

Οδηγός χρήστη Omixon HLA Twin CE 3.1.1

11/22/2018

1	Εισαγωγή	5
1.1	Στοιχεία της εταιρείας	5
1.2	Γενικές πληροφορίες	5
1.3	Τεχνολογίες αλληλούχισης	5
1.4	Αρχή της μεθόδου	5
1.4.1	Αλγόριθμος συναινετικού προσδιορισμού γονοτύπου (Consensus Genotyping - CG)	5
1.4.2	Αλγόριθμος στατιστικού προσδιορισμού γονοτύπου (Statistical Genotyping - SG)	6
1.5	Απαιτήσεις συστήματος	6
1.6	Προβλεπόμενη χρήση	6
1.7	Προειδοποίηση και προφύλαξη:	7
1.7.1	Περιορισμοί χρήσης προϊόντος	7
1.8	Μέθοδοι επικύρωσης και χαρακτηριστικά απόδοσης	7
1.8.1	Holotype HLA v1	7
1.8.2	Holotype HLA v2	7
1.9	Σημειώσεις έκδοσης	8
1.10	Παραπομπές	8
2	Οδηγός γρήγορης έναρξης)
2.1	Σύνδεση	9
2.2	Genotyping dashboard (Πίνακας εργαλείων προσδιορισμού γονοτύπου)	9
2.3	Ανάλυση1	0
2.3.1	Απλός προσδιορισμός γονοτύπου – συνιστάται για δείγματα Holotype1	0
2.3.2	Αποτελέσματα1	0
2.4	Genotyping Analysis result (Αποτέλεσμα ανάλυσης προσδιορισμού γονοτύπου)1	C
2.5	Genotyping Sample result (Αποτέλεσμα δείγματος προσδιορισμού γονοτύπου)1	3
2.6	Gene Browser (Εξερεύνηση γονιδίων)1	4
2.7	Settings dashboard (Πίνακας εργαλείων Ρυθμίσεων)14	4
3	Οδηγός εγκατάστασης1	5
3.1	Windows	5
3.1.1	Βήματα εγκατάστασης1	5
3.2	Linux	6
3.2.1	Βήματα εγκατάστασης1	6

3.3	Mac OS X
3.3.1	Βήματα εγκατάστασης17
4	Omixon HLA Server
4.1	Εγκατάσταση
4.2	Εκκίνηση των διακομιστών
4.2.1	Σημαντική σημείωση
4.2.2	Linux
4.2.3	Windows
4.3	Διαμόρφωση περιβάλλοντος διακομιστή19
4.3.1	Ρυθμίσεις προγράμματος-πελάτη19
4.3.2	Διαμόρφωση διακομιστή
	Τροποποίηση της διαμόρφωσης19
	Τύποι εγκατάστασης20
	Προετοιμασία συστήματος αρχείων
	Ρυθμίσεις του Omixon HLA Server
	Ρυθμίσεις του Omixon HLA Typer Server
	Παραδείγματα ρύθμισης διακομιστών24
4.4	Διαμόρφωση αρχείων καταγραφής25
4.4.1	Επισκόπηση25
4.4.2	Προεπιλεγμένες ρυθμίσεις25
4.4.3	Αρχείο καταγραφής της συλλογής απορριφθέντων στοιχείων27
4.5	Αποδοχή συνδέσεων από προγράμματα πελάτες
4.5.1	Σύνδεση του προγράμματος-πελάτη
4.5.2	Εξαγωγή και εισαγωγή διαμόρφωσης σύνδεσης28
4.6	Ο ρόλος του υπερχρήστη
4.7	Διαχείριση δεδομένων

Omixon HLA Twin CE 3.1.1 Οδηγός χρήστη







1.1Στοιχεία της εταιρείας

Το προϊόν αυτό κατασκευάζεται από την Omixon Biocomputing Ltd. Διεύθυνση:

H-1117 Budapest Fehérvári út 50-52. Ουγγαρία, ΕΕ Δικτυακός τόπος: http://www.omixon.com

Τεχνική υποστήριξη: support@omixon.com¹ Πωλήσεις: sales@omixon.com²

1.2 Γενικές πληροφορίες

Το Omixon HLA Twin παρέχει δύο ανεξάρτητους αλγόριθμους για τον προσδιορισμό γονοτύπου δεδομένων αλληλούχισης επόμενης γενιάς: Στατιστικός προσδιορισμός γονοτύπου (Statistical Genotyping - SG) και συναινετικός προσδιορισμός γονοτύπου (Consensus Genotyping - CG). Οι αλγόριθμοι έχουν αναπτυχθεί παράλληλα με την ανάλυση αλληλούχισης Omixon Holotype HLA. Οι δύο αλγόριθμοι μπορούν να εκτελεστούν ταυτόχρονα, ενώ τα αποτελέσματα μπορούν να εξεταστούν σε έναν πίνακα. Παράλληλα με αυτόν τον πίνακα επισκόπησης υψηλού επιπέδου, παρέχονται, επίσης, λεπτομερή στατιστικά στοιχεία και μετρήσεις ποιοτικού ελέγχου για κάθε δείγμα.

Το Omixon HLA Twin παρέχει άδειες χρήσης περιορισμένης διάρκειας, οι οποίες επιτρέπουν τον απεριόριστο προσδιορισμό γονοτύπου για μια συγκεκριμένη χρονική περίοδο. Επικοινωνήστε με τη διεύθυνση sales@omixon.com³ για να ζητήσετε προσφορά. Στην έκδοση αξιολόγησης περιλαμβάνεται μια άδεια διάρκειας 90 ημερών.

Κάθε έκδοση λογισμικού υποστηρίζεται πλήρως για 13 μήνες από την κυκλοφορία της. Όταν λήξει η υποστήριξη μιας έκδοσης λογισμικού, δεν θα εφαρμόζονται πλέον διορθώσεις σφαλμάτων σε αυτήν και δεν θα επικυρώνεται με νέες βάσεις δεδομένων IMGT. Συνιστάται ιδιαίτερα η αναβάθμιση στη νεότερη έκδοση λογισμικού πριν από τη λήξη της υποστήριξης.

1.3 Τεχνολογίες αλληλούχισης

Το Omixon HLA Twin υποστηρίζει δεδομένα αλληλούχισης Illumina.

1.4Αρχή της μεθόδου

1.4.1Αλγόριθμος συναινετικού προσδιορισμού γονοτύπου (Consensus Genotyping - CG)

Ο αλγόριθμος συναινετικού προσδιορισμού γονοτύπου είναι μια μέθοδος που βασίζεται στη συναρμολόγηση de novo. Η μέθοδος συναρμολογητή είναι η λήψη δεδομένων που έχουν προφιλτραριστεί για γονίδια βάσει της βάσης δεδομένων IMGT. Η έξοδος της συναρμολόγησης είναι ένα ή περισσότερα συναρμολογήματα, όπου κάθε συναρμολόγημα αποτελείται από μία ή περισσότερες περιοχές φάσης. Οι συναινετικές αλληλουχίες που δημιουργούνται συγκρίνονται με τις αλληλουχίες αλληλίων στη βάση δεδομένων IMGT/HLA και αναφέρεται το ζεύγος ή τα ζεύγη αλληλίων με αριθμούς αναντιστοιχιών ελάχιστων βασικών εξωνίων, άλλων εξωνίων και μη εξωνίων. Ο αλγόριθμος συναινετικού προσδιορισμού γονοτύπου αναφέρει αποτελέσματα προσδιορισμού γονοτύπου πλήρους ανάλυσης (πεδίου 4).

¹ mailto:support@omixon.com

² mailto:sales@omixon.com

³ mailto:sales@omixon.com



1.4.2Αλγόριθμος στατιστικού προσδιορισμού γονοτύπου (Statistical Genotyping - SG)

Ο αλγόριθμος στατιστικού προσδιορισμού γονοτύπου είναι μια μέθοδος που βασίζεται στην ευθυγράμμιση. Οι αναγνώσεις και τα ζεύγη ανάγνωσης ευθυγραμμίζονται σε όλες τις εξωνικές αλληλουχίες που ορίζονται στη βάση δεδομένων IMGT και έπειτα εκχωρούνται στα αλλήλια με την υψηλότερη βαθμολογία ευθυγράμμισης. Τα αλλήλια είναι προφιλτραρισμένα και σε ζεύγη. Τα ζεύγη αλληλίων συγκρίνονται και ταξινομούνται βάσει της συνολικής ποσότητας υποστηριζόμενων αναγνώσεων στο ζεύγος. Αναφέρονται όλα τα ζεύγη αλληλίων που θεωρούνται εξίσου καλά αποτελέσματα βάσει των αποτελεσμάτων σύγκρισης. Ο αλγόριθμος στατιστικού προσδιορισμού γονοτύπου αναφέρει αποτελέσματα προσδιορισμού γονοτύπου ανάλυσης βάσει εξωνίων (πεδίου 3).

1.5Απαιτήσεις συστήματος

Οι συνιστώμενες ελάχιστες απαιτήσεις υλικού για το εργαλείο είναι οι εξής:

	Desktop	Server	Client
CPU	64 bit πολλαπλών πυρήνων	64 bit πολλαπλών πυρήνων	64 bit πολλαπλών πυρήνων
Μνήμη (ελάχιστη/ συνιστώμενη)	12GB/16GB	12GB/16GB	4GB/8GB
Λειτουργικό σύστημα	64 bit Windows/Linux ή OS X	64 bit Windows ή Linux (Το OS X δεν υποστηρίζεται)	64 bit Windows/Linux ή OS X

Οι απαιτήσεις του χώρου αποθήκευσης εξαρτώνται από το μέγεθος των δειγμάτων και πρέπει να υπολογιστούν με βάση τις νομικές απαιτήσεις αποθήκευσης των δεδομένων, το ελάχιστο επίπεδο αντιγράφων ασφαλείας και πλεονασμού καθώς και τον αναμενόμενο ετήσιο όγκο. Η Omixon μπορεί να σας βοηθήσει στον υπολογισμό των απαιτήσεων αποθηκευτικού χώρου. Μπορείτε να επικοινωνήσετε με την ηλεκτρονική διεύθυνση support@omixon.com⁴ σε περίπτωση που χρειαστείτε οποιαδήποτε βοήθεια.

1.6Προβλεπόμενη χρήση

Το Omixon HLA Twin προορίζεται για την ερμηνεία δεδομένων αλληλούχισης επόμενης γενιάς (NGS), τα οποία παράγονται σε συσκευές αλληλούχισης Illumina μέσω της ανάλυσης αλληλούχισης Omixon Holotype HLA. Αυτό έχει ως αποτέλεσμα την υψηλής ακρίβειας, μονής διέλευσης, τυποποίηση HLA επίπεδου αλληλίων με πολύ χαμηλό ποσοστό ασάφειας στο επίπεδο πεδίου 2. Το λογισμικό παρέχει πληροφορίες ανθρώπινης ιστοσυμβατότητας των γονιδίων HLA Τάξης I (HLA-A, B και C) και Τάξης II (HLA-DPA1, DPB1, DQA1, DQB1 και DRB1/3/4/5), μέσω δύο ανεξάρτητων αλγόριθμων: Στατιστικός προσδιορισμός γονοτύπου (Statistical Genotyping - SG) και συναινετικός προσδιορισμός γονοτύπου (Consensus Genotyping - CG). Οι δύο αλγόριθμοι μπορούν να εκτελεστούν ταυτόχρονα, ενώ η συμφωνία μεταξύ των αλγόριθμων εμφανίζεται πάντα δίπλα στο κύριο αποτέλεσμα του αλγόριθμου προσδιορισμού γονοτύπου, όταν έχουν εκτελεστεί και οι δύο μέθοδοι. Παράλληλα με αυτόν τον πίνακα επισκόπησης υψηλού επιπέδου, παρέχονται, επίσης, λεπτομερή στατιστικά στοιχεία και μετρήσεις ποιοτικού ελέγχου για κάθε δείγμα.

