



Brugervejledning

Omixon HLA Twin CE

Version 4.4.1

Date of issue:
03/18/2021





1	Revisions- og ændringshistorik	5
2	Introduktion	9
2.1	Firmaoplysninger	9
2.2	Generelle anvendte symboler	9
2.3	Generelle oplysninger	9
2.4	Sekventeringsteknologier	9
2.5	Metodens princip	10
2.5.1	Konsensusgenotypebestemmelse (CG)-algoritme	10
2.5.2	Algoritme til statistisk genotypebestemmelses (SG)	10
2.5.3	Twin-genotypebestemmelse.....	10
2.6	Tilsluttet brug	10
2.7	Advarsler og forsigtighedsregler:	10
2.7.1	Begrænsninger for produktbrug	10
2.8	Valideringsmetoder og ydeevnekaraktistika	11
2.8.1	Holotype HLA v2.....	11
2.8.2	Holotype HLA v3.....	11
2.8.3	Omnitype v1	11
2.9	Frigivelsesnoter.....	11
2.10	Referencer	12
3	Installationsvejledning	13
3.1	Introduktion	13
3.1.1	Generelle oplysninger.....	13
3.1.2	Opdatering fra HLA Twin 3.1.3 eller ældre.....	13
3.2	Tilgængelige konfigurationer	13
3.2.1	Generelle oplysninger.....	13
3.2.2	Desktop.....	13
3.2.3	Server (enkeltstående)	14
3.2.4	Server (distribueret).....	14
3.3	Systemkrav	15
3.4	Installation af MySQL	15
3.4.1	Windows	16
3.4.2	OSX.....	23



3.4.3 Linux	30
3.5 Konfiguration af en allerede eksisterende MySQL-database	30
3.6 Desktopinstallation.....	31
3.6.1 Opdatering fra HLA Twin 3.1.3 eller ældre.....	31
3.6.2 Installation af HLA Twin Desktop	31
3.7 Installation af enkeltstående Server	40
3.7.1 Opdatering fra HLA Twin 3.1.3 eller ældre.....	40
3.7.2 Bemærkninger inden installation	40
3.7.3 Installation af HLA Twin Server	41
3.8 Klientinstallation.....	52
3.8.1 Opdatering fra HLA Twin 3.1.3 eller ældre.....	52
3.8.2 Bemærkninger inden installation	52
3.8.3 Installation af HLA Twin Client	53
3.9 Anvisninger til brug første gang	60
3.9.1 Oprettelse af forbindelse til serveren	60
Tilslutning af klienten	60
Eksport og import af forbindelseskonfiguration.....	61
3.9.2 Oprettelse af den første bruger	61
4 Hurtigt i gang.....	62
4.1 Log ind	62
4.2 Genotypebestemmelsesdashboard	62
4.3 Analyse.....	63
4.3.1 Simpel genotypebestemmelse – anbefales til Holotype-prøver	63
4.3.2 Resultater	63
4.4 Genotypebestemmelsesanalyseresultat	63
4.4.1 Fejlfinding af manglende resultater.....	65
4.5 Genotypebestemmelsesprøveresultat	66
4.6 Genbrowser	66
4.7 Indstillingsdashboard	67
4.7.1 Generelle oplysninger.....	67
4.7.2 Sidebar.....	68
Generelt	68
Database.....	68



Administration	68
Automatisering.....	68
Skærmindstillinger	68

1 Revisions- og ændringshistorik

Versio n	Godkendelses dato	Forfatter	Resumé af ændringer	Godkendt af
3.0.0	 29 Jun 2018	Adél Juhász Ágnes Pásztor	ABO- og MIC-relaterede modifikationer introduceret i genotypebestemmelse og resultatvisning. Ordet "HLA" fjernet, hvor der også kan menes ABO eller MIC. Diverse mindre rettelser i teksten.	Adél Juhász Ágnes Pásztor
3.1.0	 31 Aug 2018	Petra Hoch	Afsnittet Firmaoplysninger blev tilføjet. Mindre rettelser i formulering og formatering.	Adél Juhász
3.1.1	 08 Nov 2018	Krisztina Rigó Petra Hoch	Ydeevnemålinger opdateret for Holotype HLA v1 og tilføjet for Holotype HLA v2. Mindre rettelser i formulering og formatering.	Adél Juhász
3.1.2	 13 Nov 2018	Adél Juhász	Definition af IMGT-databasesupport tilføjet som støtte til periodebeskrivelse. Mindre rettelser i referencer til håndbogen.	Krisztina Rigó
3.1.3	 13 Feb 2019	Adél Juhász	Beskrivelse af Twin-genotypebestemmelse tilføjet, herunder SG-afviklingslogik Anbefalinger til indstilling af midlertidig mappe ændret for serveropsætning	Krisztina Rigó Mónika Hulita
4.0.0	 06 Aug 2019	Adél Juhász	Hurtigt i gang opdateret med: - Ny struktur for resultattabel - Markeringer af locusniveau - Ny placering af funktionen til tildelingshistorik - Funktionalitet til at skjule/udvide tabel - Hændelseslog - Typer Manager - Nederste informationspanel på dashboard Afsnit om Omixon HLA Server fjernet Afsnittet Installationsvejledning omstruktureret ved at tilføje: - Tilgængelige konfigurationer - Desktopinstallation - Installation af enkeltstående Server - Vejledning til brug første gang: - Oprettelse af den første bruger - Oprettelse af forbindelse til serveren	Marton Pogany
4.0.0	 09 Aug 2019	Adél Juhász	Siden Systemkrav flyttet fra Introduktion til Installationsvejledning og opdateret med faktiske værdier Sider føjet til Installationsvejledning: - Introduktion - Klientinstallation - Dataoverførsel	Marton Pogany

Version	Godkendelsesdato	Forfatter	Resumé af ændringer	Godkendt af
4.0.1	 15 Oct 2019	Adél Juhász	Installationsvejledning opdateret: • H2 blev fjernet, der refereres i stedet til MySQL • MySQL-konfiguration blev tilføjet • Direkte links til softwareinstallationsmanual blev erstattet med tekstreferencer Installationsvejledning flyttet op i sidehierarki til før Hurtigt i gang	Nándor Varga
4.1.0	 09 Jan 2020	Nándor Varga	Hurtigt i gang opdateret: Ikonet for serologisk ækvivalent antigen føjet til listen over markeringer. Ydeevnemålinger opdateret for Holotype HLA v1 og V2 og tilføjet for Holotype HLA v3.	Adél Juhász
4.2.0	 17 Mar 2020	Nándor Varga	Ydeevnemålinger opdateret for Holotype HLA v1, v2 og v3	Mónika Hulita
4.2.2	 01 Jul 2020	Mónika Hulita	Ydeevnemålinger opdateret for Holotype HLA v2, v3 og v1 blev fjernet.	Nándor Varga

Version	Godkendelsesdato	Forfatter	Resumé af ændringer	Godkendt af
4.3.0	 25 Aug 2020	Krisztina Rigó Mónika Hulita Gábor Schieder	Ydeevnemålinger opdateret for Holotype HLA v2, v3 og OmniType v1 blev tilføjet. Mindre rettelser i formulering og formatering. Hurtigt i gang opdateret med: - Indstillingsdashboard – Generelle oplysninger – Firmaoplysninger Fjernet fra Hurtigt i gang: - Indstillingsdashboard – Eksporter indstillinger-afsnittet Omstruktureret/fjernet fra Hurtigt i gang - Indstillingsdashboard – Database-afsnittet (funktionen fjern database er ikke længere tilgængelig for brugere) - Indstillingsdashboard – Administration-afsnittet (funktionen fjern ændret til deaktivert) - Indstillingsdashboard – Skærmindstillinger (konfiguration af resultatskærmen er ikke længere tilgængelig for brugere) Opdateret Brugervejledning med: - Desktopinstallation – Afsnit om overførsel blev fjernet, skærbilleder blev aktueliseret. Sideskift og links er rettet. - Installation af enkeltstående server – Afsnit om overførsel blev fjernet, skærbilleder blev aktueliseret. Sideskift og links er rettet. - Clientinstallation – Afsnit om overførsel blev fjernet, skærbilleder blev aktueliseret. Sideskift og links er rettet. - Installation af MySQL – Windows og OSX blev opdateret: Brug det seneste installationsprogram. Skærbillederne er kun eksempler. - Siden om databaseoverførsel blev fjernet. Opdateret Softwareinstallationsvejledning med: - Desktopinstallation – Afsnit om overførsel blev fjernet, skærbilleder blev aktueliseret. Sideskift og links er rettet. - Server (enkeltstående) – Afsnit om overførsel blev fjernet, skærbilleder blev aktueliseret. Sideskift og links er rettet. - Server (distribueret) – Afsnit om overførsel blev fjernet, skærbilleder blev aktueliseret. Sideskift og links er rettet. - Client – Afsnit om overførsel blev fjernet, skærbilleder blev aktueliseret. Sideskift og links er rettet. - Siden om databaseoverførsel blev fjernet. - Siden om tilføjelse af nye Typer til HLA Twin Server er flyttet til afsnittet Typer - Siden om opdatering fra version 4.x udvidet med begrænsninger for Omnitype EAP - Installation af MySQL – Windows og OSX blev opdateret: Brug det seneste installationsprogram. Skærbillederne er kun eksempler.	Mónika Hulita Gábor Schieder

Version	Godkendelsesdato	Forfatter	Resumé af ændringer	Godkendt af
4.4.0	 10 Dec 2020	Ákos Botos Mónika Hulita Gábor Schieder Krisztina Rigó	Opdateret Brugervejledning med: • Introduktion – "Generelle anvendte symboler" blev opdateret • Ydeevnemålinger opdateret for Holotype HLA v2, v3 og OmniType v1 • Filsøgning – Tillader lokalisering af prøve- og analysefiler i hele HLA Twin-databasen • Hardwarekrav – RAM-ændringer Opdatere Softwareinstallationsvejledning med: • Hardwarekrav – RAM-ændringer Opdatere Håndbogen med: • Afsnittet Eksporter tabel – tekst om XLS-filformat er fjernet • Oversigt med P/G-gruppemulighed indført	Mónika Hulita Gábor Schieder
4.4.1	 16 Mar 2021	János Tóth	Opdateret Brugervejledning med: • CE symbol - "Conformité Européenne" Europæisk overensstemmelse • IVD symbol - Medicinsk anordning til in vitro-diagnostisk brug	Ákos Botos

2 Introduktion

2.1 Firmaoplysninger

Dette produkt er fremstillet af Omixon Biocomputing Ltd.

Adresse:

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

Hjemmeside: <http://www.omixon.com>

Teknisk kontakt: support@omixon.com¹

Salgskontakt: sales@omixon.com²

2.2 Generelle anvendte symboler

Følgende symboler anvendes i Omixon Twin-produktet (se det relevante kapitel vedr. symboler, der specifikt gælder Twin)



- "Conformité Européenne" Europæisk overensstemmelse



- Medicinsk anordning til in vitro-diagnostisk brug



www.omixon.com³ - Se brugsanvisningen

2.3 Generelle oplysninger

Omixon HLA Twin leverer to uafhængige algoritmer til genotypebestemmelse af næstegenerationssekventeringsdata: statistisk genotypebestemmelse (SG) og konsensusgenotypebestemmelse (CG). Algoritmerne er udviklet sammen med Omixon Holotype HLA-sekventeringsanalysen. De to algoritmer kan køre på samme tid, og resultaterne kan undersøges i en enkelt tabel. Sammen med denne overordnede højniveautabel leveres der detaljerede statistikker og kvalitetskontrolforanstaltninger for hver prøve.

Omixon HLA Twin tilbyder en tidsbestemt licensordning, som tillader ubegrænset genotypebestemmelse i en given periode. Kontakt venligst sales@omixon.com⁴ for et tilbud. En licens, som gælder i 90 dage, er inkluderet i testversionen.

Hver softwareversion leveres med fuld support i 13 måneder fra frigivelse. Når supporten til en softwareversion udløber, implementeres der ikke fejlretninger for den, og den valideres ikke med nye IMGT-databaser. Det anbefales kraftigt at opgradere til den nyeste softwareversion, før supporten udløber.

2.4 Sekventeringsteknologier

Omixon HLA Twin understøtter sekventering af Illumina-data.

¹ <mailto:support@omixon.com>

² <mailto:sales@omixon.com>

³ <https://www.omixon.com/>

⁴ <mailto:sales@omixon.com>

2.5 Metodens princip

2.5.1 Konsensusgenotypebestemmelse (CG)-algoritme

Konsensusgenotypebestemmelsesalgoritmen er en de novo-assembleringsbaseret metode. Assemblermetoden modtager data, som er forfiltreret for gener, som er baseret på IMGT-databasen. Produktet af assembleringen er et eller flere contigs, og hvert contig består af et eller flere fasede områder. De genererede konsensussekvenser sammenlignes med allelsekvenserne i IMGT/HLA-databasen, og allelparret eller -parrene med minimale nøgle-exon-, andre exon- eller ikke-exon-uoverensstemmelser rapporteres.

Konsensusgenotypebestemmelsesalgoritmen rapporterer resultaterne af genotypebestemmelse med fuld opløsning (4 felter).

2.5.2 Algoritme til statistisk genotypebestemmelse (SG)

Den statistiske genotypebestemmelsesalgoritme er en alignmentbaseret metode. Aflæsninger og aflæsningspar alignes med alle exoniske sekvenser, som er defineret i IMGT-databasen, og tilknyttes derefter alleler med den højeste alignmentscore. Alleler forfiltreres og parres. Allelpar sammenlignes og ordnes ud fra den kombinerede mængde understøttende aflæsninger i parret. Alle allelpar, der ud fra sammenligningsresultaterne betragtes som lige gode resultater, rapporteres. Den statistiske genotypebestemmelsesalgoritme rapporterer genotyperesultater med exonbaseret opløsning (3 felter).

2.5.3 Twin-genotypebestemmelse

Twin-genotypebestemmelse er en kombination af CG- og SG-algoritmerne beskrevet herover. Ved udførelse af Twin-genotypebestemmelse køres CG-algoritmen for alle ønskede loci. Efterfølgende køres SG-algoritmen for loci, hvor CG-resultater opfylder et sæt foruddefinerede betingelser. Ud over de brugerdefinerede afviklingsbetingelser er SG-algoritmen programmeret til altid at køre for loci med nye alleler og aldrig for locus HLA-DRB3.

2.6 Tilsigtet brug

Omixon HLA Twin er beregnet til fortolkning af Next Generation Sequencing (NGS)-data, som er genereret med Omixon Holotype HLA-sekventeringsanalysen på Illumina-sekventeringssystemer. Dette giver meget nøjagtig HLA-typebestemmelse, der opnås fra single-pass på allelniveau til 2-feltsniveau. Softwaren giver human histokompatibilitetsinformation om HLA klasse I (HLA-A, B og C)- og klasse II (HLA-DPA1, DPB1, DQA1, DQB1 og DRB1/3/4/5)-gener med to uafhængige algoritmer: statistisk genotypebestemmelse (SG) og konsensusgenotypebestemmelse (CG). De to algoritmer kan køres samtidigt, og konkordansen mellem algoritmerne vises altid ved siden af resultatet af den primære genotypebestemmelsesalgoritme, når begge metoder har kørt. Sammen med denne overordnede højniveautabel leveres der detaljerede statistikker og kvalitetskontrolforanstaltninger for hver prøve.

