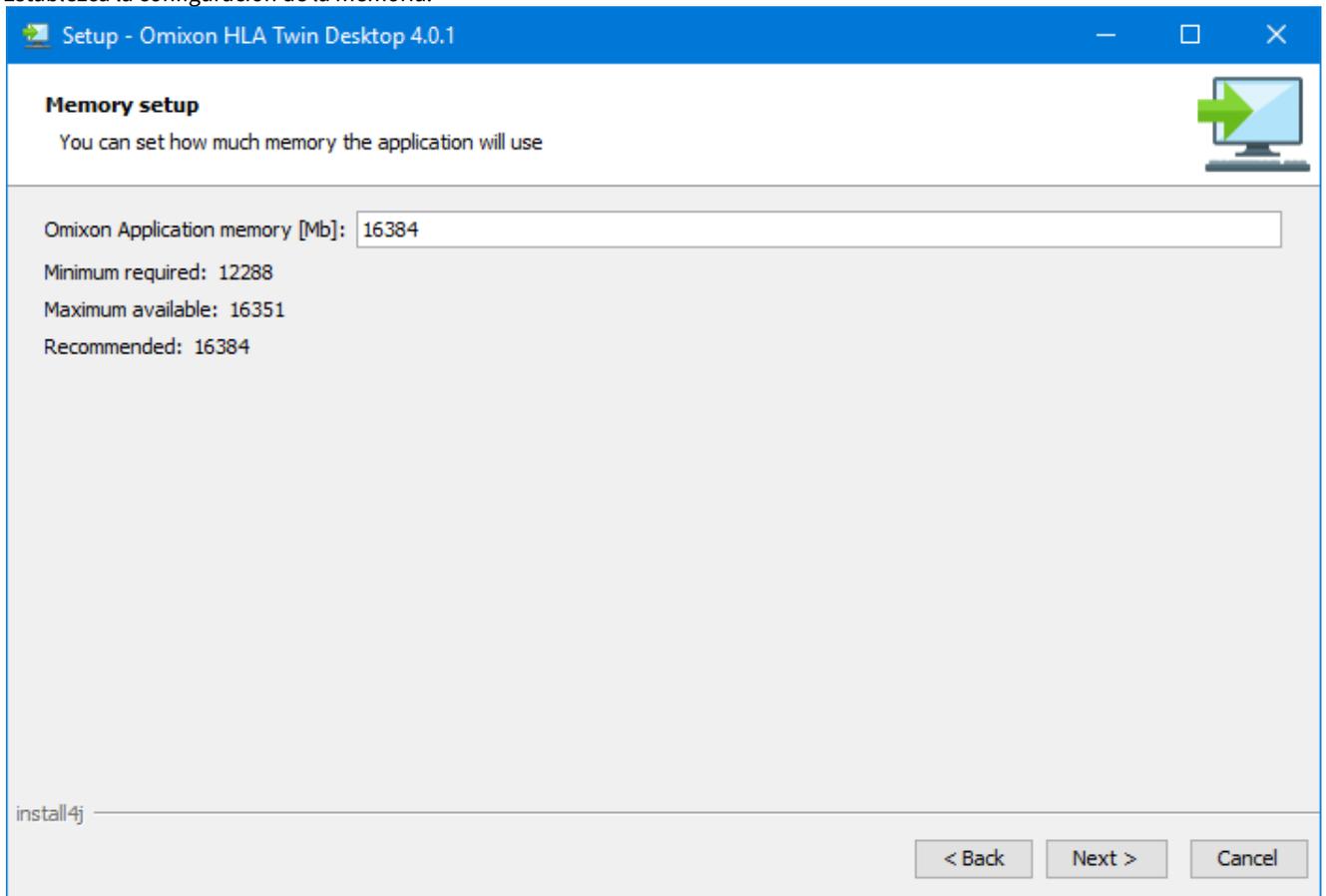


5. Especifique la dirección IP y el número de puerto para la base de datos MySQL (la configuración predeterminada debería funcionar perfectamente si ha instalado MySQL a nivel local). Consulte este capítulo para obtener las guías de instalación.

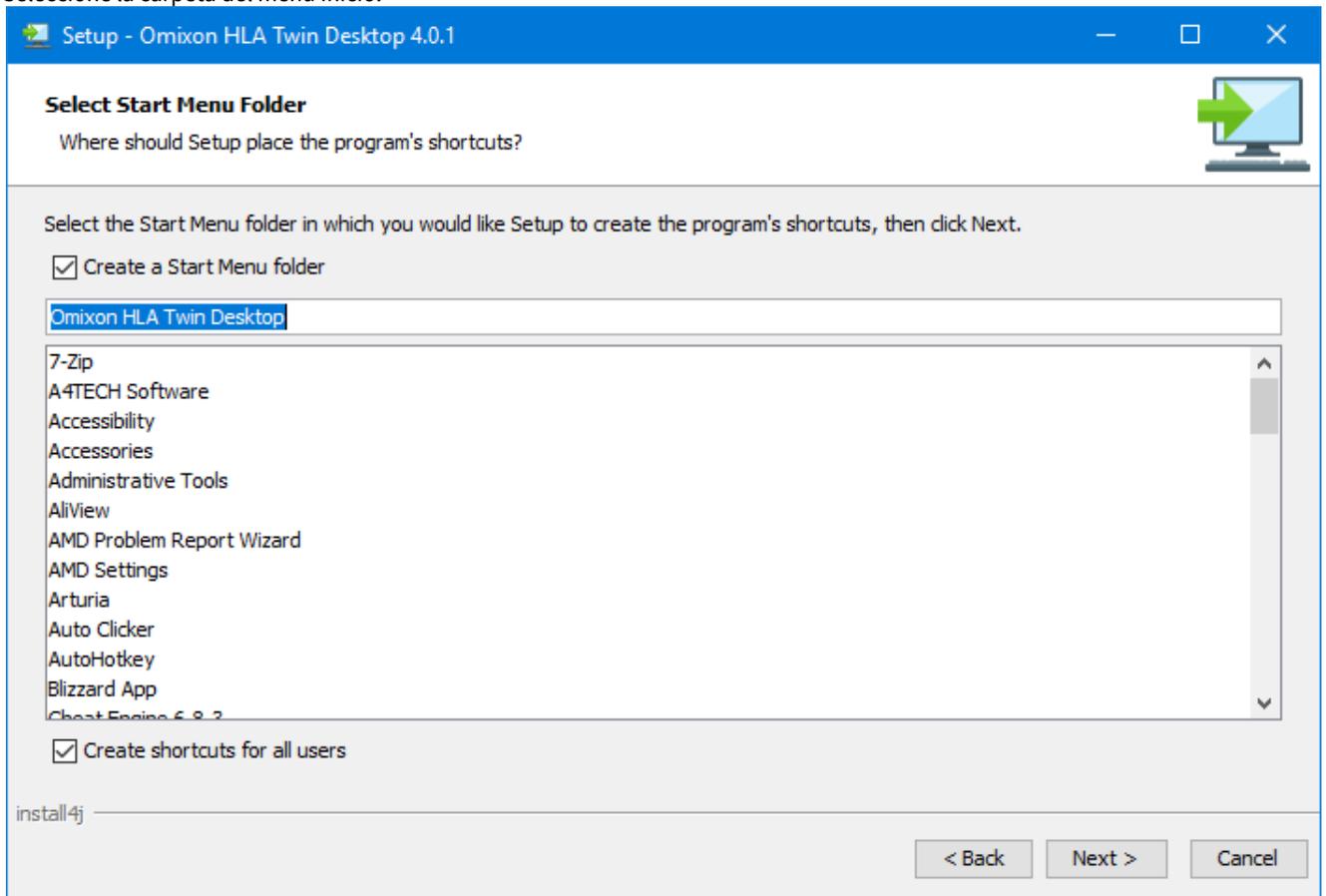


No podrá continuar hasta que la prueba de conexión finalice correctamente.

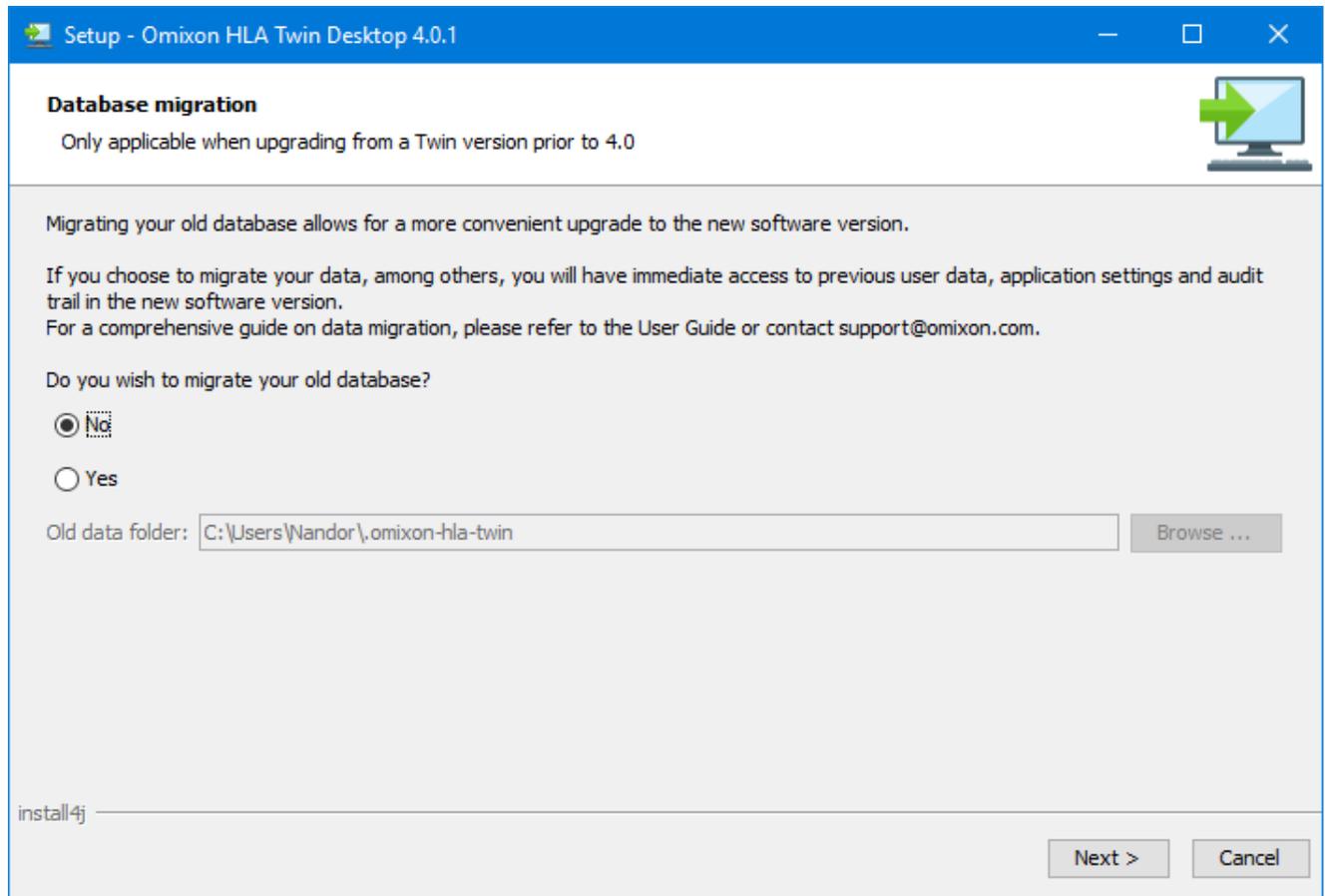
6. Establezca la configuración de la memoria.



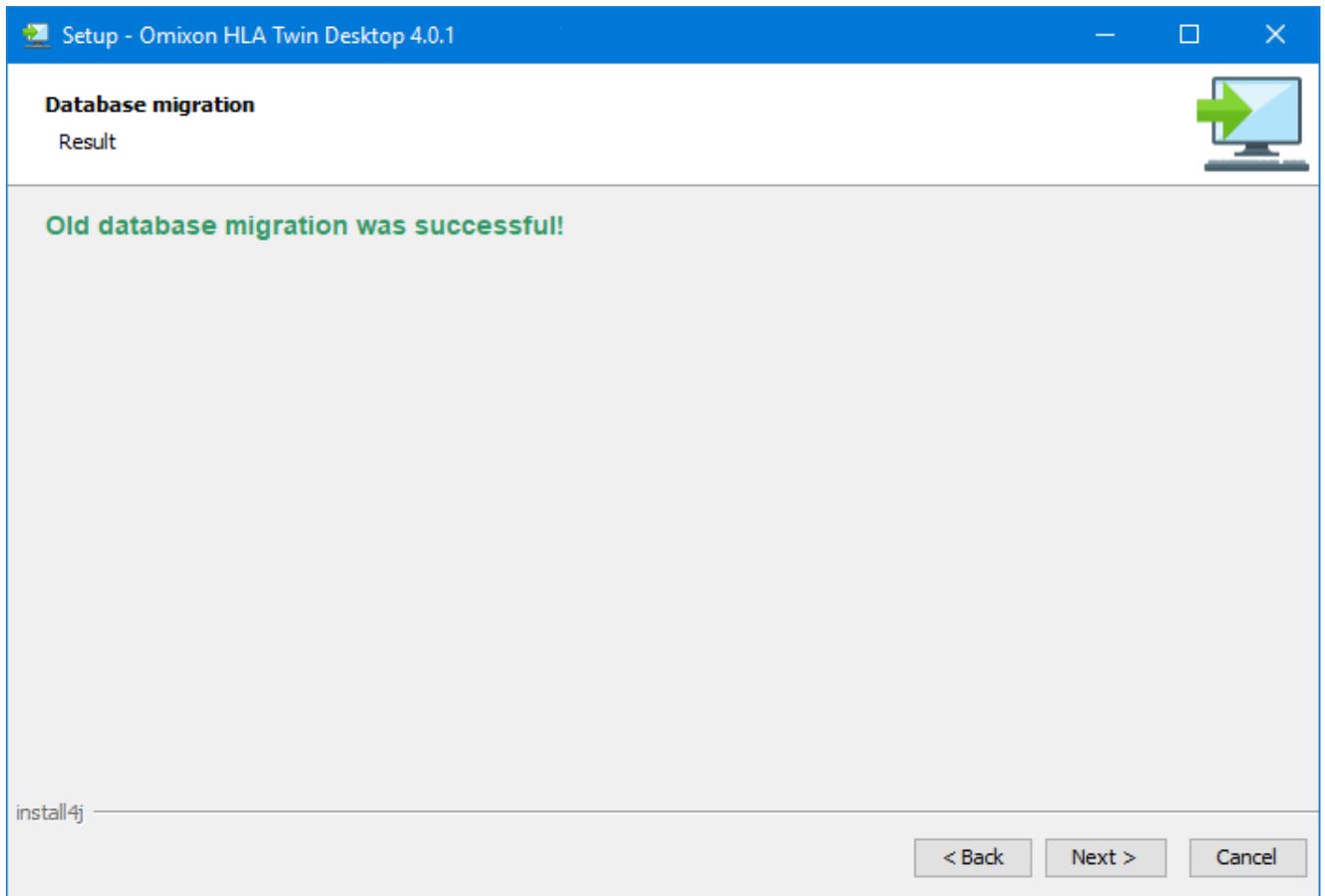
7. Seleccione la carpeta del menú Inicio.