Το λογισμικό Omixon HLA Twin προορίζεται για in vitro διαγνωστική χρήση από επαγγελματικό προσωπικό υγειονομικής περίθαλψης, όπως τεχνολόγους εργαστηρίων και ιατρούς, οι οποίοι έχουν εκπαιδευτεί στην τυποποίηση HLA σε διαγνωστικά εργαστήρια και εργάζονται σε εργαστήρια με πιστοποίηση είτε EFI είτε ASHI (ή σε εργαστήρια που μπορούν να λειτουργήσουν σύμφωνα με τις προδιαγραφές EFI ή ASHI). Τα αποτελέσματα που παρέχονται από το λογισμικό δεν πρέπει να χρησιμοποιούνται ως μοναδική βάση για τη λήψη κλινικών αποφάσεων.

⁴ mailto:support@omixon.com



1.7Προειδοποίηση και προφύλαξη:

1.7.1Περιορισμοί χρήσης προϊόντος

Οι αλγόριθμοι έχουν αναπτυχθεί παράλληλα και επικυρωθεί εκτενώς μαζί με την ανάλυση αλληλούχισης Omixon Holotype HLA. Για βέλτιστη απόδοση, χρησιμοποιείτε το λογισμικό μαζί με την ανάλυση Omixon Holotype HLA, για την τυποποίηση HLA μέσω NGS στο σύστημα Illumina MiSeq. Η χρήση διαφορετικών αναλύσεων αλληλούχισης HLA ή πλατφορμών NGS από εκείνες που καθορίζονται παραπάνω θα πρέπει να επαληθευτεί και να επικυρωθεί εκτενώς από τον χρήστη!

Για μια λίστα με τους γνωστούς περιορισμούς που σχετίζονται με τις αναλύσεις και τους αλγόριθμους, ανατρέξτε στο έγγραφο «Γνωστοί περιορισμοί του προϊόντος»!

1.8Μέθοδοι επικύρωσης και χαρακτηριστικά απόδοσης

Τα στατιστικά στοιχεία απόδοσης που παρατίθενται παρακάτω δημιουργήθηκαν με τη χρήση του Omixon HLA Twin έκδοση 3.1.1 και της βάσης δεδομένων IMGT έκδοση 3.31.0_5. Οι μετρήσεις απόδοσης υπολογίστηκαν χρησιμοποιώντας τη μέθοδο που περιγράφεται από τον Ng et al. (1993)¹. Τα αποτελέσματα προσδιορισμού γονοτύπου συγκρίθηκαν με διαθέσιμες πληροφορίες προσδιορισμού γονοτύπου αναφοράς με ανάλυση επιπέδου πεδίου δύο.

1.8.1Holotype HLA v1

Συνολικά αναλύθηκαν 416 δείγματα (που προήλθαν από 197 κυτταρικές σειρές αναφοράς). Τα δεδομένα αλληλούχισης δημιουργήθηκαν χρησιμοποιώντας το Holotype HLA έκδοση 1.

Μέτρηση	HLA-A	HLA-B	HLA-C	HLA-DPB1	HLA-DQA1	HLA-DQB1	HLA-DRB1	Σύνολο
Ευαισθησία	99,52%	98,56%	98,68%	99,04%	99,52%	95,55%	98,32%	98,45%
Ειδικότητα	99,98%	99,97%	99,95%	99,96%	99,95%	99,80%	99,96%	99,95%
Ακρίβεια	99,52%	98,56%	98,68%	99,04%	99,52%	95,55%	98,32%	98,45%
Αρνητική προγνωστι κή τιμή	99,98%	99,97%	99,95%	99,96%	99,95%	99,80%	99,96%	99,95%
Ορθή ταξινόμηση τύπου	99,97%	99,94%	99,91%	99,92%	99,91%	99,61%	99,92%	99,90%

1.8.2Holotype HLA v2

Συνολικά αναλύθηκαν 176 δείγματα. Τα δεδομένα αλληλούχισης δημιουργήθηκαν χρησιμοποιώντας το Holotype HLA έκδοση 2.

Μέτρηση	HLA-A	HLA-B	HLA-C	HLA- DPA1	HLA- DPB1	HLA- DQA1	HLA- DQB1	HLA- DRB1	HLA- DRB3	HLA- DRB4	HLA- DRB5	Σύνο λο
Ευαισθη σία	100,00 %	98,58 %	97,73 %	99,71%	98,86%	95,71%	96,88%	99,43%	98,21%	89,71%	98,28%	97,58 %
Ειδικότητ α	100,00 %	99,98 %	99,93 %	99,97%	99,96%	99,76%	99,84%	99,99%	99,64%	96,57%	99,43%	99,90 %
Ακρίβεια	100,00 %	98,58 %	97,73 %	99,71%	98,86%	95,71%	96,88%	99,43%	98,21%	89,71%	98,28%	97,58 %



Μέτρηση	HLA-A	HLA-B	HLA-C	HLA- DPA1	HLA- DPB1	HLA- DQA1	HLA- DQB1	HLA- DRB1	HLA- DRB3	HLA- DRB4	HLA- DRB5	Σύνο λο
Αρνητική προγνωσ τική τιμή	100,00 %	99,98 %	99,93 %	99,97%	99,96%	99,76%	99,84%	99,99%	99,64%	96,57%	99,43%	99,90 %
Ορθή ταξινόμη ση τύπου	100,00 %	99,96 %	99,87 %	99,94%	99,92%	99,55%	99,69%	99,98%	99,40%	94,85%	99,14%	99,82 %

1.9Σημειώσεις έκδοσης

Για τη λίστα των νέων χαρακτηριστικών και διορθώσεων σφαλμάτων, ανατρέξτε στην ενότητα *Release Notes* στη διεύθυνση https://www.omixon.com/support-and-resources/hla-twin/

1.10Παραπομπές

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.



2Οδηγός γρήγορης έναρξης

2.1Σύνδεση

Κατόπιν προετοιμασίας για τη λειτουργία του λογισμικού HLA, ο χρήστης θα πρέπει να συνδεθεί στην εφαρμογή. Καταχωρίστε το όνομα χρήστη και τον κωδικό πρόσβασης στα αντίστοιχα πεδία και κάντε κλικ στη σύνδεση. Κατά την πρώτη σύνδεση δημιουργείται ένας υπερχρήστης.

2.2Genotyping dashboard (Πίνακας εργαλείων προσδιορισμού γονοτύπου)

Κατόπιν σύνδεσης στο λογισμικό, θα προβληθεί η οθόνη Genotyping dashboard (Πίνακας εργαλείων προσδιορισμού γονοτύπου). Αυτός είναι ο αρχικός πίνακας εργαλείων του λογισμικού. Όλες οι λειτουργίες προσδιορισμού γονοτύπου είναι διαθέσιμες από αυτό το σημείο.

Ο πίνακας εργαλείων αποτελείται από τις παρακάτω υποοθόνες:

- Περιοχή πληροφοριών: περιλαμβάνει τις βασικές λειτουργίες, καθώς και ορισμένες πληροφορίες υψηλού επιπέδου για τον τρέχοντα φάκελο και τα επιλεγμένα αρχεία. Προβάλλει, επίσης, πληροφορίες σχετικά με τον τρέχοντα χρήστη και την ενεργή βάση δεδομένων IMGT, ενώ παρέχει μερικές λειτουργίες περιήγησης.
- Εξερεύνηση αρχείων: αυτό το τμήμα της οθόνης μπορεί να χρησιμοποιηθεί για την περιήγηση σε όλους τους προσβάσιμους φακέλους.

Η Περιοχή πληροφοριών βρίσκεται στο επάνω μέρος της οθόνης. Διαθέτει 3 διαφορετικές ενότητες:

- Στο επάνω μέρος εμφανίζονται:
 - το αναγνωριστικό του τρέχοντος χρήστη,
 - το πλαίσιο widget της χρήσης μνήμης,
 - η περιοχή κατάστασης στη Διαχείριση διαδικασιών,
 - το κουμπί του εκπαιδευτικού μαθήματος υποδοχής,
 - το κουμπί αποσύνδεσης,
 - και το κουμπί εξόδου.
- Στο κεντρικό μέρος εμφανίζονται:
 - τα κουμπιά πλοήγησης: Back (Πίσω), Forward (Εμπρός), Up (Επάνω), και Home (Αρχική) [Το κουμπί Home (Αρχική) σας μεταφέρει στον Genotyping dashboard (Πίνακας εργαλείων προσδιορισμού γονοτύπου)].
 - οι διαθέσιμες πληροφορίες σχετικά με τη χρησιμοποιούμενη βάση δεδομένων IMGT απευθείας από τα κουμπιά πλοήγησης
 - τα κουμπιά σελιδοδείκτη και βοήθειας βάσει περιεχομένου στη δεξιά πλευρά της οθόνης
- Το κάτω μέρος περιλαμβάνει μια σειρά κουμπιών, τα οποία επιτρέπουν την επιλογή βασικών λειτουργιών από τον παρόντα πίνακα εργαλείων:
 - οι επιλογές τυποποίησης και ανάλυσης δεδομένων προς υποβολή σε προσδιορισμό γονοτύπου
 - οι επιλογές τυποποίησης και ανάλυσης δεδομένων για την απεικόνιση αποτελεσμάτων
 - οι λειτουργίες εξερεύνησης αρχείων για την πλοήγηση μεταξύ δειγμάτων και φακέλων
 - Application settings (Ρυθμίσεις εφαρμογής)

Η κύρια ενότητα της οθόνης είναι η εξερεύνηση αρχείων, στην οποία μπορείτε να περιηγηθείτε, κάνοντας κλικ σε μονάδες δίσκων και ονόματα φακέλων, όπως στην τυπική εξερεύνηση αρχείων. Χρησιμοποιήστε την εξερεύνηση για να μεταβείτε στο φάκελο, στον οποίο βρίσκονται αποθηκευμένα τα δείγματα προσδιορισμού γονοτύπου. Κάθε αρχείο δείγματος επισημαίνεται με ένα μικρό σήμα DNA και διαθέτει το δικό του μοναδικό όνομα, το οποίο ταυτίζεται με το όνομα που έχει δημιουργηθεί από το φύλλο δείγματος. Στις ζευγαρωτές αναγνώσεις, το λογισμικό ζευγαρώνει αυτόματα αρχεία με βάση τα ονόματα αρχείων, ενώ στην εξερεύνηση αρχείων προβάλλεται μόνο το αρχείο FASTQ «R1», προκειμένου να μειωθεί ο πλεονασμός και να διευκολυνθεί η πλοήγηση. Μετακινώντας το δείκτη του ποντικιού πάνω από το αρχείο δείγματος, μπορείτε να δείτε το μέγεθος των μεμονωμένων αρχείων FASTQ.



