



Brugervejledning

Omixon HLA Twin CE 3.1.1

11/22/2018

1	Introduktion	5
1.1	Firmaoplysninger	5
1.2	Generelle oplysninger	5
1.3	Sekventeringsteknologier	5
1.4	Metodens princip	5
1.4.1	Konsensusgenotype (CG)-algoritme	5
1.4.2	Algoritme til statistisk genotypebestemmelse (SG)	5
1.5	Systemkrav	6
1.6	Tilsluttet brug	6
1.7	Advarsler og forsigtighedsregler:	6
1.7.1	Begrænsninger for produktbrug	6
1.8	Valideringsmetoder og ydeevnekaraktistika	6
1.8.1	Holotype HLA v1	7
1.8.2	Holotype HLA v2	7
1.9	Frigivelsesnoter	7
1.10	Referencer	7
2	Hurtigt i gang.....	8
2.1	Log ind	8
2.2	Genotypebestemmelsesdashboard.....	8
2.3	Analyse	9
2.3.1	Simpel genotypebestemmelse – anbefales til Holotype-prøver	9
2.3.2	Resultater	9
2.4	Genotypebestemmelsesanalyseresultat	9
2.5	Genotypebestemmelsesprøveresultat	11
2.6	Genbrowser	12
2.7	Indstillingsdashboard	12
3	Installationsvejledning	13
3.1	Windows	13
3.1.1	Installationstrin.....	13
3.2	Linux	13
3.2.1	Installationstrin.....	14

3.3	Mac OS X	14
3.3.1	Installationstrin.....	14
4	Omixon HLA Server	15
4.1	Installation	15
4.2	Start af serverne.....	15
4.2.1	Vigtigt.....	15
4.2.2	Linux	15
4.2.3	Windows	16
4.3	Konfigurering af servermiljøet	16
4.3.1	Indstillinger på klientsiden.....	16
4.3.2	Konfiguration på serversiden	16
	Ændring af konfigurationen	16
	Installationstyper.....	16
	Forberedelse af filsystem	19
	Omixon HLA Server-indstillinger.....	20
	Omixon HLA Typer Server-indstillinger	20
	Eksempler på serveropsætning.....	21
4.4	Logningskonfiguration	22
4.4.1	Oversigt.....	22
4.4.2	Standardindstillinger.....	22
4.4.3	Garbage Collection-log.....	24
4.5	Accept af klientforbindelse.....	24
4.5.1	Tilslutning af klienten	24
4.5.2	Eksport og import af forbindelseskonfiguration.....	25
4.6	Superbrugerrollen.....	25
4.7	Dataadministration.....	26





1 Introduktion

1.1 Firmaoplysninger

Dette produkt er fremstillet af Omixon Biocomputing Ltd.

Adresse:

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

Hjemmeside: <http://www.omixon.com>

Teknisk kontakt: support@omixon.com¹

Salgskontakt: sales@omixon.com²

1.2 Generelle oplysninger

Omixon HLA Twin leverer to uafhængige algoritmer til genotypebestemmelse af næstgenerationssekventeringsdata: statistisk genotypebestemmelse (SG) og konsensusgenotypebestemmelse (CG). Algoritmerne er udviklet sammen med Omixon Holotype HLA-sekventeringsanalysen. De to algoritmer kan køre på samme tid, og resultaterne kan undersøges i en enkelt tabel. Sammen med denne overordnede højniveautabel leveres der detaljerede statistikker og kvalitetskontrolforanstaltninger for hver prøve.

Omixon HLA Twin tilbyder en tidsbestemt licensordning, som tillader ubegrænset genotypebestemmelse i en given periode. Kontakt venligst sales@omixon.com³ for et tilbud. En licens, som gælder i 90 dage, er inkluderet i testversionen.

Hver softwareversion leveres med fuld support i 13 måneder fra frigivelse. Når supporten til en softwareversion udløber, implementeres der ikke fejlretninger for den, og den valideres ikke med nye IMGT-databaser. Det anbefales kraftigt at opgradere til den nyeste softwareversion, før supporten udløber.

1.3 Sekventeringsteknologier

Omixon HLA Twin understøtter sekventering af Illumina-data.

1.4 Metodens princip

1.4.1 Konsensusgenotype (CG)-algoritme

Konsensusgenotypealgoritmen er en de novo-assembleringsbaseret metode. Assemblermetoden modtager data, som er forfiltreret for gener, som er baseret på IMGT-databasen. Produktet af assembleringen er et eller flere contigs, og hvert contig består af et eller flere faseområder. De genererede konsensussekvenser sammenlignes med allelsekvenserne i IMGT/HLA-databasen, og allelparret eller -parrene med minimale nøgle-exon-, andre exon- eller ikke-exon-uoverensstemmelser rapporteres. Konsensusgenotypebestemmelsesalgoritmen rapporterer resultaterne af genotypebestemmelse med fuld opløsning (4 felter).

1.4.2 Algoritme til statistisk genotypebestemmelse (SG)

Den statistiske genotypebestemmelsesalgoritme er en alignmentbaseret metode. Aflæsninger og aflæsningspar alignes med alle exoniske sekvenser, som er defineret i IMGT-databasen, og tilknyttes derefter alleler med den højeste alignmentscore. Alleler forfiltreres og parres. Allelpar sammenlignes og ordnes ud fra den kombinerede mængde understøttende aflæsninger i parret. Alle allelpar, der ud fra sammenligningsresultaterne betragtes som lige gode resultater, rapporteres. Den statistiske genotypebestemmelsesalgoritme rapporterer genotyperesultater med exonbaseret opløsning (3 felter).

¹ <mailto:support@omixon.com>

² <mailto:sales@omixon.com>

³ <mailto:sales@omixon.com>

1.5 Systemkrav

De anbefalede mindstekrav til hardwaren til værktøjet er som følger:

	Desktop	Server	Klient
CPU	64-bit multi-core	64-bit multi-core	64-bit multi-core
Hukommelse (minimum/anbefalet)	12 GB/16 GB	12 GB/16 GB	4 GB/8 GB
Operativsystem	64-bit Windows/Linux eller OS X	64-bit Windows eller Linux (OS X understøttes ikke)	64-bit Windows/Linux eller OS X

Behovet for lagerplads afhænger af prøvernes størrelse og skal beregnes med hensyn til juridiske krav til opbevaring af dataene, mindste niveau for sikkerhedskopiering og redundans samt det forventede årlige volumen. Omixon kan bistå med at beregne lagerpladsbehovet. Du bedes kontakte support@omixon.com⁴, hvis du har behov for hjælp.

1.6 Tilsigtet brug

Omixon HLA Twin er beregnet til fortolkning af Next Generation Sequencing (NGS)-data, som er genereret med Omixon Holotype HLA-sekventeringsanalysen på Illumina-sekventeringssystemer. Disse resultater er en meget nøjagtig, single-pass HLA-typebestemmelse på allelniveau med en meget lav ambiguitet på 2-feltsniveau. Softwaren giver human histokompatibilitetsinformation om HLA klasse I (HLA-A, B og C)- og klasse II (HLA-DPA1, DPB1, DQA1, DQB1 og DRB1/3/4/5)-gener med to uafhængige algoritmer: statistisk genotypebestemmelse (SG) og konsensusgenotypebestemmelse (CG). De to algoritmer kan køres samtidigt, og konkordansen mellem algoritmerne vises altid ved siden af resultatet af den primære genotypebestemmelsesalgoritme, når begge metoder har kørt. Sammen med denne overordnede højniveautabel leveres der detaljerede statistikker og kvalitetskontrolforanstaltninger for hver prøve.

Omixon HLA Twin-produktet er beregnet til in vitro-diagnostisk brug af professionelt sundhedspersonale, f.eks. laboratorieteknikere og læger, som er uddannet i HLA-typebestemmelse og arbejder på diagnostiske laboratorier, der er EFI- eller ASHI-akkrediteret (eller som kan arbejde i henhold til EFI- eller ASHI-specifikationerne). De resultater, der genereres af softwaren, må ikke anvendes som eneste grundlag for kliniske beslutninger.