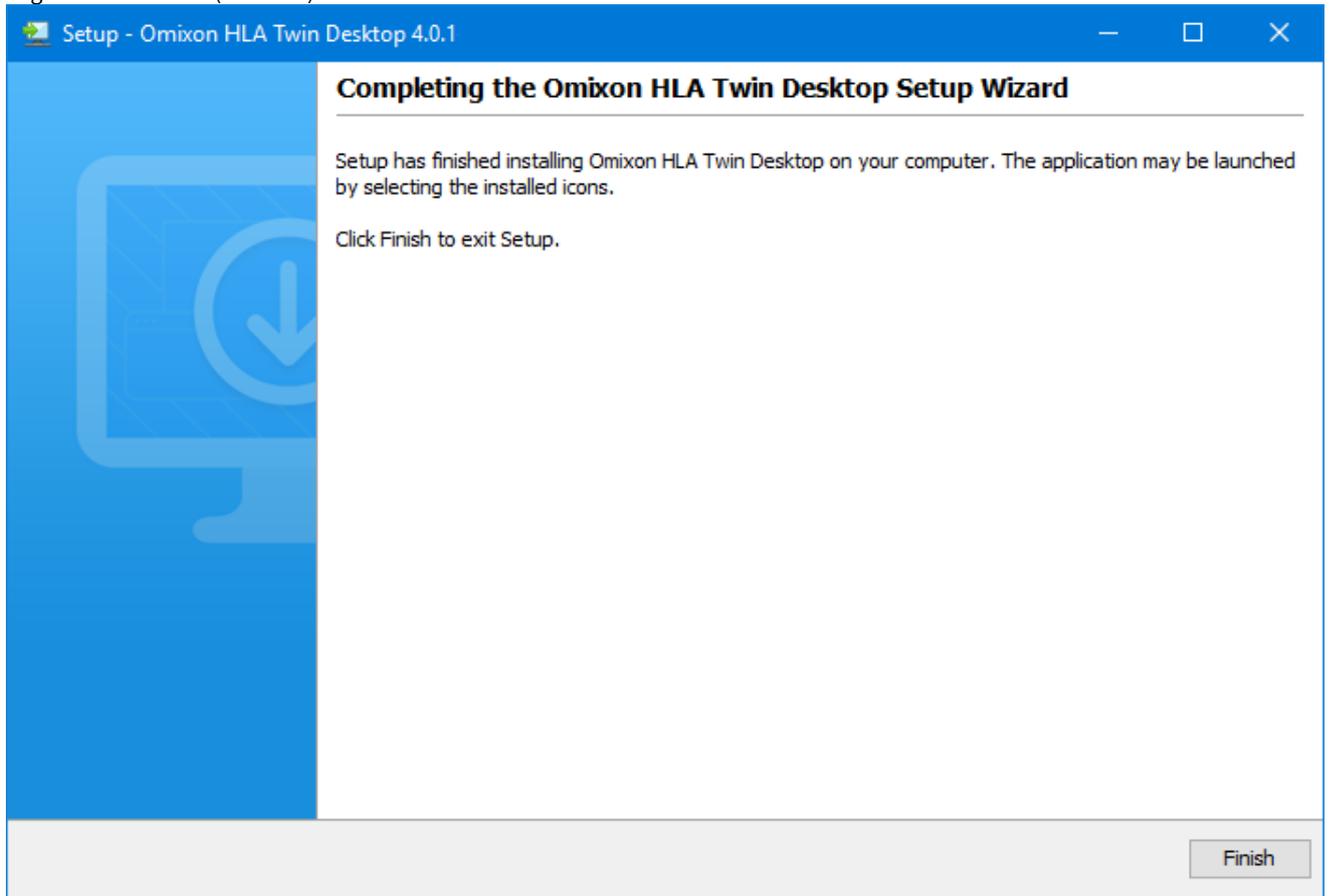
8. Una vez finalizada la instalación, el instalador le ofrece la opción de migrar su base de datos antigua.
- **Si es un nuevo usuario:** seleccione “No” y haga clic en “Next” (Siguiente).
 - **Si va a actualizar desde la versión 3.1.3 de HLA Twin o una versión anterior:** contemple la opción de migrar la base de datos antigua para conservar su información de auditoría. Para obtener más información, consulte [Migración de una base de datos](#)(see page 39).



Si ha seleccionado “Yes” (Sí), aparecerá el siguiente mensaje cuando la migración se haya realizado correctamente.



9. Haga clic en “Finish” (Finalizar).



3.7 Instalación de Server independiente

3.7.1 Actualización desde HLA Twin 3.1.3 o versiones anteriores

- No podrá actualizar su versión anterior de HLA Twin 3.1.3 Server tal y como era posible en versiones anteriores. Asimismo, el instalador no le permitirá instalar HLA Twin 4.0.0 en la misma carpeta en la que estaba instalada la versión más antigua.
- La base de datos interna de su instalación antigua debe migrarse **para conservar los datos de sus usuarios y la información de auditoría**. La migración forma parte del proceso de instalación (paso 11). Para obtener más información, consulte el capítulo [Migración de una base de datos](#)(see page 71).
- Una vez que haya finalizado correctamente la instalación y migración, puede desinstalar del ordenador las versiones anteriores de HLA Twin Server.
- Recuerde que la versión del software de HLA Twin Client y HLA Twin Server tiene que coincidir.
- En la nueva versión de HLA Twin Server no existe el servicio **HLA Twin Typer Server NG**, por lo que un servicio se encargará de los análisis y las instancias de Client.

3.7.2 Notas antes de la instalación

Base de datos: Antes de proceder con la instalación de HLA Twin, **tendrá que instalar el servidor de base de datos MySQL 8**. Consulte el capítulo *Instalación de MySQL* para obtener más información.

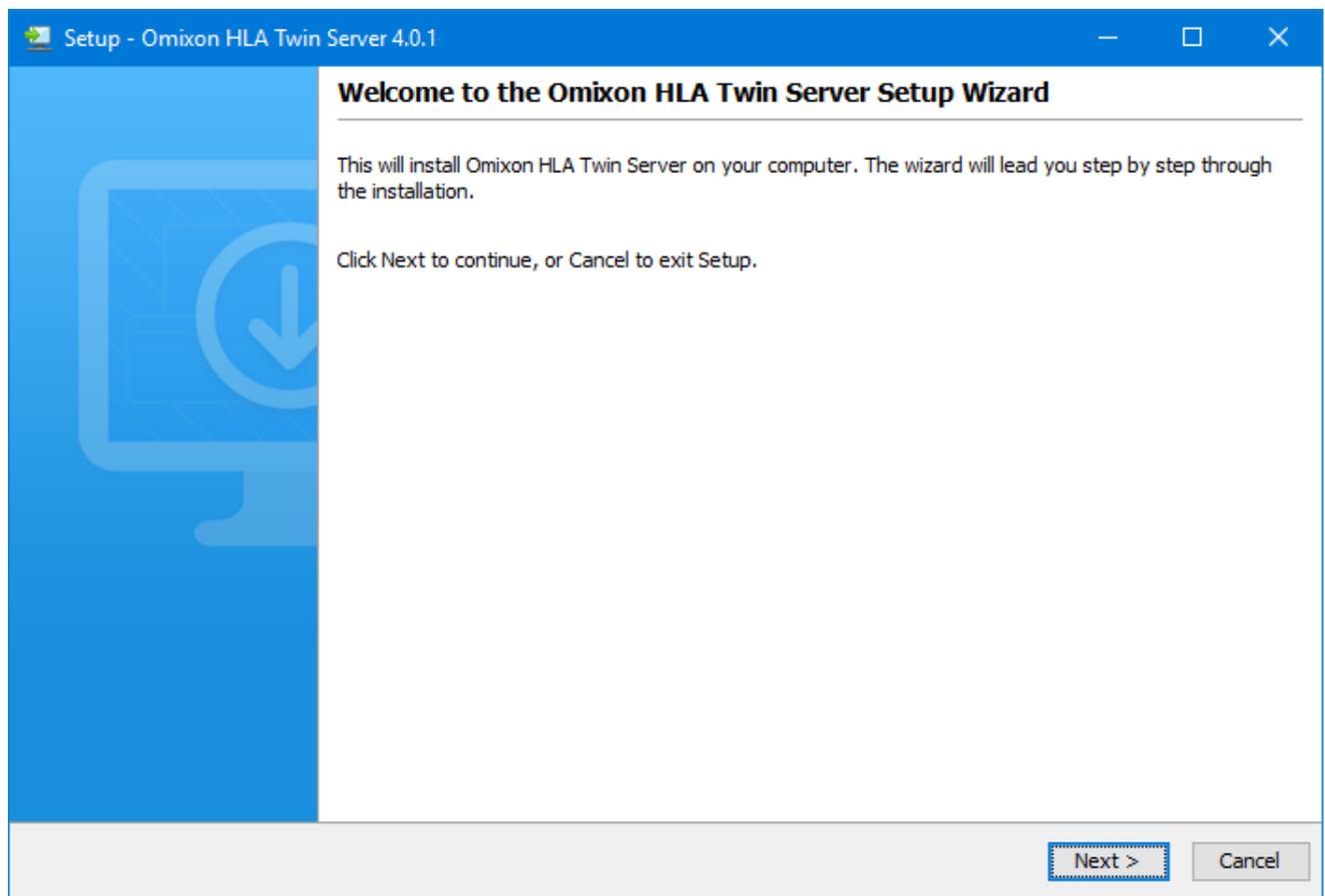
Conexión en red: HLA Twin Server se comunica con las instancias de HLA Twin Client a través de los puertos 4380 y 4381 de manera predeterminada, por lo que tiene que asegurarse de que estén habilitados en su firewall.

Servicio de Windows: HLA Twin Server se ejecutará como el servicio Omixon HLA Twin NG Server en Windows, que está configurado de manera predeterminada para que se inicie automáticamente.

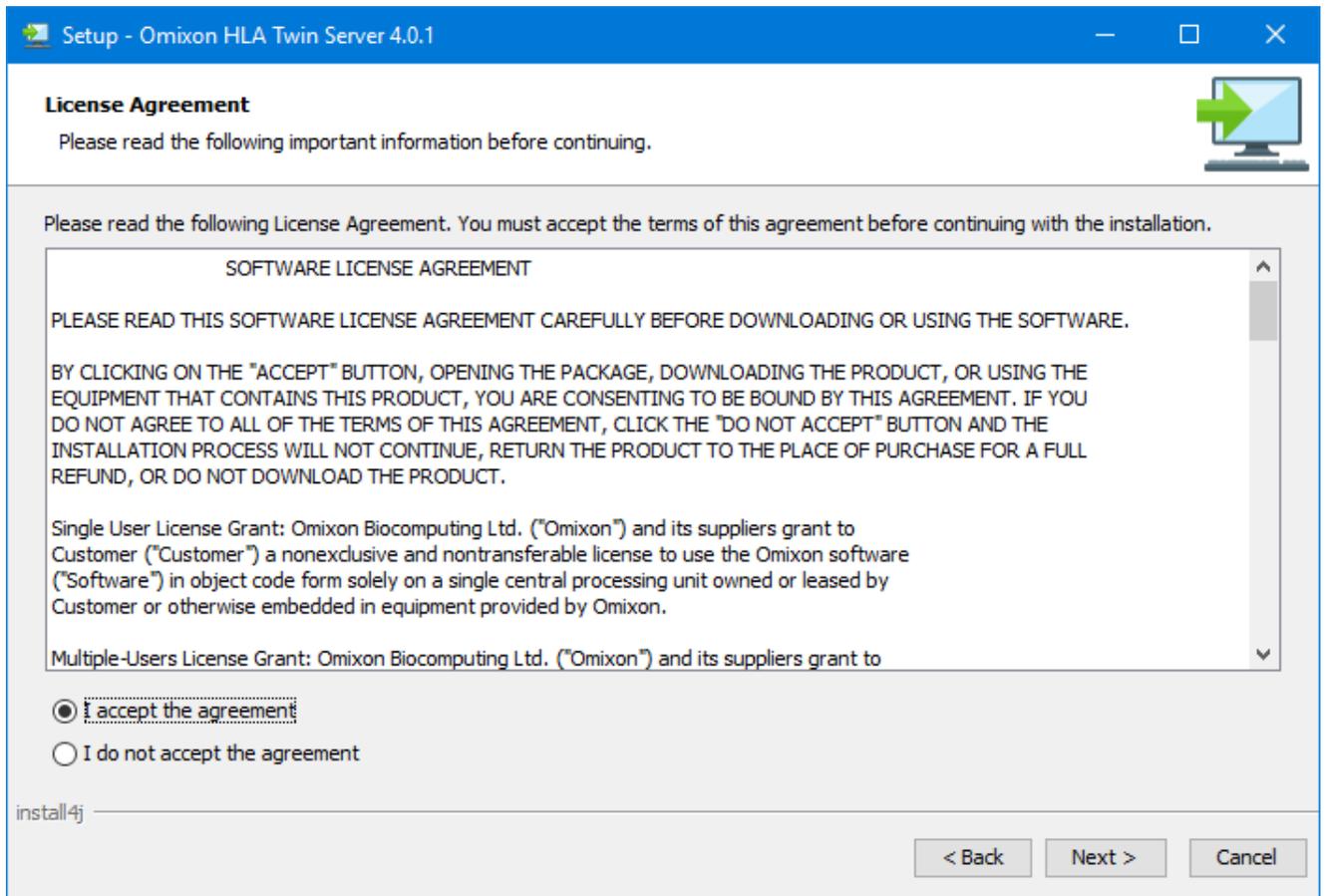
3.7.3 Instalación de HLA Twin Server

1. Este paso depende del sistema operativo que esté utilizando.

- **Usuarios de Windows:** abra el instalador (omixon_hla_twin_XXX_windows-x64_with_jre-**serverclient**.exe).
- **Usuarios de Linux:** abra una ventana de terminal, obtenga los permisos para el instalador (`chmod +x omixon_hla_twin_XXX_unix_with_jre-serverclient.sh`) y, a continuación, ejecútelo.

