



Guía del usuario

Omixon HLA Twin CE 3.1.1

11/22/2018

1	Introducción	5
1.1	Información sobre la empresa	5
1.2	Información general	5
1.3	Tecnologías de secuenciación	5
1.4	Principio del método	5
1.4.1	Algoritmo de genotipificación de consenso (GC)	5
1.4.2	Algoritmo de genotipificación estadística (GE)	5
1.5	Requisitos del sistema	6
1.6	Uso previsto	6
1.7	Advertencias y precauciones	6
1.7.1	Limitaciones de uso del producto	6
1.8	Métodos de validación y características de rendimiento	7
1.8.1	Holotype HLA v1	7
1.8.2	Holotype HLA v2	7
1.9	Notas sobre la versión	8
1.10	Referencias	8
2	Guía de inicio rápido	9
2.1	Inicio de sesión	9
2.2	Tablero Genotyping (Genotipificación)	9
2.3	Análisis	10
2.3.1	Genotipificación simple: recomendada para muestras de Holotype	10
2.3.2	Resultados	10
2.4	Resultado del análisis de genotipificación	10
2.5	Resultados de muestra de genotipificación	12
2.6	Explorador de genes	13
2.7	Tablero Settings (Configuración)	13
3	Guía de instalación	14
3.1	Windows	14
3.1.1	Pasos para la instalación	14
3.2	Linux	14
3.2.1	Pasos para la instalación	15

3.3	Mac OS X	15
3.3.1	Pasos para la instalación.....	15
4	Omixon HLA Server	17
4.1	Instalación.....	17
4.2	Inicio de los servidores	17
4.2.1	Aviso importante.....	17
4.2.2	Linux	17
4.2.3	Windows	18
4.3	Configuración del entorno del servidor.....	18
4.3.1	Configuración del lado del cliente	18
4.3.2	Configuración del lado del servidor.....	18
	Modificación de la configuración	18
	Tipos de instalación.....	19
	Preparación del sistema de archivos.....	21
	Configuración de Omixon HLA Server.....	22
	Configuración de Omixon HLA Typer Server	22
	Ejemplo de configuración de servidores	23
4.4	Configuración de inicio de sesión	24
4.4.1	Descripción general	24
4.4.2	Configuración predeterminada.....	24
4.4.3	Registro de recopilación de basura	26
4.5	Cómo aceptar conexiones de cliente.....	26
4.5.1	Cómo conectar el cliente.....	26
4.5.2	Exportación e importación de la configuración de conexión.....	27
4.6	El rol del superusuario	27
4.7	Administración de datos.....	28





1 Introducción

1.1 Información sobre la empresa

Este producto ha sido fabricado por Omixon Biocomputing Ltd.

Dirección:

H-1117 Budapest
Fehérvári út 50-52.
Hungria, Unión Europea

Sitio web: <http://www.omixon.com>

Contacto con departamento técnico: support@omixon.com¹

Contacto con ventas: sales@omixon.com²

1.2 Información general

Omixon HLA Twin proporciona dos algoritmos independientes para la genotipificación de los datos de secuenciación de próxima generación: la genotipificación estadística (GE) y la genotipificación de consenso (GC). Los algoritmos se desarrollaron conjuntamente con el ensayo de secuenciación de Omixon Holotype HLA. Ambos algoritmos pueden ejecutarse simultáneamente y los resultados pueden examinarse en una sola tabla. Junto con esta tabla de descripción general de alto nivel, se proporcionan estadísticas detalladas y medidas de control de calidad para cada muestra.

Las licencias de Omixon HLA Twin se conceden por tiempo, lo que permite la genotipificación ilimitada durante un periodo determinado. Si desea solicitar un presupuesto, envíe un correo electrónico a sales@omixon.com³. En la versión de evaluación se incluye una licencia válida por 90 días.

Cada versión de software está totalmente respaldada durante los 13 meses posteriores a su lanzamiento. Cuando una versión de software llegue a su fin de soporte, se dejarán de implementar correcciones de los errores que presente y no se validará con las nuevas bases de datos de IMGT. Es muy aconsejable actualizar a la versión de software más reciente antes de que llegue el fin de soporte.

1.3 Tecnologías de secuenciación

Omixon HLA Twin es compatible con los datos de secuenciación de Illumina.

1.4 Principio del método

1.4.1 Algoritmo de genotipificación de consenso (GC)

El algoritmo de genotipificación de consenso es un método basado en el ensamblaje de novo. El método del ensamblador recibe datos de genes prefiltrados basándose en la base de datos de IMGT. El resultado del ensamblaje es uno o más contigs, y cada uno de estos contigs consta de una o más regiones de fases. Las secuencias de consenso generadas se comparan con las secuencias de alelos de la base de datos de IMGT/HLA y se informa del par o los pares de alelos con incoherencias mínimas de exones clave, otros exones y no exones. El algoritmo de genotipificación de consenso informa de los resultados completos de la genotipificación de resolución (4 campos).

1.4.2 Algoritmo de genotipificación estadística (GE)

El algoritmo de genotipificación estadística es un método basado en la alineación. Las lecturas y los pares de lectura se alinean con todas las secuencias de exones definidas en la bases de datos de IMGT y, posteriormente, se asignan a los alelos que tienen la puntuación de alineación más alta. Los alelos se prefiltan y emparejan. Los pares de alelos se comparan y ordenan según la cantidad combinada de lecturas de respaldo existentes en el par. Se informa de todos los pares de alelos que se consideran que tienen unos buenos resultados

¹ <mailto:support@omixon.com>

² <mailto:sales@omixon.com>

³ <mailto:sales@omixon.com>

tomando como base los resultados de la comparación. El algoritmo de genotipificación estadístico informa de los resultados de la genotipificación de resolución basada en exones (3 campos).

1.5 Requisitos del sistema

Los requisitos de hardware mínimos recomendados para el correcto funcionamiento de la herramienta son los siguientes:

	Escritorio	Servidor	Cliente
CPU	64 bits, multinúcleo	64 bits, multinúcleo	64 bits, multinúcleo
Memoria (mínima/recomendada)	12 GB/16 GB	12 GB/16 GB	4 GB/8 GB
Sistema operativo	Windows o Linux de 64 bits u OS X	Windows o Linux de 64 bits (no compatible con OS X)	Windows o Linux de 64 bits u OS X

Los requisitos de espacio de almacenamiento dependen del tamaño de las muestras y deben calcularse en relación con los requisitos legales para el almacenamiento de datos, el nivel mínimo de copia de seguridad y redundancia, como así también el volumen anual esperado. Omixon puede ayudarlo a calcular los requisitos de espacio de almacenamiento; si necesita ayuda, escriba a support@omixon.com⁴.

1.6 Uso previsto

Omixon HLA Twin está diseñado para interpretar los datos de secuenciación de próxima generación (NGS, por sus siglas en inglés) generados con secuenciadores Illumina por el ensayo de secuenciación de Omixon Holotype HLA. El resultado de esto es una tipificación HLA a nivel de alelo de paso único altamente precisa y de muy baja ambigüedad a nivel de segundo campo. El software proporciona información de histocompatibilidad humana de genes HLA Clase I (HLA-A, B y C) y Clase II (HLA-DPA1, DPB1, DQA1, DQB1 y DRB1/3/4/5) mediante dos algoritmos independientes: la genotipificación estadística (GE) y la genotipificación de consenso (GC). Ambos algoritmos pueden ejecutarse simultáneamente y la concordancia entre estos se muestra junto al resultado del algoritmo de genotipificación primaria en caso de que se ejecuten ambos métodos. Junto con esta tabla de descripción general de alto nivel, se proporcionan estadísticas detalladas y medidas de control de calidad para cada muestra.

El software Omixon HLA Twin está diseñado para su uso en el diagnóstico in vitro por parte de profesionales de salud, como técnicos de laboratorio y médicos, que han sido capacitados en la tipificación HLA en laboratorios de diagnóstico y trabajan en laboratorios acreditados por la Federación europea de inmunogenética (EFI, por sus siglas en inglés) o la Sociedad estadounidense de histocompatibilidad e inmunogenética (ASHI, por sus siglas en inglés), así como en laboratorios habilitados para trabajar de conformidad con las especificaciones de EFI o ASHI. Los resultados generados por el software no deben utilizarse como único fundamento para tomar decisiones clínicas.

