



Ръководство за потребителя

Omixon HLA Twin CE 4.2.0

03/27/2020

1	История на редакциите и промените	5
2	Въведение	9
2.1	Информация за фирмата:	9
2.2	Основна информация	9
2.3	Технологии за секвениране	9
2.4	Принцип на метода	9
2.4.1	Алгоритъм на консенсусно генотипизиране (CG)	9
2.4.2	Алгоритъм на статистическо генотипизиране (SG)	10
2.4.3	Twin генотипизиране	10
2.5	Предназначение	10
2.6	Предупреждение и предпазна мярка:	10
2.6.1	Ограничения при използването на продукта	10
2.7	Методи за валидиране и работни характеристики	10
2.7.1	Holotype HLA v1	11
2.7.2	Holotype HLA v2	12
2.7.3	Holotype HLA v3	12
2.8	Бележки относно версията	13
2.9	Препратки	13
3	Указания за инсталиране	14
3.1	Въведение	14
3.1.1	Основна информация	14
3.1.2	Актуализиране от HLA Twin 3.1.3 или предишна версия	14
3.2	Налични конфигурации	14
3.2.1	Основна информация	14
3.2.2	Desktop	14
3.2.3	Server (самостоятелен)	15
3.2.4	Server (разпределен)	15
3.3	Изисквания към системата	16
3.3.1	HLA Twin Desktop;	16
3.3.2	HLA Twin Client	16
3.3.3	HLA Twin Server (самостоятелен)	16
3.3.4	HLA Twin Server (разпределен)	16

3.3.5	HLA Twin Typer (разпределен)	16
3.3.6	Памет.....	16
3.4	Инсталиране на MySQL.....	17
3.4.1	Windows	17
3.4.2	OSX.....	29
3.4.3	Linux	40
3.5	Конфигуриране на съществуваща MySQL база данни	40
3.6	инсталиране на Desktop;	40
3.6.1	Актуализиране от HLA Twin 3.1.3 или предишна версия	40
3.6.2	Инсталиране на HLA Twin Desktop	41
3.7	Инсталиране на Standalone Server.....	51
3.7.1	Актуализиране от HLA Twin 3.1.3 или предишна версия	51
3.7.2	Бележки преди инсталирането	52
3.7.3	Инсталиране на HLA Twin Server	52
3.8	Инсталиране на Client.....	65
3.8.1	Актуализиране от HLA Twin 3.1.3 или предишна версия	65
3.8.2	Бележки преди инсталирането	65
3.8.3	Инсталиране на HLA Twin Client	66
3.9	Мигриране на база данни.....	72
3.9.1	Преглед.....	72
3.9.2	Данни за мигриране.....	72
3.9.3	Процесът на мигриране	73
3.9.4	Местоположение на старата база данни	73
3.10	Инструкции за първо използване	73
3.10.1	свързване със сървъра.....	73
	Свързване на клиент	73
	Експортиране и импортиране на конфигурацията за свързване.....	74
3.10.2	създаване на първия потребител;	75
4	Кратко ръководство	76
4.1	Регистриране в системата	76
4.2	Работен панел за генотипизиране	76
4.3	Анализ	77
4.3.1	Просто генотипизиране – препоръчва се за проби Holotype.....	77
4.3.2	Резултати.....	77

4.4	Резултати от анализа на генотипизиране	77
4.4.1	Отстраняване на липсващи резултати	79
4.5	Резултати от генотипизиране на проба	80
4.6	Браузър за гени.....	81
4.7	Панел за настройки	82
4.8	Основна информация	82
4.9	Странична лента	82
4.9.1	Общо.....	82
4.9.2	База данни	82
4.9.3	Администриране.....	82
4.9.4	Автоматизация.....	83
4.9.5	Експортиране на настройки.....	83
4.9.6	Настройки на екрана	83

1 История на редакциите и промените

Версия	Дата на одобряване	Автор	Обобщение на промените	Одобрен от
3.0.0	 29 Jun 2018	Adél Juhász Ágnes Pásztor	При генотипизиране и показване на резултатите са въведени модификации, свързани с ABO и MIC. Премахната е думата „HLA“ в случаите, в които може да означава също така ABO или MIC. Разнообразни незначителни корекции в текста.	Adél Juhász Ágnes Pásztor
3.1.0	 31 Aug 2018	Petra Hoch	Добавен е раздел „Информация за фирмата“. Незначителни корекции във формулировката и форматирането.	Adél Juhász
3.1.1	 08 Nov 2018	Krisztina Rigó Petra Hoch	Актуализирани са характеристиките на производителността за Holotype HLA v1, като са добавени и за Holotype HLA v2. Незначителни корекции във формулировката и форматирането.	Adél Juhász
3.1.2	 13 Nov 2018	Adél Juhász	Добавено е определение за поддръжката на базата данни IMGT към описанието на периода на поддръжка. Незначителни корекции в препратките към наричаника.	Krisztina Rigó

Версия	Дата на одобряване	Автор	Обобщение на промените	Одобрен от
3.1.3	 13 Feb 2019	Adél Juhász	Добавено е описание на генотипизиране Twin, включително логика на изпълнение на SG. Модифицирани са препоръките за настройката на временните папки за настройка на сървъра.	Krisztina Rigó Mónika Hulita
4.0.0	 06 Aug 2019	Adél Juhász	Актуализиране на Краткото ръководство с: • нова структура на таблицата с резултатите; • маркировки на ниво локус; • ново местоположение на функцията „История на присвояванията“; • функционалност за свиване/разгъване на таблици; • дневник на събитията; • Турер Manager (Управление на печатния сървър); • информационен панел в долната част на работния панел. Отстранен е разделът Omixon HLA Server Преструктуриране на раздела „Ръководство за инсталиране“ чрез добавяне на: • налични конфигурации; • инсталиране на Desktop; • инсталиране на самостоятелен Server; • Ръководство за първо използване: • създаване на първия потребител; • свързване със сървъра.	Marton Pogany

Версия	Дата на одобряване	Автор	Обобщение на промените	Одобрен от
4.0.0	 09 Aug 2019	Adél Juhász	Страницата за системни изисквания е преместена от „Въведение“ в „Ръководство за инсталиране“ и е актуализирана с действителни стойности. Страници, добавени в „Ръководство за инсталиране“: • Въведение • Инсталиране на Client; • Миграция на данни.	Marton Pogany
4.0.1	 15 Oct 2019	Adél Juhász	Актуализирано „Ръководство за инсталиране“: • Премахване на H2, вместо това се посочва MySQL. • Добавена е конфигурация на MySQL. • Директните връзки към Ръководството за инсталиране на софтуера са заменени с текстови препратки. Ръководството за инсталиране е преместено нагоре в йерархията на страниците, за да предшества Краткото ръководство.	Nándor Varga
4.1.0	 09 Jan 2020	Nándor Varga	Актуализирано е Краткото ръководство: към списъка с маркировки е добавена иконата за серологично еквивалентен антиген. Актуализирани са характеристиките на производителността за Holotype HLA v1 и v2, като са добавени и за Holotype HLA v3.	Adél Juhász



Версия	Дата на одобряване	Автор	Обобщение на промените	Одобрен от
4.2.0	 17 Mar 2020	Nándor Varga	Актуализирани са характеристиките на производителността за Holotype HLA v1, v2, и v3.	Mónika Hulita



2 Въведение

2.1 Информация за фирмата:

Този продукт се произвежда от Omixon Biocomputing Ltd.

Адрес:

H-1117 Budapest
Fehérvári út 50-52.
Унгария, ЕС

Уебсайт: <http://www.omixon.com>

Контакт за техническо обслужване: support@omixon.com¹.

Контакт за продажби: sales@omixon.com²

2.2 Основна информация

Omixon HLA Twin предоставя два независими алгоритъма за генотипизиране на данни за секвениране от следващо поколение: Статистическо генотипизиране (SG) и консенсусно генотипизиране (CG). Алгоритмите са разработени съвместно с анализа за секвениране Omixon Holotype HLA. Двата алгоритъма могат да работят едновременно и резултатите могат да бъдат представени в една таблица. Освен тази таблица за преглед от високо ниво са предоставени и подробни статистически данни и мерки за контрол на качеството за всяка от пробите.

Omixon HLA Twin предлага лицензиране за време, което дава възможност за неограничено генотипизиране през определен период от време. За оферта се обърнете към sales@omixon.com.³ В пробната версия е включен лиценз, валиден 90 дни. Всяка версия на софтуера има пълна поддръжка в продължение на 13 месеца от пускането ѝ. Когато дадена версия на софтуера достигне края на периода, в който се поддържа, за нея вече няма да бъдат реализирани корекции на грешки и тя няма да бъде валидирана с нови бази данни IMGT. Силно препоръчително е да преминете към най-новата версия на софтуера преди края на поддръжката.

2.3 Технологии за секвениране

Omixon HLA Twin поддържа данни за секвениране от Illumina.

2.4 Принцип на метода

2.4.1 Алгоритъм на консенсусно генотипизиране (CG)

Алгоритъмът за консенсусно генотипизиране е метод, базиран на събиране. Методът на събиране получава предварително филтрирани за гени данни въз основа на базата данни IMGT. Изходящи данни от събирането са един или повече контиги, като всеки контиг се състои от един или повече фазиращи участъци. Генерираните консенсусни последователности се сравняват с алелните последователности в базата данни IMGT/HL, и се докладва броя на алелната (алелните) двойка (двойки) се с минимални основни екسونи, друг ексон и несъответствие на не-ексони. Алгоритъмът за консенсусно генотипизиране докладва резултати от генотипизиране с пълна разделителна способност (с 4 полета).

¹ <mailto:support@omixon.com>

² <mailto:sales@omixon.com>

³ <mailto:sales@omixon.com>



2.4.2 Алгоритъм на статистическо генотипизиране (SG)

Алгоритъмът за статистическо генотипизиране е метод на базата на изравняване. Показанията и показанията по двойки се изравняват с всички последователности на ексони, определени в базата данни IMGT и след това се присвояват на алели с най-високия резултат на изравняване. Алелите са предварително филтрирани и групирани по двойки. Двойките алели се сравняват и подреждат на базата на комбинираното количество от поддържащите показания в двойката. Докладват се всички двойки алели, които се считат за еднакво добри резултати на базата на резултатите от сравнението. Алгоритъмът за статистическо генотипизиране докладва резултати от генотипизиране с разделителна способност на базата на ексони (с 3 полета).

2.4.3 Twin генотипизиране

Twin генотипизирането е комбинация от алгоритмите за CG и SG, описани по-горе. При извършване на Twin генотипизиране за всички целеви локуси се използва алгоритъмът за CG. След това алгоритъмът за SG се изпълнява за локуси с резултати от CG, изпълняващи набор от предварително зададени условия. В допълнение към дефинираните от потребителя условия за изпълнение, алгоритъмът за SG е програмиран така, че винаги да работи за локуси с алели с нови признаци и никога – за локус HLA-DRB3.

2.5 Предназначение

Omixon HLA Twin е предназначен за интерпретиране на данни за секвениране от следващо поколение (Next Generation Sequencing – NGS), генерирани от секвенаторите Illumina чрез анализа за секвениране Omixon Holotype HLA. Това води до еднократно HLA типизиране на ниво алел, с висока точност и много ниска степен на неопределеност на нивото с 2 полета. Софтуерът предоставя информация за човешката тъканна съвместимост на гените от HLA Клас I (HLA-A, B и C) и Клас II (HLA-DPA1, DPB1, DQA1, DQB1 и DRB1/3/4/5) чрез два независими алгоритъма: Статистическо генотипизиране (SG) и консенсусно генотипизиране (CG). Двата алгоритъма могат да работят едновременно и съответствието между тях винаги се показва до резултата от първичния алгоритъм за генотипизиране, когато работят и двата метода. Освен тази таблица за преглед от високо ниво са предоставени и подробни статистически данни и мерки за контрол на качеството за всяка от пробите. Софтуерът Omixon HLA Twin е предназначен за употреба при ин витро диагностика от професионален медицински персонал като лаборанти и лекари, които са обучени за HLA типизиране в диагностични лаборатории и работят в акредитирани лаборатории на Европейската федерация по имуногенетика (EFI) или Американското дружество по тъканна съвместимост и имуногенетика (ASHI) (или в лаборатории, които могат да работят в съответствие със спецификациите на EFI или ASHI). Генерираните от софтуера резултати не трябва да бъдат използвани като единствено основание при вземане на клинични решения.

2.6 Предупреждение и предпазна мярка:

2.6.1 Ограничения при използването на продукта

Алгоритмите са разработени и потвърдени в значителна степен съвместно с анализа за секвениране Omixon Holotype HLA. За постигане на най-добри резултати използвайте софтуера съвместно с анализа за секвениране Omixon Holotype HLA за HLA типизиране чрез NGS в системата Illumina MiSeq. Използването на каквито и да са други анализи за HLA секвениране или платформи за NGS освен посочените по-горе изисква разширена проверка и потвърждаване на пригодността им от потребителя!

За списък с известните ограничения за анализа и алгоритъма вижте документа „Известни ограничения на продукта“!

2.7 Методи за валидиране и работни характеристики

Статистическите данни за производителността, представени по-долу са генерирани посредством Omixon HLA Twin версия 4.2.0 и база данни IMGT версия 3.38.0_9. Изчисляват се характеристиките на производителността посредством метода, описан в Ng et al. (1993)¹. Резултатите от генотипизиране се сравняват с информацията от референтно генотипизиране с разделителна способност от две полета.



2.7.1 Holotype HLA v1

Анализирани са общо 416 проби (произлизащи от 197 референтни клетъчни линии). Данните за секвениране се генерират чрез Holotype HLA версия 1.

Измерване	HLA-A	HLA-B	HLA-C	HLA-DPB1	HLA-DQA1	HLA-DQB1	HLA-DRB1	Общо
Чувствителност	99.28%	98.80%	98.68%	99.04%	99.64%	95.07%	98.56%	98.45%
Специфичност	99.98%	99.97%	99.95%	99.96%	99.96%	99.80%	99.96%	99.95%
Точност	99.28%	98.80%	98.68%	99.04%	99.64%	95.07%	98.56%	98.45%
Отрицателна прогнозна стойност	99.98%	99.97%	99.95%	99.96%	99.96%	99.80%	99.96%	99.95%
Правилно класифициран вид	99.95%	99.95%	99.91%	99.92%	99.93%	99.62%	99.93%	99.90%

2.7.2 Holotype HLA v2

Анализирани са общо 176 проби. Данните за секвениране се генерират чрез Holotype HLA версия 2.

Измерване	HLA-A	HLA-B	HLA-C	HLA-DPA1	HLA-DPB1	HLA-DQA1	HLA-DQB1	HLA-DRB1	HLA-DRB3	HLA-DRB4	HLA-DRB5	Общо
Чувствителност	99.71%	99.14%	97.43%	98.56%	98.57%	96.26%	96.00%	98.86%	98.20%	84.62%	98.27%	96.91%
Специфичност	99.99%	99.99%	99.92%	99.88%	99.95%	99.79%	99.82%	99.98%	99.40%	92.31%	99.42%	99.88%
Точност	99.71%	99.14%	97.43%	98.56%	98.57%	96.26%	96.00%	98.86%	98.20%	84.62%	98.27%	96.91%
Отрицателна прогнозна стойност	99.99%	99.99%	99.92%	99.88%	99.95%	99.79%	99.82%	99.98%	99.40%	92.31%	99.42%	99.88%
Правилен класифициран вид	99.99%	99.97%	99.85%	99.78%	99.91%	99.61%	99.65%	99.96%	99.10%	89.74%	99.13%	99.77%

2.7.3 Holotype HLA v3

Анализирани са общо 248 проби. Данните за секвениране се генерират чрез Holotype HLA версия 3.

Измерване	HLA-A	HLA-B	HLA-C	HLA-DPA1	HLA-DPB1	HLA-DQA1	HLA-DQB1	HLA-DRB1	HLA-DRB3	HLA-DRB4	HLA-DRB5	Общо
Чувствителност	99.19%	99.60%	98.79%	97.38%	94.56%	96.98%	97.18%	97.78%	99.24%	96.99%	97.66%	97.76%
Специфичност	99.99%	100.00%	99.97%	99.81%	99.88%	99.85%	99.86%	99.97%	99.81%	98.49%	99.53%	99.94%
Точност	99.19%	99.60%	98.79%	97.38%	94.56%	96.98%	97.18%	97.78%	99.24%	96.99%	97.66%	97.76%
Отрицателна прогнозна стойност	99.99%	100.00%	99.97%	99.81%	99.88%	99.85%	99.86%	99.97%	99.81%	98.49%	99.53%	99.94%
Правилен класифициран вид	99.97%	99.99%	99.95%	99.65%	99.77%	99.71%	99.73%	99.94%	99.70%	97.99%	99.22%	99.88%



2.8 Бележки относно версията

За списък на нови характеристики и корекции на грешки, виж *Release Notes* на <https://www.omixon.com/support-and-resources/hla-twin/>

2.9 Препратки

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.



3 Указания за инсталиране

3.1 Въведение

3.1.1 Основна информация

Това е откъс от *Ръководството за инсталиране на софтуера*. Ако не можете да намерите информацията, която търсите, в този документ, моля, направете справка в разширеното *Ръководство за инсталиране на софтуера*. За допълнителна информация и помощ, моля, свържете се с нас на support@omixon.com.⁴

3.1.2 Актуализиране от HLA Twin 3.1.3 или предишна версия

Моля, имайте предвид, че процесът на актуализиране е различен от обичайния. За да осигурите безопасна актуализация без загуба на данни, моля, отделете време да прочетете главата „*Ръководство за инсталиране*“, приложима за вашия случай.

3.2 Налични конфигурации

3.2.1 Основна информация

В тази глава са обяснени трите възможни конфигурации, в които може да се използва HLA Twin. Всяка от тях е подходяща за лаборатории с различна производителност.

Всяка конфигурация ще изисква локално или отдалечено инсталиране на сървър на база данни MySQL 8.

Това ръководство за потребителя съдържа инструкции за инсталиране на Desktop и самостоятелен Server, както и на Client. За подробна информация относно инсталирането на разпределен Server, моля, направете справка в разширеното „*Ръководство за инсталиране на софтуера*“.

3.2.2 Desktop

- Подходящ е за по-малки лаборатории.
- В даден момент може да влезе един потребител.
- В даден момент може да бъде анализирана една проба.

Софтуерът работи на един компютър и потребителите трябва да споделят същия компютър, за да ползват софтуера. HLA Twin има своя собствена система за управление на потребителите, така че потребителят може да работи под собствената си идентичност в HLA Twin (това е важно за функциите за одит, работен процес и коментари), без значение кой е влязъл в Windows. Ако един и същи софтуер е инсталиран на друг компютър, двата софтуера не могат да комуникират, така че споменатата информация за потребителите ще бъде недостъпна. Препоръчваме да не се работи по този начин.

⁴ <mailto:support@omixon.com>.

3.2.3 Server (самостоятелен)

- Подходящ е за лаборатории със средна производителност.
- **Няколко потребители може да работят едновременно.**
- В даден момент може да бъде анализирана една проба.

HLA Twin Server (самостоятелен):

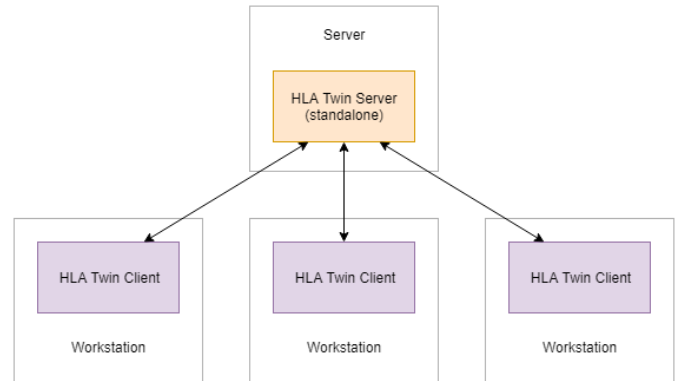
- извършва анализи на проби;
- подготвя информацията за HLA Twin Client (клиент на HLA Twin);
- съдържа всички потребителски данни.

HLA Twin Client:

- контролира HLA Twin Server;
- показва какво изпраща към него HLA Twin Server;
- е „празна черупка“.

Няколко софтуера HLA Twin Client могат да се свържат едновременно към HLA Twin Server.

Лицензът е обвързан с HLA Twin Server, така че броят на HLA Twin Client не е ограничен.



3.2.4 Server (разпределен)

- Подходящ е за лаборатории с висока производителност.
- Няколко потребители може да работят едновременно.
- **Няколко проби могат да бъдат анализирани едновременно (в зависимост от броя печатни сървъри).**

HLA Twin Server (разпределен):

- **не** извършва анализи на проби;
- контролира екземплярите на HLA Twin Typer;
- подготвя информацията за HLA Twin Client (клиент на HLA Twin);
- съдържа всички потребителски данни.

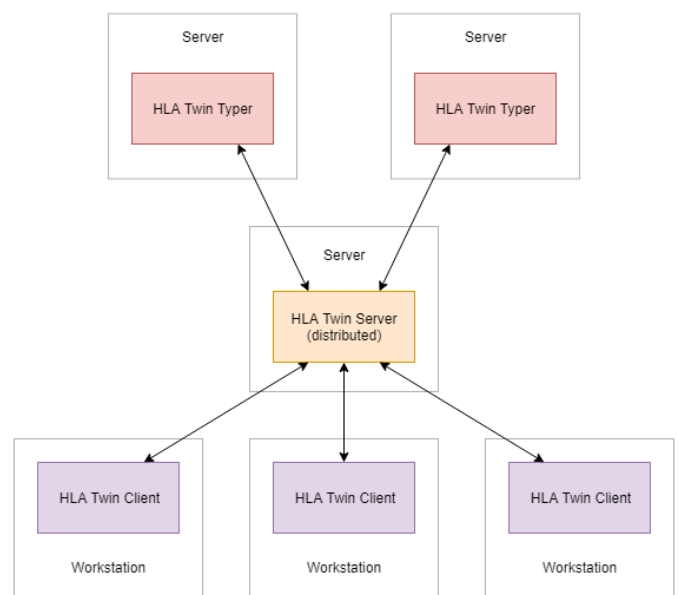
HLA Twin Typer:

- извършва анализи на проби;
- изпраща резултатите от анализа на HLA Twin Server.

HLA Twin Client:

- контролира HLA Twin Server;
- показва какво изпраща към него HLA Twin Server;
- е „празна черупка“.

Няколко HLA Twin Typer могат да бъдат свързани към един HLA Twin Server. На същия сървър могат да работят екземплярите на HLA Twin Server и HLA Twin Typer.



3.3 Изисквания към системата

3.3.1 HLA Twin Desktop;

- **ПРОЦЕСОР:** 64-битов процесор с поне 4 физически ядра (8 нишки или виртуални процесори (vCPU)).
- **ОС:** Всяка 64-битова операционна система.
- **RAM:** Най-малко 12 GB за софтуера, но се препоръчва наличие на 16 GB.
- **Видео:** Видеокарта, съвместима с OpenGL 2.0.

3.3.2 HLA Twin Client

- **ПРОЦЕСОР:** 64-битов процесор с поне 2 физически ядра (препоръчва се наличие на 4).
- **ОС:** Всяка 64-битова операционна система.
- **RAM:** Най-малко 4 GB за софтуера, но се препоръчва наличие на 6 GB.
- **Видео:** Видеокарта, съвместима с OpenGL 2.0.
- **Мрежа:** Връзка със скорост поне 100/1000 Mbps.

3.3.3 HLA Twin Server (самостоятелен)

- **ПРОЦЕСОР:** 64-битов процесор с поне 4 физически ядра (8 нишки или виртуални процесори (vCPU)).
- **ОС:** Всяка 64-битова операционна система (не се поддържа OSX).
- **RAM:** Най-малко 18 GB за софтуера, но се препоръчва наличие на 26,5 GB.
- **Мрежа:** Връзка със скорост поне 100/1000 Mbps.

3.3.4 HLA Twin Server (разпределен)

- **ПРОЦЕСОР:** 64-битов процесор с поне 4 физически ядра (8 нишки или виртуални процесори (vCPU)).
- **ОС:** Всяка 64-битова операционна система (не се поддържа OSX).
- **RAM:** Най-малко 6 GB за софтуера, но се препоръчва наличие на 8 GB.
- **Мрежа:** Връзка със скорост поне 100/1000 Mbps.

3.3.5 HLA Twin Typer (разпределен)

- **ПРОЦЕСОР:** 64-битов процесор с поне 4 физически ядра (8 нишки или виртуални процесори (vCPU)).
- **ОС:** Всяка 64-битова операционна система.
- **RAM:** Най-малко 16 GB за софтуера, но се препоръчва наличие на 22 GB.
- **Мрежа:** Връзка със скорост поне 100/1000 Mbps.

3.3.6 Памет

Изискванията за памет зависят от размера на пробите и трябва да се определят съобразно законовите изисквания за съхранение на данните, минималното ниво на архивиране и резервиране, както и очаквания годишен обем. Omixon може да окаже помощ при изчисляване на изискванията за памет. Моля, свържете се със support@omixon.com⁵, ако се нуждаете от съдействие.

⁵ <mailto:support@omixon.com>

3.4 Инсталиране на MySQL

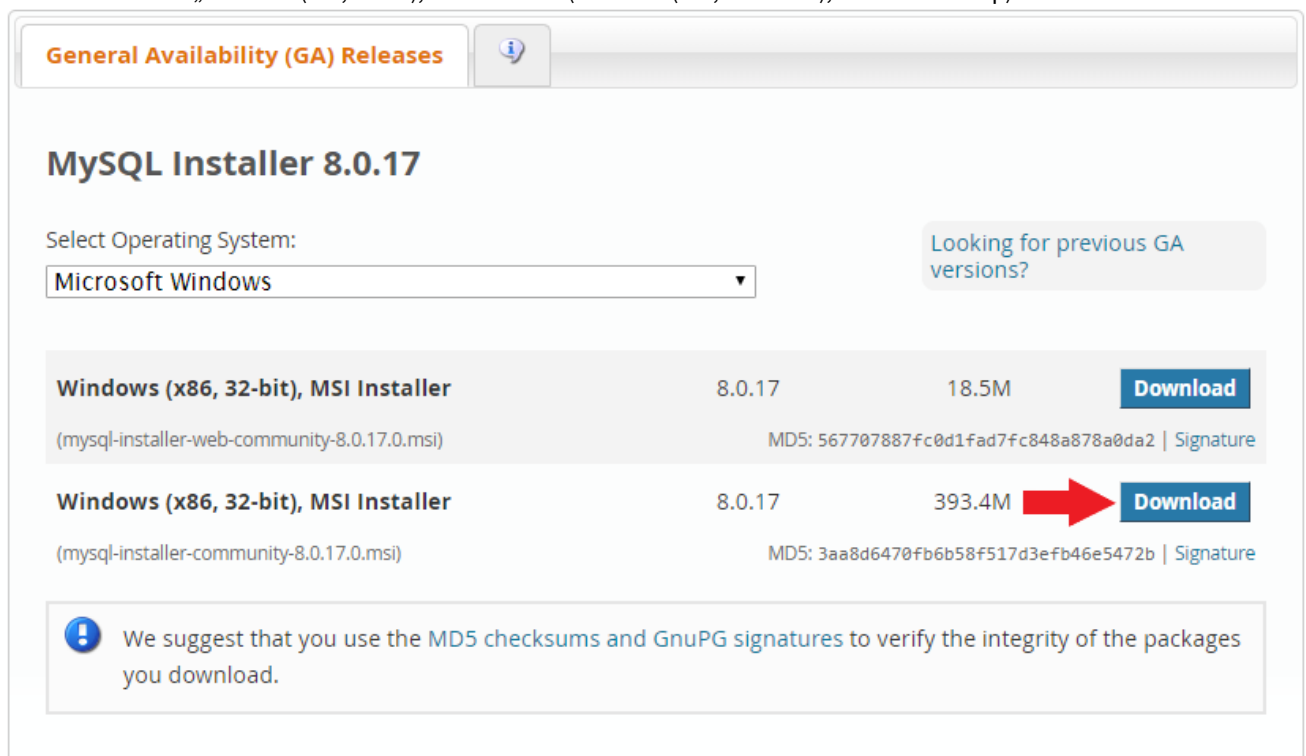
Всички издания на HLA Twin ще разчитат на външна база данни **MySQL 8**, която трябва да настроите, преди да инсталирате HLA Twin. Това е ново подобрение на HLA Twin с цел осигуряване на по-стабилно и по-адаптивно потребителско изживяване. Моля, следвайте инструкциите в тази глава преди инсталирането на HLA Twin.

3.4.1 Windows

Ако имате съществуващ **MySQL 8** сървър във вашата среда, който бихте искали да използвате, моля, вижте „[Конфигуриране на съществуваща база данни MySQL](#)“ (see page 40). Препоръчваме да използвате локален екземпляр на MySQL за потребители на HLA Twin Desktop.

Моля, следвайте тези стъпки, за да изтеглите и инсталирате MySQL 8 за Windows.

1. Отидете на <https://dev.mysql.com/downloads/installer/>
2. Изтеглете пакета „Windows (x86, 32-bit), MSI Installer“ (Windows (x86, 32-битов), MSI инсталатор)



General Availability (GA) Releases

MySQL Installer 8.0.17

Select Operating System:
Microsoft Windows

Looking for previous GA versions?

