

Manual do utilizador

**Software de Análise de Sequenciação uTYPE™
HLA**

Versão 7.x Rev 03

Ref. Cat. N.º: 539992



Todos os produtos de software One Lambda foram concebidos para auxiliar profissionais com experiência na análise dos genes HLA através da sugestão de resultados de digitação. No entanto, quaisquer resultados clínicos ou diagnósticos têm de ser cuidadosamente revistos por uma pessoa qualificada na digitação de HLA para assegurar a sua precisão. Este software poderá ser utilizado como ferramenta auxiliar através da sugestão de resultados, mas não deverá ser utilizado como o único método de determinação dos resultados reportáveis. Este software destina-se a ser um auxiliar de laboratório, não uma fonte de resultados definitivos. A conceção do software não atenua os perigos associados ao software. O diretor ou técnico do laboratório com formação em análises de histocompatibilidade deverá rever todos os dados para detetar quaisquer problemas com o software. Tenha em atenção que o presente documento foi redigido antes do lançamento do software. Assim, poderá notar ligeiras diferenças de conteúdo relativamente aos ecrãs efetivos da aplicação.

As informações neste documento estão sujeitas a alterações sem aviso prévio.

A ONE LAMBDA EXCLUI TODAS AS GARANTIAS, EXPRESSAS OU IMPLÍCITAS, RELATIVAS A ESTE DOCUMENTO, INCLUINDO, ENTRE OUTRAS, AS DE COMERCIALIZAÇÃO OU ADEQUAÇÃO A UM FIM ESPECÍFICO. EM CASO ALGUM SERÁ A APPLIED BIOSYSTEMS RESPONSÁVEL, QUER CONTRATUAL OU EXTRA CONTRATUALMENTE, AO ABRIGO DE GARANTIA OU QUALQUER OUTRO ESTATUTO OU FUNDAMENTO, POR DANOS ESPECIAIS, INCIDENTAIS, INDIRETOS, PUNITIVOS, MÚLTIPLOS OU CONSEQUENCIAIS RELACIONADOS COM ESTE DOCUMENTO OU DELE DECORRENTES, INCLUINDO, ENTRE OUTROS, A UTILIZAÇÃO DO MESMO.

Autorização de utilização limitada: Isenção de responsabilidade do produto

Os produtos incluídos neste Guia do Utilizador podem estar abrangidos por uma ou mais Autorizações de utilização limitada. Consulte a documentação do respetivo produto ou o website da One Lambda em www.onelambda.com para informações completas sobre as autorizações. Ao utilizar estes produtos, o comprador estará a aceitar os termos e condições de todas as Autorizações de utilização limitada aplicáveis. Estes produtos são vendidos apenas para fins de investigação e não se destinam a fins de diagnóstico humano ou animal nem a utilizações terapêuticas, salvo indicação em contrário na documentação do produto aplicável ou na(s) respetiva(s) Licença(s) de Utilização Limitada. Para mais informações sobre como obter direitos adicionais, contacte a One Lambda.

A compra isolada deste produto de software não implica autorização alguma, expressa ou implícita, ao abrigo dos direitos de qualquer processo, instrumento ou outro aparelho, sistema, composição, reagente ou kit sob a titularidade ou de algum modo controlado pela One Lambda.

Marcas comerciais

As marcas comerciais aqui mencionadas são propriedade da One Lambda e dos respetivos proprietários. SeCore é uma marca comercial registada da One Lambda. uTYPE é uma marca comercial registada da One Lambda.

Adobe, Reader e Acrobat são marcas comerciais da Adobe Systems Incorporated. Todas as restantes marcas comerciais são da exclusiva propriedade dos respetivos titulares. Winzip é uma marca comercial registada da Corel.



One Lambda, Inc.
22801 Roscoe Blvd.,
West Hills, CA 91304 EUA
Tel.: 747.494.1000 • Fax: 747.494.1001
www.onelambda.com



Representante na Europa:
MDSS GmbH
Schiffgraben 41, 30175
Hannover, Alemanha

© 2020 Thermo Fisher Scientific Inc. Todos os direitos reservados. Luminex é uma marca comercial da Luminex Corporation. Windows é uma marca comercial da Microsoft Corporation. Todas as outras marcas comerciais são propriedade da Thermo Fisher Scientific e respetivas subsidiárias. Especificações, termos e preços sujeitos a alterações. Alguns produtos podem não estar disponíveis em todos os países. Consulte o seu representante de vendas local para obter mais informações.

Conteúdo

Conteúdo	3
Acerca deste guia	6
Utilizadores	6
Pressupostos	6
Palavras de alertas de segurança	6
Informação do produto.	8
Visão geral do Software de Sequenciação uTYPE 7.x.....	8
Utilização prevista	8
Configuração inicial	9
Requisitos do sistema.....	9
Requisitos dos ficheiros de introdução	9
Efetuar cópias de segurança dos ficheiros existentes.....	11
Introdução	12
Fluxo de trabalho sugerido	12
Iniciar a sessão no software	13
Especificar a localização de armazenamento dos resultados guardados.....	15
Carregar ficheiros de sequências.....	16
Caixa de diálogo Load Files (Carregar ficheiros).....	18
Visão geral da janela principal.....	21
Painel do navegador de bases	23
Área Upper Navigator (Navegador superior).....	23
Área Lower Navigator (Navegador inferior)	24
Painel de visualização de sequências.....	24
Painel de visualização de traçados de eletroferogramas	26
Curvas de traçados	27
Nomenclaturas das bases	27
Nome e dados de sinal da amostra	27
Visão geral da sequência.....	28
Painel de navegação e revisão	28
Menu Electropherogram (Eletroferograma).....	29

Painel Match List (Lista de correspondências).....	32
Menu Match List (Lista de correspondências)	34
Run Next Mismatch Block (Processar bloco discordante seguinte)	35
Mostrar mutação e informações de GSSP	37
Lista de correspondências e visualização de traçados	38
Filtrar discordâncias de alelos nulos da Match List (Lista de correspondências) ..	38
Lista de amostras e painel de auditoria	39
Menu Sample List (Lista de amostras).....	41
Menu Sequence (Sequência)	43
Editar traçados	44
Editar um traçado	44
Editar um traçado com a barra IUB	45
Anular edições num traçado.....	45
Filtrar as correspondências mais próximas	46
Guardar, recuperar e reportar resultados	48
Guardar informações de amostras e casos	48
Rever os dados guardados	49
Imprimir e personalizar o relatório	52
Opções de pré-visualização de relatórios	54
Resolver ambiguidades	58
Resolver ambiguidades com GSSP.....	58
Seleção e informações de GSSP.....	59
Análise de GSSP	60
Resolver ambiguidades de alelos através da ferramenta de GSSP	62
Rever e aprovar genótipos	64
Revisão e envio de amostras	64
Aprovação de amostras.....	65
Definições.....	67
Separador General (Geral).....	67
Separador Exon Trim Options (Opções de encurtamento de exões)	70
Separador Database Options (Opções da base de dados)	72

Separador GSSP.....	73
Separador Configuration (Configuração)	75
Separador IMG T Code Files (Ficheiros de código IMG T).....	78
Administração e manutenção do software.....	79
Adicionar e remover utilizadores.....	79
Alterar a palavra-passe.....	80
Atualizar a biblioteca.....	81
Verificar se a biblioteca foi atualizada	81
Ferramentas	82
Ferramenta de estudo de alinhamento dos alelos.....	82
Ferramenta de comparador de alelos.....	83
Ferramenta de lupa.....	84
Ferramenta de CQ da biblioteca por sequência no FASTA e consulta de nomenclatura	85
Confirmar que a atualização da biblioteca foi carregada.....	85
Consulta de nomenclatura	86
Referência	87
Visão geral da barra de ferramentas.....	87
Teclas de atalho	89
Definições de tipo final da amostra	90
Gerador de registo de placas.....	92
Imprimir um eletroferograma	93
Relatórios de qualidade.....	93
Resolução de problemas	96
Mensagens de erro.....	96
Problemas e soluções.....	97
Anomalias.....	102
Limitações e precauções.....	102
Referências bibliográficas.....	103
Assistência:	104
Obter assistência	104

Acerca deste guia

Este guia fornece instruções para a utilização do Software de Sequenciação uTYPE 7.x, doravante designado por Software uTYPE 7.x. Este guia inclui:

- Procedimentos que mostram como realizar a edição básica de traçados baseados em sequências (“sequence-based trace” = SBT)
- Procedimentos para tarefas de administração e manutenção
- Uma secção de Referência que ilustra e descreve os elementos da interface do software
- Uma secção de Resolução de problemas

Utilizadores

Este guia destina-se a técnicos de laboratório responsáveis pela análise de dados de sequenciação ou alinhamento dos alelos dos HLA.

Pressupostos

Este guia parte do pressuposto de que o utilizador:

- Instalou o Software uTYPE 7.3
- Está a processar ficheiros de sequências .ab1 gerados pelos Applied Biosystems Genetic Analyzers
- Tem experiência (ou está a receber formação) na resolução de discrepâncias nos dados de traçados

Palavras de alertas de segurança

Surgem quatro palavras de alerta de segurança na documentação do utilizador do Invitrogen em determinadas partes do documento onde é necessário o utilizador estar ciente dos perigos relevantes. Cada palavra de alerta – **IMPORTANT, CAUTION, WARNING, DANGER (IMPORTANTE, CUIDADO, ATENÇÃO, PERIGO)** – implica um determinado nível de observação ou ação, conforme definido em seguida:

IMPORTANTE! – Indica informações que são necessárias para o funcionamento adequado do sistema ou utilização correta do kit de substâncias químicas.



ATENÇÃO! – Indica uma situação potencialmente perigosa que, se não for evitada, pode resultar em lesões ligeiras ou moderadas. Também pode ser utilizada para alertar contra práticas pouco seguras.



ADVERTÊNCIA! – Indica uma situação potencialmente perigosa que, se não for evitada, pode resultar em lesões ligeiras ou moderadas. Também pode ser utilizado para alertar contra práticas pouco seguras.



PERIGO! – Indica uma situação eminentemente perigosa que, se não for evitada, resultará em morte ou lesões graves. Esta palavra de sinalização deverá limitar-se às situações mais extremas.

À exceção da indicação de **IMPORTANTE**, cada palavra de alerta de segurança presente num documento da Invitrogen surge com uma figura de triângulo aberto que contém um símbolo de perigo.

Informação do produto.

Visão geral do Software de Sequenciação uTYPE 7.x

O Software uTYPE 7.x processa ficheiros de dados de amostras de ADN referentes a antígenos leucocitários humanos (“Human Leukocyte Antigens” = HLA) de Classe I e Classe II para análise e atribuição dos alelos dos HLA por comparação com a base de dados IMGT/HLA. Os ficheiros de dados de amostras são gerados a partir das amostras processadas com os Kits de Sequenciação SeCore® ou de GSSP e os Applied Biosystems Genetic Analyzers.

O Software uTYPE 7.x pode ser utilizado para analisar:

Locus	Exões
HLA A	1,2,3,4,5
HLA B	1,2,3,4,5
HLA C	1,2,3,4,5,6,7
HLA DRB1	1,2,3
HLA DRB3,4,5	2,3
HLA DQA1	1,2, 3, 4
HLA DQB1	2,3
HLA DPA1	2
HLA DPB1	2,3,4
MICA	2,3,4,5
MICB	2,3,4,5

Utilização prevista

O Software uTYPE 7.x destina-se a interpretar e fazer a correspondência entre os dados de sequenciação gerados no analisador genético com software de recolha de dados utilizando os kits de sequenciação de HLA e sequências conhecidas de digitação de HLA.

Configuração inicial

Requisitos do sistema

O Software uTYPE 7.x tem os seguintes requisitos mínimos para o computador e sistema operativo:

- PC com unidade de CD-ROM ou ligação em rede.
- Mínimo de 1 GB de espaço livre em disco no diretório de instalação do software.
- Sistemas operativos compatíveis: Windows 10

Requisitos dos ficheiros de introdução

O Software uTYPE 7.x requer ficheiros de sequências .ab1 gerados pelo Software dos ABI Genetic Analyzers. Os ficheiros devem seguir as convenções de nomenclatura de ficheiros do Software uTYPE 7x.

Atribua nomes às amostras no Software uTYPE 7.x de acordo com os seguintes critérios:

- Máximo de 24 caracteres
- Sem caracteres especiais (espaços , / : \ * ? " < > |)
- A ID da amostra inclui todos os caracteres antes do primeiro hífen ou underscore

O software examina o nome do ficheiro relativamente às designações de locus e direções de exões no ficheiro de amostra e utiliza essas informações para preencher os campos na caixa de diálogo **Load Files** (Carregar ficheiros).

Se os nomes das amostras contiverem erros, estas não serão carregadas e surgirá um bloco vermelho na caixa de diálogo **Load Files** (Carregar ficheiros) a mostrar as informações em falta. Por exemplo, na figura seguinte, é necessário editar o “Locus” nos nomes dos ficheiros.

Sample	Locus	Special	Exon	File Name	Path
<input type="checkbox"/> 406		SP23	0F	406_23_G02.ab1	C:\Documents and Seti
<input type="checkbox"/> 406			2F	406_2F_A02.ab1	C:\Documents and Seti
<input type="checkbox"/> 406			2R	406_2R_H02.ab1	C:\Documents and Seti
<input type="checkbox"/> 406			3F	406_3F_C02.ab1	C:\Documents and Seti
<input type="checkbox"/> 406			3R	406_3R_D02.ab1	C:\Documents and Seti
<input type="checkbox"/> 406			4F	406_4F_E02.ab1	C:\Documents and Seti
<input type="checkbox"/> 406			4R	406_4R_F02.ab1	C:\Documents and Seti

A ID da amostra pode conter hífenes para separar o nome da amostra do grupo DRB1 quando for utilizado o Kit de Grupo DRB. Começando pelo nome do locus, todos os outros dados devem ser separados por underscores em vez de espaços.

O formato padrão é:

[ID da amostra]_[locus]_[exão e direção]

Nota: Será anexada a todos os ficheiros de dados uma ID da sequência atribuída pelo analisador genético, por exemplo, a ID da amostra_A_2F introduzida pelo utilizador tornar-se-á ID da amostra_A_2F_C01_1085.ab1.

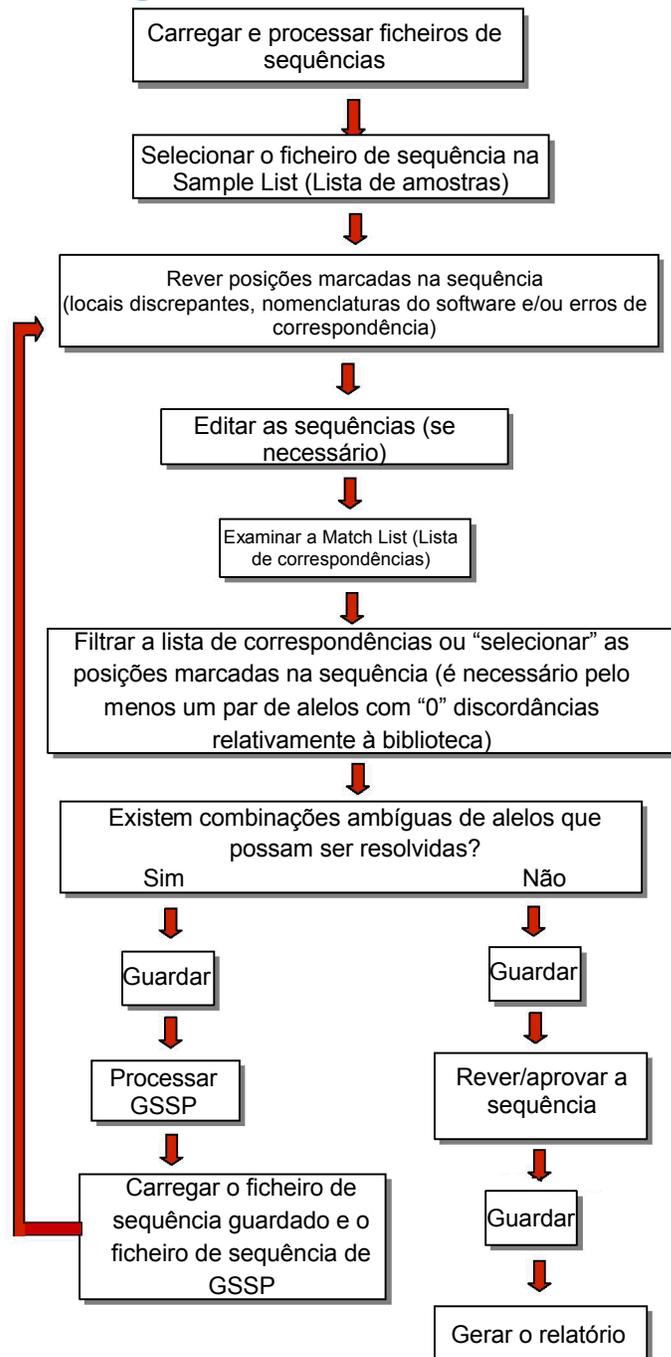
Kit	Designação do locus	Convenções de nomenclatura específicas	Exemplo
Locus A	_A_	Nenhum	<i>ID da amostra_A_2F</i>
Locus B	_B_	Nenhum	<i>ID da amostra_B_2F</i>
Locus C	_C_	Nenhum	<i>ID da amostra_C_3F</i>
DPA1	_DPA_ ou DPA1	Nenhum	<i>ID da amostra_DPA_2R</i>
Locus DPB1	_DPB_ ou _DPB1_	Z38 indica o codão 85 Z39 indica o codão 8	<i>ID da amostra_DPB_2R</i> <i>ID da amostra_DPB_Z38</i> <i>ID da amostra_DPB_Z39</i>
Locus DQA1	_DQA_	Nenhum	<i>ID da amostra_DQA_2R</i>
Dois Amp DQB1	_DQB_ ou _DQB1_	Nenhum	<i>ID da amostra_DQB1_2F</i>
Locus DRB1	_DRB1_	TG indica o codão 86.	<i>ID da amostra_DRB1_2F</i> <i>ID da amostra_DRB1_TG</i>
Grupo DRB	_DRB_	Utilize a parte do nome da amostra à frente da designação de locus para indicar o grupo DRB1 específico. Consulte o Exemplo para DRB1*01, DRB1*08, DRB 3, DRB 4 e DRB5.	<i>ID da amostra-01_DRB1_2F</i> <i>ID da amostra-08_DRB1_2F</i> <i>ID da amostra_DRB3_2</i> <i>ID da amostra_DRB4_2F</i> <i>ID da amostra_DRB5_2F</i>
GSSP	[locus]_N.º Z_	Inclui o nome do locus seguido do número do primer Z	<i>ID da amostra_A_Z5</i> <i>ID da amostra_A_Z13</i>
MICA	_MICA_	Nenhum	<i>ID da amostra_MICA_2F</i>
MICB	_MICB_	Nenhum	<i>ID da amostra_MICB_2F</i>

Efetuar cópias de segurança dos ficheiros existentes

IMPORTANTE! Efetue a cópia de segurança dos dados antes de instalar uma nova versão do software. No mínimo, efetue a cópia de segurança da pasta de instalação do Software 7.x e respetiva pasta de armazenamento. A pasta de armazenamento pode estar na pasta de instalação ou numa pasta de rede designada.

Desinstale versões anteriores do software antes de instalar o Software uTYPE 7.x.

Fluxo de trabalho sugerido



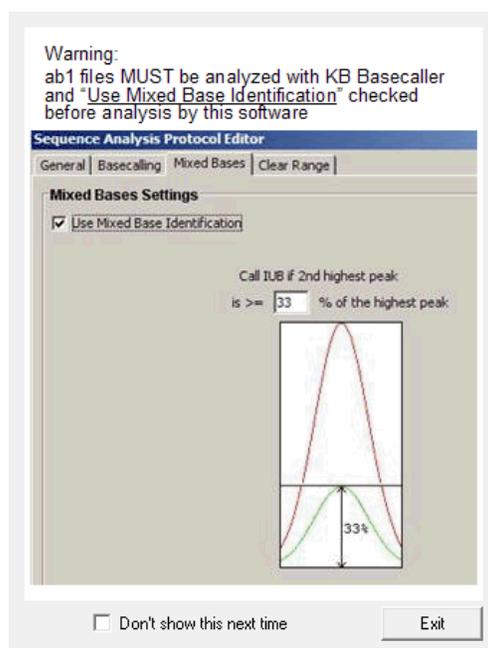
Iniciar a sessão no software

Nota: Cada utilizador necessitará de um nome de utilizador e uma palavra-passe exclusivos. Apenas um Supervisor pode criar utilizadores. Consulte [Add and remove users \(Adicionar e remover utilizadores da página\)](#).

1. Inicie o software selecionando **Start > Programs > SBT > HLA SBT uTYPE 7.x (Iniciar > Programas > SBT > SBT de HLA uTYPE 7.x)** ou clicando duas vezes no ícone do Software HLA SBT uTYPE7.x  no ambiente de trabalho.
2. Selecione o seu nome de utilizador no menu pendente, introduza a sua palavra-passe e clique em **Logon (Iniciar sessão)**.



3. Aparece o ecrã de aviso. Todos os ficheiros .ab1 têm de ser analisados utilizando a identificação de base mista. Clique em "Exit" (sair) neste ecrã.



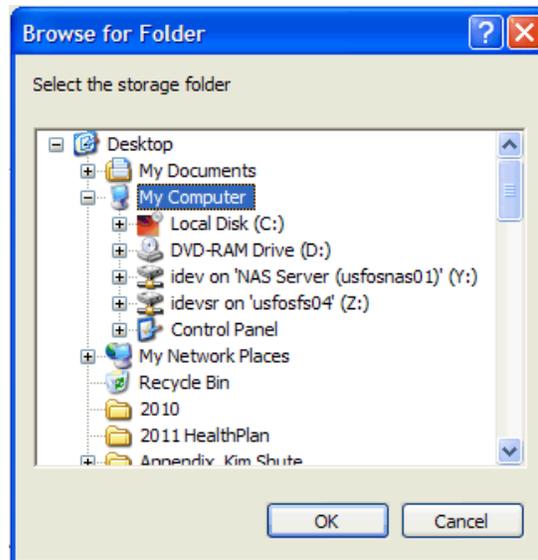
IMPORTANT! Se os seus ficheiros de biblioteca tiverem mais de 120 dias, será apresentado um aviso no seu ecrã de início de sessão. Para instruções sobre como solicitar a biblioteca da base de dados, consulte [Update Library](#) (Atualizar a biblioteca).

Especificar a localização de armazenamento dos resultados guardados

O software cria uma pasta de armazenamento na localização predefinida: C:\Program Files\Invitrogen\SBT\storage

Se pretender alterar a localização da pasta de armazenamento da base de dados, é necessário iniciar a sessão como um utilizador com nível de Supervisor. Além disso, não pode ter qualquer ficheiro carregado quando alterar a localização de armazenamento.

1. Inicie a sessão como um utilizador com nível de Supervisor.
2. Antes de carregar qualquer ficheiro, clique no ícone **Settings** (Definições)  > **Database Options tab > Set to new location** (Opções da base de dados > Definir nova localização) na barra de ferramentas.

