

Guia do utilizador Omixon HLA Twin CE 4.4.0

01/18/2021

1	Histórico de revisões e alterações	5
2	Introdução	9
2.1	Informação da empresa	9
2.2	Símbolos gerais utilizados	9
2.3	Informações gerais	9
2.4	Tecnologias de sequenciação	9
2.5	Princípio do método	9
2.5.1	Algoritmo de genotipagem consensual (CG)	10
2.5.2	Algoritmo de genotipagem estatístico (SG)	10
2.5.3	Genotipagem Twin	10
2.6	Utilização prevista	10
2.7	Avisos e precauções:	10
2.7.1	Limitações conhecidas do produto	10
2.8	Métodos de validação e características de desempenho	11
2.8.1	Holotype HLA v2	11
2.8.2	Holotype HLA v3	11
2.8.3	Omnitype v1	11
2.9	Notas de versão	12
2.10	Referências	12
3	Guia de instalação	.13
3.1	Introdução	13
3.1.1	Informações gerais	13
3.1.2	Atualizar da versão HLA Twin 3.1.3 ou inferior	13
3.2	Configurações disponíveis	13
3.2.1	Informações gerais	13
3.2.2	Desktop	13
3.2.3	Server (autónomo)	14
3.2.4	Server (distribuído)	14
3.3	Requisitos do sistema	15
3.4	Instalar o MySQL	15
3.4.1	Windows	16

3.4.2	OSX	23
3.4.3	Linux	30
3.5	Configurar uma base de dados MySQL pré-existente	30
3.6	Instalação do Desktop	31
3.6.1	Atualizar da versão HLA Twin 3.1.3 ou inferior	31
3.6.2	Instalar o HLA Twin Desktop	31
3.7	Instalação do Servidor Autónomo	40
3.7.1	Atualizar da versão HLA Twin 3.1.3 ou inferior	40
3.7.2	Notas antes da instalação	40
3.7.3	Instalar o HLA Twin Server	41
3.8	Instalação do Client	52
3.8.1	Atualizar da versão HLA Twin 3.1.3 ou inferior	52
3.8.2	Notas antes da instalação	52
3.8.3	Instalar o HLA Twin Client	53
3.9	Instruções para a primeira utilização	60
3.9.1	Estabelecer ligação ao servidor	60
	Ligar o cliente	60
	Exportar e importar a configuração de ligação	61
3.9.2	Exportar e importar a configuração de ligação Criar o primeiro utilizador	61 61
3.9.2 4	Exportar e importar a configuração de ligação Criar o primeiro utilizador Guia de iniciação rápido	61 61 61
3.9.2 4 4.1	Exportar e importar a configuração de ligação Criar o primeiro utilizador Guia de iniciação rápido Iniciar sessão	61 61 . 62 62
3.9.2 4 4.1 4.2	Exportar e importar a configuração de ligação Criar o primeiro utilizador Guia de iniciação rápido Iniciar sessão Painel de genotipagem	61 61 62 62
3.9.2 4 4.1 4.2 4.3	Exportar e importar a configuração de ligação Criar o primeiro utilizador Guia de iniciação rápido Iniciar sessão Painel de genotipagem Análise	61 61 62 62 63
3.9.2 4 4.1 4.2 4.3 4.3.1	Exportar e importar a configuração de ligação Criar o primeiro utilizador Guia de iniciação rápido Iniciar sessão Painel de genotipagem Análise Genotipagem simples – recomendada para amostras Holotype	61 61 62 62 63 63
3.9.2 4 4.1 4.2 4.3 4.3.1 4.3.2	Exportar e importar a configuração de ligação Criar o primeiro utilizador Guia de iniciação rápido Iniciar sessão Painel de genotipagem Análise Genotipagem simples – recomendada para amostras Holotype Resultados	61 61 62 62 63 63 63
3.9.2 4 4.1 4.2 4.3 4.3.1 4.3.2 4.4	Exportar e importar a configuração de ligação Criar o primeiro utilizador Guia de iniciação rápido Iniciar sessão Painel de genotipagem Análise Genotipagem simples – recomendada para amostras Holotype Resultados Resultados de análise de genotipagem	61 61 62 62 63 63 63
3.9.2 4 4.1 4.2 4.3 4.3.1 4.3.2 4.4	Exportar e importar a configuração de ligação Criar o primeiro utilizador Guia de iniciação rápido Iniciar sessão Painel de genotipagem Análise Genotipagem simples – recomendada para amostras Holotype Resultados Resultados de análise de genotipagem Resolução de problemas com resultados ausentes	61 61 62 62 63 63 63 63
3.9.2 4 4.1 4.2 4.3 4.3.1 4.3.2 4.4 4.4.1 4.5	Exportar e importar a configuração de ligação Criar o primeiro utilizador Guia de iniciação rápido Iniciar sessão Painel de genotipagem Análise Genotipagem simples – recomendada para amostras Holotype Resultados Resultados de análise de genotipagem Resolução de problemas com resultados ausentes. Resultados de amostra de genotipagem	61 61 62 62 63 63 63 65 65
3.9.2 4 4.1 4.2 4.3 4.3.1 4.3.2 4.4 4.4.1 4.5 4.6	Exportar e importar a configuração de ligação Criar o primeiro utilizador Guia de iniciação rápido Iniciar sessão Painel de genotipagem Análise Genotipagem simples – recomendada para amostras Holotype Resultados Resultados de análise de genotipagem Resolução de problemas com resultados ausentes Resultados de amostra de genotipagem Browser de genes	61 61 62 62 63 63 63 65 65 65
3.9.2 4 4.1 4.2 4.3 4.3.1 4.3.2 4.4 4.4.1 4.5 4.6 4.7	Exportar e importar a configuração de ligação Criar o primeiro utilizador Guia de iniciação rápido Iniciar sessão Painel de genotipagem Análise Genotipagem simples – recomendada para amostras Holotype. Resultados. Resultados de análise de genotipagem Resolução de problemas com resultados ausentes. Resultados de amostra de genotipagem Resultados de amostra de genotipagem Painel Definições	61 61 62 62 62 63 63 63 65 65 65 66
3.9.2 4 4.1 4.2 4.3 4.3.1 4.3.2 4.4 4.4.1 4.5 4.6 4.7 4.7.1	Exportar e importar a configuração de ligação Criar o primeiro utilizador Guia de iniciação rápido Iniciar sessão Painel de genotipagem Análise Genotipagem simples – recomendada para amostras Holotype Resultados Resultados de análise de genotipagem Resolução de problemas com resultados ausentes. Resultados de amostra de genotipagem Resultados de amostra de genotipagem Painel Definições Informações gerais	61 61 62 62 62 63 63 63 63 65 65 65 65 67 67
3.9.2 4 4.1 4.2 4.3 4.3.1 4.3.2 4.4 4.4.1 4.5 4.6 4.7 4.7.1 4.7.2	Exportar e importar a configuração de ligação Criar o primeiro utilizador Guia de iniciação rápido Iniciar sessão Painel de genotipagem Análise Genotipagem simples – recomendada para amostras Holotype Resultados Resultados de análise de genotipagem Resolução de problemas com resultados ausentes Resultados de amostra de genotipagem Resultados de amostra de genotipagem Painel Definições Painel Definições Informações gerais Barra lateral	61 61 62 62 63 63 63 63 65 65 65 65 65 67 67 68