Windows (x86, 32-bit), MSI Installer (mysql-installer-web-community-8.0.17.0.msi)	8.0.17	18.5M	Download
Windows (x86, 32-bit), MSI Installer (mysql-installer-community-8.0.17.0.msi)	8.0.17	393.4M	Download

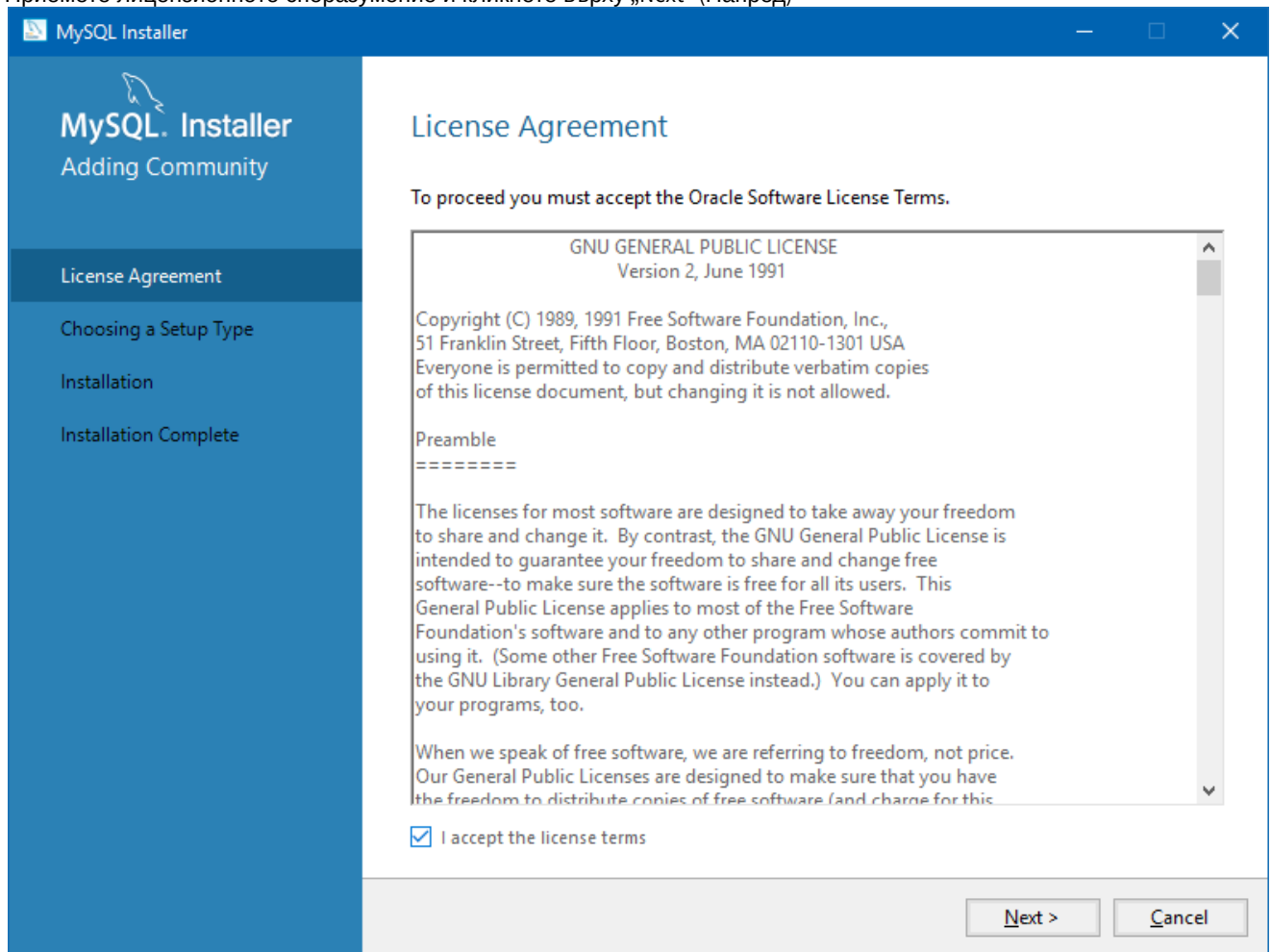
MD5: 567707887fc0d1fad7fc848a878a0da2 | Signature

MD5: 3aa8d6470fb6b58f517d3efb46e5472b | Signature

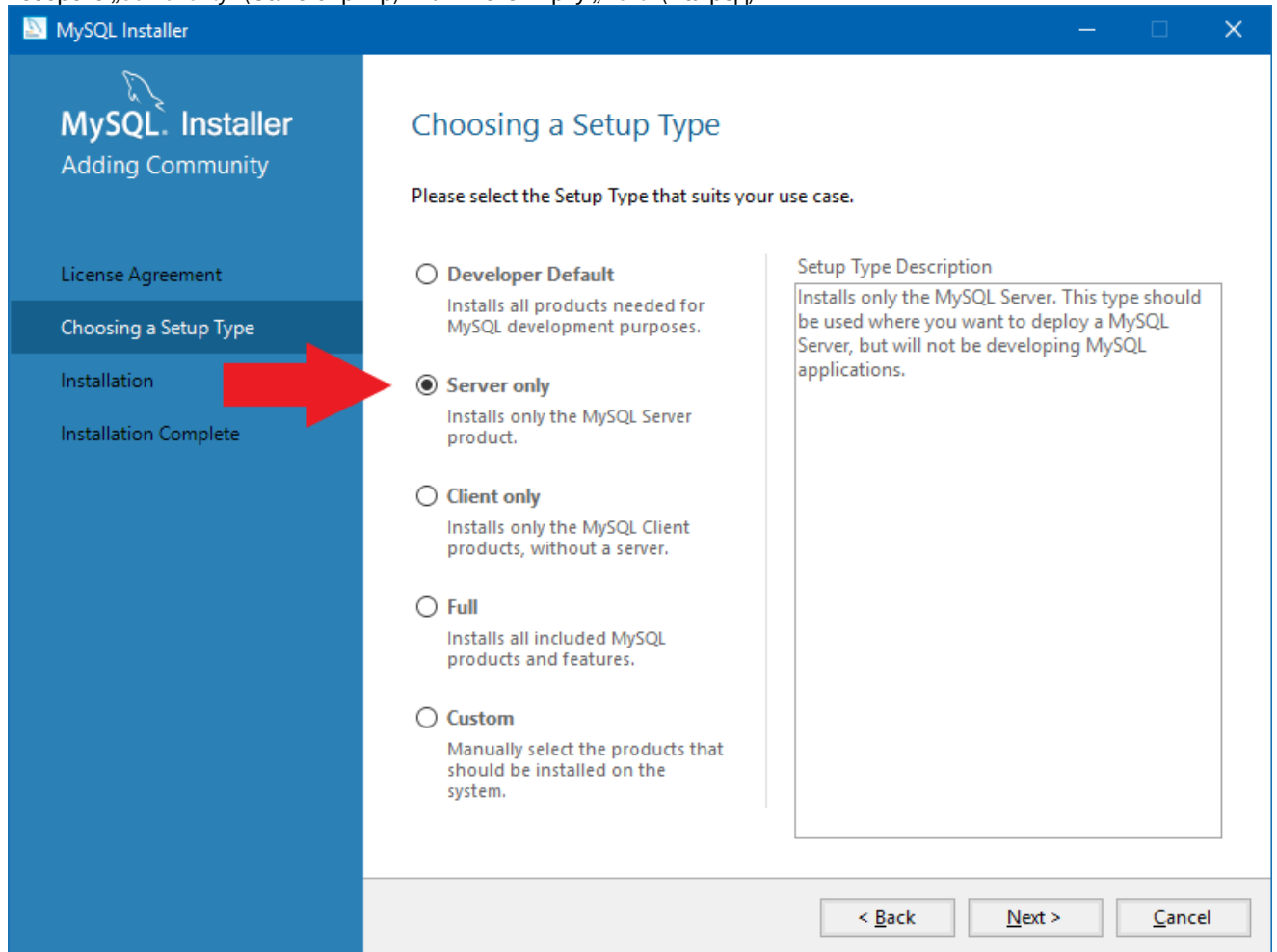
! We suggest that you use the [MD5 checksums](#) and [GnuPG signatures](#) to verify the integrity of the packages you download.

3. След завършване на изтеглянето стартирайте инсталатора

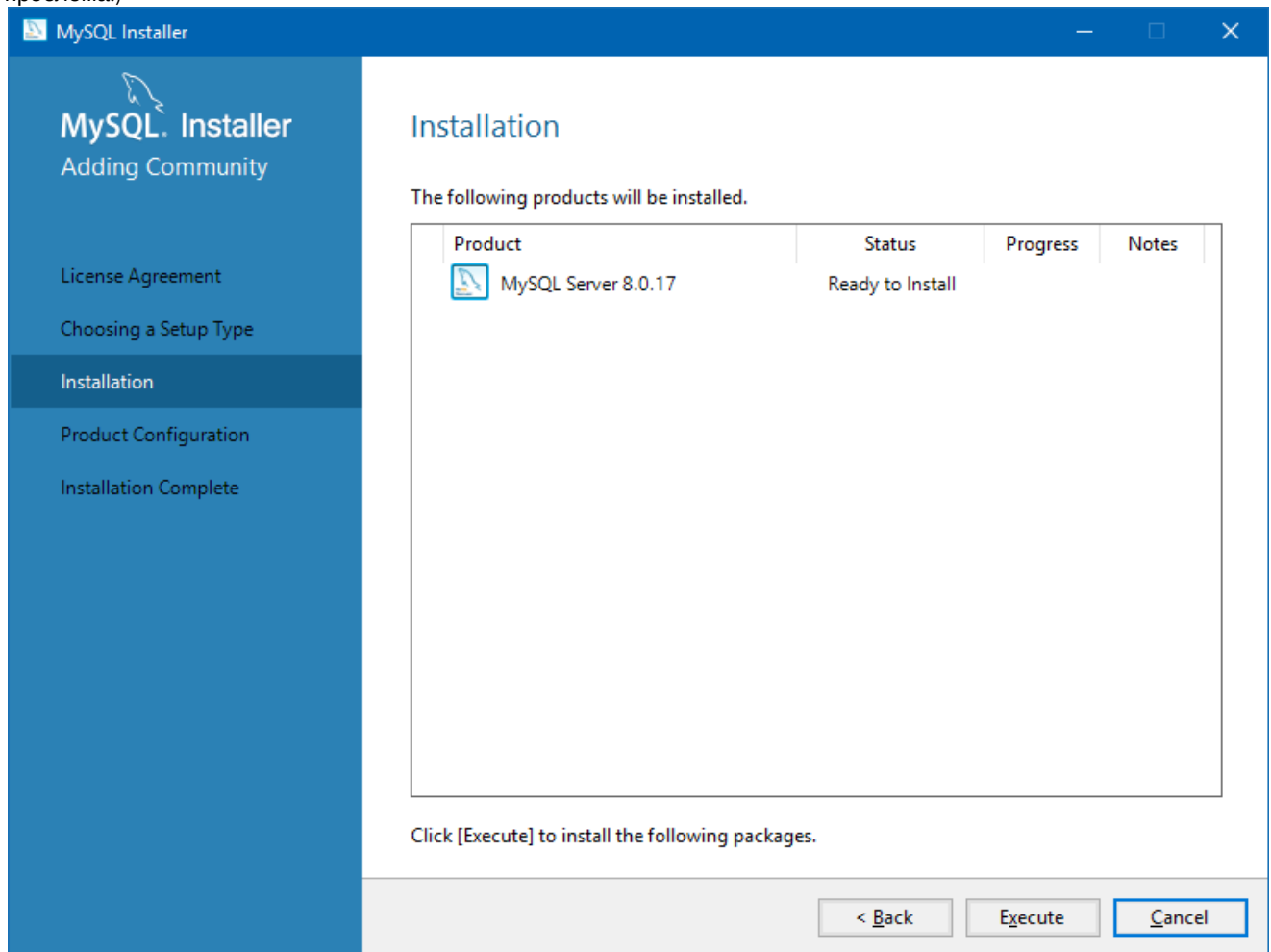
4. Приемете лицензионното споразумение и кликнете върху „Next“ (Напред)



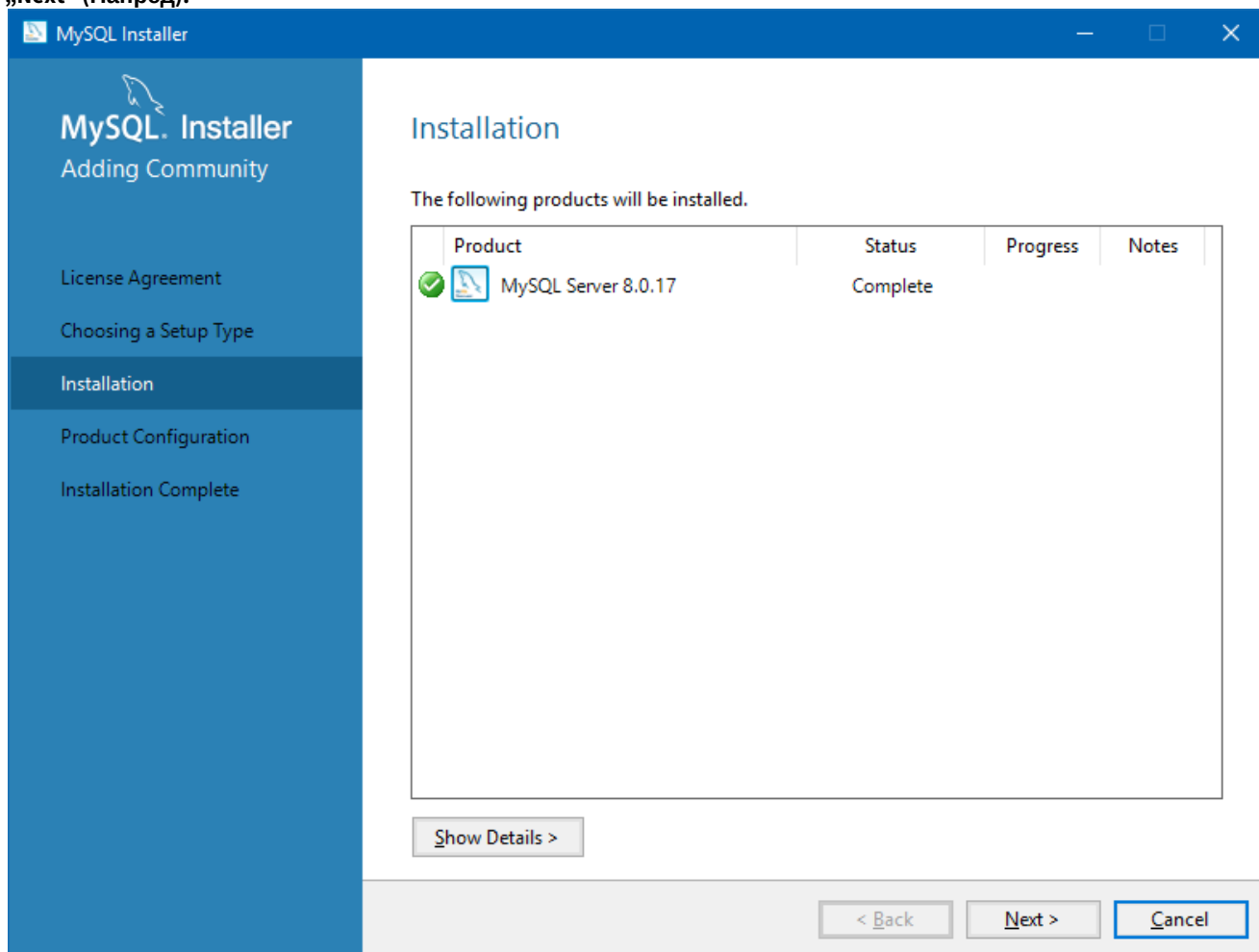
5. Изберете „Server only“ (Само сървър) и кликнете върху „Next“ (Напред)



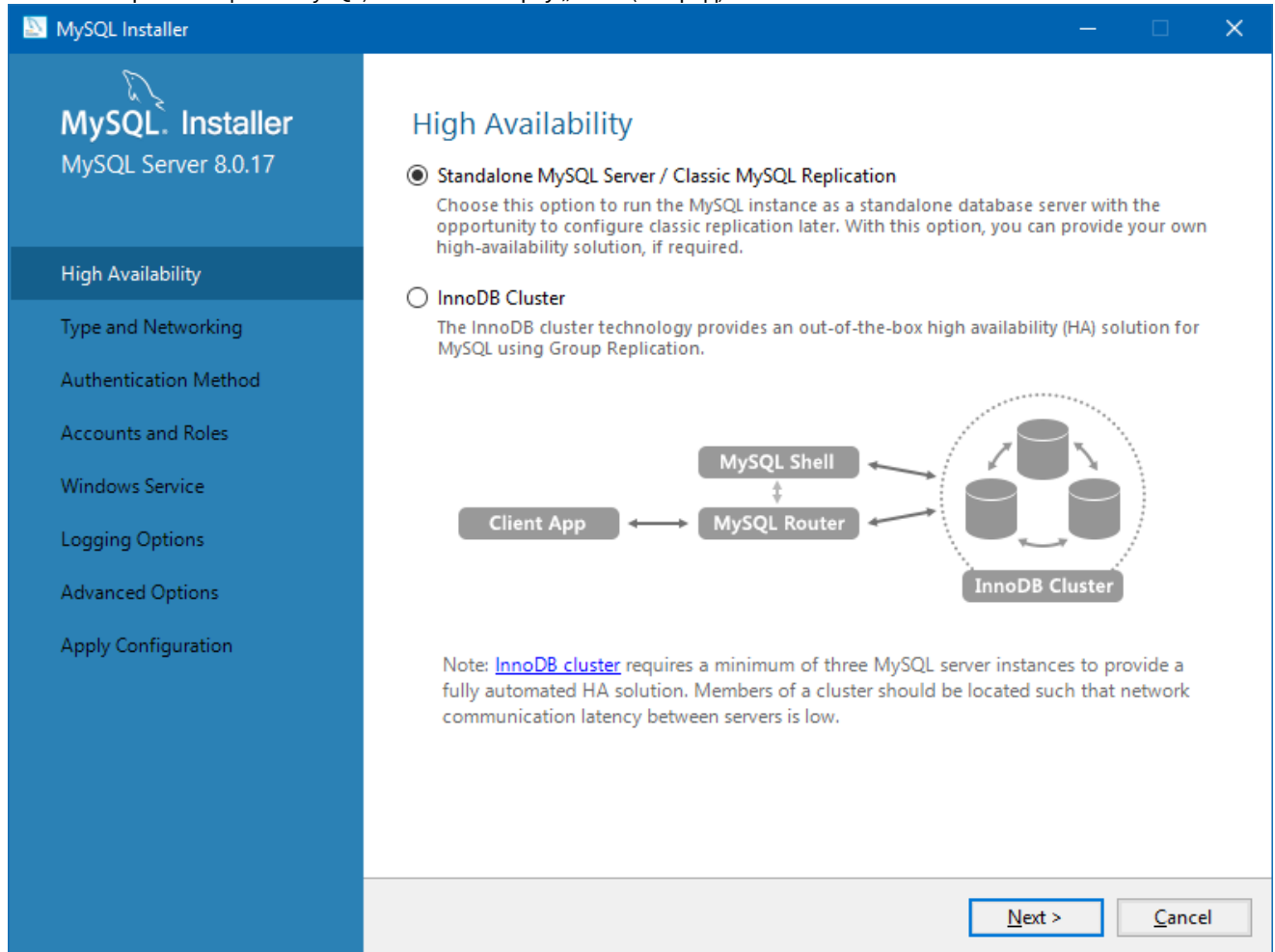
6. Кликнете върху „Execute“ (Изпълнение) (Моля, имайте предвид, че инсталаторът може да заяви, че MySQL Server не е в състояние „Ready to Install“ (Готов за инсталиране). Моля, кликнете върху него, за да видите как да разрешите проблема.)



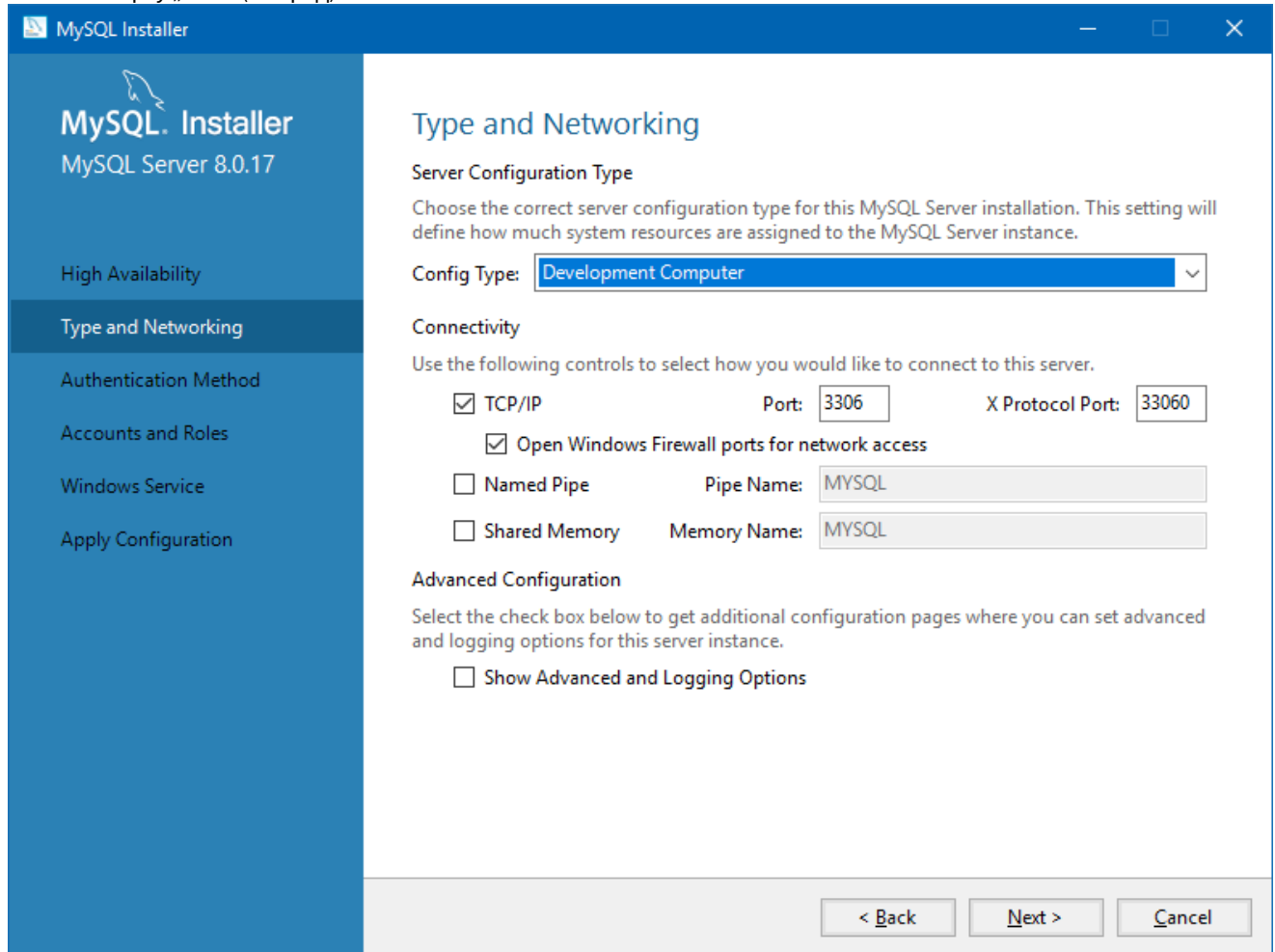
7. Когато инсталирането приключи, до иконата MySQL ще видите зелена отметка. Кликнете върху „Next“ (Напред) и когато се появи прозорецът „Product Configuration“ (Конфигурация на продукта), кликнете отново върху „Next“ (Напред).



8. Изберете опцията по подразбиране „Standalone MySQL Server/Classic MySQL Replication“ (Самостоятелен MySQL Server/ класическа репликация на MySQL) и кликнете върху „Next“ (Напред)



9. Моля, използвайте стойностите по подразбиране на екрана „Type and Networking“ (Тип и работа в мрежа), а след това кликнете върху „Next“ (Напред)



MySQL Installer

MySQL Server 8.0.17

High Availability

Type and Networking

Authentication Method

Accounts and Roles

Windows Service

Apply Configuration

Type and Networking

Server Configuration Type

Choose the correct server configuration type for this MySQL Server installation. This setting will define how much system resources are assigned to the MySQL Server instance.

Config Type: Development Computer

Connectivity

Use the following controls to select how you would like to connect to this server.

☒ TCP/IP Port: 3306 X Protocol Port: 33060

☒ Open Windows Firewall ports for network access

☐ Named Pipe Pipe Name: MYSQL

☐ Shared Memory Memory Name: MYSQL

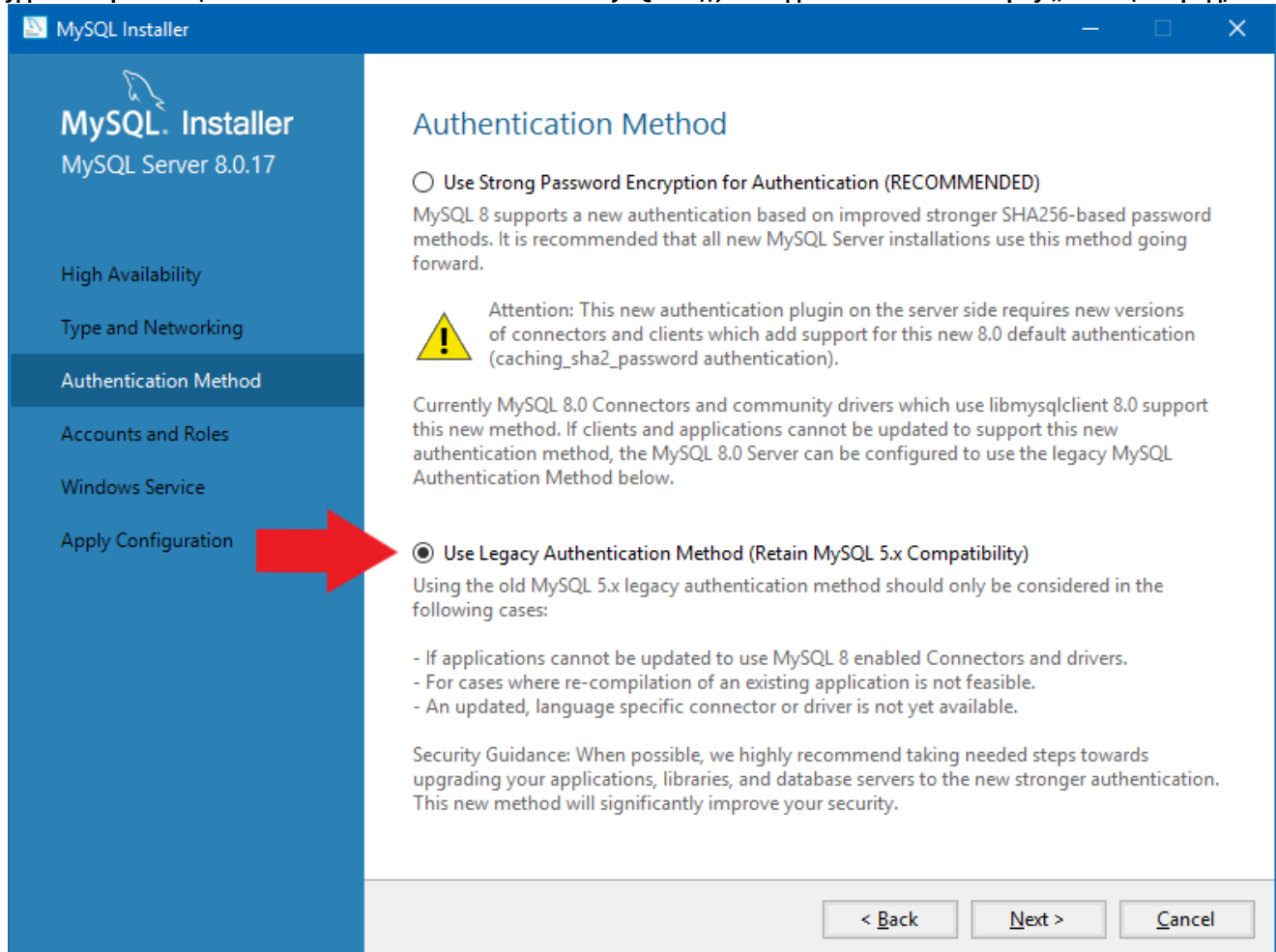
Advanced Configuration

Select the check box below to get additional configuration pages where you can set advanced and logging options for this server instance.

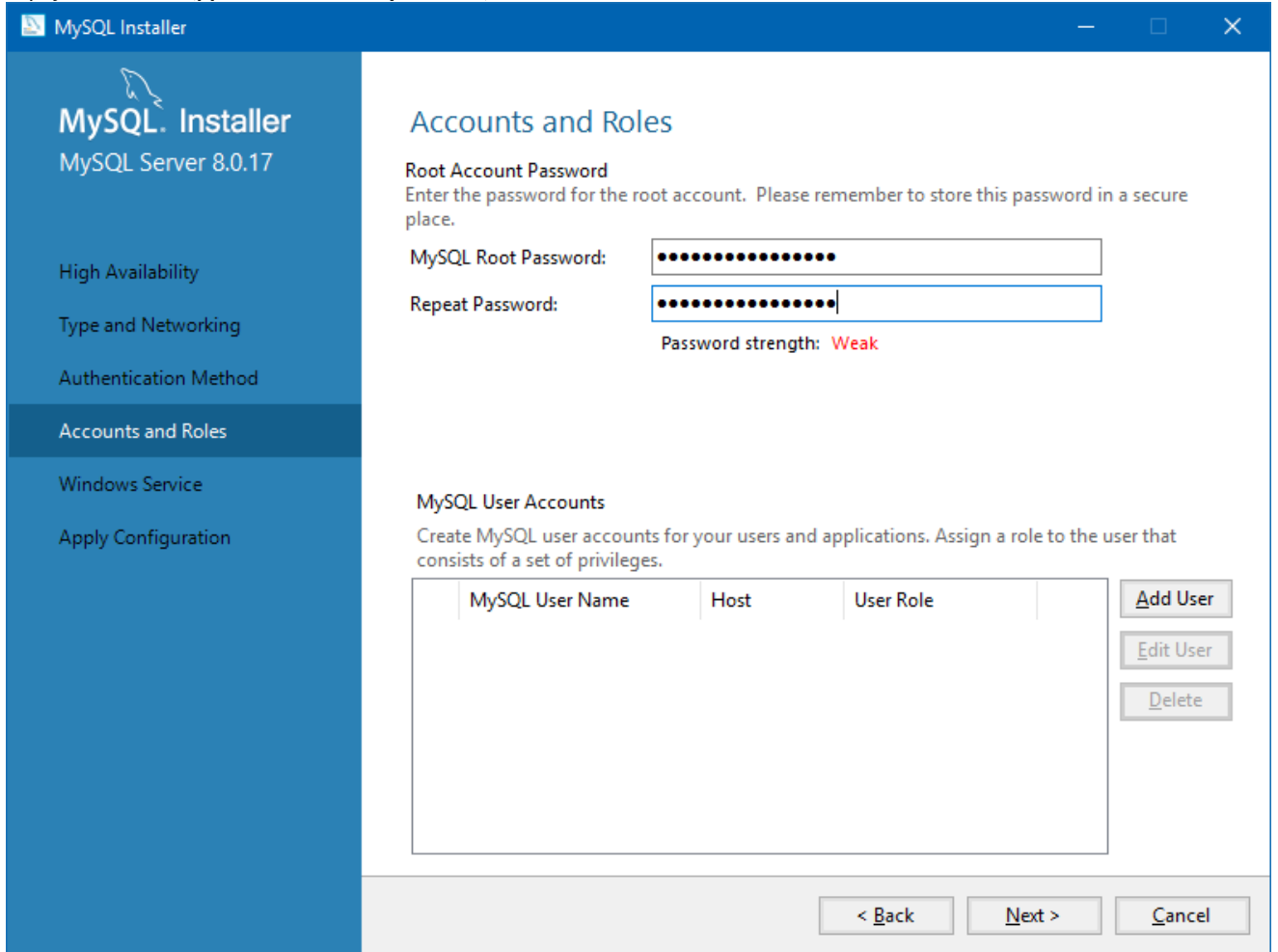
☐ Show Advanced and Logging Options

< Back Next > Cancel

10. Изберете „Use Legacy Authentication Method (Retain MySQL 5.x Compatibility)“ (Използване на метода на наследено удостоверяване (Запазване на съвместимостта на MySQL 5.x)), а след това кликнете върху „Next“ (Напред)



11. Посочете MySQL Root Password (Основна парола за MySQL) (**моля, запишете си тази парола**), а след това кликнете върху „Add User“ (**Добавяне на потребител**)



MySQL Installer

MySQL Server 8.0.17

High Availability

Type and Networking

Authentication Method

Accounts and Roles

Windows Service

Apply Configuration

Accounts and Roles

Root Account Password
Enter the password for the root account. Please remember to store this password in a secure place.

MySQL Root Password:

Repeat Password:

Password strength: **Weak**

MySQL User Accounts
Create MySQL user accounts for your users and applications. Assign a role to the user that consists of a set of privileges.

MySQL User Name	Host	User Role
-----------------	------	-----------

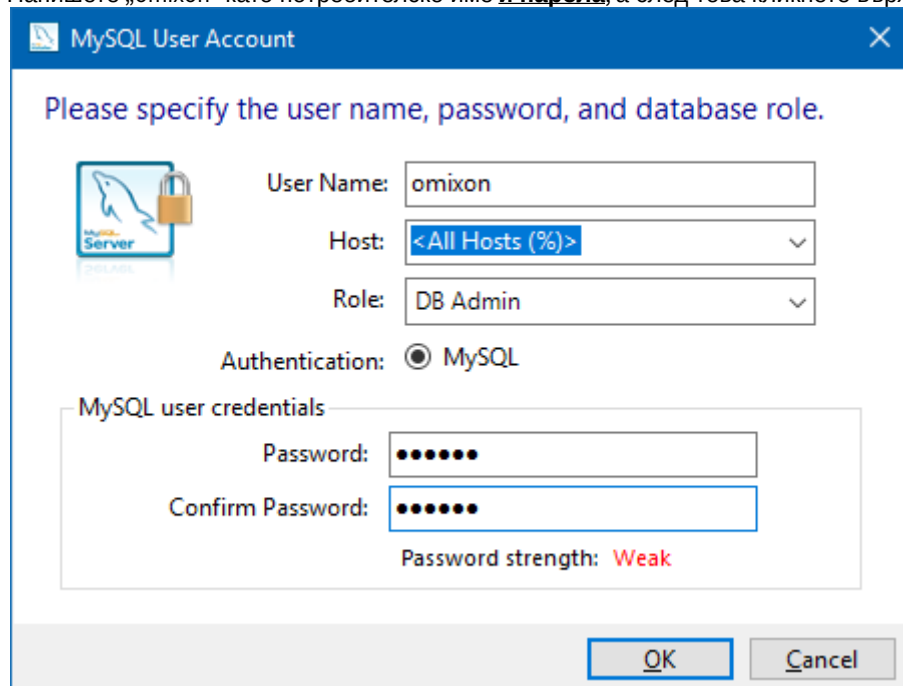
[Add User](#)

[Edit User](#)

[Delete](#)

< Back Next > Cancel

12. Напишете „omixon“ като потребителско име **и парола**, а след това кликнете върху „Ok“ (OK) и „Next“ (Напред)



The image shows a 'MySQL User Account' dialog box. It has a blue title bar with a close button. The main text says 'Please specify the user name, password, and database role.' On the left is a MySQL Server icon. The form contains the following fields: 'User Name' with the text 'omixon'; 'Host' with a dropdown menu showing '<All Hosts (%)>'; 'Role' with a dropdown menu showing 'DB Admin'; 'Authentication' with a radio button selected for 'MySQL'. Below these is a section titled 'MySQL user credentials' containing 'Password' and 'Confirm Password' fields, both filled with dots. Below these fields, it says 'Password strength: Weak' in red text. At the bottom right are 'OK' and 'Cancel' buttons.

MySQL User Account

Please specify the user name, password, and database role.