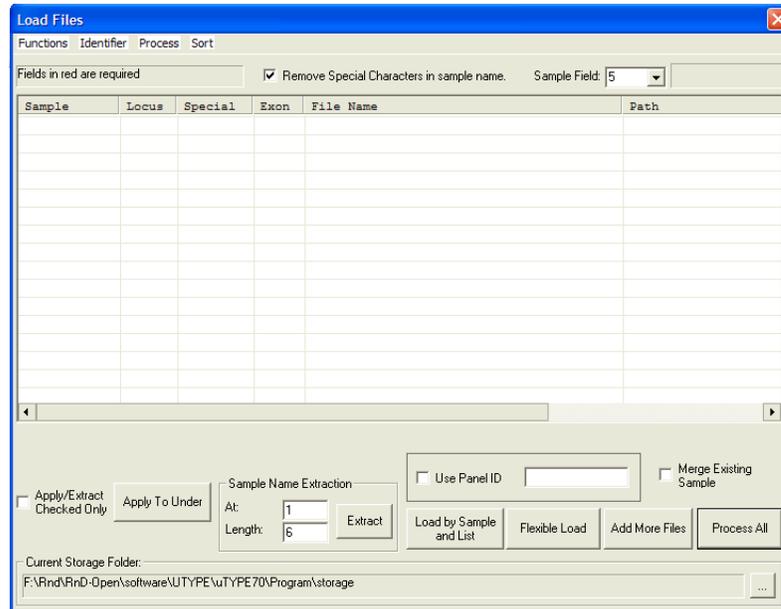


5. Escolha a nova localização da pasta de armazenamento da base de dados e clique em **OK**.

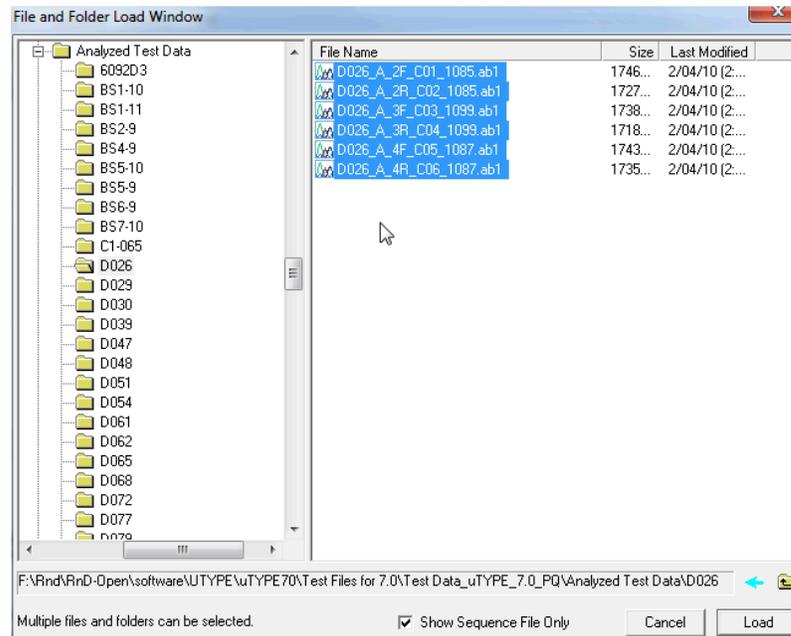
Se pretender repor a pasta de armazenamento da base de dados na localização predefinida, clique em **Reset to default** (Repor predefinição).

Carregar ficheiros de seqüências

1. Selecione File > Load Files (Ficheiro > Carregar ficheiros) ou clique em  na barra de ferramentas. Em alternativa, os ficheiros .ab1 podem ser arrastados da interface do Windows para a janela principal.
2. Quando a janela Load Files (Carregar ficheiros) se abrir, clique em Flexible Load (Carregamento flexível).



3. Navegue até à localização dos seus ficheiros.

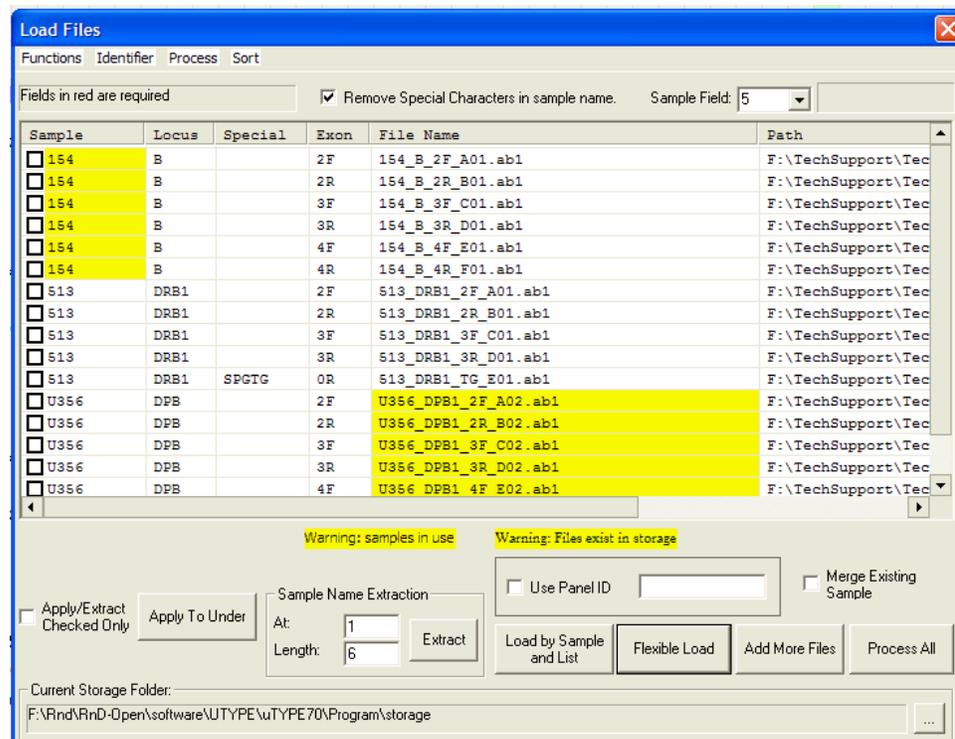


4. Selecione **Show Sequence File Only** (Mostrar apenas ficheiros de sequências) para mostrar apenas ficheiros .ab1.

5. Selecione os ficheiros ou as pastas com que pretende trabalhar e clique em **Load** (Carregar). Podem ser selecionados e carregados ficheiros individuais ou várias pastas.

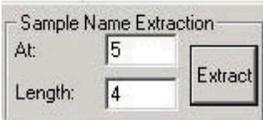
Por defeito, o software voltará automaticamente a esta pasta da próxima vez que carregar ficheiros.

6. Na janela **Load** (Carregar ficheiros), clique em **“Process All”** (Processar tudo) para processar todos os ficheiros. Os ficheiros são carregados e surgem na **Sample List** (Lista de amostras). Para mais informações, consulte [Sample List and Audit Pane](#) (Lista de amostras e painel de auditoria).



O software fornece uma indicação visual quando os ficheiros de amostras estão atualmente em utilização (fundo amarelo no nome da amostra) ou quando já existem em armazenamento (fundo amarelo no nome do ficheiro). Esta funcionalidade serve de aviso para ajudar a evitar que dois utilizadores editem os mesmos ficheiros ou substituam dados anteriormente analisados e está limitada a terminais/utilizadores que acedam à mesma pasta de armazenamento em rede.

Caixa de diálogo Load Files (Carregar ficheiros)

Colunas e botões	Descrição e utilização
Coluna Sample (Amostra)	A coluna Sample (Amostra) mostra o nome da amostra que está a ser extraída. O nome da amostra pode ser editado selecionando-o e introduzindo as alterações.
Coluna Locus	<p>A coluna Locus é preenchida automaticamente pelo Software uTYPE 7.x ou definida pelo utilizador. Está acessível uma lista pendente ao selecionar o campo de introdução. O locus pode ser selecionado clicando duas vezes.</p> <p>A função Apply To Under (Aplicar infra) preenche o locus em vários ficheiros depois de ter sido selecionada a primeira linha.</p> <p>As caixas vermelhas indicam um locus em falta; é necessário introduzir um locus para realizar a análise.</p>
Coluna Special (Especial)	A coluna Special (Especial) é utilizada para definir ficheiros de dados de GSSP. Isto permite ao software combinar ficheiros de Classe I e Classe II com um primer "Z" específico e/ou com ficheiros de codão 86. Consulte as convenções de nomenclatura em Input file requirements (Requisitos dos ficheiros de introdução). O codão 86 e os primers "Z" podem ser selecionados na lista pendente. O N.º Z tem como prefixo a notação "SP" para utilização do programa.
Coluna Exon (Exão)	A coluna Exon (Exão) apresenta o exão e a direção associados ao nome do ficheiro. Cada ficheiro tem de ter um exão e uma direção associados para a análise do software. 0F é utilizado para ficheiros de GSSP.
Coluna File Name (Nome do ficheiro)	A coluna File Name (Nome do ficheiro) mostra os nomes dos ficheiros.
Coluna Path (Caminho)	A coluna Path (Caminho) mostra o caminho do diretório até à localização do ficheiro.
Sample Name Extraction (Extração de nome da amostra)	<p>A função Sample Name Extraction (Extração de nome da amostra) pode ser utilizada para definir a ID da amostra inserida no nome do ficheiro. Introduza a posição de início do nome da amostra no campo "At" (Em). Introduza o comprimento do nome da amostra no campo "Length" (Comprimento). A função "Extract" (Extrair) encontra o nome da amostra.</p>  <p><i>Nota: os nomes originais dos ficheiros não são alterados pela análise.</i></p>
Apply/Extract Checked Only (Aplicar/Extrair seleções)	<p>Selecione esta caixa para aplicar outras funções da janela Load Files (Carregar ficheiros) apenas aos ficheiros que tenha "selecionado".</p> <p>A função Extract (Extrair) extrai os nomes das amostras apenas das linhas</p>

apenas)	selecionadas.
	A função Apply to Under (Aplicar infra) aplica o locus atual a todas as amostras selecionadas.
Menu pendente Function (Função)	A lista pendente Function (Função) permite incluir ou remover os ficheiros carregados na janela File Load (Carregar ficheiros). O utilizador pode seleccionar “Check All” (Selecionar tudo) e “Uncheck All” (Desseleccionar tudo) para especificar ficheiros para uma determinada ação. “Remove Checked” (Remover selecionados), “Remove All” (Remover tudo) e “Remove Files in Yellow” removem os ficheiros especificados.
Menu pendente Identifier (Identificador)	A lista pendente Identifier (Identificador) aplica-se à convenção de nomenclatura do ficheiro. O utilizador pode seleccionar “Use Underscore” (Utilizar sublinhado) ou “Use Dot.” (Utilizar ponto). para o delimitador de nome. A predefinição é um underscore “_”.
Menu pendente Process (Processar)	A lista pendente Process (Processar) permite realizar as ações “Process All” (Processar tudo) ou “Process Checked Files” (Processar ficheiros selecionados).
Menu pendente Sort (Ordenar)	A lista pendente Sort (Ordenar) permite ordenar os ficheiros de amostras por “Sample Name” (Nome da amostra) ou “Locus”.
Use Panel ID (Usar ID de painel)	A caixa de verificação Use Panel ID (Usar ID de painel) permite atribuir manualmente uma ID de painel a todas as amostras que se encontram na janela Load Files (Carregar ficheiros) para guardar ou recuperar ficheiros como um painel. Uma vez assinalada, a opção Use Panel ID (Usar ID de painel) permanecerá selecionada até o utilizador remover a marca de verificação. Se a opção Use Panel ID (Usar ID de painel) estiver selecionada e não for introduzido um nome, o software preenche automaticamente este campo com o nome da pasta ao guardar a amostra.
Merge Existing Sample (Intercalar amostra existente)	A caixa de verificação Merge Existing Sample (Intercalar amostra existente) recupera e carrega automaticamente na Sample List (Lista de amostras) ficheiros de sequências padrão analisados e guardados para análise com o ficheiro de dados de GSSP correspondente após a seleção de Process All (Processar tudo). A funcionalidade está limitada a terminais/utilizadores que acedam à mesma pasta de armazenamento em rede.
Load by Sample and List (Carregar por amostra e lista)	Load by Sample and List (Carregar por amostra e lista) ativa a função de consulta para pesquisar uma amostra.
Flexible Load (Carregamento flexível)	Flexible Load (Carregamento flexível) apresenta um explorador de diretórios. Podem ser selecionadas e carregadas várias pastas de uma só vez mantendo a tecla Control premida e selecionando as pastas na janela do lado direito. Uma vez selecionada uma pasta no diretório, o seu conteúdo será apresentado na coluna do lado direito para seleção.
Add More Files (Adicionar mais ficheiros)	Add More Files (Adicionar mais ficheiros) abre uma janela de explorador para carregar ficheiros de sequências individualmente.

Process All (Processar tudo)	Selecione Process All (Processar tudo) para analisar os dados.
Sample Field (Campo da amostra)	A função Sample Field (Campo da amostra) pode ser utilizada para definir um nome da amostra inserido. É necessário efetuar alterações antes de carregar os ficheiros. Por exemplo, em N.º de poço_Nome da amostra_Locus_XX, a definição do campo da amostra é 2 porque o nome da amostra corresponde à segunda posição delimitada.
Remove Special Characters in sample name (Remover caracteres especiais do nome da amostra)	Remove Special Characters in sample name (Remover caracteres especiais do nome da amostra) remove automaticamente quaisquer caracteres especiais inseridos no nome da amostra. Apenas podem ser removidos os caracteres de aspas duplas: “ e ”.

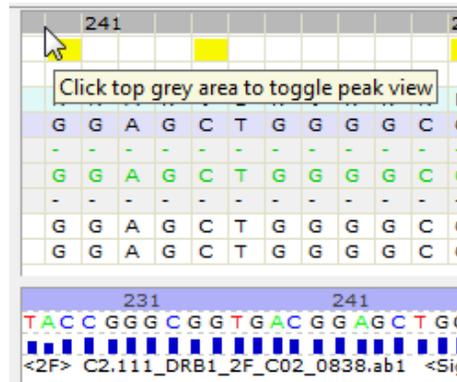
Visão geral da janela principal

Depois de carregar os ficheiros da amostra, a janela principal do uTYPE 7.x aparece o software:

The screenshot displays the main interface of the uTYPE 7.x software. On the left, there is a 'Sample' list and a table of 'MM (8705)' with columns for 'Allele' and 'Info'. The central area shows a 'Position Marker' and 'Reviewed' status for 'Exon 2'. The right side features a 'Navigator de bases' and a 'Visualização de seqüências' section with multiple sequence tracks and an 'eletroferograma' (electropherogram) showing peaks for each base. Labels with arrows point to various components: 'Lista de amostras' (Sample list), 'Lista de correspondências de alelos' (Allele correspondence list), 'Sinalizadores de alelos raros e GSSP' (Rare alleles and GSSP indicators), 'Resolução, código P e G, visualização em 2 campos' (Resolution, P and G codes, 2-field visualization), 'Detalhe de pico' (Peak detail), 'Navegador de bases' (Base navigator), 'Visualização de seqüências' (Sequence visualization), 'Visualização do eletroferograma' (Electropherogram visualization), and 'Informações da seqüência' (Sequence information).

A janela de visualização principal contém: Sample List (Lista de amostras), Base Navigator (Navegador de bases), Sequence Display (Visualização de sequências), Electropherogram Trace Display (Visualização de traçados de eletroferogramas), vista Peak Detail (Detalhe de pico) e Match List (Lista de correspondências) de alelos. Cada painel é ajustável.

Se o painel de vista de detalhe de pico não estiver aberto, clique no canto superior esquerdo da janela Sequence Display (Visualização de sequências) ou na extremidade esquerda do painel Electropherogram Trace Display (Visualização de traçados de eletroferogramas) e arraste-a para a direita.



Painel do navegador de bases

O fundo do navegador de bases mostra os exões disponíveis para análise conforme o locus carregado. Se surgir “UN” na **Sample List** (Lista de amostras), o fundo passa a apresentar “Exon Unknown” (Exão desconhecido). O navegador de bases tem dois níveis: a área **Upper Navigator** (Navegador superior) e a área **Lower Navigator** (Navegador inferior).

Área Upper Navigator (Navegador superior)



A área **Upper Navigator** (Navegador superior) apresenta as discrepâncias entre a sequência de avanço e recuo, bem como as discrepâncias entre a sequência de amostra e a sequência de consenso. Também identifica locais editados e filtrados.

Navegue até qualquer posição clicando em  ou  na barra de ferramentas. A caixa de visualização retangular identifica a localização do cursor verde que se alinha com o painel **Sequence Display** (Visualização de sequências) e o painel **Electropherogram Trace Curve** (Curva do traçado do eletroferograma).

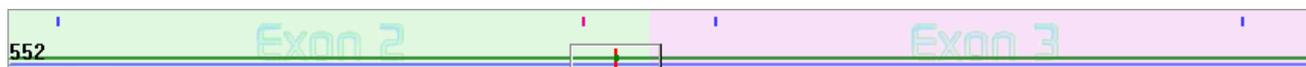
Caixa de visualização (pode situar-se na área superior ou inferior)



Cor	Definição
	Discordância com a sequência de consenso ou o par de alelos na Match List (Lista de correspondências)
	Discrepância entre a sequência de avanço e recuo
	Posições de discordância da correspondência mais próxima. Apresentado apenas se MM estiver selecionado na barra de ferramentas 
	Posição filtrada
	Posição editada manualmente
	Posição editada pelo software
	Indica uma posição “selecionada” 
	Revisão avançada de bases definida pelo utilizador

Área Lower Navigator (Navegador inferior)

Para se deslocar entre a área do navegador superior e inferior, clique na área pretendida.



A área **Lower Navigator** (Navegador inferior) mostra discordâncias com a correspondência de alelos mais próxima. A área inferior surge quando é selecionado um par de alelos na **Match List** (Lista de correspondências). Todas as discordâncias associadas a essa combinação específica surgem como um ponto vermelho na caixa de visualização. Uma linha horizontal verde indica uma sequência de avanço, azul indica uma sequência de recuo e preta indica uma sequência de GSSP. O comprimento da linha indica a cobertura de cada sequência.

Os códigos de cores são idênticos aos do navegador superior na página anterior .

Painel de visualização de sequências

Para abrir e fechar o painel de legendas de **Sequence Display** (Visualização de sequências), clique na barra superior cinzenta na janela do navegador inferior.

O painel **Sequence Display** (Visualização de sequências) alinha a sequência de Padrão (a sequência determinada pelo software) com a sequência de Consenso para identificar as correspondências de alelos mais próximas. A sequência de Padrão é um composto de dados de sequências de avanço e recuo.

Os códigos de cores para os quadrados coloridos são idênticos aos do navegador superior na página anterior .

Legenda da sequência

Visualização de sequências

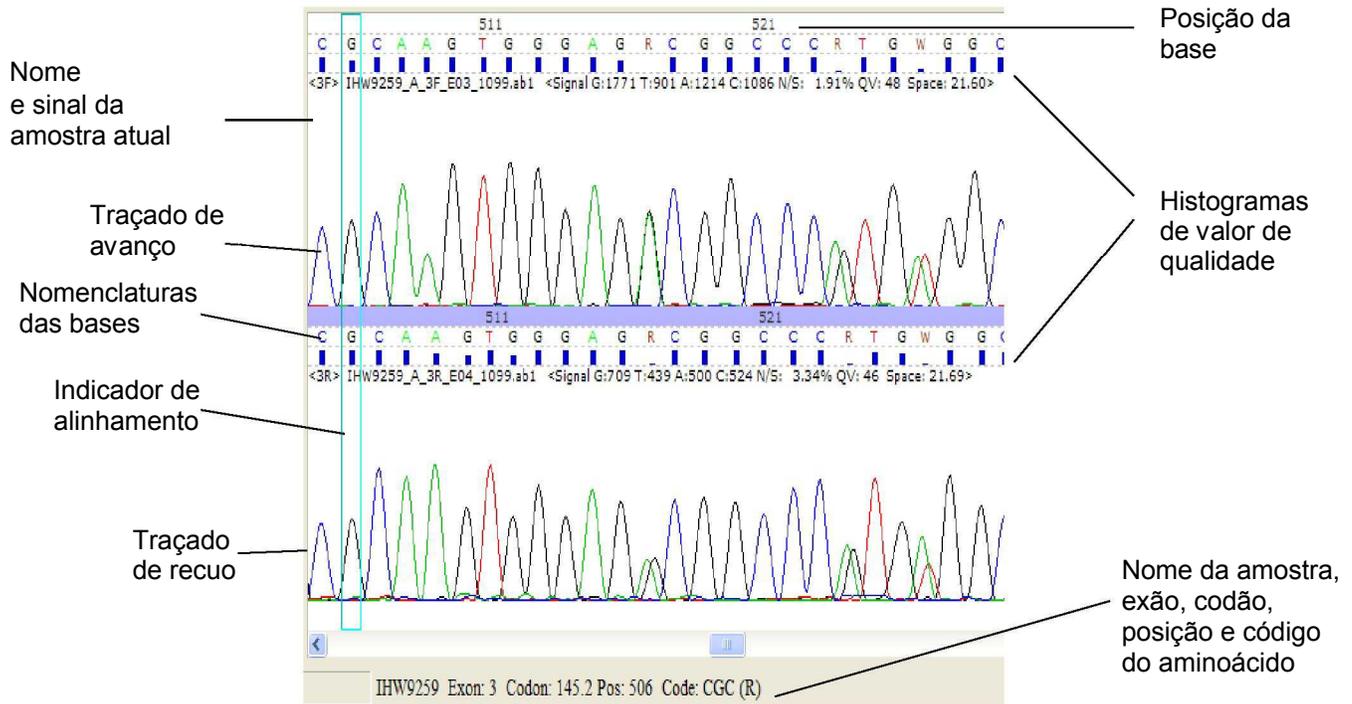
Position					261	Posição
Marker						Marcador de local discrepante, editado ou filtrado
Reviewed						Indicador de posição revista
Consensus	V	N	S	V	A	Sequência de consenso
GSSP						Sequência de padrão de GSSP
Edits	Edições de registos
Pattern	C	R	G	R	A	Sequência composta a partir dos ficheiros .ab1
Result	Base combinada para o alelo 1 e 2
A*30:01:01	C	A	G	G	A	Correspondência da lista de alelos – alelo 1
A*68:02:01:02	C	G	G	A	A	Correspondência da lista de alelos – alelo 2
						Barra de deslocamento

Os alelos da **Match List** (Lista de correspondências) são apresentados apenas quando é selecionado um par de alelos da **Match List** .

Para alinhar a sequência no painel **Sequence Display** (Visualização de sequências) com a mesma posição nos painéis **Electropherogram Trace Display** (Visualização de traçados de eletroferogramas) e **Navigator** (Navegador), clique numa base em **Sequence Display**. As

Painel de visualização de traçados de eletroferogramas

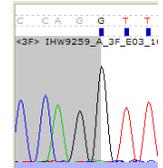
Os eletroferogramas (traçados) de avanço e recuo alinhados são apresentados no painel Electropherogram Trace Display (Visualização de traçados de eletroferogramas).



Curvas de traçados

A curva do traçado de avanço está alinhada acima da curva do traçado de recuo. Clique na área de bases editadas por baixo das nomenclaturas das bases para alinhar o painel de visualização de sequências e o painel do navegador com as curvas de traçados.

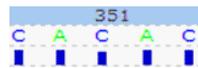
Os picos com um fundo cinzento são excluídos da análise. O fundo cinzento indica o fim de um exão ou sequência.



Para tornar outro traçado ativo, clique em qualquer ponto do traçado pretendido. Clique na área por baixo das bases para apresentar o nome da amostra, o exão, o codão, a posição, o código do aminoácido e a classificação de qualidade da base (QV) na parte inferior do ecrã.

167302 Exon: 3 Codon: 145.3 Pos: 522 Code: CTG (L) QV: 54

A linha de posição da base é realçada a azul de forma a mostrar o traçado ativo.



O realce azul mostra o traçado ativo

Nomenclaturas das bases

As nomenclaturas das bases coloridas são utilizadas para obter os resultados das sequências. As bases de cor cinzenta são excluídas da análise.

O espaço por baixo das nomenclaturas das bases mostra a nomenclatura original se a base acima tiver sido editada. O espaço também mostra os histogramas de valor de qualidade de cada base. O valor numérico correspondente é apresentado na janela de detalhe de pico.

