



Uživatelská příručka

Omixon HLA Twin CE 3.1.1

11/22/2018

1	Úvod.....	5
1.1	Informace o společnosti.....	5
1.2	Všeobecné informace.....	5
1.3	Technologie sekvenování.....	5
1.4	Princip metody.....	5
1.4.1	Algoritmus konsenzuální genotypizace (Consensus Genotyping – CG).....	5
1.4.2	Algoritmus statistické genotypizace (Statistical Genotyping – SG).....	5
1.5	Systémové požadavky.....	6
1.6	Předpokládané použití.....	6
1.7	Varování a opatření.....	6
1.7.1	Omezení použití produktu.....	6
1.8	Metody ověření a výkonnostní charakteristiky.....	6
1.8.1	Holotype HLA v1.....	7
1.8.2	Holotype HLA v2.....	7
1.9	Poznámky k verzi.....	7
1.10	Zdroje.....	7
2	Průvodce rychlým spuštěním.....	8
2.1	Přihlášení.....	8
2.2	Genotyping dashboard (Panel genotypizace).....	8
2.3	Analýza.....	9
2.3.1	Jednoduchá genotypizace – doporučena u vzorků Holotype.....	9
2.3.2	Výsledky.....	9
2.4	Výsledek analýzy genotypizace.....	9
2.5	Výsledek genotypizace vzorku.....	11
2.6	Gene Browser (Prohlížeč genů).....	12
2.7	Settings dashboard (Panel nastavení).....	12
3	Instalační příručka.....	13
3.1	Windows.....	13
3.1.1	Postup instalace.....	13
3.2	Linux.....	13
3.2.1	Postup instalace.....	14

3.3	Mac OS X	14
3.3.1	Postup instalace.....	14
4	Omixon HLA Server	16
4.1	Instalace	16
4.2	Spuštění serverů.....	16
4.2.1	Důležitá poznámka	16
4.2.2	Linux	16
4.2.3	Windows	17
4.3	Konfigurace prostředí serveru.....	17
4.3.1	Nastavení na straně klienta	17
4.3.2	Konfigurace na straně serveru	17
	Úprava konfigurace	17
	Typy instalace	17
	Příprava souborového systému	20
	Nastavení serveru Omixon HLA Server	21
	Nastavení serveru Omixon HLA Typer Server	21
	Příklady nastavení serveru	22
4.4	Konfigurace protokolování.....	23
4.4.1	Přehled	23
4.4.2	Výchozí nastavení	23
4.4.3	Protokol Garbage Collection	25
4.5	Přijetí připojení klienta	25
4.5.1	Připojení klienta	25
4.5.2	Export a import konfigurace připojení.....	26
4.6	Role superuživatele	26
4.7	Správa dat	27



1 Úvod

1.1 Informace o společnosti

Tento produkt vyrábí společnost Omixon Biocomputing Ltd.

Adresa:

H-1117 Budapest
Fehérvári út 50-52.
Maďarsko, EU

Webové stránky: <http://www.omixon.com>

Kontakt na technické oddělení: support@omixon.com¹

Kontakt na obchodní oddělení: sales@omixon.com²

1.2 Všeobecné informace

Omixon HLA Twin nabízí dva nezávislé algoritmy ke genotypizaci údajů sekvenování nové generace: statistická genotypizace (Statistical Genotyping – SG) a konsenzuální genotypizace (Consensus Genotyping – CG). Tyto algoritmy byly společně vyvinuty pomocí sekvenační analýzy Omixon Holotype HLA. Tyto dva algoritmy mohou být spuštěny současně a výsledky lze zkoumat v jedné tabulce. Společně s touto velmi přehlednou tabulkou jsou u každého vzorku uvedeny podrobné statistické údaje a opatření týkající se kontroly kvality.

Omixon HLA Twin nabízí časovou licenci, která v daném časovém období umožňuje neomezenou genotypizaci. Pokud máte zájem o nabídku, obraťte se na sales@omixon.com³. Zkušební verze obsahuje licenci platnou 90 dní.

Každá softwarová verze je plně podporována po dobu 13 měsíců od svého vydání. Po ukončení podpory softwarové verze, přestanou se do ní implementovat opravy chyb a nebude ověřována novými databázemi IMGT. Důrazně doporučujeme přejít na nejnovější softwarovou verzi před ukončením podpory stávající.

1.3 Technologie sekvenování

Omixon HLA Twin podporuje sekvenční údaje Illumina.

1.4 Princip metody

1.4.1 Algoritmus konsenzuální genotypizace (Consensus Genotyping – CG).

Algoritmus konsenzuální genotypizace je zcela novou metodou založenou na sestavování. Metoda assembleru je založena na příjmu dat předfiltrovaných podle genů a založená na databázi IMGT. Výstupem sestavy je jeden nebo více kontigů s tím, že každý kontig sestává z jedné nebo více rozložených oblastí. Generované shodné sekvence se porovnávají se sekvencemi alel v databázi IMGT/HLA a systém vykáže pár(y) alel s minimálním počtem neshod v klíčových exonech, jiných exonech a neshodách mimo exony. Algoritmus konsenzuální genotypizace zobrazuje výsledky genotypizace v plném rozlišení (4 pole).

1.4.2 Algoritmus statistické genotypizace (Statistical Genotyping – SG)

Algoritmus statistické genotypizace je metoda založená na alignmentu. Odečty a páry odečtů jsou zarovnány se všemi exonovými sekvencemi definovanými v databázi IMGT a potom jsou přiděleny alelám s nejvyšším skóre alignmentu. Alely jsou předfiltrovány a spárovány. Páry alel se porovnávají a uspořádají na základě kombinovaného množství podpurných odečtů v páru. Systém vykáže všechny páry alel, které jsou na základě výsledků srovnání považovány za stejně dobré. Algoritmus statistické genotypizace zobrazuje výsledky genotypizace na základě exonu (3 pole).

¹ <mailto:support@omixon.com>

² <mailto:sales@omixon.com>

³ <mailto:sales@omixon.com>

1.5 Systémové požadavky

Doporučené minimální hardwarové požadavky tohoto nástroje jsou tyto:

	Desktop	Server	Klient
Procesor	Vícejádrový 64bitový	Vícejádrový 64bitový	Vícejádrový 64bitový
Paměť (minimální/ doporučená)	12 GB/16 GB	12 GB/16 GB	4 GB/8 GB
Operační systém	64bitový Windows, Linux nebo OS X	64bitový Windows nebo Linux (OS X není podporován)	64bitový Windows, Linux nebo OS X

Požadavky na úložný prostor závisí na velikosti vzorků a musí se vypočítat s ohledem na zákonné požadavky týkající se ukládání dat, minimální úroveň zálohování a redundance, a také na očekávaný roční objem. Společnost Omixon Vám může s výpočtem požadavků na úložný prostor pomoci. Pokud potřebujete jakoukoliv pomoc, obraťte se na support@omixon.com⁴.

1.6 Předpokládané použití

Omixon HLA Twin je určen k interpretaci údajů sekvenování nové generace (Next Generation Sequencing – NGS) generovaných sekvenátory Illumina při sekvenační analýze Omixon Holotype HLA. Výsledkem je velmi přesná jednopřechodová HLA typizace na úrovni alely s velmi nízkou mírou nejednoznačnosti na úrovni pole 2. Toto programové vybavení poskytuje pomocí dvou nezávislých algoritmů informace o histokompatibilitě lidských genů HLA třídy I (HLA-A, B a C) a třídy II (HLA-DPA1, DPB1, DQA1, DQB1 a DRB1/3/4/5): statistická genotypizace (Statistical Genotyping – SG) a konsenzuální genotypizace (Consensus Genotyping – CG). Tyto dva algoritmy mohou být spuštěny současně a shoda mezi algoritmy je zobrazena vždy, pokud jsou prováděny obě metody, vedle výsledku primárního genotypizačního algoritmu. Společně s touto velmi přehlednou tabulkou jsou u každého vzorku uvedeny podrobné statistické údaje a opatření týkající se kontroly kvality.

Programové vybavení Omixon HLA Twin je určeno k in vitro diagnostickému použití odborným zdravotnickým personálem, jako jsou laboratorní technici a lékaři, kteří byli vyškoleni k HLA typizaci v diagnostických laboratořích a pracují v laboratořích akreditovaných EFI nebo ASHI (nebo v laboratořích, které jsou schopny pracovat podle specifikací EFI nebo ASHI). Výsledky vytvořené tímto programovým vybavením se nesmí používat jako jediný základ k přijímání klinických rozhodnutí.

1.7 Varování a opatření

1.7.1 Omezení použití produktu

Algoritmy byly společně vyvinuty a rozsáhle validovány společně se sekvenační analýzou Omixon Holotype HLA. K dosažení nejlepších výsledků se doporučuje používat toto programové vybavení společně s analýzou Omixon Holotype HLA k HLA typizaci prostřednictvím NGS v systému Illumina MiSeq. Používání jakýchkoliv jiných sekvenačních analýz HLA nebo jiných platforem NGS, než jsou výše uvedené, musí být uživatelem důkladně ověřeno a validováno!

Seznam známých omezení testu a algoritmu naleznete v dokumentu Známa omezení produktu!

