



# Guida per l'utente

Omixon HLA Twin CE 3.1.1

11/22/2018

<b>1</b>	<b>Introduzione</b>	<b>5</b>
1.1	Informazioni sul produttore	5
1.2	Informazioni generali	5
1.3	Tecnologie di sequenziamento	5
1.4	Principio del metodo	5
1.4.1	Algoritmo di genotipizzazione con sequenza consenso (CG)	5
1.4.2	Algoritmo di genotipizzazione statistica (SG)	5
1.5	Requisiti di sistema	6
1.6	Destinazione d'uso	6
1.7	Avvertenze e precauzioni:	6
1.7.1	Limitazioni d'uso del prodotto	6
1.8	Metodi di validazione e caratteristiche prestazionali	6
1.8.1	Holotype HLA v1	7
1.8.2	Holotype HLA v2	7
1.9	Note di rilascio	7
1.10	Bibliografia	7
<b>2</b>	<b>Guida introduttiva</b>	<b>8</b>
2.1	Accesso	8
2.2	Genotyping Dashboard (Dashboard genotipizzazione)	8
2.3	Analisi	9
2.3.1	Genotipizzazione semplice - raccomandata per i campioni Holotype	9
2.3.2	Risultati	9
2.4	Risultati dell'analisi della genotipizzazione	9
2.5	Risultati della genotipizzazione per il campione	11
2.6	Gene Browser (esploratore dei geni)	12
2.7	Settings Dashboard (Dashboard impostazioni)	12
<b>3</b>	<b>Guida all'installazione</b>	<b>13</b>
3.1	Windows	13
3.1.1	Fasi dell'installazione	13
3.2	Linux	13
3.2.1	Fasi dell'installazione	14

3.3	Mac OS X .....	14
3.3.1	Fasi dell'installazione .....	14
<b>4</b>	<b>Omixon HLA Server .....</b>	<b>16</b>
4.1	Installazione .....	16
4.2	Lancio dei server .....	16
4.2.1	Nota importante .....	16
4.2.2	Linux .....	16
4.2.3	Windows .....	17
4.3	Configurazione dell'ambiente del server.....	17
4.3.1	Impostazioni lato client.....	17
4.3.2	Configurazione lato server .....	17
	Modifica della configurazione .....	17
	Tipi di installazione .....	17
	Preparazione del file system .....	20
	Impostazioni del server Omixon HLA.....	21
	Impostazioni del server Omixon HLA Typer .....	21
	Esempi di configurazione dei server .....	22
4.4	Configurazione del logging.....	23
4.4.1	Panoramica .....	23
4.4.2	Impostazioni predefinite .....	23
4.4.3	Log Garbage Collection .....	25
4.5	Accettare le connessioni dei client.....	25
4.5.1	Connessione del client.....	25
4.5.2	Esportazione e importazione della configurazione di connessione .....	26
4.6	Il ruolo di superutilizzatore .....	26
4.7	Gestione dei dati .....	27





# 1 Introduzione

## 1.1 Informazioni sul produttore

Questo dispositivo è prodotto da Omixon Biocomputing Ltd.

Indirizzo:

H-1117 Budapest  
Fehérvári út 50-52.  
Ungheria, UE

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

Supporto tecnico: [support@omixon.com](mailto:support@omixon.com)<sup>1</sup>

Servizio commerciale: [sales@omixon.com](mailto:sales@omixon.com)<sup>2</sup>

## 1.2 Informazioni generali

Omixon HLA Twin fornisce due algoritmi indipendenti per la genotipizzazione di dati di sequenziamento di nuova generazione: La genotipizzazione statistica (SG) e la genotipizzazione con sequenza consenso (CG). Gli algoritmi sono stati sviluppati assieme al test di sequenziamento Omixon Hologram HLA. I due algoritmi possono essere eseguiti contemporaneamente e i risultati possono essere esaminati in un'unica tabella. Insieme a questa panoramica generale, per ciascun campione sono fornite statistiche dettagliate e misure di controllo della qualità.

La licenza di Omixon HLA Twin è su base temporale e consente genotipizzazioni illimitate per un determinato periodo di tempo. Per un preventivo, [contattateci all'indirizzo](mailto:sales@omixon.com)<sup>3</sup> [sales@omixon.com](mailto:sales@omixon.com). Nella versione di valutazione è inclusa una licenza con validità di 90 giorni. Ogni versione del software è pienamente supportata fino a 13 mesi dal suo rilascio. Quando una versione del software non è più supportata, non vengono più implementate correzioni dei bug e la versione non è più convalidata per i nuovi database di IMGT. Si raccomanda vivamente di aggiornare alla versione più recente del software prima della fine del supporto.

## 1.3 Tecnologie di sequenziamento

Omixon HLA Twin supporta il sequenziamento dei dati Illumina.

## 1.4 Principio del metodo

### 1.4.1 Algoritmo di genotipizzazione con sequenza consenso (CG)

L'algoritmo di genotipizzazione con sequenza consenso è un metodo basato sull'assemblaggio de novo. Il metodo di assemblaggio riceve dati pre-filtrati per i geni del database IMGT. Il risultato dell'assemblaggio è uno o più contig, dove ogni contig è composto da una o più regioni ricostruite. Le sequenze di consenso generate sono confrontate con le sequenze degli alleli del database IMGT/HLA, quindi vengono riportate le coppie di alleli che minimizzano il numero di abbinamenti errati degli esoni chiave, di altri esoni e di non-esoni. L'algoritmo di genotipizzazione con sequenza consenso produce risultati alla massima risoluzione (4° campo).

### 1.4.2 Algoritmo di genotipizzazione statistica (SG)

L'algoritmo di genotipizzazione statistica è un metodo basato sull'allineamento. Read e coppie di read vengono allineate a tutte le sequenze di esoni definite nel database IMGT, quindi sono assegnate ad alleli con il punteggio di allineamento più elevato. Gli alleli sono pre-filtrati e accoppiati. Le coppie di alleli sono confrontate e ordinate in base al numero combinato di read di supporto per la coppia. Tutte le coppie di alleli considerate come risultati ugualmente soddisfacenti in base al confronto sono riportate. L'algoritmo di genotipizzazione statistica produce risultati a risoluzione basata su esoni (3° campo).

---

<sup>1</sup> <mailto:support@omixon.com>

<sup>2</sup> <mailto:sales@omixon.com>

<sup>3</sup> <mailto:sales@omixon.com>

## 1.5 Requisiti di sistema

I requisiti hardware minimi raccomandati per lo strumento sono i seguenti:

	<b>Desktop</b>	<b>Server</b>	<b>Client</b>
CPU	Multi-core a 64 bit	Multi-core a 64 bit	Multi-core a 64 bit
Memoria (minima/ raccomandata)	12GB/16GB	12GB/16GB	4GB/8GB
Sistema operativo	Windows/Linux a 64 bit oppure OS X	Windows o Linux a 64 bit (OS X non supportato)	Windows/Linux a 64 bit oppure OS X

I requisiti di spazio di archiviazione dipendono dalle dimensioni dei campioni e devono essere calcolati considerando i requisiti normativi per l'archiviazione dei dati, un livello minimo di backup e ridondanza e il volume annuale previsto. Omixon può supportare nel calcolo dei requisiti di spazio di archiviazione; se vi serve aiuto, contattate [support@omixon.com](mailto:support@omixon.com)<sup>4</sup>.

## 1.6 Destinazione d'uso

Omixon HLA Twin è destinato all'interpretazione dei dati di sequenziamento di nuova generazione (NGS) generati con sequenziatori Illumina dal test di sequenziamento Omixon Holotype HLA. Ciò consente una tipizzazione HLA molto precisa a livello allelico in un solo passaggio, con una percentuale di ambiguità molto bassa al 2° campo. Il software fornisce informazioni sull'istocompatibilità umana dei geni HLA di classe I (HLA-A, B e C) e di classe II (HLA-DPA1, DPB1, DQA1, DQB1 e DRB1/3/4/5) impiegando due algoritmi indipendenti: la genotipizzazione statistica (SG) e la genotipizzazione con sequenza consenso (CG). I due algoritmi possono essere eseguiti contemporaneamente e la concordanza tra di essi è sempre visualizzata accanto al risultato dell'algoritmo primario di genotipizzazione quando sono stati eseguiti entrambi i metodi. Insieme a questa panoramica generale, per ciascun campione sono fornite statistiche dettagliate e misure di controllo della qualità.

Il software Omixon HLA Twin è concepito per uso diagnostico in vitro da parte di operatori sanitari, come tecnici di laboratorio e medici, preparati nel campo della tipizzazione HLA in laboratori diagnostici e impiegati presso laboratori accreditati EFI o ASHI (o laboratori in grado di lavorare in accordo con le specifiche EFI o ASHI). I risultati generati dal software non devono essere utilizzati come unica base per prendere decisioni cliniche.

