



Uživatelská příručka

Omixon HLA Twin CE 4.4.0

01/18/2021

1	Historie revizí a změn	5
2	Úvod.....	9
2.1	Informace o společnosti	9
2.2	Použité obecné symboly	9
2.3	Všeobecné informace	9
2.4	Technologie sekvenování	9
2.5	Princip metody	9
2.5.1	Algoritmus konsensuální genotypizace (Consensus Genotyping – CG).....	10
2.5.2	Algoritmus statistické genotypizace (Statistical Genotyping – SG)	10
2.5.3	Genotypizace Twin.....	10
2.6	Předpokládané použití	10
2.7	Varování a opatření.....	10
2.7.1	Omezení použití produktu	10
2.8	Metody ověření a výkonnostní charakteristiky	11
2.8.1	Holotype HLA v2.....	11
2.8.2	Holotype HLA v3.....	11
2.8.3	Omnitype v1	11
2.9	Poznámky k verzi	12
2.10	Zdroje.....	12
3	Instalační příručka	13
3.1	Úvod.....	13
3.1.1	Všeobecné informace	13
3.1.2	Aktualizace z HLA Twin 3.1.3 nebo nižší verze	13
3.2	Dostupné konfigurace	13
3.2.1	Všeobecné informace	13
3.2.2	Desktop.....	13
3.2.3	Server (samostatný).....	14
3.2.4	Server (distribuovaný)	14
3.3	Systémové požadavky.....	15
3.4	Instalace MySQL	15
3.4.1	Windows	16

3.4.2	OSX.....	23
3.4.3	Linux	30
3.5	Konfigurace stávající databáze MySQL.....	30
3.6	Desktopové instalace.....	31
3.6.1	Aktualizace z HLA Twin 3.1.3 nebo nižší verze	31
3.6.2	Instalace HLA Twin Desktop	31
3.7	Instalace samostatného serveru	40
3.7.1	Aktualizace z HLA Twin 3.1.3 nebo nižší verze	40
3.7.2	Poznámky před instalací	40
3.7.3	Instalace HLA Twin Server	41
3.8	Instalace klienta	52
3.8.1	Aktualizace z HLA Twin 3.1.3 nebo nižší verze	52
3.8.2	Poznámky před instalací	52
3.8.3	Instalace HLA Twin Client	53
3.9	Pokyny pro první použití	60
3.9.1	Připojení k serveru	60
	Připojení klienta	60
	Export a import konfigurace připojení.....	61
3.9.2	Vytvoření prvního uživatele.....	61
4	Rychlý návod	62
4.1	Přihlášení	62
4.2	Genotyping dashboard (Panel genotypizace)	62
4.3	Analýza	63
4.3.1	Jednoduchá genotypizace – doporučena u vzorků Holotype.....	63
4.3.2	Výsledky.....	63
4.4	Výsledek analýzy genotypizace	63
4.4.1	Řešení problémů s chybějícími výsledky	65
4.5	Výsledek genotypizace vzorku	65
4.6	Gene Browser (Prohlížeč genů).....	66
4.7	Settings dashboard (Panel nastavení)	67
4.7.1	Všeobecné informace	67
4.7.2	Postranní panel.....	67
	Obecné.....	67

Databáze.....	67
Administration (administrace)	67
Automation (automatizace)	68
Screen Settings (nastavení obrazovky).....	68

1 Historie revizí a změn

Verze	Datum odsouhlasení	Autor	Přehled změn	Schválil
3.0.0	29 Jun 2018	Adél Juhász Ágnes Pásztor	Představení změn genotypizace a zobrazení výsledků související s ABO a MIC. Odstraněno slovo „HLA“ v případech, které se týkají i ABO nebo MIC. Různé drobné opravy v textu.	Adél Juhász Ágnes Pásztor
3.1.0	31 Aug 2018	Petra Hoch	Byl přidán oddíl Informace o společnosti. Drobné opravy formulace a formátování.	Adél Juhász
3.1.1	08 Nov 2018	Krisztina Rigó Petra Hoch	Aktualizace měření výkonu pro Holotype HLA v1 a jeho přidání pro Holotype HLA v2. Drobné opravy formulace a formátování.	Adél Juhász
3.1.2	13 Nov 2018	Adél Juhász	Doplněna definice podpory databáze IMGT na podporu popisu období. Drobné opravy v odkazech na příručku.	Krisztina Rigó
3.1.3	13 Feb 2019	Adél Juhász	Doplněn popis genotypizace Twin včetně logiky provádění SG. Modifikována doporučení pro nastavení dočasné složky pro instalaci serveru.	Krisztina Rigó Mónika Hulita
4.0.0	06 Aug 2019	Adél Juhász	Aktualizace stručné úvodní příručky o: - Novou strukturu tabulky výsledků - Značky úrovně lokusu - Nové umístění funkce historie přiřazení - Funkci sbalit/rozbalit tabulku - Protokol událostí - Typer Manager - Spodní informační panel na řídicím panelu Odstraněn oddíl Omixon HLA Server. Rozčleněn oddíl Instalační příručka doplněním o následující: - Dostupné konfigurace - Desktopové instalace - Instalace samostatného serveru - Průvodce prvním použitím: - Vytvoření prvního uživatele - Připojení k serveru	Marton Pogany

Verze	Datum odsouhlasení	Autor	Přehled změn	Schválil
4.0.0	 09 Aug 2019	Adél Juhász	Přesunutí stránky Systémové požadavky z Úvodu do Instalační příručky a její aktualizace skutečnými hodnotami. Doplňené stránky v Instalační příručce: • Úvod • Instalace klienta • Migrace dat	Marton Pogany
4.0.1	 15 Oct 2019	Adél Juhász	Aktualizace instalační příručky: • Byl odstraněn H2, odkaz je místo toho uveden na MySQL • Byla doplněna konfigurace MySQL • Přímé odkazy na návod k instalaci softwaru byly nahrazeny textovými odkazy Instalační příručka byla v hierarchii stránek posunuta výše, aby předcházela Stručnou úvodní příručce.	Nándor Varga
4.1.0	 09 Jan 2020	Nándor Varga	Aktualizace Stručné úvodní příručky: do seznamu značek byl doplněn symbol antigenu sérologického ekvivalentu. Aktualizace měření výkonu pro Holotype HLA v1 a v2 a jeho přidání pro Holotype HLA v3.	Adél Juhász
4.2.0	 17 Mar 2020	Nándor Varga	Aktualizace měření výkonu pro Holotype HLA v1, v2 a v3.	Mónika Hulita
4.2.2	 01 Jul 2020	Mónika Hulita	Aktualizace měření výkonu pro Holotype HLA v2, v3 a v1 byly odstraněny.	Nándor Varga

Verze	Datum odsouhlasení	Autor	Přehled změn	Schválil
4.3.0	 25 Aug 2020	Krisztina Rigó Mónika Hulita Gábor Schieder	Aktualizace měření výkonu pro Holotype HLA v2, v3 a Omnitype v1 byly přidány. Drobné opravy formulace a formátování. Aktualizace stručné úvodní příručky o: - Settings dashboard (Panel nastavení) – Všeobecné informace – Informace o společnosti Ze stručné úvodní příručky bylo odstraněno: - Settings dashboard (Panel nastavení) – Export Settings section (Sekce nastavení exportu) Ze stručné úvodní příručky bylo odstraněno / jinak rozčleněno: - Settings dashboard (Panel nastavení) – Database section (Sekce databáze) (funkce odstranit databázi již pro uživatele není k dispozici) - Settings dashboard (Panel nastavení) – Administration section (Sekce administrace) (funkce odstranění byla změněna na funkci deaktivace) - Settings dashboard (Panel nastavení) – Screen Settings (nastavení obrazovky) (konfigurace obrazovky výsledků již pro uživatele není k dispozici) Aktualizace uživatelské příručky o: - Desktopová instalace – sekce související s migrací byly odstraněny, snímky obrazovky byly aktualizovány. Rozdělování stránek a odkazy jsou opraveny. - Instalace samostatného serveru – sekce související s migrací byly odstraněny, snímky obrazovky byly aktualizovány. Rozdělování stránek a odkazy jsou opraveny. - Instalace klienta – sekce související s migrací byly odstraněny, snímky obrazovky byly aktualizovány. Rozdělování stránek a odkazy jsou opraveny. - Instalace MySQL – Windows a OSX byly aktualizovány: použijte nejnovější instalační program, snímky obrazovky jsou pouze příklady. - Stránka migrace databáze byla odstraněna. Aktualizace instalační příručky softwaru o: - Desktopová instalace – sekce související s migrací byly odstraněny, snímky obrazovky byly aktualizovány. Rozdělování stránek a odkazy jsou opraveny. - Server (samostatný) – sekce související s migrací byly odstraněny, snímky obrazovky byly aktualizovány. Rozdělování stránek a odkazy jsou opraveny. - Server (distribuovaný) – sekce související s migrací byly odstraněny, snímky obrazovky byly aktualizovány. Rozdělování stránek a odkazy jsou opraveny. - Klient – sekce související s migrací byly odstraněny, snímky obrazovky byly aktualizovány. Rozdělování stránek a odkazy jsou opraveny. - Stránka migrace databáze byla odstraněna. - Přidání nových Typů na stránce HLA Twin Server bylo přesunuto do kapitoly Typy. - Aktualizace ze stránky verze 4.x rozšířena o omezení Omnitype EAP. - Instalace MySQL – Windows a OSX byly aktualizovány: použijte nejnovější instalační program, snímky obrazovky jsou pouze příklady.	Mónika Hulita Gábor Schieder

Verze	Datum odsouhlasení	Autor	Přehled změn	Schválil
4.4.0	 10 Dec 2024	Ákos Botos Mónika Hulita Gábor Schieder Krisztina Rigó	Aktualizace uživatelské příručky o: - Úvod – „Použité obecné symboly“ byl aktualizován - Aktualizace měření výkonu pro Holotype HLA v2, v3 a Omnitype v1 - File Search (Hledání souborů) – Umožňuje vyhledání souborů vzorků a analýz v celé databázi HLA Twin - Hardwarové požadavky – změny RAM Aktualizovat instalační příručky softwaru o: - Hardwarové požadavky – změny RAM Aktualizovat příručku o: - Sekce Exportovat tabulku – text související s formátem souboru XLS byl odstraněn - Je představen přehled s možností skupiny P/G	Mónika Hulita Gábor Schieder

2 Úvod

2.1 Informace o společnosti

Tento produkt vyrábí společnost Omixon Biocomputing Ltd.

Adresa:

H-1117 Budapest
Fehérvári út 50-52.
Maďarsko, EU

Webové stránky: <http://www.omixon.com>

Kontakt na technické oddělení: support@omixon.com¹

Kontakt na obchodní oddělení: sales@omixon.com²

2.2 Použité obecné symboly

V produktu Omixon Twin jsou použity následující symboly (symboly specifické pro Twin naleznete v příslušné kapitole)



- "Conformité Européenne" Evropská shoda



- In vitro diagnostické zdravotnické zařízení



www.omixon.com³ - Přečtěte si návod k použití

2.3 Všeobecné informace

Omixon HLA Twin nabízí dva nezávislé algoritmy ke genotypizaci údajů sekvenování nové generace: statistická genotypizace (Statistical Genotyping – SG) a konsenzuální genotypizace (Consensus Genotyping – CG). Tyto algoritmy byly společně vyvinuty pomocí sekvenační analýzy Omixon Holotype HLA. Tyto dva algoritmy mohou být spuštěny současně a výsledky lze zkoumat v jedné tabulce. Společně s touto velmi přehlednou tabulkou jsou u každého vzorku uvedeny podrobné statistické údaje a opatření týkající se kontroly kvality.

Omixon HLA Twin nabízí časovou licenci, která v daném časovém období umožňuje neomezenou genotypizaci. Pokud máte zájem o nabídku, obraťte se na sales@omixon.com⁴. Zkušební verze obsahuje licenci platnou 90 dní.

Každá softwarová verze je plně podporována po dobu 13 měsíců od svého vydání. Po ukončení podpory softwarové verze, přestanou se do ní implementovat opravy chyb a nebude ověřována novými databázemi IMGT. Důrazně doporučujeme přejít na nejnovější softwarovou verzi před ukončením podpory stávající.

2.4 Technologie sekvenování

Omixon HLA Twin podporuje sekvenční údaje Illumina.

2.5 Princip metody

¹ <mailto:support@omixon.com>

² <mailto:sales@omixon.com>

³ <https://www.omixon.com/>

⁴ <mailto:sales@omixon.com>

2.5.1 Algoritmus konsensuální genotypizace (Consensus Genotyping – CG).

Algoritmus konsensuální genotypizace je zcela novou metodou založenou na sestavování. Metoda assembleru je založena na příjmu dat předfiltrovaných podle genů a založená na databázi IMGT. Výstupem sestavy je jeden nebo více kontigů s tím, že každý kontig sestává z jedné nebo více rozložených oblastí. Generované shodné sekvence se porovnávají se sekvencemi alel v databázi IMGT/HLA a systém vykáže pár(y) alel s minimálním počtem neshod v klíčovém exonech, jiných exonech a neshodách mimo exony. Algoritmus konsensuální genotypizace zobrazuje výsledky genotypizace v plném rozlišení (4 pole).

2.5.2 Algoritmus statistické genotypizace (Statistical Genotyping – SG)

Algoritmus statistické genotypizace je metoda založená na alignmentu. Odečty a páry odečtů jsou zarovnány se všemi exonovými sekvencemi definovanými v databázi IMGT a potom jsou přiděleny alelám s nejvyšším skóre alignmentu. Alely jsou předfiltrovány a spárovány. Páry alel se porovnávají a uspořádávají na základě kombinovaného množství podpůrných odečtů v páru. Systém vykáže všechny páry alel, které jsou na základě výsledků srovnání považovány za stejně dobré. Algoritmus statistické genotypizace zobrazuje výsledky genotypizace na základě exonu (3 pole).

2.5.3 Genotypizace Twin

Genotypizace Twin je kombinací výše popsaných algoritmů CG a SG. Při provádění genotypizace Twin je algoritmus CG spuštěn pro všechny cílové lokusy. Následně je spuštěn algoritmus SG pro lokusy s výsledky CG splňujícími sadu předem definovaných podmínek. Navíc k uživatelem definovaným podmínkám provedení je algoritmus SG naprogramován tak, aby se vždy spustil pro lokusy s novými alelami a nikdy pro lokus HLA-DRB3.

2.6 Předpokládané použití

Omixon HLA Twin je určen k interpretaci údajů sekvenování nové generace (Next Generation Sequencing – NGS) generovaných sekvenátory Illumina při sekvenační analýze Omixon Holotype HLA. Výsledkem je velmi přesná HLA typizace dosahující z jednopřířhodové alely na úroveň 2 pole. Toto programové vybavení poskytuje pomocí dvou nezávislých algoritmů informace o histokompatibilitě lidských genů HLA třídy I (HLA-A, B a C) a třídy II (HLA-DPA1, DPB1, DQA1, DQB1 a DRB1/3/4/5): statistická genotypizace (Statistical Genotyping – SG) a konsensuální genotypizace (Consensus Genotyping – CG). Tyto dva algoritmy mohou být spuštěny současně a shoda mezi algoritmy je zobrazena vždy, pokud jsou prováděny obě metody, vedle výsledku primárního genotypizačního algoritmu. Společně s touto velmi přehlednou tabulkou jsou u každého vzorku uvedeny podrobné statistické údaje a opatření týkající se kontroly kvality.

Programové vybavení Omixon HLA Twin je určeno k in vitro diagnostickému použití odborným zdravotnickým personálem, jako jsou laboratorní technici a lékaři, kteří byli vyškoleni k HLA typizaci v diagnostických laboratořích a pracují v laboratořích akreditovaných EFI nebo ASHI (nebo v laboratořích, které jsou schopny pracovat podle specifikací EFI nebo ASHI). Výsledky vytvořené tímto programovým vybavením se nesmí používat jako jediný základ k přijímání klinických rozhodnutí.

2.7 Varování a opatření

2.7.1 Omezení použití produktu

Algoritmy byly společně vyvinuty a rozsáhle validovány společně se sekvenační analýzou Omixon Holotype HLA. K dosažení nejlepších výsledků se doporučuje používat toto programové vybavení společně s analýzou Omixon Holotype HLA k HLA typizaci prostřednictvím NGS v systému Illumina MiSeq. Používání jakýchkoliv jiných sekvenačních analýz HLA nebo jiných platforem NGS, než jsou výše uvedené, musí být uživatelem důkladně ověřeno a validováno!

Seznam známých omezení testu a algoritmu naleznete v dokumentu Známa omezení produktu!

2.8 Metody ověření a výkonnostní charakteristiky

Níže uvedené statistiky výkonu byly generovány pomocí Omixon HLA Twin verze 4.4.0 (fast mode) a databáze IMGT verze 3.42.0_9.

Výkonnostní opatření byla vypočítána za použití metody popsané Ng a kol. (1993)¹. Výsledky genotypizace byly porovnány s dostupnými referenčními informacemi o genotypizaci na úrovni rozlišení dvou polí.

2.8.1 Holotype HLA v2

Celkem bylo analyzováno 175 vzorků. Sekvenční data byla vygenerována pomocí Holotype HLA verze 2.

Ukazatel	HLA-A	HLA-B	HLA-C	HLA-DPA1	HLA-DPB1	HLA-DQA1	HLA-DQB1	HLA-DRB1	HLA-DRB3	HLA-DRB4	HLA-DRB5
Citlivost	99,71 %	98,57 %	97,71 %	98,56 %	98,57 %	96,26 %	96,57 %	100,00 %	97,90 %	84,62 %	98,27 %
Specifická	99,99 %	99,98 %	99,93 %	99,88 %	99,95 %	99,79 %	99,83 %	100,00 %	99,58 %	94,87 %	99,42 %
Přesnost	99,71 %	98,57 %	97,71 %	98,56 %	98,57 %	96,26 %	96,57 %	100,00 %	97,90 %	84,62 %	98,27 %
Negativní prediktivní hodnota	99,99 %	99,98 %	99,93 %	99,88 %	99,95 %	99,79 %	99,83 %	100,00 %	99,58 %	94,87 %	99,42 %
Správně klasifikovaný typ	99,99 %	99,96 %	99,87 %	99,78 %	99,91 %	99,61 %	99,67 %	100,00 %	99,30 %	92,31 %	99,13 %

2.8.2 Holotype HLA v3

Celkem bylo analyzováno 192 vzorků. Sekvenční data byla vygenerována pomocí Holotype HLA verze 3.0.1.

Ukazatel	HLA-A	HLA-B	HLA-C	HLA-DPA1	HLA-DPB1	HLA-DQA1	HLA-DQB1	HLA-DRB1	HLA-DRB3	HLA-DRB4	HLA-DRB5
Citlivost	98,96 %	97,92 %	98,96 %	96,88 %	94,79 %	96,09 %	96,09 %	97,66 %	99,05 %	96,10 %	97,48 %
Specifická	99,98 %	99,98 %	99,97 %	99,78 %	99,88 %	99,82 %	99,80 %	99,96 %	99,76 %	98,70 %	99,50 %
Přesnost	98,96 %	97,92 %	98,96 %	96,88 %	94,79 %	96,09 %	96,09 %	97,66 %	99,05 %	96,10 %	97,48 %
Negativní prediktivní hodnota	99,98 %	99,98 %	99,97 %	99,78 %	99,88 %	99,82 %	99,80 %	99,96 %	99,76 %	98,70 %	99,50 %
Správně klasifikovaný typ	99,95 %	99,95 %	99,95 %	99,58 %	99,76 %	99,66 %	99,63 %	99,91 %	99,62 %	98,05 %	99,16 %

2.8.3 Omnitype v1

Celkem bylo analyzováno 144 vzorků. Sekvenční data byla vygenerována pomocí Omnitype verze 1.

Ukazatel	HLA-A	HLA-B	HLA-C	HLA-DPA1	HLA-DPB1	HLA-DQA1	HLA-DQB1	HLA-DRB1	HLA-DRB3	HLA-DRB4	HLA-DRB5
Citlivost	98,95 %	98,25 %	98,95 %	98,95 %	99,30 %	98,60 %	99,30 %	95,80 %	97,90 %	97,90 %	99,65 %
Specifická	99,97 %	99,97 %	99,97 %	99,87 %	99,98 %	99,91 %	99,95 %	99,93 %	99,48 %	99,30 %	99,91 %
Přesnost	98,95 %	98,25 %	98,95 %	98,95 %	99,30 %	98,60 %	99,30 %	95,80 %	97,90 %	97,90 %	99,65 %
Negativní prediktivní hodnota	99,97 %	99,97 %	99,97 %	99,87 %	99,98 %	99,91 %	99,95 %	99,93 %	99,48 %	99,30 %	99,91 %
Správně klasifikovaný typ	99,95 %	99,94 %	99,93 %	99,77 %	99,96 %	99,84 %	99,91 %	99,86 %	99,16 %	98,95 %	99,86 %

2.9 Poznámky k verzi

Seznam nových funkcí a oprav chyb naleznete v sekci *Release Notes* na <https://www.omixon.com/support-and-resources/hla-twin/>

2.10 Zdroje

¹Ng J., Nurlay C. K., Baxter-Lowe L. A., Chepak M., Cappe P. A., Hagland J., KaKuraya D., Manes D., Rosner G., Schmeckpaper B., Yang S. Y., Dupont B. a Hartzman R. J. (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 Instalační příručka

3.1 Úvod

3.1.1 Všeobecné informace

Toto je výňatek z *Instalační příručky softwaru*. Pokud v tomto dokumentu nemůžete najít informaci, kterou hledáte, podívejte se do rozšířené *Instalační příručky softwaru*. Pro další informace a pomoc nás kontaktujte na adrese support@omixon.com.⁵

3.1.2 Aktualizace z HLA Twin 3.1.3 nebo nižší verze

Vezměte na vědomí, že proces aktualizace je jiný než obvykle. Pro zajištění bezpečné aktualizace bez ztráty dat věnujte čas přečtení kapitoly v *Instalační příručce*, která je pro vás relevantní.

3.2 Dostupné konfigurace

3.2.1 Všeobecné informace

Tato kapitola vysvětluje tři možné konfigurace, které mohou být v HLA Twin použity. Každá z nich je vhodná pro laboratoře s různými výkony.

Každá konfigurace vyžaduje databázový server MySQL 8 instalovaný lokálně nebo vzdáleně.

Tato Uživatelská příručka obsahuje pokyny pro instalaci možností Desktop a samostatný Server a rovněž Client. Pro podrobné informace o instalaci možnosti distribuovaný Server si prostudujte rozšířenou *Instalační příručku softwaru*.

3.2.2 Desktop

- Vhodná pro menší laboratoře
- Vždy může být přihlášen jen jeden uživatel
- Vždy může být analyzován jen jeden vzorek.

Software je spuštěn na jednom počítači, uživatelé musí sdílet stejný počítač, aby mohli pracovat s tímto softwarem. HLA Twin má vlastní systém správy uživatelů, takže nezáleží na tom, kdo je přihlášen do Windows a uživatel může pracovat pod svou vlastní identitou v HLA Twin (je to důležité pro audit, pracovní postup a funkce komentování). Pokud je stejný software instalován na jiném počítači, tyto dvě části softwaru nemohou komunikovat, takže zmíněné uživatelské informace nejsou k dispozici. Tuto možnost nedoporučujeme.

⁵ <mailto:support@omixon.com>.

3.2.3 Server (samostatný)

- Vhodná pro laboratoře se středním výkonem
- **Současně může pracovat více uživatelů**
- Vždy může být analyzován jen jeden vzorek.

HLA Twin Server (samostatný):

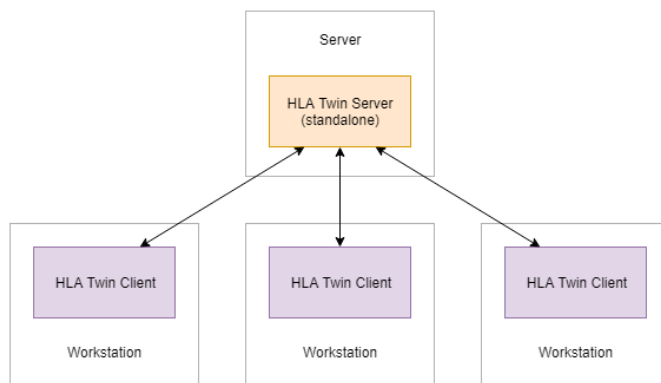
- Provádí analýzy vzorků
- Připravuje informace pro HLA Twin Client
- Uchovává veškerá uživatelská data

HLA Twin Client

- Ovládá HLA Twin Server
- Zobrazuje to, co mu HLA Twin Server posílá
- Jedná se o „prázdné prostředí“

K serveru HLA Twin Server se může současně připojit více instancí softwaru HLA Twin Client.

Licence je vázána na HLA Twin Server, takže počet klientů HLA Twin Client není omezen.



3.2.4 Server (distribuovaný)

- Vhodná pro laboratoře se vysokou propustností
- Současně může pracovat více uživatelů
- **Současně je možné analyzovat více vzorků (v závislosti na počtu relací Typer)**

HLA Twin Server (distribuovaný):

- **Neprovádí** analýzy vzorků
- Ovládá instance HLA Twin Typer
- Připravuje informace pro HLA Twin Client
- Uchovává veškerá uživatelská data

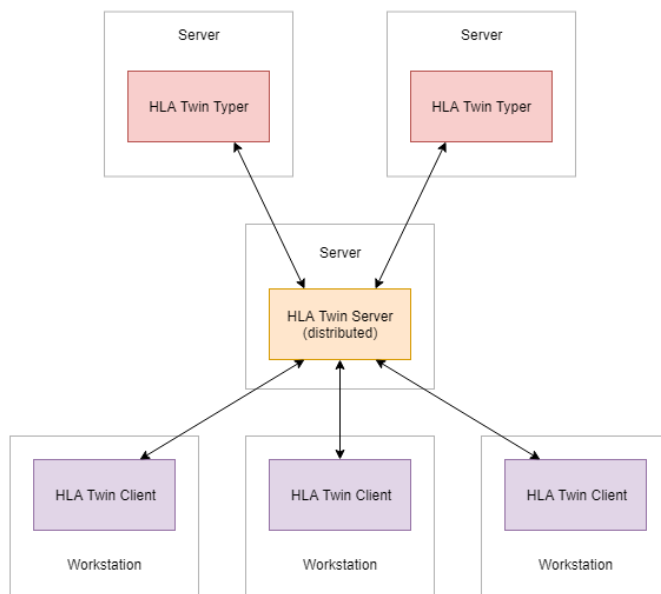
HLA Twin Typer:

- Provádí analýzy vzorků
- Odesílá výsledky analýz na HLA Twin Server

HLA Twin Client

- Ovládá HLA Twin Server
- Zobrazuje to, co mu HLA Twin Server posílá
- Jedná se o „prázdné prostředí“

K jednomu serveru HLA Twin Server může být připojeno více relací HLA Twin Typer. HLA Twin Server a instance HLA Twin Typer mohou být spuštěny na stejném serveru.



