

Guida per l'utilizzatore

Omixon HLA Twin CE Version 4.4.0

> Date of issue: 01/18/2021

1 Indice analitico

1	Indice analitico2
2	Storico revisioni e modifiche5
3	Introduzione9
3.1	Informazioni sul produttore9
3.2	Simboli generici utilizzati9
3.3	Informazioni generali9
3.4	Tecnologie di sequenziamento9
3.5	Principio del metodo9
3.5.1	Algoritmo di genotipizzazione con sequenza consenso (CG)10
3.5.2	Algoritmo di genotipizzazione statistica (SG)10
3.5.3	Genotipizzazione Twin
3.6	Destinazione d'uso10
3.7	Avvertenze e precauzioni:
3.7.1	Limitazioni d'uso del prodotto
3.8	Metodi di validazione e caratteristiche prestazionali11
3.8.1	Holotype HLA v2
3.8.2	Holotype HLA v3
3.8.3	Omnitype v1 11
3.9	Note di rilascio12
3.10	Bibliografía12
4	Guida all'installazione13
4.1	Introduzione
4.1.1	Informazioni generali
4.1.2	Aggiornamento da HLA Twin 3.1.3 o precedente
4.2	Configurazioni disponibili13
4.2.1	Informazioni generali
4.2.2	Desktop
4.2.3	Server (standalone)
4.2.4	Server (distribuito)
4.3	Requisiti di sistema15

4.4	Installazione di MySQL	.15
4.4.1	Windows	. 16
4.4.2	OSX	. 23
4.4.3	Linux	. 30
4.5	Configurazione di un database MySQL preesistente	.30
4.6	Installazione Desktop	.31
4.6.1	Aggiornamento da HLA Twin 3.1.3 o precedente	. 31
4.6.2	Installazione di HLA Twin Desktop	. 31
4.7	Installazione Server standalone	.40
4.7.1	Aggiornamento da HLA Twin 3.1.3 o precedente	. 40
4.7.2	Note prima dell'installazione	. 40
4.7.3	Installazione di HLA Twin Server	. 41
4.8	Installazione del Client	.52
4.8.1	Aggiornamento da HLA Twin 3.1.3 o precedente	. 52
4.8.2	Note prima dell'installazione	. 52
4.8.3	Installazione di HLA Twin Client	. 53
4.9	Istruzioni per il primo utilizzo	.60
4.9.1	Connessione al server	. 60
	Connessione del client	. 60
	Connessione del client Esportazione e importazione della configurazione di connessione	.60 .61
4.9.2	Connessione del client Esportazione e importazione della configurazione di connessione Creazione del primo utente	. 60 . 61 . 61
4.9.2 5	Connessione del client Esportazione e importazione della configurazione di connessione Creazione del primo utente Guida introduttiva	. 60 . 61 . 61 62
4.9.2 5 5.1	Connessione del client Esportazione e importazione della configurazione di connessione Creazione del primo utente Guida introduttiva Accesso	. 60 . 61 . 61 62 .62
4.9.2 5 5.1 5.2	Connessione del client Esportazione e importazione della configurazione di connessione Creazione del primo utente Guida introduttiva Accesso Genotyping Dashboard (Dashboard genotipizzazione)	. 60 . 61 . 61 62 .62
4.9.2 5 5.1 5.2 5.3	Connessione del client Esportazione e importazione della configurazione di connessione Creazione del primo utente Guida introduttiva Accesso Genotyping Dashboard (Dashboard genotipizzazione) Analisi	. 60 . 61 . 61 . 62 . 62 . 63
4.9.2 5 5.1 5.2 5.3 5.3.1	Connessione del client Esportazione e importazione della configurazione di connessione Creazione del primo utente Guida introduttiva Accesso Genotyping Dashboard (Dashboard genotipizzazione) Analisi Genotipizzazione semplice - raccomandata per i campioni Holotype	. 60 . 61 . 61 . 62 . 62 . 63 . 63
4.9.2 5 5.1 5.2 5.3 5.3.1 5.3.2	Connessione del client Esportazione e importazione della configurazione di connessione Creazione del primo utente Guida introduttiva Accesso Genotyping Dashboard (Dashboard genotipizzazione) Analisi Genotipizzazione semplice - raccomandata per i campioni Holotype Risultati	. 60 . 61 . 61 . 62 . 62 . 63 . 63 . 63
4.9.2 5 5.1 5.2 5.3 5.3.1 5.3.2 5.4	Connessione del client Esportazione e importazione della configurazione di connessione Creazione del primo utente Guida introduttiva Accesso Genotyping Dashboard (Dashboard genotipizzazione) Analisi Genotipizzazione semplice - raccomandata per i campioni Holotype Risultati dell'analisi della genotipizzazione	. 60 . 61 . 61 . 62 . 62 . 63 . 63 . 63
4.9.2 5 5.1 5.2 5.3 5.3.1 5.3.2 5.4 5.4.1	Connessione del client Esportazione e importazione della configurazione di connessione Creazione del primo utente Guida introduttiva Accesso Genotyping Dashboard (Dashboard genotipizzazione) Analisi Genotipizzazione semplice - raccomandata per i campioni Holotype Risultati Risultati dell'analisi della genotipizzazione Cosa fare in caso di risultati mancanti	. 60 . 61 . 61 . 62 . 62 . 63 . 63 . 63 . 63
4.9.2 5 5.1 5.2 5.3 5.3.1 5.3.2 5.4 5.4.1 5.5	Connessione del client Esportazione e importazione della configurazione di connessione Creazione del primo utente Guida introduttiva Accesso Genotyping Dashboard (Dashboard genotipizzazione) Analisi Genotipizzazione semplice - raccomandata per i campioni Holotype Risultati dell'analisi della genotipizzazione Cosa fare in caso di risultati mancanti Risultati della genotipizzazione per il campione	. 60 . 61 . 61 . 62 . 62 . 63 . 63 . 63 . 63 . 65
4.9.2 5 5.1 5.2 5.3 5.3.1 5.3.2 5.4 5.4.1 5.5 5.6	Connessione del client Esportazione e importazione della configurazione di connessione Creazione del primo utente Guida introduttiva Accesso Genotyping Dashboard (Dashboard genotipizzazione) Analisi Genotipizzazione semplice - raccomandata per i campioni Holotype Risultati Risultati della genotipizzazione Cosa fare in caso di risultati mancanti Risultati della genotipizzazione per il campione Gene Browser (esploratore dei geni)	. 60 . 61 . 61 . 62 . 62 . 63 . 63 . 63 . 63 . 65 . 65
4.9.2 5 5.1 5.2 5.3 5.3.1 5.3.2 5.4 5.4.1 5.5 5.6 5.7	Connessione del client Esportazione e importazione della configurazione di connessione Creazione del primo utente Guida introduttiva Accesso Genotyping Dashboard (Dashboard genotipizzazione) Analisi Genotipizzazione semplice - raccomandata per i campioni Holotype Risultati Risultati dell'analisi della genotipizzazione Cosa fare in caso di risultati mancanti Risultati della genotipizzazione per il campione Gene Browser (esploratore dei geni) Settings Dashboard (Dashboard impostazioni)	. 60 . 61 . 61 . 62 . 62 . 63 . 63 . 63 . 63 . 65 . 65 . 65

5.7.2	Barra laterale	. 67
	Generali	. 68
	Database	. 68
	Amministrazione	. 68
	Automazione	. 68
	Impostazioni schermate	. 68



2 Storico revisioni e modifiche

Versio ne	Data di approvazione	Autore	Sommario delle modifiche	Approvat a da
3.0.0	💼 29 Jun 201	Adél Juhász	Introdotte modifiche per ABO e MIC nella genotipizzazione e nella visualizzazione dei risultati.	Adél Juhász
		Ágnes Pásztor	Rimossa la parola "HLA" quando potevano essere intesi anche ABO o MIC.	Ágnes Pásztor
			Correzioni di piccola entita nel testo.	
3.1.0	💼 31 Aug 201	lBetra	Aggiunta la sezione Informazioni sul produttore	Adél
		HOCH	Correzioni di piccola entità nel testo e nella formattazione.	Junasz
3.1.1	💼 08 Nov 203	l K risztina Rigó	Misurazioni delle prestazioni aggiornate per Holotype HLA v1 e aggiunte per Holotype HLA v2.	Adél Juhász
		Petra Hoch	Correzioni di piccola entità nel testo e nella formattazione.	
3.1.2	💼 13 Nov 202	l A dél Juhász	Aggiunta la definizione di supporto del database IMGT alla descrizione del periodo di supporto.	Krisztina Rigó
			Correzioni di piccola entità nei riferimenti al Manuale.	
3.1.3	💼 13 Feb 201	Adél Juhász	Aggiunta una descrizione della genotipizzazione di Twin che include la logica di esecuzione della SG.	Krisztina Rigó
			Raccomandazione dell'impostazione della cartella temporanea modificata per la configurazione del server.	Mónika Hulita
4.0.0	💼 06 Aug 201	Adél	Guida introduttiva aggiornata con:	Marton
		Juhász	 Nuova struttura della tabella dei risultati Informazioni al livello del locus Nuovo posizionamento della funzione di cronologia delle assegnazioni Funzionalità Riduci/Espandi tabella Log degli eventi Gestore Typer Pannello informazioni inferiore sulla Dashboard 	Pogany
			Rimossa la sezione Server Omixon HLA	
			Sezione Guida all'installazione modificata aggiungendo:	
			 Configurazioni disponibili Installazione Desktop Installazione Server standalone Guida al primo utilizzo: Creazione del primo utente Connessione al server 	



Versio ne	Data di approvazione	Autore	Sommario delle modifiche	Approvat a da
4.0.0	💼 09 Aug 203	I A dél Juhász	 Pagina Requisiti di sistema spostata da Introduzione a Guida all'installazione e aggiornata con i valori correnti. Pagine aggiunte alla Guida all'installazione: Introduzione Installazione del client Migrazione dei dati 	Marton Pogany
4.0.1	💼 15 Oct 201	Adél Juhász	 Guida all'installazione aggiornata: H2 rimosso, ora si fa riferimento a MySQL Configurazione MySQL aggiunta I collegamenti diretti al Manuale di installazione del software sono stati sostituiti con riferimenti testuali. Guida all'installazione spostata in alto nella gerarchia delle pagine per precedere la Guida introduttiva. 	Nándor Varga
4.1.0	💼 09 Jan 202	2Nándor Varga	Guida introduttiva aggiornata: aggiunta l'icona dell'antigene equivalente sierologico nell'elenco delle informazioni. Misurazioni delle prestazioni aggiornate per Holotype HLA v1 e v2 e aggiunte per Holotype HLA v3.	Adél Juhász
4.2.0	💼 17 Mar 202	2Nándor Varga	Misurazioni delle prestazioni aggiornate per Holotype HLA v1, v2 e v3	Mónika Hulita
4.2.2	💼 01 Jul 202	Mónika Hulita	Misurazioni delle prestazioni aggiornate per Holotype HLA v2 e v3, quelle per Holotype HLA v1 sono state rimosse.	Nándor Varga



Versio ne	Data di approvazione	Autore	Sommario delle modifiche	Approvat a da							
4.3.0	💼 25 Aug 202	2Krisztina Rigó	Misurazioni delle prestazioni aggiornate per Holotype HLA v2 e v3 e quelle per OmniType v1 sono state aggiunte.	Mónika Hulita							
		Mónika	Correzioni di piccola entità nel testo e nella formattazione.	Gábor							
		Hulita	Guida introduttiva aggiornata con:	Schieder							
		Gábor Schieder	Gábor Schieder	Gábor Schieder	Gábor Schieder	Gábor Schieder	Gábor Schieder	Gábor Schieder	Gábor Schieder	Gábor Schieder	 Settings Dashboard (Dashboard impostazioni) - Informazioni generali - Informazioni sul produttore
			Informazioni rimosse dalla Guida introduttiva:								
			 Settings Dashboard (Dashboard impostazioni) - Sezione impostazioni dell'esportazione 								
			Informazioni rimosse/modificate nella Guida introduttiva:								
			 Settings Dashboard (Dashboard impostazioni) - Sezione database (la funzione per rimuovere il database non è più disponibile per gli utenti) Settings Dashboard (Dashboard impostazioni) - Sezione amministrazione (modificata la funzione di rimozione da disattivare) Settings Dashboard (Dashboard impostazioni) - Impostazioni schermate (la configurazione della schermata dei risultati non è più disponibile per gli utenti) 								
			Guida per l'utilizzatore aggiornata con:								
			 Installazione Desktop - Le sezioni relative alla migrazioni sono state rimosse, le schermate aggiornate. L'interruzione di pagina e i collegamenti sono corretti. Installazione Server standalone - Le sezioni relative alla migrazioni sono state rimosse, le schermate aggiornate. L'interruzione di pagina e i collegamenti sono corretti. Installazione del Client - Le sezioni relative alla migrazioni sono state rimosse, le schermate aggiornate. L'interruzione di pagina e i collegamenti sono corretti. Installazione del Client - Le sezioni relative alla migrazioni sono state rimosse, le schermate aggiornate. L'interruzione di pagina e i collegamenti sono corretti. Installazione di MySQL - Windows e OS X sono stati aggiornati: utilizzare il programma più recente, le schermate costituiscono esclusivamente degli esempi. La pagina sulla migrazione del database è stata rimossa. 								
			Guida all'installazione del software aggiornata con:								
			 Installazione Desktop - Le sezioni relative alla migrazioni sono state rimosse, le schermate aggiornate. L'interruzione di pagina e i collegamenti sono corretti. Server (standalone) - Le sezioni relative alla migrazioni sono state rimosse, le schermate aggiornate. L'interruzione di pagina e i collegamenti sono corretti. Server (distribuito) - Le sezioni relative alla migrazioni sono state rimosse, le schermate aggiornate. L'interruzione di pagina e i collegamenti sono corretti. Client - Le sezioni relative alla migrazioni sono state rimosse, le schermate aggiornate. L'interruzione di pagina e i collegamenti sono corretti. Client - Le sezioni relative alla migrazioni sono state rimosse, le schermate aggiornate. L'interruzione di pagina e i collegamenti sono corretti. La pagina sulla migrazione del database è stata rimossa. La pagina relativa all'aggiunta di nuovi Typer a HLA Twin Server spostata al capitolo sui Typer 								