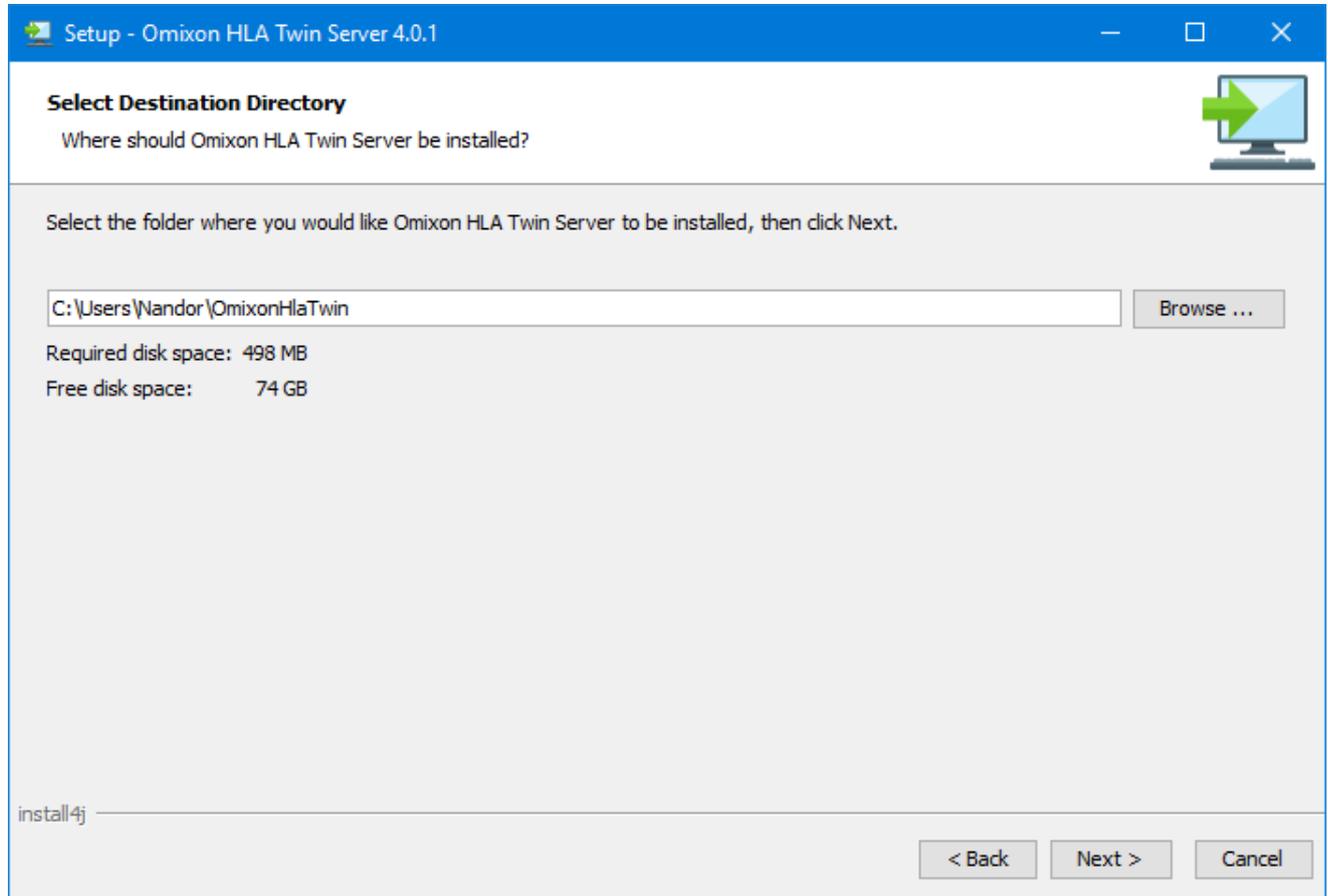


2. Acepte el acuerdo de licencia.

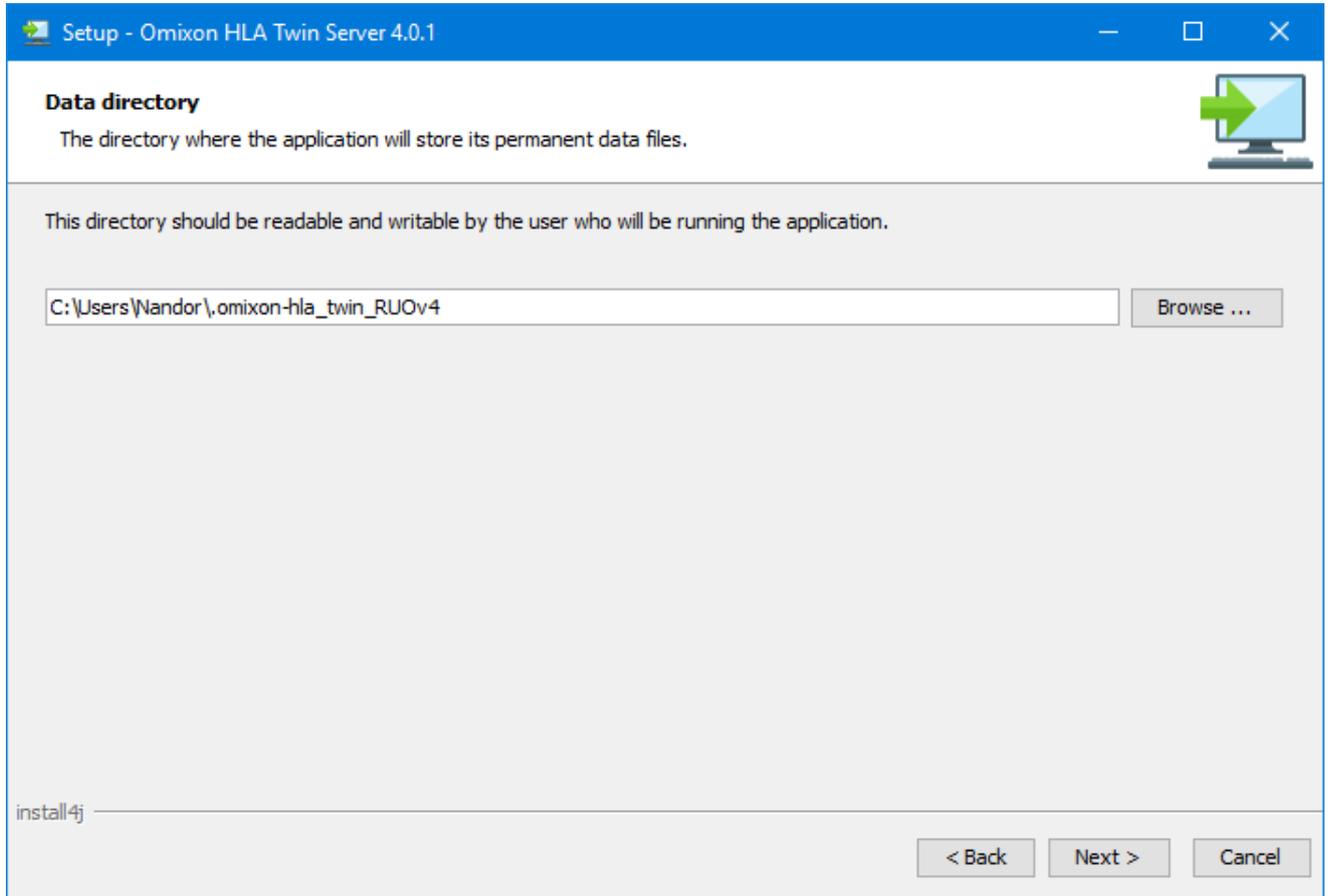


3. Seleccione una carpeta de instalación.

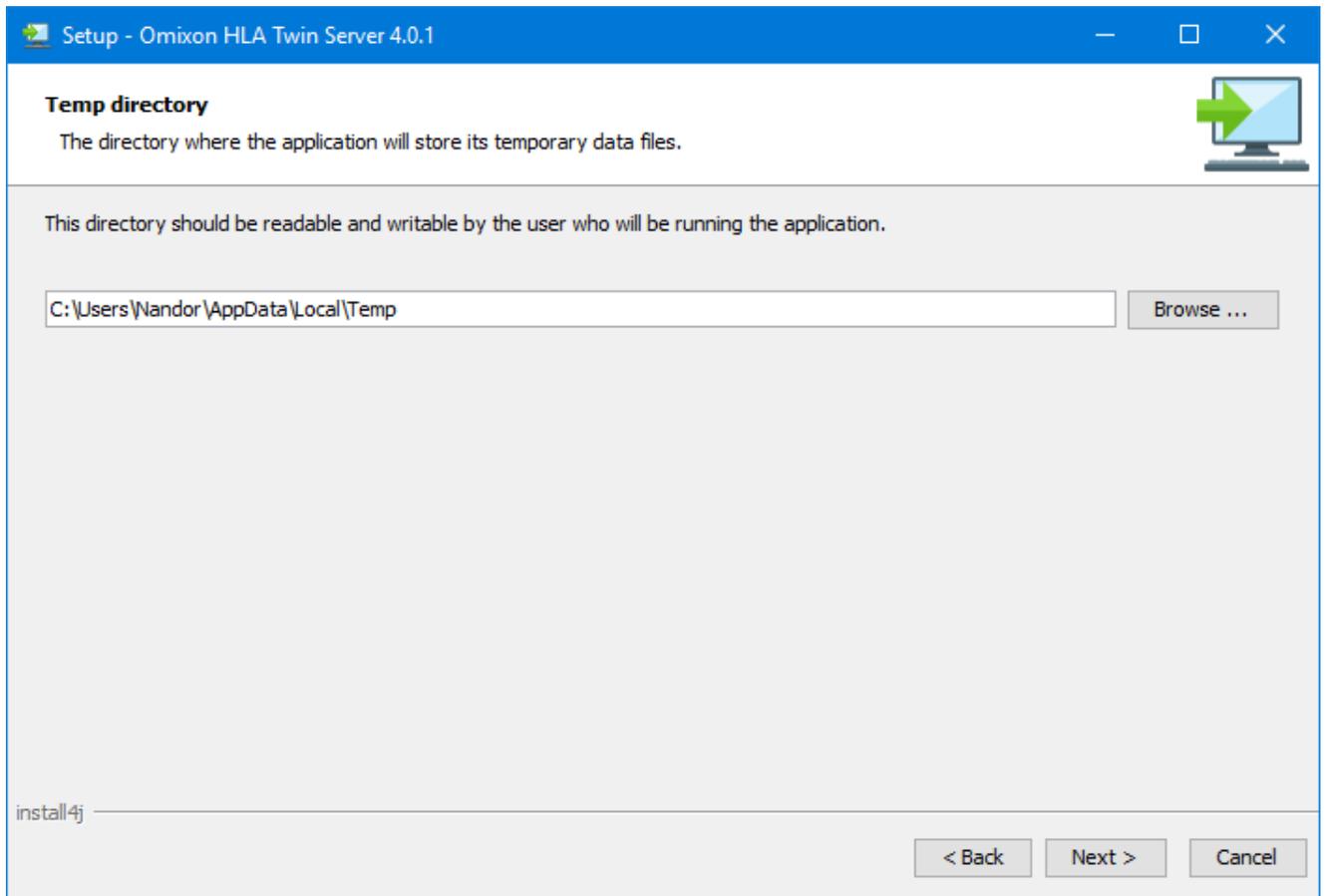
Los usuarios de Windows deben tener en cuenta que quizá les interese cambiar el directorio de destino para que otros usuarios de Windows puedan acceder al software (esto mismo se aplica a otras carpetas de instalación usadas en los próximos pasos).



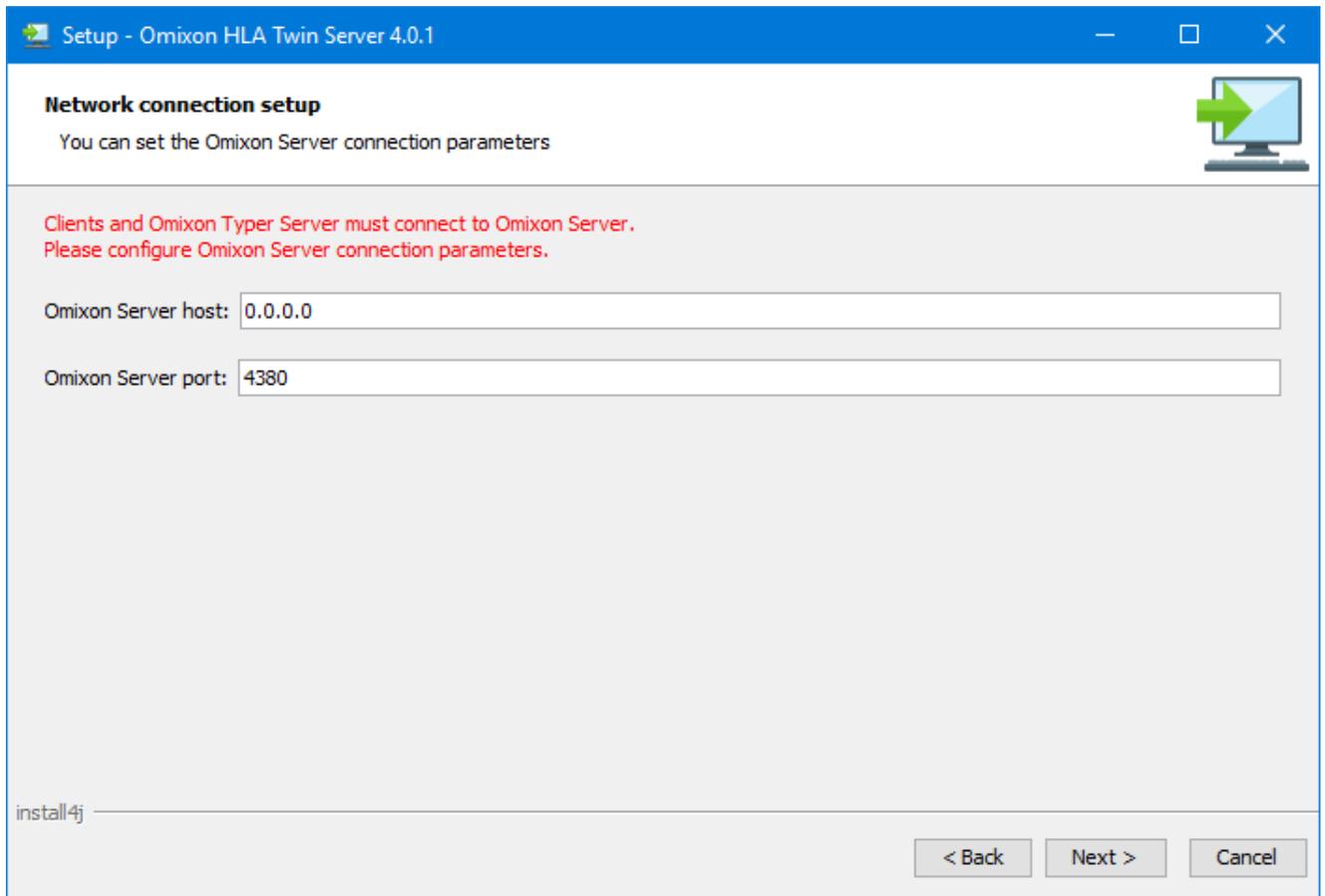
4. Seleccione una carpeta para los archivos de base de datos de referencia.



5. Seleccione una carpeta para los archivos temporales.

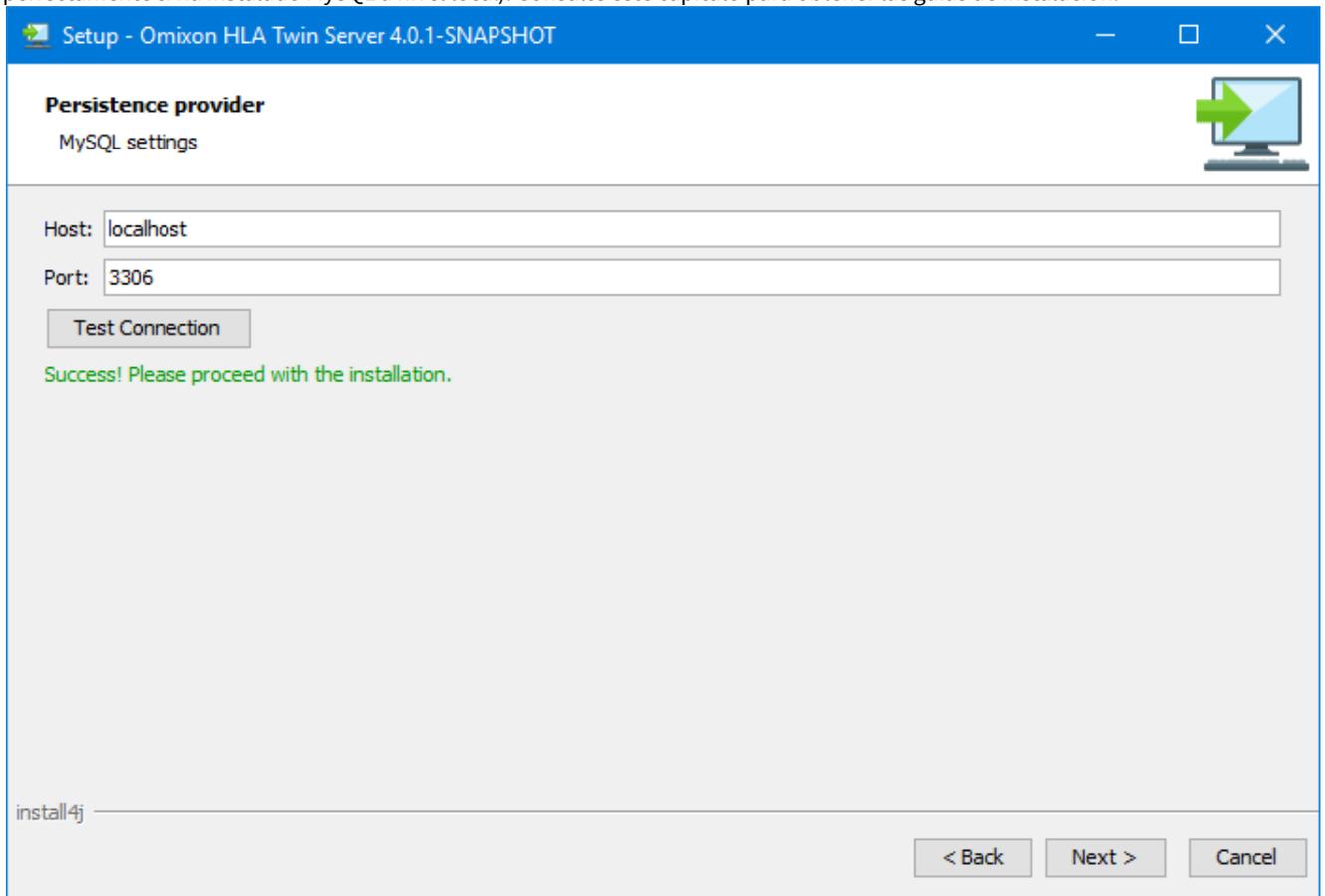


6. Configure la dirección IP y el número de puerto que usará HLA Twin Server para la comunicación (IP local).



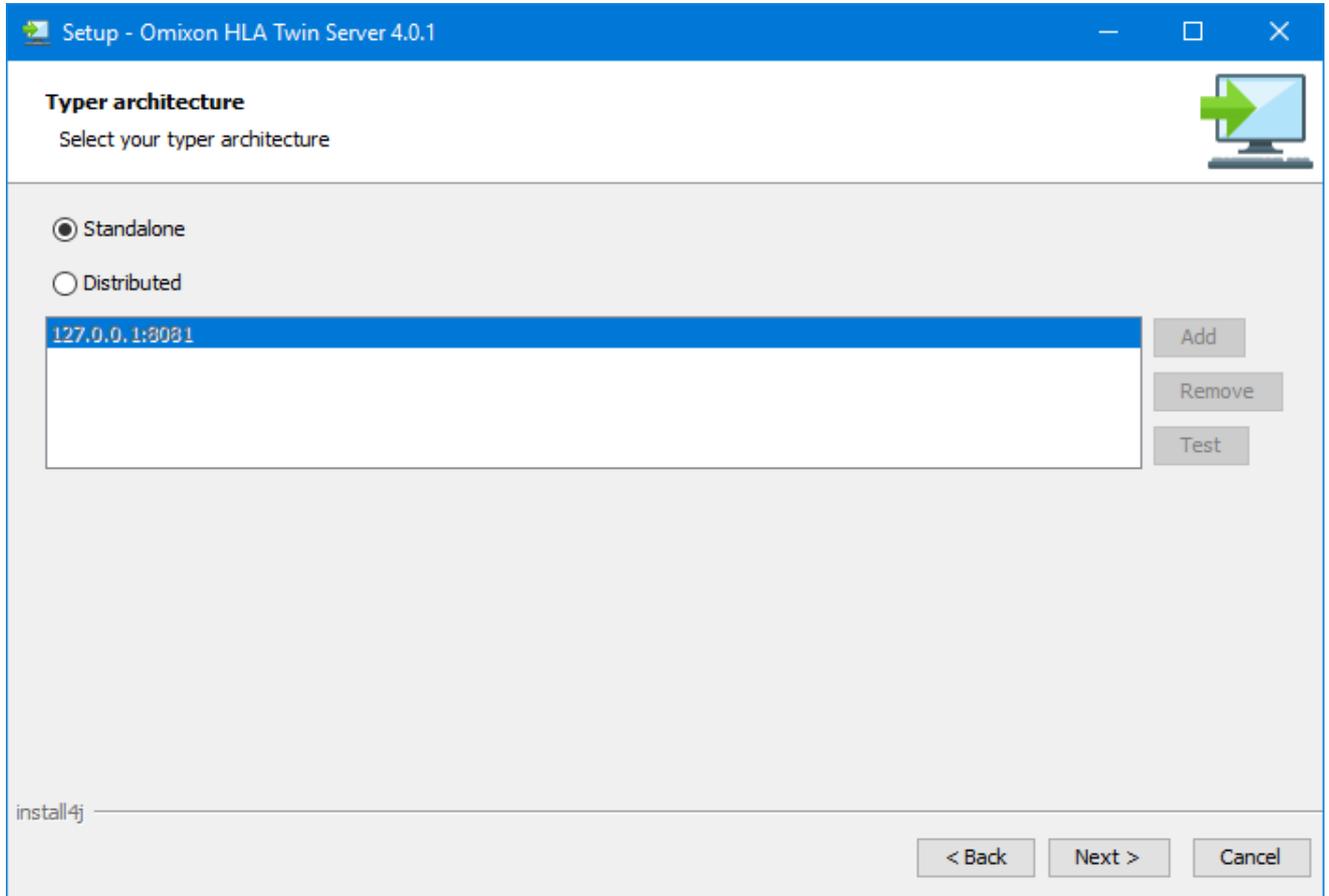
The screenshot shows a Windows-style window titled "Setup - Omixon HLA Twin Server 4.0.1". The window has a blue title bar with standard minimize, maximize, and close buttons. The main content area is titled "Network connection setup" and includes a sub-header "You can set the Omixon Server connection parameters" and a green arrow icon pointing right. A red warning message reads: "Clients and Omixon Typer Server must connect to Omixon Server. Please configure Omixon Server connection parameters." Below this, there are two input fields: "Omixon Server host:" with the value "0.0.0.0" and "Omixon Server port:" with the value "4380". At the bottom left, the text "install4j" is visible. At the bottom right, there are three buttons: "< Back", "Next >", and "Cancel".