3.3 Systémové požadavky

HLA Twin Desktop

- **PROCESOR:** 64bitový CPU s nejméně 4 fyzickými jádry (8 vláken nebo vCPU)
- **OS:** Jakýkoli 64bitový operační systém
- **RAM:** Nejméně 12 GB pro software, doporučeno je 16 GB
- **Video:** Grafická karta kompatibilní s OpenGL 2.0

HLA Twin Client

- **PROCESOR:** 64bitový CPU s nejméně 2 fyzickými jádry (doporučena jsou 4)
- **OS:** Jakýkoli 64bitový operační systém
- **RAM:** Nejméně 4 GB pro software, doporučeno je 6 GB
- **Video:** Grafická karta kompatibilní s OpenGL 2.0
- **Sít:** Připojení nejméně 100/1000 Mb/s

HLA Twin Server (samostatný)

- **PROCESOR:** 64bitový CPU s nejméně 4 fyzickými jádry (8 vláken nebo vCPU)
- **OS:** Jakýkoli 64bitový operační systém (OSX není podporovaný)
- **RAM:** Nejméně 18 GB pro software, doporučeno je 26,5 GB
- **Sít:** Připojení nejméně 100/1000 Mb/s
- **Video:** Grafická karta kompatibilní s OpenGL 2.0 (**volitelná***)

HLA Twin Server (distribuovaný)

- **PROCESOR:** 64bitový CPU s nejméně 4 fyzickými jádry (8 vláken nebo vCPU)
- **OS:** Jakýkoli 64bitový operační systém (OSX není podporovaný)
- **RAM:** Nejméně 6 GB pro software, doporučeno je 8 GB
- **Sít:** Připojení nejméně 100/1000 Mb/s
- **Video:** Grafická karta kompatibilní s OpenGL 2.0 (**volitelná***)

HLA Twin Typer (distribuovaný)

- **PROCESOR:** 64bitový CPU s nejméně 4 fyzickými jádry (8 vláken nebo vCPU)
- **OS:** Jakýkoli 64bitový operační systém
- **RAM:** Nejméně 16 GB pro software, doporučeno je 22 GB
- **Sít:** Připojení nejméně 100/1000 Mb/s
- **Video:** Grafická karta kompatibilní s OpenGL 2.0 (**volitelná***)

**The Twin Graphical User Interface (Grafické uživatelské prostředí Twin) (Client nebo Desktop) vyžaduje pro vizualizaci hardware a ovladač kompatibilní s OpenGL 2.0, takže pokud chcete používat grafické rozhraní na počítači serveru, je třeba mít hardware a ovladač kompatibilní s OpenGL 2.0.*

Úložný prostor

Požadavky na úložný prostor závisí na velikosti vzorků a musí se vypočítat s ohledem na zákonné požadavky týkající se ukládání dat, minimální úroveň zálohování a redundance, a také na očekávaný roční objem. Společnost Omixon Vám může s výpočtem požadavků na úložný prostor pomoci. Pokud potřebujete jakoukoliv pomoc, obraťte se na support@omixon.com⁶.

3.4 Instalace MySQL

Všechny verze HLA Twin spoléhají na externí databázi **MySQL 8**, kterou je třeba nastavit před instalací HLA Twin. Toto je nové zlepšení HLA Twin, které poskytuje robustnější a lépe reagující uživatelské prostředí.

Před instalací HLA Twin postupujte podle pokynů v této kapitole.

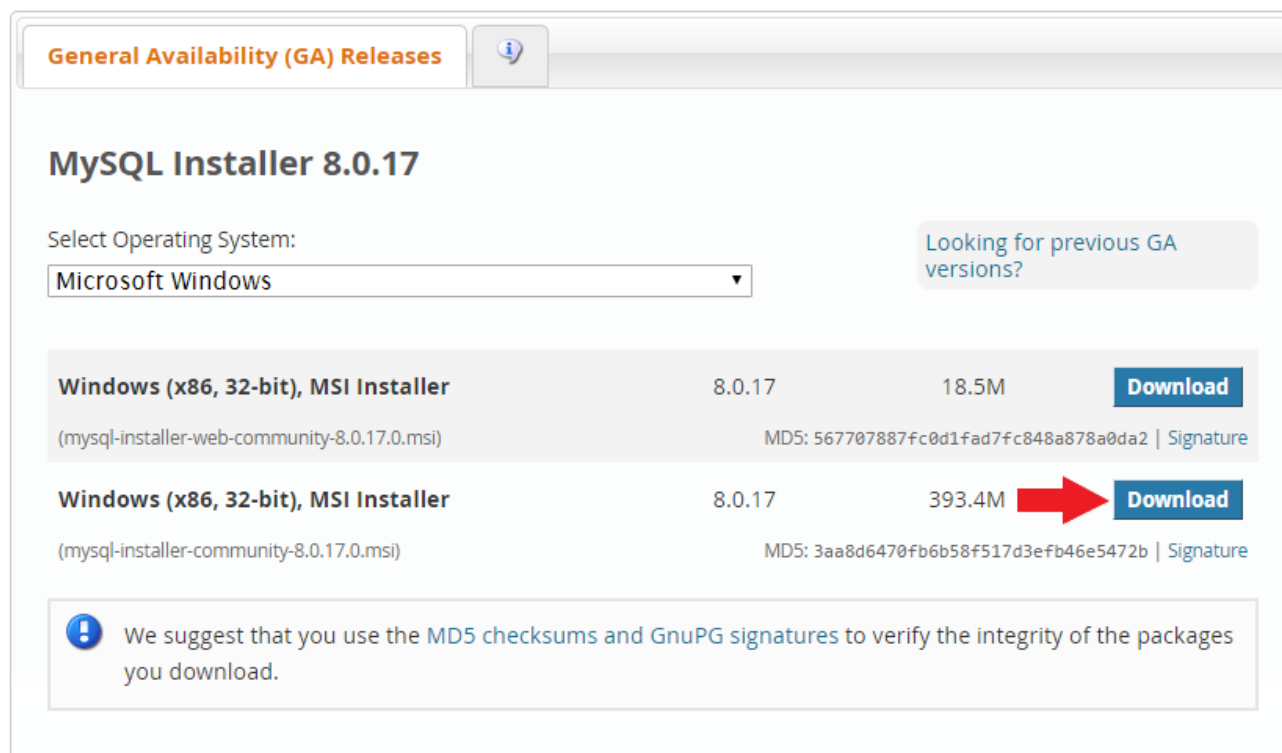
⁶ <mailto:support@omixon.com>

3.4.1 Windows

Pokud máte ve svém prostředí stávající server **MySQL 8**, který chcete používat, postupujte podle kapitoly [Konfigurace stávající databáze MySQL](#) (see page 30). Doporučujeme používat lokální instanci MySQL pro uživatele HLA Twin Desktop.

Dodržujte následující kroky pro stažení a instalaci MySQL 8 pro Windows.

1. Přejděte na <https://dev.mysql.com/downloads/installer/>
2. Stáhněte si aktuální verzi balíčku „Windows (x86, 32-bit), MSI Installer“. Například:



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

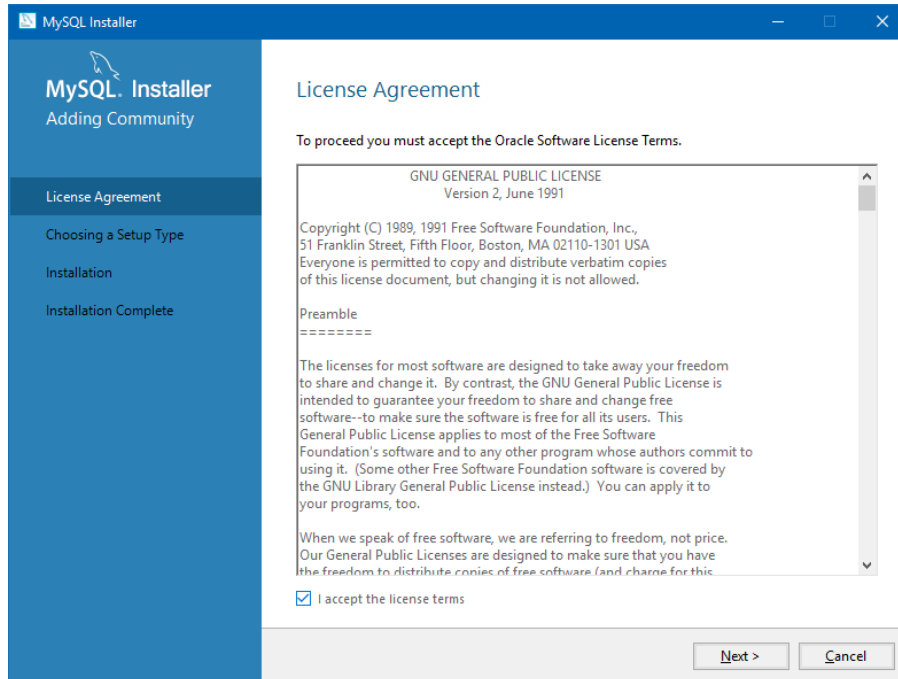
MD5: 567707887fc0d1fad7fc848a878a0da2 | [Signature](#)

MD5: 3aa8d6470fb6b58f517d3efb46e5472b | [Signature](#)

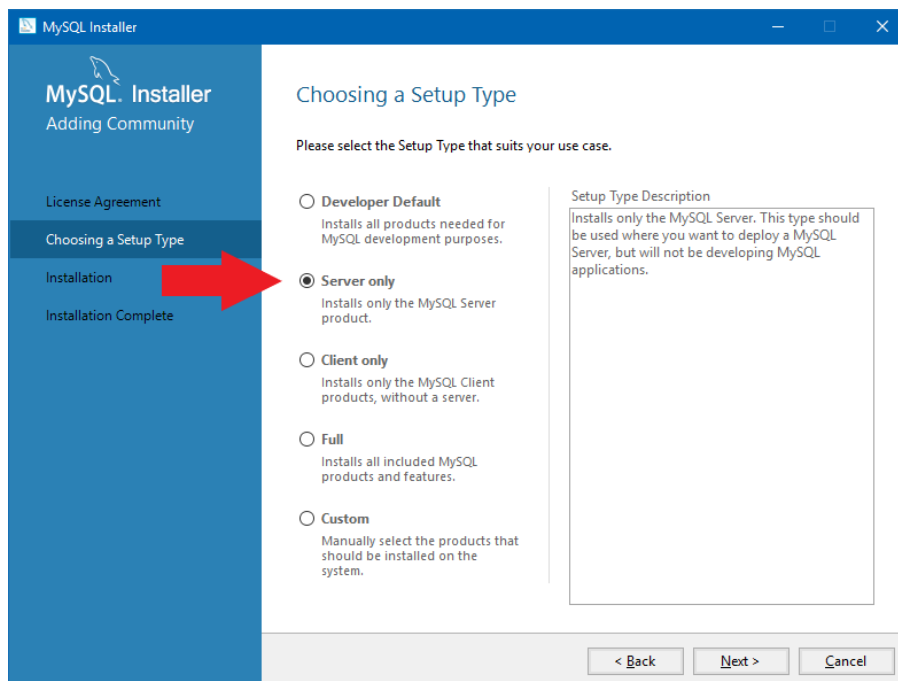
 We suggest that you use the [MD5 checksums](#) and [GnuPG signatures](#) to verify the integrity of the packages you download.

3. Po stažení spusťte instalační program.

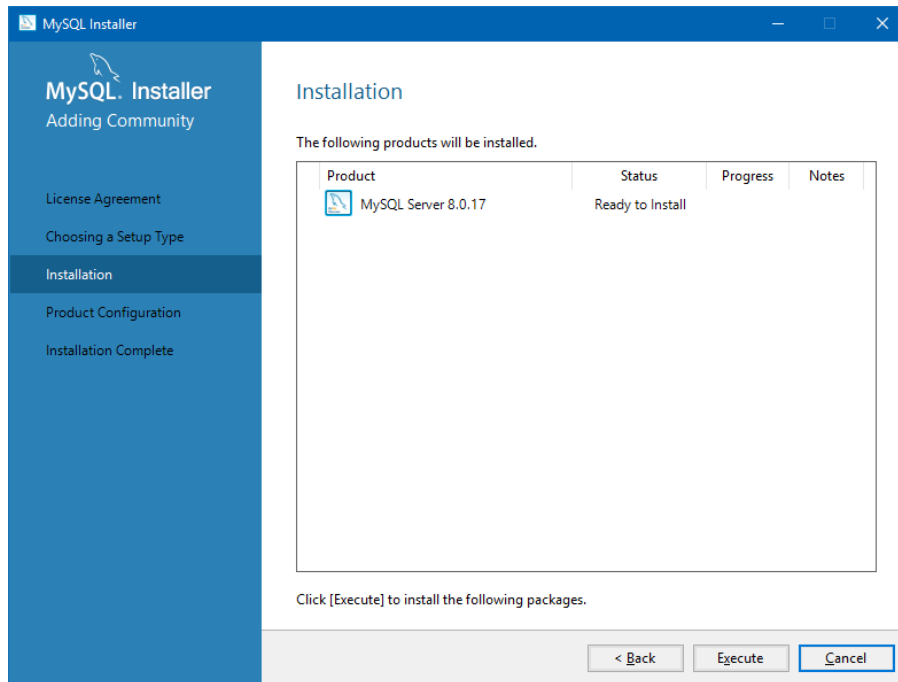
4. Přijměte licenční smlouvu a klikněte na tlačítko „Next“ (Další).



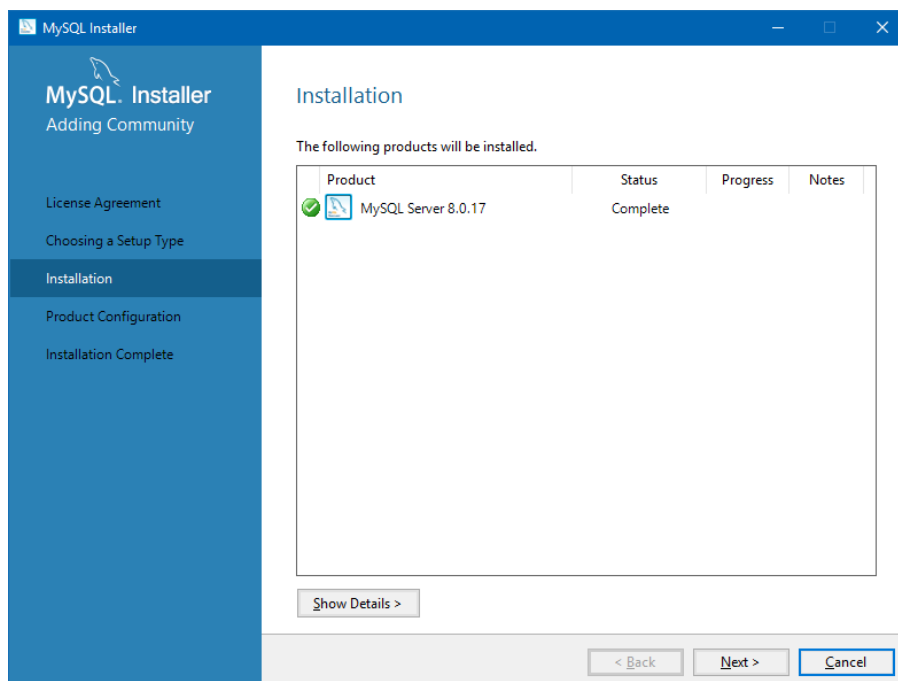
5. Vyberte „Server only“ (Pouze server) a klikněte na tlačítko „Next“ (Další).



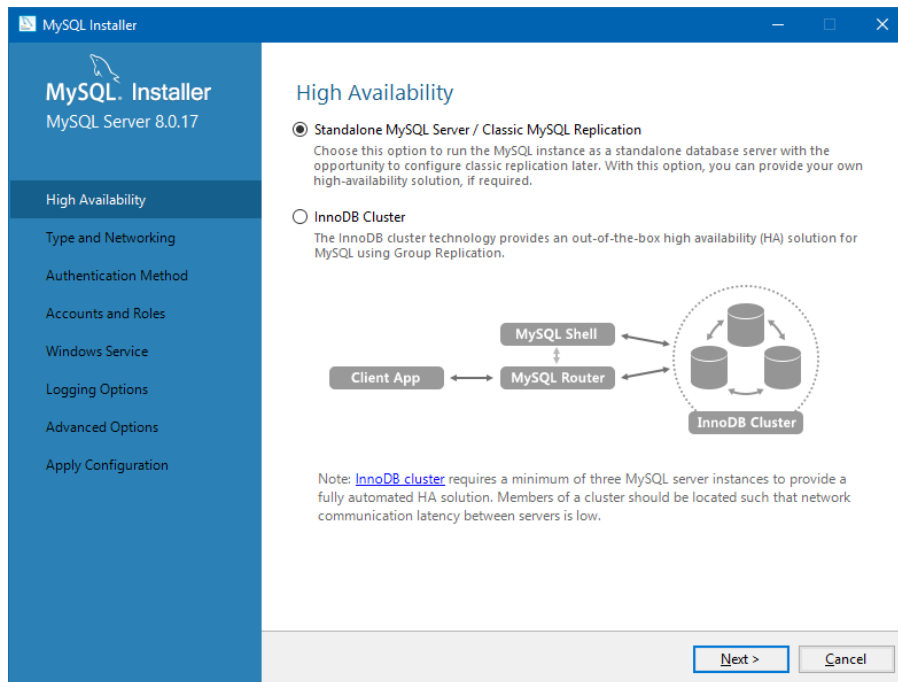
6. Klikněte na „Execute“ (Provést) (vezměte na vědomí, že instalační program může zobrazovat zprávu, že MySQL Server není ve stavu „Ready to Install“ (Připraven k instalaci). Klikněte na ni, abyste zjistili, jak tento problém vyřešit)



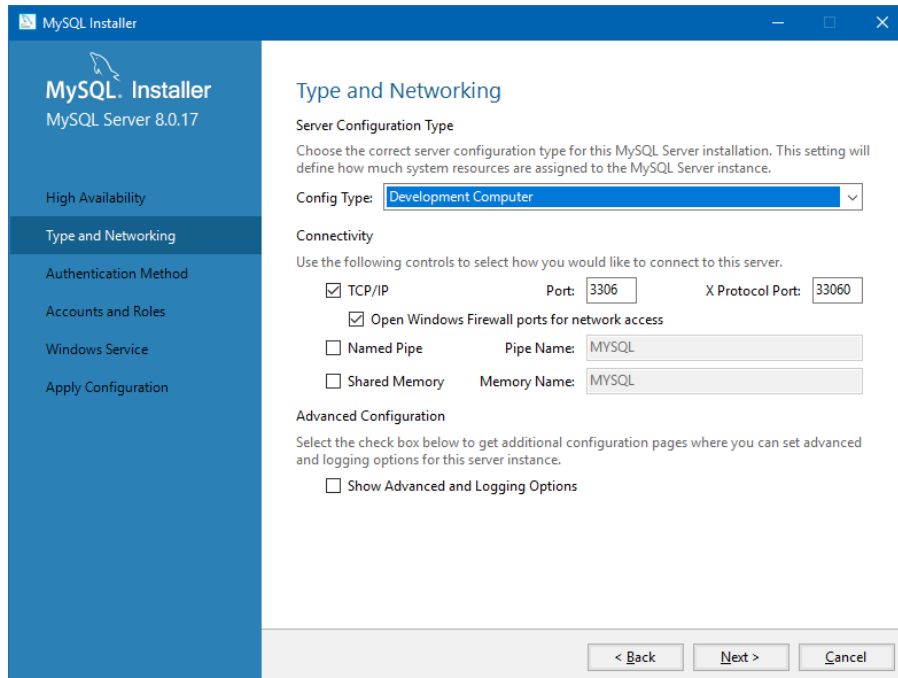
7. Po dokončení instalace se vedle ikony MySQL zobrazí zelený znak zatržení. Klikněte na „Next“ (Další) a po zobrazení okna „Product Configuration“ (Konfigurace produktu) znovu klikněte na tlačítko „Next“ (Další).



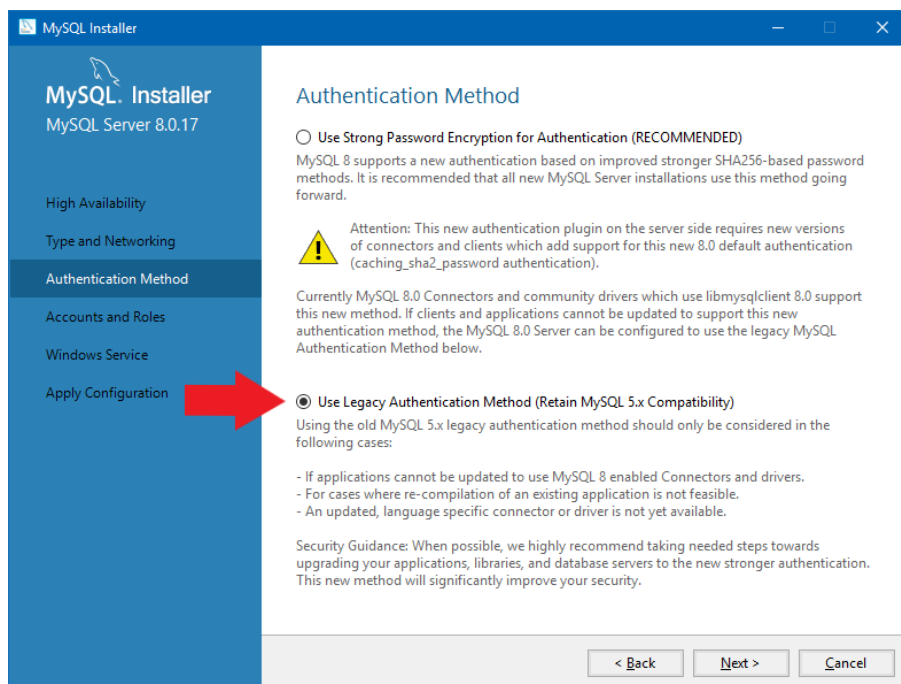
8. Vyberte výchozí možnost „Standalone MySQL Server / Classic MySQL Replication“ (Samostatný server MySQL / klasická replikace MySQL) a klikněte na tlačítko „Next“ (Další).



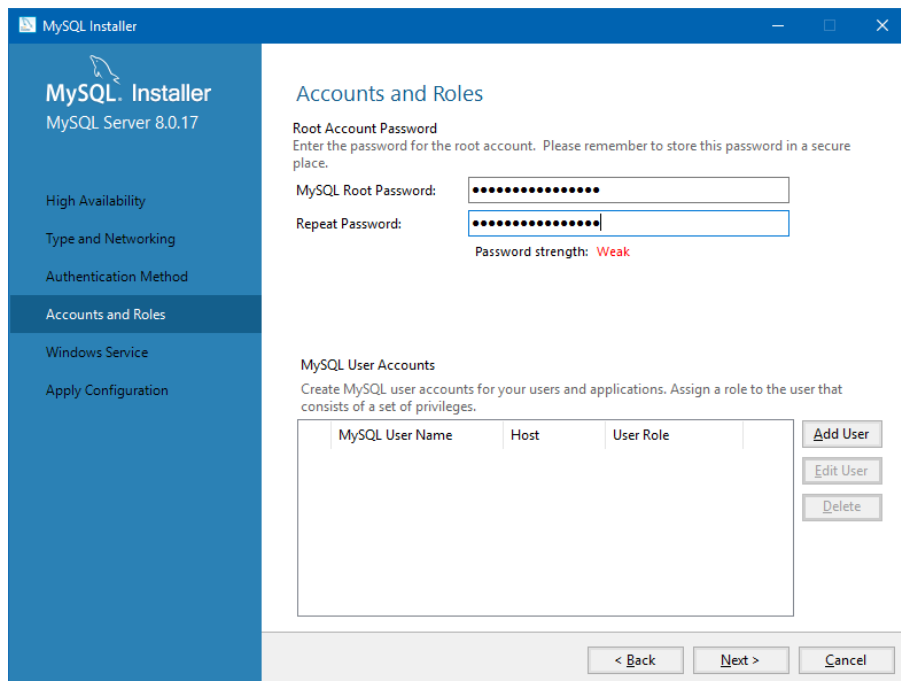
9. Na stránce „Type and Networking“ (Typ a práce v síti) použijte výchozí hodnoty a klikněte na „Next“ (Další).



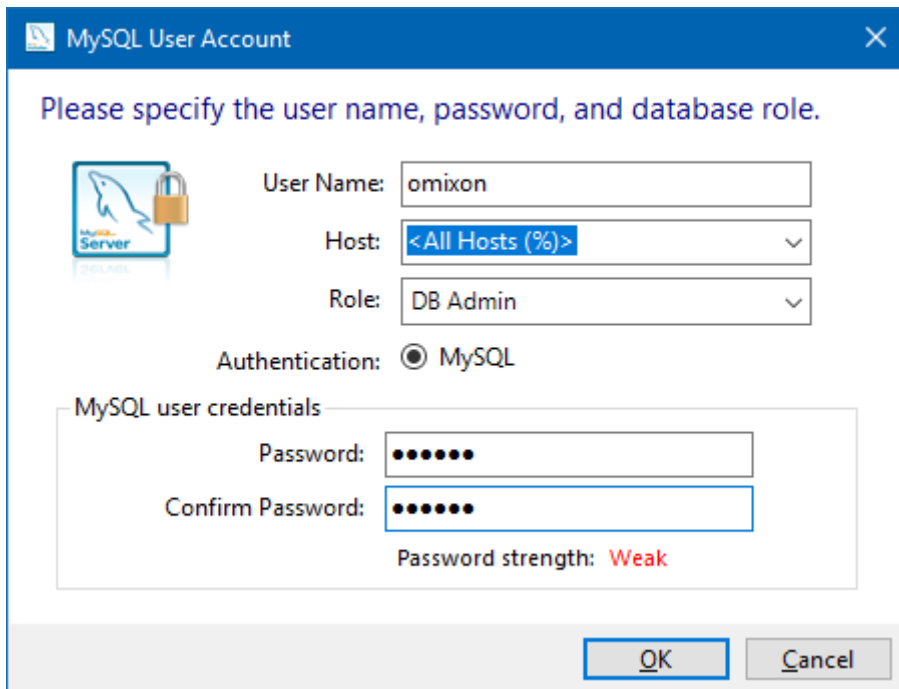
10. Vyberte „Use Legacy Authentication Method (Retain MySQL 5.x Compatibility)“ (Použít starší metodu ověřování (zachovat kompatibilitu s MySQL 5.x)), potom klikněte na „Next“ (Další).



11. Specifikujte kořenové heslo MySQL (**toto heslo si poznamenejte**), potom klikněte na „Add User“ (Přidat uživatele).



12. Jako uživatelské jméno **a heslo** zadejte „omixon“, potom klikněte na „Ok“ a „Next“ (Další).

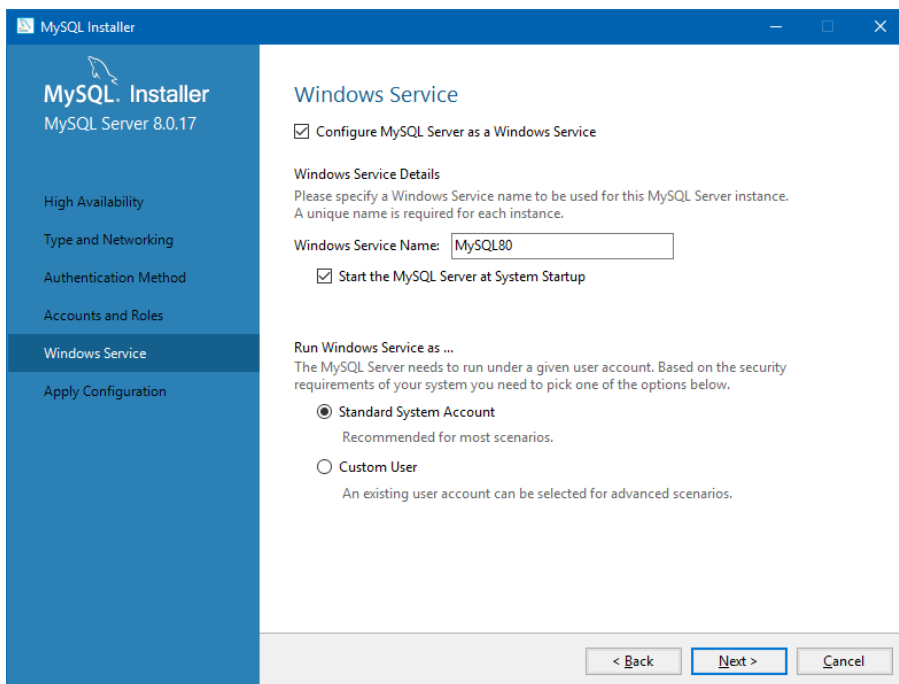


The dialog box is titled "MySQL User Account". It contains the following fields and options:

- User Name:** omixon
- Host:** <All Hosts (%)>
- Role:** DB Admin
- Authentication:** ☒ MySQL
- MySQL user credentials:**
 - Password:** [masked with dots]
 - Confirm Password:** [masked with dots]
 - Password strength:** Weak

Buttons: OK, Cancel

13. Použijte výchozí hodnoty a klikněte na „Next“ (Další) a potom na „Execute“ (Provést).



The screen is titled "MySQL Installer" and shows the "Windows Service" configuration step for MySQL Server 8.0.17. The left sidebar lists the installation steps: High Availability, Type and Networking, Authentication Method, Accounts and Roles, Windows Service (selected), and Apply Configuration.

