



Руководство пользователя

Omixon HLA Twin CE 4.2.0

03/27/2020

1	История изменений.....	5
2	Введение	8
2.1	Информация о компании.....	8
2.2	Общие сведения.....	8
2.3	Технологии секвенирования	8
2.4	Принцип метода.....	8
2.4.1	Алгоритм консенсусного генотипирования (CG).....	8
2.4.2	Алгоритм статистического генотипирования (SG).....	9
2.4.3	Генотипирование методом Twin.....	9
2.5	Предполагаемое использование.....	9
2.6	Предупреждения и меры предосторожности:	9
2.6.1	ограничения применимости продукта.....	9
2.7	Методы проверки и рабочие характеристики	9
2.7.1	Holotype HLA v1.....	10
2.7.2	Holotype HLA v2.....	11
2.7.3	Holotype HLA v3.....	11
2.8	Примечания к выпуску	12
2.9	Список литературы	12
3	Руководство по установке.....	13
3.1	Введение	13
3.1.1	Общие сведения.....	13
3.1.2	Обновление версии HLA Twin 3.1.3 или предыдущей версии	13
3.2	Доступные конфигурации.....	13
3.2.1	Общие сведения.....	13
3.2.2	Desktop.....	13
3.2.3	Server (автономный).....	14
3.2.4	Server (распределенный)	14
3.3	Системные требования	15
3.3.1	HLA Twin Desktop	15
3.3.2	компьютер для версии HLA Twin Client.....	15
3.3.3	сервер HLA Twin Server (автономный)	15
3.3.4	сервер HLA Twin Server (распределенный)	15

3.3.5	типизирующая программа HLA Twin Typer (распределенная).....	15
3.3.6	Хранилище данных.....	15
3.4	Установка MySQL	16
3.4.1	Windows	16
3.4.2	OSX.....	28
3.4.3	Linux	39
3.5	Настройка уже существующей базы данных MySQL.....	39
3.6	установка ПО Desktop;	39
3.6.1	Обновление версии HLA Twin 3.1.3 или предыдущей версии	39
3.6.2	Установка HLA Twin Desktop	40
3.7	Установка ПО Standalone Server.....	50
3.7.1	Обновление версии HLA Twin 3.1.3 или предыдущей версии	50
3.7.2	Примечания до начала установки.....	51
3.7.3	Установка HLA Twin Server	51
3.8	Установка ПО Client;.....	64
3.8.1	Обновление версии HLA Twin 3.1.3 или предыдущей версии	64
3.8.2	Примечания до начала установки.....	64
3.8.3	установка HLA Twin Client.....	65
3.9	Перенос базы данных	71
3.9.1	Обзор.....	71
3.9.2	Данные, подлежащие переносу.....	71
3.9.3	Процесс переноса данных	72
3.9.4	Местоположение старой базы данных	72
3.10	Инструкции для начала использования	72
3.10.1	подключение к серверу.....	72
	Подключение клиентское приложение.	72
	Экспорт и импорт конфигурации соединений.....	73
3.10.2	создание первого пользователя;	74
4	Краткое руководство по началу работы	75
4.1	Вход	75
4.2	Панель управления генотипированием.....	75
4.3	Анализ	76
4.3.1	Простое генотипирование — рекомендуется для образцов Holotype.	76
4.3.2	Результаты	76

4.4	Результат анализа генотипирования.....	76
4.4.1	Что делать, если результат отсутствует	78
4.5	Результат образца генотипирования.....	79
4.6	Браузер генов.....	80
4.7	Панель управления настройками	81
4.8	Общие сведения.....	81
4.9	Боковая панель	81
4.9.1	General (Общие)	81
4.9.2	Database (База данных).....	81
4.9.3	Administration (Администрирование)	81
4.9.4	Automation (Автоматизация).....	82
4.9.5	Export Settings (Настройки экспорта)	82
4.9.6	Screen Settings (Настройки экрана).....	82



1 История изменений

Версия	Дата утверждения	Автор	Сводка изменений	Утверждено
3.0.0	29 Jun 2018	Адэл Юхас Агнеш Пастор	Впервые упомянуты модификации генотипирования и отображения результатов, связанные с системами типирования ABO и MIC. Слово «HLA» убрано в случаях, когда могут также подразумеваться системы типирования тканей ABO и MIC. В текст внесены прочие незначительные поправки.	Адэл Юхас Агнеш Пастор
3.1.0	31 Aug 2018	Петра Хох	Добавлен раздел «Информация о компании». В формулировки и форматирование внесены незначительные поправки.	Адэл Юхас
3.1.1	08 Nov 2018	Кристина Риго Петра Хох	Результаты определения рабочих показателей обновлены для системы Holotype HLA v1 и добавлены для системы Holotype HLA v2. В формулировки и форматирование внесены незначительные поправки.	Адэл Юхас
3.1.2	13 Nov 2018	Адэл Юхас	В описание периода поддержки добавлено определение поддержки базы данных IMGT. Незначительные поправки в ссылках на справочное пособие.	Кристина Риго
3.1.3	13 Feb 2019	Адэл Юхас	Добавлено описание генотипирования Twin с включением исполнительной логики SG. Изменены рекомендации по настройке временной папки при установке сервера.	Кристина Риго Моника Хулига

Версия	Дата утверждения	Автор	Сводка изменений	Утверждено
4.0.0	 06 Aug 2019	Адэл Юхас	В краткое руководство внесены следующие обновления: • новая структура таблицы результатов; • разметка уровней локуса; • новое местоположение функции истории присвоений; • функция развертывания и свертывания таблицы; • журнал событий; • Typer Manager; • нижняя информационная панель на панели управления; удален раздел, посвященный серверу Omixon HLA Server. В разделе «Руководство по установке» сделаны следующие изменения: • доступные конфигурации; • установка ПО Desktop; • Установка ПО Standalone Server • Руководство для начала работы: • создание первого пользователя; • подключение к серверу.	Мартон Погань
4.0.0	 09 Aug 2019	Адэл Юхас	Из раздела «Введение» в руководстве по установке удалены системные требования (перенесены в другое место и обновлены до актуальных). Добавлены страницы в руководство по установке: • Введение • Установка ПО Client; • перенос данных.	Мартон Погань
4.0.1	 15 Oct 2019	Адэл Юхас	Обновлено руководство по установке следующим образом. • H2 удален, взамен документ ссылается на MySQL. • Добавлена конфигурация MySQL. • Непосредственные ссылки на руководство по установке программного обеспечения заменены текстовыми. Руководство по установке перемещено выше в иерархии страницы, чтобы оно предшествовало краткому справочнику пользователя.	Нандор Варга



Версия	Дата утверждения	Автор	Сводка изменений	Утверждено
4.1.0	 09 Jan 2020	Нандор Варга	Обновлен краткий справочник пользователя: в список знаков разметки добавлен значок серологически эквивалентного антигена. Результаты определения рабочих показателей обновлены для систем Holotype HLA v1 и v2 и добавлены для системы Holotype HLA v3.	Адэл Юхас
4.2.0	 17 Mar 2020	Нандор Варга	Результаты определения рабочих показателей обновлены для систем Holotype HLA v1, v2 и v3.	Моника Хулита



2 Введение

2.1 Информация о компании

Продукция изготовлена компанией Omixon Biocomputing Ltd.

Адрес:

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

Веб-сайт: <http://www.omixon.com>

Техническая поддержка: support@omixon.com¹

Коммерческий отдел: sales@omixon.com²

2.2 Общие сведения

Программа Omixon HLA Twin использует два независимых алгоритма генотипирования данных, полученных методом секвенирования следующего поколения: статистическое генотипирование (SG) и консенсусное генотипирование (CG). Эти алгоритмы были разработаны совместно с методом секвенирования Omixon Holotype HLA. Два алгоритма могут использоваться одновременно, и результаты можно свести для изучения в одну таблицу. Помимо высокоуровневой таблицы обзора, для каждого образца приводятся подробная статистика и результаты контроля качества.

Программа Omixon HLA Twin предлагает лицензии с определенным сроком действия, которые в течение этого срока позволяют выполнять генотипирование любого количества образцов. За ценовыми предложениями обращайтесь по адресу sales@omixon.com³. Лицензия сроком на 90 дней входит в пробную версию.

Каждая версия ПО полностью поддерживается на протяжении 13 месяцев с момента выпуска. По окончании срока поддержки ошибки в текущей версии больше не будут исправляться и эта версия ПО не будет валидироваться в новых версиях базы данных IMGT. Мы настоятельно рекомендуем обновлять версию ПО до окончания срока ее поддержки.

2.3 Технологии секвенирования

Программа Omixon HLA Twin поддерживает данные секвенирования компании Illumina.

2.4 Принцип метода

2.4.1 Алгоритм консенсусного генотипирования (CG).

Алгоритм консенсусного генотипирования основан на сборке de novo. Метод ассемблера получает данные, предварительно отфильтрованные и отнесенные к тем или иным генам на основании базы данных IMGT. Результатом сборки является один или несколько контигов, каждый из которых состоит из одного или нескольких фазированных участков. Созданные таким образом консенсусные последовательности сравниваются с аллельными последовательностями в базе данных IMGT/HLA, и в отчете указывается та пара (или пары) аллелей, у которых имеется минимальное расхождение с ключевым экзонном, другими экзонами и минимальные неэкзонные расхождения. Результатом алгоритма консенсусного генотипирования является полное (с разрешением по 4 полям) генотипирование.

¹ <mailto:support@omixon.com>

² <mailto:sales@omixon.com>

³ <mailto:sales@omixon.com>



2.4.2 Алгоритм статистического генотипирования (SG)

Алгоритм статистического генотипирования основан на сопоставлении фрагментов. Считывания и их пары сопоставляются всем экзонным последовательностям, определенным в базе данных IMGT, после чего результатом считается аллель с максимальным показателем сопоставимости. Аллели предварительно отфильтровываются и распределяются по парам. Пары аллелей сравниваются и располагаются в определенном порядке на основании общего количества совпадающих считываний в паре. В отчете указываются все пары аллелей, результаты для которых считаются одинаково хорошими на основании итогов сравнения. Результаты генотипирования, полученные с использованием алгоритма статистического генотипирования, имеют разрешение, основанное на экзонах (по 3 полям).

2.4.3 Генотипирование методом Twin

Генотипирование методом Twin представляет собой сочетание описанных выше алгоритмов SG и CG. При генотипировании методом Twin алгоритм CG обрабатывается для всех целевых локусов. После чего для всех локусов, результаты CG для которых удовлетворяют определенным критериям, выполняется алгоритм SG. Кроме заданных пользователем условий использования, алгоритм SG запрограммирован так, чтобы всегда выполняться для локусов с неизвестными аллелями, и никогда — для локуса HLA-DRB3.

2.5 Предполагаемое использование

Программа Omixon HLA Twin предназначена для интерпретации данных секвенирования нового поколения (Next Generation Sequencing (NGS)), созданных на секвенаторах Illumina по методу секвенирования Omixon Holotype HLA. Это позволяет получить высокоточное HLA-типирование на уровне аллелей за один проход с очень низким уровнем неоднозначности по 2 полям. Программное обеспечение позволяет получать сведения о гистологической совместимости у людей по классу HLA I (HLA-A, B и C) и по классу HLA II (HLA-DPA1, DPB1, DQA1, DQB1 и DRB1/3/4/5) с помощью двух независимых алгоритмов: статистическое генотипирование (SG) и консенсусное генотипирование (CG). Два алгоритма можно запустить одновременно, и соответствие между ними всегда отображается рядом с исходными результатами генотипирования по каждому из алгоритмов, если работают оба метода. Помимо высокоуровневой таблицы обзора, для каждого образца приводятся подробная статистика и результаты контроля качества.

Программное обеспечение Omixon HLA Twin предназначено для проведения диагностик in vitro профессиональными медицинскими специалистами, например лаборантами и врачами, обученными типированию HLA в диагностических лабораториях и работающими в учреждениях с аккредитацией EFL или ASHI (или в лабораториях, способных работать в соответствии со спецификациями EFL или ASHI). Не следует полагаться исключительно на результаты, созданные данным программным обеспечением, при принятии клинических решений.

2.6 Предупреждения и меры предосторожности:

2.6.1 ограничения применимости продукта

Эти алгоритмы были разработаны совместно с методом секвенирования Omixon Holotype HLA и прошли тщательную валидацию. Чтобы добиться наилучших результатов, рекомендуем использовать эту программу вместе с методом типирования Omixon Holotype HLA для типирования HLA по методике NGS на системе Illumina MiSeq. Использование других методов секвенирования HLA или других платформ NGS, отличных от указанных выше, должно быть тщательно проверено на большом количестве материала и валидировано самим пользователем!

Список известных ограничений аналитических методов и алгоритмов приведен в документе «Известные ограничения продукта».

2.7 Методы проверки и рабочие характеристики

Статистика рабочих характеристик, приведенная ниже, была создана с использованием программы Omixon HLA Twin версии 4.2.0 и базы данных IMGT версии 3.38.0_9. Рабочие характеристики были рассчитаны по методике, описанной Ng et al. (1993)¹. Результаты генотипирования сравнивались с имеющимися данными (эталонной информацией) по генотипированию на уровне разрешения по двум полям.



2.7.1 Holotype HLA v1

В общей сложности было проанализировано 416 образцов (полученных из 197 эталонных клеточных линий). Данные секвенирования генерировались с использованием ПО Holotype HLA v.1.

Измерение	HLA-A	HLA-B	HLA-C	HLA-DPB1	HLA-DQA1	HLA-DQB1	HLA-DRB1	Всего
Чувствительность	99.28%	98.80%	98.68%	99.04%	99.64%	95.07%	98.56%	98.45%
Специфичность	99.98%	99.97%	99.95%	99.96%	99.96%	99.80%	99.96%	99.95%
Точность	99.28%	98.80%	98.68%	99.04%	99.64%	95.07%	98.56%	98.45%
Отрицательное прогностическое значение	99.98%	99.97%	99.95%	99.96%	99.96%	99.80%	99.96%	99.95%
Правильно классифицирован ный тип	99.95%	99.95%	99.91%	99.92%	99.93%	99.62%	99.93%	99.90%

2.7.2 Holotype HLA v2

В общей сложности было проанализировано 176 образцов. Данные секвенирования генерировались с использованием ПО Holotype HLA v.2.

Измерение	HLA-A	HLA-B	HLA-C	HLA-DPA1	HLA-DPB1	HLA-DQA1	HLA-DQB1	HLA-DRB1	HLA-DRB3	HLA-DRB4	HLA-DRB5	Всего
Чувствительность	99.71%	99.14%	97.43%	98.56%	98.57%	96.26%	96.00%	98.86%	98.20%	84.62%	98.27%	96.91%
Специфичность	99.99%	99.99%	99.92%	99.88%	99.95%	99.79%	99.82%	99.98%	99.40%	92.31%	99.42%	99.88%
Точность	99.71%	99.14%	97.43%	98.56%	98.57%	96.26%	96.00%	98.86%	98.20%	84.62%	98.27%	96.91%
Отрицательное прогностическое значение	99.99%	99.99%	99.92%	99.88%	99.95%	99.79%	99.82%	99.98%	99.40%	92.31%	99.42%	99.88%
Правильно классифицированный тип	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

В общей сложности было проанализировано 248 образцов. Данные секвенирования генерировались с использованием ПО Holotype HLA v.3.

Измерение	HLA-A	HLA-B	HLA-C	HLA-DPA1	HLA-DPB1	HLA-DQA1	HLA-DQB1	HLA-DRB1	HLA-DRB3	HLA-DRB4	HLA-DRB5	Всего
Чувствительность	99.19%	99.60%	98.79%	97.38%	94.56%	96.98%	97.18%	97.78%	99.24%	96.99%	97.66%	97.76%
Специфичность	99.99%	100.00%	99.97%	99.81%	99.88%	99.85%	99.86%	99.97%	99.81%	98.49%	99.53%	99.94%
Точность	99.19%	99.60%	98.79%	97.38%	94.56%	96.98%	97.18%	97.78%	99.24%	96.99%	97.66%	97.76%
Отрицательное прогностическое значение	99.99%	100.00%	99.97%	99.81%	99.88%	99.85%	99.86%	99.97%	99.81%	98.49%	99.53%	99.94%



Измерение	HLA-A	HLA-B	HLA-C	HLA-DPA1	HLA-DPB1	HLA-DQA1	HLA-DQB1	HLA-DRB1	HLA-DRB3	HLA-DRB4	HLA-DRB5	Всего
Правильно классифицированный тип	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 Примечания к выпуску

Список новых характеристик и сведения об исправленных ошибках приведены в разделе *Release notes* по адресу <https://www.omixon.com/support-and-resources/hla-twin/>.

2.9 Список литературы

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 Руководство по установке

3.1 Введение

3.1.1 Общие сведения

Это выдержка из руководства по установке *программного обеспечения*. Если вы не можете найти нужную вам информацию в этом документе, обратитесь к полной (расширенной) версии руководства по установке *программного обеспечения*. Дополнительную информацию и помощь вы также можете получить, обратившись по адресу support@omixon.com.⁴

3.1.2 Обновление версии HLA Twin 3.1.3 или предыдущей версии

Обращаем ваше внимание на то, что в этот раз процесс обновления отличается от обычного. Чтобы гарантировать безопасное обновление без потери данных, внимательно ознакомьтесь с главой «Руководства по установке», относящейся к вашему случаю.

3.2 Доступные конфигурации

3.2.1 Общие сведения

В этой главе разъясняется, какие три конфигурации HLA Twin можно использовать. Каждая из конфигураций пригодна для лаборатории с определенной пропускной способностью.

Для каждой из конфигураций требуется сервер баз данных MySQL 8, установленный локально или удаленно.

Руководство пользователя содержит указания относительно установки версии Desktop и автономного сервера (Standalone Server), а также инструкции по установке клиента (Client). Подробную информацию по установке распределенного сервера можно получить, ознакомившись с расширенной версией «Руководства по установке программного обеспечения».

3.2.2 Desktop

- Этот вариант пригоден для небольших лабораторий.
- Одновременно на сервере может находиться один пользователь.
- Одновременно может анализироваться один образец.

Программное обеспечение работает на компьютере, и пользователям приходится использовать один и тот же компьютер совместно для работы с ПО. ПО HLA Twin имеет собственную систему управления, поэтому не имеет значения, кто входит в систему Windows; пользователь в системе HLA Twin может иметь отдельный собственный идентификатор, что важно при проведении проверок и для поддержания таких функций, как рабочий процесс и комментирование. Если установить то же самое ПО на другом компьютере, то связи между двумя установленными экземплярами ПО не будет, поэтому указанная пользовательская информация будет недоступна. Мы не рекомендуем так поступать.

⁴ <mailto:support@omixon.com>.

3.2.3 Server (автономный)

- Этот вариант пригоден для лабораторий среднего размера.
- **В этом случае одновременно с вами могут работать несколько пользователей.**
- Одновременно может анализироваться один образец.

Сервер HLA Twin Server (автономный):

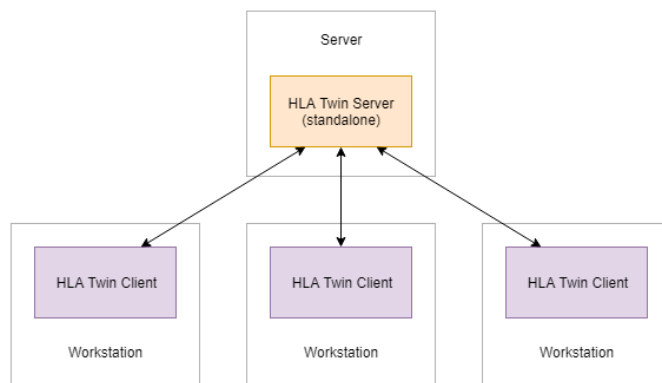
- выполняет анализы образцов,
- подготавливает информацию для клиента HLA Twin Client,
- хранит все данные пользователей.

Клиент HLA Twin Client:

- контролирует сервер HLA Twin Server,
- отображает данные, полученные с сервера HLA Twin Server,
- представляет собой «пустую оболочку».

К серверу HLA Twin Server могут обращаться одновременно несколько клиентов HLA Twin Client.

Лицензия привязана к серверу HLA Twin Server, поэтому количество программ HLA Twin Client не ограничено.



3.2.4 Server (распределенный)

- Этот вариант пригоден для лабораторий с высокой пропускной способностью.
- В этом случае одновременно с вами могут работать несколько пользователей.
- **Можно анализировать одновременно несколько образцов (в зависимости от количества программ Typer).**

Сервер HLA Twin Server (распределенный):

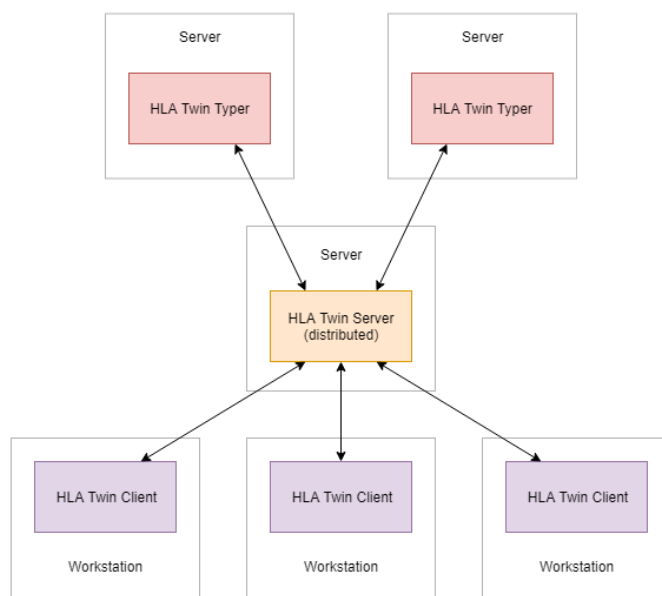
- **не выполняет** анализы образцов,
- контролирует экземпляры типизирующей программы HLA Twin Typer.
- подготавливает информацию для клиента HLA Twin Client,
- хранит все данные пользователей.

Типизирующая программа HLA Twin Typer:

- выполняет анализы образцов,
- направляет результаты анализа на сервер HLA Twin Server.

Клиент HLA Twin Client:

- контролирует сервер HLA Twin Server,
- отображает данные, полученные с сервера HLA Twin Server,
- представляет собой «пустую оболочку».





К одному серверу HLA Twin Server может быть подключено несколько типизирующих программ HLA Twin Typer. Экземпляры HLA Twin Server и HLA Twin Typer могут работать на одном и том же сервере.

3.3 Системные требования

3.3.1 HLA Twin Desktop

- **ЦПУ:** 64-битное ЦПУ как минимум с 4 физическими ядрами (8 потоков в ЦПУ)
- **ОС:** любая 64-битная операционная система
- **ОЗУ:** по меньшей мере 12 ГБ для ПО, но рекомендуется 16 ГБ
- **Видео:** видеокарта, совместимая с OpenGL 2.0

3.3.2 компьютер для версии HLA Twin Client

- **ЦПУ:** 64-битное ЦПУ как минимум с 2 физическими ядрами (4 потоков в ЦПУ)
- **ОС:** любая 64-битная операционная система
- **ОЗУ:** по меньшей мере 4 ГБ для ПО, но рекомендуется 6 ГБ
- **Видео:** видеокарта, совместимая с OpenGL 2.0
- **Сеть:** по меньшей мере 100/1000 Мб/с

3.3.3 сервер HLA Twin Server (автономный)

- **ЦПУ:** 64-битное ЦПУ как минимум с 4 физическими ядрами (8 потоков в ЦПУ)
- **ОС:** любая 64-битная операционная система (OSX не поддерживается)
- **ОЗУ:** по меньшей мере 18 ГБ для ПО, но рекомендуется 26,5 ГБ
- **Сеть:** по меньшей мере 100/1000 Мб/с

3.3.4 сервер HLA Twin Server (распределенный)

- **ЦПУ:** 64-битное ЦПУ как минимум с 4 физическими ядрами (8 потоков в ЦПУ)
- **ОС:** любая 64-битная операционная система (OSX не поддерживается)
- **ОЗУ:** по меньшей мере 6 ГБ для ПО, но рекомендуется 8 ГБ
- **Сеть:** по меньшей мере 100/1000 Мб/с

3.3.5 типизирующая программа HLA Twin Typer (распределенная)

- **ЦПУ:** 64-битное ЦПУ как минимум с 4 физическими ядрами (8 потоков в ЦПУ)
- **ОС:** любая 64-битная операционная система
- **ОЗУ:** по меньшей мере 16 ГБ для ПО, но рекомендуется 22 ГБ
- **Сеть:** по меньшей мере 100/1000 Мб/с

3.3.6 Хранилище данных

Требования к объему хранения данных зависят от размера образцов, и их нужно рассчитать с учетом юридических требований к хранению данных, минимального уровня резервирования и надежности, а также на основании ожидаемого

годового объема данных. Компания Omixon может помочь в расчетах объема хранилища данных; если вам нужна помощь, обратитесь по адресу support@omixon.com⁵.

3.4 Установка MySQL

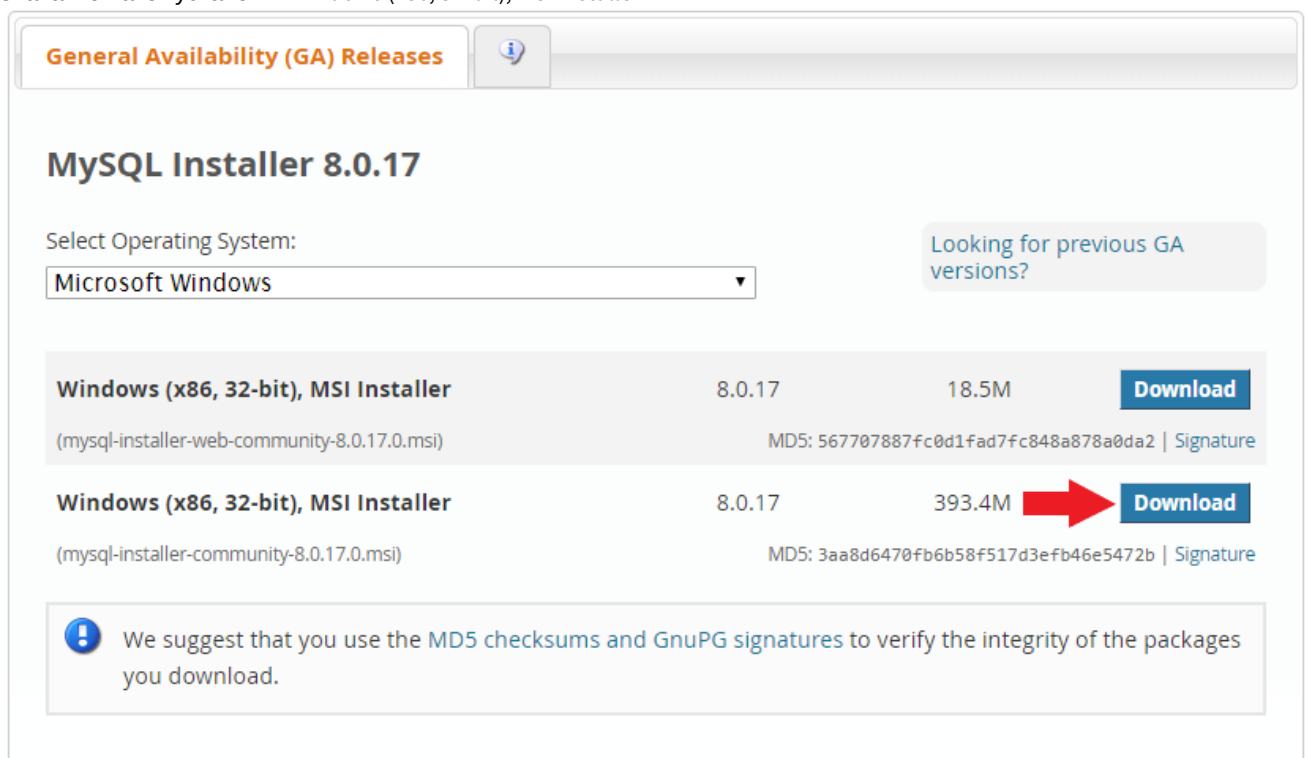
Все выпуски программы HLA Twin опираются в работе на внешнюю базу данных **MySQL 8**, которую вам необходимо установить до того, как устанавливать ПО HLA Twin. Это новое улучшение в работе HLA Twin, которое увеличивает надежность работы пользователя и позволяет системе лучше реагировать на его запросы. Следуйте приведенным в этом разделе инструкциям, прежде чем перейти к установке ПО HLA Twin.

3.4.1 Windows

Если в вашей среде есть ранее установленный сервер **MySQL 8**, который вы хотели бы использовать, обратитесь к разделу [Настройка ранее установленной базы данных MySQL](#) (see page 39). Пользователям ПО HLA Twin Desktop рекомендуется использовать локальный экземпляр MySQL.

Выполните следующие шаги, чтобы загрузить и установить MySQL 8 для Windows.