Omixon HLA Twin-produktet er beregnet til in vitro-diagnostisk brug af professionelt sundhedspersonale, f.eks. laboratorieteknikere og læger, som er uddannet i HLA-typebestemmelse og arbejder på diagnostiske laboratorier, der er EFI- eller ASHI-akkrediteret (eller som kan arbejde i henhold til EFI- eller ASHI-specifikationerne). De resultater, der genereres af softwaren, må ikke anvendes som eneste grundlag for kliniske beslutninger.

2.7 Advarsler og forsigtighedsregler:

2.7.1 Begrænsninger for produktbrug

Algoritmerne er udviklet og har gennemgået en omfattende evaluering sammen med Omixon Holotype HLA-sekventeringsanalysen. For at opnå den bedste ydeevne bedes softwaren anvendt sammen med Omixon Holotype HLA-analysen til HLA-typebestemmelse med NGS på Illumina MiSeq-systemet. Hvis der anvendes andre HLA-sekventeringsanalyser eller NGS-platforme end dem, som er anført ovenfor, skal de kontrolleres og valideres omhyggeligt af brugeren!

En liste over kendte begrænsninger for analyser og algoritmer kan ses i dokumentet Kendte produktbegrænsninger!

2.8 Valideringsmetoder og ydeevnekarakteristika

Nedenstående ydeevnestatistikker er genereret med Omixon HLA Twin version 4.4.1 (fast mode) og IMGT-databaseversion 3.42.0_9. Ydeevneindikatorerne er beregnet med den metode, som er beskrevet af Ng et al. (1993)¹. Resultaterne af genotypebestemmelsen er sammenlignet med tilgængelige referencegenotypebestemmelsesresultater med tofeltsopløsning.

2.8.1 Holotype HLA v2

I alt 175 prøver blev analyseret. Sekventeringsdataene er genereret med Holotype HLA version 2.

Måling	HLA-A	HLA-B	HLA-C	HLA-DPA1	HLA-DPB1	HLA-DQA1	HLA-DQB1	HLA-DRB1	HLA-DRB3	HLA-DRB4	HLA-DRB5
Sensitivitet	99,71%	98,57%	97,71%	98,56%	98,57%	96,26%	96,57%	100,00%	97,90%	84,62%	98,27%
Specificitet	99,99%	99,98%	99,93%	99,88%	99,95%	99,79%	99,83%	100,00%	99,58%	94,87%	99,42%
Præcision	99,71%	98,57%	97,71%	98,56%	98,57%	96,26%	96,57%	100,00%	97,90%	84,62%	98,27%
Negativ prognoseværdi	99,99%	99,98%	99,93%	99,88%	99,95%	99,79%	99,83%	100,00%	99,58%	94,87%	99,42%
Type korrekt klassificeret	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

I alt 192 prøver blev analyseret. Sekventeringsdataene er genereret med Holotype HLA version 3.0.1.

Måling	HLA-A	HLA-B	HLA-C	HLA-DPA1	HLA-DPB1	HLA-DQA1	HLA-DQB1	HLA-DRB1	HLA-DRB3	HLA-DRB4	HLA-DRB5
Sensitivitet	98,96%	97,92%	98,96%	96,88%	94,79%	96,09%	96,09%	97,66%	99,05%	96,10%	97,48%
Specificitet	99,98%	99,98%	99,97%	99,78%	99,88%	99,82%	99,80%	99,96%	99,76%	98,70%	99,50%
Præcision	98,96%	97,92%	98,96%	96,88%	94,79%	96,09%	96,09%	97,66%	99,05%	96,10%	97,48%
Negativ prognoseværdi	99,98%	99,98%	99,97%	99,78%	99,88%	99,82%	99,80%	99,96%	99,76%	98,70%	99,50%
Type korrekt klassificeret	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

I alt 144 prøver blev analyseret. Sekventeringsdataene er genereret med Omnitype version 1.

Måling	HLA-A	HLA-B	HLA-C	HLA-DPA1	HLA-DPB1	HLA-DQA1	HLA-DQB1	HLA-DRB1	HLA-DRB3	HLA-DRB4	HLA-DRB5
Sensitivitet	98,95%	98,25%	98,95%	98,95%	99,30%	98,60%	99,30%	95,80%	97,90%	97,90%	99,65%
Specificitet	99,97%	99,97%	99,97%	99,87%	99,98%	99,91%	99,95%	99,93%	99,48%	99,30%	99,91%
Præcision	98,95%	98,25%	98,95%	98,95%	99,30%	98,60%	99,30%	95,80%	97,90%	97,90%	99,65%
Negativ prognoseværdi	99,97%	99,97%	99,97%	99,87%	99,98%	99,91%	99,95%	99,93%	99,48%	99,30%	99,91%
Type korrekt klassificeret	99,95%	99,94%	99,93%	99,77%	99,96%	99,84%	99,91%	99,86%	99,16%	98,95%	99,86%

2.9 Frigivelsesnoter

Der kan ses en liste over nye funktioner og fejlretninger i sektionen *Release Notes* (Frigivelsesnoter) på <https://www.omixon.com/support-and-resources/hla-twin/>



2.10 Referencer

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 Installationsvejledning

3.1 Introduktion

3.1.1 Generelle oplysninger

Dette er et uddrag fra *softwareinstallationsvejledningen*. Hvis du ikke kunne finde de oplysninger, du leder efter i dette dokument, bedes du se den udvidede *softwareinstallationsvejledning*. For yderligere oplysninger og assistance bedes du kontakte os på support@omixon.com.⁵

3.1.2 Opdatering fra HLA Twin 3.1.3 eller ældre

Vær opmærksom på, at opdateringsprocessen er anderledes end normalt. Af hensyn til en sikker opdatering uden datatab bedes du bruge tid på at læse det kapitel i *Installationsvejledning*, der er relevant for dig.

3.2 Tilgængelige konfigurationer

3.2.1 Generelle oplysninger

I dette kapitel forklares de tre mulige konfigurationer, som HLA Twin kan bruges i. De er hver især egnet for laboratorier med forskellige throughput.

Hver enkelt konfiguration kræver, at en MySQL 8-databaseserver er installeret enten lokalt eller eksternt.

Denne brugervejledning indeholder anvisninger til installation af Desktop Server og den enkeltstående server samt Client. Detaljerede oplysninger om installation af den distribuerede server findes i den udvidede *softwareinstallationsvejledning*.

3.2.2 Desktop

- Velegnet til mindre laboratorier
- Én bruger kan være logget på ad gangen
- Én prøve kan analyseres ad gangen

Softwareen kører på én computer, brugerne skal dele den samme computer for at arbejde med softwaren. HLA Twin har sit eget brugeradministrationssystem, og det er derfor lige meget, hvem der er logget på i Windows. Brugeren kan arbejde under sin egen identitet i HLA Twin (det er vigtigt af hensyn til kontrol-, workflow- og kommenteringsfunktioner). Hvis den samme software er installeret på en anden computer, kan de to softwareelementer ikke kommunikere, og de nævnte brugeroplysninger vil ikke være tilgængelige. Vi fraråder det.

⁵ <mailto:support@omixon.com>.

3.2.3 Server (enkeltstående)

- Velegnet til laboratorier med mellemhøjt throughput
- **Flere brugere kan arbejde på samme tid**
- Én prøve kan analyseres ad gangen

HLA Twin Server (enkeltstående):

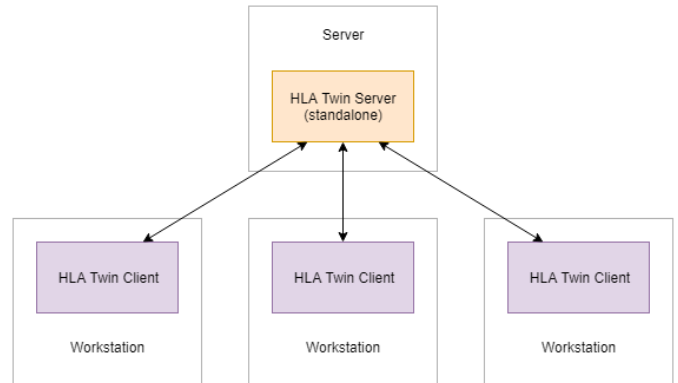
- kører prøveanalyser
- forbereder oplysningerne til HLA Twin Client
- indeholder alle brugerdata

HLA Twin Client

- styrer HLA Twin Server
- viser, hvad HLA Twin Server sender til den
- er "en tom skal"

Flere HLA Twin Client-programmer kan oprette forbindelse til HLA Twin Server på samme tid.

Licensen er bundet til HLA Twin Server, så antallet af HLA Twin-klienter er ikke begrænset.



3.2.4 Server (distribueret)

- Velegnet til laboratorier med højt throughput
- Flere brugere kan arbejde på samme tid
- **Flere prøver kan analyseres på samme tid (afhængigt af antallet af Typer)**

HLA Twin Server (distribueret):

- kører **ikke** prøveanalyser
- styrer HLA Twin Typer-forekomster
- forbereder oplysningerne til HLA Twin Client
- indeholder alle brugerdata

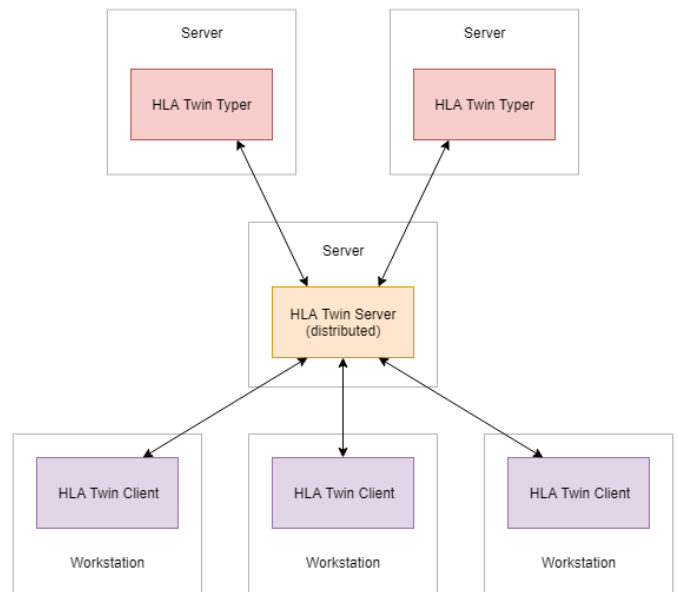
HLA Twin Typer:

- kører prøveanalyser
- sender analyseresultaterne til HLA Twin Server

HLA Twin Client

- styrer HLA Twin Server
- viser, hvad HLA Twin Server sender til den
- er "en tom skal"

Flere HLA Twin Typer kan være forbundet med én HLA Twin Server. En HLA Twin Server- og en HLA Twin Typer-forekomst kan køre på den samme server.



3.3 Systemkrav

HLA Twin Desktop

- **CPU:** 64-bit CPU med mindst 4 fysiske kerner (8 tråde eller vCPU'er)
- **OS:** Vilkårligt 64-bit operativsystem
- **RAM:** Mindst 12 GB til softwaren, men 16 GB anbefales
- **Video:** OpenGL 2.0-kompatibelt videokort

HLA Twin Client

- **CPU:** 64-bit CPU med mindst 2 fysiske kerner (4 anbefales)
- **OS:** Vilkårligt 64-bit operativsystem
- **RAM:** Mindst 4 GB til softwaren, men 6 GB anbefales
- **Video:** OpenGL 2.0-kompatibelt videokort
- **Netværk:** Mindst en 100/1000 Mbps forbindelse

HLA Twin Server (enkeltstående)

- **CPU:** 64-bit CPU med mindst 4 fysiske kerner (8 tråde eller vCPU'er)
- **OS:** Vilkårligt 64-bit operativsystem (OSX understøttes ikke)
- **RAM:** Mindst 18 GB til softwaren, men 26,5 GB anbefales
- **Netværk:** Mindst en 100/1000 Mbps forbindelse
- **Video:** OpenGL 2.0-kompatibelt videokort (**valgfrit***)

HLA Twin Server (distribueret)

- **CPU:** 64-bit CPU med mindst 4 fysiske kerner (8 tråde eller vCPU'er)
- **OS:** Vilkårligt 64-bit operativsystem (OSX understøttes ikke)
- **RAM:** Mindst 6 GB til softwaren, men 8 GB anbefales
- **Netværk:** Mindst en 100/1000 Mbps forbindelse
- **Video:** OpenGL 2.0-kompatibelt videokort (**valgfrit***)

HLA Twin Typer (distribueret)

- **CPU:** 64-bit CPU med mindst 4 fysiske kerner (8 tråde eller vCPU'er)
- **OS:** Vilkårligt 64-bit operativsystem
- **RAM:** Mindst 16 GB til softwaren, men 22 GB anbefales
- **Netværk:** Mindst en 100/1000 Mbps forbindelse
- **Video:** OpenGL 2.0-kompatibelt videokort (**valgfrit***)

**Twin grafisk brugergrænseflade (client eller desktop) kræver OpenGL 2.0-kompatibel hardware og driver til visualisering. Hvis du vil bruge den grafiske grænseflade på servercomputeren, skal du have OpenGL 2.0-kompatibel hardware og driver.*

Lagerplads

Behovet for lagerplads afhænger af prøvernes størrelse og skal beregnes med hensyn til juridiske krav til opbevaring af dataene, mindste niveau for sikkerhedskopiering og redundans samt det forventede årlige volumen. Omixon kan bistå med at beregne lagerpladsbehovet. Du bedes kontakte support@omixon.com⁶, hvis du har behov for hjælp.

3.4 Installation af MySQL

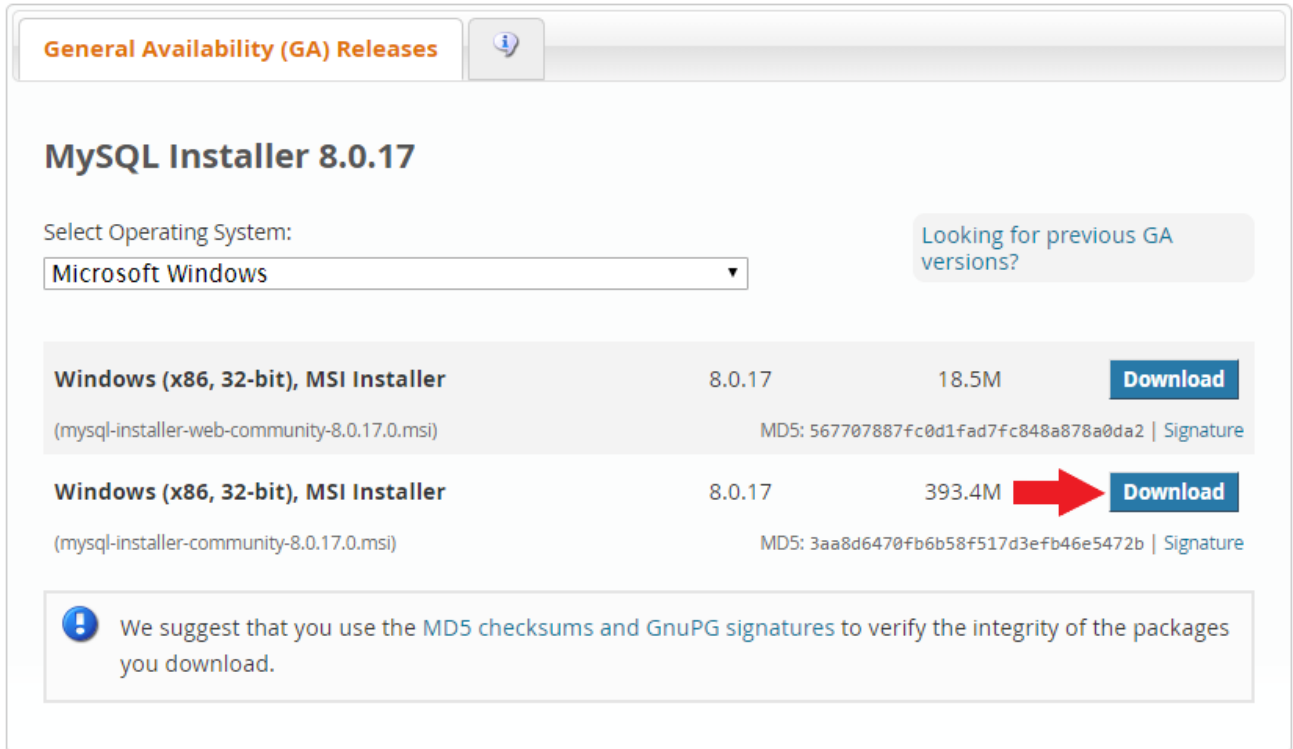
Alle udgaver af HLA Twin afhænger af en ekstern **MySQL 8**-database, som du skal konfigurere før installation af HLA Twin. Det er en ny forbedring i HLA Twin for at levere en mere robust og responsiv brugeroplevelse. Følg anvisningerne i dette kapitel før installation af HLA Twin.