1.7 Advarsler og forsigtighedsregler:

1.7.1 Begrænsninger for produktbrug

Algoritmerne er udviklet og har gennemgået en omfattende evaluering sammen med Omixon Holotype HLA-sekventeringsanalysen. For at opnå den bedste ydeevne bedes softwaren anvendt sammen med Omixon Holotype HLA-analysen til HLA-typebestemmelse med NGS på Illumina MiSeq-systemet. Hvis der anvendes andre HLA-sekventeringsanalyser eller NGS-platformer end dem, som er anført ovenfor, skal de kontrolleres og valideres omhyggeligt af brugeren!

En liste over kendte begrænsninger for analyser og algoritmer kan ses i dokumentet Kendte produktbegrænsninger!

1.8 Valideringsmetoder og ydeevnekaraktistika

Nedenstående ydeevnestatistikker er genereret med Omixon HLA Twin version 3.1.1 og IMGT-databaseversion 3.31.0_5.

Ydeevneindikatorerne er beregnet med den metode, som er beskrevet af Ng et al. (1993)¹. Resultaterne af genotypebestemmelsen er sammenlignet med tilgængelige referencegenotypebestemmelsesresultater med tofeltsopløsning.

⁴ <mailto:support@omixon.com>

1.8.1 Holotype HLA v1

I alt 416 prøver (fra 197 referencecellelinjer) blev analyseret. Sekventeringsdataene er genereret med Holotype HLA version 1.

Måling	HLA-A	HLA-B	HLA-C	HLA-DPB1	HLA-DQA1	HLA-DQB1	HLA-DRB1	I alt
Sensitivitet	99,52%	98,56%	98,68%	99,04%	99,52%	95,55%	98,32%	98,45%
Specificitet	99,98%	99,97%	99,95%	99,96%	99,95%	99,80%	99,96%	99,95%
Præcision	99,52%	98,56%	98,68%	99,04%	99,52%	95,55%	98,32%	98,45%
Negativ prognoseværdi	99,98%	99,97%	99,95%	99,96%	99,95%	99,80%	99,96%	99,95%
Type korrekt klassificeret	99,97%	99,94%	99,91%	99,92%	99,91%	99,61%	99,92%	99,90%

1.8.2 Holotype HLA v2

I alt 176 prøver blev analyseret. Sekventeringsdataene er genereret med Holotype HLA version 2.

Måling	HLA-A	HLA-B	HLA-C	HLA-DPA1	HLA-DPB1	HLA-DQA1	HLA-DQB1	HLA-DRB1	HLA-DRB3	HLA-DRB4	HLA-DRB5	I alt
Sensitivitet	100,00%	98,58%	97,73%	99,71%	98,86%	95,71%	96,88%	99,43%	98,21%	89,71%	98,28%	97,58%
Specificitet	100,00%	99,98%	99,93%	99,97%	99,96%	99,76%	99,84%	99,99%	99,64%	96,57%	99,43%	99,90%
Præcision	100,00%	98,58%	97,73%	99,71%	98,86%	95,71%	96,88%	99,43%	98,21%	89,71%	98,28%	97,58%
Negativ prognoseværdi	100,00%	99,98%	99,93%	99,97%	99,96%	99,76%	99,84%	99,99%	99,64%	96,57%	99,43%	99,90%
Type korrekt klassificeret	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 Frigivelsesnoter

Der kan ses en liste over nye funktioner og fejlretninger i sektionen *Release Notes* (Frigivelsesnoter) på <https://www.omixon.com/support-and-resources/hla-twin/>

1.10 Referencer

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

2 Hurtigt i gang

2.1 Log ind

Når kørslen af HLA-softwaren er initialiseret, skal brugeren logge på programmet. Indtast brugernavn og adgangskode til felterne, og klik på login. Ved første login oprettes der en superbruger.

2.2 Genotypebestemmelsesdashboard

Når du er logget på softwaren, vises genotypebestemmelsesdashboardet. Dette er startside i softwaren. Alle genotypebestemmelsesfunktioner er tilgængelige herfra.

Dashboardet består af følgende underskræme:

- Informationspanel: Det indeholder alle hovedfunktionerne og nogle højniveauoplysninger om den aktuelle mappe og de valgte filer. Det viser også oplysninger om den aktuelle bruger og aktive IMGT-database samt indeholder nogle navigationsfunktioner.
- Filbrowser: Denne del af skærmen kan bruges til navigering mellem alle tilgængelige mapper.

Informationspanelet er placeret øverst på skærmen. Det har 3 forskellige sektioner.

- Den øverste del viser:
 - den aktuelle brugers id
 - widgetpanelet for hukommelsesforbrug
 - statuspanelet for procesmanageren
 - knappen til velkomsttutorial
 - log ud-knappen
 - afslut-knappen
- Den mellemste del viser:
 - navigationsknapperne: Back (Tilbage), Forward (Frem), Up (Op) og Home (Hjem) (Home går tilbage til genotypebestemmelsesdashboardet).
 - de tilgængelige oplysninger om den anvendte IMGT-database til højre for navigationsknapperne
 - de bogmærke- og kontekstspecifikke hjælpeknappe til højre på skærmen
- Den nederste del indeholder en serie knapper, som giver dig mulighed for at vælge mellem hovedfunktionerne på dette dashboard.
 - typebestemmelses- og dataanalysefunktionerne til at afsende genotypebestemmelse
 - typebestemmelses- og dataanalysefunktionerne til at visualisere resultater
 - filbrowserfunktionerne til at navigere mellem prøver og mapper
 - Anvendelsesindstillinger

Skærmens hovedsektion er filbrowseren, hvor du kan navigere ved at klikke på drev- og mappenavne – ligesom i enhver anden filbrowser. Brug browseren til at navigere til den mappe, hvor prøverne til genotypebestemmelse ligger. Hver prøvefil er markeret med et lille DNA-tegn og har sit eget unikke navn, som er identisk med det navn, der er genereret af prøvearket. For parrede aflæsninger parrer softwaren automatisk filer ud fra filnavnene, og kun "R1" FASTQ-filen vises i filbrowseren, for at mindske redundansen og gøre det nemmere at navigere. Når du lader musen hvile over prøvefilen, kan du se de enkelte FASTQ-filers størrelse.

Når en prøve er analyseret, vises der en separat fil, genotypebestemmelsesresultatfilen, i filbrowseren. Resultatet har filtypen .htr. Alle resultatfiler anbringes automatisk i den samme mappe, som prøvedataene ligger i. Hver analysefil er markeret med et lille tabeltegn. Analysefilens navn består af prøvenavnet og et tidsstempel, som svarer til det tidspunkt, hvor analysen blev afsendt. Når du lader musen hvile over analysefilen, kan du se alle tilgængelige oplysninger om analysen. Når du ser på en .htr-fil, kan du helt til højre se en sammenfatning af høj kvalitet af typebestemmelsesresultaterne. Resultaterne er kommenteret med et "trafiklyssystem". Ligesom ved et rigtigt trafiklys bruges der tre forskellige farver med hver sin betydning. Til forskel fra et rigtigt trafiklys er der mulighed for "blandede farver".

Genotypebestemmelsesfunktionerne er deaktiveret – knapperne er grå – så længe der ikke er vist nogen prøver på skærmen. Så snart du finder en FASTQ-fil (eller et andet understøttet format), bliver flere genotypebestemmelsesknapper tilgængelige.

Følg afsnittet Analyse for at afsende en analyse.

Du kan finde nærmere oplysninger om denne skærm og alle tilgængelige funktioner i denne brugervejledning i afsnittet Omixon-håndbog/genotypebestemmelsesdashboardet (Omixon Handbook/Genotyping Dashboard).

2.3 Analyse

Når mindst én prøve er fundet, har du flere muligheder for at påbegynde genotypebestemmelse.

2.3.1 Simpel genotypebestemmelse – anbefales til Holotype-prøver

Genotypebestemmelse med standardparametrene kan igangsættes ved blot at klikke på knappen "Analyse", som vises i hver række for hver prøve. Du kan indtaste flere prøver med Holotype-protokollen ved at med museklik og Ctrl- eller Shift-knappen og derefter trykke på knappen Simple Genotyping (Simpel genotypebestemmelse) i topmenuen. Du kan kontrollere, at typebestemmelsen kører, i den viste procesmanager i øverste højre hjørne. Du kan finde nærmere oplysninger om denne og andre relaterede funktioner som f.eks. genotypebestemmelse med brugerdefinerede parametre og reanalyse af prøver, i denne brugervejledning i afsnittet Brugervejledning/Genotypebestemmelsesdashboard.