Windows Service

- ☒ 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: MySQL80

- ☒ Start the MySQL Server at System Startup

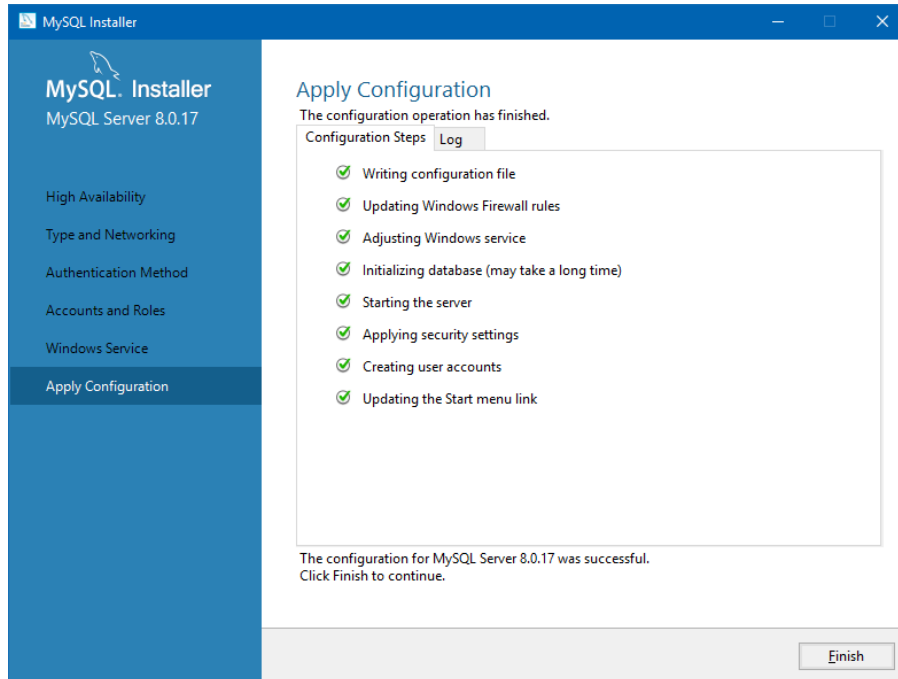
Run Windows Service as ...

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.

Buttons: < Back, Next >, Cancel

14. Po dokončení konfigurace klikněte na tlačítko „Finish“ (Dokončit), potom na tlačítko „Next“ (Další) a znovu „Finish“.



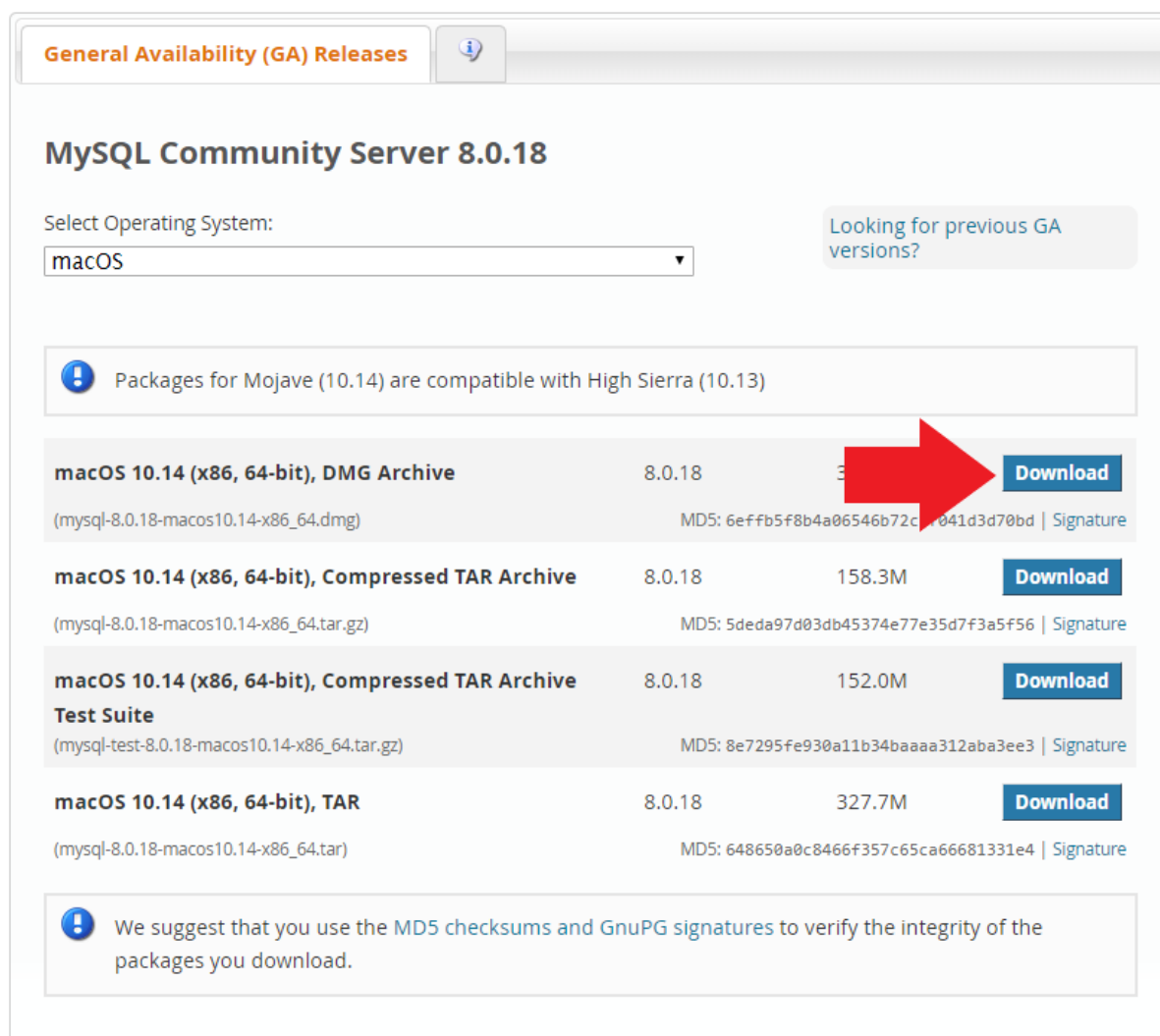
Server MySQL je nyní nakonfigurován správně. Můžete pokračovat v instalaci HLA Twin.

3.4.2 OSX

Pokud máte ve svém prostředí stávající server **MySQL 8**, který chcete používat, postupujte podle kapitoly [Konfigurace stávající databáze MySQL](#) (see page 30). Doporučujeme používat lokální instanci MySQL pro uživatele HLA Twin Desktop.

Chcete-li stáhnout a nainstalovat MySQL 8 pro OSX, postupujte dle následujících kroků.

1. Přejděte na <https://dev.mysql.com/downloads/mysql/>
2. Stáhněte aktuální verzi balíčku „macOS 10.14 (x86, 64-bit), DMG Archive“. Například:



General Availability (GA) Releases

MySQL Community Server 8.0.18

Select Operating System:
macOS

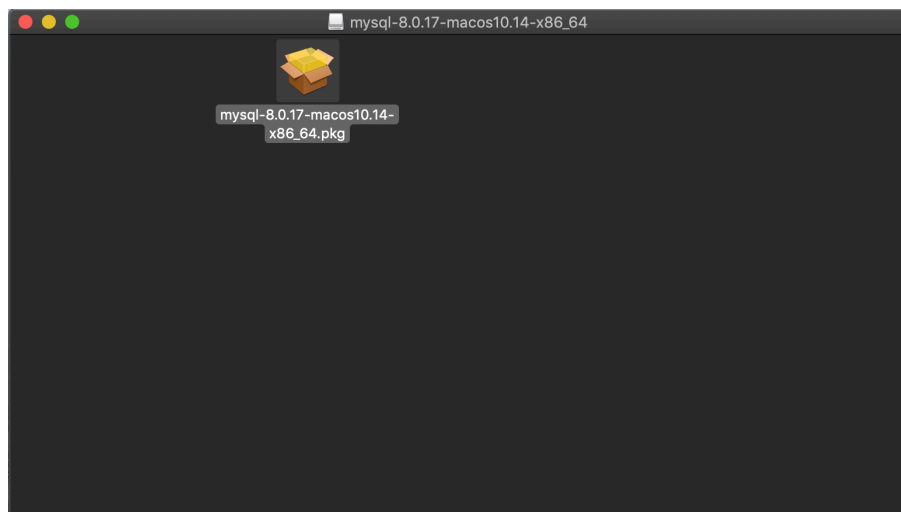
[Looking for previous GA versions?](#)

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

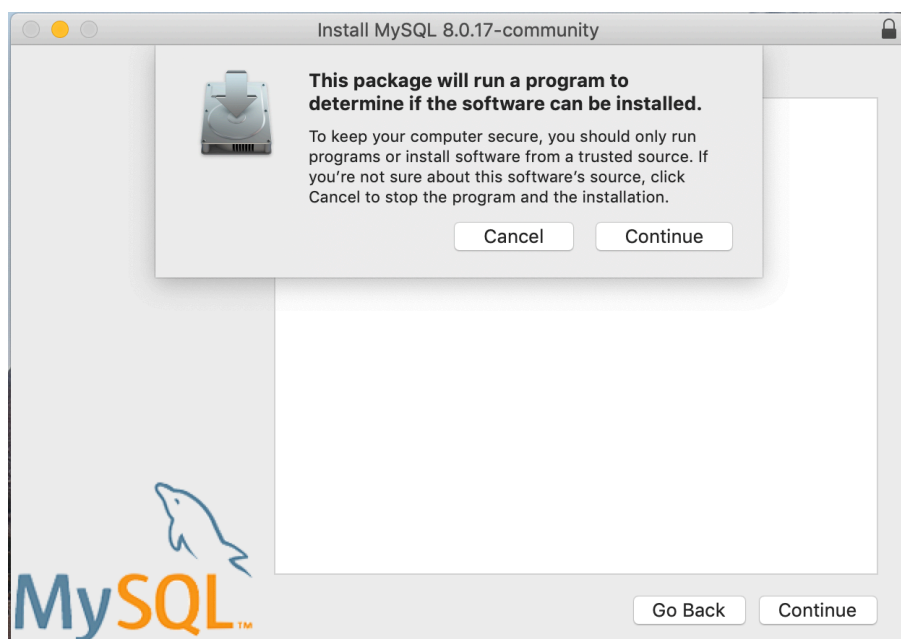
macOS 10.14 (x86, 64-bit), DMG Archive (mysql-8.0.18-macos10.14-x86_64.dmg)	8.0.18	327.7M	Download
MD5: 6effb5f8b4a06546b72c1041d3d70bd Signature			
macOS 10.14 (x86, 64-bit), Compressed TAR Archive (mysql-8.0.18-macos10.14-x86_64.tar.gz)	8.0.18	158.3M	Download
MD5: 5deda97d03db45374e77e35d7f3a5f56 Signature			
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.

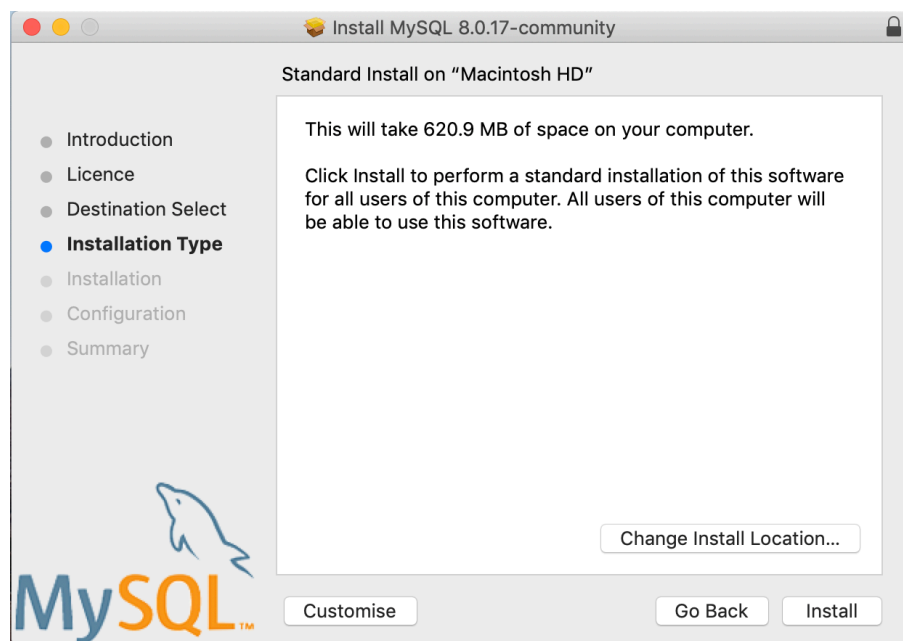
3. Po stažení otevřete archiv DMG a otevřete v něm soubor PKG.



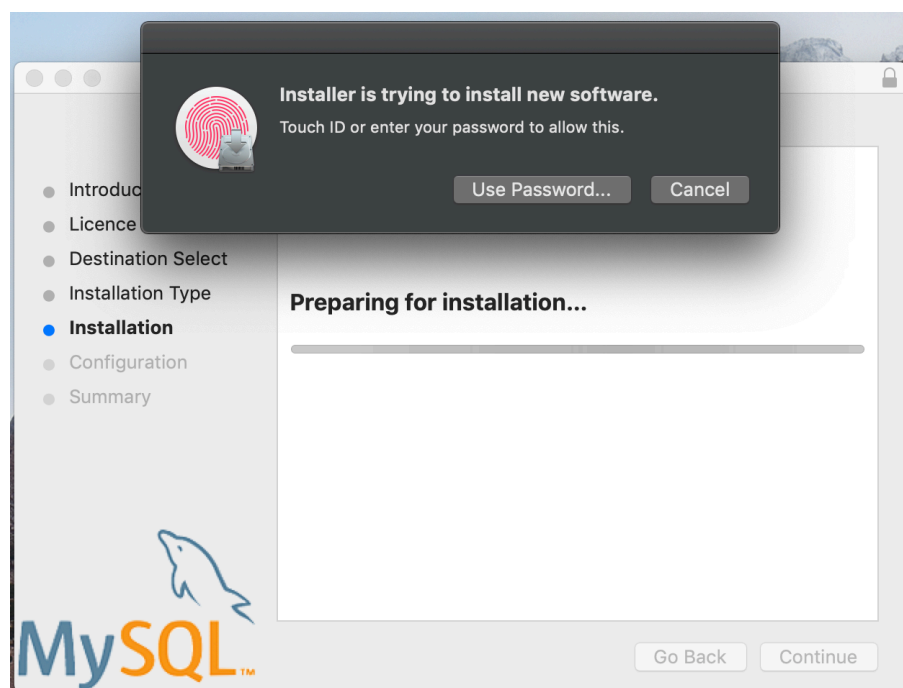
4. Pokud uvidíte tuto zprávu, vyberte „Continue“ (Pokračovat).



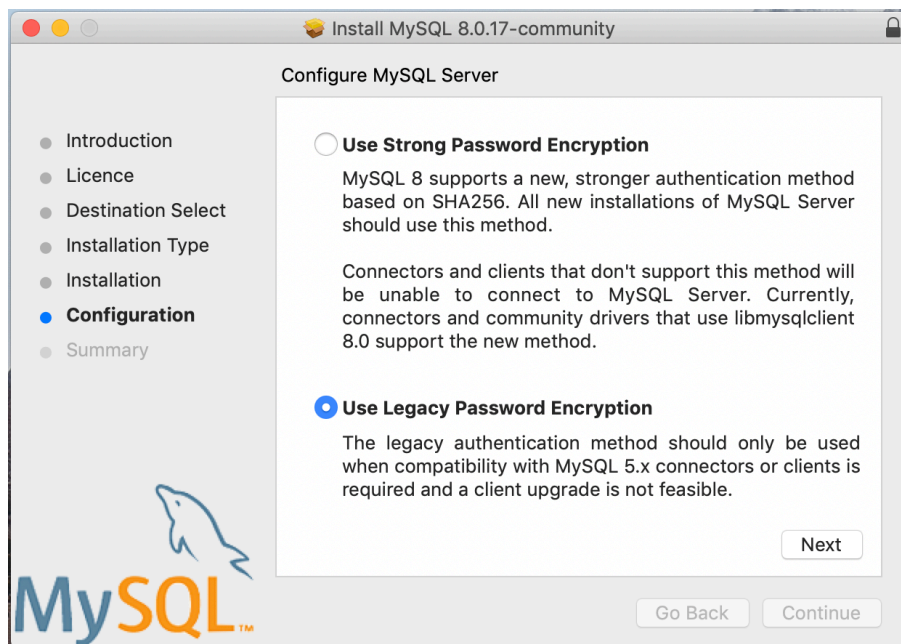
5. Když projdete úvodem a licencí, klikněte v okně „Installation Type“ (Typ instalace) na tlačítko „Install“ (Nainstalovat).



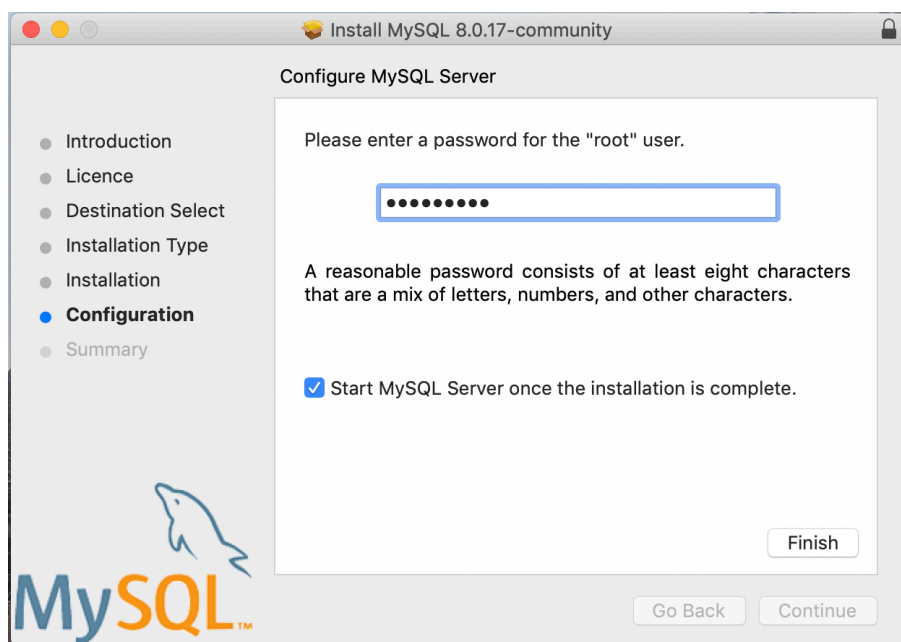
6. OSX může pro pokračování vyžadovat ověření.



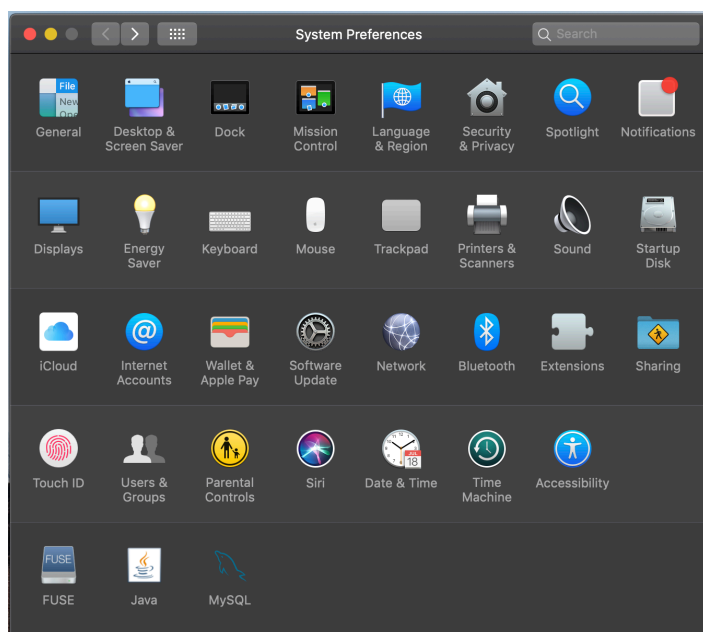
7. Vyberte „Use Legacy Password Encryption“ (Použít starší šifrování hesel) a klikněte na Next (Další).



8. Specifikujte kořenové heslo MySQL (**toto heslo si poznamenejte**), ujistěte se, že je nastaveno „Start MySQL Server once the installation is complete“ (Spustit server MySQL po dokončení instalace) a klikněte na „Finish“ (Dokončit).



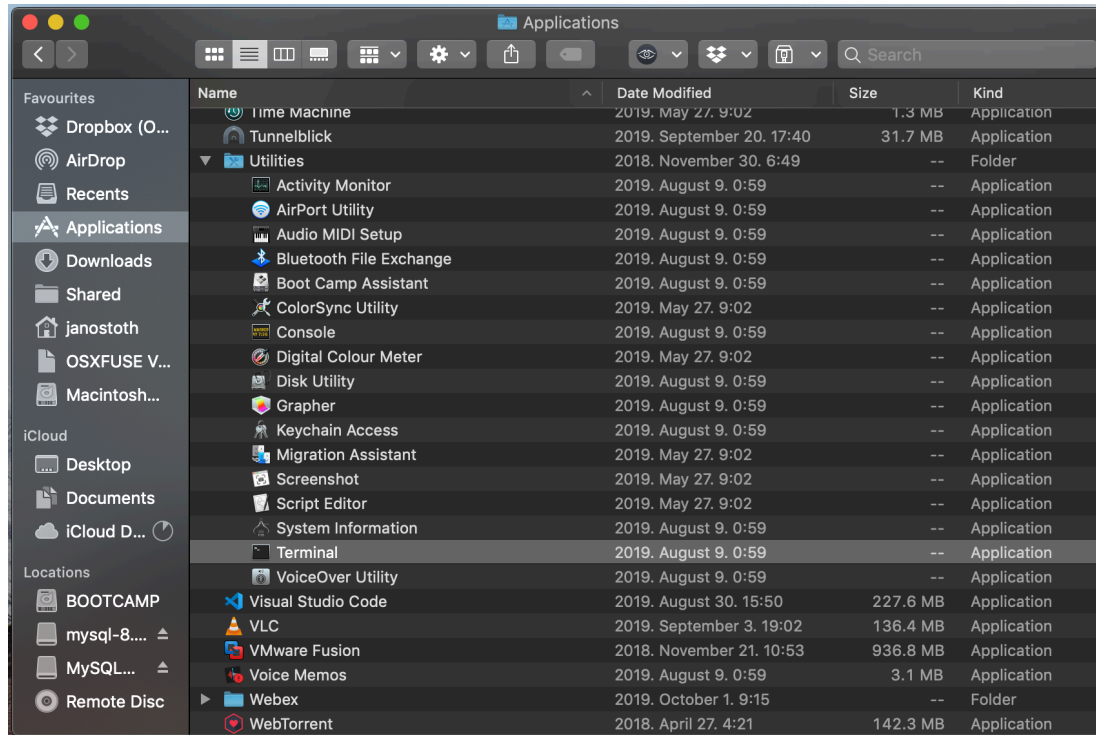
9. Po provedení instalace otevřete System Preferences (Předvolby systému) (nabídka Apple vlevo nahoře, možnost System Preferences). Otevřete MySQL ve spodním řádku.



10. Ujistěte se, že je server MySQL spuštěný (zelená tečka vedle něj v seznamu vlevo) a že je zaškrtnuto políčko „Start MySQL when your computer starts up“ (Spustit MySQL při spuštění počítače) vpravo.