⁶ <mailto:support@omixon.com>

3.4.1 Windows

Hvis du allerede har en **MySQL 8**-server i dit miljø, som du gerne vil bruge, kan du finde oplysninger i [Konfiguration af en allerede eksisterende MySQL-database](#) (see page 30). Vi anbefaler at bruge en lokal forekomst af MySQL for HLA Twin Desktop-brugere. Følg disse trin for at downloade og installere MySQL 8 til Windows.

1. Gå til <https://dev.mysql.com/downloads/installer/>
2. Download den aktuelle version af pakken "Windows (x86, 32-bit), MSI Installer" Et eksempel:



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

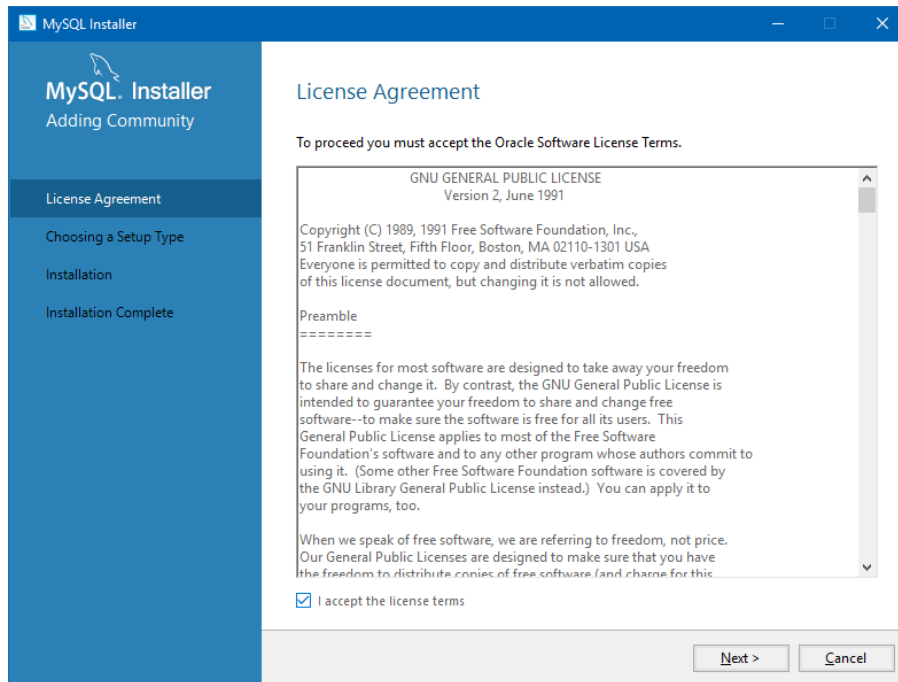
MD5: 567707887fc0d1fad7fc848a878a0da2 | [Signature](#)

MD5: 3aa8d6470fb6b58f517d3efb46e5472b | [Signature](#)

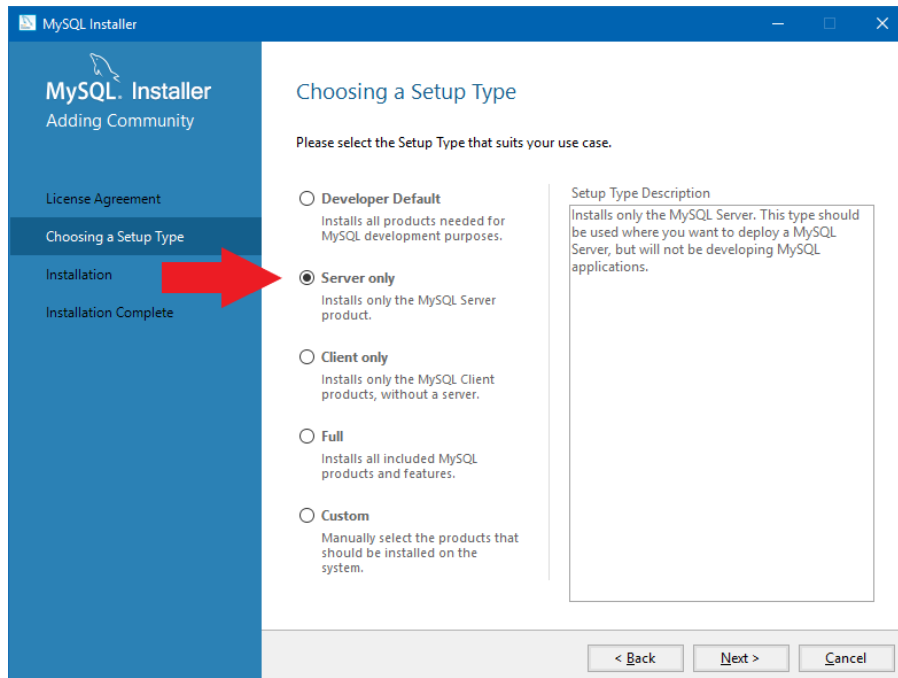
 We suggest that you use the [MD5 checksums](#) and [GnuPG signatures](#) to verify the integrity of the packages you download.

3. Start installationsprogrammet, når det er downloadet

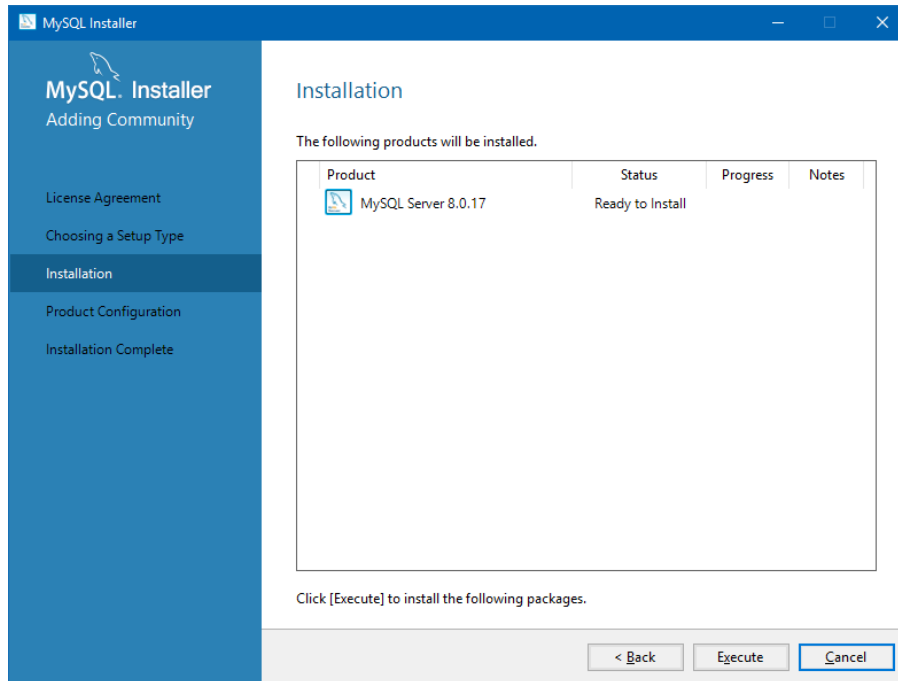
4. Acceptér licensaftalen, og klik på "Next" (Næste)



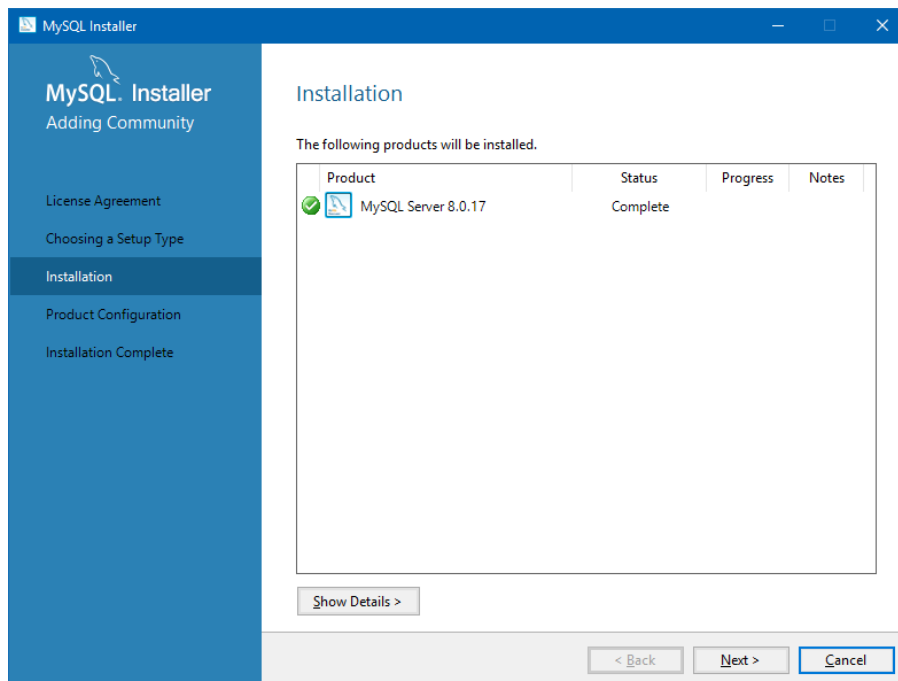
5. Vælg "Server only" (Kun server), og klik på "Next" (Næste)



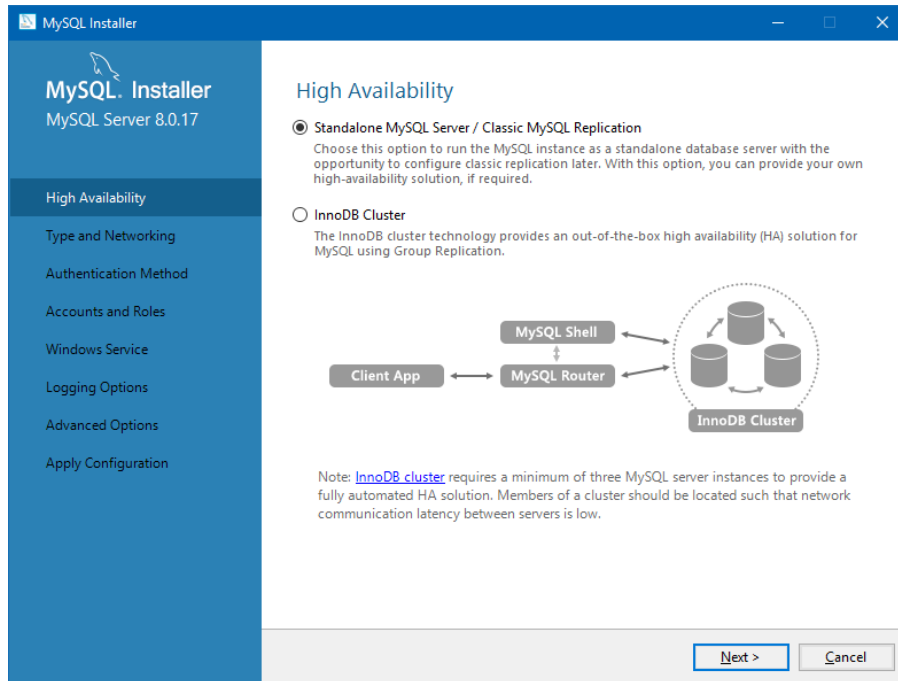
6. Klik på "Execute" (Udfør) (vær opmærksom på, at installationsprogrammet muligvis meddeler, at MySQL Server ikke har status som "klar til at installere". Klik på den for at se, hvordan forholdet afhjælpes).



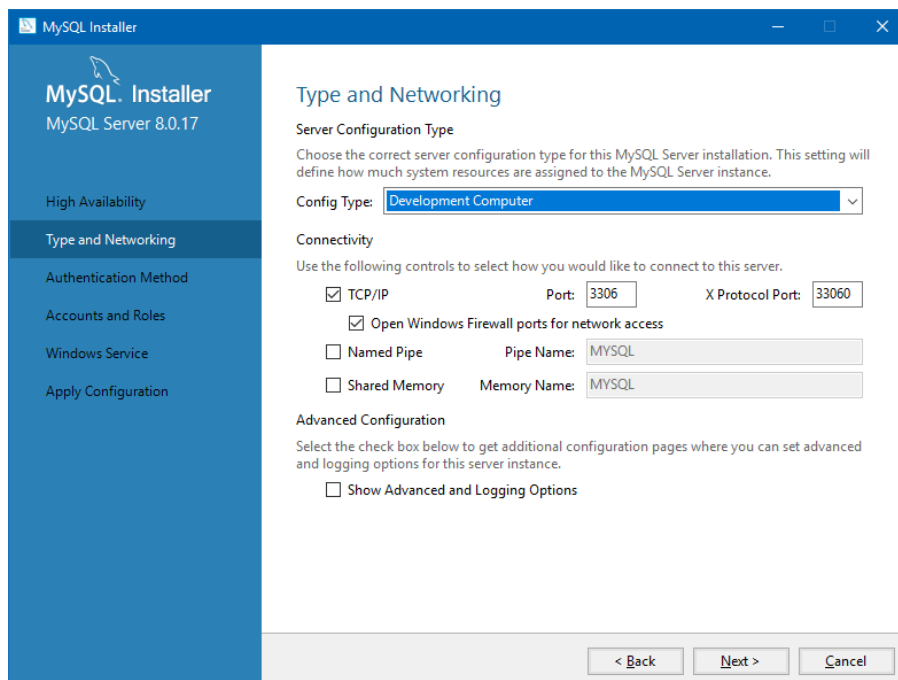
7. Når installationen er udført, kan du se et grønt flueben ved siden af ikonet for MySQL. Klik på "Next" (Næste), og når vinduet "Product Configuration" (Produktkonfiguration) åbnes, så klik på "Next" (Næste) igen.