## 1.7 Avvertenze e precauzioni:

### 1.7.1 Limitazioni d'uso del prodotto

Gli algoritmi sono stati sviluppati e validati in maniera approfondita assieme al test di sequenziamento Omixon Holotype HLA. Per garantire prestazioni ottimali, utilizzate il software insieme al test per tipizzazione HLA mediante NGS Omixon Holotype HLA sul sistema Illumina MiSeq. L'utilizzo di altri test per il sequenziamento HLA o di piattaforme NGS diverse da quanto sopra specificato deve essere verificato e validato in maniera approfondita dall'utente.

Per un elenco di limitazioni di test e algoritmi, vedere il documento Limitazioni note del prodotto.

## 1.8 Metodi di validazione e caratteristiche prestazionali

Le statistiche prestazionali presentate di seguito sono state generate utilizzando Omixon HLA Twin versione 3.1.1 e il database IMGT versione 3.31.0\_5. Le misure prestazionali sono state calcolate utilizzando il metodo descritto da Ng et al. (1993)<sup>1</sup>. I risultati della genotipizzazione sono stati confrontati con le informazioni disponibili di genotipizzazione di riferimento con risoluzione al 2° campo.

---

<sup>4</sup> <mailto:support@omixon.com>

### 1.8.1 Holotype HLA v1

Sono stati analizzati complessivamente 416 campioni (provenienti da 197 linee cellulari di riferimento). I dati di sequenziamento sono stati generati utilizzando Holotype HLA versione 1.

Misura	HLA-A	HLA-B	HLA-C	HLA-DPB1	HLA-DQA1	HLA-DQB1	HLA-DRB1	Totale
Sensibilità	99,52%	98,56%	98,68%	99,04%	99,52%	95,55%	98,32%	98,45%
Specificità	99,98%	99,97%	99,95%	99,96%	99,95%	99,80%	99,96%	99,95%
Precisione	99,52%	98,56%	98,68%	99,04%	99,52%	95,55%	98,32%	98,45%
Valore predittivo negativo	99,98%	99,97%	99,95%	99,96%	99,95%	99,80%	99,96%	99,95%
Classificazione corretta del tipo	99,97%	99,94%	99,91%	99,92%	99,91%	99,61%	99,92%	99,90%

### 1.8.2 Holotype HLA v2

Sono stati analizzati complessivamente 176 campioni. I dati di sequenziamento sono stati generati utilizzando Holotype HLA versione 2.

Misura	HLA-A	HLA-B	HLA-C	HLA-DPA1	HLA-DPB1	HLA-DQA1	HLA-DQB1	HLA-DRB1	HLA-DRB3	HLA-DRB4	HLA-DRB5	Totale
Sensibilità	100,00%	98,58%	97,73%	99,71%	98,86%	95,71%	96,88%	99,43%	98,21%	89,71%	98,28%	97,58%
Specificità	100,00%	99,98%	99,93%	99,97%	99,96%	99,76%	99,84%	99,99%	99,64%	96,57%	99,43%	99,90%
Precisione	100,00%	98,58%	97,73%	99,71%	98,86%	95,71%	96,88%	99,43%	98,21%	89,71%	98,28%	97,58%
Valore predittivo 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%
Classificazione corretta del tipo	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 Note di rilascio

Per l'elenco delle nuove funzionalità e delle correzioni di bug, consultare la sezione *Release Notes* all'indirizzo <https://www.omixon.com/support-and-resources/hla-twin/>

## 1.10 Bibliografia

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

## 2 Guida introduttiva

### 2.1 Accesso

Dopo l'inizializzazione del software HLA, l'utilizzatore deve accedere all'applicazione. Inserire il nome utente e la password nei campi e fare clic su login. Al primo accesso viene creato un superutilizzatore.

### 2.2 Genotyping Dashboard (Dashboard genotipizzazione)

Dopo l'accesso viene visualizzato il dashboard della genotipizzazione. Si tratta del dashboard principale del software. Qui sono disponibili tutte le funzioni per la genotipizzazione.

Il dashboard è composto dalle seguenti schermate secondarie:

- **Pannello informazioni:** contiene le funzioni principali e alcune informazioni di alto livello riguardo alla cartella e ai file selezionati attualmente. Inoltre, mostra informazioni sull'utilizzatore corrente e sul database IMGT attivo, oltre a fornire alcune funzioni di navigazione.
- **File browser:** questa porzione della schermata può essere utilizzata per la navigazione tra tutte le cartelle accessibili.

Il pannello informazioni è situato nella parte superiore dello schermo. È composto da 3 diverse sezioni.

- La parte superiore mostra:
  - l'ID dell'utilizzatore corrente,
  - il pannello del widget di utilizzo della memoria,
  - il pannello di stato del gestore dei processi,
  - il pulsante dell'esercitazione iniziale,
  - il pulsante di disconnessione,
  - il pulsante di uscita.
- La parte centrale mostra:
  - i pulsanti di navigazione: Back, Forward, Up e Home (Indietro, Avanti, Fino a e Inizio) (Home riporta al dashboard della genotipizzazione.)
  - a destra dei pulsanti di navigazione sono visualizzate le informazioni disponibili sul database IMGT in uso
  - nella parte destra dello schermo è possibile trovare i segnalibri e pulsanti di aiuto specifici del contesto.
- La parte inferiore contiene una serie di pulsanti che permettono di scegliere tra le funzioni principali del dashboard:
  - opzioni di tipizzazione e analisi dei dati per l'invio della genotipizzazione
  - opzioni di tipizzazione e analisi dei dati per la visualizzazione dei risultati
  - funzioni del file browser per navigare tra i campioni e le cartelle
  - Impostazioni dell'applicazione

La sezione principale della schermata contiene il file browser, che permette di navigare facendo clic sui nomi delle unità e delle cartelle come in un normale browser. È possibile utilizzare il browser per navigare fino alla cartella dove sono conservati i campioni di genotipizzazione. Ciascun file dei campioni è contrassegnato con un piccolo simbolo del DNA e possiede un nome univoco uguale al nome generato dal foglio campioni. Per le letture accoppiate, il software accoppia automaticamente i file a seconda del nome dei file e, al fine di ridurre la ridondanza e semplificare la navigazione, nel file browser è visualizzato solo il file FASTQ "R1". Posizionando il cursore del mouse sul file dei campioni è possibile osservare le dimensioni di ciascun file FASTQ.

Dopo l'analisi di un campione, nel file browser viene visualizzato un altro file, ossia il file dei risultati della genotipizzazione. L'estensione del file dei risultati è .htr. Per impostazione predefinita, tutti i file dei risultati sono salvati automaticamente nella stessa cartella dove sono contenuti i dati del campione. Ogni file di analisi è contrassegnato con un piccolo simbolo di tabella. Il nome del file di analisi è composto dal nome del campione e da data e ora di invio dell'analisi. Posizionando il cursore del mouse sul file di analisi è possibile osservare tutte le informazioni disponibili relative all'analisi. Quando si guarda un file .htr, sulla destra è disponibile un riepilogo della qualità di alto livello per



i risultati della tipizzazione. I risultati sono annotati con un sistema “a semaforo”. Come in un semaforo, sono utilizzati tre colori, ciascuno con un significato diverso. A differenza di un semaforo reale, sono possibili colori “misti”.

Le funzioni della genotipizzazione sono disabilitate (i pulsanti appaiono in grigio) se sullo schermo non sono visualizzati campioni. I pulsanti della genotipizzazione diventano disponibili quando viene individuato un file FASTQ (o un altro formato supportato).

Per inviare un'analisi, consultare la sezione Analisi.

È possibile trovare informazioni dettagliate su questa schermata e su tutte le funzioni disponibili nella sezione Dashboard genotipizzazione del Manuale Omixon (Omixon Handbook/Genotyping Dashboard).

## 2.3 Analisi

Quando viene localizzato almeno un campione, diverse opzioni per l'avvio della genotipizzazione diventano disponibili.

### 2.3.1 Genotipizzazione semplice - raccomandata per i campioni Holotype

La genotipizzazione con i parametri predefiniti può essere avviata facendo clic sul pulsante “Analyse” (“Analizza”) disponibile nella riga di ciascun campione. È possibile tipizzare campioni multipli con il protocollo Holotype selezionandoli, facendo clic e premendo il tasto Ctrl o Maiusc, e facendo clic sul pulsante di genotipizzazione semplice (Simple Genotyping) nel menu superiore. È possibile confermare l'esecuzione della tipizzazione controllando il gestore dei processi visualizzato nell'angolo in alto a destra. È possibile trovare informazioni dettagliate su questa e su altre funzioni correlate, come sulla genotipizzazione con parametri personalizzati e sulla rianalisi dei campioni, nella sezione Dashboard genotipizzazione di questa guida per l'utilizzatore.