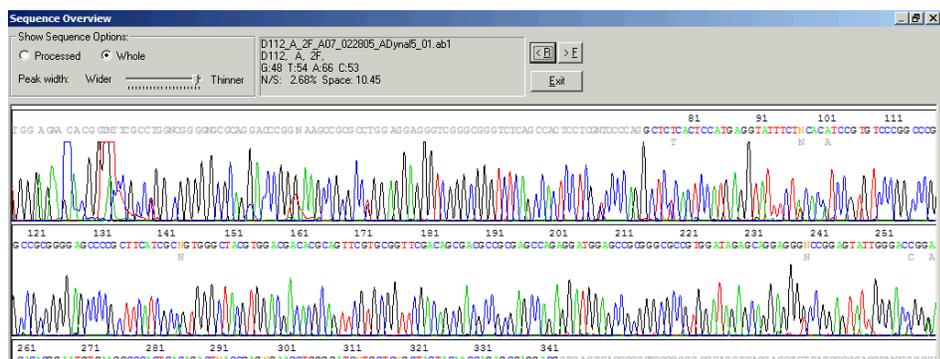
Nome e dados de sinal da amostra

O nome da amostra atual é apresentado no canto superior esquerdo do painel. Os números à direita do nome da amostra contêm os dados de sinal da amostra, incluindo o sinal de cada base, a relação ruído/sinal (N/S), o valor de qualidade (QV) e o espaçamento. Os números das posições são apresentados em dezenas na parte superior do painel.

Selecione o ícone de Visualização de QV/Informações da sequência  na barra de ferramentas para alternar entre a visualização do histograma de QV e as informações do eletroferograma.

Visão geral da sequência

Para ver a sequência geral do eletroferograma, prima as teclas Ctrl-D.



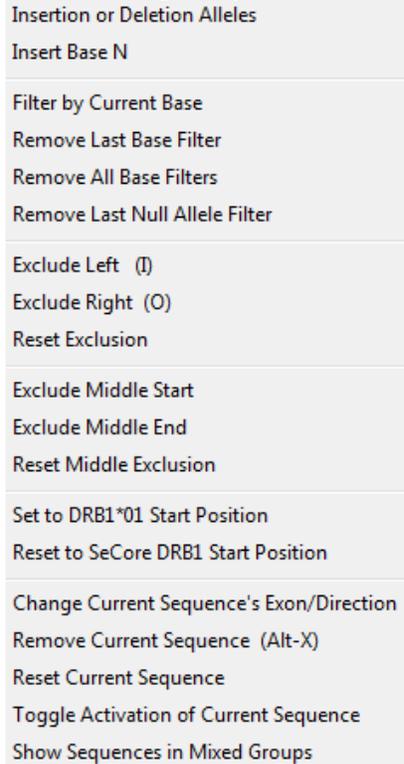
Itens do ecrã	Descrição e utilização
	<p>Ajusta a visualização de dados em bruto e processados. A largura de pico também pode ser ajustada conforme a preferência.</p>
	<p>Utilize para percorrer todas as sequências de amostras.</p>

Painel de navegação e revisão

O **Navigation Panel** (Painel de navegação) situado na barra de ferramentas controla os parâmetros de visualização do eletroferograma. Este painel permite navegar pelo eletroferograma e selecionar as posições marcadas. A navegação até às posições marcadas também pode ser efetuada utilizando as setas de deslocação da barra de ferramentas   ou as teclas de seta.

Menu Electropherogram (Eletroferograma)

Clique com o botão direito do rato na janela **Electropherogram Trace Display** (Visualização de traçados de eletroferogramas) para apresentar o menu Electropherogram (Eletroferograma).



Itens do menu Electropherogram (Eletroferograma)	Descrição e utilização																																																
Insertion or Deletion Alleles (Inserção ou eliminação de alelos)	<div data-bbox="444 310 1084 730" style="border: 1px solid black; padding: 5px; margin-bottom: 10px;"> <table border="1" style="width: 100%; border-collapse: collapse;"> <thead> <tr> <th style="text-align: left;">Allele</th> <th style="text-align: left;">Position</th> <th style="text-align: left;">Ins/Del</th> <th style="text-align: left;">Sequence</th> </tr> </thead> <tbody> <tr> <td><input type="checkbox"/> A*03:36N</td> <td>265</td> <td>insertion</td> <td>ACGGGAATATGAAGGCCCACTCACA..</td> </tr> <tr> <td><input type="checkbox"/> A*24:36N</td> <td>253</td> <td>insertion</td> <td>GG</td> </tr> <tr> <td><input type="checkbox"/> A*02:125N</td> <td>262</td> <td>insertion</td> <td>G</td> </tr> <tr><td> </td><td> </td><td> </td><td> </td></tr> </tbody> </table> <p style="margin-top: 5px;">Current set:</p> <table border="1" style="width: 100%; border-collapse: collapse;"> <thead> <tr> <th style="text-align: left;">Allele</th> <th style="text-align: left;"> </th> </tr> </thead> <tbody> <tr><td> </td><td> </td></tr> </tbody> </table> <div style="text-align: right; margin-top: 5px;"> <input type="button" value="List All Nulls"/> <input type="button" value="Unset"/> <input type="button" value="Set"/> <input type="button" value="Cancel"/> </div> </div> <p>Caso se suspeite de inserção/eliminação (Ins/Del) nos dados sequenciados, esta ferramenta pode ser utilizada clicando com o botão direito do rato na posição de início da inserção/eliminação e selecionado Insertion or Deletion Alleles (Inserção ou eliminação de alelos).A janela apresenta os alelos conhecidos resultantes de inserções/eliminações em estreita proximidade com a região selecionada. Estas informações podem ser utilizadas para determinar quais os alelos que podem estar presentes e o alelo pode ser atribuído ao clicar em “Set” (Definir). O alelo pode ser removido da digitação final ao selecionar “Unset” (Anular definição). Os dados devem ser editados de forma a obter um resultado de discordância o mais próximo possível de 0 para utilizar esta função.</p> <p>List All Nulls (Listar todos os nulos) apresenta todos os loci atuais conhecidos resultantes de inserções ou eliminações.</p>	Allele	Position	Ins/Del	Sequence	<input type="checkbox"/> A*03:36N	265	insertion	ACGGGAATATGAAGGCCCACTCACA..	<input type="checkbox"/> A*24:36N	253	insertion	GG	<input type="checkbox"/> A*02:125N	262	insertion	G																					Allele											
Allele	Position	Ins/Del	Sequence																																														
<input type="checkbox"/> A*03:36N	265	insertion	ACGGGAATATGAAGGCCCACTCACA..																																														
<input type="checkbox"/> A*24:36N	253	insertion	GG																																														
<input type="checkbox"/> A*02:125N	262	insertion	G																																														
Allele																																																	
Itens do menu Electropherogram (Eletroferograma)	Descrição e utilização																																																
Insert Base N (Inserir base N)	Para inserir uma base de forma a forçar o alinhamento da sequência, selecione uma base como se pretendesse editá-la, clique com o botão direito do rato e selecione Insert Base N (Inserir base N).																																																
Filter by Current Base (Filtrar por base atual)	Filtra de forma a excluir as discordâncias de pares de bases entre a Match List (Lista de correspondências) e as curvas de traçados.																																																
Remove Last Base Filter (Remover último filtro da base)	Remove o último filtro aplicado.																																																
Remove All Base Filters (Remover todos os filtros da base)	Remove todos os filtros aplicados.																																																
Remove Last Null Allele Filter (Remover último	Remove o filtro aplicado a um alelo nulo.																																																

Itens do menu Electropherogram (Eletroferograma)	Descrição e utilização
filtro do alelo nulo)	
Exclui Left (I) (Excluir esquerda [I]) Exclui Right (O) (Excluir direita [O])	Remove a sequência à esquerda ou à direita da base realçada. As sequências encurtadas são indicadas por um fundo cinzento na visualização de traçados.
Reset Exclusion (Repor exclusão)	Repõe a anterior sequência excluída definida pelo utilizador.
Exclui Middle Start (Excluir do meio para o início) Exclui Middle End (Excluir do meio para o fim)	Remove da análise a área selecionada pelo utilizador. A sequência será apresentada a cinzento no eletroferograma.
Reset Middle Exclusion (Repor exclusão intermédia)	Repõe qualquer exclusão intermédia.
Set to DRB1*01 Start Position (Definir na posição de início de DRB1*01) Reset to SeCore DRB1 Start Position (Repor na posição de início de DRB1 SeCore)	Se um resultado contiver o grupo de alelos DRB1*01, esta ação resolve a ambiguidade DRB1*01:01/07 localizada no codão 10 (não aplicável ao Kit de Sequenciação dos Exões 2 e 3 de DRB1 SeCore). Selecione Reset (Repor) para regressar à posição de início predefinida.
Change Current Sequence's Exon/Direction (Alterar exão/direção da sequência atual)	<ul style="list-style-type: none"> • Atribui manualmente o exão e/ou a direção da sequência. • Atribui manualmente a especificidade do GSSP. • Selecione o exão e a direção e indique o número de bases excluídas (se necessário) do início ou fim da sequência. • Os campos de exão e direção são obrigatórios para a análise de GSSP.
Remove Current Sequence (Alt-X)	Remove um ficheiro de traçado. Selecione o eletroferograma a eliminar, clique com o botão direito do rato e selecione Remove Current Sequence (Alt-X)

Itens do menu Electropherogram (Eletroferograma)	Descrição e utilização
(Remover sequência atual [Alt-X])	(Remover sequência atual [Alt-X]).
Reset Current Sequence (Repor sequência atual)	Remove as edições no traçado atual.
Toggle Activation of Current Sequence (Alternar ativação da sequência atual)	Inativa/ativa o traçado selecionado. Um traçado inativo é apresentado a cinzento.
Show Sequences in Mixed Groups (Mostrar sequências em grupos mistos)	Combina eletroferogramas numa única vista para uma amostra de grupo DRB1 que seja positiva para duas misturas. Regressa à visualização predefinida ao selecionar a amostra seguinte.

Painel Match List (Lista de correspondências)

O painel **Match List** (Lista de correspondências) apresenta as correspondências de alelos mais próximas quando a sequência de Padrão é comparada com a sequência de Consenso. A coluna da esquerda (MM) mostra o número de discordâncias associadas a uma combinação específica de alelos.

Discordâncias	MM	(8706)	Allele	Info	Show Options
Número de correspondências mais próximas	0	B*18:01:01:01	B*44:02:01:01	-rS	
	0	B*18:01:01:01	B*44:02:01:02S	-rS	
	0	B*18:01:01:01	B*44:02:01:03	-r	
	0	B*18:01:01:01	B*44:02:27	-r	Exon 5
	0*	B*18:01:01:01	B*44:19N	-rS	Exon 1
Alelos inseridos/eliminados filtráveis	0	B*18:01:01:02	B*44:02:01:01	r-	
	0	B*18:01:01:02	B*44:02:01:02S	rrS	
	0	B*18:01:01:02	B*44:02:01:03	rr	
	0	B*18:01:01:02	B*44:02:27	rr	Exon 5
	0*	B*18:01:01:02	B*44:19N	rrS	Exon 1
	0	B*18:09	B*44:09	r-Z	

Altera a visualização de resolução, localização, códigos P e G, visualização em 2 campos

Pode ser resolvida a partir dos pares superiores com AmbiSolv™ (S) Alelos raros (r)

Pode ser resolvida a partir dos pares superiores com GSSP (Z)

Códigos da lista de correspondências	Descrição e utilização
Z	A ambiguidade pode ser resolvida por GSSP. “Z” indica um primer de sequenciação específico do grupo (GSSP), ou seja, Z12, Z18. Consulte Resolve Ambiguities (Resolver ambiguidades) para mais detalhes.
*	<p>Indica a presença de um alelo nulo filtrável no par de alelos.</p> <p>O realce a amarelo e azul fornece ao utilizador informações adicionais sobre alelos nulos filtráveis.</p> <p>Os pares de alelos com fundo amarelo na coluna MM da Match List (Lista de correspondências) indicam a presença de alelos nulos, resultante de mutações pontuais ou de inserções/eliminações. Estes podem ser excluídos com regiões de dados adicionais não abrangidas pela linha de produtos SeCore ou por dados necessários que não estejam atualmente incluídos na análise.</p> <p>Os pares de alelos com fundo azul na coluna MM da Match List (Lista de correspondências) indicam que, apenas para testes da Classe I, a incorporação da sequência de exão 4 na análise fornecerá os dados necessários para excluir ou incluir o alelo nulo.</p>
-	Espaço reservado. Assinala um espaço para que, se apenas um dos alelos for raro, possa saber de qual deles se trata.
r	<p>Alelos raros.</p> <p>Os alelos assinalados com um “r” não estão contidos na lista de alelos Comuns e bem documentados (“Common and Well Documented” = CWD).</p>
S	Pode ser resolvida com a mistura AmbiSolv™ SSP.
Códigos de cores	<p> O alelo tem uma sequência indefinida.</p> <p> Ambos os alelos são comuns e/ou bem documentados.</p>
Show Options (Mostrar opções)	<p>Altere a seleção de Show Options (Mostrar opções) para visualizar:</p> <ul style="list-style-type: none"> • A região da sequência necessária para resolver um par de alelos realçado (Exão 1 ou 5 na captura de ecrã acima). • Apresente o Código P para o resultado, se aplicável (Transferência de http://hla.alleles.org/wmda/ Consulte Preferences (Preferências) para obter instruções) • Apresente o Código G para o resultado, se aplicável (Transferir de http://hla.alleles.org/wmda/ Consulte Preferences (Preferências) para obter instruções) <p>“Show in 2 fields” (Mostrar em 2 campos) apresenta apenas os dois primeiros campos de cada alelo na lista de correspondências .</p>

Menu Match List (Lista de correspondências)

Clique com o botão direito do rato em **Match List** (Lista de correspondências) para abrir o menu.



Itens do menu	Descrição e utilização
Run Next Mismatch Block (Processar bloco discordante seguinte) Reset Mismatch Block (Repor bloco discordante)	Expande a Match List (Lista de correspondências) de forma a apresentar pares de alelos adicionais com discordâncias. Reset Mismatch Block (Repor bloco discordante) repõe o estado original da Match List (Lista de correspondências). Se não existir bloco seguinte, utilize o botão de reprocessamento de correspondências na barra de ferramentas para repor o bloco.
Mostrar mutação e informações de GSSP	Fornecer informações detalhadas sobre os GSSP que podem ser utilizados para isolar e sequenciar novas mutações caso se suspeite das mesmas. Consulte Show Mutations and GSSP Info ((Mostrar mutação e informações de GSSP).
Show Unsequenced Exon (Mostrar exão não sequenciado)	Fornecer detalhes sobre a localização e as bases indefinidas.
Show All Pair Alignments (Mostrar todos os alinhamentos de pares)	Abre a ferramenta de estudo de alinhamento dos alelos para todos os alelos apresentados no 0 MM
Show With Current Pair Alignments (Mostrar com alinhamentos de pares atuais)	Para apresentar o alinhamento de pares de um par de alelos selecionado, clique com o botão esquerdo do rato no primeiro par de alelos e com o botão direito no segundo par e, em seguida, selecione Show Current Pair Alignment (Mostrar alinhamento do par atual). Os alinhamentos podem ser ordenados numericamente por grupo de alelos e impressos.

Run Next Mismatch Block (Processar bloco discordante seguinte)

A lista de correspondências apresentará todos os pares de alelos para uma amostra sem limitação. As discordâncias “0” em primeiro lugar, seguidas das discordâncias “1” e das discordâncias “2”. Isto constitui o primeiro bloco.

Cada bloco irá acomodar até 3 níveis de discordâncias apenas (por exemplo, {1,2,3}, {4,5,6}, etc.). Quando a contagem de pares de alelos na lista atingir 2000, o software irá concluir esse nível e depois passar para o bloco seguinte. Por exemplo, se a contagem atingir 2000, mas ainda existirem mais 10 correspondências para o nível 3, o software incluirá esses 10 antes de iniciar um novo bloco.

MM (8706)	Allele	Info	Show Options
0	C*06:02:01:01	C*08:01:01	
0	C*06:02:01:01	C*08:22	Exon 6
0*	C*06:02:01:01	C*08:89N	-r
0	C*06:02:01:01	C*08:99	-r Exon 5
0	C*06:02:01:01	C*08:102	-r Exon 6
0	C*06:02:01:02	C*08:01:01	
0	C*06:02:01:02	C*08:22	Exon 6
0*	C*06:02:01:02	C*08:89N	-r
0	C*06:02:01:02	C*08:99	-r Exon 5
0	C*06:02:01:02	C*08:102	-r Exon 6
0	C*06:02:01:03	C*08:01:01	r-
0	C*06:02:01:03	C*08:22	r- Exon 6
0*	C*06:02:01:03	C*08:89N	rr

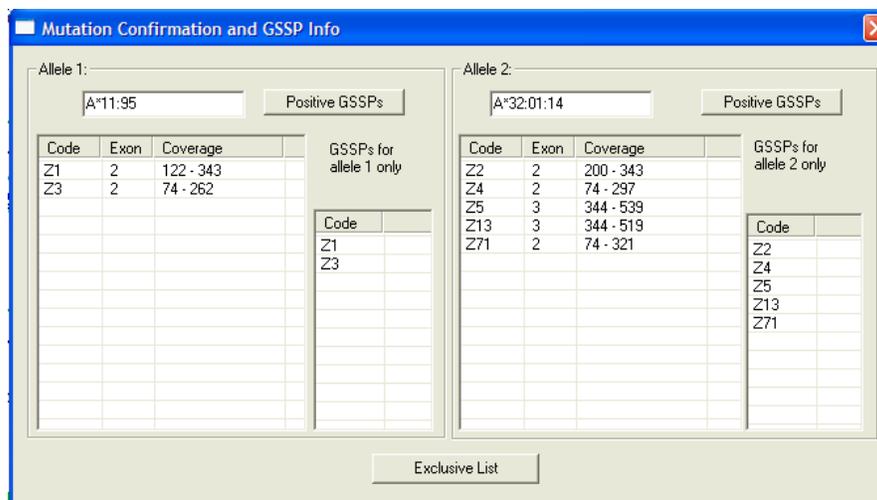
Clique com o botão direito do rato e selecione “Run Next Mismatch Block” (Processar bloco discordante seguinte). A barra de título para a lista fica sombreada em azul-petróleo escuro como indicador de que a lista não apresenta o primeiro bloco.

O bloco seguinte dos pares de alelos é apresentado, com as mesmas orientações implementadas – não mais do que 3 níveis de discordância por bloco, o limite será ~2000. Não existe limitação na contagem global; pode, portanto, continuar a executar o bloco seguinte conforme necessário.

MM	(3572)	Allele	Info	Show Options
3	C*05:11	C*06:11	rr	
3	C*05:12	C*06:11	rr	
3	C*05:18:01	C*06:11	rr	
3	C*05:68	C*06:82	rr	
3	C*05:68	C*06:122	rr	
3	C*05:76	C*06:11	rr	
3	C*05:79	C*06:82	rr	
3	C*05:79	C*06:122	rr	
3	C*06:02:01:01	C*08:04:01		
3	C*06:02:01:01	C*08:09	-r	
3	C*06:02:01:01	C*08:16:02	-r	
3	C*06:02:01:01	C*08:33:03	-r	
3	C*06:02:01:01	C*08:54	-r	
3	C*06:02:01:01	C*08:61	-r	

Mostrar mutação e informações de GSSP

Selecione **Show Mutations and GSSP Info** (Mostrar mutação e informações de GSSP) para abrir a caixa de diálogo **Mutation Confirmation and GSSP Info** (Confirmação de mutação e informações de GSSP).



Itens do ecrã	Descrição e utilização
Campos de introdução Allele 1 (Alelo 1) e Allele 2 (Alelo 2)	Os campos Allele 1 (Alelo 1) e Allele 2 (Alelo 2) são automaticamente preenchidos com o par de alelos selecionado na Match List (Lista de correspondências) ou podem ser introduzidos manualmente. Quando um par de alelos está realçado na Match List (Lista de correspondências), as listas Positive GSSPs (GSSP positivos) e Exclusive List (Lista exclusiva) são automaticamente preenchidas.
Positive GSSPs (GSSP positivos)	Quando a opção Positive GSSPs (GSSP positivos) é selecionada, todos os GSSP positivos para o alelo são apresentados com Code (Código), Exon (Exão) e Coverage (Cobertura).
Exclusive List (Lista exclusiva)	Quando a opção Exclusive List (Lista exclusiva) é selecionada, os GSSP positivos apenas para Allele 1 (Alelo 1) ou Allele 2 (Alelo 2) preenchem os GSSP para janelas que apenas contenham o alelo 1 ou 2.

Lista de correspondências e visualização de traçados

Quando um resultado com 1 ou mais MM é selecionado, as discordâncias surgem como um marcador cor de rosa no painel Sequence Display (Visualização de seqüências). As setas de deslocação para a esquerda  e direita  podem ser utilizadas para navegar até essas posições com vista à edição em Electropherogram Trace Display (Visualização de traçados de eletroferogramas) quando a opção “Marked” (Marcadas) está assinalada na seleção de navegação.

Marked 



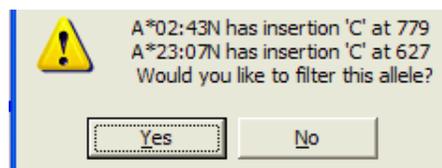
Filtrar discordâncias de alelos nulos da Match List (Lista de correspondências)

As correspondências que contenham um alelo nulo são designadas com um asterisco (*) na coluna MM. Podem ser filtradas diretamente a partir da **Match List** (Lista de Correspondências) e não requerem edição no **Electropherogram Trace Display** (Ecrã de Traçado de Eletroferograma).

1. Clique na coluna MM de um par de alelos que contenha um alelo nulo ('N') e esteja marcado com '*' na **Match List** (Lista de Correspondências).

0* A*02:43N A*23:07N rr

O software irá apresentar automaticamente a localização da Inserção/Eliminação ou mutação pontual que corresponda ao alelo nulo na curva de traçado e irá apresentar a opção de filtrar o alelo nulo.



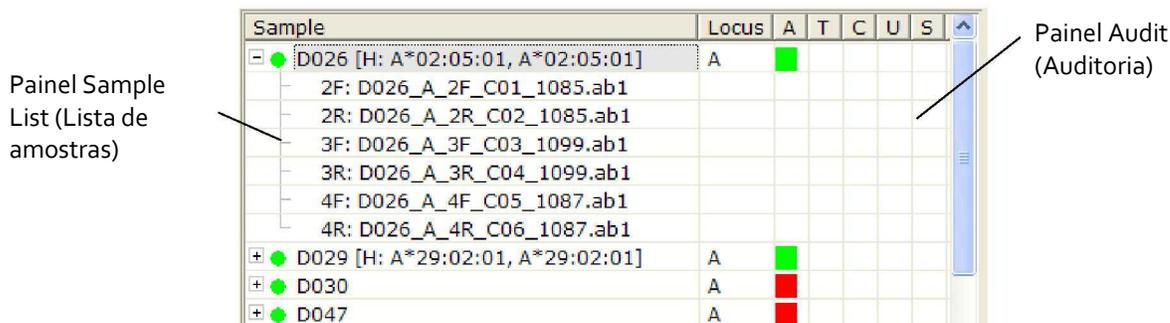
2. Se pretender filtrar o alelo, clique em **Yes** (Sim).

O alelo nulo é filtrado na **Match List** (Lista de correspondências).

Lista de amostras e painel de auditoria

A **Sample List** (Lista de amostras) mostra os nomes das amostras de sequências e os códigos descritivos.

A amostra atualmente selecionada é realçada a cinzento.



A **Sample List** (Lista de amostras) pode ser expandida de forma a apresentar a lista de ficheiros de dados agrupados para cada amostra. É apresentado um resultado de digitação sem ambiguidades junto ao locus para revisão rápida.