User Name: omixon

Host: <All Hosts (%)>

Role: DB Admin

Authentication: ☒ MySQL

MySQL user credentials

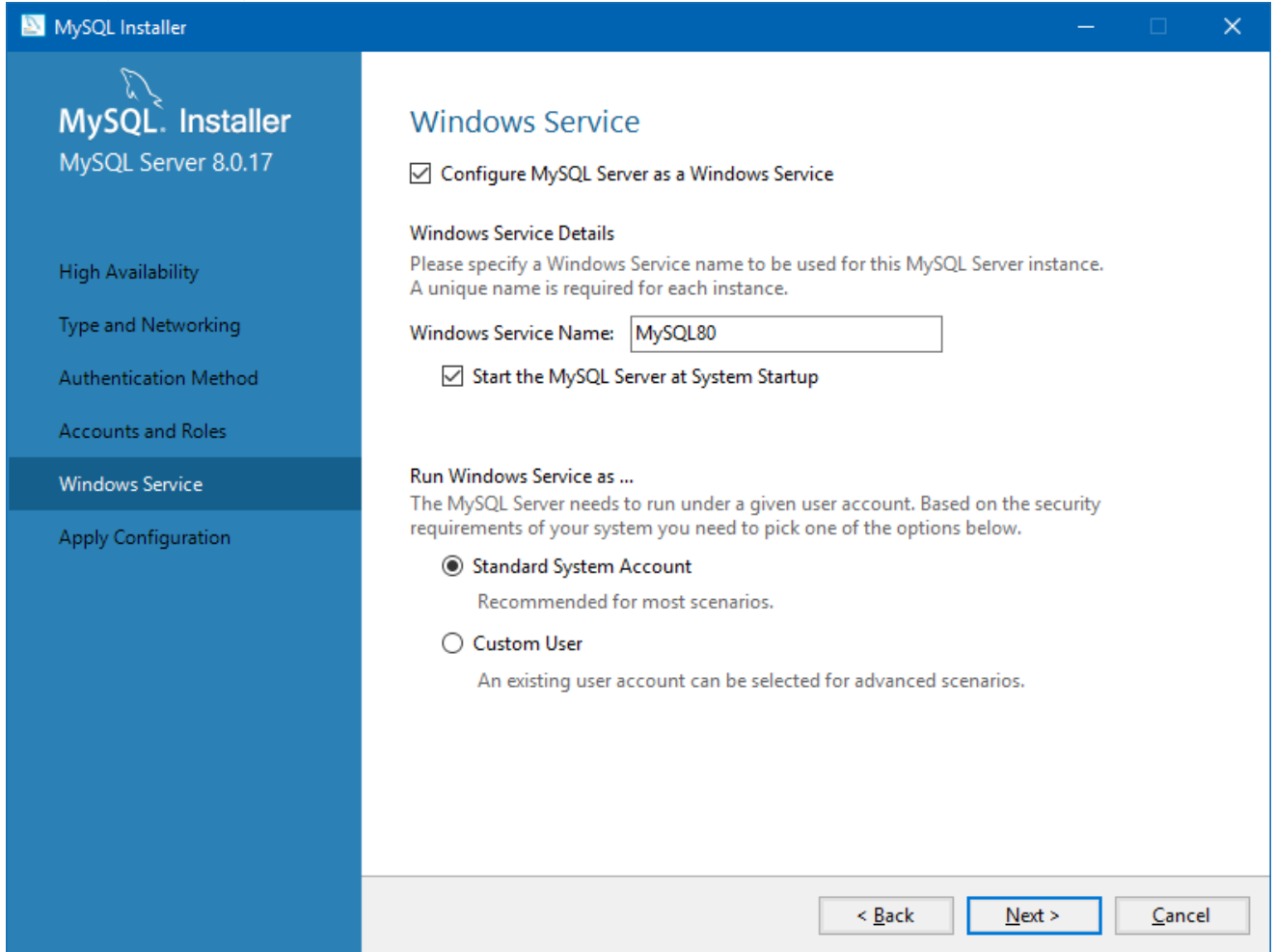
Password:

Confirm Password:

Password strength: Weak

OK Cancel

13. Моля, използвайте стойностите по подразбиране и кликнете върху „Next“ (Напред), а след това – върху „Execute“ (Изпълнение).

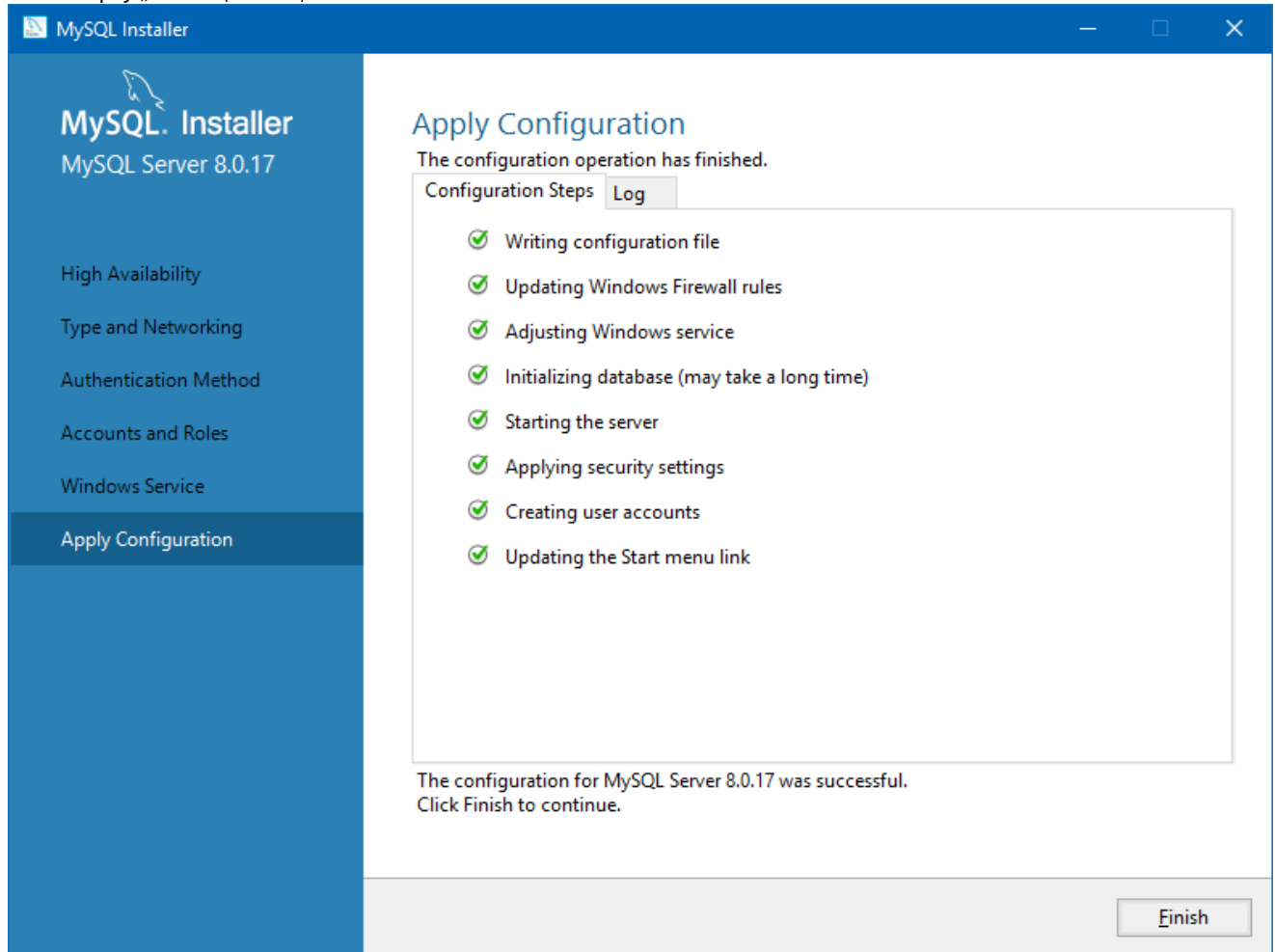


The screenshot shows the 'MySQL Installer' window for 'MySQL Server 8.0.17'. The left sidebar contains the following steps: High Availability, Type and Networking, Authentication Method, Accounts and Roles, **Windows Service** (selected), and Apply Configuration. The main area is titled 'Windows Service' and contains the following options:

- ☒ **Configure MySQL Server as a Windows Service**
- Windows Service Details**
Please specify a Windows Service name to be used for this MySQL Server instance. A unique name is required for each instance.
Windows Service Name:
- ☒ **Start the MySQL Server at System Startup**
- Run Windows Service as ...**
The MySQL Server needs to run under a given user account. Based on the security requirements of your system you need to pick one of the options below.
 - ☒ **Standard System Account**
Recommended for most scenarios.
 - ☐ **Custom User**
An existing user account can be selected for advanced scenarios.

At the bottom right, there are three buttons: '< Back', 'Next >' (highlighted with a blue border), and 'Cancel'.

14. Кликнете върху „Finish“ (Готово), когато конфигурацията е завършена, след това кликнете върху „Next“ (Напред), а след това – върху „Finish“ (Готово).



MySQL вече е конфигуриран правилно. Може да продължите с инсталирането на HLA Twin.

3.4.2 OSX

Ако имате съществуващ **MySQL 8** сървър във вашата среда, който бихте искали да използвате, моля, вижте „[Конфигуриране на съществуваща база данни MySQL](#)“ (see page 40). Препоръчваме да използвате локален екземпляр на MySQL за потребители на HLA Twin Desktop.

Моля, следвайте тези стъпки, за да изтеглите и инсталирате MySQL 8 за OSX.

1. Отидете на <https://dev.mysql.com/downloads/mysql/>
2. Изтеглете пакета „macOS 10.14 (x86, 64-bit), DMG Archive“ (macOS 10.14 (x86, 64-битов), DMG архив)

General Availability (GA) Releases

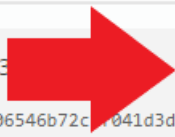
MySQL Community Server 8.0.18

Select Operating System:

macOS

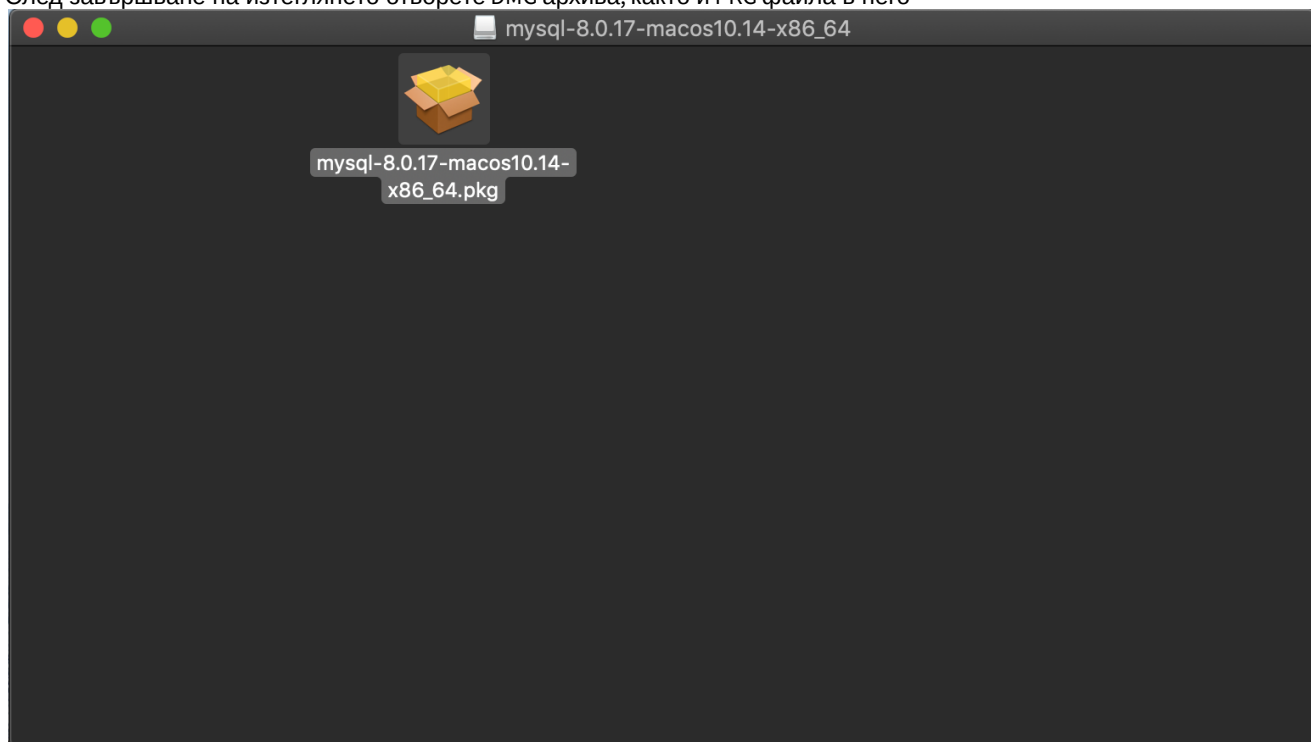
Looking for previous GA versions?

! Packages for Mojave (10.14) are compatible with High Sierra (10.13)

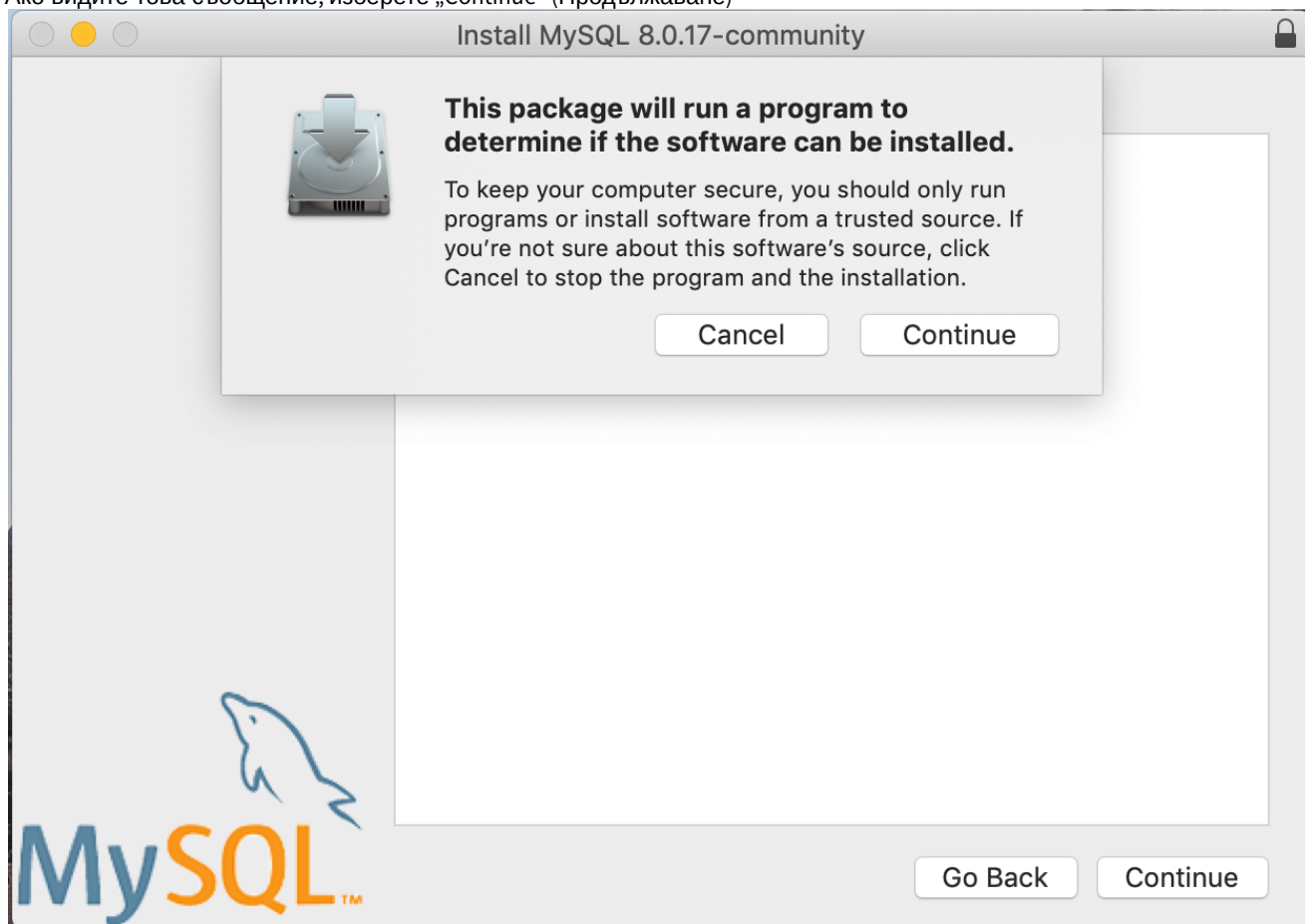
macOS 10.14 (x86, 64-bit), DMG Archive (mysql-8.0.18-macos10.14-x86_64.dmg)	8.0.18	327.7M	 Download
MD5: 6effb5f8b4a06546b72c7041d3d70bd Signature			
macOS 10.14 (x86, 64-bit), Compressed TAR Archive (mysql-8.0.18-macos10.14-x86_64.tar.gz)	8.0.18	158.3M	Download
MD5: 5deda97d03db45374e77e35d7f3a5f56 Signature			
macOS 10.14 (x86, 64-bit), Compressed TAR Archive Test Suite (mysql-test-8.0.18-macos10.14-x86_64.tar.gz)	8.0.18	152.0M	Download
MD5: 8e7295fe930a11b34baaaa312aba3ee3 Signature			
macOS 10.14 (x86, 64-bit), TAR (mysql-8.0.18-macos10.14-x86_64.tar)	8.0.18	327.7M	Download
MD5: 648650a0c8466f357c65ca66681331e4 Signature			

! We suggest that you use the [MD5 checksums](#) and [GnuPG signatures](#) to verify the integrity of the packages you download.

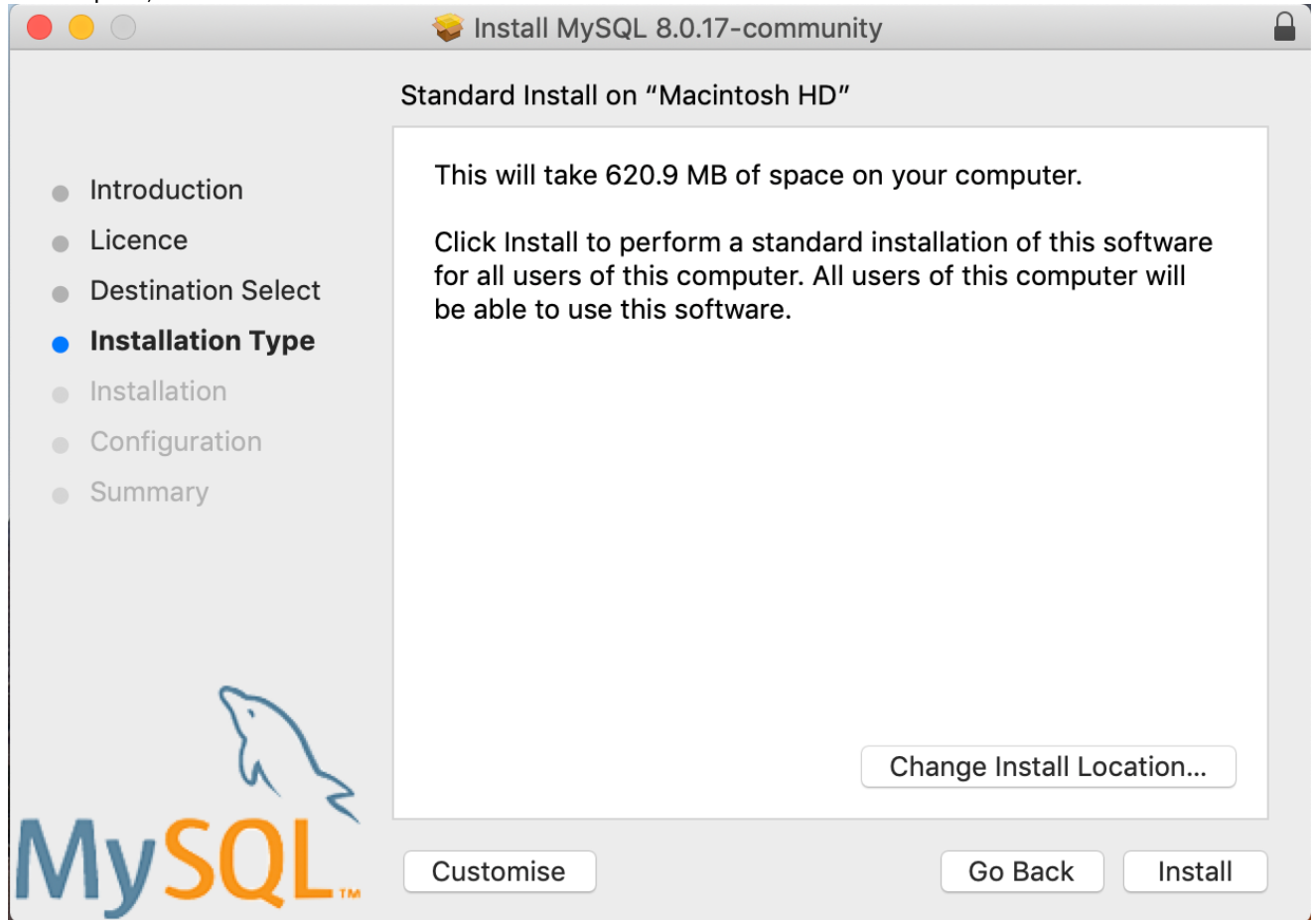
3. След завършване на изтеглянето отворете DMG архива, както и PKG файла в него



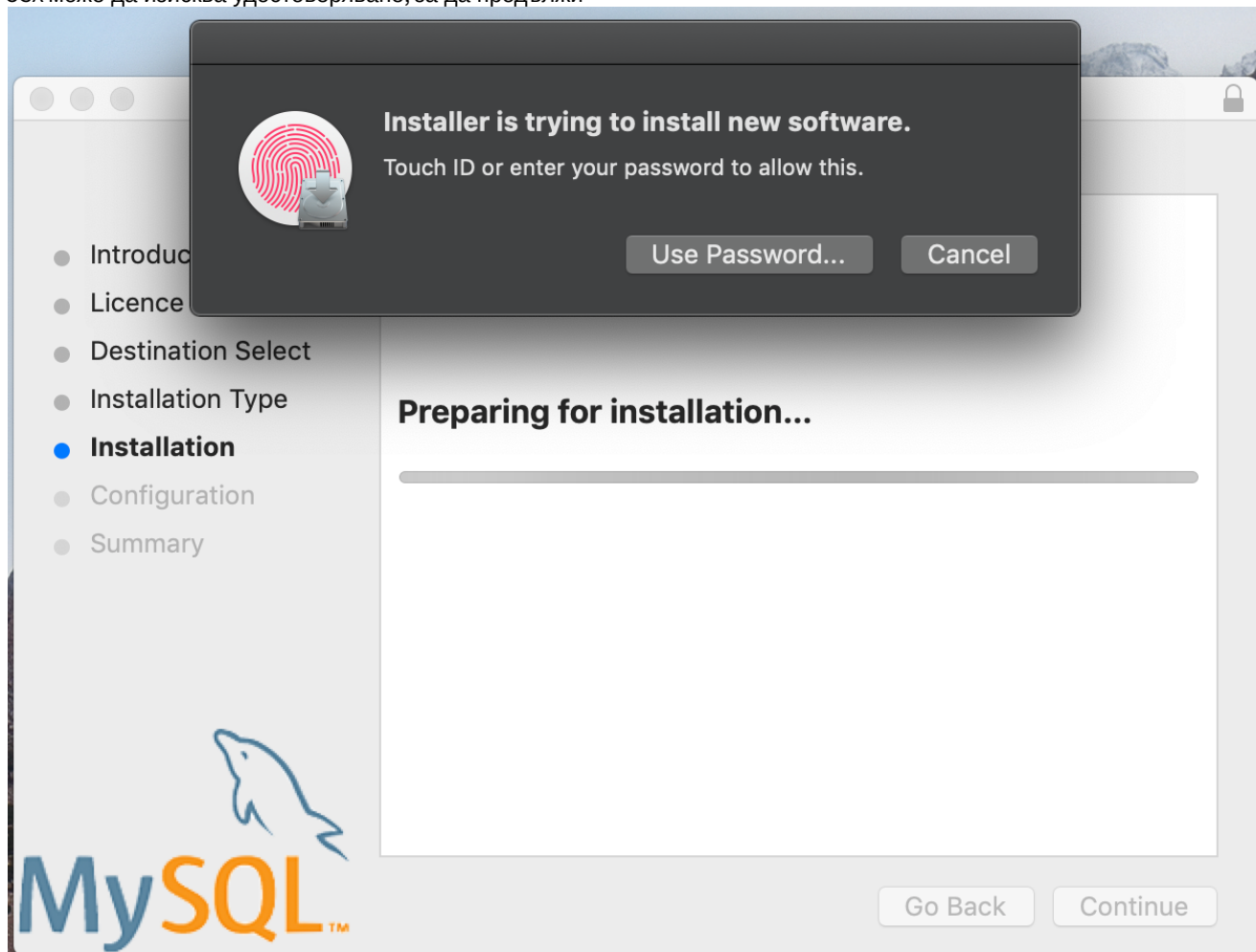
4. Ако видите това съобщение, изберете „Continue“ (Продължаване)



5. След като прегледате въведението и лиценза, изберете „Install“ (Инсталиране) в прозореца „Installation Type“ (Тип инсталиране)



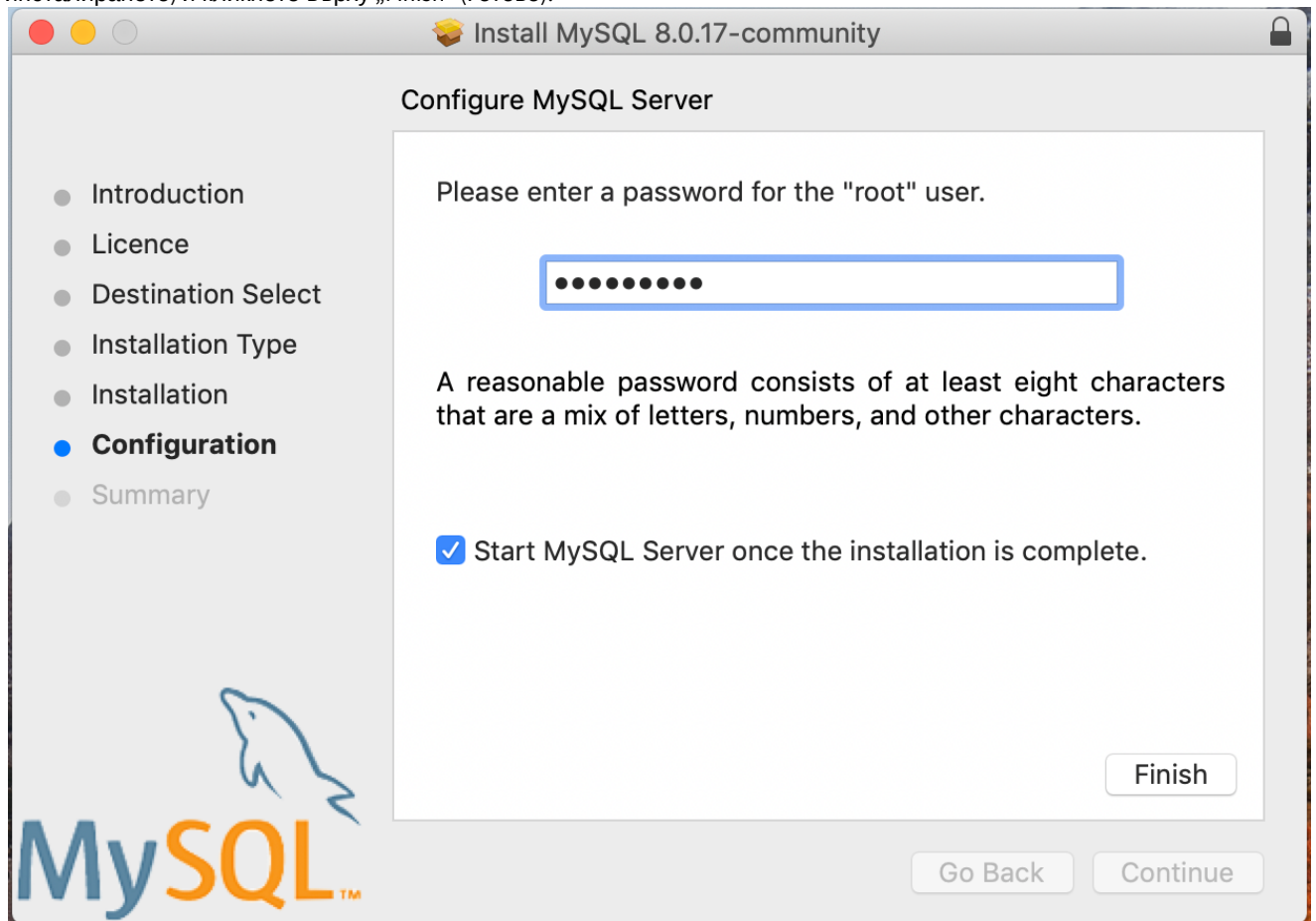
6. OSX може да изисква удостоверяване, за да продължи



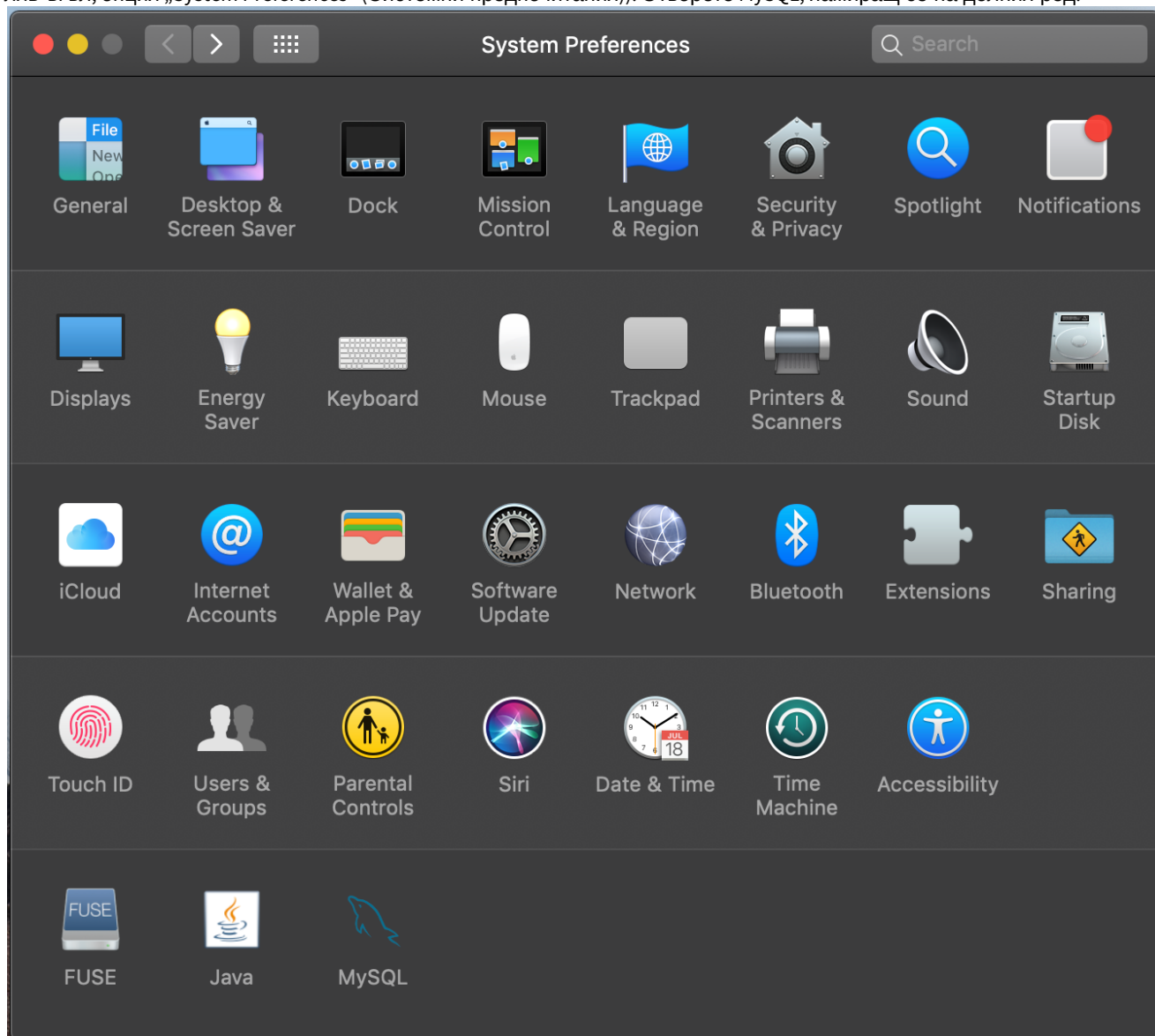
7. Изберете „Use Legacy Password Encryption“ (Използване на шифроване на наследена парола) и кликнете върху „Next“ (Напред)



8. Посочете MySQL Root Password (Основна парола за MySQL) (**моля, запишете си тази парола**), уверете се, че е избрана опцията „Start MySQL Server once the installation is complete“ (Стартиране на MySQL Server след завършване на инсталирането) и кликнете върху „Finish“ (Готово).



9. След като инсталирането приключи, отворете „System Preferences“ (Системни предпочитания) (меню на Apple в горния ляв ъгъл, опция „System Preferences“ (Системни предпочитания)). Отворете MySQL, намиращ се на долния ред.

