



Guia do utilizador

Omixon HLA Twin CE 4.2.0

03/27/2020

1	Histórico de revisões e alterações.....	5
2	Introdução	8
2.1	Informação da empresa.....	8
2.2	Informações gerais.....	8
2.3	Tecnologias de sequenciação	8
2.4	Princípio do método	8
2.4.1	Algoritmo de genotipagem consensual (CG).....	8
2.4.2	Algoritmo de genotipagem estatístico (SG).....	8
2.4.3	Genotipagem Twin.....	9
2.5	Utilização prevista	9
2.6	Avisos e precauções:	9
2.6.1	Limitações conhecidas do produto	9
2.7	Métodos de validação e características de desempenho	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 de versão.....	12
2.9	Referências	12
3	Guia de instalação.....	13
3.1	Introdução.....	13
3.1.1	Informações gerais.....	13
3.1.2	Atualizar da versão HLA Twin 3.1.3 ou inferior	13
3.2	Configurações disponíveis.....	13
3.2.1	Informações gerais.....	13
3.2.2	Desktop.....	13
3.2.3	Server (autónomo)	14
3.2.4	Server (distribuído)	14
3.3	Requisitos do sistema	15
3.3.1	HLA Twin Desktop	15
3.3.2	HLA Twin Client	15
3.3.3	HLA Twin Server (autónomo)	15
3.3.4	HLA Twin Server (distribuído)	15

3.3.5	HLA Twin Typer (distribuído).....	15
3.3.6	Espaço de armazenamento	15
3.4	Instalar o MySQL	16
3.4.1	Windows	16
3.4.2	OSX.....	28
3.4.3	Linux	39
3.5	Configurar uma base de dados MySQL pré-existente	39
3.6	Instalação do Desktop	39
3.6.1	Atualizar da versão HLA Twin 3.1.3 ou inferior	39
3.6.2	Instalar o HLA Twin Desktop	39
3.7	Instalação do Servidor Autónomo	50
3.7.1	Atualizar da versão HLA Twin 3.1.3 ou inferior	50
3.7.2	Notas antes da instalação	51
3.7.3	Instalar o HLA Twin Server.....	51
3.8	Instalação do Client	64
3.8.1	Atualizar da versão HLA Twin 3.1.3 ou inferior	64
3.8.2	Notas antes da instalação	64
3.8.3	Instalar o HLA Twin Client.....	65
3.9	Migração da base de dados	71
3.9.1	Aspetos gerais	71
3.9.2	Dados a serem migrados	71
3.9.3	O processo de migração	72
3.9.4	Localização da base de dados antiga	72
3.10	Instruções para a primeira utilização	72
3.10.1	Estabelecer ligação ao servidor	72
	Ligar o cliente	72
	Exportar e importar a configuração de ligação	73
3.10.2	Criar o primeiro utilizador	74
4	Guia de iniciação rápido	75
4.1	Iniciar sessão	75
4.2	Painel de genotipagem.....	75
4.3	Análise	76
4.3.1	Genotipagem simples – recomendada para amostras Holotype.....	76
4.3.2	Resultados.....	76

4.4	Resultados de análise de genotipagem	76
4.4.1	Resolução de problemas com resultados ausentes.....	78
4.5	Resultados de amostra de genotipagem	78
4.6	Browser de genes	79
4.7	Painel Definições.....	80
4.8	Informações gerais.....	80
4.9	Barra lateral.....	81
4.9.1	Generalidades	81
4.9.2	Base de dados	81
4.9.3	Administração	81
4.9.4	Automatização	81
4.9.5	Export Settings (Definições de Exportação)	81
4.9.6	Screen Settings (Definições de Ecrã)	81

1 Histórico de revisões e alterações

Versão	Data de aprovação	Autor	Resumo de alterações	Aprovado por
3.0.0	 29 Jun 2018	Adél Juhász Ágnes Pásztor	Introdução de modificações associadas a ABO e MIC na genotipagem e apresentação de resultados. Eliminação da palavra “HLA” nos casos em que ABO ou MIC também poderiam ser usadas. Correções menores diversas no texto.	Adél Juhász Ágnes Pásztor
3.1.0	 31 Aug 2018	Petra Hoch	Adição da secção de informações da empresa. Pequenas correções de redação e de formatação.	Adél Juhász
3.1.1	 08 Nov 2018	Krisztina Rigó Petra Hoch	Atualização das medições de desempenho para o Holotype HLA v1 e adição para o Holotype HLA v2. Pequenas correções de redação e de formatação.	Adél Juhász
3.1.2	 13 Nov 2018	Adél Juhász	Adição da definição de suporte de base de dados IMGT para proporcionar suporte à descrição do período. Pequenas correções nas referências ao manual.	Krisztina Rigó
3.1.3	 13 Feb 2019	Adél Juhász	Adição da descrição de genotipagem Twin, incluindo lógica de execução SG Modificação das recomendações de definição de pasta temporária para configuração do servidor	Krisztina Rigó Mónika Hulita

Versão	Data de aprovação	Autor	Resumo de alterações	Aprovado por
4.0.0	 06 Aug 2019	Adél Juhász	Atualização do guia de iniciação rápido com: • Nova estrutura da tabela de resultados • Marcações no nível do locus • Novo posicionamento da função do histórico de atribuições • Funcionalidade de fechar/expandir a tabela • Registo de Eventos • Typer Manager • Painel de informação inferior no painel Eliminação da secção Omixon HLA Server Revisão da secção Guia de instalação, com a adição de: • Configurações disponíveis • Instalação do Desktop • Instalação do Servidor Autónomo • Guia para a primeira utilização: • Criar o primeiro utilizador • Estabelecer ligação ao servidor	Marton Pogany
4.0.0	 09 Aug 2019	Adél Juhász	Eliminação da página Requisitos do Sistema da Introdução e inserção e atualização da mesma no Guia de instalação com valores efetivos Adição de páginas ao Guia de instalação: • Introdução • Instalação do Client • Migração de dados	Marton Pogany

Versão	Data de aprovação	Autor	Resumo de alterações	Aprovado por
4.0.1	 15 Oct 2019	Adél Juhász	Atualização do Guia de instalação: • Eliminação de H2, introdução de referência ao MySQL em alternativa • Adição da configuração MySQL • Substituição das ligações diretas para o Manual de instalação de software por referências textuais Eliminação do Guia de instalação na hierarquia de páginas e inserção do mesmo antes do Guia de iniciação rápido	Nándor Varga
4.1.0	 09 Jan 2020	Nándor Varga	Atualização do Guia de iniciação rápido: adição do ícone de antígeno equivalente sorológico à lista de marcações. Atualização das medições de desempenho para os Holotype HLA v1 e V2 e adição para o Holotype HLA v3.	Adél Juhász
4.2.0	 17 Mar 2020	Nándor Varga	Atualização das medições de desempenho para os Holotype HLA v1, V2 e v3.	Mónika Hulita



2 Introdução

2.1 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

2.2 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.

2.3 Tecnologias de sequenciação

O Omixon HLA Twin suporta dados de sequenciação Illumina.

2.4 Princípio do método

2.4.1 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).

2.4.2 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.

¹ <mailto:support@omixon.com>

² <mailto:sales@omixon.com>

³ <mailto:sales@omixon.com>



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

2.4.3 Genotipagem Twin

A genotipagem Twin é uma combinação dos algoritmos CG e SG, descritos acima. Ao realizar a genotipagem Twin, o algoritmo CG é executado para todos os loci segmentados. Subsequentemente, o algoritmo SG é executado para loci com resultados de CG que preencham um conjunto de condições predefinidas. Além das condições de execução definidas pelo utilizador, o algoritmo SG é programado para ser executado sempre para loci com alelos novos e nunca para o locus HLA-DRB3.

2.5 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.

2.6 Avisos e precauções:

2.6.1 Limitações conhecidas do produto

Os algoritmos foram codese desenvolvidos 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!

2.7 Métodos de validação e características de desempenho

As estatísticas de desempenho apresentadas abaixo foram geradas utilizando o Omixon HLA Twin, versão 4.2.0, e a base de dados IMGT, versão 3.38.0_9. 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.

2.7.1 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	99.28%	98.80%	98.68%	99.04%	99.64%	95.07%	98.56%	98.45%
Especificidade	99.98%	99.97%	99.95%	99.96%	99.96%	99.80%	99.96%	99.95%
Precisão	99.28%	98.80%	98.68%	99.04%	99.64%	95.07%	98.56%	98.45%



Medição	HLA-A	HLA-B	HLA-C	HLA-DPB1	HLA-DQA1	HLA-DQB1	HLA-DRB1	Total
Valor preditivo negativo	99.98%	99.97%	99.95%	99.96%	99.96%	99.80%	99.96%	99.95%
Tipo corretamente classificado	99.95%	99.95%	99.91%	99.92%	99.93%	99.62%	99.93%	99.90%

2.7.2 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	99.71%	99.14%	97.43%	98.56%	98.57%	96.26%	96.00%	98.86%	98.20%	84.62%	98.27%	96.91%
Especificidade	99.99%	99.99%	99.92%	99.88%	99.95%	99.79%	99.82%	99.98%	99.40%	92.31%	99.42%	99.88%
Precisão	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 preditivo 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 corretamente classificado	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

No total, foram analisadas 248 amostras. Os dados de sequenciação foram gerados utilizando o Holotype HLA, versão 3.

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	99.19%	99.60%	98.79%	97.38%	94.56%	96.98%	97.18%	97.78%	99.24%	96.99%	97.66%	97.76%
Especificidade	99.99%	100.00%	99.97%	99.81%	99.88%	99.85%	99.86%	99.97%	99.81%	98.49%	99.53%	99.94%
Precisão	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 preditivo 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 corretamente classificado	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 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/>

2.9 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.

3 Guia de instalação

3.1 Introdução

3.1.1 Informações gerais

Este é um excerto do *Guia de instalação de software*. Caso não tenha conseguido encontrar as informações que procurava neste documento, consulte o *Guia de instalação de software* expandido. Para obter mais informações e assistência, contacte-nos através do e-mail support@omixon.com.⁴

3.1.2 Atualizar da versão HLA Twin 3.1.3 ou inferior

Tenha em atenção que o processo de atualização é diferente do habitual. Para garantir uma atualização segura sem perda de dados, leia o capítulo *Guia de instalação* que seja relevante para si.

3.2 Configurações disponíveis

3.2.1 Informações gerais

Este capítulo explica as três configurações possíveis em que o HLA Twin pode ser usado. Cada uma delas é adequada para laboratórios com produtividade diferente.

Cada configuração exigirá a instalação local ou remota de um servidor de base de dados MySQL 8.

Este guia do utilizador contém instruções para instalar o Desktop e o Server autónomo, bem como o Client. Para obter informações detalhadas sobre a instalação do Server distribuído, consulte o *Guia de instalação de software*.

3.2.2 Desktop

- Adequado para laboratórios menores
- Apenas pode iniciar sessão um utilizador de cada vez
- Apenas pode ser analisada uma amostra de cada vez

O software é executado num único computador, os utilizadores têm de partilhar o mesmo computador para trabalhar com o software. O HLA Twin possui o seu próprio sistema de gestão de utilizadores; portanto, independentemente de quem tiver iniciado sessão no Windows, o utilizador pode trabalhar com a sua própria identidade no HLA Twin (isto é importante para os recursos de auditoria, fluxo de trabalho e comentários). Se o mesmo software estiver instalado noutro computador, os dois programas não poderão comunicar, portanto as informações do utilizador mencionado não estarão disponíveis. Não recomendamos esta configuração.

⁴ <mailto:support@omixon.com>.

3.2.3 Server (autónomo)

- Adequado para laboratórios de produtividade média
- **Podem trabalhar vários utilizadores em simultâneo**
- Apenas pode ser analisada uma amostra de cada vez

O HLA Twin Server (autónomo):

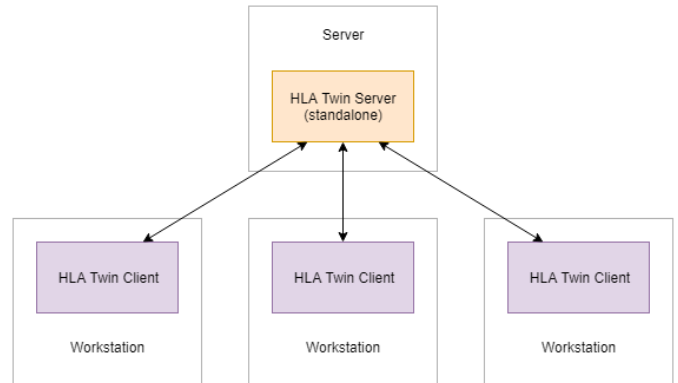
- executa análises de amostras
- prepara a informação para o HLA Twin Client
- conserva todos os dados do utilizador

O HLA Twin Client

- controla o HLA Twin Server
- mostra o que o HLA Twin Server lhe envia
- é "uma concha vazia"

Podem estabelecer ligação ao HLA Twin Server vários programas de software HLA Twin Client, em simultâneo.

A licença está vinculada ao HLA Twin Server, portanto o número de HLA Twin Clients não é limitado.



3.2.4 Server (distribuído)

- Adequado para laboratórios de produtividade elevada
- Podem trabalhar vários utilizadores em simultâneo
- **Podem ser analisadas várias amostras em simultâneo (dependendo do número de Typers)**

O HLA Twin Server (distribuído):

- **não** executa análises de amostras
- controla as instâncias do HLA Twin Typer
- prepara a informação para o HLA Twin Client
- conserva todos os dados do utilizador

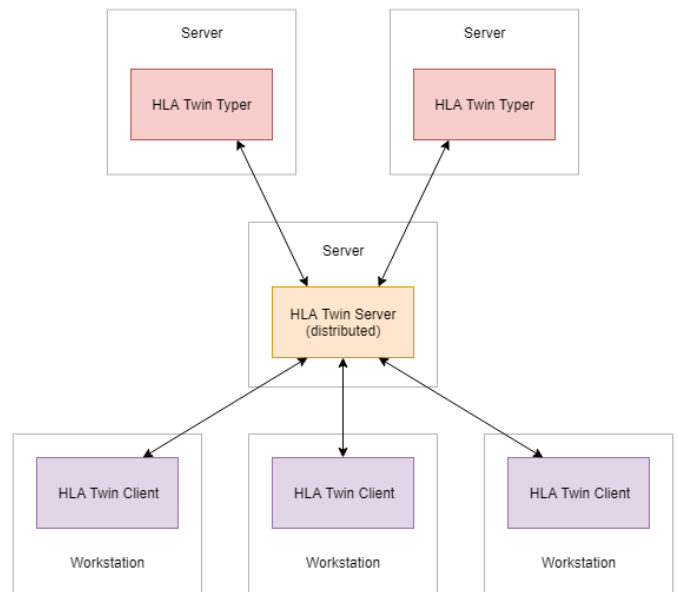
O HLA Twin Typer:

- executa análises de amostras
- envia os resultados de análise para o HLA Twin Server

O HLA Twin Client

- controla o HLA Twin Server
- mostra o que o HLA Twin Server lhe envia
- é "uma concha vazia"

Vários HLA Twin Typers podem estar ligados a um HLA Twin Server. Um HLA Twin Server e uma instância de HLA Twin Typer podem ser executados no mesmo servidor.



3.3 Requisitos do sistema

3.3.1 HLA Twin Desktop

- **CPU:** CPU de 64 bits com, no mínimo, 4 núcleos físicos (8 threads ou vCPU)
- **SO:** Qualquer sistema operativo de 64 bits
- **RAM:** No mínimo, 12 GB para o software, porém recomendam-se 16 GB
- **Vídeo:** Placa de vídeo compatível com OpenGL 2.0

3.3.2 HLA Twin Client

- **CPU:** CPU de 64 bits com, no mínimo, 2 núcleos físicos (recomendam-se 4)
- **SO:** Qualquer sistema operativo de 64 bits
- **RAM:** No mínimo, 4 GB para o software, porém recomendam-se 6 GB
- **Vídeo:** Placa de vídeo compatível com OpenGL 2.0
- **Rede:** No mínimo, uma ligação de 100/1000 Mbps

3.3.3 HLA Twin Server (autónomo)

- **CPU:** CPU de 64 bits com, no mínimo, 4 núcleos físicos (8 threads ou vCPU)
- **SO:** Qualquer sistema operativo de 64 bits (OSX não suportado)
- **RAM:** No mínimo, 18 GB para o software, porém recomendam-se 26,5 GB
- **Rede:** No mínimo, uma ligação de 100/1000 Mbps

3.3.4 HLA Twin Server (distribuído)

- **CPU:** CPU de 64 bits com, no mínimo, 4 núcleos físicos (8 threads ou vCPU)
- **SO:** Qualquer sistema operativo de 64 bits (OSX não suportado)
- **RAM:** No mínimo, 6 GB para o software, porém recomendam-se 8 GB
- **Rede:** No mínimo, uma ligação de 100/1000 Mbps

3.3.5 HLA Twin Typer (distribuído)

- **CPU:** CPU de 64 bits com, no mínimo, 4 núcleos físicos (8 threads ou vCPU)
- **SO:** Qualquer sistema operativo de 64 bits
- **RAM:** No mínimo, 16 GB para o software, porém recomendam-se 22 GB
- **Rede:** No mínimo, uma ligação de 100/1000 Mbps

3.3.6 Espaço de armazenamento

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.com⁵.

⁵ <mailto:support@omixon.com>

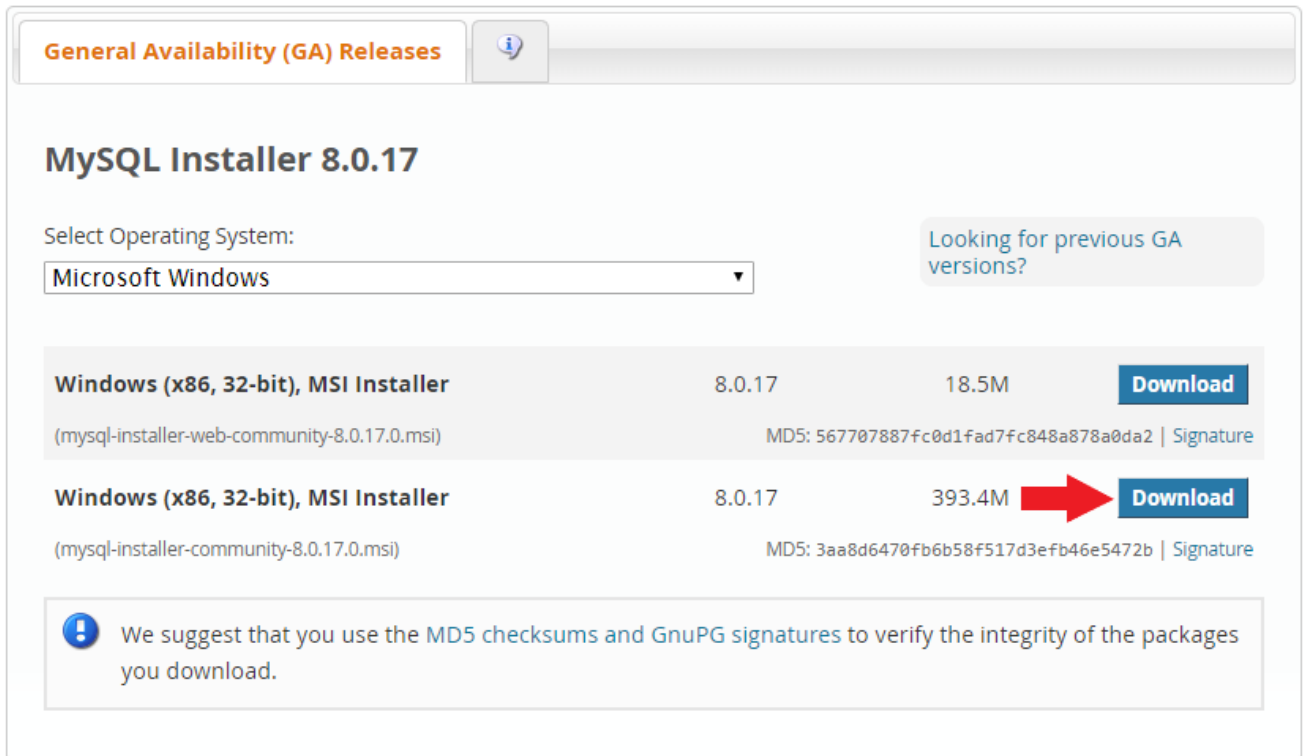
3.4 Instalar o MySQL

Todas as edições do HLA Twin basear-se-ão numa base de dados **MySQL 8** externa, que necessita de configurar antes de instalar o HLA Twin. Esta é uma nova melhoria do HLA Twin, para fornecer uma experiência de utilizador mais robusta e responsiva. Siga as instruções deste capítulo antes de instalar o HLA Twin.

3.4.1 Windows

Se pretender utilizar um servidor **MySQL 8** já instalado no seu ambiente, consulte [Configurar uma base de dados MySQL pré-existente](#) (see page 39). Sugerimos que utilize uma instância local do MySQL para utilizadores do HLA Twin Desktop. Siga estes passos para transferir e instalar o MySQL 8 para Windows.

1. Aceda a <https://dev.mysql.com/downloads/installer/>
2. Transfira o pacote "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

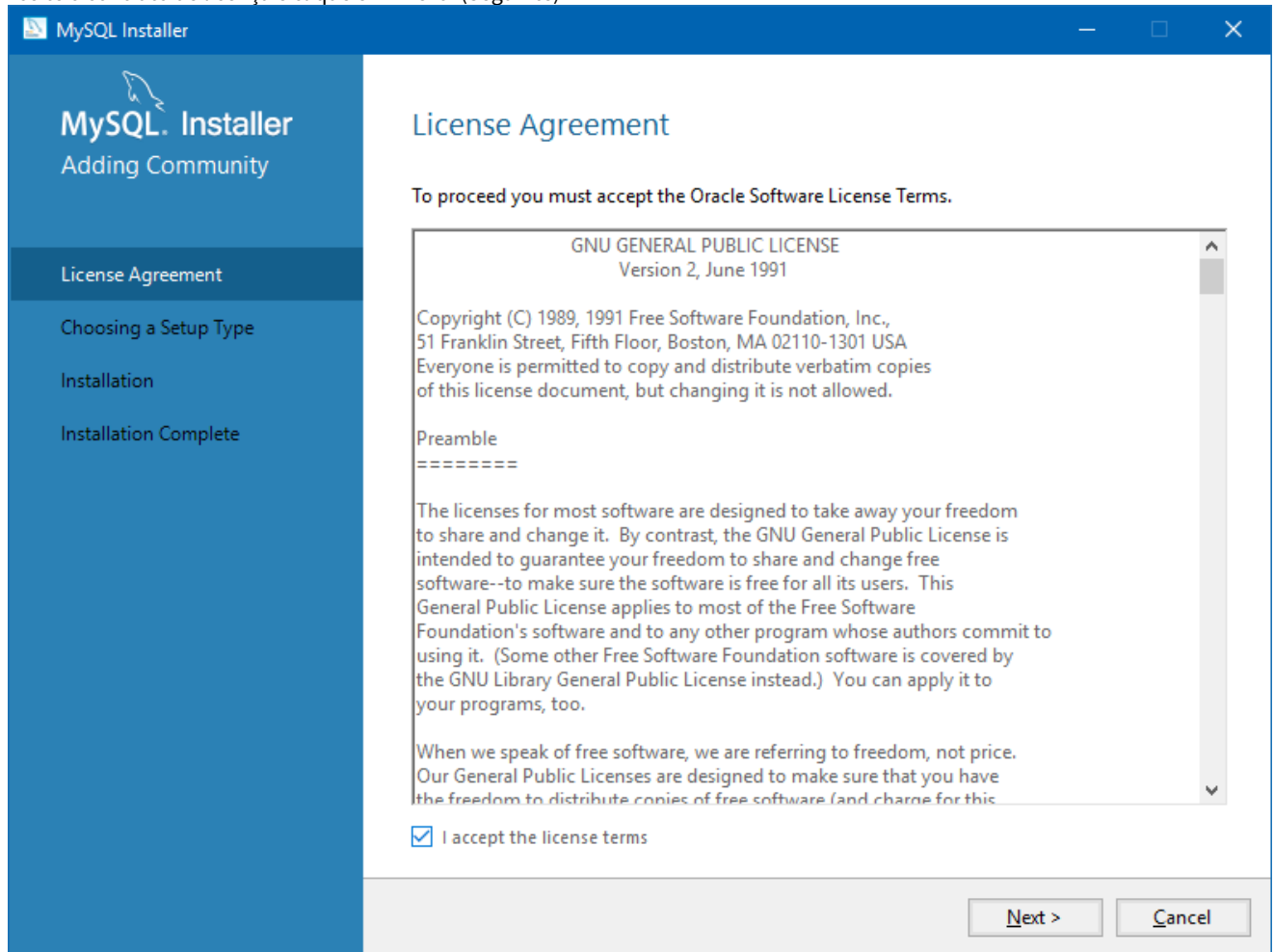
MD5: 567707887fc0d1fad7fc848a878a0da2 | [Signature](#)

MD5: 3aa8d6470fb6b58f517d3efb46e5472b | [Signature](#)

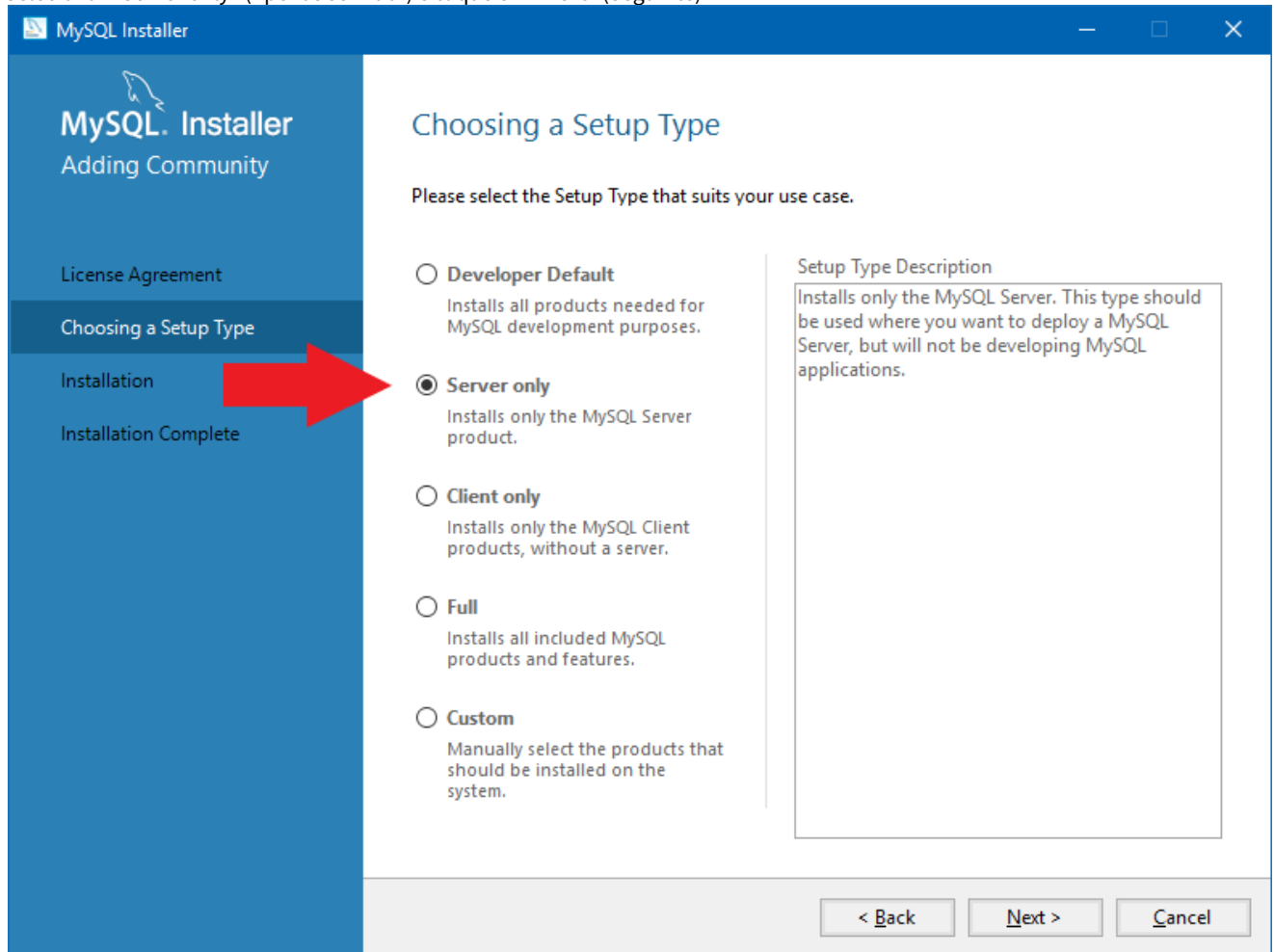
 We suggest that you use the [MD5 checksums](#) and [GnuPG signatures](#) to verify the integrity of the packages you download.