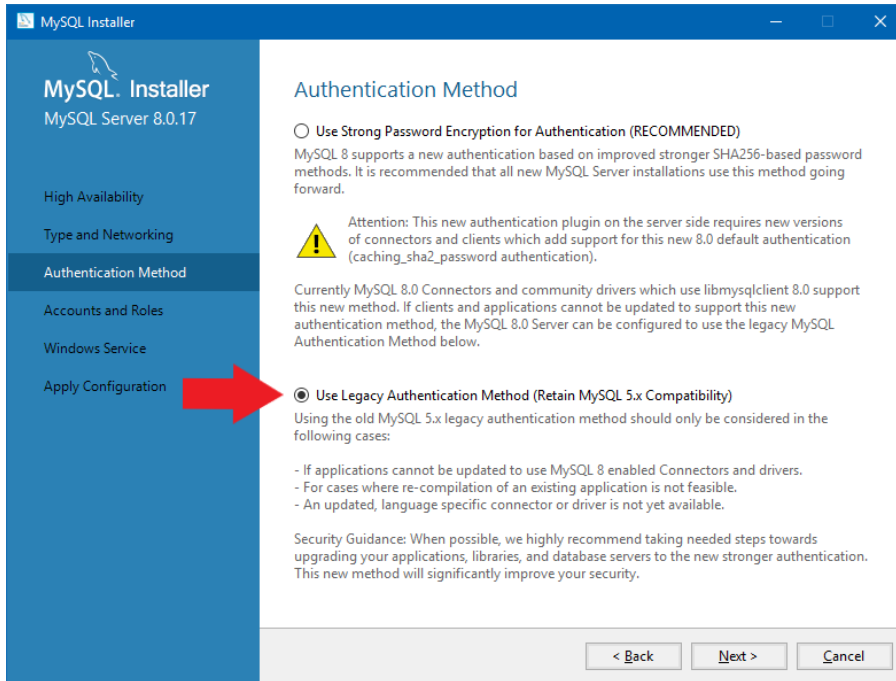
8. Vælg standardindstillingen "Standalone MySQL Server / Classic MySQL Replication" (Enkeltstående MySQL Server / Klassisk MySQL-replikering), og klik på "Next" (Næste)



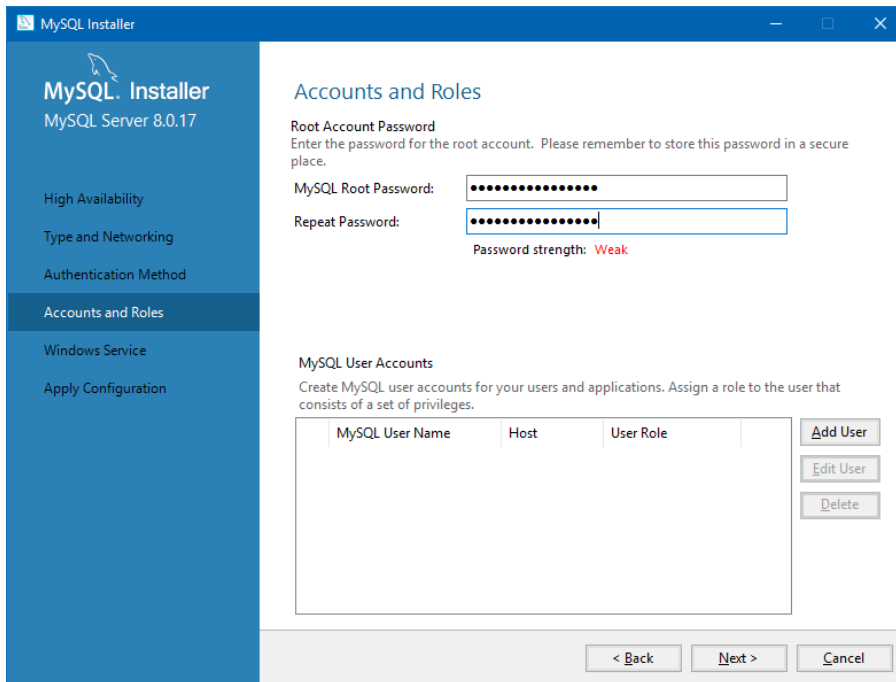
9. Brug standardværdierne på skærmen "Type and Networking" (Type og netværk), og klik derefter på "Next" (Næste)



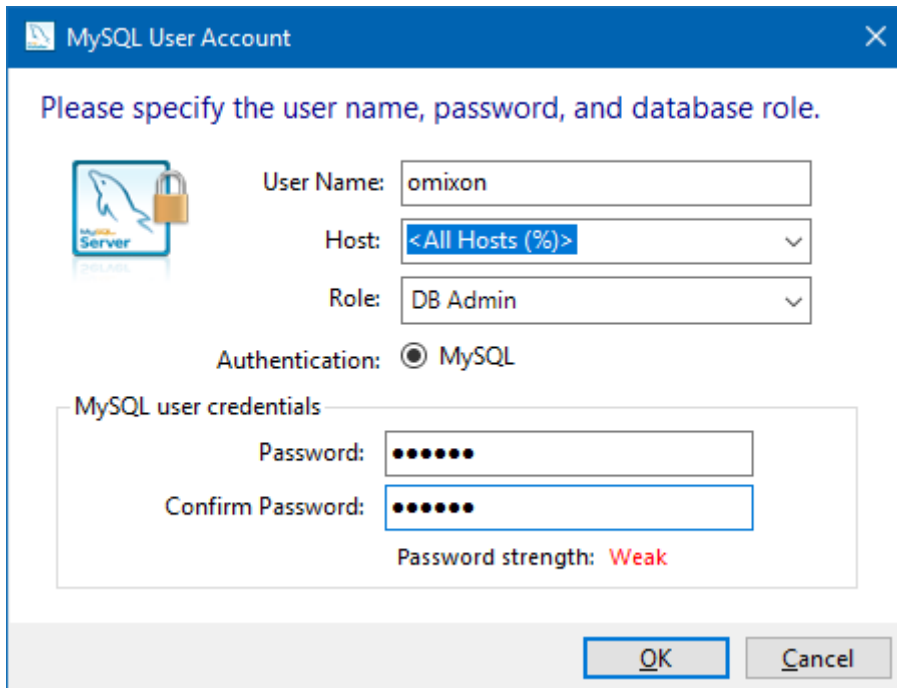
10. Vælg "Use Legacy Authentication Method (Retain MySQL 5.x Compatibility) (Brug ældre godkendelsesmetode (Bevar MySQL 5.x-kompatibilitet)), og klik derefter på "Next" (Næste)



11. Angiv MySQL-rodadgangskoden (**skriv denne adgangskode ned**), og klik derefter på "Add User" (Tilføj bruger)



12. Skriv "omixon" som brugernavnet, **indtast adgangskoden**, og klik derefter på "Ok" og "Next" (Næste)

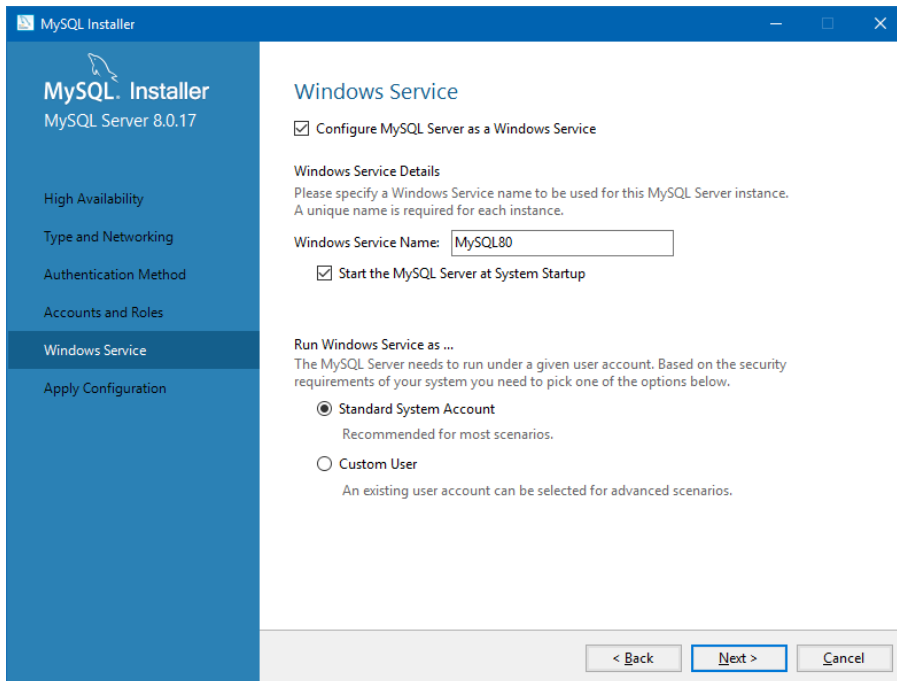


The dialog box is titled "MySQL User Account". It contains the following fields and options:

- 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 at the bottom: OK, Cancel.

13. Brug standardværdierne, klik på "Next" (Næste) og derefter på "Execute" (Udfør).



The MySQL Installer window shows the "Windows Service" tab. The left sidebar lists the installation steps: MySQL. Installer, 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

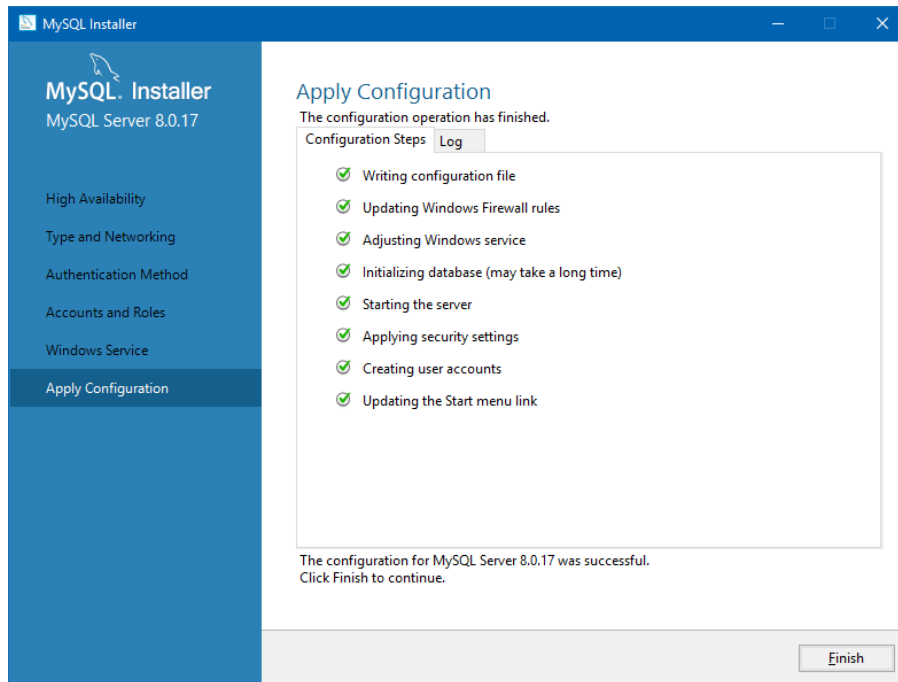
Run Windows Service as ...

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 at the bottom: < Back, Next >, Cancel.

14. Klik på Finish (Afslut), når konfigurationen er færdig, klik på "Next" (Næste) og derefter på "Finish" (Afslut).

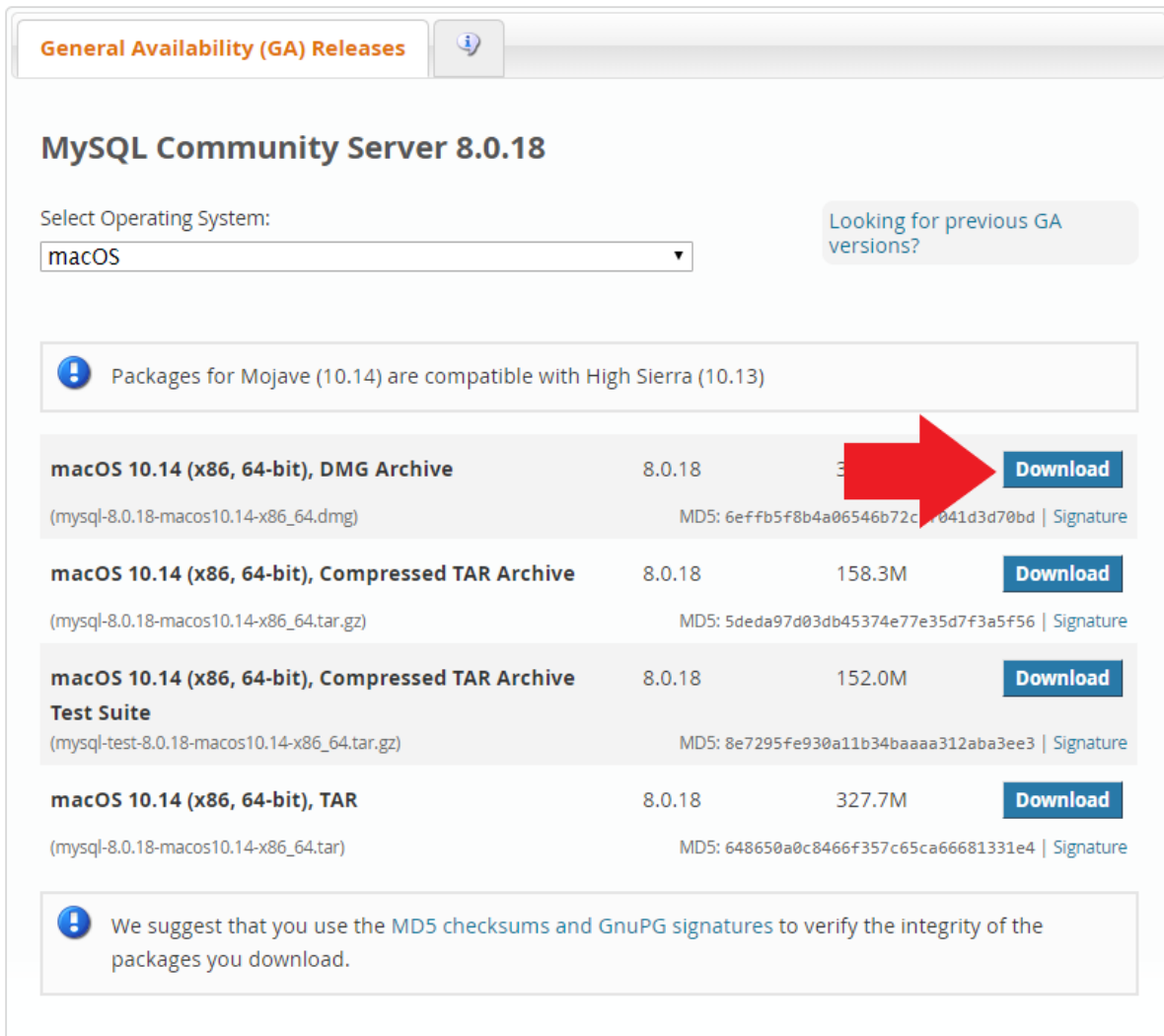


MySQL er nu konfigureret korrekt. Du kan fortsætte med at installere HLA Twin.