Base de dados	. 68
Administração	. 68
Automatização	. 68
Screen Settings (Definições de Ecrã)	. 68



1 Histórico de revisões e alterações

Versão	Data de aprovação	Autor	Resumo de alterações	Aprovado por
3.0.0	💼 29 Jun 201	Adél Juhász	Introdução de modificações associadas a ABO e MIC na genotipagem e apresentação de resultados.	Adél Juhász
		Ágnes Pásztor	Eliminação da palavra "HLA" nos casos em que ABO ou MIC também poderiam ser usadas.	Ágnes Pásztor
			Correções menores diversas no texto.	
3.1.0	💼 31 Aug 201	LBetra	Adição da secção de informações da empresa.	Adél
		Hoch	Pequenas correções de redação e de formatação.	Juhasz
3.1.1	💼 08 Nov 203	1 K risztina Rigó	Atualização das medições de desempenho para o Holotype HLA v1 e adição para o Holotype HLA v2.	Adél Juhász
		Petra Hoch	Pequenas correções de redação e de formatação.	
3.1.2	💼 13 Nov 203	1 A dél Juhász	Adição da definição de suporte de base de dados IMGT para proporcionar suporte à descrição do período.	Krisztina Rigó
			Pequenas correções nas referências ao manual.	
3.1.3	💼 13 Feb 201	Adél Juhász	Adição da descrição de genotipagem Twin, incluindo lógica de execução SG	Krisztina Rigó
			Modificação das recomendações de definição de pasta temporária para configuração do servidor	Mónika Hulita
4.0.0	in 06 Aug 201	L A dél Juhász	 Atualização do Guia de iniciação rápido com: Nova estrutura da tabela de resultados Marcações no nível do lócus Novo posicionamento da função do histórico de atribuições Funcionalidade de fechar/expandir a tabela Registo de Eventos Typer Manager Painel de informação inferior no painel Eliminação da secção Omixon HLA Server Revisão da secção Guia de instalação, com a adição de: Configurações disponíveis Instalação do Desktop Instalação do Servidor Autónomo Guia para a primeira utilização: Criar o primeiro utilizador Estabelerer ligação ao servidor 	Marton Pogany



Versão	Data de aprovação	Autor	Resumo de alterações	Aprovado por
4.0.0	i 09 Aug 202	l A dél Juhász	Eliminação da página Requisitos do Sistema da Introdução e inserção e atualização da mesma no Guia de instalação com valores efetivos Adição de páginas ao Guia de instalação: Introdução Instalação do Client Migração de dados 	Marton Pogany
4.0.1	i 15 Oct 201	A dél Juhász	 Atualização do Guia de instalação: Eliminação de H2, introdução de referência ao MySQL em alternativa Adição da configuração MySQL Substituição das ligações diretas para o Manual de instalação de software por referências textuais Eliminação do Guia de instalação na hierarquia de páginas e inserção do mesmo antes do Guia de iniciação rápido 	Nándor Varga
4.1.0	i 09 Jan 202	Nándor Varga	Atualização do Guia de iniciação rápido: adição do ícone de antígeno equivalente sorológico à lista de marcações. Atualização das medições de desempenho para os Holotype HLA v1 e V2 e adição para o Holotype HLA v3.	Adél Juhász
4.2.0	💼 17 Mar 202	Nándor Varga	Atualização das medições de desempenho para o Holotype HLA v1, v2 e v3.	Mónika Hulita
4.2.2	📋 01 Jul 202	Mónika Hulita	Foi removida a atualização das medições de desempenho para o Holotype HLA v2, v3 e v1.	Nándor Varga



Versão	Data de	Autor	Resumo de alterações	Aprovado
4.2.0	aprovação)) M		por
4.3.0	🖭 25 Aug 20	Rigó	para o Holotype HLA v2, v3 e Omnitype v1.	Monika Hulita
	Mónika Hulita	Pequenas correções de redação e de formatação.	Gábor Schiodor	
		nulla	Atualização do guia de iniciação rápido com:	Schleder
		Gábor Schieder	 Settings dashboard (Painel definições) - Informações gerais - Informação da empresa 	
			Removido do Guia de iniciação rápido:	
			Settings dashboard (Painel definições) - Secção Definições de Exportação	
			Revisto/removido do Guia de iniciação rápido:	
			 Settings dashboard (Painel definições) - Secção Base de dados (a função Remover base de dados já não está disponível para os utilizadores) Painel definições - Secção de administração (função de remoção alterada para desativar) Painel definições - Definições do ecrã (a configuração do ecrã de resultados já não está disponível para os utilizadores) 	
			Guia do utilizador atualizado com:	
			 Instalação no Desktop - as secções relacionadas com a migração foram removidas, as capturas de ecrã foram atualizadas. As quebras de página e as ligações foram corrigidas. Instalação no Server autónomo - as secções relacionadas com a migração foram removidas, as capturas de ecrã foram atualizadas. As quebras de página e as ligações foram corrigidas. Instalação no Cliente - as secções relacionadas com a migração foram removidas, as capturas de ecrã foram atualizadas. As quebras de página e as ligações foram corrigidas. Instalação no Cliente - as secções relacionadas com a migração foram removidas, as capturas de ecrã foram atualizadas. As quebras de página e as ligações foram corrigidas. Instalação do MySQL - o Windows e o OSX foram atualizados: utilizar o instalador mais recente, as capturas de ecrã são apenas exemplos. A página de migração da base de dados foi removida. 	
			Guia de instalação de software atualizado com:	
			 Instalação no Desktop - as secções relacionadas com a migração foram removidas, as capturas de ecrã foram atualizadas. As quebras de página e as ligações foram corrigidas. Server (autónomo) - as secções relacionadas com a migração foram removidas, as capturas de ecrã foram atualizadas. As quebras de página e as ligações foram corrigidas. Server (distribuído) - as secções relacionadas com a migração foram removidas, as capturas de ecrã foram atualizadas. As quebras de página e as ligações foram corrigidas. Server (distribuído) - as secções relacionadas com a migração foram removidas, as capturas de ecrã foram atualizadas. As quebras de página e as ligações foram corrigidas. Cliente - as secções relacionadas com a migração foram removidas, as capturas de ecrã foram atualizadas. As quebras de página e as ligações foram corrigidas. Cliente - as secções relacionadas com a migração foram removidas, as capturas de ecrã foram atualizadas. As quebras de página e as ligações foram corrigidas. A página de migração da base de dados foi removida. A adição de novos Typers à página do HLA Twin Server foi transferida para o capítulo Typer Atualização da página da versão 4.x expandida com as restrições Omnitype EAP 	