11. Pokud je vše v pořádku, zavřete toto okno a otevřete Terminal v OSX (Finder – Applications – Utilities).



12. Postupně spusťte následující příkazy:

- `cd /usr/local/mysql/bin`
- `./mysql -u root -p`
- Zadejte kořenové heslo MySQL nastavené v instalačním programu
- `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$
```

Pokud výstup vypadá stejně jako na snímku obrazovky, vše je nastaveno správně. Nyní můžete pokračovat instalací HLA Twin.

3.4.3 Linux

Pokud máte ve svém prostředí stávající server **MySQL 8**, který chcete používat, postupujte podle kapitoly [Konfigurace stávající databáze MySQL](#) (see page 30). Doporučujeme používat lokální instanci MySQL pro uživatele HLA Twin Desktop.

Protože je pro Linux k dispozici spousta repozitářů s různými balíčky MySQL, obsahuje tento dokument pouze seznam nastavení, která musíte během konfigurace vyhledat:

- HLA Twin funguje pouze s verzí MySQL 8
- MySQL musí používat šifrování hesel Legacy Password Encryption
- Je možné, že bude nutné změnit zásady hesel v MySQL, aby bylo umožněno připojení HLA Twin

Po nainstalování serveru MySQL 8 nezapomeňte pomocí následujících příkazů zadaných v terminálu vytvořit nového uživatele se jménem omixon:

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;`

Po nastavení serveru MySQL pokračujte instalací HLA Twin.

3.5 Konfigurace stávající databáze MySQL

HLA Twin Server umožňuje ukládat své interní databáze (obsahující uživatelská data, referenční databáze a informace o auditech) do již existující databáze **MySQL 8**. Díky tomu není pro HLA Twin nutné nastavovat samostatný server MySQL.

Vezměte prosím na vědomí, že odezva uživatelského rozhraní HLA Twin závisí na rychlosti sítě mezi MySQL a HLA Twin.

Váš server MySQL musí pro HLA Twin používat šifrování hesel **Legacy Password Encryption**, aby s ním mohl být propojený.

Ve stávající databázi musíte vytvořit nového uživatele, aby ji HLA Twin mohl využívat. Provedete to spuštěním následujících příkazů:

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

Nyní bude moci HLA Twin vytvořit vlastní databázi v MySQL.

3.6 Desktopové instalace

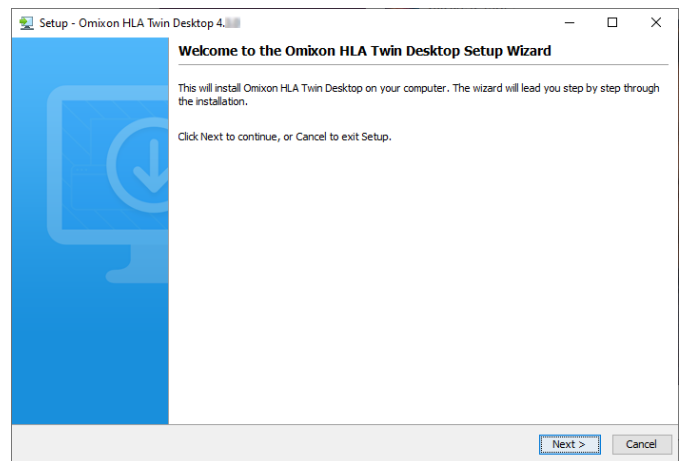
3.6.1 Aktualizace z HLA Twin 3.1.3 nebo nižší verze

- Nebudete moci aktualizovat předchozí verzi HLA Twin 3.1.3 Desktop, jako to bylo možné v předchozích verzích. Instalační program navíc neumožňuje nainstalovat nový HLA Twin do stejné složky, ve které byla nainstalována starší verze.
- Pokud chcete provést migraci interní databáze předchozí instalace Twin, abyste uchovali svá uživatelská data a informace o auditech, kontaktujte nás na support@omixon.com⁷. Zajistíme online relaci, ve které přemigrujeme předchozí databázi do MySQL.
- Po úspěšné instalaci (a případně migraci) můžete odinstalovat předchozí verze HLA Twin Desktop ze svého počítače.

3.6.2 Instalace HLA Twin Desktop

Nejprve musíte nainstalovat databázový server MySQL 8, abyste mohli nainstalovat HLA Twin! Více informací naleznete v kapitole *Instalace MySQL*.

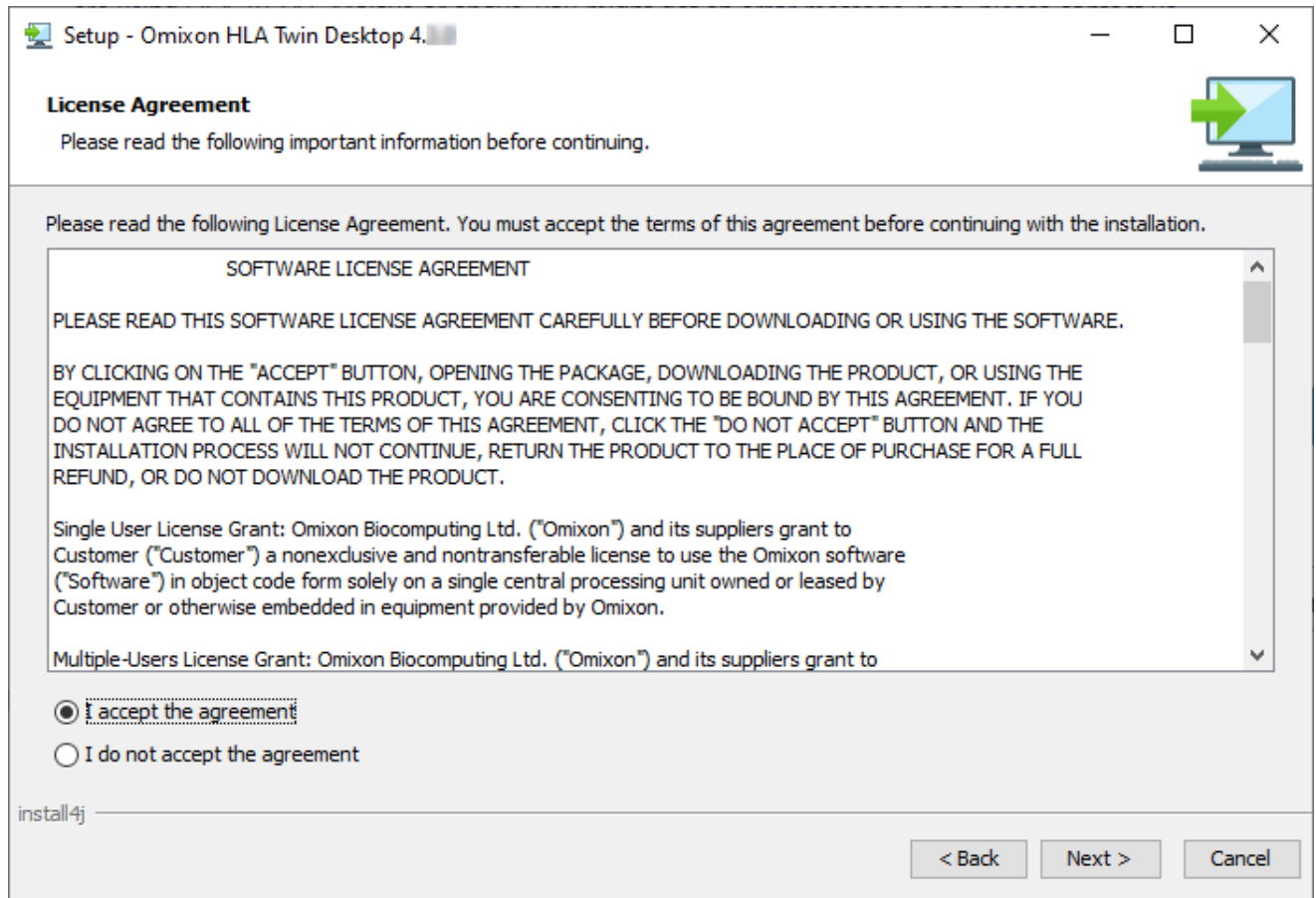
1. Tento krok závisí na operačním systému, který používáte.
 - **Uživatelé Windows:** Otevřete instalační program (omixon_hla_twin_XXX_windows-x64_with_jre-**desktop**.exe).
 - **Uživatelé Linuxu:** Otevřete okno terminálu, získejte oprávnění k instalačnímu programu (chmod +x omixon_hla_twin_XXX_unix_with_jre-**desktop**.sh), potom instalační program spusťte.
 - **Uživatelé OSX:** Otevřete instalační program (omixon_hla_twin_XXX_macos_with_jre-**desktop**.dmg) (pokud používáte OSX 10.14.6 Mojave nebo vyšší, může se vám zobrazit chybová zpráva. V takovém případě nás kontaktujte na adrese support@omixon.com⁸).



⁷ <mailto:support@omixon.com>

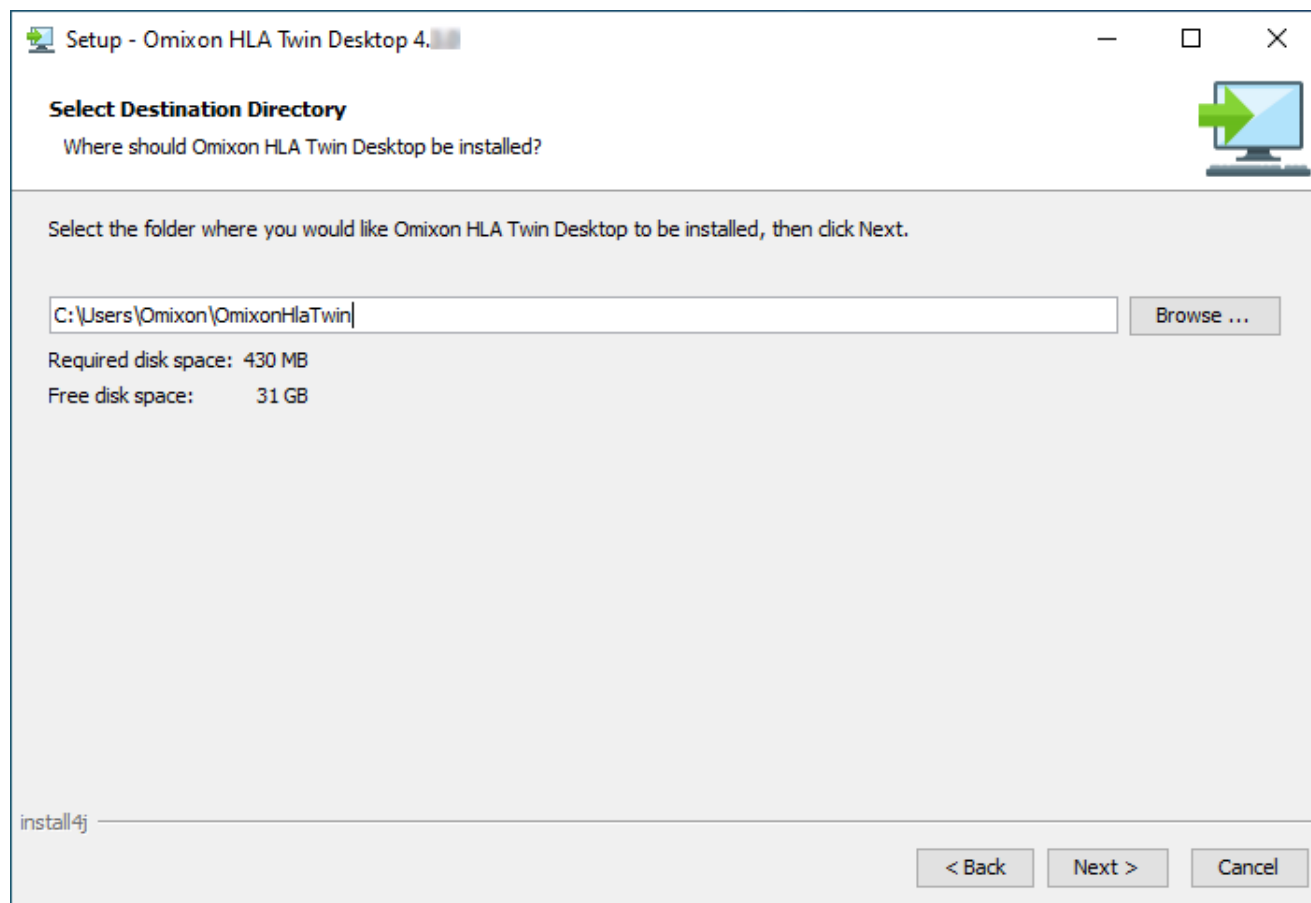
⁸ <mailto:support@omixon.com>

2. Přijměte licenční smlouvu.

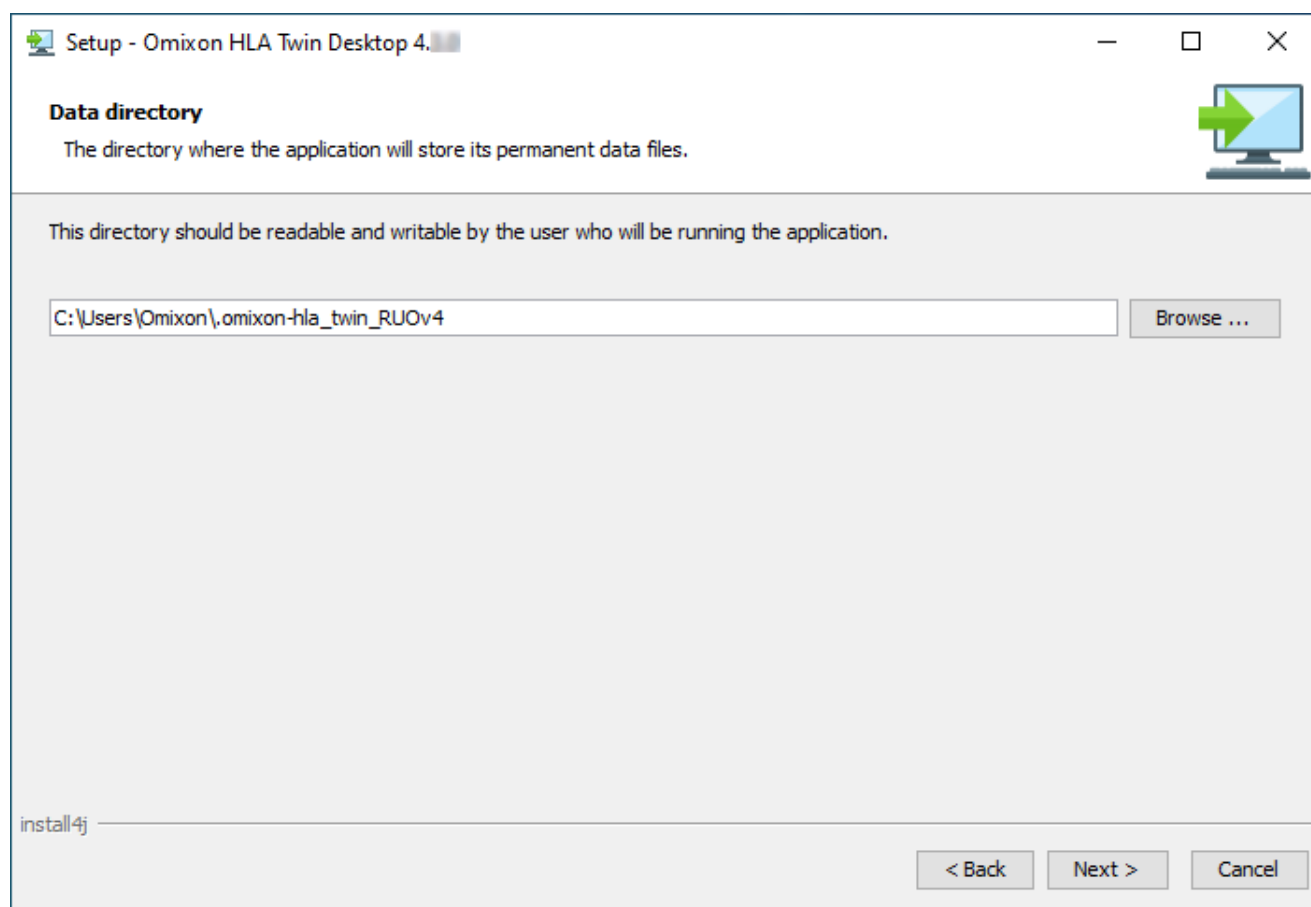


3. Vyberte instalační složku.

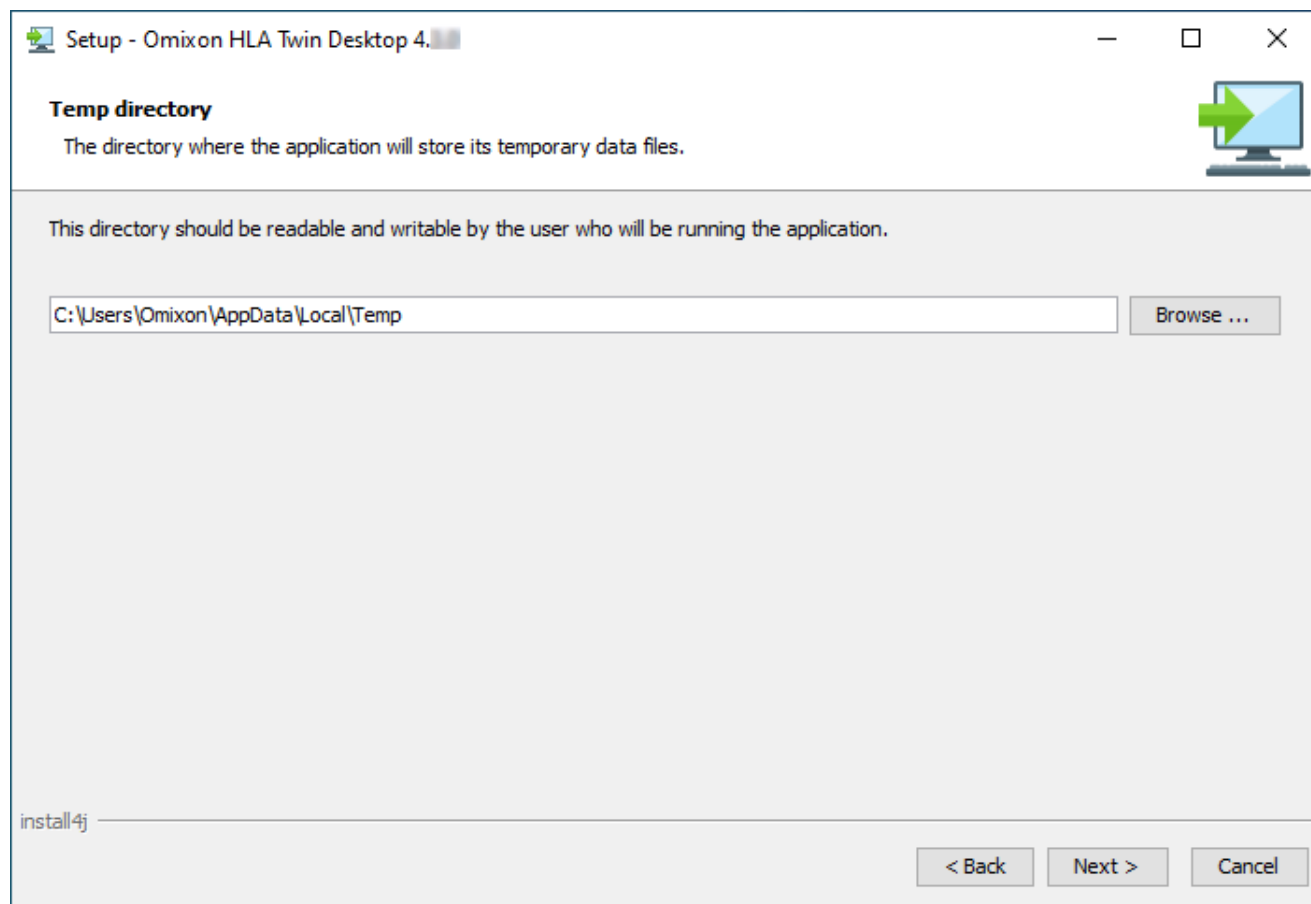
Uživatelé Windows musí dbát na to, že může být zapotřebí změnit cílový adresář tak, aby k softwaru měli přístup i ostatní uživatelé Windows (totéž platí pro další instalační složky v dalších krocích).



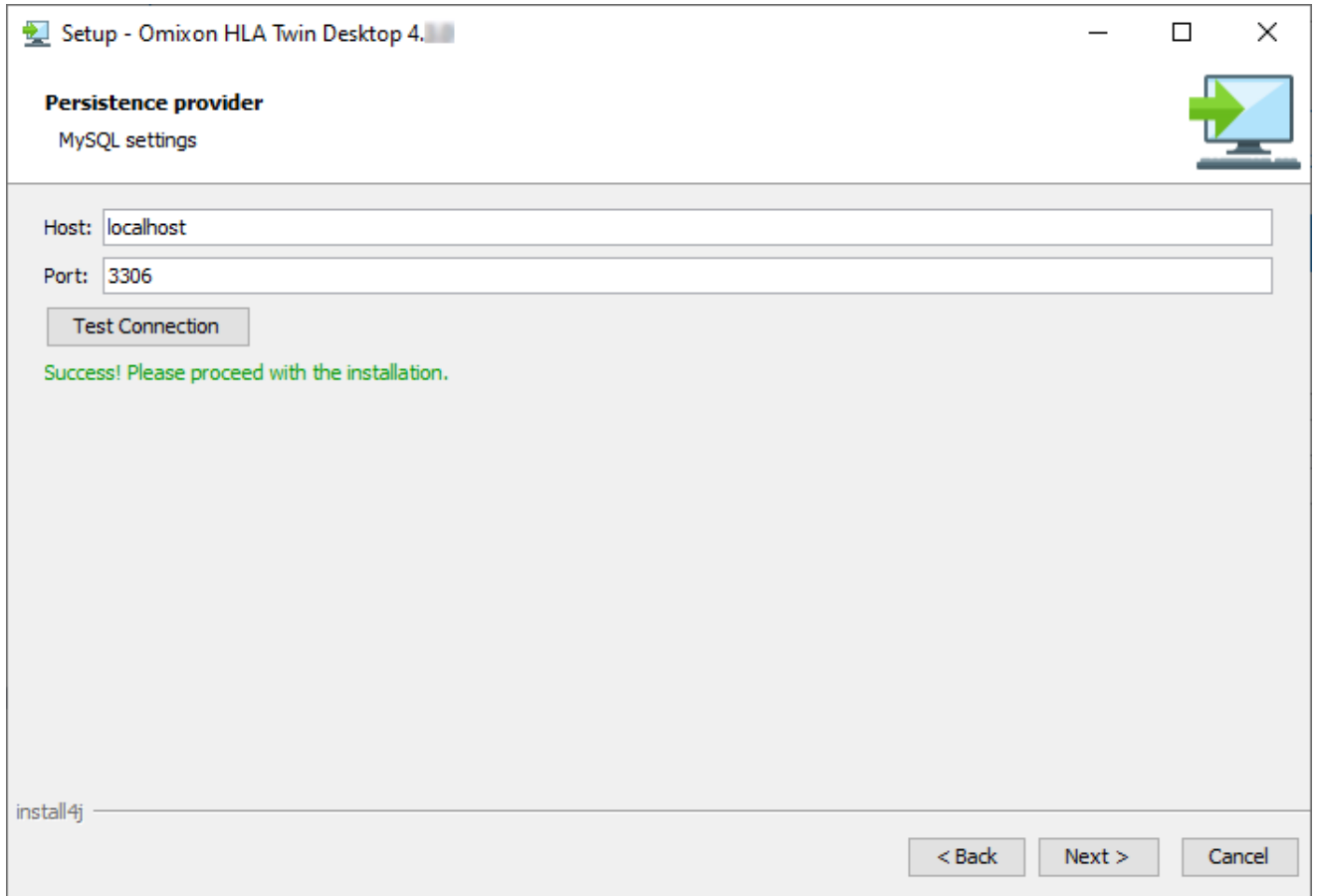
4. Vyberte složku pro referenční databázové soubory.



5. Vyberte složku pro dočasné soubory.



6. Zadejte adresu IP a číslo portu databáze MySQL (výchozí nastavení by mělo fungovat v případě, že jste databázi MySQL nainstalovali lokálně). [Instalační pokyny naleznete v kapitole Instalace MySQL.](#)(see page 15)



Setup - Omixon HLA Twin Desktop 4.

Persistence provider
MySQL settings

Host: localhost

Port: 3306

Test Connection

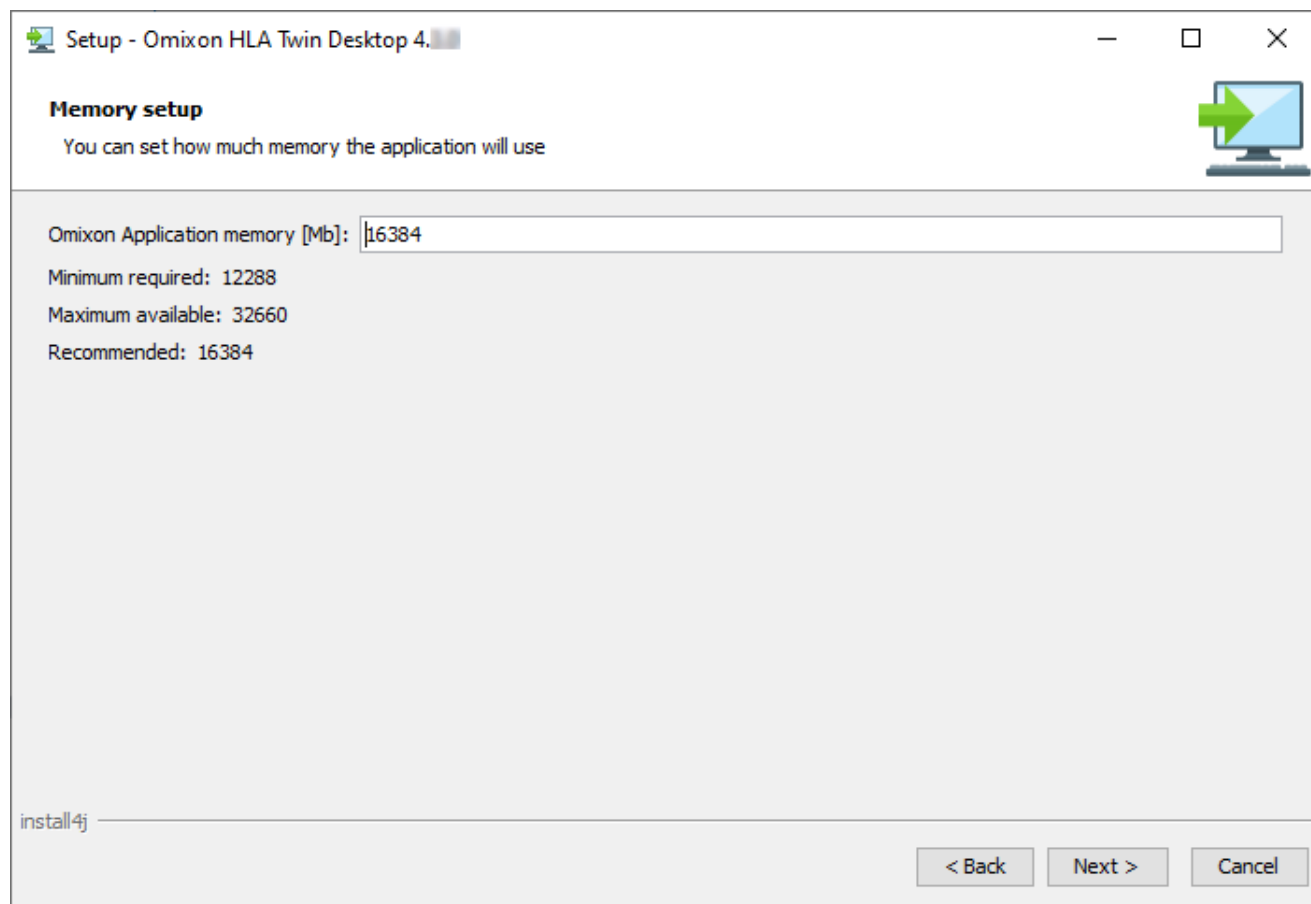
Success! Please proceed with the installation.

install4j

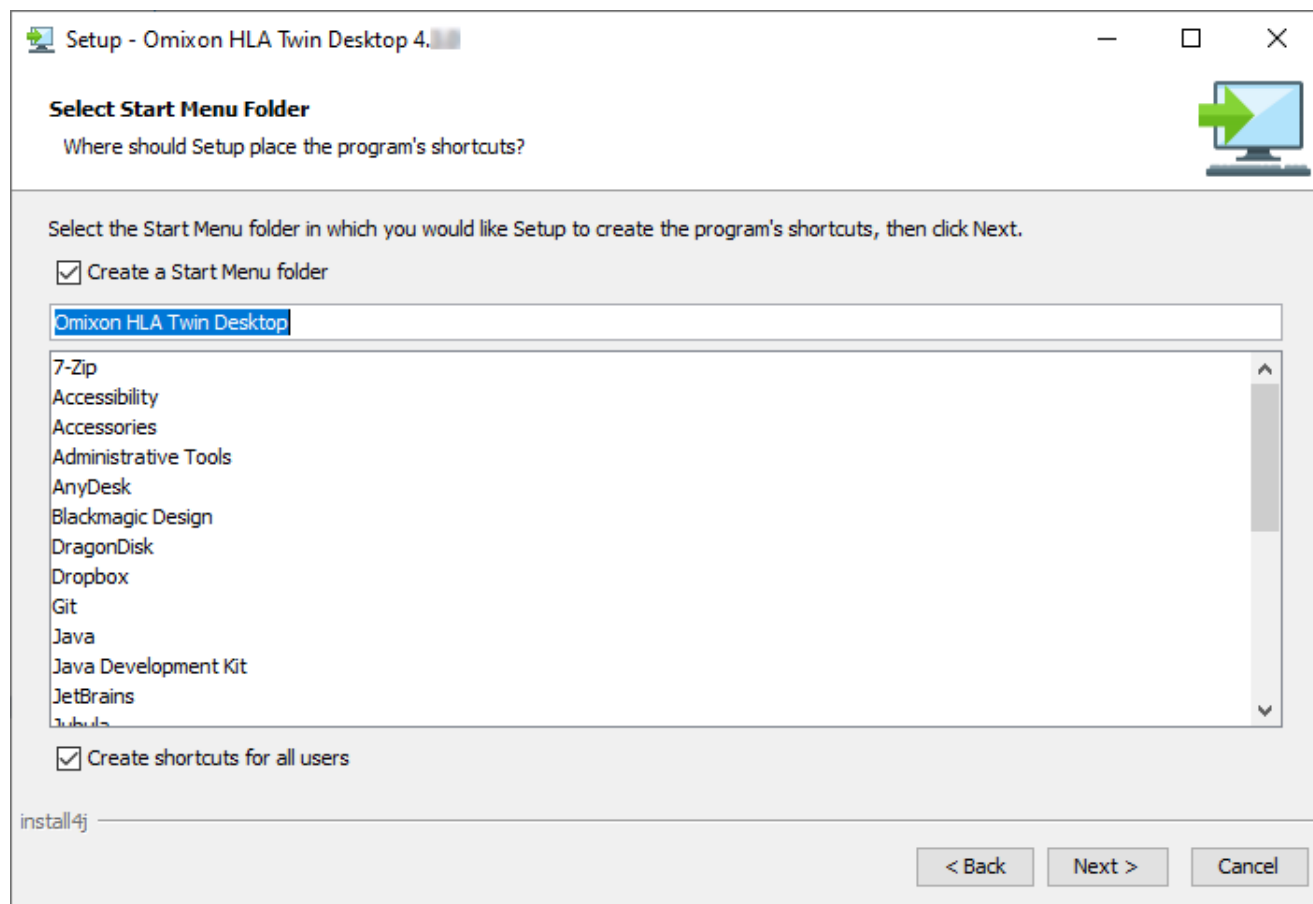
< Back Next > Cancel

Nemůžete pokračovat, dokud nebude test připojení úspěšný!

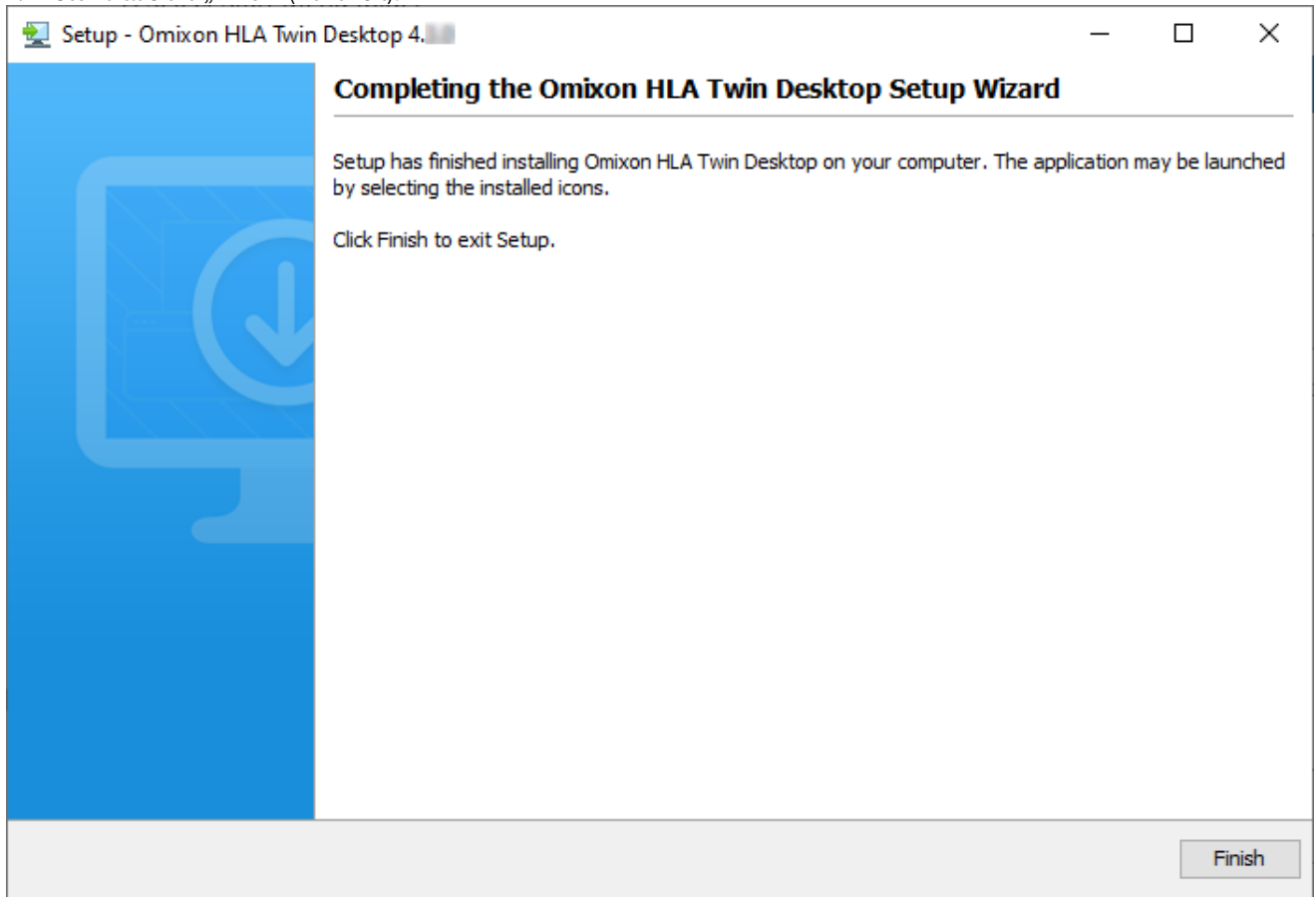
7. Nakonfigurujte nastavení paměti.



8. Zvolte složku nabídky Start.



9. Klikněte na tlačítko „Finish“ (Dokončit).



3.7 Instalace samostatného serveru

3.7.1 Aktualizace z HLA Twin 3.1.3 nebo nižší verze

- Aktualizace dřívější verze HLA Twin 3.1.3 Server, jako to bylo možné u předchozích verzí, nebude možná. Instalační program navíc neumožňuje nainstalovat nový HLA Twin do stejné složky, ve které byla nainstalována starší verze.
- Pokud chcete provést migraci interní databáze předchozí instalace Twin, abyste uchovali svá uživatelská data a informace o auditech, kontaktujte nás na support@omixon.com⁹. Zajištíme online relaci, ve které přemigrujeme předchozí databázi do MySQL.
- Po úspěšné instalaci (a případně migraci) můžete odinstalovat předchozí verze HLA Twin Server ze svého počítače.
- Mějte na paměti, že se verze softwaru HLA Twin Client a HLA Twin Server musí shodovat.
- V nové verzi HLA Twin Server **není k dispozici služba HLA Twin Typer Server NG**, jedna služba zpracovává analýzy a klienty.

3.7.2 Poznámky před instalací

Databáze: Než budete moci nainstalovat HLA Twin, musíte nejprve nainstalovat databázový server MySQL 8! Více informací naleznete v kapitole *Instalace MySQL*.

Připojení do sítě: HLA Twin Server bude ve výchozím nastavení komunikovat s klienty HLA Twin Client na portech 4380 a 4381, proto se ujistěte, že je máte na firewallu povoleny.

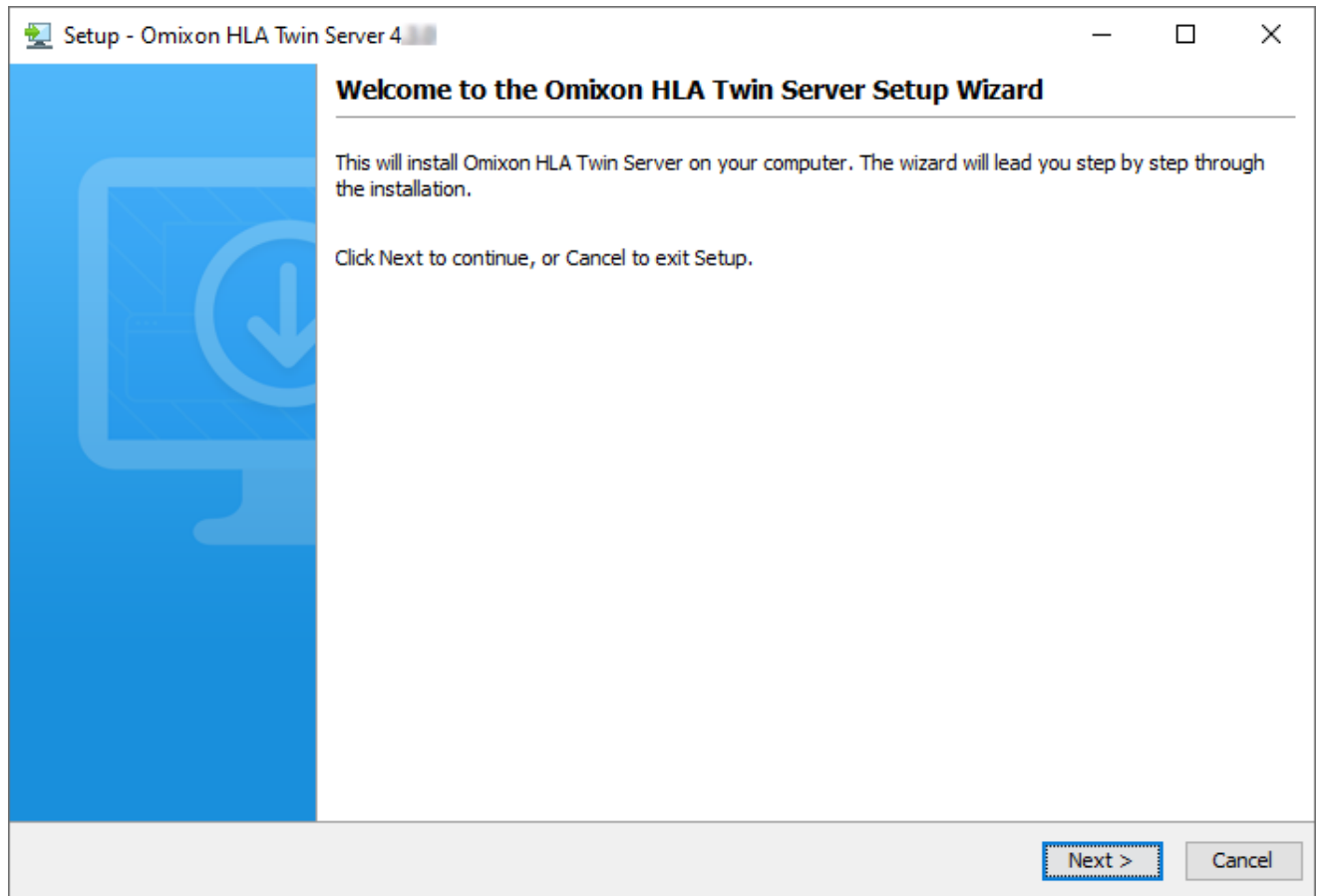
Služba Windows: HLA Twin Server se ve Windows spustí jako služba Omixon HLA Twin NG Server nastavená na automatické spouštění.

⁹ <mailto:support@omixon.com>

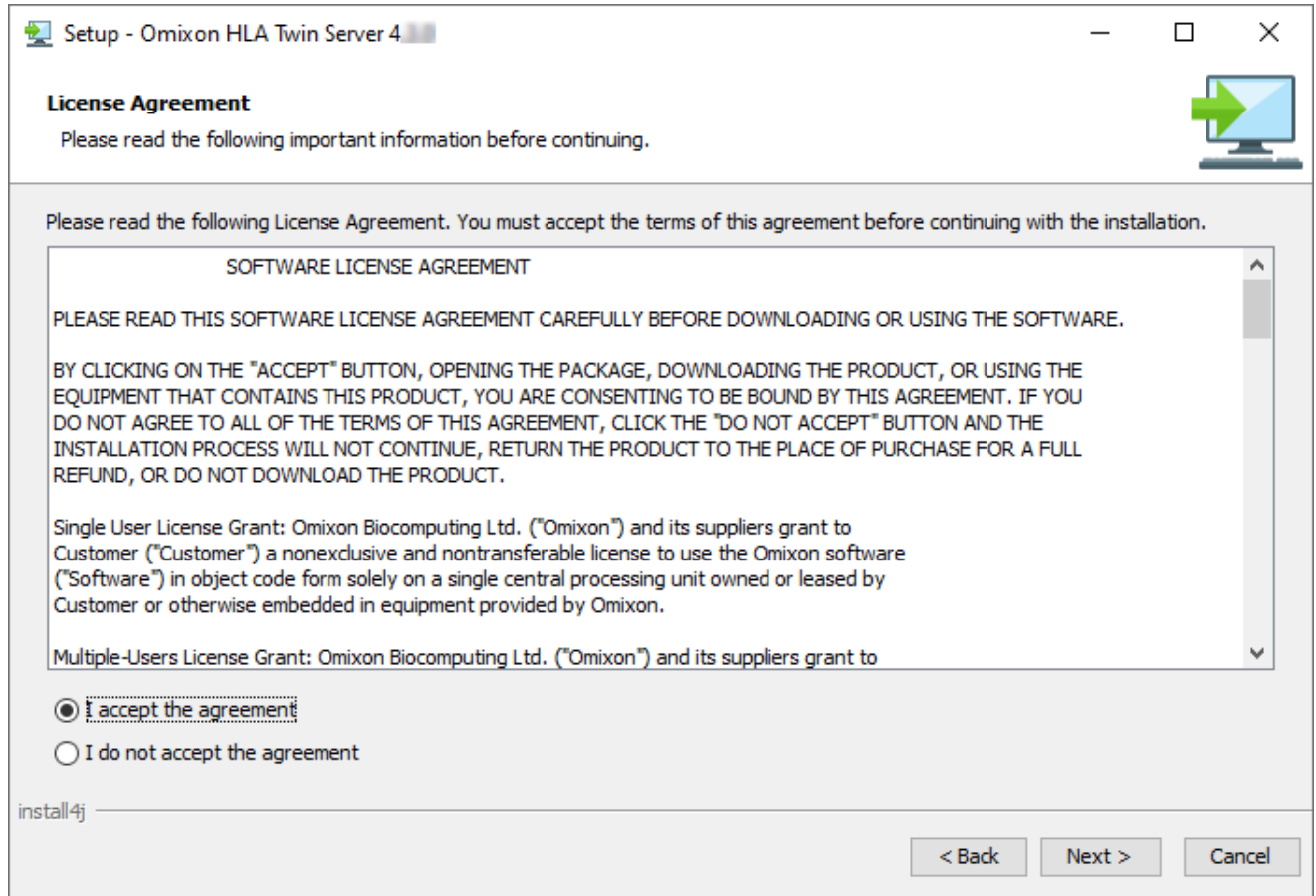
3.7.3 Instalace HLA Twin Server

1. Tento krok závisí na operačním systému, který používáte.

- **Uživatelé Windows:** Spustíte instalační program (omixon_hla_twin_XXX_windows-x64_with_jre-**serverclient**.exe)
- **Uživatelé Linuxu:** Otevřete okno terminálu, udělte instalačnímu programu oprávnění (chmod +x omixon_hla_twin_XXX_unix_with_jre-**serverclient**.sh), potom instalační program spustíte.

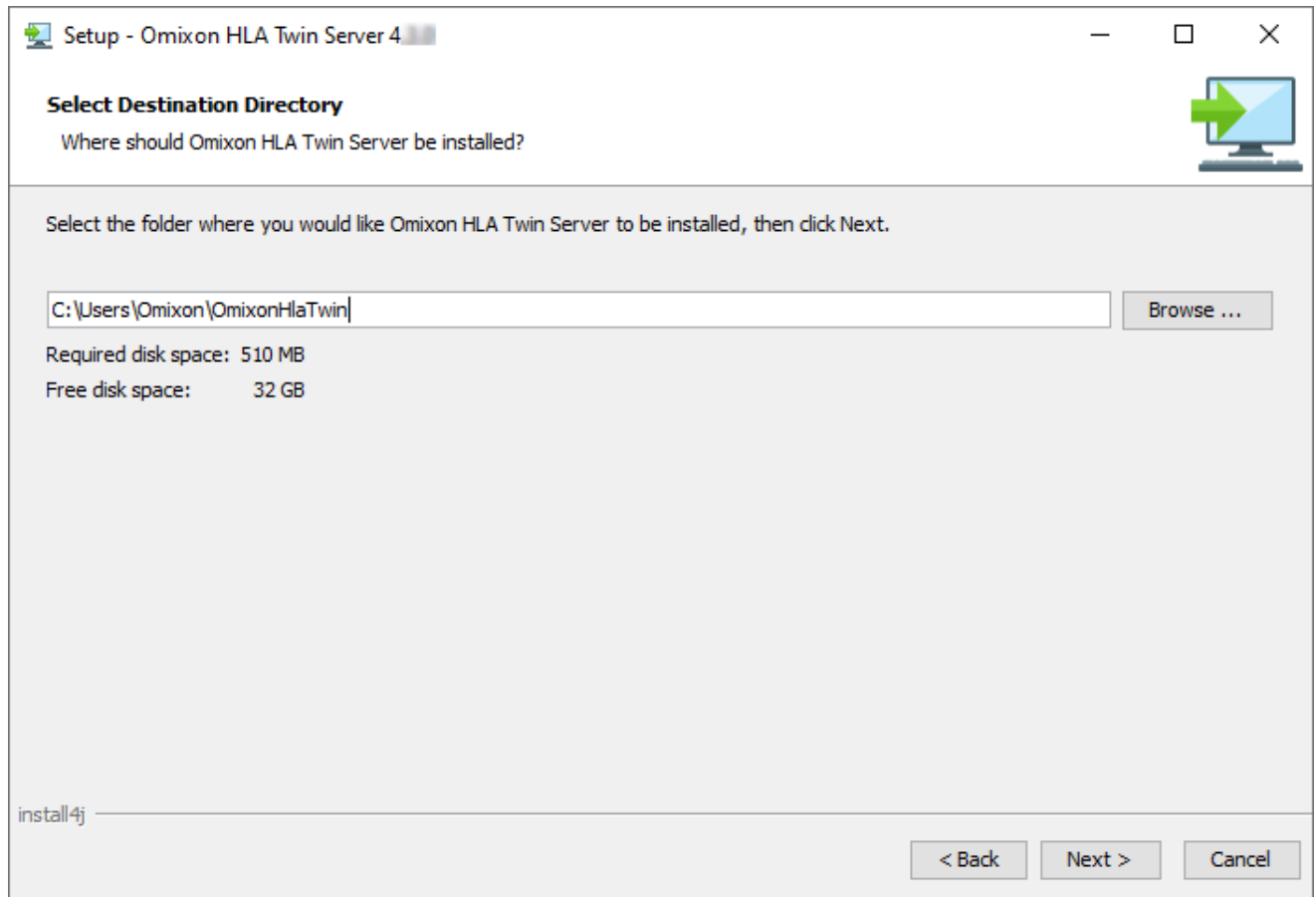


2. Přijměte licenční smlouvu.

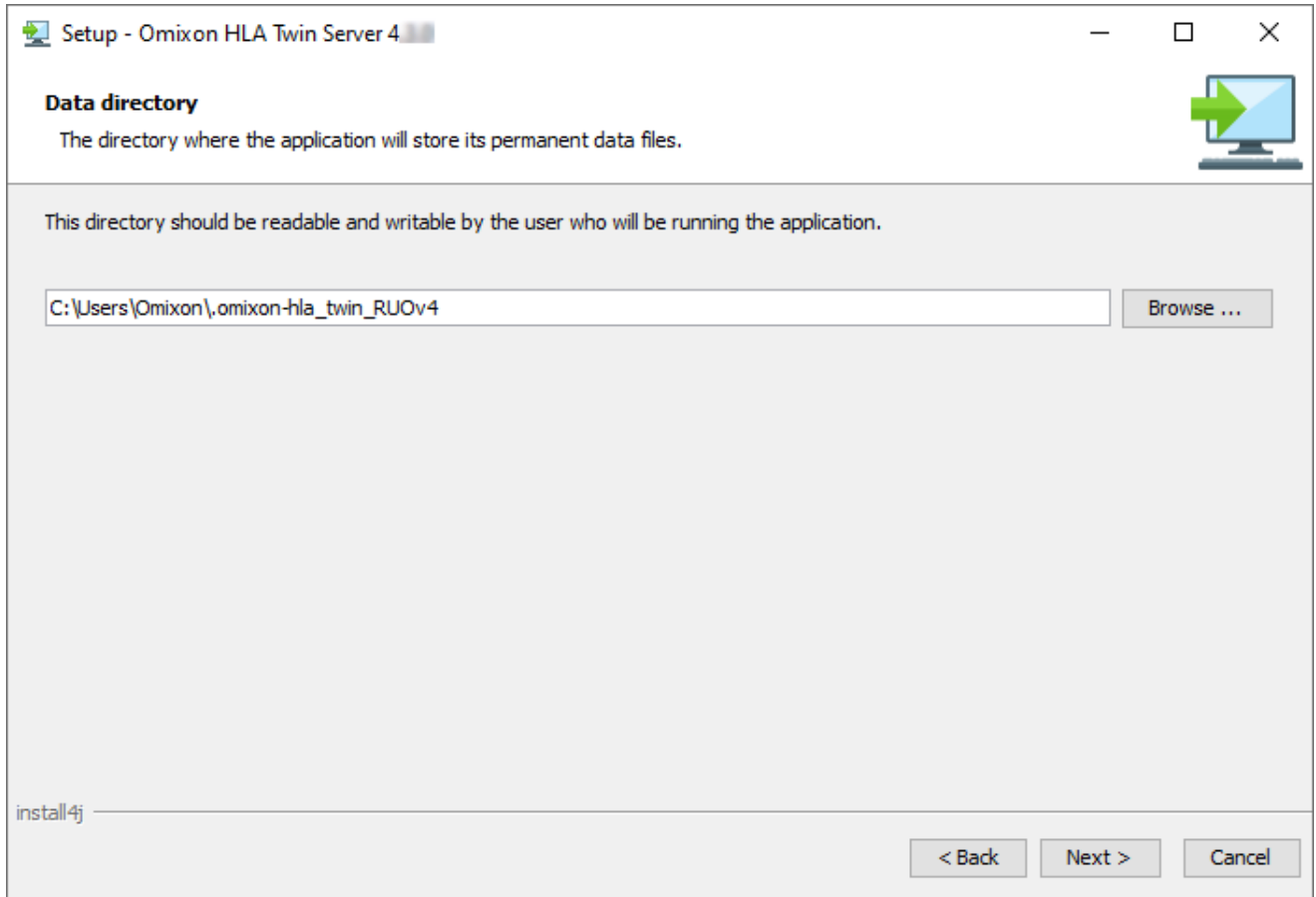


3. Vyberte instalační složku.

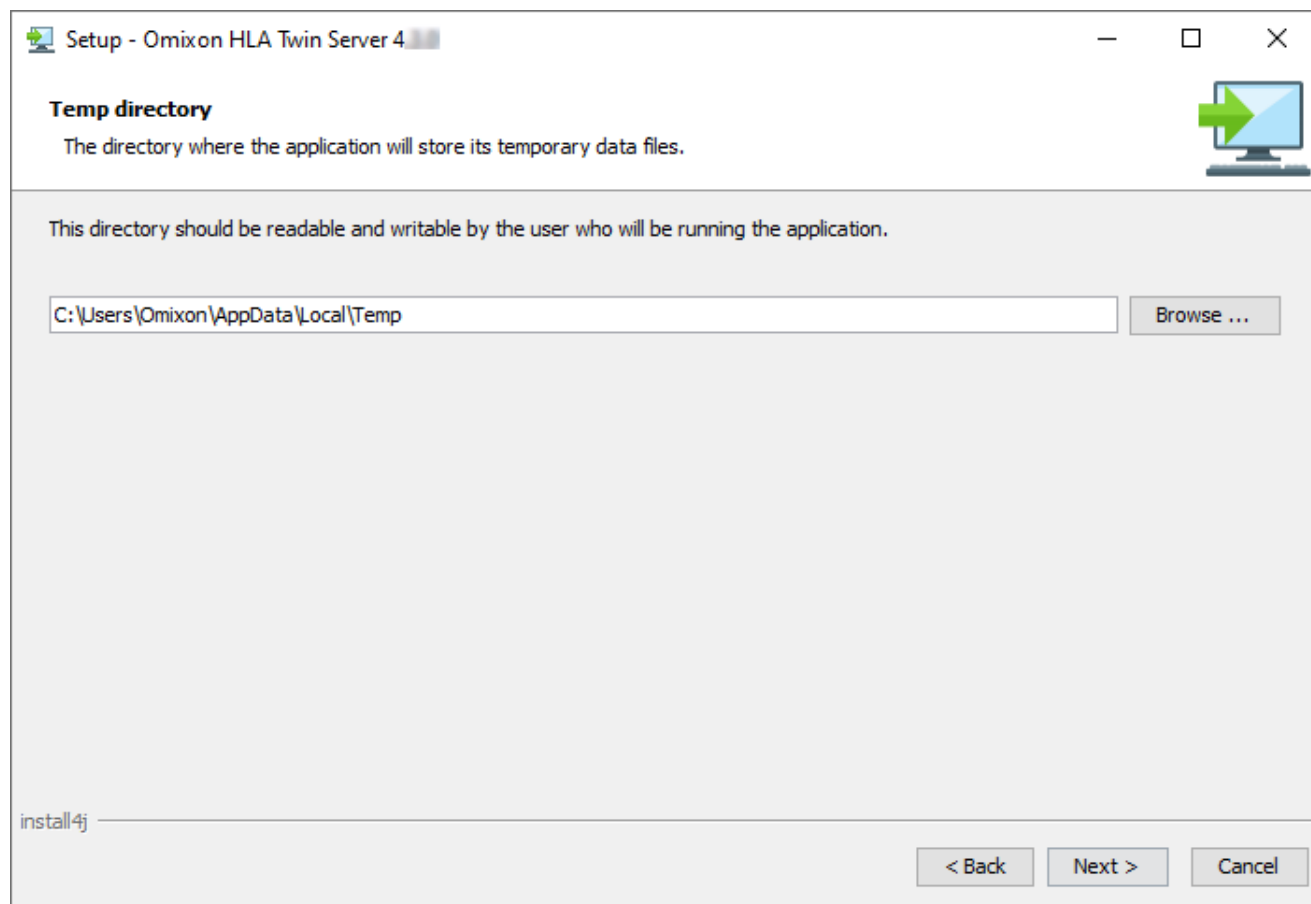
Uživatelé Windows musí dbát na to, že může být zapotřebí změnit cílový adresář tak, aby k softwaru měli přístup i ostatní uživatelé Windows (totéž platí pro další instalační složky v dalších krocích).



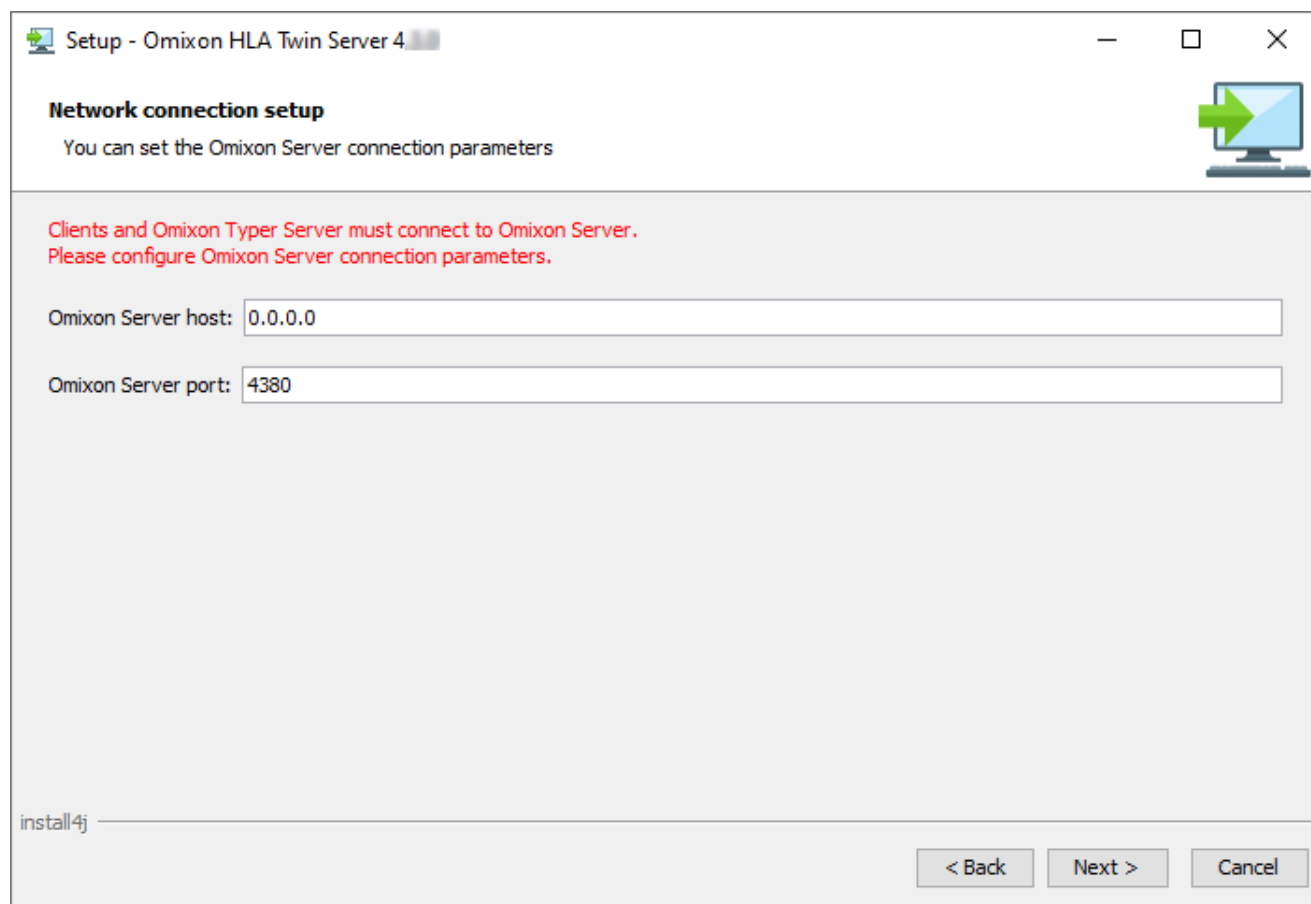
4. Vyberte složku pro referenční databázové soubory.



5. Vyberte složku pro dočasné soubory.

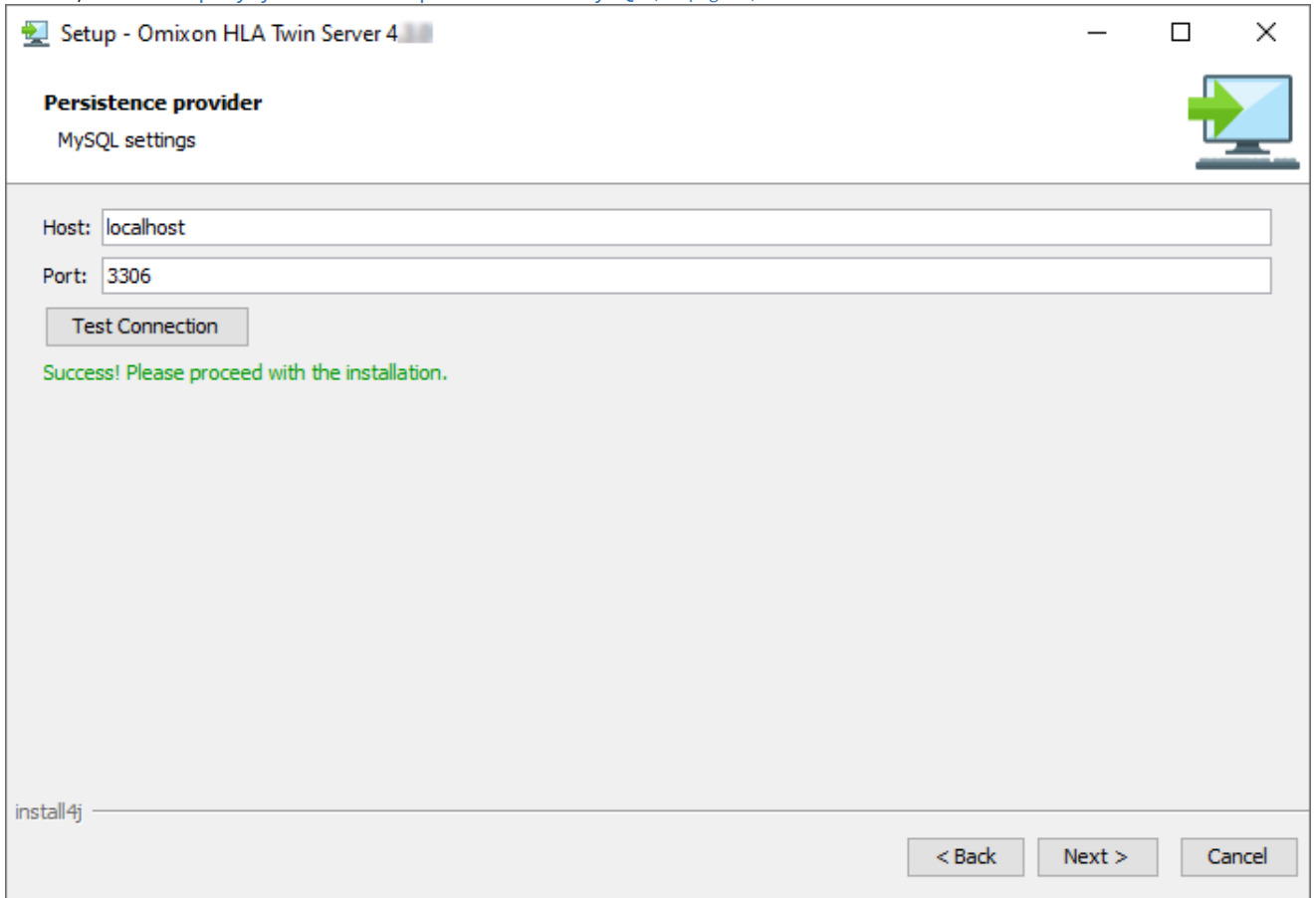


6. Nakonfigurujte adresu IP a číslo portu, které bude HLA Twin Server používat pro komunikaci (lokální IP).