3. Após a transferência, inicie o instalador

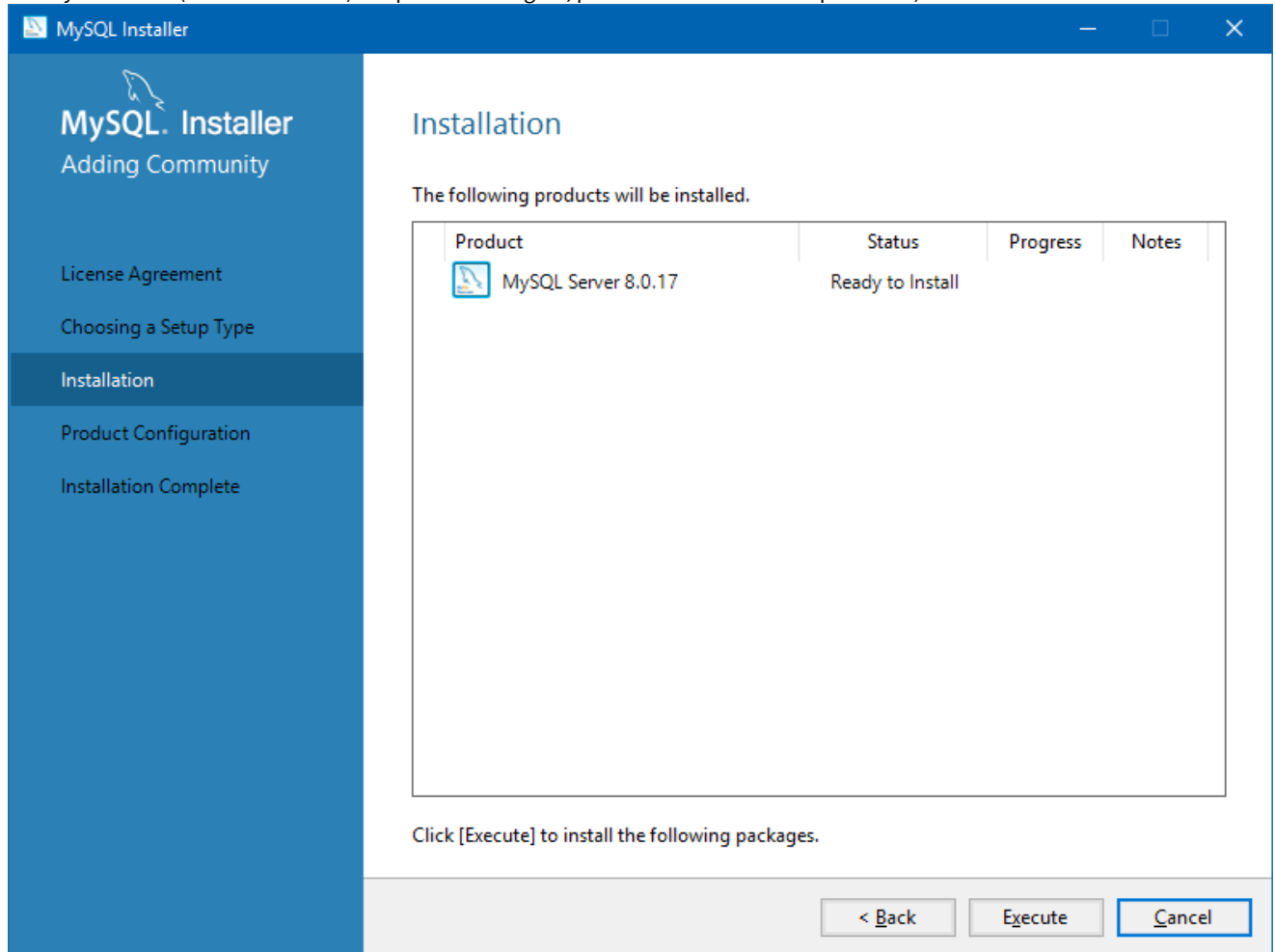
4. Aceite o contrato de licença e clique em «Next» (Seguinte)



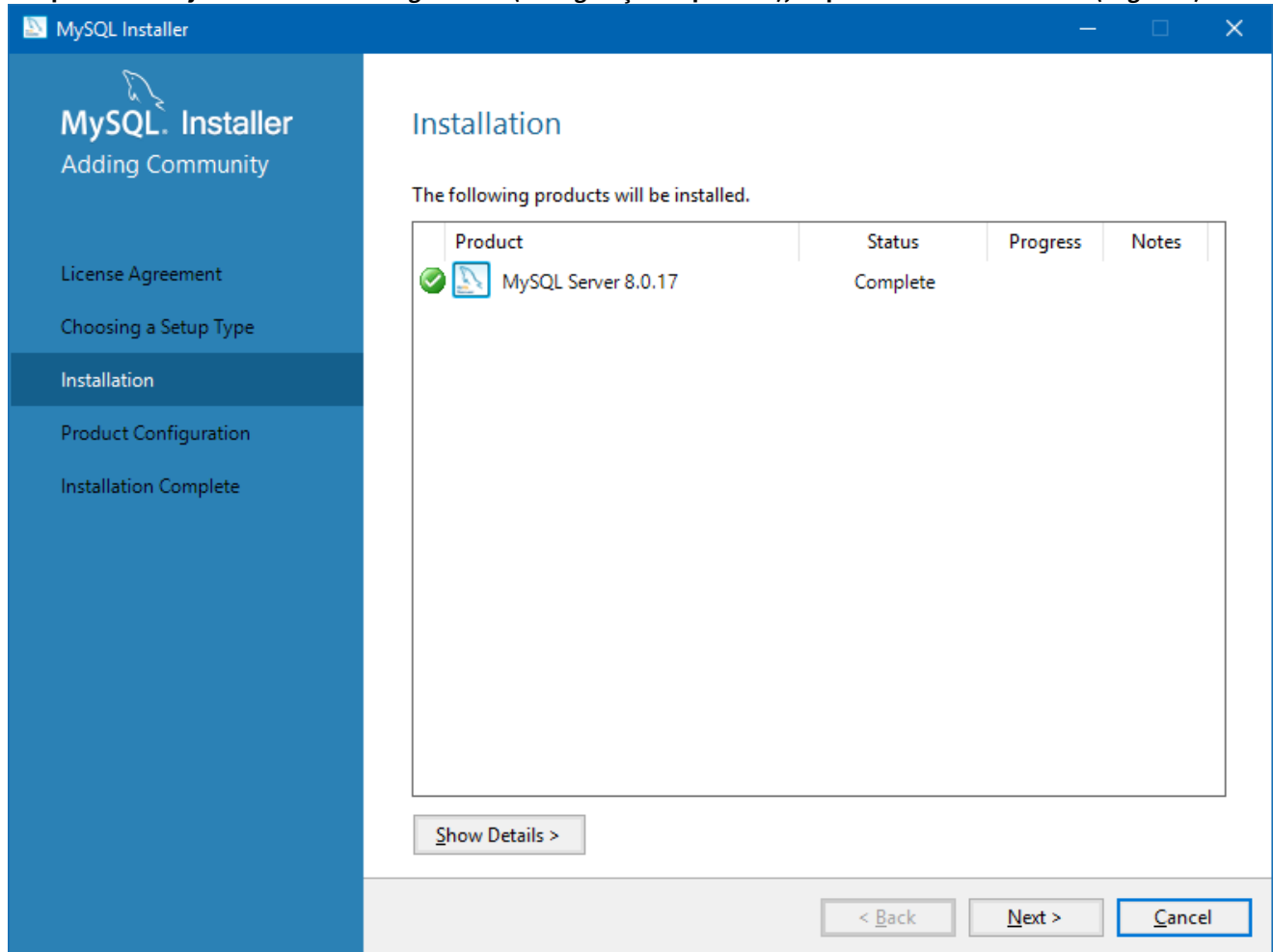
5. Selecionar «Server only» (Apenas servidor) e clique em «Next» (Seguinte)



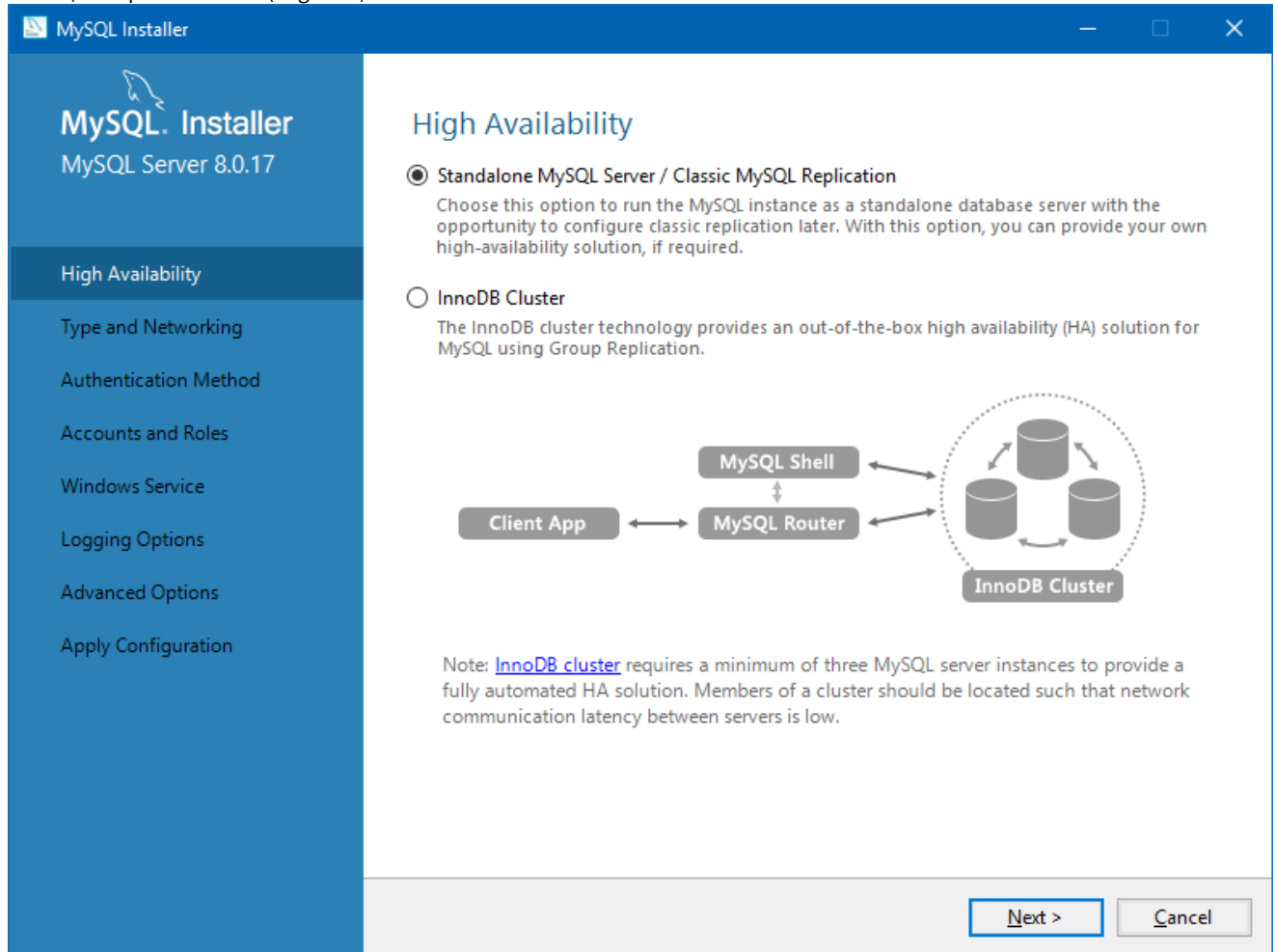
6. Clique em «Execute» (Executar) (tenha em atenção que o instalador pode indicar que o MySQL Server não se encontra no estado «Ready to Install» (Pronto a instalar). Clique na mensagem, para ver como resolver o problema)



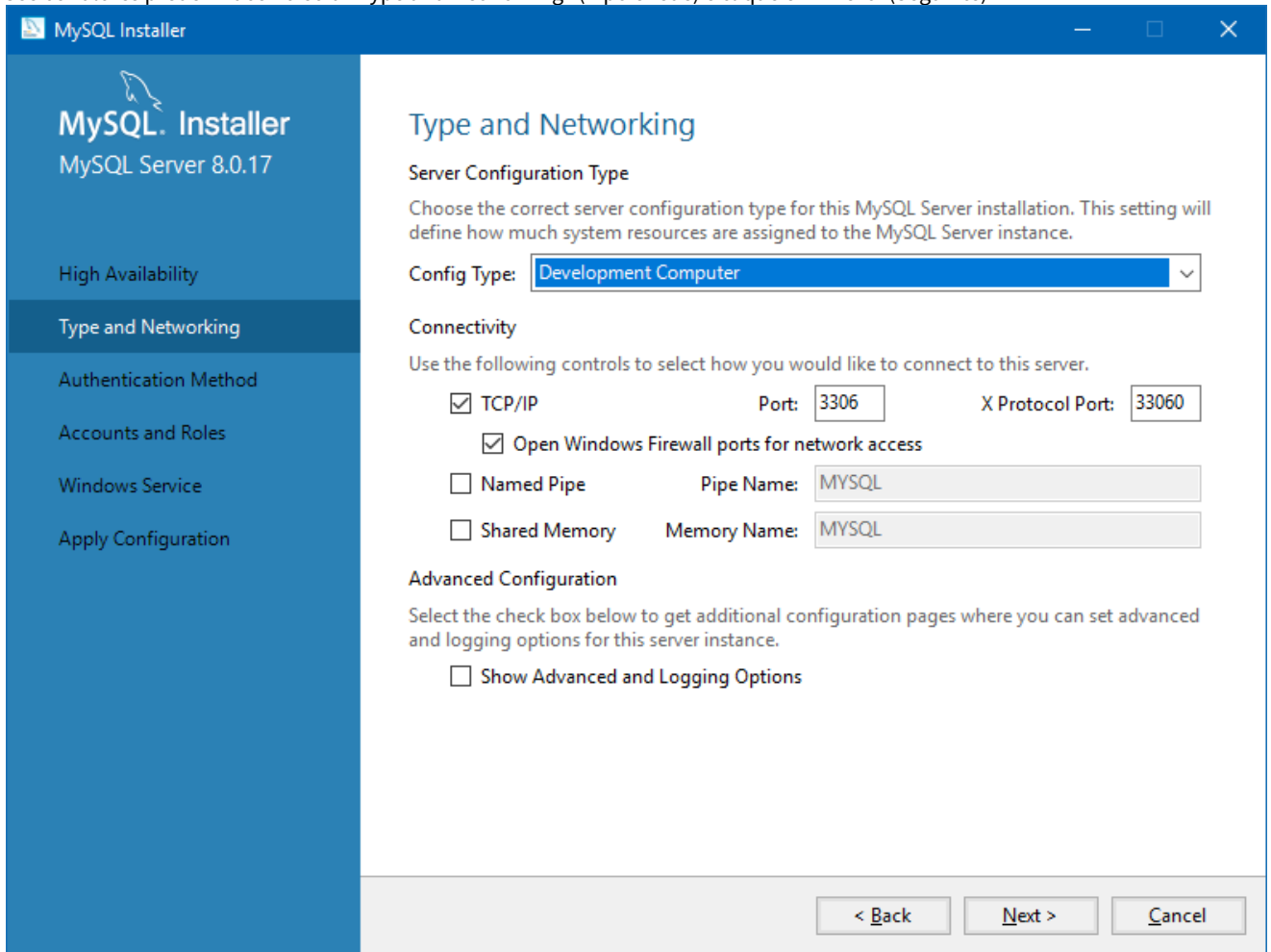
7. Quando a instalação estiver concluída, verá uma marca verde ao lado do ícone do MySQL. Clique em «Next» (Seguinte), **e, quando for apresentada a janela «Product Configuration» (Configuração do produto), clique novamente em «Next» (Seguinte).**



8. Selecione a opção predefinida «Standalone MySQL Server / Classic MySQL Replication» (MySQL Server Autónomo / Réplica do MySQL Classic) e clique em «Next» (Seguinte)



9. Use os valores predefinidos no ecrã «Type and Networking» (Tipo e rede) e clique em «Next» (Seguinte)



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: Development Computer

Connectivity

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

☒ TCP/IP Port: 3306 X Protocol Port: 33060

☒ Open Windows Firewall ports for network access

☐ Named Pipe Pipe Name: MYSQL

☐ Shared Memory Memory Name: MYSQL

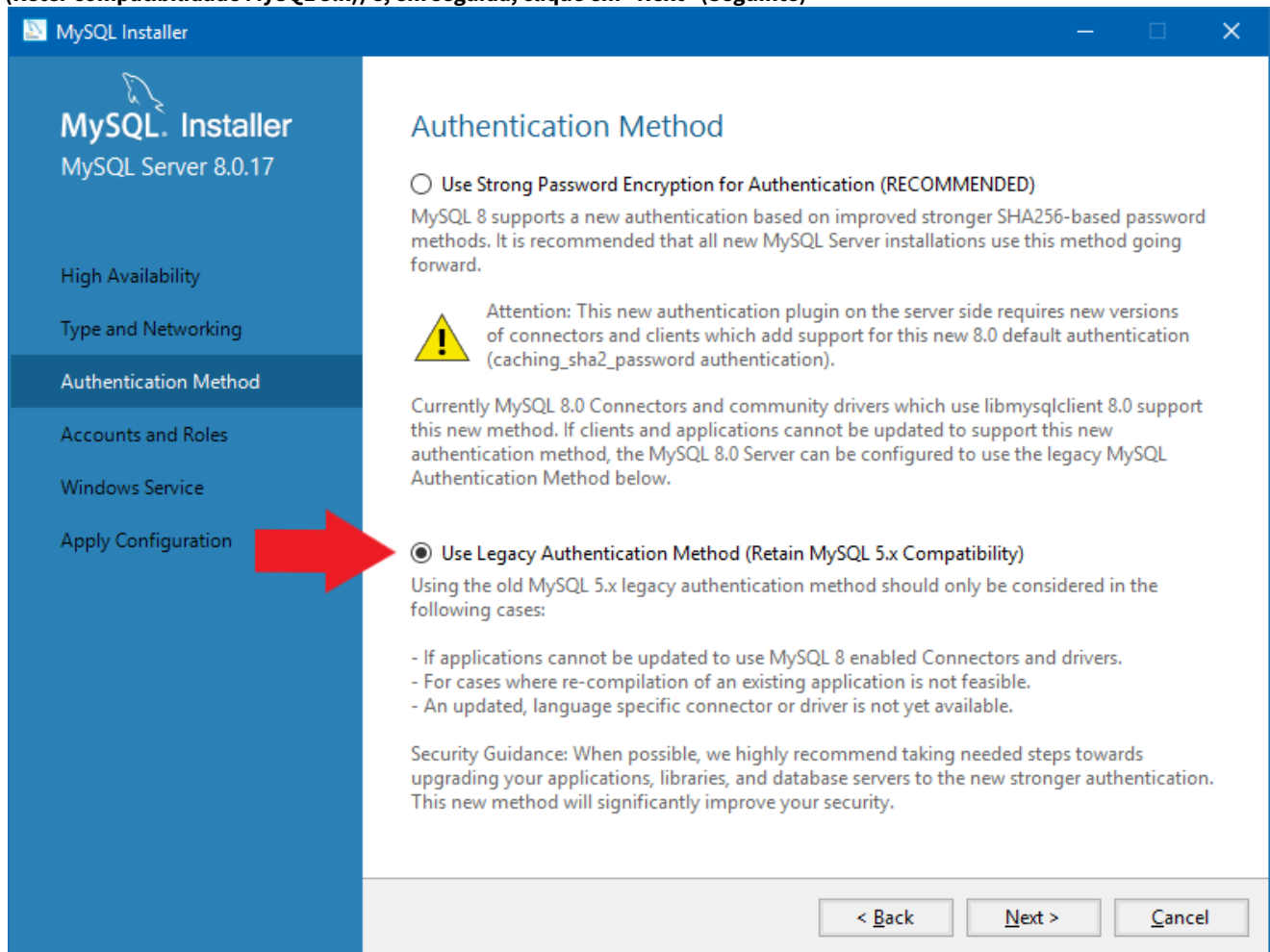
Advanced Configuration

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

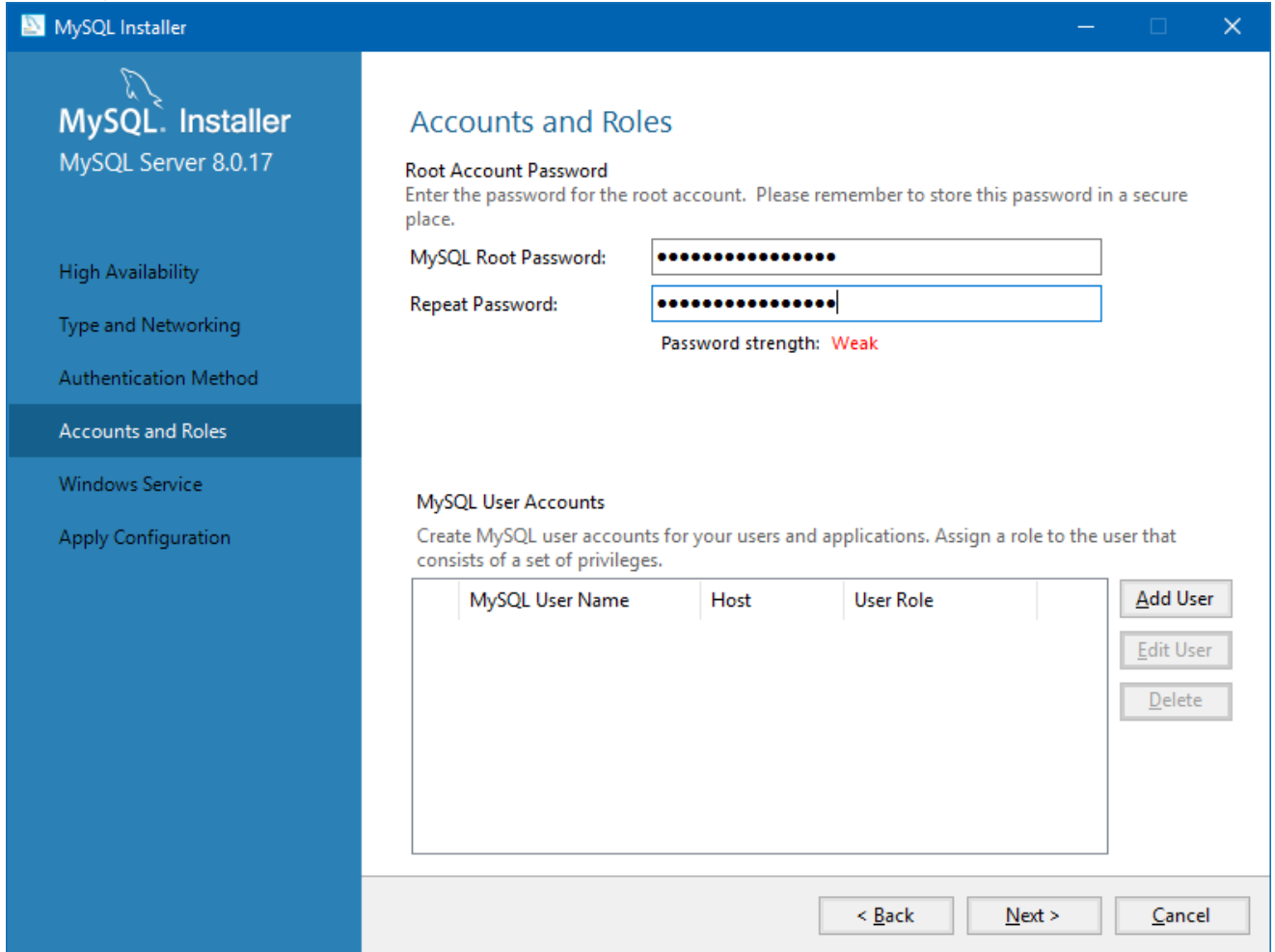
☐ Show Advanced and Logging Options

< Back Next > Cancel

10. Selecione «Use Legacy Authentication Method (Retain MySQL 5.x Compatibility)» (Utilizar método de autenticação de legado (Reter compatibilidade MySQL 5.x)) e, em seguida, clique em «Next» (Seguinte)



11. Especifique a palavra-passe de raiz do MySQL (**tome nota desta palavra-passe**) e, em seguida, clique em «**Add User**» (**Adicionar utilizador**)



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**

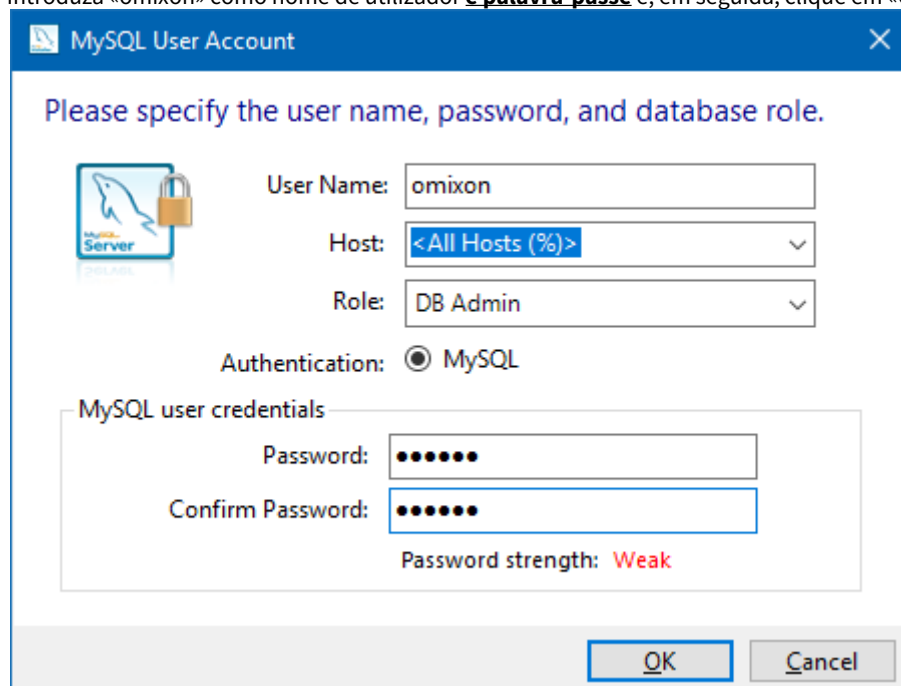
MySQL User Accounts
Create MySQL user accounts for your users and applications. Assign a role to the user that consists of a set of privileges.

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

[Add User](#)
[Edit User](#)
[Delete](#)

< [Back](#) [Next >](#) [Cancel](#)

12. Introduza «omixon» como nome de utilizador e **palavra-passe** e, em seguida, clique em «Ok» e «Next» (Seguinte)



The image shows a 'MySQL User Account' dialog box. It has a blue title bar with a close button. The main text says 'Please specify the user name, password, and database role.' On the left is a MySQL Server icon. The form contains the following fields: 'User Name' with the text 'omixon'; 'Host' with a dropdown menu showing '<All Hosts (%)>'; 'Role' with a dropdown menu showing 'DB Admin'; 'Authentication' with a radio button selected for 'MySQL'. Below these is a section titled 'MySQL user credentials' containing 'Password' and 'Confirm Password' fields, both filled with dots. Below these fields, it says 'Password strength: Weak' in red text. At the bottom right are 'OK' and 'Cancel' buttons.

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

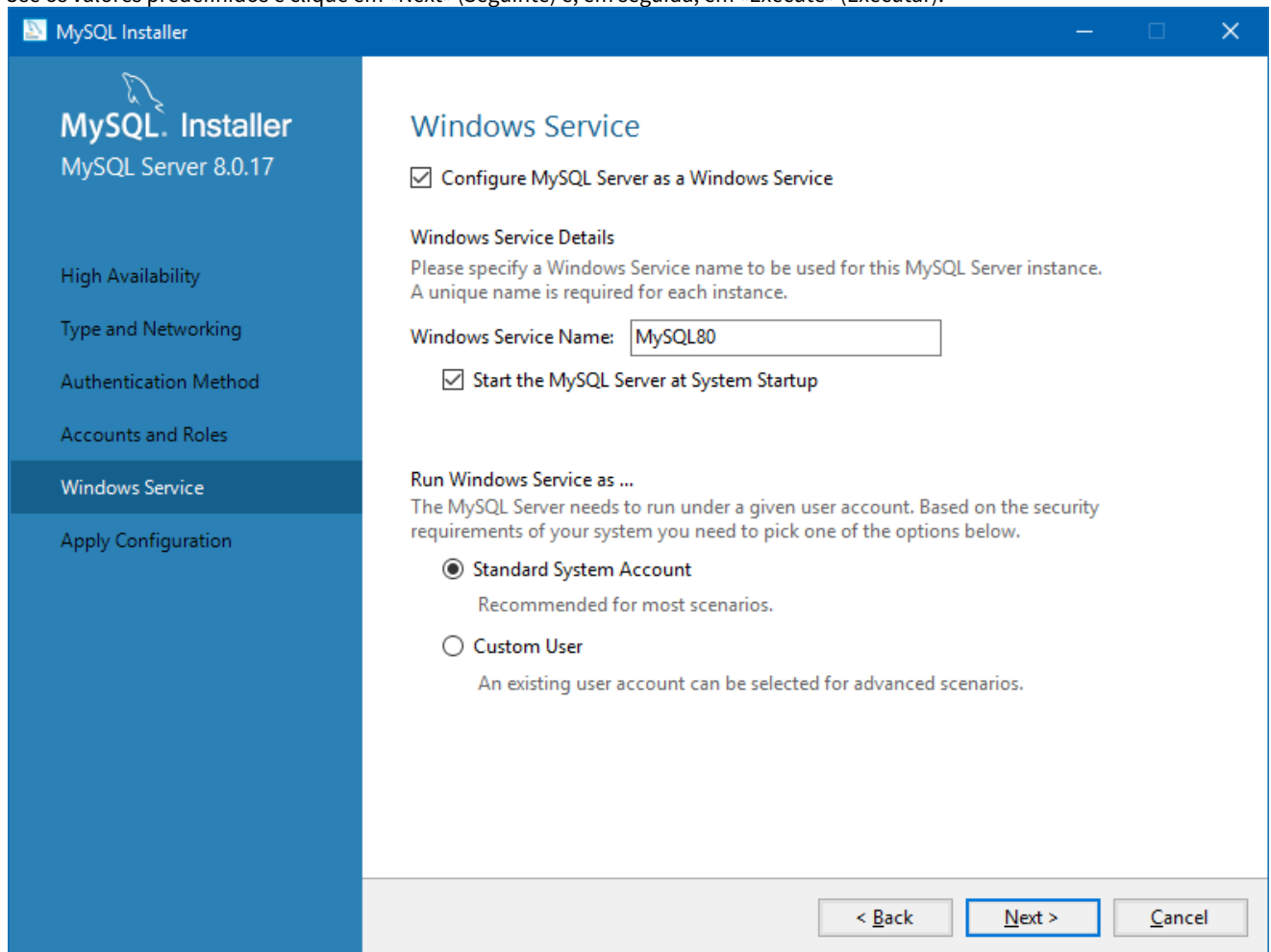
Password: ••••••

Confirm Password: ••••••

Password strength: Weak

OK Cancel

13. Use os valores predefinidos e clique em «Next» (Seguinte) e, em seguida, em «Execute» (Executar).



MySQL Installer

MySQL Server 8.0.17

High Availability

Type and Networking

Authentication Method

Accounts and Roles

Windows Service

Apply Configuration

Windows Service

☒ Configure MySQL Server as a Windows Service

Windows Service Details
Please specify a Windows Service name to be used for this MySQL Server instance. A unique name is required for each instance.