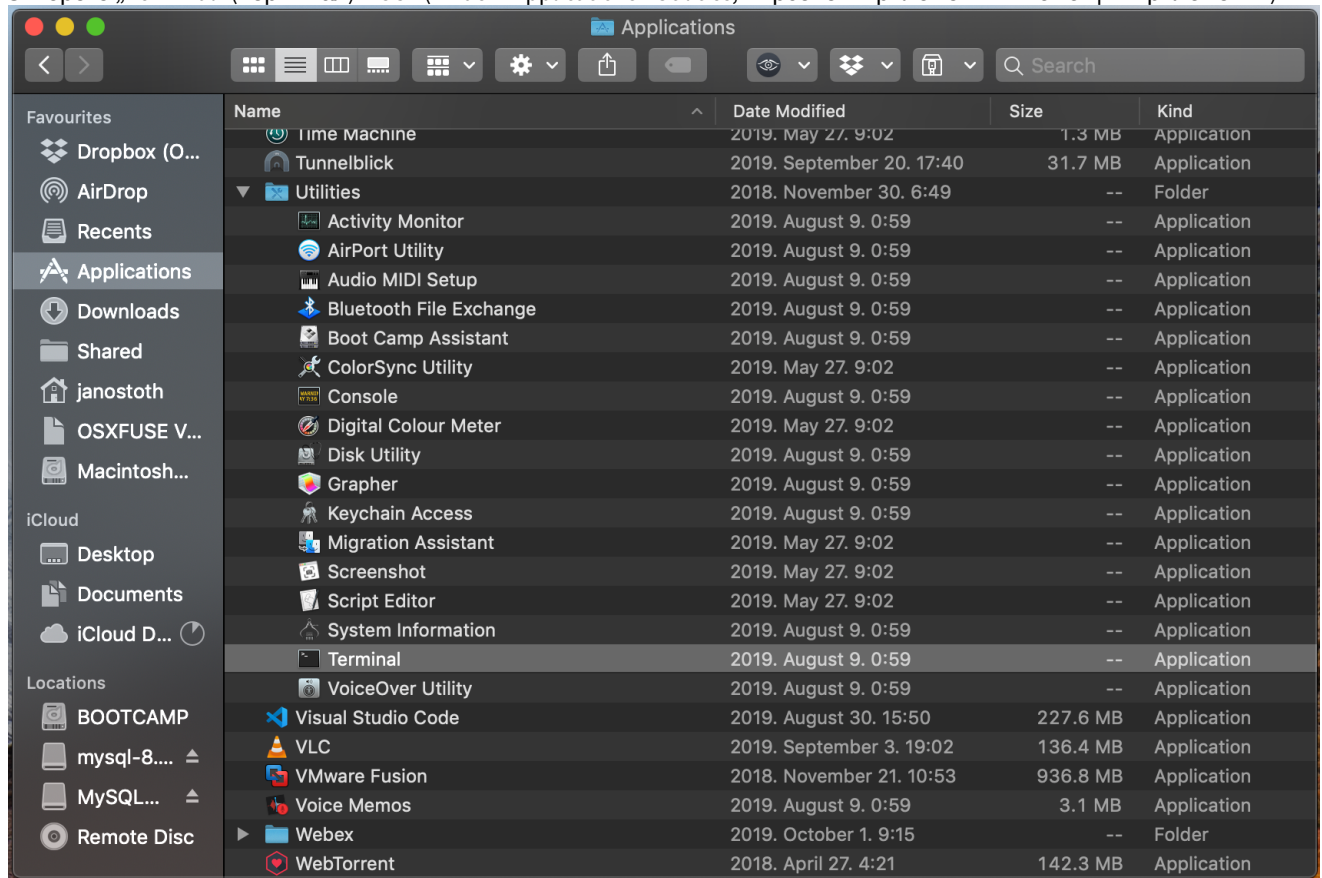


10. Уверете се, че MySQL работи (зелена точка до името на софтуера в списъка вляво) и че е поставена отметка в полето „Start MySQL when your computer starts up“ (Стартиране на MySQL, когато компютърът ви стартира), намиращо се вдясно.



11. Ако всичко е наред, моля, затворете този прозорец

12. Отворете „Terminal“ (Терминал) в OSX (Finder - Applications - Utilities, Търсене – Приложения – Помощни приложения)





13. Изпълнете следните команди в последователен ред
- `cd /usr/local/mysql/bin`
 - `./mysql -u root -p`
 - напишете основната парола за MySQL, която сте задали в инсталатора;
 - `CREATE USER 'omixon'@'localhost' IDENTIFIED BY 'omixon';`
 - `GRANT ALL PRIVILEGES ON omixon_database . * TO 'omixon'@'localhost';`
 - `FLUSH PRIVILEGES;`
 - `quit`

```
bin — -bash — 134x36
Last login: Tue Oct  8 18:59:34 on ttys000
Janoss-MacBook-Pro:~ janostoth$ cd /usr/local/mysql/bin/
Janoss-MacBook-Pro:bin janostoth$ ./mysql -u root -p
Enter password:
Welcome to the MySQL monitor.  Commands end with ; or \g.
Your MySQL connection id is 8
Server version: 8.0.17 MySQL Community Server - GPL

Copyright (c) 2000, 2019, Oracle and/or its affiliates. All rights reserved.

Oracle is a registered trademark of Oracle Corporation and/or its
affiliates. Other names may be trademarks of their respective
owners.

Type 'help;' or '\h' for help. Type '\c' to clear the current input statement.

mysql> CREATE USER 'omixon'@'localhost' IDENTIFIED BY 'omixon';
Query OK, 0 rows affected (0.00 sec)

mysql> GRANT ALL PRIVILEGES ON * . * TO 'omixon'@'localhost';
Query OK, 0 rows affected (0.00 sec)

mysql> FLUSH PRIVILEGES;
Query OK, 0 rows affected (0.00 sec)

mysql> quit
Bye
Janoss-MacBook-Pro:bin janostoth$
```

Ако изходът изглежда като този на екрана, всичко е конфигурирано правилно. Сега може да продължите с инсталирането на HLA Twin.



3.4.3 Linux

Ако имате съществуващ **MySQL 8** сървър във вашата среда, който бихте искали да използвате, моля, вижте „[Конфигуриране на съществуваща база данни MySQL](#)“ (see page 40). Препоръчваме да използвате локален екземпляр на MySQL за потребители на HLA Twin Desktop.

Тъй като има множество Linux хранилища с различни MySQL пакети, този документ ще представи само списък с настройки, за които ще трябва да внимавате по време на конфигуриране:

- HLA Twin работи само с версия 8 на MySQL;
- MySQL трябва да използва шифроване на наследена парола;
- може да се наложи да промените правилата за паролата в MySQL, за да разрешите на HLA Twin да се свърже.

След като инсталирате MySQL 8 сървъра, уверете се, че сте създали нов потребител с име omixon чрез следните команди, въведени в терминала:

1. `mysql -u root -p`
2. `CREATE USER 'omixon'@'localhost' IDENTIFIED BY 'omixon';`
3. `GRANT ALL PRIVILEGES ON omixon_database . * TO 'omixon'@'localhost';`
4. `FLUSH PRIVILEGES;`

След като настроите MySQL сървъра, може да продължите с инсталирането на HLA Twin.

3.5 Конфигуриране на съществуваща MySQL база данни

HLA Twin Server има способността да съхранява вътрешната си база данни (съдържаща потребителски данни, референтни бази данни и одитна информация) във вече съществуваща **MySQL 8** база данни. Затова няма да е необходимо да настройвате отделен MySQL сървър за HLA Twin.

Моля, имайте предвид, че реакцията на потребителския интерфейс на HLA Twin ще зависи от скоростта на мрежата между MySQL и HLA Twin.

Вашият MySQL сървър трябва да използва **шифроване на наследена парола**, за да може HLA Twin да се свърже с него.

Трябва да създадете нов потребител във вашата съществуваща база данни, за да позволите на HLA Twin да я използва. За тази цел изпълнете следните команди:

1. `CREATE USER 'omixon'@'localhost' IDENTIFIED BY 'omixon';`
2. `GRANT ALL PRIVILEGES ON omixon_database . * TO 'omixon'@'localhost';`
3. `FLUSH PRIVILEGES;`

Cera HLA Twin ще може да създаде своя собствена база данни в MySQL.

3.6 инсталиране на Desktop;

3.6.1 Актуализиране от HLA Twin 3.1.3 или предишна версия

- Няма да можете да надстроите предишната си версия на HLA Twin 3.1.3 Desktop, както беше възможно за предишните версии. Освен това инсталаторът няма да ви позволи да инсталирате новия HLA Twin в същата папка, в която е била инсталирана по-стара версия.
- Вътрешната база данни от старото ви инсталиране трябва да бъде мигрирана, за **да бъдат запазени потребителските ви данни и одитната информация**. Миграцията е част от процеса на инсталиране (стъпка 8). За повече подробности, моля, вижте [Мигриране на база данни](#) (see page 72).
- След успешно инсталиране и мигриране можете да деинсталирате предишните версии на HLA Twin Desktop от вашия компютър.



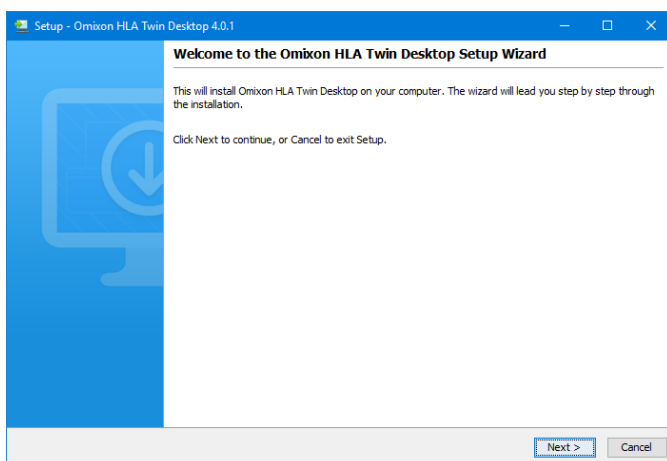
3.6.2 Инсталиране на HLA Twin Desktop

Ще трябва да инсталирате MySQL 8 сървър за бази данни, преди да можете да инсталирате HLA Twin! За повече информация, моля, направете справка в главата „Инсталиране на MySQL“.

Тази стъпка зависи от операционната система, която използвате.

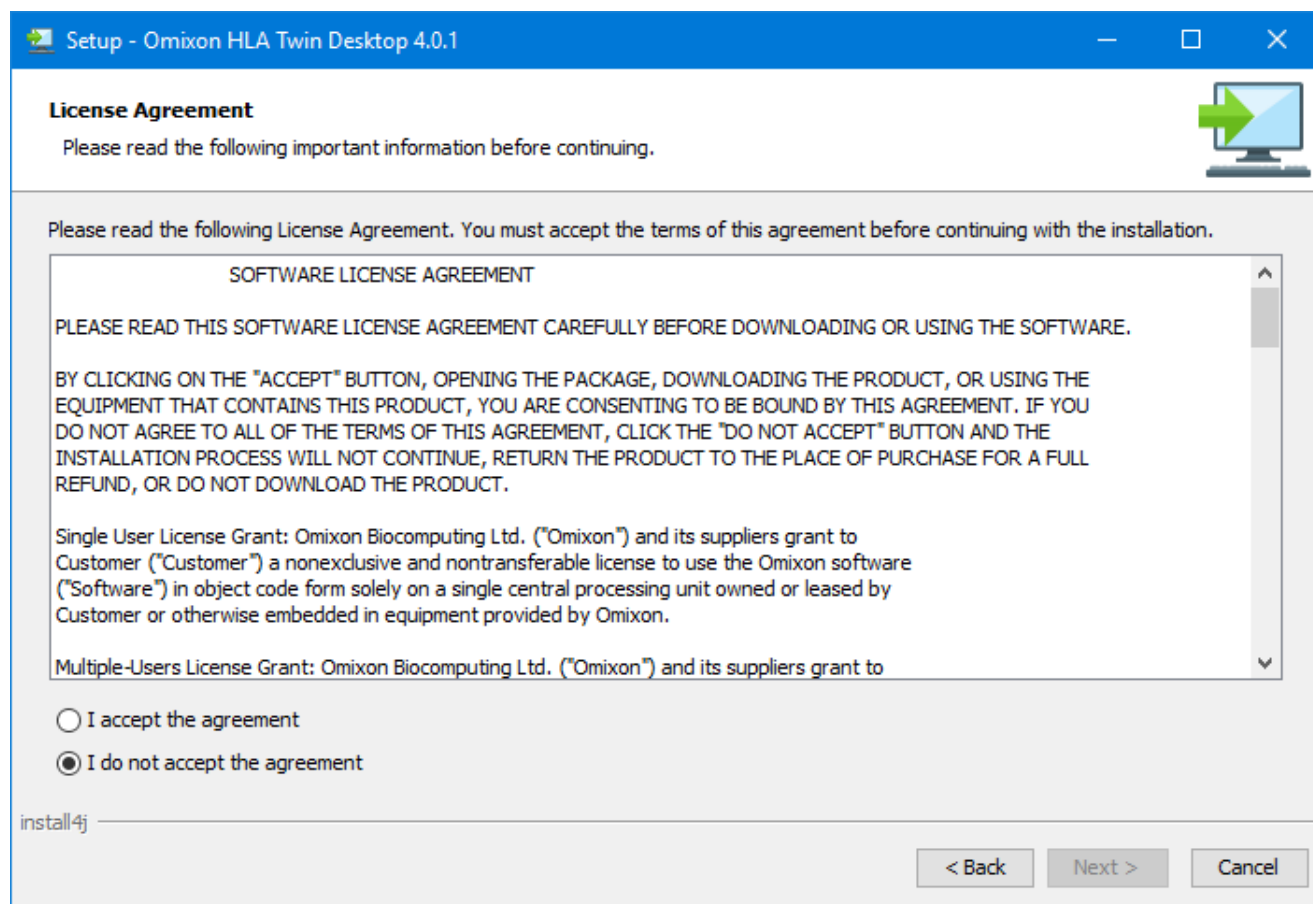
- **Потребители на Windows:** Отворете инсталатора (omixon_hla_twin_XXX_windows-x64_with_jre-**desktop**.exe)
- **Потребители на Linux:** Отворете терминален прозорец, получите разрешения за инсталатора (chmod +x omixon_hla_twin_XXX_unix_with_jre-**desktop**.sh) и след това стартирайте инсталатора.

Потребители на OSX: Отворете инсталатора (omixon_hla_twin_XXX_macos_with_jre-**desktop**.dmg) (ако ползвате OSX 10.14.6 Mojave или следваща версия, може да получите съобщение за грешка. Ако е така, моля, свържете се с нас на support@omixon.com⁶)



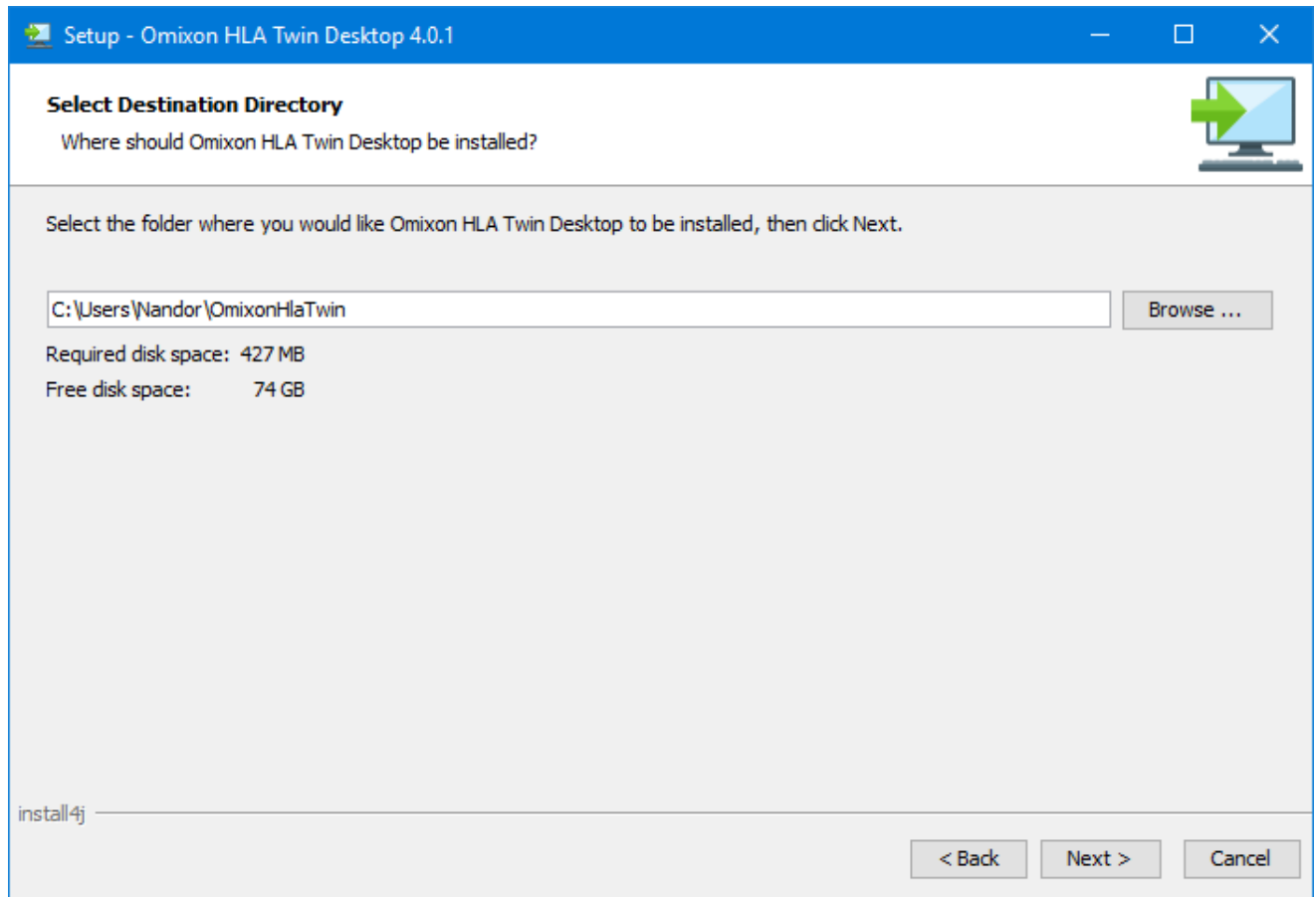
⁶ <mailto:support@omixon.com>

1. Приемете лицензионното споразумение

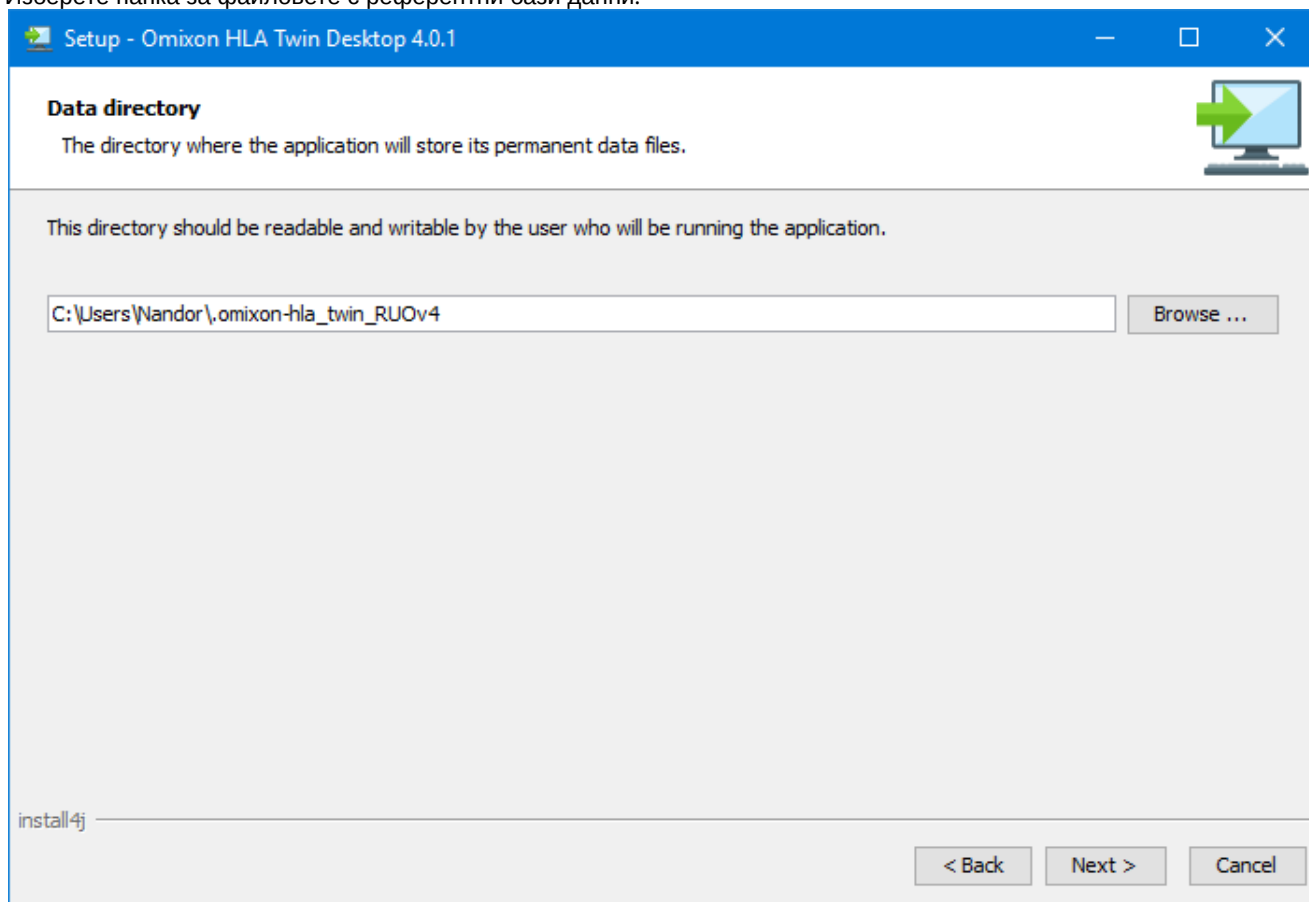


2. Изберете инсталационна папка.

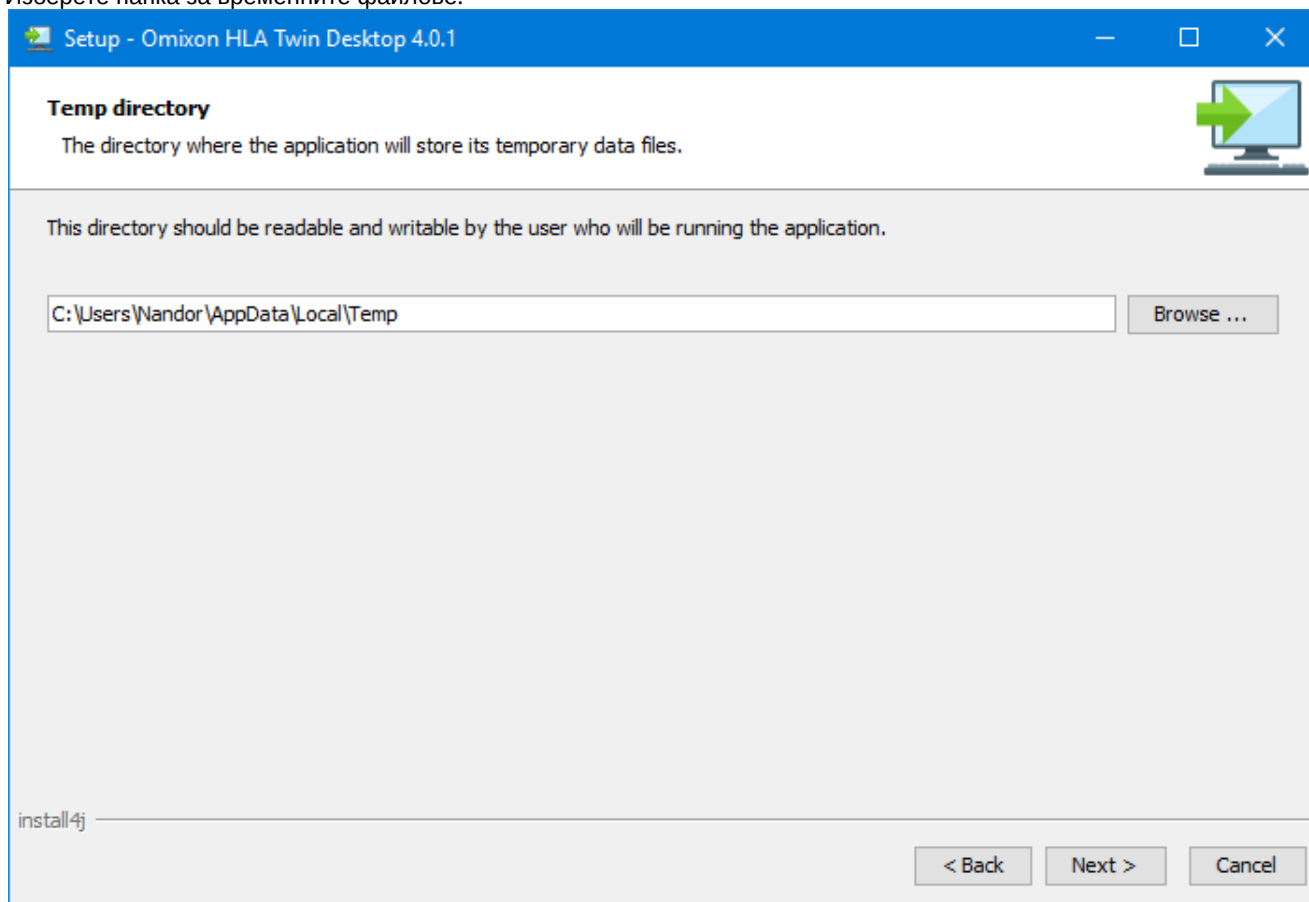
Потребители на Windows, моля, имайте предвид, че може да искате да промените директорията на местоназначение, така че други потребители в Windows да имат достъп до софтуера (същото се отнася и за другите инсталационни папки в следващите стъпки).



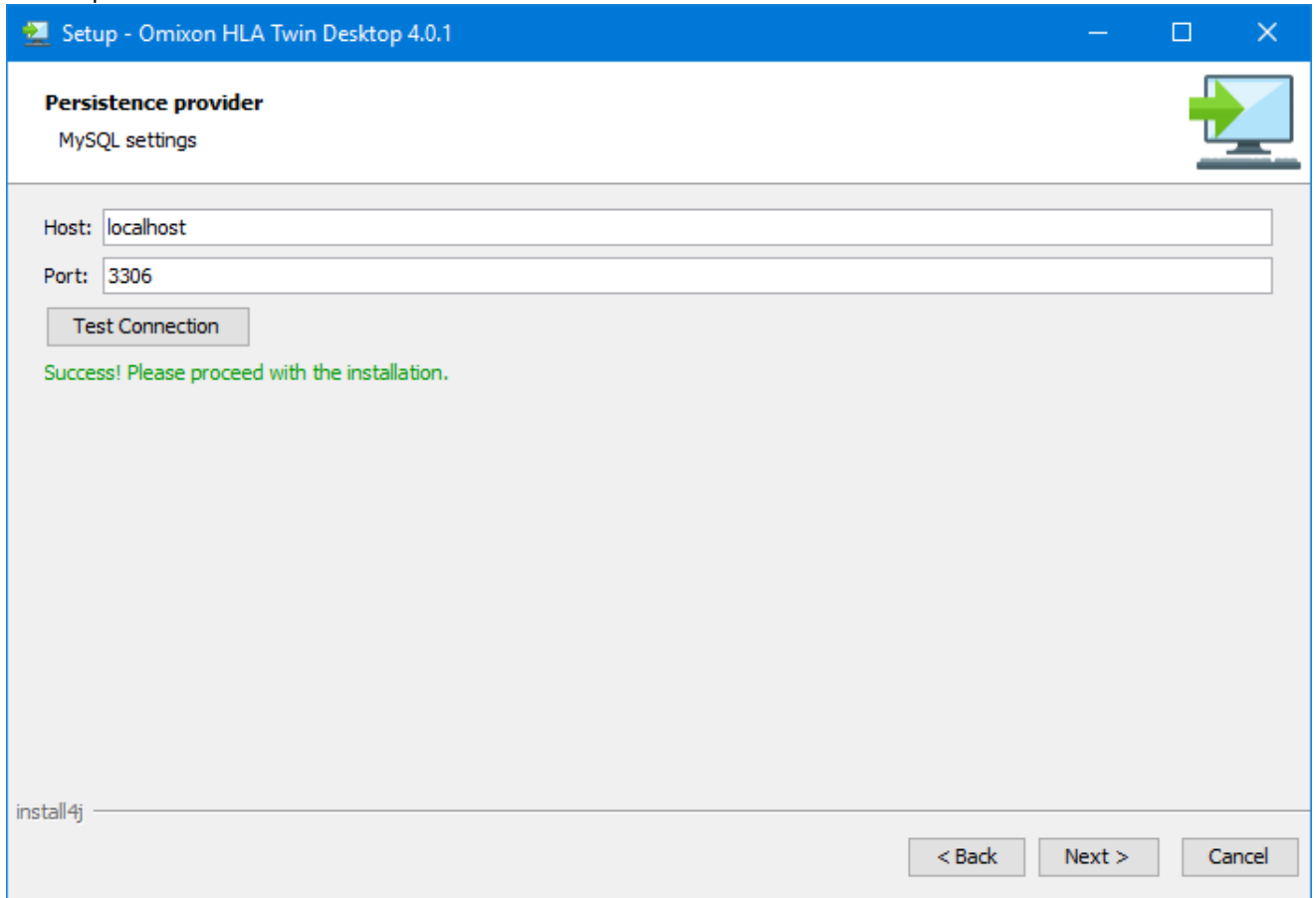
3. Изберете папка за файловете с референтни бази данни.



4. Изберете папка за временните файлове.



5. Посочете IP адреса и номера на порта за базата данни в MySQL (настройките по подразбиране трябва да работят добре, ако сте инсталирали MySQL локално). Моля, направете справка в тази глава относно ръководствата за инсталиране.