1.7 Advertencias y precauciones

1.7.1 Limitaciones de uso del producto

Los algoritmos se desarrollaron y validaron de forma rigurosa y de manera conjunta con el ensayo de secuenciación de Omixon Holotype HLA. Para lograr un rendimiento eficaz, utilice el software junto con el ensayo de Omixon Holotype HLA para la tipificación HLA mediante NGS en el sistema Illumina MiSeq. El uso de cualquier otro ensayo de secuenciación HLA o de cualquier otra plataforma de NGS distintos de los que se especifican anteriormente debe ser verificado y validado exhaustivamente por el usuario.

Para conocer una lista de las limitaciones algorítmicas y de ensayos, consulte el documento "Limitaciones conocidas del producto".

⁴ <mailto:support@omixon.com>

1.8 Métodos de validación y características de rendimiento

Las estadísticas de rendimiento que se muestran a continuación se generaron con Omixon HLA Twin versión 3.1.1 y la versión 3.31.0_5 de la base de datos de IMGT. Las medidas de rendimiento se calcularon utilizando el método que describen Ng et al. (1993)¹. Los resultados de la genotipificación se compararon con la información de genotipificación de referencia disponible en una resolución de nivel de dos campos.

1.8.1 Holotype HLA v1

Se analizaron un total de 416 muestras (procedentes de 197 líneas celulares de referencia). Los datos de secuenciación se generaron usando Holotype HLA versión 1.

Medida	HLA-A	HLA-B	HLA-C	HLA-DPB1	HLA-DQA1	HLA-DQB1	HLA-DRB1	Total
Sensibilidad	99,52 %	98,56 %	98,68 %	99,04 %	99,52 %	95,55 %	98,32 %	98,45 %
Especificidad	99,98 %	99,97 %	99,95 %	99,96 %	99,95 %	99,80 %	99,96 %	99,95 %
Precisión	99,52 %	98,56 %	98,68 %	99,04 %	99,52 %	95,55 %	98,32 %	98,45 %
Valor predictivo negativo	99,98 %	99,97 %	99,95 %	99,96 %	99,95 %	99,80 %	99,96 %	99,95 %
Tipo clasificado correctamente	99,97 %	99,94 %	99,91 %	99,92 %	99,91 %	99,61 %	99,92 %	99,90 %

1.8.2 Holotype HLA v2

Se analizaron un total de 176 muestras. Los datos de secuenciación se generaron usando Holotype HLA versión 2.

Medida	HLA-A	HLA-B	HLA-C	HLA-DPA1	HLA-DPB1	HLA-DQA1	HLA-DQB1	HLA-DRB1	HLA-DRB3	HLA-DRB4	HLA-DRB5	Total
Sensibilidad	100,00 %	98,58 %	97,73 %	99,71 %	98,86 %	95,71 %	96,88 %	99,43 %	98,21 %	89,71 %	98,28 %	97,58 %
Especificidad	100,00 %	99,98 %	99,93 %	99,97 %	99,96 %	99,76 %	99,84 %	99,99 %	99,64 %	96,57 %	99,43 %	99,90 %
Precisión	100,00 %	98,58 %	97,73 %	99,71 %	98,86 %	95,71 %	96,88 %	99,43 %	98,21 %	89,71 %	98,28 %	97,58 %
Valor predictivo negativo	100,00 %	99,98 %	99,93 %	99,97 %	99,96 %	99,76 %	99,84 %	99,99 %	99,64 %	96,57 %	99,43 %	99,90 %
Tipo clasificado correctamente	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 Notas sobre la versión

Si desea ver una lista de las nuevas características y los errores que se han corregido, consulte la sección *Release Notes* en <https://www.omixon.com/support-and-resources/hla-twin/>.

1.10 Referencias

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 y 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 Guía de inicio rápido

2.1 Inicio de sesión

Una vez que haya inicializado la ejecución del software HLA, deberá iniciar sesión en la aplicación.

Ingrese el nombre de usuario y la contraseña en los campos correspondientes y haga clic en Login (Iniciar sesión). La primera vez que se inicia sesión, se crea un superusuario.

2.2 Tablero Genotyping (Genotipificación)

Tras iniciar sesión en el software se muestra el tablero Genotyping (Genotipificación). Se trata del tablero de inicio del software. Desde aquí puede acceder a todas las funciones de genotipificación.

El tablero consta de las siguientes subpantallas:

- **Information Panel (Panel de información):** contiene todas las funciones principales y parte de la información de alto nivel acerca de la carpeta actual y los archivos seleccionados. También muestra información del usuario actual y de la base de datos de IMGT activa, además de proporcionar varias funciones de navegación.
- **File Browser (Explorador de archivos):** esta parte de la pantalla puede usarse para explorar las carpetas accesibles.

El Panel de información está ubicado en la parte superior de la pantalla. Presenta 3 secciones diferentes:

- **La parte superior muestra:**
 - el identificador del usuario actual,
 - el panel del widget de uso de memoria,
 - el panel de estado del administrador de procesos,
 - el botón del tutorial de bienvenida,
 - el botón de cierre de sesión
 - y el botón de salida
- **La parte intermedia muestra:**
 - Los botones de navegación: Back (Atrás), Forward (Adelante) y Home (Inicio), que permite regresar al tablero Genotyping (Genotipificación).
 - La información disponible de la base de datos de IMGT utilizada directamente desde los botones de navegación.
 - El marcador y los botones de ayuda contextual específicos en el lado derecho de la pantalla.
- **La parte inferior incluye una serie de botones que le permiten elegir entre las funciones principales de este tablero:**
 - Las opciones de análisis de datos y tipificación para enviar genotipificación.
 - Las opciones de análisis de datos y tipificación para visualizar resultados.
 - Las funciones de explorador de archivos para explorar muestras y carpetas.
 - Opciones de configuración de la aplicación

La sección principal de la visualización es el Explorador de archivos, donde puede explorar haciendo clic en las unidades y los nombres de archivos, al igual que en un explorador de archivos común. Utilice el explorador para localizar la carpeta donde se almacenan las muestras de genotipificación. Cada archivo de muestra está marcado con un pequeño signo de ADN y tiene un nombre exclusivo propio que es idéntico al nombre que generó la hoja de muestra. Para las lecturas por pares, el software combina automáticamente parejas de archivos sobre la base de los nombres de los archivos y solo se muestra el archivo FASTQ "R1" en el explorador de archivos a fin de disminuir la redundancia y agilizar la navegación. Al colocar el cursor sobre el archivo de muestra se muestra el tamaño de cada archivo FASTQ. Después del análisis de una muestra, se mostrará en el explorador de archivos un archivo independiente, el archivo de resultados de genotipificación. El archivo de resultados tiene la extensión .htr. De manera predeterminada, todos los archivos de resultados se colocan automáticamente en la misma carpeta donde se encuentran los datos de muestra. Cada archivo de análisis está marcado con un pequeño signo de tabla. El nombre del archivo de análisis consiste en el nombre de la muestra y una marca de tiempo que corresponde a la hora en

que se envió el análisis. Al colocar el cursor sobre el archivo de análisis se muestra toda la información disponible del análisis. Cuando observe un archivo .htr, verá en la parte derecha el resumen de calidad de alto nivel de los resultados de tipificación. Los resultados se anotan utilizando un sistema "semáforo". De manera similar a un semáforo, se usan tres colores con significados diferentes. A diferencia de un semáforo real, pueden aparecer "colores combinados".

Mientras no se visualicen muestras en la pantalla, las funciones de genotipificación estarán deshabilitadas (los botones aparecerán en gris). Al encontrar un archivo FASTQ (o cualquier otro formato compatible), los botones de genotipificación pasan a estar habilitados. Para enviar un análisis, consulte la sección Análisis.

Si desea información detallada sobre esta pantalla y todas las funciones disponibles en el Manual del usuario, consulte la sección Tablero Genotyping (Genotipificación) del Manual de Omixon (Omixon Handbook/Genotyping Dashboard).

2.3 Análisis

Cuando se encuentra al menos una muestra, tiene varias opciones para iniciar la genotipificación.

2.3.1 Genotipificación simple: recomendada para muestras de Holotype

Para iniciar la genotipificación con los parámetros predeterminados, haga clic en el botón Analyse (Analizar) que se muestra en cada fila de cada muestra. Para tipificar varias muestras con el protocolo Holotype, selecciónelas haciendo clic con el ratón y el botón Ctrl o Mayús y pulsando el botón Simple Genotyping (Genotipificación simple) situado en el menú superior. Puede confirmar que la tipificación se está ejecutando en el Administrador de procesos que se muestra en la esquina superior derecha. Puede encontrar información detallada acerca de estas y otras funciones relacionadas, como la genotipificación con parámetros personalizados y la realización de un segundo análisis de muestras, en este Manual del usuario, dentro de la sección Tablero Genotyping (Genotipificación) de la Guía del usuario.