1. Перейдите по ссылке <https://dev.mysql.com/downloads/installer/>
2. Скачайте пакет установки Windows (x86, 32-bit), MSI Installer



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](#)

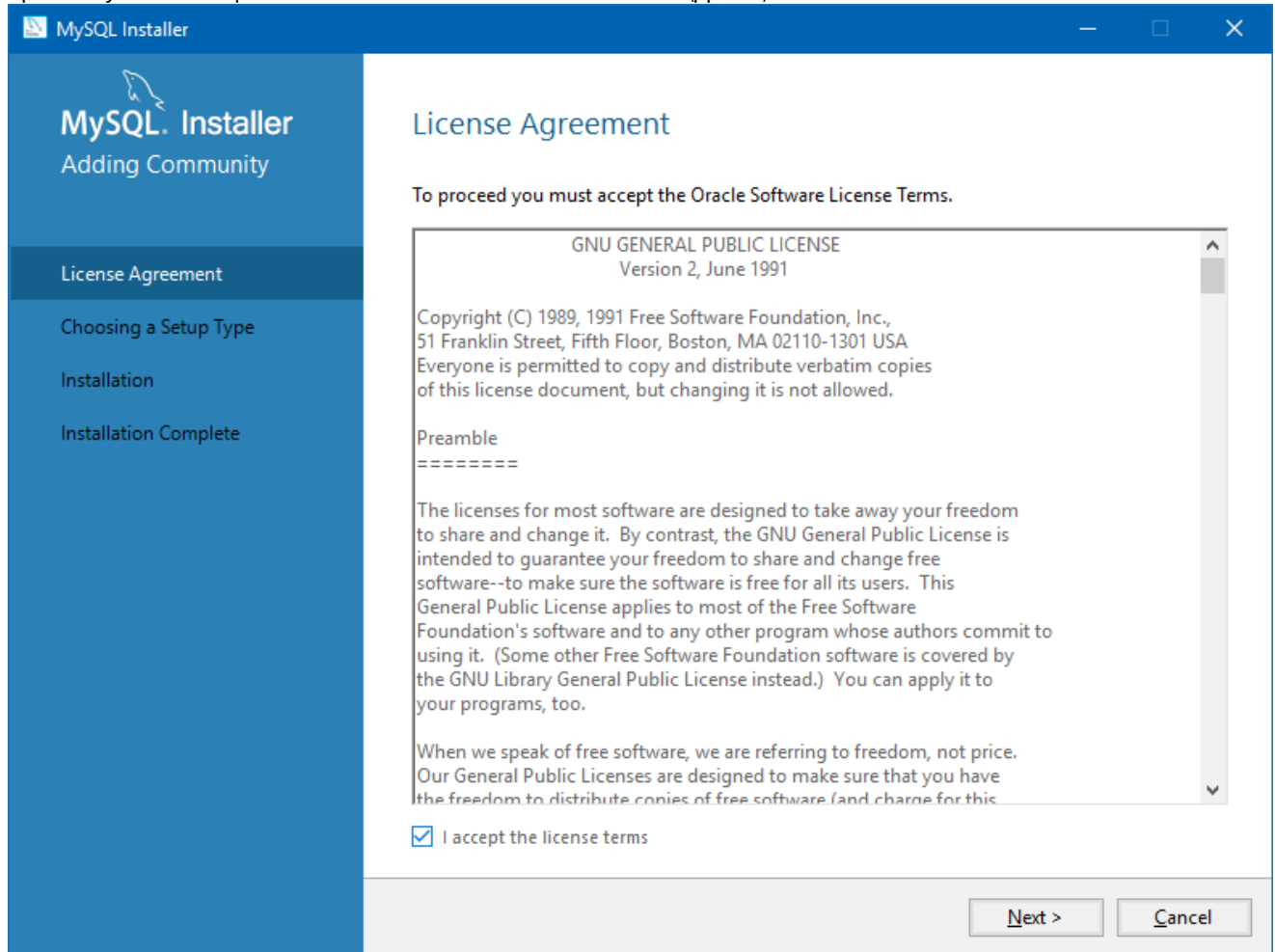
MD5: 3aa8d6470fb6b58f517d3efb46e5472b | [Signature](#)

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

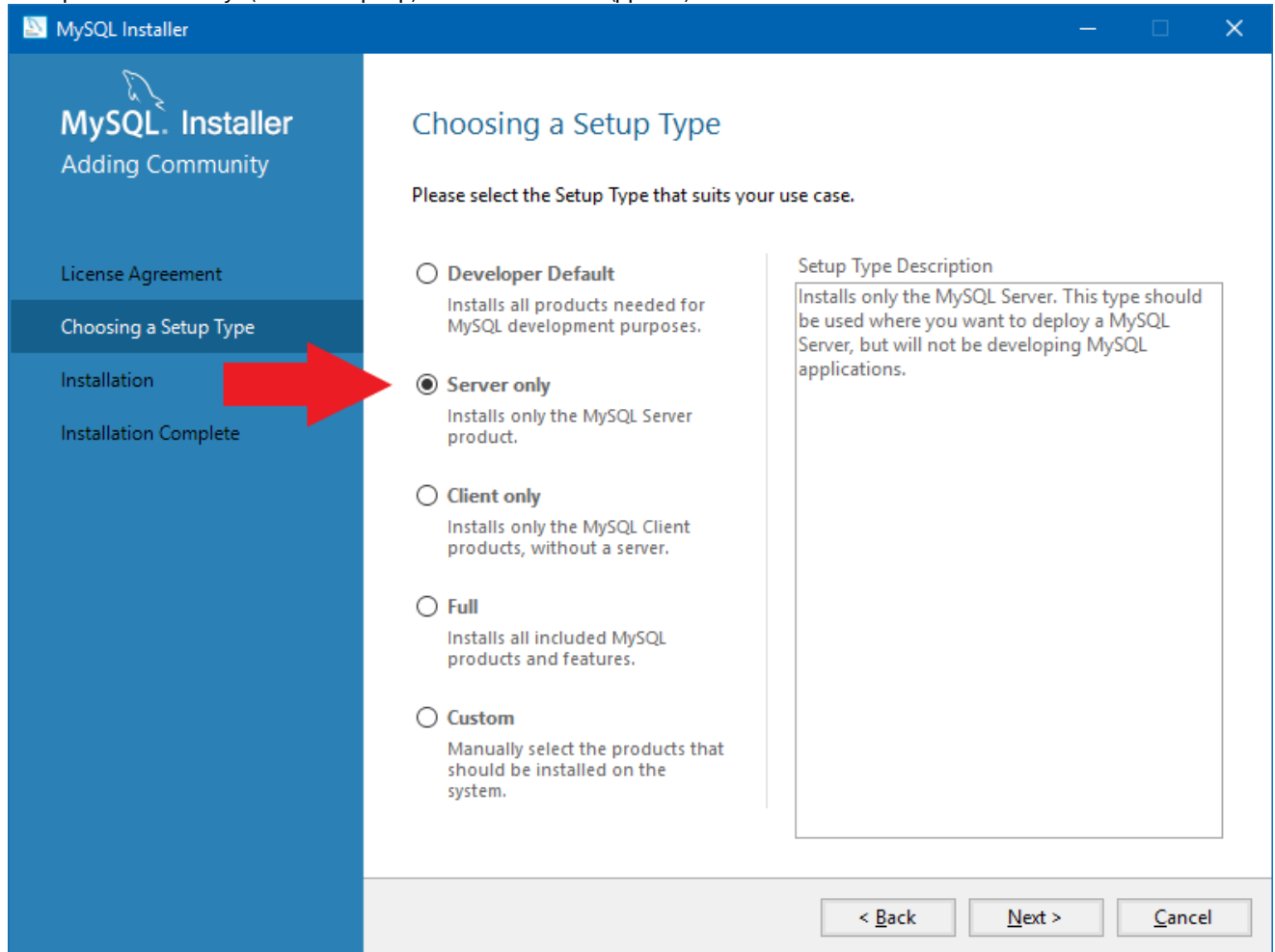
3. После загрузки запустите установочную программу

⁵ <mailto:support@omixon.com>

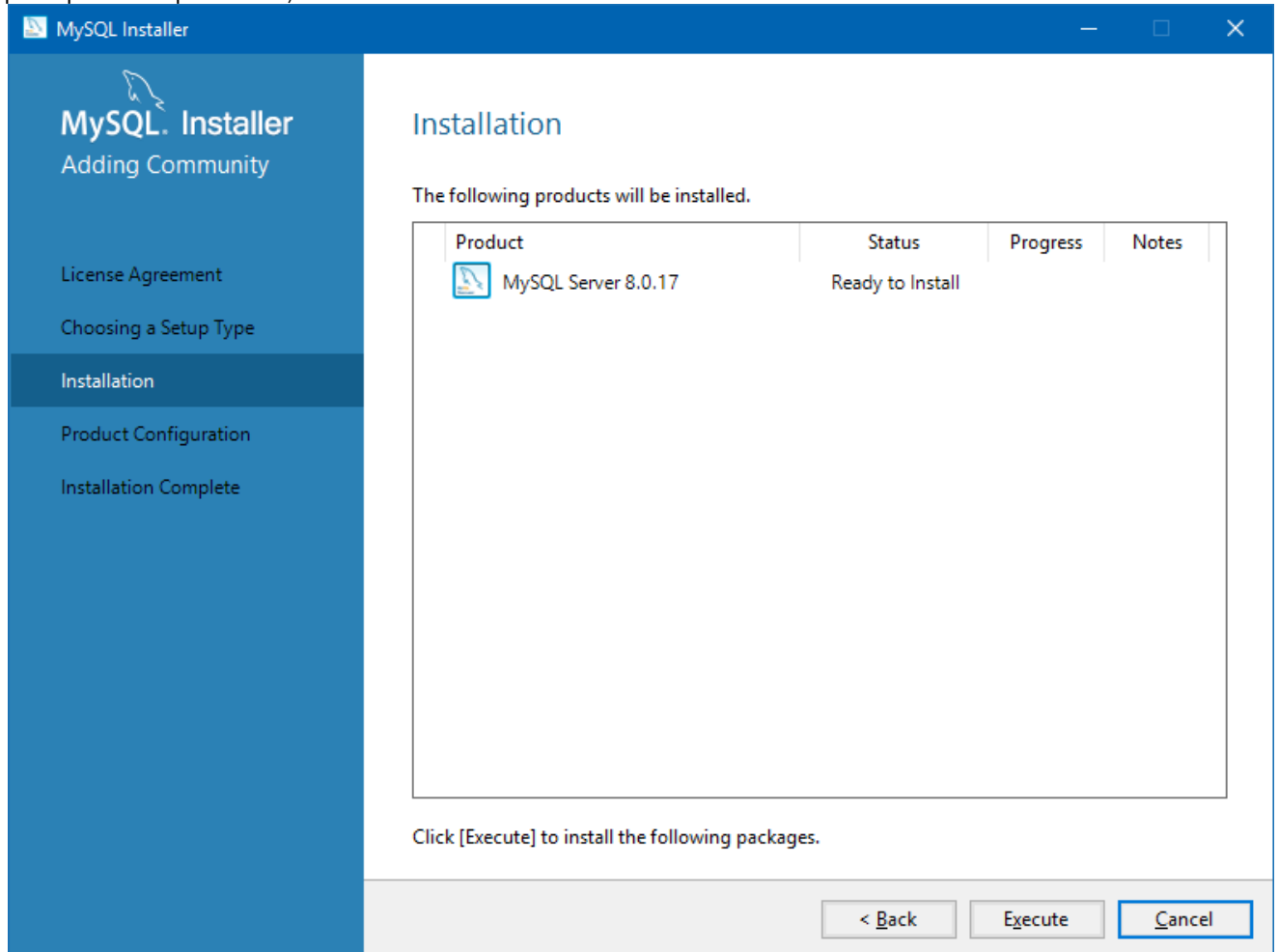
4. Примите условия лицензионного соглашения и нажмите «Next» (Далее)



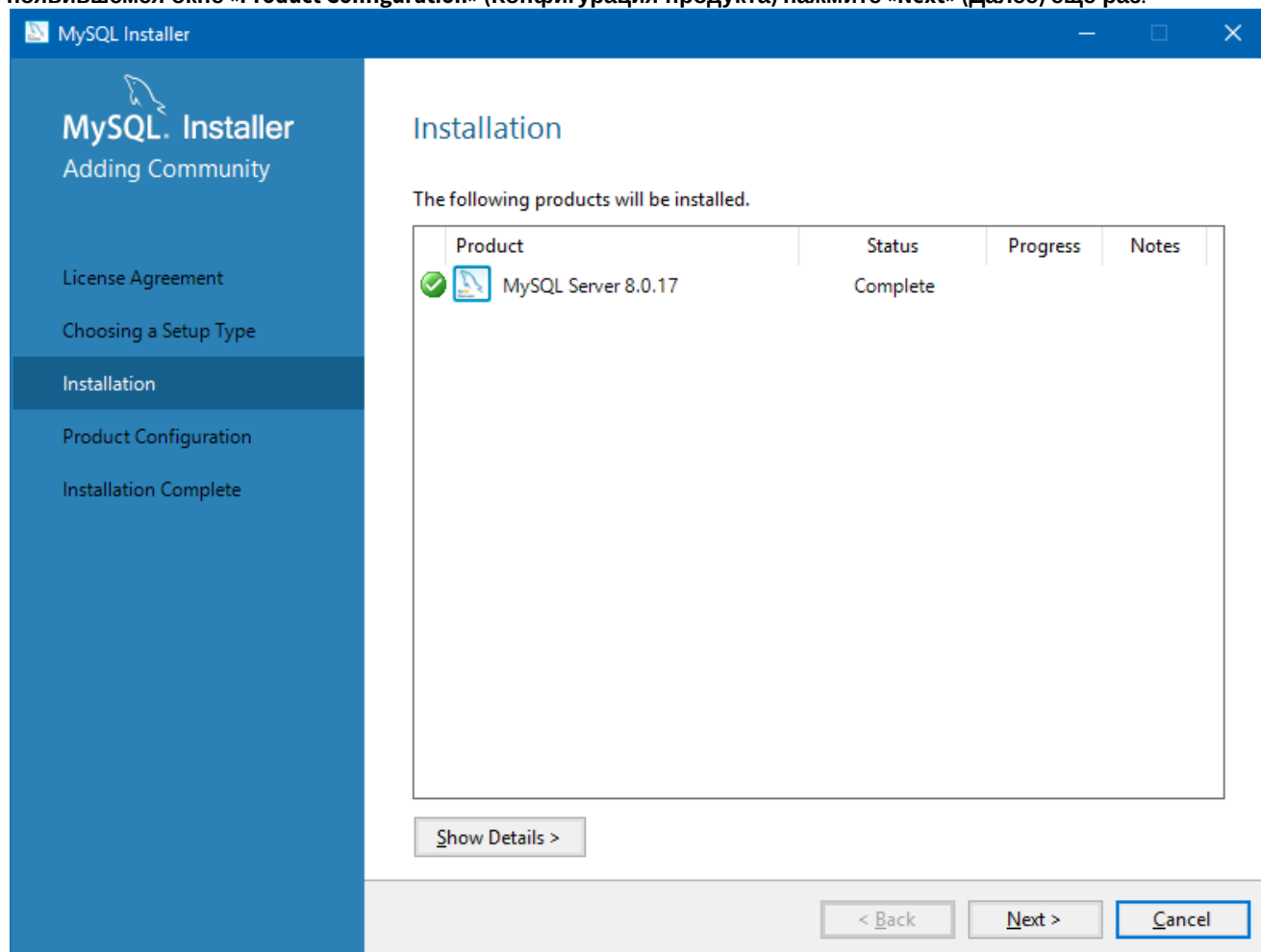
5. Выберите «Server only» (Только сервер) и нажмите «Next» (Далее)



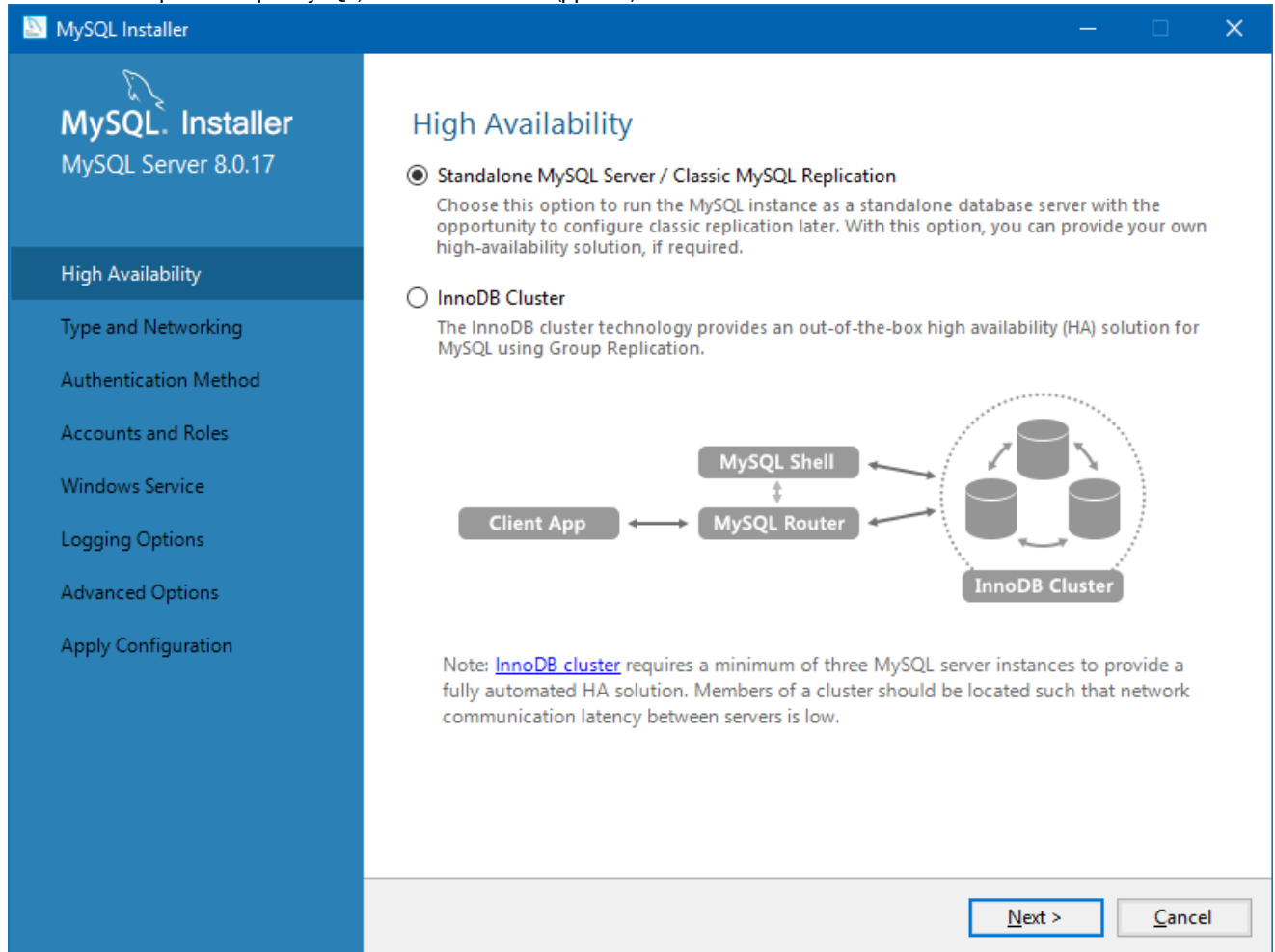
6. Нажмите «Execute» (Выполнить) (обратите внимание, что программа установки может выдать сообщение о том, что MySQL Server не находится в состоянии «Ready to Install» (Готов к установке). (Нажмите на сообщение, чтобы разобраться с проблемой.)



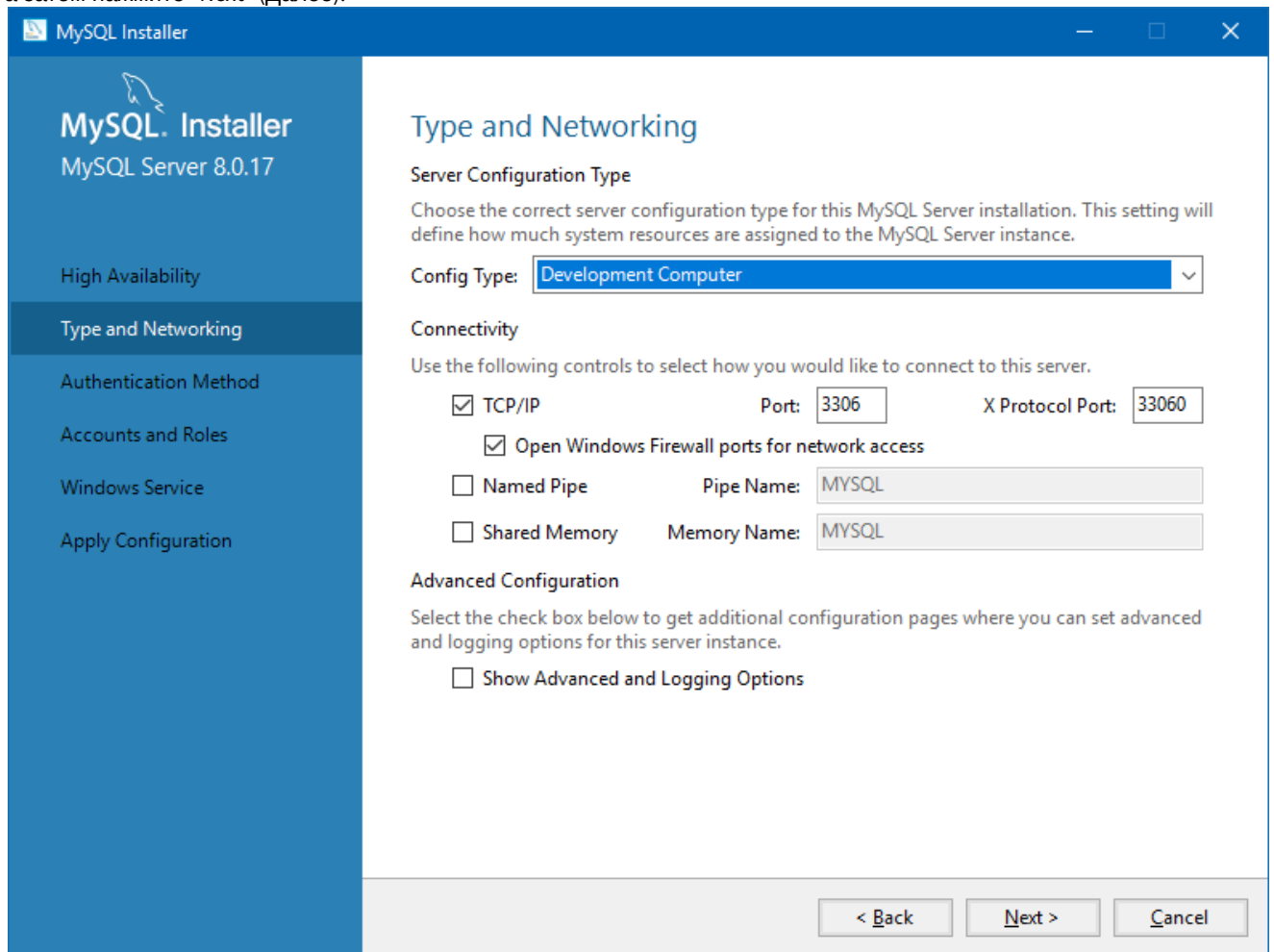
7. После окончания установки отобразится значок MySQL с «галочкой» зеленого цвета рядом. Нажмите «Next» (Далее) и в появившемся окне «Product Configuration» (Конфигурация продукта) нажмите «Next» (Далее) еще раз.



8. Выберите настройку по умолчанию «Standalone MySQL Server / Classic MySQL Replication» (Автономный сервер MySQL / Классическая репликация MySQL) и нажмите «Next» (Далее)



9. На странице «Type and Networking» (Тип и сетевое окружение) воспользуйтесь принятыми по умолчанию параметрами, а затем нажмите «Next» (Далее).



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

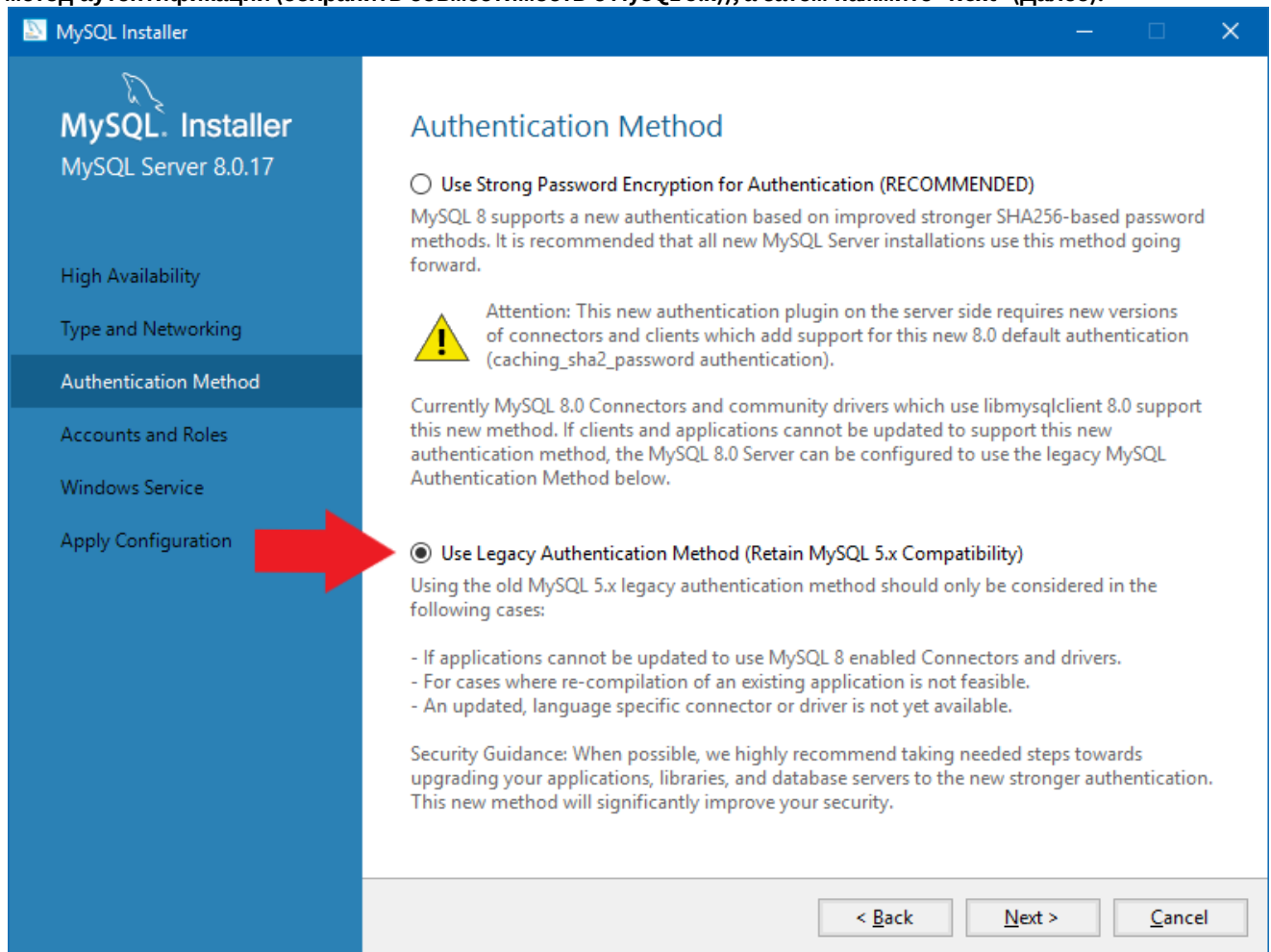
Advanced Configuration

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

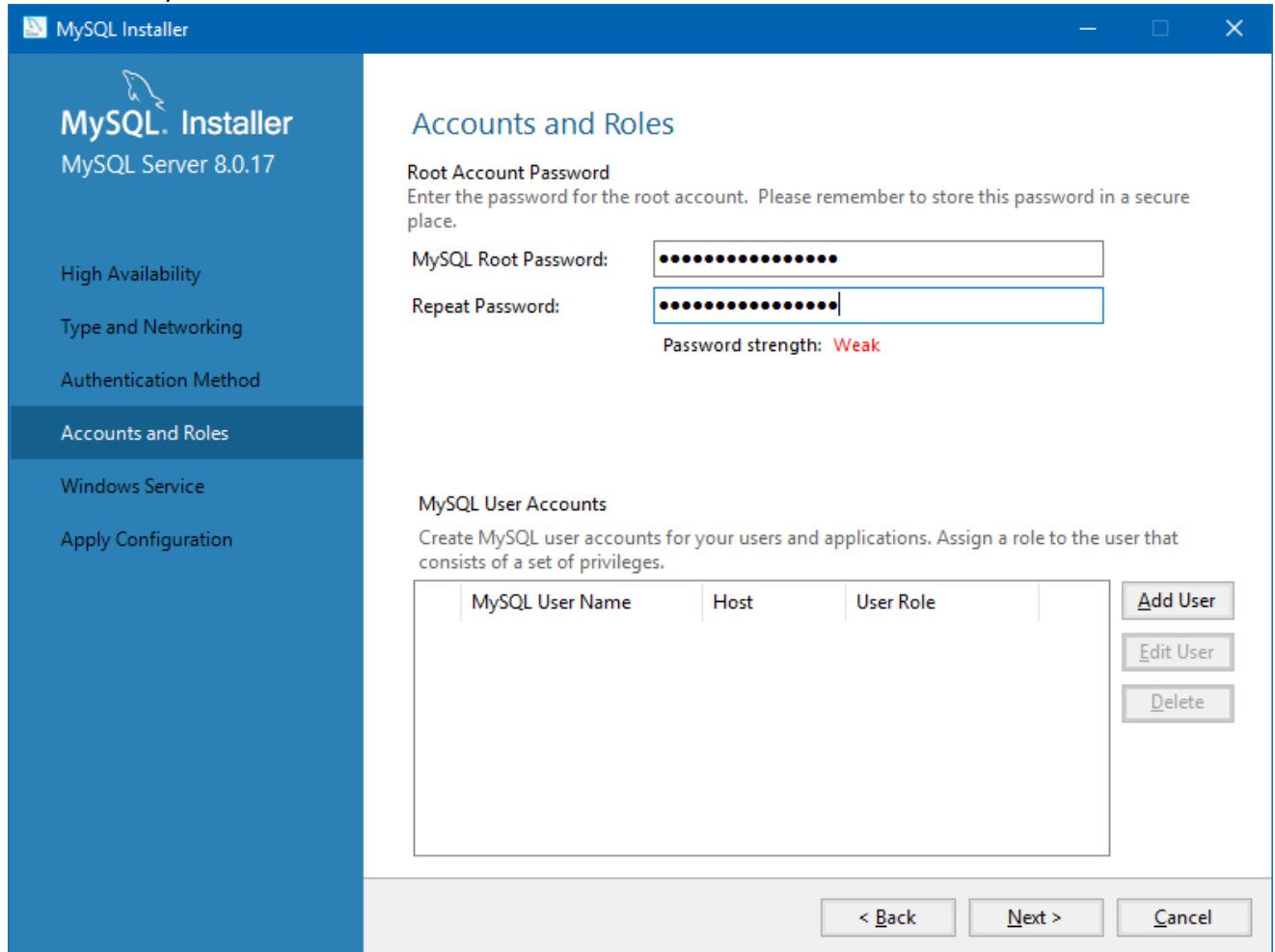
☐ Show Advanced and Logging Options

< Back Next > Cancel

10. Выберите параметр «Use Legacy Authentication Method (Retain MySQL 5.x Compatibility)» (Использовать старый метод аутентификации (сохранить совместимость с MySQL 5.x)), а затем нажмите «Next» (Далее).



11. Укажите корневой пароль MySQL (запишите его в надежном месте), а затем нажмите «Add User» (Добавить пользователя).



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
-----------------	------	-----------

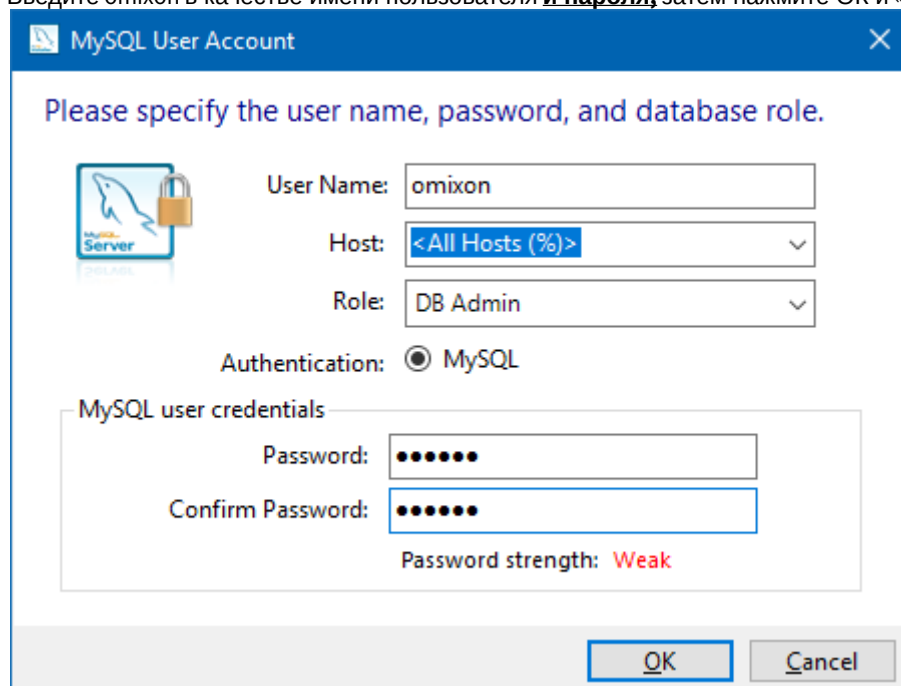
[Add User](#)

[Edit User](#)

[Delete](#)

< Back Next > Cancel

12. Введите omixon в качестве имени пользователя **и пароля**, затем нажмите OK и «Next» (Далее).