3.4.2 OSX

Hvis du allerede har en **MySQL 8**-server i dit miljø, som du gerne vil bruge, kan du finde oplysninger i [Konfiguration af en allerede eksisterende MySQL-database](#) (see page 30). Vi anbefaler at bruge en lokal forekomst af MySQL for HLA Twin Desktop-brugere. Følg disse trin for at downloade og installere MySQL 8 til OSX.

1. Gå til <https://dev.mysql.com/downloads/mysql/>
2. Download den aktuelle version af pakken "macOS 10.14 (x86, 64-bit), DMG Archive" Et eksempel:



General Availability (GA) Releases

MySQL Community Server 8.0.18

Select Operating System:
macOS

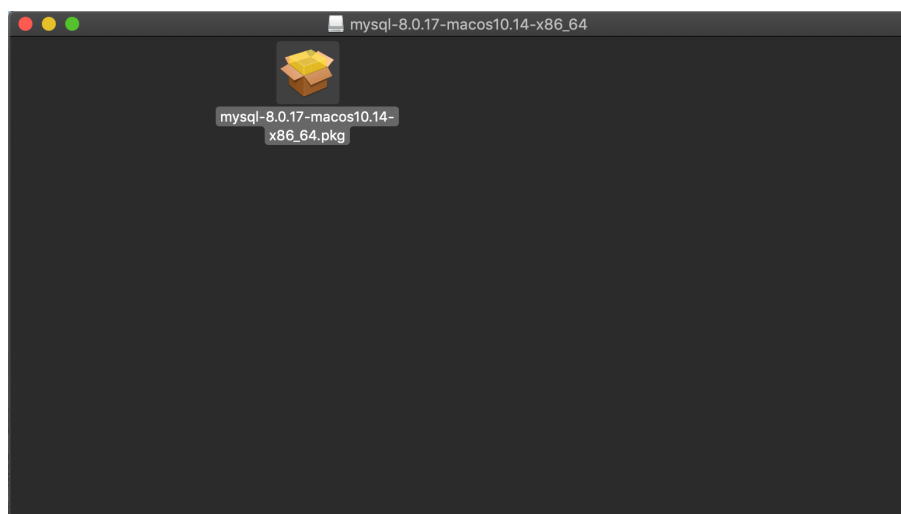
Looking for previous GA versions?

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

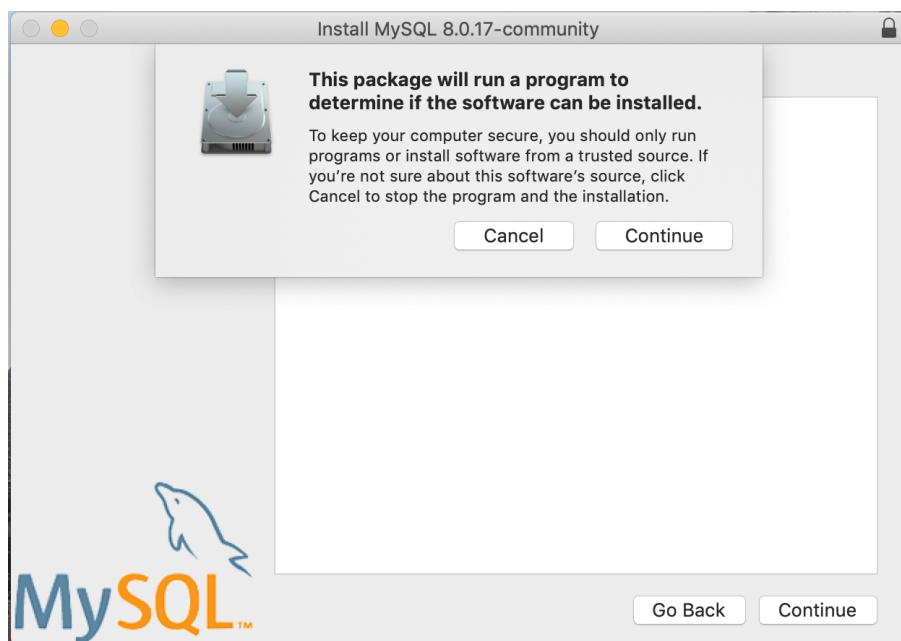
macOS 10.14 (x86, 64-bit), DMG Archive (mysql-8.0.18-macos10.14-x86_64.dmg)	8.0.18	327.7M	Download
MD5: 6effb5f8b4a06546b72c1f041d3d70bd Signature			
macOS 10.14 (x86, 64-bit), Compressed TAR Archive (mysql-8.0.18-macos10.14-x86_64.tar.gz)	8.0.18	158.3M	Download
MD5: 5deda97d03db45374e77e35d7f3a5f56 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.

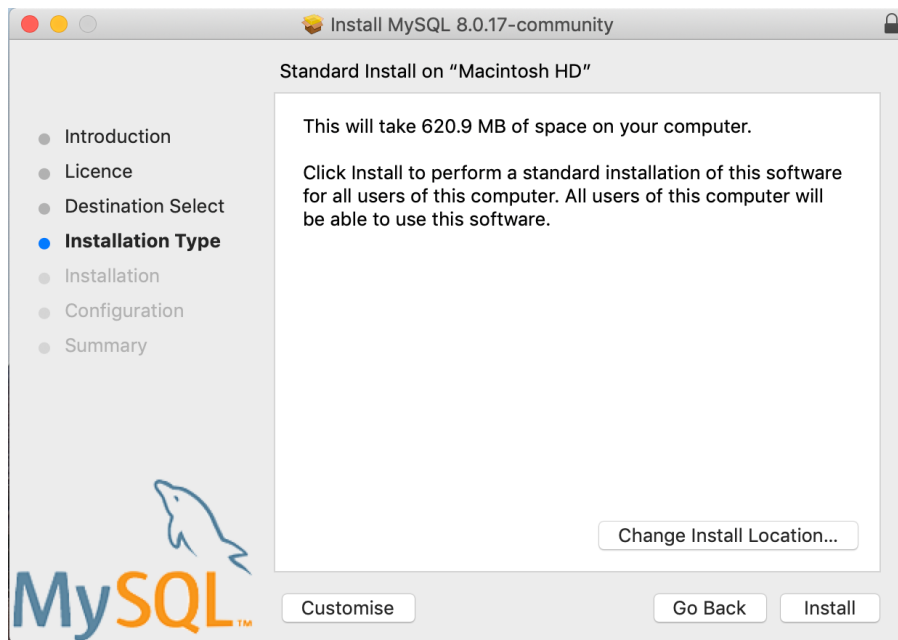
3. Åbn DMG-arkivet, og åbn PKG-filen i det, når det er downloadet



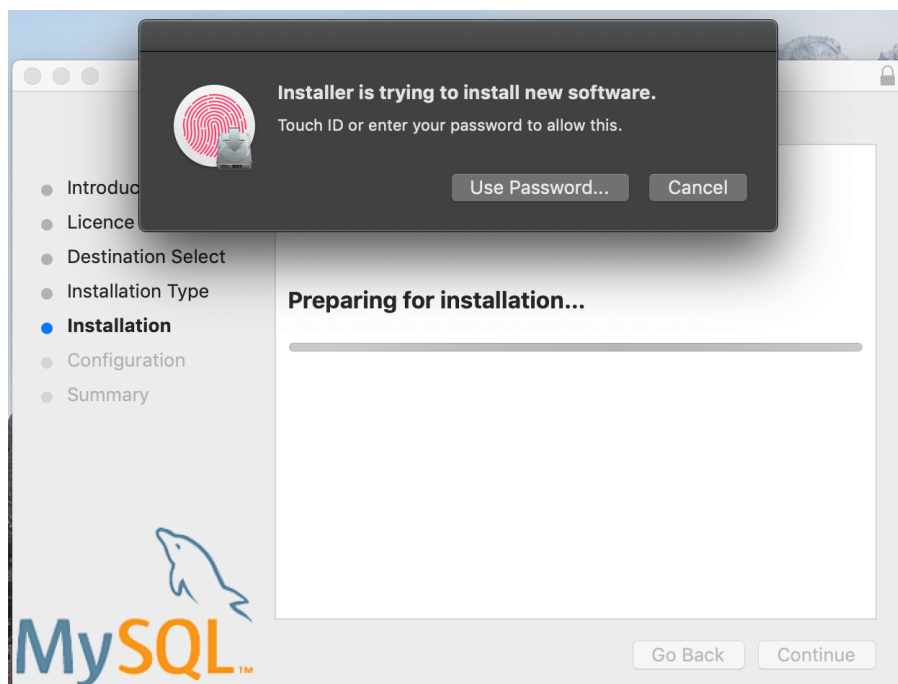
4. Vælg "Continue" (Fortsæt), hvis du ser denne meddelelse



5. Når du har gennemgået introduktionen og licensen, skal du vælge "Install" (Installer) i vinduet "Installation Type" (Installationstype)



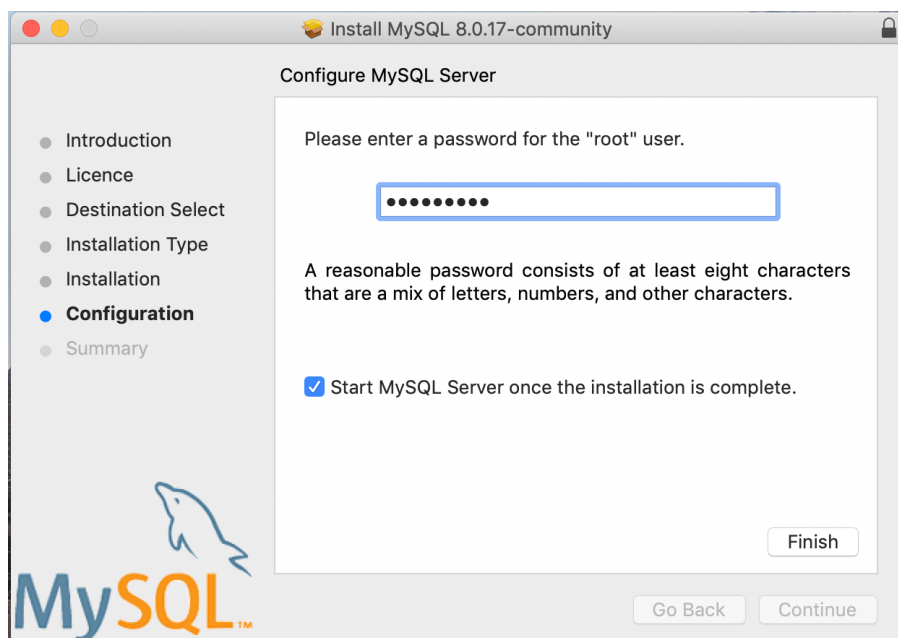
6. OSX kan kræve godkendelse for at fortsætte



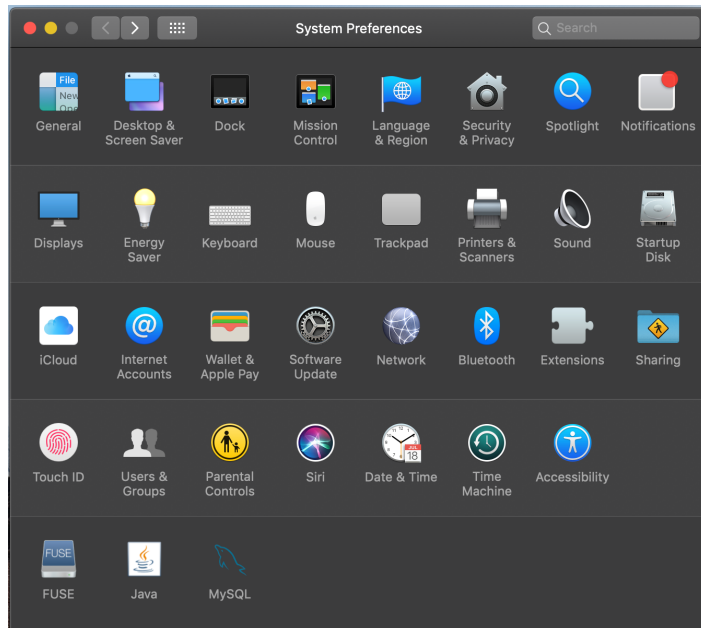
7. Vælg "Use Legacy Password Encryption" (Brug ældre kryptering af adgangskode), og klik på Next (Næste)



8. Angiv MySQL-rodadgangskoden (**skriv denne adgangskode ned**), og sørg for, at "Start MySQL Server once the installation is complete" (Start MySQL Server, når installationen er fuldført) er valgt, og klik på "Finish" (Afslut)



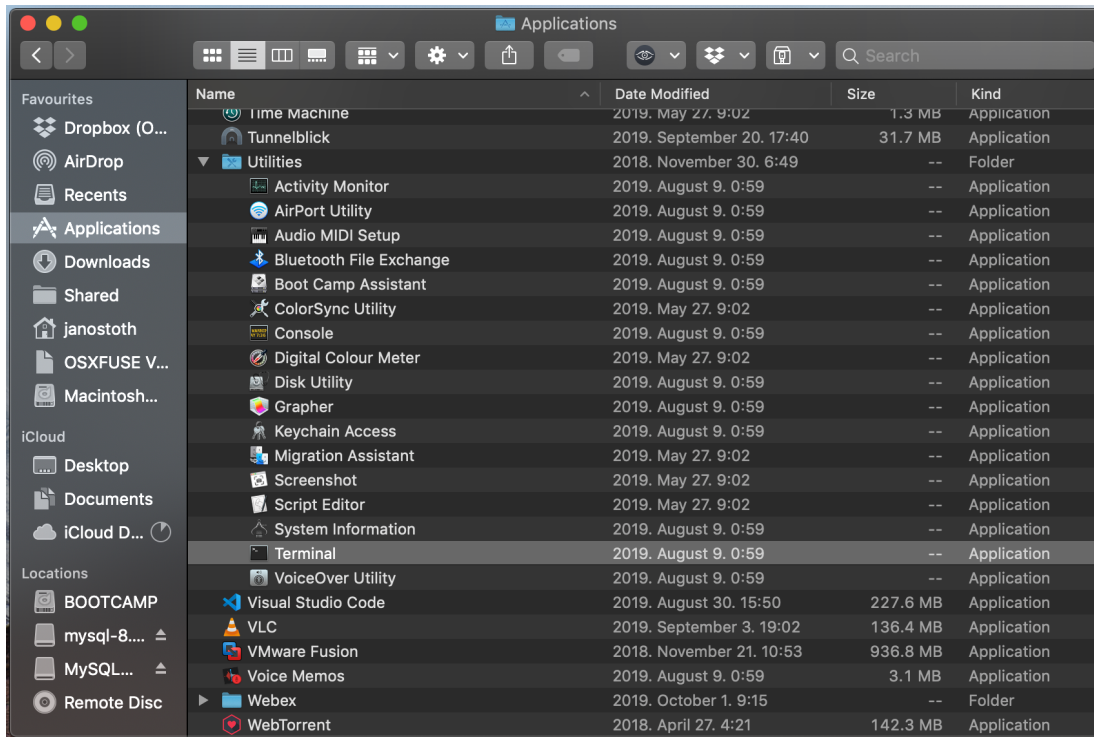
9. Når installationen er udført, åbnes Systemindstillinger (Apple-menu øverst til venstre, punktet Systemindstillinger). Åbn MySQL i den nederste række



10. Sørg for, at MySQL kører (grøn prik ved siden af den på listen til venstre), og at feltet "Start MySQL when your computer starts up" (Start MySQL, når din computer starter) til højre er markeret.