Versio ne	Data di approvazione	Autore	Sommario delle modifiche	Approvat a da
			 La pagina relativa all'aggiornamento dalla versione 4.x è stata estesa per includere le resitrizioni Omnitype EAP. Installazione di MySQL - Windows e OS X sono stati aggiornati: utilizzare il programma più recente, le schermate costituiscono esclusivamente degli esempi. 	
4.4.0	💼 10 Dec 202	2Ákos	Guida per l'utilizzatore aggiornata con:	Mónika
		• Introduzione - La sezione relativa ai "Simboli generici utilizzati" è stata		
		Mónika Hulita Hulita Misurazioni delle prestazio	 aggiornata Misurazioni delle prestazioni aggiornate per Holotype HLA v2, v3 e Omnitype v1 	Gábor Schieder
		Gábor Schieder	 File search (Ricerca del file) - consente di individurare i file di analisi e dei campioni in tutto il database di HLA Twin Requisiti hardware - Modifiche di RAM 	
		Krisztina	Guida all'installazione del software aggiornata con:	
		Rigó	Requisiti hardware - Modifiche di RAM	
			Manuale aggiornato con:	
			 Sezione della tabella di esportazione - Il testo relativo al formato del file XLS è stato rimosso La panoramica con l'opzione del gruppo P/G è stata introdotta 	



3 Introduzione

3.1 Informazioni sul produttore

Questo dispositivo è prodotto da Omixon Biocomputing Ltd. Indirizzo:

H-1117 Budapest Fehérvári út 50-52. Ungheria, UE Sito web: http://www.omixon.com

Supporto tecnico: support@omixon.com¹ Servizio commerciale: sales@omixon.com²

3.2 Simboli generici utilizzati

I seguenti simboli sono utilizzati nel prodotto Omixon Twin (per i simboli specifici Twin, leggere il capitolo dedicato).



"Conformité Européenne" Conformità europea

- Dispositivo medico-diagnostico in vitro

www.omixon.com³ - Consultare le istruzioni d'uso

3.3 Informazioni generali

Omixon HLA Twin fornisce due algoritmi indipendenti per la genotipizzazione di dati di sequenziamento di nuova generazione: la genotipizzazione statistica (SG) e la genotipizzazione con sequenza consenso (CG). Gli algoritmi sono stati sviluppati assieme al test di sequenziamento Omixon Holotype HLA. I due algoritmi possono essere eseguiti contemporaneamente e i risultati possono essere esaminati in un'unica tabella. Insieme a questa panoramica generale, per ciascun campione sono fornite statistiche dettagliate e misure di controllo della qualità.

La licenza di Omixon HLA Twin è su base temporale e consente genotipizzazioni illimitate per un determinato periodo di tempo. Per un preventivo, contattateci all'indirizzo⁴ sales@omixon.com. Nella versione di valutazione è inclusa una licenza con validità di 90 giorni. Ogni versione del software è pienamente supportata fino a 13 mesi dal suo rilascio. Quando una versione del software non è più supportata, non vengono più implementate correzioni dei bug e la versione non è più convalidata per i nuovi database di IMGT. Si raccomanda vivamente di aggiornare alla versione più recente del software prima della fine del supporto.

3.4 Tecnologie di sequenziamento

Omixon HLA Twin supporta il sequenziamento dei dati Illumina.

3.5 Principio del metodo

¹ mailto:support@omixon.com

² mailto:sales@omixon.com

³ https://www.omixon.com/

⁴ mailto:sales@omixon.com



3.5.1 Algoritmo di genotipizzazione con sequenza consenso (CG)

L'algoritmo di genotipizzazione con sequenza consenso è un metodo basato sull'assemblaggio de novo. Il metodo di assemblaggio riceve dati pre-filtrati per i geni del database IMGT. Il risultato dell'assemblaggio è uno o più contig, dove ogni contig è composto da una o più regioni ricostruite. Le sequenze di consenso generate sono confrontate con le sequenze degli alleli del database IMGT/HLA, quindi vengono riportate le coppie di alleli che minimizzano il numero di abbinamenti errati degli esoni chiave, di altri esoni e di non-esoni. L'algoritmo di genotipizzazione con sequenza consenso produce risultati alla massima risoluzione (4° campo).

3.5.2 Algoritmo di genotipizzazione statistica (SG)

L'algoritmo di genotipizzazione statistica è un metodo basato sull'allineamento. Read e coppie di read vengono allineate a tutte le sequenze di esoni definite nel database IMGT, quindi sono assegnate ad alleli con il punteggio di allineamento più elevato. Gli alleli sono pre-filtrati e accoppiati. Le coppie di alleli sono confrontate e ordinate in base al numero combinato di read di supporto per la coppia. Tutte le coppie di alleli considerate come risultati ugualmente soddisfacenti in base al confronto sono riportate. L'algoritmo di genotipizzazione statistica produce risultati a risoluzione basata su esoni (3° campo).

3.5.3 Genotipizzazione Twin

La genotipizzazione Twin consiste in una combinazione degli algoritmi CG e SG descritti sopra. Durante la genotipizzazione Twin, l'algoritmo CG viene eseguito per tutti i loci desiderati. Quindi, l'algoritmo SG viene eseguito per i loci con risultati CG che soddisfano un set di condizioni predefinite. In aggiunta alle condizioni di esecuzione definite dall'utente, l'algoritmo SG è programmato per essere sempre eseguito per i loci con alleli nuovi e mai per il locus HLA-DRB3.

3.6 Destinazione d'uso

Omixon HLA Twin è destinato all'interpretazione dei dati di sequenziamento di nuova generazione (NGS) generati con sequenziatori Illumina dal test di sequenziamento Omixon Holotype HLA. Ciò consente una tipizzazione HLA molto precisa da un livello allelico in un solo passaggio a un livello di 2° campo. Il software fornisce informazioni sull'istocompatibilità umana dei geni HLA di classe I (HLA-A, B e C) e di classe II (HLA-DPA1, DPB1, DQA1, DQB1 e DRB1/3/4/5) impiegando due algoritmi indipendenti: la genotipizzazione statistica (SG) e la genotipizzazione con sequenza consenso (CG). I due algoritmi possono essere eseguiti contemporaneamente e la concordanza tra di essi è sempre visualizzata accanto al risultato dell'algoritmo primario di genotipizzazione quando sono stati eseguiti entrambi i metodi. Insieme a questa panoramica generale, per ciascun campione sono fornite statistiche dettagliate e misure di controllo della qualità. Il software Omixon HLA Twin è concepito per uso diagnostico in vitro da parte di operatori sanitari, come tecnici di laboratori o e medici, preparati nel campo della tipizzazione HLA in laboratori diagnostici e impiegati presso laboratori accreditati EFI o ASHI (o laboratori in grado di lavorare in accordo con le specifiche EFI o ASHI). I risultati generati dal software non devono essere utilizzati come unica base per prendere decisioni cliniche.

3.7 Avvertenze e precauzioni:

3.7.1 Limitazioni d'uso del prodotto

Gli algoritmi sono stati sviluppati e validati in maniera approfondita assieme al test di sequenziamento Omixon Holotype HLA. Per garantire prestazioni ottimali, utilizzate il software insieme al test per tipizzazione HLA mediante NGS Omixon Holotype HLA sul sistema Illumina MiSeq. L'utilizzo di altri test per il sequenziamento HLA o di piattaforme NGS diverse da quanto sopra specificato deve essere verificato e validato in maniera approfondita dall'utilizzatore.

Per un elenco di limitazioni di test e algoritmi, vedere il documento Limitazioni note del prodotto.



3.8 Metodi di validazione e caratteristiche prestazionali

Le statistiche prestazionali presentate di seguito sono state generate utilizzando Omixon HLA Twin versione 4.4.0 (modalità fast) e il database IMGT versione 3.42.0_9. Le misure prestazionali sono state calcolate utilizzando il metodo descritto da Ng et al. (1993)¹. I risultati della genotipizzazione sono stati confrontati con le informazioni disponibili di genotipizzazione di riferimento con risoluzione al 2° campo.

3.8.1 Holotype HLA v2

Sono stati analizzati complessivamente 175 campioni. I dati di sequenziamento sono stati generati utilizzando Holotype HLA versione 2.

Misura	HLA-A	HLA-B	HLA-C	HLA-	HLA-	HLA-	HLA-	HLA-	HLA-	HLA-	HLA-
				DPA1	DPB1	DQA1	DQB1	DRB1	DRB3	DRB4	DRB5
Sensibilità	99,71 %	98,57 %	97,71 %	98,56%	98,57%	96,26%	96,57%	100,00 %	97,90%	84,62%	98,27%
Specificità	99,99 %	99,98 %	99,93 %	99,88%	99,95%	99,79%	99,83%	100,00 %	99,58%	94,87%	99,42%
Precisione	99,71 %	98,57 %	97,71 %	98,56%	98,57%	96,26%	96,57%	100,00 %	97,90%	84,62%	98,27%
Valore predittivo negativo	99,99 %	99,98 %	99,93 %	99,88%	99,95%	99,79%	99,83%	100,00 %	99,58%	94,87%	99,42%
Classificazion e corretta del tipo	99,99 %	99,96 %	99,87 %	99,78%	99,91%	99,61%	99,67%	100,00 %	99,30%	92,31%	99,13%

3.8.2 Holotype HLA v3

Sono stati analizzati complessivamente 192 campioni. I dati di sequenziamento sono stati generati utilizzando Holotype HLA versione 3.0.1.

Misura	HLA-A	HLA-B	HLA-C	HLA-							
				DPA1	DPB1	DQA1	DQB1	DRB1	DRB3	DRB4	DRB5
Sensibilità	98,96 %	97,92 %	98,96 %	96,88%	94,79%	96,09%	96,09%	97,66%	99,05%	96,10%	97,48%
Specificità	99,98 %	99,98 %	99,97 %	99,78%	99,88%	99,82%	99,80%	99,96%	99,76%	98,70%	99,50%
Precisione	98,96 %	97,92 %	98,96 %	96,88%	94,79%	96,09%	96,09%	97,66%	99,05%	96,10%	97,48%
Valore predittivo negativo	99,98 %	99,98 %	99,97 %	99,78%	99,88%	99,82%	99,80%	99,96%	99,76%	98,70%	99,50%
Classificazion e corretta del tipo	99,95 %	99,95 %	99,95 %	99,58%	99,76%	99,66%	99,63%	99,91%	99,62%	98,05%	99,16%

3.8.3 Omnitype v1

Sono stati analizzati complessivamente 144 campioni. I dati di sequenziamento sono stati generati utilizzando Omnitype versione 1.



Misura	HLA-A	HLA-B	HLA-C	HLA-							
				DPA1	DDR1	DQA1	DÓRI	DKRI	DKR3	DRB4	DRB5
Sensibilità	98,95 %	98,25 %	98,95 %	98,95%	99,30%	98,60%	99,30%	95,80%	97,90%	97,90%	99,65%
Specificità	99,97 %	99,97 %	99,97 %	99,87%	99,98%	99,91%	99,95%	99,93%	99,48%	99,30%	99,91%
Precisione	98,95 %	98,25 %	98,95 %	98,95%	99,30%	98,60%	99,30%	95,80%	97,90%	97,90%	99,65%
Valore predittivo negativo	99,97 %	99,97 %	99,97 %	99,87%	99,98%	99,91%	99,95%	99,93%	99,48%	99,30%	99,91%
Classificazion e corretta del tipo	99,95 %	99,94 %	99,93 %	99,77%	99,96%	99,84%	99,91%	99,86%	99,16%	98,95%	99,86%

3.9 Note di rilascio

Per l'elenco delle nuove funzionalità e delle correzioni di bug, consultare la sezione *Release Notes* all'indirizzo https://www.omixon.com/support-and-resources/hla-twin/

3.10 Bibliografía

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.