Códigos da Sample List (Lista de amostras)	Descrição e utilização								
2F, 2R, 3F, 3R, 4F, 4R	O exão e a direção.								
UN	O software não consegue analisar a sequência.								
H	Indica digitação não ambígua.								
M	Indica uma digitação de código NMDP não ambígua, exceto se atravessar vários grupos.								
L	Indica digitação não ambígua do mesmo grupo de alelos.								
GTG	Sequência de codão 86.								
Z#	Sequência de GSSP.								
Filtro	Resultado filtrado para codão 86 e/ou GSSP.								
Grupo DRB	Resultado combinado de DRB1.								
Estado da amostra (atribuído pelo software)	<table border="1"> <thead> <tr> <th>Ponto</th> <th>Definição</th> </tr> </thead> <tbody> <tr> <td></td> <td>Correspondência a 100%</td> </tr> <tr> <td></td> <td>Correspondência parcial</td> </tr> <tr> <td></td> <td>A amostra tem sequência(s) com >10% do fundo</td> </tr> </tbody> </table>	Ponto	Definição		Correspondência a 100%		Correspondência parcial		A amostra tem sequência(s) com >10% do fundo
	Ponto	Definição							
		Correspondência a 100%							
		Correspondência parcial							
	A amostra tem sequência(s) com >10% do fundo								

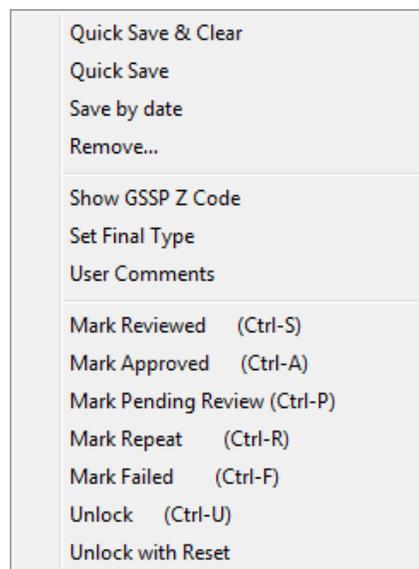
	 Correspondência elevada com alelos raros  Existência de sequência não identificada  A sequência tem >10% do fundo
Estado da amostra (atribuído manualmente)	<p>A amostra foi revista. Para marcar uma amostra como revista, clique em  na barra de ferramentas ou no campo “U”.</p> <p> A amostra foi aprovada pelo supervisor. Para marcar uma amostra como aprovada, clique em  na barra de ferramentas ou no campo “S”.</p> <p> A amostra está pendente de revisão. Clique com o botão direito do rato em Locus > Mark Pending Review (Locus > Marcar como pendente de revisão).</p> <p> A amostra deve ser novamente testada. Clique com o botão direito do rato em Locus > Mark Repeat (Locus > Marcar como repetição).</p> <p> A amostra falhou. Clique com o botão direito do rato em Locus > Mark Failed (Locus > Marcar como falha).</p> <p>O utilizador também pode clicar com o botão direito do rato no nome da amostra para aceder a estes comandos.</p>

Códigos do painel de auditoria	Descrição e utilização
Coluna “A”	<p>Coluna de auditoria</p> <p> Indica uma amostra com discrepâncias e as posições marcadas não foram “seleccionadas”.  Requer revisão por parte do utilizador.</p> <p>Indica uma amostra que foi editada manualmente e as posições marcadas não foram “seleccionadas”. </p> <p></p> <ul style="list-style-type: none"> Quando a amostra é aberta pela primeira vez, indica que não existem posições marcadas. <p>Indica que todas as posições marcadas foram “seleccionadas”. </p>
Coluna “T”	<p>Clique para um atalho para o painel Sample Final Type Settings (Definições de tipo final da amostra). Consulte Sample Final Type Settings (Definições de tipo final da amostra).</p> <p> Indica que o tipo final foi definido.</p>

Coluna "C"	<p>Clique para um atalho para o painel Sample User Comments (Comentários do utilizador da amostra).</p> <p> Indica que foram introduzidos comentários.</p>
Coluna "U"	<p>Coluna de revisão</p> <p> Se o estado da amostra for , isso indica que a amostra está pendente de revisão. O estado é atribuído manualmente, não pelo software.</p> <p> Se o estado da amostra for , isso indica que a amostra falhou. O estado é atribuído manualmente, não pelo software.</p> <p> Indica que a amostra foi revista.</p>
Coluna "S"	<p>Coluna de aprovação</p> <p> Indica que a amostra foi aprovada.</p>

Menu Sample List (Lista de amostras)

Para abrir o menu **Sample List Menu** (Lista de amostras), clique com o botão direito do rato no locus ou no nome da amostra na respetiva lista.



Itens do menu	Descrição e utilização
Quick Save & Clear (Guardar rapidamente e limpar)	Remove o nome da amostra da lista de amostras depois de guardar.
Quick Save (Guardar rapidamente)	Guarda as amostras individuais sem passar pelo menu Save (Guardar).

Save by date (Guardar por data)	Associa a data da análise ao nome da amostra. Esta funcionalidade distingue a análise da mesma amostra em dias diferentes.
Remove	Remove o traçado do estudo. Não elimina o ficheiro original.
Show GSSP Z Code (Mostrar código Z de GSSP)	Abre a janela GSSP Selection and Information (Seleção e informação de GSSP), que apresenta informações detalhadas das amostras sobre o código Z de GSSP de uma combinação específica de alelos. Consulte GSSP Selection and Information (Seleção e informações de GSSP) .
Set Final Type (Definir tipo final)	Abre a janela Sample Final Type Settings (Definições de tipo final da amostra). Consulte Sample Final Type Settings (Definições de tipo final da amostra)
User Comments (Comentários do utilizador)	Podem ser adicionados comentários e estes podem ser associados a uma amostra, surgindo no respetivo relatório.
Mark Reviewed (Marcar como revista) Mark Approved (Marcar como aprovada) Mark Pending Review (Marcar como pendente de revisão) Mark Repeat (Marcar como repetição) Mark Failed Unlock (Marcar como falha no desbloqueio) Unlock with Reset (Desbloquear com reposição)	<p>O estado Reviewed 🟢 (Revista), Approved (Aprovada), Pending (Pendente), Repeat 🔄 (Repetição) e Failed 🚫 (Falha) pode ser aplicado e removido de amostras individuais.</p> <p>Unlock with Reset (Desbloquear com reposição) remove a designação de tipo final definida com a ferramenta Final Type (Tipo final). Unlock with Reset (Desbloquear com reposição) requer duas execuções para remover a designação de tipo final se a amostra tiver o estado “Approved” (Aprovada). Para a aprovação em série e mais informações sobre o processo de aprovação, consulte Review and Approve Genotypes (Rever e aprovar genótipos).</p> <p>Unlock remove a aprovação do Supervisor.</p> <p>Nota: As ações Unlock (Desbloquear) e Unlock with Reset (Desbloquear com reposição) só podem ser realizadas pelo técnico que tenha atribuído o estado ou por um supervisor.</p>

Menu Sequence (Sequência)

Para abrir o menu Sequence (Sequência), clique com o botão direito do rato na coluna Locus junto a cada sequência.

Itens do menu	Descrição e utilização
Remover	Remove as informações da sequência selecionada.
Filter by Current GSSP (Filtrar por GSSP atual)	Atualiza a Match List (Lista de correspondências) com base nos dados do GSSP selecionado.

Editar um traçado

Um traçado pode ser editado quando a sequência “Padrão” no painel **Sequence Display** (Visualização de sequências) é discordante do painel **Electropherogram Trace Display** (Visualização de traçados de eletroferogramas). As bases válidas são a A, C, G, T, R, Y, K, M, S, W e N.

Se a barra de espaço for premida, uma base deixa de ser reconhecida como parte da sequência. Este facto é indicado pela mudança da cor da base para cinzento. É emitido um sinal sonoro se for inserida uma base inaceitável.

Quando uma base é alterada, o software reanalisa automaticamente os dados. Se a edição exigir inserções ou eliminações, a reanálise ocorre apenas se o número de bases inseridas equivaler ao número de bases eliminadas. Clique no ícone **Rerun Match** (Reprocessar correspondência)  na barra de ferramentas para reprocessar a análise se existir um número desigual de edições de inserção/eliminação.

Nota: se for a primeira vez que está a editar um traçado, poderá ser aconselhável desligar a função **Auto Run** (Processamento automático). Caso contrário, o software muda automaticamente para o par de bases discrepantes seguinte após uma edição.

Para ativar/desativar a função **Auto Run** (Processamento automático), clique no triângulo verde na barra de ferramentas.



Com o intuito de exemplificar como se edita um traçado, iremos mudar o “C” para um “S”.



1. Clique no “C” no eletroferograma , em seguida, introduza um “S”.

O traçado é atualizado e mostra um “S” para o traçado superior.



O “C” é mostrado por baixo do “S” para indicar a edição.

2. Avance para a posição discrepante seguinte clicando em  e edite conforme apropriado. (Se a função **Auto Run** [Processamento automático] estiver ativada, o software avança automaticamente para a posição seguinte).

Nota: Em geral, todas as posições discrepantes num eletroferograma devem ser revistas e editadas, se necessário, antes de filtrar as possíveis correspondências.

3. Edite o traçado até obter pelo menos um resultado de “0” discordâncias na **Match List** (Lista de correspondências).

Nota: As edições de bases no relatório impresso e no eletroferograma original são apresentadas por localização da sequência. As bases no eletroferograma e as discordâncias/locais polimórficos no relatório impresso são apresentados na localização de consenso.

Editar um traçado com a barra IUB

As bases também podem ser editadas através da barra IUB (International Union of Biochemistry; consulte a referência em [Bibliography](#) [Bibliografia]). Selecione uma base no eletroferograma ou navegue até uma posição específica e, em seguida, posicione o rato sobre uma base na barra IUB. Clique duas vezes na base para a fazer mudar.

R-AG Y-TC K-GT M-AC S-GC W-AT B-GTC D-GAT H-ACT V-GCA

Anular edições num traçado

Para anular edições num traçado, clique no ícone **Reset Changes to Current Locus** (Repor alterações no locus atual)  na barra de ferramentas.

Filtrar as correspondências mais próximas

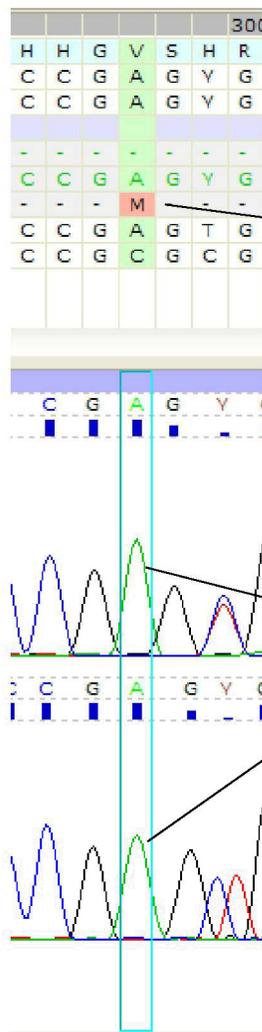
Depois de editar os traçados baseados em sequências até ter pelo menos 1 par de alelos com 0 discordâncias, continuam a ser apresentados os pares de alelos com as correspondências mais próximas na **Match List** (Lista de correspondências).

As principais posições polimórficas de pares de alelos com a correspondência mais próxima podem ser revistas e filtradas na **Match List** (Lista de correspondências).

1. Clique na primeira discordância (1) na **Match List** (Lista de correspondências).

MM (8706)	Allele	Info	Show Options
0	DPB1*04:02:01:01	DPB1*126:01	-r
0	DPB1*04:02:01:02	DPB1*126:01	rr
0	DPB1*51:01	DPB1*138:01	-rZ
1	DPB1*04:01:01:01	DPB1*04:02:01:01	
1	DPB1*04:01:01:01	DPB1*04:02:01:02	-r
1	DPB1*04:01:01:01	DPB1*105:01	

A possível discordância é mostrada por cima do eletroferograma.



Possível discordância "M". Por baixo, estão as bases "A" e "C" que necessitam de estar presentes para que esta seja um "M".

O eletroferograma mostra que as bases são na realidade "A".

O "M" realçado a cor de rosa indica a possível discordância.

Como um "M" seria um "A" e um "C" e os picos são claramente "A", podemos filtrar de forma a excluir o "M".

1. No teclado, prima "f", que é a tecla de atalho para "filtrar".

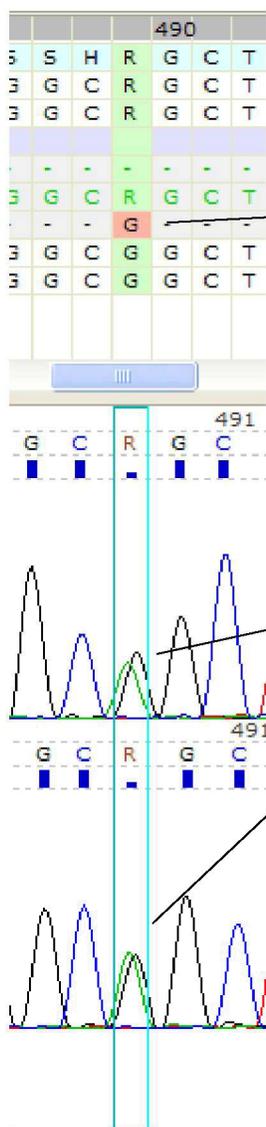
(Em alternativa, clique com o botão direito do rato na caixa verde que realça os picos "A" e seleccione **Filter by Current Base [Filtrar por base atual]**)

A base é filtrada e deixa de aparecer na lista.

Além disso, quaisquer outras discordâncias que dependam da discordância "M" são igualmente atualizadas.

2. Repita este procedimento para o máximo de discordâncias que pretenda.

Em alguns casos, os locais serão claramente polimórficos e irá filtrar de forma a excluir a possibilidade de o local se tratar de uma base única.



Possível discordância "G".
Por baixo, são mostradas as bases "G" que necessitam de estar presentes para que esta seja um "G".

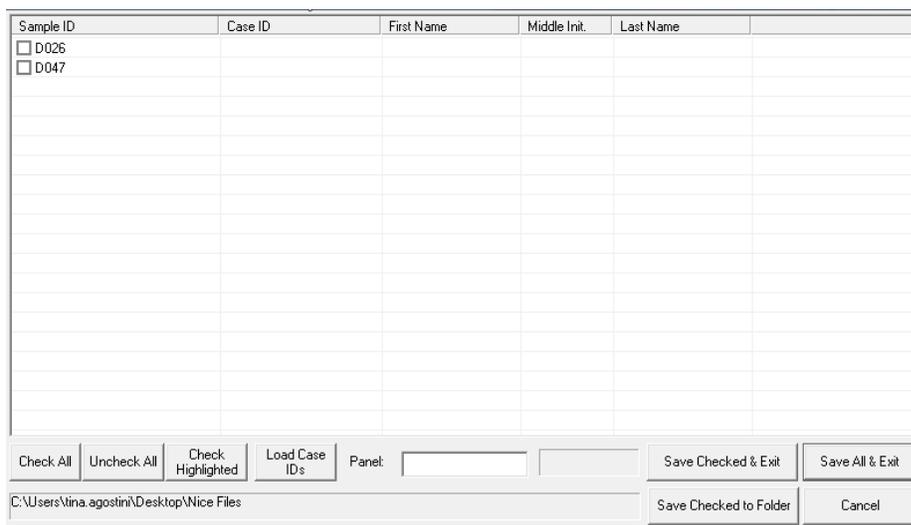
O eletroferograma mostra que as bases são na realidade bases polimórficas "G" e "A", simbolizadas por "R".

Guardar, recuperar e reportar resultados

Guardar informações de amostras e casos

Para guardar dados de amostras, selecione o ícone **Save All Results**  (Guardar todos os resultados) na barra de ferramentas. As amostras são guardadas com os ficheiros de dados de traçados originais na base de dados e subdiretório de pastas do Software uTYPE 7.x.

Ao importar ficheiros, pode atribuir a ID do caso e informações adicionais sobre a amostra a cada amostra antes de guardar.



Opções ao guardar	Descrição e utilização
Load Case IDs (Carregar IDs de casos)	<p>As informações relevantes podem ser introduzidas nas colunas correspondentes (Case ID [ID do caso], First Name [Nome próprio], Middle Init. [Inicial do nome do meio] e Last Name [Apelido]) manualmente ou preenchidas automaticamente ao selecionar Load Case IDs (Carregar IDs de casos). Os ficheiros carregados devem estar no formato .csv e a ID da amostra do ficheiro .csv deve ser idêntica à do software. Os campos estão limitados a 24 caracteres. formato de ficheiro csv:</p> <ul style="list-style-type: none">• Coluna A: ID da amostra• Coluna B: Case ID (ID do caso)• Coluna C: First Name (Nome próprio)• Coluna D: Middle Initial (Inicial do nome do meio)• Coluna E: Last Name (Apelido)

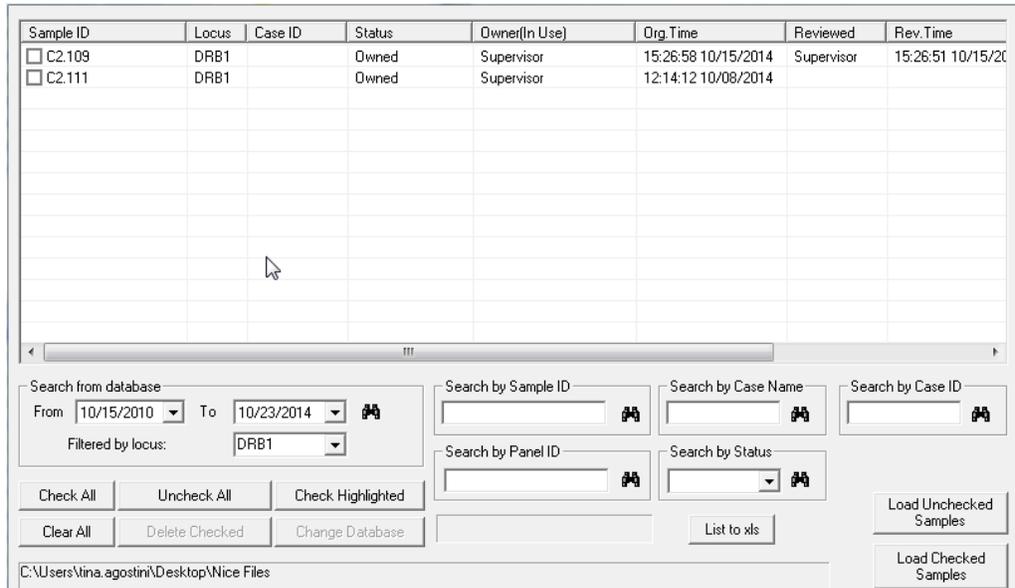
Check All (Selecionar tudo) Uncheck All (Desselecionar tudo)	Seleciona ou anula a seleção de todas as caixas de verificação das amostras.
Check Highlighted (Selecionar realces)	As amostras podem ser realçadas e guardadas.
Panel (Painel)	Pode guardar vários ficheiros em conjunto como um painel. Introduza aqui uma ID para o painel. Se a ID do painel foi selecionada na janela Load Files (Carregar ficheiros), será apresentada a ID do painel introduzida. Se não foi introduzido qualquer nome ao carregar a amostra, a ID do painel corresponderá ao nome da pasta da amostra, no entanto, o nome pode ser alterado nesta altura.
Save Checked & Exit (Guardar seleções e sair)	Guarda as amostras selecionadas na pasta de armazenamento definida em Preferences (Preferências).
Save All & Exit (Guardar tudo e sair)	Guarda todas as amostras apresentadas e sai da janela.
Save Checked to Folder (Guardar seleções na pasta)	Guarda as amostras selecionadas noutra pasta de armazenamento além da localização predefinida em Preferences (Preferências).



As amostras podem ser substituídas quando utilizadores diferentes modificam a mesma amostra ao mesmo tempo. É necessário desenvolver um procedimento laboratorial para evitar que os ficheiros de amostras existentes sejam alvo de substituições.

Rever os dados guardados

Para rever os dados guardados, seleccione o ícone **Review Stored Results** (Rever resultados armazenados)  na barra de ferramentas. Quando se abrir o painel **Data Management and Review** (Gestão e revisão de dados), introduza os seus parâmetros de pesquisa e clique em  para recuperar os ficheiros.



Opções de revisão	Descrição e utilização
Pesquisar na base de dados	Recupera os dados processados por data. A pesquisa pode ser filtrada por locus. Clique em  ou prima Enter para recuperar os ficheiros.
Search by Sample ID (Pesquisar por ID da amostra)	Pesquisa por ID da amostra; também pode ser utilizado um carácter polivalente (*). Introduza a ID e depois clique em  ou prima Enter para recuperar os ficheiros. As pesquisas com caracteres polivalentes não são sensíveis a maiúsculas/minúsculas. Nota: a pesquisa será anexada à lista de amostras.
Check All (Selecionar tudo) Uncheck All (Desseleccionar tudo)	Seleciona e anula a seleção de amostras numa série.
Clear All (Limpar tudo)	Remove as amostras da lista.
Delete Checked (Eliminar seleção)	Elimina as amostras da base de dados.
Search by Case Name (Pesquisar por nome do caso)	Pesquisa as amostras utilizando o nome próprio e o apelido introduzidos ao guardar a amostra; também pode ser utilizado um carácter polivalente (*).
Search by Case ID (Pesquisar por ID do caso)	Pesquisa pela ID do caso atribuída ao guardar a amostra.
Search by Panel ID	Pesquisa pela ID do painel atribuída ao guardar a amostra.

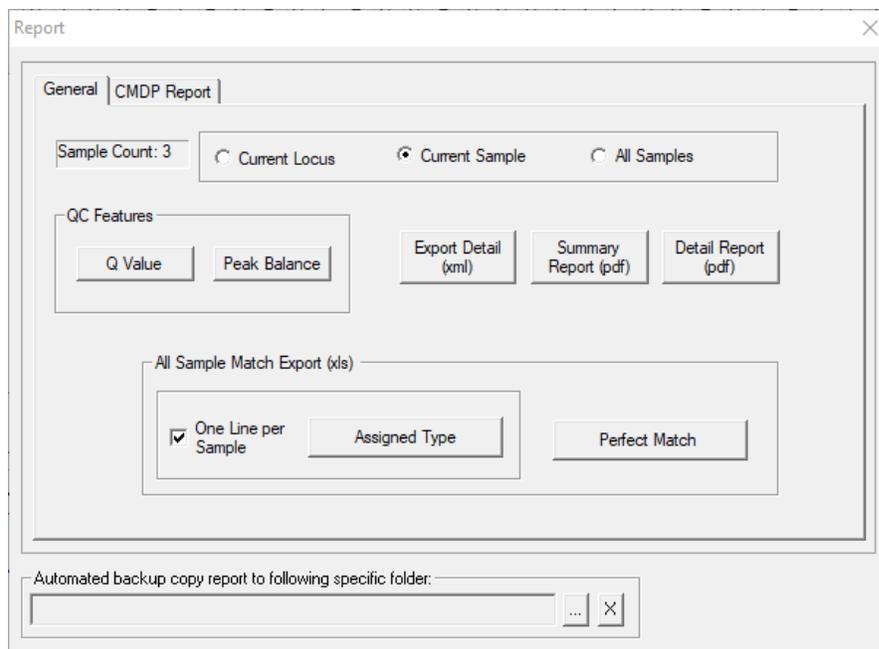
(Pesquisar por ID do painel)	
Search by Status (Pesquisar por estado)	<p>Pesquisa pelos estados Owned (Assumida), Reviewed (Revista) e Approved (Aprovada) da amostra.</p> <p>Owned (Assumida) – amostra cujos dados foram abertos, analisados e guardados.</p> <p>Reviewed (Revista) – amostra que tenha sido marcada como revista. 🟢</p> <p>Approved (Aprovada) – amostra que tenha sido aprovada pelo supervisor. 🟡</p>
Check Highlighted (Selecionar realces)	Seleciona as amostras realçadas.
Change Database (Mudar de base de dados)	<p>Permite ao software recuperar dados de uma pasta de armazenamento diferente quando estão a ser utilizadas várias localizações de armazenamento.</p> <p>Ao fechar e reabrir o software, é reposta a localização original da pasta de armazenamento designada em Preferences (Preferências).</p>
List to xls (Lista em xls)	Os dados recuperados podem ser ordenados por coluna. “List to xls” (Lista em xls) é uma tabela exportável dos resultados da pesquisa.
Load Unchecked Samples (Carregar amostras não selecionadas)	Carregar apenas as amostras com caixas de verificação selecionadas ou não.
Load Checked Samples (Carregar amostras selecionadas)	



Imprimir e personalizar o relatório

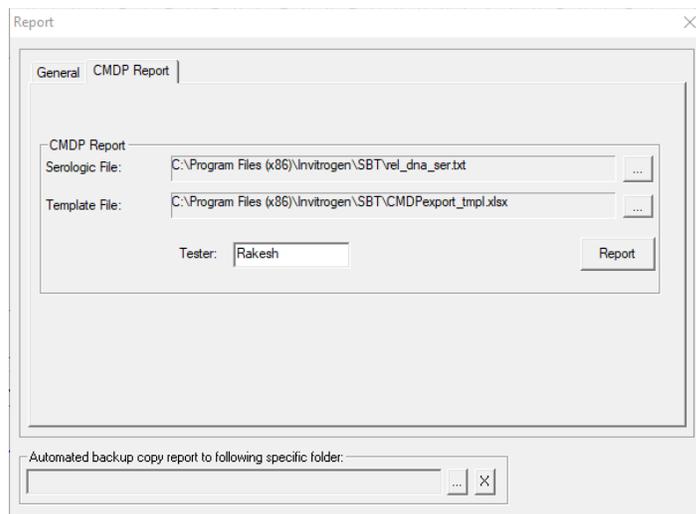
A janela **Report** (Relatório) permite personalizar os formatos do relatório. Para abrir a janela **Report** (Relatório), clique em  na barra de ferramentas.