2.3.2 Resultater

Når programmet når 100 % i procesmanageren, vises der en ny resultatfil i filbrowseren. Hvis der indtastes flere prøver på samme tid, vises der et resultat for hver, så snart det er klar – du kan få vist de første resultater, mens resten stadig er under behandling. Resultatfilerne viser et trafiklysresultat, så du kan danne dig et hurtigt overblik, og du kan få vist yderligere oplysninger ved at klikke på "View" (Vis)-knappen efter hver række. Du kan få vist flere ved at klikke på Ctrl- eller Shift-knappen for at vælge dem og derefter klikke på knappen "View results" (Vis resultater) i topmenuen.

Når du arbejder med analyseresultater i Omixon HLA-softwaren, skal du være klar over, at primersekvenser ikke påvirker resultaterne, da de trimmes før analysen. Du kan finde nærmere oplysninger om fortolkning af resultaterne i denne brugervejledning i afsnittet Brugervejledning/Genotypebestemmelsesanalyseresultat og Brugervejledning/Genotypebestemmelsesprøveresultat.

2.4 Genotypebestemmelsesanalyseresultat

Som beskrevet i afsnittet Resultater kan du visualisere dine resultater ved at fremhæve en eller flere prøver og klikke på knappen "View results" (Vis resultater). Det fører dig til det næste afsnit i HLA Twin: Genotypebestemmelsesanalyseresultater.

i Bemærk
Hvis der kan findes mere end 50 bedst overensstemmende-resultater på et locus, beregnes LD ikke. Hvis du trykker på knappen Show LD details (Vis LD-detajler), vises der ingen oplysninger.

I afsnittet Genotypebestemmelsesanalyseresultater kan du se, at det er opdelt i to større dele:

- Informationspanel – bemærk, at strukturen i dette panel er stort set identisk med informationspanelet i genotypebestemmelsesdashboardet (se nærmere ovenfor)
- Resultattabellen, som indeholder oversigtstabellen, består af resultaterne af de tidligere fremhævede prøver.

Den nederste del af informationspanelet indeholder en serie knapper, som giver dig mulighed for at vælge mellem hovedfunktionerne på dette dashboard.

- Prøvedetaljer og gennemse alignment
- Displayopsætningsknapper
- Tildelingsknapper
- Eksporter tabel
- Yderligere funktioner til at kommentere prøve/godkende prøve/annullere godkendelse af en prøve/vis koblingsuligevægt





I resultattabellen i genotypebestemmelsesanalyseresultaterne kan du se en oversigt over dine resultater for hvert locus i hver prøve. Tabellen har følgende kolonner:

- Godkendelse
 - Angiver, om en prøve er godkendt, klar til godkendelse eller stadig er under bearbejdning
- Prøve
 - Indeholder navnet på den .htr-fil, der genereres ud fra prøvens navn, og tidsstempelt, som angiver det tidspunkt, hvor analysen blev afsendt.
 - Hvis en prøve har været analyseret flere gange, følger visningen af prøverne analyserækkefølgen. Du kan bruge tidsstempelt til at spore forskellige analysetider.
- Allel
 - Viser de to alleler Allel 1 og Allel 2 i forskellige rækker
- Separate kolonner til de analyserede loci
 - Helt til venstre ved siden af det viste resultat kan du se et lille "hak", som angiver, om du ser det "Best matching allele" (Bedst overensstemmende allel). Du kan tildele dette resultat ved simpelthen at klikke på hakket – tegnet bliver grønt og angiver, at resultatet er tildelt.

Ud for hakket kan du se trafiklysene.

- Konkordanstrafiklys:
Konkordanstrafiklyssystemet har følgende output:
 - (grøn): Resultaterne af SG og CG er fuldt overensstemmende (på tredje felt),
 - (gul): Resultaterne af SG og CG er overensstemmende op til fire cifre (andet felt),
 - (rød/gul): Resultaterne af SG og CG er overensstemmende op til to cifre (første felt),
 - (rød): Resultaterne af SG og CG er ikke overensstemmende.

Bemærk, at konkordanstrafiklysene kun angives for de bedst overensstemmende alleler. Det andet trafiklys er baseret på foranstaltninger til kvalitetskontrol (QC) på locusniveau.

- Kvalitetskontroltrafiklys:
Disse trafiklys er baseret på kvalitetskontrolforanstaltningerne på locusniveau.
 - (grøn) – BESTÅET: Locus har bestået alle QC-tests,
 - (gul/grøn) – INFO: En eller flere QC-tests gav resultater, som var under gennemsnittet,
 - (gul) – INSPICER: En eller flere QC-tests gav bekymrende resultater, manuel undersøgelse af resultaterne er nødvendig,
 - (rød/gul) – UNDERSØG: En eller flere QC-tests viste lav resultat kvalitet, manuel inspektion og muligvis reanalyse er nødvendig,
 - (rød) – DUMPET: En eller flere QC-tests viste meget lav resultat kvalitet, manuel inspektion er nødvendig for at finde frem til årsagen, og locus eller prøve skal sandsynligvis sekventeres eller typebestemmes på ny med alternative metoder.
- Der kan også være andre markeringer for alleler:
 - Alleler, som er vist med blå skrift, er homozygote.
 - Sjældne alleler er markeret med et udråbstegn .
 - Nye alleler, som indeholder exoniske (eller nye exons eller introns), er markeret med , mens nye alleler, der kun indeholder nye introns, er markeret med .
 - Uligevægtige alleler er vist med kursiv skrift.
 - Alleler med længere allelsekvenser er markeret med et *plus* .

- Hvis et mindre allel med velkendt lav amplificering er til stede på listen med uligevægtige mindre alleler, er allelet markeret med ⚡. I dette tilfælde anbefales det kraftigt at validere det homozygote resultat med en alternativ genotypebestemmelsesmetode (f.eks. SSO).
- Hemizygot alleler er markeret med ⚡!. Hvis et locus er hemizygot, vises kun ét allel, og den anden celle er tom. Hvis et locus' zygositet ikke kan bestemmes ud fra de forhåndenværende data, er allelerne markeret med ⚡?.

Hvis du lader musen hvile over de forskellige sektioner i tabellen, vises der et popopvindue med yderligere tilgængelige oplysninger om sektionerne.

Fra genotypebestemmelsesanalyseresultatdashboardet kan du gå til genotypebestemmelsesprøveresultatet eller direkte til genombrowseren.

I genotypebestemmelsesprøveresultaterne kan du se de detaljerede kvalitetsmetrikker for den analyserede prøve. Du får dem vist ved at fremhæve den prøve, du vil se, og klikke på knappen "Sample Details" (Prøveoplysninger) i den nederste række i topsektionen.

I genombrowseren kan du visualisere de detaljerede resultater for hvert af de typebestemte loci. Du fremhæver den prøve, du vil se, og klikker på knappen "Browse Alignment" (Gennemse alignment) i den nederste række i topsektionen.

Du kan finde yderligere oplysninger i afsnittet Genotypebestemmelsesanalyseresultater i Omixon-håndbogen (Omixon Handbook/ Genotyping Analysis result).

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

2.5 Genotypebestemmelsesprøveresultat

I sektionen Genotypebestemmelsesprøveresultat kan du se nærmere oplysninger om genotypebestemmelsesresultaterne, kvalitetsmetrikkerne og datastatistikkerne for hvert locus i en valgt prøve.

Sektionen Genotypebestemmelsesprøveresultat kan opdeles i to større dele:

- Informationspanel – bemærk, at strukturen i dette panel er stort set identisk med informationspanelet i genotypebestemmelsesdashboardet (se nærmere ovenfor)
- Detaljepanelet, som kan vise genotypebestemmelsesresultatet, kvalitetsmetrikkerne og datastatistikkerne

Den nederste del af informationspanelet indeholder en serie knapper, som giver dig mulighed for at vælge mellem hovedfunktionerne på dette dashboard.