7. Especifique la dirección IP y el número de puerto para la base de datos MySQL (la configuración predeterminada debería funcionar perfectamente si ha instalado MySQL a nivel local). Consulte este capítulo para obtener las guías de instalación.

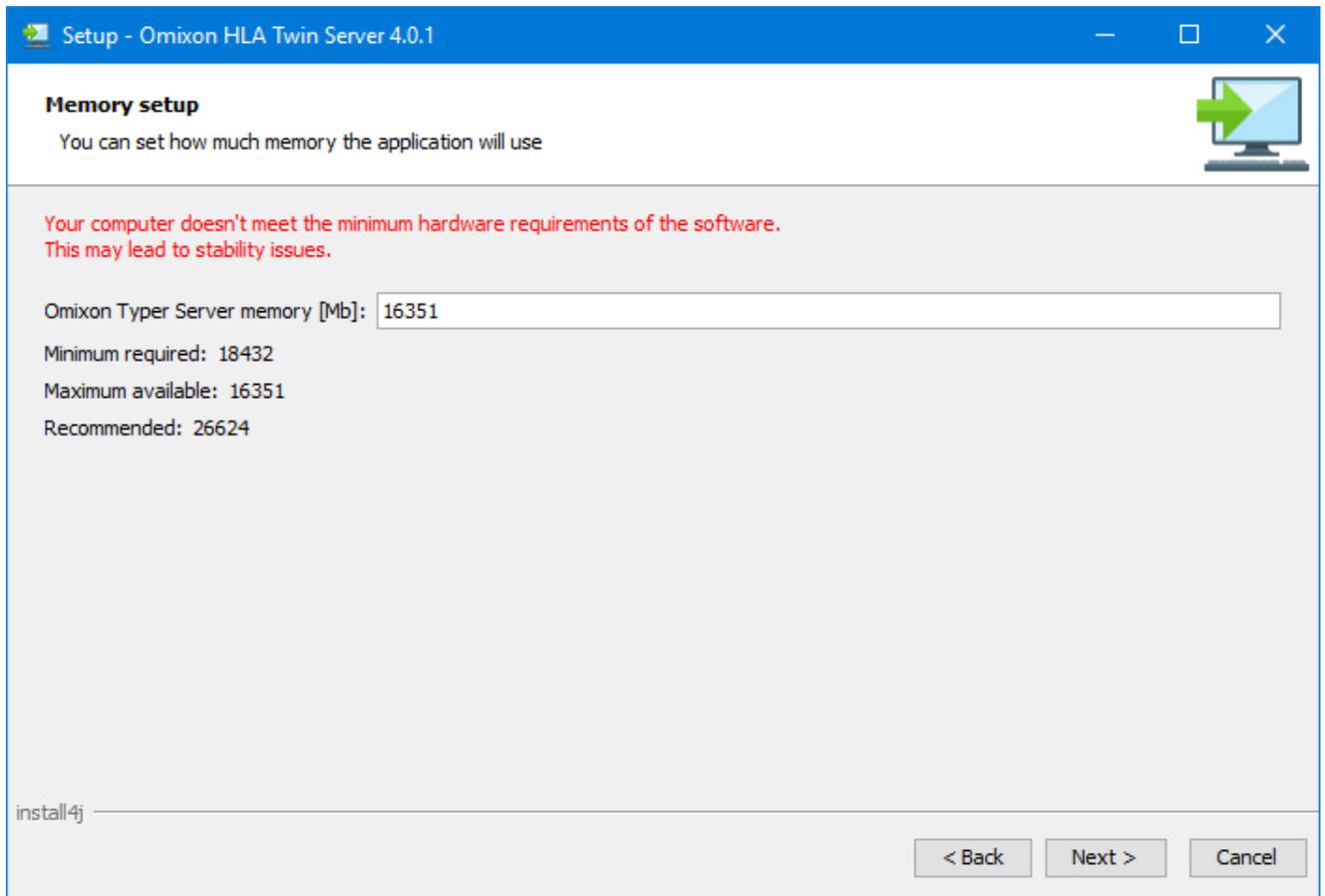


No podrá continuar hasta que la prueba de conexión finalice correctamente.

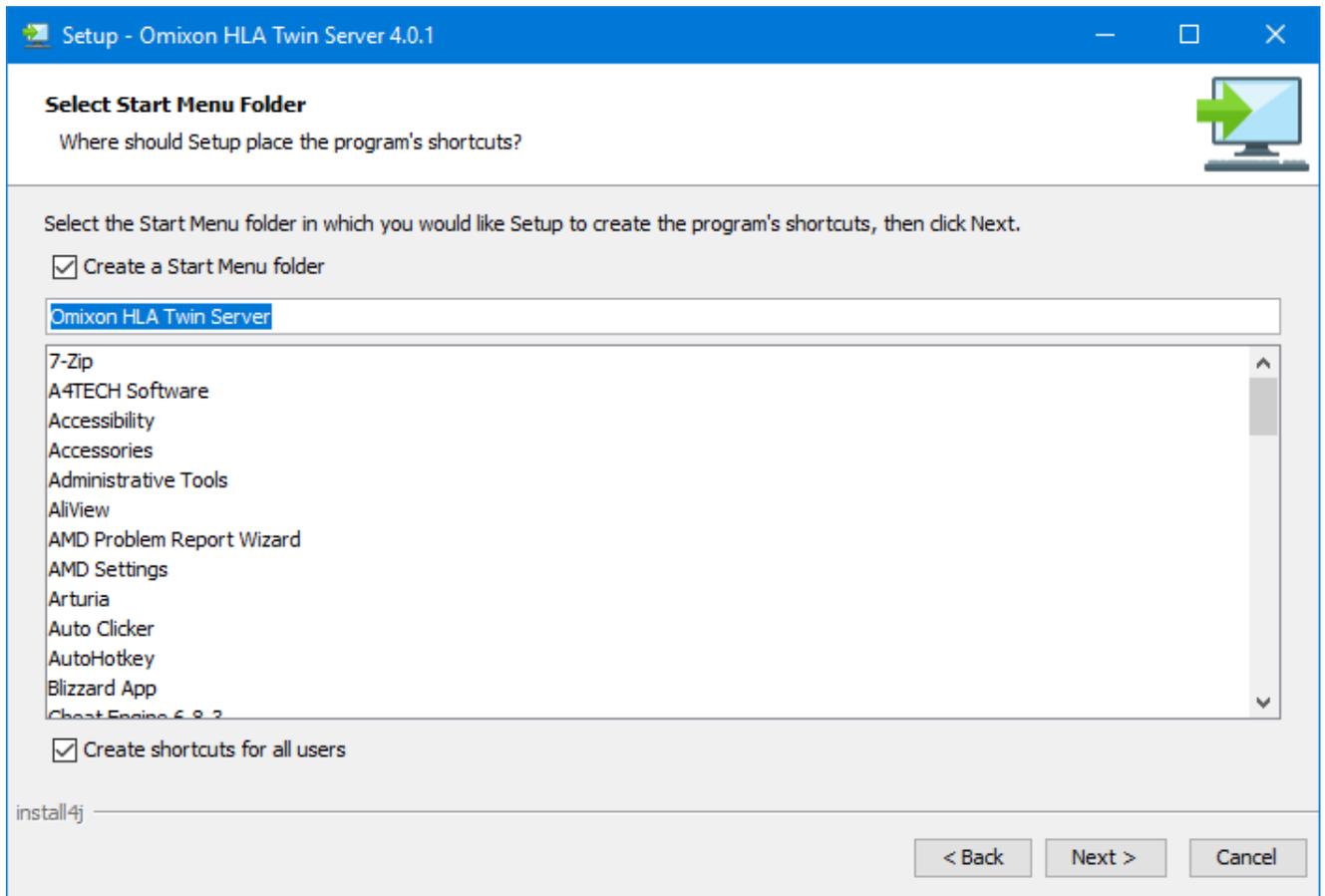
8. Seleccione la arquitectura independiente (para conocer la configuración distribuida con varios HLA Twin Typers en servidores independientes, consulte las instrucciones del capítulo [Server \(distribuido\)](#), (see page 50))



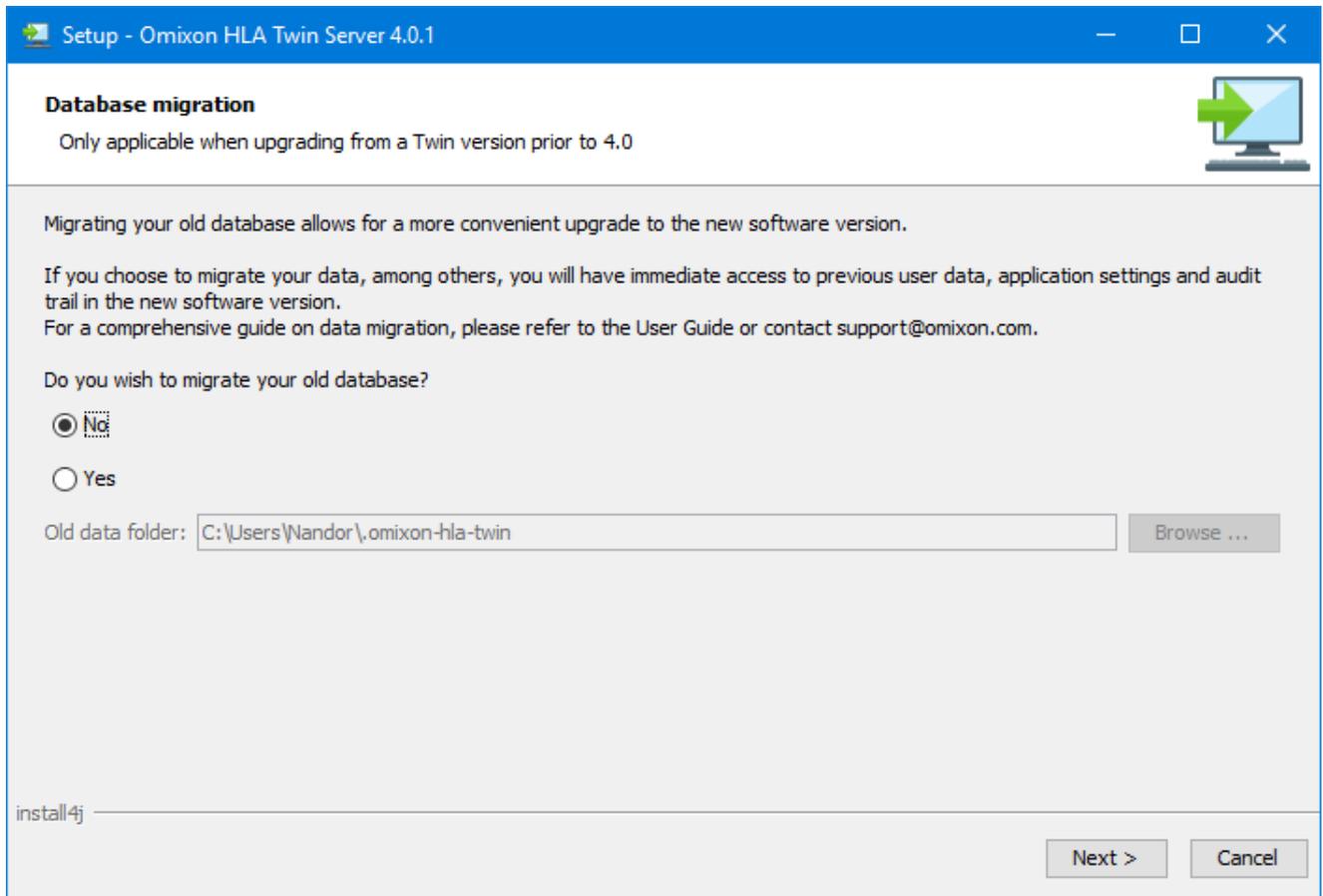
9. Establezca la configuración de la memoria.



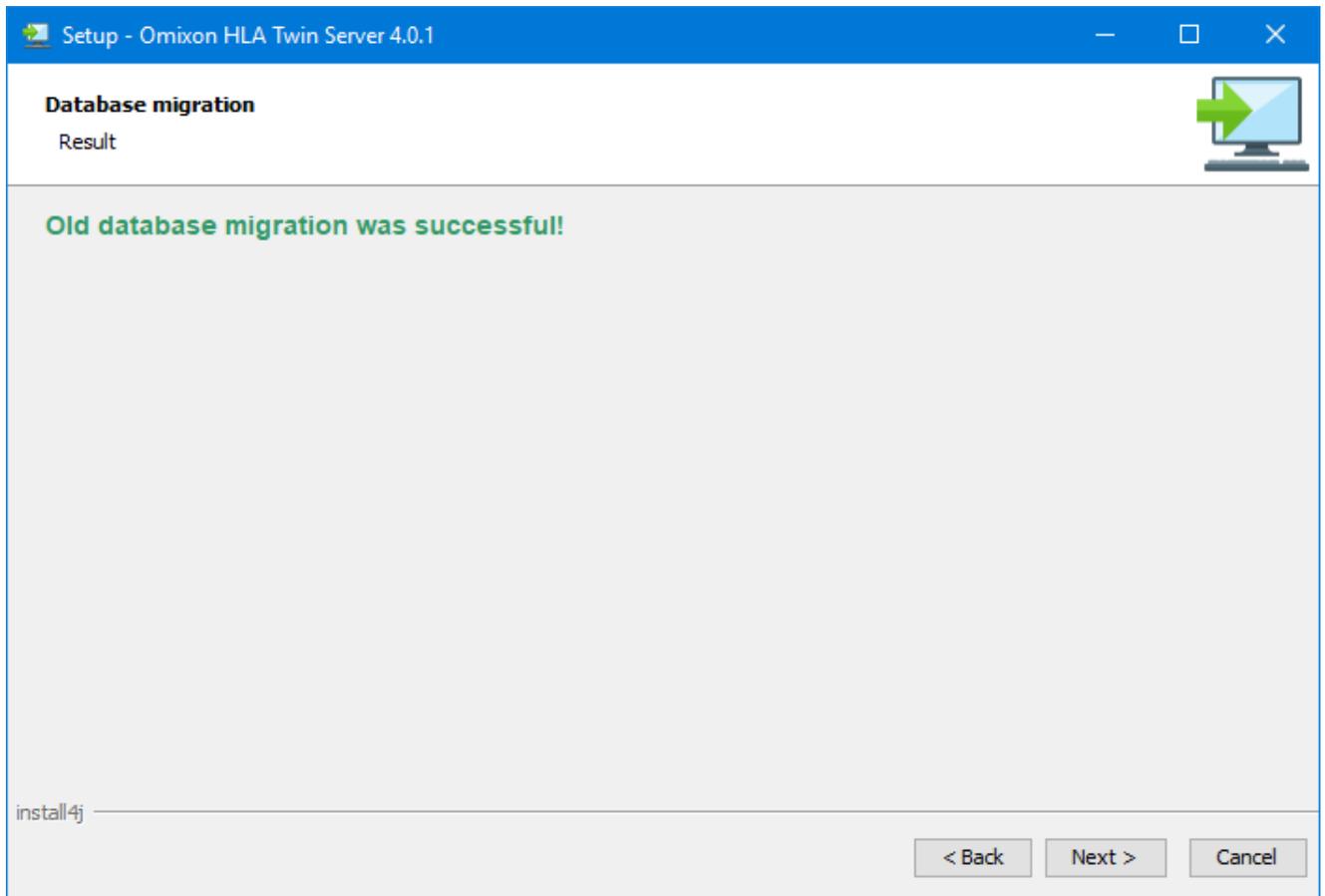
10. Seleccione la carpeta del menú Inicio.