### 2.3.2 Risultati

Quando lo stato nel gestore dei processi raggiunge il 100%, un nuovo file di risultati compare nel File browser. Se diversi campioni sono tipizzati contemporaneamente, ciascun risultato sarà disponibile non appena pronto e sarà possibile visualizzare i primi risultati mentre la tipizzazione dei restanti campioni è ancora in corso. I file dei risultati sono accompagnati da un risultato di riepilogo rapido a semaforo ed è possibile visualizzare ulteriori dettagli facendo clic sul pulsante “View” (“Visualizza”) alla fine di ciascuna riga. Per visualizzare più risultati, selezionarli con il tasto Ctrl o Maiusc e fare clic sul pulsante “View results” (“Visualizza i risultati”) nel menu superiore.

Quando si lavora con i risultati delle analisi nel software Omixon HLA, si tenga presente che le sequenze dei primer non influenzano i risultati in quanto sono eliminate prima dell'analisi. È possibile trovare informazioni dettagliate sull'interpretazione dei risultati nelle sezioni Risultati dell'analisi della genotipizzazione e Risultati della genotipizzazione per il campione di questa guida per l'utilizzatore.

## 2.4 Risultati dell'analisi della genotipizzazione

Come descritto nella sezione Risultati, è possibile visualizzare i risultati selezionando uno o più campioni e facendo clic sul pulsante “View results” (“Visualizza i risultati”). In questo modo verrete portati alla successiva sezione di HLA Twin: Risultati dell'analisi della genotipizzazione.

**i Nota**  
Se in un locus vengono trovati oltre 50 risultati migliori, l'LD non sarà calcolato. Premendo il pulsante “Show LD details” (Mostra dettagli LD) non saranno visualizzate informazioni.

Nella sezione dei risultati dell'analisi della genotipizzazione è possibile notare la divisione in due parti principali:

- Il pannello informazioni, la cui struttura è in gran parte uguale a quella del pannello informazioni nel dashboard della genotipizzazione (vedere sopra per ulteriori dettagli)
- La tabella dei risultati, che contiene un riassunto dei risultati dei campioni precedentemente selezionati.

La parte inferiore del pannello informazioni contiene una serie di pulsanti che permettono di scegliere tra le funzioni principali del dashboard.

- Dettagli del campione e visualizzazione dell'allineamento
- Pulsanti di impostazione della schermata
- Pulsanti di allineamento

- Tabella di esportazione
- Ulteriori opzioni per commentare/approvare il campione, cancellare l'approvazione del campione e visualizzare il disequilibrio di associazione

Nella tabella dei risultati della sezione dei risultati dell'analisi della genotipizzazione è visualizzato un riepilogo ad alto livello dei risultati per ciascun locus di ogni campione.

La tabella contiene le seguenti colonne:

- Approval (approvazione)
  - Indica se un campione è stato approvato, è pronto per l'approvazione o è ancora in elaborazione
- Sample (campione)
  - Contiene il nome del file .htr generato in base al nome del campione e la data e l'ora di invio dell'analisi.
  - Se un campione è stato analizzato più volte, l'ordine di visualizzazione dei campioni rispecchia l'ordine dell'analisi. È possibile servirsi di data e ora per rintracciare le analisi effettuate in diversi momenti.
- Allele
  - Mostra i due alleli Allele 1 e Allele 2 in righe diverse
- Colonne separate per i loci analizzati
  - A sinistra dei risultati è visualizzato un piccolo simbolo di spunta che indica se quello visualizzato è il "Best matching allele" (allele con il migliore risultato). È possibile assegnare questo risultato facendo clic sul simbolo di spunta: il simbolo diventerà verde, a indicare l'assegnazione del risultato.







Accanto al simbolo di spunta sono visualizzati degli indicatori a semaforo.

- Semaforo di concordanza:  
il sistema del semaforo di concordanza può mostrare i seguenti risultati:

- (verde): i risultati della SG e della CG concordano pienamente (al 3° campo);
- (giallo): i risultati della SG e della CG concordano fino a 4 cifre (al 2° campo);
- (rosso/giallo): i risultati della SG e della CG concordano fino a 2 cifre (al 1° campo);
- (rosso): i risultati della SG e della CG sono discordanti.

Da notare che il semaforo di concordanza è visualizzato solo per gli alleli con il migliore risultato. Il secondo semaforo si basa sulle misure di controllo della qualità (QC) al livello del locus.

- Semaforo di controllo della qualità:  
Le icone si basano sulle misure di controllo della qualità al livello del locus.
  - (verde) - SUPERATO: il locus ha superato tutti i test di QC;
  - (giallo/verde) - INFORMAZIONI: uno o più test di QC hanno prodotto risultati inferiori alla media;
  - (giallo) - ISPEZIONARE: uno o più test di QC hanno prodotto risultati sospetti, pertanto è richiesta una ispezione manuale dei risultati;
  - (rosso/giallo) - INVESTIGARE: uno o più test di QC hanno evidenziato una qualità bassa, pertanto sono necessarie un'ispezione manuale e, forse, una rianalisi;
  - (rosso) - NON SUPERATO: uno o più test di QC hanno evidenziato una qualità molto bassa, pertanto è necessaria un'ispezione manuale per determinare la causa e, probabilmente, un nuovo sequenziamento o tipizzazione del locus o del campione con metodi alternativi.
- Gli alleli possono essere contrassegnati da ulteriori informazioni:
- Gli alleli visualizzati in blu sono omozigoti.
- Gli alleli rari sono contrassegnati con un'icona a punto esclamativo 🚩.

- Gli alleli contenenti scoperte a livello esonico (oppure esonico e intronico) sono contrassegnati con , mentre gli alleli contenenti solo scoperte a livello intronico sono contrassegnati con .
- Gli alleli sbilanciati sono visualizzati in corsivo.
- Gli alleli con sequenza estesa dell'allele sono contrassegnati con un' *icona più* .
- Se un allele minore con amplificazione bassa nota è presente nell'elenco degli alleli minori sbilanciati, tale allele è contrassegnato con . In questo caso si raccomanda vivamente la validazione del risultato omozigote utilizzando un metodo di genotipizzazione alternativo (ad es. SSO).
- Gli alleli emizigoti sono contrassegnati con !. Nel caso in cui un locus fosse emizigote, solo un allele viene visualizzato mentre l'altra cella rimane vuota. Se è impossibile determinare la zigosità di un locus in base ai dati disponibili, gli alleli sono contrassegnati con ?.

Posizionando il mouse sulle varie sezioni della tabella, viene visualizzata una finestra popup contenente le ulteriori informazioni disponibili sulle sezioni.

Dal dashboard dei risultati dell'analisi della genotipizzazione è possibile visualizzare i risultati della genotipizzazione per il campione oppure passare direttamente al Genome Browser (esploratore del genoma).

Nella schermata dei risultati della genotipizzazione per il campione è possibile visualizzare nel dettaglio le metriche di prestazione del campione analizzato. Per visualizzare questa schermata, selezionare un campione e fare clic sul pulsante "Sample Details" ("Dettagli del campione") nella riga inferiore della sezione superiore.

Nel Genome Browser (browser del genoma) è possibile visualizzare nel dettaglio i risultati per ciascuno dei loci tipizzati. Per aprire il browser, selezionare un campione e fare clic sul pulsante "Browse Alignment" ("Esplora l'allineamento") nella riga inferiore della sezione superiore.

Per ulteriori informazioni, vedere la sezione Risultati dell'analisi della genotipizzazione del Manuale Omixon (Omixon Handbook/Genotyping Analysis result).

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

## 2.5 Risultati della genotipizzazione per il campione

Nella sezione Risultati della genotipizzazione per il campione è possibile controllare nel dettaglio i risultati della genotipizzazione, le metriche di qualità e le statistiche dei dati per ciascun locus del campione selezionato.

È possibile suddividere la sezione Risultati della genotipizzazione per il campione in due parti principali:

- Pannello informazioni, la cui struttura è in gran parte uguale a quella del pannello informazioni nel dashboard della genotipizzazione (vedere sopra per ulteriori dettagli)
- Il pannello dettagli, dove sono visualizzati i risultati della genotipizzazione, le metriche di qualità e le statistiche dei dati

La parte inferiore del pannello informazioni contiene una serie di pulsanti che permettono di scegliere tra le funzioni principali del dashboard.