Windows Service Name:

☒ Start the MySQL Server at System Startup

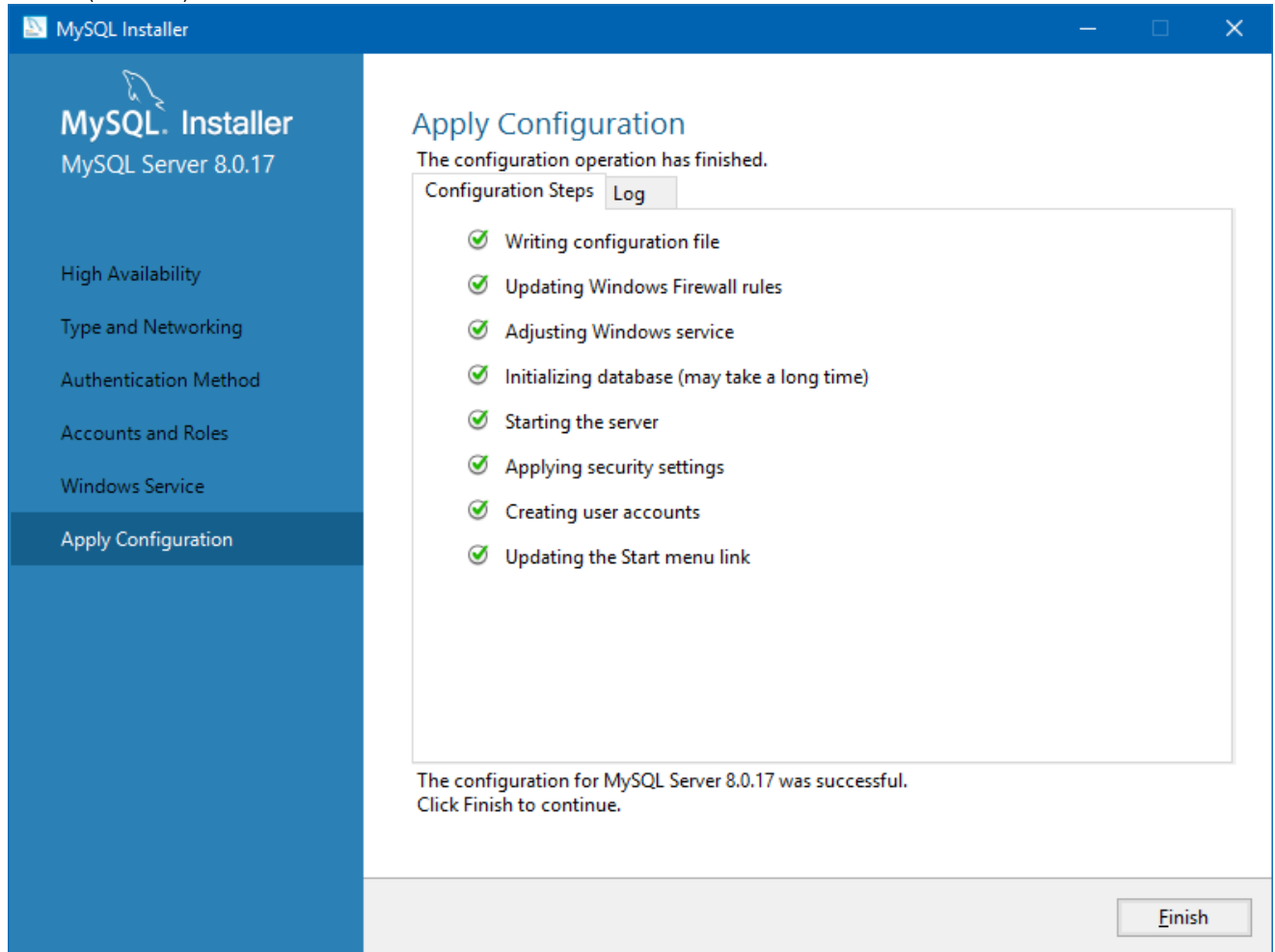
Run Windows Service as ...
The MySQL Server needs to run under a given user account. Based on the security requirements of your system you need to pick one of the options below.

☒ **Standard System Account**
Recommended for most scenarios.

☐ **Custom User**
An existing user account can be selected for advanced scenarios.

< Back **Next >** Cancel

14. Clique em «Finish» (Terminar) quando a configuração estiver concluída. Em seguida, clique em «Next» (Seguinte) e, depois, em «Finish» (Terminar).



O MySQL está agora configurado corretamente. Pode continuar para a instalação do HLA Twin.

3.4.2 OSX

Se pretender utilizar um servidor **MySQL 8** já instalado no seu ambiente, consulte [Configurar uma base de dados MySQL pré-existente](#) (see page 39). Sugerimos que utilize uma instância local do MySQL para utilizadores do HLA Twin Desktop.

Siga estes passos para transferir e instalar o MySQL 8 para OSX.

1. Aceda a <https://dev.mysql.com/downloads/mysql/>
2. Transfira o pacote "macOS 10.14 (x86, 64-bit), DMG Archive"

General Availability (GA) Releases

MySQL Community Server 8.0.18

Select Operating System:
macOS

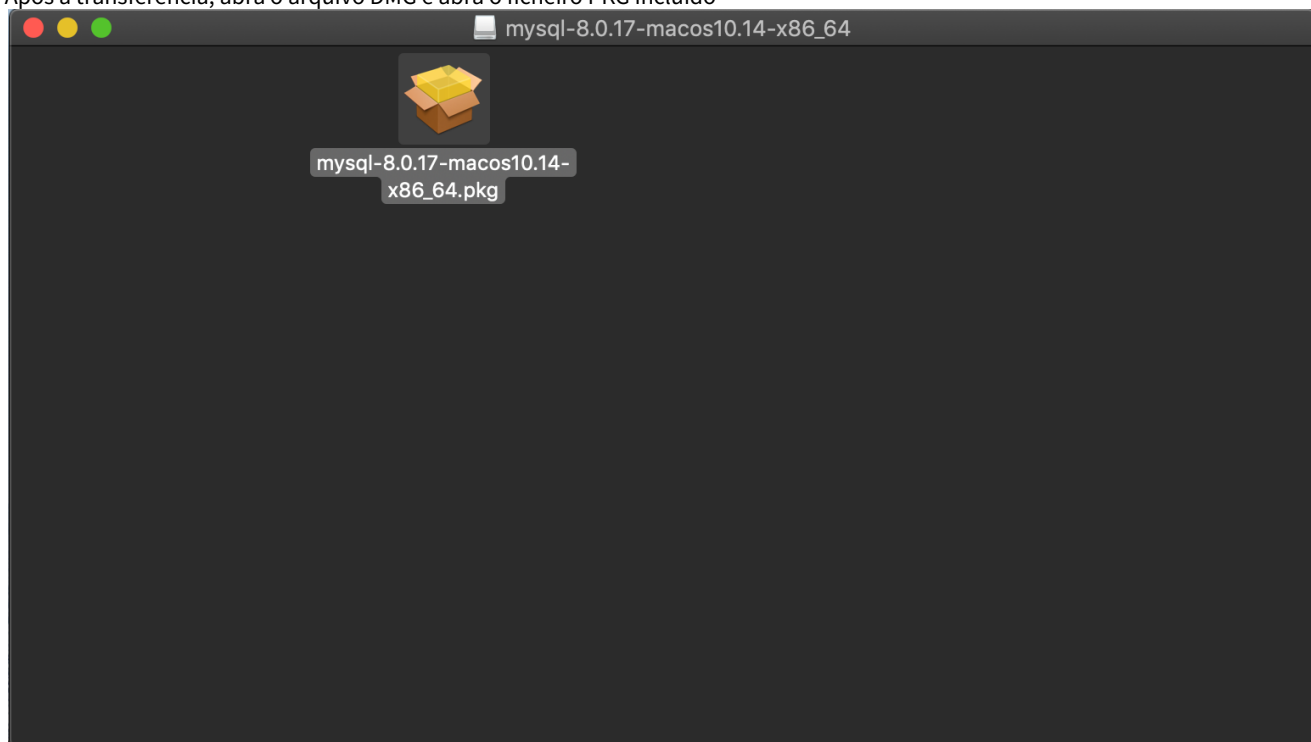
[Looking for previous GA versions?](#)

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

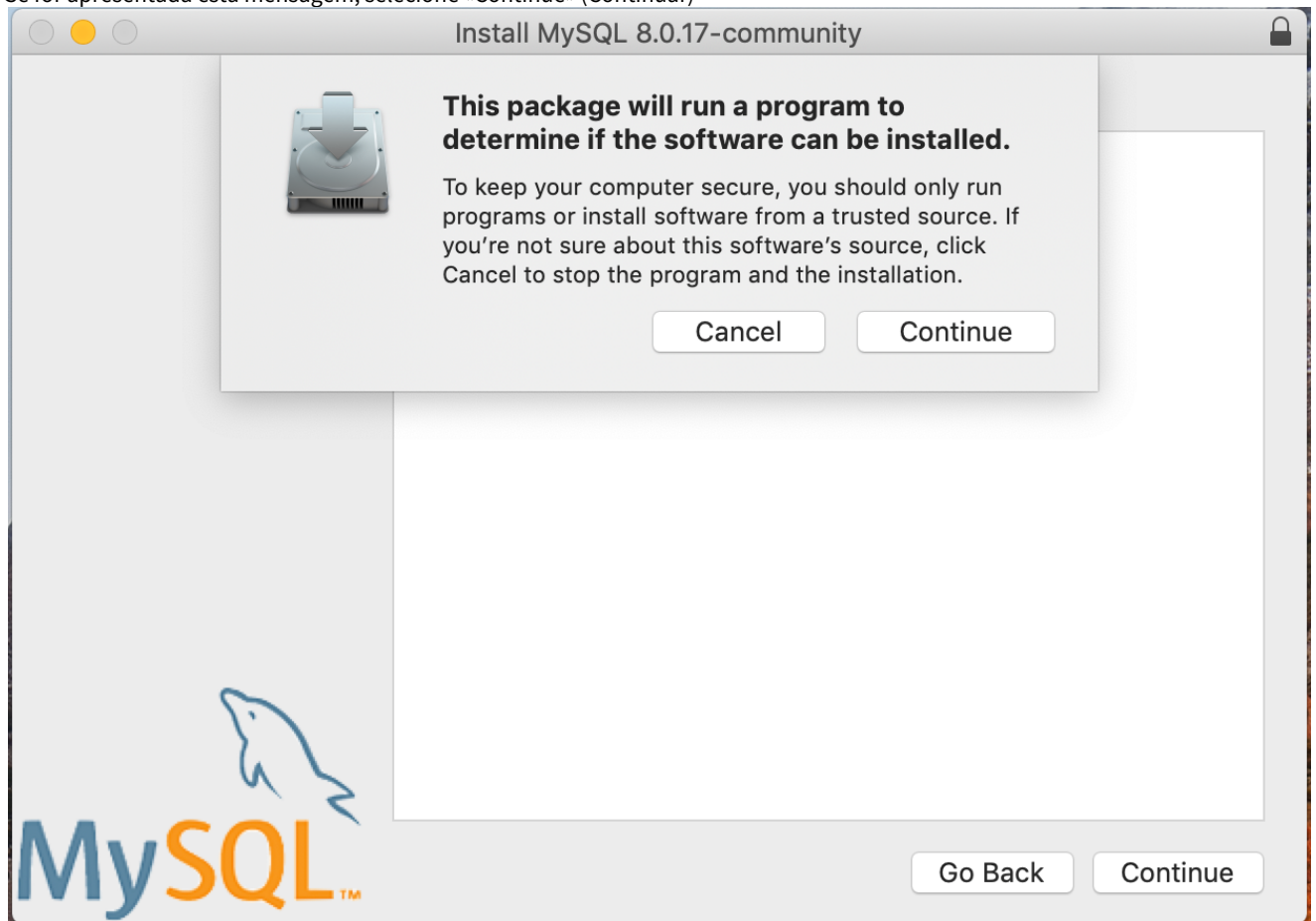
macOS 10.14 (x86, 64-bit), DMG Archive (mysql-8.0.18-macos10.14-x86_64.dmg)	8.0.18	327.7M	 Download
MD5: 6effb5f8b4a06546b72c7041d3d70bd Signature			
macOS 10.14 (x86, 64-bit), Compressed TAR Archive (mysql-8.0.18-macos10.14-x86_64.tar.gz)	8.0.18	158.3M	Download
MD5: 5deda97d03db45374e77e35d7f3a5f56 Signature			
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
MD5: 8e7295fe930a11b34baaaa312aba3ee3 Signature			
macOS 10.14 (x86, 64-bit), TAR (mysql-8.0.18-macos10.14-x86_64.tar)	8.0.18	327.7M	Download
MD5: 648650a0c8466f357c65ca66681331e4 Signature			

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

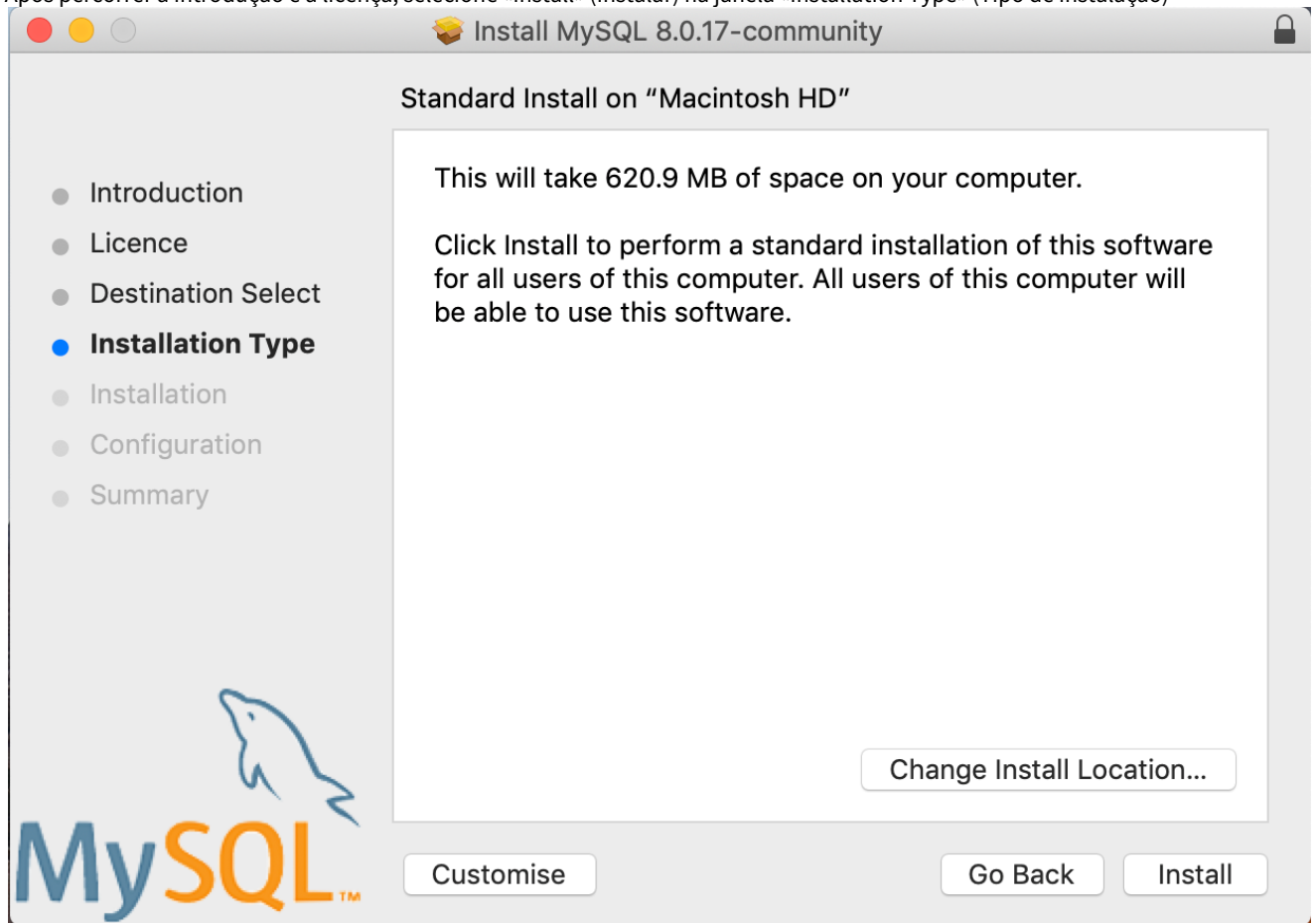
3. Após a transferência, abra o arquivo DMG e abra o ficheiro PKG incluído



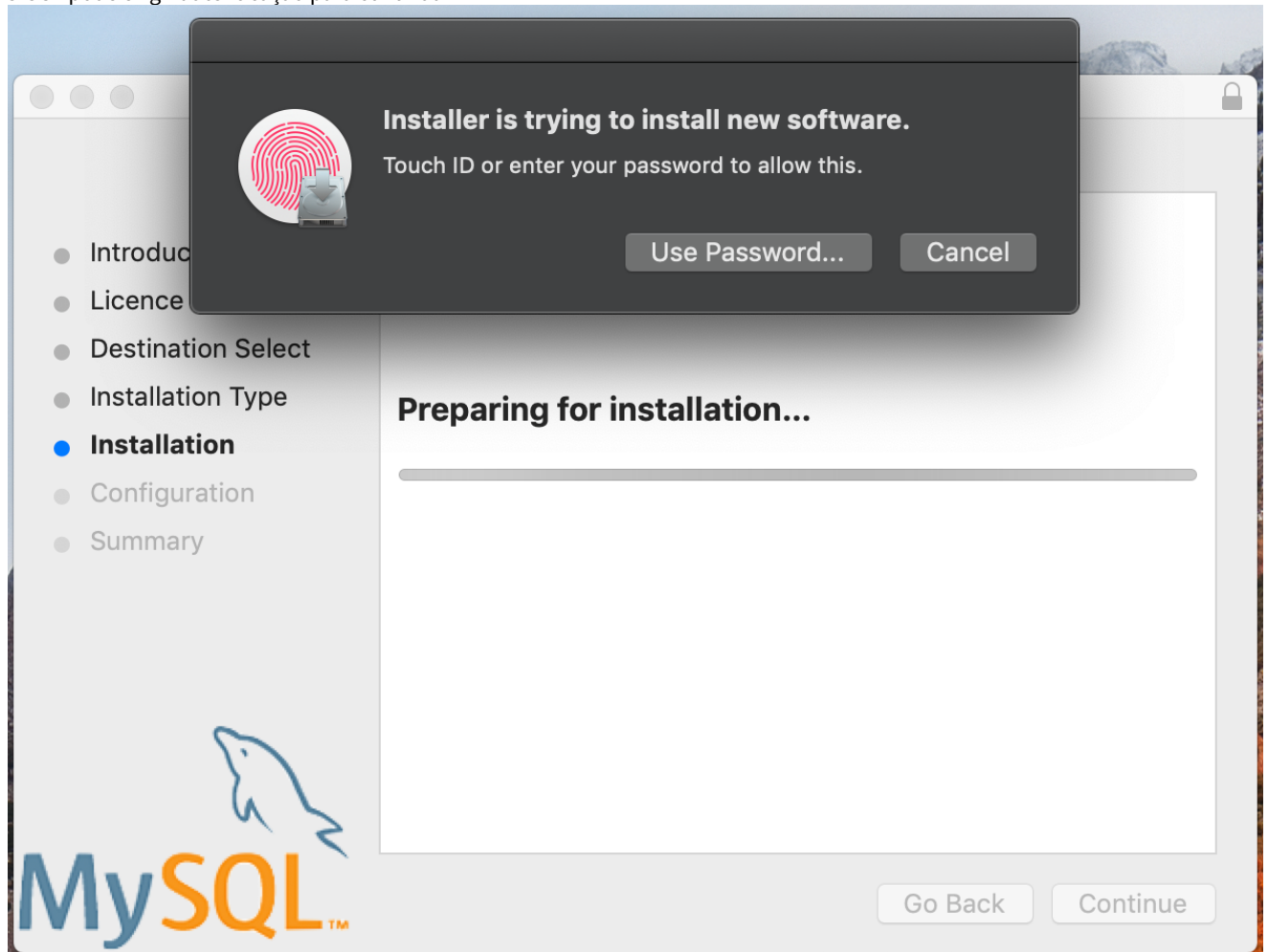
4. Se for apresentada esta mensagem, seleccione «Continue» (Continuar)



5. Após percorrer a introdução e a licença, selecione «Install» (Instalar) na janela «Installation Type» (Tipo de instalação)



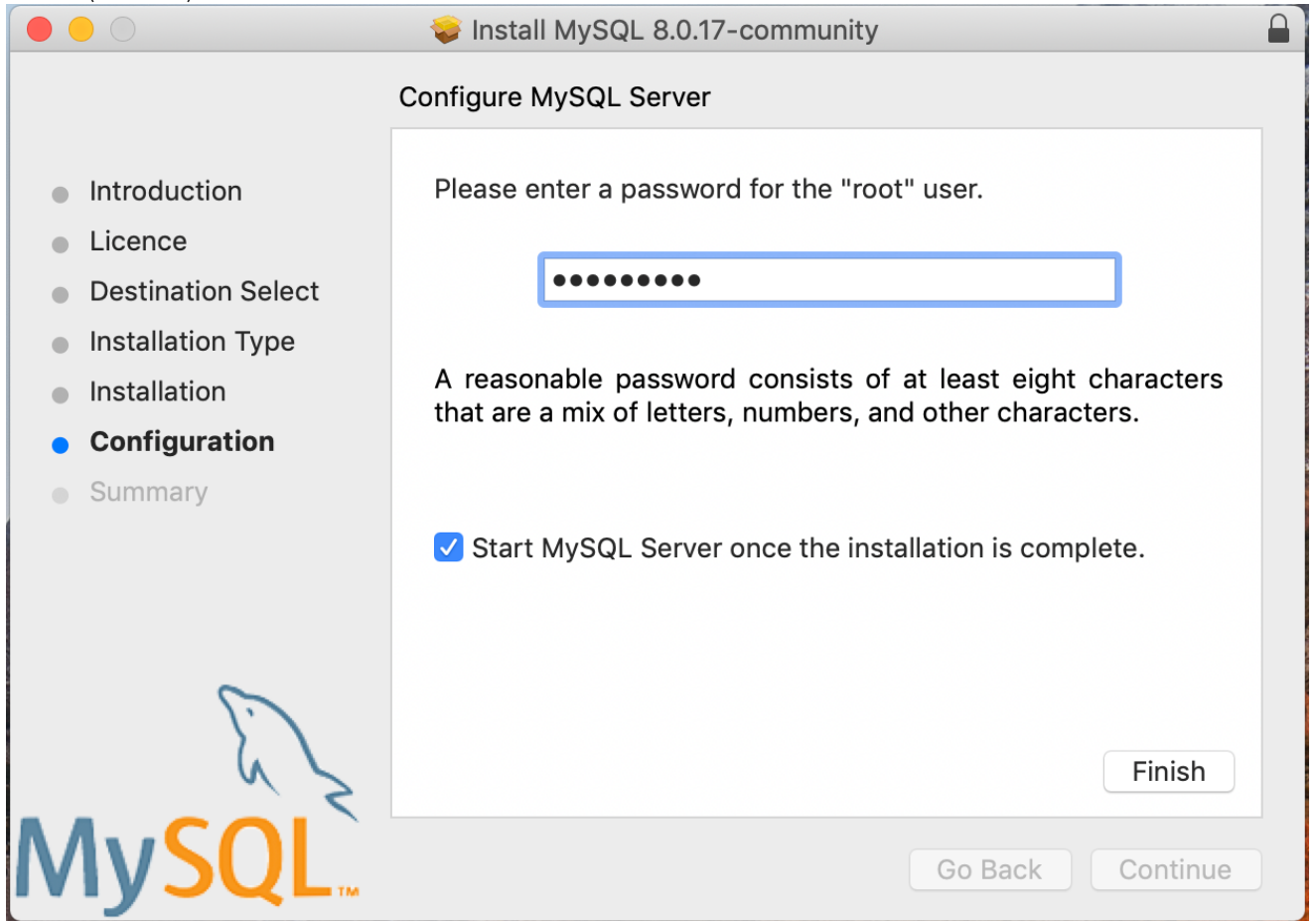
6. O OSX pode exigir autenticação para continuar



7. Selecione «Use Legacy Password Encryption» (Utilizar encriptação de palavra-passe de legado) e clique em «Next» (Seguinte)



8. Especifique a palavra-passe de raiz so MySQL (**tome nota desta palavra-passe**), certifique-se de que a opção «Start MySQL Server once the installation is complete» (Iniciar o MySQL Server após a conclusão da instalação) está seleccionada e, em seguida, clique em «Finish» (Terminar)



The screenshot shows the 'Install MySQL 8.0.17-community' window. The title bar includes standard macOS window controls and a lock icon. The main content area is titled 'Configure MySQL Server'. On the left, a sidebar lists the installation steps: Introduction, Licence, Destination Select, Installation Type, Installation, **Configuration** (highlighted with a blue dot), and Summary. The main area contains the following text: 'Please enter a password for the "root" user.' followed by a password input field with ten dots. Below this, it states: 'A reasonable password consists of at least eight characters that are a mix of letters, numbers, and other characters.' There is a checked checkbox labeled 'Start MySQL Server once the installation is complete.' At the bottom right of the main area is a 'Finish' button. At the bottom of the window are 'Go Back' and 'Continue' buttons. The MySQL logo is visible in the bottom left corner.

Install MySQL 8.0.17-community

Configure MySQL Server

- Introduction
- Licence
- Destination Select
- Installation Type
- Installation
- **Configuration**
- Summary

Please enter a password for the "root" user.

.....

A reasonable password consists of at least eight characters that are a mix of letters, numbers, and other characters.

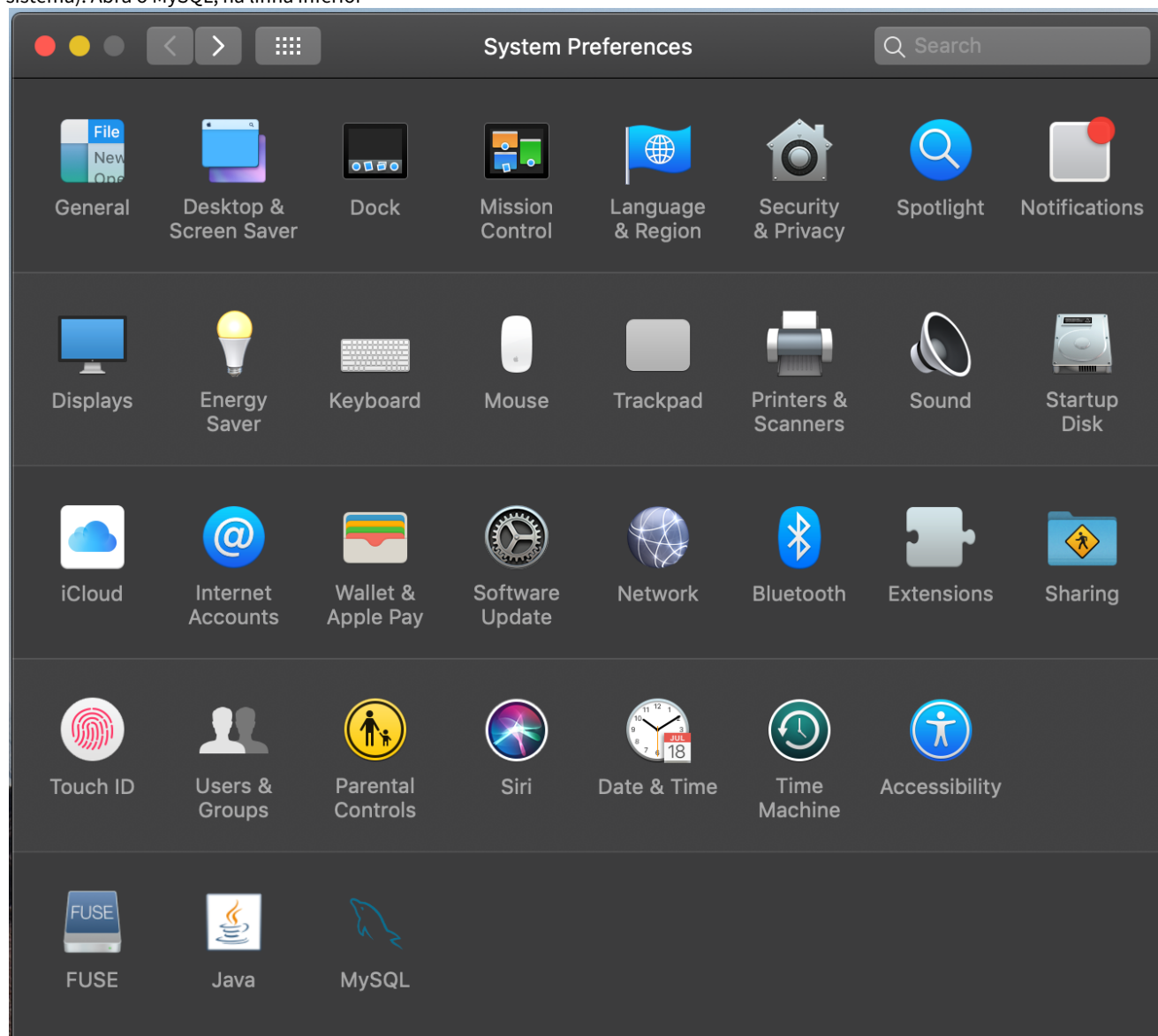
☒ Start MySQL Server once the installation is complete.