Setup - Omixon HLA Twin Desktop 4.0.1

Persistence provider

MySQL settings

Host: localhost

Port: 3306

Test Connection

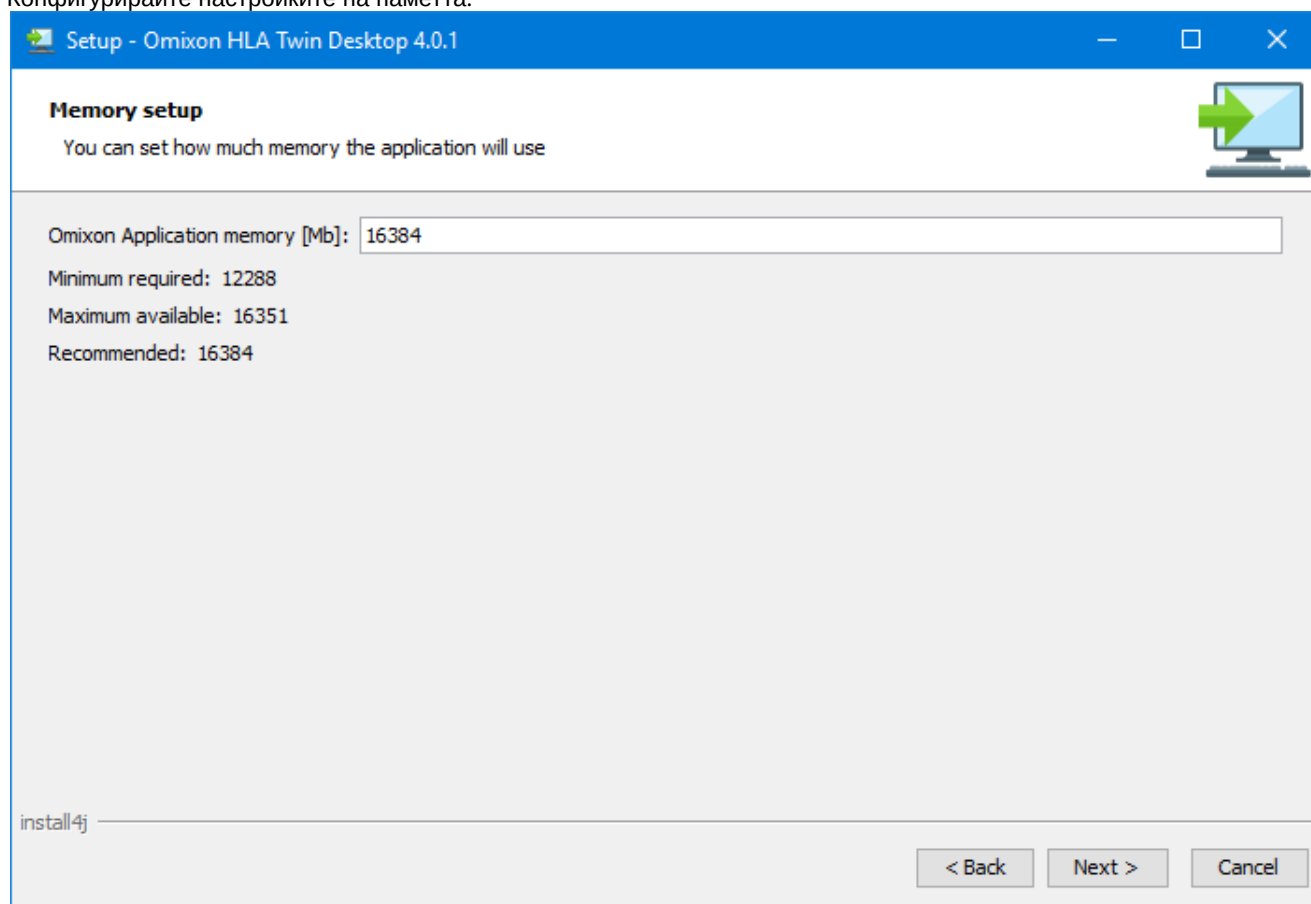
Success! Please proceed with the installation.

install4j

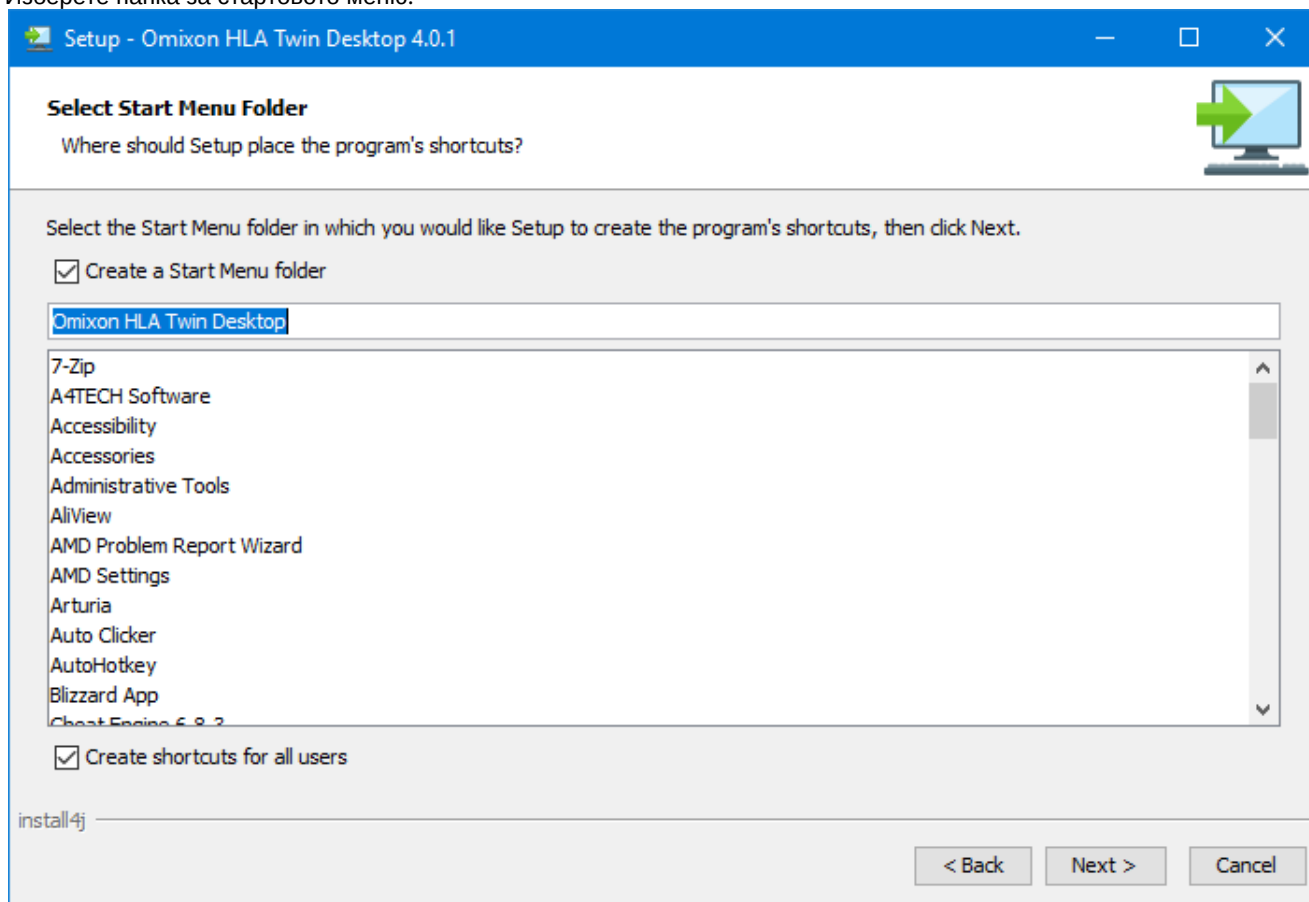
< Back Next > Cancel

Не може да продължите, докато не получите успешен резултат от тест за връзка!

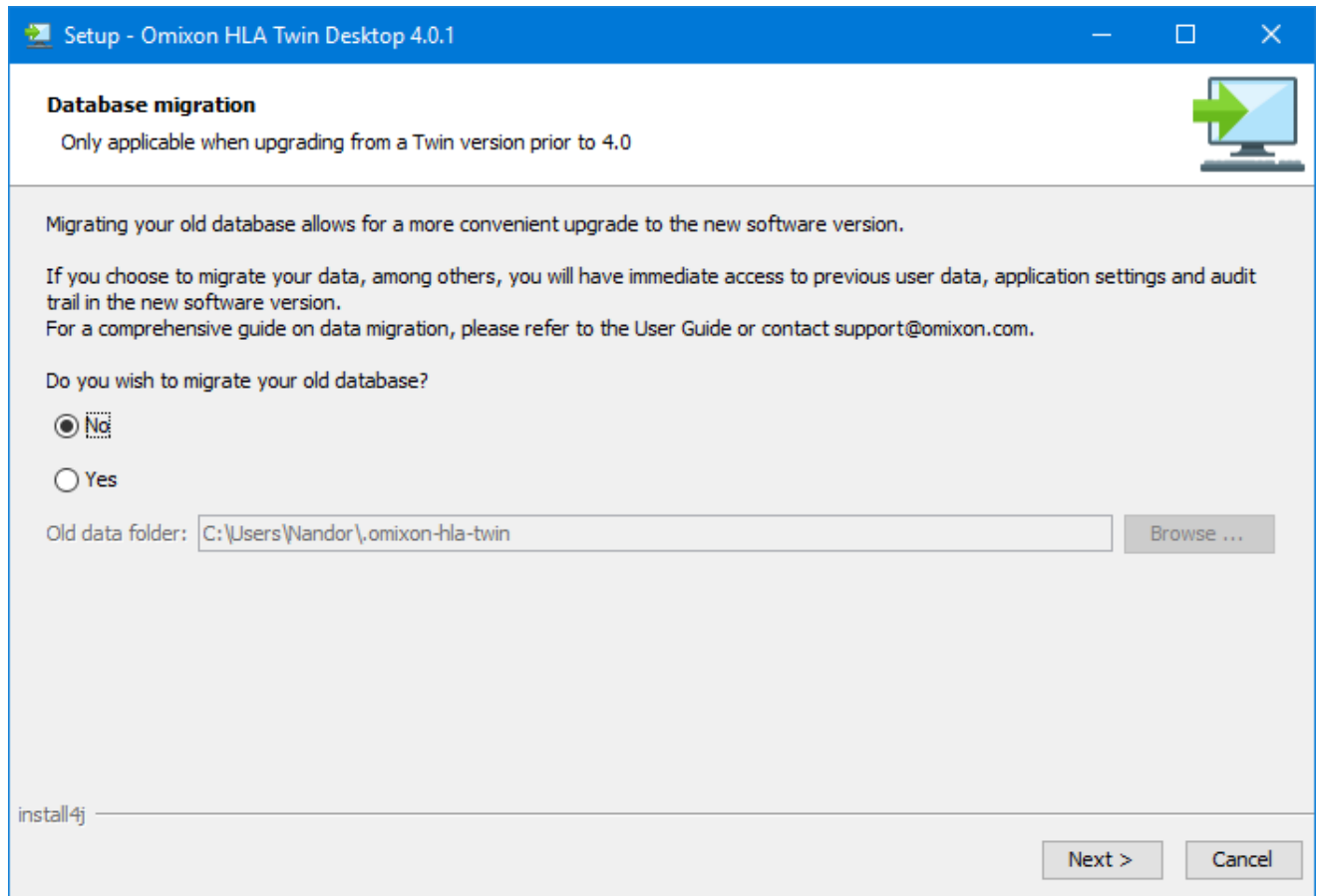
6. Конфигурирайте настройките на паметта.



7. Изберете папка за стартовото меню.

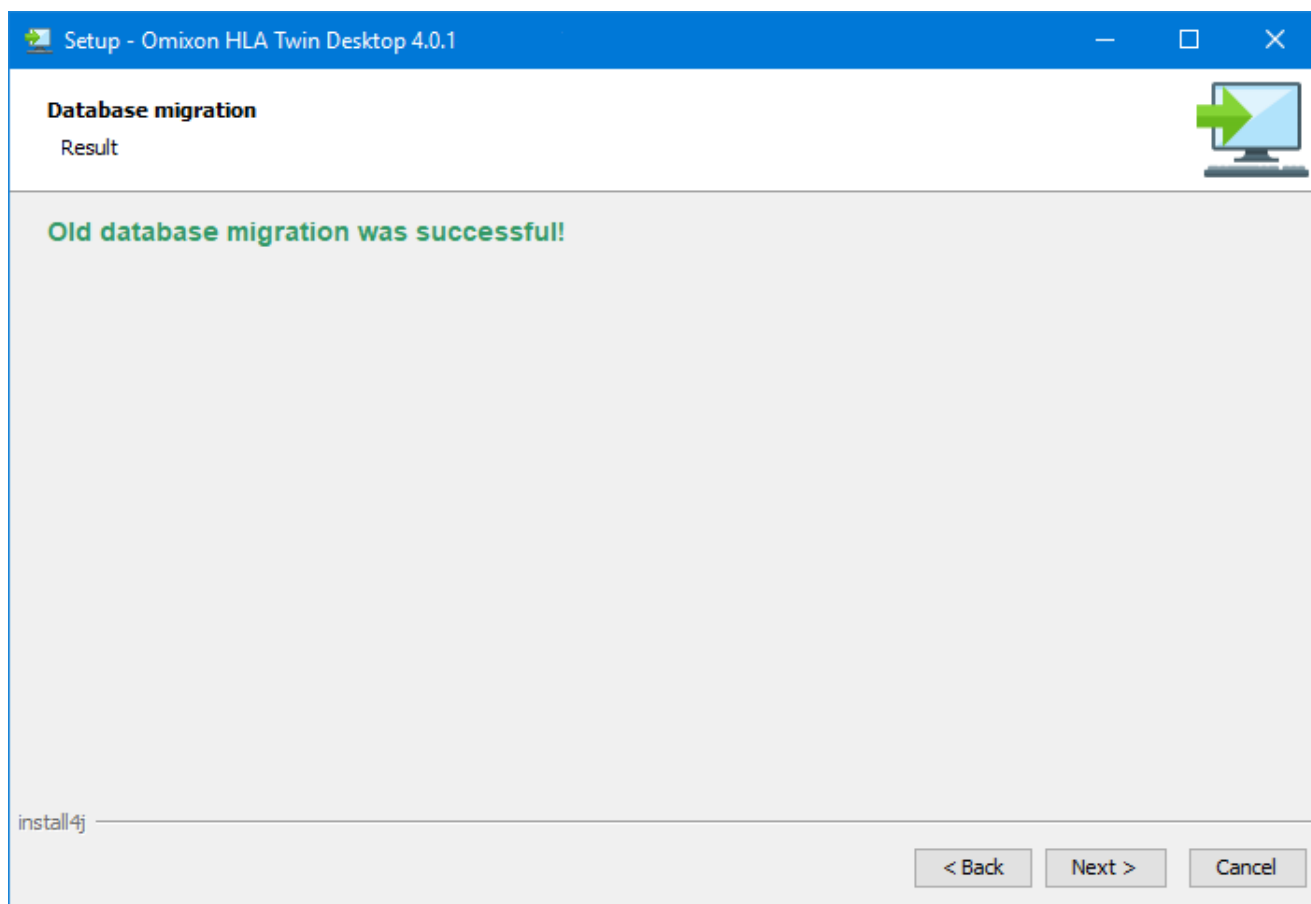


8. След като инсталирането приключи, инсталаторът ви дава възможност да мигрирате старата си база данни.
- **Ако сте нов потребител:** изберете „No“ (Не) и кликнете върху „Next“ (Напред)
 - **Ако извършвате актуализация от HLA Twin версия 3.1.3 или предишна версия:** моля, обмислете мигриране на старата база данни, за да запазите одитната си информация. За повече подробности, моля, вижте „Мигриране на база данни“ (see page 40).

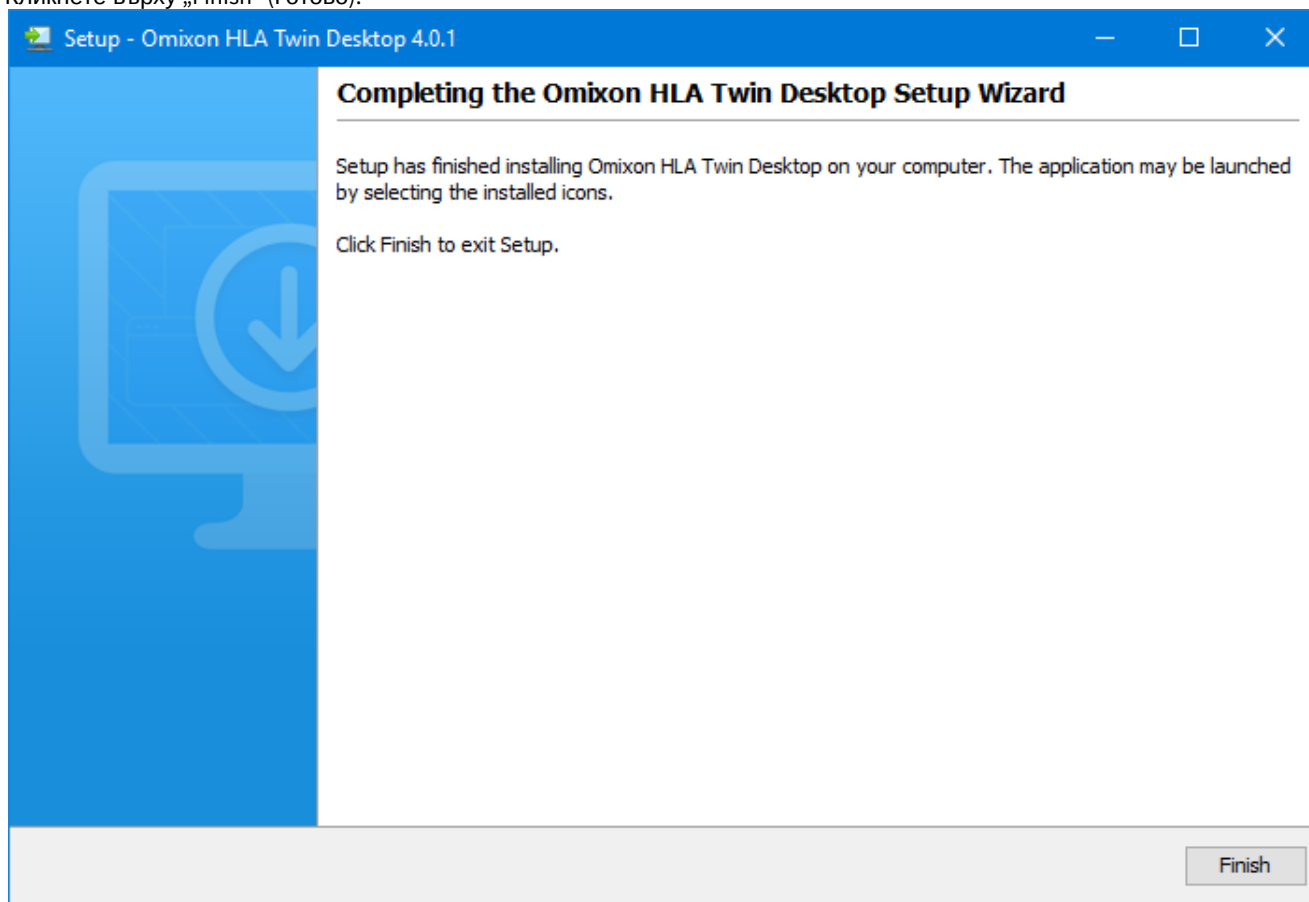




Ако сте избрали „Yes“ (Да), след успешна миграция ще получите подкана чрез следното съобщение.



9. Кликнете върху „Finish“ (Готово).



3.7 Инсталиране на Standalone Server

3.7.1 Актуализиране от HLA Twin 3.1.3 или предишна версия

- Няма да можете да актуализирате предишната си версия на HLA Twin 3.1.3 Server, както беше възможно за предишните версии. Освен това инсталаторът няма да ви позволи да инсталирате HLA Twin 4.0.0 в същата папка, в която е била инсталирана по-стара версия.
- Вътрешната база данни от старото ви инсталиране трябва да бъде мигрирана, за **да бъдат запазени потребителските ви данни и одитната информация**. Миграцията е част от процеса на инсталиране (стъпка 11). За повече подробности, моля, вижте главата [Мигриране на база данни](#) (see page 72).
- След успешно инсталиране и мигриране можете да деинсталирате предишните версии на HLA Twin Server от вашия компютър.
- Моля, имайте предвид, че версиите на софтуерите HLA Twin Client и HLA Twin Server трябва да съвпадат.
- В новата версия на HLA Twin Server **няма услуга HLA Twin Typer Server NG** – една услуга ще обработва анализите и клиентите.

3.7.2 Бележки преди инсталирането

База данни: Ще трябва да инсталирате MySQL 8 сървър за бази данни, **преди да можете да инсталирате HLA Twin!** За повече информация, моля, направете справка в главата „*Инсталиране на MySQL*“.

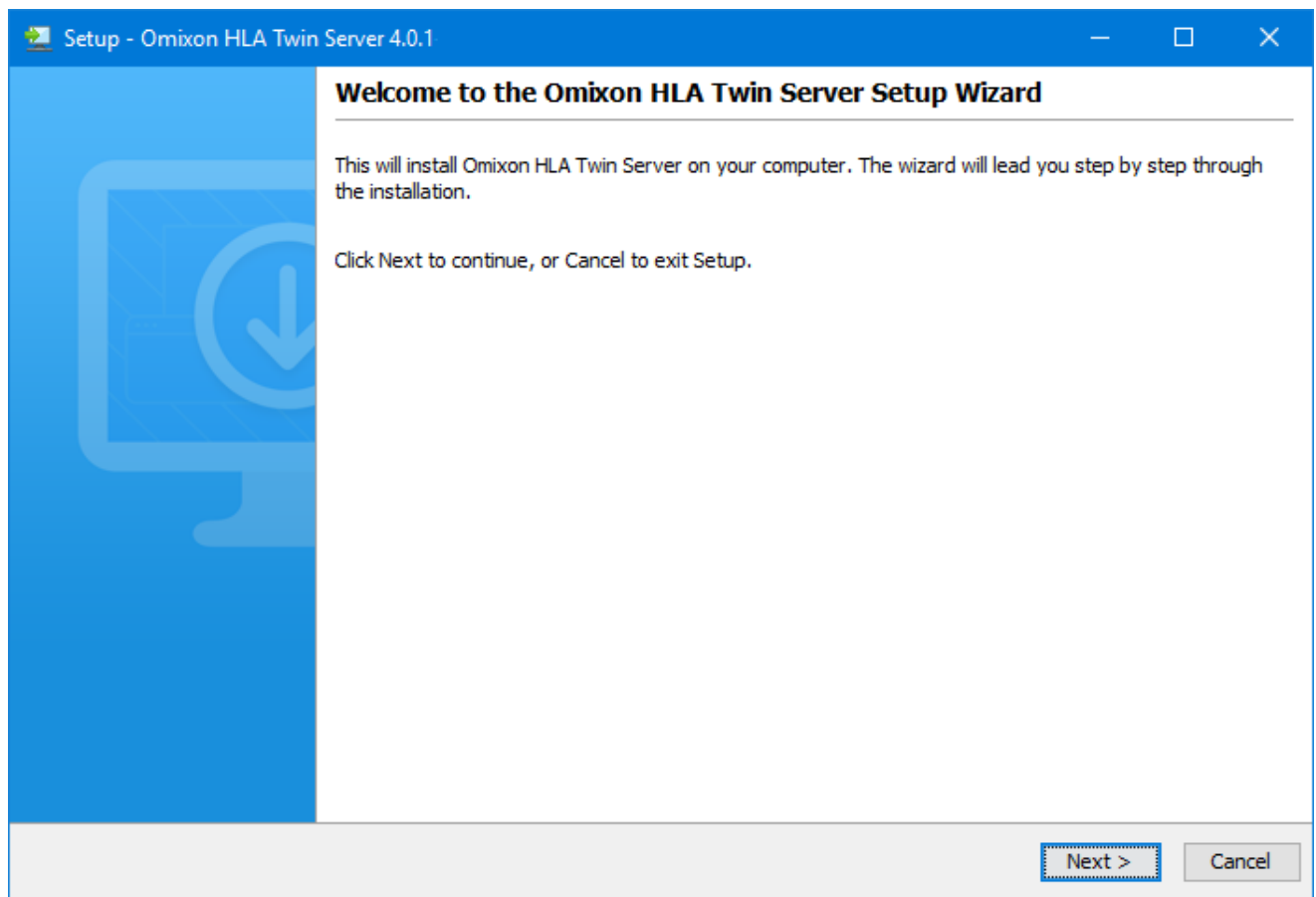
Работа в мрежа: По подразбиране HLA Twin Server ще комуникира с HLA Twin Clients на портовете 4380 и 4381, така че, моля, уверете се, че сте ги разрешили на вашата защитна стена.

Услуга в Windows: HLA Twin Server ще се изпълнява като услуга Omixon HLA Twin NG Server в Windows, която е зададена за автоматично стартиране по подразбиране.

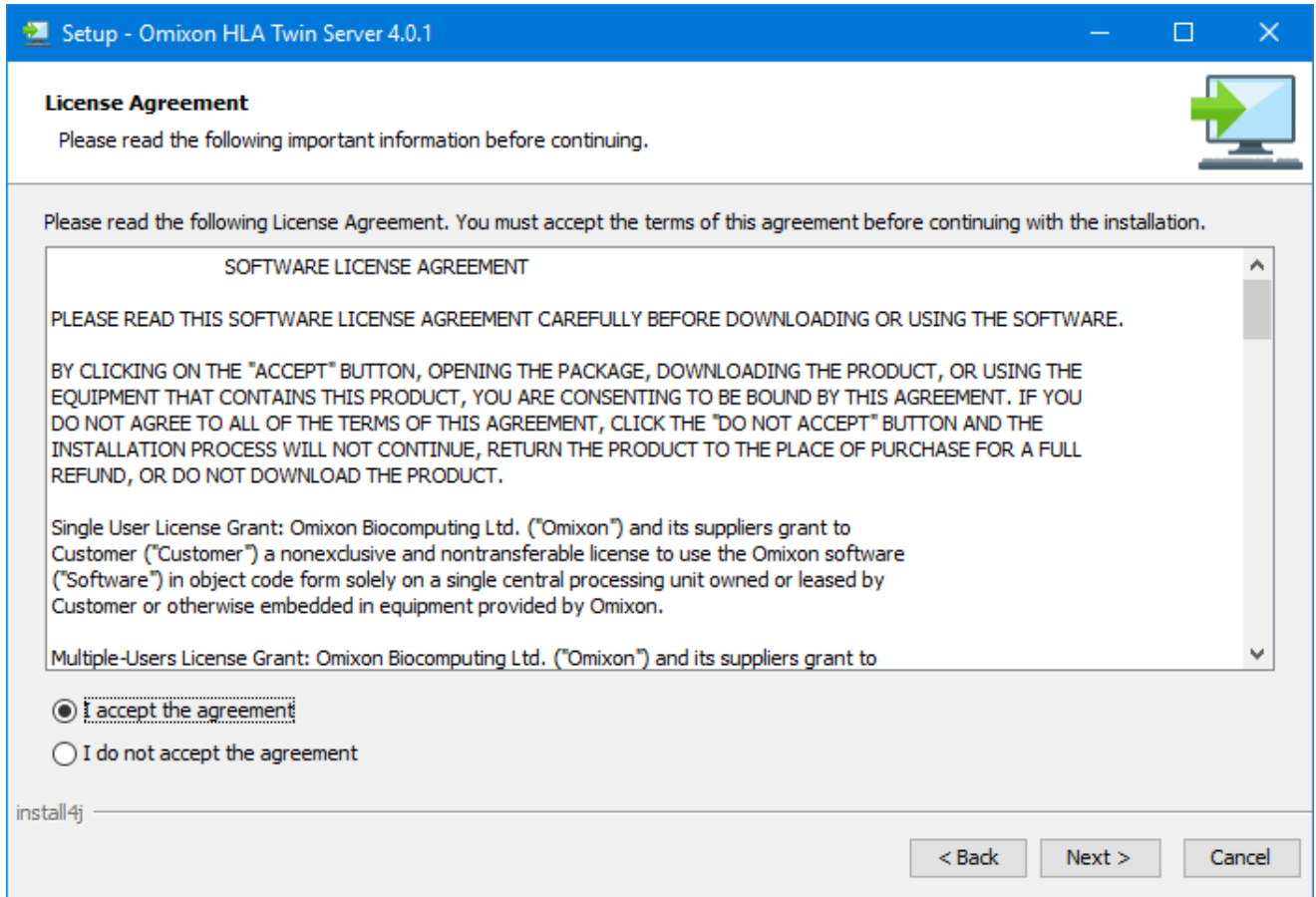
3.7.3 Инсталиране на HLA Twin Server

1. Тази стъпка зависи от операционната система, която използвате.

- **Потребители на Windows:** Отворете инсталатора (omixon_hla_twin_XXX_windows-x64_with_jre-**serverclient**.exe)
- **Потребители на Linux:** Отворете терминален прозорец, получите разрешения за инсталатора (chmod +x omixon_hla_twin_XXX_unix_with_jre-**serverclient**.sh) и след това стартирайте инсталатора.

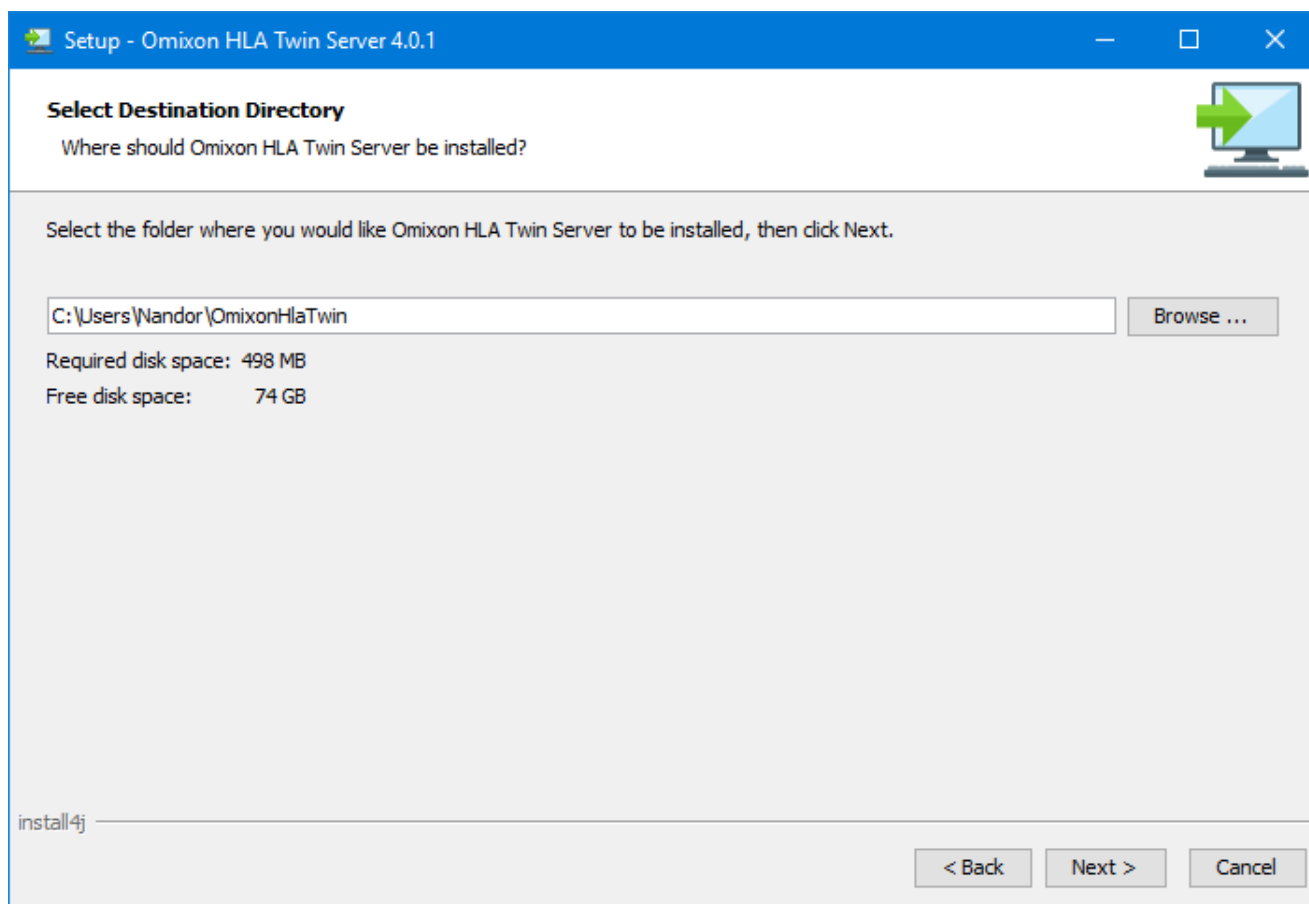


2. Приемете лицензионното споразумение

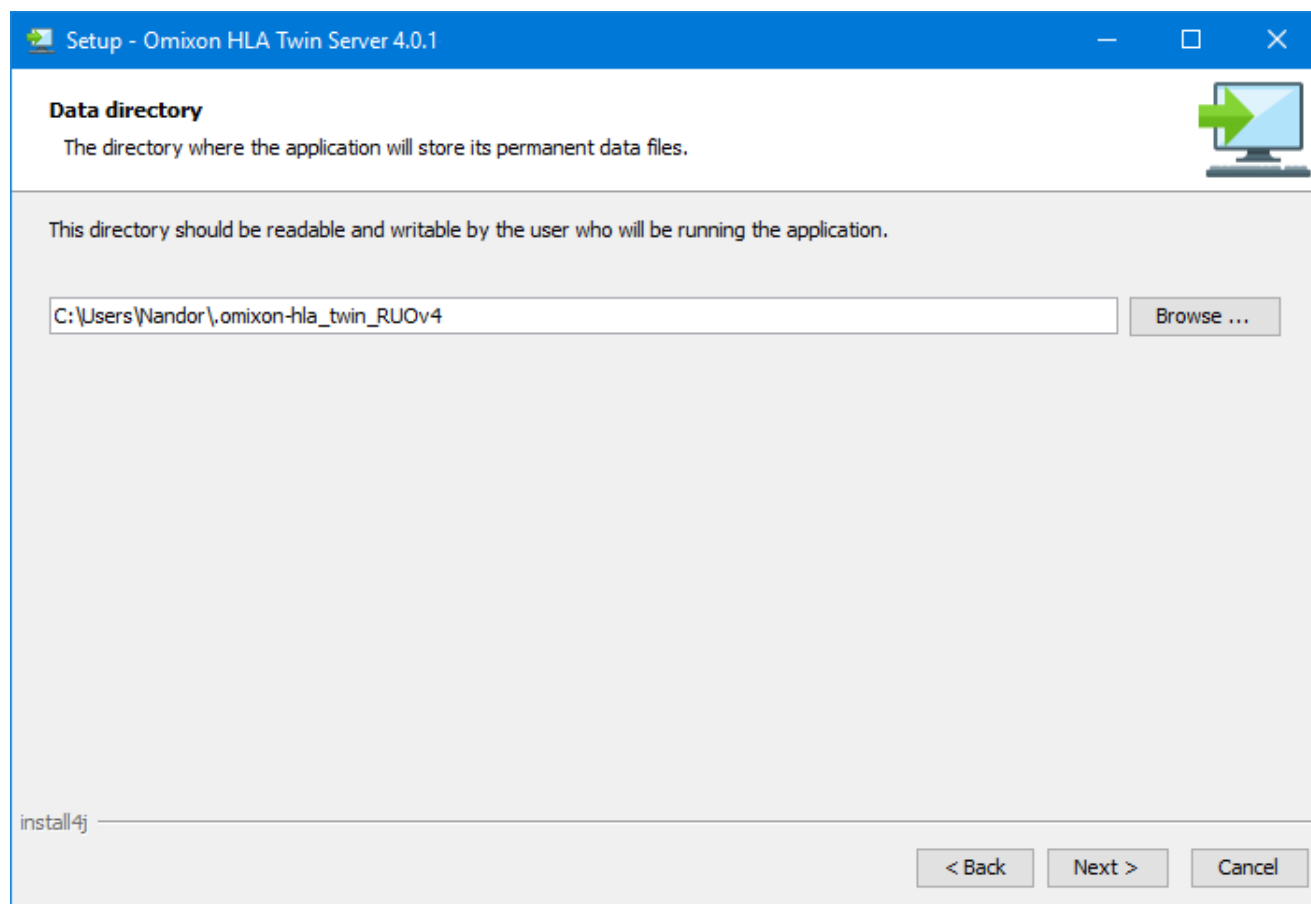


3. Изберете инсталационна папка.