Também pode visualizar o relatório em formato .pdf, que pode ser guardado ou impresso.



Itens do relatório no separador geral	Descrição e utilização
Sample Count (Contagem de amostras)	Apresenta o número de amostras carregadas para criar o relatório.
Current Locus (Locus atual) Current Sample (Amostra atual) All Samples (Todas as amostras)	Cria um relatório para o locus selecionado, para uma única amostra incluindo todos os loci ou para todas as amostras incluídas na análise atual.
QC Features (Funcionalidades de CQ) Valor Q Equilíbrio de pico	Para resolução de problemas, fornece relatórios com informações estatísticas sobre os dados carregados.
Export Detailed (xml) (Exportar detalhado [xml])	Gera um relatório detalhado num ficheiro de formato .xml.
Summary Report (pdf) (Relatório resumido [pdf])	Apresenta o relatório de digitação atribuído num ficheiro de formato .pdf que inclui os itens Sample Information (Informações da amostra) e Assigned Type (Tipo atribuído).

Detailed Report (pdf) (Relatório detalhado [pdf])	Apresenta um relatório detalhado num ficheiro de formato .pdf.
All Samples Match Export (xls) (Exportar todas as correspondências de amostras [xls])	<p>Fornece opções de impressão condensadas para o relatório (xls).</p> <ul style="list-style-type: none"> Assigned Type (Tipo atribuído) apresenta apenas uma correspondência de par de alelos ou código NMDP. Perfect Match (Correspondência perfeita) apresenta todos os pares de alelos com correspondência perfeita.
Automated backup copy report to following specific folder (Cópia de segurança automática do relatório para a seguinte pasta)	Designa a pasta de armazenamento do relatório ao selecionar o ícone de pesquisa. Utilize o X para limpar a seleção.



Itens do relatório no separador CMDP	Descrição e utilização
Serologic File (Ficheiro sorológico):	Caminho para a localização do ficheiro sorológico. Isto será utilizado na criação do relatório CMDP.
Template File (Ficheiro modelo):	Caminho para a localização do modelo para criar relatório CMDP
Tester (Verificador):	Caixa de texto para introduzir o nome do verificador
Report (Relatório)	Botão para criar relatório CMDP

Opções de pré-visualização de relatórios

The screenshot shows the 'Report Preview' window with the following settings:

- Number of allele pairs in the report (default 25): 25 (Apply)
- PDF Page Break Options: No page break, Each locus
- Show Pattern Sequence
- Hide Mismatches
- Show G Code
- Show Barcode
- Hide Edits
- 2 Fields Only
- Show Polymorphic Position
- Show Signal
- Show P Code
- Show Ambiguity List
- Show Case Info
- Institution Info (button)
- View PDF File (checkbox, checked)
- Save to PDF (button)

Itens do relatório	Descrição e utilização
Number of allele pairs in the report (Número de pares de alelos no relatório)	Define o número de pares a imprimir no relatório, incluindo os que contêm discordâncias.
PDF Page Break Options (Opções de quebra de página em PDF)	<p>Fornece opções de impressão para relatórios em PDF.</p> <ul style="list-style-type: none"> No page break (Sem quebra de página) – Cada locus e amostra de teste será impresso sem quebras de página. O nome da primeira amostra surge no rodapé de cada página. Each locus (Cada locus) – É criada uma nova página para cada teste. O nome da amostra é apresentado no rodapé de cada página.
Show Pattern Sequence (Mostrar sequência de padrão)	Inclui a sequência encurtada combinada no relatório.
Hide Mismatches (Ocultar discordâncias)	Apresenta apenas os alelos com “0” discordâncias no relatório.
Show Polymorphic Position (Mostrar posição polimórfica)	Apresenta as posições polimórficas dos alelos indicados no relatório.
Show Signal (Mostrar sinal)	Apresenta os valores de sinal do ficheiro .ab1.
Show G Code (Mostrar código G) Show P Code (Mostrar código P)	Apresenta o resultado de digitação com o código G e/ou o código P conforme aplicável. Transferência em http://hla.alleles.org/wmda/ . Consulte as instruções na secção de Preferências.
Show Barcode (Mostrar código de barras)	Apresenta o código de barras no relatório com uma ID da amostra inserida e resultados de digitação não ambíguos.

Show Ambiguity List (Mostrar lista de ambiguidades)	Apresenta as ambiguidades que podem ser resolvidas por GSSP e/ou misturas AmbiSolv™ SSP.
Hide Edits (Ocultar edições)	Oculto a tabela de informações de edição e filtragem.
Show Case Info (Mostrar informações do caso)	Apresenta as informações de ID do caso incorporadas ao guardar a amostra. Consulte Save Sample and Case Information (Guardar informações de amostras e casos).
2 Fields Only (Apenas 2 campos)	Apresenta os alelos utilizando apenas 2 campos.
Institution Info (Informações institucionais)	 <p>Os campos abertos permitem introduzir personalizações ao relatório, nomeadamente a morada e o número de telefone da instituição.</p> <p>O logótipo da instituição pode ser carregado através do campo Logo File Path (BMP only) (Caminho do ficheiro do logótipo [BMP apenas]).</p>
Save to PDF (Guardar em PDF)	Guarda um ficheiro de relatório em PDF.

Saída do relatório do CMDP

O relatório gerado com base no modelo do CMDP Excel inclui código sorológico, códigos NMDP, genótipo ambíguo e digitação final

	A	B	C	D	E	F	G	H	I	J	K
	采样编号	HLA-A*	HLA-B*	HLA-DRB1*	HLA-CW*	HLA-DQB1*	A位点可能等位基因组合	B位点可能等位基因组合	DRB1位点可能等位基因组合	CW位点可能等位基因组合	DQB1位点可能等位基因组合
1											
2	48653	A*02:282/319	B*46:TFD	B*57:DRB1*09:CT2	DRB1*09:12	DRB1*09:CTZ	A*02:282 A*24:02:01:01 A*02:282 A*24:02:01:02L A*02:282 A*24:11N	B*15:76 B*46:18 B*46:01:01 B*55:35 B*46:01:11 B*55:35 B*46:01:13 B*55:35 B*46:01:17 B*55:35 B*46:04 B*55:35 B*46:05 B*55:35	DRB1*09:01:02 DRB1*09:01:02 DRB1*09:01:02 DRB1*09:12 DRB1*09:01:02 DRB1*09:20 DRB1*09:01:02		

Figura 1: Cabeçalhos do relatório do CMDP A K

Colunas	Descrição e utilização
A	ID da amostra
B a F	Assigned Type (Tipo atribuído) in Final Type Settings (Definições de tipo final), a célula fica vermelha se existir um resultado ambíguo; caso contrário, a célula não tem cor
G a K	MM = 0 pares de alelos

	L	M	N	O	P	Q	R	S	T	U
	A位点CODE 码说明	B位点CODE 码说明	DRB1位点CODE 码说明	CW位点CODE 码说明	DQB1位点CODE 码说明	A位点特异性	B位点特异性	DRB1位 点特异性	CW位点 特异性	DQB1位 点特异性
1										
2						A24 A2	B46 B22	DR9 DR9		

Figura 2: Cabeçalhos do relatório CMDP L a U

Colunas	Descrição e utilização
L a P	Aparece NMDP, P ou G Code <ul style="list-style-type: none"> a. Quando o código G está presente, tem alelo NULL (NULO) que faz parte do grupo G, mas não está presente nos resultados do genótipo e a G Code Date (Data do código G) está incluída na segunda linha. b. Quando o código NMDP está presente, o código e a definição são apresentados
Q a U	É apresentada Serology (Sorologia). <ul style="list-style-type: none"> c. Quando existem 2 códigos sorológicos, a célula não tem cor. d. Quando estiverem presentes menos de 2 ou mais do que 2 códigos sorológicos, a cor da célula é vermelha.

V	W	X	Y	Z	AA	AB	AC	AD	AE	AF	AG	AH	AI	AJ	AK
A位点指定的高分辨等位基因	B位点指定的高分辨等位基因	DRB1位点指定的高分辨等位基因	CW位点指定的高分辨等位基因	DQB1位点指定的高分辨等位基因	实验人员	实验日期	复核人	复核日期	备注	A-AM	B-BM	DR-AM	C-BM	DQ-AM	COMMENTS
	B*45:76 B*446:118 B*46:01 B*455:35 B*46:04 B*455:35 B*46:05 B*455:35 B*46:09 B*455:35 B*46:14 B*455:35 B*46:19 B*459:03				Jane Rizzoli	6/30/2018	Supervisor	6/30/2018					Z76_and_Z52_and_Z49		

Figura 3: Cabeçalhos do relatório do CMDP V a AK

Colunas	Descrição e utilização
V a Z	Alelo de alta resolução designado por locus. Apresenta se Resolution (Resolução) for “High Resolution” (Alta Resolução) <ul style="list-style-type: none"> a. Se superior a 4 tipos totais, as células com mais do que 1 tipo são sombreadas a amarelo. b. Se inferior a 4 ou igual a 4 tipos totais, então, as células com mais do que 1 tipo são sombreadas a verde. c. Se não existirem tipos, não é apresentada nenhuma cor na célula.
AA	Tester Name (Nome do verificador)
AB	Test Date (Data de teste)
AC	Role (Função)
AD	Review Date (Data de revisão).
AE	Resolution comment (Comentário de resolução). A resolução mais baixa é apresentada na ordem de L (baixo), M (médio), A (alta resolução aceite) ou H (Alto).
AF a AJ	GSSP Recommendations (Recomendações de GSSP). Clique com o botão direito do rato no locus e selecione “Show GSSP Z Code” (Mostrar código Z de GSSP). Procure “GSSP List” (Lista de GSSP).
AK	Comments (Comentários): User Comments (Comentários do utilizador)

Resolver ambiguidades

Resolver ambiguidades com GSSP

Os GSSP (“Group Specific Sequencing Products” = produtos de sequenciação específicos do grupo) SeCore® foram concebidos para resolver combinações heterozigóticas de HLA ambíguas e são utilizados em conjunto com os Kits de Sequenciação SeCore®.

Se um par de alelos na **Match List** (Lista de correspondências) tiver uma designação “Z” na coluna Info, é porque o software determinou que a ambiguidade pode ser resolvida com GSSP.

Selecione “Z” na **Match List for ambiguity resolution** (Lista de correspondências para resolver a ambiguidade).

MM	(8706)	Allele	Info	Show Options
0	DPB1*04:02:01:01	DPB1*126:01	-r	
0	DPB1*04:02:01:02	DPB1*126:01	rr	
0	DPB1*51:01	DPB1*138:01	-rZ	
1	DPB1*04:01:01:01	DPB1*04:02:01:01		

O(s) código(s) GSSP que resolve(m) a ambiguidade selecionada é/são apresentado(s) no canto inferior direito da visualização de informações de seqüências.

[167302] DPB1*04:02:01:01, DPB1*126:01 = DPB1*51:01, DPB1*138:01 **GSSP: Z64 or Z65** at 194

“S” indica um par que alelos que pode ser resolvido por uma mistura SSP AmbiSolv™.

MM	(8706)	Allele	Info
0	A*11:01:01	A*26:01:01	
0*	A*11:01:01	A*26:25N	-r
0	A*11:01:07	A*26:01:17	rr
0	A*11:19	A*26:13	ZS
0*	A*11:21N	A*26:01:01	r-
0*	A*11:21N	A*26:25N	rr
0	A*11:40	A*66:01:01	r-ZS

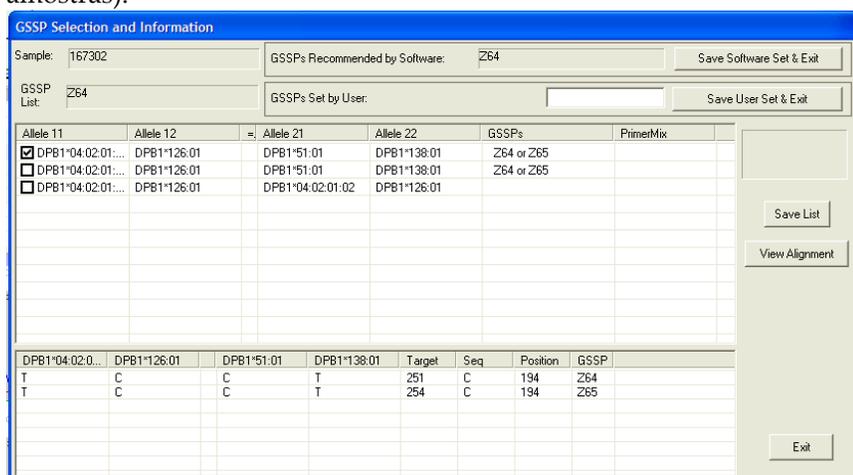
Os GSSP recomendados pelo software são igualmente apresentados na Sample List (Lista de amostras), junto ao nome da amostra. No exemplo seguinte, as ambiguidades na amostra podem ser resolvidas com o GSSP Z64.

Sample
167302 (Z64)
2F: 167302_DPB1_2F_A01.ab1
2R: 167302_DPB1_2R_B01.ab1
3F: 167302_DPB1_3F_C01.ab1
3R: 167302_DPB1_3R_D01.ab1
4F: 167302_DPB1_4F_E01.ab1
4R: 167302_DPB1_4R_F01.ab1

Os GSSP apresentados na Sample List (Lista de amostras) representam os GSSP mínimos necessários para a resolução de ambiguidades.

Seleção e informações de GSSP

O utilizador também pode visualizar os GSSP para as ambiguidades clicando com o botão direito do rato no locus ou nome da amostra na coluna correspondente do menu Sample List (Lista de amostras) e selecionando Show GSSP Z Code (Mostrar código Z de GSSP) (consulte Menu Sample List [Lista de amostras] na página). Consulte [Sample List Menu](#) (Lista de amostras).



Opções de GSSP Selection and Information (Seleção e informações de GSSP)	Descrição e utilização
Sample (Amostra)	Apresenta o nome da amostra selecionada.
GSSP List (Lista de GSSP)	Mostra a lista original de GSSP recomendados pelo software, mesmo quando foram carregados GSSP.
GSSPs Recommended by Software (GSSP recomendados pelo software)	Apresenta os GSSP que são necessários para resolver todas as ambiguidades. Se for necessário apenas um GSSP mas mais do que um puder resolver a ambiguidade, é apresentado o GSSP com o valor numérico mais baixo.
GSSPs Set by User (GSSP definidos pelo utilizador)	Utilize esta janela para definir outro GSSP além dos apresentados na janela acima.
Save Software Set & Exit (Guardar conjunto do software e sair) ou Save User Set & Exit (Guardar conjunto do utilizador e sair)	Ao clicar numa destas opções, os GSSP indicados pelo software ou pelo utilizador são incluídos no relatório de digitação final.
Janela superior	Lista de cada ambiguidade dos pares de alelos que pode ser encontrada e dos GSSP que resolvem a ambiguidade. Se não forem indicados GSSP, é porque não existe nenhum disponível para resolver a ambiguidade apresentada.

Janela inferior	Ao selecionar uma ambiguidade, a base indicada por baixo de cada alelo corresponde à base na "Position" (Posição) apresentada. As colunas "Target" (Alvo) e "Seq" mostram a base e a posição a que o GSSP apresentado necessita de se ligar para a resolução. Por exemplo, DPB1*04:02 contém um T na posição 194: o GSSP Z64 ligar-se-á à sequência na posição 251 se estiver presente um C para resolver a ambiguidade.
View Alignment (Ver alinhamento)	Abre a janela Allele Alignment Study (Estudo de alinhamento dos alelos) para os pares de alelos selecionados.
Save List (Guardar lista)	Abre a janela superior num documento de texto.

Análise de GSSP

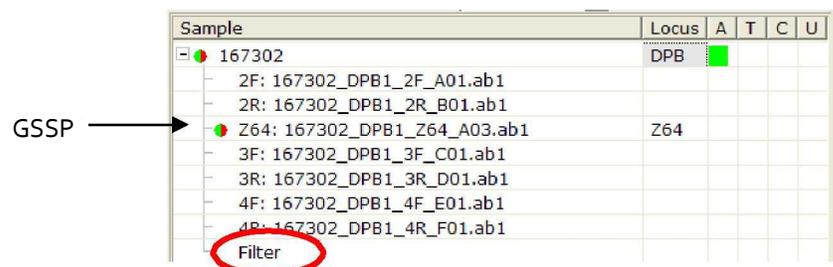
Após a sequenciação de ADN com GSSP, carregue os ficheiros de sequências originais e os ficheiros de GSSP para análise. Em alternativa, se os dados de sequenciação já tiverem sido analisados e guardados, carregue o GSSP e selecione

a caixa de verificação Merge Existing Sample. A Sample List (Lista de amostras) será automaticamente preenchida com os ficheiros de sequências originais depois de selecionar Process All (Processar tudo). A função Merge Existing Sample (Intercalar amostra existente) funciona apenas quando a pasta de armazenamento predefinida contém as sequências originais.

A lista de amostras mostra as sequências padrão e sequências especiais sob o mesmo nome da amostra. As sequências de GSSP alinham-se automaticamente por baixo das sequências padrão com o exão apropriado na janela **Electropherogram Trace Display** (Visualização de traçados de eletroferogramas).

1. Analise as sequências de avanço e recuo para cada exão antes de analisar as sequências quanto a GSSP.
2. Clique em "Filter" (Filtrar) para combinar os ficheiros de GSSP (Z64 na figura) com os ficheiros de traçados de exões.

Se a opção "Filter" (Filtrar) não estiver disponível, a ambiguidade não foi resolvida pelo GSSP.



A lista de alelos contém os resultados combinados. A coluna de discordâncias indica se ainda existem discordâncias na sequência de avanço, recuo ou GSSP.

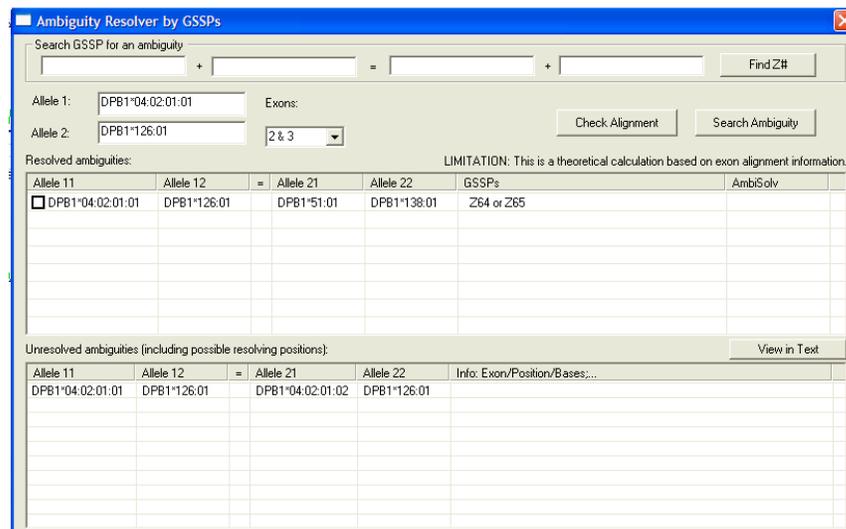
Sample	Locus	A	T	C	U
167302 [H: DPB1*51:01, DPB1*138:01]	DPB	■			
2F: 167302_DPB1_2F_A01.ab1					
2R: 167302_DPB1_2R_B01.ab1					
Z64: 167302_DPB1_Z64_A03.ab1	Z64				
3F: 167302_DPB1_3F_C01.ab1					
3R: 167302_DPB1_3R_D01.ab1					
4F: 167302_DPB1_4F_E01.ab1					
4R: 167302_DPB1_4R_F01.ab1					
Filter					
<input type="text"/>					
MM (1)	Allele	Info	Combined GSSP Filter		
0	DPB1*51:01	DPB1*138:01 -r			

Resolver ambiguidades de alelos através da ferramenta de GSSP

A caixa de diálogo **Ambiguity Resolver by GSSPs** (Ferramenta de resolução de ambiguidades por GSSP) sugere os GSSP que podem resolver ambiguidades de alelos antes de terem sido carregados quaisquer dados de sequenciação. Se o utilizador tiver um resultado de baixa resolução ou tiver conhecimento de uma ambiguidade que seja necessário resolver, os GSSP que resolvem quaisquer ambiguidades conhecidas num único par de alelos ou entre dois pares de alelos podem ser determinados com esta ferramenta antes de configurar o processamento de sequenciação. O(s) GSSP pode(m) ser processado(s) antecipadamente em vez de aguardar pelo processamento de sequenciação inicial.

1. Selecione o ícone **Ambiguity Solver** (Ferramenta de resolução de ambiguidades)  para abrir a janela **Ambiguity Resolver by GSSP** (Ferramenta de resolução de ambiguidades por GSSP).

Depois de aberta a janela **Ambiguity Resolver by GSSP** (Ferramenta de resolução de ambiguidades por GSSP), pode introduzir manualmente alelos, designados pelo grupo ou pelo nome completo do alelo. Também pode introduzir exões para limitar o alcance da pesquisa.

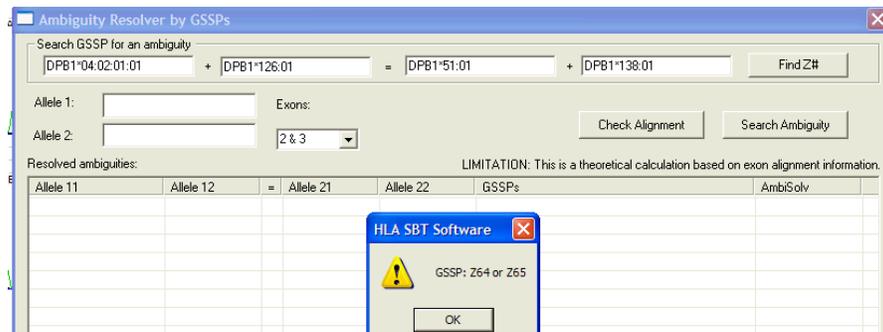


2. Clique em **Search Ambiguity** (Pesquisar ambiguidade).

Os GSSP aplicáveis para resolver ambiguidades são apresentados na coluna GSSP. Se restarem ambiguidades que não seja possível resolver com os GSSP existentes, estas serão apresentadas em Unresolved ambiguities (Ambiguidades não resolvidas).

3. Se pretender abrir a **Allele Alignment Study Tool** (Ferramenta de estudo de alinhamento dos alelos), selecione um par de alelos na lista **Resolved Ambiguities** (Ambiguidades resolvidas) e clique em **Check Alignment** (Verificar alinhamento).

- Os campos Search GSSP for an ambiguity (Procurar GSSP para uma ambiguidade) permitem introduzir os pares de alelos específicos para determinar se a ambiguidade pode ser resolvida com um GSSP existente ao selecionar **Find Z#** (Encontrar N.º Z).



- Clique em View in Text (Ver em texto) para abrir uma versão em texto das listas de ambiguidades resolvidas e não resolvidas.



ATENÇÃO! – Este é um cálculo teórico baseado em informações de alinhamento. Alguns alelos nulos podem ser listados como uma ambiguidade não resolvida quando podem ser filtrados manualmente.