1.8 Metody ověření a výkonnostní charakteristiky

Níže uvedené statistiky výkonu byly generovány pomocí Omixon HLA Twin verze 3.1.1 a databáze IMGT verze 3.31.0_5. Výkonnostní opatření byla vypočítána za použití metody popsané Ng a kol. (1993)¹. Výsledky genotypizace byly porovnány s dostupnými referenčními informacemi o genotypizaci na úrovni rozlišení dvou polí.

⁴ <mailto:support@omixon.com>

1.8.1 Holotype HLA v1

Celkem bylo analyzováno 416 vzorků (pocházejících ze 197 referenčních buněčných linií). Sekvenční data byla vygenerována pomocí Holotype HLA verze 1.

Ukazatel	HLA-A	HLA-B	HLA-C	HLA-DPB1	HLA-DQA1	HLA-DQB1	HLA-DRB1	Celkem
Citlivost	99,52 %	98,56 %	98,68 %	99,04 %	99,52 %	95,55 %	98,32 %	98,45 %
Specifická	99,98 %	99,97 %	99,95 %	99,96 %	99,95 %	99,80 %	99,96 %	99,95 %
Přesnost	99,52 %	98,56 %	98,68 %	99,04 %	99,52 %	95,55 %	98,32 %	98,45 %
Negativní prediktivní hodnota	99,98 %	99,97 %	99,95 %	99,96 %	99,95 %	99,80 %	99,96 %	99,95 %
Správně klasifikovaný typ	99,97 %	99,94 %	99,91 %	99,92 %	99,91 %	99,61 %	99,92 %	99,90 %

1.8.2 Holotype HLA v2

Celkem bylo analyzováno 176 vzorků. Sekvenční data byla vygenerována pomocí Holotype HLA verze 2.

Ukazatel	HLA-A	HLA-B	HLA-C	HLA-DPA1	HLA-DPB1	HLA-DQA1	HLA-DQB1	HLA-DRB1	HLA-DRB3	HLA-DRB4	HLA-DRB5	Celkem
Citlivost	100,00 %	98,58 %	97,73 %	99,71 %	98,86 %	95,71 %	96,88 %	99,43 %	98,21 %	89,71 %	98,28 %	97,58 %
Specifická	100,00 %	99,98 %	99,93 %	99,97 %	99,96 %	99,76 %	99,84 %	99,99 %	99,64 %	96,57 %	99,43 %	99,90 %
Přesnost	100,00 %	98,58 %	97,73 %	99,71 %	98,86 %	95,71 %	96,88 %	99,43 %	98,21 %	89,71 %	98,28 %	97,58 %
Negativní prediktivní hodnota	100,00 %	99,98 %	99,93 %	99,97 %	99,96 %	99,76 %	99,84 %	99,99 %	99,64 %	96,57 %	99,43 %	99,90 %
Správně klasifikovaný typ	100,00 %	99,96 %	99,87 %	99,94 %	99,92 %	99,55 %	99,69 %	99,98 %	99,40 %	94,85 %	99,14 %	99,82 %

1.9 Poznámky k verzi

Seznam nových funkcí a oprav chyb naleznete v sekci *Release Notes* na <https://www.omixon.com/support-and-resources/hla-twin/>

1.10 Zdroje

¹Ng J., Nurlay C. K., Baxter-Lowe L. A., Chepak M., Cappe P. A., Hagland J., KaKuraya D., Manes D., Rosner G., Schmeckpaper B., Yang S. Y., Dupont B. a Hartzman R. J. (1993), Large-scale oligonucleotide typing for HLA-DRB1/3/4 and HLA-DQB1 is highly accurate, specific, and reliable. *Tissue Antigens*, 42: 473–479.

2 Průvodce rychlým spuštěním

2.1 Přihlášení

Po inicializaci běhu programového vybavení HLA se uživatel musí přihlásit do aplikace.

Do políček zadejte přihlašovací jméno a heslo a klikněte na přihlásit. Při prvním přihlášení je vytvořen superuživatel.

2.2 Genotyping dashboard (Panel genotypizace)

Po přihlášení do programového vybavení se zobrazí panel genotypizace. Je to domovský panel tohoto programového vybavení. Zde jsou k dispozici všechny funkce genotypizace.

Tento panel se skládá z těchto dílčích obrazovek:

- **Informační panel:** obsahuje všechny hlavní funkce a některé velmi podrobné informace o aktuální složce a vybraných souborech. Zobrazuje také informace o aktuálním uživateli a aktivní databázi IMGT a poskytuje některé navigační funkce.
- **Prohlížeč souborů:** tato část obrazovky se používá k navigaci mezi všemi dostupnými složkami.

Informační panel se nachází v horní části obrazovky. Má 3 různé části:

- V horní části se zobrazují:
 - ID aktuálního uživatele,
 - panel widgetu zobrazující využití paměti,
 - stavový panel správce procesů,
 - tlačítka uvítacího tutoriálu,
 - tlačítka odhlášení
 - a tlačítka ukončení.
- Ve střední části se zobrazují:
 - navigační tlačítka: Back (zpět), Forward (vpřed), Up (nahoru) a Home (domů) (Tlačítka Home vás vrátí na panel genotypizace).
 - napravo od navigačních tlačítek můžete vidět dostupné informace o použité databázi IMGT.
 - na pravé straně obrazovky se nachází záložky a tlačítka kontextově specifické nápovědy.
- V dolní části je řada tlačítek, která umožňují vybírat hlavní funkce tohoto panelu:
 - volby typizace a analýzy dat k zadání genotypizace,
 - volby typizace a analýzy dat k vizualizaci výsledků,
 - funkce prohlížeče souborů k navigaci mezi vzorky a složkami.
 - Application settings (Nastavení aplikace)

Hlavní částí obrazovky je Průzkumník souborů, ve kterém se můžete pohybovat klikáním na názvy jednotek a složek – stejně jako v běžném prohlížeči souborů. Pomocí prohlížeče přejděte do složky, ve které jsou uloženy genotypizační vzorky. Každý soubor vzorků je označen malou značkou DNA a má svůj vlastní jedinečný název totožný s názvem vygenerovaným listem vzorků. U párových odečtů programové vybavení automaticky páruje soubory založené na názvech souborů a v prohlížeči souborů se zobrazí pouze soubor „R1“ FASTQ, aby se snížila redundance a ulehčila navigace. Pokud podržíte kurzor myši nad souborem vzorku, uvidíte velikost jednotlivých souborů FASTQ. Po zanalyzování vzorku se v prohlížeči souborů zobrazí samostatný soubor výsledků genotypizace. Tento soubor výsledků má příponu .htr. Ve výchozím nastavení jsou všechny soubory výsledků automaticky umístovány do stejné složky, ve které jsou data vzorku. Každý soubor analýzy je označen malým symbolem tabulky. Název souboru analýzy se skládá z názvu vzorku a časového razítka, které odpovídá okamžiku zadání analýzy. Pokud podržíte kurzor myši nad souborem analýzy, uvidíte všechny dostupné informace týkající se analýzy. Když se podíváte na soubor .htr, můžete napravo vidět velmi podrobné shrnutí výsledků typizace. Výsledky jsou anotovány pomocí systému barevných koleček, tzv. „semaforu“. Podobně jako u semaforu se zde používají tři různé barvy s různým významem. Na rozdíl od skutečného semaforu jsou k dispozici i „smíšené barvy“.

Funkce genotypizace jsou deaktivovány – tlačítka jsou zobrazena šedě – pokud na obrazovce nejsou žádné vzorky. Jakmile určíte umístění souboru FASTQ (nebo jiného podporovaného formátu), tlačítka genotypizace se zaktivují.

Chcete-li zadat analýzu, postupujte v souladu s částí Analýza.

Podrobné informace o této obrazovce a všech dostupných funkcích v tomto Uživatelském manuálu najdete v Příručce Omixon, v části panel genotypizace (Omixon Handbook/Genotyping Dashboard).

2.3 Analýza

Po umístění alespoň jednoho vzorku máte několik možností ke spuštění genotypizace.

2.3.1 Jednoduchá genotypizace – doporučena u vzorků Holotype

Genotypizaci s výchozími parametry lze iniciovat jedním kliknutím na tlačítko „Analyse“ (Analyzovat) zobrazené na řádku u každého vzorku. Více vzorků můžete typizovat protokolem Holotype jejich vybráním s přidržením tlačítka Ctrl nebo Shift a stisknutím tlačítka „Simple Genotyping“ (jednoduchá genotypizace) v horní nabídce. Pomocí Správce procesů zobrazeného v pravém horním rohu můžete zkontrolovat, zda je typizace spuštěna. Podrobné informace o této a dalších souvisejících funkcích, jako je genotypizace s vlastními parametry a opětovná analýza vzorků, naleznete v Uživatelském manuálu v části Uživatelská příručka/Panel genotypizace (User Guide/Genotyping Dashboard).