Μετά από την ανάλυση ενός δείγματος, θα προβληθεί ένα ξεχωριστό αρχείο, το αρχείο αποτελέσματος προσδιορισμού γονοτύπου, στην εξερεύνηση αρχείων. Το αρχείο αποτελέσματος έχει την επέκταση «.htr». Όλα τα αρχεία αποτελεσμάτων τοποθετούνται αυτόματα, από προεπιλογή, στον ίδιο φάκελο, στον οποίο βρίσκονται τα δεδομένα δείγματος. Κάθε αρχείο ανάλυσης επισημαίνεται με ένα μικρό σήμα πίνακα. Το όνομα του αρχείου ανάλυσης αποτελείται από το όνομα του δείγματος και τη χρονική σήμανση που αντιστοιχεί στο χρόνο υποβολής της ανάλυσης. Μετακινώντας το δείκτη του ποντικιού πάνω από το αρχείο ανάλυσης, μπορείτε να δείτε όλες τις διαθέσιμες πληροφορίες σχετικά με την ανάλυση. Αν κοιτάξετε ένα αρχείο με επέκταση «.htr», εντελώς δεξιά, μπορείτε να δείτε την υψηλού επιπέδου σύνοψη ποιότητας των αποτελεσμάτων τυποποίησης. Τα αποτελέσματα επισημαίνονται χρησιμοποιώντας ένα σύστημα «φωτεινού σηματοδότη». Παρόμοια με έναν φωτεινό σηματοδότη, χρησιμοποιούνται τρία διαφορετικά χρώματα με διαφορετικές σημασίες. Σε αντίθεση με έναν πραγματικό φωτεινό σηματοδότη, υπάρχουν «ανάμεικτα χρώματα». Οι λειτουργίες προσδιορισμού γονοτύπου είναι απενεργοποιημένες (τα κουμπιά είναι γκριζαρισμένα), εφόσον δεν υπάρχουν δείγματα για προβολή στην οθόνη. Μόλις εντοπίσετε ένα αρχείο FASTQ (ή οποιαδήποτε άλλη υποστηριζόμενη μορφή), γίνονται διαθέσιμα τα κουμπιά προσδιορισμού γονοτύπου.

Για την υποβολή μιας ανάλυσης, ανατρέξτε στην ενότητα Ανάλυση.

Μπορείτε να βρείτε λεπτομερείς πληροφορίες σχετικά με αυτήν την οθόνη και όλες τις διαθέσιμες λειτουργίες στο παρόν Εγχειρίδιο χρήστη στην ενότητα Omixon Handbook/Genotyping Dashboard (Εγχειρίδιο Omixon/Πίνακας εργαλείων προσδιορισμού γονοτύπου).

2.3Ανάλυση

Όταν εντοπιστεί τουλάχιστον ένα δείγμα, διατίθενται πολλές επιλογές για να ξεκινήσετε τον προσδιορισμό γονοτύπου.

2.3.1Απλός προσδιορισμός γονοτύπου – συνιστάται για δείγματα Holotype

Ο προσδιορισμός γονοτύπου με τις προεπιλεγμένες παραμέτρους μπορεί να ξεκινήσει με ένα μόνο κλικ στο κουμπί «Analysis» (Ανάλυση) που εμφανίζεται σε κάθε σειρά για κάθε δείγμα. Μπορείτε να τυποποιήσετε πολλαπλά δείγματα με το πρωτόκολλο Holotype, κάνοντας κλικ σε αυτά με το ποντίκι και πατώντας το κουμπί Ctrl ή Shift και, στη συνέχεια, πατώντας το κουμπί Simple Genotyping (Απλός προσδιορισμός γονοτύπου) στο επάνω μενού. Μπορείτε να ελέγξετε εάν η τυποποίηση εκτελείται στη Διαχείριση διαδικασιών που εμφανίζεται στην επάνω δεξιά γωνία. Μπορείτε να βρείτε λεπτομερείς πληροφορίες σχετικά με αυτήν και άλλες σχετικές λειτουργίες, όπως τον προσδιορισμό γονοτύπου με προσαρμοσμένες παραμέτρους και την εκ νέου ανάλυση δειγμάτων, στο παρόν Εγχειρίδιο χρήστη στην ενότητα Οδηγός χρήστη/Genotyping Dashboard (Πίνακας εργαλείων προσδιορισμού γονοτύπου).

2.3.2Αποτελέσματα

Καθώς η πρόοδος φτάνει το 100% στη Διαχείριση διαδικασιών, θα εμφανιστεί ένα νέο αρχείο αποτελέσματος στην εξερεύνηση αρχείων. Σε περίπτωση που έχουν τυποποιηθεί πολλά δείγματα ταυτόχρονα, θα εμφανιστεί ένα αποτέλεσμα για το καθένα, μόλις αυτό είναι έτοιμο, ενώ μπορείτε να δείτε τα πρώτα αποτελέσματα καθώς τα υπόλοιπα βρίσκονται σε εξέλιξη. Τα αρχεία αποτελεσμάτων εμφανίζουν ένα αποτέλεσμα φωτεινού σηματοδότη για γρήγορη επισκόπηση, ενώ μπορείτε να προβάλλετε περισσότερες λεπτομέρειες, κάνοντας κλικ στο κουμπί «View» (Προβολή) στο τέλος της κάθε σειράς. Για την προβολή πολλαπλών αποτελεσμάτων, χρησιμοποιήστε το κουμπί Ctrl ή Shift για να τα επιλέξετε και, στη συνέχεια, το κουμπί «View results» (Προβολή αποτελεσμάτων) στο επάνω μενού.

Κατά την εργασία με αποτελέσματα ανάλυσης στο λογισμικό Omixon HLA, λάβετε υπόψη ότι οι αλληλουχίες εκκινητών δεν επηρεάζουν τα αποτελέσματα καθώς περικόπτονται πριν από την ανάλυση. Μπορείτε να βρείτε λεπτομερείς πληροφορίες σχετικά με την ερμηνεία των αποτελεσμάτων στο παρόν Εγχειρίδιο χρήστη, στις ενότητες Οδηγός χρήστη/Genotyping Analysis result (Αποτέλεσμα ανάλυσης προσδιορισμού γονοτύπου) και Οδηγός χρήστη/Genotyping Sample result (Αποτέλεσμα δείγματος προσδιορισμού γονοτύπου).

2.4Genotyping Analysis result (Αποτέλεσμα ανάλυσης προσδιορισμού γονοτύπου)

Όπως περιγράφηκε στην ενότητα Αποτελέσματα, μπορείτε να απεικονίσετε τα αποτελέσματα, επισημαίνοντας ένα ή πολλαπλά δείγματα και κάνοντας, στη συνέχεια, κλικ στο κουμπί «View results» (Προβολή αποτελεσμάτων). Με αυτόν τον τρόπο θα μεταβείτε στην επόμενη ενότητα του HLA Twin: Τα Αποτελέσματα ανάλυσης προσδιορισμού γονοτύπου.



⑤ Σημείωση

Αν βρεθούν περισσότερα από 50 αποτελέσματα βέλτιστης αντιστοιχίας σε έναν γενετικό τόπο, η Ανισορροπία σύνδεσης (LD) δε θα υπολογιστεί. Αν πατήσετε το κουμπί Show LD details (Προβολή λεπτομερειών LD), δεν θα εμφανιστεί καμία πληροφορία.

Στην ενότητα Genotyping analysis results (Αποτελέσματα ανάλυσης προσδιορισμού γονοτύπου) θα παρατηρήσετε ότι είναι διαχωρισμένη σε δύο μεγαλύτερα μέρη:

- Περιοχή πληροφοριών Σημειώστε ότι η δομή αυτής της περιοχής είναι κατά μεγάλο μέρος όμοια με την Περιοχή πληροφοριών της οθόνης Genotyping dashboard (Πίνακας εργαλείων προσδιορισμού γονοτύπου) (δείτε παραπάνω για λεπτομέρειες)
- Πίνακας αποτελεσμάτων, ο οποίος περιλαμβάνει τον πίνακα επισκόπησης και τα αποτελέσματα των δειγμάτων που επισημάνθηκαν προηγουμένως.

Το κάτω μέρος της Περιοχής πληροφοριών περιλαμβάνει μια σειρά κουμπιών, τα οποία επιτρέπουν την επιλογή βασικών λειτουργιών από τον παρόντα πίνακα εργαλείων.

- Sample details (Λεπτομέρειες δείγματος) και Browse alignment (Εξερεύνηση ευθυγράμμισης)
- Κουμπιά ρύθμισης οθόνης
- Κουμπιά εκχώρησης
- Export table (Εξαγωγή πίνακα)
- Περαιτέρω επιλογές για σχολιασμό δείγματος / έγκριση δείγματος / ακύρωση έγκρισης δείγματος / προβολή Ανισορροπίας σύνδεσης

Στον Πίνακα αποτελεσμάτων της οθόνης Genotyping analysis results (Αποτελέσματα ανάλυσης προσδιορισμού γονοτύπου) μπορείτε να δείτε μια υψηλού επιπέδου επισκόπηση των αποτελεσμάτων για τον κάθε γενετικό τόπο του κάθε δείγματος. Ο πίνακας διαθέτει τις ακόλουθες στήλες:

- Approval (Έγκριση)
 - Επισημαίνει εάν ένα δείγμα έχει εγκριθεί, είναι έτοιμο προς έγκριση ή βρίσκεται ακόμη υπό επεξεργασία
- Sample (Δείγμα)
 - Περιλαμβάνει το όνομα του αρχείου .htr, το οποίο δημιουργείται με βάση το όνομα του δείγματος και τη χρονική σήμανση που αντιστοιχεί στο χρόνο υποβολής της ανάλυσης.
 - Όταν κάποιο δείγμα έχει αναλυθεί πολλές φορές, η προβολή των δειγμάτων γίνεται με τη σειρά των αναλύσεων. Μπορείτε να χρησιμοποιήσετε τη χρονική σήμανση για την παρακολούθηση διαφορετικών χρόνων ανάλυσης.
- Allele (Αλλήλιο)
 - Προβάλλει τα δύο αλλήλια, το Αλλήλιο 1 και το Αλλήλιο 2 σε διαφορετικές σειρές
- Ξεχωριστές στήλες για τους αναλυμένους γενετικούς τόπους
 - Εντελώς αριστερά στο προβαλλόμενο αποτέλεσμα, υπάρχει ένα μικρό σημάδι, το λεγόμενο «τικ», το οποίο επισημαίνει ότι εμφανίζονται τα «Αλλήλια βέλτιστης αντιστοιχίας». Μπορείτε να εκχωρήσετε αυτό το αποτέλεσμα κάνοντας απλώς κλικ στο σημάδι. Έτσι, το σημάδι θα γίνει πράσινο, επισημαίνοντας ότι το αποτέλεσμα έχει εκχωρηθεί.