Rever e aprovar genótipos

Revisão e envio de amostras

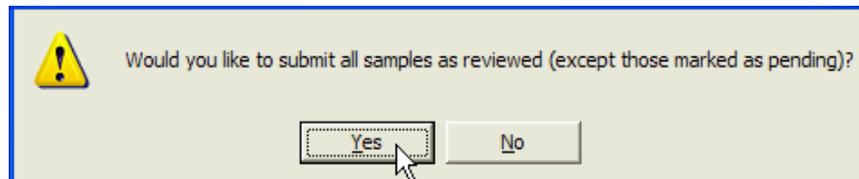
Qualquer pessoa a quem seja atribuída a permissão de nível de “Utilizador” pode marcar amostras como revistas, mas apenas um utilizador com o nível de “Supervisor” pode aprová-las.

1. O utilizador pode rever e enviar todas as amostras abertas com uma revisão em série ou rever amostras individualmente.

Para a revisão em série:

Na barra de ferramentas, clique no ícone **Technician Final Review and Submission**

(Revisão final e envio do técnico)  para efetuar a revisão final e o envio de todas as amostras.



Clique em **Yes** (Sim).
Clique em **OK**.

Para a revisão de amostras individuais:

Selecione uma amostra e prima **Ctrl-S** ou clique com o botão direito do rato no locus ou no nome da amostra, seguido de **Sample List > Mark Reviewed** (Lista de amostras > Marcar como revista). Em alternativa, clique na coluna “U” da janela Sample List (Lista de amostras).

2. A amostra revista na lista de amostras apresentará uma marca de verificação junto ao ponto verde claro.

 D139

3. Para remover o estado de revista de todas as amostras na lista, selecione **File > Unlock All** (Ficheiro > Desbloquear tudo) ou **File > Unlock All with Reset** (Ficheiro > Desbloquear tudo com reposição). **Unlock All with Reset** (Desbloquear tudo com reposição) remove a designação de tipo final definida na ferramenta **Final Type** (Tipo final).
4. Para reanalisar todas as amostras desbloqueadas, selecione **File > Re-Run All** (Ficheiro > Reprocessar tudo).

5. Para remover o estado de revista de uma amostra individual, selecione-a e prima **Ctrl-U** ou clique com o botão direito do rato no locus ou no nome da amostra no menu **Sample List** (Lista de amostras) e selecione **Unlock** (Desbloquear).
6. Após a revisão, envie e guarde as amostras. Clique em **File > Save All** (Ficheiro > Guardar tudo).
7. No painel **Save Sample and Case Information** (Guardar informações de amostras e casos), clique em **Save All and Exit** (Guardar tudo e sair). Consulte [Save Sample and Case Information](#) (Guardar informações de amostras e casos) para mais detalhes.

Aprovação de amostras

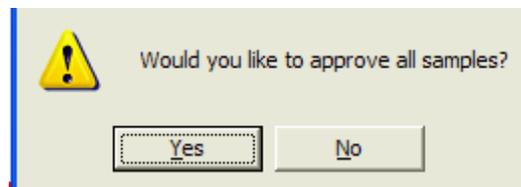
Um utilizador com permissão de nível de “Supervisor” pode rever e aprovar amostras.

As amostras podem ser aprovadas e enviadas juntamente numa revisão em série ou individualmente.

Para marcar todas as amostras como aprovadas ou não aprovadas:

Para a aprovação em série:

1. Na barra de ferramentas, clique no ícone **Final Supervisor Approval** (Aprovação final do supervisor) .



2. Clique em **Yes** (Sim).
O estado muda para “approved” (aprovada).
3. Clique em **OK**.

Para a aprovação de amostras individuais:

4. Selecione uma amostra e prima **Ctrl-A** ou clique com o botão direito do rato no locus ou no nome da amostra no menu **Sample List** (Lista de amostras) e selecione **Mark Approved** (Marcar como aprovada).
5. A amostra aprovada na lista de amostras apresentará uma marca de verificação junto ao ponto verde escuro.



6. Para remover o estado de aprovada de todas as amostras carregadas, selecione **File > Unlock All** (Ficheiro > Desbloquear tudo) ou **File > Unlock All with Reset** (Ficheiro > Desbloquear tudo com reposição). **Unlock All with Reset** (Desbloquear tudo com reposição) remove a designação de tipo final definida

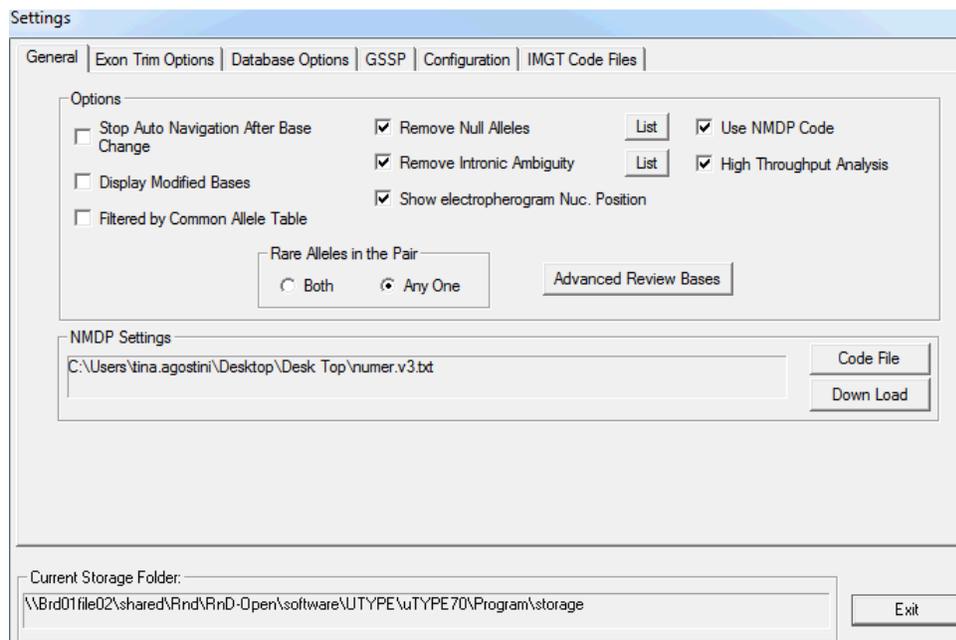
na ferramenta **Final Type** (Tipo final).

7. Para remover as aprovações individualmente, selecione uma amostra e prima **Ctrl-U** ou clique com o botão direito do rato no locus ou no nome da amostra no menu **Sample List** (Lista de amostras) e selecione **Unlock (Desbloquear)**. É necessário executar a ação **Unlock with Reset** (Desbloquear com reposição) duas vezes para remover o tipo final.
8. Clique em **File > Save All** (Ficheiro > Guardar tudo). Consulte [Save Sample and Case Information](#) (Guardar informações de amostras e casos) para mais detalhes.

Definições

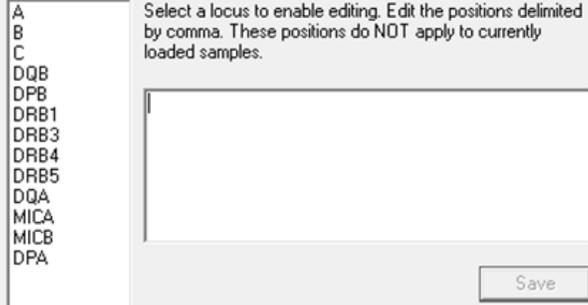
Abra a caixa de diálogo **Settings** (Definições) clicando no ícone **Preferences** (Preferências)  na barra de tarefas.

Separador General (Geral)



Opções de General (Geral)	Descrição e utilização
Stop Auto Navigation After Base Change (Parar navegação automática depois de alterar base)	Impede o software de saltar automaticamente para a posição discrepante seguinte após uma edição de base.
Display Modified Bases (Visualizar bases modificadas)	Mostra as bases inativas que funcionam como marcadores de posição.
Filtered by Common Allele Table (Filtrado por tabela de alelos)	Caixa de verificação para eliminar os alelos não contidos na lista CWD da Match List (Lista de correspondências).

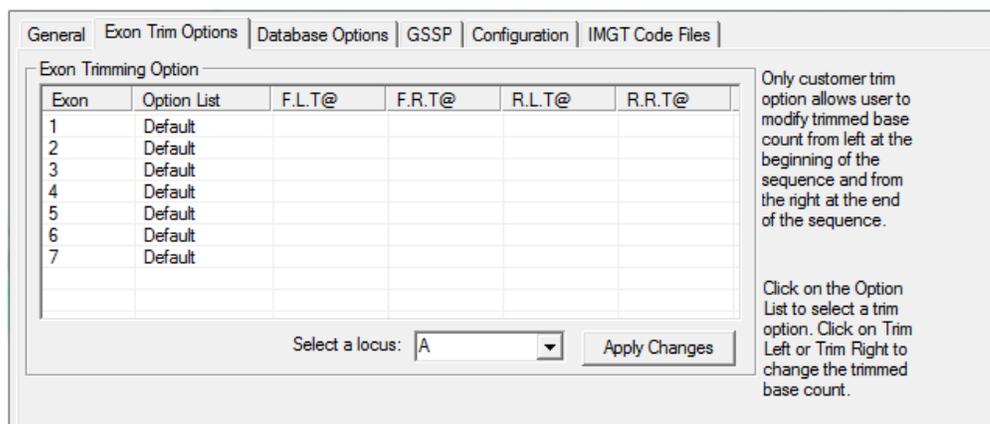
comuns)	
Rare Alleles in the Pair (Alelos raros no par)	<p>Any One (Qualquer um):quando a opção Filtered by Common Allele Table (Filtrado por tabela de alelos comuns) está selecionada, os pares de alelos com pelo menos um alelo raro são filtrados da Match List (Lista de correspondências).</p> <p>Both (Ambos):quando a opção Filtered by Common Allele Table (Filtrado por tabela de alelos comuns) está selecionada, os pares de alelos com dois alelos raros são filtrados da Match List (Lista de correspondências).</p>
Remove Null Alleles (Remover alelos nulos)	Caixa de verificação para remover alelos conhecidos resultantes de inserções ou eliminações na região de codificação da Match List (Lista de correspondências). Se não estiver selecionada, os alelos nulos podem ser removidos manualmente da Match List (Lista de correspondências).
Remove Intronic Ambiguity (Remover ambiguidade intrónica)	Caixa de verificação para analisar ambiguidades intrónicas que se situem imediatamente fora da região de codificação com dados de sequenciação existentes. Se não estiver selecionada, os alelos com ambiguidades intrónicas podem ser removidos manualmente da Match List (Lista de correspondências).
List (Lista)	Clique para apresentar uma lista de alelos nulos e de alelos definidos por polimorfismos intrónicos que podem ser filtrados pelo software quando os filtros de alelos nulos e/ou ambiguidades intrónicas estão ativados.
Show Electropherogram Nuc. Position (Mostrar Posição Nuc. de Eletroferograma)	Apresenta no eletroferograma o número efetivo da posição do HLA em vez do número da base ABI inserido.
Use NMDP code (Usar código NMDP)	Imprime o código NMDP ou tipo de 4 dígitos no relatório.

<p>High Throughput Analysis (Análise de alta produção)</p>	<p>Permite ao software tomar mais decisões de nomenclatura das bases (para laboratórios de referência que processem um grande volume de amostras). Todas as alterações do software são indicadas ao utilizador pela adição de posições marcadas a cor de rosa na janela Upper Navigator (Navegador superior).</p> <p>Quando High Throughput Mode (Modo de alta produção) está ligado, a Common Allele Table (Tabela de alelos comuns) é referenciada para efetuar edições automáticas. As edições feitas dependem de uma das opções “Rare Alleles in the Pair” (Alelos raros no par). O seguinte irá descrever como o software utiliza as 2 opções disponíveis “Any One” (Qualquer um) ou “Both (Ambos).</p> <ol style="list-style-type: none"> 1) High Throughput Mode (Modo de alta produção) ligado + “Any one” (Qualquer um) selecionado: O software irá editar automaticamente conforme necessário para encontrar um resultado comum/comum. Se qualquer um dos alelos num par for raro, o software tem tendência contra essa digitação apenas como função da frequência de alelos. As edições ou alterações automáticas são apresentadas no painel Base Navigator (Navegador de bases) com a cor rosa, indicando a posição editada pelo software. Os utilizadores são aconselhados a rever essas posições. 2) High Throughput Mode (Modo de alta produção) ligado + “Both” (Ambos) selecionado: O software irá editar automaticamente conforme necessário para encontrar um resultado comum/comum OU comum/raro. Se ambos os alelos num par forem raros, o software só tem tendência contra o resultado duplo raro. 3) O utilizador terá de utilizar o modo “Standard” (Padrão) (ativado ao desativar a análise de High Throughput [Alta produção]) se pretender criar manualmente edições diferentes do que a sequência de consenso apresentou. A definição “Rare Alleles in the Pair” (Alelos raros no par) não tem efeito nos resultados sugeridos do par de alelos quando no modo “Standard” (Padrão).
<p>Advanced Review Bases (Bases para revisão avançada)</p>	 <p>Introduza o número da posição na janela aberta e selecione “Save” (Guardar). A posição introduzida na janela será automaticamente marcada na análise subsequente de amostras futuras.</p>

<p>NMDP Settings (Definições de NMDP)</p>	<p>Se a opção Use NMDP Code (Usar código NMDP) estiver selecionada, é necessário adicionar os ficheiros NMDP.</p> <p>Down Load (Transferir): Transfere automaticamente o ficheiro .zip numérico do website do NMDP (http://bioinformatics.nmdp.org/HLA/numeric_allele_code_list.html). Guarde-o numa pasta.</p> <p>Code File (Ficheiro de código): define o caminho para o ficheiro numer.v3.txt transferido.</p>
-----------------------------------------------	------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------

Separador Exon Trim Options (Opções de encurtamento de exões)

Permite ao utilizador definir as posições de início e fim dos exões. Quando as Exon Trim Options (Opções de encurtamento de exões) estiverem definidas, as posições de início e fim serão aplicadas a todas as amostras subsequentes para o locus selecionado.



Definições de encurtamento de exões	Descrição e utilização
<p>Option List (Lista de opções)</p>	<p>Escolha "Default" (Predefinição), "Full Exon" (Exão completo) e "Customer" (Cliente) ao selecionar a coluna "Option List" (Lista de opções). Default (Predefinição) – Posições de encurtamento dos exões definidas pelo fornecedor.</p> <p>Full Exon (Exão completo) – As posições de início e fim dos exões correspondem às designadas pelos HLA para cada locus.</p> <p>Customer (Cliente) – Posições de início e fim definidas pelo cliente/utilizador. Se a opção "Customer" (Cliente) estiver selecionada, a definição de encurtamento para o início ou fim de cada direção no exão pode ser modificada. Apenas os loci e exões suportados pelo software são ajustáveis quando a opção "Customer" (Cliente) está</p>

	selecionada.
FLT/FRT/RLT/RRT	<p>FLT – traçado de avanço, posição de encurtamento do lado esquerdo</p> <p>FRT – traçado de avanço, posição de encurtamento do lado direito</p> <p>RLT – traçado de recuo, posição de encurtamento do lado esquerdo</p> <p>RRT – traçado de recuo, posição de encurtamento do lado direito</p> <p>O valor introduzido nestas colunas é um número de posição de base.</p>
Locus	Selecione o locus onde é necessário definir opções de encurtamento dos exões.

Separador Database Options (Opções da base de dados)

Definições das opções da base de dados	Descrição e utilização
Use Default DB (Usar BD predefinida)	Selecione o botão de opção para repor a localização de armazenamento da base de dados predefinida. A base de dados de armazenamento predefinida é uma base de dados do Microsoft Access.
Use Oracle DB (Usar BD Oracle)	Selecione o botão de opção para ativar a utilização de uma base de dados Oracle. Utilize Set DSN (Definir DSN) para navegar até à base de dados Oracle. O Administrador de bases de dados é responsável pela configuração das ligações à base de dados.
Use SQL Server DB (Usar BD SQL Server)	Selecione o botão de opção para ativar a utilização de uma base de dados SQL Server. Utilize Set DSN (Definir DSN) para navegar até à base de dados SQL Server. O Administrador de bases de dados é responsável pela configuração das ligações à base de dados.
Set to new location (Definir nova localização)	Permite a seleção de uma nova localização de armazenamento. Só é possível designar uma nova localização de armazenamento quando não está carregado qualquer ficheiro no software. Apenas um supervisor pode alterar a localização de armazenamento.

Separador GSSP

Os utilizadores podem introduzir os seus próprios GSSP no Software uTYPE 7.x.

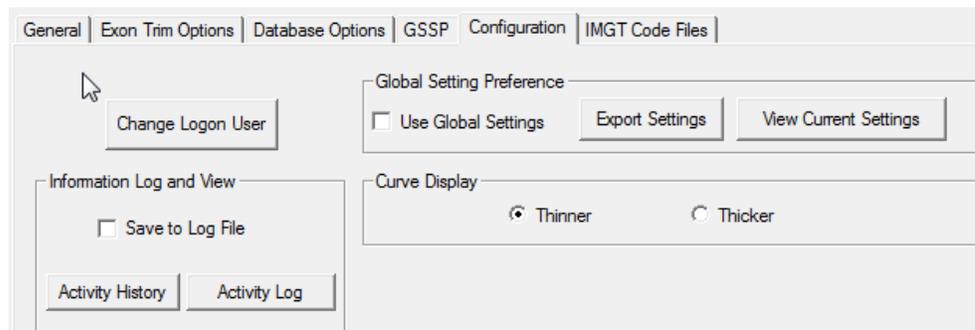
Code	Locus	GSSP String	Cross
X123...	A	1C1L2	
X106	C	177GA1L2	
X100	C	419C20R3	
X1	A	109C25R2	
X112	B	110C25L2	
X113	B	110C	
X114	B	110CGT25L2	

Para adicionar um GSSP, siga a convenção de nomenclatura abaixo indicada:

Definições de GSSP	Exemplo	Descrição e utilização
Código		Código atribuído pelo cliente; os GSSP criados pelo utilizador são designados por um X antes do nome do GSSP.
Select a locus (Selecionar um locus)		Locus alvo do primer.
Position (Posição)		Local de especificidade do primer.
Bases		Base(s) definidora(s) no local de especificidade do primer.
Skip Count (Ignorar contagem)		Número de bases no início da leitura da sequência que devem ser excluídas da análise (o comprimento do primer não é incluído neste valor). Sugere-se 20 bases para o polímero POP6 e 30 para o POP7.
Direção do primer		L para um primer de recuo R para um primer de avanço; R para um primer de avanço
Exon (Exão)		Exão alvo do primer.
Cross (F23/R23) (Cruzar [F23/R23])		F23: o GSSP atravessa do exão 2 ao exão 3. R23: o GSSP atravessa do exão 3 ao exão 2.

Selecione **Add GSSP** (Adicionar GSSP) para apresentar o GSSP personalizado na tabela. Selecione **Save** (Guardar) para ativar o novo GSSP no software. Selecione **List All GSSPs** (Listar todos os GSSP) para apresentar os GSSP na base de dados. Selecione **Remove Selected** (Remover selecionados) para remover os GSSP selecionados.

Separador Configuration (Configuração)

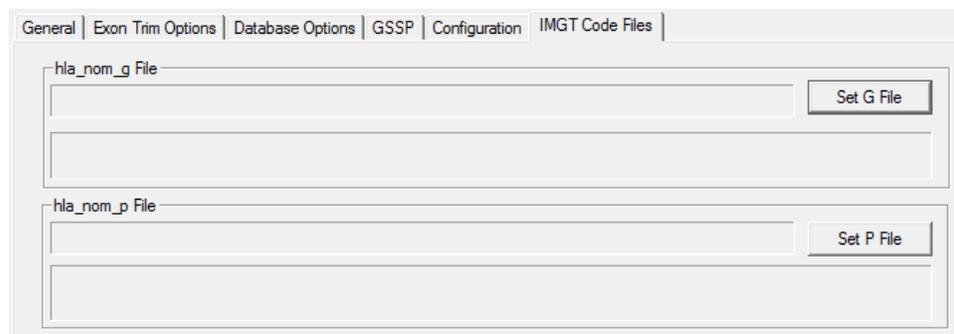


Definições de Configuration (Configuração)	Descrição e utilização
Orientações de definições globais	<p>As definições globais permitem que as várias instâncias do Software uTYPE 7.x instaladas utilizem perfis de definições idênticos.</p> <p>As definições globais são aplicáveis apenas a software que esteja acessível a vários utilizadores através de uma localização em rede partilhada. O Software uTYPE 7.x deverá ser instalado numa localização em rede que esteja acessível a todos os utilizadores para que as definições globais sejam aplicadas.</p> <p>As modificações às definições globais só podem ser efetuadas por utilizadores com uma função de Supervisor. As atualizações podem ser efetuadas a qualquer altura.</p> <p>Recomenda-se que os utilizadores ativem as definições globais ao instalarem o Software uTYPE 7.x.</p> <p>Os utilizadores podem alterar preferências individuais para uma sessão de análise com a opção Use Global Settings (Usar definições globais) selecionada, mas a Global Setting Preference (Preferência de definições globais) é reposta ao encerrar e reiniciar a sessão no Software uTYPE 7.x.</p>

Global Setting Preference (Preferência de definições globais)	<p>Podem ser criadas definições globais para os seguintes itens:</p> <ol style="list-style-type: none"> 1. Save Log Info (Guardar informações de registo) 2. Use NMDP Code (Usar código NMDP) 3. Filtered by Common Allele Table (Filtrado por tabela de alelos comuns) 4. Stop Auto Navigation After Base Change (Parar navegação automática depois de alterar base) 5. High Throughput Analysis (Análise de alta produção) 6. Remove Null Alleles (Remover alelos nulos) 7. Remove Intronic Ambiguity (Remover ambiguidade intrónica) 8. Rare Alleles in the Pair (Alelos raros no par) 9. Database to use (Base de dados a usar) 10. Data Storage Folder (Pasta de armazenamento de dados) 11. NMDP Settings (Definições de NMDP) 12. Ficheiros de código IMGT (ficheiros de código P e G) 13. Exon Trim Options (Opções de encurtamento de exões) 14. Advanced Review Bases (Bases para revisão avançada)
------------------------------------------------------------------	---------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------

Caixa de verificação Use Global Settings (Usar definições globais)	Ativa a Global Setting Preference (Preferência de definições globais) quando selecionada.
Export Settings (Exportar definições)	Quando é efetuada uma alteração a uma definição global, as restantes definições globais são atualizadas ao clicar no botão Export Settings (Exportar definições).
View Current Settings (Ver definições atuais)	Permite ao utilizador visualizar as seleções atuais de preferências de definições globais. As definições não são globais enquanto Export Settings (Exportar definições) não tiver sido selecionado.
Change Logon User (Alterar utilizador com sessão iniciada)	Permite que vários utilizadores iniciem a sessão e controlem as alterações sem encerrar o software.
Curve Display (Visualização da curva)	Ajusta a espessura de pico nos eletroferogramas.
Information Log and View (Registo e visualização de informações)	<p>Save to Log File (Guardar no ficheiro de registo) – Passa a guardar no Activity Log (Registo de atividade).</p> <p>Activity History (Histórico de atividade) – Apresenta um relatório pertencente a um intervalo de datas especificado.</p> <p>Activity Log (Registo de atividade) – Apresenta a atividade do dia atual.</p>

Separador IMGT Code Files (Ficheiros de código IMGT)



The screenshot shows a software configuration window titled "IMGT Code Files". It has several tabs: "General", "Exon Trim Options", "Database Options", "GSSP", "Configuration", and "IMGT Code Files". The "IMGT Code Files" tab is selected. Inside this tab, there are two main sections. The first section is labeled "hla_nom_g File" and contains a text input field and a button labeled "Set G File". The second section is labeled "hla_nom_p File" and also contains a text input field and a button labeled "Set P File".

Definições de IMGT Code Files (Ficheiros de código IMGT)	Descrição e utilização
Set G File (Definir ficheiro G)	Utilize Set G File (Definir ficheiro G) para navegar até ao ficheiro de texto do código G “hla_nom_g.txt”, que pode ser transferido em http://hla.alleles.org/wmda/ . A funcionalidade do código G é ativada depois de o ficheiro ter sido transferido e associado ao software.
Set P File (Definir ficheiro P)	Utilize Set P File (Definir ficheiro P) para navegar até ao ficheiro de texto do código P “hla_nom_p.txt”, que pode ser transferido em http://hla.alleles.org/wmda/ . A funcionalidade do código P é ativada depois de o ficheiro ter sido transferido e associado ao software.