2.3.2 Výsledky

Jakmile dosáhne postup ve Správci procesů 100 %, v prohlížeči souborů se objeví nový soubor výsledků. V případě, že je typizováno více vzorků najednou, zobrazí se každý výsledek, jakmile bude hotov, takže můžete začít prohlížet první výsledky, zatímco zbývající jsou stále zpracovávány. Soubory výsledků jsou označeny semaforem, který poskytuje rychlý přehled, a další podrobnosti můžete zobrazit kliknutím na tlačítko „View“ (Zobrazit) na konci každého řádku. Chcete-li zobrazit více výsledků, použijte během výběru tlačítko Ctrl nebo Shift a pak klikněte na tlačítko „View results“ (Zobrazit výsledky) v horní nabídce.

Při práci s výsledky analýzy v programu Omixon HLA si prosím uvědomte, že sekvence primerů nemají na výsledky vliv, protože jsou před analýzou ořezány. Podrobné informace týkající se interpretace výsledků naleznete v Uživatelském manuálu v částech Uživatelská příručka/Výsledek analýzy genotypizace (User guide/Genotyping Analysis result) a Uživatelská příručka/Výsledek genotypizace vzorku (User guide/Genotyping Sample result).

2.4 Výsledek analýzy genotypizace

Jak je popsáno v části Výsledky, tyto můžete zobrazit zvýrazněním jednoho nebo více vzorků a kliknutím na tlačítko „View results“ (Zobrazit výsledky). Tím se dostanete do další části HLA Twin: Výsledky analýzy genotypizace.

i Poznámka
Pokud lze na lokusu najít více než 50 nejlépe odpovídajících výsledků, nebude LD vypočtena. Pokud stisknete tlačítko Show LD details (Zobrazit podrobnosti LD), nebudou zobrazeny žádné informace.

V části Genotyping analysis results (výsledky analýzy genotypizace) si můžete všimnout, že tato je rozdělena na dvě větší části:

- Information Panel (Informační panel) – všimněte si, že uspořádání tohoto panelu je z velké části totožné s Genotyping dashboard Information Panel (informačním panelem panelu genotypizace) (viz výše).
- Tabulka výsledků, která obsahuje přehledovou tabulku, sestává z výsledků dříve zvýrazněných vzorků.

Dolní část Informačního panelu obsahuje řadu tlačítek, která umožňují vybírat hlavní funkce tohoto panelu:

- Sample details (podrobnosti o vzorku) a Browse alignment (procházení alignmentu),
- zobrazení tlačítek nastavení,
- přiřazení tlačítek,
- Export table (export tabulky),
- další možnosti komentáře vzorku/odsouhlasení vzorku/zrušení odsouhlasení vzorku/zobrazení vazebné nerovnováhy (Linkage Disequilibrium).

V Result Table (tabulce výsledků) Genotyping analysis results (výsledků analýzy genotypizace) můžete vidět velmi podrobný přehled výsledků každého lokusu všech vzorků.

Tabulka obsahuje následující sloupce:

- Approval (Odsouhlasení)
 - Označuje, zda je vzorek odsouhlasený, připravený k odsouhlasení nebo stále zpracováváný.
- Sample (Vzorek)
 - Obsahuje název souboru .htr vytvořeného na základě názvu vzorku a časového razítka odkazujícího na čas zadání analýzy.
 - Pokud byl jeden vzorek analyzován vícekrát, zobrazení vzorků dodržuje pořadí analýzy. Časovou značku můžete použít ke sledování různých časů analýzy.
- Allele (Alela)
 - Zobrazuje dvě alely v různých řádcích, Alelu 1 a Alelu 2.
- Samostatné sloupce analyzovaných lokusů
 - Na levé straně zobrazeného výsledku je zobrazena malá „zaškrťovací“ značka, která indikuje, zda vidíte „Nejlépe odpovídající alelu“. Takto můžete výsledek označit kliknutím na zaškrťovací značku, která se změní na zelenou, což označuje přiřazení tohoto výsledku.





Vedle zaškrťovací značky je zobrazen semafor.




- Semafor shody:
Systém semaforu shody má tyto výstupy:

- (zelená): výsledky SG a CG jsou plně shodné (ve 3. poli),
- (žlutá): výsledky SG a CG jsou shodné do 4 číslic (2. pole),
- (červeno-žlutá): výsledky SG a CG jsou shodné do 2 číslic (1. pole),
- (červená): výsledky SG a CG nejsou shodné.

Semafor shody je zobrazen pouze u nejlépe odpovídajících alel.

Druhý semafor se opírá o opatření ke kontrole úrovně kvality (QC) lokusu.

- Semafor kontroly kvality:
Tento semafor se opírá o opatření ke kontrole úrovně kvality lokusu.
 - (zelená) – PASSED (ODPOVÍDÁ): lokus prošel všemi testy QC,
 - (žluto-zelená) – INFO (INFORMACE): výsledky jednoho nebo více testů QC jsou podprůměrné,
 - (žlutá) – INSPECT (ZKONTROLOVAT): výsledky jednoho nebo více testů QC nejsou uspokojivé, je zapotřebí ruční kontrola,
 - (červeno-žlutá) – INVESTIGATE (PROZKOUMAT): výsledky jednoho nebo více testů QC vykazují nízkou výslednou kvalitu, je zapotřebí ruční kontrola a případně opětovná analýza,
 - (červená) – FAILED (NEODPOVÍDÁ): výsledky jednoho nebo více testů QC vykazují velmi nízkou výslednou kvalitu, je zapotřebí ruční kontrola za účelem určení příčiny a pravděpodobného lokusu nebo vzorku který musí být znovu sekvenován nebo typizován alternativními metodami.
- U alel mohou být uvedeny také některé další značky:
 - Alely zobrazené modrým písmem jsou homozygotní.
 - Vzácné alely jsou označeny ikonou vykřičníku .
 - Nové alely obsahující exonické (nebo exonické a intronické) novinky jsou označeny , zatímco nové alely obsahující pouze intronické novinky jsou označeny .
 - Nevyvážené alely se zobrazují kurzivou.
 - Alely s rozšířenou alelovou sekvencí jsou označeny *znaménkem plus* .

- Pokud se v nevyrovnaném seznamu minoritních alel vyskytuje minoritní alela s dobře známým nízkým zesílením, je tato alela označena . V tomto případě se důrazně doporučuje ověření homozygotního výsledku za použití alternativní metody genotypizace (např. SSO).
- Hemizygotní alely jsou označeny !. Pokud je lokus hemizygotní, zobrazí se pouze jedna alela a druhá buňka zůstane prázdná. Pokud zygotitu lokusu nelze určit na základě dostupných údajů, alely jsou označeny ?.

Při podržení kurzoru myši nad různými částmi tabulky se zobrazí okno s dalšími dostupnými informacemi o těchto částech.

Z Genotyping Analysis result dashboard (Panelu výsledků analýzy genotypizace) můžete přejít do Genotyping Sample Result (Výsledek genotypizace vzorku) nebo přímo do Genome Browser (Prohlížeče genomu).

V Genotyping Sample Results (Výsledky genotypizace vzorku) můžete sledovat podrobné metriky kvality analyzovaného vzorku. Chcete-li sem vstoupit, zvýrazněte vzorek, který chcete vidět, a klikněte na tlačítko „Sample Details“ (Podrobnosti vzorku) v dolním řádku Horní části. V HLA Browser (Prohlížeči HLA) můžete vizualizovat podrobné výsledky každého typizovaného lokusu. Chcete-li sem vstoupit, zvýrazněte vzorek, který chcete vidět, a klikněte na tlačítko „Browse Alignment“ (Procházet alignment) v dolním řádku Horní části.

Další informace naleznete v Příručce Omixon v části Výsledek analýzy genotypizace (Omixon Handbook/Genotyping Analysis result).

Unable to render include or excerpt-include. Could not retrieve page.

2.5 Výsledek genotypizace vzorku

V části Genotyping Sample result (Výsledek genotypizace vzorku) můžete zkontrolovat podrobnosti výsledků genotypizace, metriky kvality a statistiky dat každého lokusu vybraného vzorku.

Část Genotyping Sample results (Výsledky genotypizace vzorku) může být rozdělena na dvě větší části:

- Information Panel (Informační panel) – všimněte si, že uspořádání tohoto panelu je z velké části totožné s Genotyping dashboard Information Panel (Informačním panelem panelu genotypizace) (viz výše).
- Panel podrobností, který může zobrazovat výsledek genotypizace, metriky kvality a statistiky dat.

Dolní část Informačního panelu obsahuje řadu tlačítek, která umožňují vybírat hlavní funkce tohoto panelu:

- otevření prohlížeče,
- podrobné informace o genotypizaci,
- přizpůsobení zobrazených výsledků,
- přiřazení alel,
- komentování.