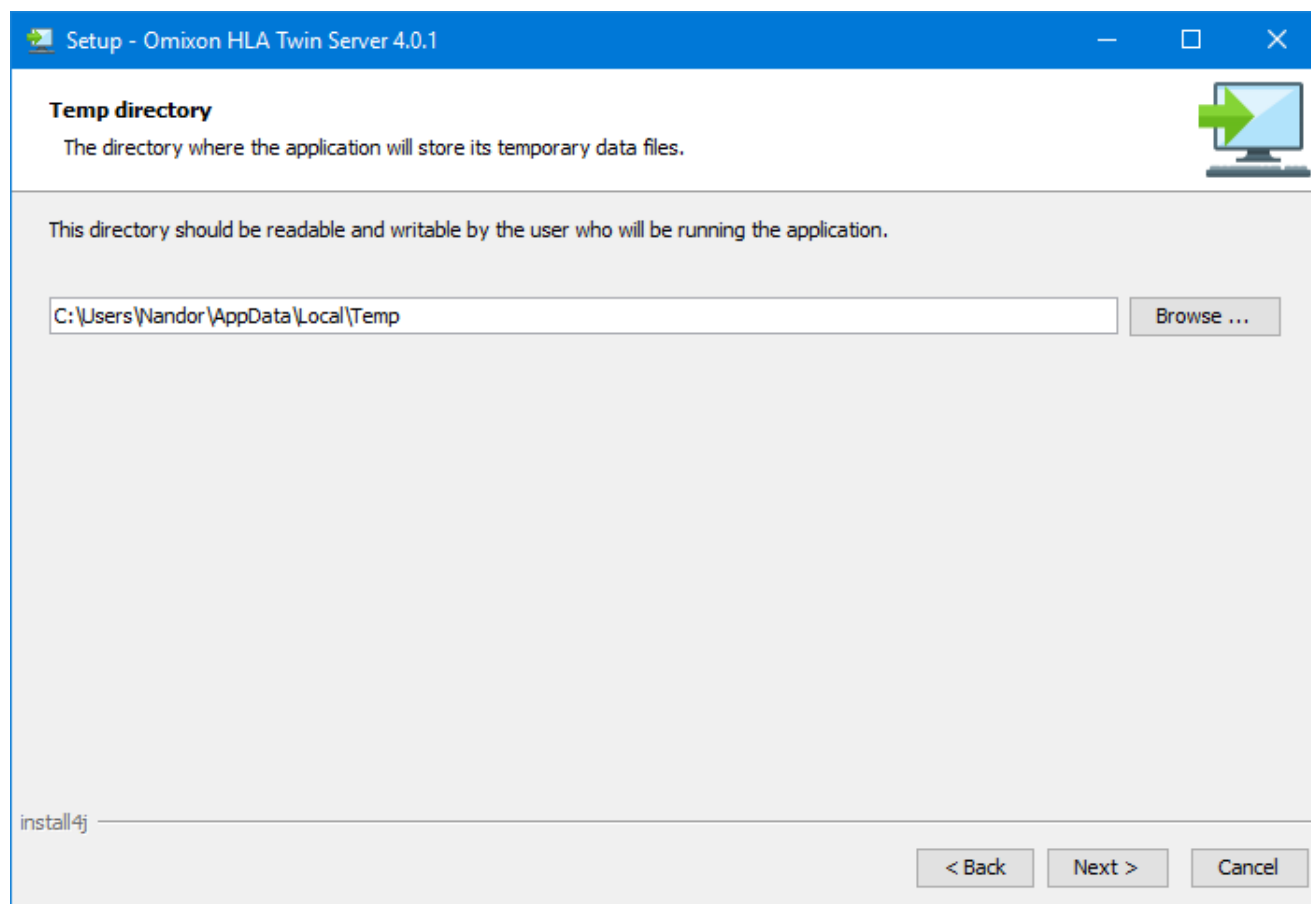
Потребители на Windows, моля, имайте предвид, че може да искате да промените директорията на местоназначение, така че други потребители в Windows да имат достъп до софтуера (същото се отнася и за другите инсталационни папки в следващите стъпки).



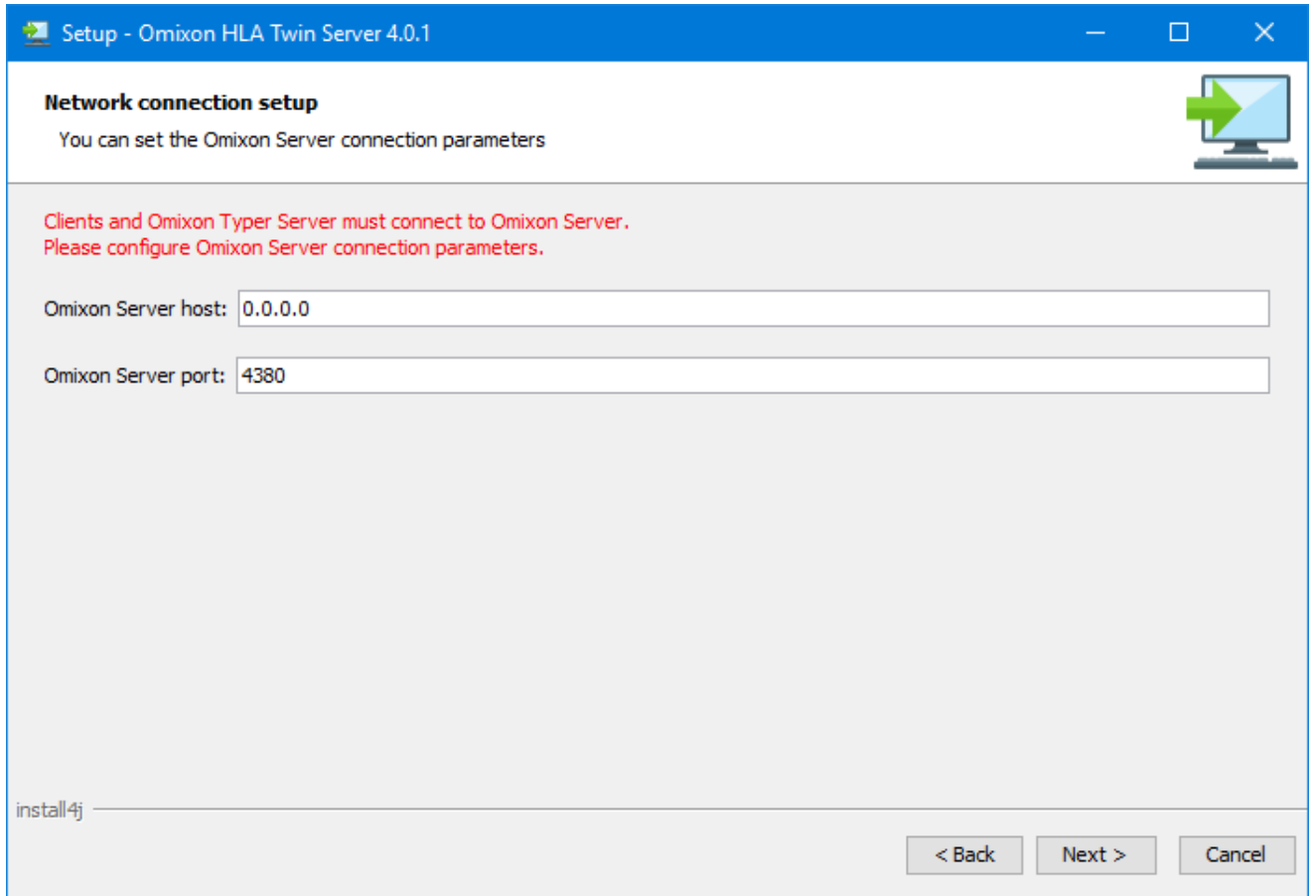
4. Изберете папка за файловете с референтни бази данни.



5. Изберете папка за временните файлове.



6. Конфигурирайте IP адреса и номера на порта, който HLA Twin Server ще използва за комуникация (локален IP).



The screenshot shows the 'Setup - Omixon HLA Twin Server 4.0.1' window. The title bar is blue with standard Windows window controls. The main content area has a light gray background. At the top, the text 'Network connection setup' is followed by 'You can set the Omixon Server connection parameters'. A red message states: 'Clients and Omixon Typer Server must connect to Omixon Server. Please configure Omixon Server connection parameters.' Below this, there are two input fields: 'Omixon Server host:' with the value '0.0.0.0' and 'Omixon Server port:' with the value '4380'. At the bottom left, there is a small text 'install4j'. At the bottom right, there are three buttons: '< Back', 'Next >', and 'Cancel'. A green arrow icon pointing right is located in the top right corner of the main content area.

Setup - Omixon HLA Twin Server 4.0.1

Network connection setup

You can set the Omixon Server connection parameters

Clients and Omixon Typer Server must connect to Omixon Server.
Please configure Omixon Server connection parameters.

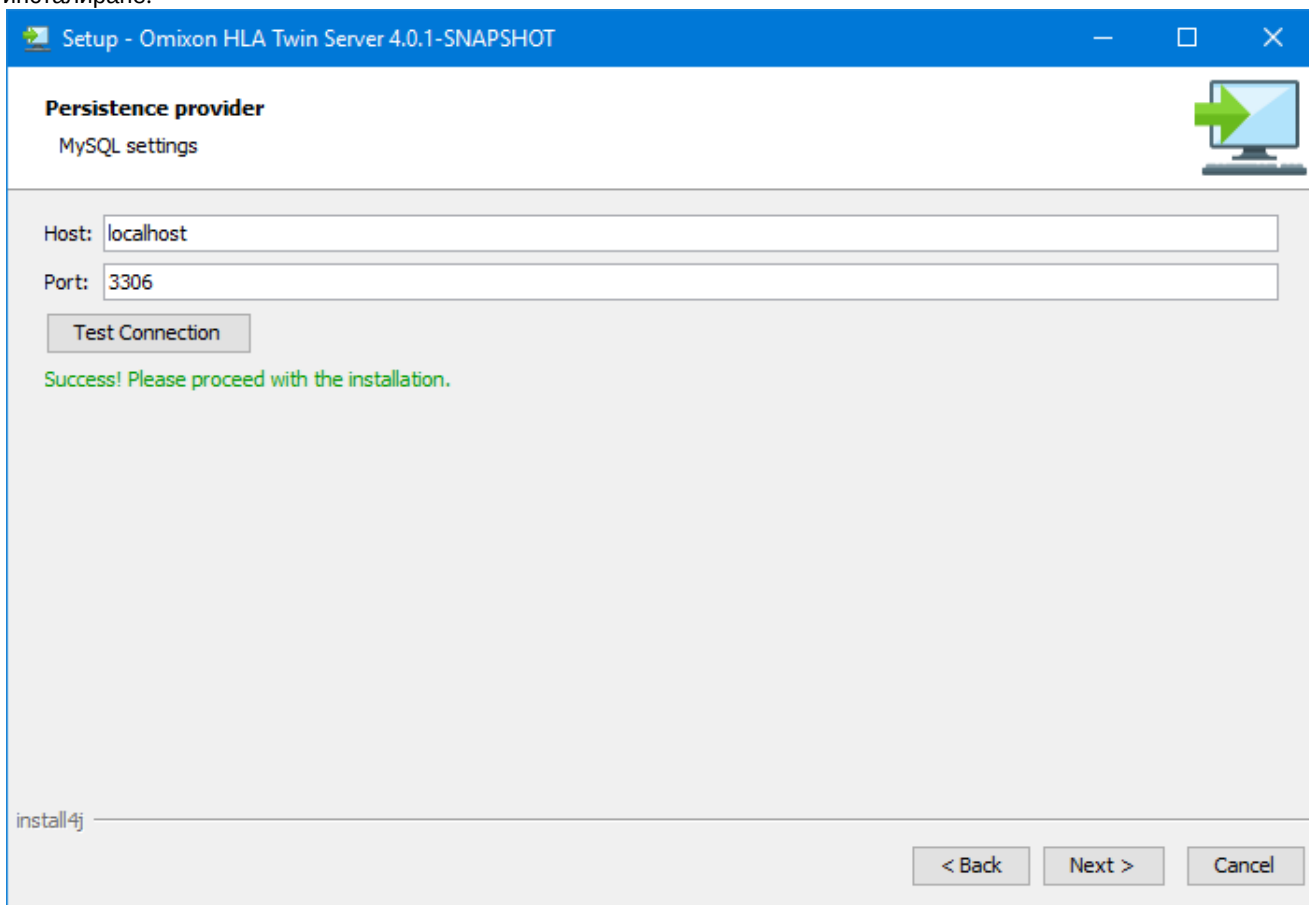
Omixon Server host: 0.0.0.0

Omixon Server port: 4380

install4j

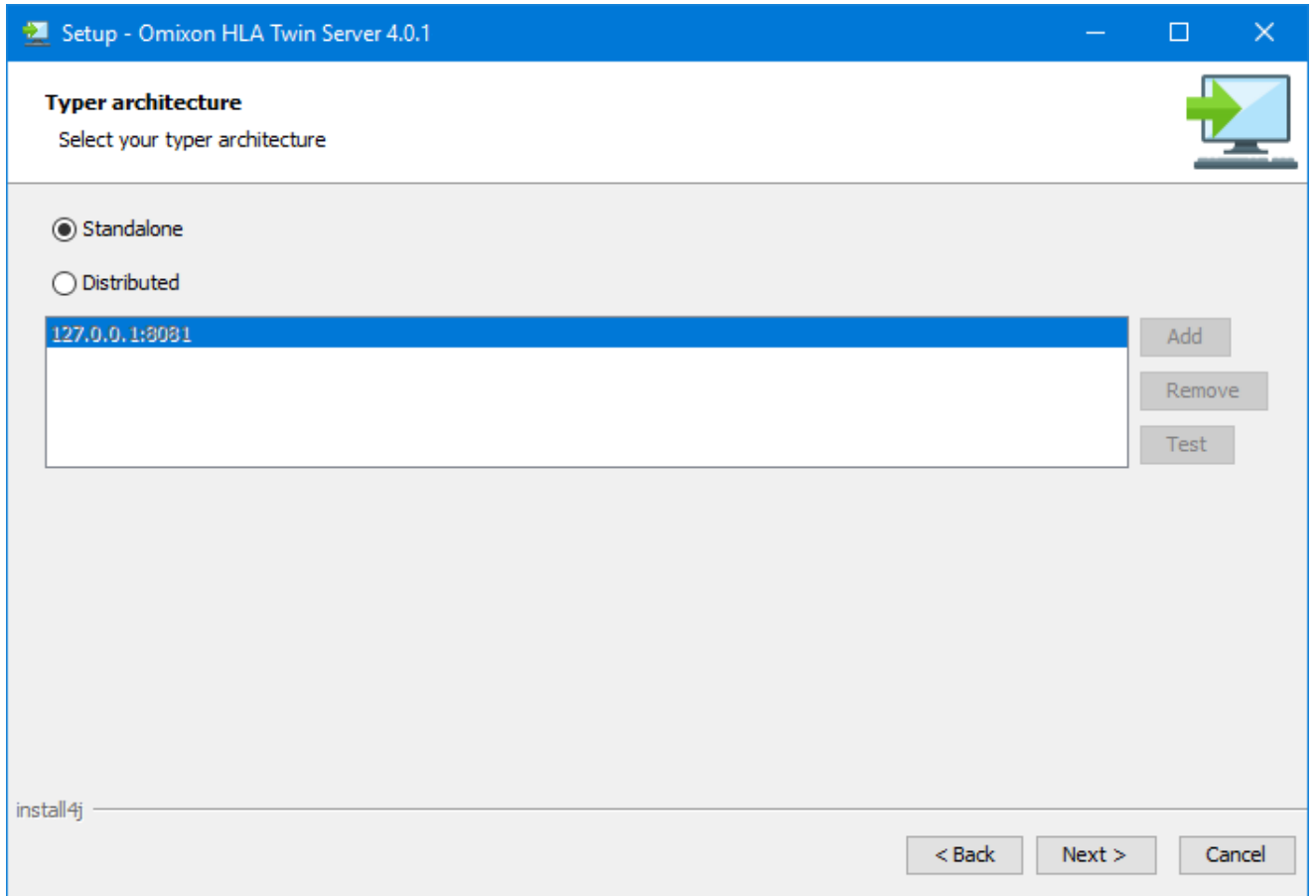
< Back Next > Cancel

7. Посочете IP адреса и номера на порта за базата данни в MySQL (настройките по подразбиране трябва да работят добре, ако сте инсталирали MySQL локално). Моля, направете справка в тази глава относно ръководствата за инсталиране.

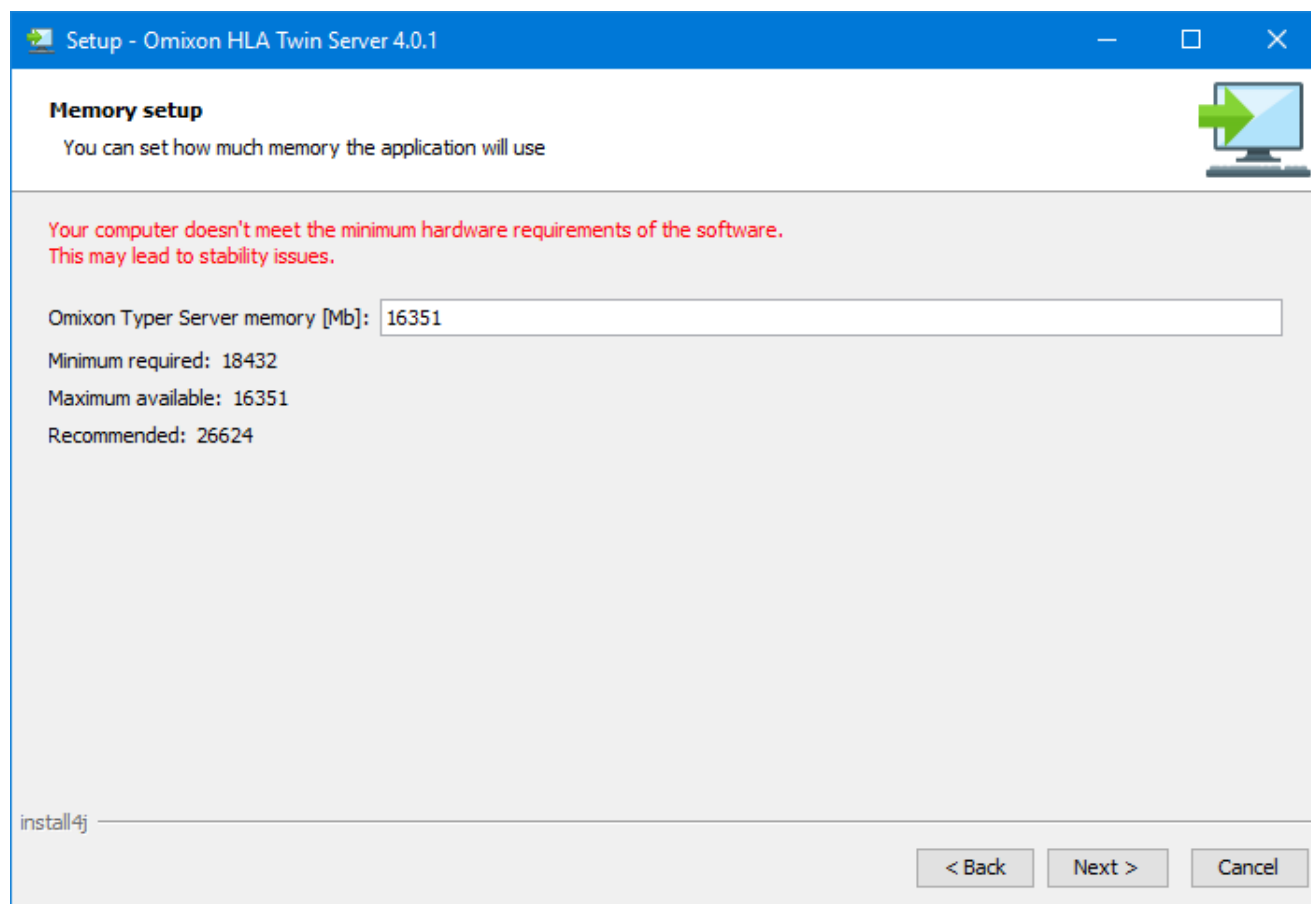


Не може да продължите, докато не получите успешен резултат от тест за връзка!

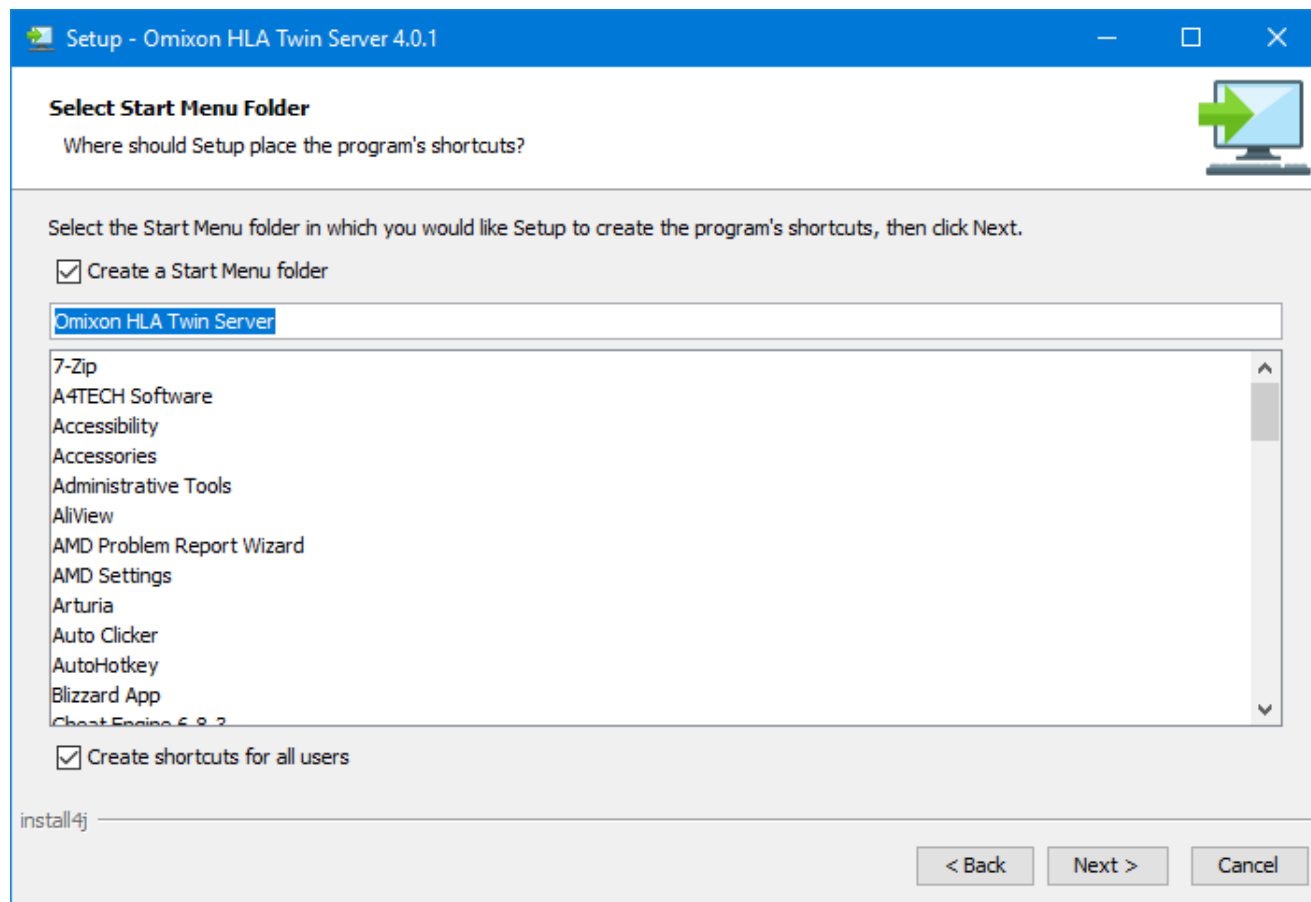
8. Изберете самостоятелната архитектура (за разпределената конфигурация с множество HLA Twin Typer на отделни сървъри, моля, следвайте главата „Сървър (разпределен)“.(see page 51))



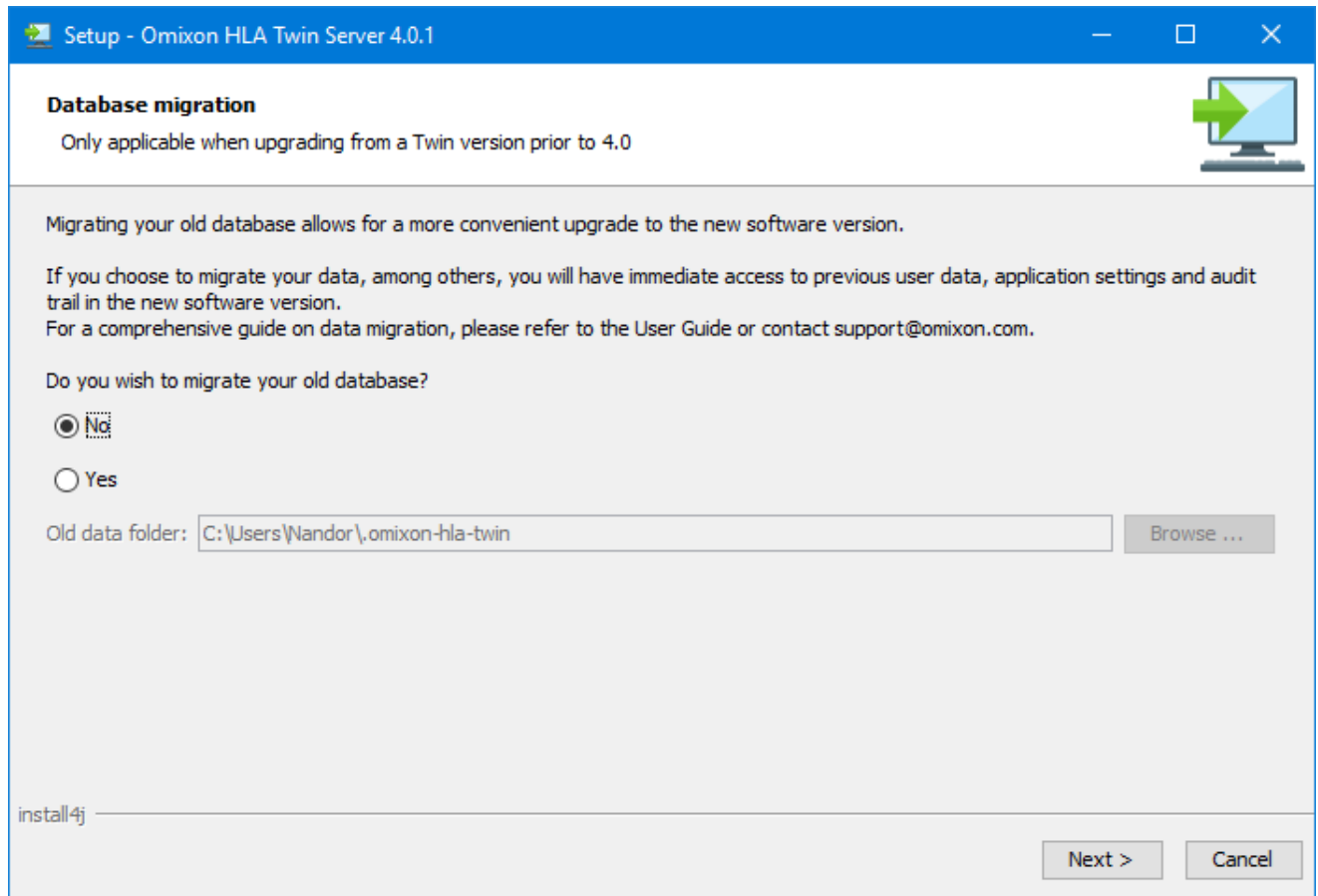
9. Конфигурирайте настройките на паметта.



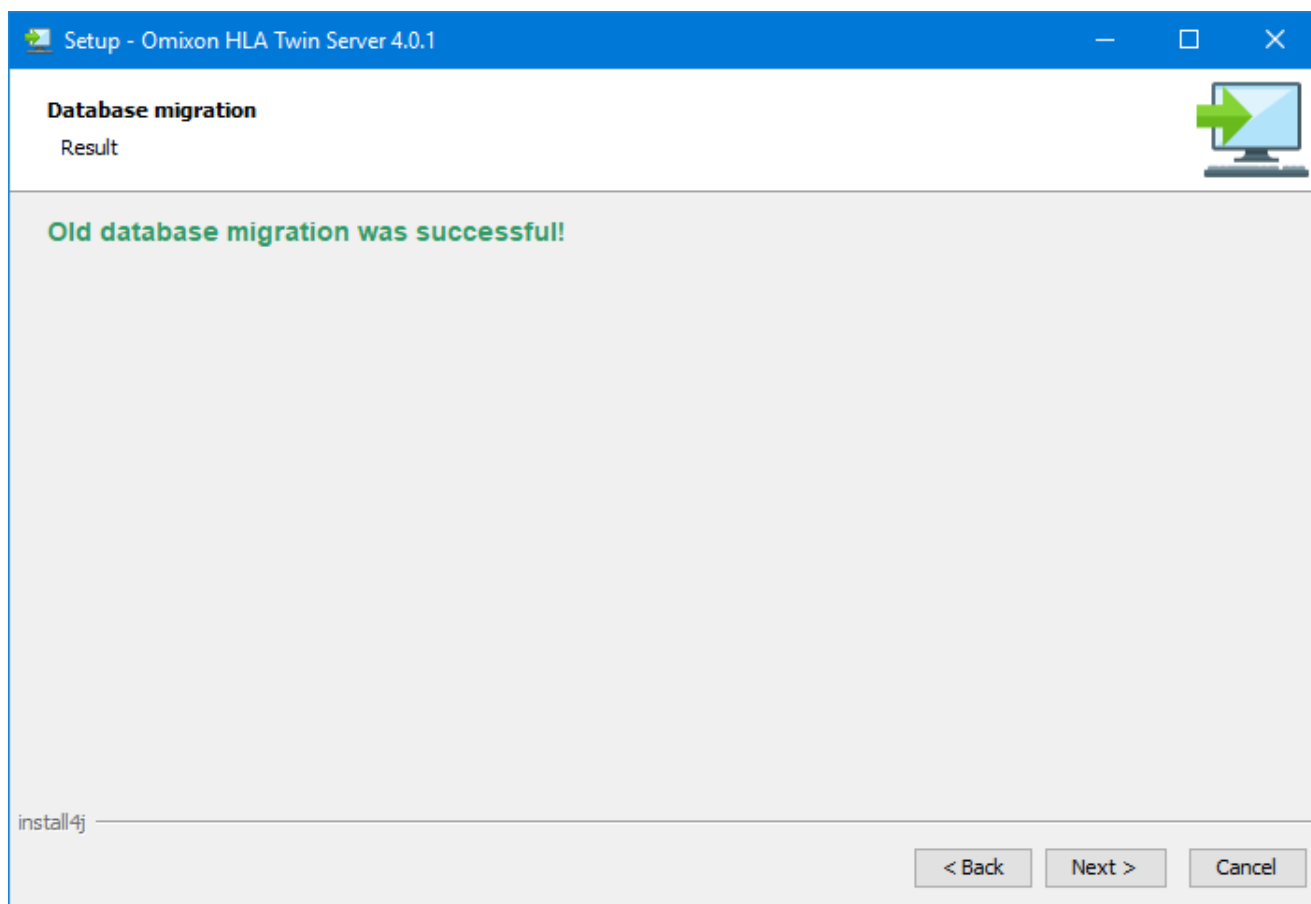
10. Изберете папка за стартовото меню.



11. След като инсталирането приключи, инсталаторът ви дава възможност да мигрирате старата си база данни.
- **Ако сте нов потребител:** изберете „No“ (Не) и кликнете върху „Next“ (Напред).
 - **Ако извършвате актуализация от HLA Twin версия 3.1.3 или предишна версия:** моля, обмислете мигриране на старата база данни, за да запазите одитната си информация. За повече подробности, моля, вижте „Мигриране на база данни“ (see page 51).