Δίπλα στο σημάδι υπάρχουν οι φωτεινοί σηματοδότες.

- Σύστημα φωτεινού σηματοδότη συμφωνίας:
 - Το σύστημα φωτεινού σηματοδότη έχει τους εξής σηματοδότες:
 - 🛡 (πράσινο): τα αποτελέσματα των SG και CG συμφωνούν απόλυτα (στο 3ο πεδίο),
 -) (κίτρινο): τα αποτελέσματα των SG και CG συμφωνούν έως και 4 ψηφία (20 πεδίο),
- 🎈 (κόκκινο/κίτρινο): τα αποτελέσματα των SG και CG συμφωνούν έως και 2 ψηφία (1ο πεδίο),
- (κόκκινο): τα αποτελέσματα των SG και CG δε συμφωνούν.

Λάβετε υπόψη, ότι οι φωτεινοί σηματοδότες συμφωνίας εμφανίζονται μόνο για τα αλλήλια βέλτιστης αντιστοιχίας.



Ο δεύτερος φωτεινός σηματοδότης βασίζεται στις μετρήσεις ποιοτικού ελέγχου (ΠΕ) του επιπέδου γενετικού τόπου.

- Σύστημα φωτεινού σηματοδότη ποιοτικού ελέγχου:
 - Αυτοί οι φωτεινοί σηματοδότες βασίζονται στις μετρήσεις ποιοτικού ελέγχου του επιπέδου γενετικού τόπου.
 - 🗢 (πράσινο) PASSED (ΕΠΙΤΥΧΙΑ): ο γενετικός τόπος πέρασε με επιτυχία όλες τις δοκιμές ΠΕ,

(κίτρινο/πράσινο) – INFO (ΠΛΗΡΟΦΟΡΙΕΣ): μία ή περισσότερες δοκιμές ΠΕ είχαν χαμηλότερα από τον μέσο όρο αποτελέσματα,

(κίτρινο) – INSPECT (ΕΛΕΓΧΟΣ): μία ή περισσότερες δοκιμές ΠΕ είχαν ανησυχητικά αποτελέσματα, απαιτείται μη αυτόματος έλεγχος των αποτελεσμάτων,

(κόκκινο/κίτρινο) – INVESTIGATE (EPEYNA): μία ή περισσότερες δοκιμές ΠΕ είχαν αποτελέσματα χαμηλής ποιότητας, απαιτείται μη αυτόματος έλεγχος και ενδεχομένως εκ νέου ανάλυση,

(κόκκινο) – FAILED (ΑΠΟΤΥΧΙΑ): μία ή περισσότερες δοκιμές ΠΕ είχαν αποτελέσματα πολύ χαμηλής ποιότητας, απαιτείται μη αυτόματος έλεγχος για να καθοριστεί η αιτία και ενδεχομένως απαιτείται εκ νέου αλληλούχιση του γενετικού τόπου ή του δείγματος ή η εκ νέου τυποποίηση με εναλλακτικές μεθόδους.

- Μπορούν να προβληθούν και ορισμένες άλλες επισημάνσεις για τα αλλήλια:
- Τα αλλήλια που εμφανίζονται με μπλε γραμματοσειρά είναι ομόζυγα.
- Τα σπάνια αλλήλια επισημαίνονται με ένα εικονίδιο θαυμαστικού 😃.
- Τα νέα αλλήλια που περιέχουν νέα εξωνικά (ή εξωνικά και εσωνικά) στοιχεία επισημαίνονται με +, ενώ τα νέα αλλήλια που περιέχουν μόνο εσωνικά νέα στοιχεία επισημαίνονται με +.
- Τα μη ισορροπημένα αλλήλια προβάλλονται με πλάγια γραμματοσειρά.
- Τα αλλήλια με διευρυμένη αλληλουχία αλληλίων επισημαίνονται με ένα συν +.
- Εάν ένα δευτερεύον αλλήλιο με γνωστή χαμηλή ενίσχυση βρίσκεται στη λίστα μη ισορροπημένων δευτερευόντων αλληλίων, το αλλήλιο αυτό επισημαίνεται με
 Σε αυτήν την περίπτωση, συνιστάται ιδιαίτερα η επικύρωση του ομόζυγου αποτελέσματος, χρησιμοποιώντας μια εναλλακτική μέθοδο προσδιορισμού γονοτύπου (π.χ. SSO).
- Τα ημιζυγωτικά αλλήλια επισημαίνονται με !. Στην περίπτωση ενός ημιζυγωτικού γενετικού τόπου, προβάλλεται μόνο ένα αλλήλιο, ενώ το άλλο κελί παραμένει κενό. Στην περίπτωση που η ζυγωτικότητα ενός γενετικού τόπου δεν μπορεί να προσδιοριστεί με βάση τα διαθέσιμα δεδομένα, τότε τα αλλήλια επισημαίνονται με ?.

Μετακινώντας το δείκτη του ποντικιού πάνω από τις διάφορες ενότητες του πίνακα, προβάλλεται ένα αναδυόμενο παράθυρο που περιέχει περαιτέρω πληροφορίες για αυτές.

Στον πίνακα εργαλείων Genotyping Analysis result (Αποτέλεσμα ανάλυσης προσδιορισμού γονοτύπου), μπορείτε να μεταβείτε είτε στην οθόνη Genotyping Sample Result (Αποτέλεσμα δείγματος προσδιορισμού γονοτύπου) είτε απευθείας στην οθόνη Genome Browser (Εξερεύνηση γονιδιώματος).

Στην οθόνη Genotyping Sample Results (Αποτελέσματα δείγματος προσδιορισμού γονοτύπου) μπορείτε να παρατηρήσετε τις λεπτομερείς μετρικές ποιότητας του αναλυμένου δείγματος. Για να εισέλθετε σε αυτήν, επισημάνετε το δείγμα που θέλετε να προβληθεί και κάντε κλικ στο κουμπί «Sample Details» (Λεπτομέρειες δείγματος) στην κάτω σειρά της επάνω ενότητας. Στην οθόνη Genome Browser (Εξερεύνηση γονιδιώματος) μπορείτε να προβάλετε τα λεπτομερή αποτελέσματα για κάθε έναν από τους γενετικούς τόπους που έχουν τυποποιηθεί. Για να εισέλθετε σε αυτήν, επισημάνετε το δείγμα που θέλετε να προβληθεί και κάντε κλικ στο κουμπί «Browse Alignment» (Εξερεύνηση ευθυγράμμισης) στην κάτω σειρά της επάνω ενότητας.

Για περισσότερες πληροφορίες, ανατρέξτε στην ενότητα Genotyping Analysis result (Αποτέλεσμα ανάλυσης προσδιορισμού γονοτύπου) του Εγχειριδίου Omixon.

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



2.5Genotyping Sample result (Αποτέλεσμα δείγματος προσδιορισμού γονοτύπου)

Στην ενότητα Genotyping Sample result (Αποτέλεσμα δείγματος προσδιορισμού γονοτύπου) μπορείτε να εξετάσετε τα στοιχεία των αποτελεσμάτων προσδιορισμού γονοτύπου, τις μετρικές ποιότητας και τα στατιστικά στοιχεία δεδομένων για τον κάθε γενετικό τόπο ενός επιλεγμένου δείγματος.

Η ενότητα Genotyping Sample results (Αποτελέσματα δείγματος προσδιορισμού γονοτύπου) μπορεί να χωριστεί σε δύο μεγαλύτερα μέρη:

- Περιοχή πληροφοριών Σημειώστε ότι η δομή αυτής της περιοχής είναι κατά μεγάλο μέρος όμοια με την Περιοχή πληροφοριών της οθόνης Genotyping dashboard (Πίνακας εργαλείων προσδιορισμού γονοτύπου) (δείτε παραπάνω για λεπτομέρειες)
- Περιοχή λεπτομερειών, η οποία προβάλει το αποτέλεσμα προσδιορισμού γονοτύπου, τις μετρικές ποιότητας και στατιστικά στοιχεία δεδομένων

Το κάτω μέρος της Περιοχής πληροφοριών προβάλει μια σειρά κουμπιών, τα οποία επιτρέπουν την επιλογή βασικών λειτουργιών από τον παρόντα πίνακα εργαλείων.

- Άνοιγμα της εξερεύνησης
- Λεπτομερείς πληροφορίες προσδιορισμού γονοτύπου
- Προσαρμογή προβαλλόμενων αποτελεσμάτων
- Εκχώρηση αλληλίων
- Σχολιασμός

Στην Περιοχή λεπτομερειών μπορείτε να επιλέξετε μεταξύ 3 διαφορετικών καρτελών, ανάλογα με τα στοιχεία που θέλετε να προβληθούν:

- Genotype (Γονότυπος)
 - Στην ενότητα Genotype (Γονότυπος), μπορείτε να παρατηρήσετε το γονότυπο που έχει επιλεχθεί από το λογισμικό.
 - Μπορείτε να προσθέσετε/αφαιρέστε αλλήλια χειροκίνητα
- Quality control (Ποιοτικός έλεγχος)
 - Για κάθε γενετικό τόπο πραγματοποιούνται διάφορες μετρήσεις ποιοτικού ελέγχου. Η κάθε μέτρηση για τον κάθε γενετικό τόπο επισημαίνεται με ένα σύστημα φωτεινών σηματοδοτών.
 - Ο πίνακας Quality control (Ποιοτικός έλεγχος) διαθέτει μια στήλη για όλες τις μετρικές και ξεχωριστές στήλες για τον καθένα από τους προβαλλόμενους γενετικούς τόπους.
 - Η σειρά «Overall» (Συνολική) επισημαίνει το συνολικό αποτέλεσμα για τον καθένα από τους μεμονωμένους γενετικούς τόπους, με βάση το σύστημα φωτεινών σηματοδοτών.
 - Κάθε μετρική διαθέτει τη δική της σειρά στον πίνακα. Ακριβώς δίπλα στο όνομα της μετρικής προβάλλεται ένα μικρό σημάδι «i». Μετακινώντας το δείκτη του ποντικιού πάνω από το σημάδι «i», προβάλλεται ένα αναδυόμενο παράθυρο που περιέχει πιο λεπτομερή περιγραφή της επιλεγμένης μετρικής.
 - Σε κάθε μετρική μπορείτε να δείτε το φωτεινό σηματοδότη, την τιμή της μετρικής και το μικρό σημάδι «i» με τις πληροφορίες για τα συγκεκριμένα όρια της κάθε μετρικής. Μετακινώντας το δείκτη του ποντικιού πάνω από το σημάδι «i», προβάλλεται ένα αναδυόμενο παράθυρο που περιέχει λεπτομερέστερα στοιχεία σχετικά με τα όρια της επιλεγμένης μετρικής.
- Data Statistics (Στατιστικά στοιχεία δεδομένων)
 - Ενότητα Overview (Επισκόπηση) Οι αριθμοί αναγνώσεων και οι αναλογίες είναι διαθέσιμες για πολλά διαφορετικά βήματα της ανάλυσης.
 - Ενότητα Allele imbalance (Ανισορροπία αλληλίων) Η εικόνα αυτή δείχνει την ανισορροπία αλληλίων ανά περιοχή για όλα τα γονίδια.