V Panelu podrobností si můžete vybrat ze 3 různých záložek a rozhodnout se, co chcete zobrazit:

- Genotype (Genotyp)
 - V části Genotype (Genotyp) můžete sledovat genotyp vybraný programovým vybavením.
 - Alely můžete přidat nebo odstranit ručně.
- Quality control (Kontrola kvality)
 - Ke každému lokusu se provádí několik výpočtů souvisejících s opatřeními ke kontrole kvality. Každé opatření všech lokusů je označeno systémem semaforu.
 - Tabulka Quality control (Kontrola kvality) obsahuje jeden sloupec všech metrik a samostatné sloupce jednotlivých zobrazených lokusů.
 - Řádek „Overall“ (Celkem) udává celkový výsledek každého jednotlivého lokusu v souladu se systémem semaforu.
 - Každá metrika má v tabulce svůj vlastní řádek. Vedle názvu metriky je zobrazena malá značka „i“. Při podržení kurzoru myši nad značkou „i“ se zobrazí okno s podrobnějšími informacemi o vybrané metrice.
 - U každé metriky je zobrazen semafor, hodnota metriky a malá značka „i“ s informacemi o specifických prahových hodnotách této metriky. Při podržení kurzoru myši nad značkou „i“ se zobrazí okno s podrobnějšími informacemi o prahových hodnotách vybrané metriky.
- Data Statistics (Statistika dat)

- Část Overview (Přehled) – u několika různých kroků analýzy je k dispozici počet a proporce odečítání.
- Část Allele imbalance (Odchylka alely) – toto číslo zobrazuje u všech genů alelickou nerovnováhu mezi jednotlivými oblastmi.
- Část Fragment size (Velikost fragmentu) – tento histogram zobrazuje rozložení velikosti fragmentu párovaných odečtů.
- Část Read quality (Kvalita odečtu) – v tomto grafu je zobrazena základní kvalita zpracovaných odečtů na 5 bází. Pozice odečtu jsou na ose x, zatímco na ose y jsou zobrazeny hodnoty kvality.

Na levé straně spodní části lze vybrat různé lokusy.

Můžete vstoupit do HLA browser (prohlížeče HLA) vybraných lokusů, a to klepnutím na tlačítka „Browse Alignment“ (Procházet alignment), „Browse Allele 1“ (Procházet alelu 1) a „Browse Allele 2“ (Procházet alelu 2).

Další informace naleznete v Příručce Omixon v části Výsledek genotypizace vzorku (Omixon Handbook/Genotyping Sample result).

2.6 Gene Browser (Prohlížeč genů)

This page has not yet been translated to Czech.

2.7 Settings dashboard (Panel nastavení)

This page has not yet been translated to Czech.

3 Instalační příručka

Naše programové vybavení lze nainstalovat na těchto operačních systémech

- Windows
- Linux
- Mac OS X

3.1 Windows

Poskytujeme instalační program pro operační systémy Windows vybavené prostředím Java Runtime Environment (JRE). Testovali jsme programové vybavení Omixon HLA na 64bitových Windows 7, Windows 8/8.1 a Windows 10.

3.1.1 Postup instalace

- Spusťte spustitelný soubor – zobrazí se průvodce Vítejte v instalaci
 - Pokud jste již dříve nainstalovali HLA Twin, zvolte v instalačním průvodci možnost „Yes, update the existing installation“ (Ano, aktualizovat stávající instalaci)
 - Pokud chcete provést čistou instalaci, zvolte v instalačním průvodci „No, install to a different directory“ (Ne, instalovat do jiného adresáře)
 - Po provedení výběru v souladu se svým přáním klikněte na tlačítko Next (Další)
- Abyste mohli pokračovat v instalaci, přijměte licenční smlouvu programového vybavení a klikněte na tlačítko Next (Další)
- Zvolte cestu, kam chcete aplikaci nainstalovat, a klikněte na tlačítko Next (Další)
- Zvolte datový adresář, do kterého budou uloženy soubory permanentních dat.
 - Pokud jste již dříve nainstalovali HLA Twin, neměňte navrhouvanou cestu – tato musí odkazovat na dříve používanou databázovou složku.
 - Po vybrání adresáře klikněte na tlačítko Next (Další)
- Vyberte adresář dočasných souborů a klikněte na tlačítko Next (Další)
- Nastavte maximální velikost paměti, kterou má aplikace použít
- Pouze instalace serveru Omixon HLA Typer Server: Nastavte IP adresu a port serveru *Omixon HLA Server*
- Zvolte složku nabídky Start
 - Chcete-li vytvořit složku nabídky Start, zaškrtněte políčko „Create Start Menu folder“ (Vytvořit složku nabídky Start) a zadejte její název
 - Pokud chcete, aby složka byla viditelná pro všechny uživatele, zaškrtněte políčko „Create shortcuts for all users“ (Vytvořit zástupce pro všechny uživatele)
 - Klikněte na tlačítko Next (Další) a instalace se spustí
- Instalace je dokončena, o čemž informuje dialogové okno Completing the Omixon HLA Setup (Dokončení instalace aplikace Omixon HLA)

Aplikaci lze spustit kliknutím na tuto spouštěcí ikonu nebo spuštěním spustitelného souboru z adresáře aplikace.

Další informace a podrobný postup odinstalace naleznete v Průvodci rozšířenou instalací v Příručce Omixon.

3.2 Linux

Poskytujeme instalační balíček pro operační systémy Linux vybavené prostředím Java Runtime Environment (JRE):

Instalační balíčky jsou jednosouborové shellové skripty, použitelné k instalaci v různých distribucích Linuxu.

Stažený instalační balíček nemá oprávnění k přímému spuštění. Otevřete okno terminálu, aby bylo souboru možné přiřadit spustitelný příznak pomocí následujícího příkazu:

```
chmod +x installer_name
```



Poté je možné jej spustit pomocí následujícího příkazu:

```
./installer_name
```

3.2.1 Postup instalace

- Spustíte shellový skript instalačního programu – zobrazí se průvodce Vítejte v instalaci
 - Pokud jste již dříve nainstalovali HLA Twin, zvolte v instalačním průvodci možnost „Yes, update the existing installation“ (Ano, aktualizovat stávající instalaci)
 - Pokud chcete provést čistou instalaci, zvolte v instalačním průvodci „No, install to a different directory“ (Ne, instalovat do jiného adresáře)
 - Po provedení výběru v souladu se svým přáním klikněte na tlačítko Next (Další)
- Abyste mohli pokračovat v instalaci, přijměte licenční smlouvu programového vybavení a klikněte na tlačítko Next (Další)
- Zvolte cestu, kam chcete aplikaci nainstalovat, a klikněte na tlačítko Next (Další)
- Zvolte datový adresář, do kterého budou uloženy soubory permanentních dat.
 - Pokud jste již dříve nainstalovali HLA Twin, neměňte navrhovanou cestu – tato musí odkazovat na dříve používanou databázovou složku.
 - Po vybrání adresáře klikněte na tlačítko Next (Další)
- Vyberte adresář dočasných souborů a klikněte na tlačítko Next (Další)
- Nastavte maximální velikost paměti, kterou má aplikace použít
- Pouze instalace serveru Omixon HLA Typer Server: Nastavte IP adresu a port serveru *Omixon HLA Server*
- Vyberte adresář symbolických odkazů a klikněte na tlačítko Next (Další) – instalace se nyní spustí
- Instalace je dokončena, o čemž informuje dialogové okno Completing the Omixon HLA Setup (Dokončení instalace aplikace Omixon HLA)

Do nabídky Systém je umístěna ikona aplikace. Kliknutím na tuto ikonu se aplikace spustí a je připravena k použití. Další informace a podrobný postup odinstalace naleznete v Průvodci rozšířenou instalací v Příručce Omixon.

3.3 Mac OS X

Protože Mac OS X je výhradně 64bitový operační systém a prostředí Java Runtime Environment je pravidelně aktualizováno, instalační program neobsahuje prostředí Java Runtime Environment (JRE).

To zabraňuje konfliktům mezi různými prostředími JRE, ale může způsobovat problémy s kompatibilitou. Požadovaná verze JRE je: 1.8
Pokud na vašem Macu nemáte nainstalovanou Javu, automaticky se během instalace stáhne.

3.3.1 Postup instalace

- Otevřete instalační program, který je zabalen v archivu DMG. Klikněte na ikonu *Omixon HLA Installer.app*
 - Pokud jste již dříve nainstalovali HLA Twin, zvolte v instalačním průvodci možnost „Yes, update the existing installation“ (Ano, aktualizovat stávající instalaci)
 - Pokud chcete provést čistou instalaci, zvolte v instalačním průvodci „No, install to a different directory“ (Ne, instalovat do jiného adresáře)
 - Po provedení výběru v souladu se svým přáním klikněte na tlačítko Next (Další)
- Abyste mohli pokračovat v instalaci, přijměte licenční smlouvu programového vybavení a klikněte na tlačítko Next (Další)
- Použijte předvolenou výchozí cestu k instalaci aplikace a klikněte na tlačítko Next (Další)
- Použijte výchozí umístění datového adresáře, ve kterém budou uložena permanentní data – např. výsledky
- Vyberte adresář dočasných souborů a klikněte na tlačítko Next (Další) – instalace se spustí
- Nastavte maximální velikost paměti, kterou má aplikace použít



- Instalace je dokončena, o čemž informuje dialogové okno Completing the Omixon HLA Setup (Dokončení instalace aplikace Omixon HLA)

Omixon HLA je nyní k dispozici v seznamu aplikací. Kliknutím na ikonu *Omixon HLA* se aplikace spustí a je připravena k použití. Další informace a podrobný postup odinstalace naleznete v Průvodci rozšířenou instalací v Příručce Omixon.