- Åbning af browseren
- Detaljerede oplysninger om genotypebestemmelse
- Tilpasning af viste resultater
- Tildeling af alleler
- Kommentarer

I detaljepanelet kan du vælge mellem tre forskellige faner for at beslutte, hvad du gerne vil se:

- Genotype
 - I sektionen Genotype kan du se den genotype, der er valgt af softwaren.
 - Du kan tilføje/fjerne alleler manuelt
- Kvalitetskontrol
 - Der beregnes flere kvalitetskontrolforanstaltninger for hvert locus. Hver foranstaltning for hvert locus er markeret med et trafiklyssystem.
 - Kvalitetskontrolltabellen har én kolonne til alle metrikkerne og separate kolonner til hvert af de viste loci.
 - Rækken "Overall" (Overordnet) angiver det samlede resultat for hvert af de individuelle loci baseret på trafiklyssystemet.
 - Hver metrik har sin egen række i tabellen. Lige ved siden af metrikkens navn vises et lille "i"-mærke. Hvis du lader musen hvile over "i"-mærket, vises der et popopvindue med en mere detaljeret beskrivelse af den valgte metrik.

- For hver metrik kan du se trafiklyset, metrikkens værdi og et lille "i"-mærke med oplysningerne om de specifikke grænseværdier for metrikken. Hvis du lader musen hvile over "i"-mærket, vises der et popopvindue med mere detaljerede oplysningerne om den valgte metriks grænseværdier.
- Datastatistik
 - Oversigtssektion – Tælleraflæsninger og proportioner er tilgængelige for flere forskellige trin af analysen.
 - Allelubalancesektion – Denne figur viser allelubalancer pr. region for alle generne.
 - Fragmentstørrelsessektion – Dette histogram viser fordelingen af fragmentstørrelser for parrede aflæsninger.
 - Læsekvalitetssektion – på denne graf vises basiskvaliteten pr. 5 baser for de behandlede aflæsninger. Læsepositionerne er på x-aksen, mens kvalitetsværdierne er vist på y-aksen.

Forskellige loci kan vælges i venstre side af den nederste sektion.

For de valgte loci kan du gå ind i genombrowseren ved at klikke på knapperne "Browse Alignment" (Gennemse alignment), "Browse Allele 1" (Gennemse allel 1) og "Browse Allele 2" (Gennemse allel 2).

Du kan finde yderligere oplysninger i afsnittet Genotypebestemmelsesanalyseresultat i Omixon-håndbogen (Omixon Handbook/Genotyping Sample result).

2.6 Genbrowser

This page has not yet been translated to Danish.

2.7 Indstillingsdashboard

This page has not yet been translated to Danish.

3 Installationsvejledning

Vores software kan installeres på følgende operativsystemer

- Windows
- Linux
- Mac OS X

3.1 Windows

Vi leverer en installationspakke til Windows-operativsystemer med et Java Runtime Environment (JRE). Vi har testet Omixon HLA-softwaren med 64-bit Windows 7, Windows 8/8,1 og Windows 10.

3.1.1 Installationstrin

- Start den eksekverbare fil – Velkommen til installationsguiden vises
 - Hvis du tidligere har installeret HLA Twin, skal du vælge "Yes, update the existing installation" (Ja, opdater den eksisterende installation) i installationsguiden
 - Hvis du vil udføre en ren installation, skal du vælge "No, install to a different directory" (Nej, installer i en anden mappe) i installationsguiden
 - Når du har valgt det ønskede, klikker du på next (næste)
- Acceptér softwarelicensaftalen for at fortsætte med installationen, klik på next (næste)
- Vælg den sti, hvor programmet skal installeres, og klik på next (næste)
- Vælg den datamappe, hvor de permanente datafiler skal gemmes.
 - Hvis du tidligere har installeret HLA Twin, bedes du ikke ændre den foreslåede sti – den skal pege på den tidligere anvendte databasemappe.
 - Når du har valgt mappe, klikker du på next (næste)
- Vælg mappe til midlertidige filer, klik på next (næste)
- Angiv, hvor meget hukommelse der højst må anvendes af programmet
- Omixon HLA Typer Server-installation alene: Indstil *Omixon HLA Servers* IP-adresse og port
- Vælg Start-menumappen
 - Hvis du vil oprette Start-menumappen, skal du bruge afkrydsningsfeltet "Create Start Menu folder" (Opret ny Start-menumappe) og navngive mappen
 - Hvis du vil gøre mappen synlig for alle brugere, skal du klikke på afkrydsningsfeltet "Create shortcuts for all users" (Opret genveje for alle brugere)
 - Klik på next (næste), installationen starter nu
- Installationen er afsluttet, og dialogboksen Omixon HLA Setup angiver, at den er vellykket

Programmet kan startes ved at klikke på dette startikon eller køre den eksekverbare fil fra programmappen.

Du kan finde yderligere oplysninger om og en nærmere beskrivelse af afinstallation i den udvidede installationsvejledning i Omixon-håndbogen.

3.2 Linux

Vi leverer en installationspakke til Linux-operativsystemer med et Java Runtime Environment (JRE).

Installationspakkerne er enkelte fil-shell-scripts, som kan bruges til at installere på forskellige Linux-distributioner.

Det downloadede installationsprogram har ikke rettigheder til at køre direkte. Åbn et terminalvindue for at gøre det eksekverbart med følgende kommando:

```
chmod +x installer_name
```

Derefter kan det startes med følgende kommando:



./installer_name

3.2.1 Installationstrin

- Start installer-shell-scriptet – Velkommen til installationsguiden vises
 - Hvis du tidligere har installeret HLA Twin, skal du vælge "Yes, update the existing installation" (Ja, opdater den eksisterende installation) i installationsguiden
 - Hvis du vil udføre en ren installation, skal du vælge "No, install to a different directory" (Nej, installer i en anden mappe) i installationsguiden
 - Når du har valgt det ønskede, klikker du på next (næste)
- Acceptér softwarelicensaftalen for at fortsætte med installationen, klik på next (næste)
- Vælg den sti, hvor programmet skal installeres, og klik på next (næste)
- Vælg den datamappe, hvor de permanente datafiler skal gemmes.
 - Hvis du tidligere har installeret HLA Twin, bedes du ikke ændre den foreslåede sti – den skal pege på den tidligere anvendte databasemappe.
 - Når du har valgt mappe, klikker du på next (næste)
- Vælg mappe til midlertidige filer, klik på next (næste)
- Angiv, hvor meget hukommelse der højst må anvendes af programmet
- Omixon HLA Typer Server-installation alene: Indstil *Omixon HLA Servers* IP-adresse og port
- Vælg mappen til Symlinks, og klik på next (næste) – Installationen starter nu
- Installationen er afsluttet, og dialogboksen Omixon HLA Setup angiver, at den er vellykket

Der anbringes et programikon i System-menuen. Når du klikker på dette ikon, starter programmet og er klar til brug. Du kan finde yderligere oplysninger om og en nærmere beskrivelse af afinstallation i den udvidede installationsvejledning i Omixon-håndbogen.

3.3 Mac OS X

Da Mac OS X kun er et 64-bit-operativsystem, og Java Runtime Environment bliver opdateret jævnligt, indeholder installationsprogrammet ikke Java Runtime Environment (JRE).

Dette undgår konflikter mellem forskellige JRE'er, men kan give problemer med kompatibilitet. Den nødvendige JRE-version er: 1.8
Hvis du ikke har Java installeret på din Mac, bliver den automatisk downloadet under installationen.

3.3.1 Installationstrin

- Åbn installationsprogrammet, som er pakket med et DMG-arkiv. Klik på ikonet *Omixon HLA Installer.app*
 - Hvis du tidligere har installeret HLA Twin, skal du vælge "Yes, update the existing installation" (Ja, opdater den eksisterende installation) i installationsguiden
 - Hvis du vil udføre en ren installation, skal du vælge "No, install to a different directory" (Nej, installer i en anden mappe) i installationsguiden
 - Når du har valgt det ønskede, klikker du på next (næste)
- Acceptér softwarelicensaftalen for at fortsætte med installationen, klik på next (næste)
- Brug den angivne standardsti til at installere programmet, og klik på next (næste)
- Brug standardplaceringen til datamappen, hvor de permanente data – f.eks. resultater – bliver gemt
- Vælg mappe til midlertidige filer, klik på next (næste) – Installationen starter nu
- Angiv, hvor meget hukommelse der højst må anvendes af programmet
- Installationen er afsluttet, og dialogboksen Omixon HLA Setup angiver, at den er vellykket

På programlisten er *Omixon HLA* nu tilgængelig. Når du klikker på ikonet *Omixon-HLA*, starter programmet og er klar til brug. Du kan finde yderligere oplysninger om og en nærmere beskrivelse af afinstallation i den udvidede installationsvejledning i Omixon-håndbogen.