2.3.2 Resultados

Cuando la barra de progreso llegue al 100 % en el Administrador de procesos, aparecerá un nuevo archivo de resultados en el explorador de archivos. En el caso de que se tipifiquen múltiples muestras de una vez, se presentará el resultado de cada una de ellas en cuanto esté listo; puede comenzar a visualizar los primeros resultados mientras se realiza la tipificación del resto de muestras. Los archivos de resultados muestran un resultado de semáforo para ofrecer una descripción general rápida; para visualizar más detalles, haga clic en el botón View (Visualizar) al final de cada fila. Para visualizar múltiples resultados, use el botón Ctrl o Shift para seleccionarlos y luego el botón View results (Visualizar resultados) en el menú superior.

Cuando trabaje con resultados de análisis en el software Omixon HLA, tenga en cuenta que las secuencias de preparación no afectan los resultados, ya que se limpian antes del análisis. Puede encontrar información detallada acerca de cómo interpretar los resultados en el Manual del usuario, dentro de las secciones Resultados de análisis de genotipificación y Resultados de muestra de genotipificación de la Guía del usuario.

2.4 Resultado del análisis de genotipificación

Según se describe en la sección Resultados, puede visualizar los resultados resaltando una o varias muestras y haciendo clic en el botón View results (Visualizar resultados). De este modo, llegará hasta la sección siguiente de HLA Twin: Resultados del análisis de genotipificación.

i Nota
Si se pueden encontrar más de 50 resultados de mayor coincidencia en un locus, no se calculará el DL. Si pulsa el botón Show LD details (Mostrar detalles de DL), no se mostrará ninguna información.

Puede observar que la sección de resultados del análisis de genotipificación se divide en dos partes más grandes.

- **Information Panel (Panel de información):** tenga en cuenta que la estructura de este panel es idéntica en gran parte al Panel de información del tablero Genotyping (Genotipificación) (los detalles del Panel de información de este tablero se presentan más arriba en este manual).
- **Results Table (Tabla de resultados):** contiene la tabla de descripción general, que consiste en los resultados de las muestras resaltadas previamente.

La parte inferior del Panel de información contiene una serie de botones que lo habilitan a elegir entre las funciones principales de este tablero.

- Detalles de la muestra y alineación de exploración
- Botones de configuración de visualización
- Botones de asignación
- Tabla de exportación
- Más opciones para comentar sobre una muestra; aprobar una muestra; cancelar la aprobación de una muestra; mostrar un desequilibrio de ligamento

En la Tabla de resultados de los resultados del análisis de genotipificación, puede ver una descripción general de alto nivel de sus resultados del locus de cada muestra.

La tabla tiene las siguientes columnas:

- Approval (Aprobación)
 - En esta columna se indica si una muestra está aprobada, está lista para su aprobación o si aún se está trabajando con ella.
- Sample (Muestra)
 - Esta columna contiene el nombre del archivo .htr que se genera a partir del nombre de la muestra y la marca de tiempo que corresponde a la hora en que se envió el análisis.
 - Si una muestra se analizó múltiples veces, la visualización de las muestras sigue el orden del análisis. Puede utilizar la marca de tiempo para rastrear tiempos de análisis diferentes.
- Allele (Alelo)
 - En esta columna se muestran los dos alelos, Alelo 1 y Alelo 2, en filas diferentes.
- Se muestran columnas separadas para los loci analizados.
 - A la izquierda del resultado visualizado puede ver un pequeño signo de verificación que indica si lo que ve es el “alelo de mayor coincidencia”. Puede asignar este resultado simplemente haciendo clic en esta marca de verificación; el signo se pondrá verde para indicar que el resultado ha sido asignado.

Junto al signo, puede ver la calificación con los colores del semáforo correspondientes.

- Semáforo de concordancia:
el sistema de semáforo de concordancia genera los siguientes resultados:
 - (verde): los resultados de GE y GC son completamente concordantes (en el tercer campo);
 - (amarillo): los resultados de GE y GC son concordantes hasta 4 dígitos (en el segundo campo);
 - (rojo/amarillo): los resultados de GE y GC son concordantes hasta 2 dígitos (en el primer campo);
 - (rojo): los resultados de GE y GC son discordantes.

Tenga en cuenta que el semáforo de concordancia solo se presenta para los alelos de mayor coincidencia. El segundo semáforo se basa en medidas de control de calidad (QC) a nivel del locus.

- Semáforo de control de calidad:
Estas luces se basan en las medidas de control de calidad a nivel del locus.
 - (verde) – APROBADO: el locus pasó todas las pruebas de QC;
 - (amarillo/verde) – INFORMACIÓN: una o más pruebas de QC produjeron resultados más bajos que el promedio;
 - (amarillo) – INSPECCIONAR: una o más pruebas de QC produjeron resultados preocupantes; se necesita una inspección manual de los resultados;
 - (rojo/amarillo) – INVESTIGAR: una o más pruebas de QC mostraron una baja calidad en los resultados; se necesita una inspección manual y posiblemente un nuevo análisis de los resultados;
 - (rojo) – FALLIDO: una o más pruebas de QC mostraron una muy baja calidad en los resultados; se

necesita una inspección manual para determinar la causa, y el locus o la muestra probablemente necesitan una nueva secuenciación o tipificación mediante métodos alternativos.

- También pueden presentarse otras marcas para los alelos:
- Los alelos que se muestran con fuente azul son homocigóticos.
- Los alelos raros se marcan con el ícono del signo de exclamación .
- Los alelos nuevos que contienen nuevos exones (o exones e intrones) se marcan con el signo , mientras que los alelos nuevos que contienen solo nuevos intrones se marcan con el signo .
- Los alelos desequilibrados se muestran en cursiva.
- Los alelos con secuencia de alelos extendida se marcan con el *signo más* .
- Si la lista de alelos menores desequilibrados contiene un alelo menor con una baja amplificación conocida, este se marca con el signo . En este caso, se recomienda la validación del resultado homocigótico mediante el uso de un método de genotipificación alternativo (p. ej., SSO).
- Los alelos hemicigotos se marcan con el signo !. En el caso de que un locus sea hemicigoto, solo se muestra un alelo y la otra celda queda vacía. En el caso de que la cigosidad de un locus no pueda determinarse sobre la base de los datos disponibles, los alelos se marcan con el signo .

Al mover el cursor sobre las diferentes secciones de la tabla, se mostrará una ventana emergente con información adicional disponible sobre cada sección.

Desde el tablero de resultados del análisis de genotipificación, puede ingresar en Genotyping Sample Result (Resultados de muestra de genotipificación) o directamente en el Genome Browser (Explorador de genomas).

En Genotyping Sample Results (Resultados de muestra de genotipificación) puede observar las métricas de calidad detalladas de la muestra analizada. Para ingresar, resalte la muestra que desee ver y haga clic en el botón Sample Details (Detalles de la muestra) en la fila inferior de la sección superior.

En el Genome Browser (Explorador de genomas), podrá visualizar los resultados detallados para cada uno de los loci tipificados. Para ingresar aquí, resalte la muestra que desee ver y haga clic en el botón Browse Alignment (Buscar alineación) en la fila inferior de la sección superior.

Para obtener más información, consulte la sección Resultados de análisis de genotipificación del Manual de Omixon (Omixon Handbook/ Genotyping Analysis result).

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

2.5 Resultados de muestra de genotipificación

En la sección Genotyping Sample Result (Resultados de muestra de genotipificación) puede inspeccionar los detalles de los resultados de la genotipificación, las métricas de calidad y las estadísticas de datos del locus de la muestra seleccionada.

La sección Genotyping Sample Result (Resultados de muestra de genotipificación) puede dividirse en dos partes más grandes:

- **Information Panel (Panel de información):** tenga en cuenta que la estructura de este panel es idéntica en gran parte al Panel de información del tablero Genotyping (Genotipificación) (los detalles del Panel de información de este tablero se presentan más arriba en este manual).
- **Details Panel (Panel de detalles):** muestra el resultado de la genotipificación, las métricas de calidad y las estadísticas de datos.

La parte inferior del Panel de información muestra una serie de botones que lo habilitan a elegir entre las funciones principales de este tablero.