- Ενότητα Fragment size (Μέγεθος θραύσματος) Το ιστόγραμμα αυτό δείχνει την κατανομή του μεγέθους θραυσμάτων των ζευγαρωτών αναγνώσεων.
- Ενότητα Read quality (Ποιότητα αναγνώσεων) Σε αυτό το γράφημα εμφανίζεται η ποιότητα βάσης ανά 5 βάσεις για τις επεξεργασμένες αναγνώσεις. Οι θέσεις ανάγνωσης βρίσκονται στον άξονα x ενώ οι τιμές ποιότητας εμφανίζονται στον άξονα y.

Οι διάφοροι γενετικοί τόποι μπορούν να επιλεγούν στην αριστερή πλευρά της κάτω ενότητας. Για τους επιλεγμένους γενετικούς τόπους, μπορείτε να εισέλθετε στην οθόνη Genome Browser (Εξερεύνηση γονιδιώματος), κάνοντας κλικ στα κουμπιά «Browse Alignment» (Εξερεύνηση ευθυγράμμισης), «Browse Allele 1» (Εξερεύνηση αλληλίου 1) και «Browse Allele 2» (Εξερεύνηση αλληλίου 2).

Για περισσότερες πληροφορίες, ανατρέξτε στην ενότητα Genotyping Sample result (Αποτέλεσμα δείγματος προσδιορισμού γονοτύπου) του Εγχειριδίου Omixon.

2.6Gene Browser (Εξερεύνηση γονιδίων)

This page has not yet been translated to Greek.

2.7Settings dashboard (Πίνακας εργαλείων Ρυθμίσεων)

This page has not yet been translated to Greek.



3Οδηγός εγκατάστασης

Το λογισμικό μπορεί να εγκατασταθεί στα ακόλουθα λειτουργικά συστήματα:

- Windows
- Linux
- Mac OS X

3.1Windows

Παρέχουμε ένα πακέτο εγκατάστασης για τα λειτουργικά συστήματα Windows μαζί με ένα περιβάλλον Java Runtime Environment (JRE).

Έχουμε δοκιμάσει το λογισμικό Omixon HLA σε Windows 7, Windows 8/8.1 και Windows 10 στην έκδοση 64 bit.

3.1.1Βήματα εγκατάστασης

- Μετά την εκκίνηση του προγράμματος εγκατάστασης, προβάλλεται η οθόνη υποδοχής του οδηγού εγκατάστασης.
 - Σε περίπτωση που έχετε εγκαταστήσει προηγουμένως το HLA Twin, επιλέξτε «Yes, update the existing installation» (Ναι, ενημέρωση της υπάρχουσας εγκατάστασης) στον οδηγό εγκατάστασης.
 - Για να εκτελέσετε καθαρή εγκατάσταση, επιλέξτε «No, install to a different directory» (Όχι, εγκατάσταση σε διαφορετικό κατάλογο) στον οδηγό εγκατάστασης.
 - Αφού επιλέξετε, κάντε κλικ στην επιλογή «next» (επόμενο).
- Αποδεχτείτε την άδεια χρήσης λογισμικού για να συνεχίσετε την εγκατάσταση και κάντε κλικ στην επιλογή «next» (επόμενο).
- Επιλέξτε τη διαδρομή στην οποία θέλετε να εγκατασταθεί η εφαρμογή και κάντε κλικ στην επιλογή «next» (επόμενο).
- Επιλέξτε τον κατάλογο δεδομένων όπου θα αποθηκεύονται τα μόνιμα αρχεία δεδομένων.
 - Σε περίπτωση που έχετε ήδη εγκαταστήσει το HLA Twin, μην αλλάξετε την προτεινόμενη διαδρομή, αφού πρέπει να δείχνει στο φάκελο της βάσης δεδομένων που χρησιμοποιούνταν προηγουμένως.
 - Αφού επιλέξετε κατάλογο, κάντε κλικ στην επιλογή «next» (επόμενο).
- Επιλέξτε κατάλογο για τα προσωρινά αρχεία και κάντε κλικ στην επιλογή «next» (επόμενο).
- Ορίστε τη μέγιστη ποσότητα μνήμης που χρησιμοποιείται από την εφαρμογή
- Μόνο για την εγκατάσταση του Omixon HLA Typer Server: Ορίστε τη διεύθυνση IP και τη θύρα του Omixon HLA Server
- Επιλέξτε φάκελο στο μενού Έναρξης.
 - Εάν θέλετε να δημιουργήσετε ένα φάκελο στο μενού Έναρξης, επιλέξτε το πλαίσιο ελέγχου «Create Start Menu folder» (Δημιουργία φακέλου στο μενού Έναρξης) και ονομάστε το φάκελο.
 - Εάν θέλετε να είναι ορατός σε όλους τους χρήστες ο φάκελος, επιλέξτε το πλαίσιο ελέγχου «Create shortcuts for all users» (Δημιουργία συντόμευσης για όλους τους χρήστες).
 - Κάντε κλικ στην επιλογή «next» (επόμενο) για να αρχίσει η εγκατάσταση.
- Μόλις ολοκληρωθεί η εγκατάσταση, το παράθυρο διαλόγου «Completing the Omixon HLA Setup» (Ολοκλήρωση της εγκατάστασης του Omixon HLA) θα επισημάνει την επιτυχία της εγκατάστασης.

Μπορείτε να ξεκινήσετε την εφαρμογή, κάνοντας κλικ σε αυτό το εικονίδιο έναρξης ή εκτελώντας το εκτελέσιμο αρχείο από τον κατάλογο εφαρμογών.

Για περισσότερες πληροφορίες και λεπτομερή βήματα κατάργησης της εγκατάστασης, ανατρέξτε στο Διευρυμένο οδηγό εγκατάστασης του Εγχειριδίου Omixon.



3.2Linux

Παρέχουμε ένα πακέτο εγκατάστασης για τα λειτουργικά συστήματα Linux μαζί με ένα περιβάλλον Java Runtime Environment (JRE). Τα πακέτα εγκατάστασης αποτελούν δέσμες ενεργειών κελύφους μονού αρχείου, κατάλληλα για εγκατάσταση σε διάφορες διανομές Linux.

Το πρόγραμμα εγκατάστασης που έχετε λάβει δε διαθέτει δικαιώματα απευθείας εκτέλεσης. Ανοίξτε ένα παράθυρο τερματικού, ώστε να γίνει εκτελέσιμο με την παρακάτω εντολή:

chmod +x installer_name

Στη συνέχεια, μπορεί να εκκινηθεί με την παρακάτω εντολή:

./installer_name

3.2.1Βήματα εγκατάστασης

- Αφού εκκινήσετε τη δέσμη ενεργειών κελύφους του προγράμματος εγκατάστασης, προβάλλεται η οθόνη υποδοχής του οδηγού εγκατάστασης.
 - Σε περίπτωση που έχετε εγκαταστήσει προηγουμένως το HLA Twin, επιλέξτε «Yes, update the existing installation» (Ναι, ενημέρωση της υπάρχουσας εγκατάστασης) στον οδηγό εγκατάστασης.
 - Για να εκτελέσετε καθαρή εγκατάσταση, επιλέξτε «No, install to a different directory» (Όχι, εγκατάσταση σε διαφορετικό κατάλογο) στον οδηγό εγκατάστασης.
 - Αφού επιλέξετε, κάντε κλικ στην επιλογή «next» (επόμενο).
- Αποδεχτείτε την άδεια χρήσης λογισμικού για να συνεχίσετε την εγκατάσταση και κάντε κλικ στην επιλογή «next» (επόμενο).
- Επιλέξτε τη διαδρομή στην οποία θέλετε να εγκατασταθεί η εφαρμογή και κάντε κλικ στην επιλογή «next» (επόμενο).
- Επιλέξτε τον κατάλογο δεδομένων όπου θα αποθηκεύονται τα μόνιμα αρχεία δεδομένων.
 - Σε περίπτωση που έχετε ήδη εγκαταστήσει το HLA Twin, μην αλλάξετε την προτεινόμενη διαδρομή, αφού πρέπει να δείχνει στο φάκελο της βάσης δεδομένων που χρησιμοποιούνταν προηγουμένως.
 - Αφού επιλέξετε κατάλογο, κάντε κλικ στην επιλογή «next» (επόμενο).
- Επιλέξτε κατάλογο για τα προσωρινά αρχεία και κάντε κλικ στην επιλογή «next» (επόμενο).
- Ορίστε τη μέγιστη ποσότητα μνήμης που χρησιμοποιείται από την εφαρμογή
- Μόνο για την εγκατάσταση του Omixon HLA Typer Server: Ορίστε τη διεύθυνση IP και τη θύρα του Omixon HLA Server
- Επιλέξτε τον κατάλογο Symlinks και κάντε κλικ στην επιλογή «next» (επόμενο) για να αρχίσει η εγκατάσταση.
- Μόλις ολοκληρωθεί η εγκατάσταση, το παράθυρο διαλόγου «Completing the Omixon HLA Setup» (Ολοκλήρωση της εγκατάστασης του Omixon HLA) θα επισημάνει την επιτυχία της εγκατάστασης.

Ένα εικονίδιο εφαρμογής τοποθετείται στο μενού συστήματος. Κάνοντας κλικ σε αυτό το εικονίδιο η εφαρμογή ξεκινάει και είναι έτοιμη για χρήση.

Για περισσότερες πληροφορίες και λεπτομερή βήματα κατάργησης της εγκατάστασης, ανατρέξτε στο Διευρυμένο οδηγό εγκατάστασης του Εγχειριδίου Omixon.

3.3Mac OS X

Επειδή το Mac OS X αποτελεί λειτουργικό σύστημα αποκλειστικά στα 64 bit, όπου το περιβάλλον Java Runtime Environment ενημερώνεται τακτικά, το πρόγραμμα εγκατάστασης δεν περιλαμβάνει το περιβάλλον Java Runtime Environment (JRE).



Με αυτόν τον τρόπο αποφεύγονται τυχόν διενέξεις μεταξύ των διαφορετικών JRE, ωστόσο μπορεί να προκληθούν προβλήματα ασυμβατότητας. Η απαιτούμενη έκδοση JRE είναι η έκδοση: 1.8 Εάν δεν έχετε εγκαταστημένο το Java στον υπολογιστή Mac θα πραγματοποιηθεί αυτόματη λήψη κατά τη διάρκεια της εγκατάστασης.