- Apertura del browser
- Dettaglio delle informazioni sulla genotipizzazione
- Personalizzazione dei risultati visualizzati
- Assegnazione degli alleli
- Commenti

Nel pannello dei dettagli è possibile visualizzare i contenuti di una di 3 diverse schede:

- **Genotype (Genotipo)**
  - Nella sezione Genotype (Genotipo) è possibile verificare il genotipo selezionato dal software.
  - Inoltre, è possibile aggiungere/rimuovere alleli manualmente
- **Quality control (Controllo della qualità)**
  - Per tutti i locus sono calcolate diverse misure di controllo della qualità. Ogni misura di ciascun locus è contrassegnata con un sistema a semaforo.

- La tabella del controllo della qualità ha una colonna per tutte le metriche e colonne separate per ciascuno dei loci visualizzati.
  - La riga "Overall" ("globale") indica il risultato globale per ciascuno dei singoli loci, visualizzato secondo il sistema a semaforo.
  - Nella tabella, ciascuna metrica ha la propria riga. Accanto al nome della metrica è visualizzato un piccolo simbolo "i". Posizionando il mouse sul simbolo "i", viene visualizzata una finestra popup contenente una descrizione più dettagliata sulla metrica selezionata.
  - Per ogni metrica è visibile un semaforo, il valore della metrica e un piccolo simbolo "i" con informazioni sulle soglie specifiche della metrica. Posizionando il mouse sul simbolo "i", viene visualizzata una finestra popup contenente informazioni più dettagliate sulle soglie della metrica selezionata.
- Data Statistics (Statistiche dei dati)
    - Sezione Overview (Panoramica) - Qui sono disponibili le conte e le proporzioni delle read per diversi passaggi dell'analisi.
    - Sezione Allele imbalance (Sbilanciamento alleli) - La figura mostra lo sbilanciamento degli alleli per regione per tutti i geni.
    - Sezione Fragment size (Dimensione frammenti) - L'istogramma mostra la distribuzione delle dimensioni dei frammenti per le read accoppiate.
    - Sezione Read quality (Qualità read) - Il grafico mostra la qualità delle basi per 5 basi per le read elaborate. Le posizioni delle read sono sull'asse x, mentre i valori di qualità sono sull'asse y.

È possibile selezionare loci diversi dal lato sinistro della sezione inferiore.

È possibile entrare nel Genome Browser dei loci selezionati facendo clic sui pulsanti "Browse Alignment", "Browse Allele 1" e "Browse Allele 2" ("Esplora l'allineamento/l'allele 1/l'allele 2", rispettivamente).

Per ulteriori informazioni, vedere la sezione Risultati della genotipizzazione per il campione nel Manuale Omixon (Omixon Handbook/ Genotyping Sample result).

## 2.6 Gene Browser (esploratore dei geni)

This page has not yet been translated to Italian.

## 2.7 Settings Dashboard (Dashboard impostazioni)

This page has not yet been translated to Italian.

## 3 Guida all'installazione

Il nostro software può essere installato sui seguenti sistemi operativi

- Windows
- Linux
- Mac OS X

### 3.1 Windows

Forniamo un pacchetto di installazione per i sistemi operativi Windows in combinazione con un Java Runtime Environment (JRE). Il software Omixon HLA è stato testato su Windows 7, Windows 8/8.1 e Windows 10 a 64 bit.

#### 3.1.1 Fasi dell'installazione

- Lanciare il file eseguibile - compare la finestra di installazione guidata
  - Se HLA Twin è stato già installato, scegliere "Yes, update the existing installation" ("Sì, aggiorna l'installazione presente") nella finestra di installazione guidata
  - Se si vuole eseguire un'installazione pulita, scegliere "No, install to a different directory" ("No, installa in un'altra directory) nella finestra di installazione guidata
  - Dopo la scelta, fare clic su next
- Accettare l'accordo di licenza del software per procedere nell'installazione, quindi fare clic su next
- Selezionare il percorso di installazione dell'applicazione, quindi fare clic su next
- Selezionare la cartella in cui saranno conservati i file dei dati permanenti.
  - Se HLA Twin è stato già installato, non cambiare il percorso suggerito in quanto coincide con la cartella contenente il database utilizzato in precedenza.
  - Dopo aver scelto la cartella, fare clic su next
- Scegliere la cartella dei file temporanei, quindi fare clic su next
- Impostare un quantitativo massimo di memoria che può essere utilizzato dall'applicazione
- Solo per l'installazione del server Omixon HLA Typer: Impostare l'indirizzo IP e la porta del server *Omixon HLA*
- Selezionare la cartella del menu Start
  - Se si vuole creare la cartella del menu Start, spuntare la casella "Create Start Menu folder" ("Crea la cartella del menu Start") e introdurre il nome della cartella
  - Se si vuole che la cartella sia visibile per tutti gli utenti, fare clic sulla casella "Create shortcuts for all users" (Creare un collegamento per tutti gli utenti")
  - Fare clic su next e procedere con l'installazione
- L'installazione è terminata e la finestra di dialogo Completing the Omixon HLA Setup ("Installazione di Omixon HLA finalizzata") ne indica il successo

L'applicazione può essere avviata facendo clic sull'icona di avvio oppure aprendo il file eseguibile nella cartella dell'applicazione. Per ulteriori informazioni e per le fasi dettagliate della disinstallazione, vedere la Guida estesa all'installazione nel Manuale Omixon.

### 3.2 Linux

Forniamo un pacchetto di installazione per i sistemi operativi Linux in combinazione con un Java Runtime Environment (JRE):

I pacchetti di installazione sono script della shell su file singolo, adatti all'installazione su varie distribuzioni di Linux.

Il software di installazione scaricato non necessita di permessi per essere eseguito direttamente. Aprire una finestra del terminale per renderlo eseguibile con il seguente comando:

```
chmod +x nome_software_installazione
```



Il software può essere quindi eseguito con il seguente comando:

```
./nome_software_installazione
```

### 3.2.1 Fasi dell'installazione

- Lanciare lo script della shell del software di installazione - compare la finestra di installazione guidata
  - Se HLA Twin è stato già installato, selezionare “Yes, update the existing installation” (“Sì, aggiorna l'installazione presente”) nella finestra di installazione guidata
  - Se si vuole eseguire un'installazione pulita, selezionare “No, install to a different directory” (“No, installa in un'altra directory”) nella finestra di installazione guidata
  - Dopo la scelta, fare clic su next
- Accettare l'accordo di licenza del software per procedere nell'installazione, quindi fare clic su next
- Selezionare il percorso di installazione dell'applicazione, quindi fare clic su next
- Selezionare la cartella in cui saranno conservati i file dei dati permanenti.
  - Se HLA Twin è stato già installato, non cambiare il percorso suggerito in quanto coincide con la cartella contenente il database utilizzato in precedenza.
  - Dopo aver scelto la cartella, fare clic su next
- Scegliere la cartella dei file temporanei, quindi fare clic su next
- Impostare un quantitativo massimo di memoria che può essere utilizzato dall'applicazione
- Solo per l'installazione del server Omixon HLA Typer: Impostare l'indirizzo IP e la porta del server *Omixon HLA*
- Selezionare la cartella per i collegamenti simbolici, fare clic su next e procedere con l'installazione
- L'installazione è terminata e la finestra di dialogo Completing the Omixon HLA Setup (“Installazione di Omixon HLA finalizzata”) ne indica il successo

Un'icona dell'applicazione viene inserita nel menu Sistema. Facendo clic su questa icona, l'applicazione viene avviata ed è pronta all'utilizzo.

Per ulteriori informazioni e per le fasi dettagliate della disinstallazione, vedere la Guida estesa all'installazione nel Manuale Omixon.

### 3.3 Mac OS X

Poiché Mac OS X è un sistema operativo esclusivamente a 64 bit e il Java Runtime Environment è aggiornato periodicamente, il software di installazione non contiene un Java Runtime Environment (JRE).

In questo modo si evitano conflitti tra i diversi JRE, benché si possano verificare problemi di incompatibilità. La versione JRE richiesta è: 1.8  
Se Java non è installato sul vostro Mac, esso sarà scaricato automaticamente durante l'installazione.