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 (%)>', and 'Role' with a dropdown menu showing 'DB Admin'. Below these is the 'Authentication' section with a radio button selected for 'MySQL'. A section titled 'MySQL user credentials' contains 'Password' and 'Confirm Password' fields, both filled with dots. Below these fields, the text 'Password strength: Weak' is displayed in red. 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

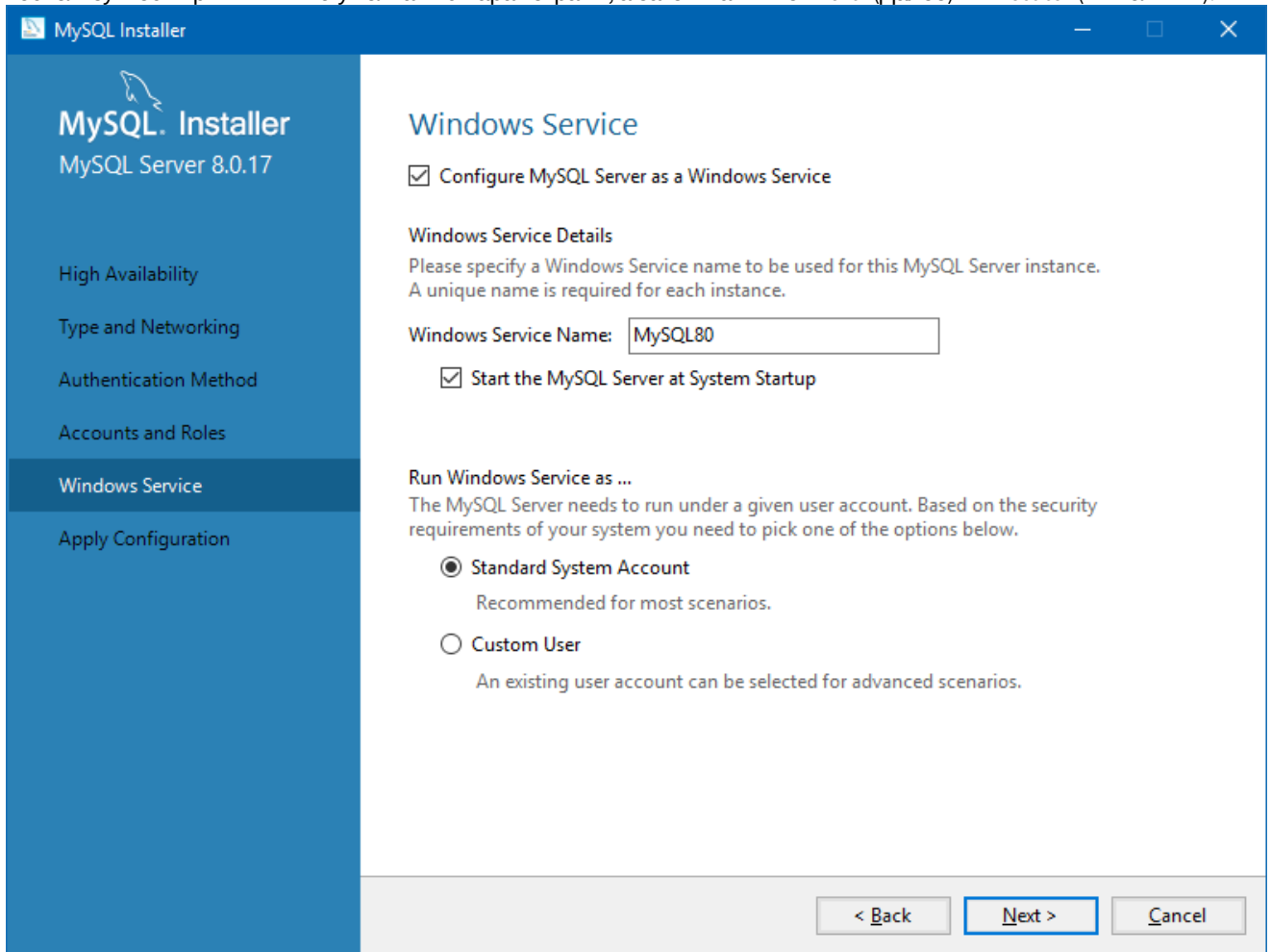
Password:

Confirm Password:

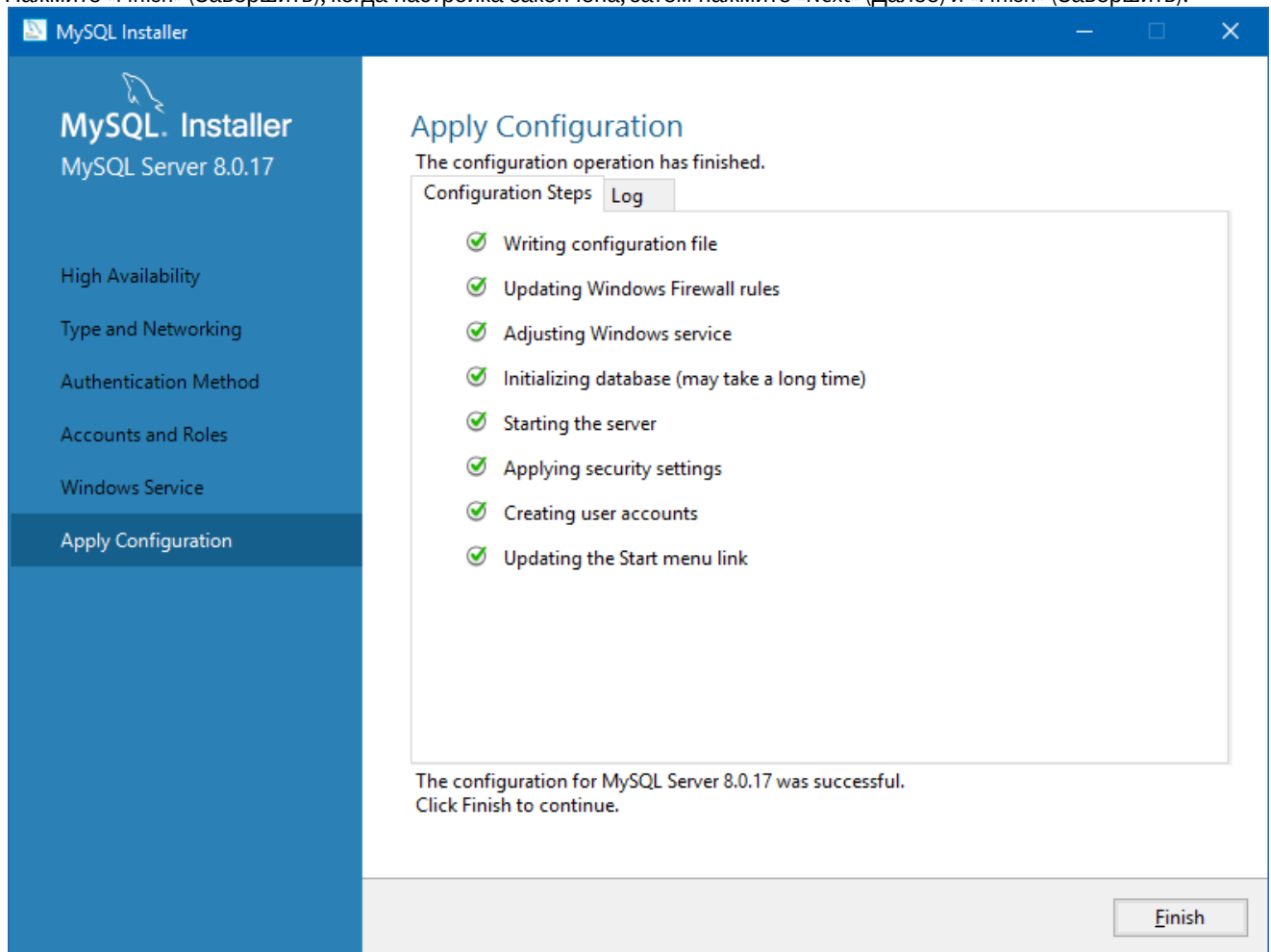
Password strength: Weak

OK Cancel

13. Воспользуйтесь принятыми по умолчанию параметрами, а затем нажмите «Next» (Далее) и «Execute» (Выполнить).



14. Нажмите «Finish» (Завершить), когда настройка закончена, затем нажмите «Next» (Далее) и «Finish» (Завершить).



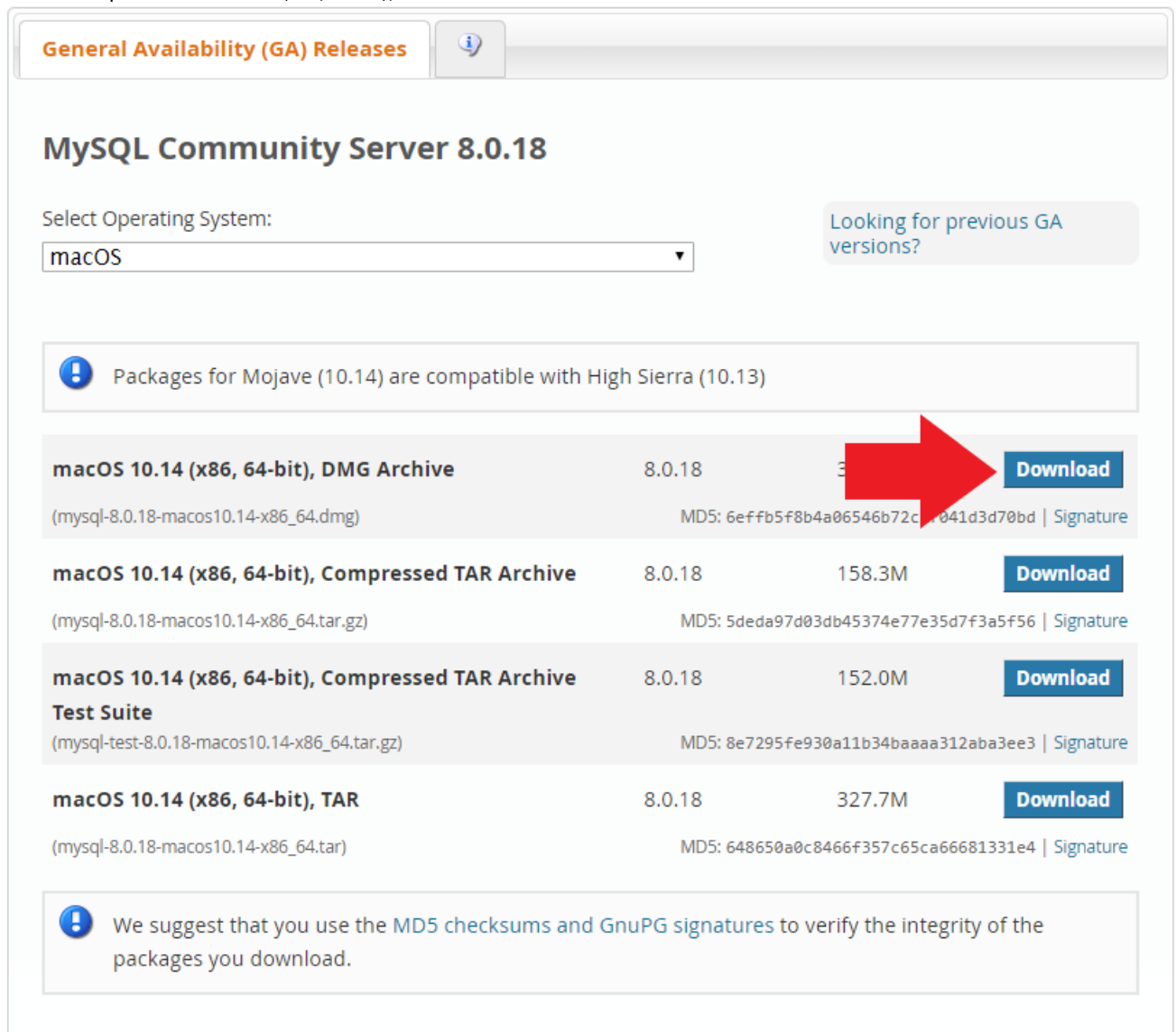
Вы завершили настройку MySQL. Можно переходить к установке HLA Twin.

3.4.2 OSX

Если в вашей среде есть ранее установленный сервер **MySQL 8**, который вы хотели бы использовать, обратитесь к разделу [Настройка ранее установленной базы данных MySQL](#) (see page 39). Пользователям ПО HLA Twin Desktop рекомендуется использовать локальный экземпляр MySQL.

Выполните следующие шаги, чтобы загрузить и установить MySQL 8 для OSX.

1. Перейдите по ссылке <https://dev.mysql.com/downloads/mysql/>
2. Скачайте архив macOS 10.14 (x86, 64-bit), DMG Archive



General Availability (GA) Releases

MySQL Community Server 8.0.18

Select Operating System:
macOS

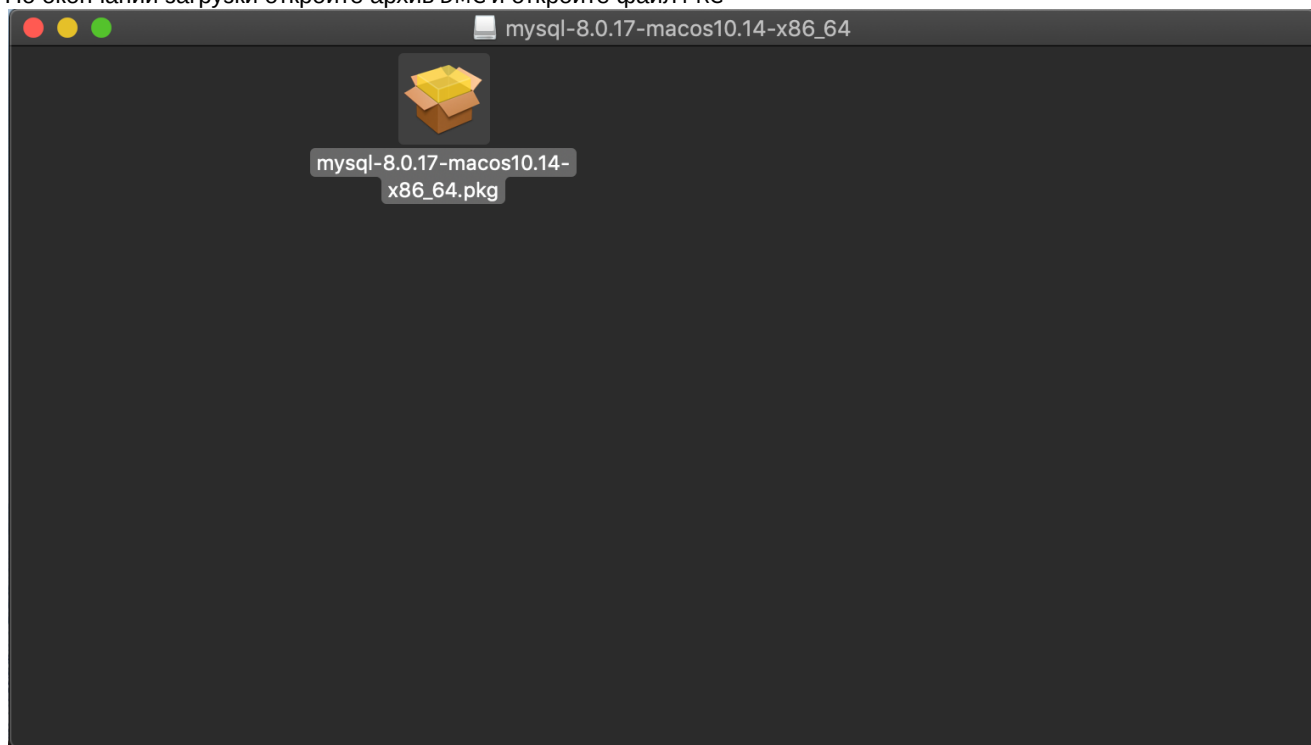
[Looking for previous GA versions?](#)

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

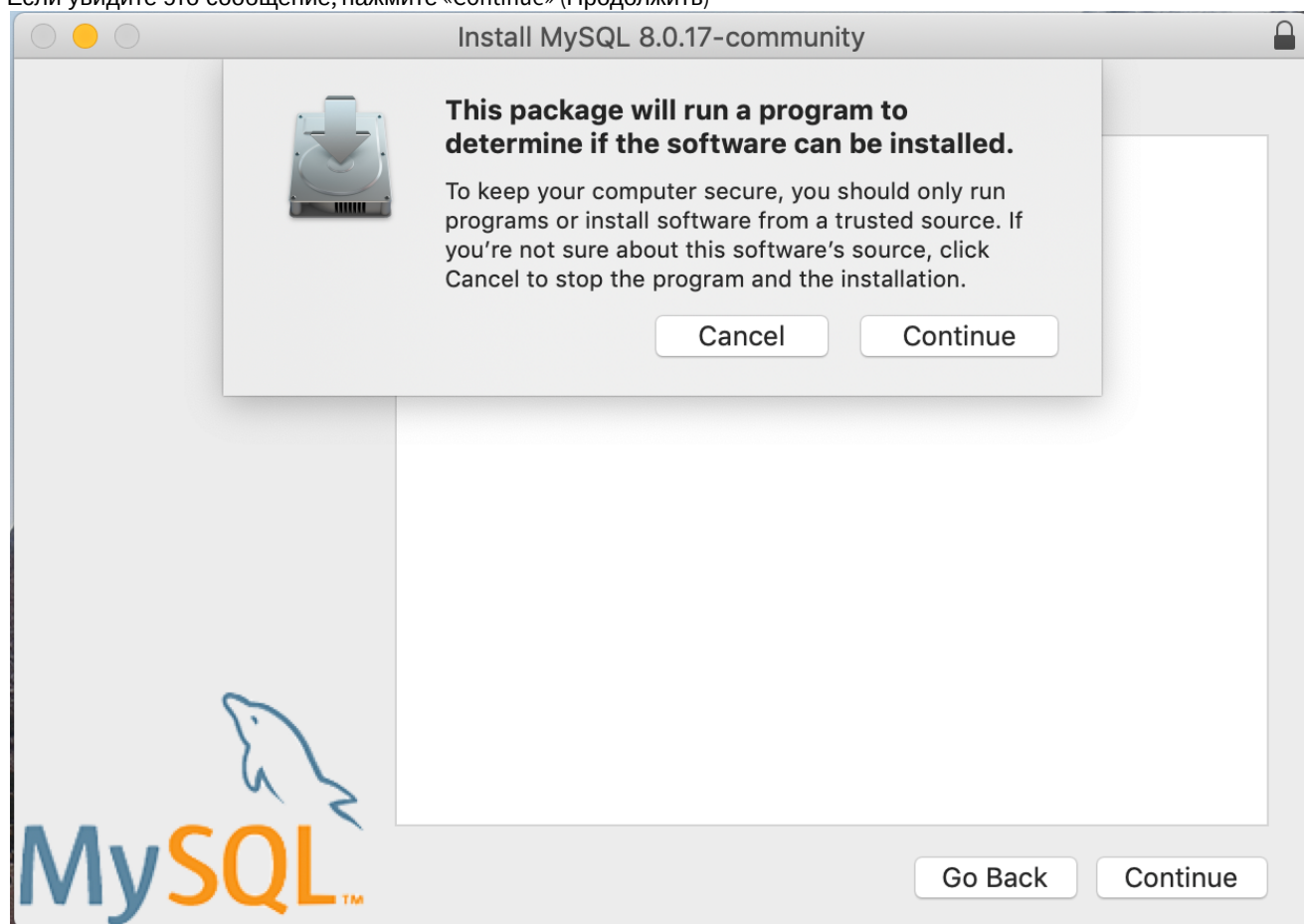
macOS 10.14 (x86, 64-bit), DMG Archive (mysql-8.0.18-macos10.14-x86_64.dmg)	8.0.18	327.7M	Download
MD5: 6effb5f8b4a06546b72c7041d3d70bd Signature			
macOS 10.14 (x86, 64-bit), Compressed TAR Archive (mysql-8.0.18-macos10.14-x86_64.tar.gz)	8.0.18	158.3M	Download
MD5: 5deda97d03db45374e77e35d7f3a5f56 Signature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

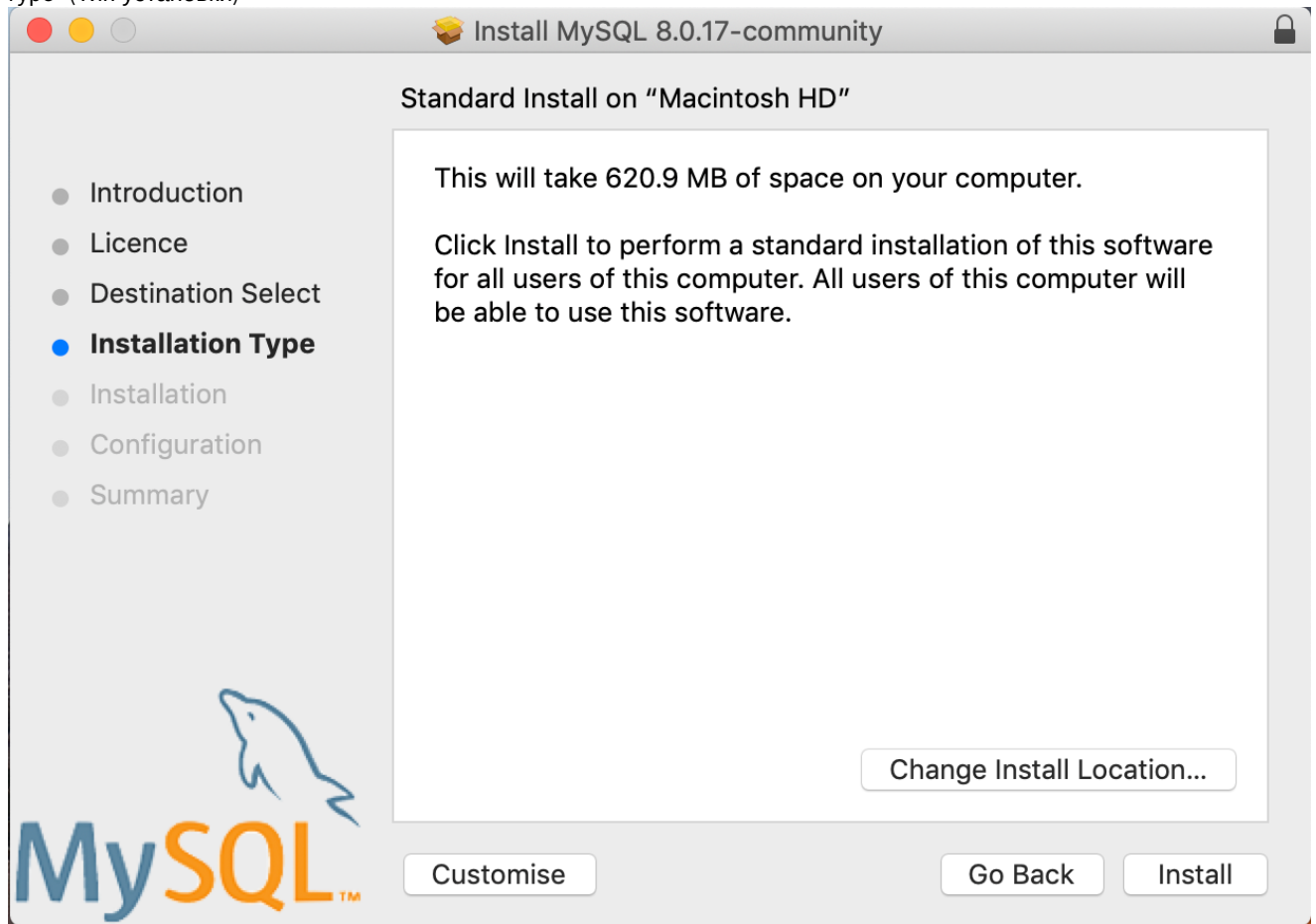
3. По окончании загрузки откройте архив DMG и откройте файл PKG



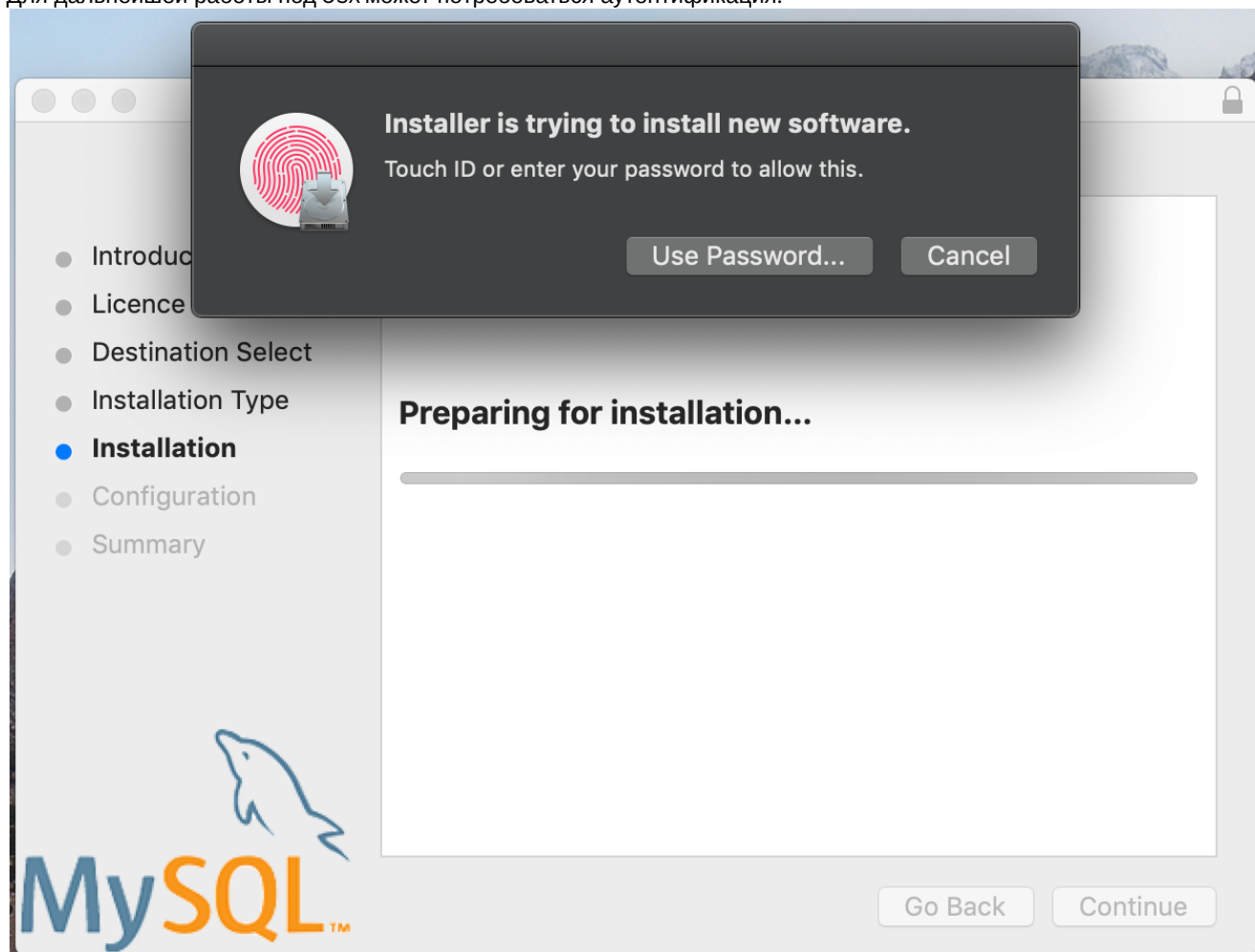
4. Если увидите это сообщение, нажмите «Continue» (Продолжить)



5. После ознакомления со страницей приветствия и лицензией нажмите «Install» (Установить) в окне «Installation Type» (Тип установки)



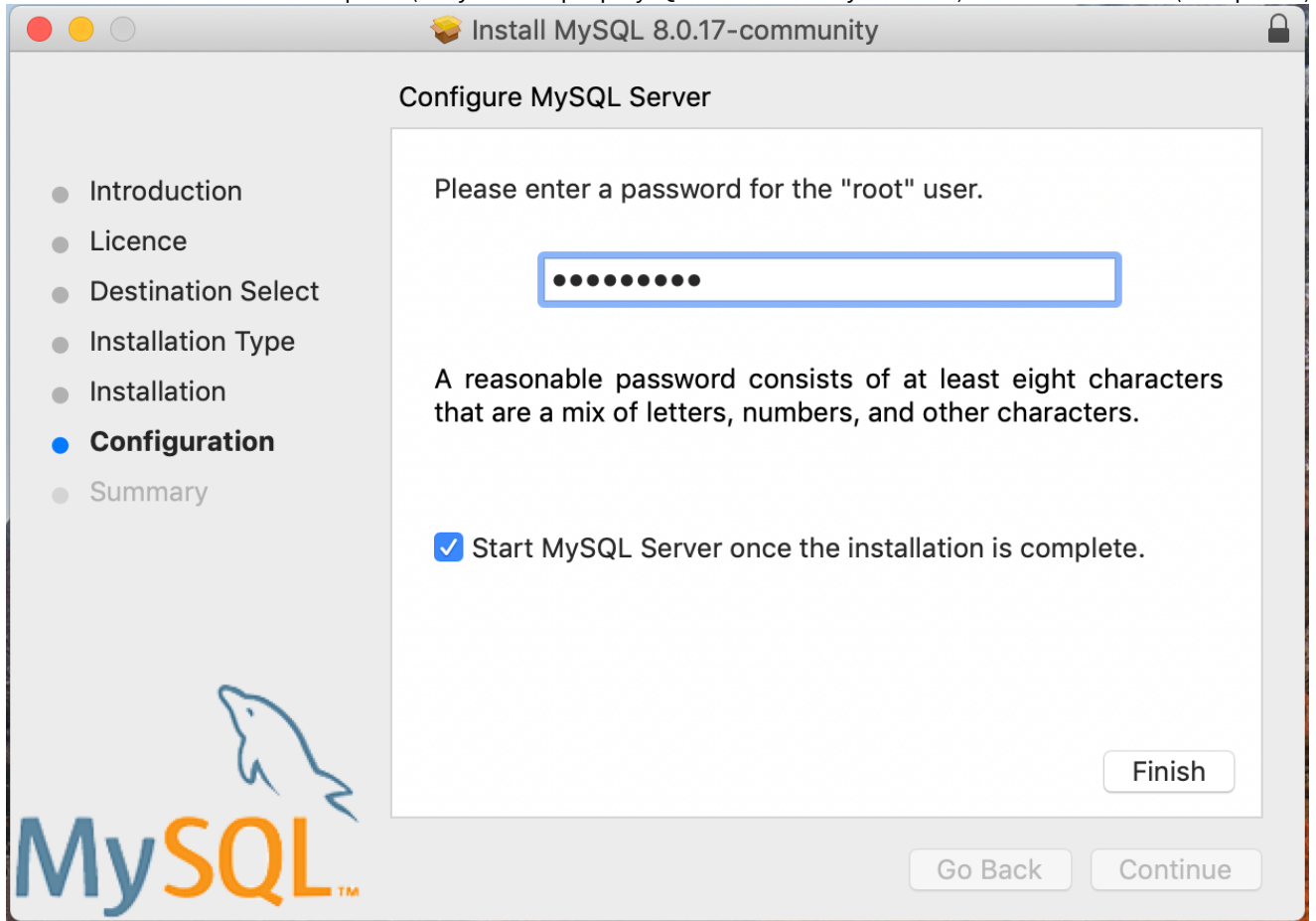
6. Для дальнейшей работы под OSX может потребоваться аутентификация.