4 Omixon HLA Server

Omixon HLA Server accepterer flere klientforbindelser på samme tid. Den muliggør samarbejde og deling af analyseresultater mellem brugerne.

Klient-server-versionen har også en automatiseringstjeneste, som tillader automatiseret typebestemmelse af prøver, efterhånden som de produceres. Protokoldetaljer, behandlingsfrekvens, prøveidentifikation og forskellige andre parametre skal defineres, før tjenesten kan fungere – kontakt support@omixon.com⁵ for assistance.

4.1 Installation

Omixon leverer tre separate installationsprogrammer til serverversionen:

- Server-installationsprogram – indeholder *Omixon HLA Server*, *Omixon HLA Typer Server* og en enkelt klient
- Client-installationsprogram – indeholder kun klienten
- Typer server-installationsprogram – indeholder kun *Omixon HLA Typer Server*

Serveren er bundlet med en klient, så det er ikke nødvendigt at installere en klient separat på servercomputeren.

Du skal have systemadministratorrettigheder for at kunne køre serverinstallationsprogrammerne. Serverinstallationsprogrammerne kan også køres fra kommandolinjen, hvis der ikke er noget GUI (kontakt venligst support@omixon.com⁶ for nærmere oplysninger). Installation af klienten kræver ikke systemadministratorrettigheder.

I forhold til trinene i installationsguiden bedes du tjekke installationsvejledningerne til dit operativsystem, som findes i de foregående afsnit af denne manual.

Stop al anden Omixon-software, før du påbegynder serverinstallationen, og sørg for at vælge den korrekte installationsmappe til en ren installation eller en opgradering.

Du kan kopiere og anvende klientinstallationsprogrammet på flere pc'er. Hvis du allerede har en desktopversion installeret, skal du sikre dig, at du vælger en anden placering af installationen, så den eksisterende installation ikke bliver overskrevet.

4.2 Start af serverne

4.2.1 Vigtigt

Serveren starter automatisk efter installation. Hvis serveren er installeret tidligere, starter den normalt, når computeren tændes.

Serveren skal konfigureres, før den første klient kan forbindes med den. De nye indstillinger anvendes, når serveren startes/genstartes, efter at konfigurationsfilen er gemt.

4.2.2 Linux

Indtast installationsmappen, og start server daemon ved at køre serverens eksekverbare fil fra kommandolinjen med et af følgende inputargumenter. De tilgængelige argumenter vises, når serveren startes uden nogen.

Anvendelse

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

start	stop	status	restart or force-reload
Starter server, hvis status er stoppet.	Lukker server ned, hvis status er kører.	Returnerer kørende status.	Genstarter server eller starter, hvis server ikke kører.

⁵ <mailto:support@omixon.com>

⁶ <mailto:support@omixon.com>



Automatisk start er ikke indstillet som standard. Du sætter automatisk start op og angiver, hvilket run level tjenesten skal startes i, ved at bruge et tjenestekonfigurationsprogram som *chkconfig* eller *update-rc.d*.

4.2.3 Windows

Du starter, stopper og angiver starttype for *Omixon HLA Server* og *Omixon HLA Typer Server* ved at starte 'Kontrolpanel → Administration → Tjenester' og ændrer 'Omixon HLA Server'- eller 'Omixon HLA Typer Server'-tjenestens egenskaber. Starttypen indstilles som standard til automatisk, og tjenesten køres under brugerkontoen System.

4.3 Konfigurering af servermiljøet

4.3.1 Indstillinger på klientsiden

For at komme i gang med standardindstillingerne og oprette forbindelse til serveren med en klient er den eneste nødvendige konfiguration at angive *Omixon HLA Server*-hostens IP-adresse eller hostnavn og adgangsporten til klienten.

Det kan gøres ved at starte klienten og klikke på knappen "Switch server" (Skift server) nederst i popopvinduet. Gå til "Add new server" (Tilføj ny server), og angiv IP-adressen i feltet "Server host" (Serverhost). Klik på "Add" (Tilføj) for at afslutte redigeringen af forbindelsen, og klik på "Connect" (Tilslut) på det nye serverkort for at oprette forbindelse til klienten.

VIGTIGT

Kun den samme udgave (CE eller RUO) og version (2.5.1, 2.6.0 osv.) af server og klient kan forbindes. Hvis disse detaljer er forskellige – f.eks. hvis serveren er blevet opgraderet, og klienten ikke er det – vises der en fejlmeddelelse, når der forsøges oprettet forbindelse.

4.3.2 Konfiguration på serversiden

Følgende konfigurationsfiler er serverens pladsholdere

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

Ændring af konfigurationen

Hvis manuel modifikation af konfigurationen er nødvendig, kan det ske ved at redigere serverkonfigurationsfilen, efter at installationen er afsluttet. Konfigurationsfilerne er placeret i installationsmappen og har filtypen "vmoptions". Da både servere og den bundlede klient har konfigurationsfiler med samme filtype, skal du sikre dig, at det er den rigtige konfigurationsfil, der tilpasses.

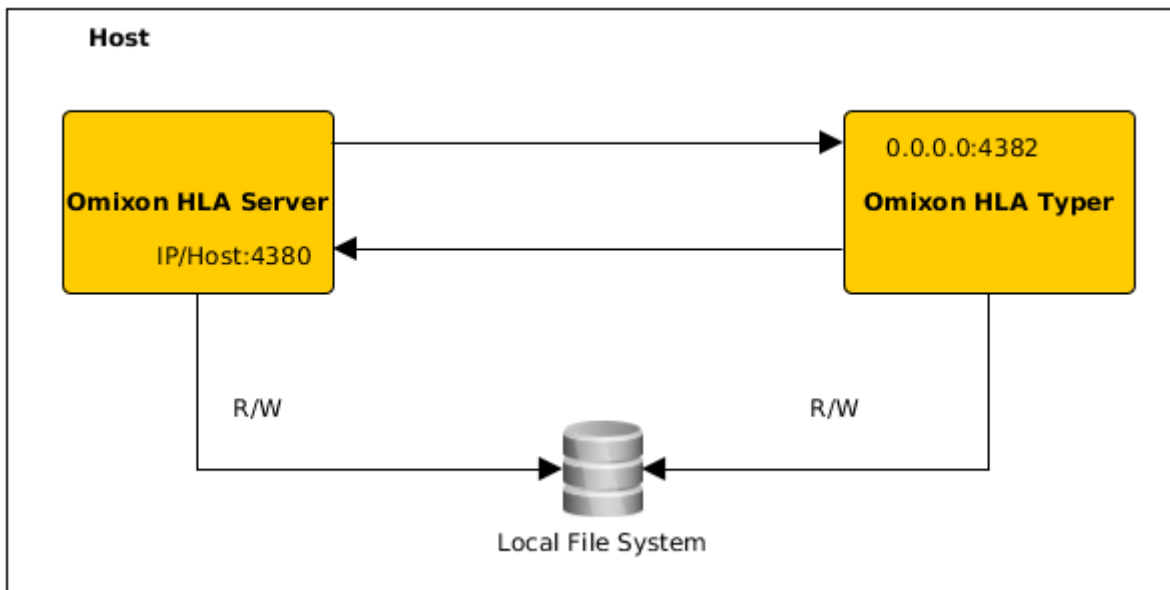
Ændringer træder først i kraft, når serveren genstartes.

VIGTIGT

Den sidste linje i filen vmoptions skal følges af et line feed.