Versão Data de aprovação		Autor	Resumo de alterações	Aprovado por	
			 Instalação do MySQL - o Windows e o OSX foram atualizados: utilizar o instalador mais recente, as capturas de ecrã são apenas exemplos. 		
4.4.0	i 10 Dec 202	2Ákos Botos Mónika Hulita Gábor Schieder Krisztina Rigó	 Guia do utilizador atualizado com: A introdução - «Símbolos gerais utilizados» foi atualizada Atualização das medições de desempenho para o Holotype HLA v2, v3 e Omnitype v1. File Search (Pesquisa de ficheiros) - Permite a localização de ficheiros de análise e de amostra em toda a base de dados do HLA Twin Requisitos de hardware - alterações de RAM Guia de instalação de software atualizado com: Requisitos de hardware - alterações de RAM Atualização do manual com: Secção da tabela de exportação - O texto relacionado com o formato de ficheiro XLS foi removido Introdução de aspetos gerais com a opção de grupo P/G 	Mónika Hulita Gábor Schieder	



2 Introdução

2.1 Informação da empresa

Este produto é fabricado pela Omixon Biocomputing Ltd Endereco:

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

Web site: http://www.omixon.com Contacto técnico: support@omixon.com¹ Contacto comercial: sales@omixon.com²

2.2 Símbolos gerais utilizados

Os seguintes símbolos são utilizados no produto Omixon Twin (para símbolos específicos Twin, leia o capítulo dedicado)



- «Conformité Européenne» Conformidade Europeia

- Dispositivo médico de diagnóstico in vitro

www.omixon.com³ - Consultar as instruções de utilização

2.3 Informações gerais

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

O Omixon HLA Twin disponibiliza licenciamento com base temporal, que permite genotipagem ilimitada durante um período de tempo determinado. Contactar sales@omixon.com⁴ para obter um orçamento. É incluída uma licença válida por 90 dias na versão de avaliação. Cada versão de software é integralmente suportada durante 13 meses, a partir da respetiva data de lançamento. Quando uma versão de software atinge o fim do respetivo suporte técnico, as respetivas correções de erros deixarão de ser implementadas e essa versão não será validada com novas bases de dados IMGT. É extremamente aconselhável atualizar para a versão de software mais recente, antes do final do período de suporte.

2.4 Tecnologias de sequenciação

O Omixon HLA Twin suporta dados de sequenciação Illumina.

2.5 Princípio do método

- 1 mailto:support@omixon.com
- 2 mailto:sales@omixon.com
- 3 https://www.omixon.com/
- 4 mailto:sales@omixon.com



2.5.1 Algoritmo de genotipagem consensual (CG)

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

2.5.2 Algoritmo de genotipagem estatístico (SG)

O algoritmo de genotipagem estatístico é um método baseado no alinhamento. As leituras e os pares lidos são alinhados com todas as sequências exónicas definidas na base de dados IMGT e, em seguida, atribuídos aos alelos com a classificação de alinhamento mais elevada. Os alelos são pré-filtrados e emparelhados. Os pares de alelos são comparados e ordenados com base na quantidade combinada de leituras suportadas no par. São comunicados todos os pares de alelos que sejam considerados equitativamente bons resultados, com base nos resultados de comparação. O algoritmo de genotipagem estatístico indica resultados de genotipagem de resolução baseada em exões (3 campos).

2.5.3 Genotipagem Twin

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

2.6 Utilização prevista

O Omixon HLA Twin está concebido para a interpretação dos dados de sequenciação de nova geração (Next Generation Sequencing, NGS) gerados nos sequenciadores Illumina pelo ensaio de sequenciação do Omixon Holotype HLA. Isto resulta numa tipificação HLA extremamente exata, que vai de um alelo de passagem única a um nível de campo 2. O software disponibiliza informação de histocompatibilidade humana de genes HLA Classe I (HLA-A, B e C) e Classe II (HLA-DPA1, DPB1, DQA1, DQB1 e DRB1/3/4/5), através de dois algoritmos independentes: Genotipagem estatística (SG) e Genotipagem consensual (CG). Os dois algoritmos podem ser executados simultaneamente e a concordância entre ambos é sempre apresentada junto do primeiro resultado de algoritmo de genotipificação, se tiverem sido utilizados ambos os algoritmos. Juntamente com esta tabela de vista geral de alta qualidade, são fornecidas estatísticas e medidas de controlo de qualidade para cada amostra.

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

2.7 Avisos e precauções:

2.7.1 Limitações conhecidas do produto

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

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



2.8 Métodos de validação e características de desempenho

As estatísticas de desempenho apresentadas abaixo foram geradas utilizando o Omixon HLA Twin, versão 4.4.0 (modo rápido) e a base de dados IMGT, versão 3.42.0_9. As medições de desempenho foram calculadas através do método descrito por Ng et al. (1993)¹. Os resultados de genotipagem foram comparados com a informação de genotipagem de referência disponível, numa resolução de nível de dois campos.

2.8.1 Holotype HLA v2

No total, foram analisadas 175 amostras. Os dados de sequenciação foram gerados utilizando o Holotype HLA, versão 2.

Medição	HLA-A	HLA-B	HLA-C	HLA-	HLA-	HLA-	HLA-	HLA-	HLA-	HLA-	HLA-
				DPA1	DPB1	DQA1	DQB1	DRB1	DRB3	DRB4	DRB5
Sensibilidade	99,71 %	98,57 %	97,71 %	98,56%	98,57%	96,26%	96,57%	100,00 %	97,90%	84,62%	98,27%
Especificidad e	99,99 %	99,98 %	99,93 %	99,88%	99,95%	99,79%	99,83%	100,00 %	99,58%	94,87%	99,42%
Precisão	99,71 %	98,57 %	97,71 %	98,56%	98,57%	96,26%	96,57%	100,00 %	97,90%	84,62%	98,27%
Valor preditivo negativo	99,99 %	99,98 %	99,93 %	99,88%	99,95%	99,79%	99,83%	100,00 %	99,58%	94,87%	99,42%
Tipo corretamente classificado	99,99 %	99,96 %	99,87 %	99,78%	99,91%	99,61%	99,67%	100,00 %	99,30%	92,31%	99,13%

2.8.2 Holotype HLA v3

No total, foram analisadas 192 amostras. Os dados de sequenciação foram gerados utilizando o Holotype HLA, versão 3.0.1.