- Apertura del explorador
- Información de genotipificación detallada
- Personalización de los resultados que se muestran
- Asignación de alelos
- Exposición de comentarios

En el Panel de detalles, puede elegir entre 3 pestañas diferentes para decidir qué le gustaría mostrar:

- Genotype (Genotipo)
 - En esta sección, puede observar el genotipo que selecciona el software.
 - También puede agregar y eliminar alelos manualmente.
- Quality control (Control de calidad)
 - Se calculan varias medidas de control de calidad para cada locus. Cada medida para cada locus se marca con el sistema de semáforo.
 - La tabla de control de calidad tiene una columna para todas las métricas y columnas separadas para cada uno de los loci que se muestran.
 - La fila Overall (General) se indica el resultado general para cada uno de los loci individuales sobre la base del sistema de semáforo.
 - Cada métrica tiene su propia fila en la tabla. Junto al nombre de la métrica, se muestra una pequeña marca “i”. Al mover el cursor sobre la marca “i”, se mostrará una ventana emergente con una descripción más detallada de la métrica seleccionada.
 - Para cada una de las métricas, puede ver el semáforo, el valor de la métrica y una pequeña marca “i” con la información acerca de los umbrales específicos de la métrica. Al mover el cursor sobre la marca “i”, se mostrará una ventana emergente con información más detallada acerca de los umbrales de la métrica seleccionada.
- Data Statistics (Estadísticas de datos)
 - Sección Overview (Descripción general): los recuentos de lectura y las proporciones están disponibles para muchos pasos diferentes del análisis.
 - Sección Allele imbalance (Desequilibrio de alelos): esta cifra muestra el desequilibrio de alelos por región para todos los genes.
 - Sección Fragment size (Tamaño de fragmento): este histograma muestra la distribución de tamaño de fragmento de las lecturas de pares.
 - Sección Read quality (Calidad de lectura): en este gráfico, se muestra la calidad de base por 5 bases para las lecturas procesadas. Las posiciones de lectura se encuentran en el eje x, mientras que en el eje y se muestran los valores de calidad.

En el lado izquierdo de la sección inferior, pueden seleccionarse diferentes loci.

Para los loci seleccionados, puede ingresar en el explorador de genomas haciendo clic en los botones Browse Alignment (Buscar alineación), Browse Allele 1 (Buscar alelo 1) y Browse Allele 2 (Buscar alelo 2).

Para obtener más información, consulte la sección Resultados de muestra de genotipificación del Manual de Omixon (Omixon Handbook/ Genotyping Sample result).

2.6 Explorador de genes

This page has not yet been translated to Spanish.

2.7 Tablero Settings (Configuración)

This page has not yet been translated to Spanish.



3 Guía de instalación

Nuestro software puede instalarse en los siguientes sistemas operativos:

- Windows
- Linux
- Mac OS X

3.1 Windows

Proporcionamos un paquete de instalación para sistemas operativos Windows que incluye Java Runtime Environment (JRE). Hemos probado el software Omixon HLA en Windows 7, Windows 8/8.1 y Windows 10 de 64 bits.

3.1.1 Pasos para la instalación

- Inicie el archivo ejecutable. Aparecerá el asistente de configuración de bienvenida.
 - Si ha instalado HLA Twin previamente, elija Yes, update the existing installation (Sí, actualizar la instalación existente) en el asistente de instalación.
 - Si desea realizar una instalación limpia, elija No, install to a different directory (No, instalar en un directorio diferente) en el asistente de configuración.
 - Después de elegir la opción que desee, haga clic en Next (Siguiente).
- Acepte el acuerdo de licencia de software para proceder con la instalación y haga clic en Next (Siguiente).
- Seleccione la ruta en la que le gustaría que se instale la aplicación y haga clic en Next (Siguiente).
- Seleccione el directorio de datos; los archivos de datos permanentes se almacenarán aquí.
 - Si ha instalado HLA Twin previamente, no cambie la ruta propuesta; debe indicarle la carpeta de base de datos que se utilizó antes.
 - Una vez que haya elegido el directorio, haga clic en Next (Siguiente).
- Seleccione el directorio de archivos temporales y haga clic en Next (Siguiente).
- Establezca la cantidad de memoria máxima que puede utilizar la aplicación.
- Instalación exclusiva de Omixon HLA Typer Server: establezca la dirección IP y el puerto del *Omixon HLA Server*.
- Seleccione la carpeta del menú Inicio.
 - Si desea crear una carpeta del menú Inicio, utilice la casilla de verificación Create Start Menu folder (Crear carpeta del menú Inicio) y escriba un nombre para la carpeta.
 - Si desea que la carpeta esté visible para todos los usuarios, haga clic en la casilla de verificación Create shortcuts for all users (Crear accesos directos para todos los usuarios).
 - Haga clic en Next (Siguiente) y comenzará a realizarse la instalación.
- Una vez finalizada la instalación, el diálogo Completing the Omixon HLA Setup (Completando la configuración de Omixon HLA) indica que el proceso se ha realizado con éxito.

La aplicación puede iniciarse desde el ícono de inicio o el archivo ejecutable del directorio de la aplicación.

Para obtener información adicional y los pasos detallados de la desinstalación, consulte la Guía de instalación extendida en el Manual de Omixon.

3.2 Linux

Proporcionamos un paquete de instalador para sistemas operativos Linux que incluye Java Runtime Environment (JRE):

Los paquetes de instalación son scripts de shell de un solo archivo, adecuados para instalar en varias distribuciones Linux.

El instalador descargado no tiene los permisos para ejecutarse directamente. Abra una ventana de terminal para hacerlo ejecutable con el siguiente comando:



```
chmod +x installer_name
```

Después, puede iniciarse con el siguiente comando:

```
./installer_name
```

3.2.1 Pasos para la instalación

- Inicie el shell instalador y aparecerá el asistente de configuración de bienvenida.
 - Si ha instalado HLA Twin previamente, elija Yes, update the existing installation (Sí, actualizar la instalación existente) en el asistente de instalación.
 - Si desea realizar una instalación limpia, elija No, install to a different directory (No, instalar en un directorio diferente) en el asistente de configuración.
 - Después de elegir la opción que desee, haga clic en Next (Siguiente).
- Acepte el acuerdo de licencia de software para proceder con la instalación y haga clic en Next (Siguiente).
- Seleccione la ruta en la que le gustaría que se instale la aplicación y haga clic en Next (Siguiente).
- Seleccione el directorio de datos; los archivos de datos permanentes se almacenarán aquí.
 - Si ha instalado HLA Twin previamente, no cambie la ruta propuesta; debe indicarle la carpeta de base de datos que se utilizó antes.
 - Una vez que haya elegido el directorio, haga clic en Next (Siguiente).
- Seleccione el directorio de archivos temporales y haga clic en Next (Siguiente).
- Establezca la cantidad de memoria máxima que puede utilizar la aplicación.
- Instalación exclusiva de Omixon HLA Typer Server: Establezca la dirección IP y el puerto del *Omixon HLA Server*.
- Seleccione Directory for Symlinks (Directorio de Symlinks), haga clic en Next (Siguiente) y comenzará a realizarse la instalación.
- Una vez finalizada la instalación, el diálogo Completing the Omixon HLA Setup (Completando la configuración de Omixon HLA) indica que el proceso se ha realizado con éxito.

Se coloca un ícono de la aplicación en el menú Sistema. Al hacer clic en este ícono, la aplicación se inicia y está lista para usar.

Para obtener información adicional y los pasos detallados de la desinstalación, consulte la Guía de instalación extendida en el Manual de Omixon.

3.3 Mac OS X

Dado que Mac OS X es un sistema operativo de 64 bits exclusivamente y que Java Runtime Environment se actualiza regularmente, el instalador para este sistema operativo no incluye Java Runtime Environment (JRE).

Esto evita conflictos entre los JRE diferentes, pero puede provocar problemas de incompatibilidad. La versión de JRE requerida es: 1.8 Si no tiene Java instalado en su Mac, este se descargará automáticamente durante la instalación.

3.3.1 Pasos para la instalación

- Abra el instalador que se incluye en un archivo DMG. Haga clic en el ícono de *Omixon HLA Installer.app*.
 - Si ha instalado HLA Twin previamente, elija Yes, update the existing installation (Sí, actualizar la instalación existente) en el asistente de instalación.
 - Si desea realizar una instalación limpia, elija No, install to a different directory (No, instalar en un directorio diferente) en el asistente de configuración.
 - Después de elegir la opción que desee, haga clic en Next (Siguiente).
- Acepte el acuerdo de licencia de software para proceder con la instalación y haga clic en Next (Siguiente).
- Utilice la ruta predeterminada provista para instalar la aplicación y haga clic en Next (Siguiente).