Installationstyper

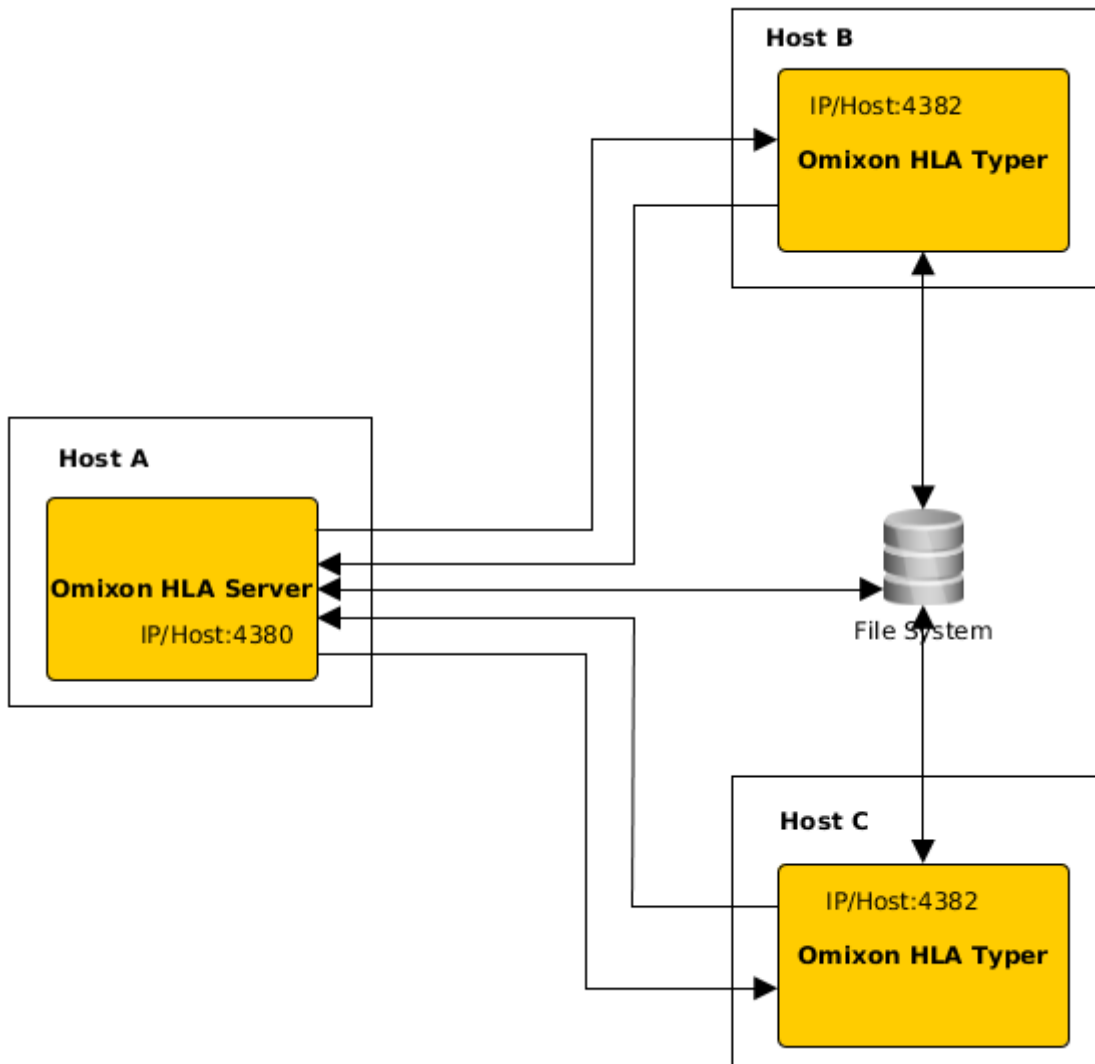
Standardinstallation: *Omixon HLA Server* og *Omixon HLA Typer Server* er installeret på samme vært. Det kan gøres ved simpelthen at køre serverinstallationsprogrammet, da det indeholder begge servere.



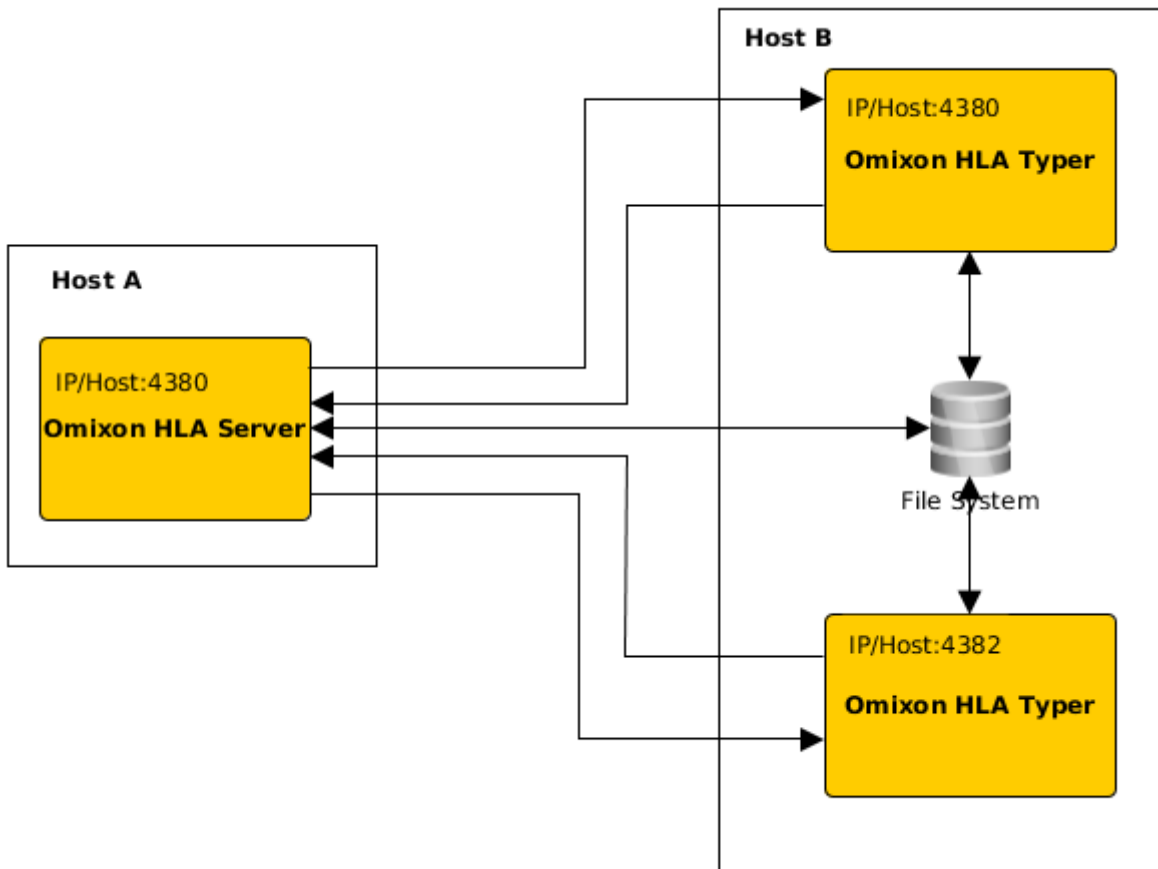
Bemærk

Omixon Typer Server kan ikke tilgås direkte af klienterne, kun gennem Omixon HLA Server.

Separat(e) typer server(e): Da *Omixon HLA Typer Server* skal bruge flere hardwareressourcer (CPU, RAM), kan den installeres på separate hosts for at opnå en bedre ydeevne. Hvis *Omixon HLA Typer Server* skal køres på en separat host, skal *Omixon HLA Server* være installeret på den ene host med standardinstallationen – se ovenfor – og *Omixon HLA Typer Server* på en anden med det separate typer server-installationsprogram. I tilfælde af en batchgenotypebestemmelsesopgave kan analysen af prøverne fordeles mellem de konfigurerede typer server-instanser. De kan deployeres på forskellige hosts – se nedenfor



eller – hvis der er flere hardwareressourcer på hosten – den samme maskine:



I denne deployeringstype skal *omixon-hla-[twin | explore]-typer-server.vmoptions*-filerne indeholde følgende poster

- Domixon.server.host=*Omixon HLA Server ip/hostname*
- Domixon.server.port=*Omixon HLA Server port (default 4380)*
- Dtyper.server.host=*Omixon HLA Typer Server ip/host*
- Dtyper.server.port=*Omixon HLA Typer Server port*

VIGTIGT

Som det er nu, skal alle servere være installeret på hosts med samme operativsystem (Windows or Linux). Heterogene systemer understøttes ikke.