Medição	HLA-A	HLA-B	HLA-C	HLA- DPA1	HLA- DPB1	HLA- DQA1	HLA- DQB1	HLA- DRB1	HLA- DRB3	HLA- DRB4	HLA- DRB5
Sensibilidade	98,96 %	97,92 %	98,96 %	96,88%	94,79%	96,09%	96,09%	97,66%	99,05%	96,10%	97,48%
Especificidad e	99,98 %	99,98 %	99,97 %	99,78%	99,88%	99,82%	99,80%	99,96%	99,76%	98,70%	99,50%
Precisão	98,96 %	97,92 %	98,96 %	96,88%	94,79%	96,09%	96,09%	97,66%	99,05%	96,10%	97,48%
Valor preditivo negativo	99,98 %	99,98 %	99,97 %	99,78%	99,88%	99,82%	99,80%	99,96%	99,76%	98,70%	99,50%
Tipo corretamente classificado	99,95 %	99,95 %	99,95 %	99,58%	99,76%	99,66%	99,63%	99,91%	99,62%	98,05%	99,16%

2.8.3 Omnitype v1

No total, foram analisadas 144 amostras. Os dados de sequenciação foram gerados utilizando o Omnitype versão 1.



Medição	HLA-A	HLA-B	HLA-C	HLA-							
				DPA1	DPB1	DQA1	DQB1	DRB1	DRB3	DRB4	DRB5
Sensibilidade	98,95 %	98,25 %	98,95 %	98,95%	99,30%	98,60%	99,30%	95,80%	97,90%	97,90%	99,65%
Especificidad e	99,97 %	99,97 %	99,97 %	99,87%	99,98%	99,91%	99,95%	99,93%	99,48%	99,30%	99,91%
Precisão	98,95 %	98,25 %	98,95 %	98,95%	99,30%	98,60%	99,30%	95,80%	97,90%	97,90%	99,65%
Valor preditivo negativo	99,97 %	99,97 %	99,97 %	99,87%	99,98%	99,91%	99,95%	99,93%	99,48%	99,30%	99,91%
Tipo corretamente classificado	99,95 %	99,94 %	99,93 %	99,77%	99,96%	99,84%	99,91%	99,86%	99,16%	98,95%	99,86%

2.9 Notas de versão

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

2.10 Referências

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



3 Guia de instalação

3.1 Introdução

3.1.1 Informações gerais

Este é um excerto do *Guia de instalação de software*. Caso não tenha conseguido encontrar as informações que procurava neste documento, consulte o *Guia de instalação de software* expandido. Para obter mais informações e assistência, contacte-nos através do e-mail support@omixon.com.⁵

3.1.2 Atualizar da versão HLA Twin 3.1.3 ou inferior

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

3.2 Configurações disponíveis

3.2.1 Informações gerais

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

Cada configuração exigirá a instalação local ou remota de um servidor de base de dados MySQL 8. Este guia do utilizador contém instruções para instalar o Desktop e o Server autónomo, bem como o Client. Para obter informações detalhadas sobre a instalação do Server distribuído, consulte o *Guia de instalação de software*.

3.2.2 Desktop

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

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

⁵ mailto:support@omixon.com.



3.2.3 Server (autónomo)

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

O HLA Twin Server (autónomo):

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

O HLA Twin Client

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

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

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

3.2.4 Server (distribuído)

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

O HLA Twin Server (distribuído):

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

O HLA Twin Typer:

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

O HLA Twin Client

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

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







3.3 Requisitos do sistema

HLA Twin Desktop

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

HLA Twin Client

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

HLA Twin Server (autónomo)

- CPU: CPU de 64 bits com, no mínimo, 4 núcleos físicos (8 threads ou vCPU)
- SO: Qualquer sistema operativo de 64 bits (OSX não suportado)
- RAM: No mínimo, 18 GB para o software, porém recomendam-se 26,5 GB
- **Rede:** No mínimo, uma ligação de 100/1000 Mbps
- Vídeo: Placa de vídeo compatível com OpenGL 2.0 (opcional*)

HLA Twin Server (distribuído)

- CPU: CPU de 64 bits com, no mínimo, 4 núcleos físicos (8 threads ou vCPU)
- **SO**: Qualquer sistema operativo de 64 bits (OSX não suportado)
- RAM: No mínimo, 6 GB para o software, porém recomendam-se 8 GB
- Rede: No mínimo, uma ligação de 100/1000 Mbps
- Vídeo: Placa de vídeo compatível com OpenGL 2.0 (opcional*)

HLA Twin Typer (distribuído)

- CPU: CPU de 64 bits com, no mínimo, 4 núcleos físicos (8 threads ou vCPU)
- SO: Qualquer sistema operativo de 64 bits
- RAM: No mínimo, 16 GB para o software, porém recomendam-se 22 GB
- **Rede:** No mínimo, uma ligação de 100/1000 Mbps
- Vídeo: Placa de vídeo compatível com OpenGL 2.0 (opcional*)

*A Interface Gráfica do Utilizador Twin (Client ou Desktop) necessita de um hardware e de um controlador compatível com OpenGL 2.0 para a visualização, portanto, se pretender utilizar a Interface Gráfica no computador servidor, são necessários um hardware e um controlador compatíveis com OpenGL 2.0.

Espaço de armazenamento

Os requisitos de espaço de armazenamento dependem do tamanho das amostras e necessitam de ser calculados tendo em consideração os requisitos legais para armazenamento de dados, o nível mínimo de cópia de segurança e de redundância, bem como o volume anual previsto. A Omixon pode ajudar no cálculo dos requisitos de espaço de armazenamento; se necessitar de qualquer ajuda contacte support@omixon.com⁶.

3.4 Instalar o MySQL

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

⁶ mailto:support@omixon.com



Siga as instruções deste capítulo antes de instalar o HLA Twin.

3.4.1 Windows

Se pretender utilizar um servidor **MySQL 8** já instalado no seu ambiente, consulte Configurar uma base de dados MySQL pré-existente(see page 30). Sugerimos que utilize uma instância local do MySQL para utilizadores do HLA Twin Desktop. Siga estes passos para transferir e instalar o MySQL 8 para Windows.