4 Guida all'installazione

4.1 Introduzione

4.1.1 Informazioni generali

Quello che segue è un estratto dalla *Guida all'installazione del software*. Se in questo documento non sono state trovate le informazioni che si cercavano, consultare la *Guida estesa all'installazione del software*. Per ulteriori informazioni e per assistenza, è possibile contattarci all'indirizzo email support@omixon.com.⁵

4.1.2 Aggiornamento da HLA Twin 3.1.3 o precedente

Tenere presente che il processo di aggiornamento è diverso dal solito. Per garantire un aggiornamento sicuro e prevenire la perdita di dati, assicurarsi di leggere il capitolo *Guida all'installazione* pertinente.

4.2 Configurazioni disponibili

4.2.1 Informazioni generali

Questo capitolo illustra le tre possibili configurazioni con cui HLA Twin può essere utilizzato. Ogni configurazione è adatta a laboratori dalla produttività diversa.

Le configurazioni richiedono l'installazione locale o remota di un server con database MySQL 8.

Questa Guida per l'utilizzatore contiene le istruzioni per l'installazione delle versioni Desktop, Server standalone e Client. Per informazioni dettagliate sull'installazione della versione Server distribuito, consultare la *Guida estesa all'installazione del software*.

4.2.2 Desktop

- Adatta a piccoli laboratori
- Può essere connesso un utente per volta
- È possibile analizzare un campione per volta

Questo software viene eseguito su un computer e gli utenti devono condividere lo stesso computer per poter utilizzare il software. HLA Twin è dotato di un sistema di gestione degli utenti integrato, quindi a prescindere dall'utente che ha effettuato l'accesso in Windows, ciascun utilizzatore può lavorare in HLA Twin utilizzando la propria identità (ciò è importante per le funzionalità legate all'audit, al flusso di lavoro e ai commenti). Se lo stesso software viene installato su un altro computer, le due installazioni non possono comunicare tra di loro, perciò le informazioni legate all'utente descritte sopra non saranno disponibili. Si consiglia di evitare tale eventualità.

⁵ mailto:support@omixon.com.



4.2.3 Server (standalone)

- Adatta a laboratori con produttività media
- Possono lavorare più utenti contemporaneamente
- È possibile analizzare un campione per volta

Il software HLA Twin Server (standalone):

- esegue analisi sui campioni
 - prepara le informazioni per HLA Twin Client
 - conserva tutti i dati degli utenti

Il software HLA Twin Client:

- controlla HLA Twin Server
- visualizza ciò che viene inviato da HLA Twin Server
- costituisce una semplice interfaccia

È possibile connettere più installazioni del software HLA Twin Client a HLA Twin Server contemporaneamente. La licenza è legata a HLA Twin Server, quindi il numero di installazioni di HLA Twin Client è illimitato.

4.2.4 Server (distribuito)

- Adatta a laboratori con produttività elevata
- Possono lavorare più utenti contemporaneamente
- Possono essere analizzati più campioni contemporaneamente (a seconda del numero di Typer)

HLA Twin Server (distribuito):

- **non** esegue analisi sui campioni
- controlla le istanze di HLA Twin Typer
- prepara le informazioni per HLA Twin Client
- conserva tutti i dati degli utenti

HLA Twin Typer:

- esegue analisi sui campioni
- invia i risultati delle analisi a HLA Twin Server

Il software HLA Twin Client:

- controlla HLA Twin Server
- visualizza ciò che viene inviato da HLA Twin Server
- costituisce una semplice interfaccia

È possibile connettere più HLA Twin Typer a un solo HLA Twin Server. È possibile eseguire sullo stesso server un'installazione di HLA Twin Server e un'istanza di HLA Twin Typer.



Server

HLA Twin Server

(distributed)

HLA Twin Client

Workstation

HLA Twin Client

Workstation

Server

HLA Twin Server

(standalone)

HLA Twin Client

Workstation



4.3 Requisiti di sistema

HLA Twin Desktop

- **CPU**: CPU a 64 bit con almeno 4 core fisici (8 thread o vCPU)
- SO: Qualsiasi sistema operativo a 64 bit
- RAM: Almeno 12 GB per il software, 16 GB consigliati
- Scheda video: Scheda video compatibile con OpenGL 2.0

HLA Twin Client

- CPU: CPU a 64 bit con almeno 2 core fisici (4 consigliati)
- SO: Qualsiasi sistema operativo a 64 bit
- RAM: Almeno 4 GB per il software, 6 GB consigliati
- Scheda video: Scheda video compatibile con OpenGL 2.0
- Scheda di rete: Connessione minima 100/1000 Mbps

HLA Twin Server (standalone)

- **CPU**: CPU a 64 bit con almeno 4 core fisici (8 thread o vCPU)
- SO: Qualsiasi sistema operativo a 64 bit (OS X non supportato)
- **RAM**: Almeno 18 GB per il software, 26,5 GB consigliati
- Scheda di rete: Connessione minima 100/1000 Mbps
- Scheda video: Scheda video compatibile con OpenGL 2.0 (opzionale*)

HLA Twin Server (distribuito)

- **CPU**: CPU a 64 bit con almeno 4 core fisici (8 thread o vCPU)
- **SO**: Qualsiasi sistema operativo a 64 bit (OS X non supportato)
- RAM: Almeno 6 GB per il software, 8 GB consigliati
- Scheda di rete: Connessione minima 100/1000 Mbps
- Scheda video: Scheda video compatibile con OpenGL 2.0 (opzionale*)

HLA Twin Typer (distribuito)

- **CPU**: CPU a 64 bit con almeno 4 core fisici (8 thread o vCPU)
- SO: Qualsiasi sistema operativo a 64 bit
- RAM: Almeno 16 GB per il software, 22 GB consigliati
- Scheda di rete: Connessione minima 100/1000 Mbps
- Scheda video: Scheda video compatibile con OpenGL 2.0 (opzionale*)

*L'interfaccia utente grafica Twin (Client e Desktop) richiede un hardware e un driver compatibili con OpenGL 2.0 per la visualizzazione. Pertanto se si desidera utilizzare l'interfaccia grafica sul computer server sono necessari un hardware e un driver compatibili con OpenGL 2.0.

Spazio di archiviazione

I requisiti di spazio di archiviazione dipendono dalle dimensioni dei campioni e devono essere calcolati considerando i requisiti normativi per l'archiviazione dei dati, un livello minimo di backup e ridondanza e il volume annuale previsto. Omixon può supportare nel calcolo dei requisiti di spazio di archiviazione; se vi serve aiuto, contattate support@omixon.com⁶.

4.4 Installazione di MySQL

Tutte le versioni di HLA Twin dipendono da un database **MySQL 8** esterno che <u>è necessario configurare prima dell'installazione di HLA Twin</u>. Grazie a questo miglioramento, HLA Twin sarà in grado di offrire un'esperienza utente più stabile e reattiva. Seguire le istruzioni in questo capitolo prima dell'installazione di HLA Twin.

⁶ mailto:support@omixon.com



4.4.1 Windows

Qualora si volesse utilizzare un server con **MySQL 8** già presente nel proprio ambiente, vedere la sezione Configurazione di un database MySQL preesistente(see page 30). Si consiglia di utilizzare un'istanza locale di MySQL per gli utenti di HLA Twin Desktop. Seguire la procedura seguente per scaricare e installare MySQL 8 per Windows.

- 1. Accedere al sito web https://dev.mysql.com/downloads/installer/
- 2. Scaricare la versione corrente del pacchetto "Windows (x86, 32-bit), MSI Installer". Ad esempio:

General Availability (GA) Releases			
MySQL Installer 8.0.17			
Select Operating System: Microsoft Windows	Ŧ	Looking for piversions?	revious GA
Windows (x86, 32-bit), MSI Installer	8.0.17	18.5M	Download
(mysql-installer-web-community-8.0.17.0.msi)	MD5: 5677	07887fc0d1fad7fc848a	878a0da2 Signature
Windows (x86, 32-bit), MSI Installer	8.0.17	393.4M	Download
(mysql-installer-community-8.0.17.0.msi)	MD5: 3aa8	d6470fb6b58f517d3efb	46e5472b Signature
• We suggest that you use the MD5 checksums an you download.	nd GnuPG signatures t	o verify the integrity	of the packages
you downoud.			

3. Una volta scaricato, eseguire il pacchetto di installazione



4. Accettare l'accordo di licenza e fare clic su "Next" ("Avanti")

MySQL Installer	-	
MySQL. Installer Adding Community	License Agreement To proceed you must accept the Oracle Software License Terms.	
License Agreement	GNU GENERAL PUBLIC LICENSE Version 2, June 1991	^
Choosing a Setup Type Installation Installation Complete	Copyright (C) 1989, 1991 Free Software Foundation, Inc., 51 Franklin Street, Fifth Floor, Boston, MA 02110-1301 USA Everyone is permitted to copy and distribute verbatim copies of this license document, but changing it is not allowed. Preamble ====== The licenses for most software are designed to take away your freedom to share and change it. By contrast, the GNU General Public License is intended to guarantee your freedom to share and change free softwareto make sure the software is free for all its users. This General Public License applies to most of the Free Software Foundation's software and to any other program whose authors commit to using it. (Some other Free Software Foundation software is covered by the GNU Library General Public License instead.) You can apply it to your programs, too. When we speak of free software, we are referring to freedom, not price. Our General Public Licenses are designed to make sure that you have the freedom to distribute copies of free software (and charge for this	v
	Next >	<u>C</u> ancel

5. Selezionare "Server only" ("Solo Server") e fare clic su "Next"

MySQL Installer		– 🗆 X
MySQL. Installer Adding Community	Choosing a Setup Type Please select the Setup Type that suits you	ır use case.
License Agreement Choosing a Setup Type Installation Installation Complete	 Developer Default Installs all products needed for MySQL development purposes. Server only Installs only the MySQL Server product. Client only Installs only the MySQL Client products, without a server. Full Installs all included MySQL products and features. Custom Manually select the products that should be installed on the system. 	Setup Type Description Installs only the MySQL Server. This type should be used where you want to deploy a MySQL Server, but will not be developing MySQL applications.
		< <u>B</u> ack <u>N</u> ext > <u>C</u> ancel



6. Fare clic su "Execute" ("Esegui") (tenere presente che il pacchetto di installazione potrebbe indicare che MySQL Server non è nello stato "Ready to Install" (Pronto per l'installazione). Fare clic sull'avviso per visualizzare come risolvere il problema)

MySQL Installer			_		×
MySQL. Installer Adding Community	Installation The following products will be installed	L			
License Agreement Choosing a Setup Type	Product MySQL Server 8.0.17	Status Ready to Install	Progress	Notes	
Installation					
Product Configuration					
Installation Complete					
	Click [Execute] to install the following p	ackages.			
		< <u>B</u> ack	E <u>x</u> ecute	<u>C</u> ance	el

7. Terminata l'installazione, un segno di spunta verde verrà visualizzato accanto all'icona di MySQL. Fare clic su "Next" ("Avanti") e, quando appare la finestra "Product Configuration" ("Configurazione del prodotto"), fare ancora clic su "Next" ("Avanti").