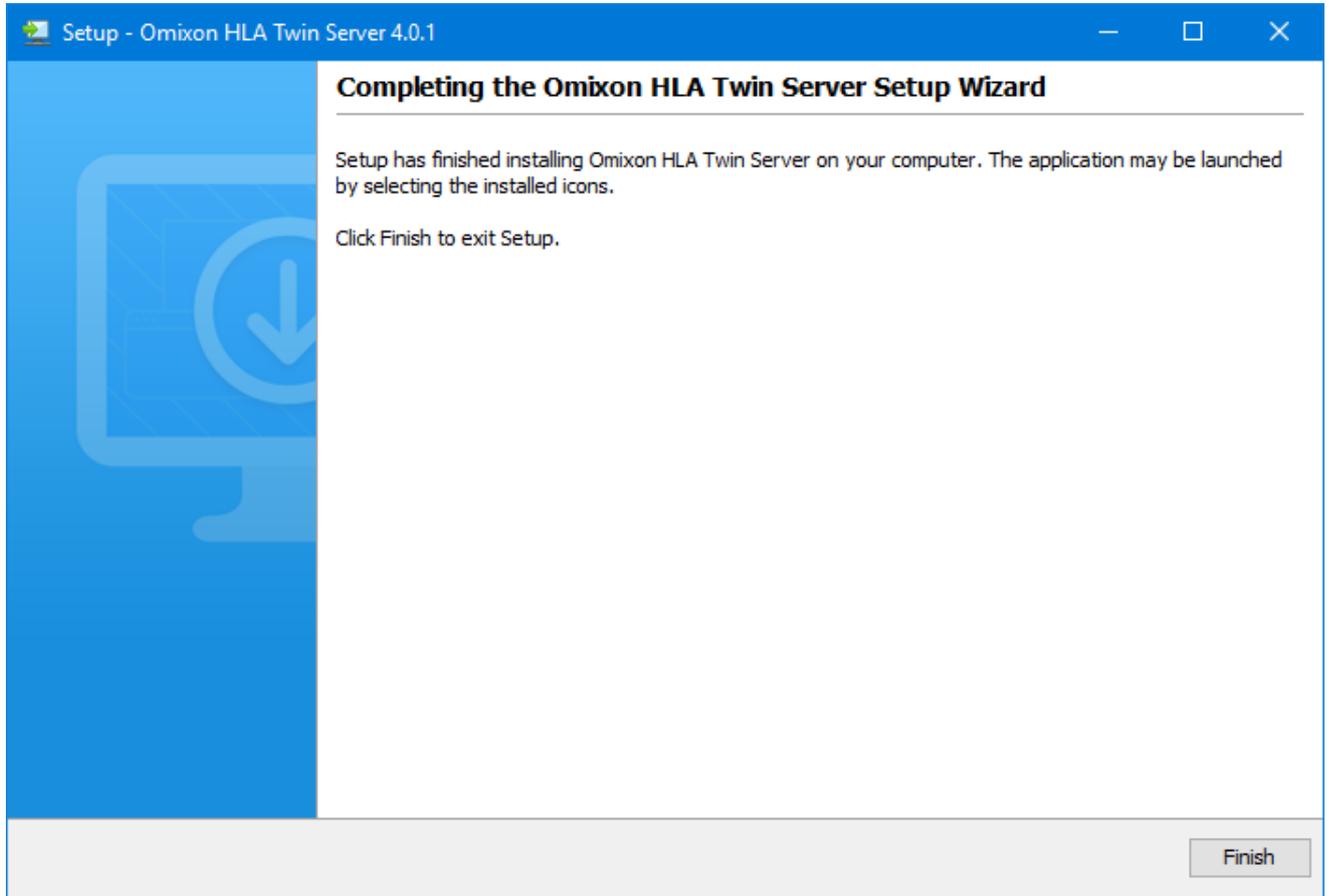
11. Una vez finalizada la instalación, el instalador le ofrece la opción de migrar su base de datos antigua.
- **Si es un nuevo usuario:** seleccione “No” y haga clic en “Next” (Siguiente).
 - **Si va a actualizar desde la versión 3.1.3 de HLA Twin o una versión anterior:** contemple la opción de migrar la base de datos antigua para conservar su información de auditoría. Para obtener más información, consulte [Migración de una base de datos](#)(see page 50).



Si ha seleccionado “Yes” (Sí), aparecerá el siguiente mensaje cuando la migración se haya realizado correctamente.



12. Haga clic en "Finish" (Finalizar).





3.8 Instalación de Client

3.8.1 Actualización desde HLA Twin 3.1.3 o versiones anteriores

- No podrá actualizar su versión anterior de HLA Twin 3.1.3 Client tal y como era posible en versiones anteriores. Asimismo, el instalador no le permitirá instalar el nuevo HLA Twin en la misma carpeta en la que estaba instalada la versión anterior.
- Recuerde que la versión del software de HLA Twin Client y HLA Twin Server tiene que coincidir.

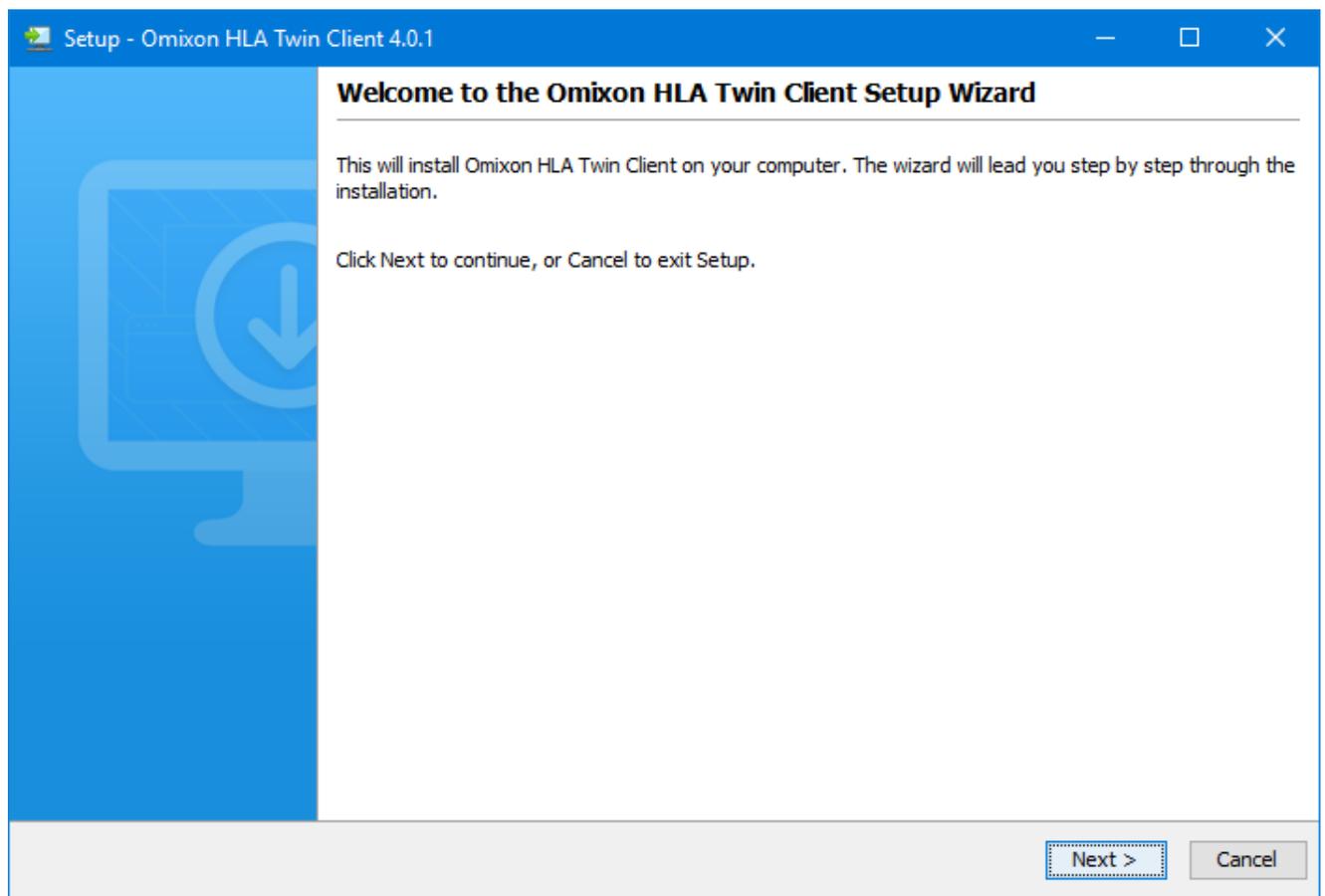
3.8.2 Notas antes de la instalación

Conexión en red: HLA Twin Server se comunica con las instancias de HLA Twin Client a través de los puertos 4380 y 4381 de manera predeterminada, por lo que tiene que asegurarse de que estén habilitados en su firewall.

3.8.3 instalación de HLA Twin Client

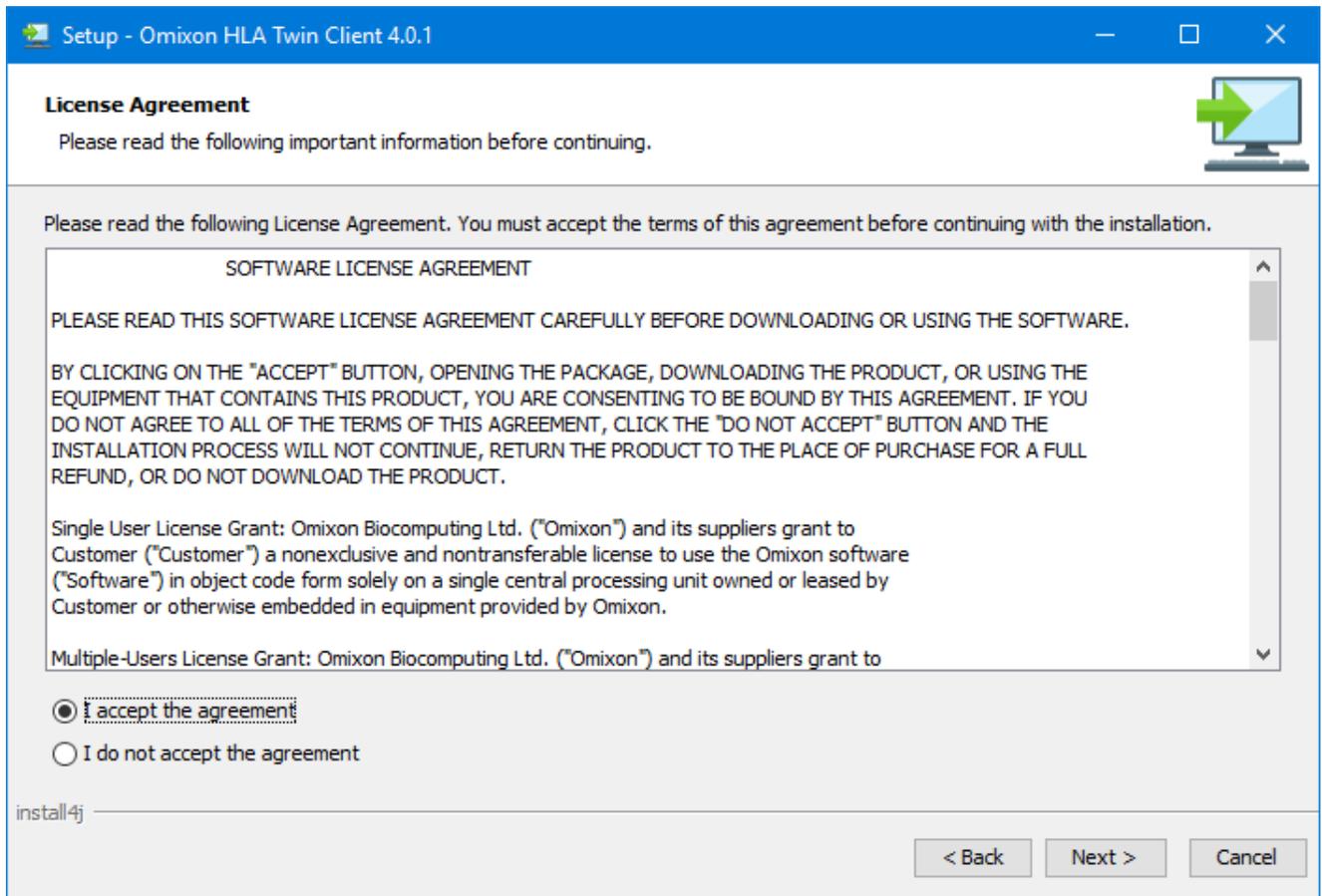
1. Este paso depende del sistema operativo que esté ejecutando.

- **Usuarios de Windows:** abra el instalador (`omixon_hla_twin_XXX_windows-x64_with_jre-client.exe`).
- **Usuarios de Linux:** abra una ventana de terminal, obtenga los permisos para el instalador (`chmod +x omixon_hla_twin_XXX_unix_with_jre-client.sh`) y, a continuación, ejecútelo.
- **Usuarios de OS X:** Abra el instalador (`omixon_hla_twin_XXX_macos_with_jre-client.dmg`) (si está usando OS X 10.14.6 Mojave o una versión posterior, es posible que aparezca un mensaje de error. En ese caso, escríbanos a la dirección de correo electrónico support@omixon.com⁷)