7. Выберите параметр «Use Legacy Password Encryption» (Использовать старый метод шифровки пароля) и перейдите на следующую страницу

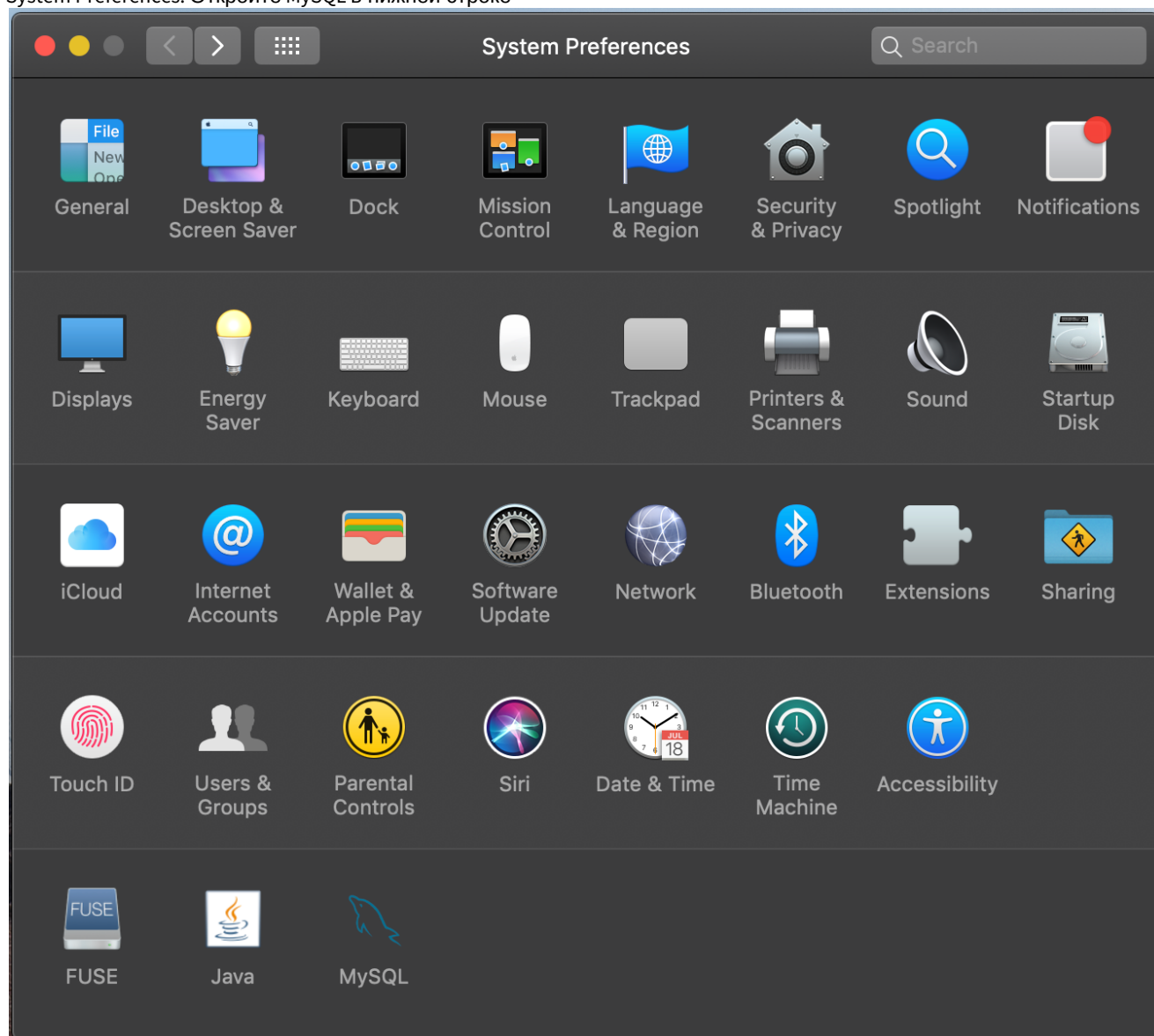


8. Укажите корневой пароль MySQL (**запишите его в надежном месте**), проверьте, что выбран параметр «Start MySQL Server once the installation is complete» (Запустить сервер MySQL по окончании установки) и нажмите «Finish» (Завершить)

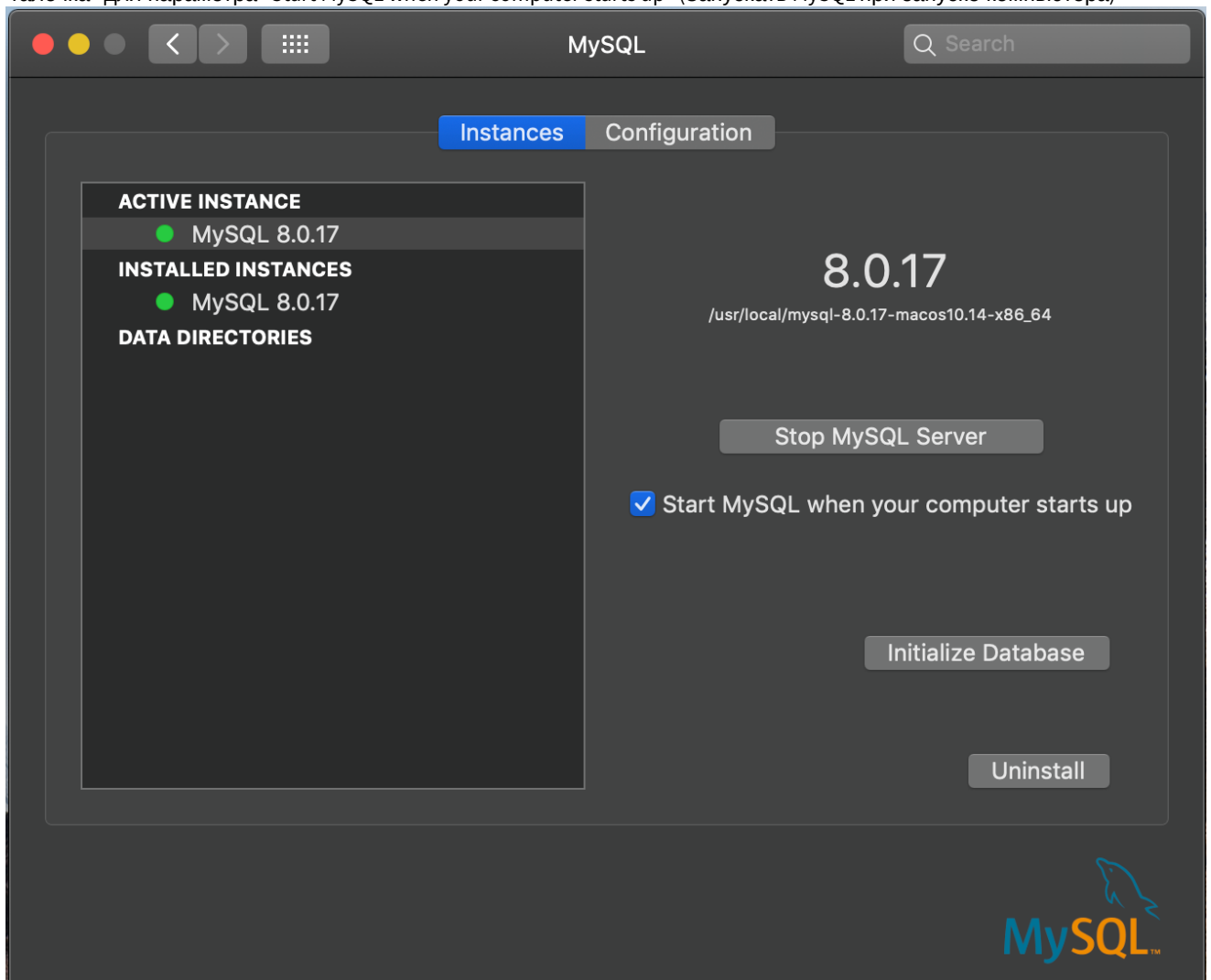


The screenshot shows the 'Install MySQL 8.0.17-community' window. The title bar includes standard window controls and a lock icon. The main content area is titled 'Configure MySQL Server'. On the left, a sidebar lists the installation steps: Introduction, Licence, Destination Select, Installation Type, Installation, **Configuration** (highlighted with a blue dot), and Summary. The main area contains the following text: 'Please enter a password for the "root" user.' followed by a password input field with ten dots. Below this, it states: 'A reasonable password consists of at least eight characters that are a mix of letters, numbers, and other characters.' There is a checked checkbox labeled 'Start MySQL Server once the installation is complete.' At the bottom right, there are three buttons: 'Finish', 'Go Back', and 'Continue'. The MySQL logo is visible in the bottom left corner of the window.

9. По окончании установки откройте меню Apple System Preferences (Системные параметры) вверху слева, параметр System Preferences. Откройте MySQL в нижней строке

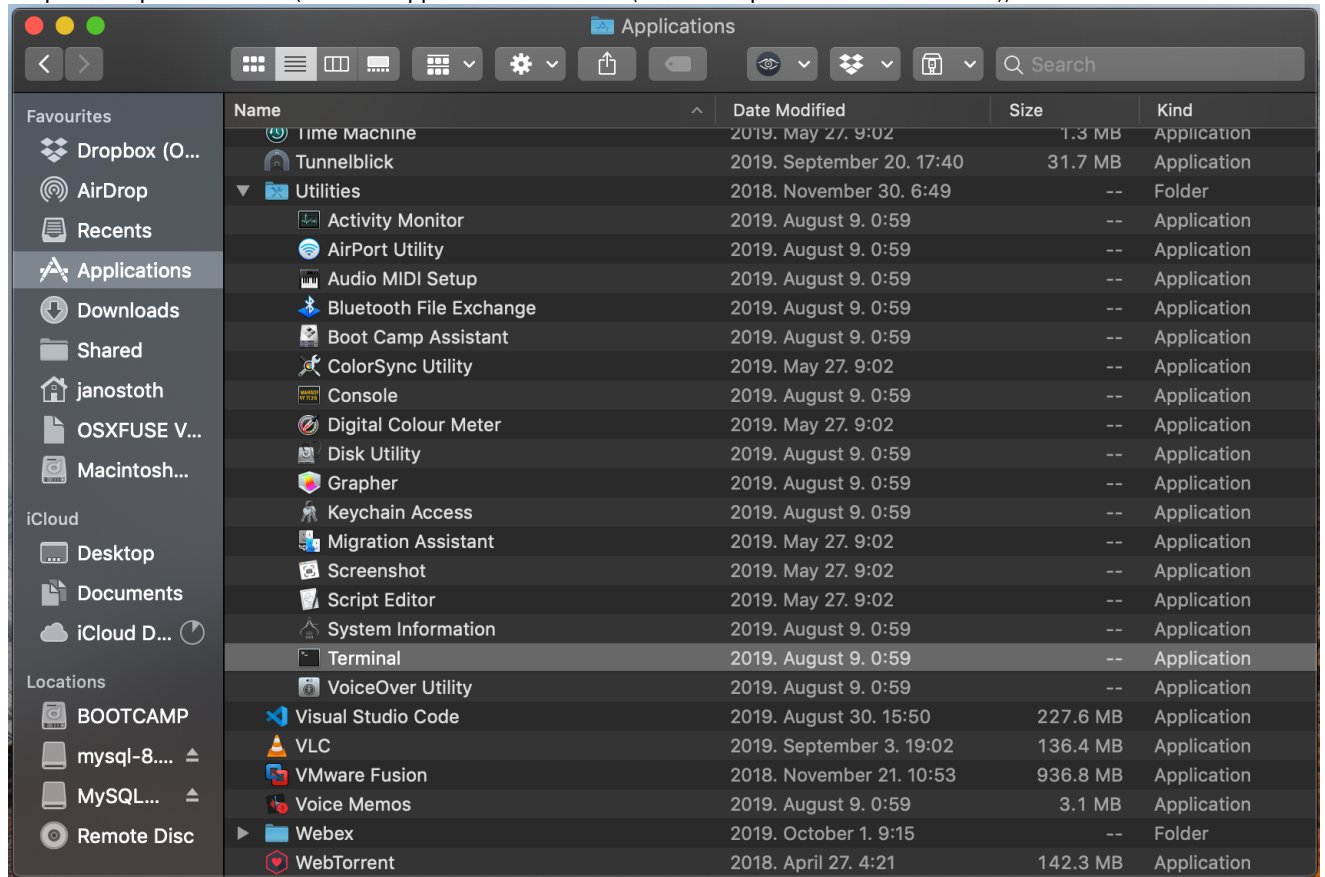


10. Удостоверьтесь в том, что MySQL работает (рядом слева в списке видна зеленая точка) и что справа поставлена «галочка» для параметра «Start MySQL when your computer starts up» (Запускать MySQL при запуске компьютера)



11. Если все в порядке, закройте окно

12. Откройте терминал в OSX (Finder — Applications — Utilities (Поиск — Приложения — Утилиты))