Finish

Go Back Continue

MySQL™

9. Após a conclusão da instalação, abra as Preferências do sistema (menu Apple no canto superior esquerdo, opção Preferências do sistema). Abra o MySQL, na linha inferior

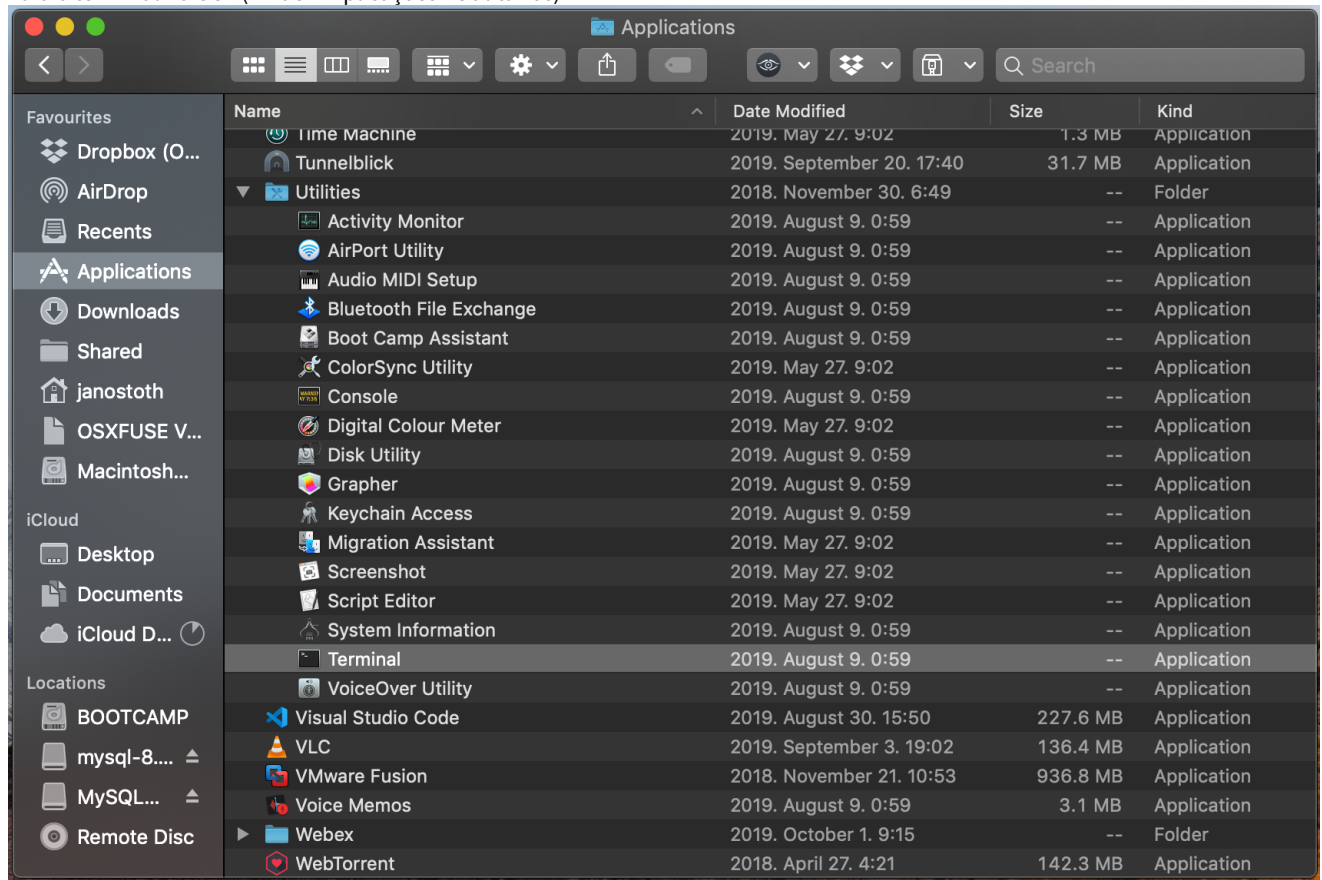


10. Certifique-se de que o MySQL está em execução (ponto verde junto ao nome na lista à esquerda) e de que a caixa «Start MySQL when your computer starts up» (Iniciar o MySQL quando o computador iniciar) está marcada, à direita.