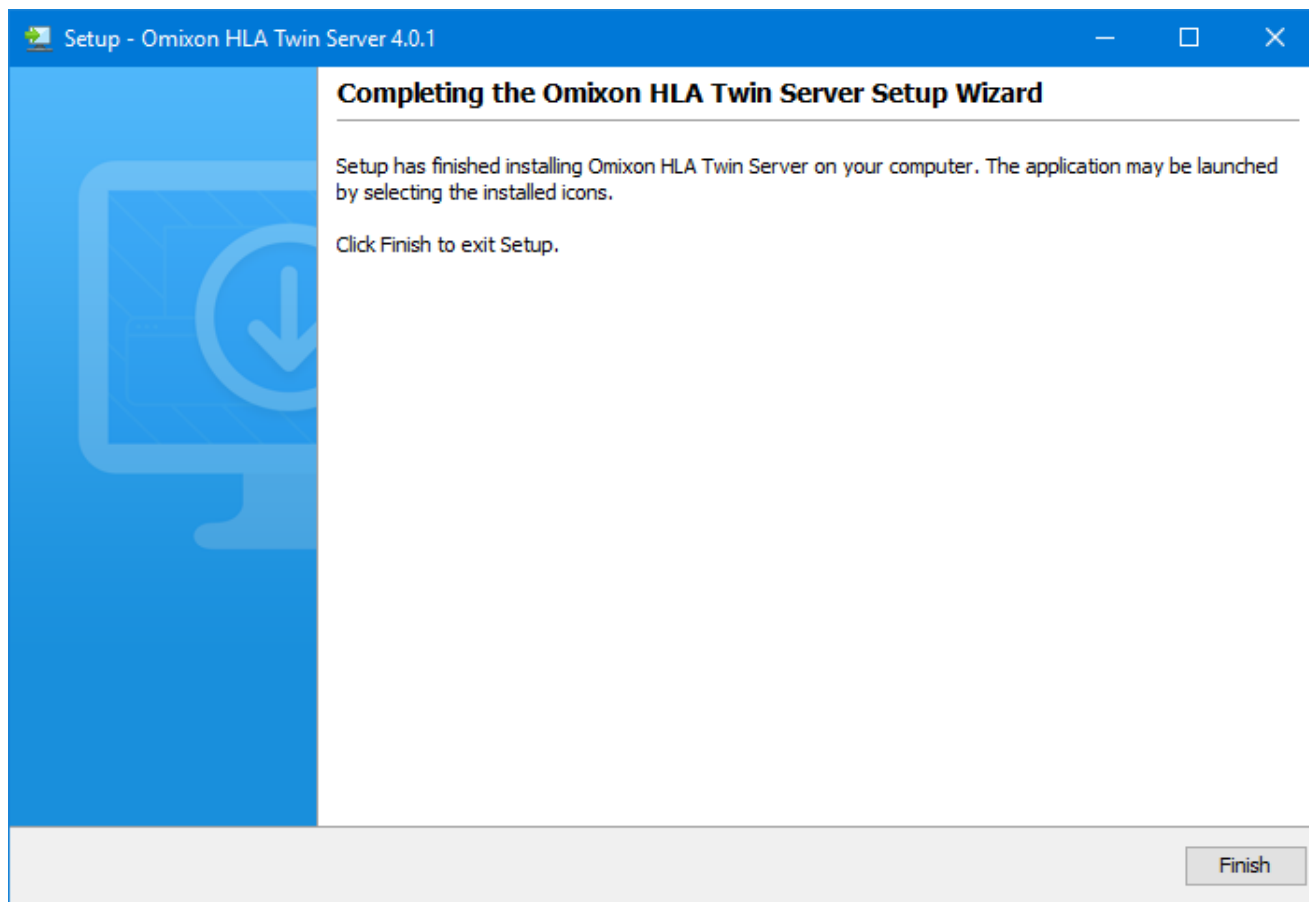


Ако сте избрали „Yes“ (Да), след успешна миграция ще получите подкана чрез следното съобщение.





12. Кликнете върху „Finish“ (Готово).





3.8 Инсталиране на Client

3.8.1 Актуализиране от HLA Twin 3.1.3 или предишна версия

- Няма да можете да актуализирате предишната си версия на HLA Twin 3.1.3 Client, както беше възможно за предишните версии. Освен това инсталаторът няма да ви позволи да инсталирате новия HLA Twin в същата папка, в която е била инсталирана по-стара версия.
- Моля, имайте предвид, че версиите на софтуерите HLA Twin Client и HLA Twin Server трябва да съвпадат.

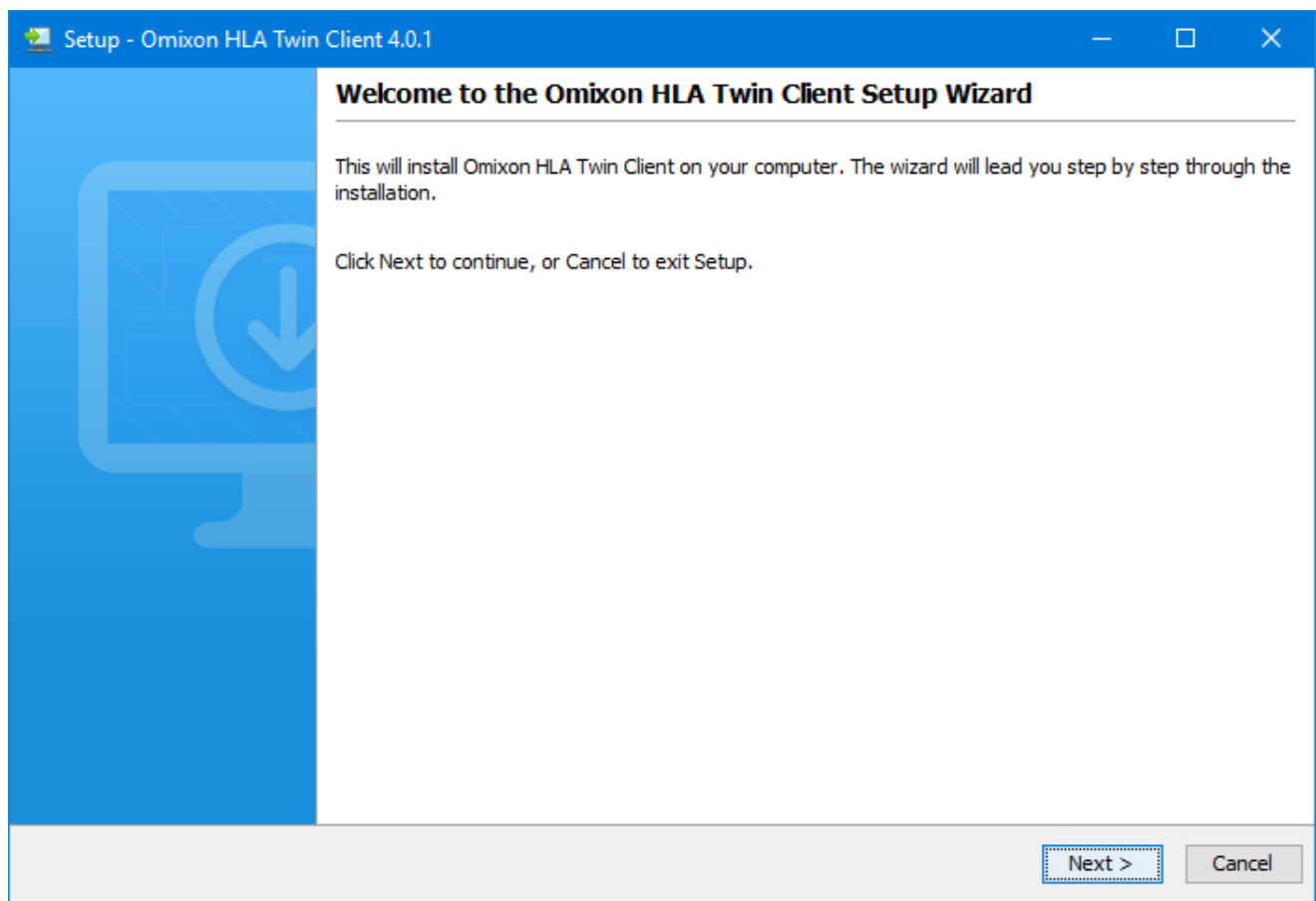
3.8.2 Бележки преди инсталирането

Работа в мрежа: По подразбиране HLA Twin Server ще комуникира с HLA Twin Clients на портовете 4380 и 4381, така че, моля, уверете се, че сте ги разрешили на вашата защитна стена.

3.8.3 Инсталиране на HLA Twin Client

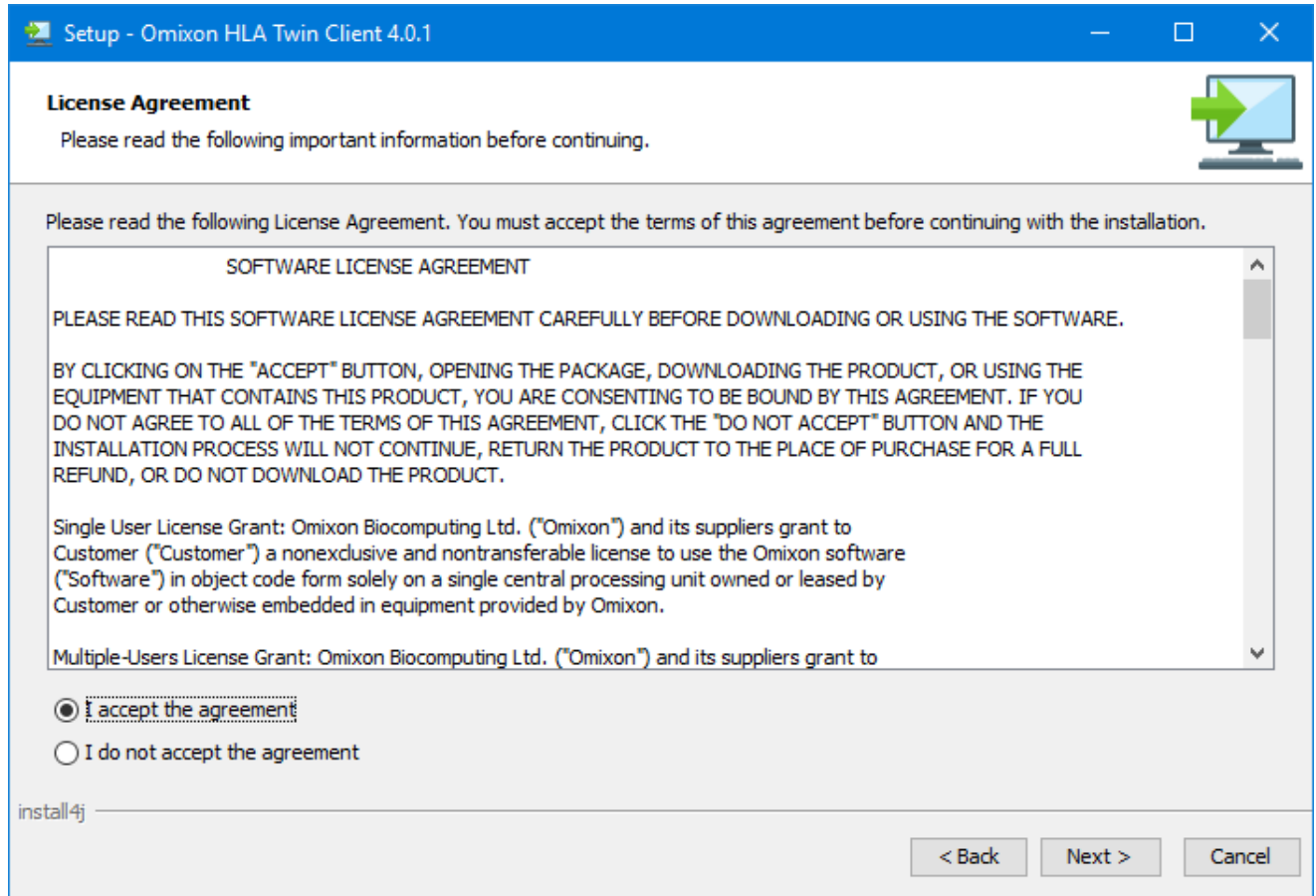
1. Тази стъпка зависи от операционната система, с която работите.

- **Потребители на Windows:** Отворете инсталатора (omixon_hla_twin_XXX_windows-x64_with_jre-**client**.exe)
- **Потребители на Linux:** Отворете терминален прозорец, получите разрешения за инсталатора (chmod +x omixon_hla_twin_XXX_unix_with_jre-**client**.sh) и след това стартирайте инсталатора.
- **Потребители на OSX:** Отворете инсталатора (omixon_hla_twin_XXX_macos_with_jre-**client**.dmg) (ако ползвате OSX 10.14.6 Mojave или следваща версия, може да получите съобщение за грешка. Ако е така, моля, свържете се с нас на support@omixon.com⁷)



⁷ <mailto:support@omixon.com>

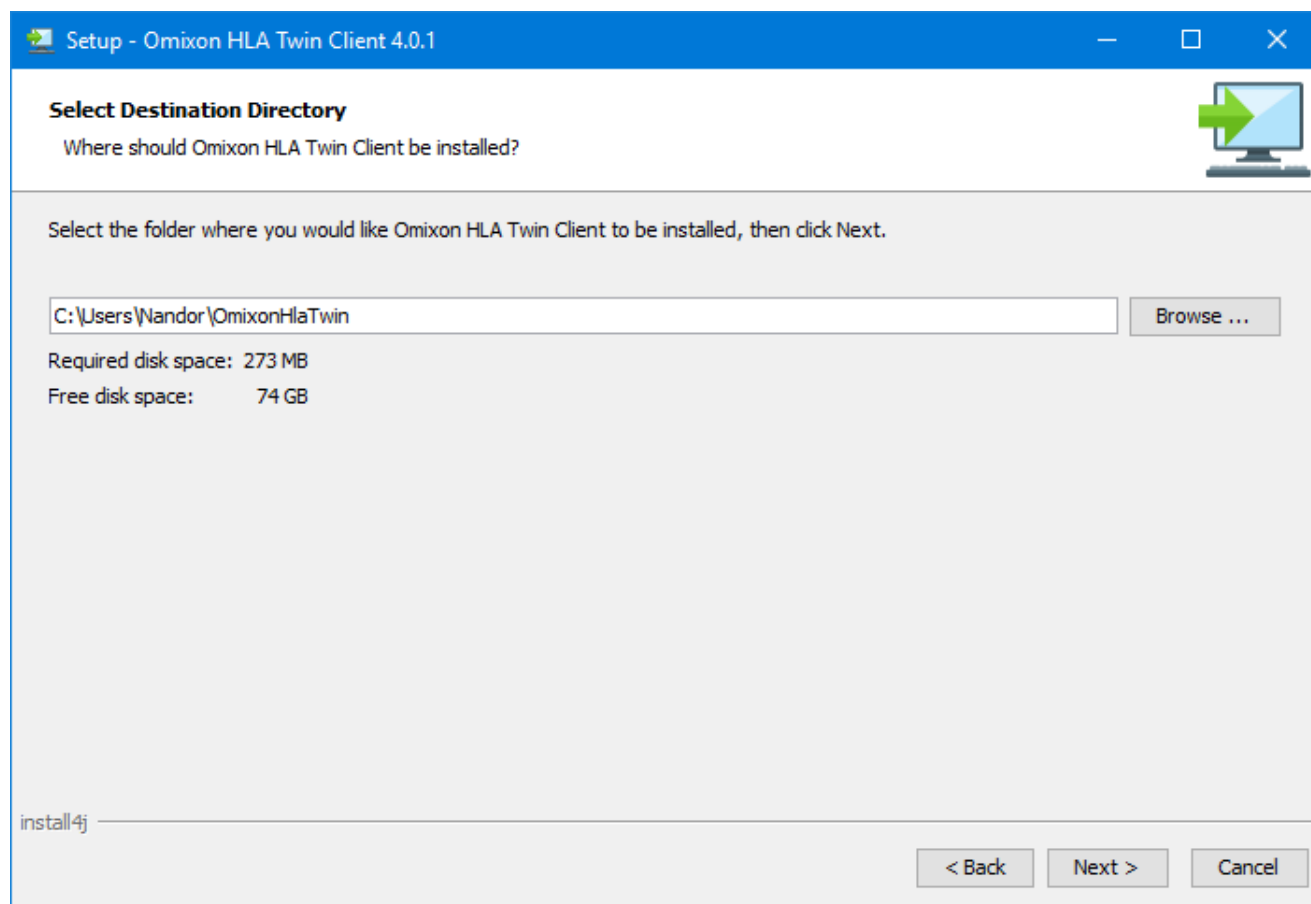
2. Приемете лицензионното споразумение



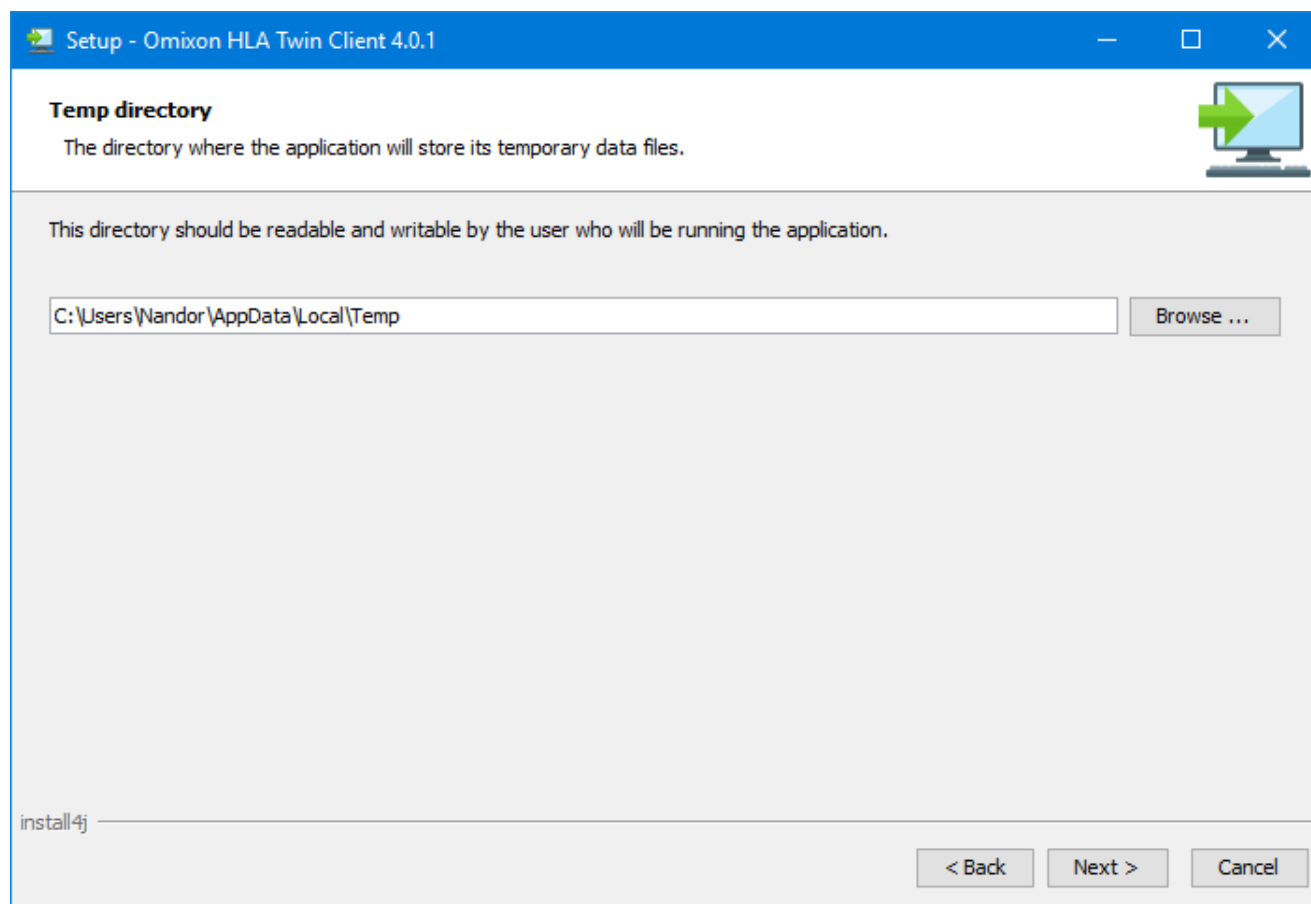


3. Изберете инсталационна папка.

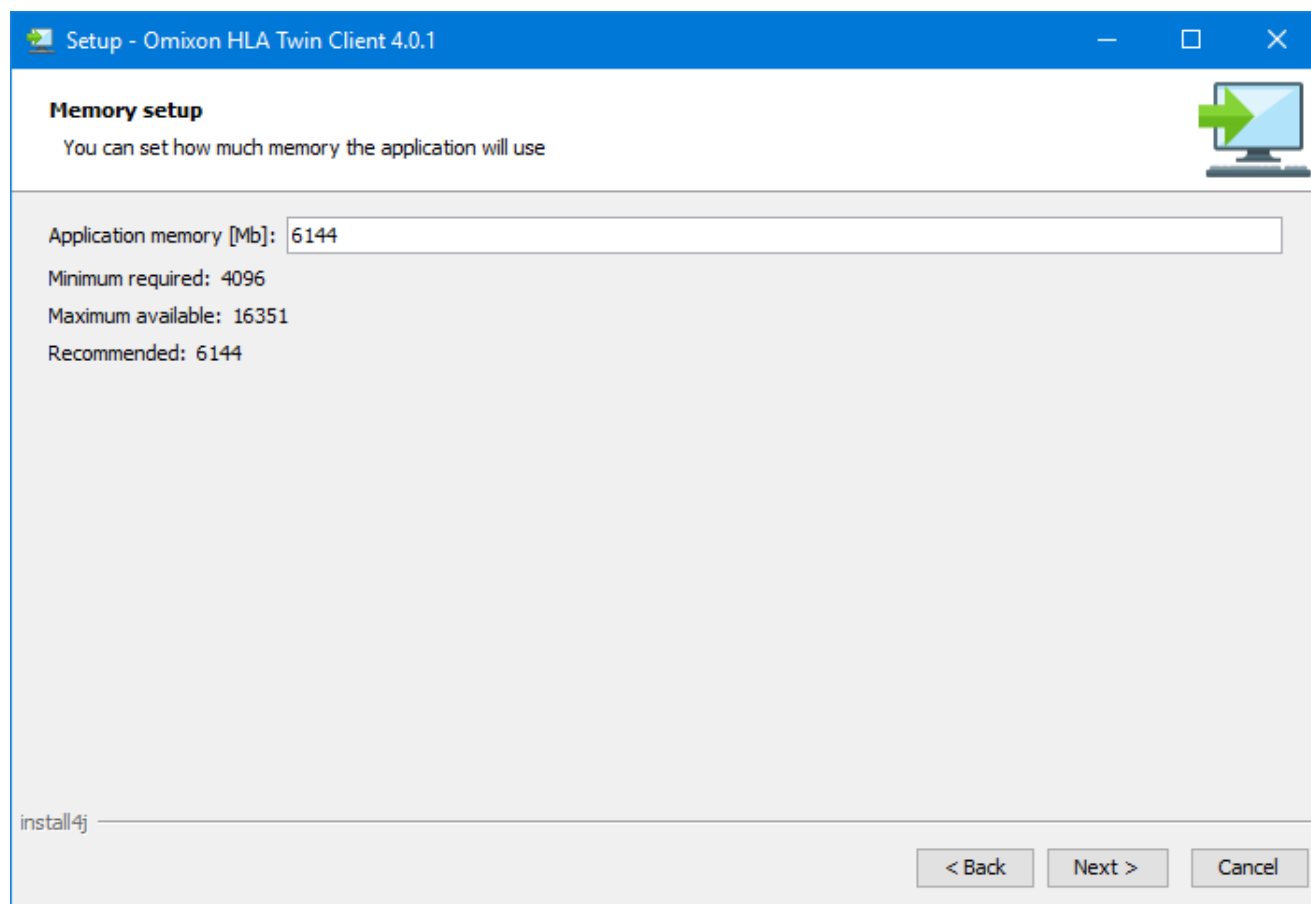
Потребители на Windows, моля, имайте предвид, че може да искате да промените директорията на местоназначение, така че други потребители в Windows да имат достъп до софтуера (същото се отнася и за другите инсталационни папки в следващите стъпки).



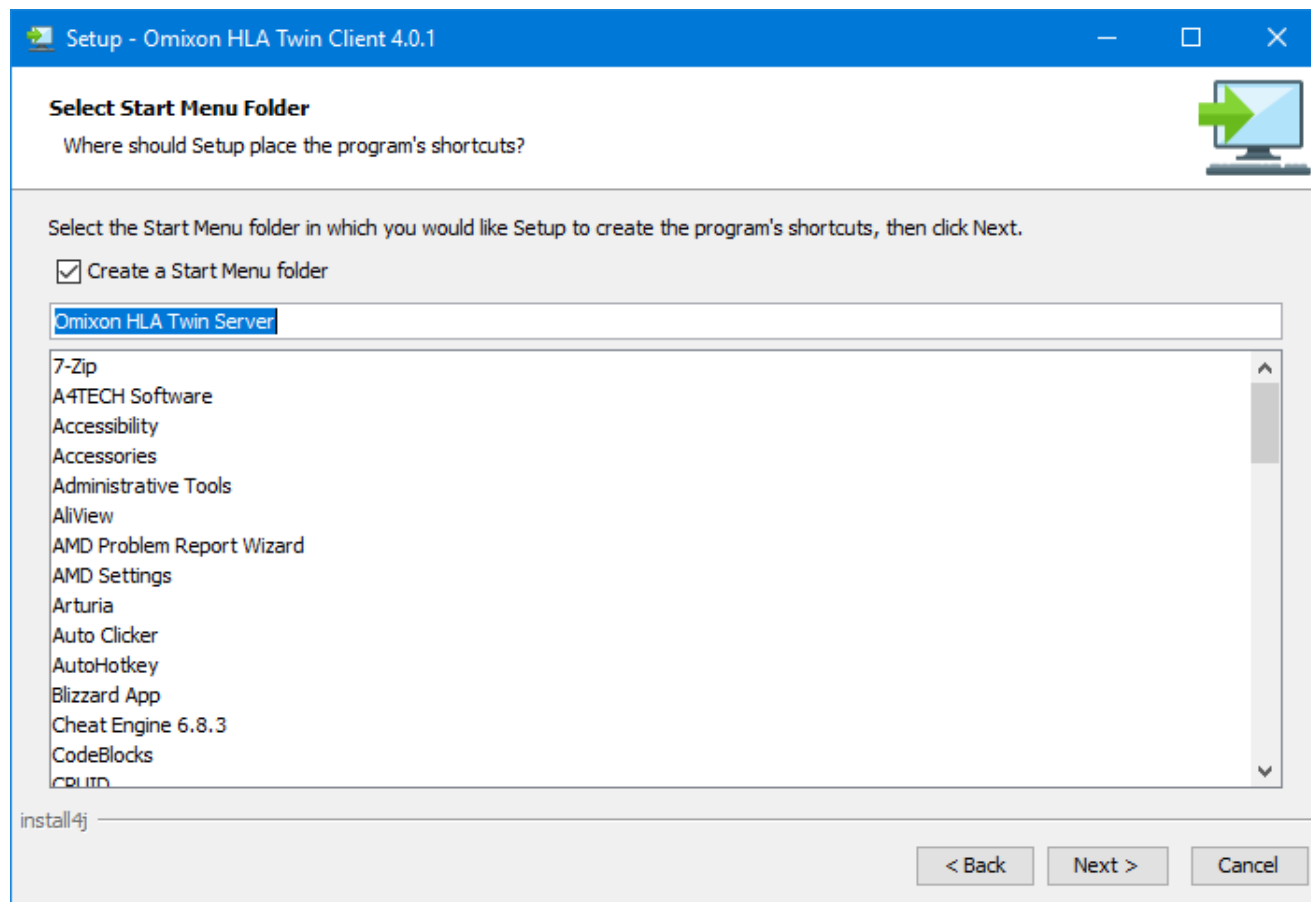
4. Изберете папка за временните файлове.



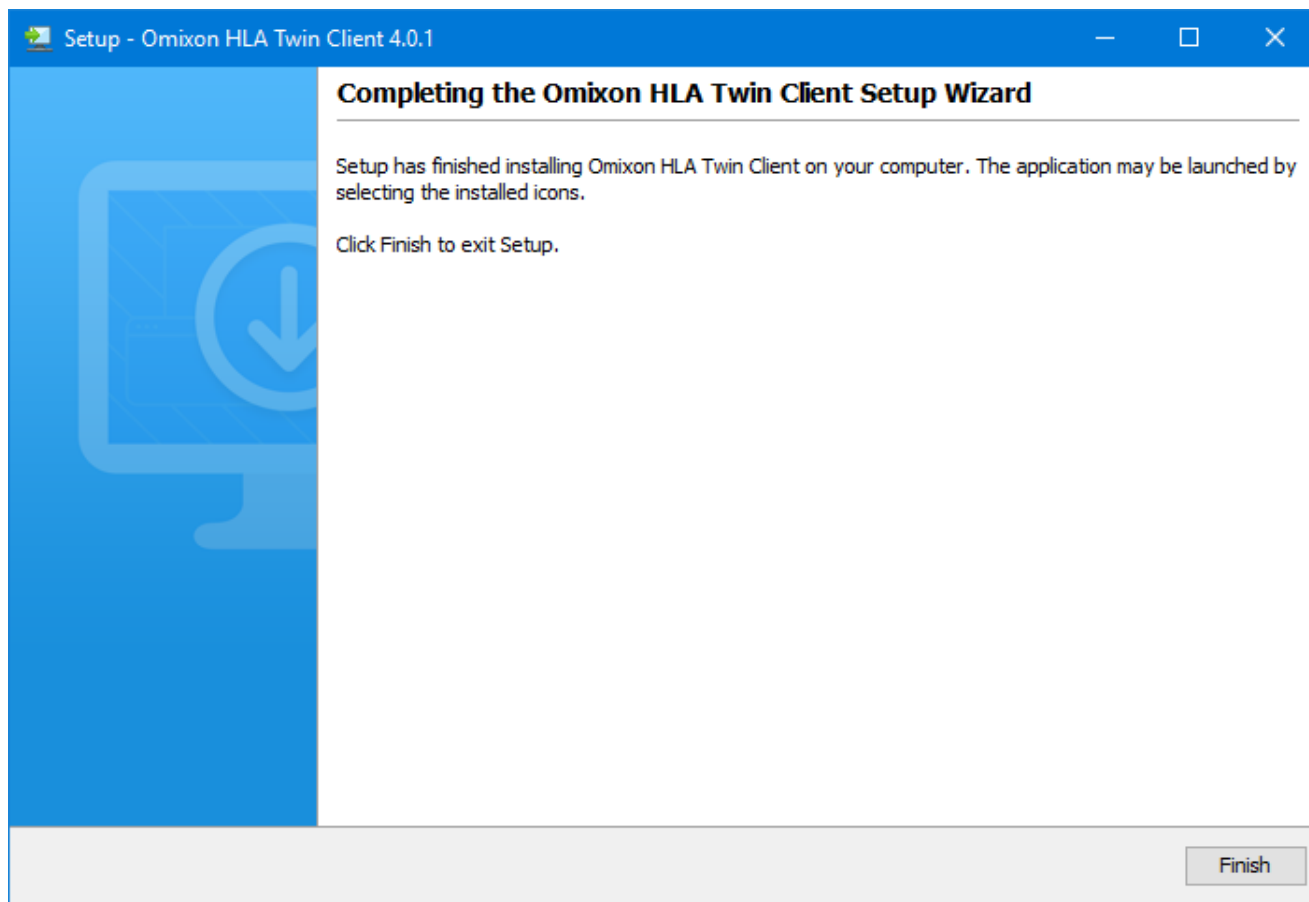
5. Конфигурирайте настройките на паметта.



6. Изберете папка за стартовото меню.



7. След като инсталирането приключи, кликнете върху „Finish“ (Готово).



3.9 Мигриране на база данни

Настоящата глава е предназначена за потребители, които планират да извършат актуализация от HLA Twin версия 3.1.3 или предишна версия.

3.9.1 Преглед

Форматът на вътрешната база данни в HLA Twin 4.0.0 беше променен с цел постигане на по-стабилна и ефективна база данни (MySQL). Това беше необходимо, за да се осигури по-добро потребителско изживяване в софтуера. Мигрирането на база данни е процесът на преобразуване на данните от старата ви база данни в HLA Twin в нова. Препоръчваме ви да мигрирате старата си база данни, така че новата версия на HLA Twin да съдържа цялата информация, която може да е необходима за одит.

3.9.2 Данни за мигриране

Мигрирането основно ще прехвърли всички данни, необходими за одит. Това включва:

- потребителски акаунти с техните предпочитания;
- глобални конфигурации като конфигурация и планиране на автоматизация, запазени протоколи или активната версия на референтната база данни;

- анализи и информация за работния процес на тяхното одобрение;
- задачи за експортиране;
- импортиране на референтни бази данни.

3.9.3 Процесът на мигриране

Процесът на мигриране е последната стъпка от инсталирането на HLA Twin. Ще бъдете попитани да решите дали искате да мигрирате старата си база данни, а след това – за пътя до мястото, където се намира старата база данни.

Мигрирането може да отнеме до няколко минути. Ако възникне грешка, моля, свържете се с нас на support@omixon.com⁸

3.9.4 Местоположение на старата база данни

По подразбиране папката на старата база данни е `C:\Users\_username_\omixon-hla-twin\` (където `_username_` е потребителското име в Windows, под което е инсталиран софтуерът) или може да бъде намерена по персонализиран път, обикновено в близост до папката за инсталиране на софтуера.