1. Aceda a https://dev.mysql.com/downloads/installer/

2. Transfira o pacote da versão atual do «Windows (x86, 32 bits), MSI Installer». Por exemplo:

General Availability (GA) Releases			
MySQL Installer 8.0.17			
Select Operating System: Microsoft Windows	•	Looking for previous versions?	ous GA
Windows (x86, 32-bit), MSI Installer	8.0.17	18.5M	Download
(mysql-installer-web-community-8.0.17.0.msi)	MD5: 5677	07887fc0d1fad7fc848a878a0	0da2 Signature
Windows (x86, 32-bit), MSI Installer	8.0.17	393.4M	Download
(mysql-installer-community-8.0.17.0.msi)	MD5: 3aa8	d6470fb6b58f517d3efb46e54	472b Signature
We suggest that you use the MD5 check you download.	sums and GnuPG signatures t	o verify the integrity of th	ne packages

3. Após a transferência, inicie o instalador



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

MySQL Installer	- 0	×
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 fit. 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.	×
	Next > C:	incel

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

MySQL Installer		- 🗆 🗙	
MySQL. Installer Adding Community	Choosing a Setup Type Please select the Setup Type that suits you	r use case.	
License Agreement	O Developer Default	Setup Type Description	
Choosing a Setup Type	Installs all products needed for MySQL development purposes.	Installs only the MySQL Server. This type should be used where you want to deploy a MySQL Server, but will pat be developing MySQL	
Installation	Server only	applications.	
Installation Complete	product.		
	O Client only		
	Installs only the MySQL Client products, without a server.		
	O Full		
	Installs all included MySQL products and features.		
	O Custom		
	Manually select the products that should be installed on the system.		
		< <u>B</u> ack <u>N</u> ext > <u>C</u> ancel	



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

MySQL Installer			—		×
MySQL. Installer Adding Community	Installation The following products will be installed	ı.			
License Aareement	Product	Status Readu to Install	Progress	Notes	
Choosing a Setup Type	Wyset server 6.6.17	Ready to install			
Installation					
Product Configuration					
Installation Complete					
	Click [Execute] to install the following	packages.			
		< Back	E <u>x</u> ecute	<u>C</u> anc	el

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

MySQL Installer					×
MySQL. Installer Adding Community	Installation The following products will be installed.				
	Product	Status	Progress	Notes	
License Agreement	🐼 📐 MySQL Server 8.0.17	Complete	2		
Choosing a Setup Type					
Installation					
Product Configuration					
Installation Complete					
	Show Details >				
		< Pack	Next >	Cance	
		<u>⊳ D</u> ack	Mext >		



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

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	high-availability solution, if required.
Type and Networking	 innobs cluster The Innobs cluster technology provides an out-of-the-box high availability (HA) solution for MVSOL using Group Replication
Authentication Method	nysee anny eroop repression
Accounts and Roles	
Windows Service	MysQL Snell
Logging Options	Client App \longleftrightarrow MySQL Router
Advanced Options	InnoDB Cluster
Apply Configuration	Note: InnoD8 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.
	Next > Cancel

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

MySQL Installer	– 🗆 X
MySQL. Installer MySQL Server 8.0.17 High Availability	Type and Networking Server Configuration Type Choose the correct server configuration type for this MySQL Server installation. This setting will define how much system resources are assigned to the MySQL Server instance. Config Type: Development Computer
Type and Networking	Connectivity
Authentication Method Accounts and Roles Windows Service Apply Configuration	Use the following controls to select how you would like to connect to this server.
	< <u>B</u> ack <u>N</u> ext > <u>C</u> ancel



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

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

MySQL Installer				—		×
MySQL. Installer MySQL Server 8.0.17	Accounts and Ro Root Account Password Enter the password for the place.	les root account. Please	e remember to store	this password i	in a secure	
High Availability Type and Networking Authentication Method Accounts and Roles Windows Service Apply Configuration	MySQL Root Password: Repeat Password: MySQL User Accounts Create MySQL user accou	Password strength	•••• ••• h: Weak d applications. Assig	gn a role to the	user that	
	MySQL User Name	Host	User Role	<u>N</u> ext >	Add Us Edit Us Delete	er 2



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

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

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

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 ☑ Start the MySQL Server at System Startup
Accounts and Roles	Run Windows Service as
Apply Configuration	 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. Clique em «Finish» (Terminar) quando a configuração estiver concluída. Em seguida, clique em «Next» (Seguinte) e, depois, em «Finish» (Terminar).

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 Apply Configuration	 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 Updating the Start menu link 		
	The configuration for MySQL Server 8.0.17 was successful. Click Finish to continue.	<u>F</u> inish	

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



3.4.2 OSX

Se pretender utilizar um servidor **MySQL 8** já instalado no seu ambiente, consulte Configurar uma base de dados MySQL pré-existente(see page 30). Sugerimos que utilize uma instância local do MySQL para utilizadores do HLA Twin Desktop. Siga estes passos para transferir e instalar o MySQL 8 para OSX.

- 1. Aceda a https://dev.mysql.com/downloads/mysql/
- 2. Transfira a versão atual do pacote «macOS 10.14 (x86, 64 bits), DMG Archive». Por exemplo:

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 H	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	b5f8b4a06546b72c	1d3d70bd Signatur
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	a97d03db45374e77e35c	17f3a5f56 Signatur
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 Signatur
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	i681331e4 Signatur
• We suggest that you use the MD5 checksums and o packages you download.	GnuPG signature	s to verify the integr	ity of the



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



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

	Install MySQL 8.0.17-community	
	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	
E		
My <mark>SQL</mark> `	Go Back Con	Itinue



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

	📚 Install MySQL 8.0.17-community	
	Standard Install on "Macintosh HD"	
 Introduction Licence Destination Select Installation Type Installation Configuration Summary 	This will take 620.9 MB of space on your computer. Click Install to perform a standard installation of this software for all users of this computer. All users of this computer will be able to use this software.	
My <mark>SQL</mark> .	Change Install Location Customise Go Back Install	

6. O OSX pode exigir autenticação para continuar

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



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



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

	😺 Install MySQL 8.0.17-community	
 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.	
My <mark>SQL</mark> .	Finish Go Back Continue	



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



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

	М	lySQL		Q Search
	Instances	Configuration		
ACTIVE INSTANCE MySQL 8.0.17				
INSTALLED INSTANCES MySQL 8.0.17 DATA DIRECTORIES		/usr/local	8.0. I/mysql-8.0.17-r	17 nacos10.14-x86_64
			Stop MySQI	_ Server
		🗹 Start MySC	QL when you	ur computer starts up
			Ir	nitialize Database
				Uninstall
				MySQL.