- Use la ubicación predeterminada para el directorio de datos donde se almacenarán los datos permanentes, p. ej., los resultados.
- Seleccione el directorio de archivos temporales, haga clic en Next (Siguiendo) y comenzará a realizarse la instalación.
- Establezca la cantidad de memoria máxima que puede utilizar la aplicación.
- Una vez finalizada la instalación, el diálogo Completing the Omixon HLA Setup (Completando la configuración de Omixon HLA) indica que el proceso se ha realizado con éxito.

En la lista de aplicaciones, aparecerá *Omixon HLA*. Al hacer clic en el ícono de *Omixon-HLA*, la aplicación se inicia y está lista para usar. Para obtener información adicional y los pasos detallados de la desinstalación, consulte la Guía de instalación extendida en el Manual de Omixon.



4 Omixon HLA Server

Omixon HLA Server acepta múltiples conexiones de cliente simultáneamente. Permite el trabajo colaborativo y el uso compartido de los resultados de análisis entre usuarios.

La versión cliente-servidor también incluye un servicio de automatización que permite la tipificación automatizada de muestras a medida que estas se producen. Los detalles del protocolo, la frecuencia de procesamiento, la identificación de muestras y varios otros parámetros deben definirse antes de que el servicio pueda comenzar a trabajar. Si necesita ayuda, escriba a support@omixon.com⁵.

4.1 Instalación

Omixon proporciona tres instaladores por separado para la versión de servidor:

- Instalador del servidor: contiene el servidor *Omixon HLA Server*, el *Omixon HLA Typer Server* y un único cliente.
- Instalador del cliente: contiene solo el cliente
- Instalador del servidor Typer: contiene el servidor *Omixon HLA Typer Server*.

El servidor y el cliente se incluyen ambos en un paquete, por lo que no hay necesidad de instalar un cliente de manera separada en la computadora del servidor.

Para ejecutar los instaladores del servidor se necesitan derechos de administrador del sistema. Los instaladores del servidor también pueden ejecutarse desde la línea de comandos, si no hay disponible una interfaz gráfica de usuario (GUI). Para obtener más información, escriba a support@omixon.com⁶. La instalación del cliente no necesita derechos de administrador del sistema.

Para conocer los pasos del asistente de configuración, consulte las Guías de instalación correspondientes a su sistema operativo que hay disponibles en las secciones anteriores de este manual.

Interrumpa cualquier otro software de Omixon antes de comenzar con la instalación del servidor y asegúrese de seleccionar el directorio de instalación adecuado ya sea para una instalación limpia o para una actualización.

Puede copiar y usar el instalador de cliente en múltiples PC. Si ya tiene una versión de escritorio instalada, asegúrese de seleccionar una "ubicación de instalación" diferente para garantizar que no se sobrescriba su instalación existente.

4.2 Inicio de los servidores

4.2.1 Aviso importante

El servidor se inicia automáticamente una vez finalizada la instalación. En caso de que se haya instalado previamente, el servidor por lo general se inicia cuando la computadora se enciende.

El servidor debe configurarse antes de que el primer cliente pueda conectarse a él. La nueva configuración se aplica cuando el servidor se inicia/reinicia después de que se guarda el archivo de configuración.

4.2.2 Linux

Ingrese el directorio de instalación e inicie el daemon del servidor ejecutando el archivo ejecutable del servidor desde la línea de comando con uno de los siguientes argumentos de entrada. Los argumentos disponibles aparecen en la lista cuando el servidor se inicia sin ninguno de estos.

Utilización

ejecutable de servidor omixon hla {start/stop/status/restart/force-reload}

⁵ <mailto:support@omixon.com>

⁶ <mailto:support@omixon.com>

start (iniciar)	stop (detener)	status (estado)	restart or force-reload (reiniciar o recargar forzosamente)
Inicia el servidor si el estado se detiene.	Cierra el servidor si el estado se está ejecutando.	Devuelve el estado de ejecución.	Reinicia el servidor o lo inicia si no se está ejecutando.

El inicio automático no se establece de manera predeterminada. Para configurar el inicio automático y especificar en qué nivel de ejecución se debe iniciar el servicio, use una utilidad de configuración de servicio como *chkconfig* o *update-rc.d*.

4.2.3 Windows

Para iniciar, detener y configurar el tipo de arranque de *Omixon HLA Server* y *Omixon HLA Typer Server*, abra “Panel de control → Herramientas administrativas → Servicios” y modifique las propiedades de servicio de "Omixon HLA Server" u "Omixon HLA Typer Server". De manera predeterminada, el tipo de inicio se establece en automático y el servicio se ejecuta bajo la cuenta de usuario Sistema.

4.3 Configuración del entorno del servidor

4.3.1 Configuración del lado del cliente

Para comenzar a utilizar el software con la configuración predeterminada y conectarse al servidor con un cliente, solo se debe proporcionar la dirección IP del servidor *Omixon HLA Server* o el nombre del host y el puerto de acceso del cliente.

Para hacerlo, debe iniciar el cliente y hacer clic en el botón Switch server (Cambiar servidor) en la parte inferior de la ventana emergente. A continuación, seleccione “Add new server” (Agregar servidor nuevo) e ingrese la dirección de IP en el campo “server host” (Host del servidor). Haga clic en “Add” (Agregar) para terminar de editar la conexión y en “Connect” (Conectar) en la nueva tarjeta de servidor para poder conectarse con el cliente.

IMPORTANTE

Únicamente es posible conectar la misma edición (CE o RUO) y la versión (2.5.1, 2.6.0, etc.) del servidor y del cliente. Si estos datos son diferentes, por ejemplo porque se ha actualizado servidor y no el cliente, se mostrará un mensaje de error cuando se intente realizar una conexión.

4.3.2 Configuración del lado del servidor

Los siguientes archivos de configuración son los valores de posición de los servidores:

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

Modificación de la configuración

Para modificar la configuración de forma manual, debe editarse el archivo de configuración del servidor una vez finalizada la instalación. Lo archivos de configuración se colocan en el directorio de instalación y tienen una extensión “vmoptions”. Debido a que ambos servidores y el cliente incluido tienen archivos de configuración con la misma extensión, debe asegurarse que el archivo de configuración que pertenece al servidor esté personalizado.

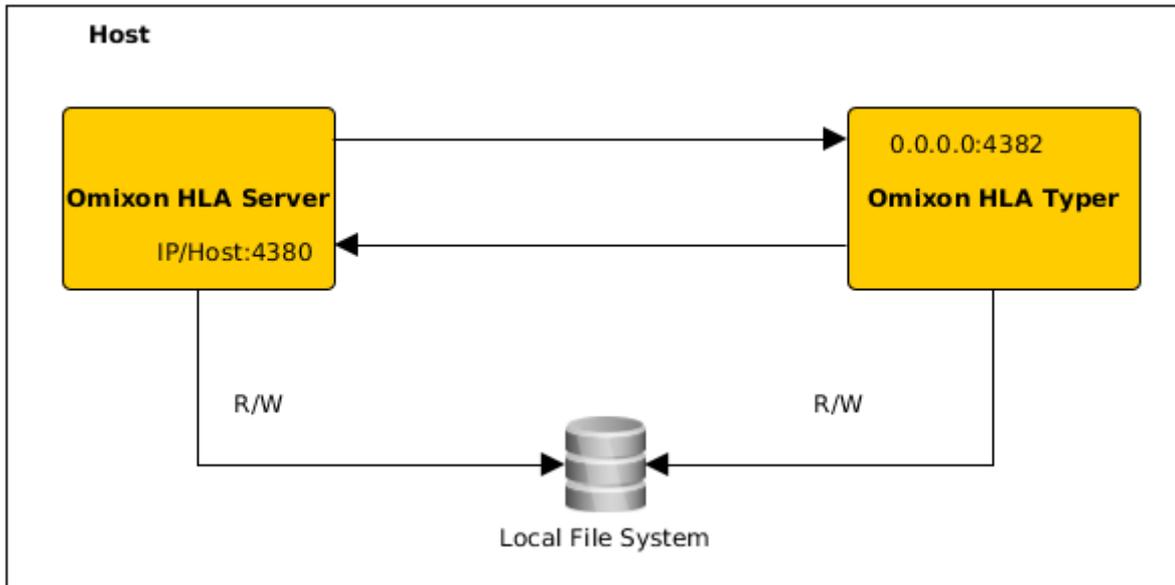
Las modificaciones entran en vigor tras reiniciar el servidor.

IMPORTANTE

La última línea en el archivo vmoptions debe estar seguida de un avance de línea.