11. Luk dette vindue, hvis alt er i orden, og åbn Terminal i OSX (Finder – Application – Utilities (Søgevindue – Programmer – Hjælpeprogrammer))



12. Kør følgende kommandoer i rækkefølge
- `cd /usr/local/mysql/bin`
 - `./mysql -u root -p`
 - skriv den MySQL-rodadgangskode, du har angivet i installationsprogrammet
 - `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$
```

Hvis outputtet ser ud som på skærbilledet, er alt konfigureret korrekt. Du kan fortsætte med at installere HLA Twin nu.

3.4.3 Linux

Hvis du allerede har en **MySQL 8**-server i dit miljø, som du gerne vil bruge, kan du finde oplysninger i [Konfiguration af en allerede eksisterende MySQL-database](#) (see page 30). Vi anbefaler at bruge en lokal forekomst af MySQL for HLA Twin Desktop-brugere.

Eftersom der er en stor mængde Linux-lagre med forskellige MySQL-pakker, indeholder dette dokument kun en liste over indstillinger, du skal holde øje med under konfiguration:

- HLA Twin fungerer kun med version 8 af MySQL
- MySQL skal bruge Legacy Password Encryption (Ældre kryptering af adgangskode)
- Det kan være nødvendigt at ændre adgangskodepolitik i MySQL, så HLA Twin kan oprette forbindelse

Når du har installeret MySQL 8-serveren, skal du sørge for at oprette en ny bruger med navnet omixon og med følgende kommandoer indtastet i terminalen:

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;`

Du kan fortsætte med at installere HLA Twin efter opsætning af MySQL-serveren.

3.5 Konfiguration af en allerede eksisterende MySQL-database

HLA Twin Server kan gemme sin interne database (der indeholder brugerdata, referencedatabaser og overvågningsoplysninger) i en allerede eksisterende **MySQL 8**-database. På denne måde er det ikke nødvendigt at opsætte en særskilt MySQL-server for HLA Twin.

Vær opmærksom på, at svartiden for brugergrænsefladen i HLA Twin vil afhænge af netværkshastigheden mellem MySQL og HLA Twin.

Din MySQL-server skal bruge **Legacy Password Encryption** (Ældre kryptering af adgangskode), før HLA Twin kan kommunikere med den.

Du skal oprette en ny bruger i den allerede eksisterende database, så HLA Twin kan bruge den. Kør følgende kommandoer for det:

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

HLA Twin vil nu kunne oprette sin egen database i MySQL.

3.6 Desktopinstallation

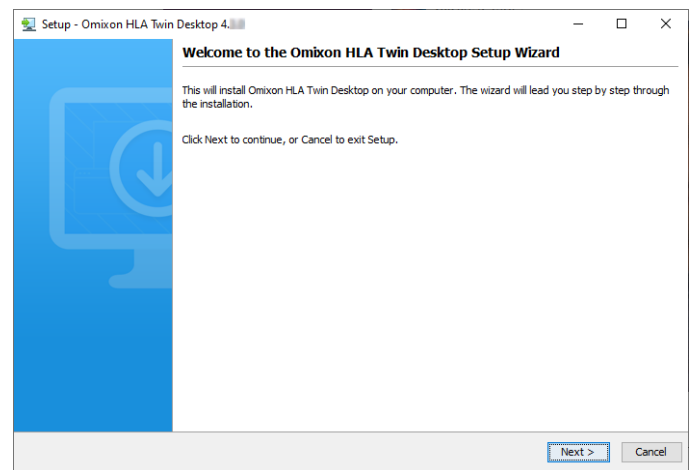
3.6.1 Opdatering fra HLA Twin 3.1.3 eller ældre