3.3.1Βήματα εγκατάστασης

- Ανοίξτε το πρόγραμμα εγκατάστασης που υπάρχει μέσα σε αρχείο DMG. Κάντε κλικ στο εικονίδιο Omixon HLA Installer.app.
 - Σε περίπτωση που έχετε εγκαταστήσει προηγουμένως το HLA Twin, επιλέξτε «Yes, update the existing installation» (Ναι, ενημέρωση της υπάρχουσας εγκατάστασης) στον οδηγό εγκατάστασης.
 - Για να εκτελέσετε καθαρή εγκατάσταση, επιλέξτε «No, install to a different directory» (Όχι, εγκατάσταση σε διαφορετικό κατάλογο) στον οδηγό εγκατάστασης.
 - Αφού επιλέξετε, κάντε κλικ στην επιλογή «next» (επόμενο).
- Αποδεχτείτε την άδεια χρήσης λογισμικού για να συνεχίσετε την εγκατάσταση και κάντε κλικ στην επιλογή «next» (επόμενο).
- Χρησιμοποιήστε την παρεχόμενη προεπιλεγμένη διαδρομή για να εγκαταστήσετε την εφαρμογή και κάντε κλικ στην επιλογή «next» (επόμενο).
- Χρησιμοποιήστε την προεπιλεγμένη θέση για τον κατάλογο δεδομένων όπου θα αποθηκεύονται τα μόνιμα αρχεία δεδομένων, π.χ., τα αποτελέσματα.
- Επιλέξτε κατάλογο για τα προσωρινά αρχεία και κάντε κλικ στην επιλογή «next» (επόμενο) για να αρχίσει η εγκατάσταση.
- Ορίστε τη μέγιστη ποσότητα μνήμης που χρησιμοποιείται από την εφαρμογή
- Μόλις ολοκληρωθεί η εγκατάσταση, το παράθυρο διαλόγου «Completing the Omixon HLA Setup» (Ολοκλήρωση της εγκατάστασης του Omixon HLA) θα επισημάνει την επιτυχία της εγκατάστασης.

Το *Omixon HLA* είναι πλέον διαθέσιμο στη λίστα εφαρμογών. Κάνοντας κλικ στο εικονίδιο *Omixon-HLA*, η εφαρμογή ξεκινάει και είναι έτοιμη για χρήση.

Για περισσότερες πληροφορίες και λεπτομερή βήματα κατάργησης της εγκατάστασης, ανατρέξτε στο Διευρυμένο οδηγό εγκατάστασης του Εγχειριδίου Omixon.



40mixon HLA Server

Η έκδοση Omixon HLA Server επιδέχεται πολλαπλές συνδέσεις υπολογιστών-πελατών ταυτόχρονα. Παρέχει τη δυνατότητα συλλογικής εργασίας και κοινής χρήσης των αποτελεσμάτων ανάλυσης μεταξύ των χρηστών.

Η έκδοση υπολογιστή-πελάτη - διακομιστή διαθέτει, επίσης, μια υπηρεσία αυτοματισμού, η οποία επιτρέπει την αυτοματοποιημένη τυποποίηση των δειγμάτων καθώς αυτά παράγονται. Τα στοιχεία πρωτοκόλλου, η συχνότητα επεξεργασίας, η αναγνώριση δειγμάτων και διάφορες άλλες παράμετροι απαιτούν καθορισμό πριν από την έναρξη λειτουργίας της υπηρεσίας - επικοινωνήστε με τη διεύθυνση support@omixon.com⁵για βοήθεια.

4.1Εγκατάσταση

Η Omixon παρέχει τρία ξεχωριστά προγράμματα εγκατάστασης για την έκδοση διακομιστή:

- Πρόγραμμα εγκατάστασης διακομιστή: περιλαμβάνει το Omixon HLA Server, το Omixon HLA Typer Server και ένα πρόγραμμα-πελάτη.
- Πρόγραμμα εγκατάστασης προγράμματος-πελάτη: περιλαμβάνει μόνο το πρόγραμμα-πελάτη
- Πρόγραμμα εγκατάστασης διακομιστή Typer: περιλαμβάνει μόνο το Omixon HLA Typer Server.

Ο διακομιστής παρέχεται μαζί με ένα πρόγραμμα-πελάτη, επομένως δεν υπάρχει ανάγκη εγκατάστασης ενός ξεχωριστού προγράμματος-πελάτη στον υπολογιστή του διακομιστή.

Για την εκτέλεση των προγραμμάτων εγκατάστασης διακομιστή απαιτούνται δικαιώματα διαχειριστή συστήματος. Τα προγράμματα εγκατάστασης διακομιστή μπορούν, επίσης, να εκτελεστούν από τη γραμμή εντολών, εάν δεν υπάρχει διαθέσιμο γραφικό περιβάλλον χρήστη (επικοινωνήστε με τη διεύθυνση support@omixon.com⁶ για λεπτομέρειες). Η εγκατάσταση του προγράμματος-πελάτη δεν απαιτεί δικαιώματα διαχειριστή συστήματος.

Για τα βήματα του οδηγού εγκατάστασης, ανατρέξτε στους Οδηγούς εγκατάστασης του λειτουργικού συστήματός σας, που βρίσκονται στις προηγούμενες ενότητες του παρόντος εγχειριδίου.

Διακόψτε την εκτέλεση οποιουδήποτε άλλου λογισμικού της Omixon, πριν από την έναρξη της εγκατάστασης του διακομιστή και βεβαιωθείτε ότι έχει επιλέξει τον κατάλληλο κατάλογο εγκατάστασης, είτε για καθαρή εγκατάσταση είτε για αναβάθμιση. Μπορείτε να αντιγράψετε και να χρησιμοποιήσετε το πρόγραμμα εγκατάστασης του προγράμματος-πελάτη σε πολλούς υπολογιστές. Εάν έχετε ήδη εγκατεστημένη μια έκδοση υπολογιστή, φροντίστε να επιλέξετε διαφορετική «θέση εγκατάστασης», έτσι ώστε να μην αντικατασταθεί η υπάρχουσα εγκατάσταση.

4.2Εκκίνηση των διακομιστών

4.2.1Σημαντική σημείωση

Ο διακομιστής εκκινείται αυτόματα μετά την εγκατάσταση. Εφόσον υπάρχει ήδη εγκατεστημένος διακομιστής, αυτός εκκινείται συνήθως με την ενεργοποίηση του υπολογιστή.

Ο διακομιστής θα πρέπει να διαμορφωθεί προτού να συνδεθεί σε αυτόν το πρώτο πρόγραμμα-πελάτη. Οι νέες ρυθμίσεις εφαρμόζονται κατά την εκκίνηση/ επανεκκίνηση του διακομιστή, μετά την αποθήκευση του αρχείου διαμόρφωσης.

4.2.2Linux

Μεταβείτε στον κατάλογο εγκατάστασης και ξεκινήστε το δαίμονα διακομιστή, εκτελώντας το εκτελέσιμο αρχείο διακομιστή από τη γραμμή εντολών, με ένα από τα παρακάτω ορίσματα εισόδου. Τα διαθέσιμα ορίσματα παρατίθενται, όταν ο διακομιστής εκκινείται χωρίς όρισμα. *Χρήση*

⁵ mailto:support@omixon.com

⁶ mailto:support@omixon.com



εκτελέσιμο διακομιστή omixon hla {start/stop/status/restart/force-reload}

start	stop	status	restart or force-reload
Εκκινεί το διακομιστή,	Τερματίζει τη λειτουργία	Επαναφέρει την	Επανεκκινεί τον
όταν έχει διακοπή η	του διακομιστή,	κατάσταση σε λειτουργία.	διακομιστή ή
κατάσταση.	όταν η κατάσταση είναι		τον εκκινεί, όταν δεν είναι
	σε λειτουργία.		σε λειτουργία.

Η αυτόματη εκκίνηση δεν είναι ρυθμισμένη από προεπιλογή. Για να ρυθμίσετε την αυτόματη εκκίνηση και να προσδιορίσετε σε ποιο επίπεδο λειτουργίας (runlevel) θα ξεκινάει η υπηρεσία, χρησιμοποιήστε ένα βοηθητικό πρόγραμμα διαμόρφωσης υπηρεσιών όπως το *chkconfig* ή *update-rc.d*.

4.2.3Windows

Για την εκκίνηση, διακοπή και ρύθμιση του τύπου εκκίνησης του *Omixon HLA Server* και του *Omixon HLA Typer Server*, ακολουθήστε τη διαδρομή «Πίνακας ελέγχου → Εργαλεία διαχείρισης → Υπηρεσίες» και τροποποιήστε τις ιδιότητες υπηρεσιών του «Omixon HLA Server» ή « Omixon HLA Typer Server». Από προεπιλογή, ο τύπος εκκίνησης ρυθμίζεται σε αυτόματο και η υπηρεσία εκτελείται στο λογαριασμό χρήστη συστήματος.

4.3Διαμόρφωση περιβάλλοντος διακομιστή

4.3.1Ρυθμίσεις προγράμματος-πελάτη

Για να ξεκινήσετε με τις προεπιλεγμένες ρυθμίσεις και να συνδεθείτε στον διακομιστή με ένα πρόγραμμα-πελάτη, η μόνη απαραίτητη διαμόρφωση είναι η εισαγωγή της διεύθυνσης IP ή του ονόματος του κεντρικού υπολογιστή και της θύρας πρόσβασης του *Omixon HLA Server* για το πρόγραμμα-πελάτη.

Αυτό μπορεί να πραγματοποιηθεί, ξεκινώντας το πρόγραμμα-πελάτη και κάνοντας κλικ στο κουμπί «Switch server» (Αλλαγή διακομιστή) στο κάτω μέρος του αναδυόμενου παραθύρου. Μεταβείτε στην επιλογή «Add new server» (Προσθήκη νέου διακομιστή) και εισαγάγετε τη διεύθυνση IP στο πεδίο «Server host» (Κεντρικός υπολογιστής διακομιστή). Κάντε κλικ στο «Add» (Προσθήκη) για να ολοκληρώσετε την επεξεργασία της σύνδεσης και, στη συνέχεια, κάντε κλικ στο «Connect» (Σύνδεση) στη νέα κάρτα διακομιστή για να συνδεθεί με το πρόγραμμα-πελάτη.

ΣΗΜΑΝΤΙΚΟ

Μόνο ένας διακομιστής και ένα πρόγραμμα-πελάτης της ίδιας έκδοσης (CE ή RUO και 2.5.1, 2.6.0, κ.λπ.) μπορούν να συνδεθούν. Αν αυτά τα στοιχεία διαφέρουν, για παράδειγμα, επειδή έγινε αναβάθμιση στο διακομιστή αλλά όχι στο πρόγραμμαπελάτης, θα εμφανιστεί ένα μήνυμα σφάλματος όταν γίνει κάποια προσπάθεια σύνδεσης.

4.3.2Διαμόρφωση διακομιστή

Τα παρακάτω αρχεία διαμόρφωσης αντιστοιχούν στα αρχεία διαμόρφωσης των διακομιστών:

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

Τροποποίηση της διαμόρφωσης

Εάν είναι απαραίτητη η μη αυτόματη τροποποίηση της διαμόρφωσης, αυτή μπορεί να πραγματοποιηθεί μέσω της επεξεργασίας του αρχείου διαμόρφωσης διακομιστή, αφού ολοκληρωθεί η εγκατάσταση. Τα αρχεία διαμόρφωσης βρίσκονται στον κατάλογο



εγκατάστασης και έχουν την επέκταση «vmoptions». Εφόσον και οι δύο διακομιστές και το συνοδευτικό πρόγραμμα-πελάτης διαθέτουν αρχεία διαμόρφωσης με την ίδια επέκταση, πρέπει να βεβαιωθείτε ότι το αρχείο διαμόρφωσης ανήκει όντως στον διακομιστή που θέλετε να προσαρμόσετε.

Οι τροποποιήσεις εφαρμόζονται μόνο μετά από την επανεκκίνηση του διακομιστή. ΣΗΜΑΝΤΙΚΟ

Η τελευταία γραμμή στο αρχείο vmoptions πρέπει να ακολουθείται από αλλαγή γραμμής.