MySQL Installer			-		×
MySQL. Installer Adding Community	Installation				
License Agreement Choosing a Setup Type Installation Product Configuration Installation Complete	Product	Status Complete	Progress	Notes	
insulation complete					
	Show Details >	< <u>B</u> ack	<u>N</u> ext >	Cance	el



8. Selezionare l'opzione predefinita "Standalone MySQL Server / Classic MySQL Replication" ("Server MySQL standalone / Replica MySQL classica") e fare clic su "Next" ("Avanti")

MySQL Installer	– 🗆 X
MySQL. Installer MySQL Server 8.0.17	High Availability Standalone MySQL Server / Classic MySQL Replication Choose this option to run the MySQL instance as a standalone database server with the opportunity to configure classic replication later. With this option, you can provide your own
High Availability	nign-availability solution, if required.
Type and Networking	 Innobe cluster The Innobe Cluster technology provides an out-of-the-box high availability (HA) solution for MVSOL using Group Replication.
Authentication Method	
Accounts and Roles	
Windows Service	MysQL Snell
Logging Options	Client App \longleftrightarrow MySQL Router
Advanced Options	InnoDB Cluster
Apply Configuration	Note: InnoDB cluster requires a minimum of three MySQL server instances to provide a fully automated HA solution. Members of a cluster should be located such that network communication latency between servers is low.
	<u>N</u> ext > <u>C</u> ancel

9. Utilizzare i valori predefiniti nella schermata "Type and Networking" ("Tipo e rete") e fare clic su "Next" ("Avanti")

MySQL Installer	– 🗆 X
MySQL. Installer MySQL Server 8.0.17	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.
High Availability	Coming type
Type and Networking	Connectivity
Authentication Method	FIT TCP/IP Port: 3306 X Protocol Port: 3306
Accounts and Roles	Onen Windows Firewall ports for network access
Windows Service	Named Pipe Pipe Name: MYSQL
Apply Configuration	Shared Memory Memory Name: MYSQL
Apply configuration	Advanced Configuration
	Select the check box below to get additional configuration pages where you can set advanced and logging options for this server instance.
	< <u>B</u> ack <u>N</u> ext > <u>C</u> ancel



10. Selezionare "Use Legacy Authentication Method (Retain MySQL 5.x Compatibility)" ("Utilizza metodo di autenticazione legacy (mantieni la compatibilità con MySQL 5.x)") e fare clic su "Next" ("Avanti")

MySQL Installer	– 🗆 X
MySQL. Installer MySQL Server 8.0.17	Authentication Method O Use Strong Password Encryption for Authentication (RECOMMENDED) MySQL 8 supports a new authentication based on improved stronger SHA256-based password methods. It is recommended that all new MySQL Server installations use this method going forward.
Type and Networking	Attention: This new authentication plugin on the server side requires new versions of connectors and clients which add support for this new 8.0 default authentication (caching_sha2_password authentication).
Authentication Method Accounts and Roles Windows Service	Currently MySQL 8.0 Connectors and community drivers which use libmysqlclient 8.0 support this new method. If clients and applications cannot be updated to support this new authentication method, the MySQL 8.0 Server can be configured to use the legacy MySQL Authentication Method below.
Apply Configuration	Wes Legacy Authentication Method (Retain MySQL 5.x Compatibility) Using the old MySQL 5.x legacy authentication method should only be considered in the following cases: If applications cannot be updated to use MySQL 8 enabled Connectors and drivers. For cases where re-compilation of an existing application is not feasible. An updated, language specific connector or driver is not yet available. Security Guidance: When possible, we highly recommend taking needed steps towards upgrading your applications, libraries, and database servers to the new stronger authentication. This new method will significantly improve your security.
	< <u>B</u> ack <u>N</u> ext > <u>C</u> ancel

11. Specificare la password di root di MySQL (memorizzare o annotare questa password) e fare clic su "Add User" ("Aggiungi utente")

MySQL Installer				—		×
MySQL. Installer MySQL Server 8.0.17	Accounts and Ro Root Account Password Enter the password for the r place.	les oot account. Please	e remember to store t	his password ii	n a secure	
High Availability Type and Networking Authentication Method	MySQL Koot Password: Repeat Password:	Password strengt	••• h: Weak			
Accounts and Roles						
Windows Service Apply Configuration	MySQL User Accounts Create MySQL user accounconsists of a set of privileg MySQL User Name	nts for your users an les. Host	d applications. Assign	n a role to the r	Add Us Edit Us Delete	er
			< <u>B</u> ack	<u>N</u> ext >	Cance	el



12. Digitare "omixon" sia come username che come password e fare clic su "Ok", quindi su "Next" ("Avanti")

🔝 MySQL User A	ccount		×
Please specify	the user nai	me, password, and database role.	
	User Name	omixon	
Server	Host:	<all (%)="" hosts=""> V</all>	
	Role:	DB Admin 🗸	
	Authentication:	MySQL	
MySQL user c	redentials		
	Password:	•••••	
Conf	irm Password:	•••••	
		Password strength: Weak	
			_
		<u>O</u> K <u>C</u> ance	el 🛛

13. Utilizzare i valori predefiniti e fare clic su "Next" ("Avanti"), quindi su "Execute" ("Esegui").

MySQL Installer	– 🗆 X
MySQL. Installer MySQL Server 8.0.17	Windows Service ☑ Configure MySQL Server as a Windows Service
High Availability Type and Networking Authentication Method	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: MySQL80 Image: Start the MySQL Server at System Startup
Accounts and Roles	Due Mindaux Canica as
Windows Service	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.
	< <u>B</u> ack <u>N</u> ext > <u>C</u> ancel



14. Fare clic su "Finish" ("Termina") una volta terminata la configurazione, quindi su "Next" ("Avanti") e su "Finish".

MySQL Installer		—		×
MySQL. Installer MySQL Server 8.0.17	Apply Configuration The configuration operation has finished. Configuration Steps Log			
High Availability Type and Networking Authentication Method Accounts and Roles Windows Service	 Writing configuration file Updating Windows Firewall rules Adjusting Windows service Initializing database (may take a long time) Starting the server Applying security settings Creating user accounts 			
Apply Configuration		[Einisl	h

MySQL è stato configurato correttamente. Ora è possibile installare HLA Twin.



4.4.2 OSX

Qualora si volesse utilizzare un server con **MySQL 8** già presente nel proprio ambiente, vedere la sezione Configurazione di un database MySQL preesistente(see page 30). Si consiglia di utilizzare un'istanza locale di MySQL per gli utenti di HLA Twin Desktop. Per scaricare e installare MySQL 8 per OS X, seguire i passaggi seguenti.

- 1. Accedere al sito web https://dev.mysql.com/downloads/mysql/
- 2. Scaricare la versione attuale del pacchetto "macOS 10.14 (x86, 64-bit), DMG Archive" Ad esempio:

General Availability (GA) Releases			
MySQL Community Server 8.0.18			
Select Operating System: macOS	T	Looking for p versions?	revious GA
Packages for Mojave (10.14) are compatible with Hi	igh Sierra (10.13)		
macOS 10.14 (x86, 64-bit), DMG Archive	8.0.18		Download
(mysql-8.0.18-macos10.14-x86_64.dmg)	MD5: 6effl	05f8b4a06546b72c	1d3d70bd Signature
macOS 10.14 (x86, 64-bit), Compressed TAR Archive	8.0.18	158.3M	Download
(mysql-8.0.18-macos10.14-x86_64.tar.gz)	MD5: 5deda	a97d03db45374e77e35d	7f3a5f56 Signature
macOS 10.14 (x86, 64-bit), Compressed TAR Archive Test Suite	8.0.18	152.0M	Download
(mysql-test-8.0.18-macos10.14-x86_64.tar.gz)	MD5: 8e729	95fe930a11b34baaaa31	2aba3ee3 Signature
macOS 10.14 (x86, 64-bit), TAR	8.0.18	327.7M	Download
(mysql-8.0.18-macos10.14-x86_64.tar)	MD5: 6486	50a0c8466f357c65ca66	681331e4 Signature
• We suggest that you use the MD5 checksums and C packages you download.	GnuPG signature	s to verify the integr	ity of the



3. Una volta scaricato, aprire l'archivio DMG e aprire il file PKG contenuto in esso



4. Se viene visualizzato questo messaggio, selezionare "Continua" ("Continue")

0 0 0	Install MySQL 8	3.0.17-community	1		
	This package will run a program to determine if the software can be installed. To keep your computer secure, you should only run programs or install software from a trusted source. If you're not sure about this software's source, click Cancel to stop the program and the installation.				
		Cancel	Continue		
My <mark>S</mark>			Go Back	Continue	



5. Dopo l'introduzione e la licenza, selezionare "Install" ("Installa") nella finestra "Installation Type" ("Tipo di installazione")



6. Per proseguire, OS X potrebbe richiedere l'autenticazione

••••	Installer is trying to install new software. Touch ID or enter your password to allow this.
Introduc	Use Password Cancel
Licence	
 Destination Select 	
 Installation Type 	Preparing for installation
Installation	
 Configuration 	
 Summary 	
E Z	
MySQL	Go Back Continue



7. Selezionare "Use Legacy Password Encryption" ("Utilizza la cifratura delle password legacy") e fare clic su "Next" ("Avanti")



8. Specificare la password di root di MySQL (**memorizzare o annotare questa password**) e assicurarsi che la casella di controllo "Start MySQL Server once the installation is complete" ("Avvia MySQL Server al termine dell'installazione") sia selezionata, quindi fare clic su "Finish" ("Termina")

	🥪 Install MySQL 8.0.17-community	ſ
 Introduction Licence Destination Select Installation Type Installation Configuration Summary 	Configure MySQL Server 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.	
MySQL	Finish Go Back Continue	



9. Terminata l'installazione, aprire Preferenze di Sistema (menu Apple in alto a sinistra, opzione "Preferenze di Sistema"). Aprire MySQL nella riga in basso



10. Accertarsi che MySQL sia in esecuzione (indicata dal punto verde accanto al nome nell'elenco a sinistra) e che la casella di controllo "Start MySQL when your computer starts up" ("Avvia MySQL quando si accende il computer") a destra sia selezionata.

	$\langle \rangle$	М	ySQL		Q Search
		Instances	Configuration		
AC					
IN	STALLED INSTANCES			8.0.	17
DA	MySQL 8.0.17		/usr/loca	ıl/mysql-8.0.17-ı	nacos10.14-x86_64
				Stop MySQ	L Server
			✓ Start MyS	QL when yo	ur computer starts up
					nitialize Database
					Uninstall
					MySQL.



11. Se tutto è in ordine, chiudere questa finestra e aprire il Terminale di OS X (Finder - Applicazioni - Utility)

	Mana Applicatio	ons		
$\langle \rangle$		🐵 🗸 🗱 🗸 🗐 🗸	Q Search	
Favourites	Name ^	Date Modified	Size	Kind
tt Drophoy (O		2019. May 27. 9:02	1.3 MB	Application
	Contraction Tunnelblick	2019. September 20. 17:40	31.7 MB	Application
(@) AirDrop	▼ 🔯 Utilities	2018. November 30. 6:49		Folder
Recents	Activity Monitor	2019. August 9. 0:59		Application
	💿 AirPort Utility	2019. August 9. 0:59		Application
Applications	Mudio MIDI Setup	2019. August 9. 0:59		Application
🕓 Downloads	🕹 Bluetooth File Exchange	2019. August 9. 0:59		Application
Shared	📓 Boot Camp Assistant	2019. August 9. 0:59		Application
	🍂 ColorSync Utility	2019. May 27. 9:02		Application
😭 janostoth		2019. August 9. 0:59		Application
SXFUSE V	🕖 Digital Colour Meter	2019. May 27. 9:02		Application
	📓 Disk Utility	2019. August 9. 0:59		Application
Macintosh	횾 Grapher	2019. August 9. 0:59		Application
iCloud	🎢 Keychain Access	2019. August 9. 0:59		Application
Deskton	🏭 Migration Assistant	2019. May 27. 9:02		Application
Desktop	🔞 Screenshot	2019. May 27. 9:02		Application
Documents	📝 Script Editor	2019. May 27. 9:02		Application
iCloud D 🕐	🖄 System Information	2019. August 9. 0:59		Application
	🞦 Terminal	2019. August 9. 0:59		Application
Locations	🐻 VoiceOver Utility	2019. August 9. 0:59		Application
🖾 ВООТСАМР	刘 Visual Studio Code	2019. August 30. 15:50	227.6 MB	Application
mysal-8		2019. September 3. 19:02	136.4 MB	Application
	🋂 VMware Fusion	2018. November 21. 10:53	936.8 MB	Application
MySQL ≜	Noice Memos	2019. August 9. 0:59	3.1 MB	Application
Remote Disc	▶ 🛅 Webex	2019. October 1. 9:15		Folder
	💌 WebTorrent	2018. April 27. 4:21	142.3 MB	Application

- 12. Eseguire i comandi seguenti uno dopo l'altro
 - a. cd /usr/local/mysql/bin
 - b. ./mysql -u root -p
 - c. digitare la password di root di MySQL definita durante l'installazione
 - d. CREATE USER 'omixon'@'localhost' IDENTIFIED BY 'omixon';
 - e. GRANT ALL PRIVILEGES ON omixon_database . * TO 'omixon'@'localhost';
 - f. FLUSH PRIVILEGES;
 - g. quit





Se l'output corrisponde a quello della schermata riportata sopra, la configurazione è terminata correttamente. Ora è possibile installare HLA Twin.



4.4.3 Linux

Qualora si volesse utilizzare un server con **MySQL 8** già presente nel proprio ambiente, vedere la sezione Configurazione di un database MySQL preesistente(see page 30). Si consiglia di utilizzare un'istanza locale di MySQL per gli utenti di HLA Twin Desktop. Poiché esistono moltissimi repository di Linux con pacchetti diversi di MySQL, questo documento si limiterà a elencare alcune impostazioni

- a cui fare attenzione durante la configurazione:
 - HLA Twin è compatibile solo con la versione 8 di MySQL
 - MySQL deve utilizzare l'impostazione Legacy Password Encryption (Cifratura delle password legacy)
 - Potrebbe essere necessario modificare la politica delle password in MySQL per consentire a HLA Twin di connettersi

Terminata l'installazione del server MySQL 8, assicurarsi di creare un nuovo utente con nome "omixon" eseguendo i comandi seguenti nel terminale:

- 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;

Dopo la configurazione del server MySQL, è possibile procedere all'installazione di HLA Twin.

4.5 Configurazione di un database MySQL preesistente

HLA Twin Server può archiviare il suo database interno (contenente i dati degli utenti, i database di riferimento e le informazioni di audit) in un database **MySQL 8** preesistente. In questo modo, non sarà necessario configurare un server MySQL apposito per HLA Twin. Tenere presente che la reattività dell'interfaccia utente di HLA Twin dipende dalla velocità della rete tra MySQL e HLA Twin.