4 Omixon HLA Server

Omixon HLA Server přijímá současně více klientských připojení. Tím je umožněna spolupráce a sdílení výsledků analýz mezi uživateli. Verze klient-server také obsahuje službu automatizace, která umožňuje automatickou typizaci vzorků po jejich vytvoření. Ještě předtím, než služba začne pracovat, je třeba definovat podrobné informace o protokolu, frekvenci zpracování, identifikaci vzorku a různé další parametry – obraťte se o pomoc na support@omixon.com⁵.

4.1 Instalace

Omixon nabízí u serverové verze tři samostatné instalační programy:

- Instalační program serveru – obsahuje servery *Omixon HLA Server* a *Omixon HLA Typer Server* a jednoho klienta;
- Instalátor klienta – obsahuje pouze klienta.
- Instalační program serveru Typer – obsahuje pouze server *Omixon HLA Typer Server*.

Server je dodáván společně s klientem, takže klienta není nutné zvlášť instalovat na serverovém počítači.

Ke spuštění instalačních programů serveru jsou vyžadována práva administrátora. Pokud není k dispozici žádné grafické rozhraní, lze instalační programy serveru spustit také z příkazového řádku (za účelem získání dalších podrobností se obraťte na support@omixon.com⁶). K instalaci klienta nejsou zapotřebí administrátorská práva.

Kroky Průvodce instalací jsou uvedeny v instalační příručce pro Váš operační systém, které jsou uvedeny v předchozích částech tohoto návodu.

Před zahájením instalace serveru zastavte veškeré programové vybavení společnosti Omixon a nezapomeňte vybrat příslušný instalační adresář buď k čisté instalaci nebo k provedení upgrade.

Instalační program klienta můžete kopírovat a používat na více počítačích. Pokud již máte nainstalovanou desktopovou verzi a chcete předejít jejímu přepsání, je nutné, abyste vybrali jiné místo instalace.

4.2 Spuštění serverů

4.2.1 Důležitá poznámka

Po instalaci se server automaticky spustí. Pokud byl server nainstalován dříve, spustí se zpravidla po zapnutí počítače.

Předtím, než se k serveru může připojit první klient, musí se server nakonfigurovat. Nové nastavení se použije po uložení konfiguračního souboru při spuštění nebo restartování serveru.

4.2.2 Linux

Vstupte do instalačního adresáře a spusťte démona serveru tak, že z příkazového řádku spustíte spustitelný soubor serveru s následujícími vstupními argumenty. Pokud server spustíte bez jakéhokoliv argumentu, zobrazí se jejich seznam.

Použití

`omixon hla server executable {start/stop/status/restart/force-reload}`

⁵ <mailto:support@omixon.com>

⁶ <mailto:support@omixon.com>

start	stop	status	restart nebo force-reload
Pokud je server zastavený, spustí jej.	Pokud je server spuštěný, zastaví jej.	Vrátí provozní status.	Pokud je server spuštěný, restartuje jej, pokud je zastavený, spustí jej.

Ve výchozím nastavení není nastaveno automatické spouštění. Chcete-li nastavit automatické spouštění a určit, na kterém runlevelu se služba spustí, použijte nástroj ke konfiguraci služby, jako např. *chkconfig* nebo *update-rc.d*.

4.2.3 Windows

Chcete-li spustit, zastavit nebo nastavit typ spouštění programového vybavení *Omixon HLA Server* a *Omixon HLA Typer Server*, spusťte „Ovládací panel → Nástroje pro správu → Služby“ a upravte vlastnosti služby „Omixon HLA Server“ nebo *Omixon HLA Typer Server*. Ve výchozím nastavení je typ spouštění nastaven na automatické spouštění a služba se spustí pod systémovým uživatelským účtem.

4.3 Konfigurace prostředí serveru

4.3.1 Nastavení na straně klienta

Abyste mohli začít s výchozím nastavením a připojit se klientem k serveru, musíte v klientovi pouze nakonfigurovat hostitelskou IP adresu serveru *Omixon HLA Server* nebo název hostitele a přístupový port.

To lze provést spuštěním klienta a kliknutím na tlačítko „Switch server“ (Přepnout server) v dolní části vyskakovacího okna. Pokračujte na „Add new server“ (Přidat nový server) a zadejte do pole „Server host“ (Hostitel serveru) IP adresu. Abyste dokončili nastavení, klikněte na „Add“ (Přidat) a následně na záložce serveru klikněte na „Connect“ (Připojit), abyste se klientem připojili.

DŮLEŽITÉ

Lze připojit pouze stejné edice (CE nebo RUO) a verze (2.5.1, 2.6.0 atd.) serveru a klienta. Pokud se tyto údaje liší – například proto, že byl server upgradován a klient nikoli – zobrazí se při pokusu o připojení chybové hlášení.

4.3.2 Konfigurace na straně serveru

Následující konfigurační soubory jsou zástupci serverů.

- *omixon-hla-[twin | explore]-server.vmoptions* pro server *Omixon HLA Server*
- *omixon-hla-[twin | explore]-typer-server.vmoptions* pro server *Omixon HLA Typer Server*.

Úprava konfigurace

Pokud je zapotřebí ručně upravit konfiguraci, lze toto provést úpravou konfiguračního souboru serveru po dokončení instalace. Konfigurační soubory se nacházejí v instalačním adresáři a mají příponu „vmoptions“. Jelikož konfigurační soubory obou serverů a také dodávaného klienta mají stejnou příponu, musíte dávat pozor, abyste upravili konfigurační soubor správného serveru.

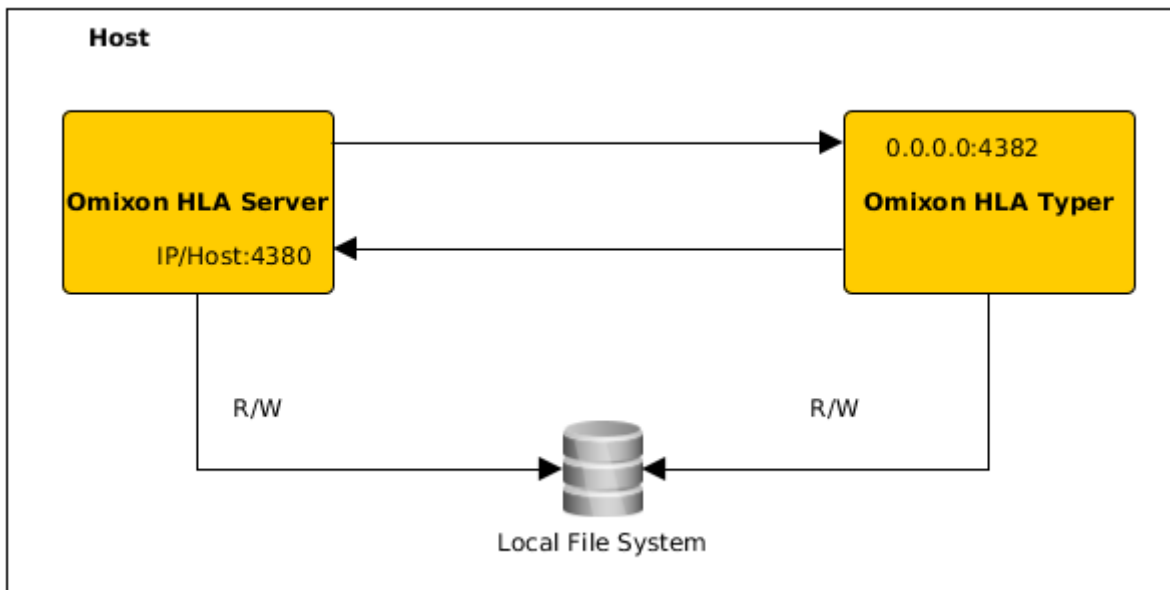
Změny se projeví až po restartování serveru.