Tipos de instalación

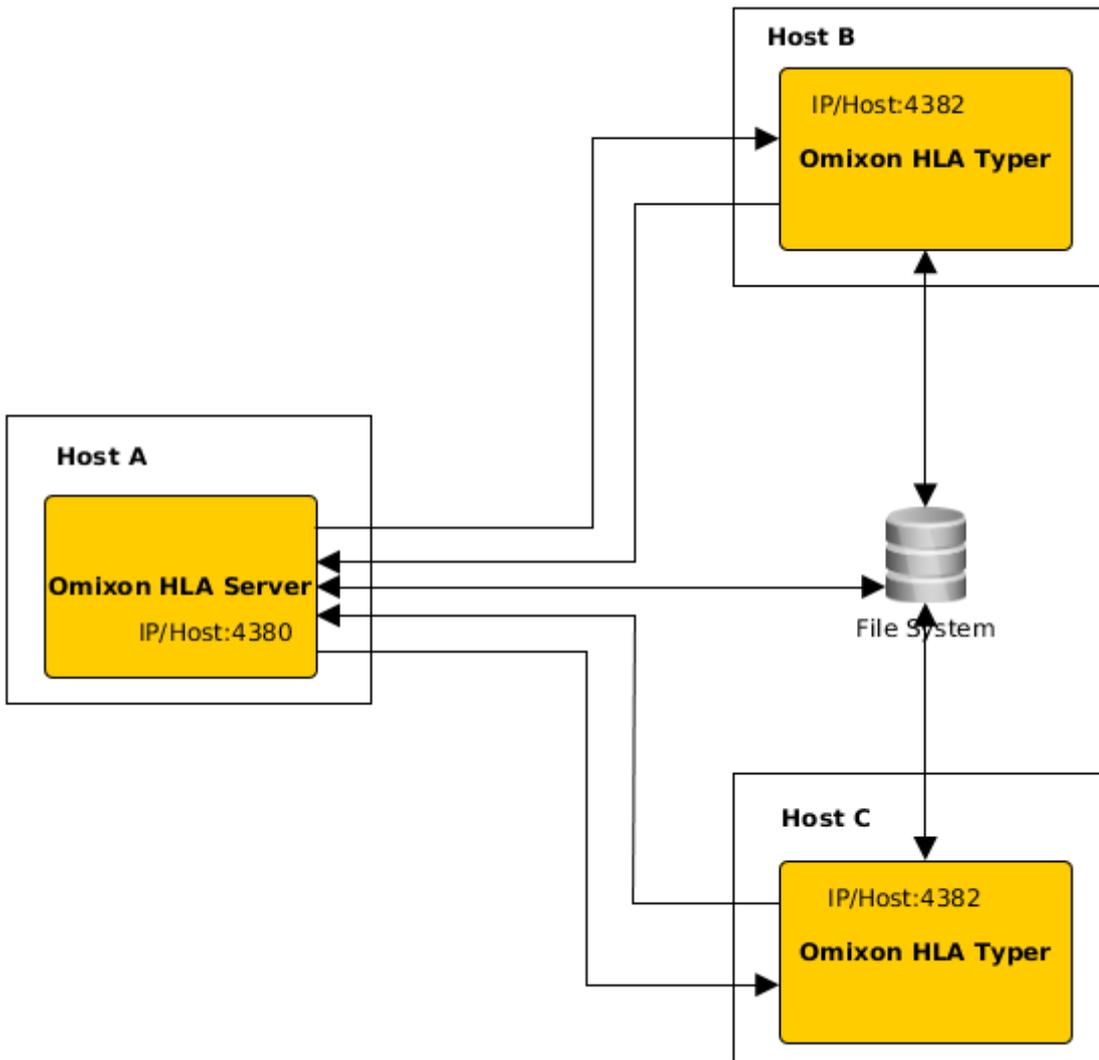
Instalación predeterminada: *Omixon HLA Server* y *Omixon HLA Typer Server* se instalan en el mismo host. Eso se puede lograr mediante la ejecución del instalador de servidor, ya que este incluye ambos servidores.



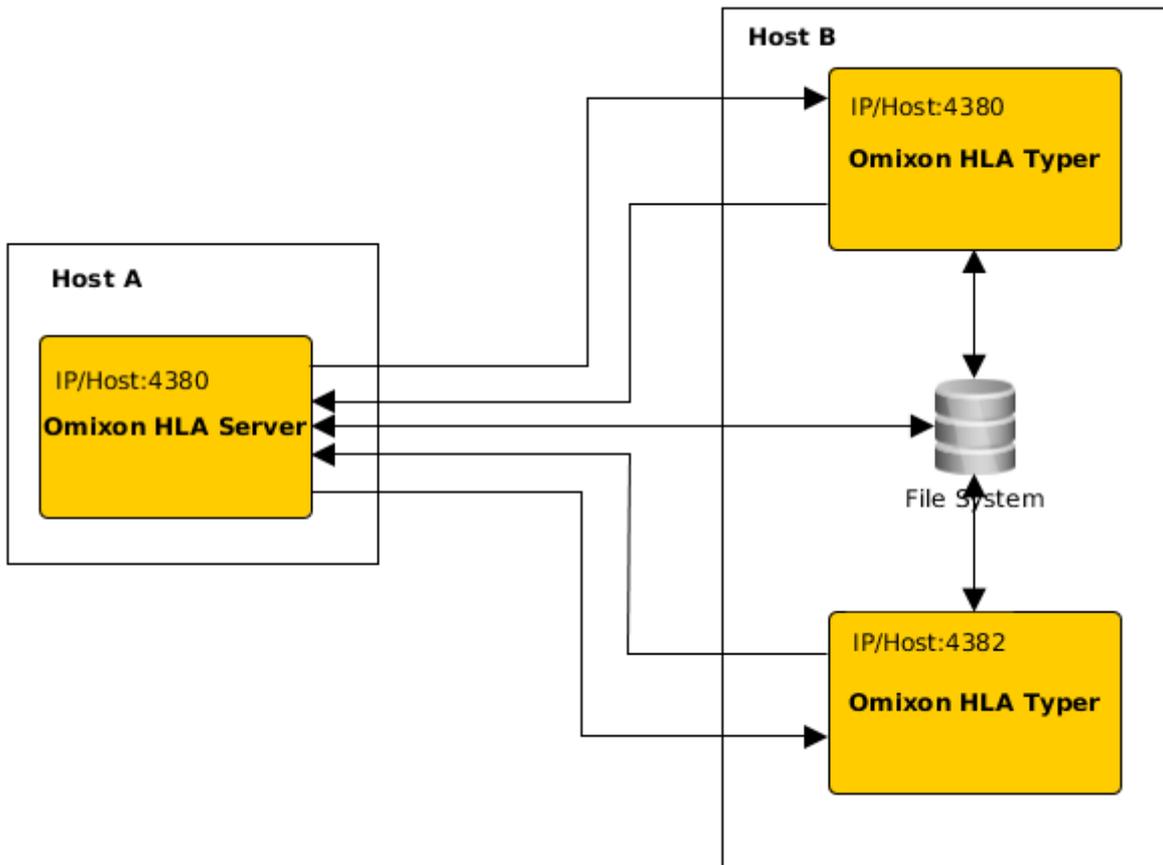
Nota

Los clientes no pueden acceder a Omixon Typer Server directamente mediante el Omixon HLA Server.

Servidor(es) de tipificación por separado: Como *Omixon HLA Typer Server* requiere más recursos de hardware (CPU y RAM), se puede instalar en hosts distintos para lograr un mejor rendimiento. Para ejecutar *Omixon HLA Typer Server* en un host independiente, se debe instalar *Omixon HLA Server* en un host mediante la instalación predeterminada que se describe más arriba y *Omixon HLA Typer Server* en un host distinto con el instalador de servidor de tipificación por separado. Para las tareas de genotipificación de lote, puede distribuirse el análisis de las muestras entre las instancias del servidor de tipificación configurado. Se pueden implementar en hosts distintos, según se describe más abajo.



O bien, si hay más recursos de hardware disponibles en el host, es posible hacerlo en la misma máquina.



En este tipo de implementación, los archivos *omixon-hla-[twin | explore]-typer-server.vmoptions* deben tener las siguientes entradas:

- Domixon.server.host=IP/nombre de host de Omixon HLA Server
- Domixon.server.port=puerto de Omixon HLA Server (predeterminado: 4380)
- Dtyper.server.host=IP/host de Omixon HLA Typer Server
- Dtyper.server.port=puerto de Omixon HLA Typer Server

IMPORTANTE

En la actualidad, todos los servidores deben estar instalados en hosts con el mismo sistema operativo (Windows o Linux); los sistemas heterogéneos no están respaldados.