Il server MySQL preesistente deve utilizzare l'impostazione **"Legacy Password Encryption"** ("Cifratura delle password legacy") affinché HLA Twin possa comunicare con esso.

Affinché HLA Twin possa utilizzare il database preesistente, è necessario creare un nuovo utente in tale database. Per fare ciò, eseguire i comandi seguenti:

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

Ora HLA Twin potrà creare il proprio database in MySQL.



4.6 Installazione Desktop

4.6.1 Aggiornamento da HLA Twin 3.1.3 o precedente

- Non sarà possibile aggiornare la versione precedente di HLA Twin 3.1.3 Desktop come per le versioni precedenti. Inoltre, il pacchetto di installazione non permetterà di installare la nuova versione di HLA Twin nella stessa cartella di una versione precedente.
- Se si desidera migrare il database interno dell'installazione Twin precedente per mantenere i dati degli utenti e le informazioni di audit, è possibile contattarci all'indirizzo e-mail support@omixon.com⁷. Organizzeremo una sessione online in cui potremo migrare il database precedente in MySQL.
- Dopo che l'installazione (e la migrazione, se necessaria) è stata eseguita correttamente, è possibile disinstallare le versioni precedenti di HLA Twin Desktop dal proprio computer.

4.6.2 Installazione di HLA Twin Desktop

Prima di poter installare HLA Twin è necessario installare un server con database MySQL 8. Fare riferimento al capitolo *Installazione di MySQL* per maggiori informazioni.

- 1. Questo passaggio dipende dal sistema operativo in uso.
- Windows: Aprire il pacchetto di installazione (omixon_hla_twin_XXX_windowsx64_with_jre-desktop.exe).
- Linux: Aprire una finestra del terminale, assegnare i permessi al pacchetto di installazione (chmod +x omixon_hla_twin_xxx_unix_with_jre-desktop.s h) ed eseguirlo.
- OS X: Aprire il pacchetto di installazione (omixon_hla_twin_xxx_macos_with_jre-desktop.dm g) (se si utilizza OS X 10.14.6 Mojave o successivo, potrebbe essere visualizzato un messaggio di errore. In questo caso, è possibile contattarci all'indirizzo email support@omixon.com⁸).



⁷ mailto:support@omixon.com 8 mailto:support@omixon.com



2. Accettare l'accordo di licenza

🛃 Setup - Omixon HLA Twin Desktop 4. 🔤 —		I X
License Agreement Please read the following important information before continuing.		
Please read the following License Agreement. You must accept the terms of this agreement before continuing with the ir	nstallation	n.
SOFTWARE LICENSE AGREEMENT		^
PLEASE READ THIS SOFTWARE LICENSE AGREEMENT CAREFULLY BEFORE DOWNLOADING OR USING THE SOFTWARE	5.	
BY CLICKING ON THE "ACCEPT" BUTTON, OPENING THE PACKAGE, DOWNLOADING THE PRODUCT, OR USING THE EQUIPMENT THAT CONTAINS THIS PRODUCT, YOU ARE CONSENTING TO BE BOUND BY THIS AGREEMENT. IF YOU DO NOT AGREE TO ALL OF THE TERMS OF THIS AGREEMENT, CLICK THE "DO NOT ACCEPT" BUTTON AND THE INSTALLATION PROCESS WILL NOT CONTINUE, RETURN THE PRODUCT TO THE PLACE OF PURCHASE FOR A FULL REFUND, OR DO NOT DOWNLOAD THE PRODUCT.		
Single User License Grant: Omixon Biocomputing Ltd. ("Omixon") and its suppliers grant to Customer ("Customer") a nonexclusive and nontransferable license to use the Omixon software ("Software") in object code form solely on a single central processing unit owned or leased by Customer or otherwise embedded in equipment provided by Omixon.		
Multiple-Users License Grant: Omixon Biocomputing Ltd. ("Omixon") and its suppliers grant to		~
I accept the agreement		
○ I do not accept the agreement		
install4j < Back Next	>	Cancel



3. Selezionare una cartella di installazione.

Gli utilizzatori di Windows devono tenere presente che è possibile modificare la cartella di destinazione affinché tutti gli utenti di Windows possano accedere al software (lo stesso vale per le altre cartelle di installazione nel passaggio successivo).

👱 Setup - Omixon HLA Twin Desktop 4.	_		×
Select Destination Directory Where should Omixon HLA Twin Desktop be installed?			
Select the folder where you would like Omixon HLA Twin Desktop to be installed, then click Next.			
C: \Users\Omixon \OmixonHlaTwin	Br	rowse .	
Required disk space: 430 MB			
Free disk space: 31 GB			
< Back Nex	d >	Ca	ancel



4. Selezionare una cartella per i file del database di riferimento.

🛃 Setup - Omixon HLA Twin Desktop 4.	_		×
Data directory The directory where the application will store its permanent data files.			
This directory should be readable and writable by the user who will be running the application.			
C:\Users\Omixon\.omixon-hla_twin_RUOv4		Browse	
install4i			
< Back	Next >		Cancel



5. Selezionare una cartella per i file temporanei.

🛃 Setup - Omixon HLA Twin Desktop 4.	_		×
Temp directory The directory where the application will store its temporary data files.			
This directory should be readable and writable by the user who will be running the application.			
C: \Users \Omixon \AppData \Local \Temp		Browse	e
install/i			
< Back	Next	>	Cancel



6. Specificare l'indirizzo IP e il numero di porta del database MySQL (se MySQL è stato installato localmente, le impostazioni predefinite dovrebbero essere corrette). Fare riferimento al capitolo Installazione di MySQL per le guide all'installazione.(see page 15)

👱 Setup - Omixon HLA Twin Desktop 4.		_		×
Persistence provider MySQL settings				
Host: localhost				
Port: 3306				
Test Connection				
Success! Please proceed with the installation.				
instaii4j	< Back	Next >	C	ancel
	Codex	HEAT /		

Non è possibile procedere fino a quando il test della connessione non è stato completato con successo.



7. Configurare le impostazioni della memoria.

Setup - Omixon HLA Twin Desktop 4.					
Memory setup You can set how much memory the application will use Omixon Application memory [Mb]: [16384 Minimum required: 12288 Maximum available: 32660 Recommended: 16384	🛃 Setup - Omixon HLA Twin Desktop 4.		_		Х
Omixon Application memory [Mb]: [16384 Minimum required: 12288 Maximum available: 32660 Recommended: 16384	Memory setup You can set how much memory the application will use				
install4j <back next=""> Cance</back>	Omixon Application memory [Mb]: 16384 Minimum required: 12288 Maximum available: 32660 Recommended: 16384				
	install4j	< Back	Next >	Ca	ancel



8. Selezionare la cartella per il menu Start.

🛃 Setup - Omixon HLA Twin Desktop 4.	—		×
Select Start Menu Folder		-	
Where should Setup place the program's shortcuts?		-	
Select the Start Menu folder in which you would like Setup to create the program's shortcuts, then click Next.			
☑ Create a Start Menu folder			
Omixon HLA Twin Desktop			
7-Zip			~
Accessibility			
Accessories			
Administrative Tools			
AnyDesk			
Blackmagic Design			
DragonDisk			
Dropbox			
Git			
Java			
Java Development Kit			
JetBrains			
Jubula			•
✓ Create shortcuts for all users			
install4j			
< Back	Next >	С	ancel



9. Fare clic su "Finish" ("Termina").

👱 Setup - Omixon HLA Twi	n Desktop 4.	—		×
	Completing the Omixon HLA Twin Desktop Setup Wizar	d		
	Setup has finished installing Omixon HLA Twin Desktop on your computer. The a by selecting the installed icons.	pplication	may be lau	inched
	Click Finish to exit Setup.			
			F	inish



4.7 Installazione Server standalone

4.7.1 Aggiornamento da HLA Twin 3.1.3 o precedente

- Non sarà possibile aggiornare la versione precedente di HLA Twin 3.1.3 Server come per le versioni precedenti. Inoltre, il pacchetto di installazione non permetterà di installare la nuova versione di HLA Twin nella stessa cartella di una versione precedente.
- Se si desidera migrare il database interno dell'installazione Twin precedente per mantenere i dati degli utenti e le informazioni di audit, è possibile contattarci all'indirizzo e-mail support@omixon.com⁹. Organizzeremo una sessione online in cui potremo migrare il database precedente in MySQL.
- Dopo che l'installazione (e la migrazione, se necessaria) è stata eseguita correttamente, è possibile disinstallare le versioni precedenti di HLA Twin Server dal proprio computer.
- Tenere presente che le versioni di HLA Twin Client e HLA Twin Server devono essere uguali.
- Nella nuova versione di HLA Twin Server non è presente il servizio HLA Twin Typer Server NG; le analisi e i Client saranno gestiti da un unico servizio.

4.7.2 Note prima dell'installazione

Database: Prima di poter installare HLA Twin è necessario installare un server con database MySQL 8. Fare riferimento al capitolo *Installazione di MySQL* per maggiori informazioni.

Rete: HLA Twin Server comunica con HLA Twin Client tramite le porte 4380 e 4381 per impostazione predefinita, pertanto occorre configurare il proprio firewall per consentire la comunicazione tramite tali porte.

Servizio di Windows: HLA Twin Server viene eseguito automaticamente all'avvio di Windows come il servizio Omixon HLA Twin NG Server per impostazione predefinita.

⁹ mailto:support@omixon.com



4.7.3 Installazione di HLA Twin Server

- 1. Questo passaggio dipende dal sistema operativo in uso.
 - Windows: Aprire il pacchetto di installazione (omixon_hla_twin_XXX_windows-x64_with_jre-serverclient.exe).
 - Linux: Aprire una finestra del terminale, assegnare i permessi al pacchetto di installazione (chmod
 - +x omixon_hla_twin_xxx_unix_with_jre-**serverclient**.sh) ed eseguirlo.

🛃 Setup - Omixon HLA Twin Server 4		_		Х
	Welcome to the Omixon HLA Twin Server Setup Wizard			
	This will install Omixon HLA Twin Server on your computer. The wizard will lead you the installation.	step by	step thro	ugh
	Welcome to the Omixon HLA Twin Server Setup Wizard This will install Omixon HLA Twin Server on your computer. The wizard will lead you st the installation. Click Next to continue, or Cancel to exit Setup.			
		Vext >	Ca	ncel



2. Accettare l'accordo di licenza

2	Setup - Omixon HLA Twin Server 4 — —		×
	License Agreement Please read the following important information before continuing.		
	Please read the following License Agreement. You must accept the terms of this agreement before continuing with the ir	nstallation	
	SOFTWARE LICENSE AGREEMENT		^
	PLEASE READ THIS SOFTWARE LICENSE AGREEMENT CAREFULLY BEFORE DOWNLOADING OR USING THE SOFTWARE		
	BY CLICKING ON THE "ACCEPT" BUTTON, OPENING THE PACKAGE, DOWNLOADING THE PRODUCT, OR USING THE EQUIPMENT THAT CONTAINS THIS PRODUCT, YOU ARE CONSENTING TO BE BOUND BY THIS AGREEMENT. IF YOU DO NOT AGREE TO ALL OF THE TERMS OF THIS AGREEMENT, CLICK THE "DO NOT ACCEPT" BUTTON AND THE INSTALLATION PROCESS WILL NOT CONTINUE, RETURN THE PRODUCT TO THE PLACE OF PURCHASE FOR A FULL REFUND, OR DO NOT DOWNLOAD THE PRODUCT.		
	Single User License Grant: Omixon Biocomputing Ltd. ("Omixon") and its suppliers grant to Customer ("Customer") a nonexclusive and nontransferable license to use the Omixon software ("Software") in object code form solely on a single central processing unit owned or leased by Customer or otherwise embedded in equipment provided by Omixon.		
	Multiple-Users License Grant: Omixon Biocomputing Ltd. ("Omixon") and its suppliers grant to		*
	I accept the agreement		
	○ I do not accept the agreement		
ins	stall4j < Back Next	>	Cancel



3. Selezionare una cartella di installazione.

Gli utilizzatori di Windows devono tenere presente che è possibile modificare la cartella di destinazione affinché tutti gli utenti di Windows possano accedere al software (lo stesso vale per le altre cartelle di installazione nel passaggio successivo).