#### 3.3.1 Fasi dell'installazione

- Aprire il software di installazione compresso dentro un file DMG. Fare clic sull'icona *Omixon HLA Installer.app*
  - Se HLA Twin è stato già installato, scegliere “Yes, update the existing installation” (“Sì, aggiorna l'installazione presente”) nella finestra di installazione guidata
  - Se si vuole eseguire un'installazione pulita, scegliere “No, install to a different directory” (“No, installa in un'altra directory”) nella finestra di installazione guidata
  - Dopo la scelta, fare clic su next
- Accettare l'accordo di licenza del software per procedere nell'installazione, quindi fare clic su next
- Utilizzare il percorso di installazione predefinito per installare l'applicazione, quindi fare clic su next
- Utilizzare il percorso predefinito per la cartella dei dati dove saranno conservati i dati permanenti, per esempio i risultati



- Selezionare la cartella dei file temporanei, fare clic su next e procedere con l'installazione
- Impostare un quantitativo massimo di memoria che può essere utilizzato dall'applicazione
- L'installazione è terminata e la finestra di dialogo Completing the Omixon HLA Setup ("Installazione di Omixon HLA finalizzata") ne indica il successo

È ora disponibile *Omixon HLA* nell'elenco Applicazioni. Facendo clic sull'icona *Omixon-HLA*, l'applicazione viene avviata ed è pronta all'utilizzo.

Per ulteriori informazioni e per le fasi dettagliate della disinstallazione, vedere la Guida estesa all'installazione nel Manuale Omixon.

## 4 Omixon HLA Server

Omixon HLA Server accetta connessioni simultanee di diversi client. Ciò consente la collaborazione e la condivisione dei risultati dell'analisi tra gli utilizzatori.

Inoltre, la versione client-server è dotata di un servizio di automazione che permette la tipizzazione automatizzata dei campioni non appena essi sono prodotti. Prima di utilizzare il servizio, è necessario definire i dettagli del protocollo, la frequenza di elaborazione, l'identificazione dei campioni e diversi altri parametri; contattate [support@omixon.com](mailto:support@omixon.com)<sup>5</sup> per ottenere supporto.

### 4.1 Installazione

Omixon fornisce tre software di installazione separati per la versione server:

- Server installer: contiene i server *Omixon HLA* e *Omixon HLA Typer* e un client singolo;
- Client installer: contiene solo il client;
- Typer server installer: contiene solo il server *Omixon HLA Typer*.

Nel server è incluso un client, perciò non è necessario installare un client separatamente sul computer server.

Per eseguire i software di installazione del server sono necessari i diritti di amministratore di sistema. Inoltre, in caso di assenza di GUI i software di installazione del server possono essere installati tramite riga di comando (contattare [support@omixon.com](mailto:support@omixon.com)<sup>6</sup> per ulteriori dettagli). L'installazione del client non richiede i diritti di amministratore di sistema.

Per le fasi dell'installazione guidata, consultare le Guide all'installazione per il vostro sistema operativo disponibili nelle sezioni precedenti di questo manuale.

Interrompere eventuali altri software Omixon prima dell'installazione del server e assicurarsi di selezionare la cartella di installazione appropriata, a seconda che si tratti di un'installazione pulita o di un aggiornamento.

È possibile copiare il software di installazione del client e utilizzarlo su diversi PC. Se è già installata una versione desktop, assicurarsi di selezionare un percorso di installazione diverso per non sovrascrivere l'installazione esistente.

### 4.2 Lancio dei server

#### 4.2.1 Nota importante

*Il server si avvia automaticamente dopo l'installazione. Se è stato installato precedentemente, di solito il server si avvia all'accensione del computer.*

*Prima della connessione del primo client, è necessario configurare il server. Le nuove impostazioni sono applicate quando il server viene avviato/riavviato dopo il salvataggio del file di configurazione.*

#### 4.2.2 Linux

Aprire la cartella di installazione e avviare il daemon del server aprendo il file eseguibile del server dalla riga di comando con uno dei seguenti argomenti di input. Gli argomenti disponibili sono elencati quando il server viene lanciato senza argomenti.

Utilizzo

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

---

<sup>5</sup> <mailto:support@omixon.com>

<sup>6</sup> <mailto:support@omixon.com>



start	stop	status	restart o force-reload
Avvia il server se il suo stato è arrestato.	Arresta il server se il suo stato è avviato.	Visualizza lo stato di esecuzione del server.	Riavvia o avvia il server se non è in esecuzione.

Per impostazione predefinita, l'avvio automatico non è impostato. Per impostare l'avvio automatico e specificare il livello di esecuzione per l'avvio del servizio, utilizzare una utilità di configurazione dei servizi come `chkconfig update-rc.d`.

## 4.2.3 Windows

Per avviare, arrestare e impostare il tipo di avvio per i server *Omixon HLA* e *Omixon HLA Typer*, entrare in "Pannello di controllo → Strumenti di amministrazione → Servizi" e modificare le proprietà del servizio 'Omixon HLA Server' oppure 'Omixon HLA Typer Server'. Per impostazione predefinita, il tipo di avvio viene impostato su automatico e il servizio viene attivato sotto l'account dell'utente di sistema.

## 4.3 Configurazione dell'ambiente del server

### 4.3.1 Impostazioni lato client

Per iniziare con le impostazioni predefinite e collegarsi al server con un client, l'unica configurazione necessaria consiste nel fornire l'indirizzo IP o il nome dell'host del server *Omixon HLA* e la porta di accesso per il client.

A tale scopo, avviare il client e cliccare sul pulsante "Switch server" ("Cambia il server") in basso nella finestra popup. Passare a "Add new server" ("Aggiungi un nuovo server") e indicare l'indirizzo IP nella casella "Server host" ("Host del server"). Cliccare su "Add" ("Aggiungi") per terminare l'elaborazione della connessione e cliccare su "Connect" sulla nuova scheda server per connettersi con il client.

#### **IMPORTANTE**

*È possibile stabilire una connessione solo quando server e client utilizzano la stessa edizione (CE o RUO) e versione (2.5.1, 2.6.0 ecc.). Qualora fossero diversi, ad esempio perché il server utilizza una versione più recente rispetto al client, durante il tentativo di connessione viene visualizzato un messaggio di errore.*

### 4.3.2 Configurazione lato server

I seguenti file di configurazione sono i segnaposto dei server:

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

### Modifica della configurazione

Se è necessario effettuare una modifica manuale della configurazione, è possibile farlo elaborando il file di configurazione del server al termine dell'installazione. I file di configurazione vengono archiviati nella directory di installazione e hanno un'estensione "vmoptions". Poiché entrambi i server e il client associato nel pacchetto hanno file di configurazione con la stessa estensione, è necessario accertarsi che il file di configurazione modificato sia quello che corrisponde al server.

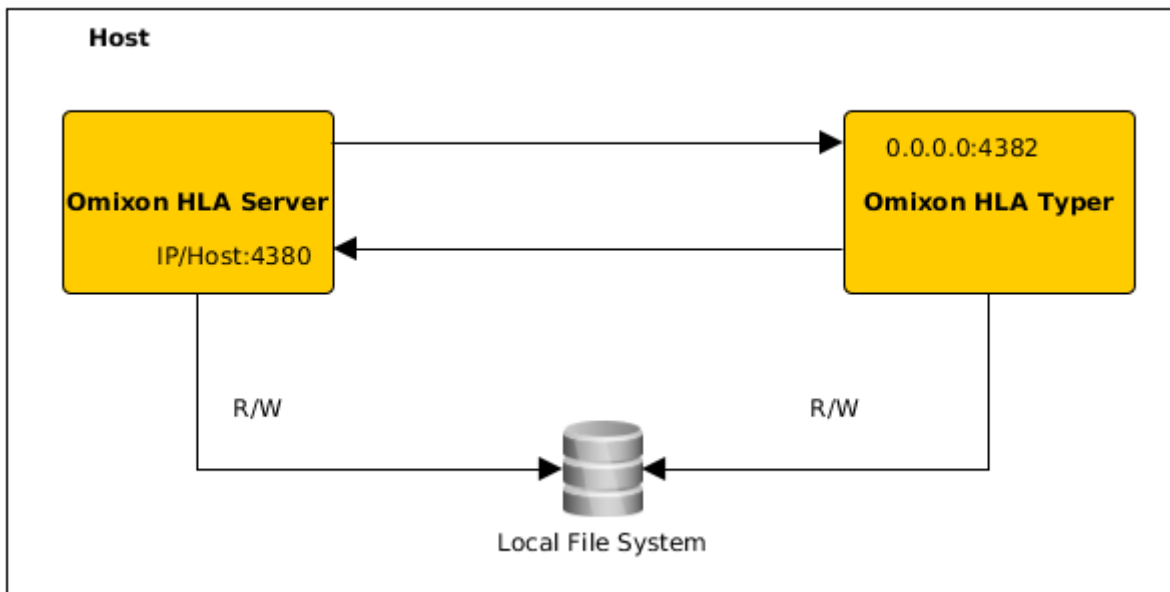
Le modifiche hanno effetto solo dopo aver riavviato il server.