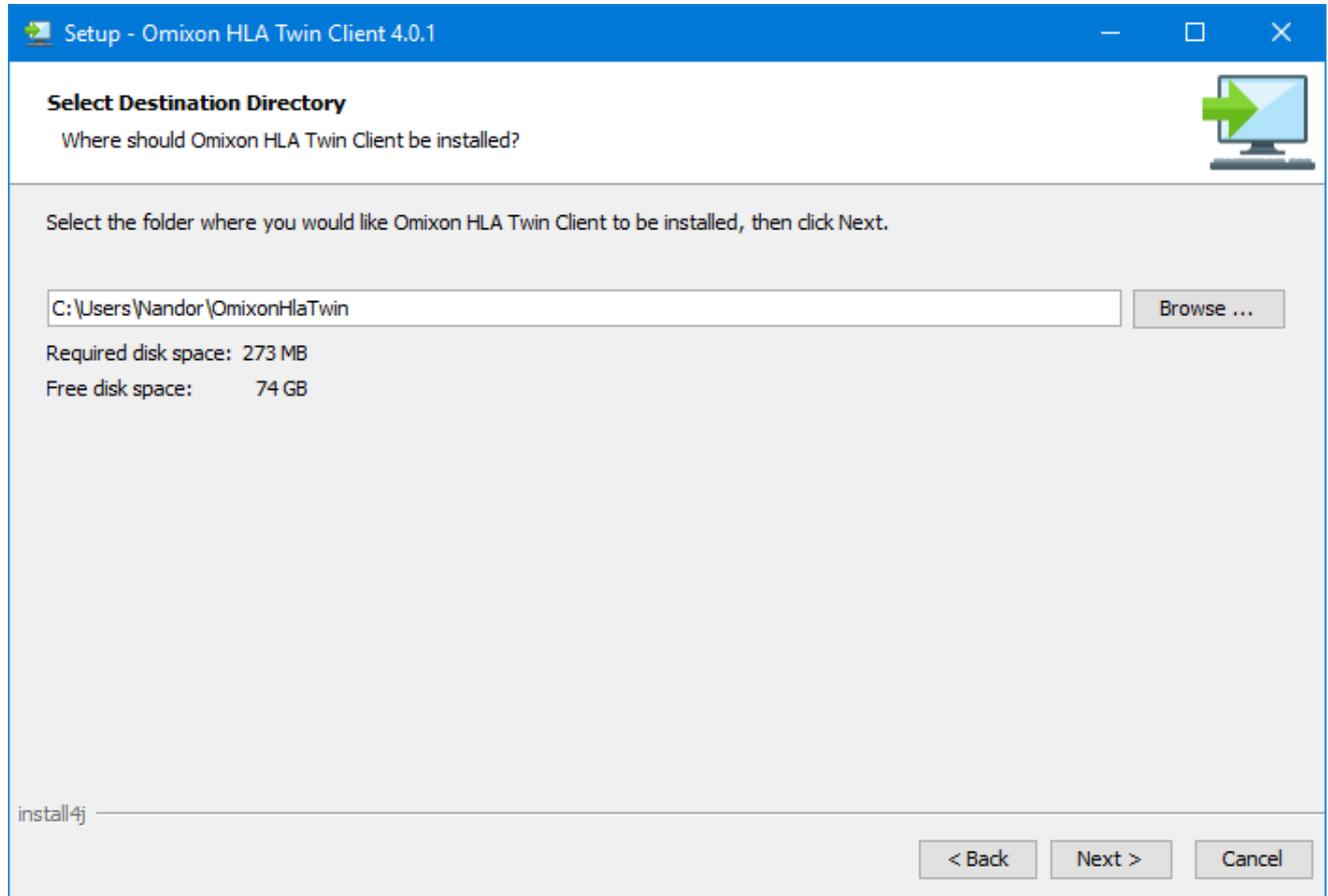
⁷ <mailto:support@omixon.com>

2. Acepte el acuerdo de licencia.

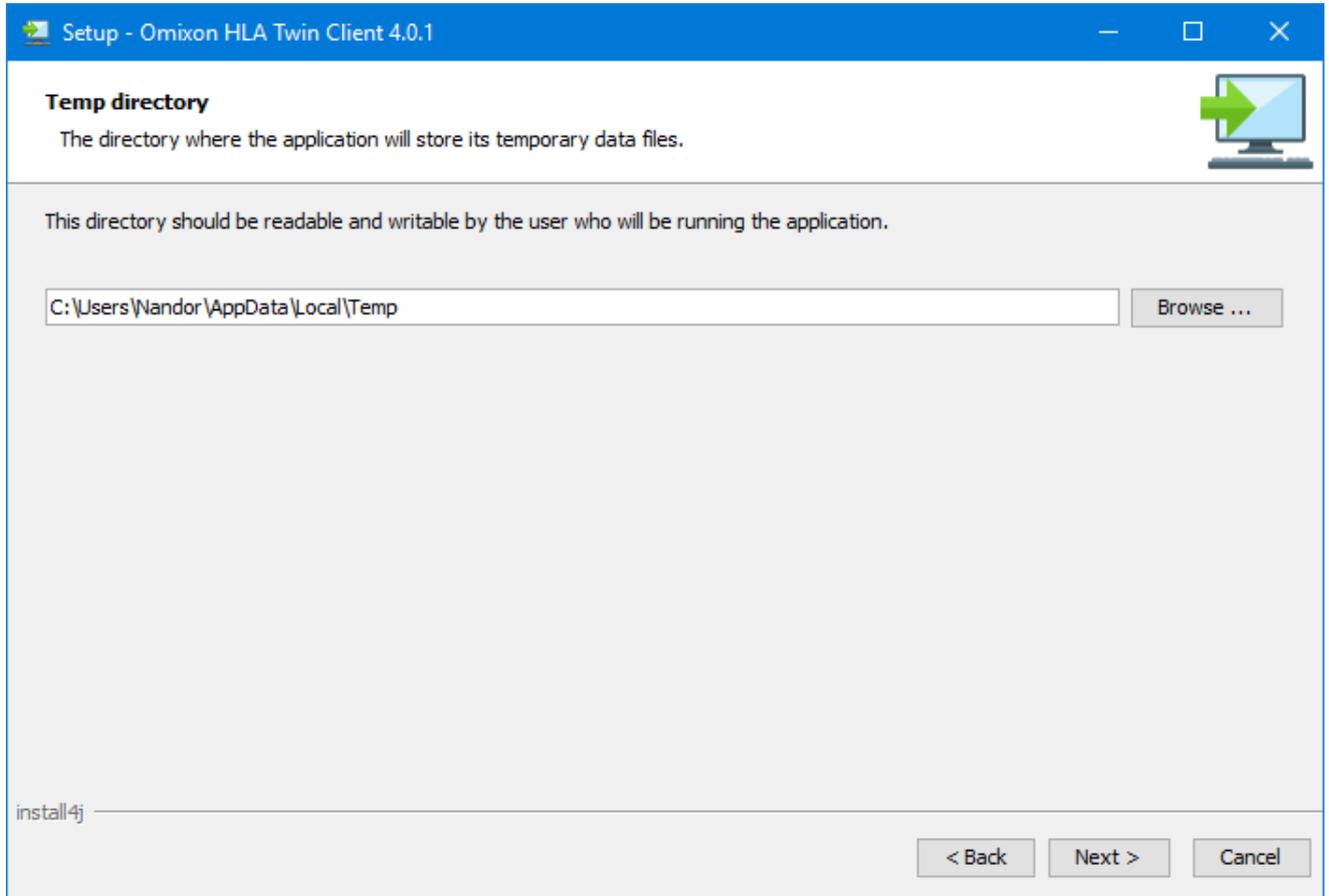


3. Seleccione una carpeta de instalación.

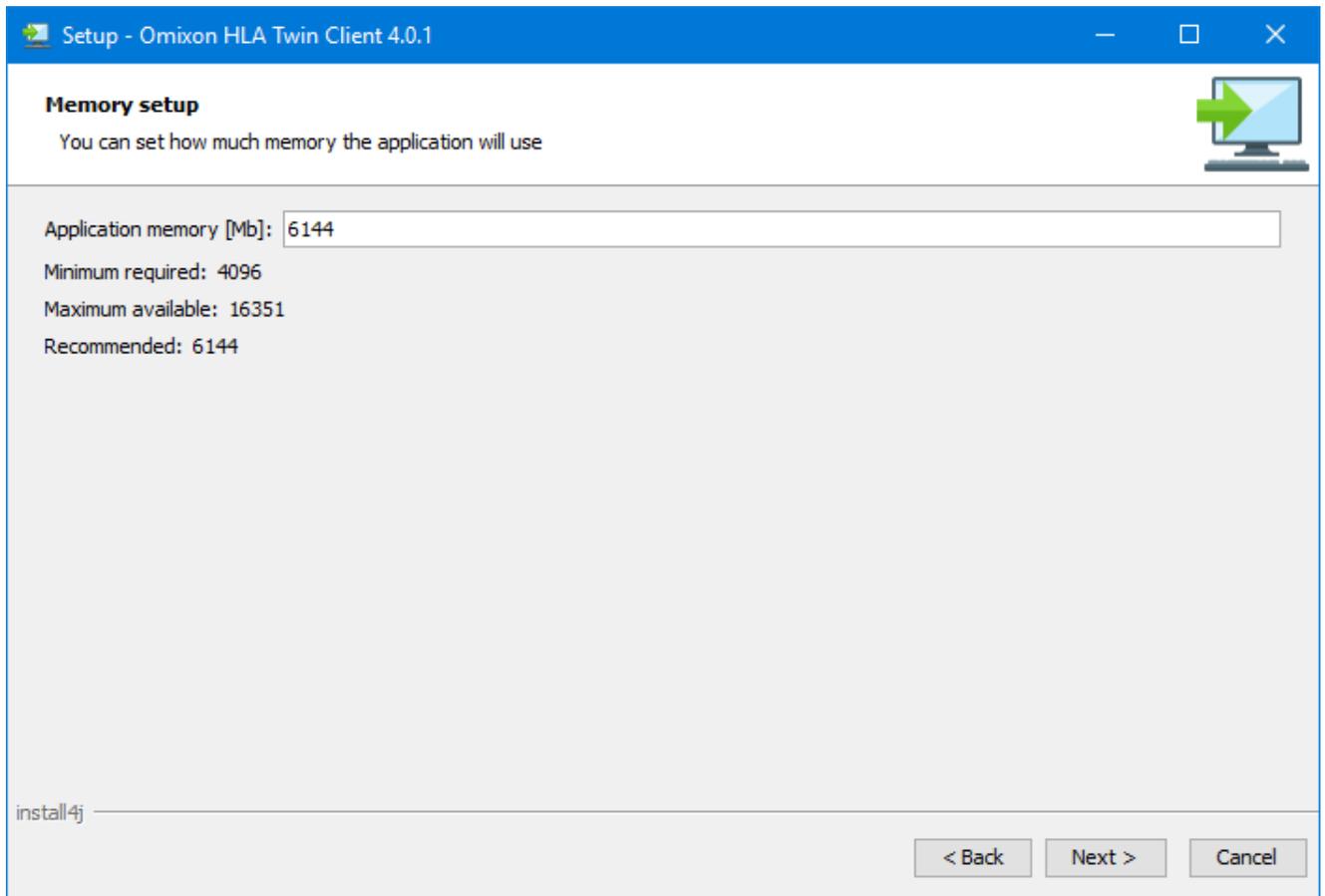
Los usuarios de Windows deben tener en cuenta que quizá les interese cambiar el directorio de destino para que otros usuarios de Windows puedan acceder al software (esto mismo se aplica a otras carpetas de instalación usadas en los próximos pasos).



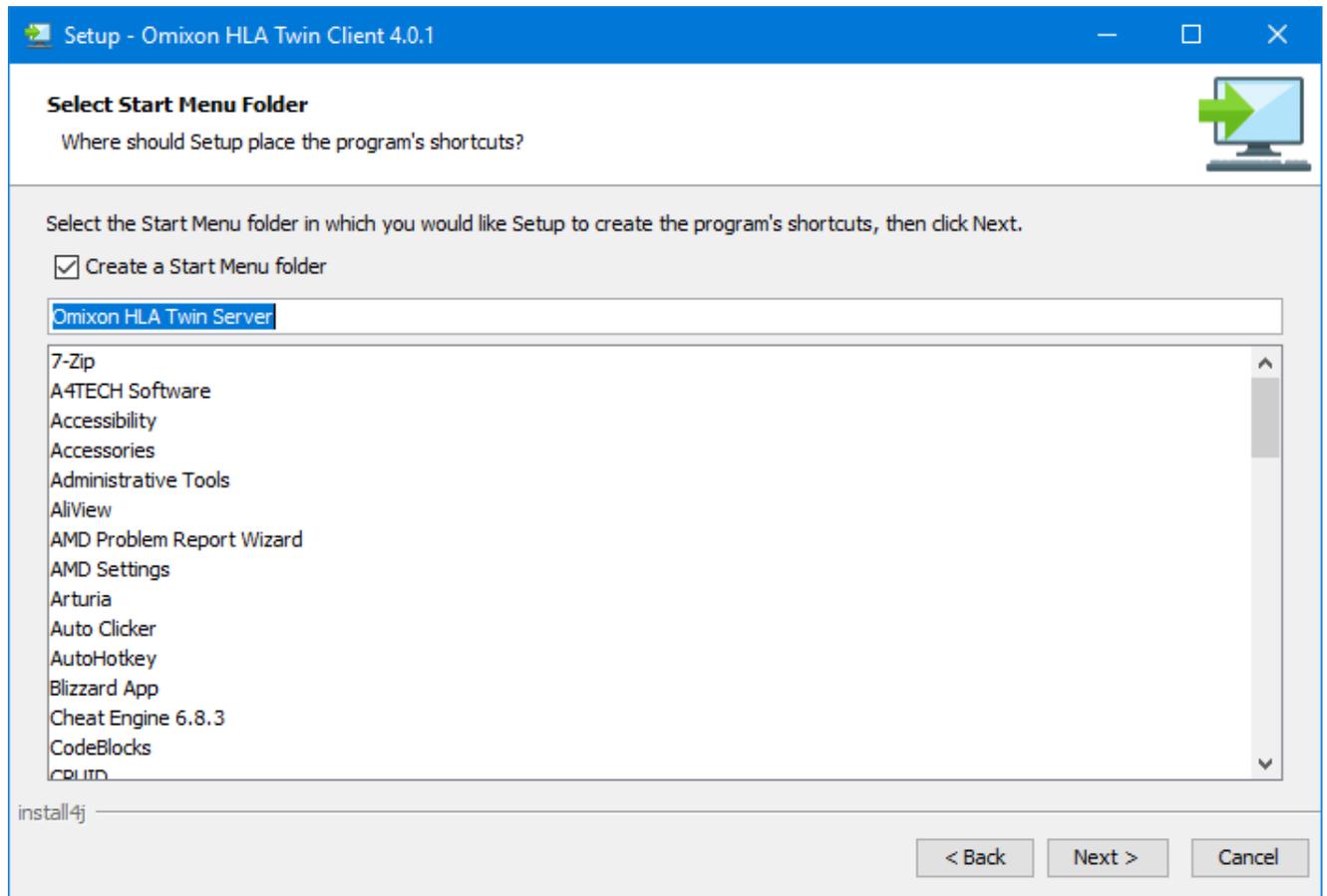
4. Seleccione una carpeta para los archivos temporales.



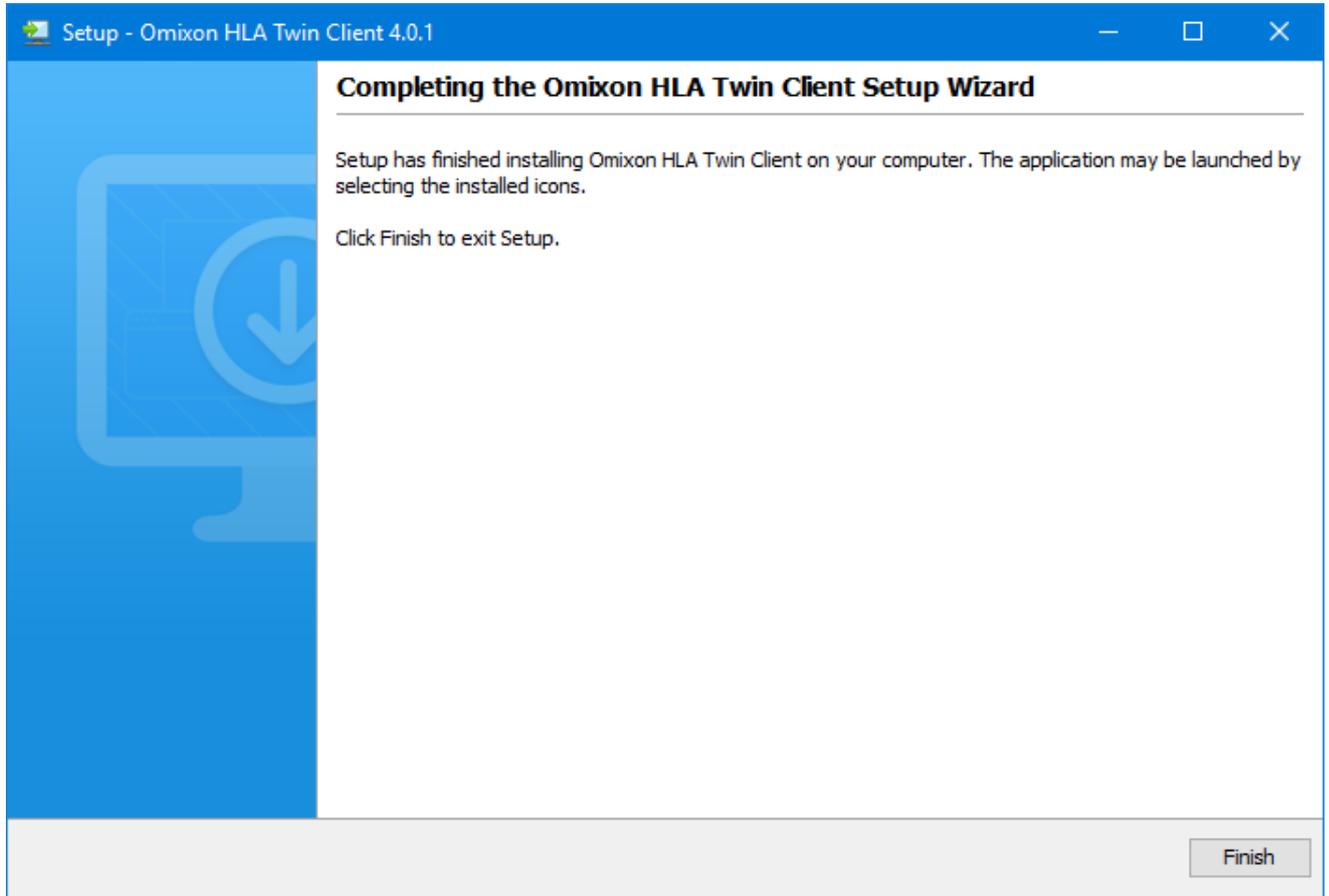
5. Establezca la configuración de la memoria.



6. Seleccione la carpeta del menú Inicio.



7. Cuando acabe la instalación, haga clic en “Finish” (Finalizar).



3.9 Migración de una base de datos

Este capítulo va dirigido a aquellos usuarios que tienen previsto actualizar desde HLA Twin versión 3.1.3 o una versión inferior.

3.9.1 Descripción general

Se ha cambiado el formato de la base de datos interna de HLA Twin 4.0.0 a una base de datos más robusta y eficiente (MySQL). Esta medida resultaba necesaria para ofrecer al usuario una mejor experiencia de software.

La migración de una base de datos es un proceso que consiste en transformar los datos de su base de datos antigua de HLA Twin para adaptarlos a la nueva base de datos. Le recomendamos que migre su base de datos antigua para que la nueva versión de HLA Twin contenga toda la información que pueda necesitarse para una auditoría.

3.9.2 Datos que se migrarán

Durante la migración se transferirán básicamente todos los datos que se precisen para una auditoría. Estos datos incluyen:

- cuentas de usuario con sus preferencias;
- configuraciones globales, como la configuración y programación de la automatización, protocolos guardados o la versión de la base de datos de referencia activa;
- análisis y su información de flujo de trabajo de aprobación;

- tareas relacionadas con las exportaciones;
- importaciones de bases de datos de referencia;

3.9.3 El proceso de migración

El proceso de migración es el último paso de la instalación de HLA Twin. Le preguntará si desea migrar su base de datos antigua y posteriormente le pedirá la ruta de acceso a la base de datos antigua.

La migración puede tardar algunos minutos en llevarse a cabo. Si experimenta algún error, escríbanos a la dirección de correo electrónico support@omixon.com.⁸

3.9.4 Ubicación de la base de datos antigua

La carpeta de la base de datos antigua es `C:\Users_username_\omixon-hla-twin\` de manera predeterminada (donde `_username_` es el nombre de usuario de Windows bajo el que está instalado el software) o puede estar en una ruta de acceso personalizada normalmente situada cerca de la carpeta de instalación del software.