			_	~
👱 Setup - Omixon HLA Iwin Server 4		_		×
Select Destination Directory Where should Omixon HLA Twin Server be installed?				
Select the folder where you would like Omixon HLA Twin Server to be installed, then click Next.				
C:\Users\Omixon\OmixonHlaTwin		E	Browse .	
Required disk space: 510 MB				
Free disk space: 32 GB				
install4i				
< Ba	ack N	lext >	Ca	incel



4. Selezionare una cartella per i file del database di riferimento.

👱 Setup - Omixon HLA Twin Server 4		_		Х
Data directory The directory where the application will store its permanent data files.				
This directory should be readable and writable by the user who will be running the application.				
C:\Users\Omixon\.omixon-hla_twin_RUOv4			Browse	
install4i				
	< Back	Next >	C	ancel



5. Selezionare una cartella per i file temporanei.

🛃 Setup - Omixon HLA Twin Server 4	_		×
Temp directory The directory where the application will store its temporary data files.			
This directory should be readable and writable by the user who will be running the application.			
C:\Users\Omixon\AppData\Local\Temp		Browse	·
install4j			
< Back	Next >		Cancel



6. Configurare l'indirizzo IP (locale) e il numero della porta che HLA Twin Server utilizzerà per comunicare.

👻 Setup - Omixon H	ILA Twin Server 4		_		Х
Network connection You can set the Omi	on setup ixon Server connection parameters				
Clients and Omixon Ty Please configure Omix	yper Server must connect to Omixon Server. kon Server connection parameters.				
Omixon Server host:	0.0.0.0				
Omixon Server port:	4380				
install4j	< Bac	ck	Next >	С	ancel



7. Specificare l'indirizzo IP e il numero di porta del database MySQL (se MySQL è stato installato localmente, le impostazioni predefinite dovrebbero essere corrette). Fare riferimento al capitolo Installazione di MySQL per le guide all'installazione.(see page 15)

👱 Setup - Omixon HLA Twin Server 4		_		×
Persistence provider			-	
HysQL setungs			_	
Host: localhost				
Port: 3306				
Test Connection				
Success! Please proceed with the installation.				
install4j	< Back	Next >	С	ancel

Non è possibile **procedere** fino a quando il test della connessione non è stato completato con successo.

8.

Omixon HLA Twin CE 4.4.0 Guida per l'utilizzatore



9. Configurare le impostazioni della memoria.

🛃 Setup - Omixon HLA Twin Serve	r 4		—		×
Memory setup You can set how much memory the	application will use				
Omixon Typer Server memory [Mb]: Minimum required: 18432 Maximum available: 32660 Recommended: 26624	26624				
install4j		< Back	Next >	Ca	ancel



10. Selezionare la cartella per il menu Start.

🛃 Setup - Omixon HLA Twin Server 4	_		×
Select Start Menu Folder Where should Setup place the program's shortcuts?			
Select the Start Menu folder in which you would like Setup to create the program's shortcuts, then click Next.			
Create a Start Menu folder			
Omixon HLA Twin Server			
7-Zip Accessibility Accessories Administrative Tools AnyDesk Blackmagic Design DragonDisk Dropbox Git Java Java Development Kit JetBrains			< ~
✓ Create shortcuts for all users			
install4j < Back	Next >	С	ancel



11. Fare clic su "Finish" ("Termina").

🛃 Setup - Omixon HLA Twin S	Server 4	_		\times
	Completing the Omixon HLA Twin Server Setup Wizard			
	Setup has finished installing Omixon HLA Twin Server on your computer. The applied by selecting the installed icons. Click Finish to exit Setup.	ation ma	ay be laun	ched
			Fi	inish



4.8 Installazione del Client

4.8.1 Aggiornamento da HLA Twin 3.1.3 o precedente

- Non sarà possibile aggiornare la versione precedente di HLA Twin 3.1.3 Client come per le versioni precedenti. Inoltre, il pacchetto di
- installazione non permetterà di installare la nuova versione di HLA Twin nella stessa cartella di una versione precedente.
- Tenere presente che le versioni di HLA Twin Client e HLA Twin Server devono essere uguali.

4.8.2 Note prima dell'installazione

Rete: HLA Twin Server comunica con HLA Twin Client tramite le porte 4380 e 4381 per impostazione predefinita, pertanto occorre configurare il proprio firewall per consentire la comunicazione tramite tali porte.



4.8.3 Installazione di HLA Twin Client

- 1. Questo passaggio dipende dal sistema operativo in uso.
 - Windows: Aprire il pacchetto di installazione (omixon_hla_twin_XXX_windows-x64_with_jre-client.exe).
 - Linux: Aprire una finestra del terminale, assegnare i permessi al pacchetto di installazione (chmod
 - +x omixon_hla_twin_xxx_unix_with_jre-**client**.sh) ed eseguirlo.
 - OS X: Aprire il pacchetto di installazione (omixon_hla_twin_xxx_macos_with_jre-client.dmg) (se si utilizza OS X 10.14.6 Mojave o successivo, potrebbe essere visualizzato un messaggio di errore. In questo caso, è possibile contattarci all'indirizzo email support@omixon.com¹⁰).

👮 Setup - Omixon HLA Twin	Olient 4	_		×
	Welcome to the Omixon HLA Twin Client Setup Wizard			
	This will install Omixon HLA Twin Client on your computer. The wizard will lead you installation.	step by st	ep throu	gh the
	Click Next to continue, or Cancel to exit Setup.			
		Next >	Ca	incel

¹⁰ mailto:support@omixon.com



2. Accettare l'accordo di licenza.

2	Setup - Omixon HLA Twin Client 4	_		×
	License Agreement Please read the following important information before continuing.			
	Please read the following License Agreement. You must accept the terms of this agreement before continuing with the	e installa	ation.	
	SOFTWARE LICENSE AGREEMENT			^
	PLEASE READ THIS SOFTWARE LICENSE AGREEMENT CAREFULLY BEFORE DOWNLOADING OR USING THE SOFTWA	ARE.		
	BY CLICKING ON THE "ACCEPT" BUTTON, OPENING THE PACKAGE, DOWNLOADING THE PRODUCT, OR USING THE EQUIPMENT THAT CONTAINS THIS PRODUCT, YOU ARE CONSENTING TO BE BOUND BY THIS AGREEMENT. IF YOU DO NOT AGREE TO ALL OF THE TERMS OF THIS AGREEMENT, CLICK THE "DO NOT ACCEPT" BUTTON AND THE INSTALLATION PROCESS WILL NOT CONTINUE, RETURN THE PRODUCT TO THE PLACE OF PURCHASE FOR A FULL REFUND, OR DO NOT DOWNLOAD THE PRODUCT.			
	Single User License Grant: Omixon Biocomputing Ltd. ("Omixon") and its suppliers grant to Customer ("Customer") a nonexclusive and nontransferable license to use the Omixon software ("Software") in object code form solely on a single central processing unit owned or leased by Customer or otherwise embedded in equipment provided by Omixon.			
	Multiple-Users License Grant: Omixon Biocomputing Ltd. ("Omixon") and its suppliers grant to			~
	I accept the agreement			
	○ I do not accept the agreement			
ins	stall4j Kack Ne	ext >	Ca	ncel



3. Selezionare una cartella di installazione.

Gli utilizzatori di Windows devono tenere presente che è possibile modificare la cartella di destinazione affinché tutti gli utenti di Windows possano accedere al software (lo stesso vale per le altre cartelle di installazione nel passaggio successivo).

👱 Setup - Omixon HLA Twin Client 4	_		×
Select Destination Directory Where should Omixon HLA Twin Client be installed?			
Select the folder where you would like Omixon HLA Twin Client to be installed, then click Next.			
C: \Users \Omixon \Omixon HlaTwin		Browse .	
Required disk space: 281 MB Free disk space: 32 GB			
install4j 	lext >	С	ancel



4. Selezionare una cartella per i file temporanei.

🛃 Setup - Omixon HLA Twin Client 4	-	_		×
Temp directory The directory where the application will store its temporary data files.				
This directory should be readable and writable by the user who will be running the application.				
C:\Users\Omixon\AppData\Local\Temp		E	Browse	
install4j				
< Bad	c Ne	ct >	Car	ncel



5. Configurare le impostazioni della memoria.

🛃 Setup - Omixon HLA Twin Client 4		—		×
Memory setup			-	
You can set how much memory the application will use				
Application memory [Mb]: 5144				
Minimum required: 4096				
Maximum available: 32660				
Decommended: 6144				
Recommended, 0144				
install4i				
	< De els	March 5		
	< Back	Next >	C	ancei



6. Selezionare la cartella per il menu Start.

🛃 Setup - Omixon HLA Twin Client 4	_		×
Select Start Menu Folder Where should Setup place the program's shortcuts?			
Select the Start Menu folder in which you would like Setup to create the program's shortcuts, then click Next.			
Omixon HLA Twin Client			
7-Zip Accessibility Accessories Administrative Tools AnyDesk Blackmagic Design DragonDisk Dropbox Git Java Java Development Kit JetBrains			
Jubula Maintenance Microsoft Office 2013 install4j			~
< Back	Next >	Ca	ancel



7. Al termine dell'installazione, fare clic su "Finish" ("Termina").





4.9 Istruzioni per il primo utilizzo

4.9.1 Connessione al server

Dopo l'installazione e l'avvio del server, esso rimane in attesa di richieste di connessioni di client in entrata.

Connessione del client

Eseguire l'applicazione client. Nella schermata Server Manager, selezionare Add New Server (Aggiungi un nuovo server) per impostare una connessione client-server.

Server manager	
Add New Server Import configuration	
	✓ Connect 🗶 Exit

Assegnare un nome alla connessione e inserire le stesse impostazioni di host e porta che sono state inserite per il server durante o dopo l'installazione.

Server n	nanager		
	🔯 Add connection		
Add New	Connection name	Omixon HLA Server	
	Server host	server.mycompany.com]	
	Server port	4380	
	Connection timeout (ms)	60000	
		✓ Add 🗶 Cancel	
		√ Connect	X Exit

Selezionare la connessione al server e premere "Connect" ("Connetti").



Server manager			
Add New Server Import configuration	Omixon HLA Server Host server.myco Port 4380 Connect Edit		
		✓ Connect	X Exit

IMPORTANTE

Controllare le impostazioni del firewall sul computer server. Impostare il firewall in modo tale da permettere a Omixon HLA Server di accettare connessioni in entrata. Inoltre, assicurarsi che le connessioni in uscita di Omixon HLA Server siano consentite affinché i client connessi possano ricevere gli aggiornamenti di stato (ad es. per visualizzare le informazioni sull'avanzamento di un'attività).

Esportazione e importazione della configurazione di connessione

Anziché configurare la connessione manualmente, è possibile importare un file di configurazione facendo clic sul pulsante "*Import* configuration" ("Importa la configurazione") nella scheda "Add New Server" ("Aggiungi un nuovo server") della finestra di dialogo "Server Manager". Se si desidera utilizzare questa opzione, chiedere un file di connessione al proprio amministratore di sistema. Le impostazioni di connessione possono essere esportate in un file facendo clic su "Export" ("Esporta") per la connessione selezionata nella finestra di dialogo "Server Manager".

4.9.2 Creazione del primo utente

Quando si avvia l'applicazione desktop o ci si connette al server Omixon per la prima volta, verrà chiesto di creare il primo utente dell'applicazione. Il primo utente registrato diventa, per impostazione predefinita, un *"superutente"*, ossia ha accesso a tutte le funzionalità del software, compresa la creazione di ulteriori account utente. È opportuno che l'amministratore di sistema si registri per primo, per completare l'installazione.

Consultare il capitolo Dashboard Impostazioni/Gestione utenti nel Manuale Omixon per ulteriori informazioni sui ruoli e i permessi degli utenti.



5 Guida introduttiva

5.1 Accesso

Dopo l'inizializzazione del software HLA, l'utilizzatore deve accedere all'applicazione. Inserire il nome utente e la password nei campi e fare clic su login. Al primo accesso viene creato un superutilizzatore.

5.2 Genotyping Dashboard (Dashboard genotipizzazione)

Dopo l'accesso viene visualizzato il dashboard della genotipizzazione. Si tratta del dashboard principale del software. Qui sono disponibili tutte le funzioni per la genotipizzazione.

Il dashboard è composto dalle seguenti schermate secondarie:

- Pannello informazioni: contiene le funzioni principali e alcune informazioni di alto livello riguardo alla cartella e ai file selezionati attualmente. Inoltre, mostra informazioni sull'utilizzatore corrente e sul database IMGT attivo, oltre a fornire alcune funzioni di navigazione.
- File browser: questa porzione della schermata può essere utilizzata per la navigazione tra tutte le cartelle accessibili.
- Pannello inferiore:

Il pannello informazioni è situato nella parte superiore dello schermo. È composto da 3 diverse sezioni.