Preparación del sistema de archivos

Si *Omixon HLA Server* y *Omixon HLA Typer Server* se ejecutan en el mismo host (instalación predeterminada) no se requieren configuraciones de sistema de archivos adicionales. Si ese no es el caso, se deben realizar las siguientes preparaciones: *Omixon HLA Server* y *Omixon HLA Typer Server* deben tener acceso de lectura a la carpeta en que se almacenan los archivos de muestra. Además, el almacenamiento de muestras deberá montarse en la misma ruta en ambos hosts para que los archivos de muestra sean accesibles para ambos servidores.

IMPORTANTE

Si quiere modificar los archivos de muestra (por ejemplo copiarlos, moverlos o eliminarlos), el servidor Omixon HLA Server deberá tener acceso de escritura a la ruta de almacenamiento.

Además, ambos servidores, *Omixon HLA Server* y *Omixon HLA Typer Server*, usan carpetas de trabajo exclusivas para el intercambio de archivos, por ejemplo, cuando se extraen o emiten la base de datos de referencia, los resultados de la genotipificación, etc. Esta carpeta debe ser accesible para ambos nodos con permiso de lectura y escritura.



Debe configurar la ruta de acceso de esta carpeta de trabajo en los archivos *omixon-hla-[edition]-server.vmoptions* y *omixon-hla-[edition]-typer-server.vmoptions* en las variables *-Dogve.temp.dir* y *-Djava.io⁷.tmpdir*.

Configuración de Omixon HLA Server

Omixon HLA Server se puede configurar mediante la modificación del archivo *the omixon-hla-[edition]-server.vmoptions*, que se puede encontrar en el directorio de instalación del software.

Configuración del puerto y host de comunicación

Puede ser necesario configurar los parámetros de host y puerto. Para hacerlo, modifique los siguientes parámetros predeterminados:

-Domixon.server.host=0.0.0.0

-Domixon.server.port=4380

Host

El valor del parámetro *-Domixon.server.host* puede ser el nombre del host (p. ej.: *omixon-server*), el nombre completo del dominio (p. ej.: *omixon-server.mycompany.com*⁸) o la dirección de IP de la máquina donde se ejecuta *Omixon HLA Server*.

IMPORTANTE

En la configuración de la conexión del cliente, debe establecerse el mismo valor para Server host (Host del servidor) y “-Domixon. server.host” en la configuración de Omixon HLA Server.

Asegúrese de que el nombre del host del servidor responda a la dirección IP en el servidor y las máquinas cliente; de lo contrario, los clientes recibirán un error de conexión rechazada. Es un problema de configuración común que el nombre del host responda a una IP diferente en el servidor (p. ej., 127.0.0.1 mediante una interfaz de red interna), lo que produce un problema de conexión.

Siempre es seguro especificar una dirección IP exacta tanto para el servidor como para los clientes, a la que pueda accederse desde todas las máquinas relacionadas en la red.

Puerto

Se recomienda dejar el puerto predeterminado para *-Domixon.server.port*; no obstante, en el caso de que deba modificarse, puede cambiarse por cualquiera de los puertos libres (consulte las indicaciones para esto más arriba). Asegúrese de que tanto el puerto configurado como el siguiente estén libres y sean accesibles, ya que se utilizarán para la comunicación entre el servidor y los clientes.

IMPORTANTE

Verifique que el puerto configurado y el siguiente estén libres para usar en las máquinas de servidor y cliente.

Configuración de Omixon HLA Typer Server

Omixon HLA Server se puede configurar mediante la modificación del archivo *omixon-hla-[edition]-typer-server.vmoptions*, que se puede encontrar en el directorio de instalación del software.

En caso de que *Omixon HLA Server* y *Omixon HLA Typer Server* se instalan en el mismo host (instalación del servidor predeterminada), la configuración predeterminada es suficiente para establecer la comunicación HTTP entre los servidores.

En caso de que *Omixon HLA Typer Server* se instale en un host diferente, deberá modificar los valores de configuración según corresponda. Además, la dirección IP/el nombre de host del servidor de tipificación también deberán modificarse:

-Domixon.server.host=IP/nombre de host de Omixon HLA Server

-Domixon.server.port=puerto de Omixon HLA Server (predeterminado: 4380)

-Dtyper.server.host=IP/host de Omixon HLA Typer Server

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

⁷ <http://Djava.io>

⁸ <http://twin-server.mycompany.com>



Ejemplo de configuración de servidores

Omixon HLA Server y el primer Omixon HLA Typer Server en un host, Omixon HLA Typer Server en un host diferente

- Instale *Omixon HLA Server* en un host con el instalador del servidor y *Omixon HLA Typer Server* en un host distinto con el instalador del servidor de tipificación.
- *omixon-hla-[edition]-server.voptions* y *omixon-hla-[edition]-typer-server.voptions* en el host de *Omixon HLA Server* deben tener:

```
-Domixon.server.host=<IP o nombre de host del host Omixon Server>  
-Domixon.server.port=4380
```

- *omixon-hla-[edition]-typer-server.voptions* en el host de *Omixon HLA Typer Server* debe tener:

```
-Domixon.server.host=<IP o nombre de host del host Omixon Server>  
-Domixon.server.port=4380  
-Dtyper.server.host=<IP o nombre de host del host Typer Server>  
-Dtyper.server.port=4382
```

- Asegúrese de que los dos puertos elegidos y *omixon.server.port* + 1 estén libres y sean accesibles (piense en otros procesos, configuraciones de firewall, etc.).
- Prepare la carpeta de trabajo y almacenamiento. Se deben cumplir los siguientes criterios:
 - Las cuentas de usuario que ejecutan los dos servidores deben tener acceso de escritura y lectura a la carpeta de trabajo y al menos acceso de lectura a la carpeta de almacenamiento.
 - La ruta de acceso a la carpeta de almacenamiento debe ser exactamente igual en ambos hosts.
 - La ruta de la carpeta de trabajo se debe establecer en *omixon-hla-[edition]-server.voptions* al igual que en *omixon-hla-[edition]-typer-server.voptions* de la siguiente manera:

```
-Dogve.temp.dir=<ruta de acceso de la carpeta de trabajo>  
-Djava.io.tmpdir=<ruta de acceso de la carpeta de trabajo>
```
- Reinicie ambos servidores una vez haya completado la configuración de *voptions*.
- Configure el acceso al servidor del lado del cliente. Para hacerlo, agregue la IP/el nombre de host y el puerto como se define en *-Domixon.server.host* y *-Domixon.server.port* en los servidores.
- Conecte *Omixon HLA Server* con un cliente.

Omixon HLA Server y Omixon HLA Typing Server en el mismo host (instalación del servidor predeterminada)

- Instale *Omixon HLA Server* y *Omixon HLA Typer Server* con el instalador del servidor en un host.
- *omixon-hla-[twin|explore]-server.voptions* y *omixon-hla-[twin|explore]-typer-server.voptions* en el directorio de instalación de *Omixon Server* deben tener:

```
-Domixon.server.host=<IP o nombre de host del host Omixon Server>  
-Domixon.server.port=4380
```

- Asegúrese de que *omixon.server.port* y *omixon.server.port* + 1 estén libres y sean accesibles (piense en otros procesos, configuraciones de firewall, etc.).
- Reinicie ambos servidores una vez haya completado la configuración de *voptions*.
- Configure el acceso al servidor del lado del cliente. Para hacerlo, agregue la IP/el nombre de host y el puerto como se define en *-Domixon.server.host* y *-Domixon.server.port* en *omixon-hla-[edition]-server.voptions*.
- Conecte *Omixon HLA Server* con un cliente.



4.4 Configuración de inicio de sesión

4.4.1 Descripción general

Omixon HLA Server y *Omixon HLA Typer Server* se ejecutan en diferentes JVM y ambos tienen su propia configuración de inicio de sesión. La aplicación instalada tiene una configuración de inicio de sesión predeterminada; en esta sección se brinda información sobre la configuración de inicio de sesión personalizada.

4.4.2 Configuración predeterminada

El inicio de sesión de la aplicación está basado en la Fachada de inicio de sesión simple para el marco de Java (SLF4J); las configuraciones del servidor se pueden encontrar en

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

Las configuraciones tienen el siguiente formato y contenido:



```
<?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>
```

La carpeta de registros predeterminada es $\${install_dir}/logs$. Modifique la etiqueta `<file>` de la configuración para crear los archivos de registro en un directorio diferente. Si tiene más servidores, esto le da la posibilidad de configurarlos de modo que pueda crear sus archivos de registro en un directorio común para un acceso más fácil.