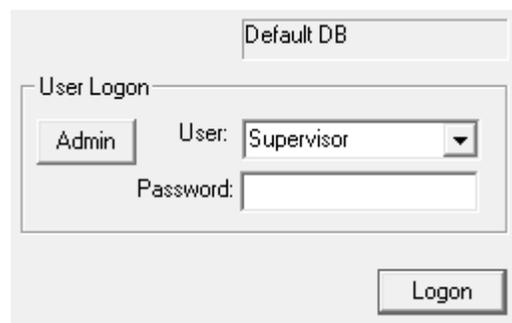
Administração e manutenção do software

Adicionar e remover utilizadores

Existem 2 níveis de permissão: “User” (Utilizador) e “Supervisor”.

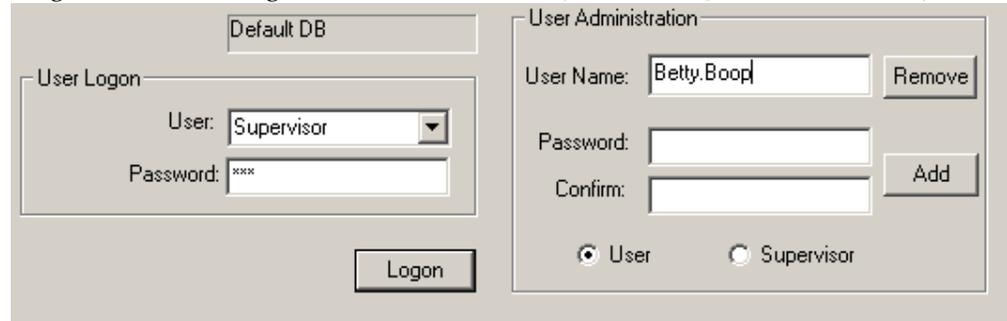
Apenas um Supervisor pode levar a cabo alterações de palavras-passe para os utilizadores existentes e adicionar/eliminar utilizadores. Se for o administrador do laboratório, contacte o seu Técnico de Vendas ou Técnico de Assistência do Software uTYPE 7.x para obter a palavra-passe do Supervisor.

1. Inicie o software.
2. Escolha “Supervisor” no menu pendente do campo “User” (Utilizador).
3. Introduza a palavra-passe de Supervisor fornecida pelo seu Técnico de Vendas ou Técnico de Assistência do Software uTYPE 7.x.
4. Clique no botão **Admin**.



The screenshot shows a software interface with a 'Default DB' field at the top. Below it is a 'User Logon' section containing an 'Admin' button, a 'User:' dropdown menu currently set to 'Supervisor', and a 'Password:' text input field. At the bottom right of the 'User Logon' section is a 'Logon' button.

Surge a caixa de diálogo **User Administration** (Administração de utilizadores).



5. Introduza o nome e a palavra-passe do novo utilizador.

Nota: o comprimento do nome do utilizador está limitado a 20 caracteres e a palavra-passe a 10 caracteres.

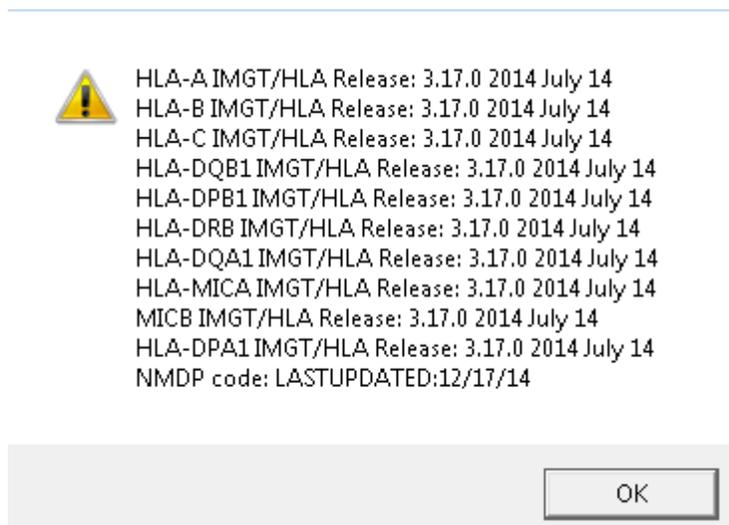
6. Seleccione o nível de permissão do novo utilizador: "User" (Utilizador) ou "Supervisor".
7. Clique em **Add** (Adicionar).
8. Repita os passos 5-7 para adicionar mais utilizadores.
9. Para remover um utilizador, introduza o nome deste conforme apresentado no menu pendente User (Utilizador) e clique em **Remove** (Remover).
10. Quando tiver terminado, clique em **Logon** (Iniciar sessão).

Alterar a palavra-passe

1. Inicie a sessão como Supervisor, conforme descrito em [Add and remove users](#) (Adicionar e remover utilizadores).
2. Introduza o nome do utilizador cuja palavra-passe pretende alterar.
3. Preencha os campos **Password** (Palavra-passe) e **Confirm** (Confirmar) e clique em **Add** (Adicionar).

Atualizar a biblioteca

1. Na janela da aplicação, clique no ícone  na barra de ferramentas.
2. Surge a versão da base de dados IMGT/HLA.



3. São lançadas novas versões a cada 3 meses.

Se a sua base de dados não for atual, solicite a versão mais recente da Biblioteca de Alelos uTYPE através do website da empresa ou contacte o seu Técnico de Vendas para mais informações.
4. Clique no menu pendente da biblioteca  na barra de ferramentas e, em seguida, escolha "Update Library" (Atualizar biblioteca).
5. Navegue até ao ficheiro .zip transferido.
6. A atualização é carregada no diretório de programas.
7. Saia e reinicie o Software uTYPE 7.x para aplicar a atualização da biblioteca.
8. Clique no ícone  para confirmar se a biblioteca foi atualizada.

Verificar se a biblioteca foi atualizada

A versão da base de dados IMGT/HLA utilizada pelo software surge por cima da barra de ferramentas.

IMGT/HLA Release: 3.17.0 2014 July 14

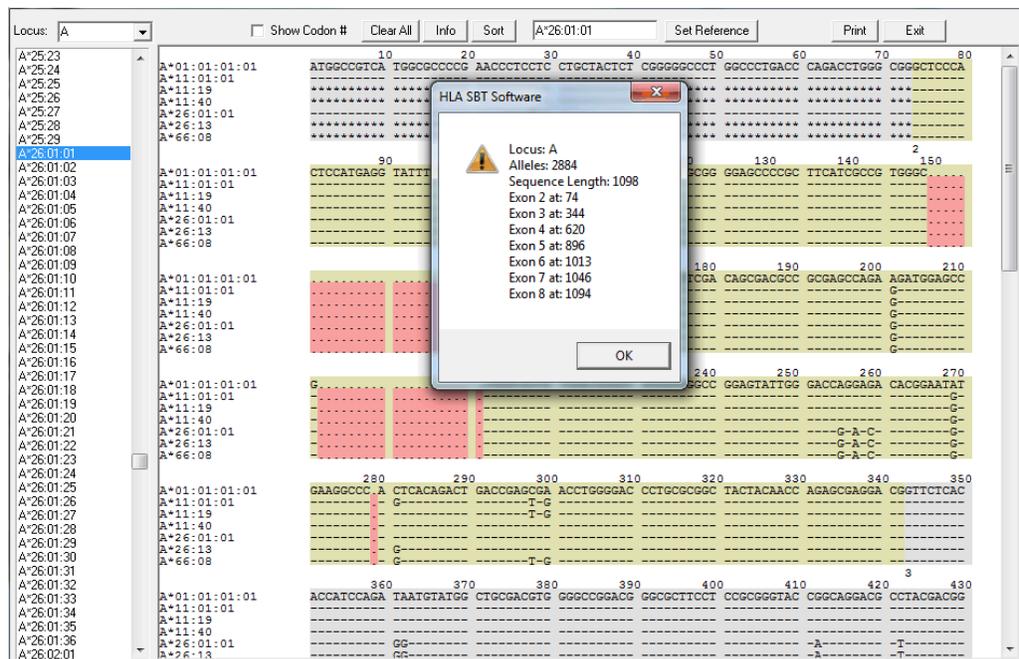
Também pode verificar se a biblioteca foi atualizada comparando-a com um ficheiro FASTA. Consulte [Confirm that Library Update has Loaded](#) (Confirmar que a atualização da biblioteca foi carregada)

Ferramenta de estudo de alinhamento dos alelos

A ferramenta **Allele Alignment** (Alinhamento dos alelos) pode ser acessada selecionando **Allele Alignment** no menu pendente **Lib** (Biblioteca) na barra de ferramentas.



Selecione a combinação de alelos e locus de interesse na janela pendente do lado esquerdo. O alinhamento dos alelos surge à medida que estes são selecionados.



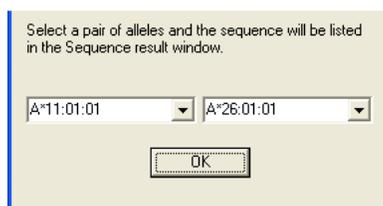
Opções de definições	Descrição e utilização
Show Codon # (Mostrar N.º do codão)	A seleção ou anulação desta seleção permite alternar entre a identificação das posições das sequências por número do codão ou da posição.
Informações	Abre uma janela pop-up com informações específicas do locus (como apresentado acima).
tipo	Ordena os alelos selecionados por ordem numérica.

Set Reference (Definir referência)	Esta função permite atribuir a referência a outro alelo além do predefinido ao digitar o alelo na janela adjacente. O alelo no cimo da lista de alelos é utilizado como referência predefinida.
------------------------------------	-------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------

Ferramenta de comparador de alelos

O **Allele Comparator** (Comparador de alelos) compara a sequência de um par de alelos selecionado diretamente com os dados da amostra. Pode ser acedido selecionando o ícone **Allele Comparator** (Comparador de alelos)  na barra de ferramentas. Pode comparar quaisquer alelos disponíveis na biblioteca e não apenas os que carregou na lista de amostras.

Para utilizar a ferramenta, selecione os alelos que pretende comparar nos menus pendentes da caixa de diálogo Allele Pair Selection (Seleção de pares de alelos).



Os alelos selecionados surgem nas duas linhas inferiores do painel de visualização de sequências.

Position					
Marker					
Reviewed					
Consensus	V	W	S	R	R
GSSP					
Edits	-	-	-	-	-
Pattern	G	A	G	G	G
Result	-	-	-	-	-
A*11:01:01	G	A	G	G	G
A*26:01:01	G	A	G	G	G

Par de alelos selecionado

Quaisquer locais discrepantes entre o par de alelos carregado manualmente e os dados da curva do traçado surgem marcados a vermelho na janela do navegador inferior para revisão. Na visualização de sequências, a base discrepante é igualmente marcada a vermelho.

Ferramenta de lupa

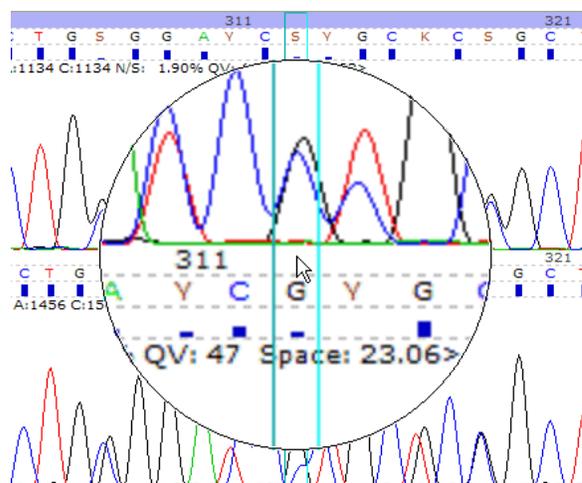
A ferramenta **Magnifier** (Lupa) serve para ampliar. Pode utilizá-la para fornecer uma vista ampliada dos detalhes de um eletroferograma.



1. Clique duas vezes no ícone de lupa na barra de ferramentas . Ao segundo clique, mantenha premido o botão do rato.

Abre-se a ferramenta **Magnifier** (Lupa).

2. Mantenha premido o botão do rato enquanto arrasta a lupa para o local que pretende ampliar. Se utilizar ecrãs duplos, a lupa só funcionará no ecrã 1.



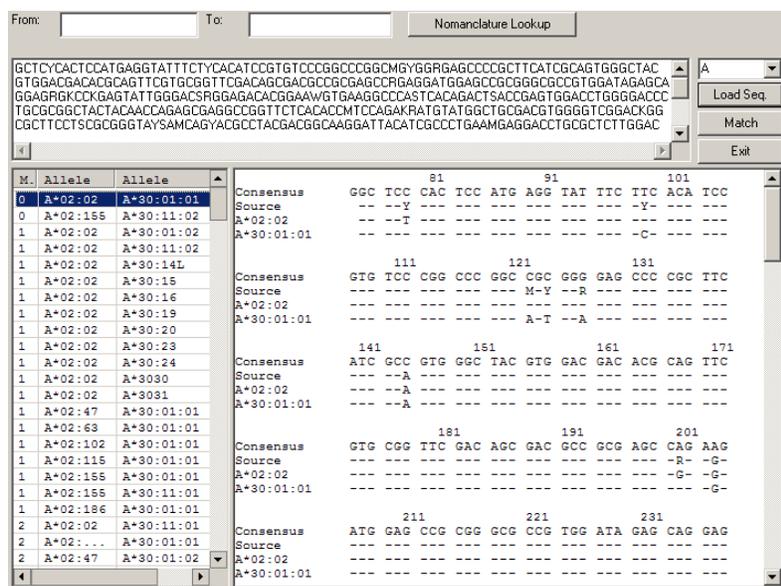
3. Solte o botão do rato para fechar a ferramenta **Magnifier** (Lupa).

Ferramenta de CQ da biblioteca por sequência no FASTA e consulta de nomenclatura

A ferramenta **Library QC by Sequence in FASTA and Nomenclature Lookup** (CQ da biblioteca por sequência no FASTA e consulta de nomenclatura) permite verificar se a biblioteca foi atualizada comparando-a com um ficheiro FASTA.

Também pode converter a nomenclatura antiga de um alelo para a nova ou vice-versa.

Para aceder a esta ferramenta, clique em  na barra de ferramentas e selecione **QC Library** (CQ da biblioteca).



Confirmar que a atualização da biblioteca foi carregada

Para confirmar que uma atualização da biblioteca foi carregada:

1. Clique em  na barra de tarefas e selecione **QC Library** (CQ da biblioteca).
Abre-se o painel **Library QC by Sequence in FASTA and Nomenclature Lookup** (CQ da biblioteca por sequência no FASTA e consulta de nomenclatura).
2. Clique em **Load Seq.** (Carregar seq.) para navegar até um ficheiro FASTA de alelos dos HLA conhecido e carregue-o ou cole um ficheiro com essas características na janela do meio.
3. Selecione um locus no menu pendente e clique em **Match**(Correspondência).

É apresentado um alelo ou pares de alelos.

4. Selecione o(s) alelo(s) para mostrar o alinhamento.

Consulta de nomenclatura

Para converter a convenção de nomenclatura antiga de um alelo para a nova ou vice-versa (quando o nome antigo está disponível):

1. Clique em  na barra de tarefas e selecione **QC Library** (CQ da biblioteca).
Abra-se a ferramenta **Library QC by Sequence in FASTA and Nomenclature Lookup** (CQ da biblioteca por sequência no FASTA e consulta de nomenclatura).
2. Introduza as informações de alelos de nomenclatura antiga ou nova no campo **From:** (De:) e clique em **Nomenclature Lookup**. (Consulta de nomenclatura).
3. O campo **To:** (Para:) mostra a nomenclatura no formato oposto.

Para informações sobre a nomenclatura nova e antiga, consulte:

hla.alleles.org/anuncio.html

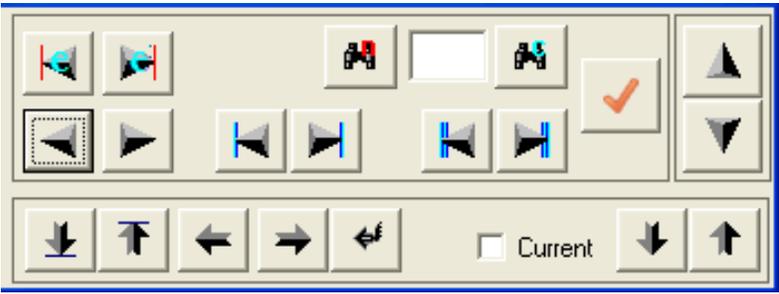
hla.alleles.org/nomenclature/naming_prev.html

Referência

Visão geral da barra de ferramentas

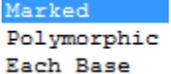


Ícone	Descrição
	Rever resultados armazenados – Abre o painel Data Management and Review (Gestão e revisão de dados).
	Abrir/Carregar ficheiros – Abre o painel Load Files (Carregar ficheiros).
	Utilizador de alta produção – Contacte a Assistência Técnica para mais informações.
	Guardar todos os resultados – Abre o painel Save Sample and Case Information (Guardar informações de amostras e casos).
	Reprocessar correspondência.
	Função de relatório – Abre o painel Report (Relatório).
	Limpar todas as amostras. Marked ▾
	Navegar até à base alvo anterior ou seguinte. Utilizando uma destas quatro definições do menu pendente: <ul style="list-style-type: none"> • A definição Marked (Marcadas) permite ao software navegar até todas as posições marcadas. • A definição Polymorphic (Polimórficas) permite ao software navegar até todas as posições polimórficas. • Each base (Cada base) permite ao software navegar por cada posição. • Introduza a localização de um codão, como "30,1" ou a posição de um par de bases, como "253", para navegar até uma posição especificada.
	Repor alterações do locus atual – Remove as alterações dos dados do conjunto de traçados atual.
	Imagem de captura de ecrã.
	Funcionalidades da biblioteca – Abre os painéis Library QC by Sequence in FASTA & Nomenclature Lookup (CQ da biblioteca por sequência no FASTA e consulta de nomenclatura), Update library (Atualizar biblioteca) e Allele Alignment Study (Estudo de alinhamento dos alelos). Pode aplicar ficheiros FASTA à atualização da biblioteca de teste.
	Comparador de alelos – Utilize para comparar o par de alelos selecionado com os dados da amostra. Abre a caixa de diálogo Allele Pair Selection (Seleção de pares de alelos) .
	Ferramenta de resolução de ambiguidades – Abre o painel Ambiguity Resolver by GSSPs (Ferramenta de resolução de ambiguidades por GSSP).
	Preferências – Defina as preferências do software.
	Revisão final e envio do técnico.
	Aprovação final do supervisor.
	Lupa – Clique duas vezes e mantenha premido o botão para abrir a lupa.
	Encurtamento manual de inserção/eliminação de DQA1 – Aplica ou remove a função de encurtamento para a amostra de inserção/eliminação.
	Desativar a cor do traçado na visualização de eletroferogramas.

	Ativar/Desativar o processamento automático após a edição de bases.
	Filtrar C/R – Alterna a filtragem de alelos raros na Match List (Lista de correspondências).
 <p>Painel Show Navigation (Mostrar navegação)</p> <p>Aumente e diminua a altura de visualização do eletroferograma. Aumente e diminua a altura do pico. Aumente e diminua o número de picos na janela de visualização.</p> <p>Reponha a visualização predefinida.</p> <p>Desloque-se para o início e fim do exão.</p> <p>Desloque-se para a posição do codão no eletroferograma.</p> <p>Desloque-se para a posição do par de bases no eletroferograma.</p> <p>Avance para a amostra anterior ou seguinte na janela da lista de amostras.</p> <p>Marque uma posição como revista. Surge uma barra verde na janela do navegador de bases.</p> <p>Navegue por cada posição de base ou polimórfica ou base marcada no eletroferograma.</p> <p>Assinale para efetuar alterações na curva do traçado selecionada.</p>	       

	Utilizar filtro de alelos nulos (Nul) ou intrônicos (Intr) – Ativa/Desativa o filtro de alelos nulos e intrônicos para todas as amostras carregadas.
	Posições MM – Selecione para apresentar a amarelo na janela do navegador de bases os alelos indicados na Match List (Lista de correspondências).
	Visualizar informações de QV/Sequência – Alterna as opções de visualização do eletroferograma: <ul style="list-style-type: none"> • Sem informações • Histograma apenas • Histograma, nome do ficheiro .ab1, sinal, fundo, QV, espaçamento • Nome do ficheiro .ab1, sinal, fundo, QV, espaçamento • Histograma, nome do ficheiro .ab1 • Nome do ficheiro .ab1 apenas

Teclas de atalho

Atalhos/Teclas premidas	Barra de ferramentas	Função
F		Filtra as nomenclaturas das bases.
Alt-L		Mostra a janela Load Files (Carregar ficheiros).
Alt-R		Mostra a janela Data Management and Review (Gestão e revisão de dados).
Alt-S		Mostra a janela Save Sample and Case Information (Guardar informações de amostras e casos).
Z		Alterna entre Marked (Marcadas), Polymorphic (Polimórficas) e Each Base (Cada base).
←→ (tecla de seta para a esquerda/direita)		Navega pelas sequências conforme a seleção de Marked (Marcadas), Polymorphic (Polimórficas) ou Each Base (Cada base) acima.
ACGTRYKMSWN		Na janela Electropherogram (Eletroferograma), altera a nomenclatura da base apresentada.
Espaço		Elimina a base selecionada na janela Electropherogram (Eletroferograma).
Ctrl-D		Abre a Sequence Overview (Visão geral da sequência) para mostrar o traçado completo de uma vez.

Definições de tipo final da amostra

A caixa de diálogo **Sample Final Type Settings** (Definições de tipo final da amostra) permite designar manualmente e guardar um tipo final.

Para aceder à caixa de diálogo **Sample Final Type Settings** (Definições de tipo final da amostra), abra o menu **Sample List** (Lista de amostras) clicando com o botão direito do rato no locus ou no nome da amostra na **Sample List** (Lista de amostras) e seleccione **Set Final Type** (Definir tipo final).

The screenshot displays the 'Sample Final Type Settings' dialog box. At the top, the 'Sample' field contains '0037'. Below it is the 'NMDP Code Reverse Lookup' section with an input field and a 'Lookup' button. The main area shows a list of allele pairs: 'A*11:01/12/21N/24/33/78N/99N/116/181' and 'A*32:01/06/22/30/33/54/62'. The 'Type in Detail' section features a table with columns 'MM', 'Allele 1', and 'Allele 2'. The 'Assigned Type' section has fields for 'Allele 1' and 'Allele 2', with buttons 'X', 'R', and 'V' below. The 'List of Perfect Match' section contains a table with columns 'MM', 'Check All', and 'Uncheck All'. The 'Show Pair Alignment' section has options for 'Use 2 Fields', 'Use Allele String', 'Show G Code', 'Show P Code', 'Combine Selected (NMDP)', and 'Type by Software (NMDP)'. Buttons for 'Assign Type & Exit' and 'Cancel' are located on the right side.

Options (Opções)	Descrição e utilização
NMDP Code Reverse Lookup (Consulta inversa de código NMDP)	O código NMDP pode ser introduzido para visualizar a lista de alelos completa. A funcionalidade de código NMDP é configurada em Preferences (Preferências).
Type in Detail (Detalhes do tipo)	Quando possível, o software combina automaticamente as ambiguidades de digitação nos códigos NMDP.
Caixa de verificação Use 2 Fields (Usar 2 campos)	Encurta o tipo de alelo atribuído ao subtipo HLA quando a opção Show P Code (Mostrar código P) ou Show G Code (Mostrar código G) está seleccionada.