- La parte superiore mostra:
 - l'ID dell'utilizzatore corrente,
 - il pannello del widget di utilizzo della memoria,
 - il pannello di stato del gestore dei processi,
 - il pulsante dell'esercitazione iniziale,
 - il pulsante di disconnessione,
 - il pulsante di uscita.
- La parte centrale mostra:
 - i pulsanti di navigazione: Back, Forward, Up e Home (Indietro, Avanti, Su e Inizio) (Home riporta al dashboard della genotipizzazione.)
 - a destra dei pulsanti di navigazione sono visualizzate le informazioni disponibili sul database IMGT in uso
 - nella parte destra dello schermo è possibile trovare i segnalibri e pulsanti di aiuto specifici del contesto.
- La parte inferiore contiene una serie di pulsanti che permettono di scegliere tra le funzioni principali del dashboard:
 - opzioni di tipizzazione e analisi dei dati per l'invio della genotipizzazione
 - opzioni di tipizzazione e analisi dei dati per la visualizzazione dei risultati
 - funzioni del file browser per navigare tra i campioni e le cartelle
 - il gestore Typer per distribuire o annullare la distribuzione di nodi typer nelle configurazioni basate su server distribuito
 - Impostazioni dell'applicazione

La sezione principale della schermata contiene il file browser, che permette di navigare facendo clic sui nomi delle unità e delle cartelle come in un normale browser. È possibile utilizzare il browser per navigare fino alla cartella dove sono conservati i campioni di genotipizzazione. Ciascun file dei campioni è contrassegnato con un piccolo simbolo del DNA e possiede un nome univoco uguale al nome generato dal foglio campioni. Per le letture accoppiate, il software accoppia automaticamente i file a seconda del nome dei file e, al fine di ridurre la ridondanza e semplificare la navigazione, nel file browser è visualizzato solo il file FASTQ "R1". Posizionando il cursore del mouse sul file dei campioni è possibile osservare le dimensioni di ciascun file FASTQ.

Dopo l'analisi di un campione, nel file browser viene visualizzato un altro file, ossia il file dei risultati della genotipizzazione. L'estensione del file dei risultati è .htr. Per impostazione predefinita, tutti i file dei risultati sono salvati automaticamente nella stessa cartella dove sono contenuti i dati del campione. Ogni file di analisi è contrassegnato con un piccolo simbolo di tabella. Il nome del file di analisi è composto dal nome del campione e da data e ora di invio dell'analisi. Posizionando il cursore del mouse sul file di analisi o selezionandolo, è possibile osservare tutte le informazioni disponibili relative all'analisi nel pannello informazioni in basso. Quando si guarda un file .htr, sulla destra è disponibile un riepilogo della qualità di alto livello per i risultati della tipizzazione. I risultati sono annotati con un sistema "a semaforo". Come in un semaforo, sono utilizzati tre colori, ciascuno con un significato diverso. A differenza di un semaforo reale, sono possibili colori "misti".

Le funzioni della genotipizzazione sono disabilitate (i pulsanti appaiono in grigio) se sullo schermo non sono visualizzati campioni. I pulsanti della genotipizzazione diventano disponibili quando viene individuato un file FASTQ (o un altro formato supportato). Per inviare un'analisi, consultare la sezione Analisi.

È possibile trovare informazioni dettagliate su questa schermata e su tutte le funzioni disponibili nella sezione "Dashboard genotipizzazione" del Manuale Omixon.



5.3 Analisi

Quando viene localizzato almeno un campione, diverse opzioni per l'avvio della genotipizzazione diventano disponibili.

5.3.1 Genotipizzazione semplice - raccomandata per i campioni Holotype

La genotipizzazione con i parametri predefiniti può essere avviata facendo clic sul pulsante "Analyse" (Analizza) disponibile nella riga di ciascun campione. È possibile tipizzare campioni multipli con il protocollo Holotype selezionandoli, facendo clic e premendo il tasto Ctrl o Maiusc, e facendo clic sul pulsante di genotipizzazione semplice (Simple Genotyping) nel menu superiore. È possibile confermare l'esecuzione della tipizzazione controllando il gestore dei processi visualizzato nell'angolo in alto a destra. È possibile trovare informazioni dettagliate su questa e su altre funzioni correlate, come sulla genotipizzazione con parametri personalizzati e sulla rianalisi dei campioni, nella sezione *"Dashboard genotipizzazione"*.

5.3.2 Risultati

Quando lo stato nel *"Typer Scheduler"* (Pianificatore Typer) raggiunge il 100%, un nuovo file di risultati compare nel File browser. Se diversi campioni sono tipizzati contemporaneamente, ciascun risultato sarà disponibile non appena pronto e sarà possibile visualizzare i primi risultati mentre la tipizzazione dei restanti campioni è ancora in corso. I file dei risultati sono accompagnati da un risultato di riepilogo rapido a semaforo ed è possibile visualizzare ulteriori dettagli facendo clic sul pulsante "View" (Visualizza) alla fine di ciascuna riga. Per visualizzare più risultati, selezionarli con il tasto Ctrl o Maiusc e fare clic sul pulsante "View results" (Visualizza i risultati) nel menu superiore. Quando si lavora con i risultati delle analisi nel software Omixon HLA, si tenga presente che le sequenze dei primer non influenzano i risultati in quanto sono eliminate prima dell'analisi. È possibile trovare informazioni dettagliate sull'interpretazione dei risultati nelle sezioni *"Risultati della genotipizzazione"* e *"Risultati della genotipizzazione per il campione"*.

5.4 Risultati dell'analisi della genotipizzazione

Come descritto nella sezione Risultati, è possibile visualizzare i risultati selezionando uno o più campioni e facendo clic sul pulsante "View results" (Visualizza i risultati). In questo modo verrete portati alla successiva sezione di HLA Twin: Risultati dell'analisi della genotipizzazione. Questa schermata è composta da tre elementi principali:

- Il Pannello informazioni, la cui struttura è in gran parte uguale a quella del pannello informazioni nel dashboard della genotipizzazione (vedere sopra per ulteriori dettagli)
- Il Pannello funzioni, che contiene pulsanti funzione per i filtri, l'assegnazione, l'approvazione ecc.
- La tabella Risultati, che mostra una panoramica dei risultati delle analisi

Il Pannello funzioni contiene i seguenti pulsanti:

- Dettagli del campione e visualizzazione dell'allineamento
- Pulsanti di impostazione della schermata
- Pulsanti di allineamento
- Tabella di esportazione
- Ulteriori opzioni per commentare/approvare il campione, cancellare l'approvazione del campione e visualizzare il disequilibrio di associazione

Nella tabella dei risultati della sezione dei risultati dell'analisi della genotipizzazione è visualizzato un riepilogo ad alto livello dei risultati per ciascun locus di ogni campione.

La tabella contiene le seguenti colonne:

- Sample (campione)
 - Contiene il nome del file .htr generato in base al nome del campione e la data e l'ora di invio dell'analisi.
 - Se un campione è stato analizzato più volte, l'ordine di visualizzazione dei campioni rispecchia l'ordine dell'analisi. È
 possibile servirsi di data e ora per rintracciare le analisi effettuate in diversi momenti.
 - Nell'angolo in alto a destra sono presenti l'icona della cronologia delle assegnazioni, a forma di orologio, e l'icona dello stato di approvazione
- Colonne separate per i loci analizzati:
 - Gli alleli dei risultati sono visualizzati su due righe, che indicano i due cromosomi



• In queste colonne sono visualizzate diverse informazioni a livello dei loci e degli alleli

Nella riga più in alto per ciascun locus sono visualizzate le informazioni specifiche per tale locus. Queste informazioni includono:
Semaforo di controllo della qualità:

- Le icone si basano sulle misure di controllo della qualità al livello del locus e possono mostrare i seguenti colori:
- (verde) SUPERATO: il locus ha superato tutti i test di QC;
- 👤 (giallo/verde) INFORMAZIONI: uno o più test di QC hanno prodotto risultati inferiori alla media;

e (giallo) - ISPEZIONARE: uno o più test di QC hanno prodotto risultati sospetti, pertanto è richiesta una ispezione manuale dei risultati;

(rosso/giallo) - INVESTIGARE: uno o più test di QC hanno evidenziato una qualità bassa, pertanto sono necessarie un'ispezione manuale e, forse, una rianalisi;

• (rosso) - NON SUPERATO: uno o più test di QC hanno evidenziato una qualità molto bassa, pertanto è necessaria un'ispezione manuale per determinare la causa e, probabilmente, un nuovo sequenziamento o tipizzazione del locus o del campione con metodi alternativi.

- Indicazione della zigosità: I loci eterozigoti sono contrassegnati con X, mentre i loci omozigoti sono contrassegnati con . I loci emizigoti sono contrassegnati con . I loci emizigoti sono contrassegnati con . Nel caso in cui un locus fosse emizigote, solo un allele viene visualizzato mentre l'altra cella rimane vuota. Se la zigosità di un locus non può essere determinata in base ai dati disponibili, esso viene contrassegnato con .
- Nuove indicazioni: i loci con alleli contenenti scoperte a livello esonico (oppure esonico e intronico) sono contrassegnati con 🗣, mentre i loci con alleli contenenti solo scoperte a livello intronico sono contrassegnati con 🗣.

Anche i risultati degli alleli possono essere contrassegnati in vari modi, che includono:

- Migliore risultato e stato di assegnazione: A sinistra dei risultati dell'allele è visualizzato un piccolo simbolo di spunta che indica se quello visualizzato è il "Best matching allele" (allele con il migliore risultato). L'icona è blu per gli alleli con il migliore risultato e grigia per il resto degli alleli candidati. È possibile assegnare il risultato dell'allele facendo clic sul simbolo di spunta: il simbolo diventerà verde, a indicare l'assegnazione del risultato.
- Semaforo di concordanza:

Il sistema del semaforo di concordanza può mostrare i seguenti risultati:

- (verde): i risultati della SG e della CG concordano pienamente (al 3° campo);
- (giallo): i risultati della SG e della CG concordano fino a 4 cifre (al 2° campo);
- 📙 (rosso/giallo): i risultati della SG e della CG concordano fino a 2 cifre (al 1° campo);
- (rosso): i risultati della SG e della CG sono discordanti.

Da notare che il semaforo di concordanza è visualizzato solo per gli alleli con il migliore risultato e solo se il risultato è stato prodotto con l'algoritmo di genotipizzazione Twin e se l'algoritmo di genotipizzazione statistica è stato eseguito per quello specifico locus.

- Omozigosità: Gli alleli visualizzati in blu sono omozigoti.
- Antigeni equivalenti sierologici Se le informazioni relative agli antigeni equivalenti sierologici associati sono disponibili per il locus, il suggerimento dell'*icona dell'antigene* 🕅 includerà queste informazioni.
- Gli alleli rari sono contrassegnati con un'icona a punto esclamativo 🙂 .
- Gli alleli contenenti scoperte a livello esonico (oppure esonico e intronico) sono contrassegnati con +, mentre gli alleli contenenti solo scoperte a livello intronico sono contrassegnati con +.
- Gli alleli sbilanciati sono visualizzati in corsivo.
- Estensioni degli alleli: Gli alleli con sequenza estesa dell'allele sono contrassegnati con un'icona più 🔫 .
- Bassa amplificazione: Se un allele minore con amplificazione bassa nota è presente nell'elenco degli alleli minori sbilanciati, tale allele è contrassegnato con
 In questo caso si raccomanda vivamente la validazione del risultato omozigote utilizzando un metodo di genotipizzazione alternativo (ad es. SSO).

Posizionando il mouse sulle varie parti della tabella, viene visualizzato un suggerimento contenente le ulteriori informazioni disponibili sulle sezioni.



i Nota

Se in un locus vengono trovati oltre 50 risultati migliori, l'LD non sarà calcolato. Premendo il pulsante "Show LD details" (Mostra dettagli LD) non saranno visualizzate informazioni.

Dal dashboard dei risultati dell'analisi della genotipizzazione è possibile visualizzare i risultati della genotipizzazione per il campione oppure passare direttamente al Genome Browser (esploratore del genoma).

Nella schermata dei risultati della genotipizzazione per il campione è possibile visualizzare nel dettaglio le metriche di prestazione del campione analizzato. Per visualizzare questa schermata, selezionare un campione e fare clic sul pulsante "Sample Details" (Dettagli del campion) nella riga inferiore della sezione superiore.

Nel Genome Browser (browser del genoma) è possibile visualizzare nel dettaglio i risultati per ciascuno dei loci tipizzati. Per aprire il browser, selezionare un campione e fare clic sul pulsante "Browse Alignment" (Esplora l'allineamento) nella riga inferiore della sezione superiore. Per ulteriori informazioni, vedere la sezione Risultati dell'analisi della genotipizzazione del Manuale Omixon (Omixon Handbook/Genotyping Analysis result).

5.4.1 Cosa fare in caso di risultati mancanti

Quando non viene riportato nessun allele per un gene di interesse, viene visualizzata un'indicazione che descrive il possibile motivo alla base della mancata identificazione dell'allele. Per ulteriori informazioni, posizionare il cursore del mouse sull'icona delle informazioni accanto all'indicazione e leggere il suggerimento. Sono stati segnalati i seguenti casi:

Per i loci diversi da DRB3/4/5:

- "No data present" (Nessun dato presente) Ciò significa che il locus non è stato utilizzato come bersaglio nel campione oppure che si è verificato un dropout durante il sequenziamento e che pertanto dovrebbe essere risequenziato.
- "Insufficient or low quality data" (Dati insufficienti o di scarsa qualità) I dati del campione sono insufficienti oppure la loro qualità è scarsa. Per ulteriori dettagli, controllare i risultati del controllo qualità.