4.4.3 Registro de recopilación de basura

Para diagnosticar problemas de memoria, el archivo de registro de la Recopilación de basura (GC) de Java es el mejor lugar para empezar. Proporciona diversas estadísticas sobre la Máquina virtual de Java (JVM) mientras la aplicación se ejecuta.

Los archivos *vmoptions* de *Omixon HLA Server* y *Omixon HLA TypeServer* tienen la siguiente configuración:

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

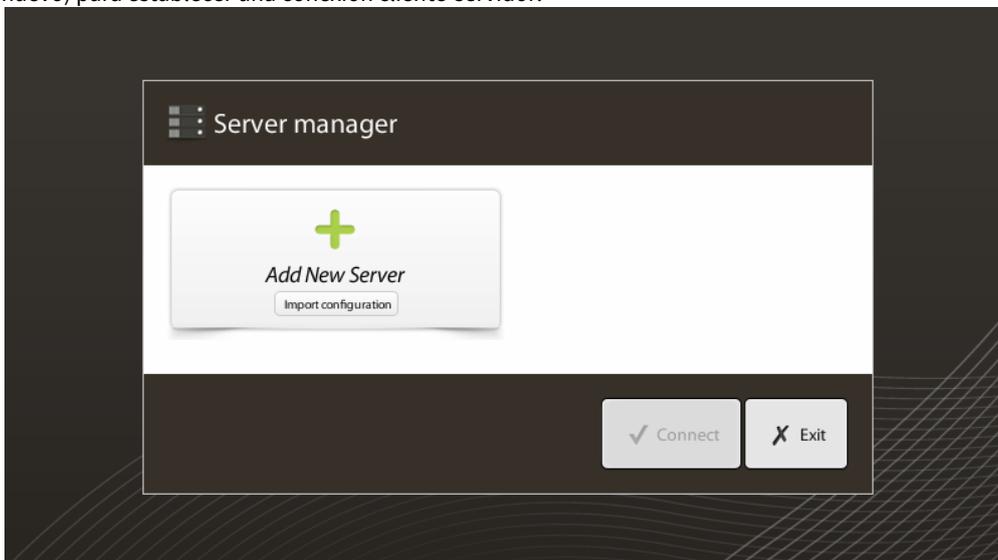
Para deshabilitar los registros de GC, modifique o elimine la configuración del *vmoptions* que se detalla arriba. Modifique el valor de configuración de *-Xloggc* para crear los archivos de registro en un directorio diferente.

4.5 Cómo aceptar conexiones de cliente

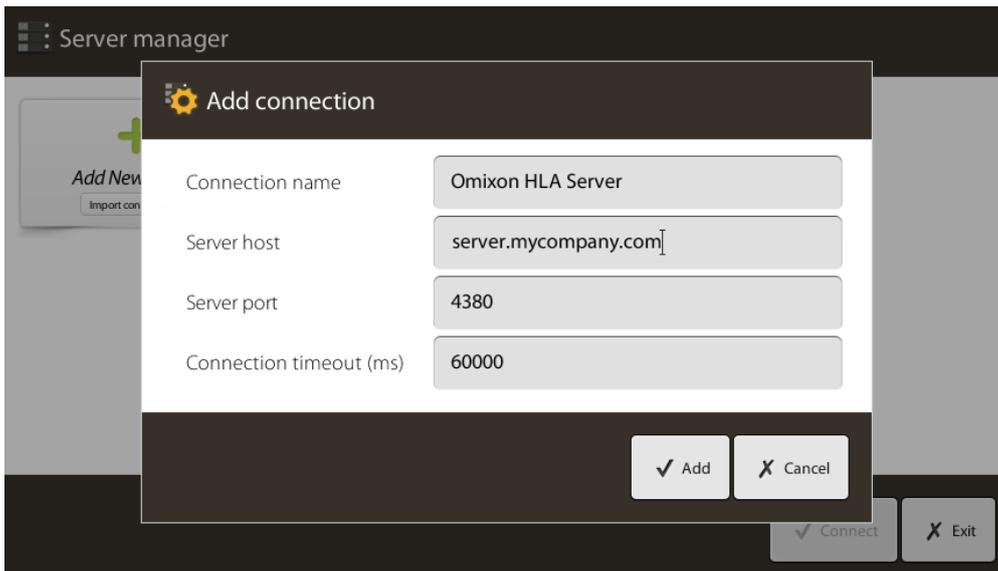
Después de configurar e iniciar el servidor, se deben esperar las solicitudes de conexiones de cliente entrantes.

4.5.1 Cómo conectar el cliente

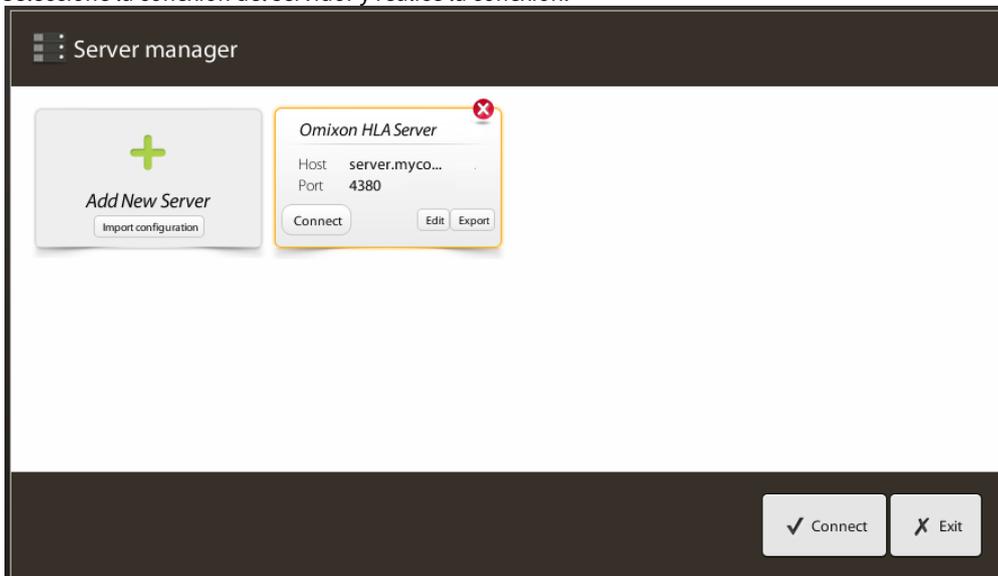
Inicie la aplicación de cliente. En la pantalla Server Manager (Administrador de servidor), seleccione Add New Server (Agregar servidor nuevo) para establecer una conexión cliente-servidor.



Asigne un nombre a la conexión e ingrese la misma configuración para el host y el puerto que estableció para el servidor.



Seleccione la conexión del servidor y realice la conexión.



IMPORTANTE

Verifique la configuración del firewall en la computadora del servidor. Configure el firewall de modo que Omixon HLA Server acepte las conexiones entrantes.

4.5.2 Exportación e importación de la configuración de conexión

En lugar de configurar la conexión manualmente, los usuarios pueden elegir importar un archivo de configuración haciendo clic en el botón Import configuration (Importar configuración) en la tarjeta Add New Server (Agregar servidor nuevo) en el diálogo Server Manager (Administrador de servidor). El archivo es proporcionado por el administrador de sistema, que necesita exportar la configuración de conexión a un archivo, haciendo clic en Export (Exportar) en la conexión seleccionada en Server Manager (Administrador de servidor).

4.6 El rol del superusuario

El primer usuario que se registra se convierte en un “Superusuario” de manera predeterminada. Esto no puede cambiarse más adelante, no obstante, otros usuarios también pueden obtener derechos de Superusuario.



Se recomienda que el Administrador de sistema se registre primero para completar la configuración. El Superusuario tiene el permiso para crear y administrar otras cuentas de usuario que pueden usarse para iniciar sesión por medio de los clientes.

Consulte el capítulo Administración de usuarios del Manual del usuario para obtener más información acerca de los roles y permisos del usuario.

4.7 Administración de datos

Todos los análisis se realizan mediante la aplicación del servidor y los resultados se almacenan en el lado del servidor. Los resultados pueden visualizarse y exportarse a través del cliente.

La capacidad para examinar el sistema de archivos del servidor remoto evita tener que transferir los datos entre el cliente y el servidor a través de la red, por lo que la tarea comienza de inmediato.