DŮLEŽITÉ

*Za posledním řádkem souboru *vmoptions* musí následovat odřádkování.*

Typy instalace

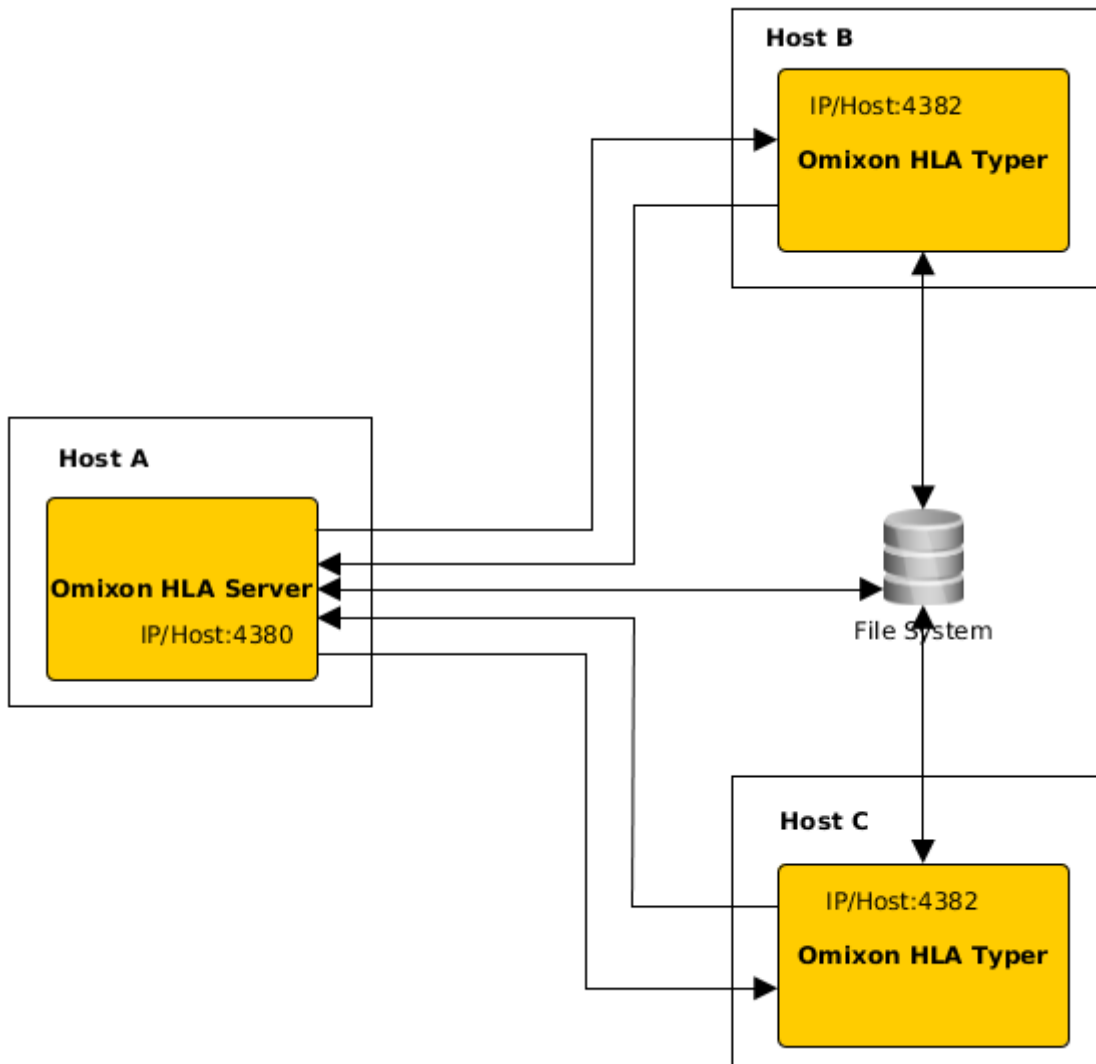
Výchozí instalace: Servery *Omixon HLA Server* a *Omixon HLA Typer Server* jsou nainstalovány na stejném hostiteli. Toho lze dosáhnout jednoduše – spuštěním instalačního programu serveru, protože zahrnuje servery oba.



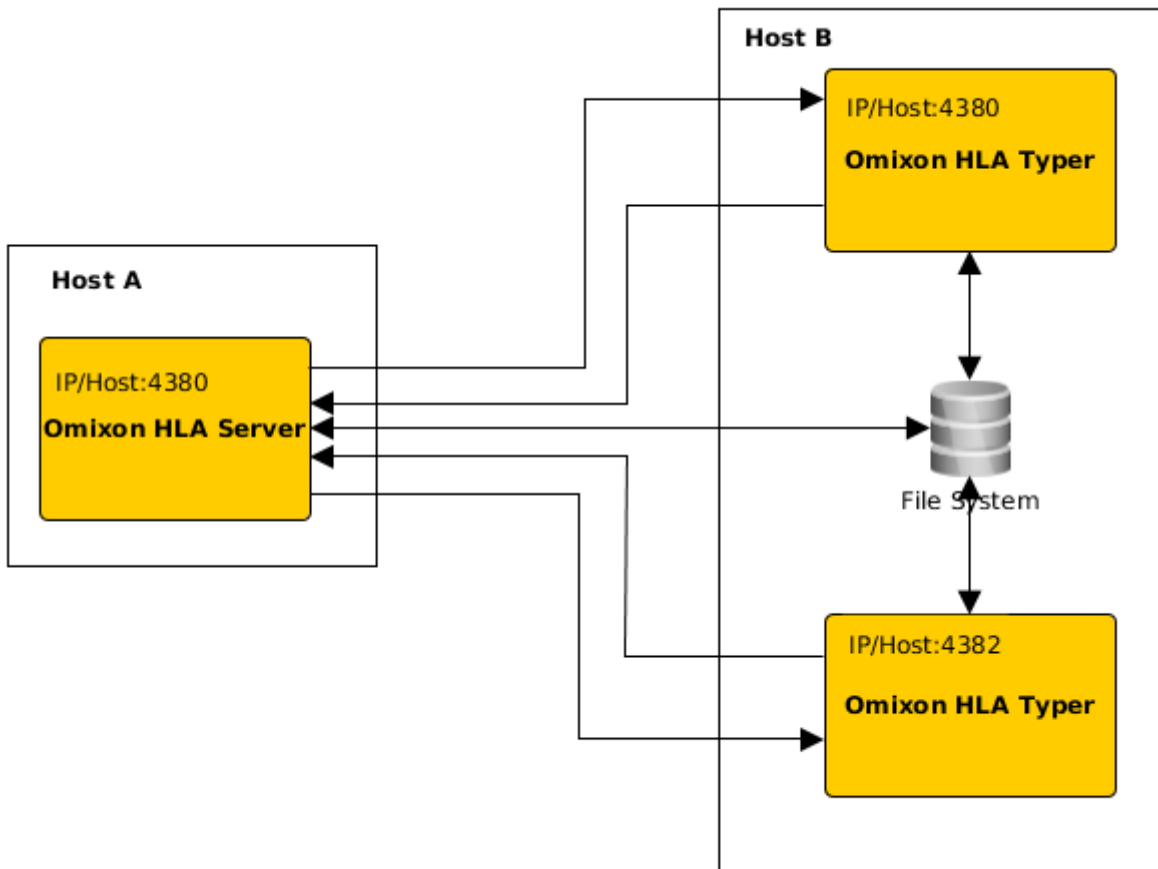
Poznámka

K serveru Omixon HLA Server nelze získat přímý přístup, jde to pouze přes Omixon HLA Server.

Samostatný(é) typer server(y): Vzhledem k tomu, že *Omixon HLA Typer Server* vyžaduje více hardwarových prostředků (CPU, RAM), lze jej za účelem získání lepšího výkonu nainstalovat na samostatné hostitele. Aby se mohl *Omixon HLA Typer Server* spustit na samostatném hostiteli, je třeba *Omixon HLA Server* pomocí výchozí instalace – viz výše – nainstalovat na jednoho hostitele a *Omixon HLA Typer Server* na jiného hostitele pomocí samostatného instalačního programu serveru typer. V případě šaržového genotypizačního úkolu lze analýzu vzorků rozdělit mezi konfigurované instance severu typer. Mohou být umístěny na různých hostitelích – viz níže,



nebo, pokud je na hostiteli k dispozici více hardwarových prostředků, na stejném počítači:



U tohoto typu umístění musí soubory *omixon-hla-[twin | explore]-typer-server.vmoptions* obsahovat následující položky:

- Domixon.server.host=*IP / název hostitele serveru Omixon HLA Server*
- Domixon.server.port=*port serveru Omixon HLA Server (výchozí 4380)*
- Dtyper.server.host=*IP/hostitel typer serveru Omixon HLA Typer Server*
- Dtyper.server.port=*port typer serveru Omixon HLA Typer Server*

DŮLEŽITÉ

V současné době musí být všechny servery nainstalovány na hostitelích se stejným operačním systémem (Windows nebo Linux), heterogenní systémy nejsou podporovány.

Příprava souborového systému

Pokud běží *Omixon HLA Server* i *Omixon HLA Typer Server* na stejném hostiteli (výchozí instalace) není zapotřebí dalších nastavení souborového systému. Pokud tomu tak není, je zapotřebí provést následující kroky:

Omixon HLA Server i *Omixon HLA Typer Server* musí mít oprávnění pro čtení složky, ve které jsou uloženy vaše soubory vzorků. Aby byly soubory vzorků přístupné pro oba servery, musí být úložiště se vzorky připojeno na stejné umístění na obou hostitelích.

DŮLEŽITÉ

Pokud chcete změnit soubory vzorků (například je kopírovat, přesunout nebo odstranit), musí mít Omixon HLA Server na dané úložiště oprávnění pro zápis.

Omixon HLA Server i *Omixon HLA Typer Server* navíc pro výměnu souborů používají dedikovanou pracovní složku – například tam, kde se extrahují nebo vypisují referenční databáze, výsledky genotypizace apod. Oba nody musí mít na danou složku oprávnění pro čtení i zápis.



Cestu k této pracovní složce musíte nastavit v souborech *omixon-hla-[edition]-server.vmoptions* a *omixon-hla-[edition]-typer-server.vmoptions* v proměnných *-Dogve.temp.dir* a *-Djava.io⁷.tmpdir*.