#### **IMPORTANTE**

*L'ultima riga nel file vmoptions dev'essere seguita da un ritorno a capo.*

### Tipi di installazione

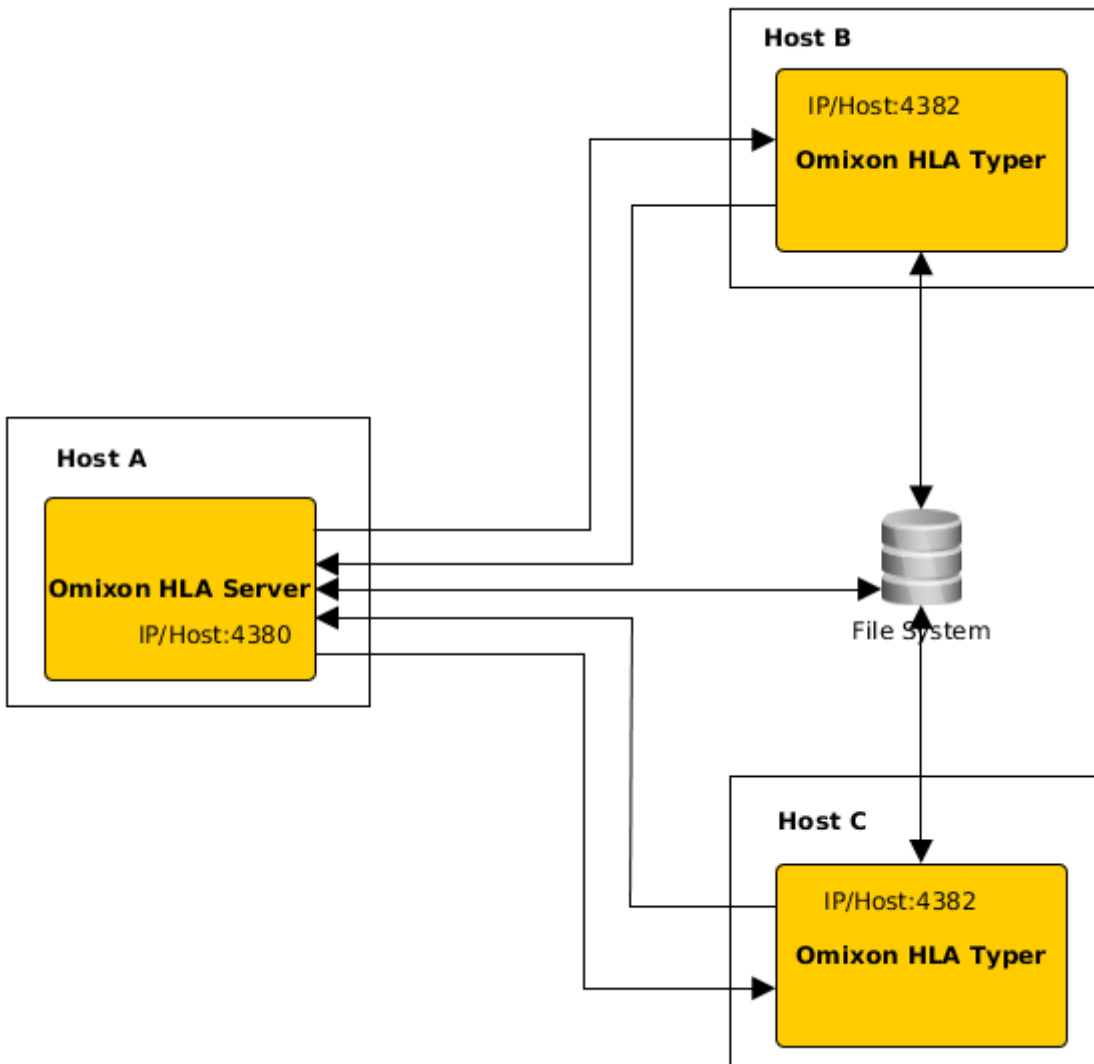
**Installazione predefinita:** I server *Omixon HLA* e *Omixon HLA Typer* sono installati sullo stesso host. Per completare l'installazione in questo modo, è sufficiente eseguire il Server installer, che include entrambi i server.



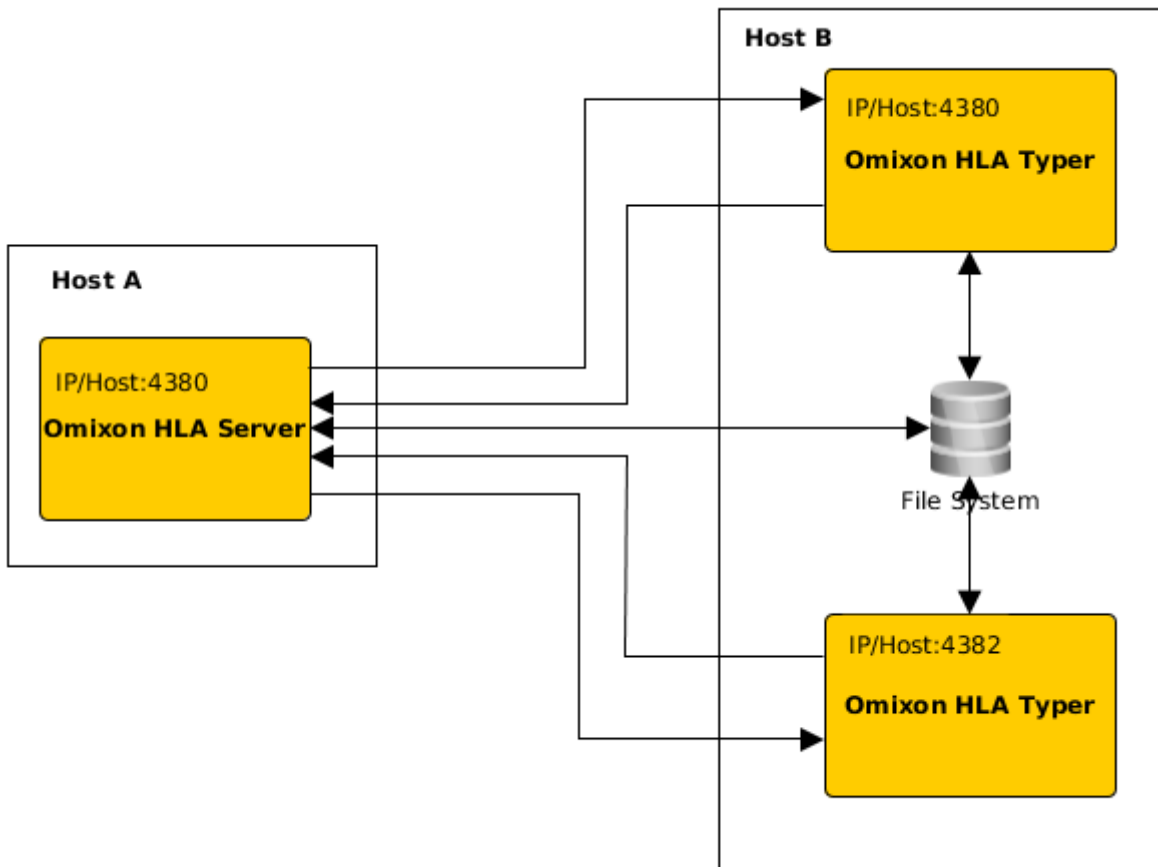
### Nota

*I client non possono accedere direttamente al server Omixon Typer, ma solo attraverso il server Omixon HLA.*

**Server Omixon HLA Typer su un host diverso:** Dal momento che il server *Omixon HLA Typer* richiede più risorse hardware (CPU, RAM), è possibile installarlo su un host diverso al fine di ottenere una performance migliore. A tale scopo, è necessario installare il server *Omixon HLA* su un host mediante l'installazione predefinita (vedere sopra) e il server *Omixon HLA Typer* su un altro host utilizzando il *Typer server installer*. In caso di attività di genotipizzazione raggruppate, l'analisi dei campioni può essere distribuita tra le istanze *Omixon HLA Typer* configurate. Tali istanze possono essere distribuite su host diversi (vedere sotto)



oppure, se sull'host sono disponibili più risorse hardware, sulla stessa macchina:



In questo tipo di distribuzione, i file *omixon-hla-[twin | explore]-typer-server.vmoptions* devono contenere quanto segue:

- Domixon.server.host=IP/hostname del server Omixon HLA
- Domixon.server.port=porta del server Omixon HLA (valore predefinito: 4380)
- Dtyper.server.host=IP/host del server Omixon HLA Typer
- Dtyper.server.port=porta del server Omixon HLA Typer

### IMPORTANTE

*Per il momento è necessario installare tutti i server su host con lo stesso sistema operativo (Windows o Linux). I sistemi eterogenei non sono supportati.*

### Preparazione del file system

Se i server *Omixon HLA* e *Omixon HLA Typer* sono installati sullo stesso host (installazione predefinita), non è necessario eseguire ulteriori configurazioni del file system. In caso contrario, occorre eseguire preliminarmente queste operazioni:

I server *Omixon HLA* e *Omixon HLA Typer* devono disporre dell'accesso in lettura alla cartella in cui sono archiviati i file relativi ai campioni. Inoltre, lo spazio di archiviazione dei file relativi ai campioni deve avere lo stesso percorso su entrambi gli host affinché i file relativi ai campioni siano accessibili da entrambi i server.