13. Выполните следующие команды последовательно

- a. `cd /usr/local/mysql/bin`
- b. `./mysql -u root -p`
- c. Введите основной пароль для MySQL, заданный при установке.
- d. `CREATE USER 'omixon'@'localhost' IDENTIFIED BY 'omixon';`
- e. `GRANT ALL PRIVILEGES ON omixon_database . * TO 'omixon'@'localhost';`
- f. `FLUSH PRIVILEGES;`
- g. `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$
```

Если на экране вы видите то же самое, что на снимке в руководстве, настройка выполнена правильно. Можно переходить к установке HLA Twin.



3.4.3 Linux

Если в вашей среде есть ранее установленный сервер **MySQL 8**, который вы хотели бы использовать, обратитесь к разделу [Настройка ранее установленной базы данных MySQL](#) (see page 39). Пользователям ПО HLA Twin Desktop рекомендуется использовать локальный экземпляр MySQL.

Так как существует множество репозиторий Linux с разными пакетами MySQL, в этом документе приведен только список настроек, на которые необходимо обратить внимание на этапе конфигурации.

- HLA Twin работает только с MySQL версии 8.
- MySQL должен использовать параметр «Use Legacy Password Encryption» (Использовать старый метод шифровки пароля).
- Возможно, вам придется изменить правила относительно пароля в MySQL, чтобы сервер HLA Twin мог работать.

После того как вы установили MySQL 8, удостоверьтесь в том, что вы создали нового пользователя по имени omixon, набрав в терминале следующие команды:

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;`

Установив и настроив сервер MySQL, можно приступить к установке ПО HLA Twin.

3.5 Настройка уже существующей базы данных MySQL.

Сервер HLA Twin Server имеет возможность хранить свою внутреннюю базу данных (в которой содержатся данные пользователя, эталонные базы данных и информация, необходимая для проверок) в уже существующей базе данных **MySQL 8**. При этом вам не придется настраивать отдельный сервер MySQL для HLA Twin.

Обращаем ваше внимание на то, что скорость срабатывания пользовательского интерфейса HLA Twin будет зависеть от скорости сети, связывающей MySQL и HLA Twin.

Ваш сервер MySQL должен использовать параметр **Use Legacy Password Encryption** (Использовать старый метод шифровки пароля), чтобы ПО HLA Twin могло с ним взаимодействовать.

Для того чтобы сервер HLA Twin мог использовать уже имеющуюся у вас базу данных, вам необходимо создать в ней нового пользователя. Выполните следующие команды последовательно.

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

Теперь сервер HLA Twin сможет создать свою собственную базу данных в MySQL.

3.6 установка ПО Desktop;

3.6.1 Обновление версии HLA Twin 3.1.3 или предыдущей версии

- Вы не сможете обновить более раннюю версию HLA Twin 3.1.3 Desktop, как это было возможно в предыдущих версиях. Кроме того, установщик не позволит вам установить новую программу HLA Twin в ту же папку, в которой была установлена старая версия.
- Внутреннюю базу данных из более старой версии необходимо перенести, чтобы сохранить данные пользователя и информацию для проверок. Такой перенос является частью процесса установки (шаг 8). Подробнее об этом см. в [Перенос базы данных](#) (see page 71).
- После успешной установки и переноса данных можно удалить предыдущие версии сервера HLA Twin Desktop с вашего компьютера.



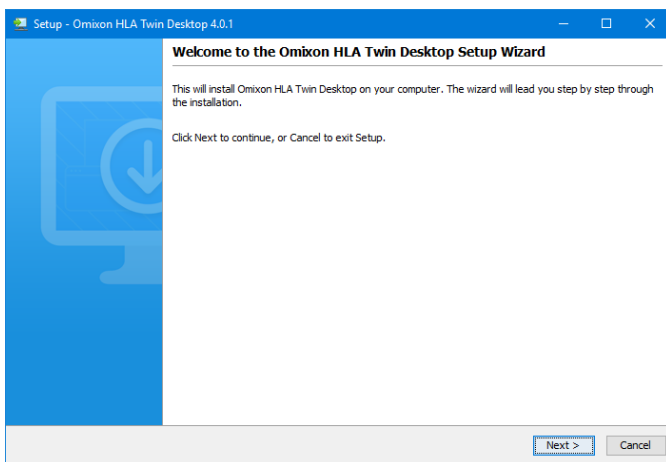
3.6.2 Установка HLA Twin Desktop

Вам понадобится установить сервер баз данных **MySQL 8**, чтобы можно было установить ПО **HLA Twin**. Подробнее об этом см. в разделе **Установка MySQL**.

Этот шаг зависит от того, какую операционную систему вы используете.

- **Пользователи Windows:** Откройте установочный файл (omixon_hla_twin_XXX_windows-x64_with_jre-**desktop**.exe).
- **Пользователи Linux:** Откройте окно терминала, получите разрешения для установочной программы (chmod +x omixon_hla_twin_XXX_unix_with_jre-**desktop**.sh) и запустите ее.

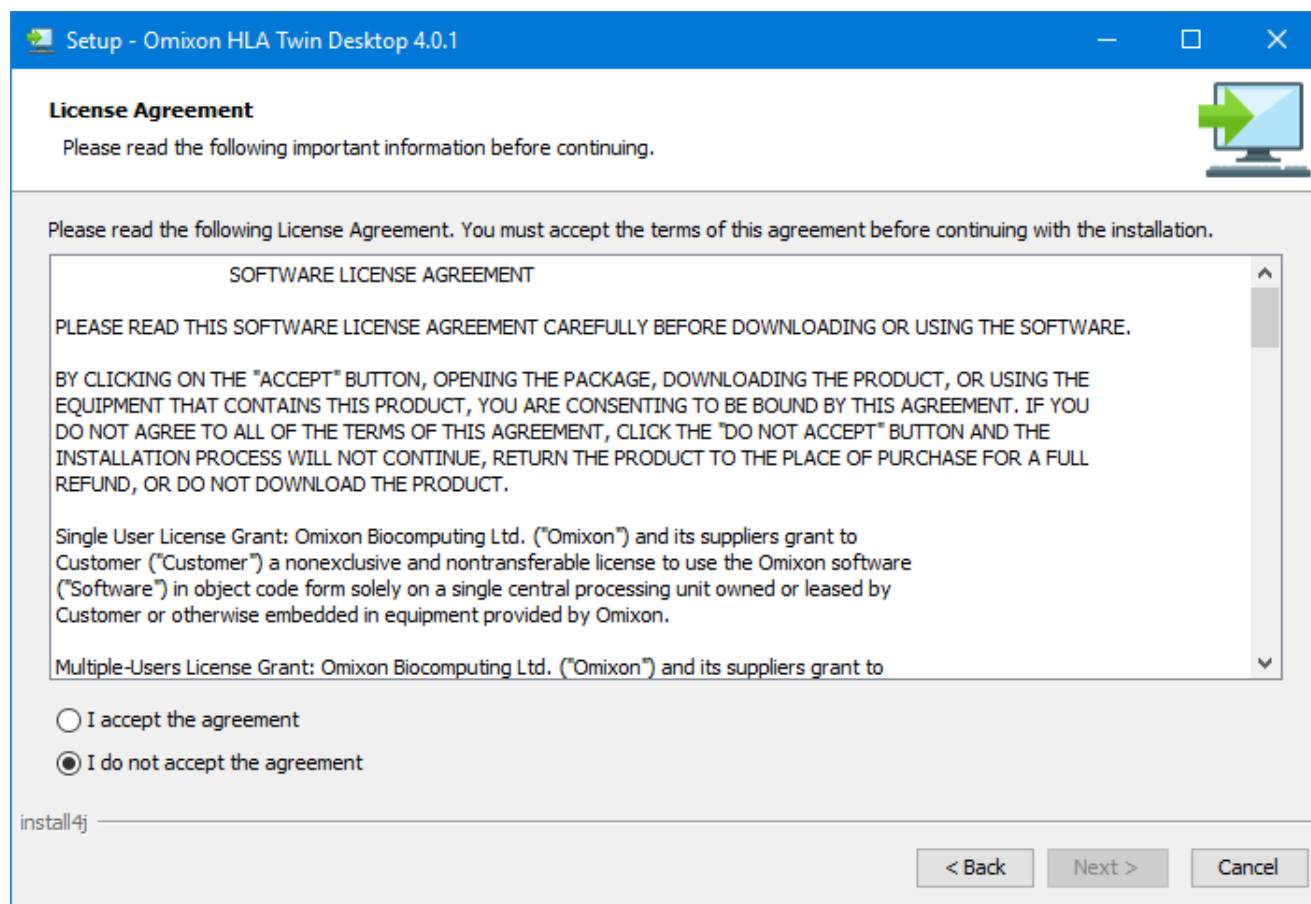
Пользователи OSX: Откройте установочную программу (omixon_hla_twin_XXX_macos_with_jre-**desktop**.dmg) (При работе под OSX 10.14.6 Mojave или последующих версий может появиться сообщение об ошибке. В этом случае обратитесь по адресу support@omixon.com.⁶⁾)



⁶ <mailto:support@omixon.com>



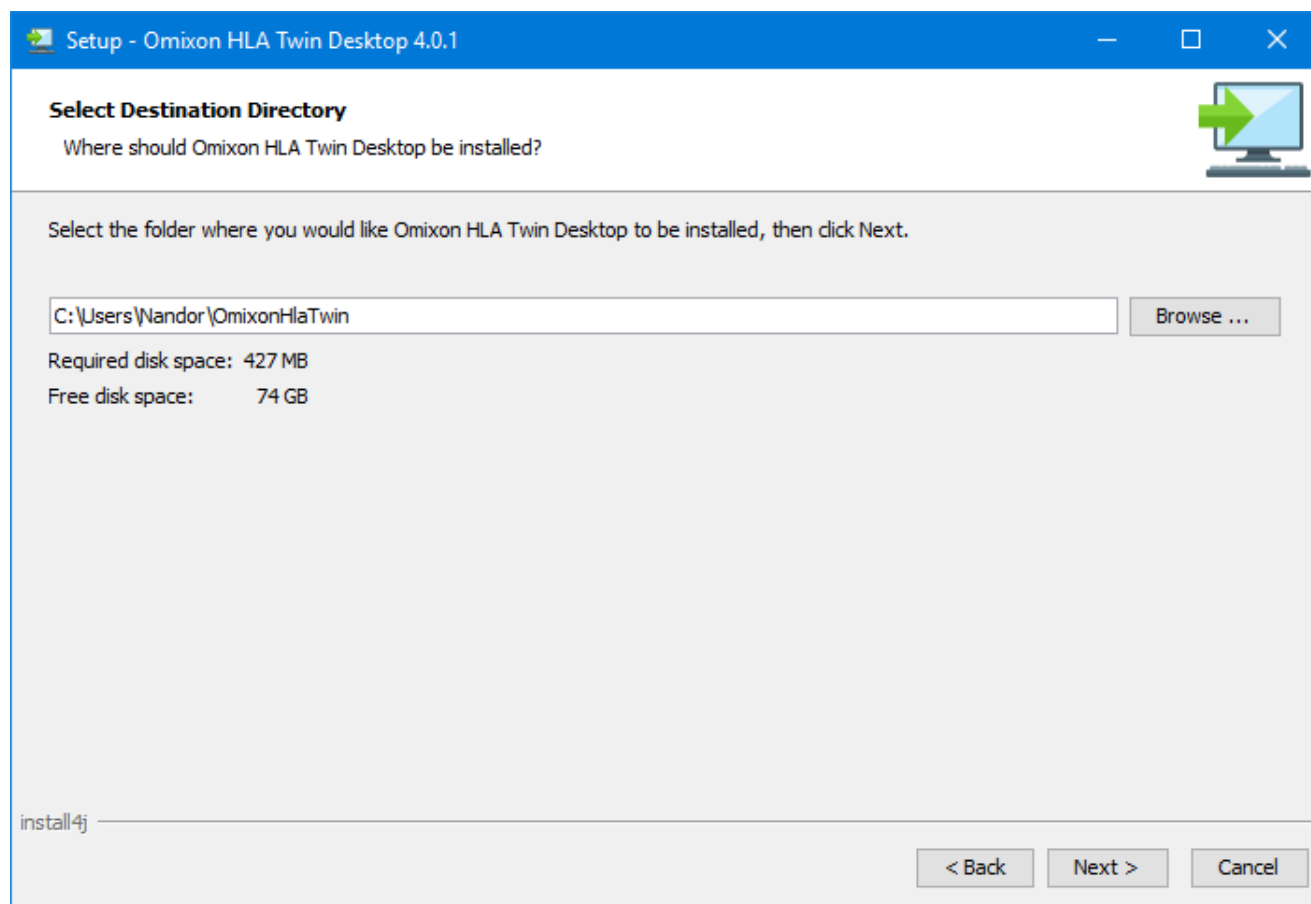
1. Примите условия лицензионного соглашения.



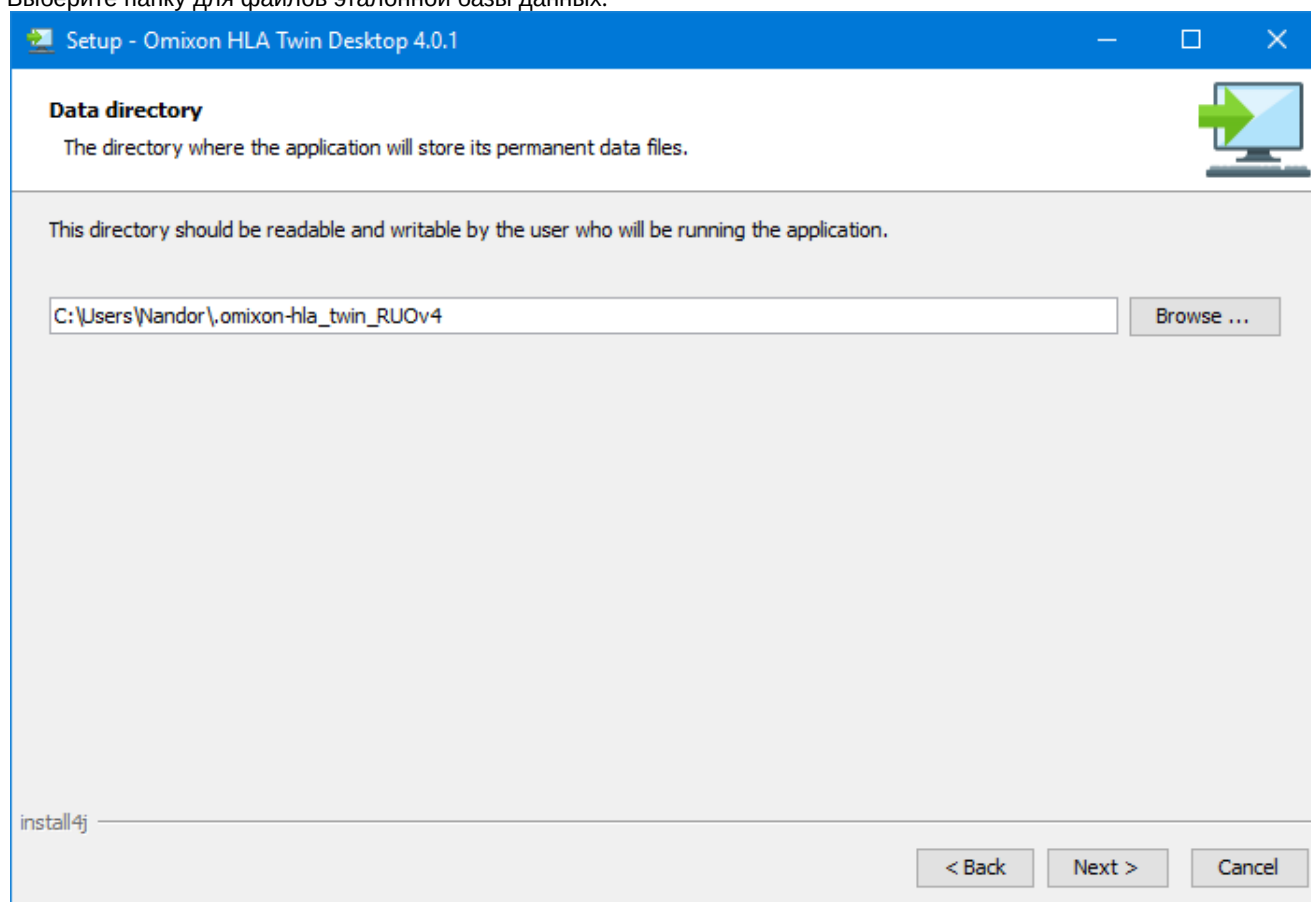


2. Выберите папку для установки.

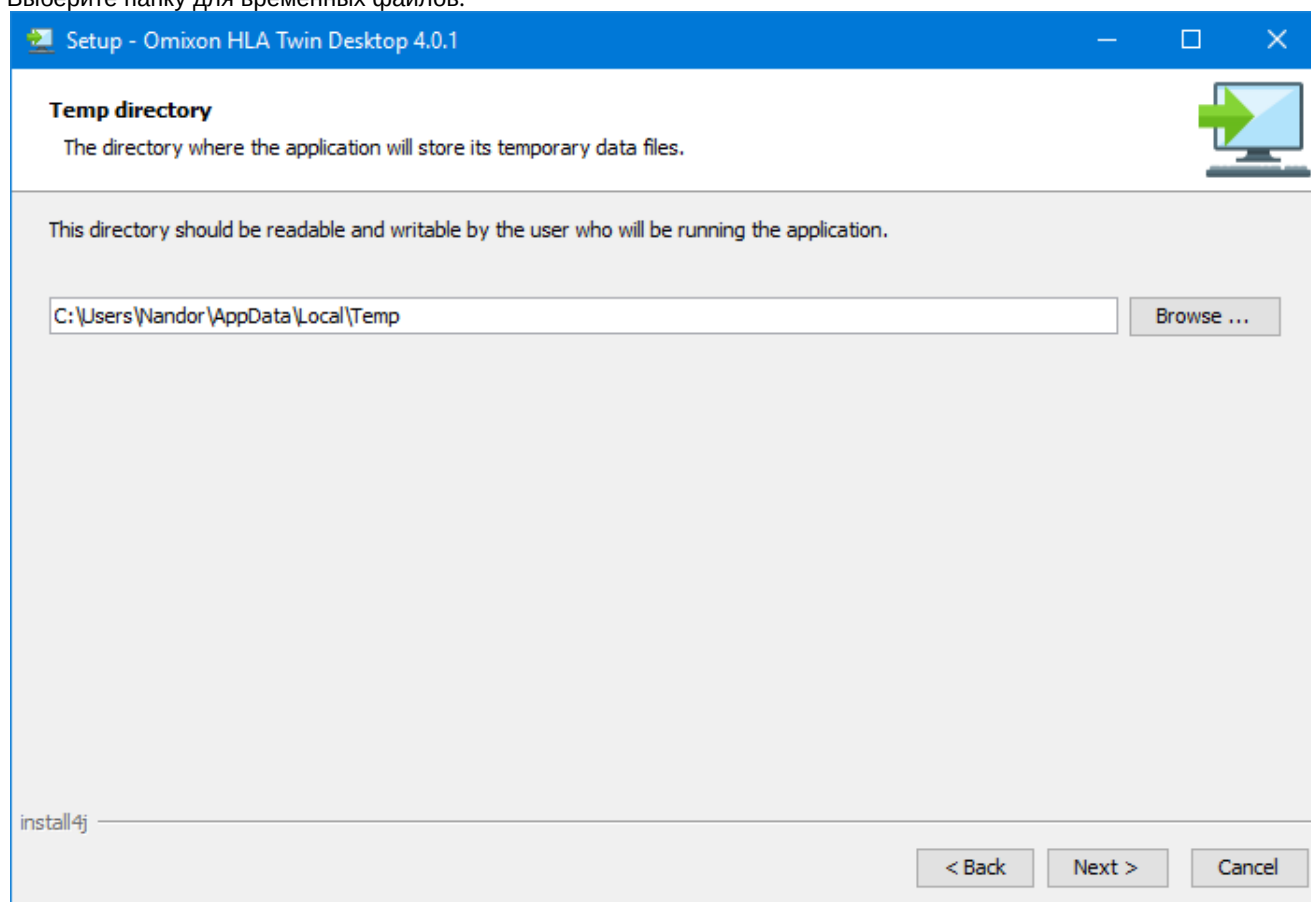
Пользователям Windows следует помнить, что им может понадобиться изменить директорию назначения, чтобы другие пользователи Windows могли получить доступ к ПО (то же самое касается и других установочных папок на следующих этапах работы).



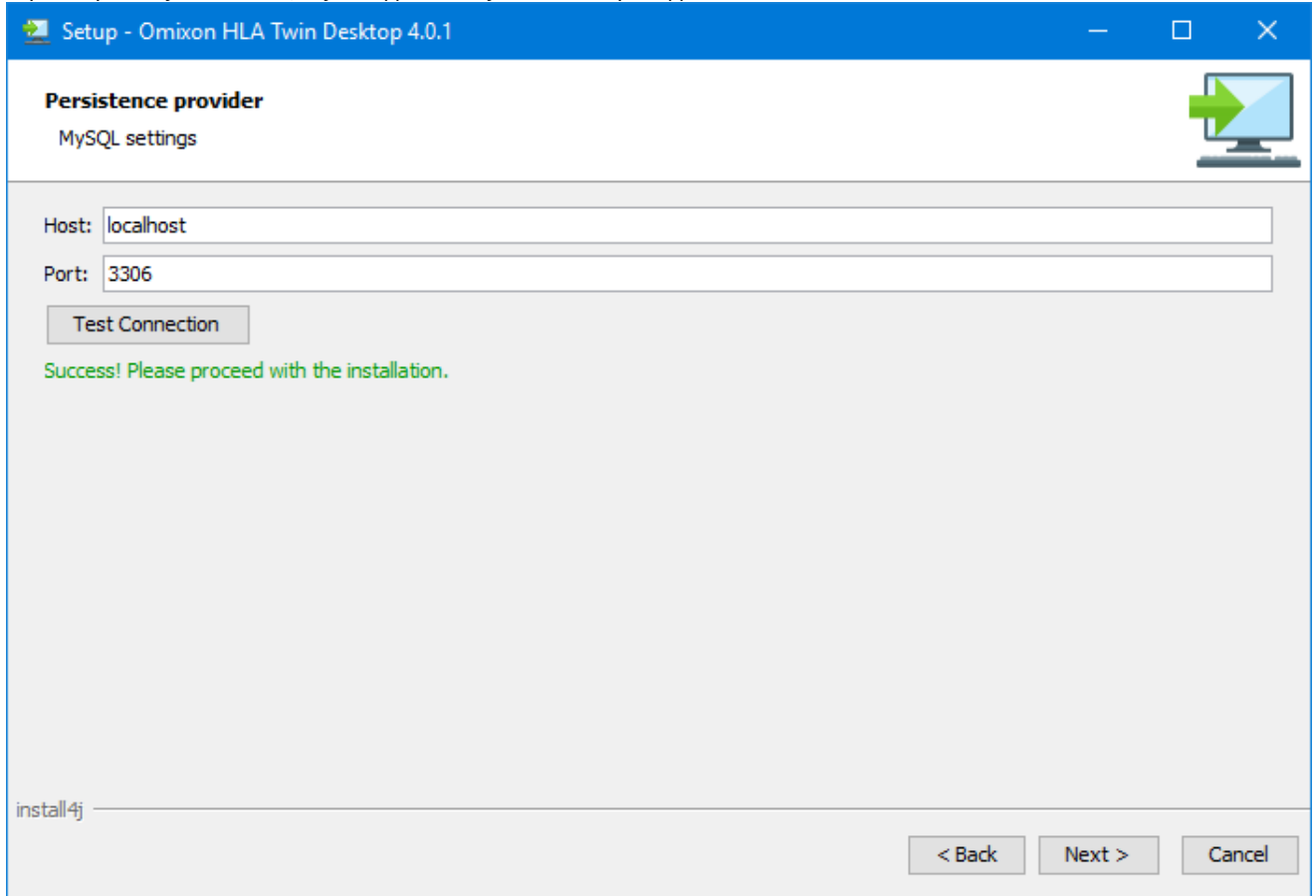
3. Выберите папку для файлов эталонной базы данных.



4. Выберите папку для временных файлов.



5. Укажите IP-адрес и номер порта для базы данных MySQL (если вы установили MySQL локально, то должны работать параметры по умолчанию). Руководства по установке приведены в этой главе.



Setup - Omixon HLA Twin Desktop 4.0.1

Persistence provider

MySQL settings

Host: localhost

Port: 3306

Test Connection

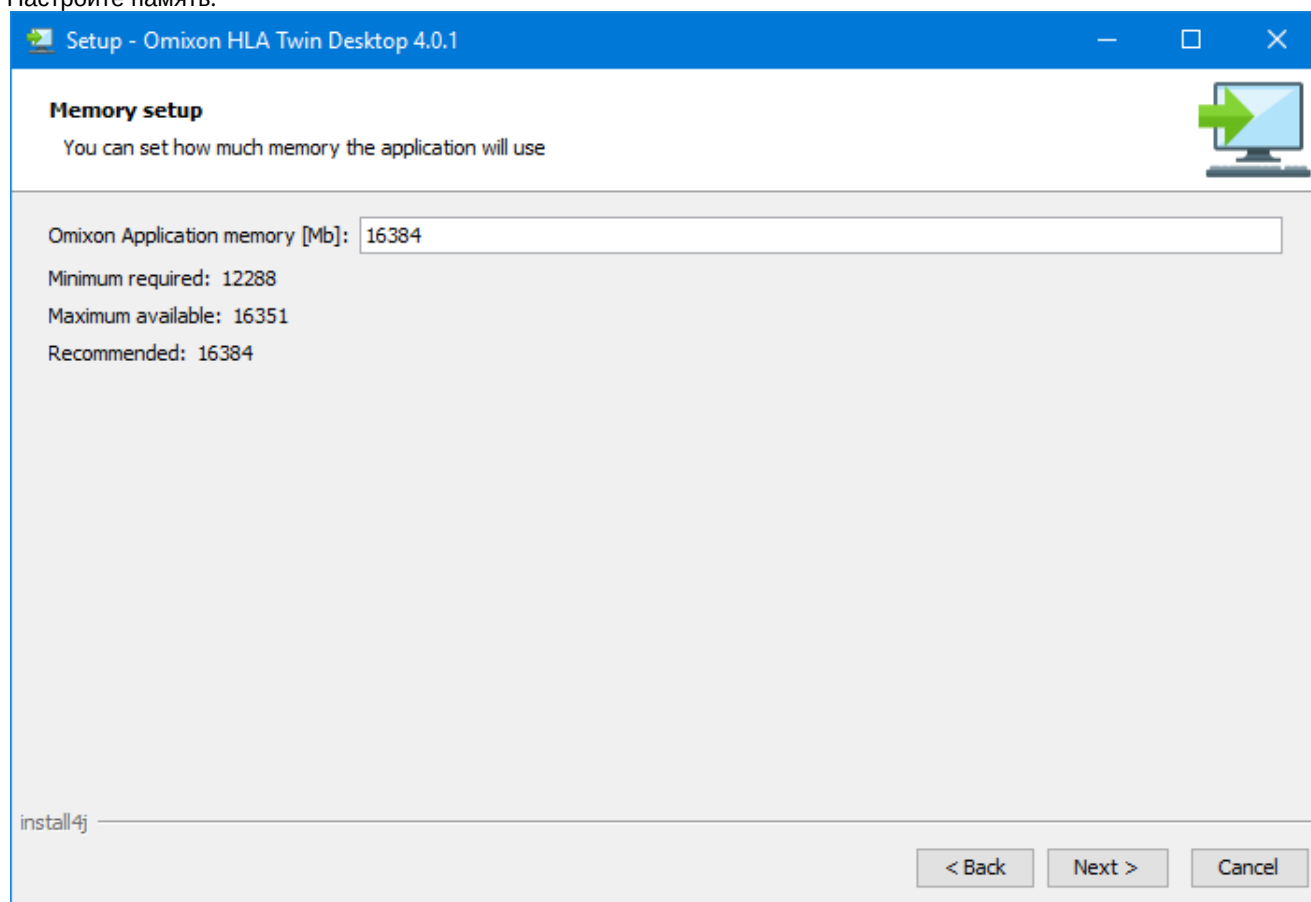
Success! Please proceed with the installation.

install4j

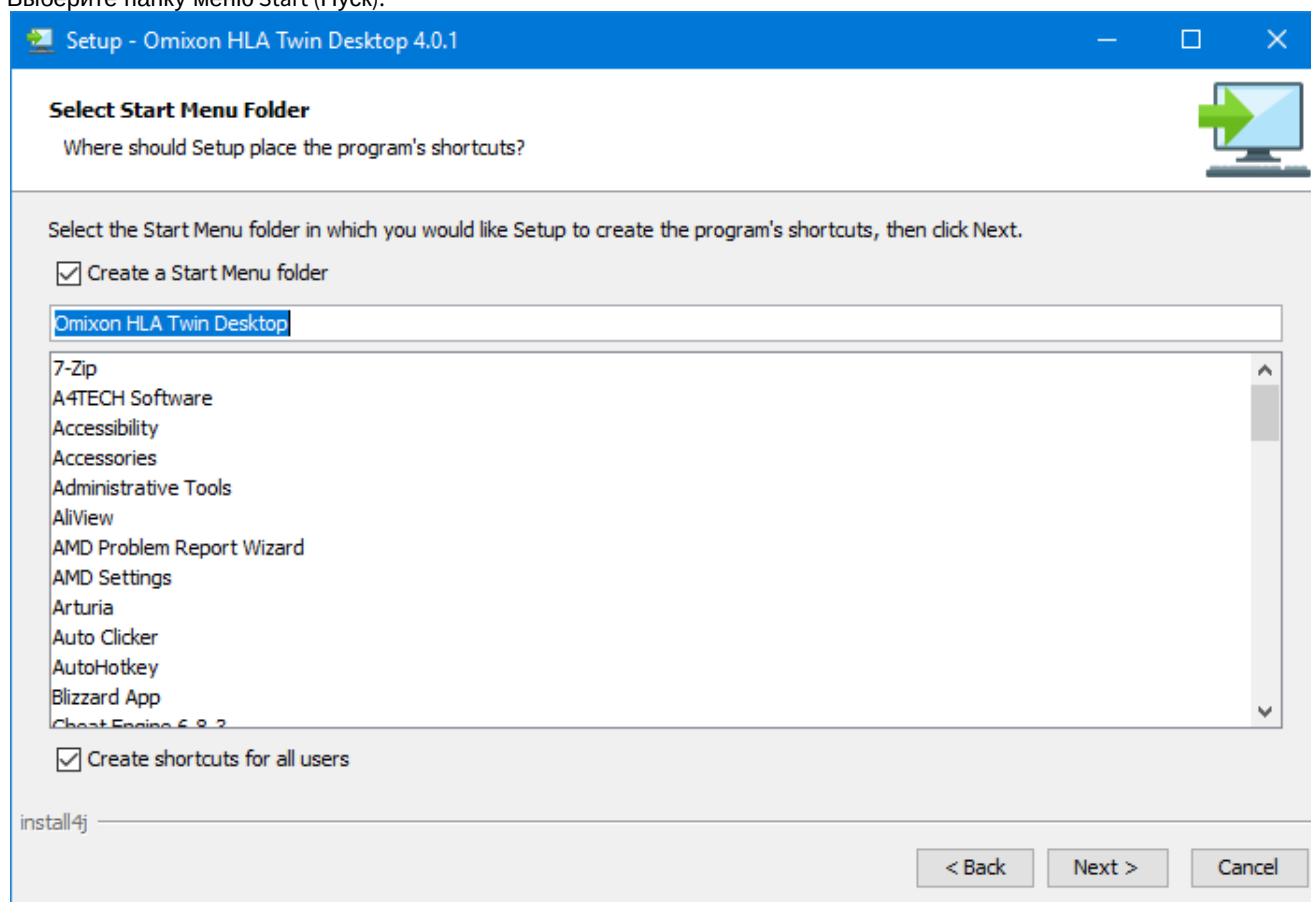
< Back Next > Cancel

Вы не сможете продолжить, пока не получите успешный результат проверки связи!

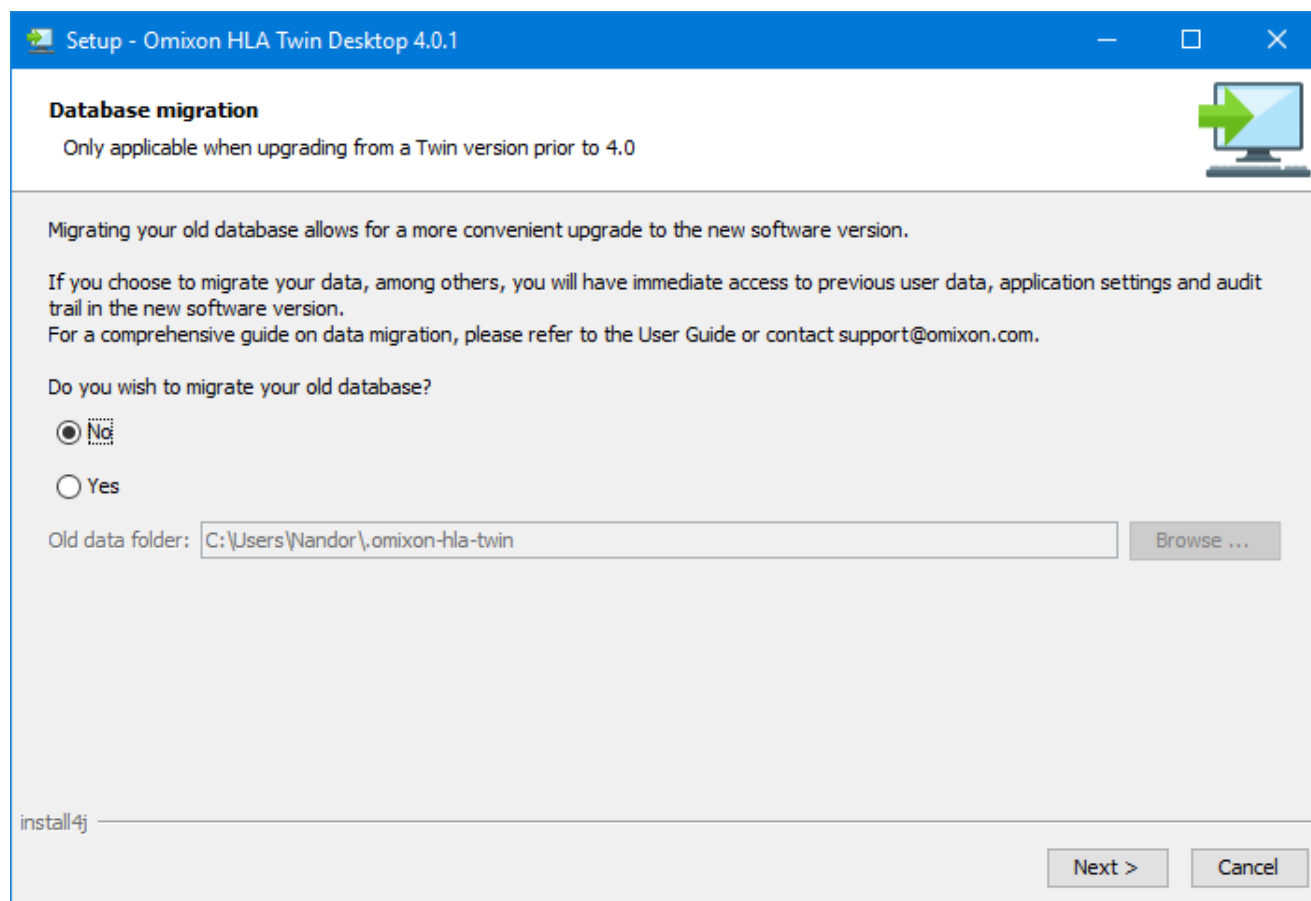
6. Настройте память.



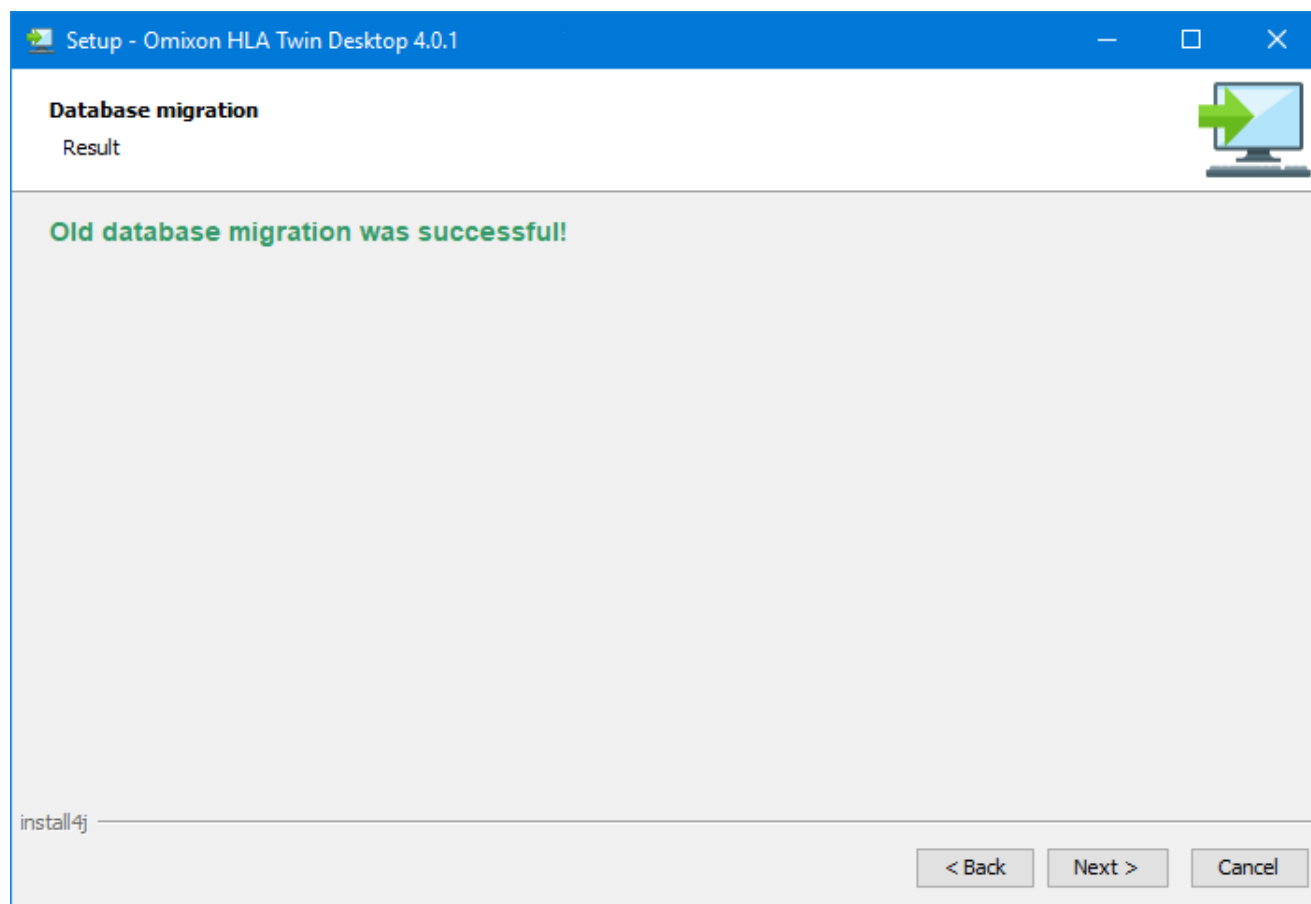
7. Выберите папку меню Start (Пуск).



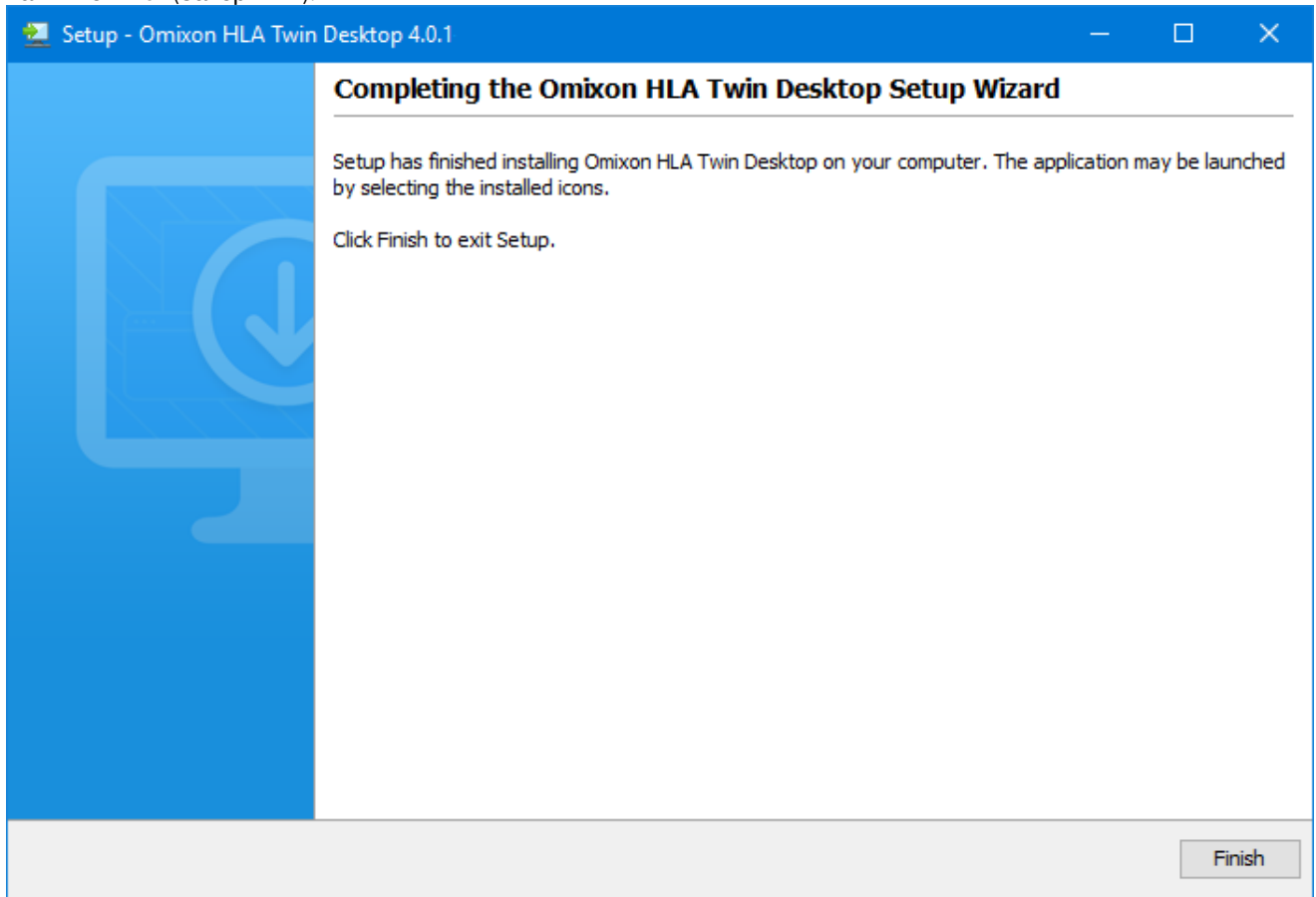
8. По окончании установки программа-установщик предоставит вам возможность перенести на новое место вашу прежнюю базу данных.
- **Если вы новый пользователь, выберите No (Нет)** и перейдите к следующему шагу.
 - **Если вы обновляете версию HLA Twin 3.1.3 или более раннюю версию:** не забудьте перенести базу данных, чтобы сохранить результаты проверок. Подробнее об этом см. в главе [Перенос базы данных](#) (see page 39).



Если вы выбрали Yes (Да), то после успешного переноса базы данных появится следующее сообщение:



9. Нажмите Finish (Завершить).



3.7 Установка ПО Standalone Server

3.7.1 Обновление версии HLA Twin 3.1.3 или предыдущей версии

- Вы не сможете обновить более раннюю версию HLA Twin 3.1.3 Server, как это было возможно в предыдущих версиях. Кроме того, установщик не позволит вам установить новую программу HLA Twin 4.0.0 в ту же папку, в которой была установлена старая версия.
- Внутреннюю базу данных из более старой версии необходимо перенести, чтобы сохранить данные пользователя и информацию для проверок. Такой перенос является частью процесса установки (шаг 11). Подробнее об этом см. в главе [Перенос базы данных](#) (see page 71).
- После успешной установки и переноса данных можно удалить предыдущие версии сервера HLA Twin Server с вашего компьютера.
- Обращаем ваше внимание на то, что версии программ HLA Twin Client и HLA Twin Server должны совпадать.
- Новая версия HLA Twin Server не содержит службы **HLA Twin Typer Server NG**, в ней одна служба будет заниматься и анализами, и клиентами.

3.7.2 Примечания до начала установки

База данных Вам понадобится установить сервер баз данных MySQL 8, чтобы можно было установить ПО HLA Twin. Подробнее об этом см. в разделе *Установка MySQL*.

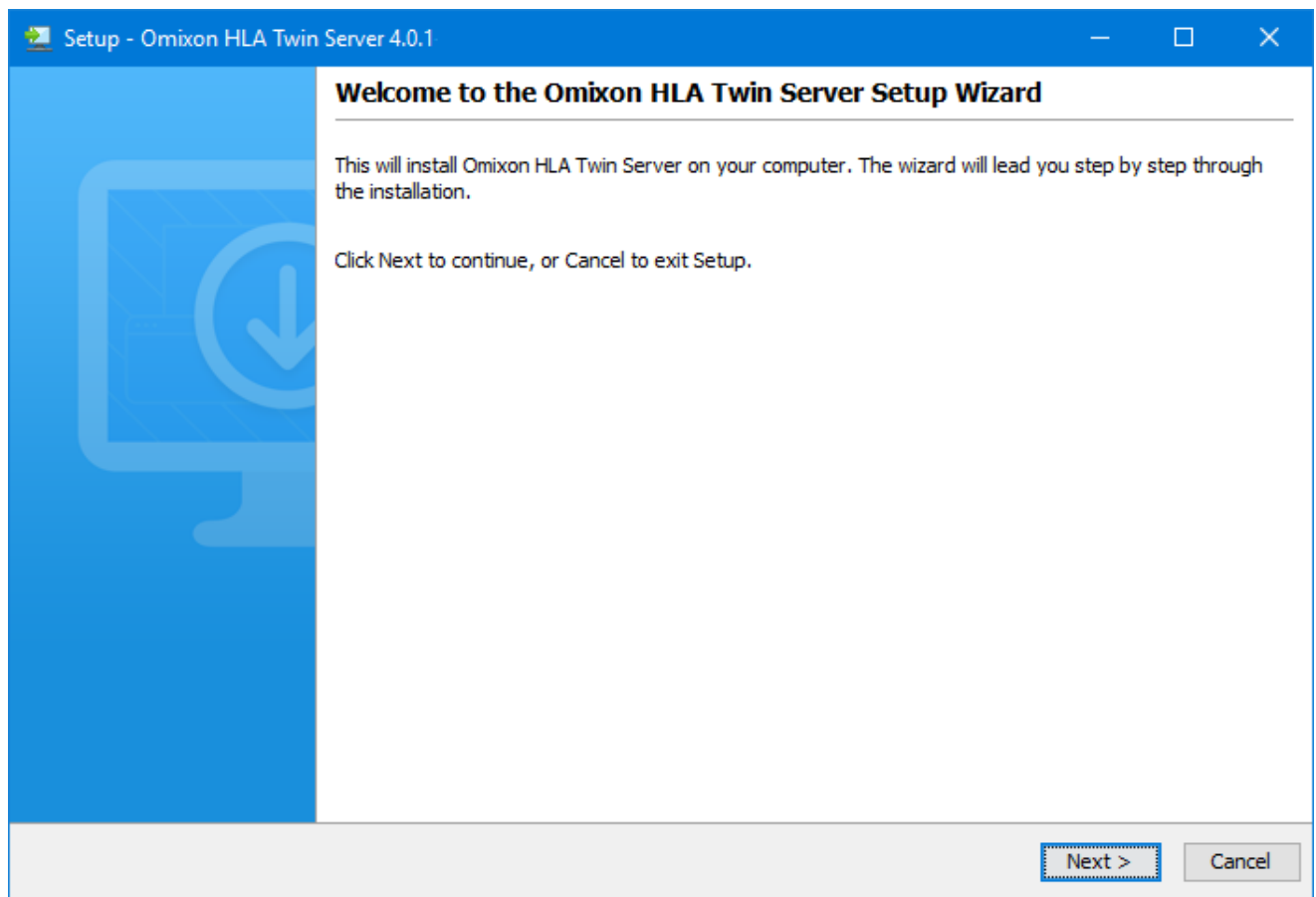
Сетевое окружение Сервер HLA Twin Server будет связываться с клиентами HLA Twin Clients через порты 4380 и 4381. Убедитесь, что в вашем брандмауэре они разрешены.

Служба Windows Сервер HLA Twin Server будет работать как служба Omixon HLA Twin NG Server в Windows. Она запускается автоматически по умолчанию.

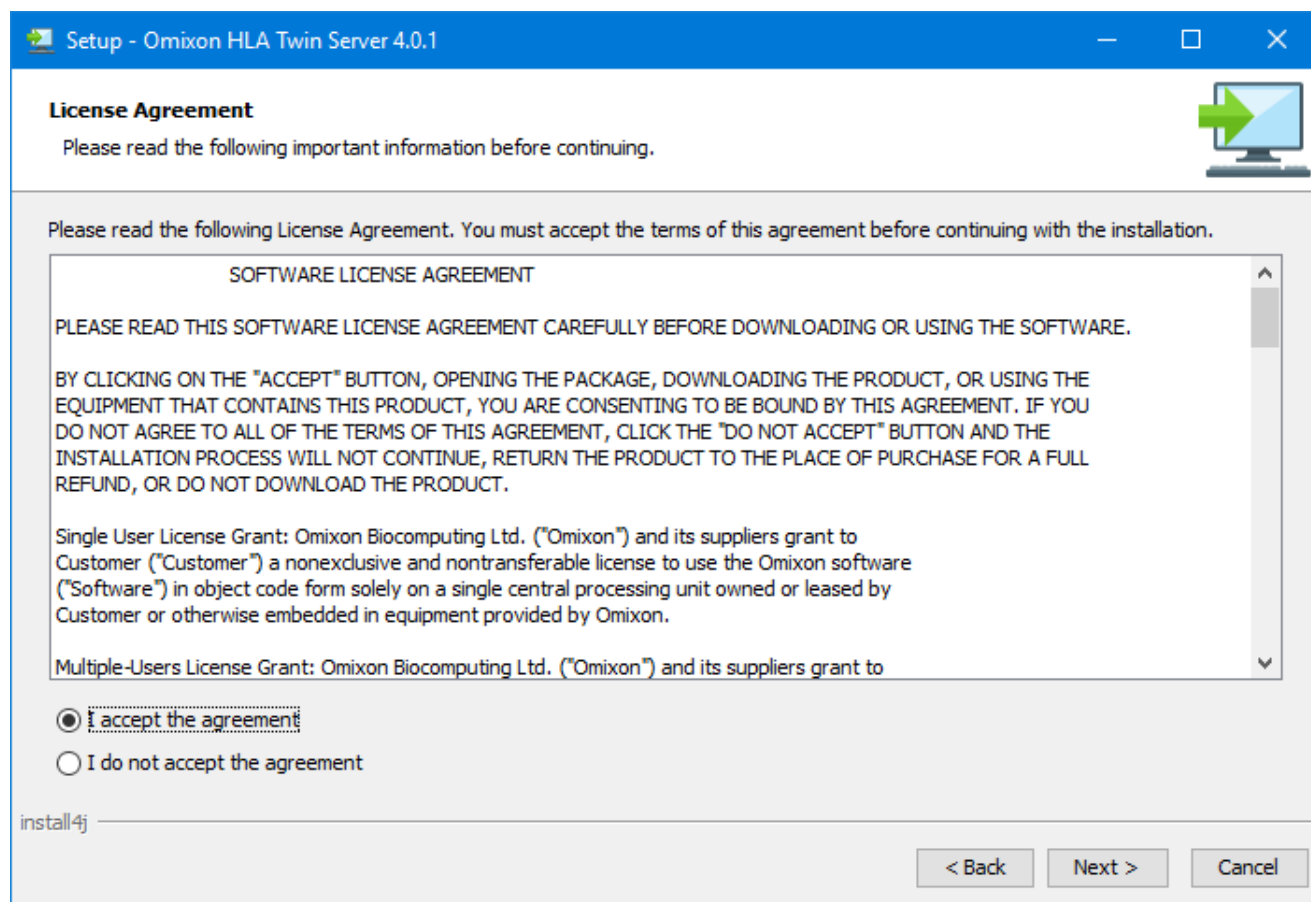
3.7.3 Установка HLA Twin Server

1. Этот шаг зависит от того, какую операционную систему вы используете.

- **Пользователи Windows** Откройте установочный файл (omixon_hla_twin_XXX_windows-x64_with_jre-**serverclient**.exe).
- **Пользователи Linux** Откройте окно терминала, получите разрешения для установочной программы (chmod +x omixon_hla_twin_XXX_unix_with_jre-**serverclient**.sh) и запустите ее.

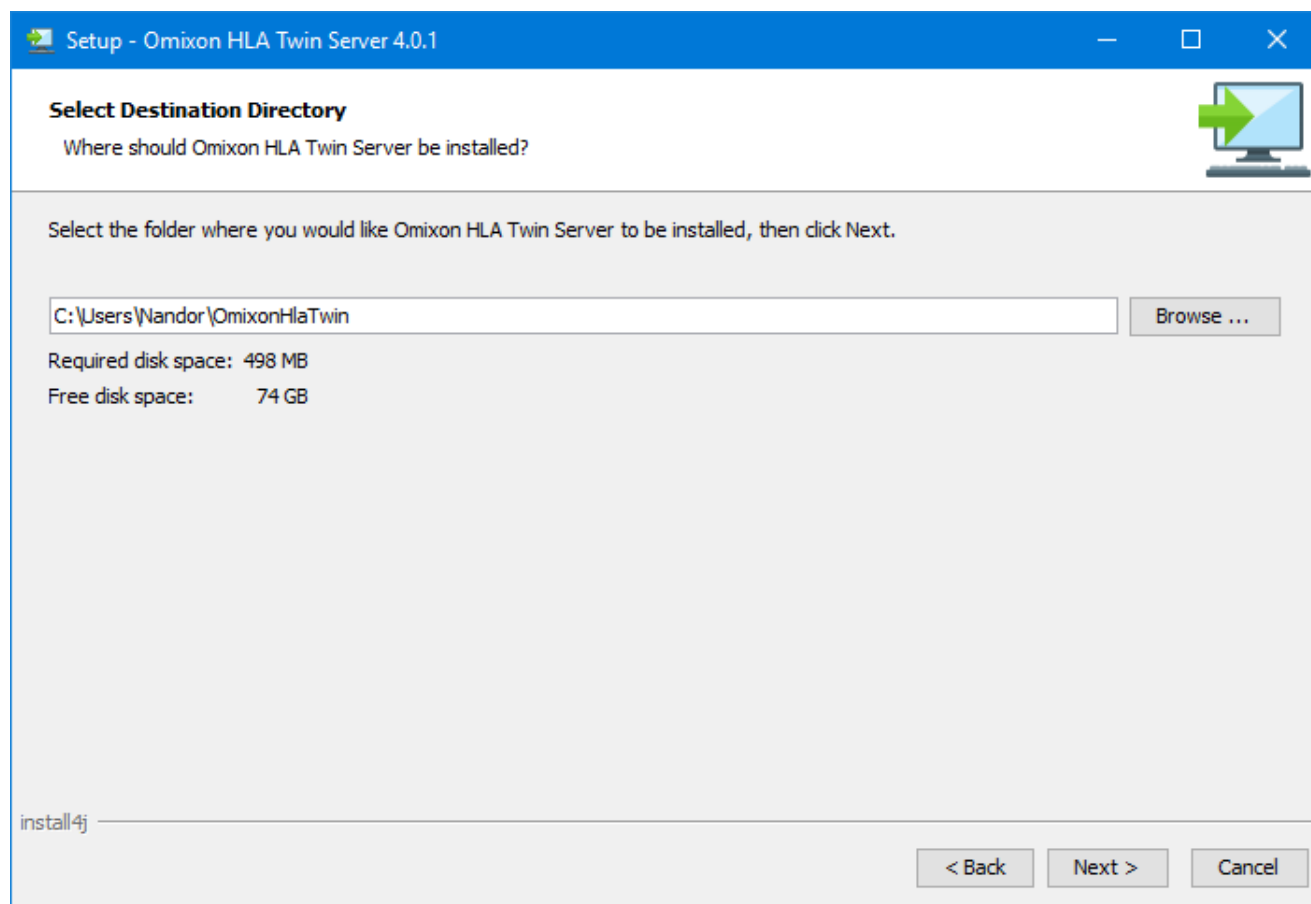


2. Примите условия лицензионного соглашения.

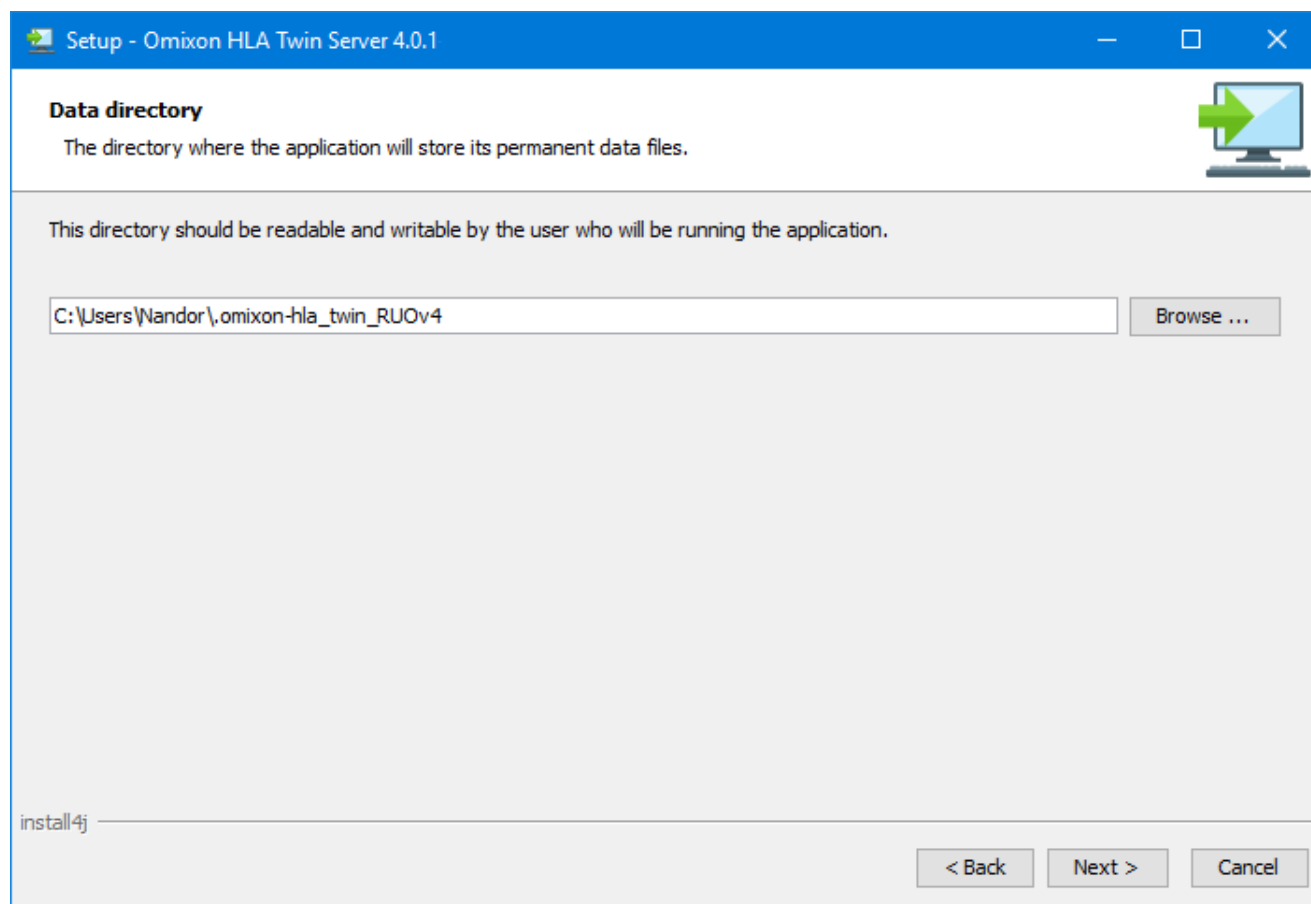


3. Выберите папку для установки.

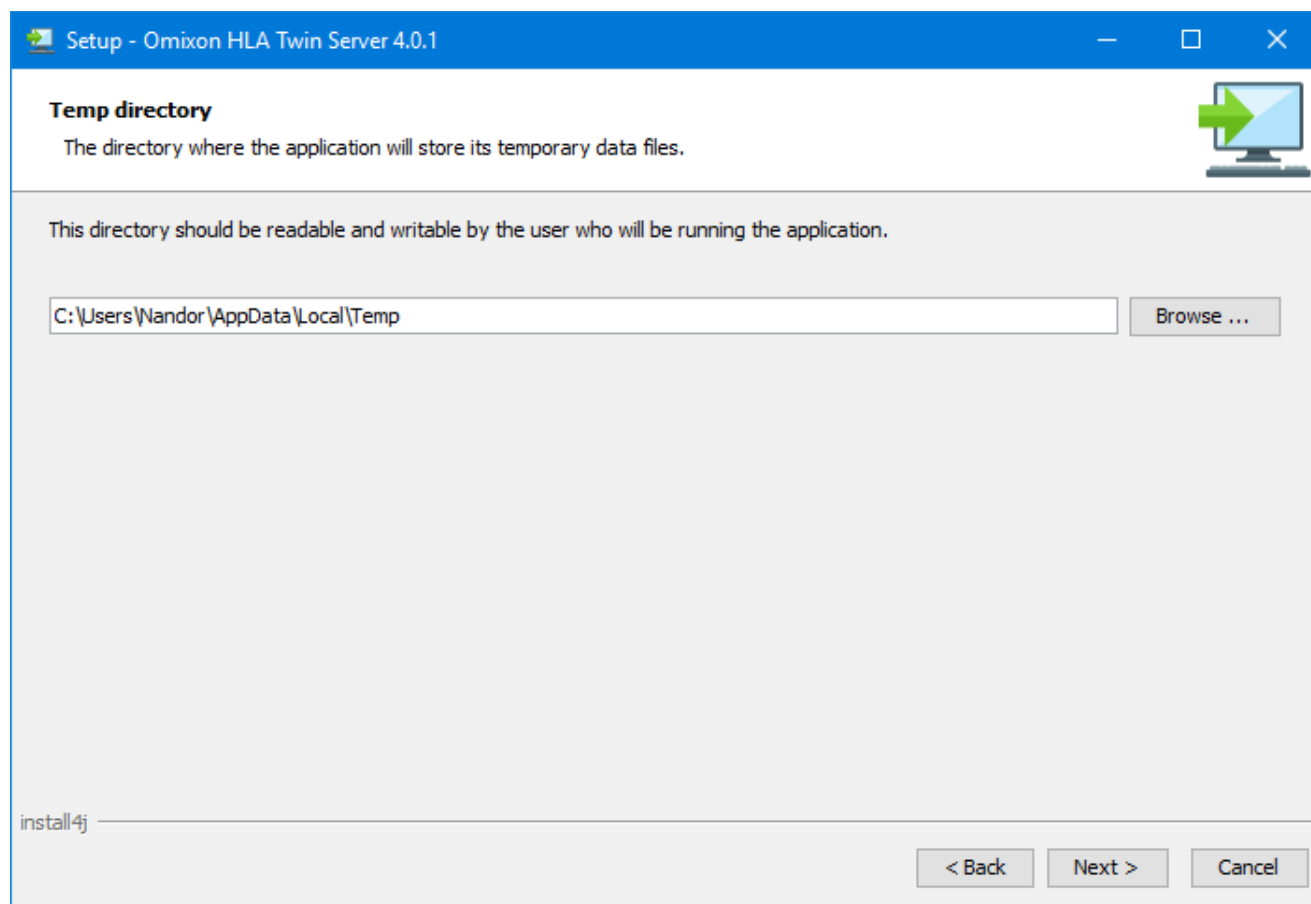
Пользователям Windows следует помнить, что им может понадобиться изменить директорию назначения, чтобы другие пользователи Windows могли получить доступ к ПО (то же самое касается и других установочных папок на следующих этапах работы).



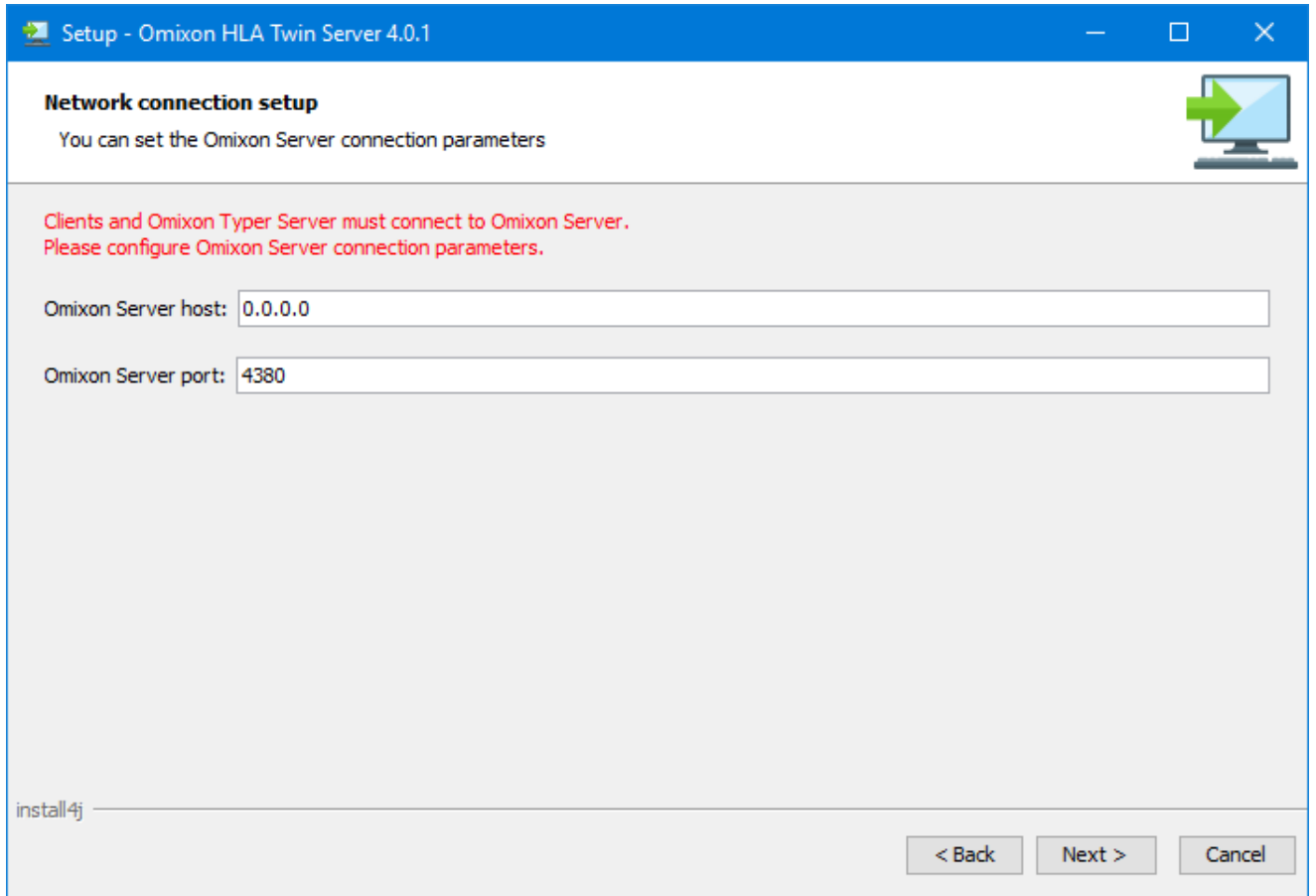
4. Выберите папку для файлов эталонной базы данных.



5. Выберите папку для временных файлов.



6. Сконфигурируйте IP-адрес и номер порта, которые сервер HLA Twin Server будет использовать для связи (местный IP).



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.

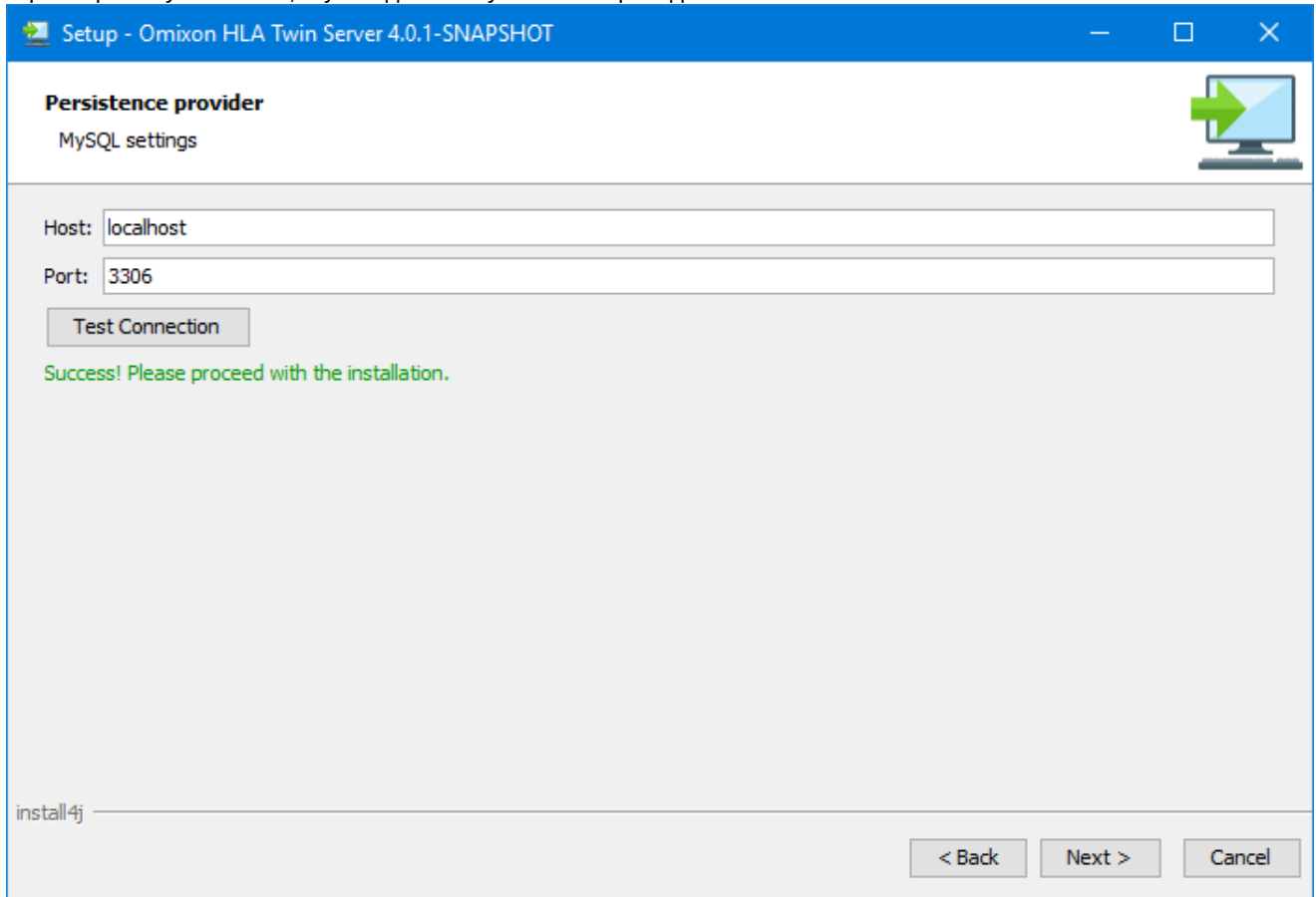
Omixon Server host: 0.0.0.0

Omixon Server port: 4380

install4j

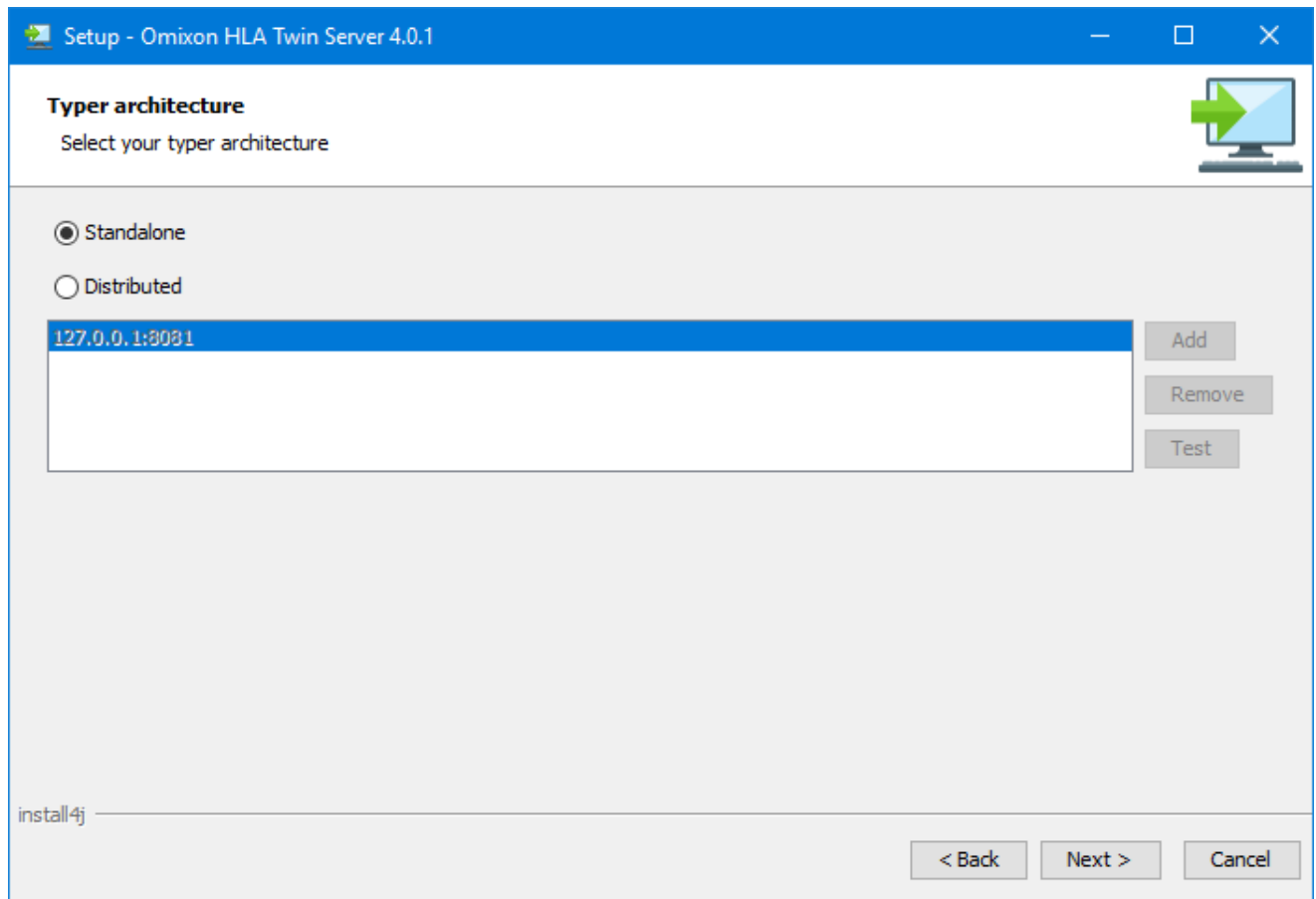
< Back Next > Cancel

7. Укажите IP-адрес и номер порта для базы данных MySQL (если вы установили MySQL локально, то должны работать параметры по умолчанию). Руководства по установке приведены в этой главе.



Вы не сможете продолжить, пока не получите успешный результат проверки связи!

8. Выберите автономную архитектуру (для распределенной конфигурации с несколькими ПО HLA Twin Turer на разных серверах и используйте сведения, приведенные в разделе [Сервер \(распределенный\)](#)). (see page 50)





9. Настройте память.

The screenshot shows a Windows-style window titled "Setup - Omixon HLA Twin Server 4.0.1". The window has a blue title bar with standard minimize, maximize, and close buttons. The main content area is titled "Memory setup" and includes the instruction "You can set how much memory the application will use". A red warning message states: "Your computer doesn't meet the minimum hardware requirements of the software. This may lead to stability issues." Below this, there is a text input field for "Omixon Typer Server memory [Mb]" with the value "16351". To the left of the input field, the following values are listed: "Minimum required: 18432", "Maximum available: 16351", and "Recommended: 26624". At the bottom left, there is a small text label "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

Memory setup

You can set how much memory the application will use

Your computer doesn't meet the minimum hardware requirements of the software.
This may lead to stability issues.

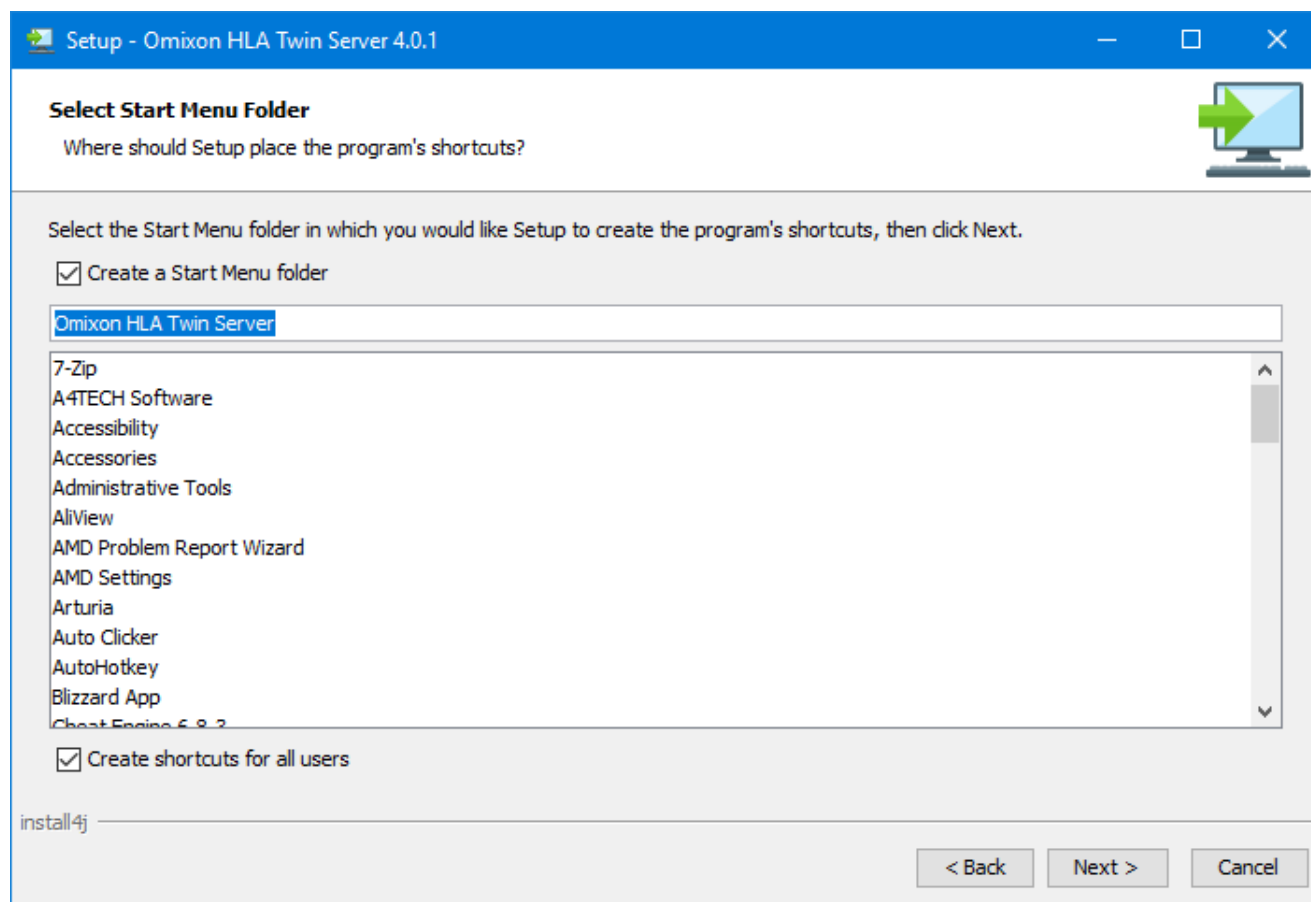
Omixon Typer Server memory [Mb]: 16351

Minimum required: 18432
Maximum available: 16351
Recommended: 26624

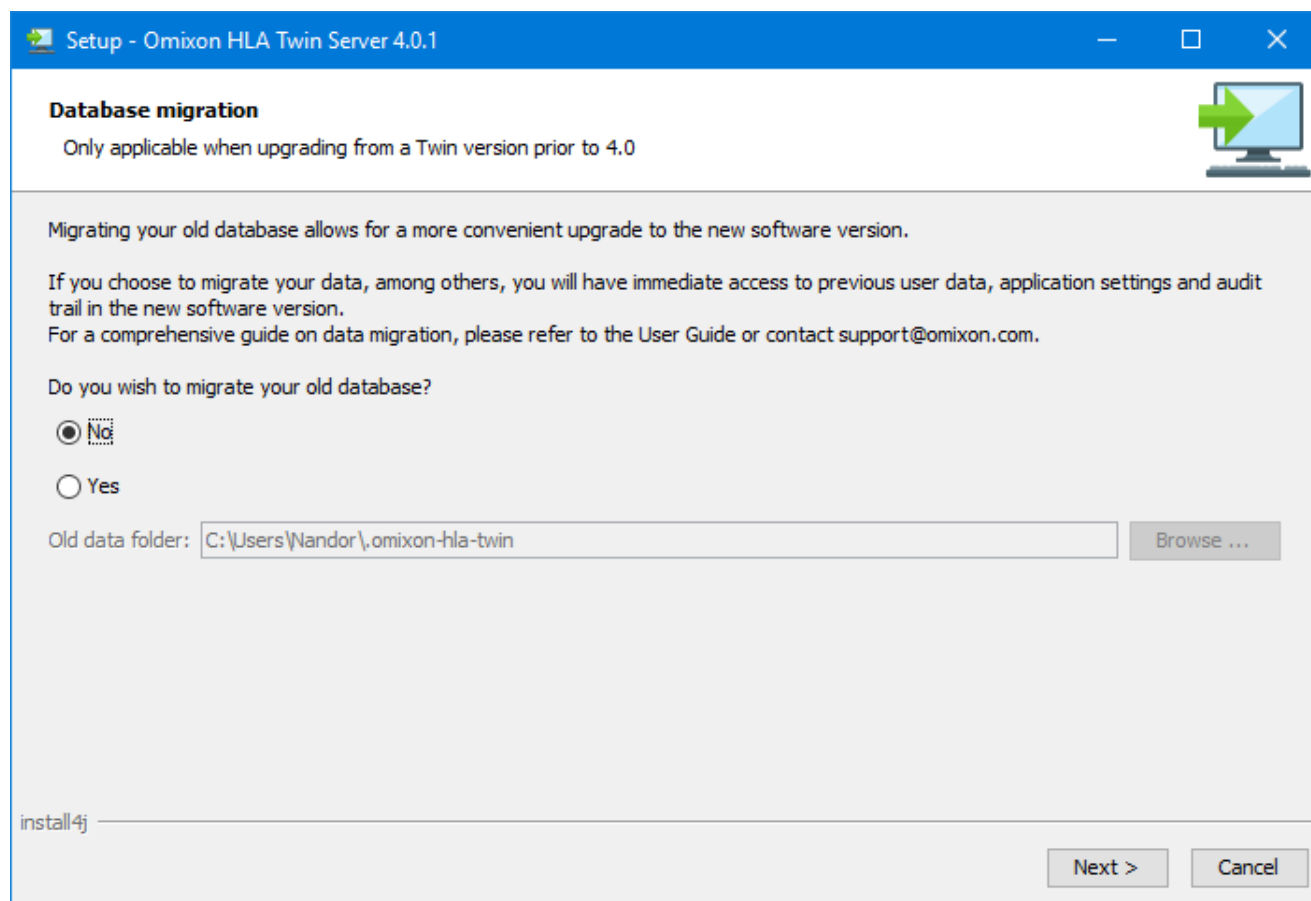
install4j

< Back Next > Cancel

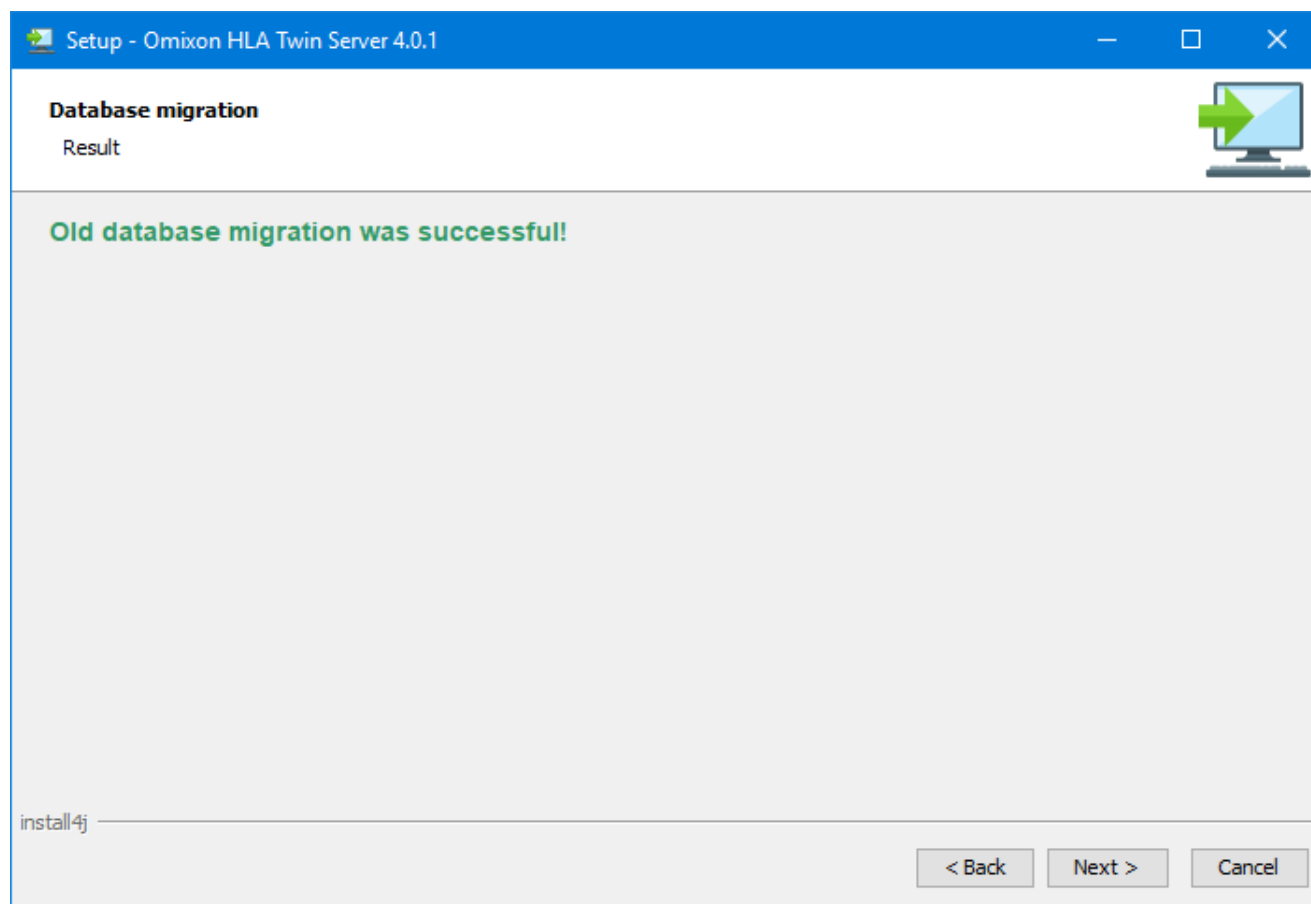
10. Выберите папку меню Start (Пуск).



11. По окончании установки программа-установщик предоставит вам возможность перенести на новое место вашу прежнюю базу данных.
- **Если вы новый пользователь, выберите No (Нет)** и перейдите к следующему шагу.
 - **Если вы обновляете версию HLA Twin 3.1.3 или более раннюю версию:** не забудьте перенести базу данных, чтобы сохранить результаты проверок. Подробнее об этом см. в главе [Перенос базы данных](#) (see page 50).

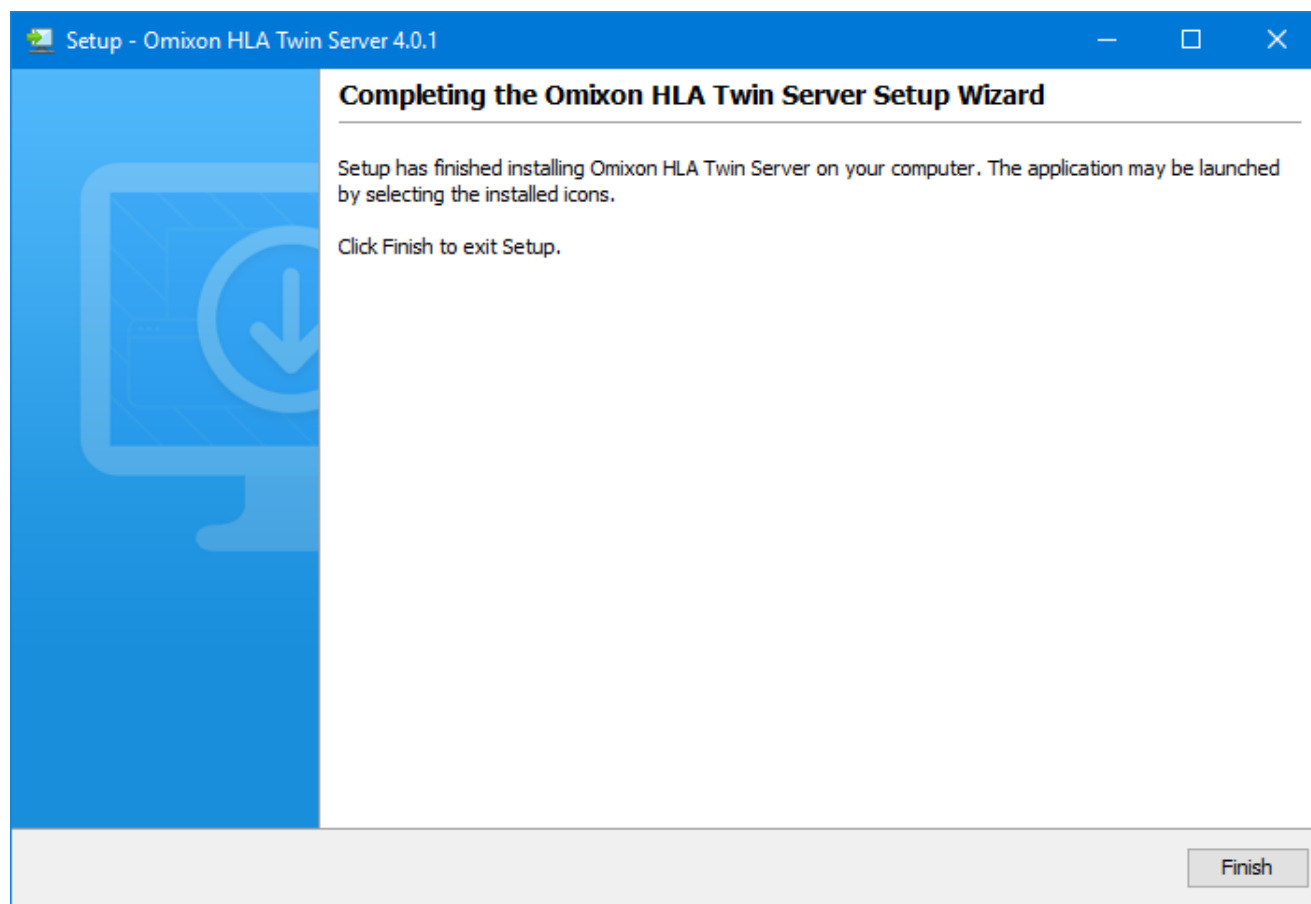


Если вы выбрали Yes (Да), то после успешного переноса базы данных появится следующее сообщение:





12. Нажмите Finish (Завершить).





3.8 Установка ПО Client;

3.8.1 Обновление версии HLA Twin 3.1.3 или предыдущей версии