Nastavení serveru Omixon HLA Server

Omixon HLA Server lze nakonfigurovat úpravou souboru *omixon-hla-[edition]-server.vmoptions*, který lze nalézt v instalačním adresáři softwaru.

Nastavení komunikačního hostitele a portu

Může být nutné nastavit parametry hostitele a portu. Abyste toho dosáhli, změňte následující výchozí parametry:

-Domixon.server.host=0.0.0.0

-Domixon.server.port=4380

Hostitel

Hodnota parametru *-Domixon.server.host* může být název hostitele (např.: *omixon-server*), úplný název domény (např.: *omixon-server.mycompany.com*⁸) nebo IP adresa počítače, na kterém běží server *Omixon HLA Server*.

DŮLEŽITÉ

Parametr „Server host“ v konfiguraci připojení klienta musí mít stejnou hodnotu jako parametr „-Domixon.server.host“ v konfiguraci serveru Omixon HLA Server.

Zajistěte, aby se název hostitele serveru překládal na stejnou IP adresu na serveru i na klientských strojích, jinak se klientům zobrazí chyba odmítnutého připojení. Běžným problémem konfigurace je to, že na serveru se název hostitele překládá na jinou IP adresu (např. na 127.0.0.1, prostřednictvím interního síťového rozhraní), což způsobuje odmítnutí připojení.

Nejjistější je vždy jak na serveru, tak na klientských počítačích specifikovat přesnou IP adresu, která je přístupná ze všech příslušných počítačů v síti.

Port

Doporučuje se ponechat výchozí nastavení *-Domixon.server.port*, ale pokud musí být změněno – viz výše uvedené související informace – lze jej změnit na libovolný port. Zajistěte, že nakonfigurovaný port bude, stejně jako další, volný a dostupný, protože se budou používat ke komunikaci mezi serverem a klientem (klienty).

DŮLEŽITÉ

Ověřte, zda oba nastavené porty jsou jak na serveru, tak na klientských počítačích volně použitelné.

Nastavení serveru Omixon HLA Typer Server

Omixon HLA Typer Server lze nakonfigurovat úpravou souboru *omixon-hla-[edition]-typer-server.vmoptions*, který lze nalézt v instalačním adresáři softwaru.

V případě, že jsou servery *Omixon HLA Server* a *Omixon HLA Typer Server* nainstalovány na stejném hostiteli (výchozí instalace serveru), postačuje výchozí nastavení pro komunikaci HTTP mezi oběma servery.

V případě, že je server *Omixon HLA Typer Server* nainstalován na jiném hostiteli, musíte odpovídajícím způsobem upravit konfigurační hodnoty. Dále se také musí změnit IP adresa / název hostitele typer serveru:

-Domixon.server.host=IP / název hostitele serveru Omixon HLA Server

-Domixon.server.port=port serveru Omixon HLA Server (výchozí 4380)

-Dtyper.server.host=IP/hostitel typer serveru Omixon HLA Typer Server

-Dtyper.server.port=port typer serveru Omixon HLA Typer Server

⁷ <http://Djava.io>

⁸ <http://twin-server.mycompany.com>

Příklady nastavení serveru

Server Omixon HLA Server a první Omixon HLA Typer Server na jednom hostiteli, druhý Omixon HLA Typer Server na jiném hostiteli

- Pomocí instalačního programu nainstalujte *Omixon HLA Server* na hostitele a pomocí instalačního programu serveru typer nainstalujte *Omixon HLA Typer Server* na jiného hostitele.
- Hostitel serveru *Omixon HLA Server* *omixon-hla-[edition]-server.vmoptions* a *omixon-hla-[edition]-typer-server.vmoptions* musí obsahovat:

```
-Domixon.server.host=<IP nebo název hostitele serveru Omixon Server>  
-Domixon.server.port=4380
```

- Hostitel serveru *Omixon HLA Typer Server* *omixon-hla-[edition]-typer-server.vmoptions* musí obsahovat:

```
-Domixon.server.host=<IP nebo název hostitele serveru Omixon Server>  
-Domixon.server.port=4380  
-Dtyper.server.host=<IP nebo název hostitele serveru Omixon Server>  
-Dtyper.server.port=4382
```

- Zajistěte, že jak vybrané porty, tak *omixon.server.port* +1 jsou volné a přístupné (přemýšlejte o jiných procesech, nastaveních firewallu atd.)
- Připravte úložiště a pracovní složku. Následující kritéria se musí splnit:
- Uživatelský účet (uživatelské účty) používaný/é na obou serverech musí mít na pracovní složku oprávnění pro čtení a zápis a alespoň oprávnění pro čtení na složku úložiště.
- Přístupová cesta ke složce úložiště musí být na obou hostitelích přesně stejná.
- Cestu k této pracovní složce musíte v *omixon-hla-[edition]-server.vmoptions* i *omixon-hla-[edition]-typer-server.vmoptions* nastavit následovně:

```
-Dogve.temp.dir=<cesta k pracovní složce>  
-Djava.io.tmpdir=<cesta k pracovní složce>
```

- Po dokončení nastavení *vmoptions* oba servery restartujte.
- Nakonfigurujte přístup na server na straně klienta přidáním přesně stejného IP/názvu hostitele a portu, jak je definováno na serverech v *-Domixon.server.host* a *-Domixon.server.port*.
- Pomocí klienta se připojte k serveru *Omixon HLA Server*.

Servery Omixon HLA Server a Omixon HLA Typer Server jsou nainstalovány na stejném hostiteli (výchozí instalace serveru)

- Nainstalujte servery *Omixon HLA Server* a *Omixon HLA Typer Server* pomocí instalačního programu na hostitele.
- *omixon-hla-[twin|explore]-server.vmoptions* a *omixon-hla-[twin|explore]-typer-server.vmoptions* v instalačním adresáři serveru Omixon Server musí obsahovat:

```
-Domixon.server.host=<IP nebo název hostitele serveru Omixon Server>  
-Domixon.server.port=4380
```

- Zajistěte, že jak *omixon.server.port*, tak *omixon.server.port* +1 jsou volné a přístupné (přemýšlejte o jiných procesech, nastaveních firewallu atd.)
- Po dokončení nastavení *vmoptions* oba servery restartujte.
- Nakonfigurujte přístup na server na straně klienta přidáním přesně stejného IP/názvu hostitele a portu, jak je definováno v *-Domixon.server.host* a *-Domixon.server.port* v *omixon-hla-[edition]-server.vmoptions*.
- Pomocí klienta se připojte k serveru *Omixon HLA Server*.

4.4 Konfigurace protokolování

4.4.1 Přehled

Servery *Omixon HLA Server* a *Omixon HLA Typer Server* běží na různých JVM a každý má vlastní konfiguraci protokolování. Nainstalovaná aplikace obsahuje výchozí nastavení protokolování, tato část se týká vlastní konfigurace protokolování.

4.4.2 Výchozí nastavení

Protokolování aplikace je založeno na systému Simple Logging Facade for Java (SLF4J), konfiguraci serverů lze nalézt pod

- `${install_dir}/conf/omixon/logback.xml` pro *Omixon HLA Server*
- `${install_dir}/conf/typer/logback.xml` pro *Omixon HLA Typer Server*

Konfigurace mají následující formát a obsah:

```
<?xml version="1.0" encoding="UTF-8" ?>
<!-- ===== -->
<!-- Logback configuration file for Omixon Server (PRODUCTION) -->
<!-- ===== -->

<configuration scan="true" debug="false">
  <contextName>server</contextName>

  <appender name="OMIXON-SERVER"
class="ch.qos.logback.core.rolling.RollingFileAppender">
    <file>logs/server.log</file>
    <rollingPolicy class="ch.qos.logback.core.rolling.TimeBasedRollingPolicy">
      <fileNamePattern>logs/server.%d{yyyy-MM-dd}.log</fileNamePattern>
      <maxHistory>30</maxHistory>
    </rollingPolicy>
    <encoder>
      <pattern>[%d{yyyy-MM-dd - HH:mm:ss.SSS}] [%contextName] [%thread]
[%c] %5p - %m %n</pattern>
    </encoder>
  </appender>

  <appender name="AUTOMATION" class="ch.qos.logback.core.FileAppender">
    <file>logs/automation.log</file>
    <rollingPolicy class="ch.qos.logback.core.rolling.TimeBasedRollingPolicy">
      <fileNamePattern>logs/automation.%d{yyyy-MM-dd}.log</fileNamePattern>
      <maxHistory>30</maxHistory>
    </rollingPolicy>
    <encoder>
      <pattern>[%d{yyyy-MM-dd - HH:mm:ss.SSS}] [%contextName] [%thread]
[%c] %5p - %m %n</pattern>
    </encoder>
  </appender>

  <logger name="org.springframework" level="WARN" /> <!-- explicitly removes these from
logs -->
  <logger name="ch.qos.logback" level="WARN" />

  <logger name="com.omixon" level="INFO" additivity="false">
    <appender-ref ref="OMIXON-SERVER" />
  </logger>
  <logger name="omixon.automation" level="INFO" additivity="false">
    <appender-ref ref="AUTOMATION" />
  </logger>

  <root level="INFO">
    <appender-ref ref="OMIXON-SERVER" />
  </root>
</configuration>
```

Výchozím adresářem protokolu je `$(install_dir)/logs`. Abyste mohli vytvořit soubory protokolu v jiném adresáři, upravte tag `<file>` konfigurace. Máte-li více serverů, můžete si je nakonfigurovat tak, aby pro snadný přístup vytvořily své soubory protokolu v běžném adresáři.