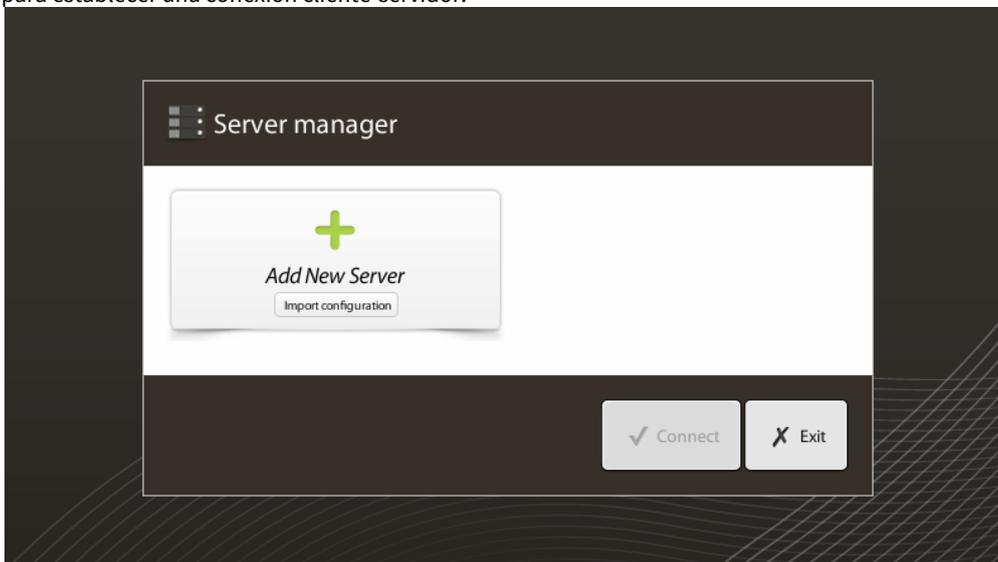
3.10 Instrucciones para el primer uso

3.10.1 Conexión con el servidor

Después de configurar e iniciar el servidor, se deben esperar las solicitudes de conexiones de cliente entrantes.

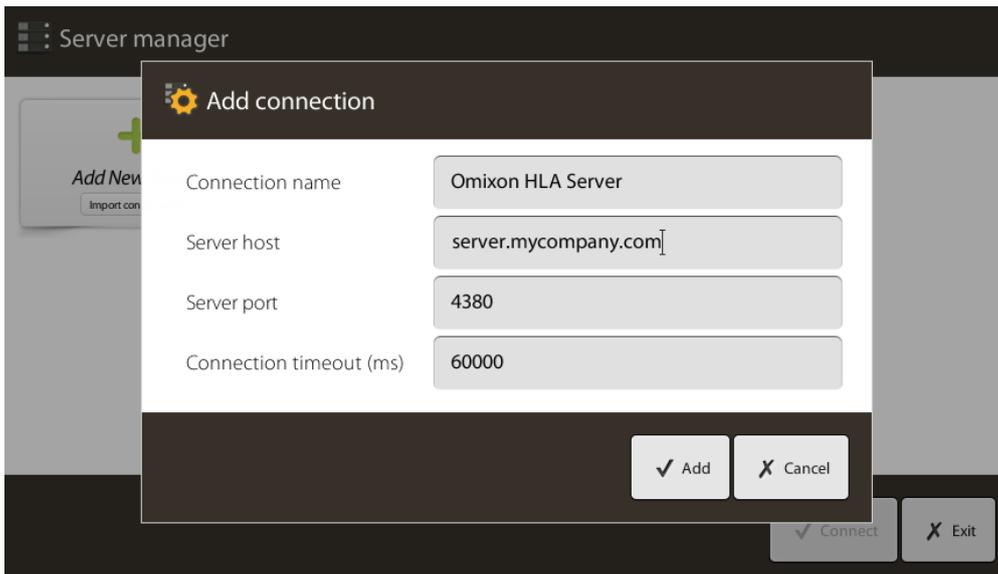
Cómo conectar el cliente

Inicie la aplicación de cliente. En la pantalla *Server Manager (Administrador de servidor)*, seleccione *Add New Server (Agregar servidor nuevo)* para establecer una conexión cliente-servidor.

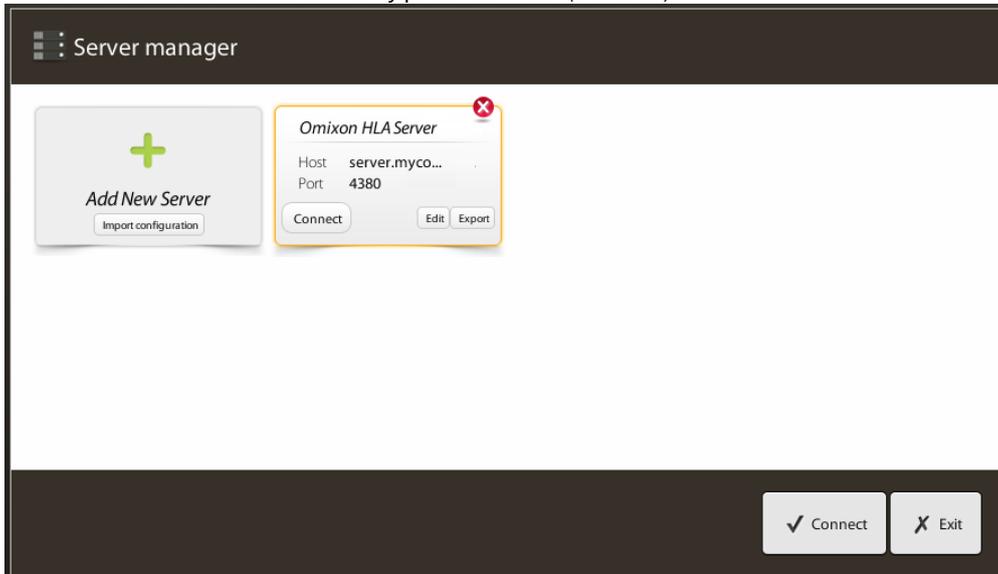


Asigne un nombre a la conexión y especifique la misma configuración para el host y el puerto que especificó para el servidor durante o después de la instalación.

⁸ <mailto:support@omixon.com>



Seleccione la conexión con el servidor y pulse "Connect" (Conectar).



IMPORTANTE

Verifique la configuración del firewall en la computadora del servidor. Configure el firewall de modo que Omixon HLA Server acepte las conexiones entrantes. Asegúrese también de que las conexiones de salida estén habilitadas para Omixon HLA Server para que, de este modo, los clientes conectados reciban actualizaciones de estado (por ejemplo, para mostrar la información de progreso de la tarea).

Exportación e importación de la configuración de conexión

En lugar de configurar la conexión manualmente, puede optar por importar un archivo de configuración haciendo clic en el botón "Import configuration" (Importar configuración) en la tarjeta "Add New Server" (Agregar servidor nuevo) en el cuadro de diálogo "Server Manager" (Administrador de servidor). Si desea elegir esta opción, pida al administrador de su sistema que le facilite un archivo de conexión. La configuración de conexión puede exportarse a un archivo haciendo clic en "Export" (Exportar) en la conexión seleccionada en el cuadro de diálogo "Server Manager" (Administrador de servidor).



3.10.2 Creación del primer usuario

Al iniciar la aplicación para ordenador o conectarse a Omixon Server por primera vez, se le pedirá que cree el primer usuario de la aplicación. El primer usuario que se registra se convierte en un *Superusuario* de manera predeterminada, lo que significa que tiene acceso a toda la funcionalidad del software, incluida la creación de más cuentas de usuario. Se recomienda que el Administrador de sistema se registre primero para completar la configuración.

Consulte el capítulo *Tablero de configuración/Administración de usuarios* del *Manual de Omixon* para obtener más información acerca de los roles y permisos del usuario.

4 Guía de inicio rápido

4.1 Inicio de sesión

Una vez que haya inicializado la ejecución del software HLA, deberá iniciar sesión en la aplicación.

Ingrese el nombre de usuario y la contraseña en los campos correspondientes y haga clic en Login (Iniciar sesión). La primera vez que se inicia sesión, se crea un superusuario.

4.2 Tablero Genotyping (Genotipificación)

Tras iniciar sesión en el software se muestra el tablero Genotyping (Genotipificación). Se trata del tablero de inicio del software. Desde aquí puede acceder a todas las funciones de genotipificación.

El tablero consta de las siguientes subpantallas:

- Panel de información: contiene todas las funciones principales y parte de la información de alto nivel acerca de la carpeta actual y los archivos seleccionados. También muestra información del usuario actual y de la base de datos de IMGT activa, además de proporcionar varias funciones de navegación.
- Explorador de archivos: esta parte de la pantalla puede usarse para explorar las carpetas accesibles.
- Panel inferior:

El Panel de información está ubicado en la parte superior de la pantalla. Presenta 3 secciones diferentes:

- La parte superior muestra:
 - el identificador del usuario actual,
 - el panel del widget de uso de memoria,
 - el panel de estado del administrador de procesos,
 - el botón del tutorial de bienvenida,
 - el botón de cierre de sesión
 - y el botón de salida
- La parte intermedia muestra:
 - Los botones de navegación: Back (Atrás), Forward (Adelante) y Home (Inicio), que permite regresar al tablero Genotyping (Genotipificación).
 - La información disponible de la base de datos de IMGT utilizada directamente desde los botones de navegación.
 - El marcador y los botones de ayuda contextual específicos en el lado derecho de la pantalla.
- La parte inferior incluye una serie de botones que le permiten elegir entre las funciones principales de este tablero:
 - Las opciones de análisis de datos y tipificación para enviar genotipificación.
 - Las opciones de análisis de datos y tipificación para visualizar resultados.
 - Las funciones de explorador de archivos para explorar muestras y carpetas.
 - El Administrador de tipificación para implementar y anular la implementación de los nodos de tipificación en configuraciones de servidor distribuido.
 - Opciones de configuración de la aplicación

La sección principal de la visualización es el Explorador de archivos, donde puede explorar haciendo clic en las unidades y los nombres de archivos, al igual que en un explorador de archivos común. Utilice el explorador para localizar la carpeta donde se almacenan las muestras de genotipificación. Cada archivo de muestra está marcado con un pequeño signo de ADN y tiene un nombre exclusivo propio que es idéntico al nombre que generó la hoja de muestra. Para las lecturas por pares, el software combina automáticamente parejas de archivos sobre la base de los nombres de los archivos y solo se muestra el archivo FASTQ "R1" en el explorador de archivos a fin de disminuir la redundancia y agilizar la navegación. Al colocar el cursor sobre el archivo de muestra se muestra el tamaño de cada archivo FASTQ. Después del análisis de una muestra, se mostrará en el explorador de archivos un archivo independiente, el archivo de resultados de genotipificación. El archivo de resultados tiene la extensión .htr. De manera predeterminada, todos los archivos de resultados se colocan automáticamente en la misma carpeta donde se encuentran los datos de muestra. Cada archivo de análisis está marcado con un pequeño signo de tabla. El nombre del archivo de análisis consiste en el nombre de la muestra y una marca de tiempo que corresponde a la hora en que se envió el análisis. Al colocar el cursor sobre el archivo de análisis o seleccionarlo, se muestra toda la información disponible del análisis en el panel de información inferior. Cuando observe un archivo .htr, verá en la parte derecha el resumen de calidad de alto nivel de los resultados de tipificación. Los resultados se anotan utilizando un sistema "semáforo". De manera similar a un semáforo, se usan tres colores con significados diferentes. A diferencia de un semáforo real, pueden aparecer "colores combinados".

Mientras no se visualicen muestras en la pantalla, las funciones de genotipificación estarán deshabilitadas (los botones aparecerán en gris). Al encontrar un archivo FASTQ (o cualquier otro formato compatible), los botones de genotipificación pasan a estar habilitados. Para enviar un análisis, consulte la sección Análisis.

Si desea más información sobre esta pantalla y todas las funciones disponibles, consulte la sección *Tablero Genotyping (Genotipificación)* del *Manual de Omixon*.

4.3 Análisis

Cuando se encuentra al menos una muestra, tiene varias opciones para iniciar la genotipificación.

4.3.1 Genotipificación simple: recomendada para muestras de Holotype

Para iniciar la genotipificación con los parámetros predeterminados, haga clic en el botón *Analyse (Analizar)* que se muestra en cada fila de cada muestra. Para tipificar varias muestras con el protocolo Holotype, selecciónelas haciendo clic con el ratón y el botón *Ctrl* o *Mayús* y pulsando el botón *Simple Genotyping (Genotipificación simple)* situado en el menú superior. Puede confirmar que la tipificación se está ejecutando en el *Administrador de procesos* que se muestra en la esquina superior derecha. Puede encontrar información detallada acerca de estas y otras funciones relacionadas, como la genotipificación con parámetros personalizados y la realización de un segundo análisis de muestras, en la sección *Tablero Genotyping (Genotipificación)*.

4.3.2 Resultados

Cuando la barra de progreso llegue al 100 % en el *Programador de tipificación*, aparecerá un nuevo archivo de resultados en el explorador de archivos. En el caso de que se tipifiquen múltiples muestras de una vez, se presentará el resultado de cada una de ellas en cuanto esté listo; puede comenzar a visualizar los primeros resultados mientras se realiza la tipificación del resto de muestras. Los archivos de resultados muestran un resultado de semáforo para ofrecer una descripción general rápida; para visualizar más detalles, haga clic en el botón *View (Visualizar)* al final de cada fila. Para visualizar múltiples resultados, use el botón *Ctrl* o *Shift* para seleccionarlos y luego el botón *View results (Visualizar resultados)* en el menú superior.

Cuando trabaje con resultados de análisis en el software Omixon HLA, tenga en cuenta que las secuencias de preparación no afectan los resultados, ya que se limpian antes del análisis. Puede encontrar información detallada acerca de cómo interpretar los resultados en las secciones *Resultados del análisis de genotipificación* y *Resultados de muestra de genotipificación*.

4.4 Resultado del análisis de genotipificación

Según se describe en la sección *Resultados*, puede visualizar los resultados resaltando una o varias muestras y haciendo clic en el botón *View results (Visualizar resultados)*. De este modo, llegará hasta la sección siguiente de HLA Twin: *Resultados del análisis de genotipificación*. Esta pantalla está formada por tres componentes principales:

- **Panel de información:** la estructura de este panel es en gran parte idéntica al Panel de información del tablero *Genotyping (Genotipificación)* (los detalles del Panel de información de este tablero se describieron anteriormente en este manual).
- **Panel de funciones:** botones de función para filtrar, asignar, aprobar, etc.
- **Tabla de resultados:** una tabla de descripción general en la que se muestran los resultados del análisis.

El panel de funciones cuenta con los siguientes botones:

- Detalles de la muestra y alineación de exploración
- Botones de configuración de visualización
- Botones de asignación
- Tabla de exportación
- Más opciones para comentar sobre una muestra; aprobar una muestra; cancelar la aprobación de una muestra; mostrar un desequilibrio de ligamento

En la Tabla de resultados de los resultados del análisis de genotipificación, puede ver una descripción general de alto nivel de sus resultados del locus de cada muestra.

La tabla tiene las siguientes columnas:

- **Sample (Muestra)**
 - Esta columna contiene el nombre del archivo .htr que se genera a partir del nombre de la muestra y la marca de tiempo que corresponde a la hora en que se envió el análisis.
 - Si una muestra se analizó múltiples veces, la visualización de las muestras sigue el orden del análisis. Puede utilizar la marca de tiempo para rastrear tiempos de análisis diferentes.

- En la esquina superior derecha se encuentra el icono de historial de asignaciones, que tiene forma de reloj, y el icono que indica el estado de aprobación.
- Columnas independientes para los loci analizados:
 - Los alelos de los resultados se muestran en dos filas que señalan los dos cromosomas.
 - En estas columnas se muestran una variedad de marcas para loci y alelos

En la fila superior de cada locus se muestran marcas específicas del locus. Entre ellas se incluyen:

- Colores del semáforo de control de calidad: estas luces se basan en las medidas de control de calidad a nivel del locus y pueden ser las siguientes:
 - (verde) – APROBADO: el locus pasó todas las pruebas de QC;
 - (amarillo/verde) – INFORMACIÓN: una o más pruebas de QC produjeron resultados más bajos que el promedio;
 - (amarillo) – INSPECCIONAR: una o más pruebas de QC produjeron resultados preocupantes; se necesita una inspección manual de los resultados;
 - (rojo/amarillo) – INVESTIGAR: una o más pruebas de QC mostraron una baja calidad en los resultados; se necesita una inspección manual y posiblemente un nuevo análisis de los resultados;
 - (rojo) – FALLIDO: una o más pruebas de QC mostraron una muy baja calidad en los resultados; se necesita una inspección manual para determinar la causa, y el locus o la muestra probablemente necesitan una nueva secuenciación o tipificación mediante métodos alternativos.
- Marcas de cigosidad: Los loci heterocigotos tienen la marca , mientras que los loci homocigotos tienen la marca . Los loci hemocigotos se marcan con el signo . En el caso de que un locus sea hemocigoto, solo se muestra un alelo y la otra celda queda vacía. Si la cigosidad de un locus no puede determinarse con los datos disponibles, el locus se marca con el signo .
- Marcas de genes nuevos: los loci con alelos que contienen nuevos exones (o exones e intrones) se marcan con el signo , mientras que los loci con alelos nuevos que contienen solo nuevos intrones se marcan con el signo .