Use Allele String (Usar cadeia de alelos)	A caixa Assigned Type (Tipo atribuído) contém a cadeia de alelos completa quando a opção Use Allele String (Usar cadeia de alelos) está selecionada.
List of Perfect Match (Lista de correspondências perfeitas)	Apresenta a lista completa de correspondências perfeitas de pares de alelos.
Combine Selected (Combinar seleção)	Permite ao Software uTYPE 7.x designar o resultado de digitação final. O software combina os pares de alelos selecionados num código NMDP, se este existir.
Assign Type & Exit (Atribuir tipo e sair)	Define o tipo final e sai da janela.
Type by Software (Tipo do software)	Permite ao Software uTYPE 7.x designar o resultado de digitação final. O Software uTYPE 7.x consegue determinar o código NMDP e a forma como as ambiguidades são agrupadas. O utilizador não pode especificar alelos específicos quando esta opção é utilizada.
Show G Code (Mostrar código G)	A janela Type in Detail (Detalhes do tipo) apresenta os resultados de digitação com códigos G quando aplicável. A funcionalidade de código G é configurada em Preferences (Preferências). O utilizador pode definir o código G como o Assigned Type (Tipo atribuído).
Show P Code (Mostrar código P)	A janela Type in Detail (Detalhes do tipo) apresenta os resultados de digitação com códigos P quando aplicável. A funcionalidade de código P é configurada em Preferences (Preferências). O utilizador pode definir o código P como o Assigned Type (Tipo atribuído).
Show Pair Alignment (Mostrar alinhamento de pares)	Abre a Allele Alignment Tool (Ferramenta de alinhamento dos alelos) e compara todos os alelos selecionados na lista Manual Ambiguity Combination (Combinação manual de ambiguidades).
Assigned Type (Tipo atribuído) "R"	O botão R na janela Assigned Type (Tipo atribuído) converte o código NMDP nos campos Allele 1 (Alelo 1) e/ou Allele 2 (Alelo 2) na cadeia de alelos completa.
Assigned Type (Tipo atribuído) "V"	O botão V na janela Assigned Type (Tipo atribuído) apresenta a cadeia de alelos completa em duas linhas por cima da janela Type in Detail (Detalhes do tipo) se a cadeia de alelos for demasiado comprida para ser visualizada nos campos Allele 1 (Alelo 1) e Allele 2 (Alelo 2).
"X"	Limpa os alelos de Assigned Type (Tipo atribuído).

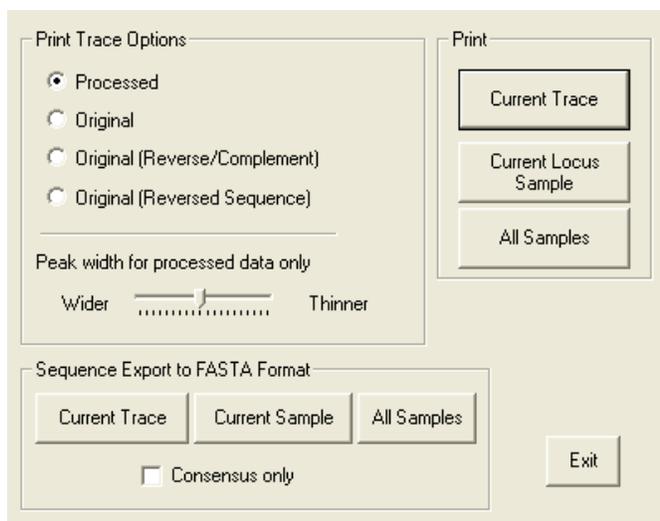
Gerador de registo de placas

Para aceder ao Plate Record Generator (Gerador de registo de placas), seleccione **File > Plate Record** (Ficheiro > Registo de placas).

Options (Opções)	Descrição e utilização
Information for plate record (Informações para registo de placas)	É necessário introduzir manualmente os campos da primeira vez. As informações são armazenadas pelo programa. O software preenche automaticamente os campos de introdução obrigatória com as entradas anteriores, se possível.
Select a model (Selecionar um modelo)	O menu pendente apresenta os modelos de analisador genético e as versões de software de recolha de dados.
Auto Fill Vertical (Preenchimento automático vertical)	O software preenche automaticamente o eixo e a direção apropriados para cada locus. A opção Vertical preenche automaticamente a placa na direção vertical.
Create Records (Criar registos)	Apresenta o registo de placas num formato que possa ser importado pelo software de recolha. Seleccione Save As (Guardar como) quando guardar o registo de placas antes de importar.
Print Work Sheet (Imprimir folha de trabalho)	Seleccione para imprimir uma folha de trabalho de 96 poços de forma a facilitar a configuração da placa.
Load Plate (Carregar placa)	Seleccione para carregar o registo de placas gerado anteriormente de forma a visualizar, rever ou editar o conteúdo das placas.

Imprimir um eletroferograma

Para imprimir um eletroferograma, selecione **File > Print Sequences** (Ficheiro > Imprimir sequências).



Relatórios de qualidade

Pode aceder aos relatórios de qualidade através do menu pendente **Load Files**

 (Carregar ficheiros). Escolha **QC View** (Vista de CQ). É necessário percorrer o ecrã **QC View** (Vista de CQ) até ao fundo para ver os três relatórios.



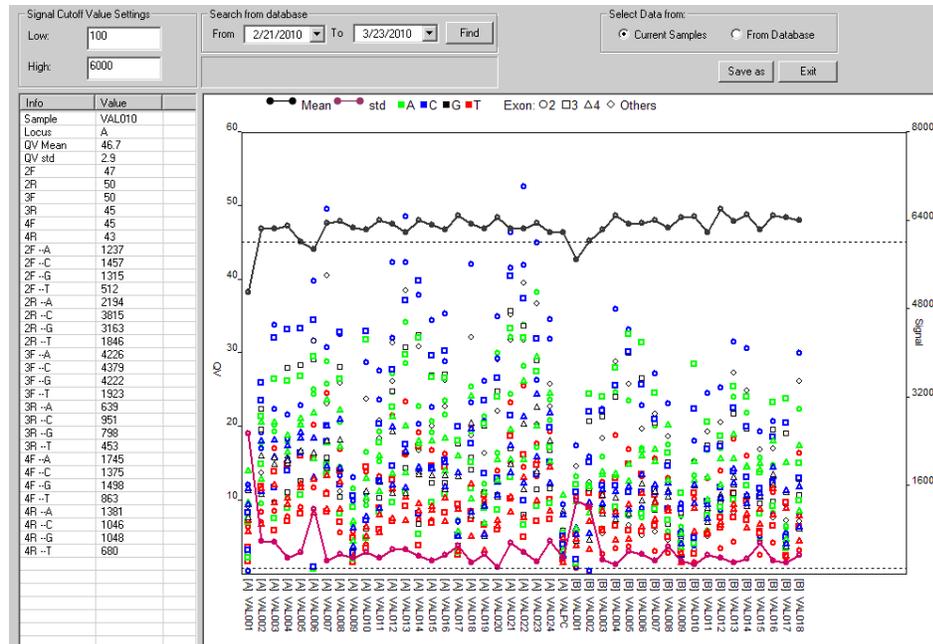
Nota: Imprima os relatórios apenas após a revisão do supervisor.

Itens do relatório de CQ	Descrição e utilização
Selecionar dados de: <ul style="list-style-type: none">• Amostras atuais• Da base de dados	Define a localização de onde pretende selecionar dados. Amostras atualmente carregadas. A localização da pasta da base de dados é definida em Settings (Definições).
Pesquisar na base de dados	Define parâmetros de datas para pesquisar na base de dados.

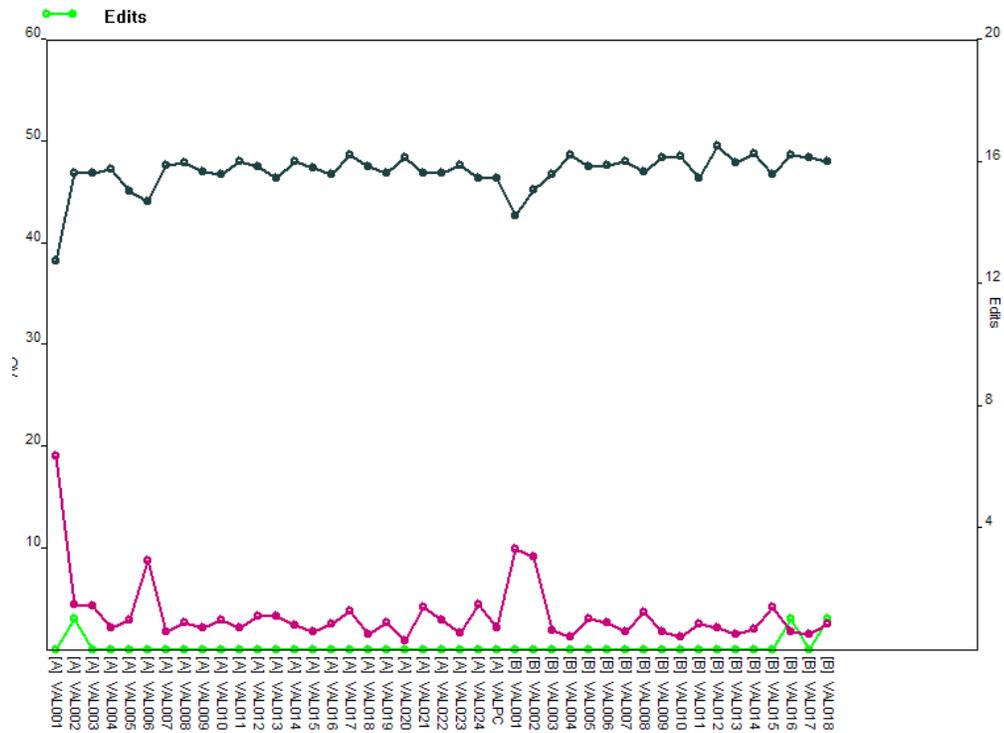
Definições de valores de corte de sinal

Define os valores de sinal alto e baixo a utilizar durante a criação dos relatórios.

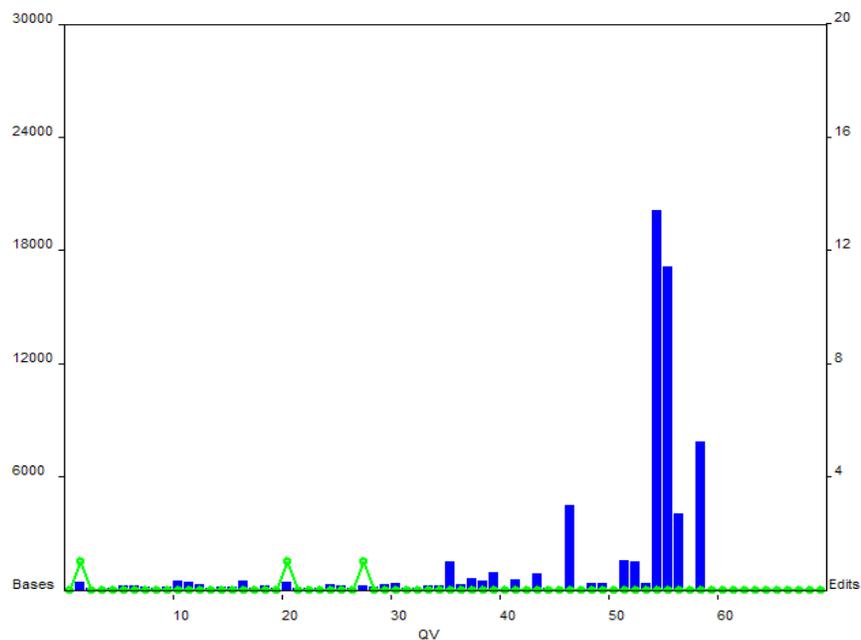
O **Signal Report** (Relatório de sinal) inclui as intensidades de sinal para cada base em cada eletroferograma. O gráfico também inclui a média e o desvio padrão do valor de qualidade para referência. Os sinais alto e baixo são definidos com a preferência do laboratório.



O **Edit Report** (Relatório de edições) inclui o número de edições por amostra relativamente à média e ao desvio padrão do valor de qualidade.



O relatório **Edit per Quality Value** (Edição por valor de qualidade) apresenta a distribuição de bases que obtiveram um valor de qualidade específico e as edições associadas por classificação de valor de qualidade.



Resolução de problemas

Mensagens de erro

Mensagem	Causa
Login (Iniciar sessão)	
Invalid Password (Palavra-passe inválida).	A palavra-passe contém demasiados caracteres.
Tem de ser um utilizador com nível de supervisor.	Apenas um utilizador com nível de "Supervisor" pode adicionar ou remover utilizadores.
Can't login. (Não é possível iniciar sessão) Please check user name and password (Não é possível iniciar a sessão. Verifique o nome de utilizador e a palavra-passe).	Incorrect password or invalid user selected (Foi selecionada uma palavra-passe incorreta ou um utilizador inválido).
Janela de carregamento	
Error 2: failed to read (Erro 2: falha na leitura).	Foi carregado um ficheiro não .ab1 na janela de carregamento que não é possível processar.
O nome da amostra não pode ter os caracteres "*" e "?".	O nome da amostra contém os caracteres especiais "*" e/ou "?".
Reanálise de exões e direções	
Still can't identify the sequence (Continua a não ser possível identificar a sequência).	Foi manualmente atribuída uma sequência a outro exão e/ou direção, mas o software continua a não conseguir reconhecer a sequência.
Janela de guardar	
Failed to Save (Falha ao guardar).	O subdiretório de armazenamento mudou para "leitura apenas".
Janela de carregamento	
Fail to load F: (Falha ao carregar F:).	O nome do ficheiro .lgn foi alterado na pasta da base de dados.
Relatórios	
Can't open template report file (Não é possível abrir o ficheiro de modelo do relatório).	Caminho incorreto para o modelo do relatório.

Problemas e soluções

Problema	Causas possíveis	Ação recomendada
A curva do traçado contém muitas discordâncias relativamente à sequência de consenso.	Foi carregada a biblioteca incorreta.	Reatribua a biblioteca correta.
	Sinal baixo ou fraca qualidade da sequência.	Repita a sequenciação da amostra.
As sequências de avanço e recuo estão desalinhadas.	O espaçamento entre picos fez com que o software inserisse uma base incorreta.	Para sequências que estejam desalinhadas numa área isolada no fim de um exão, encurte as bases incorretas.
	Depois de editar uma base, a sequência fica desalinhada.	Selecione a curva do traçado que foi editada, seguido de "Reset Changes" (Repor alterações) na barra de ferramentas. Localize a posição em que cada sequência fica desalinhada e encurte a sequência com a qualidade mais fraca. Em alternativa, edite a sequência no sentido do fim do exão.
	Depois de adicionar uma base, a sequência fica desalinhada.	Certifique-se de que o número de bases adicionadas equivale ao de bases removidas.
	Sinal baixo ou fraca qualidade da sequência.	Repita a sequenciação dos dados.
Ao filtrar, todos os alelos desaparecem da lista de correspondências.	Antes de filtrar, tem de existir pelo menos uma correspondência exata na lista de correspondências.	Verifique todos os locais discrepantes para verificar as nomenclaturas do software ou edite de forma a obter uma concordância de 100% com uma possível correspondência.
Ao filtrar um alelo nulo, a visualização de curva do traçado fica em branco.	O alelo nulo filtrado está presente num exão que não foi carregado. Não existe qualquer sequência para visualização.	Reanalise com o exão em falta. Para amostras positivas de Conjunto1 e Conjunto2 do locus B, os nulos localizados no exão 4 serão filtrados quando os dados forem combinados.

Problema	Causas possíveis	Ação recomendada
O nome da amostra não foi corretamente extraído na janela de carregamento.	As amostras do mesmo grupo têm nomes de amostra diferentes.	Recarregue os ficheiros na janela de carregamento. Para extrair o nome de uma amostra de um ficheiro presente na coluna de amostras, utilize a função Sample Name Extraction (Extração de nome da amostra) para preencher a posição de início e o comprimento do nome correto da amostra. O nome da amostra também pode ser editado na coluna de amostras.
Uma base editada não é inserida na sequência de padrão.	Os dados encurtados são, ainda assim, inseridos nos resultados de padrão.	Selecione o botão Match (Correspondência) na barra de ferramentas. A sequência de padrão pode memorizar uma sequência encurtada mesmo após a seleção do botão Match (Correspondência). Edite uma base de forma a corresponder à curva do traçado para acionar a análise automática do software.
	O padrão está congelado.	Edite uma base em qualquer ponto da sequência para acionar a análise automática do software.
	Foram carregados vários ficheiros.	Verifique se foram carregados vários ficheiros para o mesmo exão e direção na lista de amostras da janela de curva do traçado. Corrija, se necessário.
	As sequências de avanço e recuo não correspondem.	A nomenclatura do padrão repõe uma nomenclatura heterozigótica. Em alguns casos, é necessário editar a sequência de avanço e recuo para que a alteração seja aplicada na sequência de padrão.
	Amostra aprovada ou revista.	Não é possível editar amostras com o estado Approved (Aprovada) ou Reviewed (Revista) se não estiverem desbloqueadas.
O alelo esperado não foi identificado.	Foi ignorada uma posição polimórfica ou os resultados são discordantes.	Utilize a ferramenta de comparador de alelos para verificar o resultado comparativamente ao esperado selecionando os resultados esperados na lista pendente. Os locais discrepantes são apresentados na janela do navegador inferior para revisão.
	Fraca qualidade dos dados.	Repita a sequenciação da amostra.

Problema	Causas possíveis	Ação recomendada
Não são apresentadas correspondências na lista de alelos.	Demasiados locais discrepantes entre a sequência e o consenso.	A reanálise ocorre após cada alteração efetuada nos dados da curva do traçado. A lista de correspondências é automaticamente atualizada à medida que os locais discrepantes são corrigidos.
	A sequência de codão 86 está a ser incorretamente inserida nos resultados.	Não inclua a sequência de codão 86 se não for necessária para a digitação.
	Fraca qualidade dos dados.	Repita a sequenciação da amostra.

Problema	Causas possíveis	Ação recomendada
O exão e a direção determinados pelo software são diferentes do esperado.	Nome do ficheiro incorreto.	O nome do ficheiro foi incorretamente atribuído, mas o software consegue identificar o exão e a direção da sequência automaticamente.
	Fraca qualidade dos dados. A sequência pode ser demasiado comprida.	Reatribua o exão e a direção no software. Repita a sequenciação da amostra.
A amostra tem um ponto amarelo ao lado do nome na lista de amostras.	O software não consegue identificar um ficheiro.	Realce para seleccionar a sequência indefinida e clique com o botão direito do rato. Tente reatribuir o exão e a direção. Tente excluir uma secção de dados de fraca qualidade e reatribuir o exão e a direção.
	O software não consegue identificar um ficheiro.	Abra a árvore de amostras e elimine o ficheiro não identificado. O ponto muda de amarelo para vermelho/verde ou verde.
	Biblioteca incorreta.	Carregar a amostra na janela de carregamento e selecione outra biblioteca de análise.
	Fraca qualidade dos dados.	Repita a sequenciação da amostra.
As amostras não foram agrupadas conforme esperado.	A convenção de nomenclatura não foi seguida.	Carregar as amostras na janela de carregamento e inspecione a coluna de amostras. As amostras com o mesmo nome estarão agrupadas. Consulte as convenções de nomenclatura na secção "Requisitos dos ficheiros de introdução".
Após uma edição, o software não avança automaticamente para o local discrepante seguinte.	A definição "Polymorphic" (Polimórficas) está seleccionada na barra de ferramentas.	Selecione a definição "Marked" (Marcadas) na lista pendente da barra de ferramentas.
	Em "Preferences" (Preferências), a opção "Stop Auto Navigation After Base Change" (Parar navegação automática depois de alterar base) está seleccionada.	Abra as "Preferences" (Preferências) na barra de ferramentas e desselecione a opção "Stop Auto Navigation After Base Change" (Parar navegação automática depois de alterar base).
Após uma edição, o software avança automaticamente para o local discrepante seguinte.	A definição "Marked" (Marcadas) está seleccionada na barra de ferramentas.	Selecione a definição "Polymorphic" (Polimórficas) na lista pendente da barra de ferramentas.
	Em "Preferences" (Preferências), a opção "Stop Auto Navigation After Base Change" (Parar navegação automática depois de alterar base) não está seleccionada.	Abra as "Preferences" (Preferências) e selecione a opção para parar a navegação automática.

Problema	Causas possíveis	Ação recomendada
Os dados DRB1 têm polimorfismos extra no início da sequência.	O kit de DRB1 SeCore® contém primers dentro do exão.	Abra as "Preferences" (Preferências) e desselecione quaisquer opções de encurtamento de exões que não sejam as predefinições.

Anomalias

- De momento, não se conhecem anomalias.

Limitações e precauções

- As atualizações da biblioteca do Software uTYPE 7.x são fornecidas pela Invitrogen mediante pedido do utilizador. Deve utilizar-se a atualização da biblioteca com a versão mais recente. Antes de implementar uma atualização da biblioteca, o laboratório deverá efetuar testes de garantia e controlo de qualidade utilizando um painel de amostras/ficheiros de digitação molecular conhecidos. Essas amostras podem ser obtidas junto do International Workshop Reference Cell Panel e do UCLA DNA Reference Panel.
- Utilize a base de dados de código NMDP mais recente. Nem todos os alelos receberam códigos NMDP.
- Para garantir a exatidão da digitação, reveja todas as posições discrepantes, editadas manualmente e pelo software, bem como os locais polimórficos com a correspondência mais próxima.
- Efetue a sequenciação bidirecional para garantir a exatidão da digitação.
- A edição de uma base para “N” pode resultar em ambiguidades adicionais.
- Efetue a digitação de HLA na presença de um Diretor, Supervisor Técnico e/ou Supervisor geral qualificado de acordo com os padrões de acreditação laboratorial aceites.
- Confirme todos os resultados de digitação utilizando um outro método de escrita.
- Não compete a este guia do utilizador decidir se um traçado deverá ser editado para indicar uma base polimórfica ou específica. A política do seu laboratório determinará se deve editar as identificações efetuadas pelo software.
- A ferramenta de alinhamento dos alelos não apresenta a sequência de inserção nem a sequência de eliminação definida.
Se esta informação for necessária, os utilizadores devem utilizar uma referência alternativa.

Referências bibliográficas

As informações da Biblioteca de Alelos do Software uTYPE 7.x derivam da referência:

Nomenclature for factors of the HLA system, 2010. S. G. E. Marsh, E. D. Albert, W. F. Bodmer, R. E. Bontrop, B. Dupont, H. A. Erlich, M. Fernandez-Vina, D. E. Geraghty, R. Holdsworth, C. K. Hurley, M. Lau, K. W. Lee, B. Mach, M. Maiers, W. R. Mayr, C. R. Müller, P. Parham, E. W. Petersdorf, T. Sasazuki, J. L. Strominger, A. Svejgaard, P. I. Terasaki, J. M. Tiercy & J. Trowsdale. *Tissue Antigens* 75, pp. 291–455.

Consulte também <http://hla.alleles.org/announcement.html>

A lista de alelos comuns deriva de:

Common and well-documented HLA alleles: 2012 update to the CWD catalogue, Mack, S.J., Cano, P., Hollenbach, J.A., He, J., Hurley, C.K., Middleton, D., Moraes, M.E., Pereira, S.E., Kempenich, J.H., Reed, E.F., Setterholm, M., Smith, A.G., Tilanus, M.G., Torres, M., Varney, M.D., Voorter, C.E.M., Fisher, G.F., Fleischhauer, K., Goodridge, D., Klitz, W., Little, A.M., Maiers, M., Marsh, S.G.E., Müller, C.R., Noreen, H., Rozemuller, E.H., Sanchez-Mazas, A., Senitzer, D., Trachtenberg, E., Fernandez-Vina, M. *Tissue Antigens*. 81-194-203, 2013.

Os códigos IUB derivam de:

IUPAC-IUB SYMBOLS FOR NUCLEOTIDE NOMENCLATURE, 1985
Cornish-Bowden, *Nucl. Acids Res.* 13: 3021-3030

Assistência:

Obter assistência

Para assistência e assistência técnica:

América do Norte + 1 747-494-1000 opção 2 (PST)

Número gratuito na América do Norte: +1 800-822-8824 opção 2 (PST)

Internacional: +49 3302883-426 (CET)

Número gratuito internacional: 00800 6200 0000 (CET)

Web: www.onelambda.com **E-mail:** 1lambda-TechSupport@thermofisher.com