4.4.3 Protokol Garbage Collection

Chcete-li diagnostikovat problémy s pamětí, začněte nejlépe u souboru protokolu Java Garbage Collection (GC). Když aplikace běží, poskytuje několik statistik o Java Virtual Machine (JVM).

Soubory *vmoptions* serverů *Omixon HLA Server* a *Omixon HLA Typer Server* obsahují následující nastavení:

```
-Xloggc:$omixon_install_dir/logs/app-gcmonitor.log
-XX:+PrintGCDetails
-XX:+PrintGCDateStamps
-XX:+PrintGCTimeStamps
-XX:+UseGCLogFileRotation
-XX:NumberOfGCLogFiles=5
-XX:GCLogFileSize=20M
```

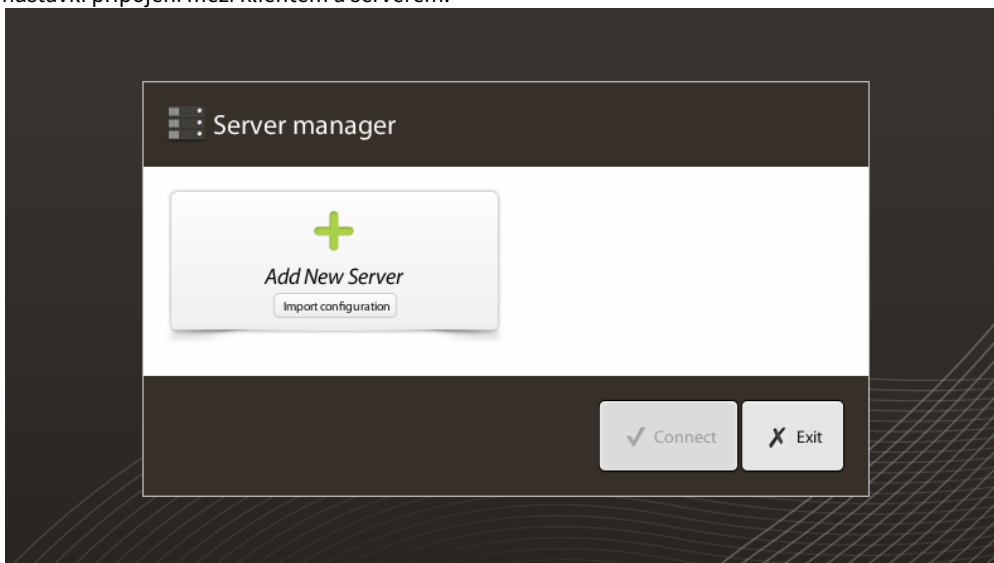
Chcete-li zakázat protokolování GC, okomentujte nebo odstraňte výše uvedené nastavení ze souboru *vmoptions*. Abyste mohli vytvořit soubory protokolu v jiném adresáři, upravte hodnotu konfigurace *-Xloggc*.

4.5 Přijetí připojení klienta

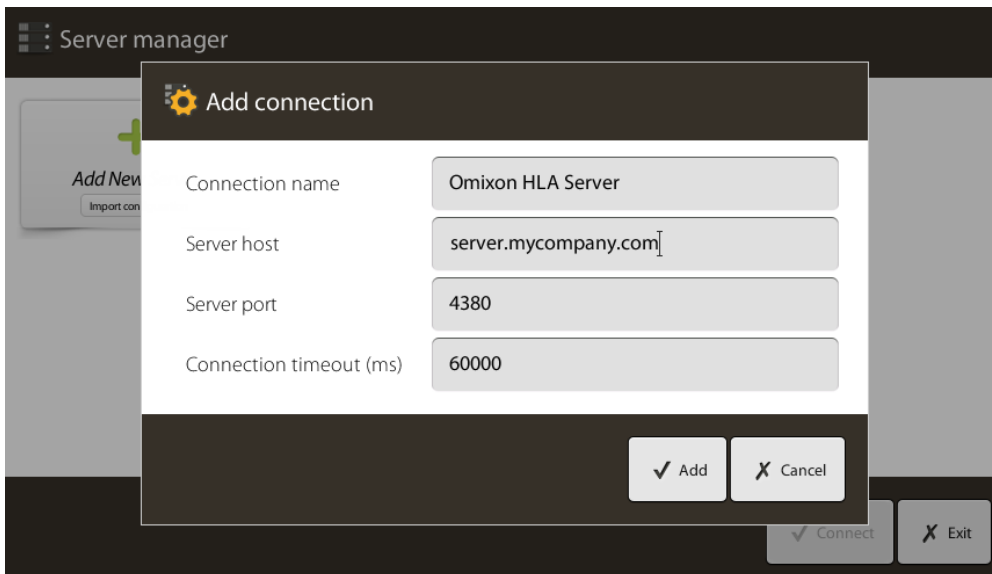
Po nastavení a spuštění serveru tento naslouchá příchozím požadavkům klienta o připojení.

4.5.1 Připojení klienta

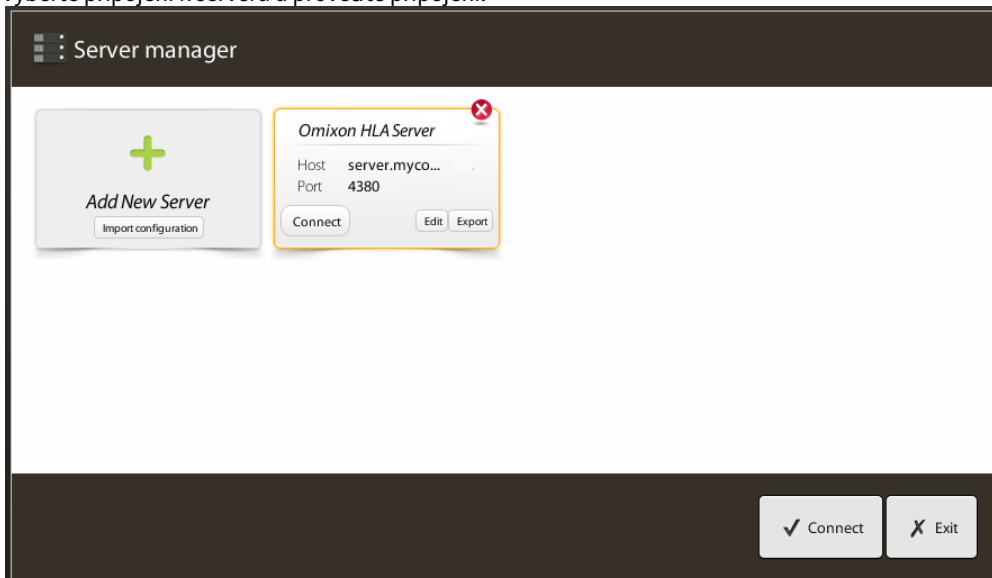
Spusťte klientskou aplikaci. Na obrazovce „Server Manager“ (Správce serveru) vyberte „Add New Server“ (Přidat nový server), abyste nastavili připojení mezi klientem a serverem.



Pojmenujte své připojení a zadejte naprosto stejné údaje týkající se nastavení hostitele a portu, které jste nastavili na serveru.



Vyberte připojení k serveru a proveďte připojení.



DŮLEŽITÉ

Zkontrolujte na serverovém počítači nastavení firewallu. Nastavte svůj firewall tak, aby Omixon HLA Server přijímal příchozí spojení.

4.5.2 Export a import konfigurace připojení

Místo ručního nastavování připojení mohou uživatelé zvolit import konfiguračního souboru, a to kliknutím na tlačítko „Import configuration“ (Importovat konfiguraci) na záložce „Add New Server“ (Přidat nový server) v dialogovém okně „Server Manager“ (Správce serveru). Soubor poskytuje správce systému, který musí kliknutím na „Export“ (Exportovat) na vybraném připojení v „Server Manager“ (Správci serveru) exportovat nastavení připojení do souboru.

4.6 Role superuživatele

První uživatel, který se zaregistruje, se ve výchozím nastavení stává „Superuser“ (Superuživatelem). Toto nelze později změnit, nicméně jiným uživatelům lze také přiřadit práva Superuživatele.



Doporučuje se, aby se nejdříve zaregistroval Administrátor systému, aby dokončil nastavení. Superuživatel má oprávnění vytvářet a spravovat další uživatelské účty, které lze použít k přihlášení prostřednictvím klientů.

Další informace o uživatelských rolích a oprávněních naleznete v Uživatelské příručce, v kapitole Správa uživatelů.

4.7 Správa dat

Všechny analýzy jsou prováděny serverovou aplikací a výsledky jsou ukládány na straně serveru. Výsledky lze prohlížet – a exportovat – prostřednictvím klienta.

Procházení souborového systému vzdáleného serveru dovoluje, aby se data nemusela přenášet po síti mezi klientem a severem. Úloha se spouští okamžitě.