Forberedelse af filsystem

Hvis *Omixon HLA Server* og *Omixon HLA Typer Server* kører på samme host (standardinstallation), kræves der ikke yderligere filsystemindstillinger. Hvis det ikke er tilfældet, skal der gøres følgende forberedelser:

Omixon HLA Server og *Omixon HLA Typer Server* skal have læseadgang til den mappe, prøvefilerne ligger i.

Desuden skal prøvelageret mountes på samme sti på begge hosts, for at prøvefilerne er tilgængelige for begge servere.

VIGTIGT

Hvis du gerne vil ændre prøvefilerne (f.eks. kopiere, flytte eller slette dem), skal Omixon HLA Server også have skriveadgang til det givne lager.

Desuden bruger både *Omixon HLA Server* og *Omixon HLA Typer Server* en dedikeret arbejdsmappe til filudveksling – f.eks. når referencedatabasen, resultaterne af genotypebestemmelsen osv. ekstraheres eller skrives ud. Denne mappe skal være tilgængelig for begge noder med skrive- og læserettigheder.



Du skal angive stien til denne arbejdsmappe i *omixon-hla-[edition]-server.vmoptions-* og *omixon-hla-[edition]-typer-server.vmoptions-* filerne i variablerne *-Dogve.temp.dir* og *-Djava.io⁷.tmpdir*.

Omixon HLA Server-indstillinger

Omixon HLA Server kan konfigureres ved at ændre *omixon-hla-[edition]-server.vmoptions*-filen, som findes i softwarens installationsmappe.

Indstilling af kommunikationshost og -port

Det kan være nødvendigt at indstille host- og portparametre. Det gør du ved at ændre følgende standardparametre:

-Domixon.server.host=0.0.0.0

-Domixon.server.port=4380

Host

Værdien af parameteren *-Domixon.server.host* kan være hostnavnet (f.eks.: *omixon-server*), det fulde domænenavn (f.eks.: *omixon-server.mycompany.com*⁸) eller IP-adressen på den maskine, der kører *Omixon HLA Server*.

VIGTIGT

I klientens forbindelseskonfiguration skal 'Server host' være indstillet til præcis den samme værdi som '-Domixon.server.host' i Omixon HLA Server-konfigurationen. Sørg for, at serverens værtsnavn oversættes til den samme IP-adresse på både server- og klientmaskinen, da klienterne ellers vil få en fejlmelding om, at forbindelsen er afvist. Det er et almindeligt konfigurationsproblem, at hostnavnet oversættes til en anden IP-adresse på serveren (f.eks. til 127.0.0.1 via et internt netværksinterface), hvilket bevirker, at forbindelsen afvises.

Det er altid det sikreste at angive en præcis IP-adresse for både server og klienter, som kan nås fra alle relaterede maskiner i netværket.

Port

Det anbefales at lade standardportindstillingen for *-Domixon.server.port* være, men hvis det er nødvendigt at ændre den – se ovenfor for indikationer for det – kan den ændres til en hvilken som helst port. Sørg for, at både den konfigurerede port og den næste er fri og tilgængelige, da de skal bruges til kommunikation mellem serveren og klienten/erne.

VIGTIGT

Kontrollér, at den indstillede port og den næste begge er fri til brug på server- og klientmaskinerne.

Omixon HLA Typer Server-indstillinger

Omixon HLA Typer Server kan konfigureres ved at ændre *omixon-hla-[edition]-typer-server.vmoptions*-filen, som kan findes i softwarens installationsmappe.

Hvis *Omixon HLA Server* og *Omixon HLA Typer Server* installeres på den samme host (standardserverinstallation), er standardindstillingen tilstrækkelig til HTTP-kommunikationen mellem de to servere.

Hvis *Omixon HLA Typer Server* installeres på en anden host, skal du ændre konfigurationsværdierne i henhold til dette. Desuden skal Typer Servers IP-adresse/hostnavn også ændres:

-Domixon.server.host=Omixon HLA Server ip/hostname

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

-Dtyper.server.host=Omixon HLA Typer Server ip/host

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

⁷ <http://Djava.io>

⁸ <http://twin-server.mycompany.com>



Eksempler på serveropsætning

Omixon HLA Server og første Omixon HLA Typer Server på én vært, anden Omixon HLA Typer Server på en anden vært

- Installer *Omixon HLA Server* på en host med serverinstallationsprogrammet og *Omixon HLA Typer Server* på en anden med Typer Server-installationsprogrammet
- *omixon-hla-[edition]-server.vmoptions* og *omixon-hla-[edition]-typer-server.vmoptions* på *Omixon HLA Server*-hosten skal indeholde:

```
-Domixon.server.host=<IP eller hostnavn på Omixon Server-host>  
-Domixon.server.port=4380
```

- *omixon-hla-[edition]-typer-server.vmoptions* på *Omixon HLA Typer Server*-hosten skal indeholde:

```
-Domixon.server.host=<IP eller hostnavn på Omixon Server-host>  
-Domixon.server.port=4380  
-Dtyper.server.host=<IP eller hostnavn på Typer Server-host>  
-Dtyper.server.port=4382
```

- Sørg for, at både de valgte porte og *omixon.server.port* +1 er frie og tilgængelige (tænk på andre processer, firewall-indstillinger osv.)
- Klargør lager og arbejdsmappe. Følgende kriterier skal være opfyldt:

- Brugerkontoen/-kontiene, som kører de to servere, skal have læse- og skriveadgang til arbejdsmappen og mindst læseadgang til lagermappen
- Adgangssten til lagermappen skal være præcis den samme på begge hosts
- Stien til arbejdsmappen skal være angivet i *omixon-hla-[edition]-server.vmoptions* samt i *omixon-hla-[edition]-typer-server.vmoptions* som følger:

```
-Dogve.temp.dir=<sti til arbejdsmappe>  
-Djava.io.tmpdir=<sti til arbejdsmappe>
```

- Genstart begge servere efter at have udført *vmoptions*-indstillingerne
- Konfigurer serveradgang på klientsiden ved at tilføje nøjagtigt den samme IP-adresse/nøjagtigt det samme hostnavn og port som defineret i *-Domixon.server.host* og *-Domixon.server.port* på serverne
- Opret forbindelse til *Omixon HLA Server* med en klient

Omixon HLA Server og Omixon HLA Typing Server på samme vært (standardserverinstallation)

- Installer *Omixon HLA Server* og *Omixon HLA Typer Server* med det samme serverinstallationsprogram på en host
- *omixon-hla-[twin|explore]-server.vmoptions* og *omixon-hla-[twin|explore]-typer-server.vmoptions* i *Omixon Server*-installationsmappen skal indeholde:

```
-Domixon.server.host=<IP eller hostnavn på Omixon Server-host>  
-Domixon.server.port=4380
```

- Sørg for, at *omixon.server.port* og *omixon.server.port* + 1 er fri og tilgængelige (tænk på andre processer, firewall-indstillinger osv.)
- Genstart begge servere efter at have udført *vmoptions*-indstillingerne
- Konfigurer serveradgang på klientsiden ved at tilføje nøjagtigt den samme IP-adresse/nøjagtigt det samme hostnavn og port som defineret i *-Domixon.server.host* og *-Domixon.server.port* in *omixon-hla-[edition]-server.vmoptions*
- Opret forbindelse til *Omixon HLA Server* med en klient



4.4 Logningskonfiguration

4.4.1 Oversigt

Omixon HLA Server og *Omixon HLA Typer Server* kører i forskellige JVM'er, og de har begge deres egen logningskonfiguration. Det installerede program indeholder standardindstillinger for logning, og dette afsnit handler om brugertilpasning af logningskonfigurationen.

4.4.2 Standardindstillinger

Programlogningen er baseret på Simple Logging Facade for Java (SLF4J) framework, og servernes konfigurationer kan findes under

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

Konfigurationerne har følgende format og indhold:

```

<?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>

```

Standardlogmappen er $\${install_dir}/logs$. Rediger `<file>`-taggen i konfigurationen for at oprette logfilerne i en anden mappe. Hvis du har flere servere, har du mulighed for at konfigurere dem til at oprette deres logfiler i en fælles mappe, så der er nem adgang til dem.