The screenshot shows a Windows-style window titled "Setup - Omixon HLA Twin Server 4". The window has standard minimize, maximize, and close buttons in the top right corner. The main content area is titled "Network connection setup" and includes a sub-header "You can set the Omixon Server connection parameters". A red message box 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.

7. Zadejte adresu IP a číslo portu databáze MySQL (výchozí nastavení by mělo fungovat v případě, že jste databázi MySQL nainstalovali lokálně). [Instalační pokyny naleznete v kapitole Instalace MySQL.\(see page 15\)](#)



Setup - Omixon HLA Twin Server 4

Persistence provider
MySQL settings

Host: localhost

Port: 3306

Test Connection

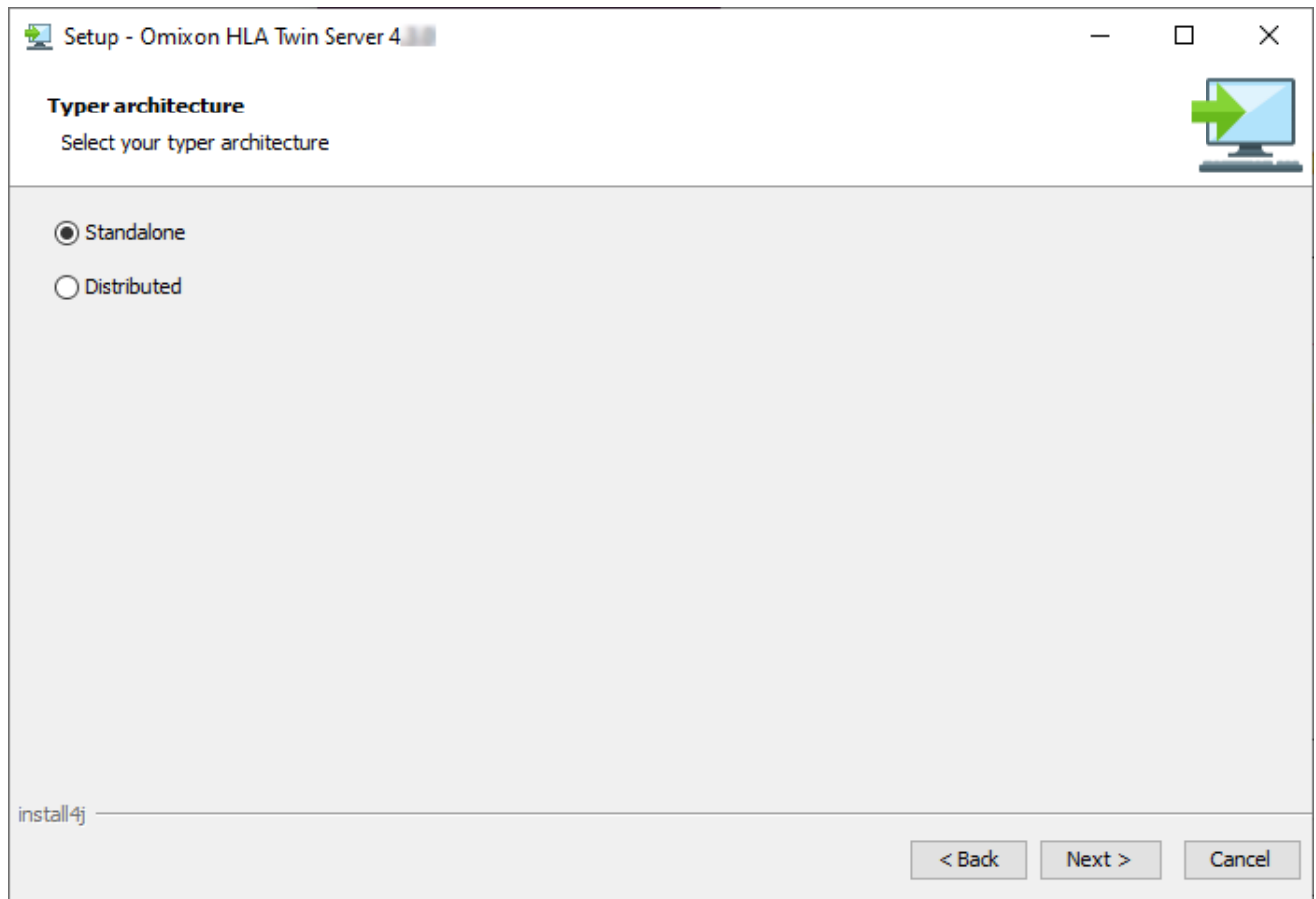
Success! Please proceed with the installation.

install4j

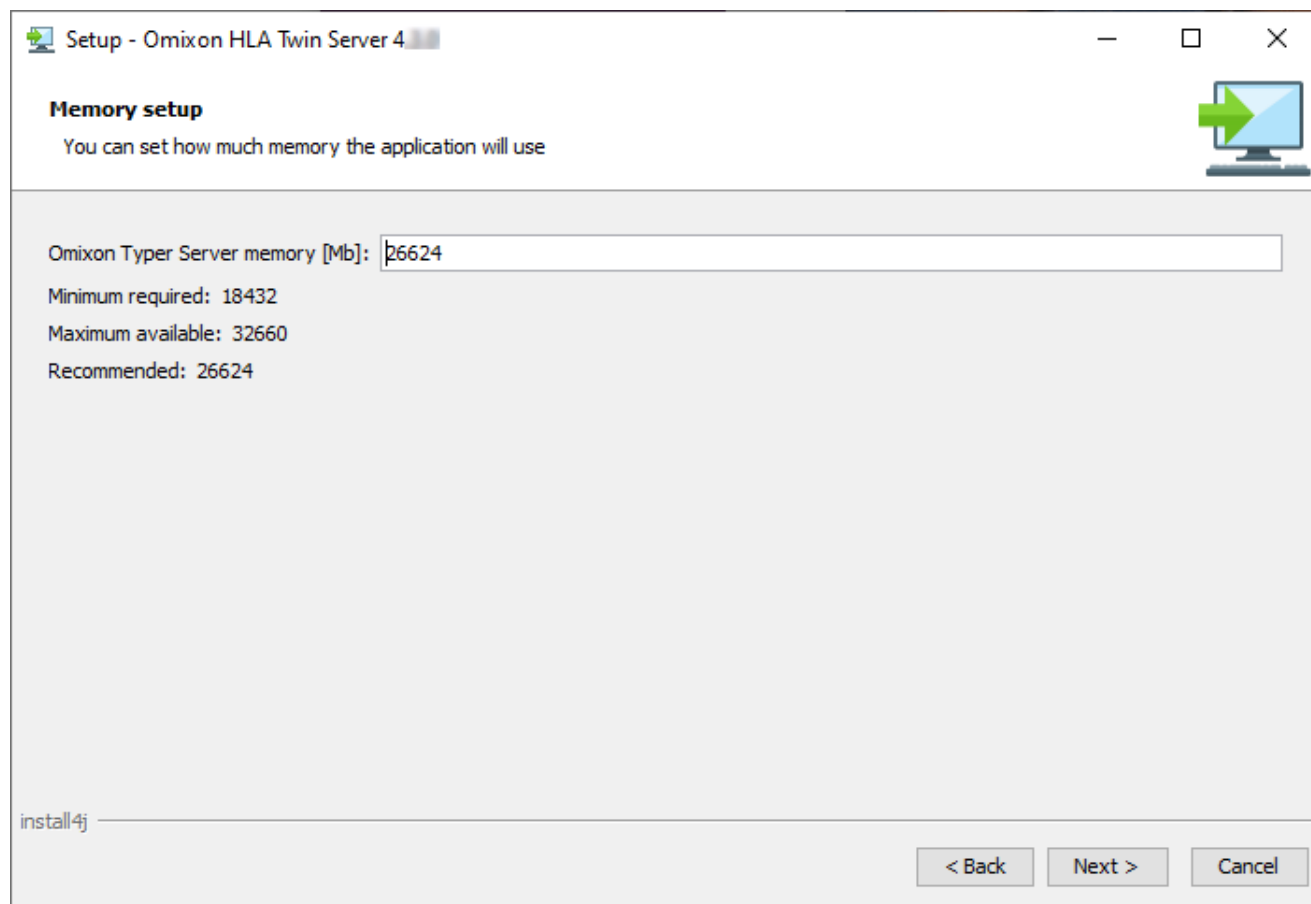
< Back Next > Cancel

Nemůžete pokračovat, dokud nebude test připojení úspěšný!

8. Vyberte samostatnou architekturu (v případě distribuované konfigurace s více instancemi HLA Twin Typer na samostatných serverech postupujte podle kapitoly Server (distribuovaný) v Instalační příručce softwaru).



9. Nakonfigurujte nastavení paměti.



Setup - Omixon HLA Twin Server 4.4.0

Memory setup
You can set how much memory the application will use

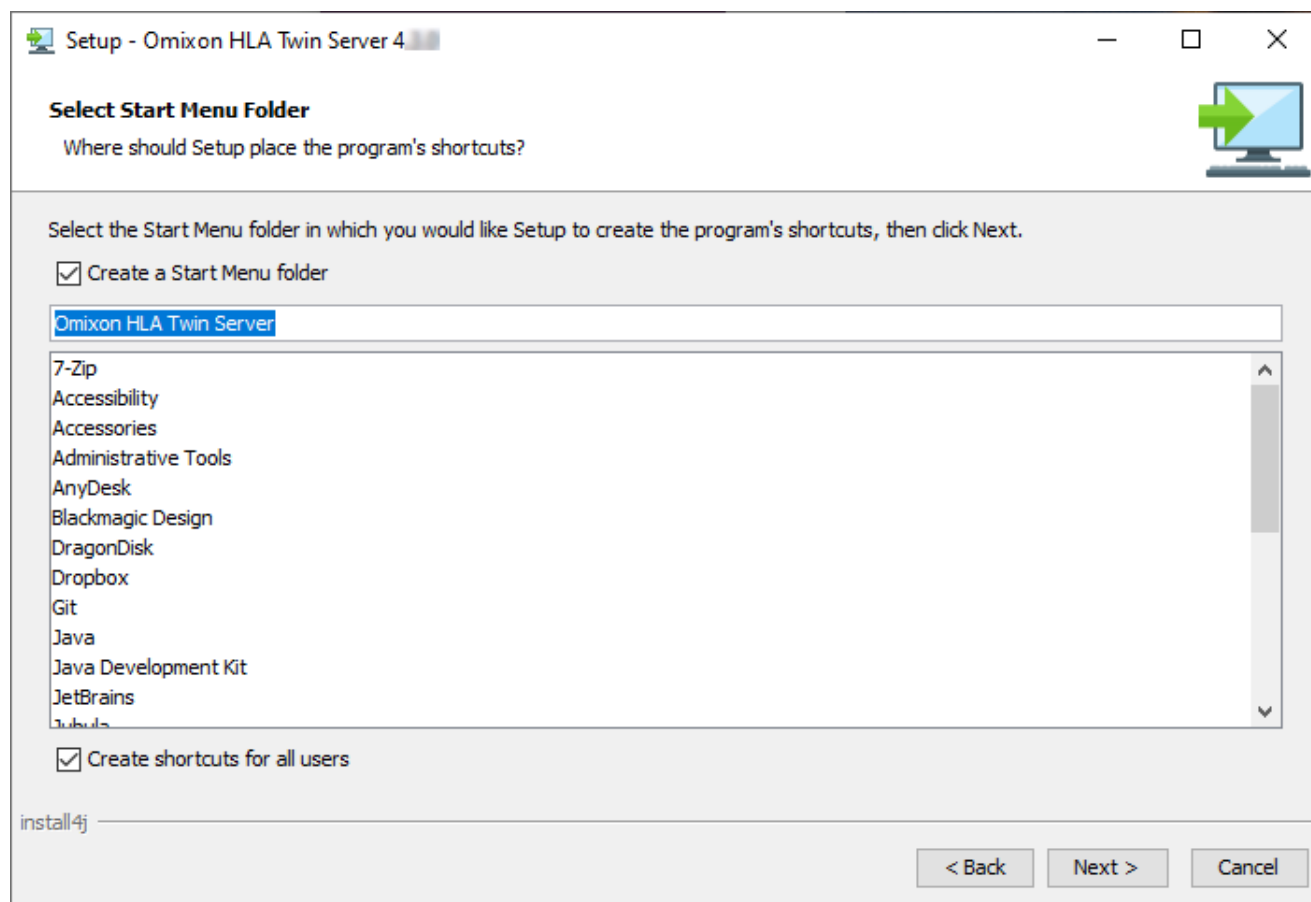
Omixon Typer Server memory [Mb]:

Minimum required: 18432
Maximum available: 32660
Recommended: 26624

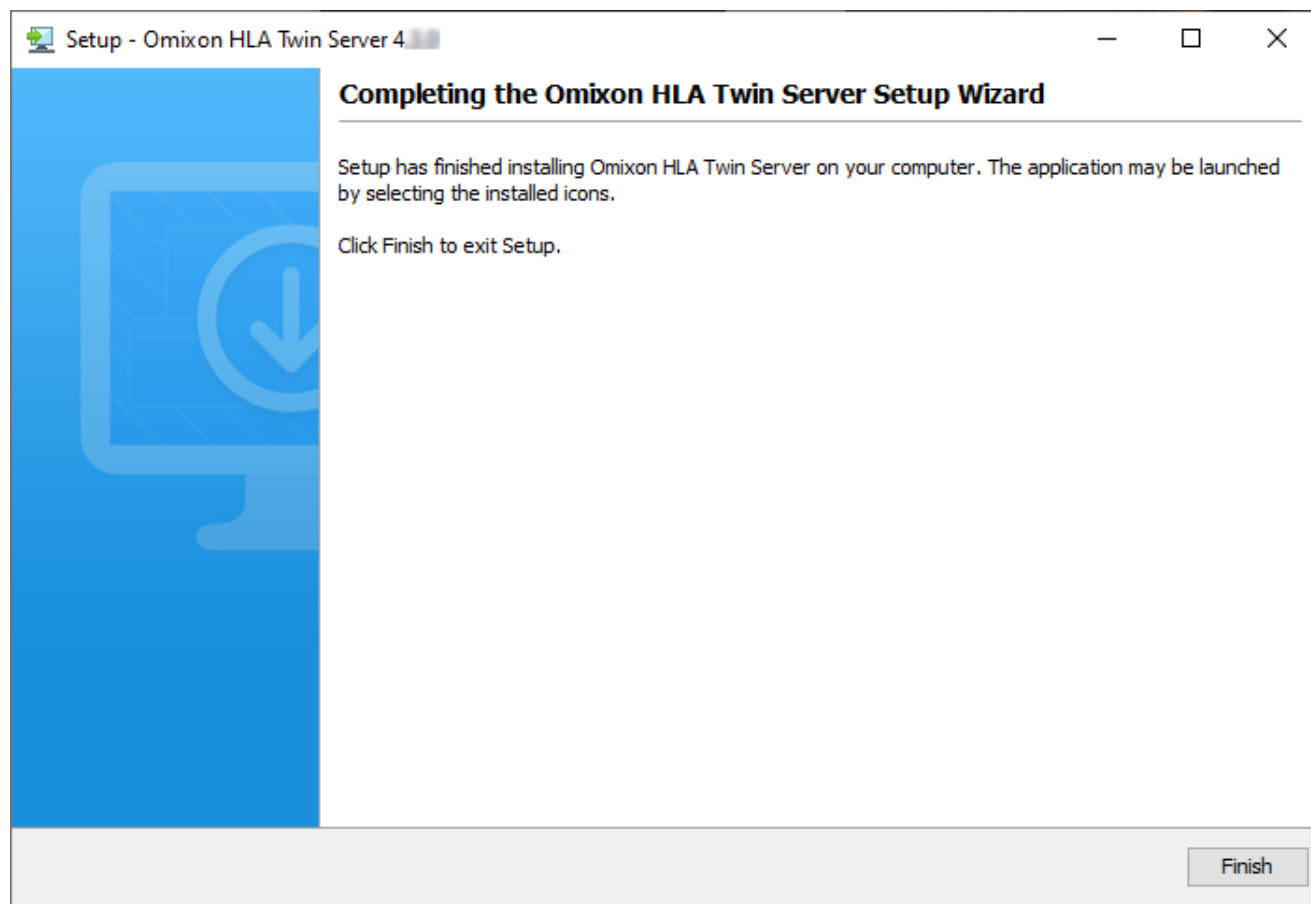
install4j

< Back Next > Cancel

10. Zvolte složku nabídky Start.



11. Klikněte na tlačítko „Finish“ (Dokončit).



3.8 Instalace klienta

3.8.1 Aktualizace z HLA Twin 3.1.3 nebo nižší verze

- Aktualizace dřívější verze HLA Twin 3.1.3 Client, jako to bylo možné u předchozích verzí, nebude možná. Instalační program navíc neumožňuje nainstalovat nový HLA Twin do stejné složky, ve které byla nainstalována starší verze.
- Mějte na paměti, že se verze softwaru HLA Twin Client a HLA Twin Server musí shodovat.

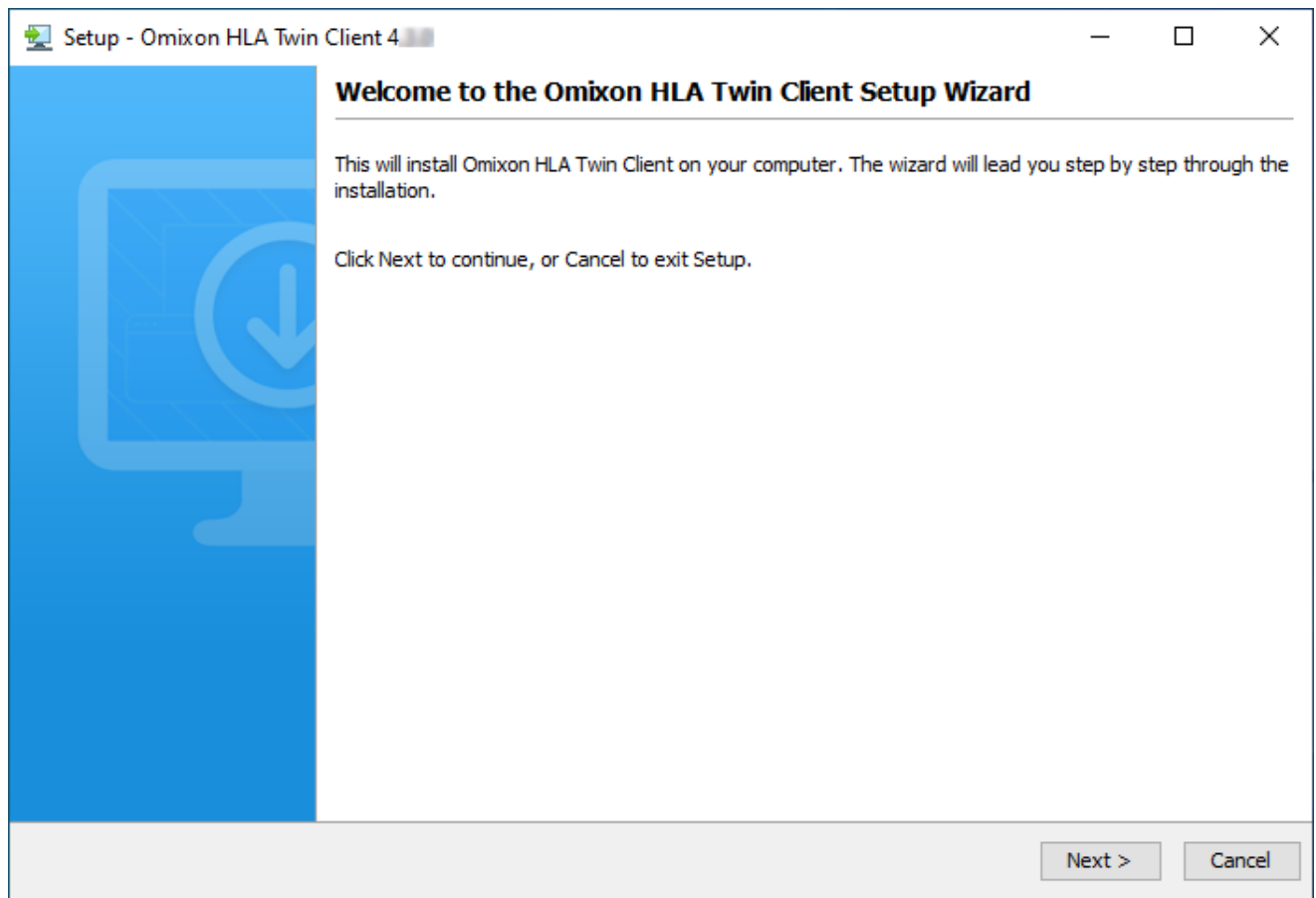
3.8.2 Poznámky před instalací

Připojení do sítě: HLA Twin Server bude ve výchozím nastavení komunikovat s klienty HLA Twin Client na portech 4380 a 4381, proto se ujistěte, že je máte na firewallu povoleny.

3.8.3 Instalace HLA Twin Client

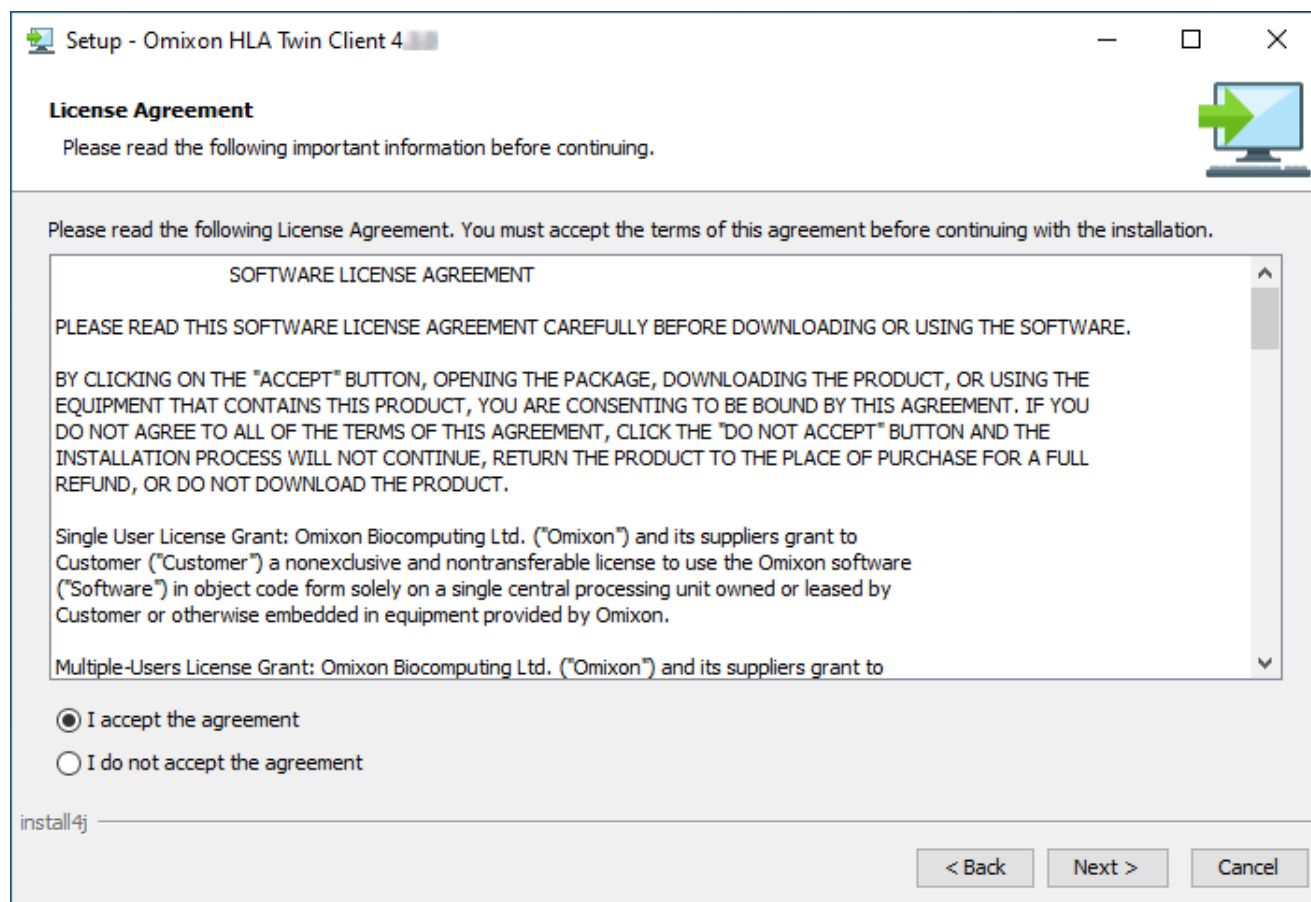
1. Tento krok závisí na operačním systému, který používáte.

- **Uživatelé Windows:** Spustíte instalační program (omixon_hla_twin_XXX_windows-x64_with_jre-**client**.exe).
- **Uživatelé Linuxu:** Otevřete okno terminálu, udělte instalačnímu programu oprávnění (chmod +x omixon_hla_twin_XXX_unix_with_jre-**client**.sh), potom instalační program spustíte.
- **Uživatelé OSX:** Spustíte instalační program (omixon_hla_twin_XXX_macos_with_jre-**client**.dmg) (pokud používáte OSX 10.14.6 Mojave nebo vyšší, může se vám zobrazit chybová zpráva. V takovém případě nás kontaktujte na adrese support@omixon.com¹⁰).



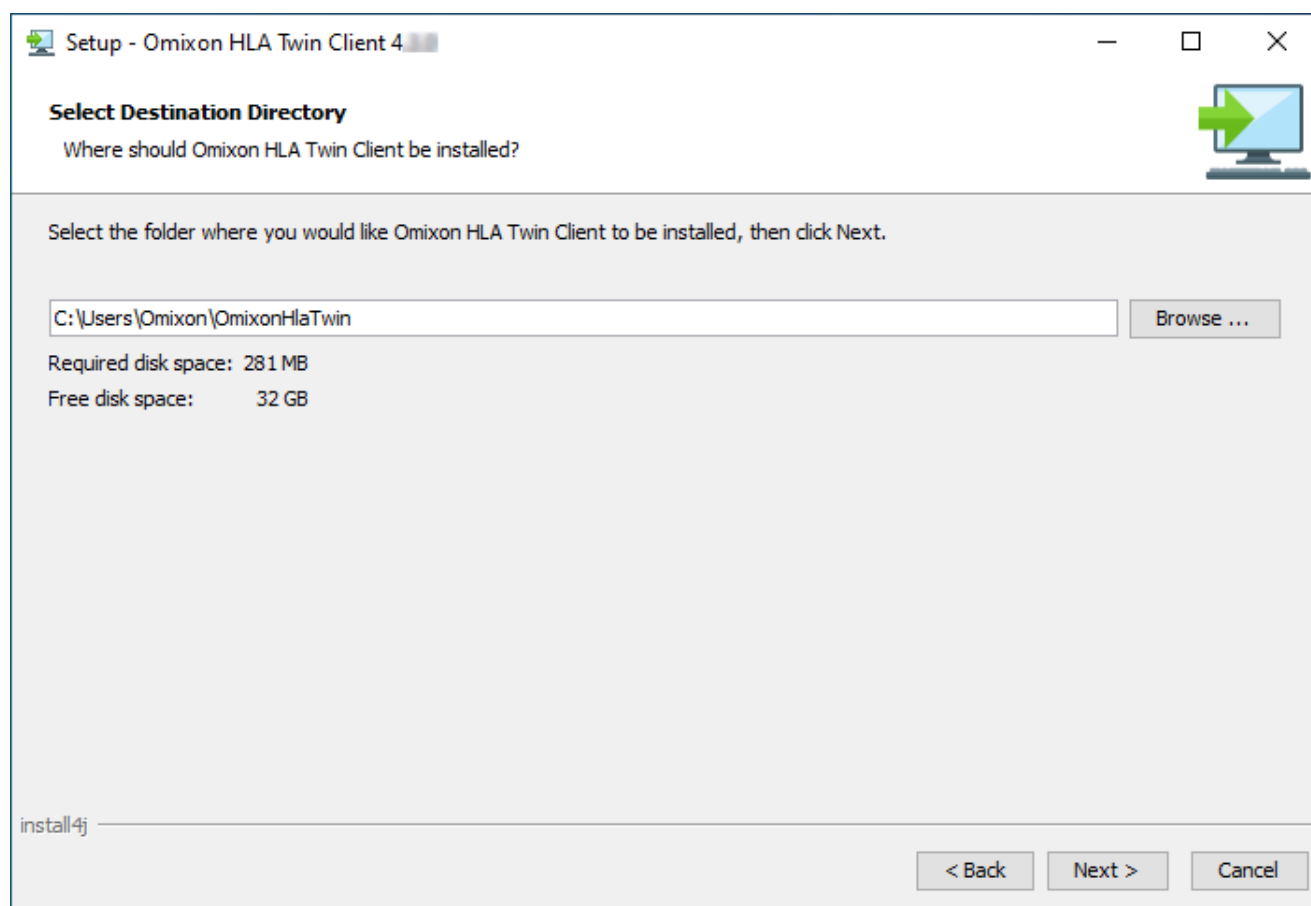
¹⁰ <mailto:support@omixon.com>

2. Přijměte licenční smlouvu.

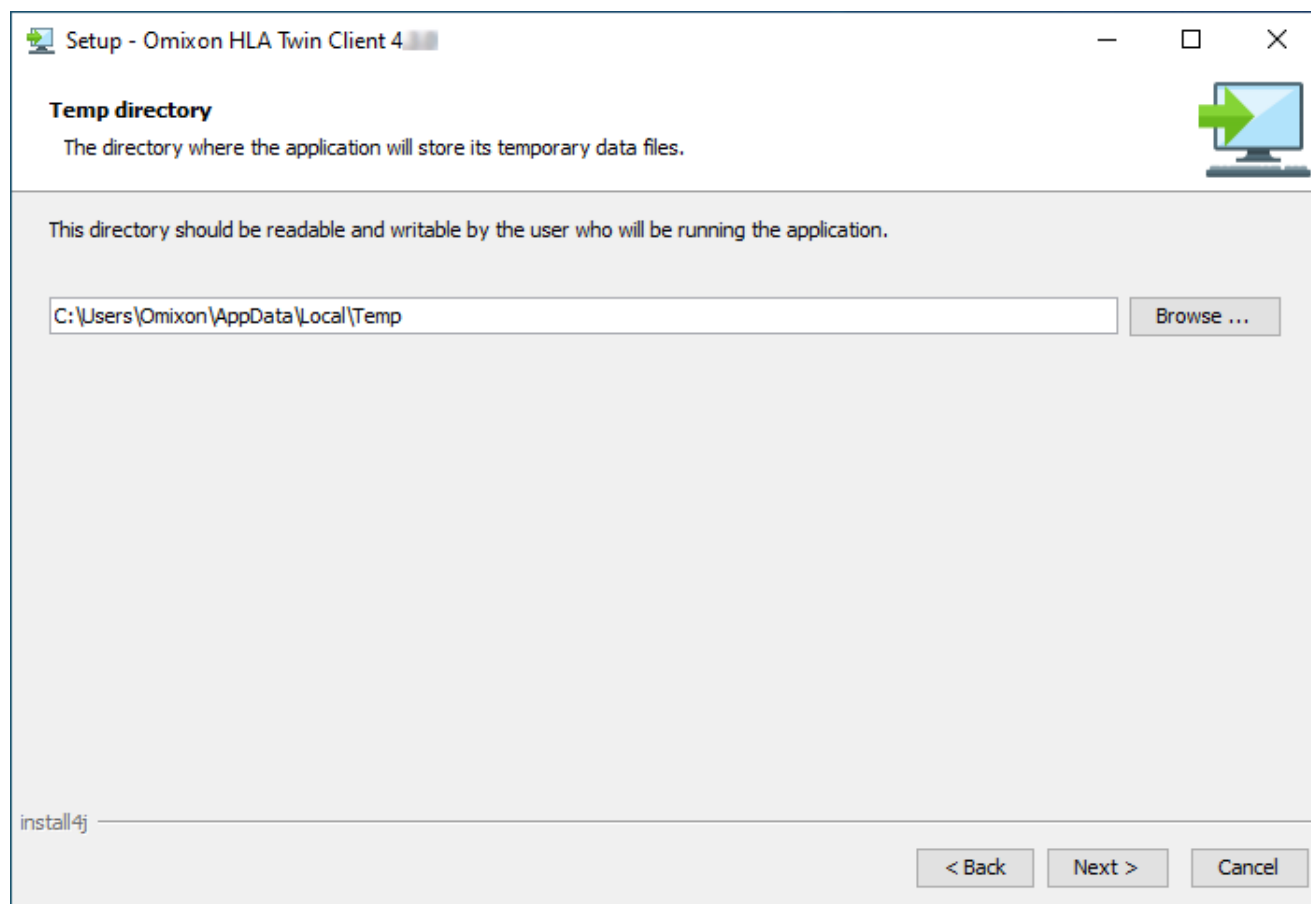


3. Vyberte instalační složku.

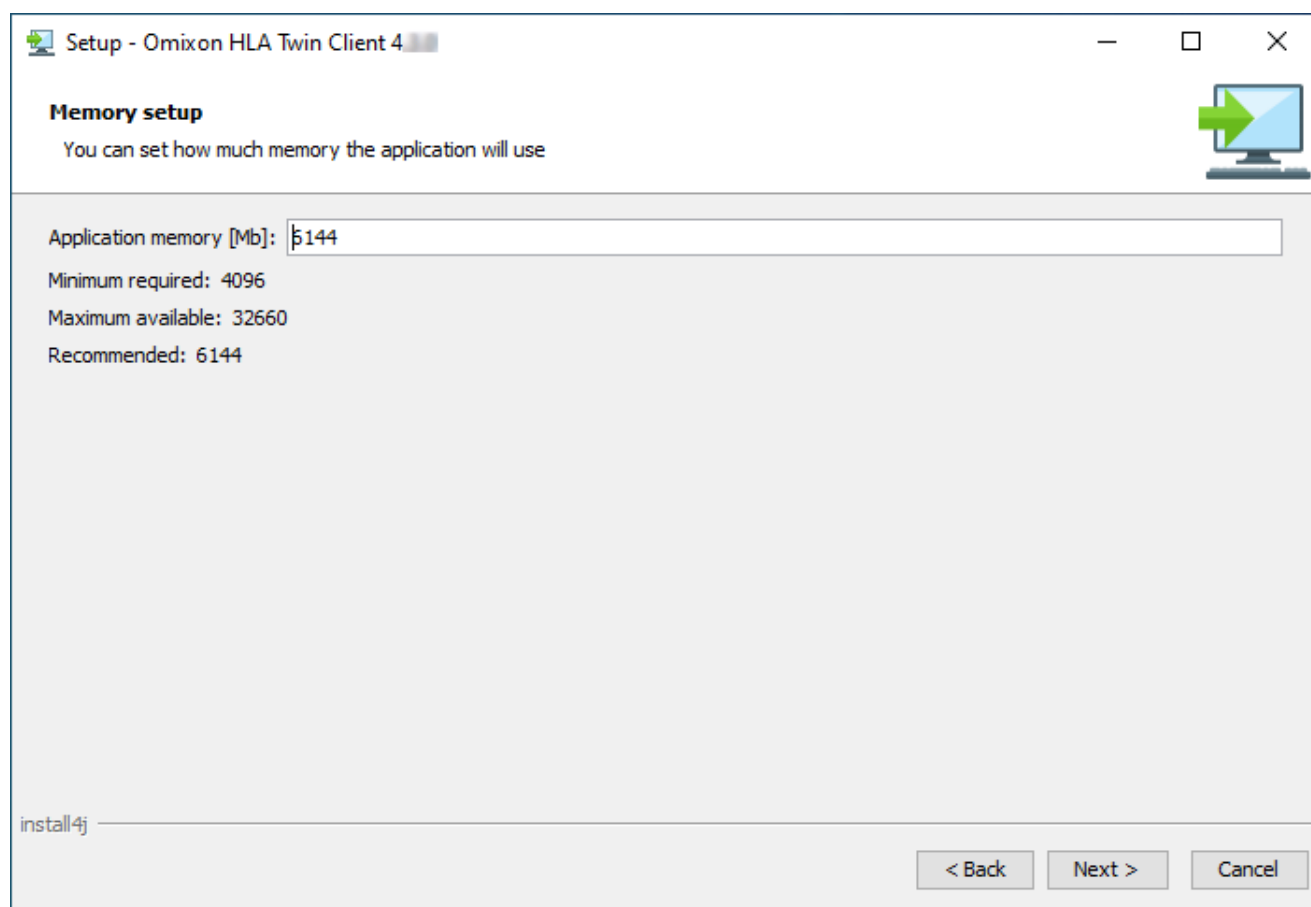
Uživatelé Windows musí dbát na to, že může být zapotřebí změnit cílový adresář tak, aby k softwaru měli přístup i ostatní uživatelé Windows (totéž platí pro další instalační složky v dalších krocích).



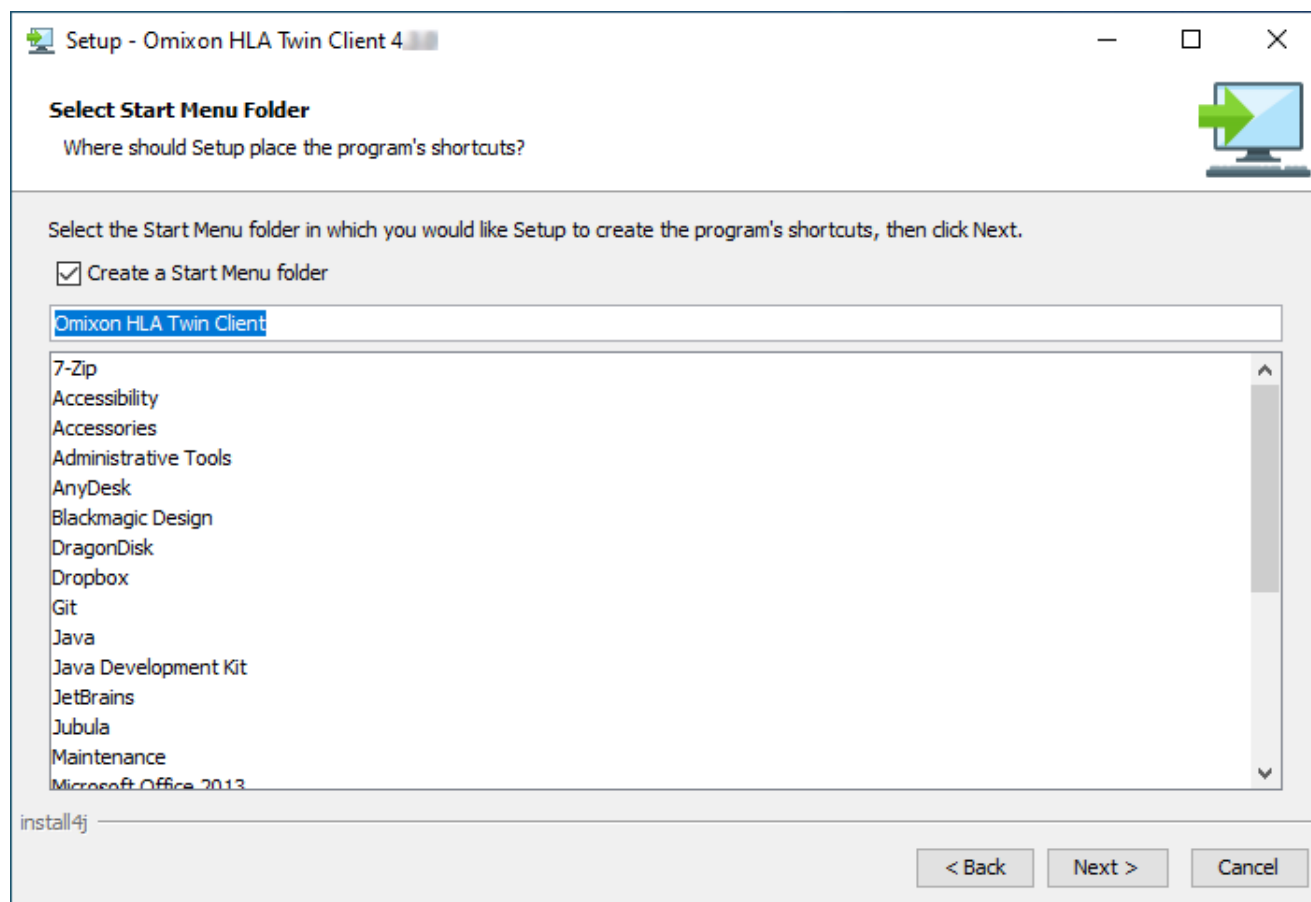
4. Vyberte složku pro dočasné soubory.



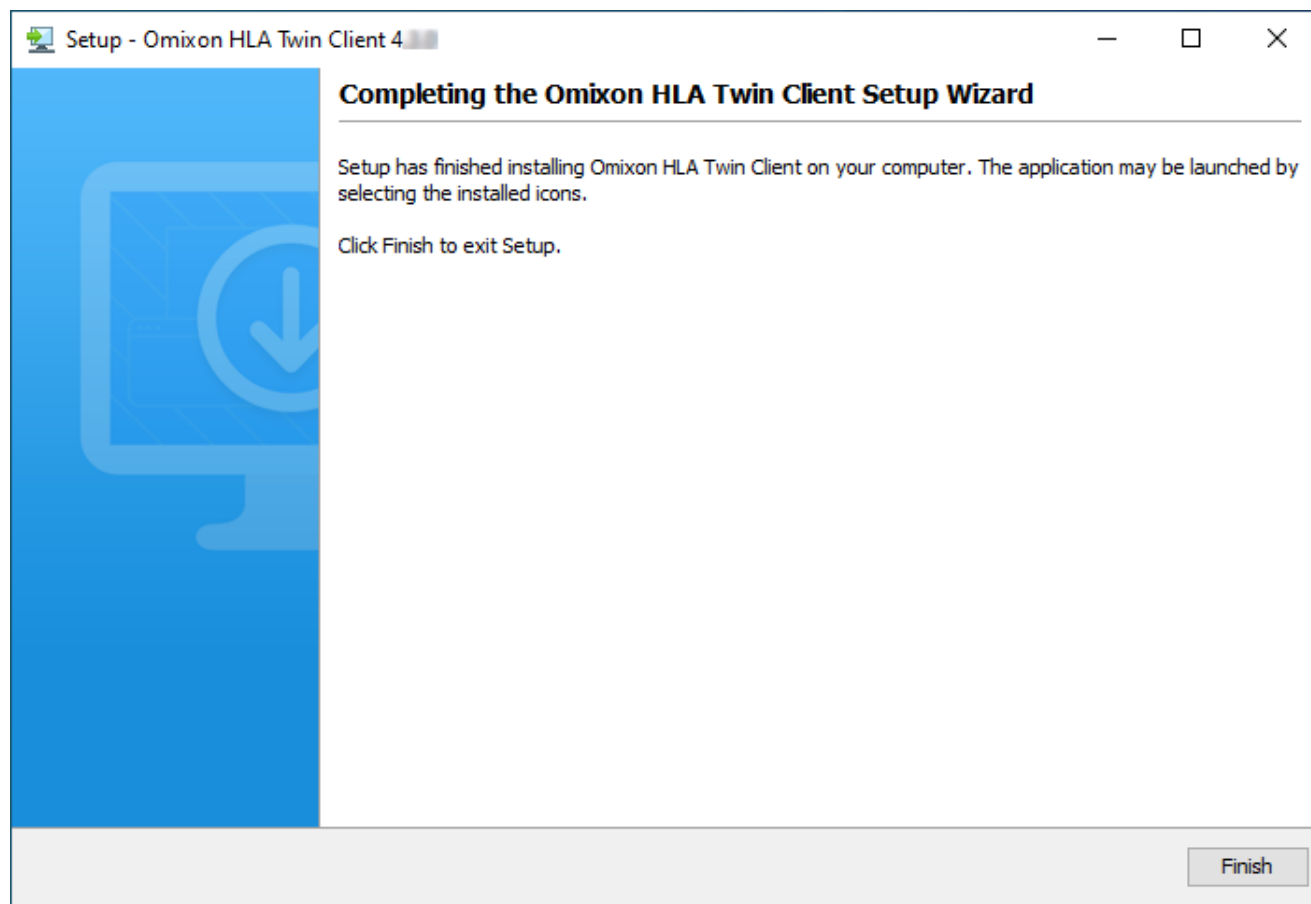
5. Nakonfigurujte nastavení paměti.



6. Zvolte složku nabídky Start.



7. Po dokončení instalace klikněte na tlačítko „Finish“ (Dokončit).



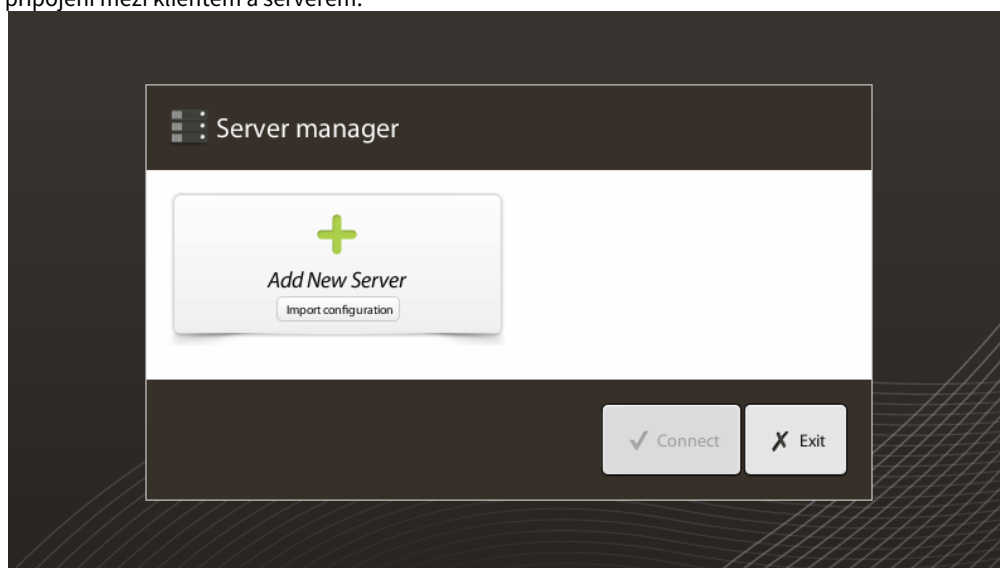
3.9 Pokyny pro první použití

3.9.1 Připojení k serveru

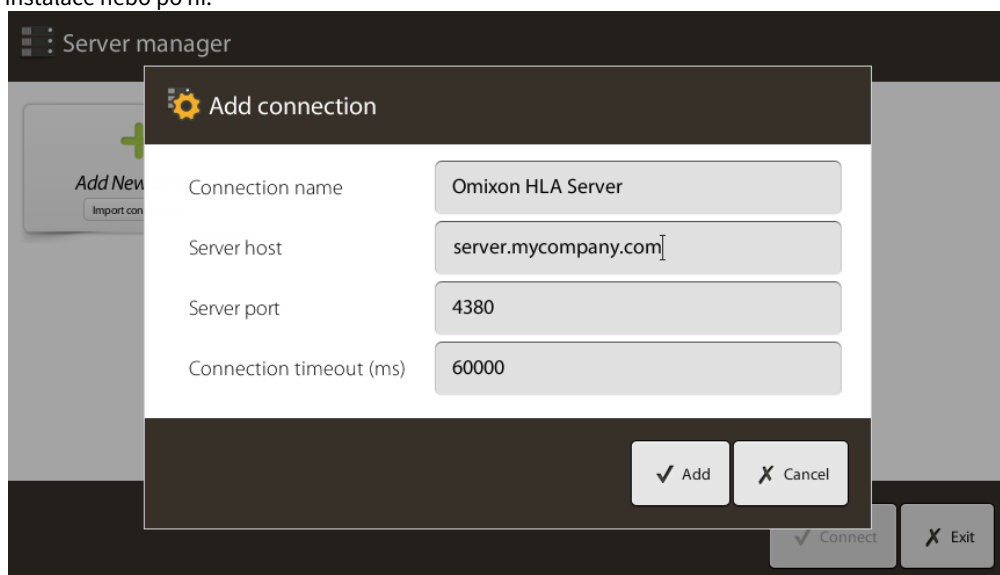
Po nastavení a spuštění serveru tento naslouchá příchozím požadavkům klienta o připojení.

Připojení klienta

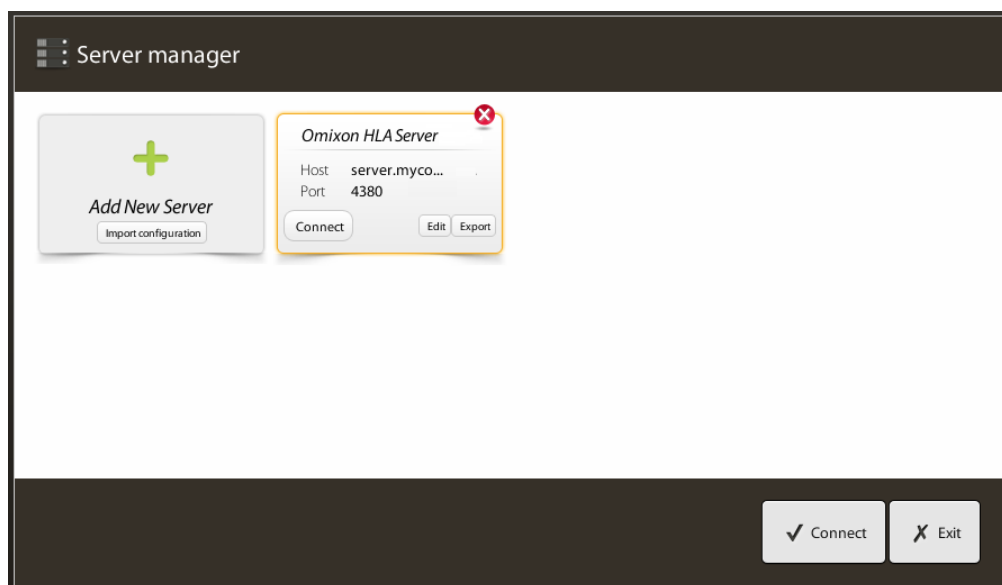
Spustíte klientskou aplikaci. Na obrazovce *Server Manager* (Správce serveru) vyberte *Add New Server* (Přidat nový server), abyste nastavili připojení mezi klientem a serverem.



Pojmenujte své připojení a zadejte naprosto stejné údaje týkající se nastavení hostitele a portu, které jste nastavili na serveru během instalace nebo po ní.



Vyberte připojení k serveru a stiskněte *Connect* (Připojit).



DŮLEŽITÉ

Zkontrolujte na serverovém počítači nastavení firewallu. Nastavte svůj firewall tak, aby Omixon HLA Server přijímal příchozí spojení. Ujistěte se také, že jsou pro Omixon HLA Server povolena odchozí připojení, aby mohli připojení klienti dostávat aktualizace stavu (např. pro zobrazování informací o průběhu úlohy).

Export a import konfigurace připojení

Místo ručního nastavování připojení mohou uživatelé zvolit import konfiguračního souboru, a to kliknutím na tlačítko *Import configuration* (Importovat konfiguraci) na záložce *Add New Server* (Přidat nový server) v dialogovém okně *Server Manager* (Správce serveru). Pokud si přejete zvolit tuto možnost, požádejte správce systému o soubor připojení. Nastavení připojení lze vyexportovat do souboru kliknutím na *Export* (Exportovat) u vybraného připojení v dialogovém okně *Server Manager* (Správce serveru).

3.9.2 Vytvoření prvního uživatele

Při prvním spuštění desktopové aplikace nebo připojení k serveru Omixon budete vyzváni k vytvoření úplně prvního uživatele aplikace. Z prvního uživatele, který se zaregistruje, se ve výchozím nastavení stane *Superuser* (Superuživatel), což znamená, že má přístup ke všem funkcím softwaru, včetně vytváření dalších uživatelských účtů. Doporučuje se, aby se nejdříve zaregistroval Administrátor systému, aby dokončil nastavení.

Další informace o uživatelských rolích a oprávněních naleznete v kapitole *Panel nastavení / Správa uživatelů Příručky Omixon*.

4 Rychlý návod

4.1 Přihlášení

Po inicializaci běhu programového vybavení HLA se uživatel musí přihlásit do aplikace.

Do políček zadejte přihlašovací jméno a heslo a klikněte na přihlásit. Při prvním přihlášení je vytvořen superuživatel.

4.2 Genotyping dashboard (Panel genotypizace)

Po přihlášení do programového vybavení se zobrazí panel genotypizace. Je to domovský panel tohoto programového vybavení. Zde jsou k dispozici všechny funkce genotypizace.

Tento panel se skládá z těchto dílčích obrazovek:

- Informační panel: obsahuje všechny hlavní funkce a některé velmi podrobné informace o aktuální složce a vybraných souborech. Zobrazuje také informace o aktuálním uživateli a aktivní databázi IMGT a poskytuje některé navigační funkce.
- Prohlížeč souborů: tato část obrazovky se používá k navigaci mezi všemi dostupnými složkami.
- Spodní panel:

Informační panel se nachází v horní části obrazovky. Má 3 různé části:

- V horní části se zobrazují:
 - ID aktuálního uživatele,
 - panel widgetu zobrazující využití paměti,
 - stavový panel správce procesů,
 - tlačítko uvítacího tutoriálu,
 - tlačítko odhlášení
 - a tlačítko ukončení.
- Ve střední části se zobrazují:
 - navigační tlačítka: Back (zpět), Forward (vpřed), Up (nahoru) a Home (domů) (Tlačítko Home vás vrátí na panel genotypizace).
 - napravo od navigačních tlačítek můžete vidět dostupné informace o použité databázi IMGT.
 - na pravé straně obrazovky se nachází záložky a tlačítka kontextově specifické nápovědy.
- V dolní části je řada tlačítek, která umožňují vybírat hlavní funkce tohoto panelu:
 - volby typizace a analýzy dat k zadání genotypizace,
 - volby typizace a analýzy dat k vizualizaci výsledků,