- Вы не сможете обновить более раннюю версию HLA Twin 3.1.3 Client, как это было возможно в предыдущих версиях. Кроме того, установщик не позволит вам установить новую программу HLA Twin в ту же папку, в которой была установлена старая версия.
- Обращаем ваше внимание на то, что версии программ HLA Twin Client и HLA Twin Server должны совпадать.

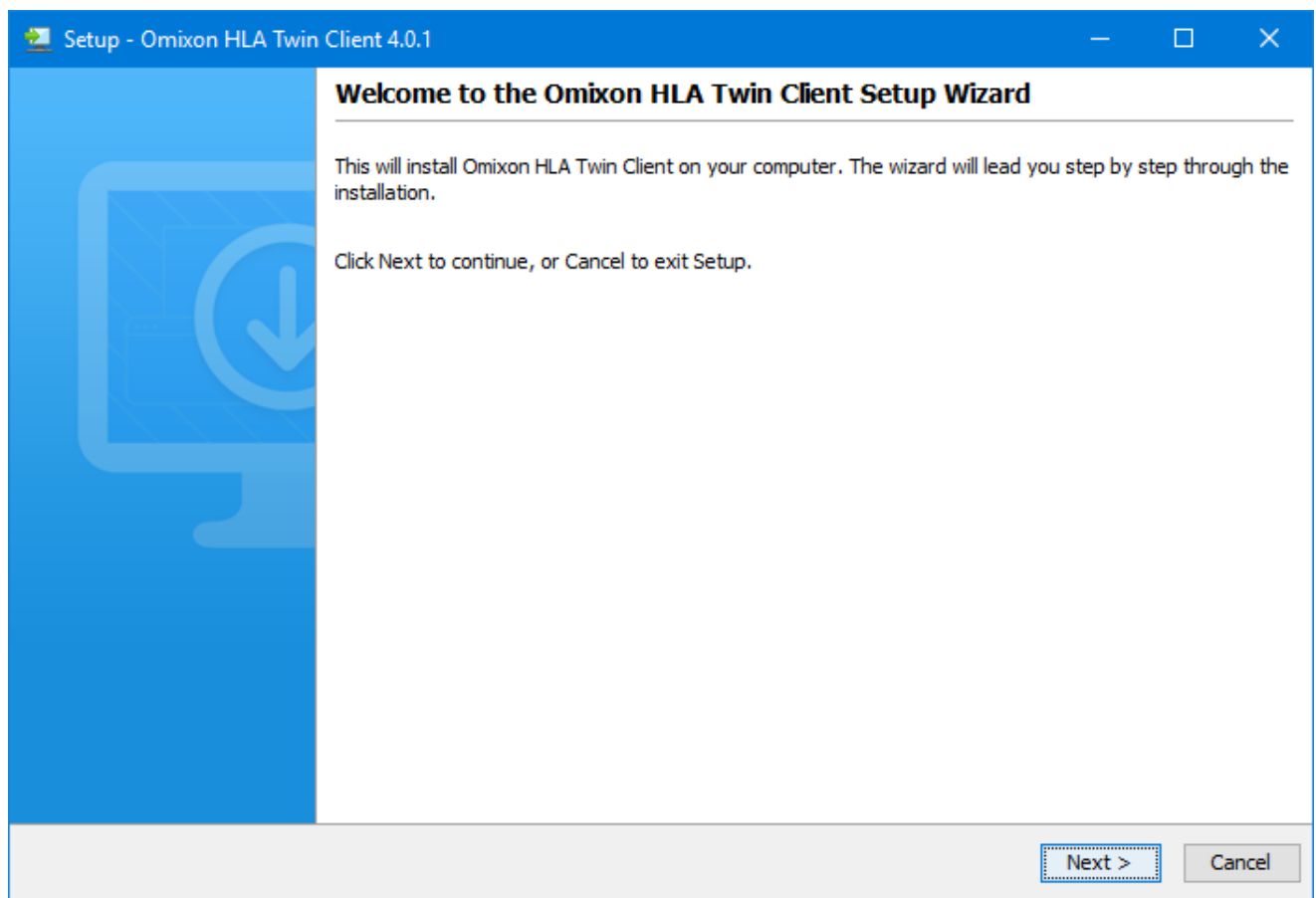
3.8.2 Примечания до начала установки

Сетевое окружение: Сервер HLA Twin Server будет связываться с клиентами HLA Twin Clients через порты 4380 и 4381. Убедитесь, что в вашем брандмауэре они разрешены.

3.8.3 установка HLA Twin Client

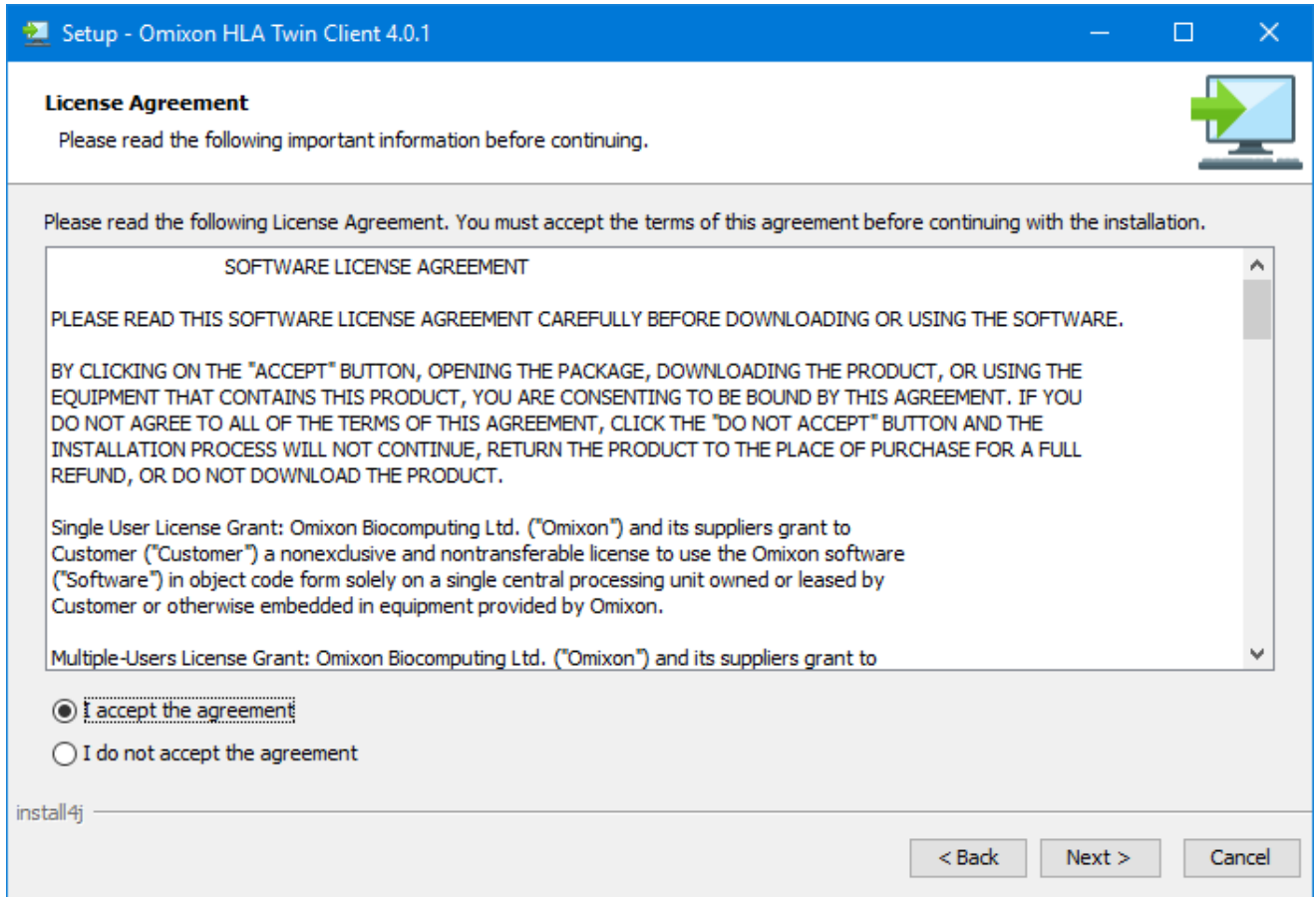
1. Этот шаг зависит от того, с какой операционной системой вы работаете.

- **Пользователи Windows:** Откройте установочный файл (omixon_hla_twin_XXX_windows-x64_with_jre-**client**.exe).
- **Пользователи Linux** Откройте окно терминала, получите разрешения для установочной программы (chmod +x omixon_hla_twin_XXX_unix_with_jre-**client**.sh) и запустите ее.
- **Пользователи OSX** Откройте установочную программу (omixon_hla_twin_XXX_macos_with_jre-**client**.dmg) (При работе с OSX 10.14.6 Mojave или более поздними версиями может появиться сообщение об ошибке. В этом случае обратитесь по адресу support@omixon.com.⁷)



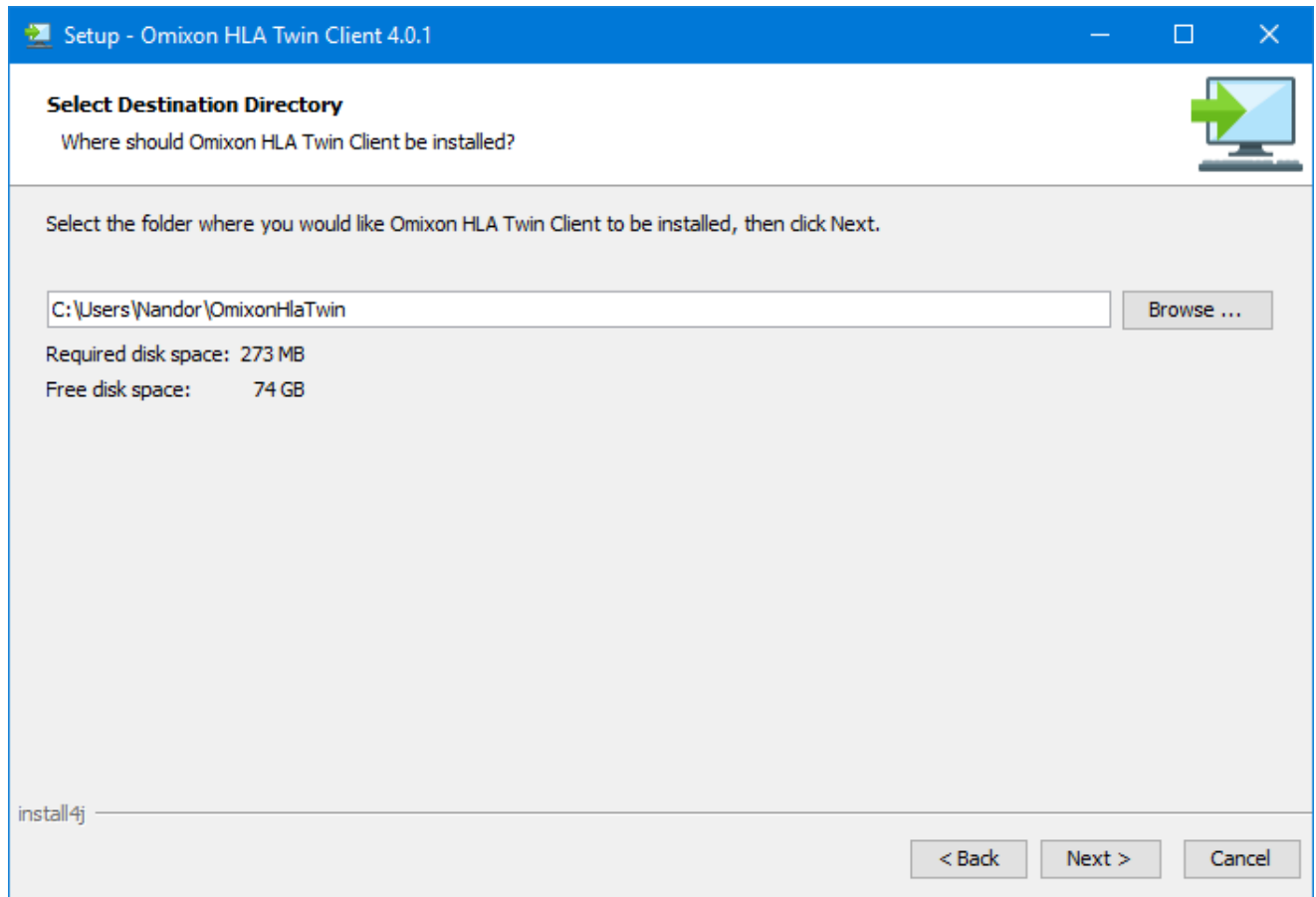
⁷ <mailto:support@omixon.com>

2. Примите условия лицензионного соглашения.

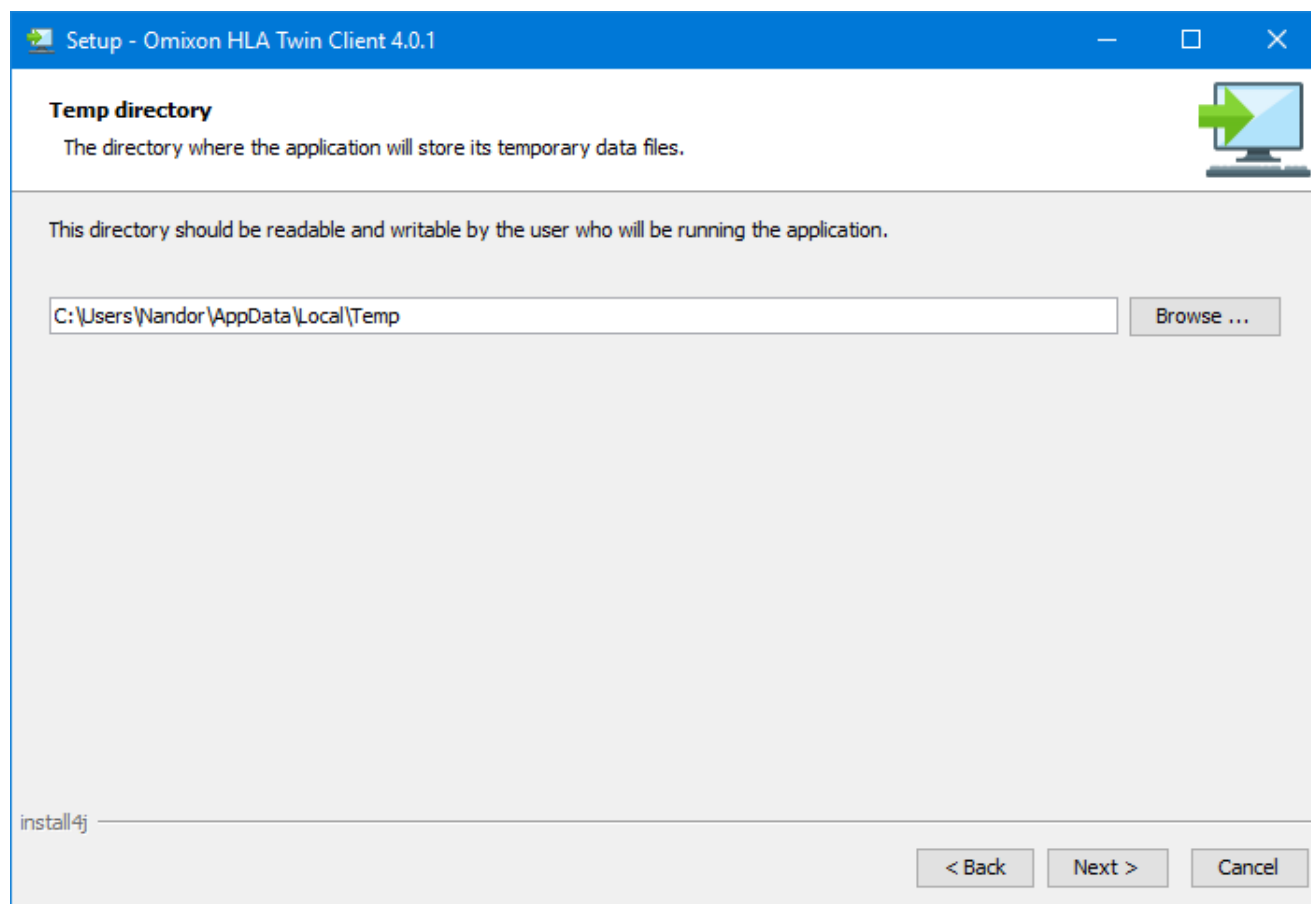


3. Выберите папку для установки.

Пользователям Windows следует помнить, что им может понадобиться изменить директорию назначения, чтобы другие пользователи Windows могли получить доступ к ПО (то же самое касается и других установочных папок на следующих этапах работы).



4. Выберите папку для временных файлов.





5. Настройте память.

The screenshot shows a Windows-style window titled "Setup - Omixon HLA Twin Client 4.0.1". The window has a blue title bar with standard minimize, maximize, and close buttons. The main content area is titled "Memory setup" and includes the instruction "You can set how much memory the application will use". A green arrow icon points to the right. Below this, there is a text input field labeled "Application memory [Mb]:" with the value "6144" entered. Underneath the input field, the following information is displayed: "Minimum required: 4096", "Maximum available: 16351", and "Recommended: 6144". At the bottom left, there is a small text label "install4j". At the bottom right, there are three buttons: "< Back", "Next >", and "Cancel".

Setup - Omixon HLA Twin Client 4.0.1

Memory setup

You can set how much memory the application will use

Application memory [Mb]: 6144

Minimum required: 4096

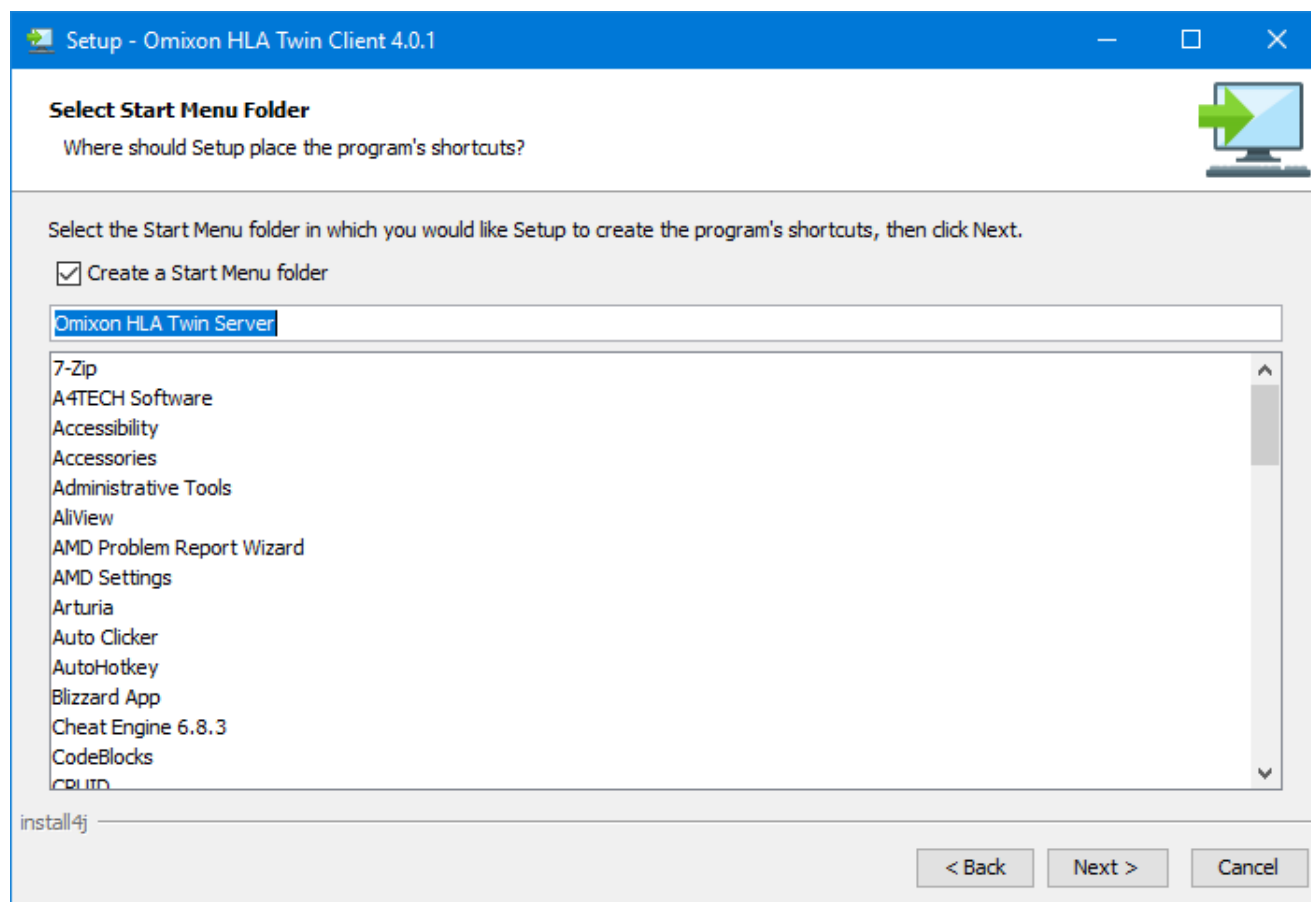
Maximum available: 16351

Recommended: 6144

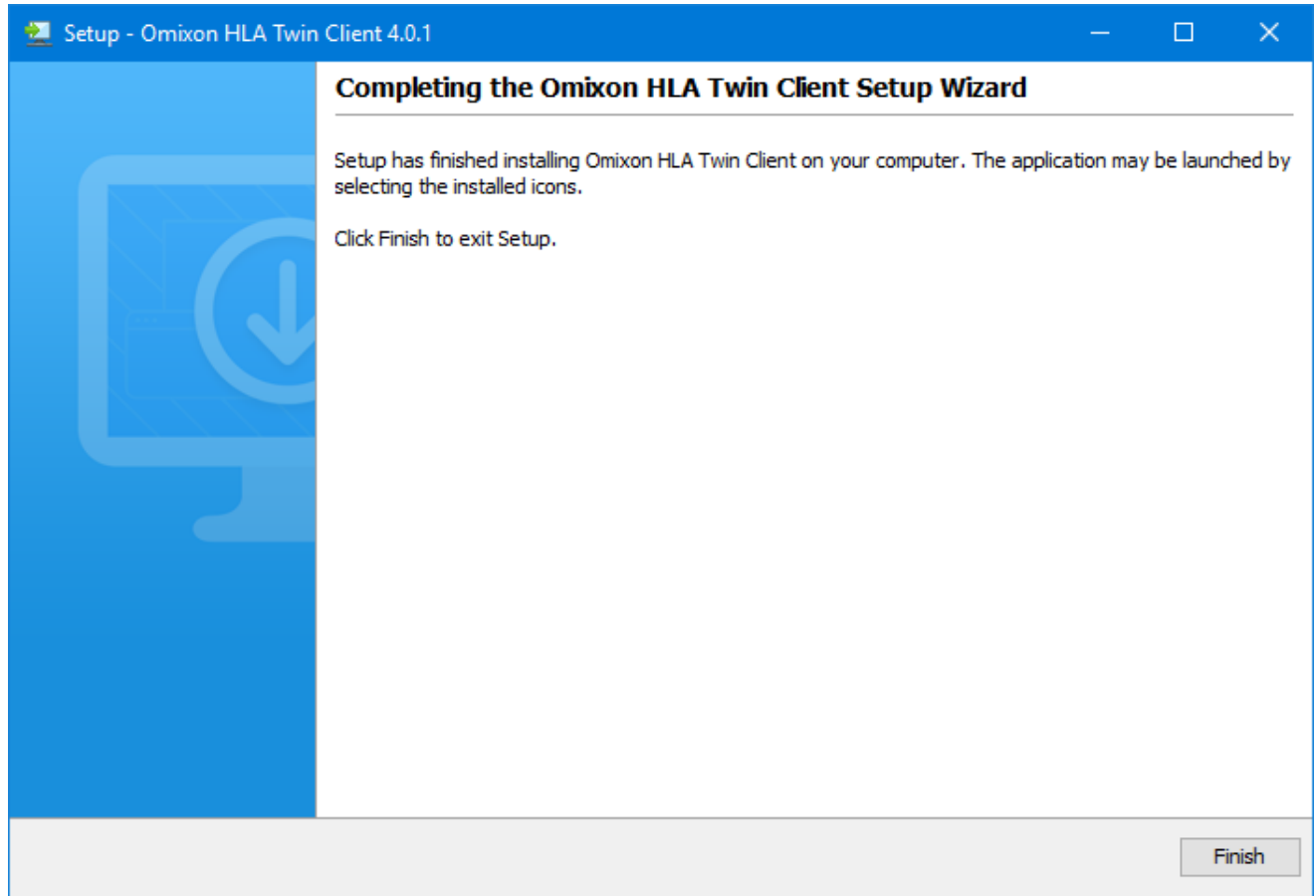
install4j

< Back Next > Cancel

6. Выберите папку меню Start (Пуск).



7. По окончании установки нажмите Finish (Завершить).



3.9 Перенос базы данных

Эта глава предназначена для пользователей, которые планируют обновить версию HLA Twin от 3.1.3 (или более раннюю версию).

3.9.1 Обзор

Формат внутренней базы данных в ПО HLA Twin 4.0.0 был изменен с целью повышения надежности и эффективности (MySQL). Это было необходимо для совершенствования пользовательского интерфейса ПО.

Перенос базы данных — это процесс, при котором данные из вашей старой базы данных HLA Twin переводятся в новый формат. Рекомендуется перенести старую базу данных, чтобы новая версия HLA Twin содержала всю информацию, которая может понадобиться для проверок.

3.9.2 Данные, подлежащие переносу

Перенос позволит передать в новую базу все данные, необходимые для проведения проверки. Сюда входят:

- учетные записи пользователей с их настройками;
- глобальные конфигурации, такие как конфигурация автоматизации и составление расписаний, сохраненные протоколы или действующая версия эталонной базы данных;

- анализы и информация, относящаяся к процессу их утверждения;
- задачи, связанные с экспортом;
- импорт эталонных баз данных.

3.9.3 Процесс переноса данных

Процесс переноса данных — это последний этап установки HLA Twin. Вас спросят, хотите ли вы перенести свою старую базу данных, а затем вас попросят указать путь к местоположению старой базы данных.

Перенос данных может занять до нескольких минут. В случае ошибки обратитесь по адресу support@omixon.com⁸.

3.9.4 Местоположение старой базы данных

По умолчанию старая база данных находится по адресу `C:\Users\_username_.omixon-hla-twin\` (где `_username_` означает имя пользователя Windows, под которым была установлена программа), или же это может быть любой произвольно выбранный путь (как правило, недалеко от установочной папки программного обеспечения).

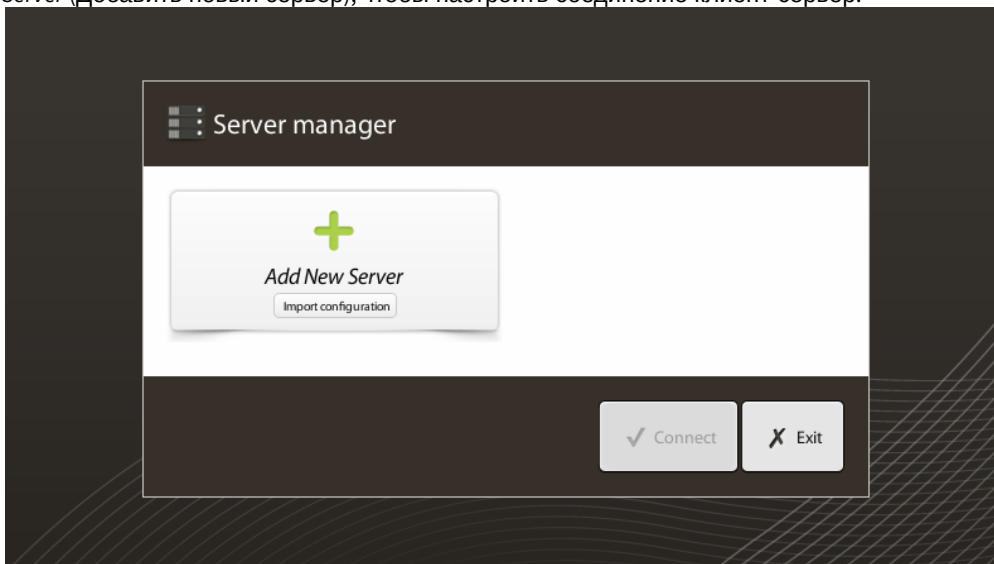
3.10 Инструкции для начала использования

3.10.1 подключение к серверу.

После настройки и запуска сервера он начинает получать и обрабатывать входящие запросы клиентского соединения.

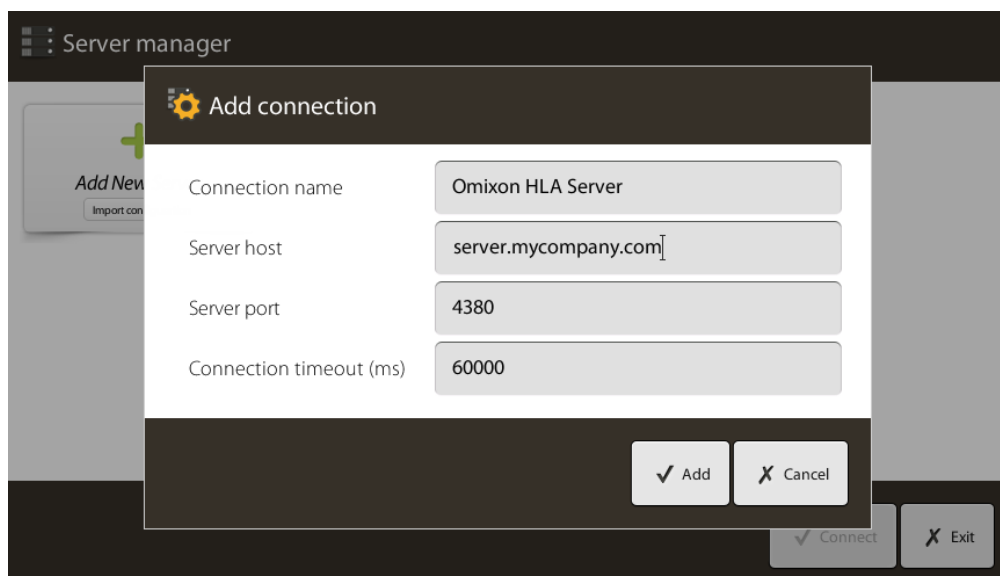
Подключение клиентское приложение.

Запустите клиентское приложение. На странице экрана *Server Manager* (Диспетчер серверов) выберите параметр *Add New Server* (Добавить новый сервер), чтобы настроить соединение клиент-сервер.

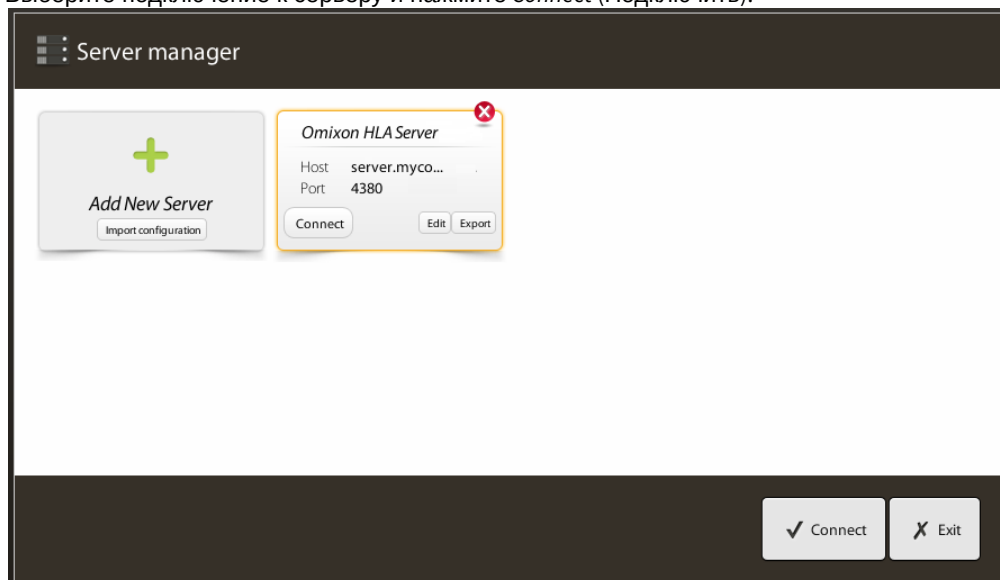


Дайте название вашему подключению и укажите в точности те же настройки узла и порта, которые использовались для сервера во время установки или после нее.

⁸ <mailto:support@omixon.com>



Выберите подключение к серверу и нажмите *Connect* (Подключить).



ВАЖНО

Проверьте настройки брандмауэра на серверном компьютере. Настройте брандмауэр так, чтобы сервер Omixon HLA Server мог принимать входящие соединения. Удостоверьтесь также, что для сервера Omixon HLA Server разрешены исходящие подключения, что позволит подключать клиентов и получать обновления статуса (например, при отображении информации о ходе выполнения задачи).

Экспорт и импорт конфигурации соединений.

Чтобы не настраивать подключение вручную, его можно импортировать, нажав кнопку *Import configuration* (Импортировать конфигурацию) на карте *Add New Server* (Добавить новый сервер) в диалоговом меню *Server Manager* (Диспетчер серверов). Если вы хотите выбрать этот параметр, попросите системного администратора выдать вам файл подключения. Настройки



подключения можно экспортировать в файл, нажав *Export* (Экспорт) на выбранном подключении в диалоговом окне *Server Manager* (Диспетчер серверов).

3.10.2 создание первого пользователя;

При запуске приложения на настольном компьютере или при первом подключении к серверу Omixon Server вам будет предложено создать первого пользователя приложения. Первый зарегистрированный пользователь получает права *Superuser* (Суперпользователя) по умолчанию, что означает полный доступ ко всем функциональным возможностям ПО, включая создание учетных записей для других пользователей. Рекомендуется первым регистрировать системного администратора, чтобы он мог завершить настройку программы.

Обратитесь к главе *Панель настроек / Управление пользователями* в *Руководстве по Omixon*, содержащей дополнительную информацию о правах пользователя и соответствующих разрешениях.



4 Краткое руководство по началу работы

4.1 Вход

После инициализации запуска программного обеспечения HLA пользователь должен войти в приложение. Введите имя пользователя и пароль в соответствующие поля и нажмите кнопку входа. При первом входе создается пользователь с правами суперпользователя.

4.2 Панель управления генотипированием

После входа в программу открывается панель генотипирования. Это начальная информационная панель программы. Отсюда доступны все функции для работы с генотипированием.

Панель управления состоит из следующих элементов второго уровня.

- Информационная панель: содержит все основные функции и некоторую информацию высокого уровня о текущей папке и выбранных файлах. Здесь также представлена информация о текущем пользователе и активной базе данных IMGT и имеются некоторые навигационные возможности.
- Браузер файлов: эту часть страницы можно использовать для навигации между доступными папками.
- Нижняя панель

Информационная панель располагается в верхней части экрана. Она разделена на 3 раздела.

- Верхний раздел содержит следующее:
 - ID текущего пользователя,
 - панель мини-приложения использования памяти,
 - панель статуса менеджера процесса,
 - кнопка руководства по началу работы,
 - кнопка выхода пользователя из системы
 - и кнопка выхода из программы.
- Средний раздел содержит:
 - кнопки навигации: «Вперед», «Назад», «Вверх» и «На главную страницу» (кнопка «На главную страницу» возвращает пользователя к панели генотипирования);
 - имеющуюся информацию об используемой базе данных IMGT (справа от навигационных кнопок);
 - закладки и контекстно-зависимые кнопки справки (в правой части экрана).
- Нижний раздел содержит серию кнопок, которые позволяют выбирать нужную функцию среди основных, представленных на панели управления:
 - параметры типирования и анализа данных для передачи данных генотипирования,
 - параметры типирования и анализа данных для визуализации результатов,
 - функции браузера файлов для навигации между образцами и папками,
 - диспетчер Турер Manager для развертывания и свертывания узлов типизирующей программы при распределенной конфигурации сервера.
 - Настройки приложения

Основная часть дисплея — это браузер файлов, в котором можно перемещаться между дисками и папками, нажимая на их названия, как в обычном браузере файлов. Используйте браузер для перехода к папке, где хранятся нужные вам образцы генотипирования. Каждый файл образцов помечен маленьким символом ДНК и имеет собственное уникальное название, идентичное тому, что было сгенерировано таблицей образцов. Для парных считываний программное обеспечение автоматически собирает пары файлов по названиям, и в браузере файлов отображается только файл FASTQ R1, чтобы снизить повторяемость и упростить навигацию. Наведя курсор мыши на файл образца, вы можете просмотреть размер отдельных файлов FASTQ.

По окончании анализа образца вы увидите в браузере отдельный файл с результатами генотипирования. Файл результатов имеет расширение .htr. По умолчанию все файлы с результатами автоматически помещаются в ту же папку, где находятся данные образца. Каждый файл анализа помечается маленьким значком таблицы. Название файла анализа состоит из названия образца и временной метки, фиксирующей момент передачи данных для анализа. Наведя курсор мыши на файл анализа или выбрав его, вы сможете просмотреть всю доступную информацию об анализе в нижней информационной панели. При просмотре файла .htr, справа вы увидите высокоуровневый сводный отчет о качестве результатов типирования. Результаты аннотируются по принципу «светофора». Как и в светофоре, три разных цвета используются в трех разных значениях. Но, в отличие от светофора, здесь допустимы смешанные цвета.



Функции генотипирования отключены и кнопки закрашены серым, если на экране не отображаются никакие образцы. Как только вы найдете файл FASTQ или файл любого другого поддерживаемого формата, кнопки генотипирования станут доступными для использования.

Чтобы отправить данные на анализ, следуйте инструкциям из раздела «Анализ».

Подробные сведения об этой странице экрана и обо всех доступных для нее функциях вы сможете найти в разделе *Панель управления генотипированием Руководства по Omixon*.

4.3 Анализ

Когда у вас есть хотя бы один образец, вы можете начать работу с ним несколькими разными способами.

4.3.1 Простое генотипирование — рекомендуется для образцов Holotype.