4.4.3 Garbage Collection-log

Hvis du skal diagnosticere hukommelsesproblemer, er Java Garbage Collection (GC)-logfilen det bedste sted at starte. Den leverer flere statistikker om Java Virtual Machine (JVM), mens programmet kører.

vmoptions-filerne for *Omixon HLA Server* og *Omixon HLA Typer Server* indeholder følgende indstillinger:

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

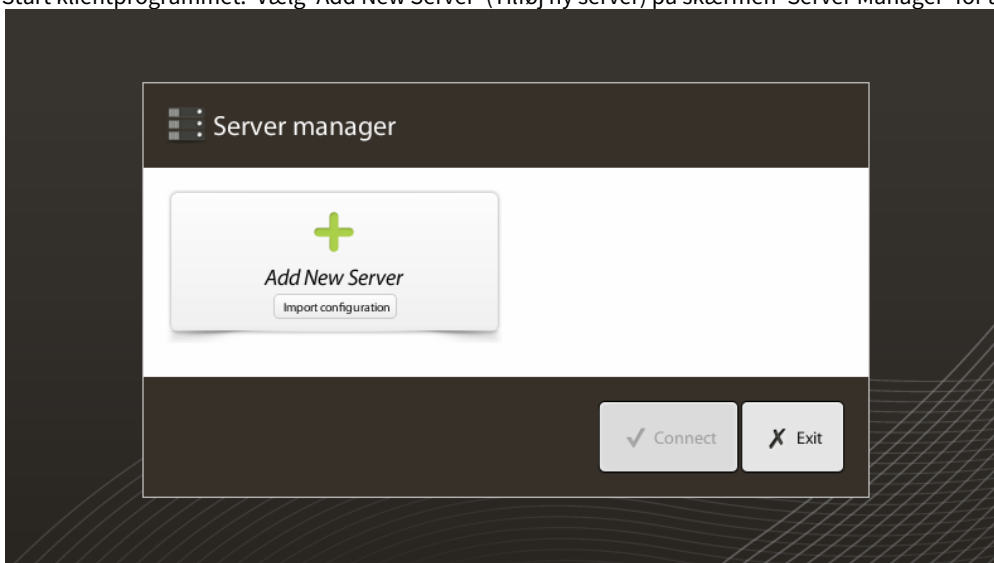
Du deaktiverer GC-logning ved at udkommentere eller fjerne ovenstående indstillinger i filen *vmoptions*. Rediger *-Xloggc*-konfigurationsværdien for at oprette logfilerne i en anden mappe.

4.5 Accept af klientforbindelse

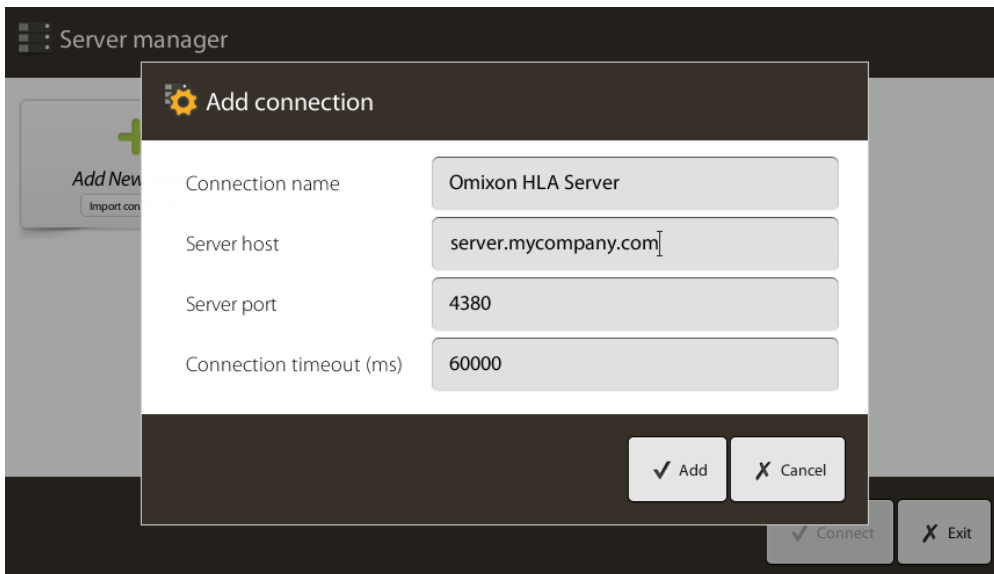
Når serveren er sat op og startet, lytter den efter indgående klientforbindelsesansøgninger.

4.5.1 Tilslutning af klienten

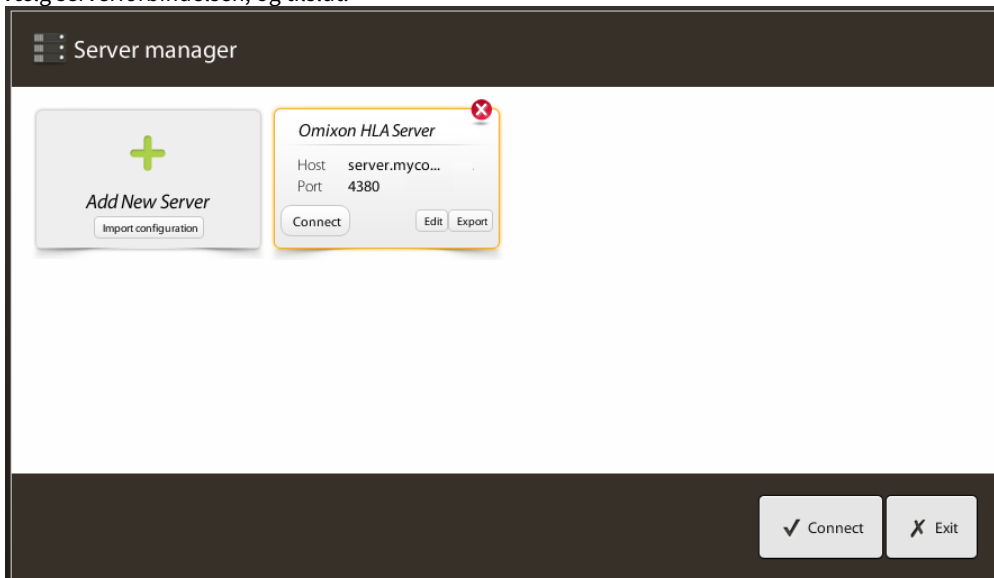
Start klientprogrammet. Vælg 'Add New Server' (Tilføj ny server) på skærmen 'Server Manager' for at konfigurere klient-server-forbindelsen.



Giv forbindelsen et navn, og indtast præcis de samme host- og portindstillinger, som er angivet for serveren.



Vælg serverforbindelsen, og tilslut.



VIGTIGT

Kontrollér firewall-indstillingerne på servercomputeren. Konfigurer firewall'en til at lade Omixon HLA Server acceptere indgående forbindelser.

4.5.2 Eksport og import af forbindelseskonfiguration

I stedet for at konfigurere forbindelsen manuelt kan brugerne vælge at importere en konfigurationsfil ved at klikke på knappen 'Import configuration' (Importer konfiguration) på kortet 'Add New Server' (Tilføj ny server) i dialogboksen 'Server Manager'. Filen leveres af systemadministratoren, som skal eksportere forbindelsesindstillingerne til en fil ved at klikke på 'Export' (Eksporter) på den valgte forbindelse i 'Server Manager'.

4.6 Superbrugerrollen

Den allerførste bruger, der registrerer sig, bliver som standard 'Superuser' (Superbruger). Det kan ikke ændres senere, men andre brugere kan også få superbrugerrettigheder.



Det anbefales, at systemadministratoren registrerer sig først for at gennemføre opsætningen. Superbrugeren har rettigheder til at oprette og administrere andre brugerkonti, som kan bruges til at logge ind via klienterne.

Læs kapitlet om brugeradministration i brugervejledningen for at få yderligere oplysninger om brugerroller og rettigheder.

4.7 Dataadministration

Alle analyser udføres af serverprogrammet, og resultaterne gemmes på serversiden. Resultaterne kan ses – og eksporteres – gennem klienten.

Browsing på fjernserverfilsystemet betyder, at dataene ikke skal overføres mellem klienten og serveren gennem netværket. Opgaven starter med det samme.