11. Se tudo estiver correto, feche esta janela

12. Abra o terminal no OSX (Finder - Aplicações - Utilitários)





13. Execute os seguintes comandos por ordem sequencial
 - a. `cd /usr/local/mysql/bin`
 - b. `./mysql -u root -p`
 - c. introduza a palavra-passe de raiz do MySQL que definiu no 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$
```

Se o resultado parecer igual à captura de ecrã, tudo está configurado corretamente. Pode agora continuar para a instalação do HLA Twin.



3.4.3 Linux

Se pretender utilizar um servidor **MySQL 8** já instalado no seu ambiente, consulte [Configurar uma base de dados MySQL pré-existente](#)(see page 39). Sugerimos que utilize uma instância local do MySQL para utilizadores do HLA Twin Desktop.

Como há inúmeros repositórios Linux com pacotes MySQL diferentes, este documento fornece apenas uma lista de configurações que necessita de ter em atenção durante a configuração:

- O HLA Twin funciona apenas com a versão 8 do MySQL
- O MySQL necessita de utilizar a encriptação de palavra-passe de legado
- Pode ser necessário alterar a política de palavra-passe no MySQL para permitir que o HLA Twin estabeleça ligação

Após instalar o servidor MySQL 8, certifique-se de que cria um novo utilizador com o nome omixon, introduzindo os seguintes comandos no 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;`

Depois de configurar o servidor MySQL, pode continuar para a instalação do HLA Twin.

3.5 Configurar uma base de dados MySQL pré-existente

O HLA Twin Server tem a capacidade de armazenar a respetiva base de dados interna (incluindo dados do utilizador, bases de dados de referência e informações de auditoria) numa base de dados **MySQL 8** já existente. Desta forma, não necessita de configurar um servidor MySQL separado para o HLA Twin.

Tenha em atenção que a capacidade de resposta da interface de utilizador do HLA Twin dependerá da velocidade da rede entre o MySQL e o HLA Twin.

O seu servidor MySQL necessita de utilizar a **encriptação de palavra-passe de legado** para o HLA Twin usar como interface.

Necessita de criar um novo utilizador na sua base de dados pré-existente para permitir que o HLA Twin a utilize. Para isso, execute os seguintes comandos:

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

Agora, o HLA Twin poderá criar a sua própria base de dados no MySQL.

3.6 Instalação do Desktop

3.6.1 Atualizar da versão HLA Twin 3.1.3 ou inferior

- Não será possível atualizar a sua versão anterior do HLA Twin 3.1.3 Desktop como ocorreu nas versões anteriores. Além disso, o instalador não permitirá que o utilizador instale o novo HLA Twin na mesma pasta em que uma versão anterior tenha sido instalada.
- A base de dados interna da instalação antiga tem de ser migrada para **manter os dados do utilizador e as informações de auditoria**. A migração faz parte do processo de instalação (passo 8). Para obter mais detalhes, consulte [Migração da base de dados](#)(see page 71).
- Após uma instalação e migração bem-sucedidas, o utilizador pode desinstalar as versões anteriores do HLA Twin Desktop do seu computador.

3.6.2 Instalar o HLA Twin Desktop

Será necessário instalar um servidor de base de dados MySQL 8, antes de poder instalar o HLA Twin! Consulte o capítulo *Instalar o MySQL* para obter mais informações.

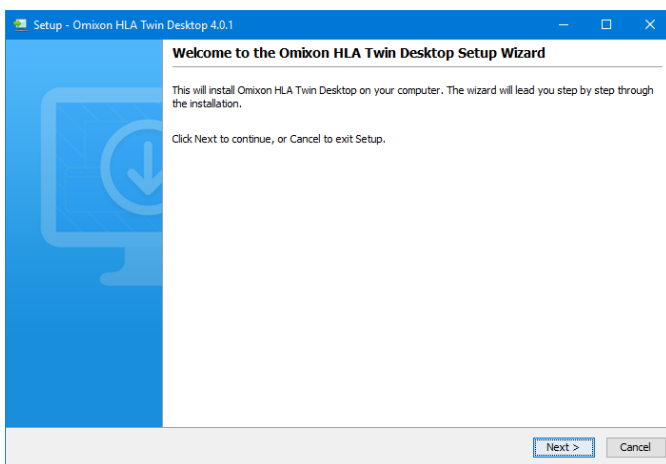
Este passo depende do sistema operativo que estiver a utilizar.



- **Utilizadores do Windows:** Abra o instalador (omixon_hla_twin_XXX_windows-x64_with_jre-**desktop**.exe)
- **Utilizadores do Linux:** Abra uma janela do terminal, obtenha permissões para o instalador (chmod +x omixon_hla_twin_XXX_unix_with_jre-**desktop**.sh) e, em seguida, execute o instalador.

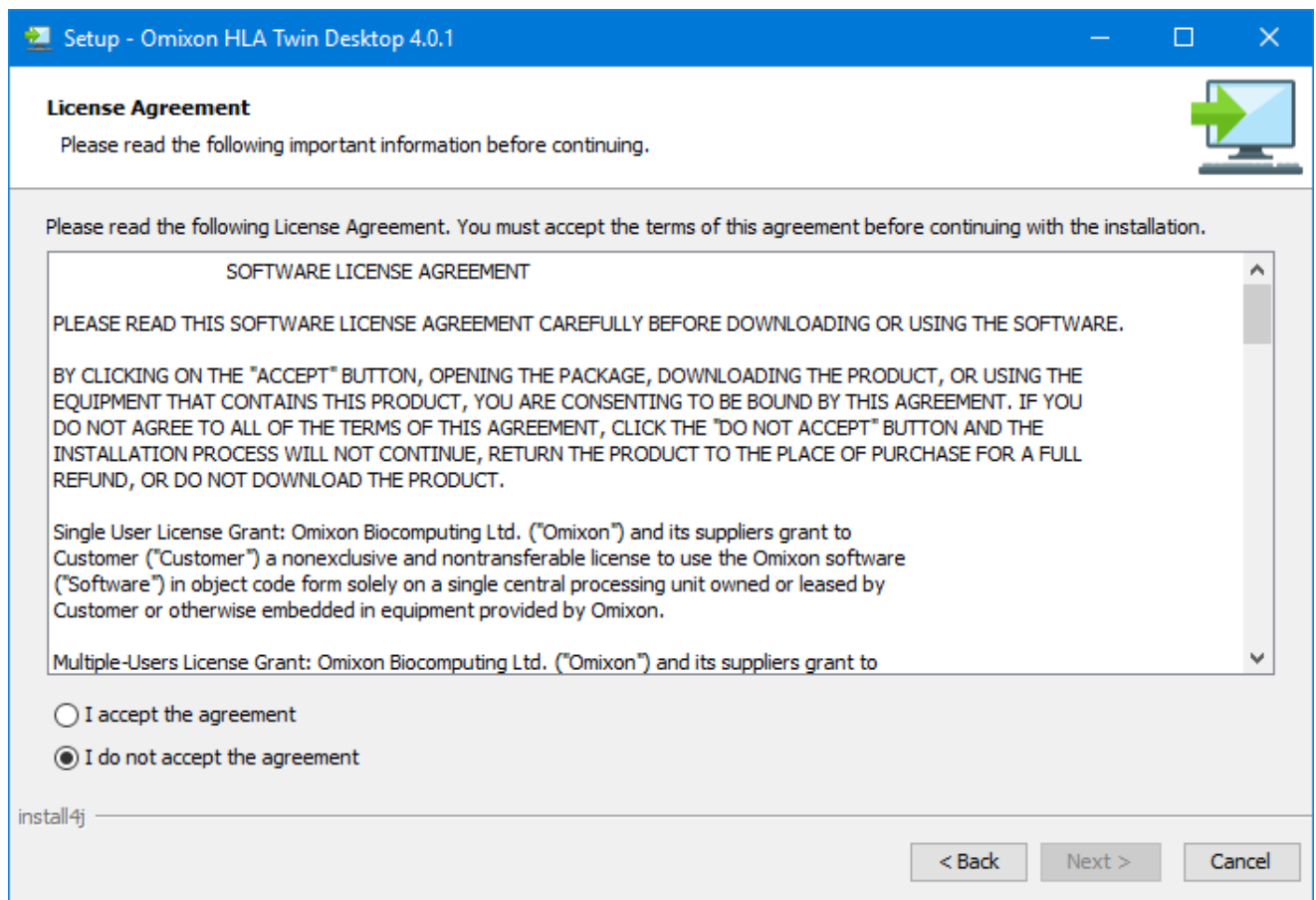
Utilizadores do OSX: Abra o instalador

(omixon_hla_twin_XXX_macos_with_jre-**desktop**.dmg) (se estiver a utilizar o OSX 10.14.6 Mojave ou versão superior, poderá receber uma mensagem de erro. Neste caso, contacte-nos através do e-mail support@omixon.com⁶)



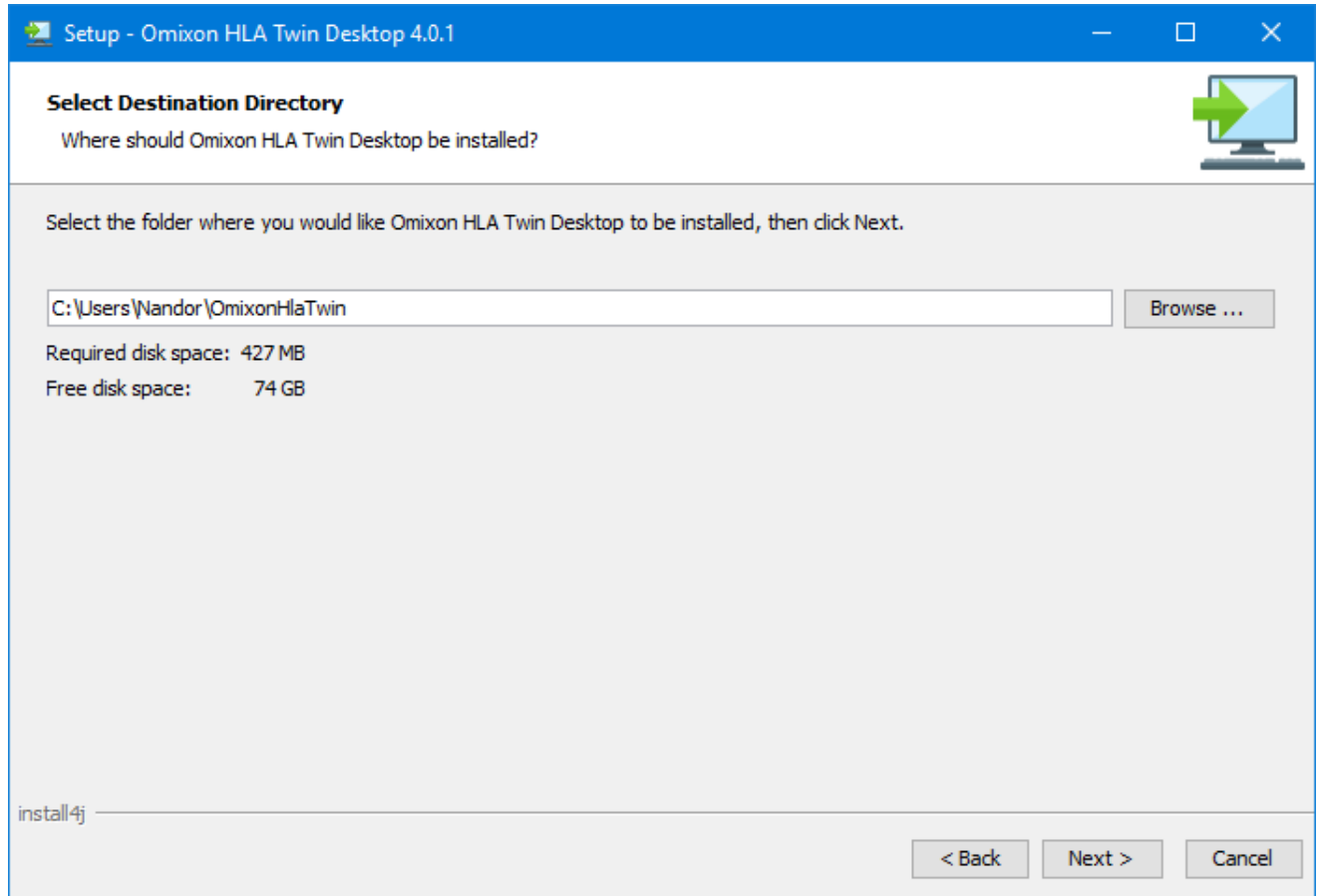
⁶ <mailto:support@omixon.com>

1. Aceite o contrato de licença

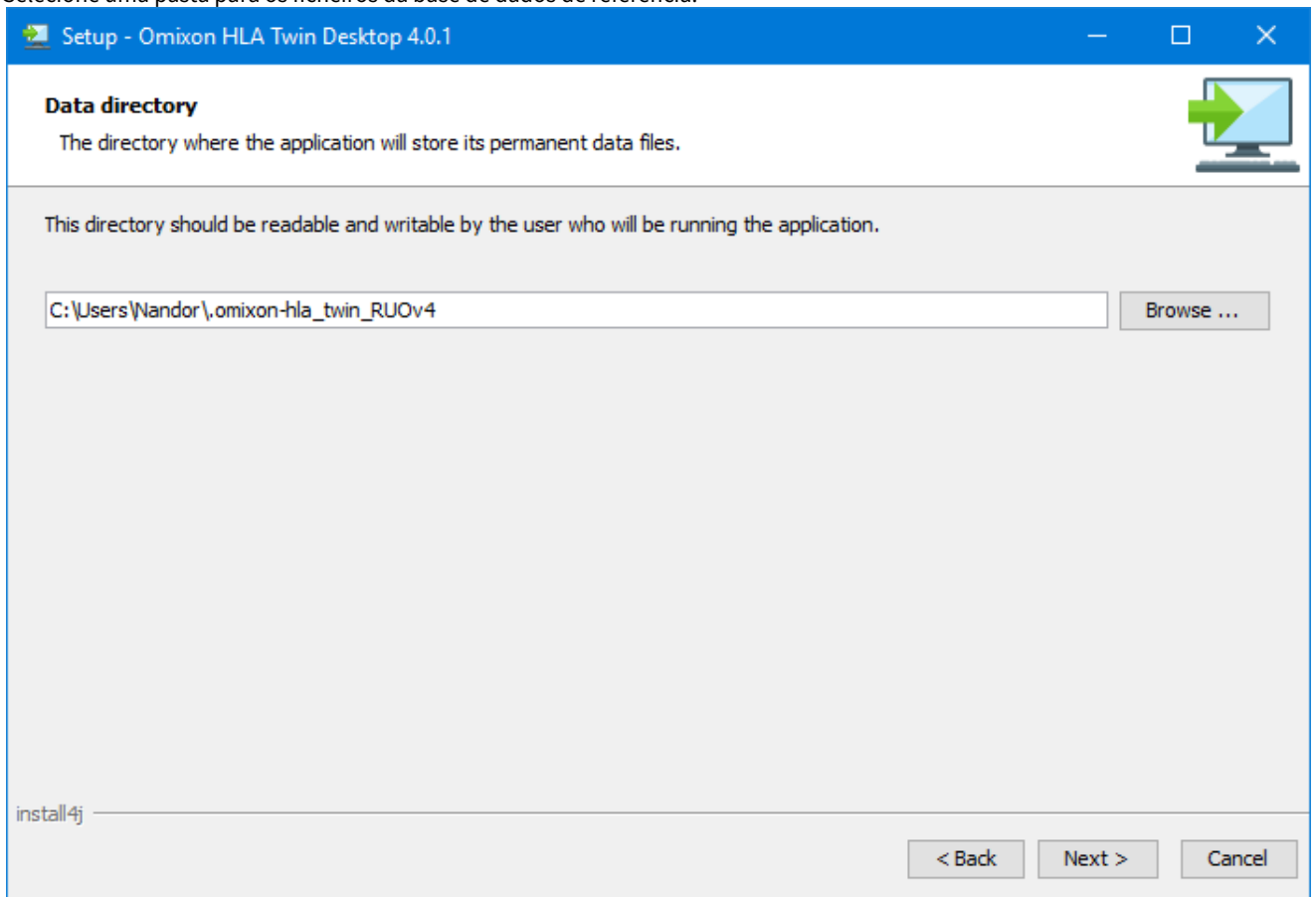


2. Selecciona uma pasta para instalação.

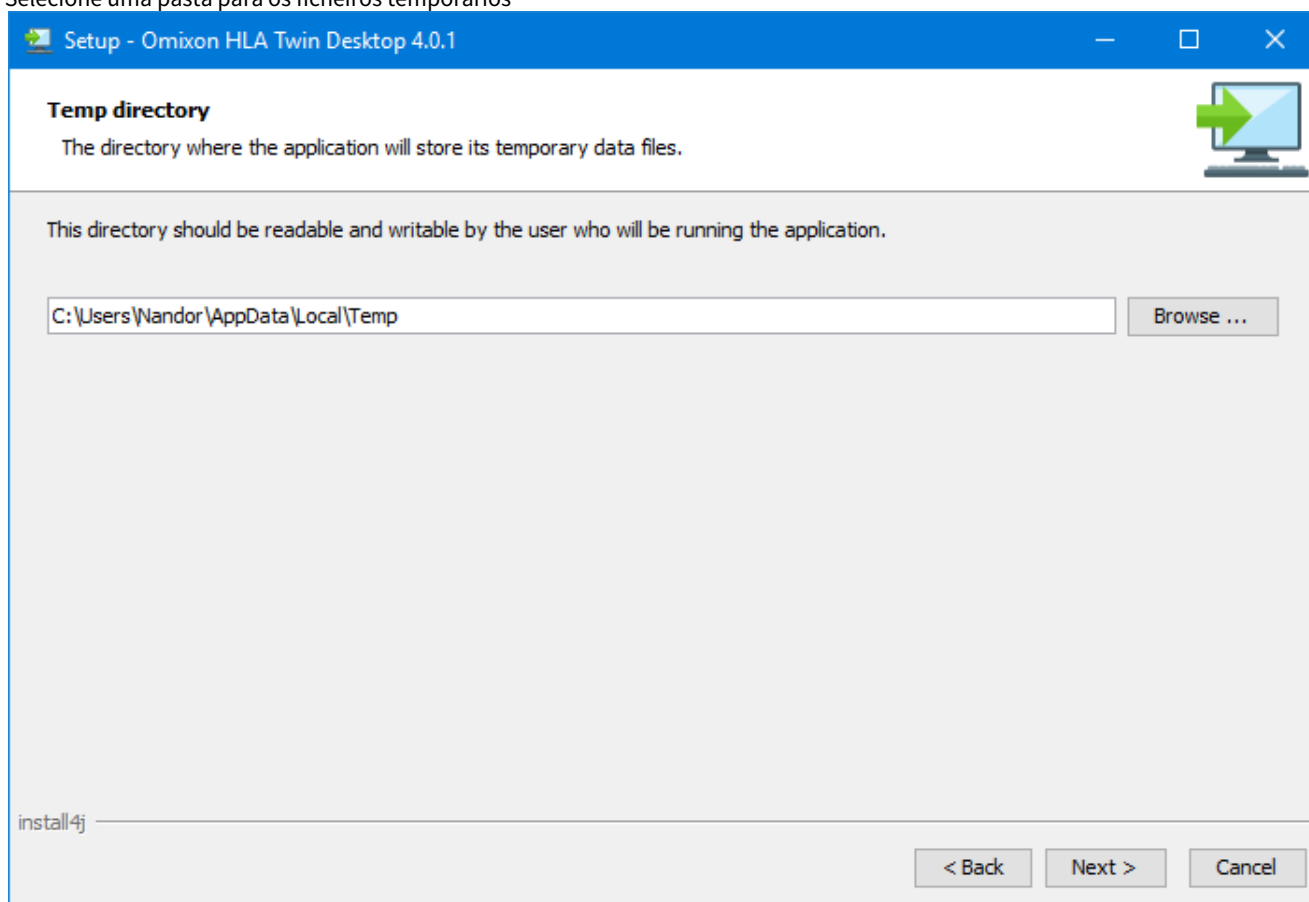
Os utilizadores do Windows devem ter em atenção que poderá ser necessário alterar o diretório de destino para que outros utilizadores do Windows possam aceder ao software (o mesmo se aplica a outras pastas de instalação nos passos seguintes).



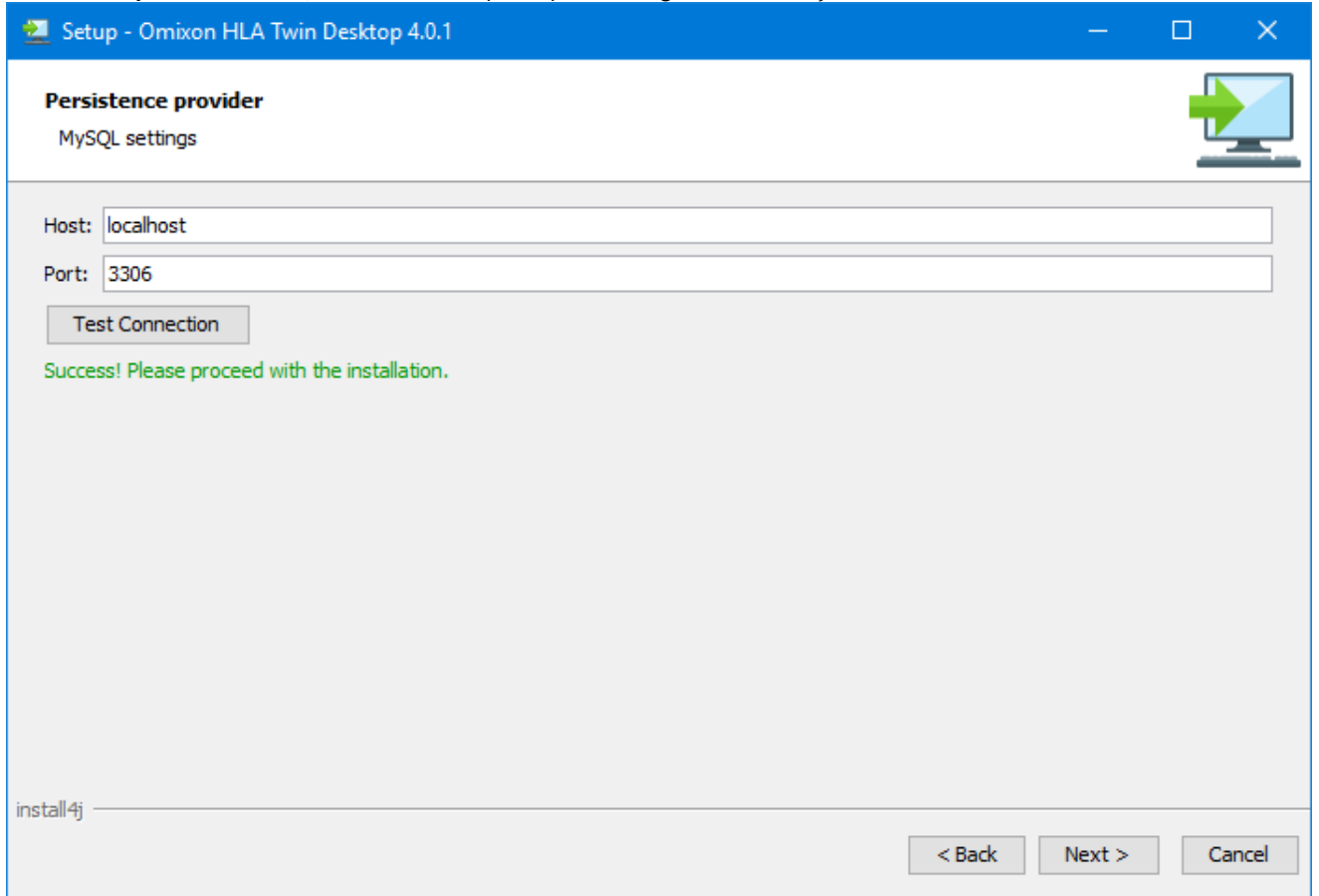
3. Selecione uma pasta para os ficheiros da base de dados de referência.



4. Selecione uma pasta para os ficheiros temporários



5. Especifique o endereço IP e o número de porta da base de dados MySQL (as predefinições devem funcionar corretamente se tiver instalado o MySQL localmente). Consulte este capítulo para obter guias de instalação.



Setup - Omixon HLA Twin Desktop 4.0.1

Persistence provider

MySQL settings

Host: localhost

Port: 3306

Test Connection

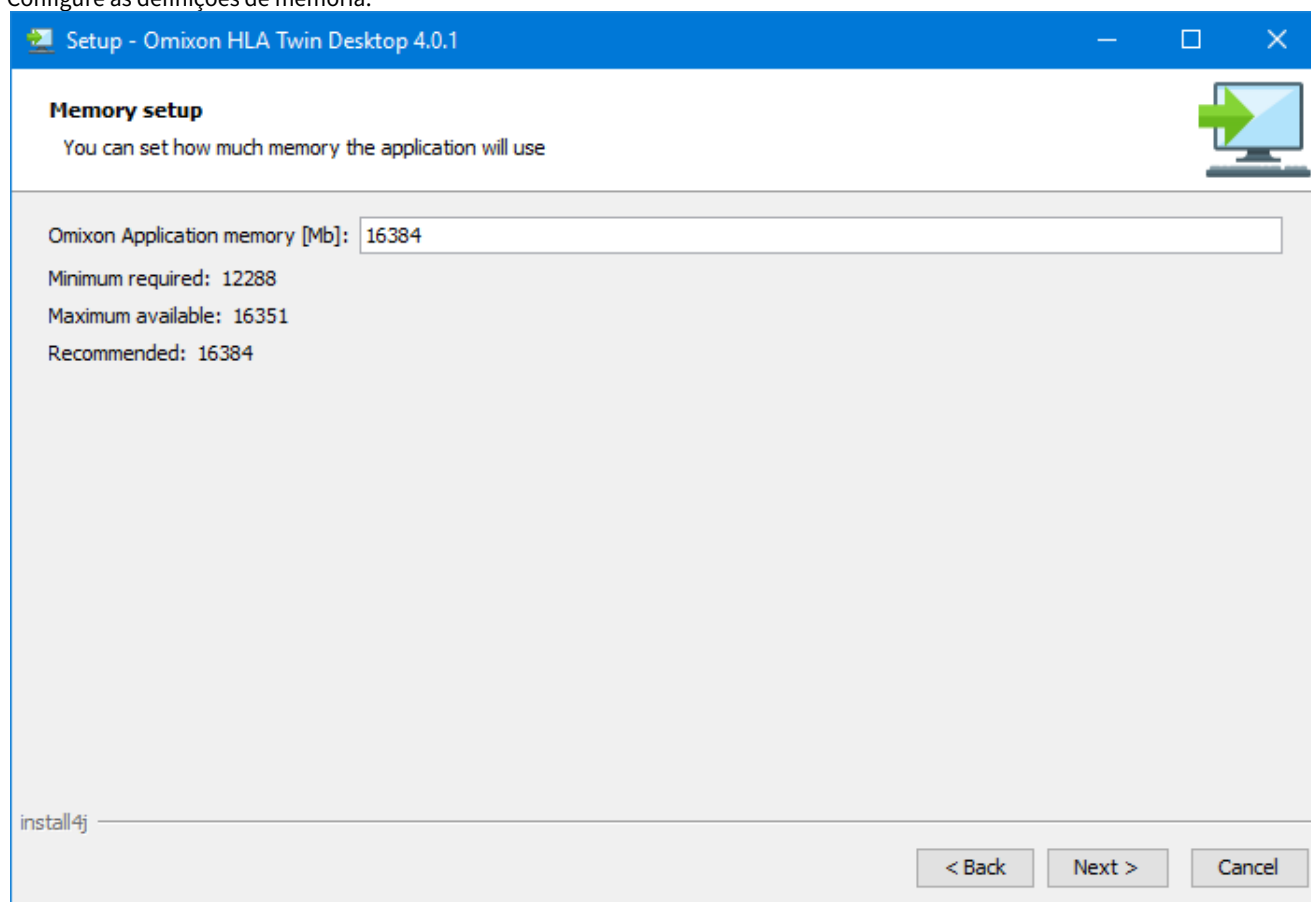
Success! Please proceed with the installation.

install4j

< Back Next > Cancel

Não poderá continuar até obter um teste de ligação bem-sucedido!

6. Configure as definições de memória.



Setup - Omixon HLA Twin Desktop 4.0.1

Memory setup

You can set how much memory the application will use

Omixon Application memory [Mb]: 16384

Minimum required: 12288

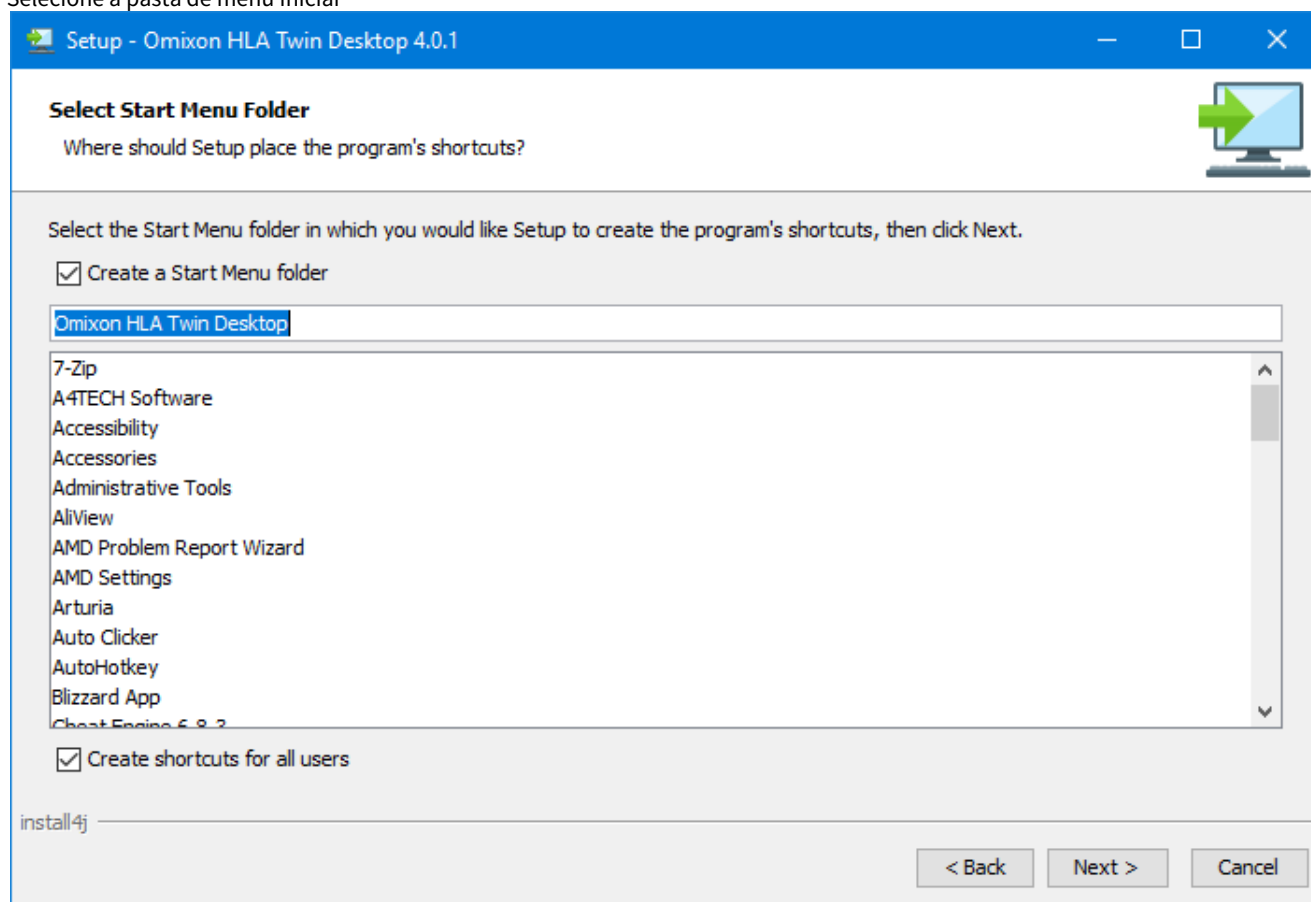
Maximum available: 16351

Recommended: 16384

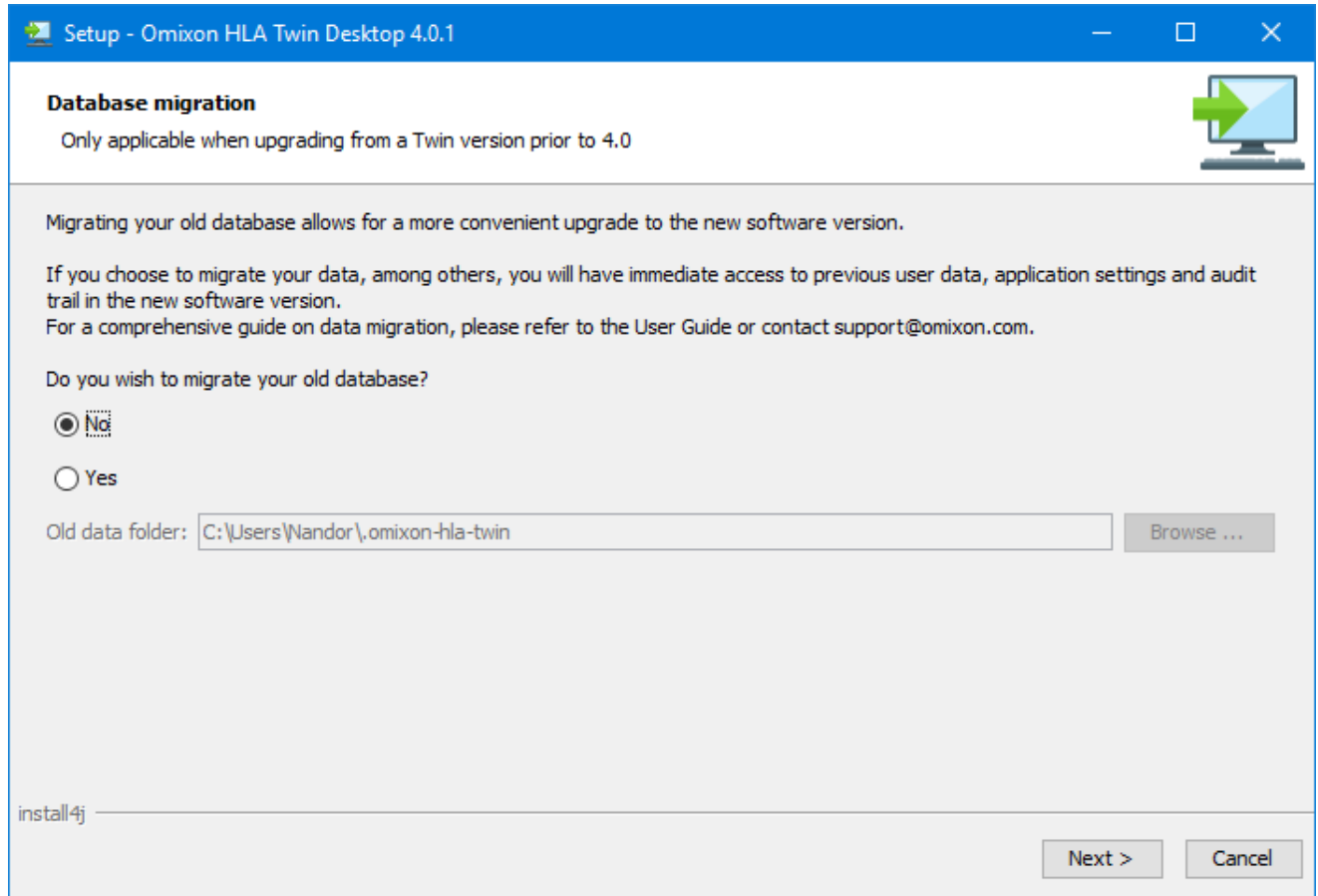
install4j

< Back Next > Cancel

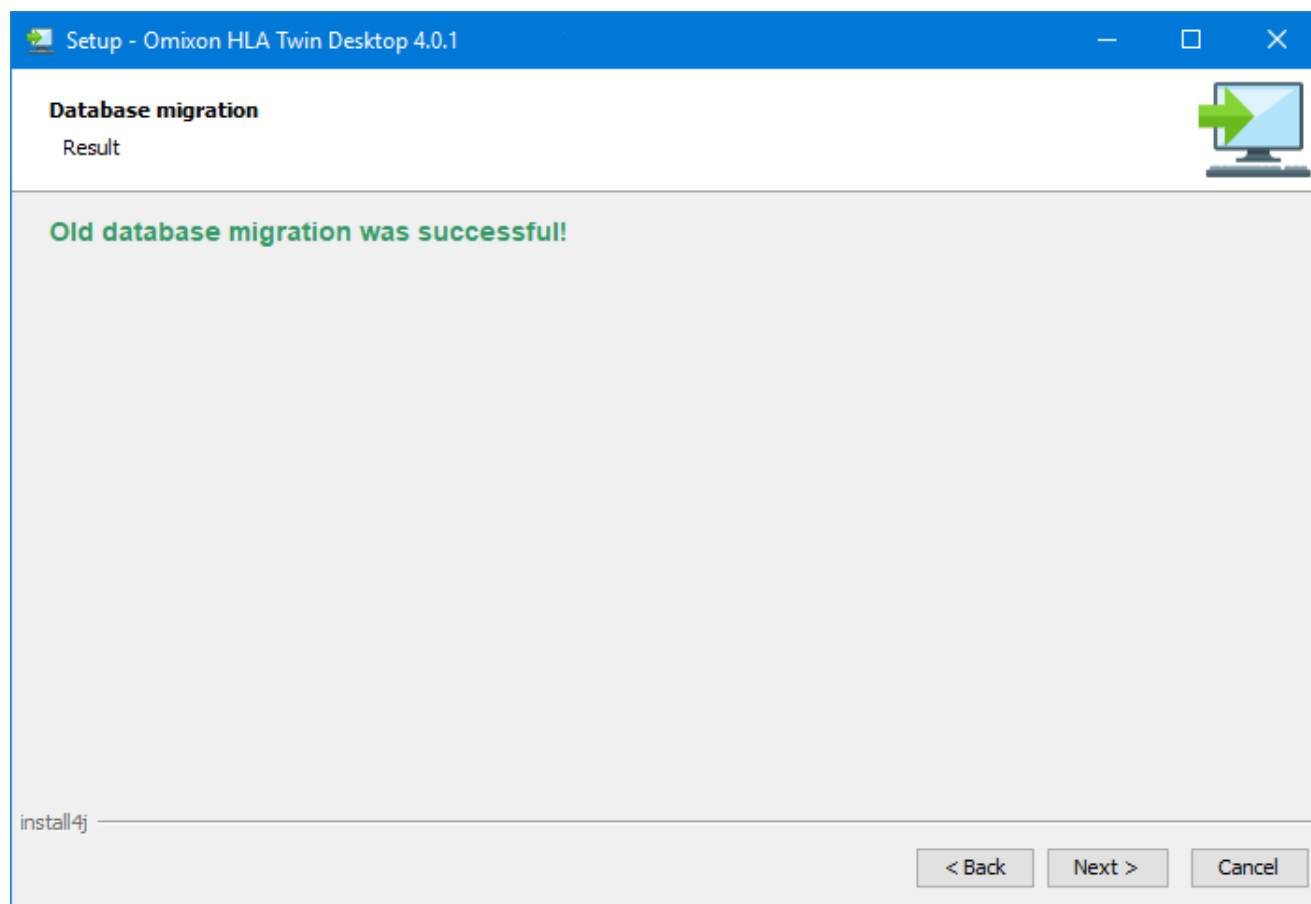
7. Selecione a pasta de menu Iniciar



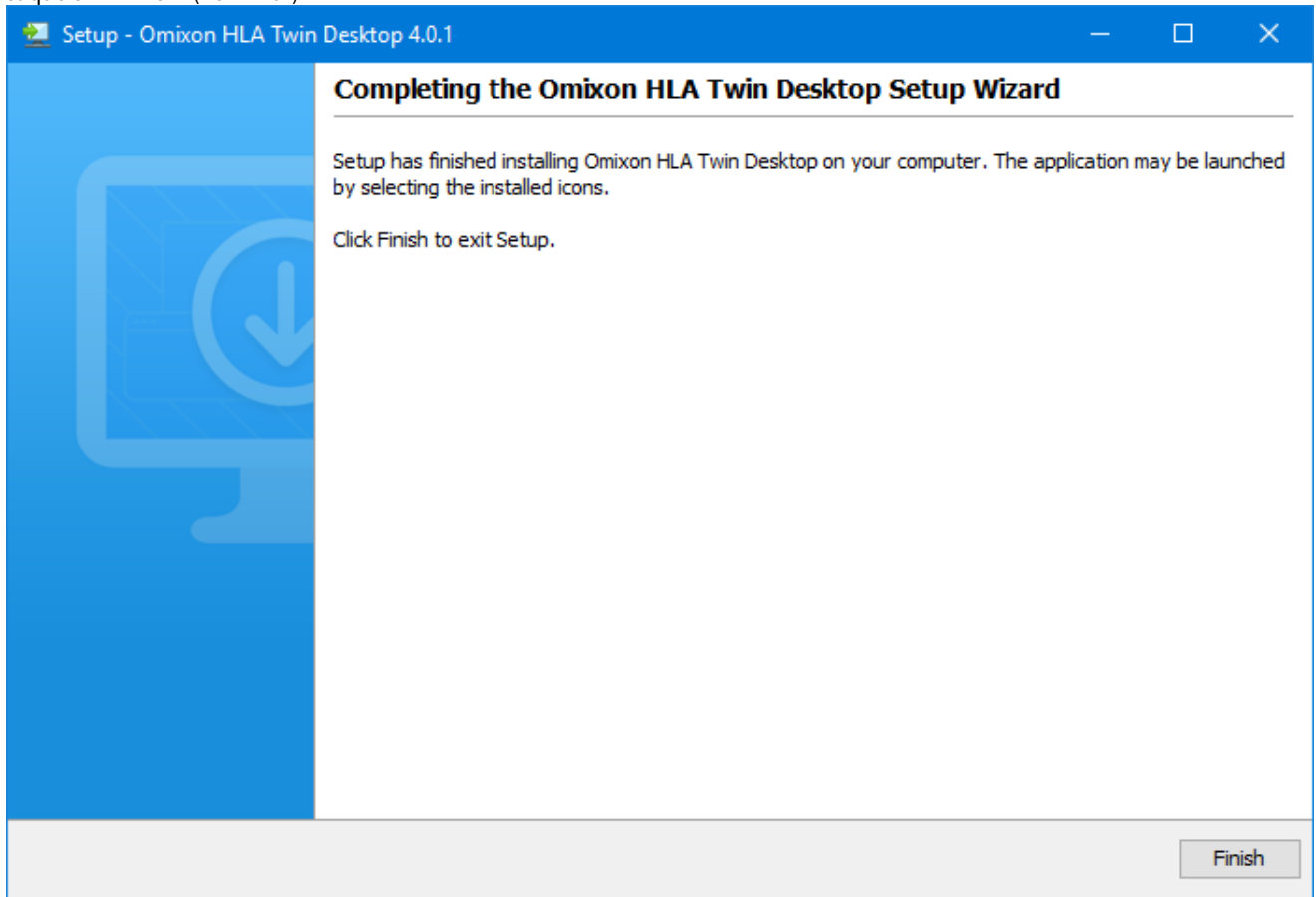
8. Após a conclusão da instalação, o instalador oferece a opção de migrar a sua base de dados antiga.
- **Se for um utilizador novo:** selecione «No» (Não) e clique em «Next» (Seguinte)
 - **Se estiver a atualizar a partir de uma versão HLA Twin 3.1.3 ou inferior:** considere migrar a base de dados antiga para manter as suas informações de auditoria. Para obter mais detalhes, consulte [Migração da base de dados](#) (see page 39).



Se tiver seleccionado «Yes» (Sim), a seguinte mensagem será apresentada após uma migração bem-sucedida.



9. Clique em «Finish» (Terminar)



3.7 Instalação do Servidor Autónomo

3.7.1 Atualizar da versão HLA Twin 3.1.3 ou inferior

- Não será possível atualizar a sua versão anterior do HLA Twin 3.1.3 Server como ocorreu com as versões anteriores. Além disso, o instalador não permitirá que o utilizador instale o HLA Twin 4.0.0 na mesma pasta em que uma versão anterior tenha sido instalada.
- A base de dados interna da instalação antiga tem de ser migrada para **manter os dados do utilizador e as informações de auditoria**. A migração faz parte do processo de instalação (passo 11). Para obter mais detalhes, consulte o capítulo [Migração da base de dados](#)(see page 71).
- Após uma instalação e migração bem-sucedidas, o utilizador pode desinstalar as versões anteriores do HLA Twin Server do seu computador.
- Tenha em atenção que as versões do software HLA Twin Client e HLA Twin Server têm de ser compatíveis.
- Não há **nenhum serviço HLA Twin Typer Server NG** na versão nova do HLA Twin Server, um serviço tratará das análises e dos Clients.

3.7.2 Notas antes da instalação

Base de dados: Será necessário instalar um servidor de base de dados MySQL 8, **antes de poder instalar o HLA Twin!** Consulte o capítulo *Instalar o MySQL* para obter mais informações.

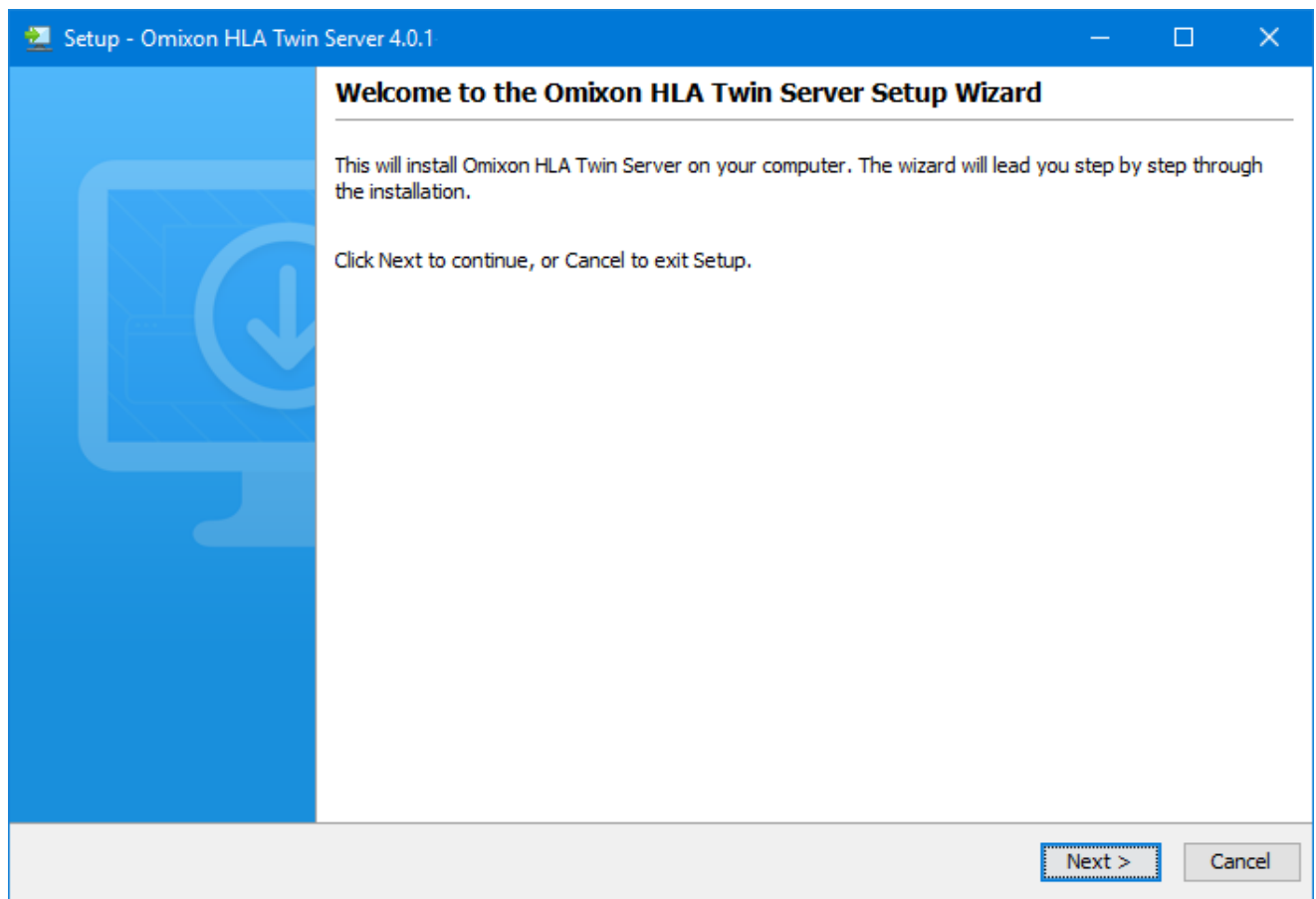
Funcionamento em rede: Por predefinição, o HLA Twin Server comunicará com os HLA Twin Client nas portas 4380 e 4381, por isso certifique-se de lhes dar permissão na sua firewall.

Serviço do Windows: O HLA Twin Server será executado com o nome de serviço Omixon HLA Twin NG Server no Windows, que está predefinido para inicialização automática.

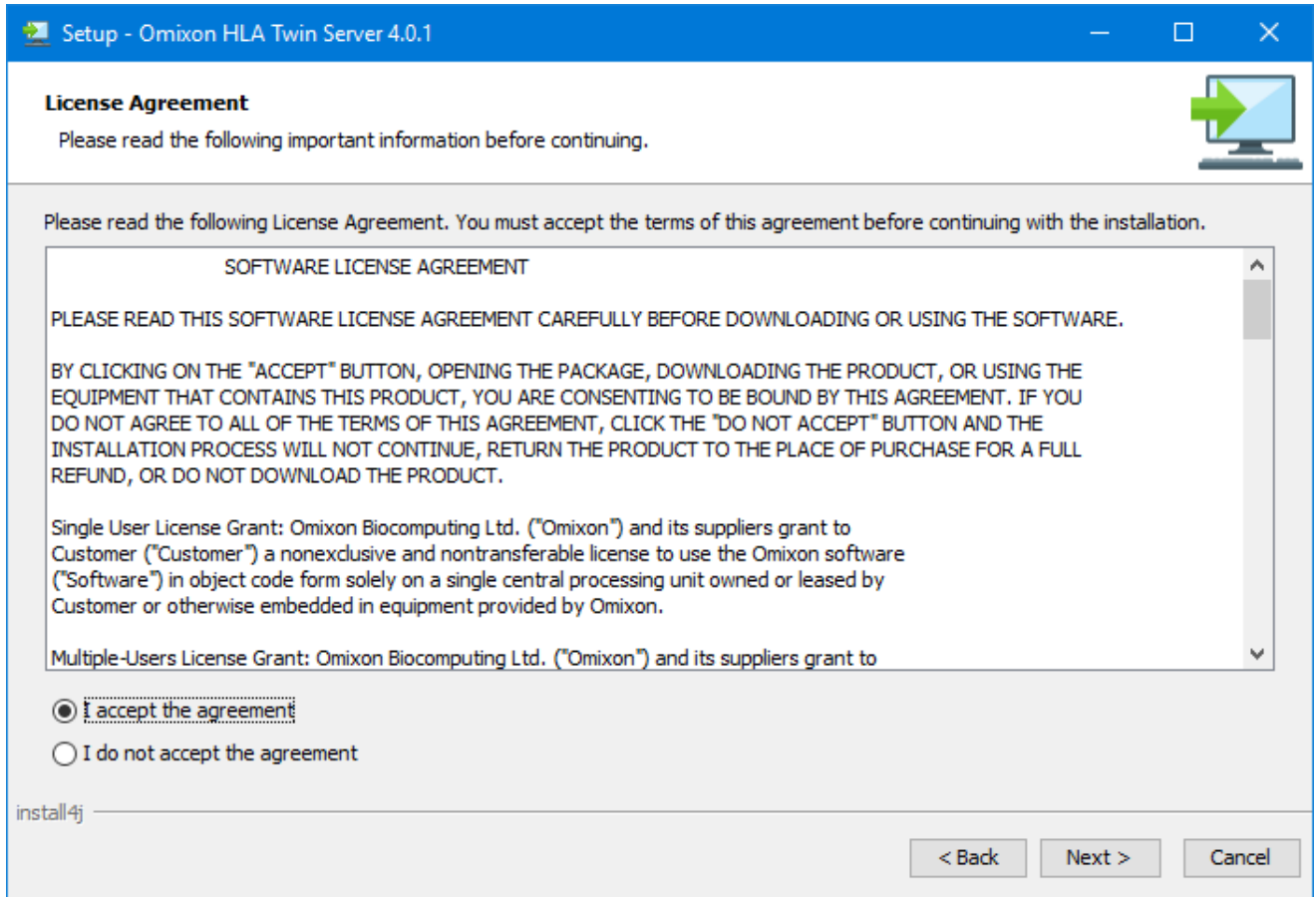
3.7.3 Instalar o HLA Twin Server

1. Este passo depende do sistema operativo que estiver a utilizar.

- **Utilizadores do Windows:** Abra o instalador (omixon_hla_twin_XXX_windows-x64_with_jre-**serverclient**.exe)
- **Utilizadores do Linux:** Abra uma janela do terminal, obtenha permissões para o instalador (chmod +x omixon_hla_twin_XXX_unix_with_jre-**serverclient**.sh) e, em seguida, execute o instalador.

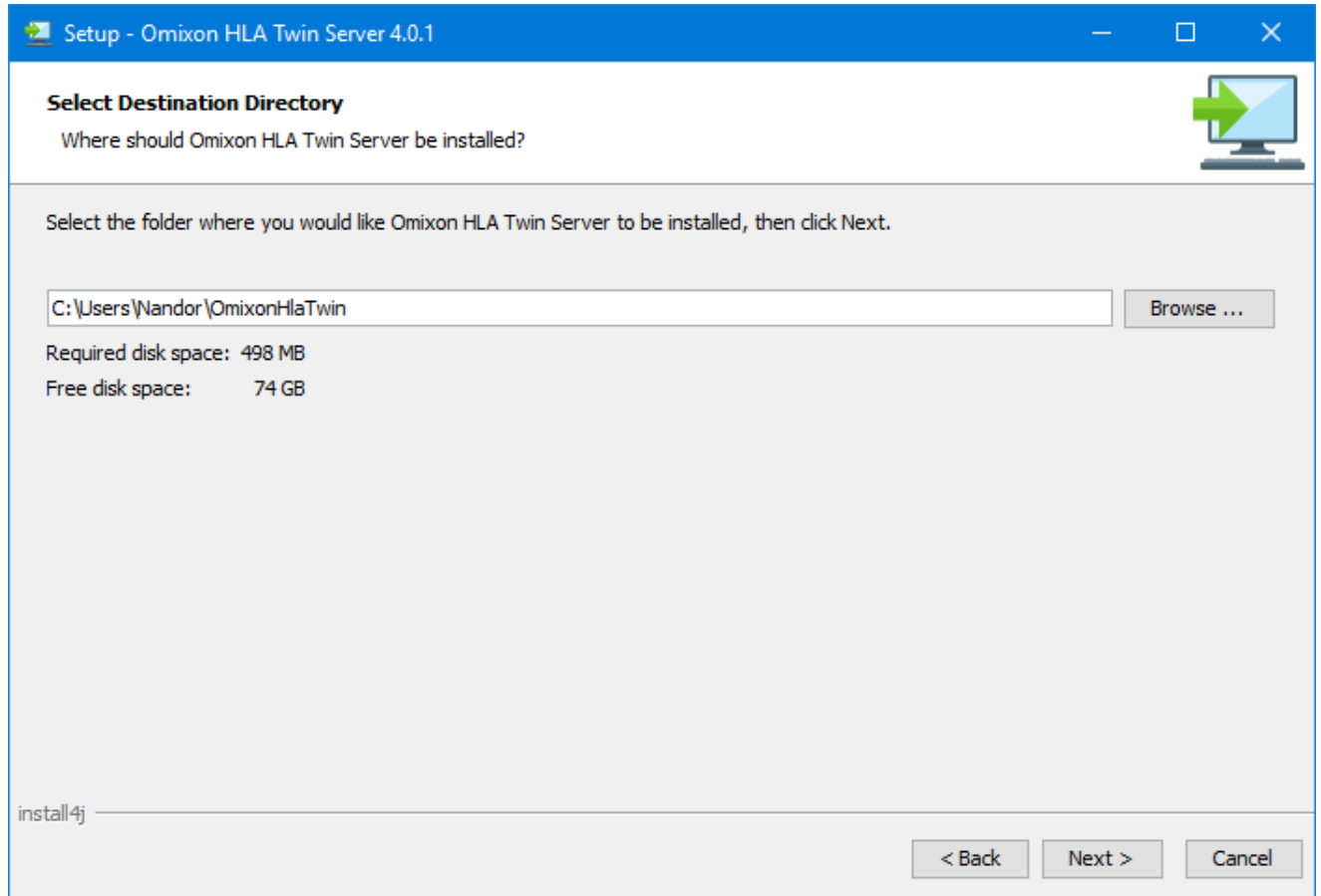


2. Aceite o contrato de licença

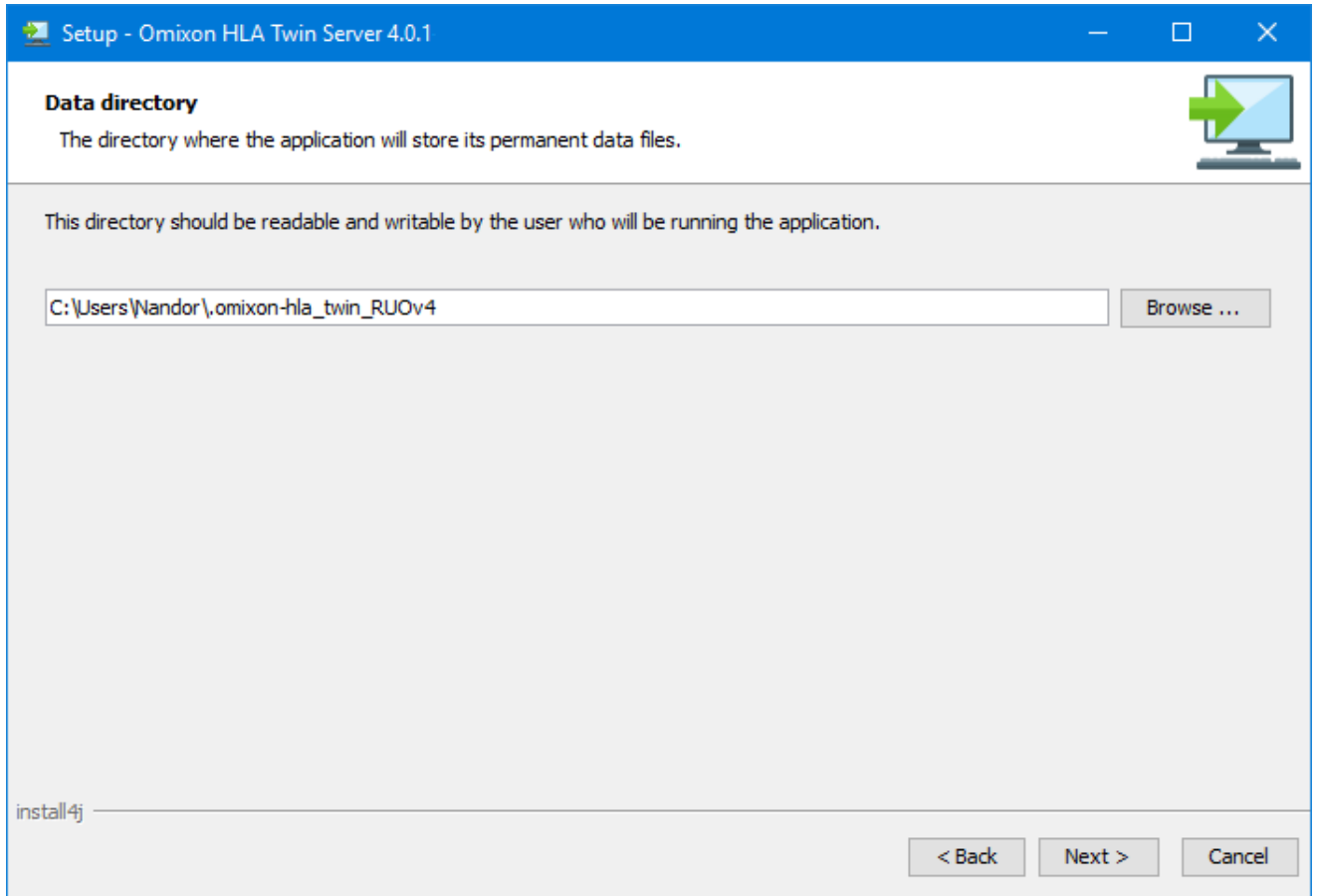


3. Selecciona uma pasta para instalação.

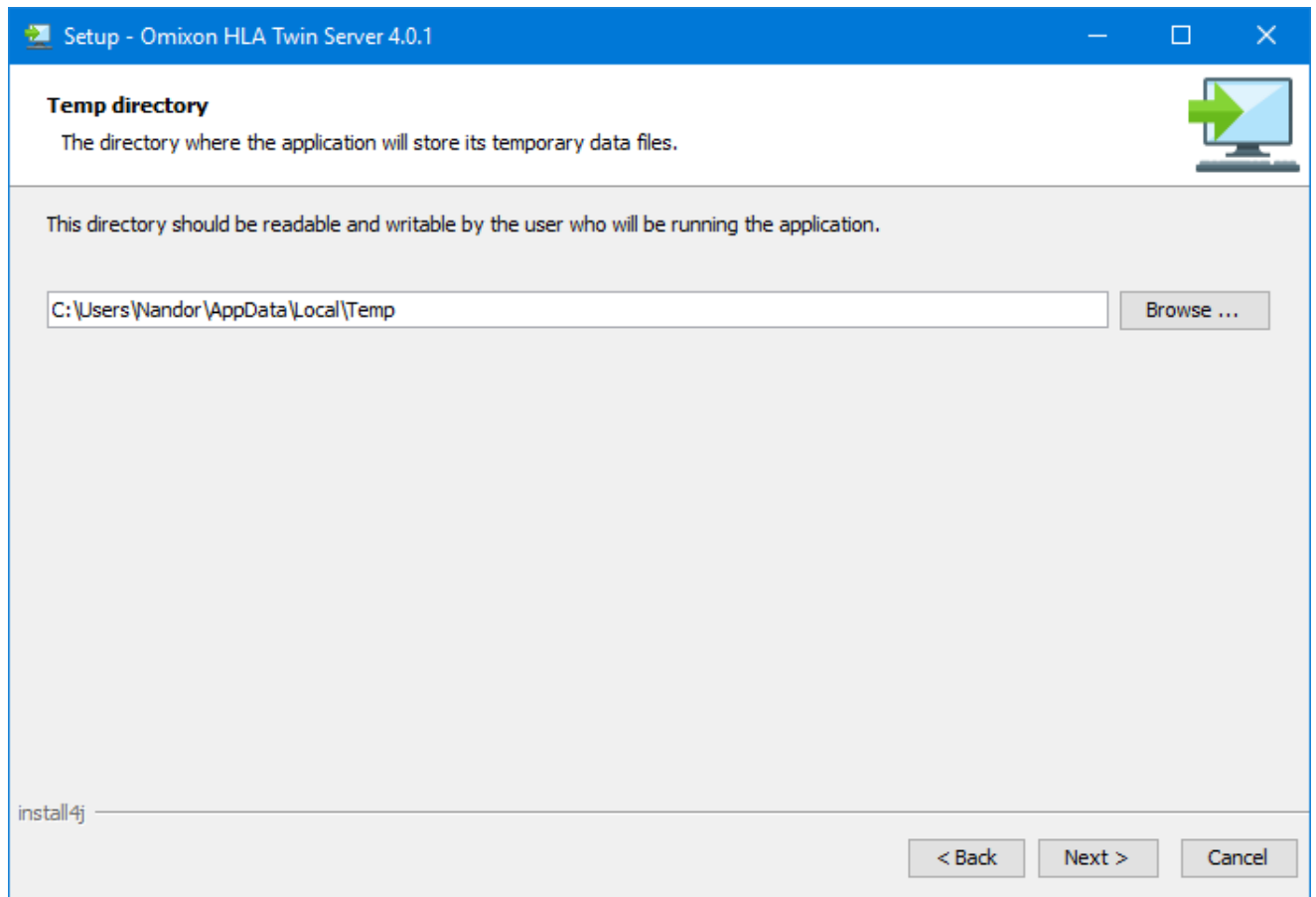
Os utilizadores do Windows devem ter em atenção que poderá ser necessário alterar o diretório de destino para que outros utilizadores do Windows possam aceder ao software (o mesmo se aplica a outras pastas de instalação nos passos seguintes).



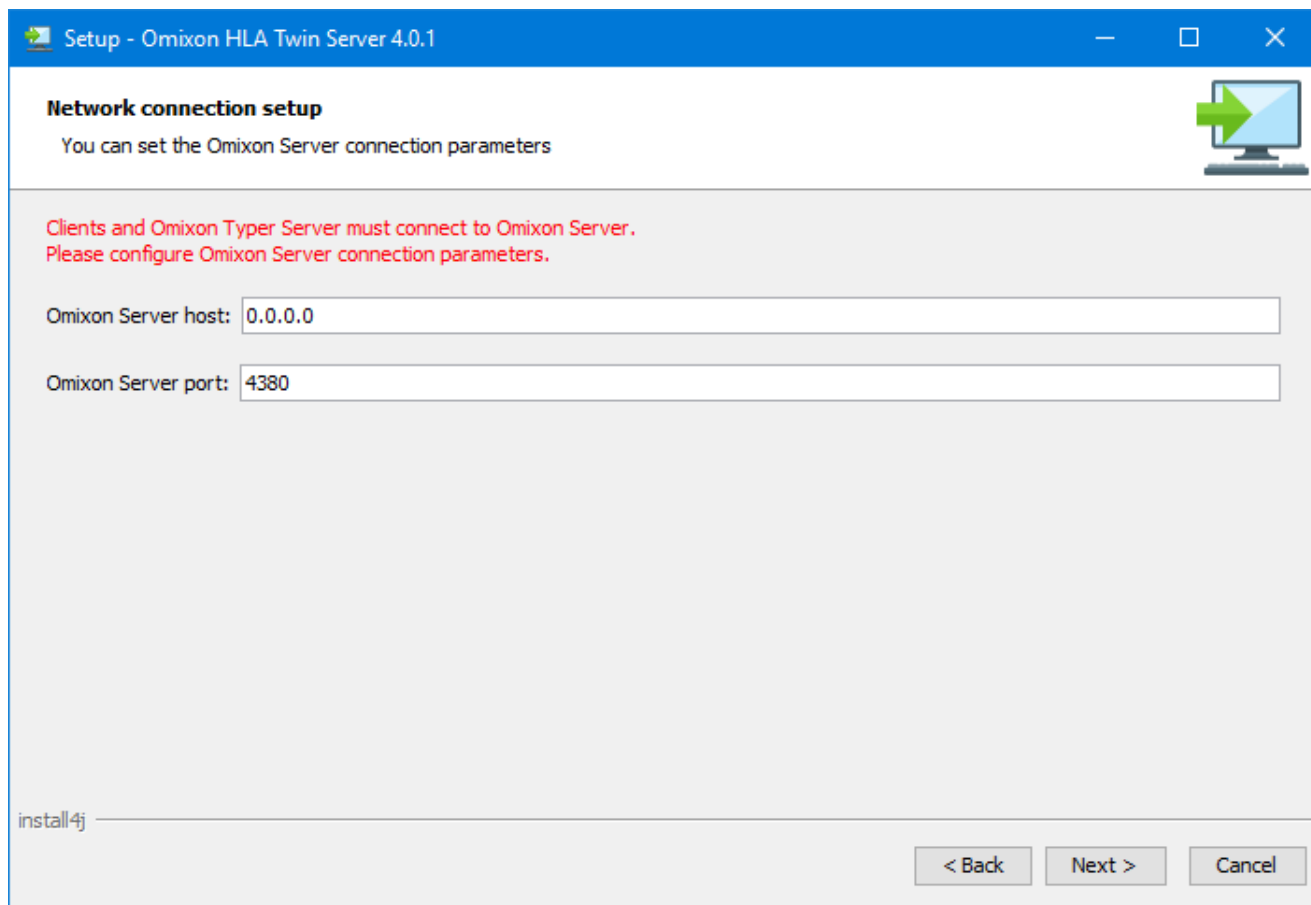
4. Selecione uma pasta para os ficheiros da base de dados de referência.



5. Selecione uma pasta para os ficheiros temporários