11. Se tudo estiver correto, feche esta janela e abra o Terminal em OSX (Finder - Applications (Aplicações) - Utilities (Utilitários))

	🄤 Applicatio	ns		
		💿 🗸 🛠 🗸 🗊 🗸	Q Search	
Favourites	Name	Date Modified	Size	Kind
t Drophov (O	() I ime Machine	2019. May 27. 9:02	1.3 MB	Application
	🖳 Tunnelblick	2019. September 20. 17:40	31.7 MB	Application
(@) AirDrop	▼ 🔯 Utilities	2018. November 30. 6:49		Folder
Recents	kara Activity Monitor	2019. August 9. 0:59		Application
	同 AirPort Utility	2019. August 9. 0:59		Application
Applications	🔤 Audio 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
Silaieu	🍂 ColorSync Utility	2019. May 27. 9:02		Application
😭 janostoth	E Console	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
Dockton	🏭 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. Execute os seguintes comandos por ordem sequencial
 - a. cd /usr/local/mysql/bin
 - b. ./mysql -u root -p
 - c. introduza a palavra-passe de raiz do MySQL que definiu no instalador
 - d. CREATE USER 'omixon'@'localhost' IDENTIFIED BY 'omixon';
 - e. GRANT ALL PRIVILEGES ON omixon_database . * TO 'omixon'@'localhost';
 - f. FLUSH PRIVILEGES;
 - g. quit





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



3.4.3 Linux

Se pretender utilizar um servidor **MySQL 8** já instalado no seu ambiente, consulte Configurar uma base de dados MySQL pré-existente(see page 30). Sugerimos que utilize uma instância local do MySQL para utilizadores do HLA Twin Desktop.

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

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

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

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

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

3.5 Configurar uma base de dados MySQL pré-existente

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

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

O seu servidor MySQL necessita de utilizar a **encriptação de palavra-passe de legado** para o HLA Twin usar como interface. Necessita de criar um novo utilizador na sua base de dados pré-existente para permitir que o HLA Twin a utilize. Para isso, execute os seguintes comandos:

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

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



3.6 Instalação do Desktop

3.6.1 Atualizar da versão HLA Twin 3.1.3 ou inferior

- Não será possível atualizar a sua versão anterior do HLA Twin 3.1.3 Desktop como ocorreu nas versões anteriores. Além disso, o
 instalador não permitirá que o utilizador instale o novo HLA Twin na mesma pasta em que uma versão anterior tenha sido instalada.
- Se pretender migrar a base de dados interna da sua instalação anterior do Twin para manter os dados de utilizador e as informações de auditoria, contacte-nos através do e-mail support@omixon.com⁷. Iremos organizar uma sessão online, na qual podemos migrar a base de dados anterior para o MySQL.
- Após uma instalação (e migração, caso tenha sido necessária) bem-sucedida, o utilizador pode desinstalar as versões anteriores do HLA Twin Desktop do seu computador.

3.6.2 Instalar o HLA Twin Desktop

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

- 1. Este passo depende do sistema operativo que estiver a utilizar.
- Utilizadores do Windows: Abra o instalador (omixon_hla_twin_XXX_windowsx64_with_jre-desktop.exe)
- Utilizadores do Linux: Abra uma janela do terminal, obtenha permissões para o instalador (chmod +x omixon_hla_twin_xxx_unix_with_jre-desktop.s h) e, em seguida, execute o instalador.
- Utilizadores do OSX: Abra o instalador

 (omixon_hla_twin_xxx_macos_with_jre-desktop.dm
 g) (se estiver a utilizar o OSX 10.14.6 Mojave ou versão
 superior, poderá receber uma mensagem de erro. Neste
 caso, contacte-nos através do e-mail
 support@omixon.com⁸)



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



.

2. Aceite o contrato de licença.

🛃 Setup - Omixon HLA Twin Desktop 4. 🔤 —	- C	× c
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	installatio	n.
SOFTWARE LICENSE AGREEMENT		^
PLEASE READ THIS SOFTWARE LICENSE AGREEMENT CAREFULLY BEFORE DOWNLOADING OR USING THE SOFTWAR	E.	
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	t >	Cancel



3. Seleciona uma pasta para instalação.

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

🛃 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			Browse	
Required disk space: 430 MB				
Free disk space: 31 GB				
install4j .	< Back	Next >	Ca	ncel



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

🛃 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	
install4j < Back	Next >	(Cancel



5. Selecione uma pasta para os ficheiros temporários.

🛃 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	
Install4) < Back	Next >		Cancel



6. Especifique o endereço IP e o número de porta da base de dados MySQL (as predefinições devem funcionar corretamente se tiver instalado o MySQL localmente). Consulte o capítulo Instalar o MySQL para obter orientações de instalação.(see page 15)

🛃 Setup - Omixon HLA Twin Desktop 4.		_		Х
Persistence provider MySQL settings				
			-	_
Host: localhost				
Port: 3306				
Test Connection				
Success! Please proceed with the installation.				
install4j				
	< Back	Next >	Ca	ancel

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



7. Configure as definições de memória.

🛃 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				
Install4j	< Back	Next >	Ci	ancel



8. Selecione a pasta de menu Iniciar.

👷 Setup - Omixon HLA Twin Desktop 4.	—		×
Select Start Menu Folder			
where should be up 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			
Judula			~
Create shortcuts for all users			
install4j			
< Back	Next >	С	ancel



9. Clique em «Finish» (Terminar).

👱 Setup - Omixon HLA Twi	n Desktop 4.	—		×
	Completing the Omixon HLA Twin Desktop Setup Wizard	t		
	Setup has finished installing Omixon HLA Twin Desktop on your computer. The ap by selecting the installed icons.	plication	may be lau	unched
	Click Finish to exit Setup.			
			F	inish



3.7 Instalação do Servidor Autónomo

3.7.1 Atualizar da versão HLA Twin 3.1.3 ou inferior

- Não será possível atualizar a sua versão anterior do HLA Twin 3.1.3 Server como ocorreu com as versões anteriores. Além disso, o instalador não permitirá que o utilizador instale o novo HLA Twin na mesma pasta em que uma versão anterior tenha sido instalada.
- Se pretender migrar a base de dados interna da sua instalação anterior do Twin para manter os dados de utilizador e as informações de auditoria, contacte-nos através do e-mail support@omixon.com⁹. Iremos organizar uma sessão online, na qual podemos migrar a base de dados anterior para o MySQL.
- Após uma instalação (e migração, caso tenha sido necessária) bem-sucedida, o utilizador pode desinstalar as versões anteriores do HLA Twin Server do seu computador.
- Tenha em atenção que as versões do software HLA Twin Client e HLA Twin Server têm de ser compatíveis.
- Não há nenhum serviço HLA Twin Typer Server NG na versão nova do HLA Twin Server, um serviço tratará das análises e dos Clients.

3.7.2 Notas antes da instalação

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

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

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

⁹ mailto:support@omixon.com



3.7.3 Instalar o HLA Twin Server

- 1. Este passo depende do sistema operativo que estiver a utilizar.
 - Utilizadores do Windows: Abra o instalador (omixon_hla_twin_XXX_windows-x64_with_jre-serverclient.exe)
 - Utilizadores do Linux: Abra uma janela do terminal, obtenha permissões para o instalador (chmod
 - +x omixon_hla_twin_xxx_unix_with_jre-**serverclient**.sh) e, em seguida, execute o instalador.