- Du vil ikke kunne opgradere din tidligere version af HLA Twin 3.1.3 Desktop, som det var muligt i tidligere versioner. Installationsprogrammet tillader heller ikke, at du installerer den nye HLA Twin i den samme mappe, som en ældre version var installeret i.
- Hvis du gerne vil overføre den interne database i din tidligere Twin-installation for at bevare dine brugerdata og overvågningsoplysninger, bedes du kontakte os på support@omixon.com⁷. Vi arrangerer en onlinesession, hvor vi kan migrere den foregående database til MySQL.
- Efter en veludført installation (og evt. nødvendig overførsel) kan du afinstallere tidligere versioner af HLA Twin Desktop fra din computer.

3.6.2 Installation af HLA Twin Desktop

Du skal installere en MySQL 8-databaseserver, før du kan installere HLA Twin! Se kapitlet *Installation af MySQL* for at få yderligere oplysninger.

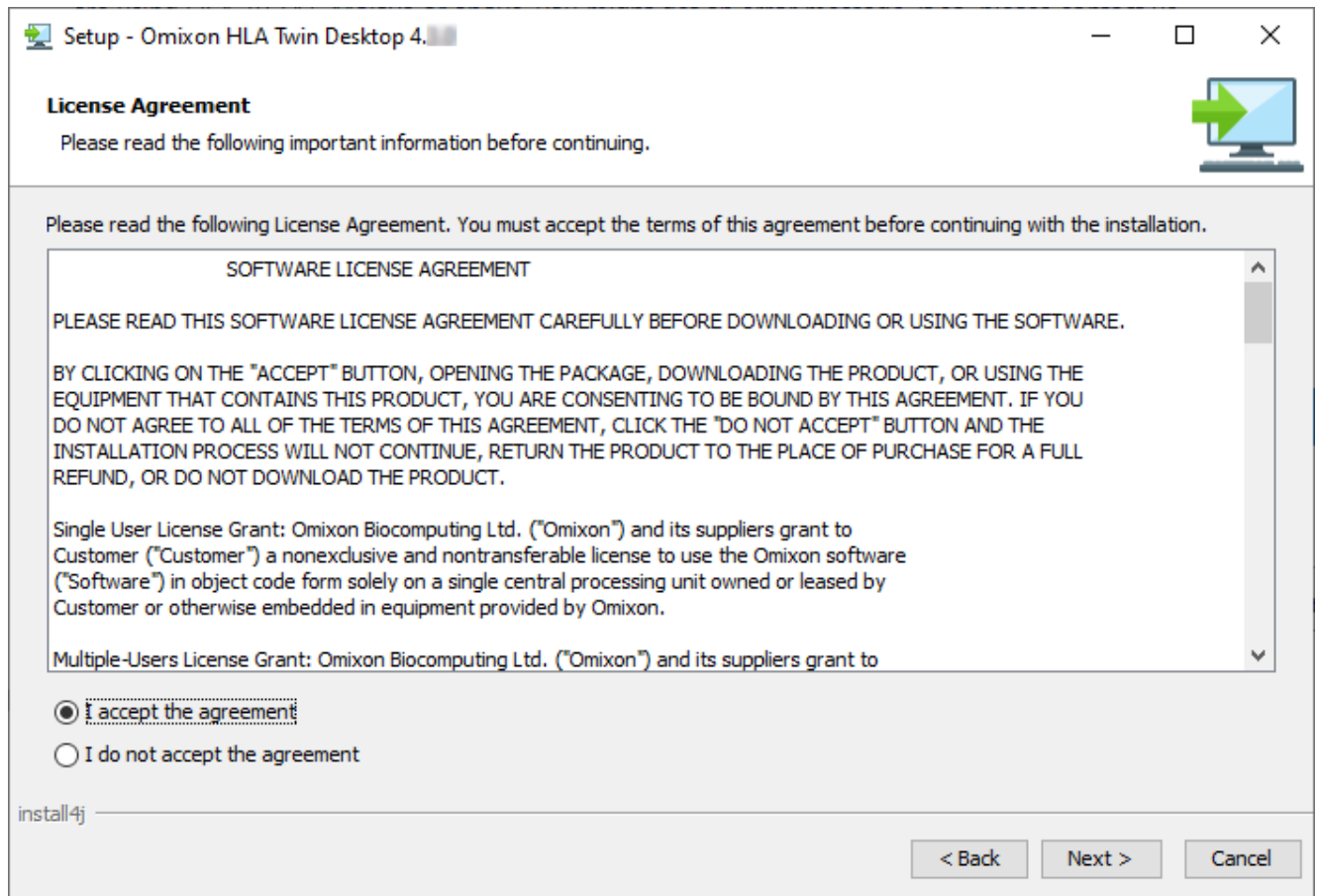
1. Dette trin afhænger af det operativsystem, som du bruger.
 - **Windows-brugere:** Åbn installationsprogrammet (omixon_hla_twin_XXX_windows-x64_with_jre-**desktop**.exe)
 - **Linux-brugere:** Åbn et terminalvindue, hent tilladelser til installationsprogrammet (`chmod +x omixon_hla_twin_XXX_unix_with_jre-desktop.sh`), og kød derefter installationsprogrammet.
 - **OSX-brugere:** Åbn installationsprogrammet (omixon_hla_twin_XXX_macos_with_jre-**desktop**.dmg) (hvis du bruger OSX 10.14.6 Mojave eller nyere, får du muligvis en fejlmeddelelse. I givet fald bedes du kontakte os på support@omixon.com⁸)



⁷ <mailto:support@omixon.com>

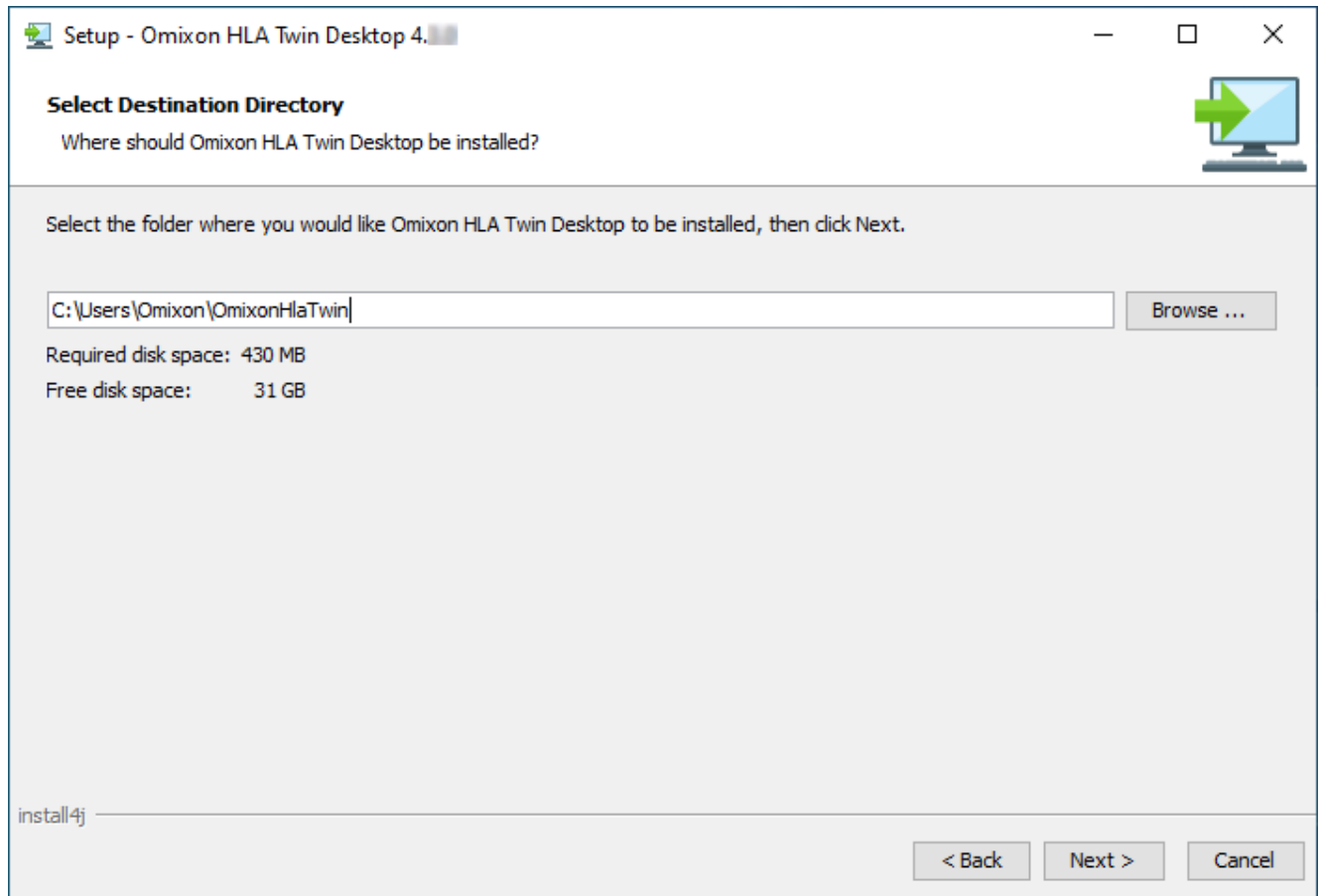
⁸ <mailto:support@omixon.com>

2. Acceptér licensaftalen.

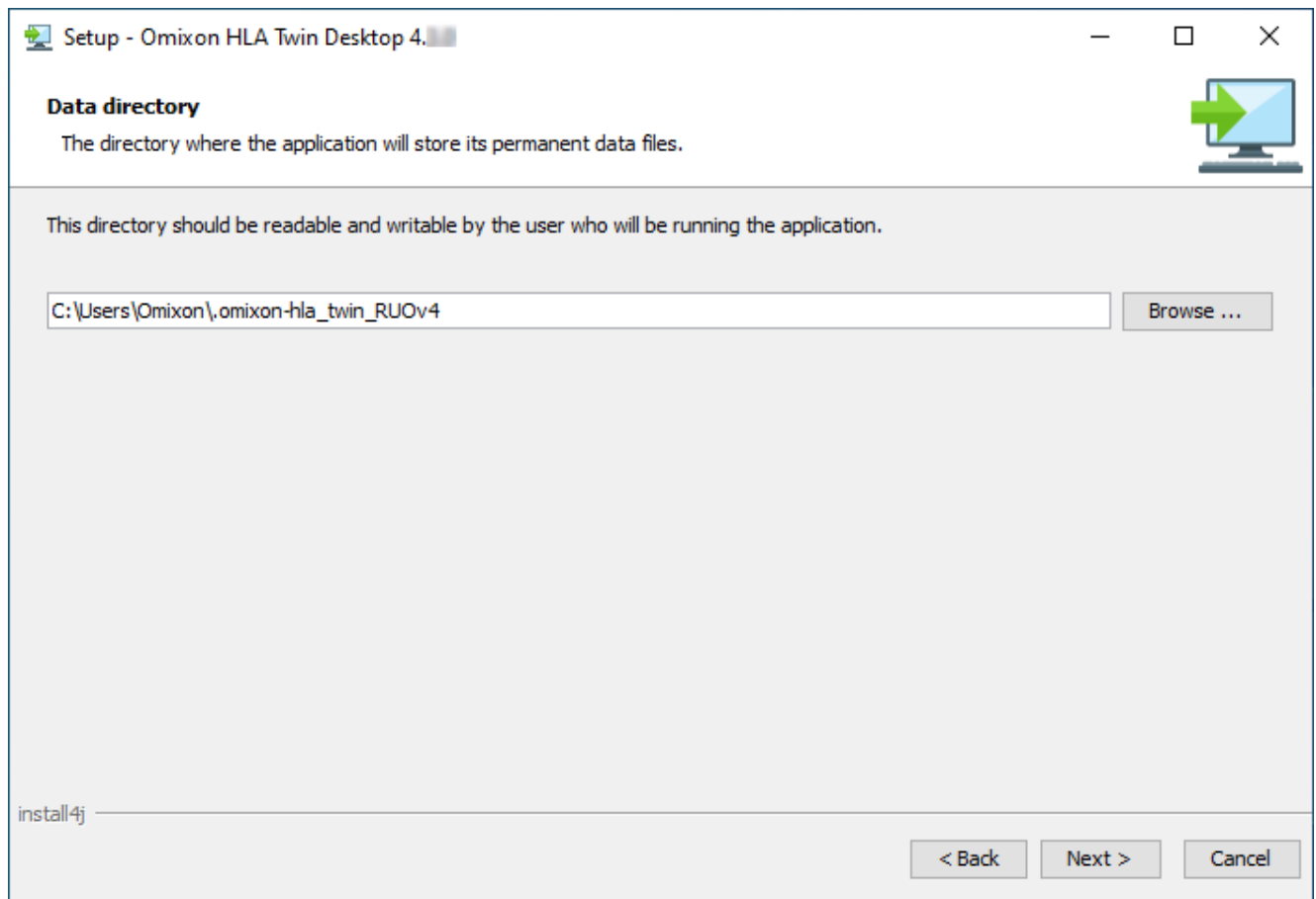


3. Vælg en installationsmappe.

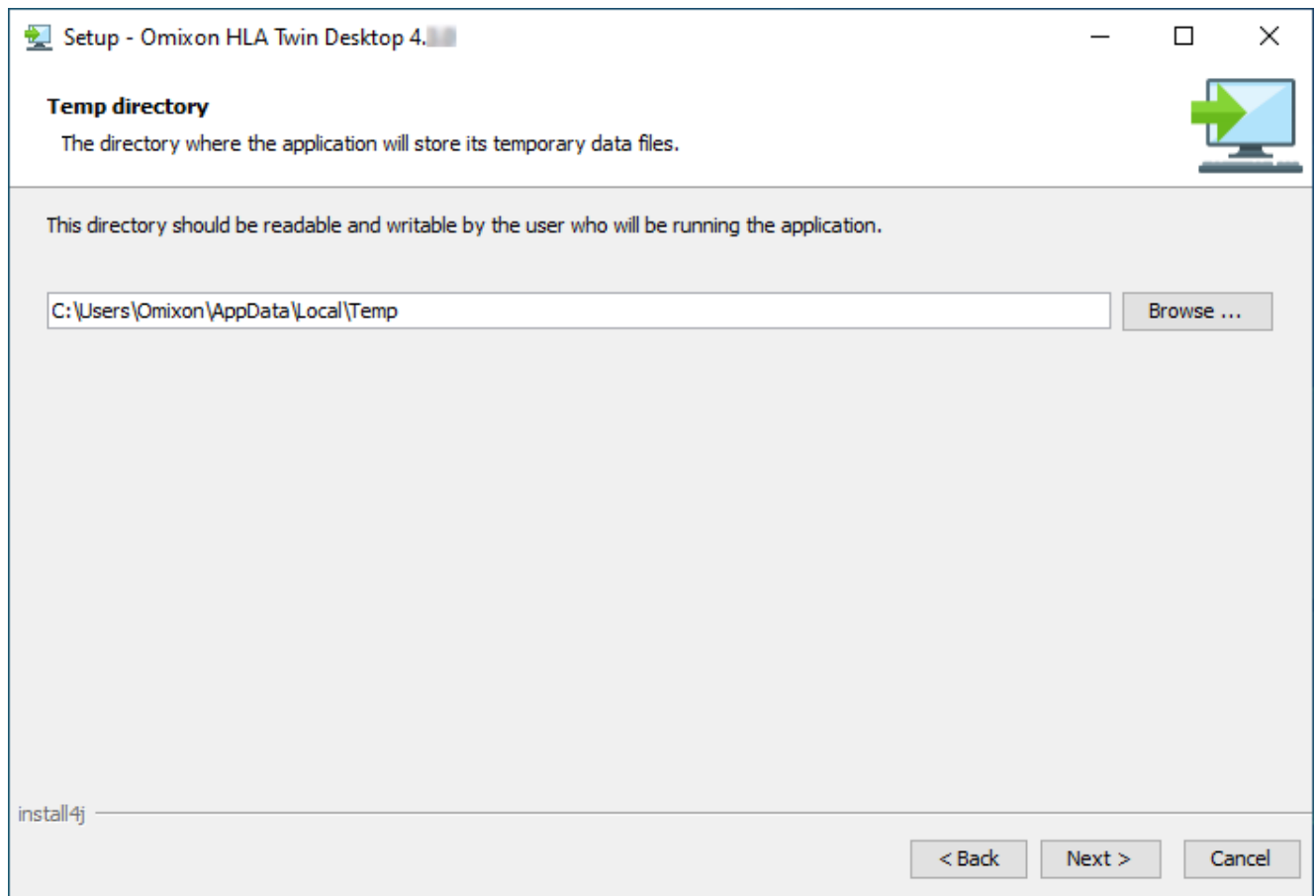
Windows-brugere: Vær opmærksom på, at du måske skal ændre destinationsmappen, så andre brugere i Windows kan få adgang til softwaren (det samme gælder også for de andre installationsmapper i de næste trin).



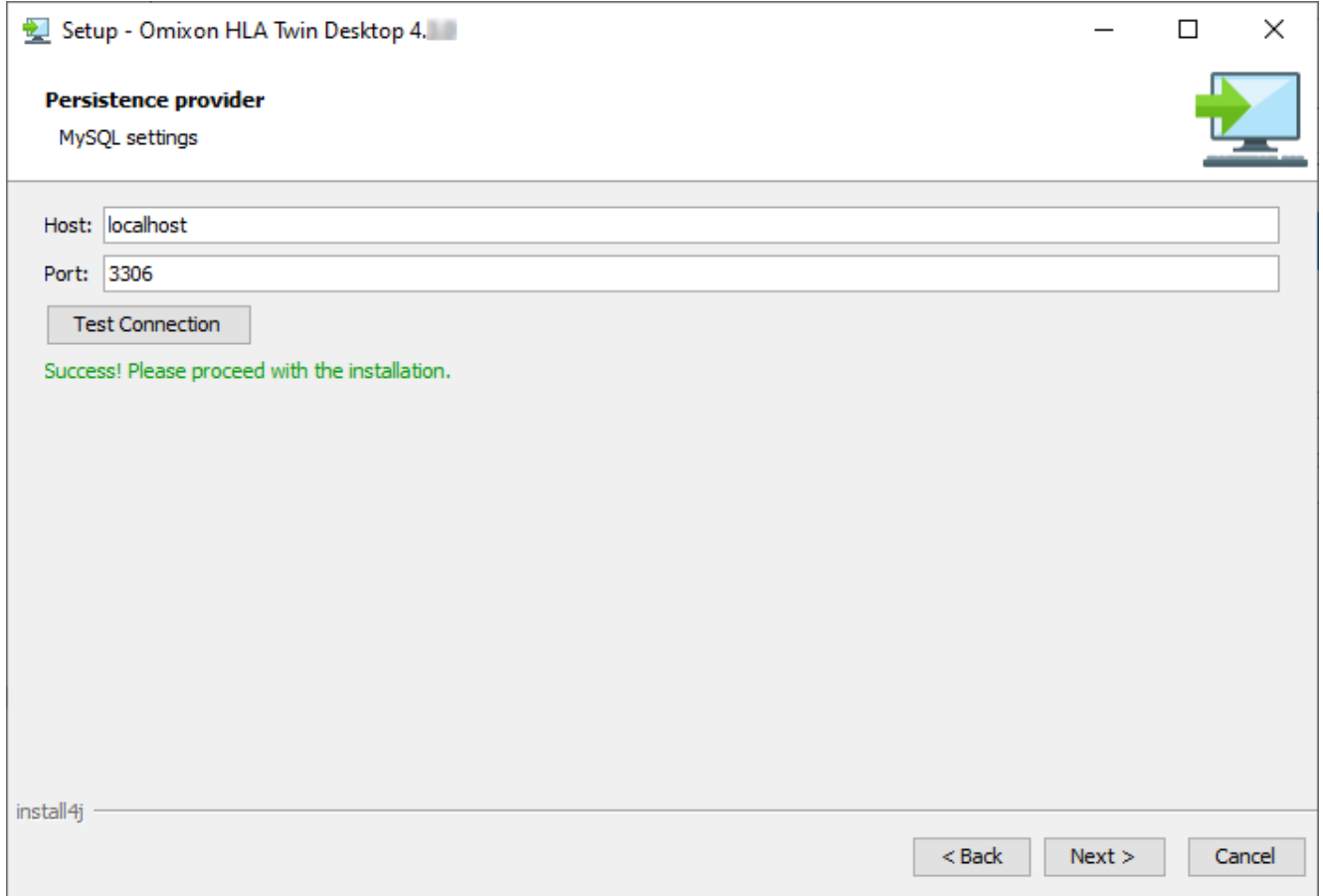
4. Vælg en mappe til referencedatabasefiler.



5. Vælg en mappe til midlertidige filer



6. Angiv IP-adressen og portnummeret til MySQL-databasen (standardindstillingerne bør fungere fint, hvis du har installeret MySQL lokalt). [Der henvises til kapitlet Installation af MySQL angående installationsvejledninger.](#)(see page 15)



Setup - Omixon HLA Twin Desktop 4.

Persistence provider
MySQL settings

Host: localhost