 - funkce prohlížeče souborů k navigaci mezi vzorky a složkami,
 - Typer Manager pro nasazování a stahování typovacích uzlů v konfiguracích distribuovaného serveru
 - Application settings (Nastavení aplikace)

Hlavní částí obrazovky je Průzkumník souborů, ve kterém se můžete pohybovat klikáním na názvy jednotek a složek – stejně jako v běžném prohlížeči souborů. Pomocí prohlížeče přejděte do složky, ve které jsou uloženy genotypizační vzorky. Každý soubor vzorků je označen malou značkou DNA a má svůj vlastní jedinečný název totožný s názvem vygenerovaným listem vzorků. U párových odečtů programové vybavení automaticky páruje soubory založené na názvech souborů a v prohlížeči souborů se zobrazí pouze soubor „R1“ FASTQ, aby se snížila redundance a ulehčila navigace. Pokud podržíte kurzor myši nad souborem vzorku, uvidíte velikost jednotlivých souborů FASTQ. Po zanalyzování vzorku se v prohlížeči souborů zobrazí samostatný soubor výsledků genotypizace. Tento soubor výsledků má příponu .htr. Ve výchozím nastavení jsou všechny soubory výsledků automaticky umísťovány do stejné složky, ve které jsou data vzorku. Každý soubor analýzy je označen malým symbolem tabulky. Název souboru analýzy se skládá z názvu vzorku a časového razítka, které odpovídá okamžiku zadání analýzy. Pokud podržíte kurzor myši nad souborem analýzy nebo soubor vyberete, uvidíte všechny dostupné informace týkající se analýzy v dolní části informačního panelu. Když se podíváte na soubor .htr, můžete napravo vidět velmi podrobné shrnutí výsledků typizace. Výsledky jsou anotovány pomocí systému barevných koleček, tzv. „semaforu“. Podobně jako u semaforu se zde používají tři různé barvy s různým významem. Na rozdíl od skutečného semaforu jsou k dispozici i „smíšené barvy“.

Funkce genotypizace jsou deaktivovány – tlačítka jsou zobrazena šedě – pokud na obrazovce nejsou žádné vzorky. Jakmile určíte umístění souboru FASTQ (nebo jiného podporovaného formátu), tlačítka genotypizace se zaktivují.

Chcete-li zadat analýzu, postupujte v souladu s částí Analýza.

Podrobné informace o této obrazovce a všech dostupných funkcích viz část *Genotyping dashboard (Panel genotypizace)* v *Příručce Omixon*.

4.3 Analýza

Po umístění alespoň jednoho vzorku máte několik možností ke spuštění genotypizace.

4.3.1 Jednoduchá genotypizace – doporučena u vzorků Holotype

Genotypizaci s výchozími parametry lze iniciovat jedním kliknutím na tlačítko „Analyse“ (Analyzovat) zobrazené na řádku u každého vzorku. Více vzorků můžete typizovat protokolem Holotype jejich vybráním s přidržením tlačítka Ctrl nebo Shift a stisknutím tlačítka „Simple Genotyping“ (jednoduchá genotypizace) v horní nabídce. Pomocí Správce procesů zobrazeného v pravém horním rohu můžete zkontrolovat, zda je typizace spuštěna. Podrobné informace o této a dalších souvisejících funkcích, jako je genotypizace s vlastními parametry a opětovná analýza vzorků, naleznete v části *Panel genotypizace*.

4.3.2 Výsledky

Jakmile dosáhne postup v *Plánovač Typer* 100 %, v prohlížeči souborů se objeví nový soubor výsledků. V případě, že je typizováno více vzorků najednou, zobrazí se každý výsledek, jakmile bude hotov, takže můžete začít prohlížet první výsledky, zatímco zbývající jsou stále zpracovávány. Soubory výsledků jsou označeny semaforem, který poskytuje rychlý přehled, a další podrobnosti můžete zobrazit kliknutím na tlačítko „View“ (Zobrazit) na konci každého řádku. Chcete-li zobrazit více výsledků, použijte během výběru tlačítko Ctrl nebo Shift a pak klikněte na tlačítko „View results“ (Zobrazit výsledky) v horní nabídce.

Při práci s výsledky analýzy v programu Omixon HLA si prosím uvědomte, že sekvence primerů nemají na výsledky vliv, protože jsou před analýzou ořezány. Podrobné informace týkající se interpretace výsledků naleznete v částech *Výsledek analýzy genotypizace* a *Výsledek genotypizace vzorku*.

4.4 Výsledek analýzy genotypizace

Jak je popsáno v části *Výsledky*, tyto můžete zobrazit zvýrazněním jednoho nebo více vzorků a kliknutím na tlačítko „View results“ (Zobrazit výsledky). Tím se dostanete do další části HLA Twin: *Výsledky analýzy genotypizace*.

Tato obrazovka se skládá ze tří hlavních částí:

- Information panel (Informační panel): všimněte si, že uspořádání tohoto panelu je z velké části totožné s Genotyping dashboard Information Panel (Informačním panelem panelu genotypizace) (viz výše).
- Panel Function (Funkce): funkční tlačítka pro filtrování, přiřazování, schvalování atd.
- Tabulka výsledků: souhrnná tabulka zobrazující výsledky analýzy

Na panelu Function (Funkce) jsou následující tlačítka:

- Sample details (podrobnosti o vzorku) a Browse alignment (procházení alignmentu),
- zobrazení tlačítek nastavení,
- přiřazení tlačítek,
- Export table (export tabulky),
- další možnosti komentáře vzorku/odsouhlasení vzorku/zrušení odsouhlasení vzorku/zobrazení vazebné nerovnováhy (Linkage Disequilibrium).

V Result Table (tabulce výsledků) Genotyping analysis results (výsledků analýzy genotypizace) můžete vidět velmi podrobný přehled výsledků každého lokusu všech vzorků.

Tabulka obsahuje následující sloupce:

- Sample (Vzorek)
 - Obsahuje název souboru .htr vytvořeného na základě názvu vzorku a časového razítka odkazujícího na čas zadání analýzy.
 - Pokud byl jeden vzorek analyzován vícekrát, zobrazení vzorků dodržuje pořadí analýzy. Časovou značku můžete použít ke sledování různých časů analýzy.
 - V horním pravém rohu je ikona ve tvaru hodin Assignment history (Historie přiřazení) a ikona indikátoru stavu schválení.
- Samostatné sloupce analyzovaných lokusů:
 - Výsledné alely jsou zobrazeny ve dvou řádcích signalizujících chromozomy.
 - V těchto sloupcích je zobrazena řada značek lokusů a úrovní alel.

V nejhořejším řádku pro každý lokus jsou zobrazeny značky specifické pro lokus. Patří mezi ně:

- Semafor kontroly kvality:

Tento semafor se opírá o opatření ke kontrole úrovně kvality lokusu a může mít následující barvy:

-  (zelená) – PASSED (ODPOVÍDÁ): lokus prošel všemi testy QC,
-  (žluto-zelená) – INFO (INFORMACE): výsledky jednoho nebo více testů QC jsou podprůměrné,
-  (žlutá) – INSPECT (ZKONTROLOVAT): výsledky jednoho nebo více testů QC nejsou uspokojivé, je zapotřebí ruční kontrola,
-  (červeno-žlutá) – INVESTIGATE (PROZKOUMAT): výsledky jednoho nebo více testů QC vykazují nízkou výslednou kvalitu, je zapotřebí ruční kontrola a případně opětovná analýza,
-  (červená) – FAILED (NEODPOVÍDÁ): výsledky jednoho nebo více testů QC vykazují velmi nízkou výslednou kvalitu, je zapotřebí ruční kontrola za účelem určení příčiny a pravděpodobného lokusu nebo vzorku který musí být znovu sekvencován nebo typizován alternativními metodami.
- Značky zygotity: Heterozygotní lokusy mají značku , zatímco homozygotní jsou označeny pomocí . Hemizygotní lokusy jsou označeny pomocí . Pokud je lokus hemizygotní, zobrazí se pouze jedna alela a druhá buňka zůstane prázdná. Pokud zygotitu lokusu nelze určit na základě dostupných údajů, je označena pomocí .
- Značky novinek: lokusy s alelami obsahujícími exonické (nebo exonické a intronické) novinky jsou označeny pomocí , zatímco lokusy s novými alelami obsahujícími pouze intronické novinky jsou označeny pomocí .

Rovněž výsledky alel mohou mít řadu značek, včetně:

- Nejlépe shoda a stav přiřazení: Zcela vlevo zobrazeného výsledku alely je malá ikona „zatržení“, která indikuje, zda vidíte „Nejlépe odpovídající alelu“ nebo nikoli. Ikona je modrá pro nejlépe odpovídající alely a šedá pro ostatní možné alely. Výsledek alely můžete přiřadit kliknutím na značku zatržení, která se změní na zelenou, což označuje přiřazení tohoto výsledku.