### IMPORTANTE

*Se si desidera modificare i file relativi ai campioni (per esempio copiandoli, spostandoli o eliminandoli), anche il server Omixon HLA deve disporre dell'accesso in scrittura allo spazio di archiviazione.*

Inoltre, sia il server *Omixon HLA* che il server *Omixon HLA Typer* utilizzano una cartella di lavoro dedicata per lo scambio dei file, nella quale sono estratti o trascritti, per esempio, il database di riferimento, i risultati della genotipizzazione, ecc. Entrambi i nodi devono poter accedere a questa cartella e disporre delle autorizzazioni di lettura e scrittura.



È necessario impostare il percorso di questa cartella di lavoro nei file *omixon-hla-[edition]-server.vmoptions* e *omixon-hla-[edition]-typer-server.vmoptions* nelle variabili *-Dogve.temp.dir* e *-Djava.io<sup>7</sup>.tmpdir*.

## Impostazioni del server Omixon HLA

Il server *Omixon HLA* può essere configurato modificando il file *omixon-hla-[edition]-server.vmoptions* presente nella directory di installazione del software.

### Impostazione host e porta comunicazione

Può essere necessario impostare i parametri host e porta. Per farlo, modificare i seguenti parametri predefiniti:

*-Domixon.server.host=0.0.0.0*

*-Domixon.server.port=4380*

#### Host

Il valore del parametro *-Domixon.server.host* può essere l'hostname (es.: *omixon-server*), il nome completo del dominio (es.: *omixon-server.mycompany.com<sup>8</sup>*) o l'indirizzo IP della macchina sulla quale è in esecuzione il server *Omixon HLA*.

#### **IMPORTANTE**

*Nella configurazione della connessione del client, 'Server host' va impostato sullo stesso valore di '-Domixon.server.host' nella configurazione del server Omixon HLA.*

*Accertarsi che l'hostname del server risolva allo stesso IP sulle macchine server e client, altrimenti i client riceveranno un errore di connessione rifiutata. È un problema di configurazione comune che l'hostname risolva a un IP differente sul server (es. a 127.0.0.1 tramite un'interfaccia di rete interna) e questo causa il rifiuto della connessione.*

*È sempre sicuro specificare un indirizzo IP esatto sia per il server che per i client che sia raggiungibile da tutte le macchine associate nella rete.*

#### Porta

Si consiglia di lasciare l'impostazione predefinita della porta per *-Domixon.server.port*, ma, se fosse necessario modificarla (vedere le indicazioni fornite sopra), è possibile cambiarla e sostituirla con qualsiasi porta. Accertarsi che sia la porta configurata che la successiva siano libere e accessibili, in quanto saranno utilizzate per la comunicazione tra il server e il/i client.

#### **IMPORTANTE**

*Verificare che la porta impostata e la successiva siano entrambe libere per l'uso sulle macchine server e client.*

## Impostazioni del server Omixon HLA Typer

Il server *Omixon HLA Typer* può essere configurato modificando il file *omixon-hla-[edition]-typer-server.vmoptions* presente nella directory di installazione del software.

Se i server *Omixon HLA* e *Omixon HLA Typer* sono installati sullo stesso host (installazione dei server predefinita), l'impostazione predefinita è sufficiente per la comunicazione HTTP tra i due server.

Se il server *Omixon HLA Typer* è installato su un altro host, è necessario modificare i valori di configurazione di conseguenza. Inoltre, occorre modificare anche l'indirizzo IP/l'hostname del server *Omixon HLA Typer*:

*-Domixon.server.host=IP/hostname del server Omixon HLA*

*-Domixon.server.port=porta del server Omixon HLA (valore predefinito: 4380)*

*-Dtyper.server.host=IP/hostname del server Omixon HLA Typer*

*-Dtyper.server.port=porta del server Omixon HLA Typer*

---

<sup>7</sup> <http://Djava.io>

<sup>8</sup> <http://twin-server.mycompany.com>

## Esempi di configurazione dei server

### **Server Omixon HLA e primo server Omixon HLA Typer su un host, secondo server Omixon HLA Typer su un altro host**

- Installare il server *Omixon HLA* su un host con il Server installer e il server *Omixon HLA Typer* su un altro host con il Typer server installer.
- I file *omixon-hla-[edition]-server.voptions* e *omixon-hla-[edition]-typer-server.voptions* sull'host del server *Omixon HLA* devono contenere:

```
-Domixon.server.host=<indirizzo IP o hostname dell'host del server Omixon HLA>  
-Domixon.server.port=4380
```

- Il file *omixon-hla-[edition]-typer-server.voptions* sull'host del server *Omixon HLA Typer* deve contenere:

```
-Domixon.server.host=<indirizzo IP o hostname dell'host del server Omixon HLA>  
-Domixon.server.port=4380  
-Dtyper.server.host=<indirizzo IP o hostname dell'host del server Omixon HLA Typer>  
-Dtyper.server.port=4382
```

- Accertarsi che entrambe le porte selezionate e *omixon.server.port + 1* siano libere e accessibili (considerare altri processi, impostazioni del firewall, ecc.).
- Preparare le cartelle di lavoro e di archiviazione. Occorre soddisfare i criteri seguenti:
- Gli account utente che gestiscono i due server devono disporre dell'accesso in lettura e in scrittura alla cartella di lavoro e almeno dell'accesso in lettura alla cartella di archiviazione.
- Il percorso di accesso alla cartella di archiviazione deve essere lo stesso su entrambi gli host.
- Il percorso della cartella di lavoro deve essere impostato sia in *omixon-hla-[edition]-server.voptions* che in *omixon-hla-[edition]-typer-server.voptions* nel modo seguente:

```
-Dogve.temp.dir=<percorso della cartella di lavoro>  
-Djava.io.tmpdir=<percorso della cartella di lavoro>
```

- Riavviare entrambi i server una volta completata la modifica delle impostazioni dei file *voptions*.
- Configurare l'accesso ai server dal lato client aggiungendo lo stesso IP/hostname e la stessa porta definiti in *-Domixon.server.host* e *-Domixon.server.port* sui server.
- Collegarsi al server *Omixon HLA* con un client.

### **Server Omixon HLA e Omixon HLA Typer sullo stesso host (installazione dei server predefinita)**

- Installare i server *Omixon HLA* e *Omixon HLA Typer* con il Server installer su un host.
- I file *omixon-hla-[twin|explore]-server.voptions* e *omixon-hla-[twin|explore]-typer-server.voptions* nella directory di installazione del server Omixon devono contenere:

```
-Domixon.server.host=<indirizzo IP o hostname dell'host del server Omixon HLA>  
-Domixon.server.port=4380
```

- Accertarsi che *omixon.server.port* e *omixon.server.port + 1* siano libere e accessibili (considerare altri processi, impostazioni del firewall, ecc.).
- Riavviare entrambi i server una volta completata la modifica delle impostazioni dei file *voptions*.
- Configurare l'accesso ai server dal lato client aggiungendo lo stesso IP/hostname e la stessa porta definiti in *-Domixon.server.host* e *-Domixon.server.port* in *omixon-hla-[edition]-server.voptions*.
- Collegarsi al server *Omixon HLA* con un client.

## 4.4 Configurazione del logging

### 4.4.1 Panoramica

I server *Omixon HLA* e *Omixon HLA Typ* vengono eseguiti in macchine virtuali Java (JVM) diverse e hanno ciascuno la propria configurazione del logging. L'applicazione installata contiene impostazioni di logging predefinite. Questa sezione riguarda la configurazione del logging personalizzata.