6. Configure o endereço IP e o número de porta que o HLA Twin Server usará para comunicação (IP local)



The screenshot shows the 'Setup - Omixon HLA Twin Server 4.0.1' window. The title bar is blue with standard Windows window controls. The main content area has a white background. At the top, it says 'Network connection setup' in bold, followed by 'You can set the Omixon Server connection parameters'. To the right of this text is a green arrow pointing right, with a monitor icon at its tip. Below this, a red message states: 'Clients and Omixon Typer Server must connect to Omixon Server. Please configure Omixon Server connection parameters.' 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, there is a small text 'install4j'. At the bottom right, there are three buttons: '< Back', 'Next >', and 'Cancel'.

Setup - Omixon HLA Twin Server 4.0.1

Network connection setup

You can set the Omixon Server connection parameters

Clients and Omixon Typer Server must connect to Omixon Server.
Please configure Omixon Server connection parameters.

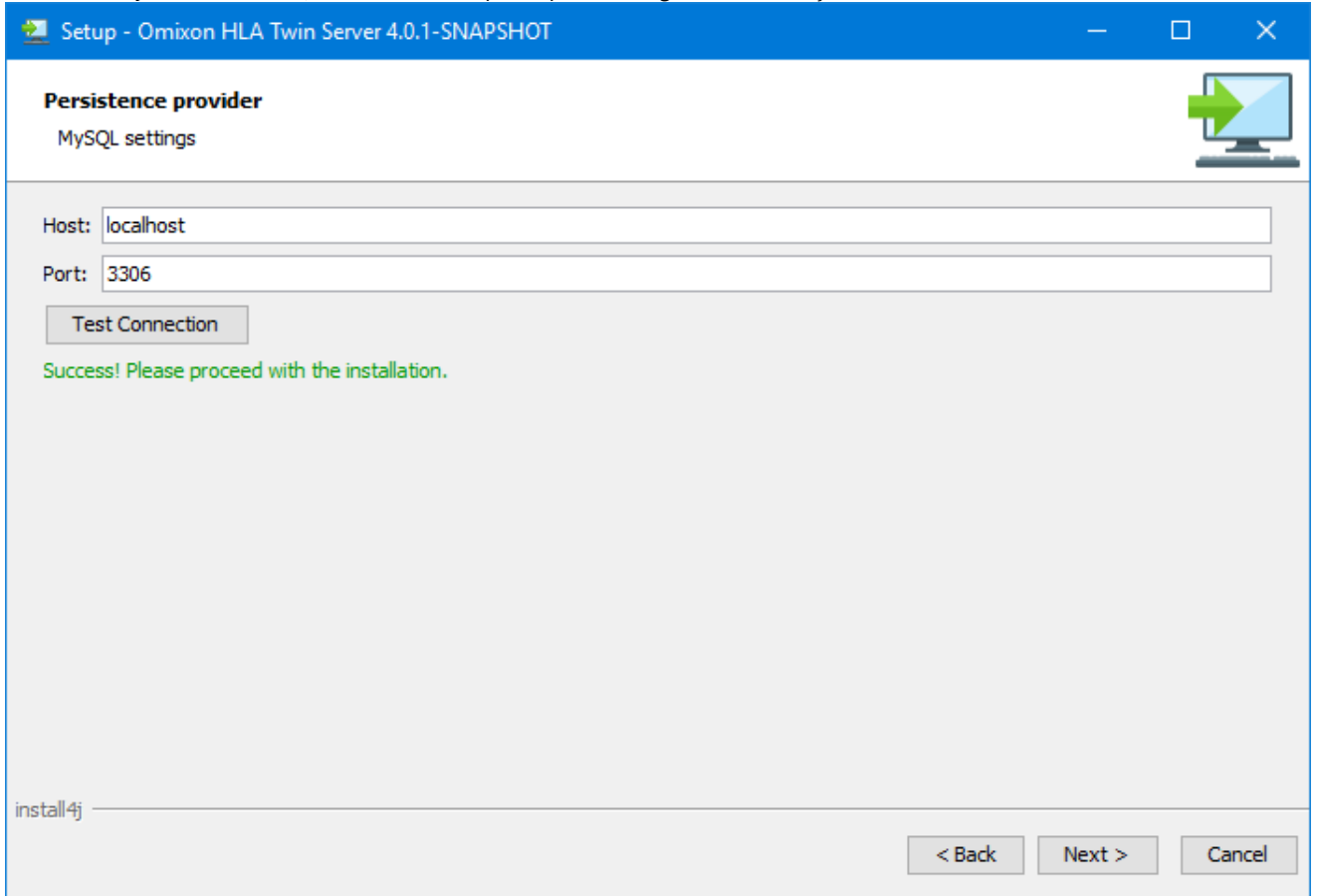
Omixon Server host: 0.0.0.0

Omixon Server port: 4380

install4j

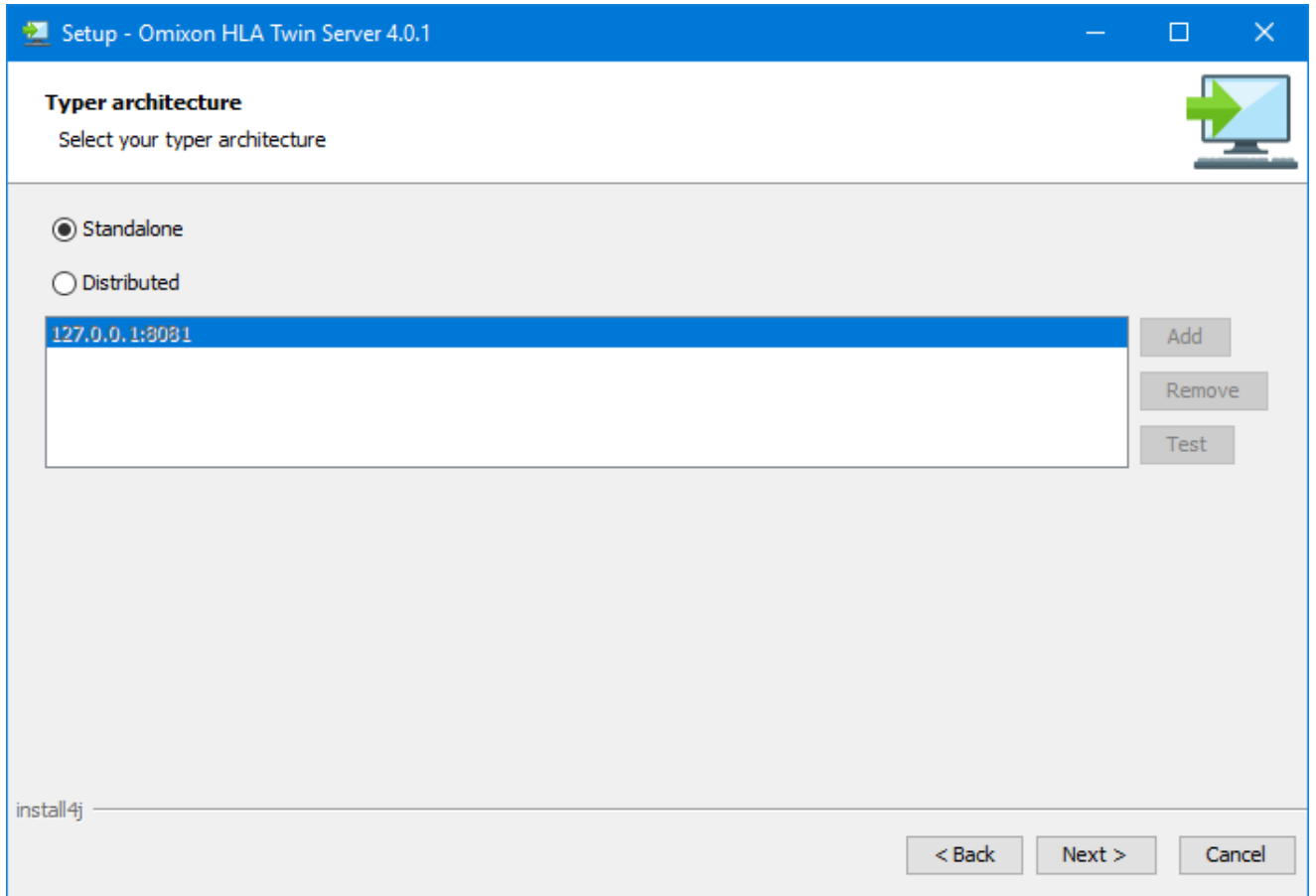
< Back Next > Cancel

7. Especifique o endereço IP e o número de porta da base de dados MySQL (as predefinições devem funcionar corretamente se tiver instalado o MySQL localmente). Consulte este capítulo para obter guias de instalação.

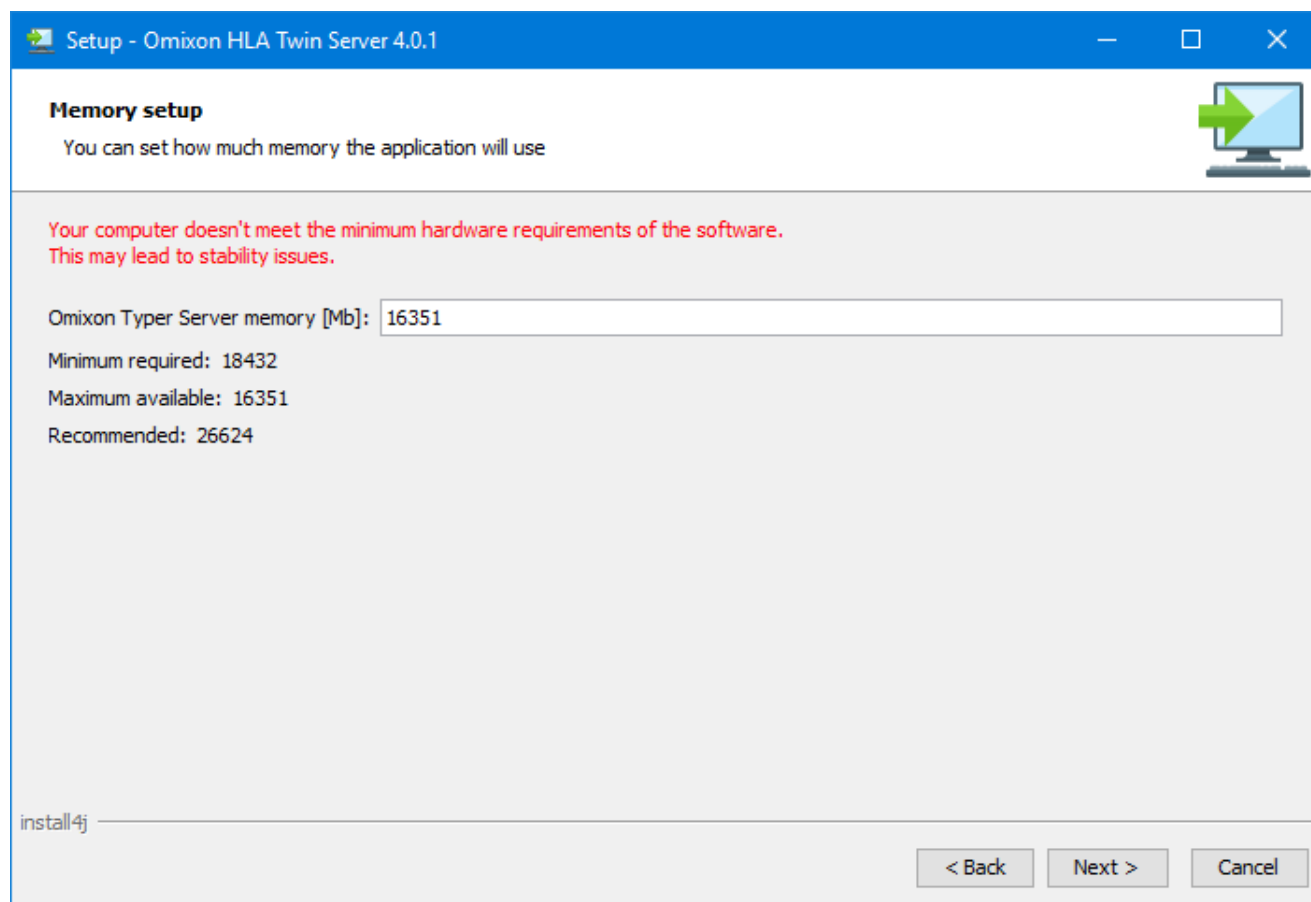


Não poderá continuar até obter um teste de ligação bem-sucedido!

8. Selecione a arquitetura autónoma (para a configuração distribuída com vários HLA Twin Typers em servidores separados, siga o capítulo [Server \(distribuído\)](#) (see page 50))



9. Configure as definições de memória



Setup - Omixon HLA Twin Server 4.0.1

Memory setup

You can set how much memory the application will use

Your computer doesn't meet the minimum hardware requirements of the software.
This may lead to stability issues.

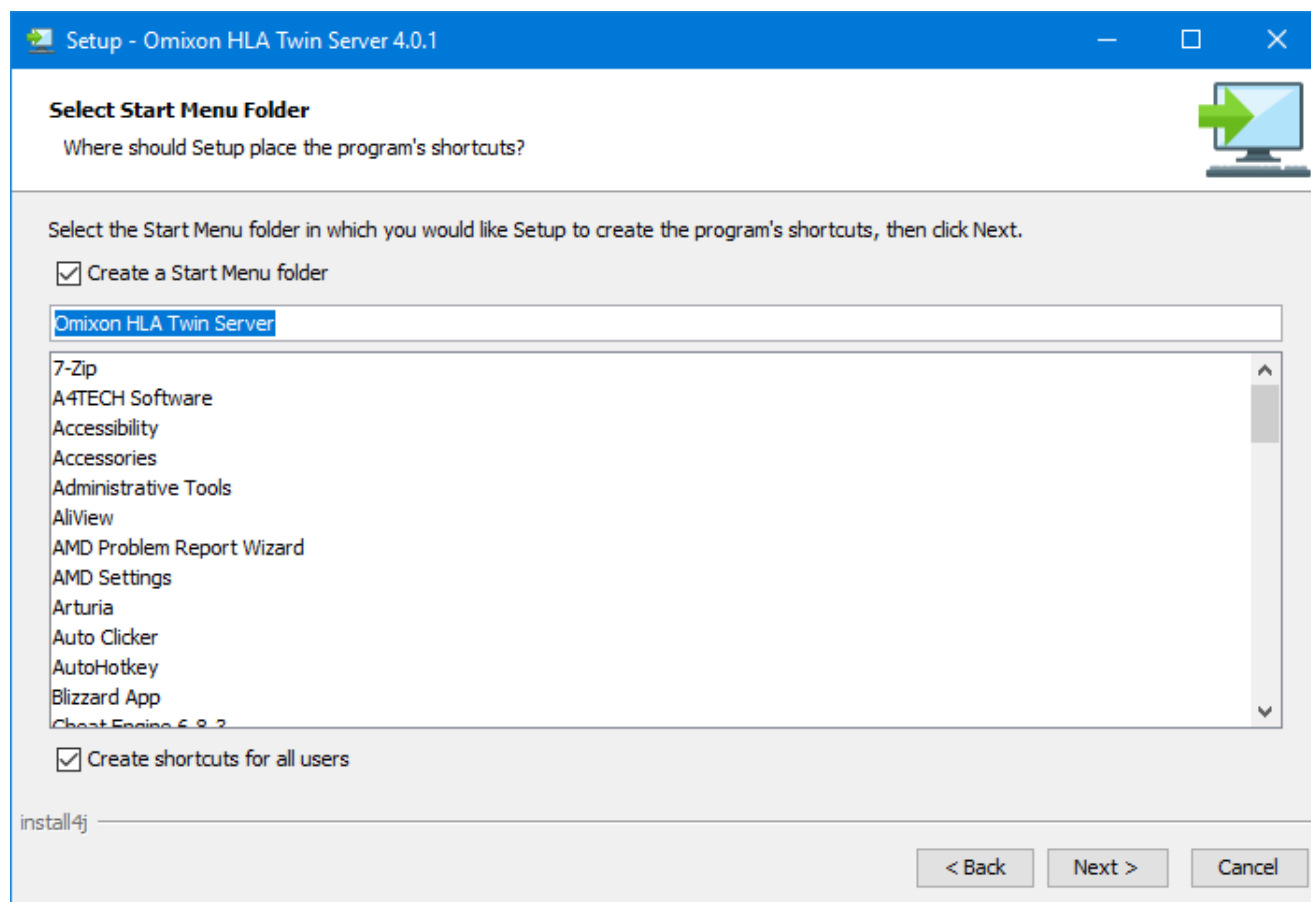
Omixon Typer Server memory [Mb]:

Minimum required: 18432
Maximum available: 16351
Recommended: 26624

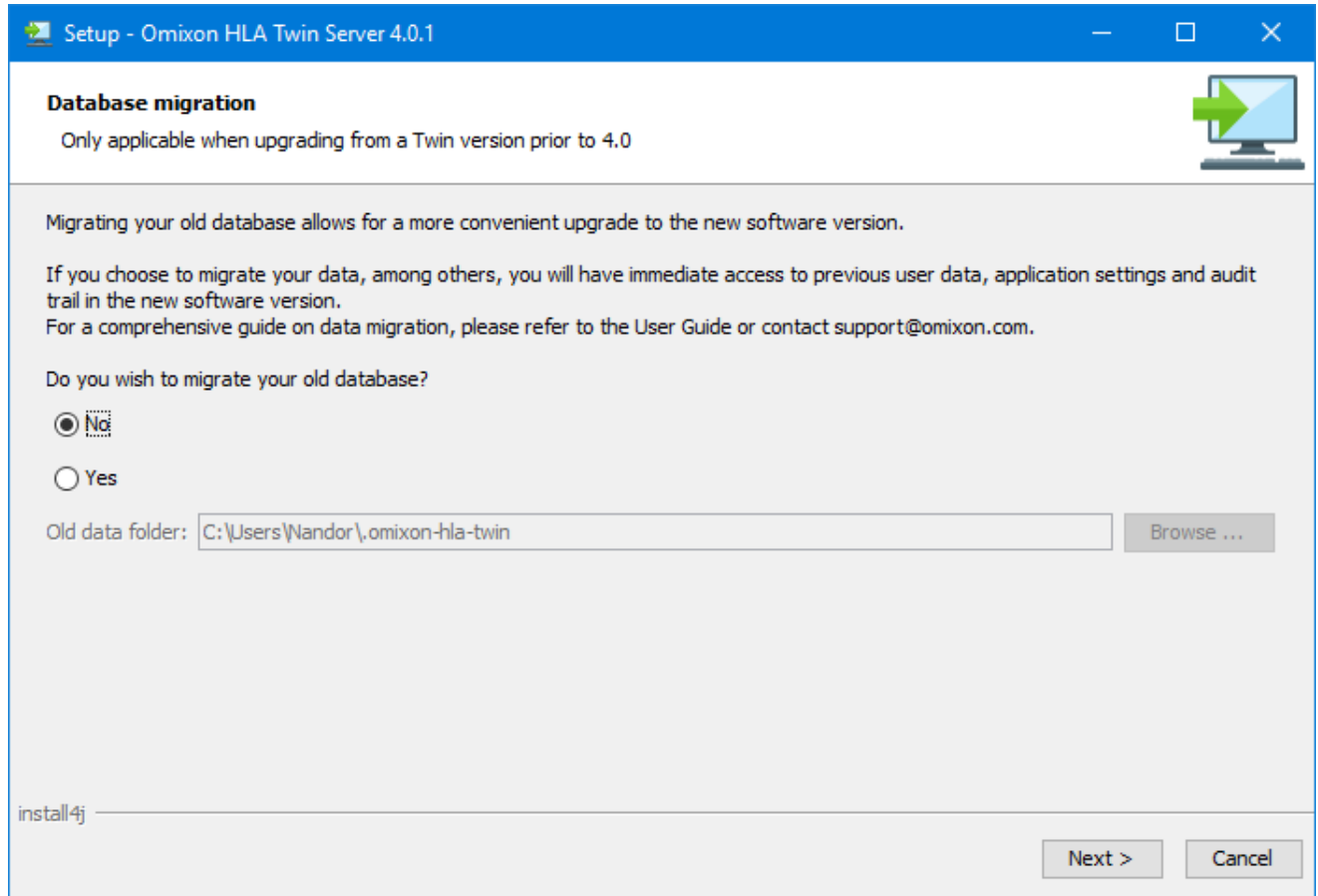
install4j

< Back Next > Cancel

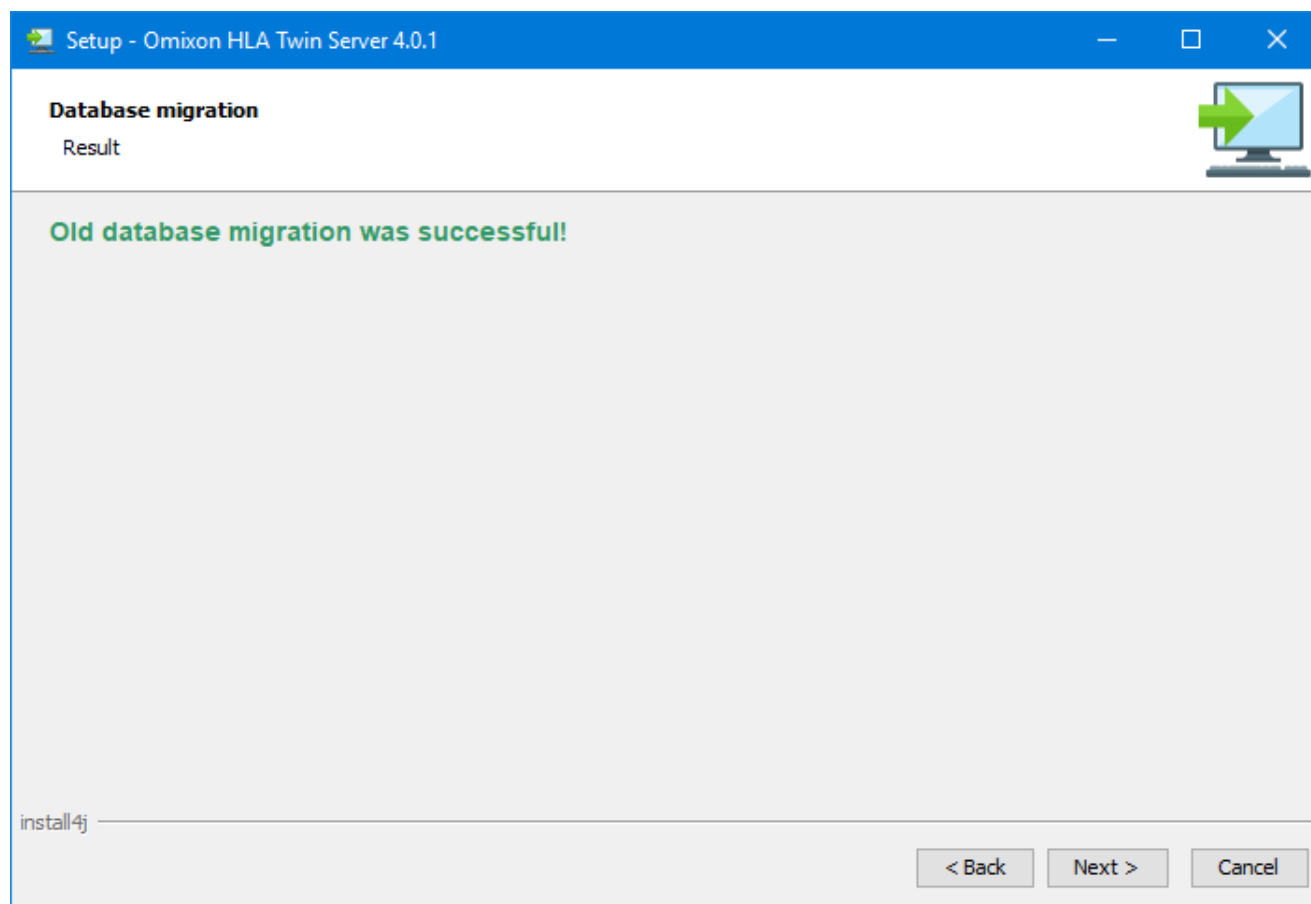
10. Selecione a pasta de menu Iniciar



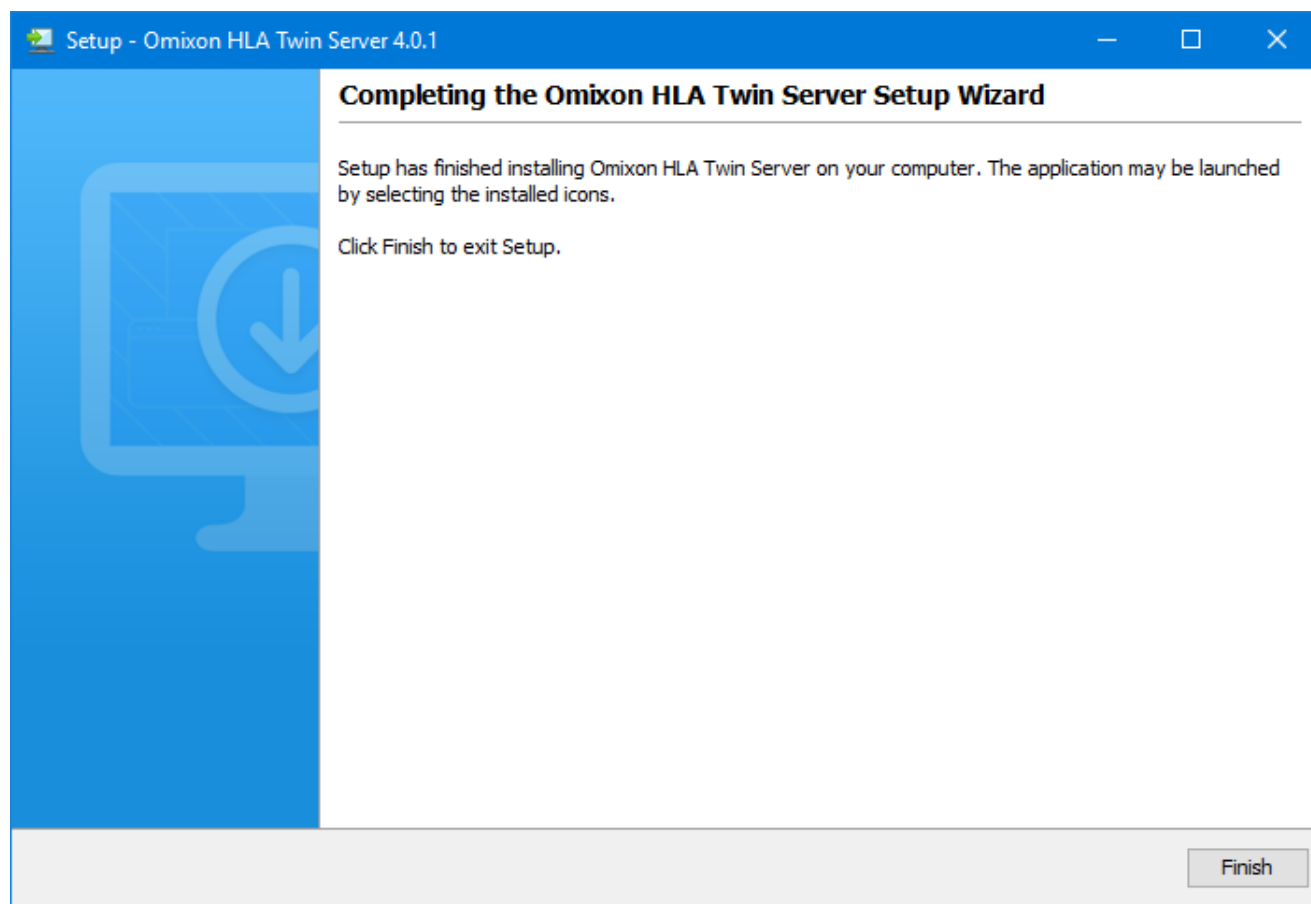
11. Após a conclusão da instalação, o instalador oferece a opção de migrar a sua base de dados antiga.
- **Se for um utilizador novo:** selecione «No» (Não) e clique em «Next» (Seguinte)
 - **Se estiver a atualizar a partir de uma versão HLA Twin 3.1.3 ou inferior:** considere migrar a base de dados antiga para manter as suas informações de auditoria. Para obter mais detalhes, consulte [Migração da base de dados](#) (see page 50).



Se tiver seleccionado «Yes» (Sim), a seguinte mensagem será apresentada após uma migração bem-sucedida.



12. Clique em «Finish» (Terminar)





3.8 Instalação do Client

3.8.1 Atualizar da versão HLA Twin 3.1.3 ou inferior

- Não será possível atualizar a sua versão anterior do HLA Twin 3.1.3 Client como ocorreu com as versões anteriores. Além disso, o instalador não permitirá que o utilizador instale o novo HLA Twin na mesma pasta em que uma versão anterior tenha sido instalada.
- Tenha em atenção que as versões do software HLA Twin Client e HLA Twin Server têm de ser compatíveis.

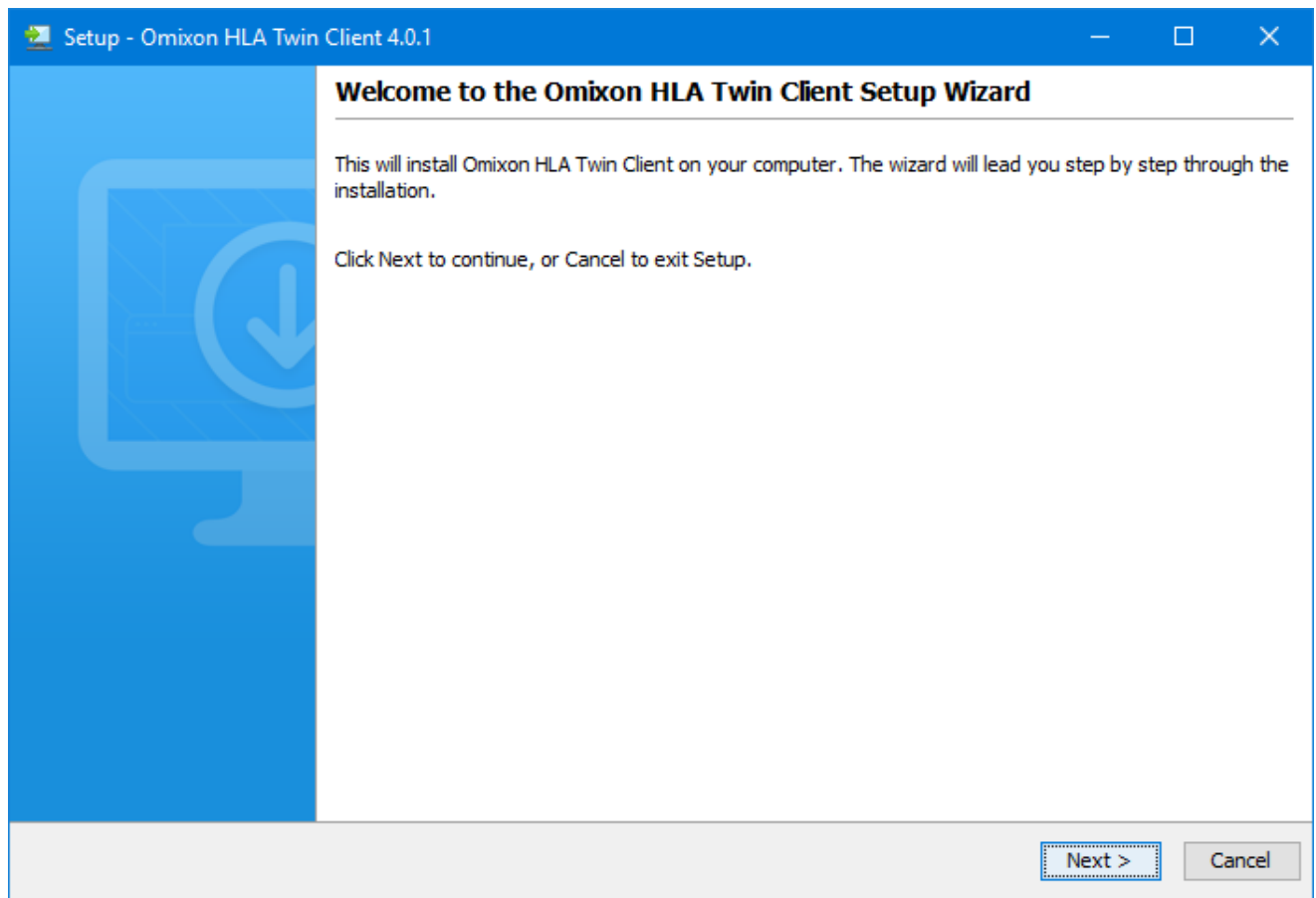
3.8.2 Notas antes da instalação

Funcionamento em rede: Por predefinição, o HLA Twin Server comunicará com os HLA Twin Client nas portas 4380 e 4381, por isso certifique-se de lhes dar permissão na sua firewall.

3.8.3 Instalar o HLA Twin Client

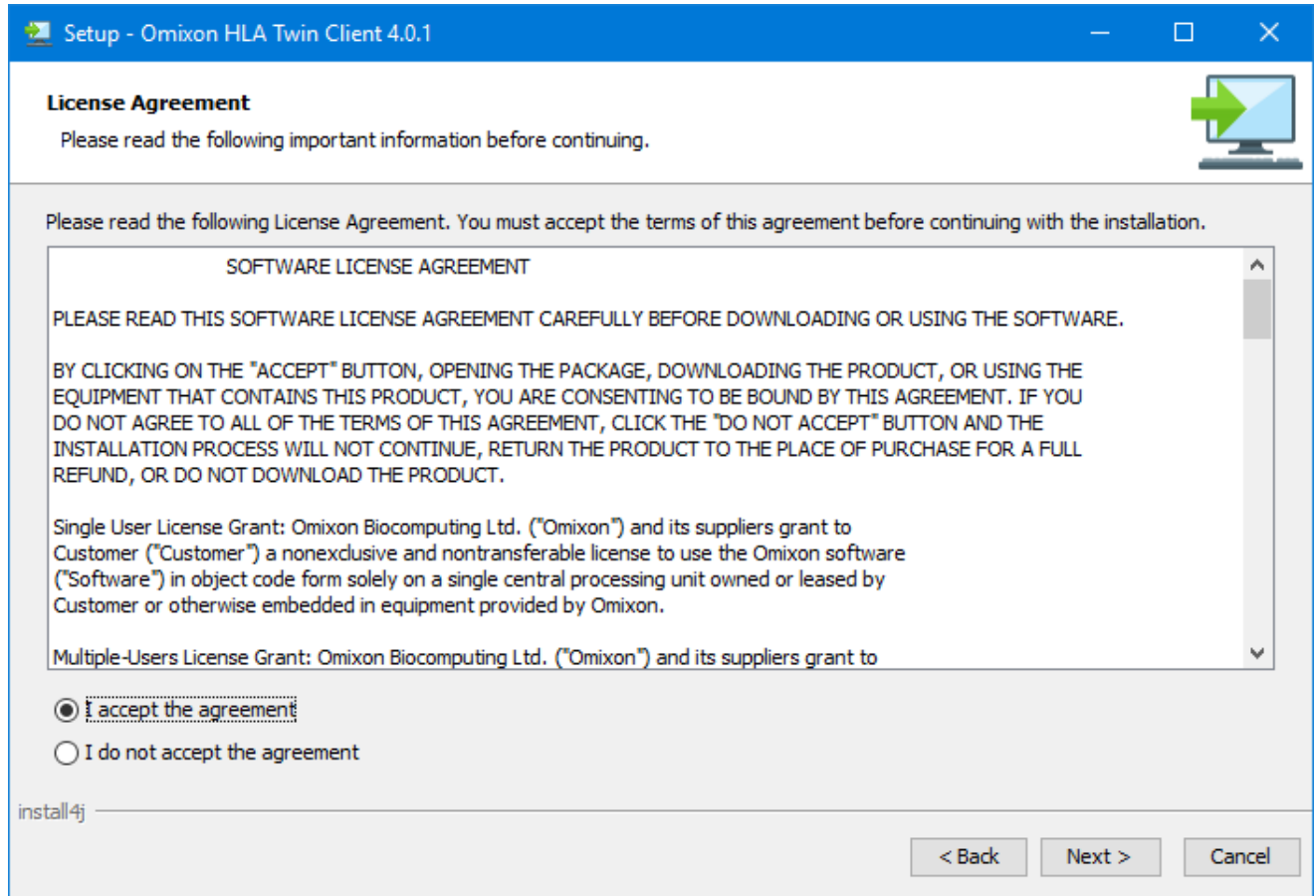
1. Este passo depende do sistema operativo que estiver a executar.

- **Utilizadores do Windows:** Abra o instalador (omixon_hla_twin_XXX_windows-x64_with_jre-**client**.exe)
- **Utilizadores do Linux:** Abra uma janela do terminal, obtenha permissões para o instalador (`chmod +x omixon_hla_twin_XXX_unix_with_jre-client.sh`) e, em seguida, execute o instalador.
- **Utilizadores do OSX:** Abra o instalador (omixon_hla_twin_XXX_macos_with_jre-**client**.dmg) (se estiver a utilizar o OSX 10.14.6 Mojave ou versão superior, poderá receber uma mensagem de erro. Neste caso, contacte-nos através do e-mail support@omixon.com⁷)



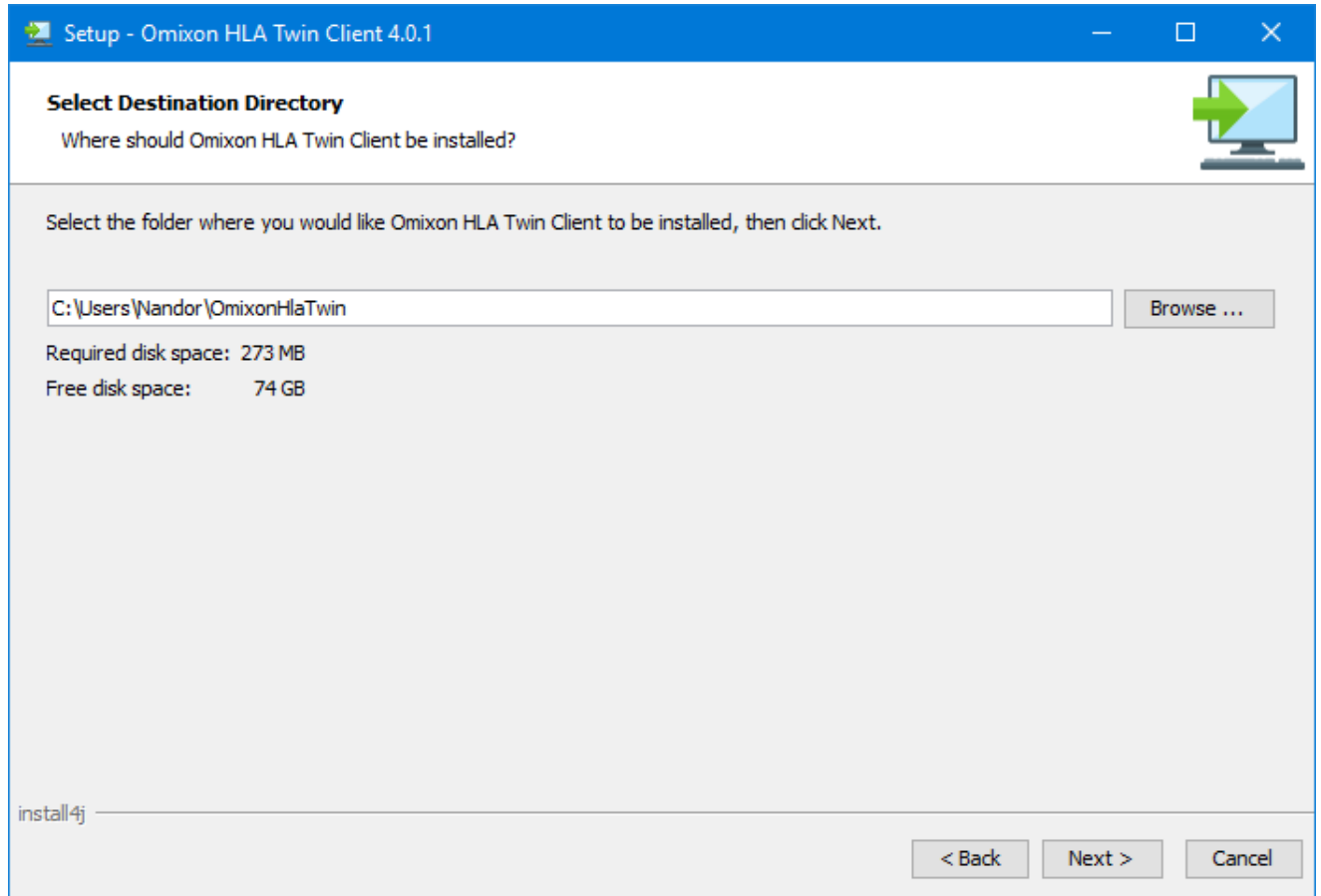
⁷ <mailto:support@omixon.com>

2. Aceite o contrato de licença

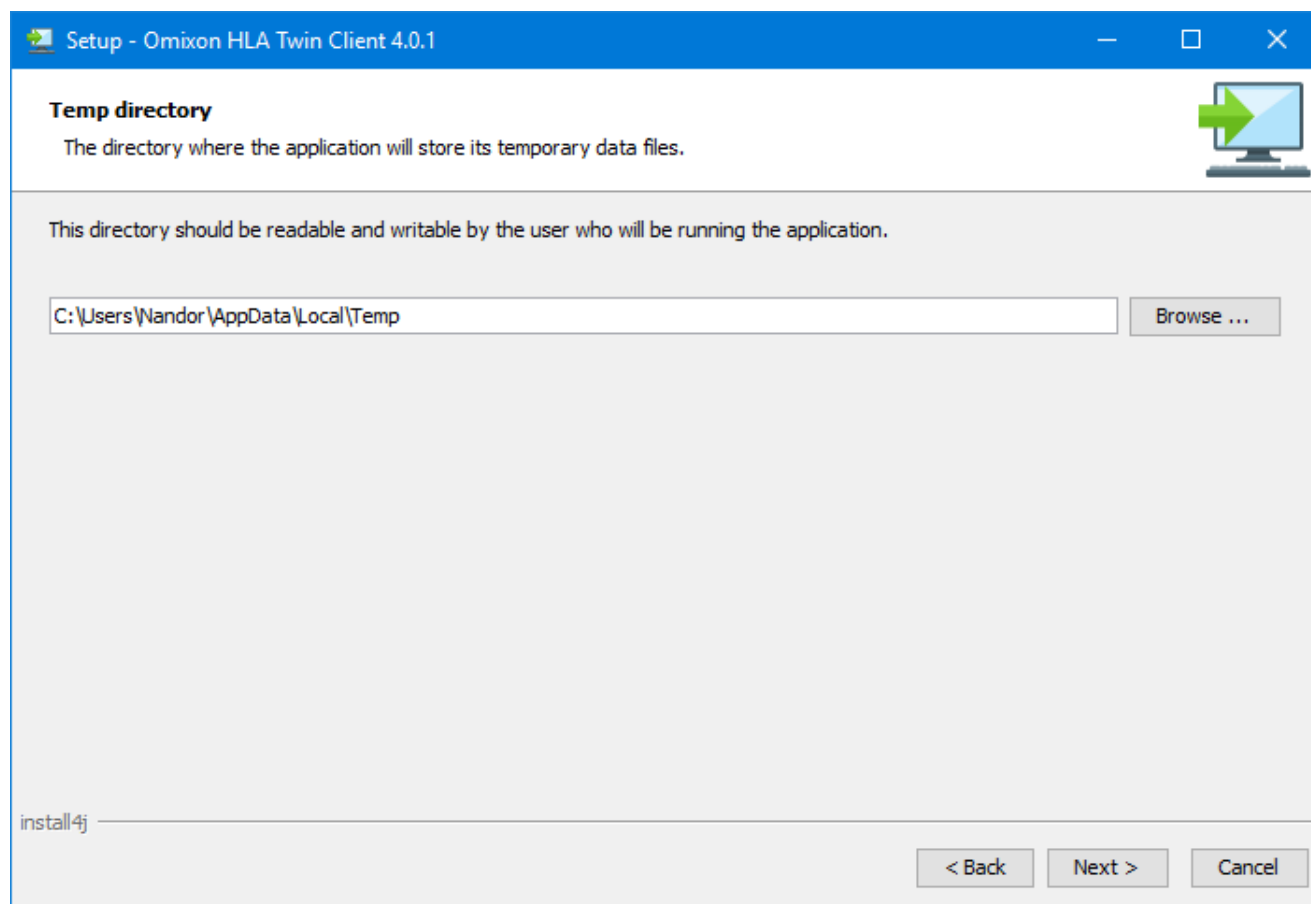


3. Selecciona uma pasta para instalação.

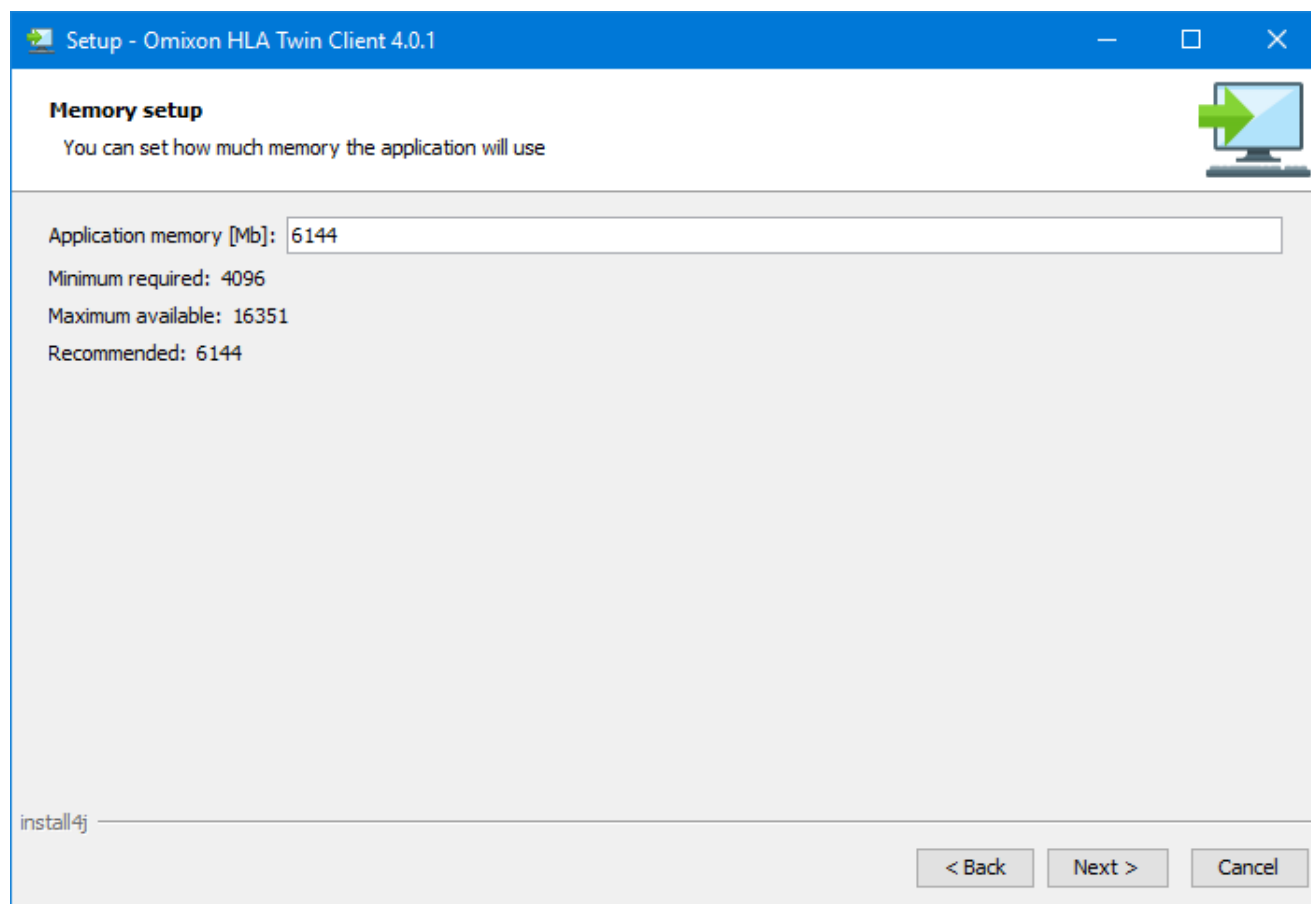
Os utilizadores do Windows devem ter em atenção que poderá ser necessário alterar o diretório de destino para que outros utilizadores do Windows possam aceder ao software (o mesmo se aplica a outras pastas de instalação nos passos seguintes).



4. Selecione uma pasta para os ficheiros temporários



5. Configure as definições de memória



Setup - Omixon HLA Twin Client 4.0.1

Memory setup

You can set how much memory the application will use

Application memory [Mb]:

Minimum required: 4096

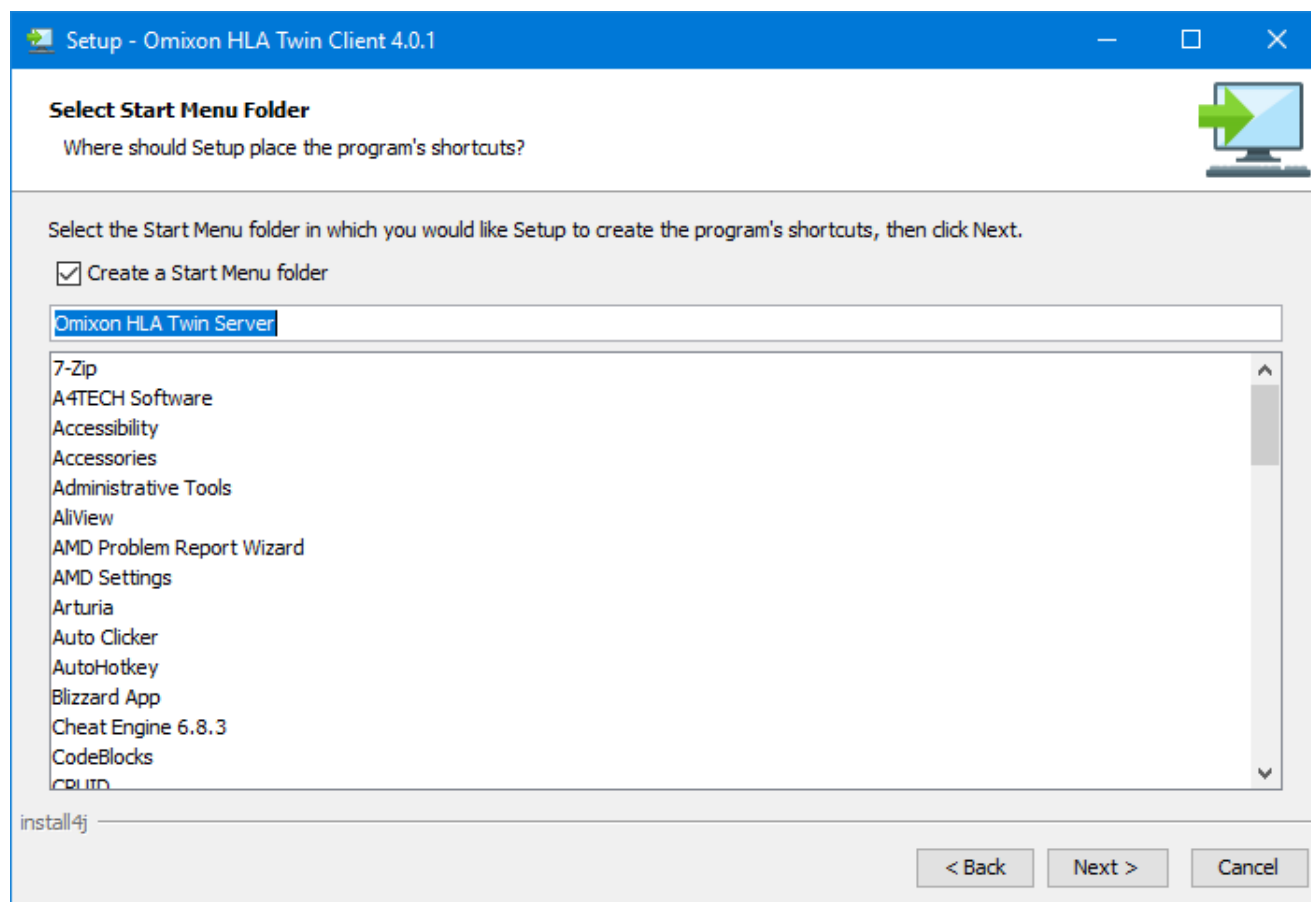
Maximum available: 16351

Recommended: 6144

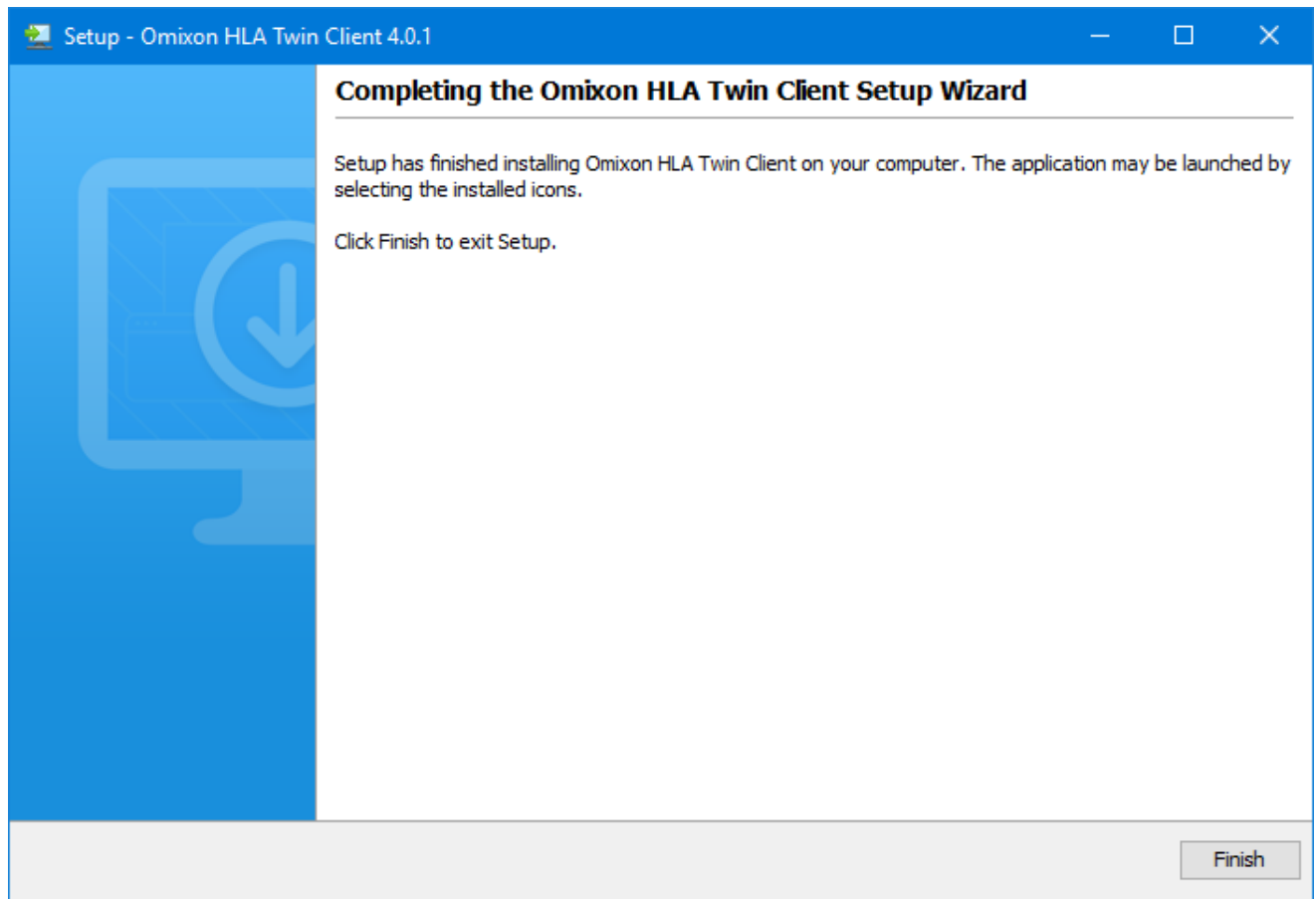
install4j

< Back Next > Cancel

6. Selecione a pasta de menu Iniciar



7. Após a instalação terminar, clique em «Finish» (Terminar)



3.9 Migração da base de dados

Este capítulo destina-se a utilizadores que planeiem atualizar da versão HLA Twin 3.1.3 ou inferior

3.9.1 Aspetos gerais

O formato da base de dados interna no HLA Twin 4.0.0 foi alterado para um mais robusto e eficiente (MySQL). Isto foi necessário para proporcionar uma melhor experiência do utilizador no software.

A migração da base de dados é o processo de transformar os dados da sua base de dados HLA Twin antiga para a nova. Sugerimos que migre a sua base de dados antiga, para que a nova versão do HLA Twin contenha todas as informações que possam ser necessárias para uma auditoria.

3.9.2 Dados a serem migrados

Basicamente, a migração transferirá todos os dados necessários para uma auditoria. Tal inclui:

- contas de utilizador, com as respetivas preferências
- configurações globais como, por exemplo, configuração e agendamento de automatização, protocolos guardados ou a versão ativa da base de dados de referência
- análises e as respetivas informações de fluxo de trabalho de aprovação

- tarefas relativas às exportações
- importações de base de dados de referência

3.9.3 O processo de migração

O processo de migração é o último passo da instalação do HLA Twin. Este processo solicitará que decida se pretende migrar a sua base de dados antiga e, em seguida, solicitará o caminho onde a base de dados antiga está localizada.

A migração pode demorar alguns minutos. Caso se depare com algum erro, contacte-nos através do e-mail support@omixon.com⁸

3.9.4 Localização da base de dados antiga

Por predefinição, a pasta da base de dados antiga é `C:\Users\_username_.omixon-hla-twin\` (em que `_username_` é o nome do utilizador do Windows em que o software está instalado). Também pode estar num caminho personalizado, normalmente próximo à pasta de instalação do software.

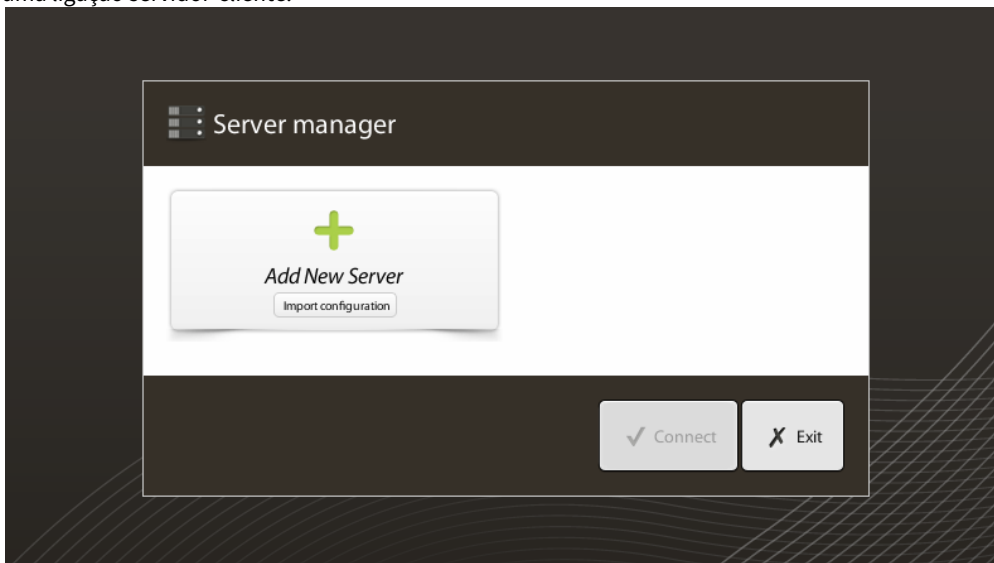
3.10 Instruções para a primeira utilização

3.10.1 Estabelecer ligação ao servidor

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

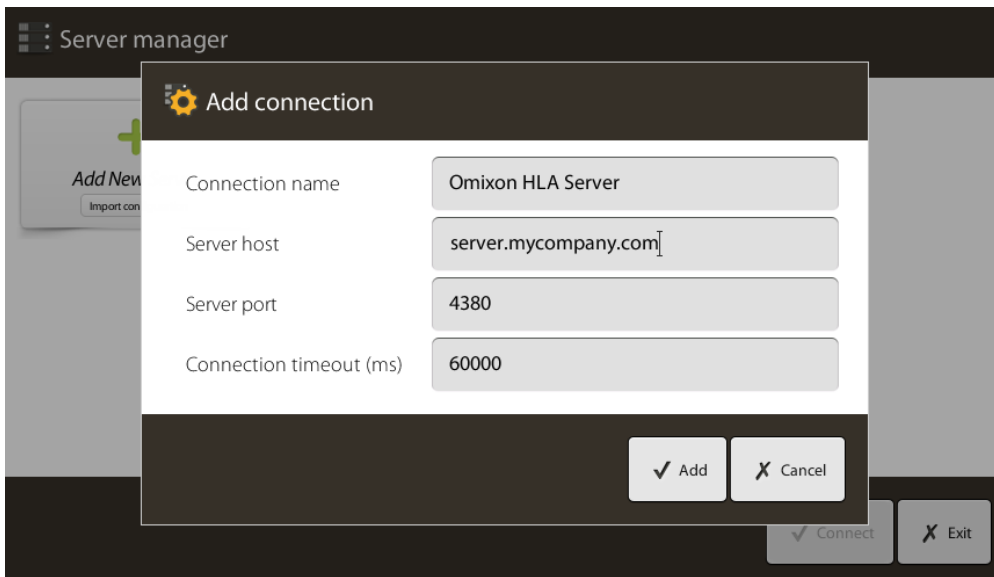
Ligar o cliente

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

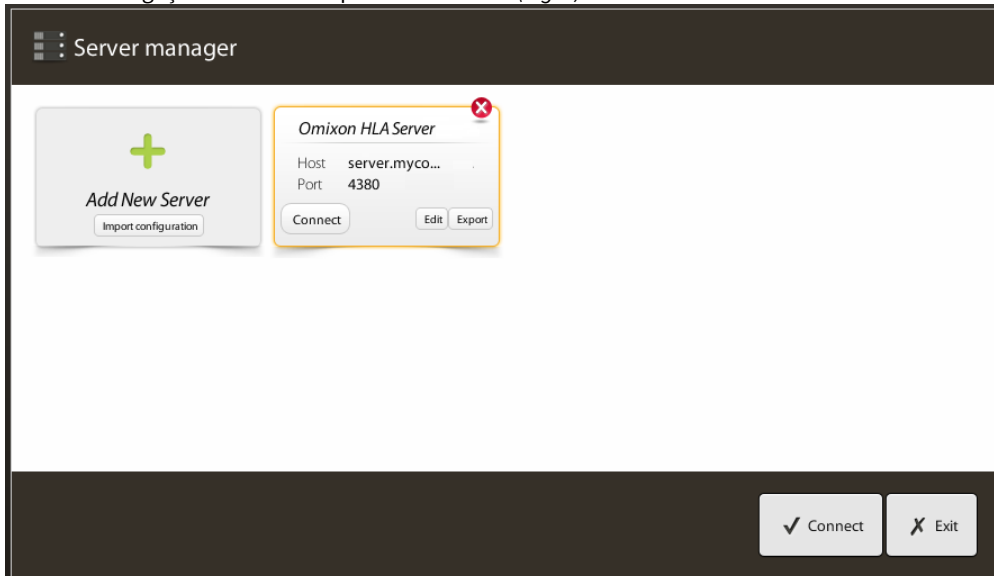


Atribuir um nome à ligação e introduzir exatamente as mesmas definições de anfitrião e de porta que foram definidas para o servidor, durante ou após a instalação.

⁸ <mailto:support@omixon.com>



Selecionar a ligação ao servidor e premir «Connect» (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. Certificar-se de que as ligações de saída estão ativadas para o Omixon HLA Server, para que os clientes ligados recebam atualizações de estado (por exemplo, para apresentar informações sobre a progressão da tarefa).

Exportar e importar a configuração de ligação

Em alternativa a configurar a ligação manualmente, é possível 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 «Server Manager» (Gestor do servidor). Se pretender escolher esta opção, peça ao administrador do sistema que forneça um ficheiro de ligação. As definições de ligação podem ser exportadas para um ficheiro, clicando em «Export» (Exportar) na ligação selecionada, na caixa de diálogo «Server Manager» (Gestor do servidor).



3.10.2 Criar o primeiro utilizador

Ao iniciar a aplicação Desktop ou ao estabelecer ligação ao servidor Omixon pela primeira vez, ser-lhe-á solicitado que crie o primeiro utilizador da aplicação. O primeiro utilizador a registar-se torna-se num *Superuser* (Superutilizador) por predefinição, o que significa que tem acesso a todas as funcionalidades do software, incluindo a criação de mais contas de utilizador. Recomenda-se que o administrador de sistema se registe em primeiro lugar, para concluir a configuração.