Per i loci DRB3/4/5:

- "Allele not expected" (Allele non previsto) Non è previsto alcun allele per questo locus in base al disequilibrio di associazione noto con HLA-DRB1 e HLA-DQB1.
- "Expected allele not found" (Allele previsto non trovato) Ciò significa che in base alle informazioni sul disequilibrio di associazione noto, i dati previsti per il locus/l'allele non sono stati trovati.
- "Unexpected allele found" (Trovato allele non previsto) Sono stati trovati dati per un locus/allele nonostante non fossero previsti in base alle informazioni sul disequilibrio di associazione noto.
- "Insufficient or low quality data" (Dati insufficienti o di scarsa qualità) I dati del campione sono insufficienti oppure la loro qualità è scarsa. Per ulteriori dettagli, controllare i risultati del controllo qualità.

Quando non sono riportati alleli per un gene di interesse, si suggerisce di rianalizzare il campione con un maggior numero di read. (Il numero di read elaborate può essere definito nella procedura guidata *"Advanced Genotyping" ("Genotipizzazione avanzata")*). I risultati a livello dell'allele potrebbero essere mancanti perché la copertura non raggiunge la soglia minima sull'allele o sugli esoni, oppure perché la profondità di lettura è troppo piccola. L'utilizzo di un maggior numero di read può aiutare a rendere più intensi i segnali che supportano gli alleli corretti.

5.5 Risultati della genotipizzazione per il campione

Nella schermata Risultati della genotipizzazione è possibile controllare nel dettaglio i risultati della genotipizzazione, le metriche di qualità e le statistiche dei dati per ciascun locus del campione selezionato.

Questa schermata può essere suddivisa in quattro sezioni principali:

- Il Pannello informazioni, la cui struttura è in gran parte uguale a quella del pannello informazioni nel dashboard della genotipizzazione (vedere sopra per ulteriori dettagli)
- Il Pannello funzioni, che contiene pulsanti funzione per i filtri, l'assegnazione, l'approvazione ecc.
- La tabella Risultati, i cui contenuti sono uguali a quelli della tabella nella schermata dei risultati dell'analisi della genotipizzazione, con la differenza che in questa schermata la tabella viene visualizzata in modalità ridotta per lasciare più spazio al Pannello dettagli.
- Il Pannello dettagli, dove sono visualizzati i risultati della genotipizzazione, le metriche di qualità e le statistiche dei dati

Il Pannello funzioni contiene i seguenti pulsanti:

- Apertura del browser
- Dettaglio delle informazioni sulla genotipizzazione



- Personalizzazione dei risultati visualizzati
- Assegnazione degli alleli
- Commenti

La tabella dei risultati ridotta mostra la prima coppia di alleli con il migliore risultato per ciascun locus. Se sono presenti più alleli con migliore risultato, il livello di ambiguità viene indicato dal colore rosso nel campo contenente il nome dell'allele, mentre i campi dei risultati rimangono neri.

- Nel Pannello dettagli è possibile scegliere una di tre diverse schede:
 - Genotype (Genotipo)
 - Nella sezione Genotype (Genotipo) è possibile verificare il genotipo selezionato dal software.
 - Inoltre, è possibile aggiungere/rimuovere alleli manualmente
 - Quality control (Controllo della qualità)
 - Per tutti i locus sono calcolate diverse misure di controllo della qualità. Ogni misura di ciascun locus è contrassegnata con un sistema a semaforo.
 - La tabella del controllo della qualità ha una colonna per tutte le metriche e colonne separate per ciascuno dei loci visualizzati.
 - La riga "Overall" (Globale) indica il risultato globale per ciascuno dei singoli loci, visualizzato secondo il sistema a semaforo.
 - Nella tabella, ciascuna metrica ha la propria riga. Accanto al nome della metrica è visualizzato un piccolo simbolo "i".
 Posizionando il mouse sul simbolo "i", viene visualizzata una finestra popup contenente una descrizione più dettagliata sulla metrica selezionata.
 - Per ogni metrica è visibile un semaforo, il valore della metrica e un piccolo simbolo "i" con informazioni sulle soglie specifiche della metrica. Posizionando il mouse sul simbolo "i", viene visualizzata una finestra popup contenente informazioni più dettagliate sulle soglie della metrica selezionata.
 - Data Statistics (Statistiche dei dati)
 - Sezione Overview (Panoramica) Qui sono disponibili le conte e le proporzioni delle read per diversi passaggi dell'analisi.
 - Sezione Allele imbalance (Sbilanciamento alleli) La figura mostra lo sbilanciamento degli alleli per regione per tutti i geni.
 - Sezione Fragment size (Dimensione frammenti) L'istogramma mostra la distribuzione delle dimensioni dei frammenti per le read accoppiate.
 - Sezione Read quality (Qualità read) Il grafico mostra la qualità delle basi per 5 basi per le read elaborate. Le posizioni delle read sono sull'asse x, mentre i valori di qualità sono sull'asse y.

È possibile selezionare loci diversi dal lato sinistro della sezione inferiore.

È possibile entrare nel Genome Browser dei loci selezionati facendo clic sui pulsanti "Browse Alignment", "Browse Allele 1" e "Browse Allele 2" (Esplora l'allineamento/l'allele 1/l'allele 2, rispettivamente).

Per ulteriori informazioni, vedere la sezione Risultati della genotipizzazione per il campione nel Manuale Omixon (Omixon Handbook/ Genotyping Sample result).

5.6 Gene Browser (esploratore dei geni)

Il Gene Browser (Esploratore dei geni) consente un controllo visivo dei dati del genoma. È possibile visualizzare contemporaneamente più alleli candidati.

Con le impostazioni predefinite, nel browser sono disponibili i seguenti tracciati:

- Position track (Posizione) Mostra le coordinate per tutti i tracciati visibili. La numerazione parte da uno.
- Phasing track group (Gruppo dei tracciati relativi alla determinazione degli aplotipi):

Phasing track (Determinazione degli aplotipi) – Questo tracciato contiene annotazioni per le regioni continue la cui fase è nota. *Variants track (Varianti)* – Mostra il numero di coppie di read sovrapposte tra due posizioni eterozigote consecutive (ad esempio due posizioni dove le due sequenze di consenso differiscono tra loro). A fianco della dicitura "Straight" viene indicato il numero di read per ogni consenso che supporta la fase mostrata nel browser, mentre a fianco della dicitura "Cross" viene indicato il numero di read che supportano l'altra fase possibile delle due posizioni.

- Consensus sequence 1 (Sequenza di consenso 1) La sequenza di consenso generata per uno dei cromosomi.
- Coverage depth for consensus 1 (Profondità di lettura per la sequenza di consenso 1) Mostra la profondità di lettura per ogni posizione della sequenza di consenso 1 creata.
- Consensus sequence 2 (Sequenza di consenso 2) La sequenza consenso generata per l'altro cromosoma.
- Coverage depth for consensus 2 (Profondità di lettura per la sequenza di consenso 2) Mostra la profondità di lettura per ogni posizione della sequenza di consenso 2 creata.
- Allele 1 sequence (Sequenza dell'allele 1) Sequenza nucleotidica dell'allele con la migliore corrispondenza per il primo consenso.
- Region annotation for allele 1 (Annotazioni delle regioni dell'allele 1) Sono mostrate le annotazioni per gli esoni, gli introni e le UTR dell'allele 1.



- Coverage depth track for allele 1 (Profondità di lettura dell'allele 1) Mostra la profondità di lettura per ogni posizione dell'allineamento dell'allele 1.
- Allele 2 sequence (Sequenza dell'allele 2) Sequenza nucleotidica dell'allele con la migliore corrispondenza per il secondo consenso.
- Region annotation for allele 2 (Annotazioni delle regioni dell'allele 2) Sono mostrate le annotazioni per gli esoni, gli introni e le UTR dell'allele 2.
- Coverage depth track for allele 2 (Profondità di lettura dell'allele 2) Mostra la profondità di lettura per ogni posizione dell'allineamento dell'allele 2.

Per i nuovi alleli, vengono mostrati due tracciati di riferimento: la sequenza di riferimento del nuovo allele (*Novel ref*) e la sequenza di riferimento dell'allele più strettamente collegato (*Rel ref*) da cui deriva l'allele nuovo.

Si osservi che le sequenze di consenso e le corrispondenti read corte possono essere visualizzate nel browser, anche quando non vengono trovate coppie alleliche concordanti.

Tracciati addizionali:

- Noise track (Rumore) Mostra il rumore sistematico rimosso durante la creazione del consenso. Per ogni posizione viene mostrato il nucleotide responsabile del maggior rumore.
- Amino acid track (Amminoacidi) Mostra la sequenza amminoacidica per tutti gli alleli e le sequenze di consenso, inclusi i nuovi alleli, colorata in base all'idrofobicità dell'amminoacido.

Per impostazione predefinita, per gli allineamenti allelici vengono visualizzati i tracciati di copertura dettagliati, accanto alle annotazioni delle regioni. Il tracciato di copertura ha un supporto di visualizzazione integrato delle statistiche delle basi: per le basi delle read che differiscono dalla sequenza di consenso/base di riferimento corrente, la profondità di lettura corrispondente, codificata in modo proporzionale con il colore associato alla base nucleotidica.

Modalità aggiuntive per tracciati relativi a read corte

In alternativa alla modalità di profondità di lettura (*coverage depth mode*) predefinita, per i tracciati relativi a read corte sono disponibili le seguenti modalità di visualizzazione:

- Short read mode (Modalità read corte) Mostra le read corte visualizzate in modo separato, in modo che sulla schermata siano facilmente distinguibili le forward strand read (rosa) e le reverse strand read (gialle).
- Fragment mode (Modalità frammenti) Modalità di visualizzazione accoppiata che mostra le corrispondenti read in forward e reverse combinate nella stessa linea. Le parti sovrapposte tra le coppie di read sono contrassegnate in blu, mentre le read che non si sovrappongono sono connesse con una linea sottile.

In entrambi i modi sopra indicati, il tracciato delle read corte può essere *ridotto* ottenendo una visione riassuntiva delle read corte (ciò non permette l'ispezione dettagliata di ciascuna read).

5.7 Settings Dashboard (Dashboard impostazioni)

Raggiungibile dalla "Genotyping Dashboard" ("Dashboard genotipizzazione") utilizzando il pulsante "Application settings" ("Impostazioni dell'applicazione"), la dashboard "Settings" ("Impostazioni") mostra una panoramica delle impostazioni dell'applicativo e permette l'accesso alle funzionalità di amministrazione e configurazione della visualizzazione. In questa dashboard sono disponibili anche alcune informazioni generali riguardo la versione corrente del software e l'utente corrente.

5.7.1 Informazioni generali

Sono presenti tre blocchi di informazioni nella dashboard Settings:

- Omixon HLA edition: questa parte contiene la versione corrente del software, l'identificativo della macchina con un pulsante di copia negli appunti e alcune informazioni di contatto e di copyright.
- Omixon HLA edition: questa parte contiene il nome, la versione e il numero di riferimento del software, l'identificativo della macchina con un pulsante di copia negli appunti e alcune informazioni di contatto e di copyright.
- Company info: questa parte contiene il numero, l'indirizzo, il sito web, il contatto del supporto tecnico e del servizio commerciale dell'azienda.
- License info: questa parte indica il numero di crediti disponibili e la data di scadenza della licenza.

5.7.2 Barra laterale

La barra laterale sinistra contiene le seguenti serie di funzioni:



Generali

Tramite questo gruppo di funzioni è possibile configurare il percorso di archiviazione dei file contenenti risultati e dati di analisi, creare e gestire protocolli, definire i geni di interesse per l'analisi e selezionare la versione dei saggi da utilizzare per l'analisi. Per maggiori dettagli sui protocolli vedere la pagina di aiuto *Analysis Protocols*.

Database

Con la funzione *"Install New Database" (Installa un nuovo database)* è possibile configurare una o più versioni del database IMGT da utilizzare per la genotipizzazione. Con la funzione *Select Active Database* è possibile specificare la versione attiva del database. La genotipizzazione sarà avviata sempre utilizzando la versione attiva. È possibile impostare l'utilizzo delle estensioni del database nel menu *Configure Database Extensions*.

Amministrazione

Con l'opzione *User management* è possibile creare, modificare e rimuovere utenti. Con l'opzione *Display hardware key* è possibile visualizzare un identificativo alfanumerico per il computer che può essere utilizzato per generare una licenza per la specifica macchina. L'opzione *Upload license* può essere utilizzata per importare manualmente una licenza nel software.

Automazione

Questa serie di funzioni consente di configurare l'analisi automatica in configurazioni server-client.

Impostazioni schermate

Questa serie di funzioni permette di modificare le configurazioni di visualizzazione per il Gene Browser. Si osservi che tali modifiche cambieranno il comportamento predefinito e l'aspetto del software. Se si desidera modificare le impostazioni del browser temporaneamente si può utilizzare l'opzione *Display configuration* sulla schermata del browser. In entrambi i casi è possibile reimpostare i parametri predefiniti con la funzione *Restore defaults*. Per i dettagli di queste impostazioni, si prega di leggere le seguenti pagine di aiuto: *Gene Browser (esploratore dei geni)*.