### 4.4.2 Impostazioni predefinite

Il logging si basa sulla Simple Logging Facade for Java (SLF4J). Le configurazioni dei server compaiono sotto

- *`${install_dir}/conf/omixon/logback.xml` per il server *Omixon HLA**
- *`${install_dir}/conf/typer/logback.xml` per il server *Omixon HLA Typ**

Formato e contenuto delle configurazioni sono i seguenti:

```
<?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 cartella di log predefinita è `logs`. Modificare il tag `<file>` della configurazione per creare i file di log in una directory diversa. Se si dispone di più server, è possibile configurarli in modo che i relativi file di log siano creati in una directory comune, al fine di agevolare l'accesso ai file.



### 4.4.3 Log Garbage Collection

Il file di log di Garbage Collection (GC) Java è il miglior punto di partenza per l'individuazione di eventuali problemi relativi alla memoria. Fornisce numerosi dati statistici sulla macchina virtuale Java (JVM) mentre l'applicazione è in esecuzione.

I file *vmoptions* dei server *Omixon HLA* e *Omixon HLA Typer* contengono le impostazioni seguenti:

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

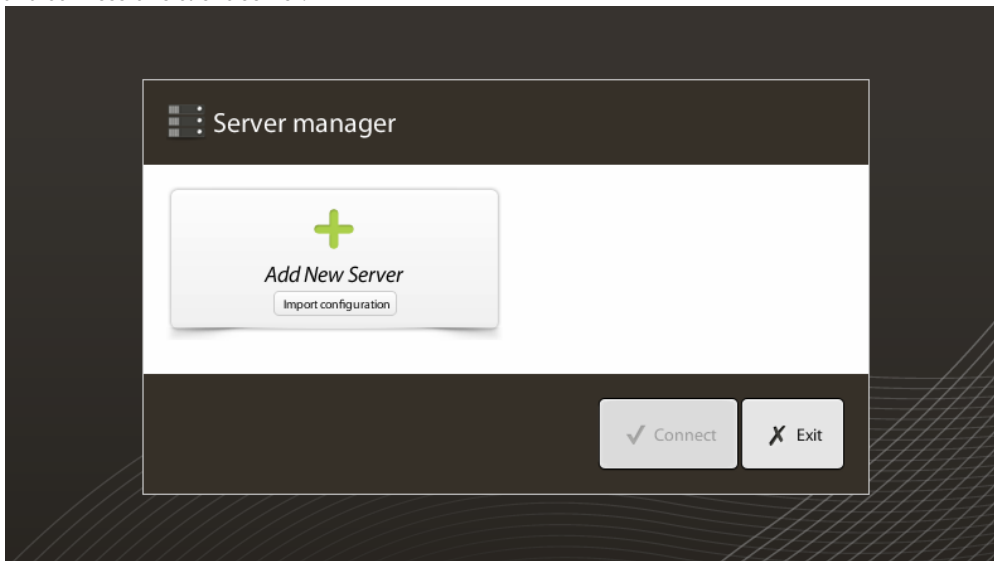
Per disattivare il logging GC, commentare le impostazioni riportate sopra nel file *vmoptions* o rimuoverle. Modificare il valore di configurazione *-Xloggc* per creare i file di log in una directory diversa.

## 4.5 Accettare le connessioni dei client

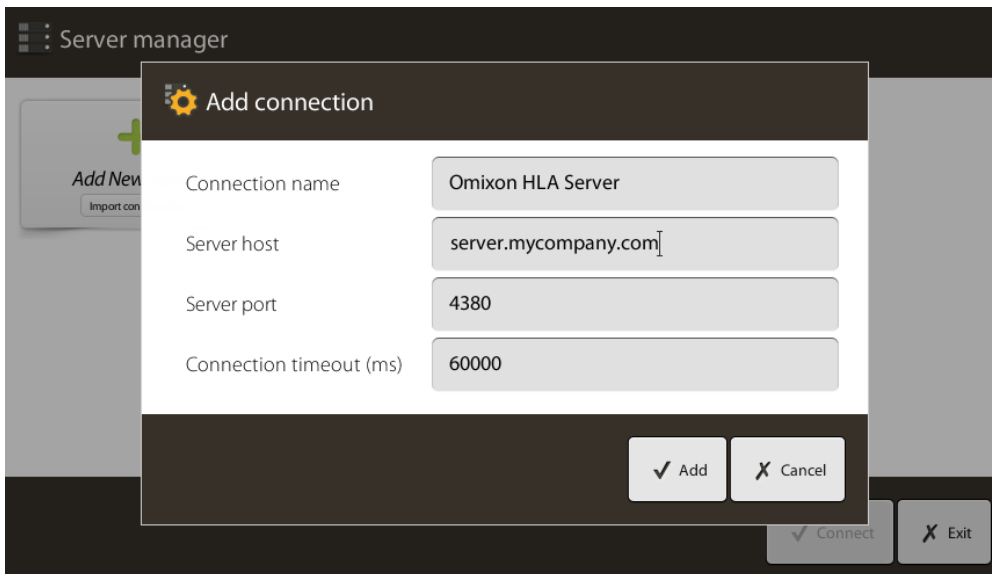
Dopo l'installazione e l'avvio del server, esso rimane in attesa di richieste di connessioni di client in entrata.

### 4.5.1 Connessione del client

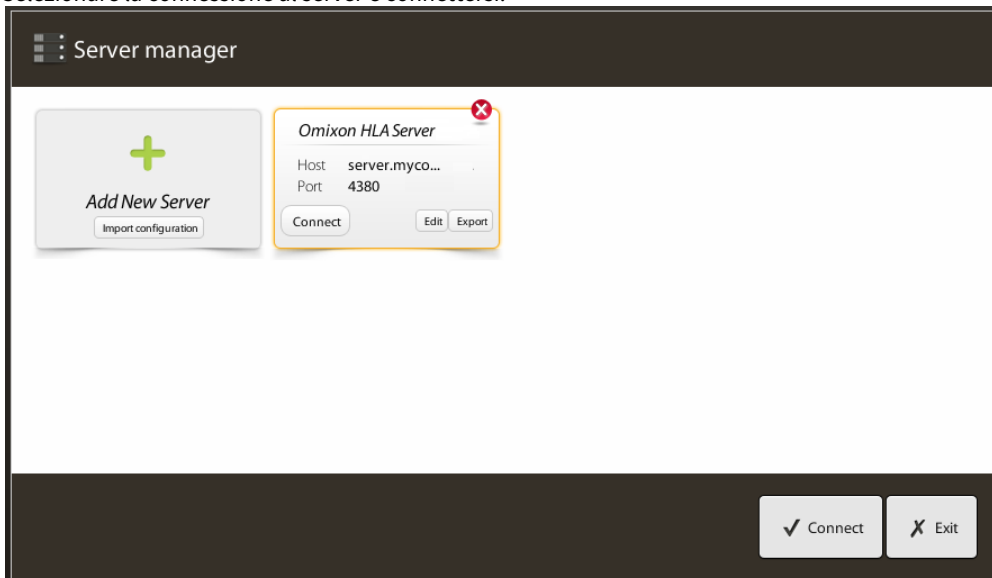
Eseguire l'applicazione client. Nella schermata "Server Manager", selezionare "Add New Server" ("Aggiungi un nuovo server") per impostare una connessione client-server.



Assegnare un nome alla connessione e inserire le stesse impostazioni di host e porta che sono state inserite per il server.



Selezionare la connessione al server e connettersi.



### **IMPORTANTE**

*Controllare le impostazioni del firewall sul computer server. Impostare il firewall in modo tale da permettere a Omixon HLA Server di accettare connessioni in entrata.*

## 4.5.2 Esportazione e importazione della configurazione di connessione

Anziché configurare la connessione manualmente, gli utenti possono importare un file di configurazione facendo clic sul pulsante "Import configuration" ("Importa la configurazione") nella scheda "Add New Server" ("Aggiungi un nuovo server") della finestra di dialogo "Server Manager". Il file è fornito dall'amministratore di sistema, che deve esportare le impostazioni di connessione in un file facendo clic su "Export" ("Esporta") per la connessione selezionata in "Server Manager".

## 4.6 Il ruolo di superutente

Il primo utente registrato diventa, per impostazione predefinita, un "superutente". La designazione è irreversibile, benché anche altri utenti possano ricevere i diritti di superutente.



È opportuno che l'amministratore di sistema si registri per primo, per completare l'installazione. Il superutilizzatore ha il permesso di creare e gestire altri account utilizzatori che possono collegarsi attraverso i client.

Consultare il capitolo Gestione utilizzatori nel Manuale dell'utilizzatore per ulteriori informazioni sui ruoli e i permessi degli utilizzatori.

## 4.7 Gestione dei dati

Tutte le analisi sono effettuate dall'applicazione server e i risultati sono conservati lato server. I risultati possono essere visualizzati ed esportati attraverso il client.

La navigazione nel filesystem del server remoto implica che non è necessario trasferire i dati tra il client e il server attraverso la rete; l'attività viene eseguita immediatamente.