- Semafor shody:

Systém semaforu shody má tyto výstupy:

-  (zelená): výsledky SG a CG jsou plně shodné (ve 3. poli),
-  (žlutá): výsledky SG a CG jsou shodné do 4 číslic (2. pole),
-  (červeno-žlutá): výsledky SG a CG jsou shodné do 2 číslic (1. pole),
-  (červená): výsledky SG a CG nejsou shodné.

Všimněte si, že semafor shody je zobrazen pouze u nejlépe odpovídajících alel a pouze v případě, že výsledek byl vytvořen pomocí algoritmu genotypizace Twin a statistického algoritmu spuštěného pro konkrétní lokus.

- Homozygotnost: Alely zobrazené modrým písmem jsou homozygotní.
- Sérologicky ekvivalentní antigeny: Pokud jsou pro lokus k dispozici informace týkající se přidružených sérologicky ekvivalentních antigenů, bude popis při najetí myši na *ikonu antigenu*  obsahovat tyto informace.
- Vzácné alely jsou označeny ikonou *vykřičníku* .
- Nové alely obsahující exonické (nebo exonické a intronické) novinky jsou označeny , zatímco nové alely obsahující pouze intronické novinky jsou označeny .
- Nevyvážené alely se zobrazují *kurzívou*.
- Rozšíření alel: Alely s rozšířenou alelovou sekvencí jsou označeny *znaménkem plus* .
- Nízké zesílení: Pokud se v nevyrovnaném seznamu minoritních alel vyskytuje minoritní alela s dobře známým nízkým zesílením, je tato alela označena . V tomto případě se důrazně doporučuje ověření homozygotního výsledku za použití alternativní metody genotypizace (např. SSO).

Při podržení kurzoru myši nad různými částmi tabulky se zobrazí popis s dalšími dostupnými informacemi o těchto částech.

 Poznámka

Pokud lze na lokusu najít více než 50 nejlépe odpovídajících výsledků, nebude LD vypočtena. Pokud stisknete tlačítko Show LD details (Zobrazit podrobnosti LD), nebudou zobrazeny žádné informace.

Z Genotyping Analysis result dashboard (Panelu výsledků analýzy genotypizace) můžete přejít do Genotyping Sample Result (Výsledek genotypizace vzorku) nebo přímo do Genome Browser (Prohlížeče genomu).

V Genotyping Sample Results (Výsledky genotypizace vzorku) můžete sledovat podrobné metriky kvality analyzovaného vzorku. Chcete-li sem vstoupit, zvýrazněte vzorek, který chcete vidět, a klikněte na tlačítko „Sample Details“ (Podrobnosti vzorku) v dolním řádku Horní části. V HLA Browser (Prohlížeči HLA) můžete vizualizovat podrobné výsledky každého typizovaného lokusu. Chcete-li sem vstoupit, zvýrazněte vzorek, který chcete vidět, a klikněte na tlačítko „Browse Alignment“ (Procházet alignment) v dolním řádku Horní části.

Další informace naleznete v Příručce Omixon v části Výsledek analýzy genotypizace (Omixon Handbook/Genotyping Analysis result).

4.4.1 Řešení problémů s chybějícími výsledky

Když nemohly být vykázány žádné alely pro cílený gen, zobrazí se značka popisující možný důvod pro chybějící signál alely. Pro další informace přejedte myší přes informační ikonu vedle značky a přečtěte si zobrazený text. Vykazovat lze následující případy:

Pro lokusy jiné než DRB3/4/5:

- *Žádná data* – Pokud nejsou k dispozici žádná data, znamená to, že lokus buď nebyl ve vzorku zacílen, nebo vypadl během sekvenování a měl by být znovu sekvenován.
- *Nedostatečná nebo málo kvalitní data* – Data jsou nedostatečná nebo data ve vzorku mají nízkou kvalitu. Výsledky kontroly kvality by měly být zkontrolovány podrobněji.

Pro DRB3/4/5:

- *Alela není očekávána* – V tomto lokusu se neočekává žádná alela na základě známé nerovnováhy vazby v HLA-DRB1 a HLA-DQB1.
- *Očekávaná alela nenalezena* – Tato značka znamená, že na základě známých informací o nerovnováze vazby byla pro tento lokus/alelu data očekávána, ale žádná nebyla nalezena.
- *Nalezena neočekávaná alela* – Byla nalezena data pro lokus/alelu, která nebyla na základě známých informací o nerovnováze vazby očekávána.
- *Nedostatečná nebo málo kvalitní data* – Data jsou nedostatečná nebo data ve vzorku mají nízkou kvalitu. Výsledky kontroly kvality by měly být zkontrolovány podrobněji.

Pokud pro cílený gen nejsou vykázány žádné alely, navrhuje se analyzovat příslušný vzorek znovu pomocí vyššího počtu čtení. (Počet zpracovaných čtení lze nastavit v průvodci *Advanced Genotyping* (Rozšířená genotypizace).) Příčinou chybějících výsledků úrovně alely může být, že pokrytí nedosahuje minimálního limitu na alele nebo na exonech, nebo je hloubka pokrytí příliš malá. Zpracování více čtení může zesílit signály, které podporují správné alely.

4.5 Výsledek genotypizace vzorku

Na obrazovce Genotyping Sample result (Výsledek genotypizace vzorku) můžete zkontrolovat podrobnosti výsledků genotypizace, metriky kvality a statistiky dat každého lokusu vybraného vzorku.

Tuto obrazovku lze rozdělit na čtyři hlavní části:

- Information panel (Informační panel) – všimněte si, že uspořádání tohoto panelu je z velké části totožné s Genotyping dashboard Information Panel (Informačním panelem panelu genotypizace) (viz výše).
- Panel Function (Funkce): funkční tlačítka pro filtrování, přiřazování, schvalování atd.
- Result table (Tabulka výsledků): obsah tabulky výsledků je totožný s obsahem tabulky na obrazovce výsledků Genotyping Analysis (Analýzy genotypizace), na této obrazovce se však tabulka zobrazuje ve sbaleném režimu, aby zůstalo více místa pro Details Panel (Panel podrobností).
- Details Panel (Panel podrobností): zobrazuje výsledek genotypizace, metriky kvality a statistiky dat.

Na panelu Function (Funkce) jsou následující tlačítka:

- otevření prohlížeče,
- podrobné informace o genotypizaci,
- přizpůsobení zobrazených výsledků,
- přiřazení alel,
- komentování.

Sbalená tabulka výsledků ukazuje první nejlépe odpovídající alelu pro každý lokus. Pokud existuje více nejlépe odpovídajících výsledků alel, úroveň nejednoznačnosti je indikována zbarvením daných polí v názvu alely červeně, zatímco pole jednoznačných výsledků zůstanou černá.

V Panelu podrobností si můžete vybrat ze tří různých záložek:

- Genotype (Genotyp)
 - V části Genotype (Genotyp) můžete sledovat genotyp vybraný programovým vybavením.

- Alely můžete přidat nebo odstranit ručně.
- Quality control (Kontrola kvality)
 - Ke každému lokusu se provádí několik výpočtů souvisejících s opatřeními ke kontrole kvality. Každé opatření všech lokusů je označeno systémem semaforu.
 - Tabulka Quality control (Kontrola kvality) obsahuje jeden sloupec všech metrik a samostatné sloupce jednotlivých zobrazených lokusů.
 - Řádek „Overall“ (Celkem) udává celkový výsledek každého jednotlivého lokusu v souladu se systémem semaforu.
 - Každá metrika má v tabulce svůj vlastní řádek. Vedle názvu metriky je zobrazena malá značka „i“. Při podržení kurzoru myši nad značkou „i“ se zobrazí okno s podrobnějšími informacemi o vybrané metrice.
 - U každé metriky je zobrazen semafor, hodnota metriky a malá značka „i“ s informacemi o specifických prahových hodnotách této metriky. Při podržení kurzoru myši nad značkou „i“ se zobrazí okno s podrobnějšími informacemi o prahových hodnotách vybrané metriky.
- Data Statistics (Statistika dat)
 - Část Overview (Přehled) – u několika různých kroků analýzy je k dispozici počet a proporce odečítání.
 - Část Allele imbalance (Odchylka alely) – toto číslo zobrazuje u všech genů alelickou nerovnováhu mezi jednotlivými oblastmi.
 - Část Fragment size (Velikost fragmentu) – tento histogram zobrazuje rozložení velikosti fragmentu párovaných odečtů.
 - Část Read quality (Kvalita odečtu) – v tomto grafu je zobrazena základní kvalita zpracovaných odečtů na 5 bází. Pozice odečtu jsou na ose x, zatímco na ose y jsou zobrazeny hodnoty kvality.