Consulte o capítulo *Painel de definições/Gestão de utilizadores* do *Manual Omixon* para obter mais informações sobre funções e permissões de utilizadores.

4 Guia de iniciação rápido

4.1 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.

4.2 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.
- Painel inferior:

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
 - o Typer Manager para implementar e anular a implementação de nós do typer nas configurações do server distribuído
 - 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 ou ao selecionar o ficheiro de análise, o utilizador pode ver todas as informações disponíveis acerca da análise no painel de informação inferior. 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.



É possível encontrar informações detalhadas acerca deste ecrã e sobre todas as funções disponíveis na secção *Painel de genotipagem* do *Manual Omixon*.

4.3 Análise

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

4.3.1 Genotipagem simples – recomendada para amostras Holotype

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. É possível digitar várias amostras com o protocolo Holotype, seleccionando-as com um clique do rato e o botão Ctrl ou Shift e premindo o botão «Simple Genotyping» (Genotipagem simples) no menu superior. 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 na secção *Painel de genotipagem*.

4.3.2 Resultados

Logo que a barra de progressão alcance 100% no *Typet Scheduler*, 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 nas secções *Resultados de análise de genotipagem* e *Resultado de amostra de genotipagem*.

4.4 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.

Essa ecrã consiste em três partes principais:

- Painel de informação: a estrutura deste painel é bastante idêntica à do painel de informação do painel de genotipagem (ver detalhes acima)
- Painel de funções: botões de funções para filtrar, atribuir, aprovar, etc.
- Tabela de resultados: uma tabela de aspetos gerais, que apresenta os resultados da análise

O painel de funções inclui os seguintes botões:

- 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:

- Sample (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.

- No canto superior direito, é possível encontrar o ícone Histórico de atribuições, em forma de relógio, e o ícone indicador de estado de aprovação
- Colunas separadas para os loci analisados:
 - Os alelos resultantes são apresentados em duas linhas, sinalizando os dois cromossomas
 - Várias marcações de nível de locus e alelo são apresentadas nestas colunas

Na linha superior de cada locus são apresentadas as marcações específicas do locus. Estas incluem:

- Semáforo de controlo de qualidade: estas luzes baseiam-se nas medidas de controlo de qualidade do nível de locus e podem ser uma das seguintes:

- (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 uma verificação manual dos resultados,
- (vermelho/amarelo) – INVESTIGAR: um ou mais testes de CQ apresentaram resultados de fraca qualidade, é necessária uma verificação manual e, eventualmente, uma nova análise,
- (vermelho) – FALHOU: um ou mais testes de CQ apresentaram resultados de qualidade muito fraca, é necessária uma verificação manual para determinar a causa e o locus ou a amostra necessitam provavelmente de ser novamente sequenciados ou tipificados através de métodos alternativos.
- Marcações de zigosidade: Os loci heterozigotos têm a marcação , enquanto os loci homozigotos são marcados por . Os loci 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, este será marcado com .
- Marcações de novidades: os alelos novos que contêm novidades exónicas (ou exónicas e intrónicas) são marcados com , enquanto os loci com alelos novos, que contêm apenas novidades intrónicas, são marcados com .

Além disso, os resultados dos alelos podem ter várias marcações, incluindo:

- Melhor estado de correspondência e atribuição: No canto extremo esquerdo do resultado de alelo apresentado, o utilizador pode ver o pequeno sinal de “marca de verificação”, que indica se o resultado de alelo é ou não de um “Alelo com melhor correspondência”. O ícone é azul para obter os alelos com melhor correspondência e cinzento para os alelos candidatos restantes. Para atribuir este resultado de alelo, clique simplesmente na marca de verificação – o sinal passa a verde, indicando que o resultado se encontra atribuído.
- 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 melhor correspondência e apenas se o resultado foi produzido com o algoritmo de genotipagem Twin e o algoritmo Estatístico tiver sido executado para o locus específico.

- Homozigosidade: Os alelos apresentados no tipo de letra azul são homozigotos.
- Antígenos equivalentes sorológicos: Se as informações sobre os antígenos equivalentes sorológicos associados estiverem disponíveis para o locus, a descrição do *ícone antígeno*  contém essa informação.
- 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*.
- Extensões de alelos: Os alelos com sequência de alelos expandida são marcados com um *sinal de mais* .

- **Amplificação baixa:** 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).

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

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.

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).

4.4.1 Resolução de problemas com resultados ausentes

Quando nenhum alelo pode ser comunicado para um gene alvo, é mostrada uma marcação descrevendo o possível motivo da chamada de alelo ausente. Para obter informações adicionais, passe o rato sobre o ícone de informações junto à marcação e leia a descrição. Podem ser comunicados os seguintes casos:

Para loci não DRB3/4/5:

- *Sem dados presentes* - Sem dados presentes, significa que o locus não foi direcionado na amostra ou caiu durante a sequenciação e deve ser sequenciado novamente.
- *Dados insuficientes ou de baixa qualidade* - Os dados são insuficientes ou os dados na amostra são de baixa qualidade. Os resultados do controlo de qualidade devem ser verificados para obter mais detalhes.

Para DRB3/4/5:

- *Alelo não esperado* - Não é esperado nenhum alelo neste locus com base no desequilíbrio de ligação conhecido com HLA-DRB1 e HLA-DQB1.
- *Alelo esperado não encontrado* - Esta marcação significa que, com base em informações conhecidas sobre o desequilíbrio de ligação, eram esperados dados para o locus/alelo, mas não foram encontrados.
- *Alelo inesperado encontrado* - Foram encontrados dados para um locus/alelo, o que não era esperado com base em informações conhecidas sobre o desequilíbrio de ligação.
- *Dados insuficientes ou de baixa qualidade* - Os dados são insuficientes ou os dados na amostra são de baixa qualidade. Os resultados do controlo de qualidade devem ser verificados para obter mais detalhes.

Quando não é comunicado nenhum alelo para um gene direcionado, é recomendável executar novamente a amostra em questão, usando um número maior de leituras. (O número de leituras processadas pode ser definido no assistente «Advanced Genotyping» (Genotipagem avançada).) Os motivos subjacentes aos resultados ausentes no nível do alelo podem ser que a cobertura não atinge o limite mínimo no alelo ou nos exões ou que a profundidade de cobertura seja muito pequena. O processamento de mais leituras pode ajudar a fortalecer os sinais que suportam os alelos corretos.

4.5 Resultados de amostra de genotipagem

No ecrã de resultados Amostra de genotipagem, é possível inspecionar os detalhes dos resultados de genotipagem, as métricas de qualidade e os dados estatísticos para cada locus de uma amostra selecionada.

Este ecrã pode ser dividida em quatro secções principais:

- **Painel de informação** – ter em atenção que a estrutura deste painel é bastante idêntica à do painel de informação do painel de genotipagem (ver detalhes acima)
- **Painel de funções:** botões de funções para filtrar, atribuir, aprovar, etc.

- Tabela de resultados: o conteúdo da tabela de resultados é idêntico ao da tabela no ecrã de resultados da Análise de genotipagem. Nesse ecrã, no entanto, a tabela é apresentada no modo fechado para deixar mais espaço para o painel de detalhes.
- Painel de Detalhes: apresenta os resultados de genotipagem, métricas de qualidade e dados de estatística

O painel de funções inclui os seguintes botões:

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

A tabela de resultados fechada mostra o primeiro par de alelos com melhor correspondência para cada locus. Se existirem vários resultados de alelo com melhor correspondência, o nível de ambiguidade será indicado colorindo os campos afetados a vermelho no nome do alelo e deixando os campos correspondentes a preto.

No painel de detalhes, é possível escolher entre três separadores diferentes:

- Genotype (Genótipo)
 - Na secção de genótipo, o utilizador pode verificar o genótipo que é selecionado pelo software.
 - É possível adicionar/remover alelos manualmente.
- Quality control (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).

4.6 Browser de genes