Генотипирование с параметрами, заданными по умолчанию, можно запустить нажатием одной кнопки Analyse (Анализ), которая отображается в строке каждого образца. Можно генотипировать несколько образцов по протоколу Holotype, выбирая их мышью при нажатой кнопке Ctrl или Shift, а затем нажав кнопку Simple Genotyping (Простое генотипирование) в верхнем меню. Ход генотипирования можно отслеживать в диспетчере Process manager (Диспетчер процессов), который отображается в правом верхнем углу. Подробные сведения об этой и других связанных с ней функциях, таких как генотипирование с пользовательскими параметрами и повторный анализ образцов, вы можете найти в разделе *Панель управления генотипированием*.

4.3.2 Результаты

Когда процесс выполнения задания в *Typer Scheduler* (Планировщик генотипирования) достигнет 100 %, в браузере файлов появится новый файл результатов. Если одновременно генотируются несколько образцов, результат для каждого выдается по мере готовности, и вы сможете просматривать первые результаты, пока остальные еще будут в процессе обработки. Файлы результатов отображаются по системе «светофор», то есть вы можете быстро сориентироваться в их качестве и отобразить детали более подробно, нажав на кнопку View (Просмотр) в конце каждой строки. Чтобы отобразить сразу несколько результатов, выберите их при помощи кнопки Ctrl или Shift, а затем воспользуйтесь кнопкой View results (Просмотр результатов) в верхнем меню.

При работе с результатами анализов, полученными в программном обеспечении Omixon HLA, учитывайте, что последовательности праймеров не влияют на результаты, поскольку они обрезаются еще до анализа. Подробно об интерпретации результатов вы можете прочесть в разделах *Genotyping Analysis Result* (Результат анализа генотипирования) и *Genotyping Sample Result* (Результат образца генотипирования).

4.4 Результат анализа генотипирования

Как было упомянуто в разделе «Результаты», вы можете визуализировать результаты, выделив один или несколько образцов и нажав кнопку View results (Просмотр результатов). При этом вы перейдете в другой раздел программы HLA Twin: Результаты генотипического анализа.

Этот экран состоит из трех основных частей.

- Информационная панель: по своей структуре она в значительной мере идентична информационной панели, входящей в состав панели управления генотипированием (подробнее см. выше).
- Панель функций: функциональные кнопки фильтрации, присвоения, утверждения и т. п.
- Таблица результатов: сводная таблица, в которой отображаются результаты анализа.

Панель функций имеет следующие кнопки:

- подробные сведения об образце и выравнивание поиска;
- кнопки настройки отображения;
- кнопки присвоения;
- таблица экспорта.
- Дополнительные возможности по комментированию образца, его утверждению или отмене утверждения, а также возможность демонстрации неравновесного сцепления.



В таблице результатов на странице «Результаты генотипического анализа» вы сможете увидеть высокоуровневый обзор ваших результатов для каждого локуса каждого из образцов.

В таблице представлены следующие столбцы.

- Образец
 - Содержит название файла .htr, которое создается на основании названия образца и временной метки, фиксирующей момент передачи данных для анализа.
 - Если один и тот же образец анализировался несколько раз, отображение образцов идет в порядке анализа. В этом случае временные метки помогают отслеживать анализы, выполняемые в разное время.
 - В верхнем правом углу имеется значок истории присвоения в виде часов и значок индикатора статуса утверждения.
- Отдельные столбцы для анализируемых локусов
 - Полученные аллели отображаются в две строки, обозначающие две хромосомы.
 - В этих столбцах отображаются разнообразные разметки локусов и уровней аллелей.

В самой верхней строке для каждого локуса отображаются специфичные для данного локуса отметки. К ним относятся следующие.

- Цветовой код качества:
«сигнал светофора» соответствует мерам по контролю качества локуса и может иметь следующие варианты:
 - (зеленый) — УСПЕШНО: локус прошел все тесты контроля качества,
 - (желтый/зеленый) — ИНФОРМАЦИЯ: в одном или нескольких тестах контроля качества результат был ниже среднего,
 - (желтый) — ПРОВЕРКА: в одном или нескольких тестах контроля качества получены сомнительные результаты, требуется проверка вручную,
 - (красный/желтый) — РАССЛЕДОВАНИЕ: в одном или нескольких тестах контроля качества получены низкие результаты, требуется проверка вручную, возможно — повторный анализ,
 - (красный) — ОШИБКА: в одном или нескольких тестах контроля качества получены очень низкие результаты, для определения причины необходимо провести проверку вручную; локус или образец, вероятно, требует повторного секвенирования или типирования альтернативными методами.
- Метки зиготности Гетерозиготные локусы помечаются знаком , а гомозиготные — знаком . Гемизиготные локусы имеют пометку . Если локус гемизиготный, то отображается только один аллель, а другая ячейка остается пустой. Если зиготность локуса нельзя определить на основании имеющихся данных, то его помечают знаком .
- Метки неизвестных участков: локусы с аллелями, содержащими неизвестные экзонные (или экзонные и интронные) участки, помечаются знаком , а локусы, неизвестные аллели которых содержат только новые интронные участки, помечены знаком .

Кроме того, аллельные результаты могут иметь разного рода маркировку, включая следующие.

- Лучшее совпадение и статус присвоения В левой части отображаемого аллельного результата можно видеть маленький значок «галочки», указывающий, является ли данный аллельный результат «лучшим совпадением». Этот значок имеет синий цвет, если аллели совпадают наилучшим образом, и серый — для всех остальных кандидатов. Вы можете самостоятельно присвоить аллелю результат, нажав на этот значок. Он станет зеленым, указывая на то, что вы выполнили присвоение результата.
 - Цветовое кодирование соответствия:
для цветового кодирования соответствия результатов по системе «светофор» имеются следующие варианты:
 - (зеленый): результаты работы методов SG и CG полностью соответствуют друг другу (в 3-м поле),
 - (желтый): результаты работы методов SG и CG совпадают до 4 знака (2-е поле),
 - (красный/желтый): результаты работы методов SG и CG совпадают до 2 знака (1-е поле),
 - (красный): результаты работы методов SG и CG не соответствуют друг другу.
- Обратите внимание: цветовое кодирование соответствия доступно только для аллелей максимального совпадения и только в том случае, если результат был получен с помощью алгоритма генотипирования Twin и если для конкретного локуса был выполнен статистический алгоритм типирования.
- Гомозиготность Аллели, отображенные синим шрифтом, являются гомозиготными.

- Серологически эквивалентные антигены: Если для локуса имеется информация по связанным с ним серологически эквивалентным антигенам, всплывающая подсказка при значке *антигена*  будет содержать эту информацию.
- Редкие аллели помечаются *восклицательным знаком* .
- Неизвестные аллели, содержащие экзонные (или экзонные и интронные) неизвестные участки, помечаются знаком , а неизвестные аллели, содержащие только интронные неизвестные участки, помечены знаком .
- Несбалансированные аллели отображаются *курсивом*.
- Расширения аллелей: Аллели с расширенной последовательностью помечаются *знаком плюса* .
- Низкая амплификация: Если в списке несбалансированных маловажных аллелей присутствует маловажный аллель с известной низкой амплификацией, такой аллель помечается знаком . В этом случае настоятельно рекомендуется провести проверку гомозиготных результатов иным методом генотипирования (например, SSO).

Наводя курсор на разные части таблицы, вы сможете видеть всплывающие подсказки с дополнительной информацией по разделам.

 Примечание.

Если для локуса получено более 50 результатов с лучшим совпадением, LD для такого локуса не вычисляется. Если нажать кнопку Show LD details (Показать сведения LD), информация не будет отображена.

С панели управления результатами генотипического анализа можно перейти на страницу Genotyping Sample Result (Результаты генотипирования образца) или напрямую в Genome Browser (Браузер генома).

На странице результатов генотипирования образца можно просмотреть подробные показатели качества анализируемого образца. Чтобы войти на эту страницу, выделите образец, сведения о котором вы хотите просмотреть, и нажмите кнопку Sample details (Сведения об образце) в нижнем ряду верхней части страницы.

В Genome Browser (Браузере генома) можно визуализировать подробные результаты для каждого из типированных локусов. Чтобы войти в него, выделите образец, который необходимо просмотреть, и нажмите кнопку Browse alignment (Просмотр выравнивания) в нижнем ряду верхней части страницы.

Дополнительную информацию см. в разделе Genotyping Analysis result (Результат генотипического анализа) руководства по Omixon.

4.4.1 Что делать, если результат отсутствует

Если для выявленного гена не выведено аллелей, отображается разметка, которая описывает возможные причины отсутствия вывода аллелей. Для получения дополнительной информации наведите курсор мыши на значок информации рядом с разметкой и прочтите подсказку. Могут иметь место следующие ситуации.

Для локусов, отличных от DRB3/4/5

- *No data present (Нет данных)* — «Нет данных» означает, что либо в образце не был выявлен данный локус, либо он выпал из секвенирования, и его следует повторно секвенировать.
- *Insufficient or low quality data (Недостаточно данных или данные низкого качества)* — в образце недостаточно данных, или он содержит данные низкого качества. Следует проверить дополнительную информацию в результатах контроля качества.

Для DRB3/4/5

- *Allele not expected (Аллель не ожидается)* — не ожидается появление аллеля в этом локусе на основании известной величины неравновесного сцепления с HLA-DRB1 и HLA-DQB1.
- *Expected allele not found (Ожидаемый аллель не найден)* — такая маркировка означает, что на основании имеющихся сведений о неравновесном сцеплении ожидалось появление данных для локуса/аллеля, но данные не найдены.
- *Unexpected allele found (Обнаружен неожиданный аллель)* — найдены данные для локуса/аллеля, появление которого не ожидалось на основании имеющихся данных о неравновесном сцеплении.
- *Insufficient or low quality data (Недостаточно данных или данные низкого качества)* — в образце недостаточно данных, или он содержит данные низкого качества. Следует проверить дополнительную информацию в результатах контроля качества.

Если для выявленного гена не выведено ни одного аллеля, рекомендуется повторить анализ образца с более высоким количеством считываний. Задать количество обрабатываемых считываний можно с помощью диспетчера настройки *Advanced Genotyping* (Расширенные возможности генотипирования). Причиной отсутствия результата на уровне аллелей может быть тот факт, что покрытие не достигает минимального порогового значения для аллеля или экзона либо



глубина покрытия слишком маленькая. Обработка большого количества считываний может способствовать усилению сигналов, поддерживающих правильные аллели.

4.5 Результат образца генотипирования

На экране Genotyping Sample result (Результат образца генотипирования) можно проверить сведения о результатах генотипирования, параметры качества и статистику данных для каждого локуса в выбранном образце.

Этот экран разделен на четыре основных раздела:

- Информационная панель: обратите внимание, что по своей структуре она в значительной мере идентична информационной панели, входящей в состав панели управления генотипированием (подробнее см. выше).
- Панель функций: функциональные кнопки фильтрации, присвоения, утверждения и т. п.