Asimismo, los resultados de los alelos pueden incluir una variedad de marcas, entre las que se incluyen:

- Mayor coincidencia y estado de la asignación: A la izquierda del resultado del alelo visualizado puede ver un pequeño icono con un signo de verificación que indica si el resultado es o no el “alelo de mayor coincidencia”. El icono es de color azul para los alelos de mayor coincidencia y gris para el resto de candidatos de alelos. Puede asignar el resultado del alelo simplemente haciendo clic en esta marca de verificación; el signo cambiará a color verde para indicar que el resultado ha sido asignado.
- Semáforo de concordancia: el sistema de semáforo de concordancia genera los siguientes resultados:
 - (verde): los resultados de GE y GC son completamente concordantes (en el tercer campo);
 - (amarillo): los resultados de GE y GC son concordantes hasta 4 dígitos (en el segundo campo);
 - (rojo/amarillo): los resultados de GE y GC son concordantes hasta 2 dígitos (en el primer campo);
 - (rojo): los resultados de GE y GC son discordantes.

Tenga en cuenta que el semáforo de concordancia solo se presenta para los alelos de mayor coincidencia y únicamente si el resultado se obtuvo con el algoritmo de genotipificación de Twin y el algoritmo estadístico ejecutado para el locus específico.

- Homocigosidad: Los alelos que se muestran con fuente azul son homocigóticos.
- Antígenos equivalentes serológicos: Si la información sobre los antígenos equivalentes serológicos está disponible para el locus, la información sobre herramientas del *icono del antígeno*  contendrá ese dato.
- Los alelos raros se marcan con el icono del *signo de exclamación* .
- Los alelos nuevos que contienen nuevos exones (o exones e intrones) se marcan con el signo , mientras que los alelos nuevos que contienen solo nuevos intrones se marcan con el signo .
- Los alelos desequilibrados se muestran en *cursiva*.
- Extensiones de alelos: Los alelos con secuencia de alelos extendida se marcan con el *signo más* .
- Amplificación baja: Si la lista de alelos menores desequilibrados contiene un alelo menor con una baja amplificación conocida, este se marca con el signo . En este caso, se recomienda la validación del resultado homocigótico mediante el uso de un método de genotipificación alternativo (p. ej., SSO).

Al mantener el cursor sobre las diferentes partes de la tabla, se mostrará información adicional disponible sobre cada sección.

Nota
Si se pueden encontrar más de 50 resultados de mayor coincidencia en un locus, no se calculará el DL. Si pulsa el botón Show LD details (Mostrar detalles de DL), no se mostrará ninguna información.

Desde el tablero de resultados del análisis de genotipificación, puede ingresar en Genotyping Sample Result (Resultados de muestra de genotipificación) o directamente en el Genome Browser (Explorador de genomas).

En Genotyping Sample Results (Resultados de muestra de genotipificación) puede observar las métricas de calidad detalladas de la muestra analizada. Para ingresar, resalte la muestra que desee ver y haga clic en el botón Sample Details (Detalles de la muestra) en la fila inferior de la sección superior.

En el Genome Browser (Explorador de genomas), podrá visualizar los resultados detallados para cada uno de los loci tipificados. Para ingresar aquí, resalte la muestra que desee ver y haga clic en el botón Browse Alignment (Buscar alineación) en la fila inferior de la sección superior.

Para obtener más información, consulte la sección Resultados de análisis de genotipificación del Manual de Omixon (Omixon Handbook/ Genotyping Analysis result).

4.4.1 Resolución de problemas relacionados con los resultados faltantes

Cuando no se puede informar de alelos para un gen específico, se muestra una marca que describe el posible motivo de ello. Para obtener más información, sitúe el cursor sobre el icono de información situado junto a la marca y lea la información. Es posible informar de los siguientes casos:

Para loci no DRB3/4/5:

- *No data present (No hay datos)*: significa que el locus no era objetivo en la muestra o que se ha retirado durante la secuenciación y debería volverse a secuenciar.
- *Insufficient or low quality data (No hay suficientes datos o son de baja calidad)*: no hay suficientes datos o son de baja calidad en la muestra. Se deben revisar los resultados del control de calidad para obtener más información.

Para DRB3/4/5:

- *Allele not expected (Alelo no esperado)*: no hay alelo esperado en este locus con arreglo al desequilibrio de ligamento conocido con HLA-DRB1 y HLA-DQB1.
- *Expected allele not found (Alelo esperado no encontrado)*: esta marca significa que con arreglo a la información del desequilibrio de ligamento conocido, se esperaban datos para el locus/alelo pero no se han encontrado.
- *Unexpected allele found (Alelo no esperado encontrado)*: no se han encontrado los datos para un locus/alelo, que no se esperaba con arreglo a la información del desequilibrio de ligamento conocido.
- *Insufficient or low quality data (No hay suficientes datos o son de baja calidad)*: no hay suficientes datos o son de baja calidad en la muestra. Se deben revisar los resultados del control de calidad para obtener más información.

Si no se informa de alelos para un gen específico, se recomienda volver a procesar la muestra en cuestión utilizando un mayor número de lecturas. (El número de lecturas procesadas puede configurarse en el asistente “Advanced Genotyping” (Genotipificación avanzada)). La falta de resultados de nivel de alelo faltante puede deberse a que la cobertura no alcanza el umbral mínimo en el alelo o en los exones, o a que la profundidad de cobertura es demasiado pequeña. El procesamiento de un mayor número de lecturas puede contribuir a lograr que las señales que respaldan los alelos correctos sean más intensas.

4.5 Resultados de muestra de genotipificación

En la pantalla “Genotyping Sample Result” (Resultados de muestra de genotipificación) puede inspeccionar los detalles de los resultados de la genotipificación, las métricas de calidad y las estadísticas de datos del locus de la muestra seleccionada.

Esta pantalla puede dividirse en cuatro secciones principales:

- Information Panel (Panel de información): tenga en cuenta que la estructura de este panel es en gran parte idéntica al Panel de información del tablero Genotyping (Genotipificación) (los detalles del Panel de información de este tablero se describieron anteriormente en este manual).
- Panel de funciones: botones de función para filtrar, asignar, aprobar, etc.
- Result Table (Tabla de resultados): el contenido de la tabla de resultados es idéntico al de la tabla de la pantalla de resultados de análisis de genotipificación, pero en esta pantalla la tabla se muestra en modo contraído de manera que quede más espacio para el Panel de detalles.
- Details Panel (Panel de detalles): muestra el resultado de la genotipificación, las métricas de calidad y las estadísticas de datos.

El panel de funciones cuenta con los siguientes botones:

- Apertura del explorador
- Información de genotipificación detallada
- Personalización de los resultados que se muestran
- Asignación de alelos
- Exposición de comentarios

La tabla de resultados contraída muestra el primer par de alelos de mayor coincidencia para cada locus. Si hay varios resultados de alelos de mayor coincidencia, el nivel de ambigüedad se indica coloreando los campos afectados en rojo en el nombre del alelo y dejando los campos coincidentes en color negro.

En el Panel de detalles puede elegir entre tres pestañas diferentes:

- Genotype (Genotipo)
 - En esta sección, puede observar el genotipo que selecciona el software.
 - También puede agregar y eliminar alelos manualmente.
- Quality control (Control de calidad)
 - Se calculan varias medidas de control de calidad para cada locus. Cada medida para cada locus se marca con el sistema de semáforo.
 - La tabla de control de calidad tiene una columna para todas las métricas y columnas separadas para cada uno de los loci que se muestran.
 - La fila Overall (General) se indica el resultado general para cada uno de los loci individuales sobre la base del sistema de semáforo.
 - Cada métrica tiene su propia fila en la tabla. Junto al nombre de la métrica, se muestra una pequeña marca “i”. Al mover el cursor sobre la marca “i”, se mostrará una ventana emergente con una descripción más detallada de la métrica seleccionada.
 - Para cada una de las métricas, puede ver el semáforo, el valor de la métrica y una pequeña marca “i” con la información acerca de los umbrales específicos de la métrica. Al mover el cursor sobre la marca “i”, se mostrará una ventana emergente con información más detallada acerca de los umbrales de la métrica seleccionada.
- Data Statistics (Estadísticas de datos)
 - Sección Overview (Descripción general): los recuentos de lectura y las proporciones están disponibles para muchos pasos diferentes del análisis.
 - Sección Allele imbalance (Desequilibrio de alelos): esta cifra muestra el desequilibrio de alelos por región para todos los genes.
 - Sección Fragment size (Tamaño de fragmento): este histograma muestra la distribución de tamaño de fragmento de las lecturas de pares.
 - Sección Read quality (Calidad de lectura): en este gráfico, se muestra la calidad de base por 5 bases para las lecturas procesadas. Las posiciones de lectura se encuentran en el eje x, mientras que en el eje y se muestran los valores de calidad.

En el lado izquierdo de la sección inferior, pueden seleccionarse diferentes loci.

Para los loci seleccionados, puede ingresar en el explorador de genomas haciendo clic en los botones Browse Alignment (Buscar alineación), Browse Allele 1 (Buscar alelo 1) y Browse Allele 2 (Buscar alelo 2).

Para obtener más información, consulte la sección Resultados de muestra de genotipificación del Manual de Omixon (Omixon Handbook/ Genotyping Sample result).

4.6 Explorador de genes

El Explorador de genes permite la inspección visual de los datos genómicos. Pueden explorarse múltiples candidatos de alelos juntos.

Con la configuración predeterminada, las siguientes pistas están disponibles en el explorador:

- *Position track (Pista de posición)*: muestra las coordenadas para todas las pistas visibles. La numeración comienza con uno.
- *Phasing track group (Grupo de pistas de distinción de fases)*:

Phasing track (Pista de distinción de fases): contiene anotaciones para regiones en continua distinción de fases (también conocidas como “regiones de distinción de fases”).

Variants track (Pista de variantes): muestra la cantidad de pares de lectura superpuestos entre dos posiciones heterocigóticas consecutivas (es decir, dos posiciones en las que las dos secuencias de consenso difieren entre sí). La etiqueta “Straight” (Recto) muestra la cantidad de lecturas para cada consenso compatible con la distinción de fases que se muestra en el explorador, mientras que la etiqueta “Cross” (Cruzado) muestra la cantidad de lecturas compatibles para la otra distinción de fases posible de las dos posiciones.

- *Consensus sequence 1 (Secuencia de consenso 1)*: muestra la secuencia de consenso generada para uno de los cromosomas.

- *Coverage depth for consensus 1 (Profundidad de cobertura para consenso 1)*: muestra la profundidad de cobertura para cada posición del ensamblaje de la secuencia de consenso 1.
- *Consensus sequence 2 (Secuencia de consenso 2)*: muestra la secuencia de consenso generada para el otro cromosoma.
- *Coverage depth for consensus 2 (Profundidad de cobertura para consenso 2)*: muestra la profundidad de cobertura para cada posición del ensamblaje de la secuencia de consenso 2.
- *Allele 1 sequence (Secuencia de alelo 1)*: secuencia de nucleótidos del alelo que coincide con el primer consenso mayor.
- *Region annotation for allele 1 (Anotación de región para alelo 1)*: se muestran las anotaciones para exones, intrones y regiones no traducidas (UTR, por sus siglas en inglés) para el alelo 1.
- *Coverage depth track for allele 1 (Pista de profundidad de cobertura para alelo 1)*: muestra la profundidad de cobertura para cada posición de la alineación del alelo 1.
- *Allele 2 sequence (Secuencia de alelo 2)*: secuencia de nucleótidos del alelo que coincide con el segundo consenso mayor.
- *Region annotation for allele 2 (Anotación de región para alelo 2)*: se muestran las anotaciones para exones, intrones y regiones no traducidas (UTR, por sus siglas en inglés) para el alelo 2.
- *Coverage depth track for allele 2 (Pista de profundidad de cobertura para alelo 2)*: muestra la profundidad de cobertura para cada posición de la alineación del alelo 2.

Para los alelos nuevos, se muestran dos pistas de referencia: la secuencia de referencia del alelo nuevo (*Novel ref. [Ref. nuevo]*) y la secuencia de referencia del alelo estrechamente relacionado (*Rel. ref. [Ref. rel.]*) del cual se derivó el alelo nuevo.

Tenga en cuenta que las secuencias de consenso y las lecturas breves correspondientes pueden visualizarse en el explorador, incluso cuando no se encuentran pares de alelos coincidentes.

Pistas adicionales:

- *Noise track (Pista de ruido)*: muestra el ruido sistemático filtrado durante el ensamblaje de consenso. El consenso de ruido contiene el nucleótido principal para cada posición.
- *Amino acid track (Pista de aminoácidos)*: muestra la secuencia de aminoácidos para todas las secuencias de alelos y consensos, incluidos los alelos nuevos, cuyo color se basa en la hidrofobicidad de los aminoácidos.

De manera predeterminada, las pistas de cobertura detallada se muestran para las alineaciones de alelos, junto con las anotaciones de regiones. La pista de cobertura tiene un soporte de visualización de estadísticas de base incorporado: para las bases en lecturas diferentes de la base de consenso y referencia real, la profundidad de cobertura correspondiente se muestra con el color de base del nucleótido asociado proporcionalmente.

Modos adicionales para pistas de lectura breve

Además del modo de profundidad de cobertura predeterminado, los siguientes modos de visualización de lectura breve alternativos están disponibles para la pista de lectura breve:

- *Short read mode (Modo de lectura breve)*: muestra las lecturas breves de manera ramificada, de modo que las lecturas ramificadas directas (rosa) y las lecturas ramificadas inversas (amarillo) puedan distinguirse fácilmente en la visualización.
- *Fragment mode (Modo de fragmentación)*: se trata de un modo de visualización en pares que muestra las lecturas directas e inversas correspondientes en pares en la misma línea. Las secciones superpuestas entre pares de lectura se marcan en azul, mientras que las lecturas no superpuestas se conectan con una línea delgada.

En los dos modos de arriba, la pista de lectura breve puede *contraerse* para ver un resumen de las lecturas breves (de este modo, no se puede inspeccionar en detalle cada lectura).

4.7 Tablero de configuración

El tablero “Settings” (Configuración), al que puede accederse desde el tablero “Genotyping” (Genotipificación) con el botón “Application settings” (Configuración de la aplicación), muestra una descripción general de la configuración de la herramienta y permite el acceso a funciones de administración y configuraciones de visualización. Este tablero también contiene información general acerca de la versión actual del software y del usuario actual.

4.8 Información general

Hay tres bloques de información en el Tablero de configuración:

- Omixon HLA edition (Edición de Omixon HLA): esta opción contiene el nombre y la versión del software, el identificador de la compilación, con un botón dedicado de copia al portapapeles, y cierta información de contacto y derechos de autor.
- Omixon HLA edition (Edición de Omixon HLA): esta opción contiene el nombre, la versión y el número de referencia del software, el identificador de compilación, con un botón dedicado de copia al portapapeles, y cierta información de contacto y derechos de autor.
- User info (Información de usuario): esta parte contiene el nombre de inicio de sesión, y el nombre y el apellido del usuario actual.



- License info (Información de licencia): esta parte muestra la cantidad de créditos disponibles y la fecha de vencimiento de la licencia.

4.9 Barra lateral

La barra lateral izquierda contiene los siguientes conjuntos de funciones:

4.9.1 General

Con este grupo de funciones puede configurar dónde se almacenan los archivos de los resultados y los datos de los análisis, crear y administrar protocolos, configurar genes específicos para los análisis y seleccionar la versión de ensayo que va a utilizarse para el análisis. Para obtener información detallada sobre los protocolos, consulte la página de ayuda *Analysis Protocols (Protocolos de análisis)*.

4.9.2 Base de datos

Con la función *“Install New Database” (Instalar nueva base de datos)* puede configurar una o varias versiones de la base de datos de IMGT que se usa para la genotipificación. Con la función *Select active database (Seleccionar base de datos activa)* puede especificar la versión activa de la base de datos. La genotipificación siempre se iniciará utilizando la versión activa. Si desea eliminar una base de datos instalada, puede utilizar la función *Remove Database (Eliminar base de datos)*, que le permite eliminar cualquier base de datos instalada que no esté actualmente seleccionada como activa. Puede configurar si desea utilizar o no extensiones de bases de datos en el menú *Configure Database Extensions (Configurar extensiones de base de datos)*.

4.9.3 Administration (Administración)

Con la opción *User management (Administración de usuarios)* puede crear, editar y eliminar usuarios. Con la opción *Display Hardware Key (Visualizar clave de hardware)*, puede visualizar un identificador alfanumérico para su computadora que puede usarse para generar una licencia para esa máquina específica. La opción *Upload License (Cargar licencia)* puede usarse para importar manualmente un archivo de licencia en el software.

4.9.4 Automation (Automatización)

Este grupo de funciones le permite configurar análisis automáticos en configuraciones de servidor-cliente.

4.9.5 Export Settings (Configuración de exportación)

Aquí puede configurar la exportación de LIMS.

4.9.6 Screen Settings (Configuración de pantalla)

Con este conjunto de funciones puede cambiar las configuraciones de visualización del Explorador de genes y las pantallas de resultados. Tenga en cuenta que estos cambios modificarán el comportamiento predeterminado y la apariencia del software. Si solo desea cambiar temporalmente la configuración del explorador, debe usar la opción *Display settings (Configuración de visualización)* en la pantalla del explorador. También puede modificar los filtros predeterminados de las pantallas de resultados de genotipificación. Tenga presente que, si anula la selección de un locus en este asistente, los resultados de ese locus no se mostrarán, independientemente de los resultados de la tipificación. Puede recuperar los valores predeterminados de ambos conjuntos de configuración con la función *Restore defaults (Restaurar valores predeterminados)*. Para obtener más información acerca de esta configuración, consulte las siguientes páginas de ayuda: *Pantallas de resultados de análisis y Explorador de genes*.