Τύποι εγκατάστασης

Προεπιλεγμένη εγκατάσταση:Η εγκατάσταση του *Omixon HLA Server* και του *Omixon HLA Typer Server* γίνεται στον ίδιο κεντρικό υπολογιστή. Αυτό γίνεται πολύ απλά με την εκτέλεση του προγράμματος εγκατάστασης διακομιστή, εφόσον περιλαμβάνει και τους δύο διακομιστές.



Σημείωση

Η απευθείας πρόσβαση στον Omixon Typer Server από τα προγράμματα-πελάτες δεν είναι δυνατή – πρόσβαση παρέχεται μόνο μέσω του Omixon HLA Server.

Ξεχωριστοί διακομιστές typer: Καθώς το Omixon HLA Typer Server απαιτεί περισσότερους πόρους υλισμικού (CPU, RAM), μπορεί να εγκατασταθεί σε ξεχωριστούς κεντρικούς υπολογιστές για καλύτερη απόδοση. Για να εκτελέσετε το Omixon HLA Typer Server σε ξεχωριστό κεντρικό υπολογιστή, θα πρέπει να εγκαταστήσετε το Omixon HLA Server σε έναν κεντρικό υπολογιστή, χρησιμοποιώντας την προεπιλεγμένη εγκατάσταση (βλ. παραπάνω), και το Omixon HLA Typer Server σε διαφορετικό κεντρικό υπολογιστή, κάνοντας χρήση του ξεχωριστού προγράμματος εγκατάστασης διακομιστή typer. Σε περίπτωση εργασίας μαζικού προσδιορισμού γονοτύπου, η ανάλυση των δειγμάτων μπορεί να διανεμηθεί μεταξύ των διαμορφωμένων παρουσιών διακομιστών typer. Αυτές μπορούν να αναπτυχθούν σε διαφορετικούς κεντρικούς υπολογιστές (βλ. παρακάτω)



ή – εάν διατίθενται περισσότεροι πόροι υλισμικού στον κεντρικό υπολογιστή – στο ίδιο μηχάνημα:





Σε αυτόν τον τύπο ανάπτυξης, τα αρχεία omixon-hla-[twin | explore]-typer-server.vmoptions πρέπει να περιλαμβάνουν τις παρακάτω καταχωρίσεις:

-Domixon.server.host=IP/όνομα κεντρικού υπολογιστή Omixon HLA Server

-Domixon.server.port= Θ $\dot{\nu}\rho\alpha$ Omixon HLA Server (προεπιλεγμένη: 4380)

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

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

ΣΗΜΑΝΤΙΚΟ

Προς το παρόν, η εγκατάσταση όλων των διακομιστών πρέπει να γίνεται σε κεντρικούς υπολογιστές με το ίδιο λειτουργικό σύστημα (Windows ή Linux), καθώς δεν υποστηρίζονται τα ετερογενή συστήματα.

Προετοιμασία συστήματος αρχείων

Εάν το Omixon HLA Server και Omixon HLA Typer Server εκτελούνται στον ίδιο κεντρικό υπολογιστή (προεπιλεγμένη εγκατάσταση) δεν απαιτούνται πρόσθετες ρυθμίσεις του συστήματος αρχείων. Σε διαφορετική περίπτωση, θα πρέπει να γίνουν οι παρακάτω προετοιμασίες:

Τα Omixon HLA Server και Omixon HLA Typer Server πρέπει να διαθέτουν πρόσβαση ανάγνωσης στον φάκελο όπου βρίσκονται αποθηκευμένα τα αρχεία δειγμάτων.

Επίσης, ο χώρος αποθήκευσης δειγμάτων πρέπει να βρίσκεται στην ίδια διαδρομή και στους δύο κεντρικούς υπολογιστές, προκειμένου τα αρχεία δειγμάτων να είναι προσβάσιμα και από τους δύο διακομιστές.

ΣΗΜΑΝΤΙΚΟ



Εάν θέλετε να αλλάξετε τα αρχεία δειγμάτων (για παράδειγμα, να τα αντιγράψετε, να τα μετακινήσετε ή να τα διαγράψετε), τότε το Omixon HLA Serverθα πρέπει να διαθέτει επίσης πρόσβαση εγγραφής στο συγκεκριμένο χώρο αποθήκευσης.

Επιπρόσθετα, τόσο το Omixon HLA Server όσο και το Omixon HLA Typer Server χρησιμοποιούν έναν αποκλειστικό φάκελο εργασίας για την ανταλλαγή αρχείων – όπου, για παράδειγμα, γίνεται η εξαγωγή ή η εγγραφή της βάσης δεδομένων αναφοράς, των αποτελεσμάτων προσδιορισμού γονοτύπου, κ.λπ. Αυτός ο φάκελος πρέπει να είναι προσβάσιμος και από τους δύο κόμβους με δικαιώματα ανάγνωσης και εγγραφής.

Πρέπει να ορίσετε τη διαδρομή για αυτόν τον φάκελο εργασίας στα αρχεία *omixon-hla-[edition]-server.vmoptions* και *omixon-hla-[edition]-typer-server.vmoptions* στις μεταβλητές *-Dogve.temp.dir* και -Djava.io⁷.tmpdir.

-Djava.io .tinpuii.

Ρυθμίσεις του Omixon HLA Server

Το Omixon HLA Server μπορεί να διαμορφωθεί τροποποιώντας το αρχείο omixon-hla-[edition]-server.vmoptions που βρίσκεται στον κατάλογο εγκατάστασης του λογισμικού.

Ορισμός κεντρικού υπολογιστή και θύρας επικοινωνίας

Ενδέχεται να χρειαστεί να ορίσετε τις παραμέτρους κεντρικού υπολογιστή και θύρας. Για αυτόν τον σκοπό, τροποποιήστε τις παρακάτω προεπιλεγμένες παραμέτρους:

-Domixon.server.host = 0.0.0.0

-Domixon.server.port=4380

Κεντρικός υπολογιστής

Η τιμή της παραμέτρου *-Domixon.server.host* μπορεί να είναι το όνομα του κεντρικού υπολογιστή (π.χ.: omixon-server), το πλήρες όνομα τομέα (π.χ.: omixon-server.mycompany.com⁸) ή η διεύθυνση IP του υπολογιστή στον οποίο λειτουργεί το *Omixon HLA Server.* ΣΗΜΑΝΤΙΚΟ

Στη διαμόρφωση σύνδεσης του προγράμματος-πελάτη, η τιμή «Server host» (Κεντρικός υπολογιστής διακομιστή) πρέπει να έχει την ίδια ακριβώς τιμή όπως το πεδίο «-Domixon.server.host» στη διαμόρφωση του Omixon HLA Server. Βεβαιωθείτε ότι το όνομα κεντρικού υπολογιστή του διακομιστή επιλύεται στην ίδια IP στους υπολογιστές διακομιστή και προγράμματος-πελάτη, διαφορετικά τα προγράμματα-πελάτες θα λάβουν σφάλμα άρνησης σύνδεσης. Αυτό αποτελεί ένα συνηθισμένο πρόβλημα διαμόρφωσης, εφόσον το όνομα του κεντρικού υπολογιστή επιλύεται σε διαφορετική IP στον διακομιστή (π.χ. στη διεύθυνση 127.0.0.1 μέσω διασύνδεσης εσωτερικού δικτύου), προκαλώντας άρνηση σύνδεσης. Είναι πάντα ασφαλές να ορίζεται συγκεκριμένη διεύθυνση IP τόσο για τον διακομιστή όσο και για τα προγράμματα-πελάτες, η οποία να είναι προσβάσιμη από όλα τα αντίστοιχα μηχανήματα σε όλο το δίκτυο.

Θύρα

Συνιστάται να διατηρηθεί η προεπιλεγμένη ρύθμιση θύρας για το *-Domixon.server.port*, ωστόσο, σε περίπτωση που απαιτείται τροποποίηση (δείτε τις ενδείξεις παραπάνω) μπορείτε να την αλλάξετε σε οποιαδήποτε θύρα. Φροντίστε, ώστε η διαμορφωμένη θύρα και η επόμενη να είναι ελεύθερες και προσβάσιμες, καθώς θα χρησιμοποιηθούν για την επικοινωνία μεταξύ του διακομιστή και των προγραμμάτων-πελατών.

ΣΗΜΑΝΤΙΚΟ

7 http://Djava.io

⁸ http://twin-server.mycompany.com



Βεβαιωθείτε ότι η ρυθμισμένη θύρα και η επόμενη είναι και οι δύο ελεύθερες για χρήση στα μηχανήματα διακομιστή και προγραμμάτων-πελατών.

Ρυθμίσεις του Omixon HLA Typer Server

Το Omixon HLA Typer Server μπορεί να διαμορφωθεί τροποποιώντας το αρχείο omixon-hla-[edition]-typer-server.vmoptions που βρίσκεται στον κατάλογο εγκατάστασης του λογισμικού.

Σε περίπτωση που το Omixon HLA Server και το Omixon HLA Typer Server είναι εγκατεστημένα στον ίδιο κεντρικό υπολογιστή (προεπιλεγμένη εγκατάσταση διακομιστή), η προεπιλεγμένη ρύθμιση αρκεί για την επικοινωνία HTTP μεταξύ των δύο διακομιστών. Σε περίπτωση που το Omixon HLA Typer Server είναι εγκατεστημένο σε διαφορετικό κεντρικό υπολογιστή, θα πρέπει να τροποποιήσετε αναλόγως τις τιμές διαμόρφωσης. Επίσης, θα πρέπει να αλλάξετε τη διεύθυνση IP / το όνομα κεντρικού υπολογιστή του διακομιστή typer:

-Domixon.server.host=IP/όνομα κεντρικού υπολογιστή Omixon HLA Server -Domixon.server.port=Θύρα Omixon HLA Server (προεπιλεγμένη: 4380) -Dtyper.server.host=IP/κεντρικός υπολογιστής Omixon HLA Typer Server -Dtyper.server.port=Θύρα Omixon HLA Typer Server

Παραδείγματα ρύθμισης διακομιστών

Το Omixon HLA Server και το πρώτο Omixon HLA Typer Server σε έναν κεντρικό υπολογιστή, το δεύτερο Omixon HLA Typer Server σε διαφορετικό κεντρικό υπολογιστή

- Εγκαταστήστε το Omixon HLA Server σε έναν κεντρικό υπολογιστή, με το πρόγραμμα εγκατάστασης διακομιστή, και το Omixon HLA Typer Server σε διαφορετικό κεντρικό υπολογιστή, με το πρόγραμμα εγκατάστασης διακομιστή typer
- Τα αρχεία *omixon-hla-[edition]-server.vmoptions* και *omixon-hla-[edition]-typer-server.vmoptions* στον κεντρικό υπολογιστή *Omixon HLA Server* πρέπει να περιλαμβάνουν τα εξής:

-Domixon.server.host=<IP ή όνομα κεντρικού υπολογιστή του κεντρικού υπολογιστή Omixon Server> -Domixon.server.port=4380