- Таблица результатов: содержание таблицы результатов идентично таблице на странице Genotyping Analysis result (Результаты генотипического анализа), однако на этом экране таблица отображается в свернутом виде, чтобы оставить место для панели сведений.
- Панель сведений: отображает результат генотипирования, показатели качества и статистику данных.

Панель функций имеет следующие кнопки:

- Открытие браузера
- Подробные сведения о генотипировании
- Индивидуализация представления результатов
- Присвоение аллелей
- Комментирование

Таблица результатов в свернутом виде показывает первые наиболее совпадающие пары аллелей для каждого локуса. При наличии многочисленных лучших совпадений аллелей уровень неоднозначности отображается цветом — в имени аллеля затронутые поля отображаются красным, а совпадающие поля — черным.

На панели сведений можно выбрать одну из трех следующих вкладок.

- Genotype (Генотип)
 - В разделе Genotype (Генотип) можно просмотреть генотип, выбранный программой.
 - Можно добавлять или удалять аллели вручную.
- Quality control (Контроль качества)
 - Для каждого локуса вычисляются несколько измерений контроля качества. Каждое измерение для каждого из локусов помечается цветом по принципу «светофора».
 - Таблица Quality control (Контроль качества) имеет один столбец для всех параметров и разные столбцы для каждого из отображенных локусов.
 - В строке Overall (Общий результат) отображается общий результат для каждого отдельного локуса, кодированный цветом по принципу «светофора».
 - Для каждого параметра в таблице имеется отдельная строка. Справа от названия параметра отображается небольшая метка «i». Наведя на нее курсор мыши, вы увидите всплывающее окно, содержащее подробные сведения о выбранном параметре.
 - Для каждого из параметров можно увидеть соответствующий «сигнал светофора», значение параметра и маленькую букву «i» с информацией о конкретных пороговых значениях данного параметра. Наведя курсор мыши на букву «i», вы увидите всплывающее окно, содержащее более подробную информацию о пороговых значениях выбранного параметра.
- Data Statistics (Статистика данных)
 - Раздел Overview (Обзор) — содержит информацию о количестве считываний и пропорциях для нескольких различных этапов анализа.
 - Раздел Allele imbalance (Аллельный дисбаланс) — на рисунке показан аллельный дисбаланс для всех генов по участкам.
 - Раздел Fragment size (Размер фрагментов) — на этой гистограмме представлено распределение размеров фрагментов при парном считывании.
 - Раздел Read quality (Качество считываний) — на этом графике показано качество оснований из расчета на 5 оснований для обработанных считываний. Положение считываний представлено на оси X, а по оси Y представлены значения качества.

С левой стороны в нижнем разделе можно выбирать разные локусы.

Для выбранного локуса можно войти в геномный браузер, нажав на кнопки Browse Alignment (Просмотр выравнивания), Browse Allele 1 (Просмотр аллеля 1), Browse Allele 2 (Просмотр аллеля 2).



Дополнительную информацию см. в разделе Genotyping Sample result (Результат генотипирования образца) руководства по Omixon.

4.6 Браузер генов

Браузер генов позволяет визуально представить данные геномики. Можно просмотреть несколько аллелей-кандидатов.

По умолчанию в браузере доступны следующие треки.

- *Position track* (Трек положения) — показывает координаты всех видимых треков. Нумерация начинается с единицы.
- *Phasing track group*: (Группы треков фазирования)

Phasing track (Трек фазирования) — содержит аннотации для непрерывно фазированных участков (они также называются фазированными участками).

Variants track (Трек вариантов) — отображает количество перекрывающихся пар считываний для двух последовательных гетерозиготных положений (то есть двух положений, в которых консенсусные последовательности отличаются друг от друга). Ярлык Straight (Прямой) указывает на количество считываний для каждого консенсуса, поддерживающего фазирование, указанное в браузере, а ярлык Cross (Перекрестный) показывает, сколько считываний поддерживает другое возможное фазирование двух положений.

- *Consensus sequence 1* (Консенсусная последовательность 1) — сгенерированная консенсусная последовательность для одной из хромосом.
- *Coverage depth for consensus 1* (Глубина покрытия для консенсуса 1) — отображает глубину покрытия для каждого положения сборки консенсусной последовательности 1.
- *Consensus sequence 2* (Консенсусная последовательность 2) — сгенерированная консенсусная последовательность для другой хромосомы.
- *Coverage depth for consensus 2* (Глубина покрытия для консенсуса 2) — отображает глубину покрытия для каждого положения сборки консенсусной последовательности 2.
- *Allele 1 sequence* (Последовательность аллеля 1) — последовательность нуклеотидов в аллеле, которая наилучшим образом соответствует первому консенсусу.
- *Region annotation for allele 1* (Аннотация участков для аллеля 1) — аннотация для экзонов, интронов и UTR, показанных для аллеля 1.
- *Coverage depth track for allele 1* (Трек глубины покрытия для аллеля 1) — отображает глубину покрытия для каждого положения сопоставления в аллеле 1.
- *Allele 2 sequence* (Последовательность аллеля 2) — последовательность нуклеотидов в аллеле, которая наилучшим образом соответствует второму консенсусу.
- *Region annotation for allele 2* (Аннотация участков для аллеля 2) — аннотация для экзонов, интронов и UTR, показанных для аллеля 2.
- *Coverage depth track for allele 2* (Трек глубины покрытия для аллеля 2) — отображает глубину покрытия для каждого положения сопоставления в аллеле 2

Для неизвестных аллелей представлено два эталонных трека: эталонная последовательность неизвестного аллеля (*Novel ref*) и эталонная последовательность близкого аллеля (*Rel ref*), из которого был получен неизвестный аллель.

Обращаем ваше внимание на то, что консенсусные последовательности и соответствующие короткие считывания можно просмотреть в браузере, даже если не найдено совпадающих аллельных пар.

Дополнительные треки

- *Noise track* (Трек помех) — показывает систематические помехи, отфильтрованные при сборке консенсуса. Консенсус помех содержит основной нуклеотид для каждого положения.
- *Amino acid track* (Трек аминокислот) — показывает аминокислотные последовательности для всех аллелей и консенсусных последовательностей, включая неизвестные аллели, с цветовым кодированием по степени гидрофобности аминокислот.

По умолчанию для сопоставления аллелей рядом с аннотацией участков отображаются подробные сведения о треках покрытия. Трек покрытия имеет встроенную поддержку визуализации статистики по основаниям: для тех оснований в считываниях, которые отличаются от фактического консенсуса или эталонных оснований, отображается соответствующая глубина покрытия (размер визуализации пропорционален глубине, цвет соответствует цвету нуклеотида).

Дополнительные режимы для треков коротких считываний

Помимо режима глубины покрытия по умолчанию, для трека коротких считываний возможны следующие варианты визуализации коротких считываний.

- *Short read mode* (Режим коротких считываний) — отображается по нитям ДНК, так что считывания вдоль нити в направлении вперед (розовые) и считывания в направлении назад (желтые) легко различимы на дисплее.



- *Fragment mode* (Режим фрагментов) — режим парной визуализации, который показывает соответствующие считывания в направлениях вперед и назад парами в одной линии. Перекрывающиеся участки в парах считывания показаны синим цветом, а неперекрывающиеся считывания соединяются тонкой линией.

В обоих вышеуказанных режимах трек коротких считываний можно *свернуть*, что позволяет получить сводное представление о коротких считываниях (и не позволяет просматривать подробные сведения о каждом считывании).

4.7 Панель управления настройками

Сюда можно перейти из *Genotyping dashboard* (Панели управления генотипированием), нажав кнопку *Application settings* (Настройки приложения); панель управления *Settings* (Настройки) отображает сводное представление настроек всего инструмента, позволяет пользоваться функциями администрирования и настройками отображения. На этой панели управления также доступна общая информация о текущей версии программного обеспечения и о пользователе.

4.8 Общие сведения

Панель управления настройками имеет три следующих блока информации.

- Информация об Omixon HLA: название и версия ПО, идентификатор сборки с кнопкой копирования в буфер обмена, сведения об авторских правах и контактная информация.
- Информация об Omixon HLA: название и версия ПО, ее номер по каталогу, идентификатор сборки с кнопкой копирования в буфер обмена, сведения об авторских правах и контактная информация.
- Информация о пользователе: логин, имя и фамилия текущего пользователя.
- Информация о лицензии: содержит информацию о количестве доступных копий и дате истечения срока действия лицензии.

4.9 Боковая панель

Боковая панель с левой стороны содержит следующий набор функций.

4.9.1 General (Общие)

В этой группе функций можно задать место хранения данных анализов и файлов результатов, создавать протоколы и управлять ими, задавать выявляемые гены для анализов и выбирать, какая версия метода будет использоваться для анализа. О протоколах подробнее см. на странице справки *Analysis Protocols* (Протоколы анализа).

4.9.2 Database (База данных)

С помощью функции *Install New Database* (Установить новую базу данных) можно настроить одну или несколько версий базы данных IMGT, которые используются для генотипирования. С помощью функции *Select Active Database* (Выбрать активную базу данных) можно указать активную версию базы данных. Генотипирование всегда инициируется с применением активной версии. Если вы хотите удалить установленную базу данных, можно использовать функцию *Remove Database* (Удалить базу данных), которая позволяет удалить любую установленную базу данных, которая в настоящее время неактивна. В меню *Configure Database Extensions* (Настройка расширений баз данных) можно указать, будете ли вы использовать расширения базы данных.

4.9.3 Administration (Администрирование)

Параметр *User management* (Управление пользователями) позволяет создавать, редактировать и удалять пользователей. Параметр *Display Hardware Key* (Отобразить аппаратный ключ) позволяет отображать на компьютере буквенно-цифровой идентификатор, который можно использовать для генерирования лицензии на конкретной машине. Параметр *Upload Licence* (Загрузить лицензию) может использоваться для того, чтобы импортировать файл лицензии в ПО вручную.



4.9.4 Automation (Автоматизация)

Эта группа функций позволяет настроить автоматический анализ на конфигурации «клиент-сервер».

4.9.5 Export Settings (Настройки экспорта)

Здесь можно настроить экспорт в LIMS.

4.9.6 Screen Settings (Настройки экрана)

В этой группе функций можно изменять настройки отображения для экранов браузера генов и результатов. Обратите внимание, что эти изменения также затронут поведение и внешний вид программного обеспечения по умолчанию. Если вы хотите лишь временно изменить настройки браузера, воспользуйтесь параметром *Display settings* (Настройки отображения) на странице браузера. Вы также можете изменить фильтры по умолчанию, которые используются на экранах Genotyping result (Результаты генотипирования). Учитывайте, что если отменить выбор локуса в этом мастере, то результаты для данного локуса не будут отображаться, независимо от результатов типирования. В обоих наборах настроек можно вернуть всем параметрам значения по умолчанию с помощью функции *Restore defaults* (Вернуть настройки по умолчанию). Подробнее об этих настройках см. на страницах справки: *Analysis Result Screens* (Экраны результатов анализов) и *Gene Browser* (Браузер генов).