👮 Setup - Omixon HLA Twin	Server 4	_		×
	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 s	tep throu	ıgh
	Click Next to continue, or Cancel to exit Setup.			
		Next >	Ca	ncel



2. Aceite o contrato de licença.

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	e installa	tion.	
	SOFTWARE LICENSE AGREEMENT			^
	PLEASE READ THIS SOFTWARE LICENSE AGREEMENT CAREFULLY BEFORE DOWNLOADING OR USING THE SOFTWA	RE.		
	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	xt >	Ca	ncel



3. Seleciona uma pasta para instalação.

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

👱 Setup - Omixon HLA Twin Server 4	_	-		Х
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 \Omixon HlaTwin		Bro	owse	
Required disk space: 510 MB				
Free disk space: 32 GB				
Install4)	k Next	t >	Can	cel



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

😒 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 N	lext >	С	ancel



5. Selecione uma pasta para os ficheiros temporários.

🛃 Setup - Omixon HLA Twin Server 4		_		\times
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 .	
install 4i				
	< Back	Next >	С	ancel



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

				_	
👷 Setup - Omixon H	ILA Twin Server 4		—		×
Network connection You can set the Om	on setup ixon Server connection parameters				
Clients and Omixon T Please configure Omix	yper Server must connect to Omixon Server. con Server connection parameters.				
Omixon Server host:	0.0.0.0				
Omixon Server port:	4380				
install4j					
		< Back	Next >	Ca	ancel



7. Especifique o endereço IP e o número de porta da base de dados MySQL (as predefinições devem funcionar corretamente se tiver instalado o MySQL localmente). Consulte o capítulo Instalar o MySQL para obter orientações de instalação.(see page 15)

🛃 Setup - Omixon HLA Twin Server 4		_		×
Persistence provider MySQL settings				
Host: localhost Port: 3306				
Test Connection Success! Please proceed with the installation.				
install4i				
	< Back	Next >	С	ancel

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



8. Selecione a arquitetura autónoma (para a configuração distribuída com vários HLA Twin Typers em servidores separados, siga o capítulo Server (distribuído) no Guia de instalação do software).

🛃 Setup - Omixon HLA Twin Server 4		_		×
Typer architecture Select your typer architecture				
Standalone				
◯ Distributed				
install4i				
	< Back	Next >	С	ancel



9. Configure as definições de memória.

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



10. Selecione a pasta de menu Iniciar.

🛃 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			v
✓ Create shortcuts for all users			
install4j			
< Back	Next >	C	ancel



11. Clique em «Finish» (Terminar).

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



3.8 Instalação do Client

3.8.1 Atualizar da versão HLA Twin 3.1.3 ou inferior

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

3.8.2 Notas antes da instalação

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



3.8.3 Instalar o HLA Twin Client

- 1. Este passo depende do sistema operativo que estiver a executar.
 - Utilizadores do Windows: Abra o instalador (omixon_hla_twin_XXX_windows-x64_with_jre-client.exe)
 - Utilizadores do Linux: Abra uma janela do terminal, obtenha permissões para o instalador (chmod
 - +x omixon_hla_twin_xxx_unix_with_jre-**client**.sh) e, em seguida, execute o instalador.
 - Utilizadores do OSX: Abra o instalador (omixon_hla_twin_xxx_macos_with_jre-client.dmg) (se estiver a utilizar o OSX 10.14.6 Mojave ou versão superior, poderá receber uma mensagem de erro. Neste caso, contacte-nos através do e-mail support@omixon.com¹⁰)

👮 Setup - Omixon HLA Twin	Client 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	igh the
	Click Next to continue, or Cancel to exit Setup.			
		Next >	Ca	ancel

¹⁰ mailto:support@omixon.com



2. Aceite o contrato de licença.

-	Setup - Omixon HLA Twin Client 4		ı ×
	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		
	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. Seleciona uma pasta para instalação.

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

🛃 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 \OmixonHlaTwin			Browse .	
Required disk space: 281 MB				
installdi				
Install4)	< Back	Next >	Ca	ancel



4. Selecione uma pasta para os ficheiros temporários.

👱 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	Bro	owse	
< Back Next	:>	Can	icel



5. Configure as definições de memória.

🛃 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				
install4i				
	< Back	Next >	Ca	ancel



6. Selecione a pasta de menu Iniciar.

🛃 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.			
Create a Start Menu folder			
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 >	С	ancel



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





3.9 Instruções para a primeira utilização

3.9.1 Estabelecer ligação ao servidor

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

Ligar o cliente

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

Server manager			
Add New Server			
	√ Connect	🗶 Exit	

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

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 🗶 Cance	
			Connect X Exit

Selecionar a ligação ao servidor e premir «Connect» (Ligar).



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

IMPORTANTE

Verificar as definições de firewall no computador servidor. Configurar a respetiva firewall para permitir que o servidor Omixon HLA aceite as ligações recebidas. Certificar-se de que as ligações de saída estão ativadas para o Omixon HLA Server, para que os clientes ligados recebam atualizações de estado (por exemplo, para apresentar informações sobre a progressão da tarefa).

Exportar e importar a configuração de ligação

Em alternativa a configurar a ligação manualmente, é possível optar por importar um ficheiro de configuração, clicando no botão «*Import configuration*» (*Importar configuração*) no cartão «*Add New Server*» (*Adicionar servidor novo*) na caixa de diálogo «*Server Manager*» (*Gestor do servidor*). Se pretender escolher esta opção, peça ao administrador do sistema que forneça um ficheiro de ligação. As definições de ligação podem ser exportadas para um ficheiro, clicando em «*Export*» (*Exportar*) na ligação selecionada, na caixa de diálogo «*Server Manager*» (*Manager*» (*Gestor do servidor*).

3.9.2 Criar o primeiro utilizador

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

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



4 Guia de iniciação rápido

4.1 Iniciar sessão

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

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

4.2 Painel de genotipagem

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

O painel é constituído pelos seguintes subecrãs:

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

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

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

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

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



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

4.3 Análise

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

4.3.1 Genotipagem simples – recomendada para amostras Holotype

A genotipagem com os parâmetros predefinidos pode ser iniciada através de um único clique no botão «Analyze» (Análise), apresentado em cada linha de cada amostra. É possível digitar várias amostras com o protocolo Holotype, selecionando-as com um clique do rato e o botão Ctrl ou Shift e premindo o botão «Simple Genotyping» (Genotipagem simples) no menu superior. Pode verificar se a tipificação está a ser executada no gestor de processos apresentado no canto superior direito. Estão disponíveis informações detalhadas acerca desta e de outras funções relacionadas como a genotipagem com parâmetros personalizados e nova análise de amostras na secção *Painel de genotipagem*.