 Το αρχείο omixon-hla-[edition]-typer-server.vmoptions στον κεντρικό υπολογιστή Omixon HLA Typer Server πρέπει να περιλαμβάνει τα εξής:

> -Domixon.server.host=<IPή όνομα κεντρικού υπολογιστή του κεντρικού υπολογιστή Omixon Server> -Domixon.server.port=4380 -Dtyper.server.host=<IPή όνομα κεντρικού υπολογιστή του κεντρικού υπολογιστή Typer Server> -Dtyper.server.port=4382

- Βεβαιωθείτε ότι και οι δύο επιλεγμένες θύρες, όπως και η θύρα omixon.server.port +1, είναι ελεύθερες και προσβάσιμες (λάβετε υπόψη άλλες διεργασίες, ρυθμίσεις τείχους προστασίας, κ.λπ.)
- Προετοιμάστε το φάκελο αποθήκευσης και εργασίας. Θα πρέπει να πληρούνται τα παρακάτω κριτήρια:
- Οι λογαριασμοί χρηστών στους οποίους εκτελούνται οι δύο διακομιστές πρέπει να διαθέτουν πρόσβαση ανάγνωσης και εγγραφής στο φάκελο εργασίας και τουλάχιστον πρόσβαση ανάγνωσης στο φάκελο αποθήκευσης
- Η διαδρομή πρόσβασης στο φάκελο αποθήκευσης πρέπει να είναι ακριβώς ίδια και στους δύο κεντρικούς υπολογιστές
- Η διαδρομή για τον φάκελο εργασίας πρέπει να οριστεί στο αρχείο omixon-hla-[edition]server.vmoptions, καθώς και στο αρχείο omixon-hla-[edition]-typer-server.vmoptions, ως εξής:

-Dogve.temp.dir=<διαδρομή φακέλου εργασίας>
 -Djava.io.tmpdir=<διαδρομή φακέλου εργασίας>

• Επανεκκινήστε και τους δύο διακομιστές μόλις ολοκληρώσετε τις ρυθμίσεις vmoptions



- Διαμορφώστε την πρόσβαση στο διακομιστή του προγράμματος-πελάτη, προσθέτοντας τις ίδιες ακριβώς τιμές για την IP / το όνομα κεντρικού υπολογιστή και τη θύρα, όπως ορίζεται στα πεδία -Domixon.server.host και -Domixon.server.port στους διακομιστές
- Συνδεθείτε στο Omixon HLA Server με ένα πρόγραμμα-πελάτη

Omixon HLA Server και Omixon HLA Typing Server στον ίδιο κεντρικό υπολογιστή (προεπιλεγμένη εγκατάσταση διακομιστή)

- Εγκαταστήστε το Omixon HLA Server και το Omixon HLA Typer Server με το πρόγραμμα εγκατάστασης διακομιστή σε έναν κεντρικό υπολογιστή
- Τα αρχεία omixon-hla-[twin/explore]-server.vmoptions και omixon-hla-[twin/explore]-typerserver.vmoptions στον κατάλογο εγκατάστασης Omixon Server θα πρέπει να περιλαμβάνουν τα εξής:

-Domixon.server.host=<IP ή όνομα κεντρικού υπολογιστή του κεντρικού υπολογιστή Omixon Server> -Domixon.server.port=4380

- Βεβαιωθείτε ότι οι θύρες *omixon.server.port* και *omixon.server.port*+1 είναι ελεύθερες και προσβάσιμες (λάβετε υπόψη άλλες διεργασίες, ρυθμίσεις τείχους προστασίας, κ.λπ.)
- Επανεκκινήστε και τους δύο διακομιστές μόλις ολοκληρώσετε τις ρυθμίσεις vmoptions
- Διαμορφώστε την πρόσβαση στο διακομιστή του προγράμματος-πελάτη, προσθέτοντας τις ίδιες ακριβώς τιμές για την IP / το όνομα κεντρικού υπολογιστή και τη θύρα, όπως ορίζεται στα πεδία Domixon.server.host και -Domixon.server.port στο αρχείο omixon-hla-[edition]-server.vmoptions
- Συνδεθείτε στο Omixon HLA Server με ένα πρόγραμμα-πελάτη

4.4Διαμόρφωση αρχείων καταγραφής

4.4.1Επισκόπηση

Το Omixon HLA Server και το Omixon HLA Typer Server εκτελούνται σε διαφορετικές μηχανές JVM, ενώ και οι δύο διαθέτουν διαφορετική διαμόρφωση αρχείων καταγραφής. Η εγκατεστημένη εφαρμογή περιέχει προεπιλεγμένες ρυθμίσεις αρχείων καταγραφής. Αυτή η ενότητα αφορά την προσαρμοσμένη διαμόρφωση αρχείων καταγραφής.

4.4.2Προεπιλεγμένες ρυθμίσεις

Τα αρχεία καταγραφής της εφαρμογής βασίζονται σε Simple Logging Facade for Java (SLF4J), ενώ οι διαμορφώσεις των διακομιστών βρίσκονται στη διαδρομή:

- *\${install_dir}/conf/omixon/logback.xml* για το *Omixon HLA Server*
- *\${install_dir}/conf/typer/logback.xml* για το *Omixon HLA Typer Server*

Οι διαμορφώσεις έχουν την παρακάτω μορφή και περιεχόμενο:



```
<?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>
```

Ο προεπιλεγμένος φάκελος αρχείων καταγραφής βρίσκεται στη διαδρομή: *\${install_dir}/logs*. Τροποποιήστε την ετικέτα *<file>*του αρχείου διαμόρφωσης, ώστε να δημιουργούνται τα αρχεία καταγραφής σε διαφορετικό κατάλογο. Εάν διαθέτετε περισσότερους διακομιστές, με αυτόν τον τρόπο έχετε τη δυνατότητα διαμόρφωσής τους, ώστε τα αρχεία καταγραφής τους να δημιουργούνται σε έναν κοινό κατάλογο για εύκολη πρόσβαση.



4.4.3Αρχείο καταγραφής της συλλογής απορριφθέντων στοιχείων

Για τη διάγνωση τυχόν προβλημάτων μνήμης, το αρχείο καταγραφής της συλλογής απορριφθέντων στοιχείων Java Garbage Collection (GC) είναι το καλύτερο μέρος για να ξεκινήσετε. Παρέχει πολλά στατιστικά στοιχεία για τη μηχανή JVM (Java Virtual Machine) καθώς εκτελείται η εφαρμογή.

Τα αρχεία vmoptions του Omixon HLA Server και του Omixon HLA Typer Server περιλαμβάνουν τις παρακάτω ρυθμίσεις:

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

Για να απενεργοποιήσετε την καταγραφή GC, απενεργοποιήστε την με τη χρήση σχολίων ή αφαιρέστε τις παραπάνω ρυθμίσεις από το αρχείο *vmoptions*. Τροποποιήστε την τιμή διαμόρφωσης *-Xloggc*, ώστε να δημιουργούνται τα αρχεία καταγραφής σε διαφορετικό κατάλογο.

4.5Αποδοχή συνδέσεων από προγράμματα πελάτες

Μετά τη ρύθμιση και την εκκίνηση του διακομιστή, αυτός διενεργεί ακρόαση των εισερχόμενων αιτήσεων σύνδεσης από τα προγράμματα πελάτες.

4.5.1Σύνδεση του προγράμματος-πελάτη

Ξεκινήστε την εφαρμογή-πελάτη. Στην οθόνη «Server Manager» (Διαχείριση διακομιστή), επιλέξτε «Add New Server» (Προσθήκη νέου διακομιστή) για να ρυθμίσετε μια σύνδεση διακομιστή - προγράμματος-πελάτη.



Δώστε όνομα στη σύνδεσή σας και εισαγάγετε ακριβώς τις ίδιες ρυθμίσεις κεντρικού υπολογιστή και θύρας που έχουν ρυθμιστεί στο διακομιστή.



Server m	anager	
	🔯 Add connection	
Add New	Connection name	Omixon HLA Server
	Server host	server.mycompany.com]
	Server port	4380
	Connection timeout (ms)	60000
		✓ Add X Cancel
		✓ Connect X Exit
Επιλέξτε σύνδ	εση διακομιστή και πιέστε	σύνδεση.
Server r	manager	
Add New Import con	V Server Infiguration	r ati Export
		✓ Connect 🗶 Exit

ΣΗΜΑΝΤΙΚΟ

Ελέγξτε τις ρυθμίσεις του τείχους προστασίας στον υπολογιστή του διακομιστή. Ρυθμίστε το τείχος προστασίας, έτσι ώστε να επιτρέπει στο Omixon HLA Server να αποδέχεται εισερχόμενες συνδέσεις.

4.5.2Εξαγωγή και εισαγωγή διαμόρφωσης σύνδεσης

Αντί για τη μη αυτόματη διαμόρφωση της σύνδεσης, οι χρήστες μπορούν να επιλέξουν να εισαγάγουν ένα αρχείο διαμόρφωσης, κάνοντας κλικ στο κουμπί «Import configuration» (Εισαγωγή διαμόρφωσης), στην καρτέλα «Add New Server» (Προσθήκη νέου διακομιστή) και στο παράθυρο διαλόγου «Server Manager» (Διαχείριση διακομιστή). Το αρχείο παρέχεται από το διαχειριστή συστήματος, ο οποίος πρέπει να εξαγάγει τις ρυθμίσεις σύνδεσης σε ένα αρχείο, κάνοντας κλικ στην επιλογή «Export» (Εξαγωγή) στην επιλεγμένη σύνδεση της οθόνης «Server Manager» (Διαχείριση διακομιστή).



4.6Ο ρόλος του υπερχρήστη

Ο πρώτος χρήστης που θα εγγραφεί γίνεται ο «Superuser» (υπερχρήστης) από προεπιλογή.

Αυτό δεν είναι δυνατόν να αλλάξει αργότερα, ωστόσο, μπορούν να αποκτήσουν δικαιώματα υπερχρήστη και άλλοι χρήστες. Συνιστάται να εγγραφεί πρώτος ο Διαχειριστής του συστήματος για την ολοκλήρωση της ρύθμισης. Ο υπερχρήστης έχει το δικαίωμα δημιουργίας και διαχείρισης άλλων λογαριασμών χρηστών, οι οποίοι μπορούν να χρησιμοποιηθούν για τη σύνδεση μέσω των προγραμμάτων-πελατών.

Ανατρέξτε στο κεφάλαιο Διαχείριση χρηστών στο Εγχειρίδιο χρήστη, για περισσότερες πληροφορίες σχετικά με τους ρόλους και τα δικαιώματα των χρηστών.

4.7Διαχείριση δεδομένων

Όλες οι αναλύσεις που εκτελούνται από την εφαρμογή διακομιστή, όπως και τα αποτελέσματα, αποθηκεύονται στο διακομιστή. Η προβολή και η εξαγωγή των αποτελεσμάτων γίνεται μέσω του προγράμματος-πελάτη.

Η περιήγηση στο αρχείο συστημάτων του απομακρυσμένου διακομιστή σημαίνει ότι δεν απαιτείται η μεταφορά των δεδομένων μέσω του δικτύου, μεταξύ του προγράμματος-πελάτη και του διακομιστή, και έτσι η εργασία ξεκινά αμέσως.