O browser de genes permite a inspeção visual dos dados de genoma. Podem ser pesquisados vários candidatos de alelos, em conjunto.

Com predefinições, encontram-se disponíveis as seguintes pistas no browser:

- *Position track (Pista de posição)* – mostra as coordenadas de todas as pistas visíveis. A numeração inicia-se no número um.
- *Phasing track group (Grupo de pista de faseamento)*:

Phasing track (Pista de faseamento) – esta pista inclui anotações para regiões faseadas continuamente (também designadas por regiões de faseamento).

Variants track (Pista de variantes) – mostra o número de pares lidos sobrepostos entre duas posições heterozigotas consecutivas (ou seja, duas posições em que as duas sequências de consenso divergem entre si). A etiqueta «Straight» (Reta) indica o número leituras para cada consenso que suporta o faseamento indicado no browser, enquanto a etiqueta «Cruz» indica o número de leituras suportadas para o outro faseamento possível das duas posições.

- *Consensus sequence 1 (Sequência de consenso 1)* – a sequência de consenso gerada para um dos cromossomas.

- *Coverage depth for consensus 1 (Profundidade de cobertura para consenso 1)* – mostra a profundidade de cobertura para todas as posições do conjunto de sequência de consenso 1.
- *Consensus sequence 2 (Sequência de consenso 2)* – a sequência de consenso gerada para o outro cromossoma.
- *Coverage depth for consensus 2 (Profundidade de cobertura para consenso 2)* – mostra a profundidade de cobertura para todas as posições do conjunto de sequência de consenso 2.
- *Allele 1 sequence (Sequência de alelo 1)* – sequência de nucleotídeos do alelo que corresponde melhor ao primeiro consenso.
- *Region annotation for allele 1 (Anotação de região para o alelo 1)* – as anotações de exões, intrões e UTR são mostradas para o alelo 1.
- *Coverage depth track for allele 1 (Pista de profundidade de cobertura para o alelo 1)* – mostra a profundidade de cobertura para todas as posições de alinhamento do alelo 1.
- *Allele 2 sequence (Sequência de alelo 2)* – sequência de nucleotídeos do alelo que corresponde melhor ao segundo consenso.
- *Region annotation for allele 2 (Anotação de região para o alelo 2)* – as anotações de exões, intrões e UTR são mostradas para o alelo 2.
- *Coverage depth track for allele 2 (Pista de profundidade de cobertura para o alelo 2)* – mostra a profundidade de cobertura para todas as posições de alinhamento do alelo 2.

Para alelos novos, são mostradas duas pistas de referência: a sequência de referência do alelo novo (*Novel ref*) e a sequência de referência do alelo relacionado mais próximo (*Rel ref*), a partir do qual o alelo novo foi derivado.

Ter em atenção que as sequências de consenso e as leituras abreviadas correspondentes podem ser visualizadas no browser, mesmo se não forem encontrados pares de alelos correspondentes.

Pistas adicionais:

- *Noise track (Pista de ruído)* – mostra o ruído sistemático filtrado durante a reunião de consenso. O consenso de ruído contém o nucleotídeo principal para todas as posições.
- *Amino acid track (Pista de aminoácidos)* – mostra a sequência de aminoácidos para todas as sequências de consenso e alelos, incluindo alelos novos, coloridos com base na hidrofobicidade de aminoácidos.

Como predefinição, as pistas de cobertura detalhadas são apresentadas para os alinhamentos de alelos, juntamente com as anotações de região. A pista de cobertura tem um suporte de visualização de estatísticas de base integrado: para bases em leituras diferentes da base de referência/consenso efetiva, a profundidade de cobertura correspondente é mostrada com a cor de base de nucleotídeo associado, proporcionalmente.

Modos adicionais para pistas de leitura abreviada

Para além do modo de profundidade de cobertura predefinido, encontram-se disponíveis os seguintes modos de visualização de leitura abreviada alternativos para a pista de leitura abreviada:

- *Short read mode (Modo de leitura abreviado)* – mostra as leituras abreviadas apresentadas de forma entrançada, para que as leituras entrançadas para a frente (cor-de-rosa) e as leituras entrançadas para trás (amarelas) possam ser facilmente distinguidas no ecrã.
- *Fragment mode (Modo de fragmentação)* – modo de visualização emparelhado que mostra as leituras para a frente e para trás aos pares, na mesma linha. As secções sobrepostas entre os pares de leitura são marcadas a azul, enquanto as leituras que não se sobrepõem são ligadas por uma linha fina.

Em ambos os modos supramencionados, a pista de leituras abreviadas pode ser *fechada*, o que proporciona uma vista de resumo das leituras abreviadas (não permitindo que cada leitura seja verificada em detalhe).

4.7 Painel Definições

Acessível a partir do *painel de genotipagem*, através do botão «*Application settings*» (*Definições da aplicação*), o *painel «Settings»* (*Definições*) apresenta uma vista geral das definições na ferramenta e permite aceder a funcionalidades de administração e a configurações de visualização. Também se encontra disponível neste painel alguma informação geral acerca da versão atual do software e do utilizador atual.

4.8 Informações gerais

Existem três blocos de informação no painel de Definições:

- Edição Omixon HLA: esta parte inclui o nome e a versão do software, o identificador da compilação com um botão dedicado de cópia para a área de transferência, bem como algumas informações de contacto e de direitos de autor.
- Edição Omixon HLA: esta parte inclui o nome, a versão e o número de referência do software, o identificador da compilação com um botão dedicado de cópia para a área de transferência, bem como algumas informações de contacto e de direitos de autor.
- Informação do utilizador: esta parte inclui o nome para início de sessão e o primeiro e último nomes do utilizador atual.
- Informação de licença: esta parte mostra o número de créditos disponíveis e data de validade da licença.

4.9 Barra lateral

A barra lateral esquerda inclui os seguintes conjuntos de funções:

4.9.1 Generalidades

Neste grupo de funções, o utilizador pode definir o local em que os dados de análise e os ficheiros de resultados são armazenados, criar e gerir protocolos, definir genes específicos para análise e selecionar a versão de ensaio que será utilizada para análise. Para obter detalhes acerca dos protocolos, consultar a página de ajuda de *Analysis Protocols (Protocolos de Análise)*.

4.9.2 Base de dados

Através da função «*Install New Database*» (*Instalar base de dados nova*), o utilizador pode configurar uma ou várias versões da base de dados IMGT utilizada para genotipagem. Através da função *Select Active Database* (*Selecionar base de dados ativa*), o utilizador pode especificar a versão ativa da base de dados. A genotipagem será sempre iniciada através da versão ativa. Caso pretenda remover uma base de dados instalada, o utilizador pode utilizar a função *Remove Database* (*Remover base de dados*), que lhe permite eliminar qualquer base de dados instalada que não se encontre selecionada atualmente como ativa. Pode definir se pretende utilizar ou não extensões de base de dados no menu *Configure Database Extensions* (*Configurar Extensões da Base de Dados*).

4.9.3 Administração

Através da opção *User management* (*Gestão de utilizadores*), o utilizador pode criar, editar e remover utilizadores. Através da opção *Visualizar chave de hardware*, o utilizador pode visualizar um identificador alfanumérico para o seu computador, que pode ser utilizado para gerar uma licença para essa máquina específica. A opção *Upload Licence* (*Carregar Licença*) pode ser utilizada para importar manualmente um ficheiro de licença para o software.

4.9.4 Automatização

Este grupo de funções permite ao utilizador configurar a análise automática nas configurações servidor-cliente.

4.9.5 Export Settings (Definições de Exportação)

Aqui pode configurar a exportação de LIMS.

4.9.6 Screen Settings (Definições de Ecrã)

Neste grupo de funções, o utilizador pode alterar as configurações de visualização para o browser de genes e para os ecrãs de resultados. Ter em atenção que estas alterações vão modificar o comportamento e o aspeto predefinidos do software. Caso o utilizador pretenda alterar apenas temporariamente as definições do browser, deve ser utilizada a opção *Display settings* (*Definições de visualização*) no ecrã do browser. O utilizador também pode modificar os filtros predefinidos dos ecrãs de resultados de genotipagem. Ter em atenção que, caso o utilizador anule a seleção de um locus neste assistente, os resultados para esse locus não serão mostrados, independentemente dos resultados de tipificação. Para ambos os conjuntos de configuração, o utilizador pode repor todos os parâmetros de acordo com os valores predefinidos, através da funcionalidade *Restaurar predefinições*. Para obter mais detalhes destas definições, consultar as seguintes páginas de ajuda: *Ecrãs de Resultados de Análise* e *browser de genes*.