4.3.2 Resultados

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

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

4.4 Resultados de análise de genotipagem

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

Essa ecrã consiste em três partes principais:

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

O painel de funções inclui os seguintes botões:

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

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

A tabela inclui as seguintes colunas:

- Sample (Amostra)
 - Contém o nome do ficheiro .htr que é gerado com base no nome da amostra e um carimbo de hora, que corresponde à hora em que a análise foi enviada.
 - Caso alguma amostra tenha sido analisada várias vezes, a visualização das amostras segue a ordem das análises. O utilizador pode utilizar o carimbo de hora para rastrear as horas das diferentes análises.



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

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

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

(verde) – APROVADO: o lócus foi aprovado em todos os testes de CQ,

🕨 (amarelo/verde) – INFO: um ou mais testes de CQ produziram resultados inferiores à média,

e (amarelo) – VERIFICAR: um ou mais testes de CQ produziram resultados preocupantes, é necessária uma verificação manual dos resultados,

(vermelho/amarelo) – INVESTIGAR: um ou mais testes de CQ apresentaram resultados de fraca qualidade, é necessária uma verificação manual e, eventualmente, uma nova análise,

• (vermelho) – FALHOU: um ou mais testes de CQ apresentaram resultados de qualidade muito fraca, é necessária uma verificação manual para determinar a causa e o lócus ou a amostra necessitam provavelmente de ser novamente sequenciados ou tipificados através de métodos alternativos.

- Marcações de zigosidade: Os loci heterozigotos têm a marcação X, enquanto os loci homozigotos são marcados por X. Os loci hemizigotos são marcados com I. No caso de um lócus ser hemizigoto, apenas um alelo é apresentado e a outra célula é deixada vazia. No caso de não ser possível determinar a zigosidade de um lócus com base nos dados disponíveis, este será marcado com ??
- Marcações de novidades: os alelos novos que contêm novidades exónicas (ou exónicas e intrónicas) são marcados com enquanto os loci com alelos novos, que contêm apenas novidades intrónicas, são marcados com el.

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

- Melhor estado de correspondência e atribuição: No canto extremo esquerdo do resultado de alelo apresentado, o utilizador pode ver o pequeno sinal de "marca de verificação", que indica se o resultado de alelo é ou não de um "Alelo com melhor correspondência". O ícone é azul para obter os alelos com melhor correspondência e cinzento para os alelos candidatos restantes. Para atribuir este resultado de alelo, clique simplesmente na marca de verificação o sinal passa a verde, indicando que o resultado se encontra atribuído.
- Semáforo de concordância:

o sistema de semáforo de concordância apresenta os seguintes resultados:

(verde): os resultados de SG e de CG são completamente concordantes (no 3.º campo),

- e (amarelo): os resultados de SG e CG são concordantes até quatro dígitos (2.º campo),
- 🕨 (vermelho/amarelo): os resultados de SG e CG são concordantes até dois dígitos (1.º campo),

(vermelho): os resultados de SG e CG são discordantes.

Ter em atenção que o semáforo de concordância é apresentado apenas para os alelos com melhor correspondência e apenas se o resultado foi produzido com o algoritmo de genotipagem Twin e o algoritmo Estatístico tiver sido executado para o lócus específico.

- Homozigosidade: Os alelos apresentados no tipo de letra azul são homozigotos.
- Antígenos equivalentes sorológicos: Se as informações sobre os antígenos equivalentes sorológicos associados estiverem disponíveis para o lócus, a descrição do *ícone antígeno* il contém essa informação.
- Os alelos raros são marcados com um *ponto de exclamação* 😍 .
- Os alelos novos que contêm novidades exónicas (ou exónicas e intrónicas) são marcados com 🖧 , enquanto os alelos novos que contêm apenas novidades intrónicas são marcados com 🖧 .
- Os alelos desequilibrados são apresentados com tipo de letra em itálico.
- Extensões de alelos: Os alelos com sequência de alelos expandida são marcados com um sinal de mais 📌



Amplificação baixa: Caso se encontre na lista de alelos menores desequilibrados um alelo menor com amplificação baixa reconhecida, este alelo é marcado com
 Neste caso, recomenda-se vivamente a validação do resultado homozigoto através de um método de genotipagem alternativo (por exemplo, SSO).

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

(i) Nota

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

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

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

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

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

4.4.1 Resolução de problemas com resultados ausentes

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

Para loci não DRB3/4/5:

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

Para DRB3/4/5:

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

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

4.5 Resultados de amostra de genotipagem

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

Este ecrã pode ser dividida em quatro secções principais:

• Painel de informação – ter em atenção que a estrutura deste painel é bastante idêntica à do painel de informação do painel de genotipagem (ver detalhes acima)



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

O painel de funções inclui os seguintes botões:

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

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

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

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

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

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

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

4.6 Browser de genes

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

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

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

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

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



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

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

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

Pistas adicionais:

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

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

Modos adicionais para pistas de leitura abreviada

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

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

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

4.7 Painel Definições

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

4.7.1 Informações gerais

Existem três blocos de informação no painel de Definições:

- Edição Omixon HLA: esta parte inclui o nome e a versão do software, o identificador da compilação com um botão dedicado de cópia para a área de transferência, bem como algumas informações de contacto e de direitos de autor.
- Edição Omixon HLA: esta parte inclui o nome, a versão e o número de referência do software, o identificador da compilação com um botão dedicado de cópia para a área de transferência, bem como algumas informações de contacto e de direitos de autor.
- Company info (Informação da empresa): esta parte contém o nome, endereço, Web site, contacto técnico e comercial da empresa.



4.7.2 Barra lateral

A barra lateral esquerda inclui os seguintes conjuntos de funções:

Generalidades

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

Base de dados

Através da função «Install New Database» (Instalar base de dados nova), o utilizador pode configurar uma ou várias versões da base de dados IMGT utilizada para genotipagem. Através da função Select Active Database (Selecionar base de dados ativa), o utilizador pode especificar a versão ativa da base de dados. A genotipagem será sempre iniciada através da versão ativa. Pode definir se pretende utilizar ou não extensões de base de dados no menu Configure Database Extensions (Configurar Extensões da Base de Dados).

Administração

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

Automatização

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

Screen Settings (Definições de Ecrã)

Neste grupo de funções, o utilizador pode alterar as configurações de visualização para o browser de genes. Ter em atenção que estas alterações vão modificar o comportamento e o aspeto predefinidos do software. Caso o utilizador pretenda alterar apenas temporariamente as definições do browser, deve ser utilizada a opção *Display configuration (Configuração de visualização)* no ecrã do browser. O utilizador pode repor todos os parâmetros de acordo com os valores predefinidos, através da funcionalidade *Restore defaults (Restaurar predefinições)*. Para obter mais detalhes destas definições, consultar a seguinte página de ajuda: *Browser de genes*.