Na levé straně spodní části lze vybrat různé lokusy.

Můžete vstoupit do HLA browser (prohlížeče HLA) vybraných lokusů, a to klepnutím na tlačítka „Browse Alignment“ (Procházet alignment), „Browse Allele 1“ (Procházet alelu 1) a „Browse Allele 2“ (Procházet alelu 2).

Další informace naleznete v Příručce Omixon v části Výsledek genotypizace vzorku (Omixon Handbook/Genotyping Sample result).

4.6 Gene Browser (Prohlížeč genů)

Gene Browser (Prohlížeč genů) umožňuje vizuální kontrolu genomických údajů. Více kandidátů na alely lze procházet společně.

Ve výchozím nastavení jsou v prohlížeči k dispozici tyto stopy:

- *Position track (Poziční stopa)* – zobrazuje souřadnice všech viditelných stop. Číslování začíná od jedničky.
- *Phasing track group (Skupina fázovací stopy)*:

Phasing track (Fázovací stopa) – tato stopa obsahuje anotace kontinuálně rozložených oblastí (tzv. Fázovacích oblastí).

Variants track (Variantní stopa) – zobrazuje počet překrývajících se párů odečtů mezi dvěma po sobě jdoucími heterozygotními pozicemi (tj. dvěma pozicemi, ve kterých se dvě konsenzuální sekvence vzájemně liší). Štítek „Přímý“ zobrazuje počet odečtů každého konsensu, který podporuje fázování zobrazené v prohlížeči, zatímco štítek „Křížený“ zobrazuje počet podpůrných čtení dalšího možného fázování těchto dvou pozic.

- *Consensus sequence 1 (Konsenzuální sekvence 1)* – vytvořená konsenzuální sekvence jednoho z chromozomů.
- *Coverage depth for consensus 1 (Hloubka pokrytí konsensu 1)* – zobrazuje hloubku pokrytí každé pozice sestavy konsenzuální sekvence 1.
- *Consensus sequence 2 (Konsenzuální sekvence 2)* – vytvořená konsenzuální sekvence druhého chromozomu.
- *Coverage depth for consensus 2 (Hloubka pokrytí konsensu 2)* – zobrazuje hloubku pokrytí každé pozice sestavy konsenzuální sekvence 2.
- *Allele 1 sequence (Sekvence alely 1)* – nukleotidová sekvence alely, která nejlépe odpovídá prvnímu konsensu.
- *Region annotation for allele 1 (Oblast anotace alely 1)* – zobrazení anotace exonů, intronů a UTR alely 1.
- *Coverage depth track for allele 1 (Stopa hloubky pokrytí alely 1)* – zobrazuje hloubku pokrytí každé pozice alignmentu alely 1.
- *Allele 2 sequence (Sekvence alely 2)* – nukleotidová sekvence alely, která nejlépe odpovídá druhému konsensu.
- *Region annotation for allele 2 (Oblast anotace alely 2)* – zobrazení anotace exonů, intronů a UTR alely 2.
- *Coverage depth track for allele 2 (Stopa hloubky pokrytí alely 2)* – zobrazuje hloubku pokrytí každé pozice alignmentu alely 2.

U nových alel jsou zobrazeny dvě referenční stopy. Referenční sekvence nové alely (*Novel ref – nová ref.*) a referenční sekvence úzce příbuzné alely (*Rel ref – příbuzná ref.*), ze které byla nová alela odvozena.

Konsenzuální sekvence a odpovídající krátké odečty lze prohlížet v prohlížeči, a to i když nejsou nalezeny žádné shodné páry alel.

Další stopy:

- *Noise track (Stopa šumu)* – znázorňuje systematický šum odfiltrovaný během konsenzuálního sestavování. Konsenzus šumu obsahuje hlavní nukleotid každé pozice.
- *Amino acid track (Aminokyselinová stopa)* – zobrazuje aminokyselinovou sekvenci všech alel a konsenzuální sekvence, včetně nových alel, obarvené na základě hydrofobnosti aminokyselin.

Ve výchozím nastavení jsou zobrazeny podrobné stopy pokrytí alignmentů alel, společně s anotacemi regionu. Stopa pokrytí má vestavěnou podporu vizualizace základních statistik: základny v odečtech odlišných od aktuálního konsensu/referenční základny mají proporcionálně zobrazenou odpovídající hloubku pokrytí s přidruženou barvou nukleotidové základny.

Další režimy stop krátkého odečtu

Kromě výchozího režimu hloubky pokrytí jsou u krátké stopy odečtu k dispozici tyto alternativní vizualizační režimy:

- *Short read mode (Režim krátkého odečítání)* – zobrazuje krátké odečty zobrazené v řádku, takže dopředné vláknové odečty (růžové) a reverzní vláknové odečty (žluté) lze snadno na displeji rozlišit.
- *Fragment mode (Režim fragmentu)* – režim spárovaného zobrazení, který zobrazuje příslušné dopředné a reverzní odečty v párech na stejném řádku. Překrývající se části mezi dvojicemi odečtů jsou označeny modře, zatímco nepřekrývající se odečty jsou spojeny tenkou čarou.

V obou výše uvedených režimech může být stopa krátkého odečtu *zhroucena*, což poskytuje souhrnný pohled na krátké odečty (a neumožňuje podrobnou kontrolu každého odečtu).

4.7 Settings dashboard (Panel nastavení)

Settings dashboard (Panel nastavení), dostupný z *Genotyping dashboard (Panelu genotypizace)* pomocí tlačítka *Application settings (Nastavení aplikace)*, zobrazuje přehled nastavení nástroje, umožňuje přístup k funkcím správy a konfiguračním zobrazením. Tento panel poskytuje také některé obecné informace o aktuální verzi programového vybavení a o aktuálním uživateli.

4.7.1 Všeobecné informace

V Settings Dashboard (Panelu nastavení) jsou tři bloky informací:

- Vydání Omixon HLA: tato část obsahuje název a verzi programového vybavení, identifikátor sestavení s vyhrazeným tlačítkem ke kopírování do schránky a některé kontaktní informace a informace o autorských právech.
- Vydání Omixon HLA: tato část obsahuje název, verzi a referenční číslo programového vybavení, identifikátor sestavení s vyhrazeným tlačítkem ke kopírování do schránky a některé kontaktní informace a informace o autorských právech.
- Informace o společnosti: tato část obsahuje název, adresu, webové stránky a kontakt na technické a obchodní oddělení společnosti.
- Informace o licenci: tato část zobrazuje počet dostupných kreditů a datum vypršení licence.

4.7.2 Postranní panel

Levý postranní panel obsahuje následující sady funkcí:

Obecné

V této skupině funkcí můžete nastavit úložiště dat analýzy a souborů s výsledky, vytvářet a spravovat protokoly a nastavovat cílené geny pro analýzu a vybrat verzi testu, která se použije pro analýzu. Podrobnosti týkající se protokolů naleznete na stránce nápovědy *Analysis Protocols (Protokoly analýzy)*.

Databáze

Pomocí funkce *Install New Database (Instalovat novou databázi)* můžete nastavit jednu nebo více verzí databáze IMGT pro genotypizaci. Pomocí funkce *Select Active Database (Vybrat aktivní databázi)* můžete určit aktivní verzi databáze. Genotypizace bude vždy iniciována s aktivní verzí. V nabídce *Configure Database Extensions (Konfigurovat rozšíření databáze)* můžete nastavit, zda chcete používat rozšíření databáze nebo ne.

Administration (administrace)

Pomocí volby *User management (Správa uživatelů)* můžete vytvářet, upravovat a zablokovat uživatele. Pomocí volby *Display hardware key (Zobrazit hardwarový klíč)* můžete zobrazit alfanumerický identifikátor počítače, který lze použít k vytvoření licence k tomuto konkrétnímu počítači. Možnost *Upload License (Nahrát licenci)* lze použít k ručnímu importu licenčního souboru do programového vybavení.



Automation (automatizace)

Tato skupina funkcí vám umožňuje na konfiguracích server-klient konfigurovat automatickou analýzu.

Screen Settings (nastavení obrazovky)

V této skupině funkcí můžete měnit konfigurace zobrazení pro Gene Browser (Prohlížeč genů). Pamatujte, že tyto změny ovlivní výchozí chování a vzhled programového vybavení. Pokud pouze chcete dočasně změnit nastavení prohlížeče, můžete použít volbu *Display configuration* (Konfigurace zobrazení) na obrazovce prohlížeče. Pomocí funkce *Restore defaults* (Obnovit výchozí hodnoty) můžete nastavit všechny parametry zpět na jejich výchozí hodnoty. Podrobnosti týkající se těchto nastavení naleznete na stránce nápovědy: *Gene Browser* (Prohlížeč genů).