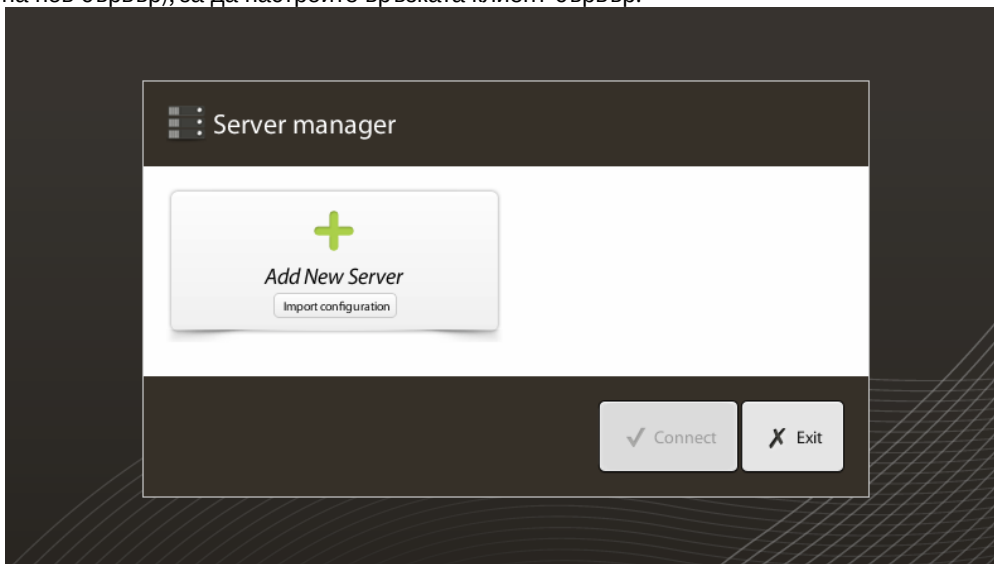
3.10 Инструкции за първо използване

3.10.1 свързване със сървъра.

След конфигурирането и стартирането на сървъра той очаква постъпване на заявки за свързване от клиентите.

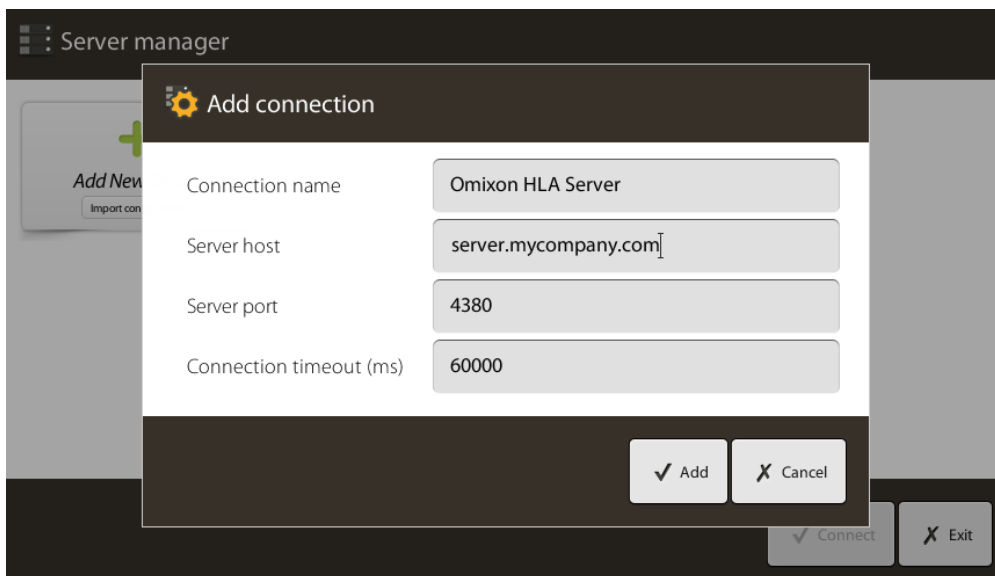
Свързване на клиент

Стартирайте клиентското приложение. В екрана *Server Manager* (Управление на сървъра) изберете *Add New Server* (Добавяне на нов сървър), за да настроите връзката клиент-сървър.

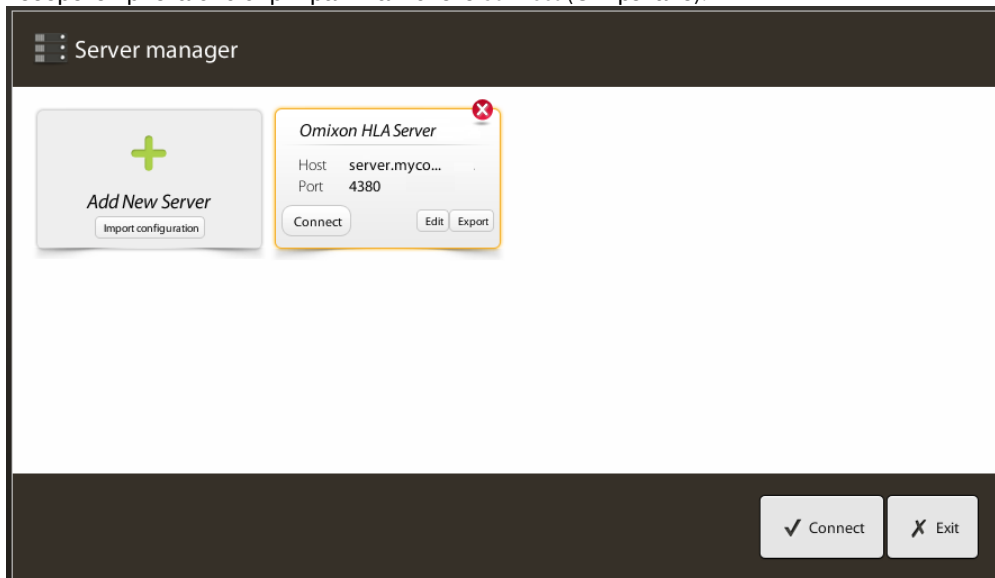


Наименувайте връзката си и въведете абсолютно същите настройки на хост и порт, които са били зададени за сървъра по време на или след инсталирането.

⁸ <mailto:support@omixon.com>



Изберете връзка със сървъра и натиснете *Connect* (Свързване).



ВАЖНО

Проверете настройките за защитната стена на компютъра на сървъра. Настройте защитната стена, така че да позволява на Omixon HLA Server да приема постъпващи свързвания. Уверете се също, че изходните връзки са активирани за Omixon HLA Server, за да могат свързаните клиенти да получават актуализации на състоянието (напр. за показване на информация за напредъка на задачата).

Експортиране и импортиране на конфигурацията за свързване

Вместо ръчно конфигуриране на връзката потребителите могат да предпочетат да импортират конфигурационен файл чрез кликане върху бутона *Import configuration* (Импортиране на конфигурация) върху картата *Add New Server* (Добавяне на нов сървър) в диалога *Server Manager* (Управление на сървъра). Ако искате да изберете тази опция, помолете системния си



администратор да ви предостави файл за връзка. Настройките за връзка могат да бъдат експортирани във файл, като кликнете върху *Export* (Експортиране) върху избраната връзка в диалога *Server Manager* (Управление на сървъра).

3.10.2 създаване на първия потребител;

Когато стартирате настолното приложение или се свържете с Omixon Server за първи път, ще бъдете подканени да създадете първия потребител на приложението. По подразбиране първият регистриран потребител става *Superuser* (супер потребител), което означава, че той/тя има достъп до пълната функционалност на софтуера, включително може да създава допълнителни потребителски акаунти. Препоръчва се системният администратор да се регистрира пръв, за да извърши конфигурирането.

За допълнителна информация относно потребителските роли и разрешения, моля, направете справка в главата [„Панел за настройки/управление на потребителите“ на *Наръчника на Omixon* (Omixon Handbook/Settings Dashboard/User Management)].



4 Кратко ръководство

4.1 Регистриране в системата

След инициализиране на цикъла на софтуера HLA потребителят трябва да влезе в приложението. Въведете потребителско име и парола в полетата, след което кликнете върху login (вход). При първото влизане се създава супер потребител.

4.2 Работен панел за генотипизиране

След влизане в софтуера ще се показва работният панел за генотипизиране. Това е изходният работен панел на софтуера. От него са достъпни всички функции за генотипизиране.

Работният панел се състои от следните подекрани:

- Информационен панел: той съдържа всички основни функции и информация от високо ниво относно текущо използваната папка и избраните файлове. Освен това показва информация за текущия потребител и активната база данни IMGT и предоставя някои функции за навигация.
- Браузър за файлове: тази част на екрана може да се използва за навигация между всички папки, до които има достъп.
- Долен панел:

Информационният панел се намира в горната част на екрана. Той има 3 отделни раздела:

- Най-горната част показва:
 - идентификатора на текущия потребител;
 - панела с пиктограми за използваната памет;
 - панела за състоянието на диспечера на процесите;
 - бутона за първоначалните указания;
 - бутона за прекъсване на работата със системата;
 - и бутона за изход.
- Средната част показва:
 - бутоните за навигация: Back (Назад), Forward (Напред), Up (Нагоре) и Home (Начало) (Home ще Ви върне обратно в работния панел за генотипизиране.)
 - наличната информация относно използваната база данни IMGT вдясно от бутоните за навигация
 - бутоните за създаване на отметки и конкретните за контекста бутони за помощна информация в дясната страна на екрана
- Долната част предоставя серия от бутони, които дават възможност за превключване между основните функции на този работен панел:
 - опциите за типизиране и анализиране на данни за предоставяне на генотипизиране
 - опциите за типизиране и анализиране на данни за визуално изобразяване на резултатите
 - функциите на браузъра за файлове, използвани за навигация между проби и папки
 - Type Manager (Управление на печатния сървър) за внедряване и отстраняване на печатни възли в конфигурациите на разпределения сървър;
 - Настройки на приложението

Основният раздел на дисплея е браузърът за файлове, където можете да навигирате чрез кликане върху логически носители и имена на папки – точно както в обикновен браузър за файлове. Използвайте браузъра за навигация към папката, в която са запазени пробите ви за генотипизиране. Всеки файл за проби е обозначен с малък знак за ДНК и има уникално име, което е идентично с генерираното име от списъка с проби. За показания за двойки алели софтуерът автоматично свързва в двойки файловете според имената на файловете и в браузъра за файлове се показва само файлът „R1“ FASTQ, за да се намали повторението на информацията и да се улесни навигацията. Чрез преминаване с мишката през файла с пробите можете да видите размера на отделните файлове FASTQ.

След като дадена проба е анализирана, отделен файл с резултата от генотипизирането ще се покаже в браузъра за файлове. Полученият като резултат файл е с разширение .htr. По подразбиране всички файлове с резултати се записват автоматично в същата папка, в която са данните за пробата. Всеки файл с анализ е маркиран с малък знак за таблица. Името на файла с анализ се състои от името на пробата и времево клеймо, което се отнася за времето на представяне на анализа. Чрез посочване с мишката или избиране на файла за анализ можете да видите цялата налична информация за анализа в долния информационен панел. Ако разглеждате файл с разширение .htr, най-вдясно можете да видите обобщение за високото качество относно резултатите от типизирането. Резултатите са анотирани със система като светофар. По



подобие на светофар се използват три различни цвята с различни значения. За разлика от истинския светофар, има „смесени цветове“.

Функциите за генотипизиране са забранени – бутоните са в сиво – тъй като няма проби, показвани върху екрана. След като локализирате файл FASTQ (или в друг поддържан формат) – бутоните за генотипизиране ще станат активни.

За предоставяне на анализ следвайте раздела Анализ.

Подробна информация за този екран и за всички налични функции можете да намерите в раздела „Работен панел за генотипизиране“ на *Наръчника на Omixon* (Omixon Handbook/Genotyping Dashboard).

4.3 Анализ

След локализиране на поне една проба имате няколко възможности за стартиране на генотипизиране.

4.3.1 Просто генотипизиране – препоръчва се за проби Holotype

Генотипизиране с параметри по подразбиране може да се стартира с единично кликане върху бутона „Analyse“ (Анализ), показван във всеки ред за всяка проба. Можете да отпечтатате няколко проби с протокола Holotype, като ги изберете с кликане с мишката и бутона Ctrl или Shift и натиснете бутона „Simple Genotyping“ (Просто генотипизиране) в горното меню. Можете да проверите дали типизирането е в ход в диспечера на процесите, показван в горния десен ъгъл. Подробна информация за тази и други свързани функции, като например генотипизиране с персонализирани параметри и повторен анализ на проби, можете да намерите в раздела „Работен панел за генотипизиране“.

4.3.2 Резултати

Когато напредъкът в *Typer Scheduler* (Планиране на печатния сървър) достигне 100%, в браузъра за файловете ще се появи нов файл с резултати. В случай че са били въведени едновременно няколко проби, резултатите за всяка от тях ще бъдат представени веднага след като бъдат готови – можете да започнете да преглеждате първите резултати, докато останалите още се обработват. За по-лесно преглеждане файловете с резултати показват резултата като светофар и можете да получите допълнителни подробности, като кликнете върху бутона „View“ (Преглед) в края на всеки ред. За показване на множество резултати използвайте бутоните Ctrl или Shift, за да ги изберете, и след това бутона „View results“ (Преглед на резултатите) от горното меню.

Когато работите с резултати от анализ в софтуера Omixon HLA, трябва да имате предвид, че праймер последователностите не влияят на резултатите, тъй като те се съкращават при анализа. Подробна информация за интерпретирането на резултатите можете да намерите в разделите „Резултати от анализа на генотипизиране“ и „Резултати от генотипизиране на проба“.

4.4 Резултати от анализа на генотипизиране

Както е описано в раздела за резултатите, можете да получите визуална представа за резултатите, като осветите една или няколко проби и кликнете върху бутона „View results“ (Преглед на резултатите). Това ще ви отведе към следващия раздел на HLA Twin: Резултатите от анализа на генотипизиране.

Този екран се състои от три основни части:

- информационен панел: по структурата си този панел до голяма степен наподобява информационния работен панел за генотипизиране (вижте по-горе за подробности);
- функционален панел: функционални бутони за филтриране, присвояване, одобряване и т.н.;
- таблица с резултати: обзорна таблица, показваща резултатите от анализа.

Функционалният панел има следните бутони:

- Подробности за пробата и изравняване на браузъра
- Бутони за настройка на дисплея
- Бутони за присвояване
- Експортиране на таблица
- Допълнителни възможности за коментари за пробата/одобряване на пробата/анулиране на одобрението на пробата/показване на неслучайно разпределение

В таблицата с Резултатите от анализа на генотипизиране можете да видите преглед на резултатите с високо качество за всеки локус на всяка проба.

Таблицата съдържа следните колони:

- Sample (Проба)
 - Съдържа името на файла с разширение .htr, което е генерирано въз основа на името на пробата, и времево клеймо, което се отнася за времето на представяне на анализа.
 - Ако една проба е анализирана няколко пъти, показването на пробите следва поредността на анализа. Можете да използвате времевото клеймо, за да проследявате различни времена на анализ.
 - В горния десен ъгъл се намира иконата на историята на присвояванията, която има формата на часовник, и иконата на индикатора за състояние на одобрение.
- Отделни колони за анализирани локуси:
 - резултантните алели се показват в два реда, отбелязващи двете хромозоми;
 - в тези колони се показват различни маркировки на ниво локус и алел.

В най-горния ред за всеки локус се показват специфичните за локуса маркировки. Те включват:

- Светофар за контрол на качеството:
Светофарът се основава на параметрите за контрол на качеството на ниво локус и може да има следните цветове:
 - (зелен) – PASSED (УСПЕХ): локусът е преминал успешно всички тестове за контрол на качеството,
 - (жълт/зелен) – INFO (ИНФОРМАЦИЯ): един или няколко теста за контрол на качеството са дали резултати, по-ниски от средните,
 - (жълт) – INSPECT (ПРОВЕРИ): един или няколко теста за контрол на качеството са дали обезпокояващи резултати, нужна е ръчна проверка на резултатите,
 - (червен/жълт) – INVESTIGATE (ИЗСЛЕДВАНЕ): един или няколко теста за контрол на качеството са дали незадоволителни резултати, нужна е ръчна проверка на резултатите и евентуално – нов анализ,
 - (червен) – FAILED (НЕУСПЕШЕН): един или няколко теста за контрол на качеството са дали много лоши резултати, нужна е ръчно изпълнена проверка, за да се определи причината и локуса, или пробата вероятно се нуждае от ново секвениране или типизиране с използване на алтернативни методи.
- Маркировки за зиготност: Хетерозиготните локуси имат маркировка , а хомозиготните локуси са маркирани с . Хемизиготните локуси са маркирани с . Ако локус е хемизиготен, показва се само един алел, а другата клетка се оставя празна. В случай, че зиготността на локуса не може да бъде определена въз основа на наличните данни, той се маркира с .
- Маркировки за нови признаци: локусите с алели, съдържащи ексонни (или ексонни и интронни) нови признаци, се маркират с , докато локусите с алели с нови признаци, съдържащи само интронни нови признаци, се маркират с .

Освен това резултатите за алелите могат да имат различни маркировки, включително:

- Състояние на най-добро съвпадение и присвояване: В най-лявата част от показания резултат за алела можете да видите малката икона на „отметка“, показваща дали резултатът за алела е „алел с най-доброто съвпадение“. Иконата е синя за най-добре съвпадащите алели и сива – за останалите кандидати за алели. Можете да присвоите резултата за алела, като просто кликнете върху отметката – знакът ще стане зелен, което показва, че резултатът е присвоен.
- Светофар за съответствие:
Системата на светофара за съответствие има следните изходи:
 - (зелен): резултатите от SG и CG съвпадат напълно (в поле 3),
 - (жълт): резултатите от SG и CG съвпадат до 4 разряда (поле 2),
 - (червен/жълт): резултатите от SG и CG съвпадат до 2 разряда (поле 1),
 - (червен): резултатите от SG и CG не съвпадат.
 Имайте предвид, че светофарът за съответствие се показва само за алелите с най-добро съвпадение и само ако резултатът е получен с алгоритъма за генотипизиране на Twin и статистическия алгоритъм, изпълнени за конкретния локус.
- Хомозиготност: Алелите, изобразени със син шрифт, са хомозиготни.

- Серологично еквивалентни антигени: Ако за локуса е налична информация относно свързаните серологично еквивалентни антигени, подсказката на *иконата на антигена*  ще съдържа тази информация.
- Редките алели са маркирани с икона с *удивителен знак* .
- Алелите с нови признаци, съдържащи ексонни (или ексонни и интронни) нови признаци, се маркират с , докато новите признаци, съдържащи само интронни нови признаци, се маркират с .
- Алелите с дисбаланс са показани с *наклонен шрифт*.
- Алелни удължения: Алелите с удължена последователност са маркирани със *знак плюс* .
- Ниска амплификация: Ако в списъка с дебалансираны рядко срещани алели присъства рядко срещан алел с добре известна ниска амплификация, този алел се обозначава с . В този случай силно се препоръчва да валидирате хомозиготния резултат чрез алтернативен метод за генотипизиране (напр. SSO).

Чрез посочване с мишката на различните части на таблицата ще се покаже подсказка, съдържаща допълнителната информация, налична за участъците.



Забележка

Ако за един локус могат да бъдат открити повече от 50 резултата с най-добро съвпадение, LD няма да бъде изчислено. Ако натиснете бутона „Show LD details“ (Показване на подробности за LD), няма да бъде показана информация.

От работния панел за резултати от анализ на генотипизиране можете да въведете резултати от генотипизиране на проба или направо в брауъра за геноми.

В резултатите от генотипизиране на проба можете да наблюдавате подробни измерени резултати за качеството при анализа на пробата. За да въведете тук, трябва да осветите пробата, която искате да наблюдавате, и да кликнете върху бутона „Sample Details“ (Подробности за пробата) в долния ред на горния раздел.

В брауъра за геноми можете да наблюдавате визуално подробните резултати за всеки от типизираните локуси. За въвеждане тук трябва да осветите пробата, която искате да наблюдавате, и да кликнете върху бутона „Browse Alignment“ (Изравняване на брауъра) в долния ред на горния раздел.

За допълнителна информация вижте раздела „Резултати от анализа на генотипизиране“ в Наръчника на Omixon (Omixon Handbook/Genotyping Analysis result).

4.4.1 Отстраняване на липсващи резултати

Когато не могат да бъдат докладвани алели за целевия ген, се показва маркировка, описваща възможната причина за липсващото извикване на алели. За допълнителна информация посочете с мишката иконата за информация до маркировката и прочетете подсказката. Могат да бъдат докладвани следните случаи:

За локуси без DRB3/4/5:

- *Липсват данни* – липсата на данни означава, че или локусът не е бил целеви в пробата, или е отпаднал по време на секвениране и трябва да бъде повторно секвениран.
- *Недостатъчно данни или данни с ниско качество* – няма достатъчно данни или данните в пробата са с ниско качество. За повече подробности трябва да се проверят резултатите от контрола на качеството.

За DRB3/4/5:

- *Не се очаква алел* – в този локус не се очаква алел въз основа на известното неслучайно разпределение с HLA-DRB1 и HLA-DQB1.
- *Очакваният алел не е открит* – тази маркировка означава, че въз основа на известната информация за неслучайното разпределение са били очаквани данни за локуса/алела, но не са открити.
- *Открит е неочакван алел* – открити са данни за локус/алел, който не е очакван въз основа на известната информация за неслучайното разпределение.
- *Недостатъчно данни или данни с ниско качество* – няма достатъчно данни или данните в пробата са с ниско качество. За повече подробности трябва да се проверят резултатите от контрола на качеството.

Когато не се докладват алели за целевия ген, се препоръчва въпросната проба да се анализира повторно, като се използва по-голям брой показания. (Броят на обработените показания може да бъде зададен в съветника *Advanced Genotyping* (Разширено генотипизиране).) Причините за липсващите резултати от ниво алел могат да бъдат обхващане, което не достига минималните прагови стойности на алела или ексоните, или много малка дълбочина на обхващане. Обработката на повече показания може да помогне за засилване на сигналите, които поддържат правилните алели.

4.5 Резултати от генотипизиране на проба

В екрана „Резултати от генотипизиране на проба“ можете да проверите подробностите за резултатите от генотипизирането, параметрите за качеството и статистическите данни за всеки локус на избрана проба.

Този екран може да бъде разделен на четири основни части:

- информационен панел – забележете, че по структурата си този панел до голяма степен наподобява информационния работен панел за генотипизиране (вижте по-горе за подробности);
- функционален панел: функционални бутони за филтриране, присвояване, одобряване и т.н.;
- таблица с резултати: съдържанието на таблицата с резултати е идентично с това на таблицата на екрана „Резултати от анализа на генотипизиране“, но в този екран таблицата се показва в свит режим, за да остави повече място за панела за подробности;
- панел за подробности: показване на резултата от генотипизирането, измерените резултати за качеството и статистическите данни.

Функционалният панел има следните бутони:

- Отваряне на браузъра
- Подробна информация за генотипизирането
- Персонализиране на показваните резултати
- Присвояване на алели
- Коментари

Свитата таблица с резултати показва първата алелна двойка с най-добро съвпадение за всеки локус. При наличие на няколко резултата с най-добро съвпадение за алела нивото на неопределеност се показва чрез оцветяване в червено на засегнатите полета в името на алела, докато съвпадащите полета остават черни.

В панела за подробности можете да избирате от три различни раздела:

- Genotype (Генотип)
 - В раздела за генотипа можете да наблюдавате генотипа, който е избран от софтуера.
 - Можете ръчно да добавяте/премахвате алели
- Quality control (Контрол на качеството)
 - За всеки локус се изчисляват по няколко параметъра за контрол на качеството. Всеки параметър за всеки от локусите се маркира съгласно системата за светлините на светофара.
 - Таблицата за контрол на качеството има една колона за всички измерени данни и отделни колони за всеки от показваните локуси.
 - Редът „Overall“ (Общо) показва обобщения резултат за всеки от отделните локуси на база на системата за светлините на светофара.
 - За всяка от измерените данни в таблицата има отделен ред. Непосредствено до името на измерените данни се показва малка отметка „i“. При преминаване с мишката през отметката ще изскочи прозорец, съдържащ по-подробно описание за избраните измерени данни.
 - За всяка от измерените данни можете да видите светлините на светофара, стойността на измерените данни и малката отметка „i“ заедно с информация за специфичните прагови стойности на измерените данни. При преминаване с мишката през отметката ще изскочи прозорец, съдържащ по-подробна информация за праговите стойности на избраните измерени данни.
- Статистически данни
 - Раздел за преглед – отчетеният брой и пропорции се предоставят за няколко различни стъпки от анализа.
 - Раздел за дисбаланс на алел – тази стойност показва дисбаланса на алели по области за всички гени.
 - Раздел за размера на фрагментите – тази хистограма показва разпределението на фрагментите по размери за показанията по двойки.
 - Раздел за качеството на отчетените данни – тази графика показва основното качество на обработените показания за 5 основи. Отчетените стойности са върху координатата x, докато по координатата y са показани стойностите за качеството.

Възможно е да бъдат избирани различни локуси върху лявата страна на долния раздел.

Избраните локуси можете да въвеждате в браузъра за геноми чрез кликане върху бутоните „Browse Alignment“ (Изравняване на браузъра), „Browse Allele 1“ (Преглеждане на Алел 1), „Browse Allele 2“ (Преглеждане на Алел 2).

За допълнителна информация вижте раздела „Резултати от генотипизиране на проба“ в Наръчника на Omixon (Omixon Handbook/Genotyping Sample result).

4.6 Браузър за гени

Браузърът за гени позволява визуална проверка на данните за генома. Няколко алела кандидати могат да бъдат прегледани заедно.

Със стойностите по подразбиране в браузъра са налични следните пътеки:

- *Position track* (Пътека за позицията) – показва координатите на всички видими пътеки. Номерацията започва от едно.
- *Phasing track group* (Група на пътеката за фазиране):

Phasing track (Пътека за фазиране) – тази пътека съдържа анотации за непрекъснатите участъци на фазиране (фазирани участъци).

Variants track (Пътека за варианти) – показва броя на застъпващите се отчетени двойки между две последователни хетерозиготни позиции (т.е. две позиции, в които двете консенсусни последователности се различават една от друга). Етикетът „Straight“ (Прав) показва броя на показанията за всеки консенсус, който потвърждава фазиране, показано в браузъра, докато етикетът „Cross“ (Кръстосан) показва броя на потвърждаващите показания за останалите възможни фазирания на двете позиции.

- *Consensus sequence 1* (Консенсусна последователност 1) – Генерираната консенсусна последователност за едната от хромозомите.
- *Coverage depth for consensus 1* (Дълбочина на обхващане на консенсус 1) – показва дълбочината на обхващане за всяка позиция от събраната консенсусна последователност 1.
- *Consensus sequence 2* (Консенсусна последователност 2) – Генерираната консенсусна последователност за другата хромозома.
- *Coverage depth for consensus 2* (Дълбочина на обхващане на консенсус 2) – показва дълбочината на обхващане за всяка позиция от събраната консенсусна последователност 2.
- *Allele 1 sequence* (Последователност за алел 1) – нуклеотидна последователност на алела, който съответства най-добре на първия консенсус.
- *Region annotation for allele 1* (Анотация за участък за алел 1) – анотациите за екسونи, интрони и нетранслираните участъци са показани за алел 1.
- *Coverage depth track for allele 1* (Дълбочина на обхващане на алел 1) – показва дълбочината на обхващане за всяка позиция от изравняването на алел 1.
- *Allele 2 sequence* (Последователност за алел 2) – нуклеотидна последователност на алела, който съответства най-добре на втория консенсус.
- *Region annotation for allele 2* (Анотация за участък за алел 2) – анотациите за екسونи, интрони и нетранслираните участъци са показани за алел 2.
- *Coverage depth track for allele 2* (Дълбочина на обхващане на алел 2) – показва дълбочината на обхващане за всяка позиция от изравняването на алел 2.

За алели с нови признаци се показват две еталонни пътеки: еталонната последователност за алела с нови признаци (*Novel ref*) и еталонната последователност за алела с близка връзка (*Rel ref*), от който е извлечен алелът с нови признаци.

Трябва да се отбележи, че консенсусните последователности и съответните кратки показания може да се наблюдават в браузъра дори и когато не са намерени двойки със съвпадение.

Допълнителни пътеки:

- *Noise track* (Пътека за шума) – показва систематичния шум, филтриран по време на консенсусното сглобяване. Консенсусът за шум съдържа основните нуклеотиди за всяка позиция.
- *Amino acid track* (Пътека за аминокиселината) – показва аминокиселинната последователност за всички алели и консенсусни последователности, включително алели с нови признаци, оцветени според хидрофобността на аминокиселината.

По подразбиране пътеките с подробно обхващане се показват за изравняванията на алели заедно с анотациите за участък. Пътеката за обхващането се поддържа от вградена възможност за визуално представяне на статистически данни: за основи с показания, различни от действителната консенсусна/еталонна основа, съответната дълбочина на обхващане се показва пропорционално със съответния цвят за нуклеотидна основа.

Допълнителни режими за кратки пътеки за отчитане

Освен режимите за дълбочината на обхващане по подразбиране се предлагат и следните алтернативни режими за визуално представяне на кратко отчитане на показанията за кратка пътека за отчитане:

- *Short read mode* (Режим за кратко отчитане) – извежда кратки показания по различен начин, така че насочените напред показания (с розов цвят) и насочените назад показания (с жълт цвят) могат лесно да се разграничават върху дисплея.



- *Fragment mode (Режим за фрагменти)* – режим за визуално представяне на двойките, който извежда съответните показания по посока напред и назад по двойки на един и същ ред. Застъпващите се участъци между отчетените двойки са маркирани със син цвят, докато показанията, които не се застъпват, са свързани с тънка линия.

И в двата режима, показани по-горе, пътеката за кратко отчитане може да бъде *сгъстена*, което предоставя обобщен вид на кратките показания (без да дава възможност за подробно разглеждане на всяко от показанията).

4.7 Панел за настройки

Достъпен от *Работния панел за генотипизиране* чрез бутона *Application settings (Настройки на приложението)*, *Панел за настройки* показва преглед на настройките в инструмента, позволява достъп до функциите за администриране и конфигурациите на дисплея. В този работен панел има също обща информация за текущата версия на софтуера и за текущия потребител.

4.8 Основна информация

В панела за настройки има три блока информация:

- Версия на Omixon HLA: тази част съдържа името и версията на софтуера, идентификатор на текущия му вариант със специализирано копиране с бутон върху временната буферна памет (клипборда), заедно с информация за контактите и авторските права.
- Версия на Omixon HLA: тази част съдържа името, версията и референтния номер на софтуера, идентификатор на текущия му вариант със специализирано копиране с бутон върху временната буферна памет (клипборда), заедно с информация за контактите и авторските права.
- Информация за потребителя: тази част съдържа името за регистриране в системата, собственото и фамилното име на текущия потребител.
- Информация за лиценза: тази част показва броя на наличните кредити и датата, на която лицензът изтича.

4.9 Странична лента

Лявата странична лента съдържа следните набори функции:

4.9.1 Общо

В тази група функции можете да зададете къде да се съхраняват данните от анализа и файловете с резултати, да създавате и управлявате протоколи, да задавате целеви гени за анализ и да избирате версията за анализ, която да се използва при анализа. За подробности относно протоколите вижте страницата с помощна информация за протоколите (*Analysis Protocols*).

4.9.2 База данни

С помощта на функцията *Install New Database* (Инсталиране на нова база данни) можете да настроите една или няколко версии на базата данни IMGT, използвани за генотипизиране. С помощта на функцията за избор на активна база данни (*Select Active Database*) можете да посочите активната версия на базата данни. Генотипизирането ще започва винаги с използване на активната версия. Ако желаете да премахнете инсталирана база данни, можете да използвате функцията за отстраняване на бази данни (*Remove Database*), която дава възможност за изтриване на инсталирана база данни, която не е избрана за активна текущо. Може да определите дали да се използват разширения за база данни в менюто за конфигуриране на разширения за база данни (*Configure Database Extensions*).

4.9.3 Администриране

С Управление на потребителите (*User management*) можете да създавате, редактирате и изтривате потребители. Чрез опцията за показване на хардуерен ключ (*Display Hardware Key*) можете да показвате буквено-цифрен идентификатор за вашия компютър, който да се използва за генериране на лиценз за конкретния компютър. Опцията за качване на лиценз (*Upload Licence*) може да се използва за ръчно импортиране на файла за лиценза в софтуера.



4.9.4 Автоматизация

Тази група функции позволява конфигуриране на автоматичен анализ на конфигурации сървър-клиент.

4.9.5 Експортиране на настройки

Тук може да конфигурирате LIMS експорт.

4.9.6 Настройки на екрана

В тази група функции можете да промените конфигурациите на дисплея за браузъра за гени и екраните с резултати. Трябва да се отбележи, че тези промени ще променят поведението и облика по подразбиране на софтуера. Ако искате да промените настройките на браузъра само временно, трябва да се използва функцията за настройки на дисплея (*Display settings*) върху екрана на браузъра. Можете също да промените филтрите по подразбиране на екраните „Резултати от генотипизиране“. Трябва да имате предвид, че ако премахнете избора на локус в този помощник, резултатите за локуса няма да бъдат показвани, независимо от резултатите при типизирането. За двата конфигурационни набора можете да върнете всички параметри обратно към стойностите по подразбиране с помощта на функцията за възстановяване на стойностите по подразбиране (*Restore defaults*). За подробности за тези настройки вижте следните страници с помощна информация: *Екрани „Резултати от анализ“* и *Браузър за гени*.