Port: 3306

Test Connection

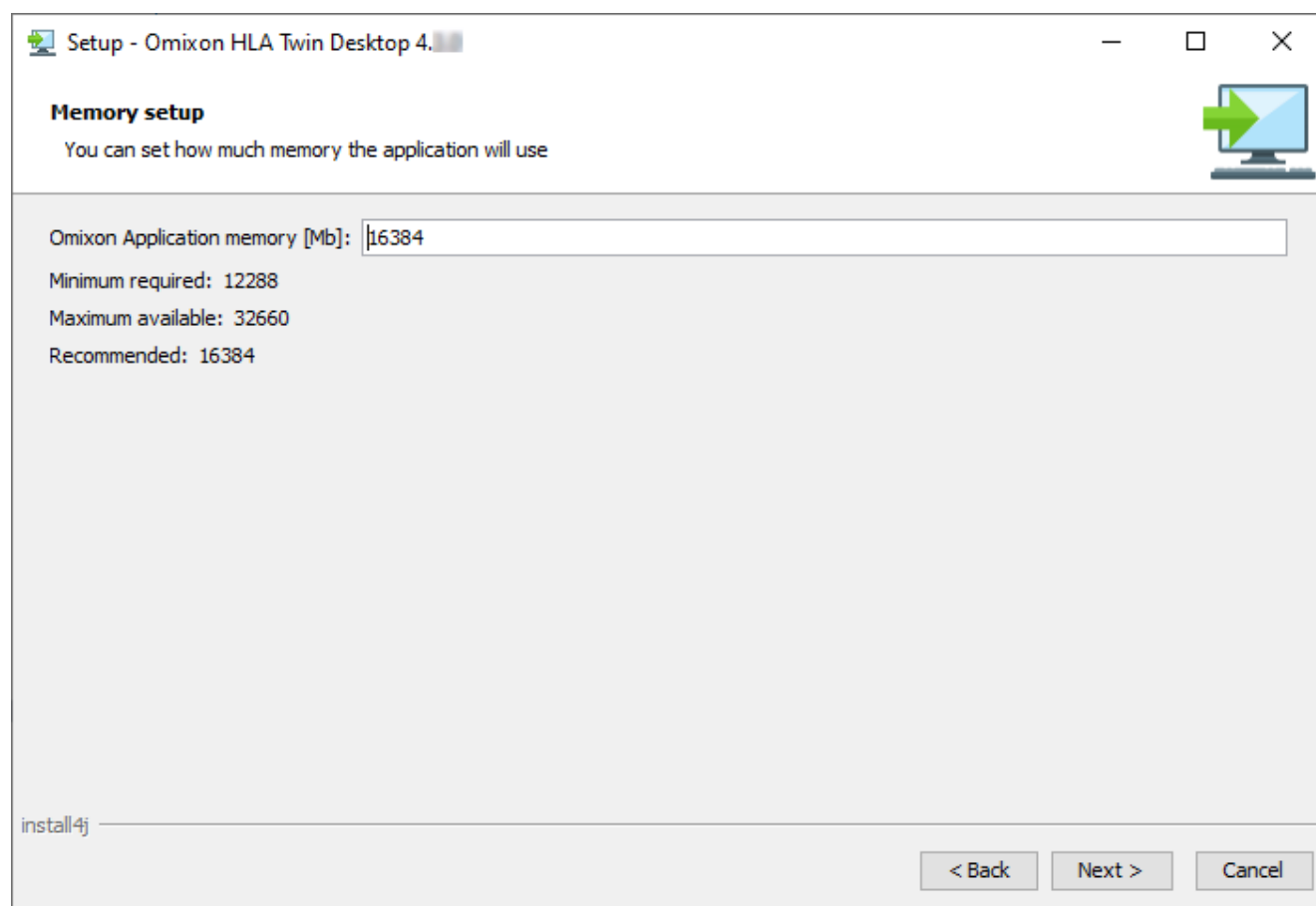
Success! Please proceed with the installation.

install4j

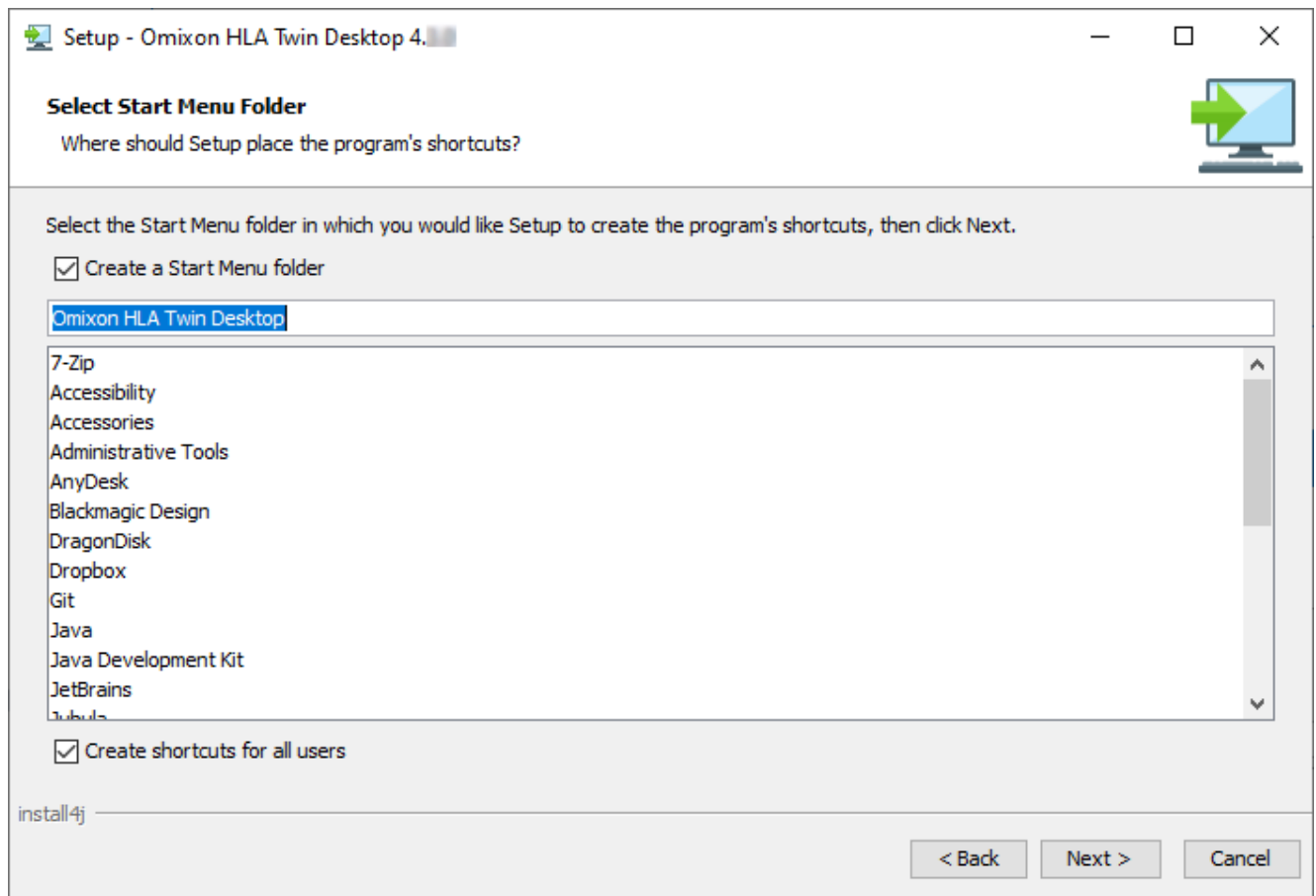
< Back Next > Cancel

Du **kan ikke fortsætte**, før en forbindelsestest gennemføres korrekt!

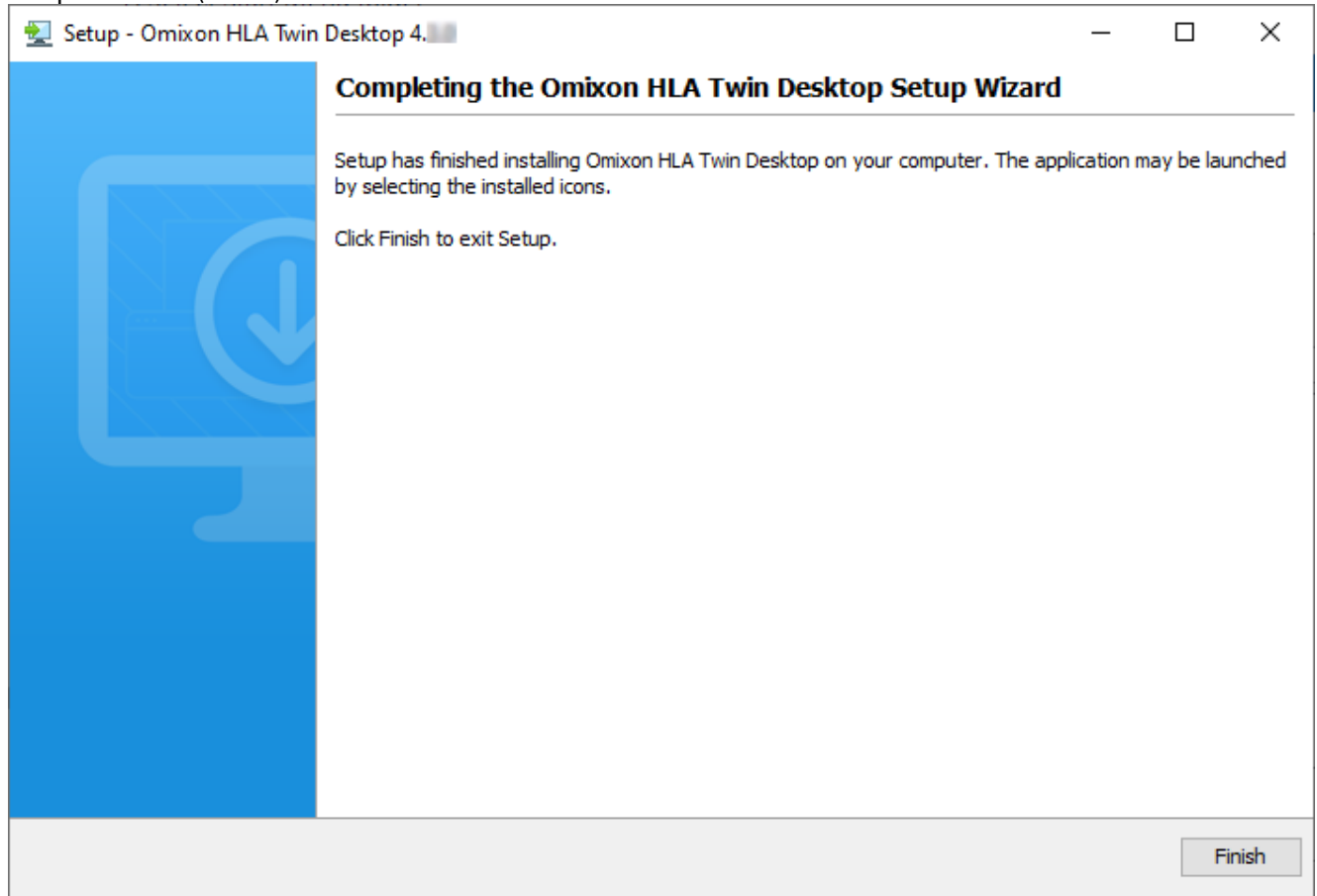
7. Konfigurer hukommelsesindstillingerne.



8. Vælg Start-menumappen



9. Klik på "Finish" (Afslut)



3.7 Installation af enkeltstående Server

3.7.1 Opdatering fra HLA Twin 3.1.3 eller ældre

- Du vil ikke kunne opdatere din tidligere version af HLA Twin 3.1.3 Server, som det var muligt i tidligere versioner. Installationsprogrammet tillader heller ikke, at du installerer den nye HLA Twin i den samme mappe, som en ældre version var installeret i.
- Hvis du gerne vil overføre den interne database i din tidligere Twin-installation for at bevare dine brugerdata og overvågningsoplysninger, bedes du kontakte os på support@omixon.com⁹. Vi arrangerer en onlinesession, hvor vi kan migrere den foregående database til MySQL.
- Efter en veludført installation (og evt. nødvendig overførsel) kan du afinstallere tidligere versioner af HLA Twin Server fra din computer.
- Vær opmærksom på, at softwareversionen af HLA Twin Client og HLA Twin Server skal stemme overens.
- Der er **ingen HLA Twin Typer Server NG**-tjeneste i den nye version af HLA Twin Server, én tjeneste håndterer analyserne og klienterne.

3.7.2 Bemærkninger inden installation

Database: Du skal installere en MySQL 8-databaseserver, **før du kan installere HLA Twin!** Se kapitlet *Installation af MySQL* for at få yderligere oplysninger.

Netværk: HLA Twin Server kommunikerer med HLA Twin-klienter på port 4380 og 4381 som standard. Sørg for at tillade dem på din firewall.

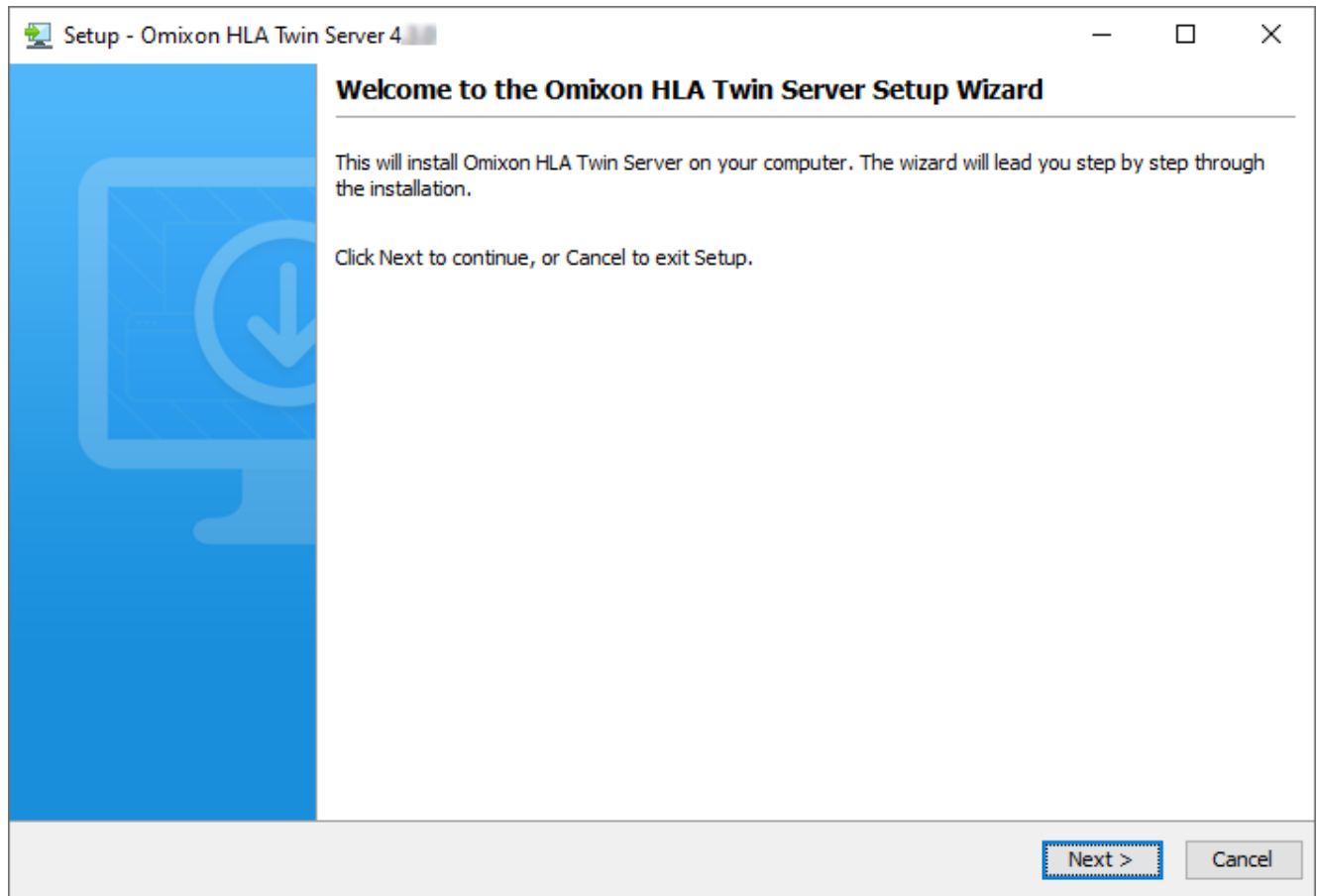
Windows-tjeneste: HLA Twin Server kører som Omixon HLA Twin NG Server-tjenesten i Windows, der som standard er indstillet til automatisk start.

⁹ <mailto:support@omixon.com>

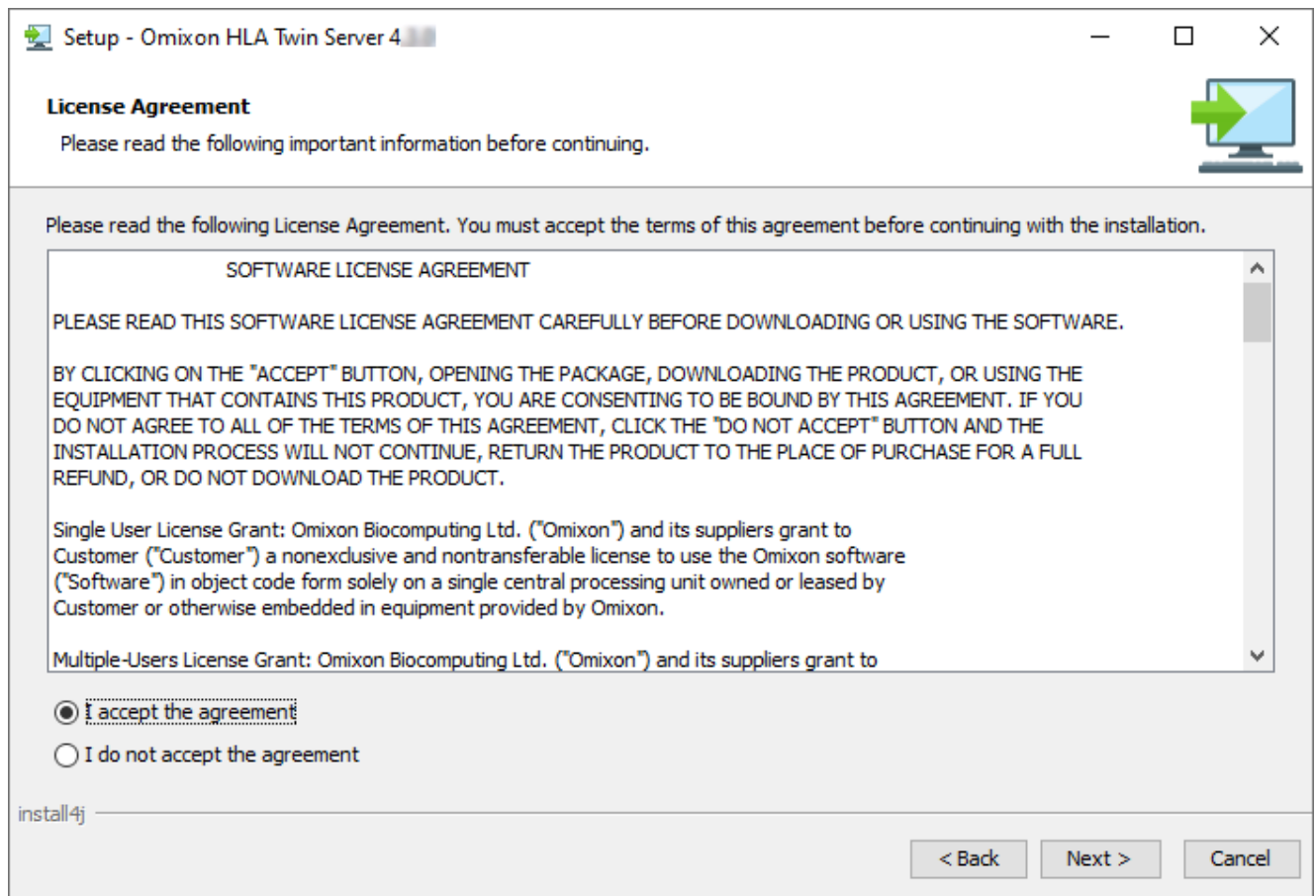
3.7.3 Installation af HLA Twin Server

1. Dette trin afhænger af det operativsystem, som du bruger.

- **Windows-brugere:** Åbn installationsprogrammet (omixon_hla_twin_XXX_windows-x64_with_jre-**serverclient**.exe)
- **Linux-brugere:** Åbn et terminalvindue, hent tilladelser til installationsprogrammet (chmod +x omixon_hla_twin_XXX_unix_with_jre-**serverclient**.sh), og kød derefter installationsprogrammet.

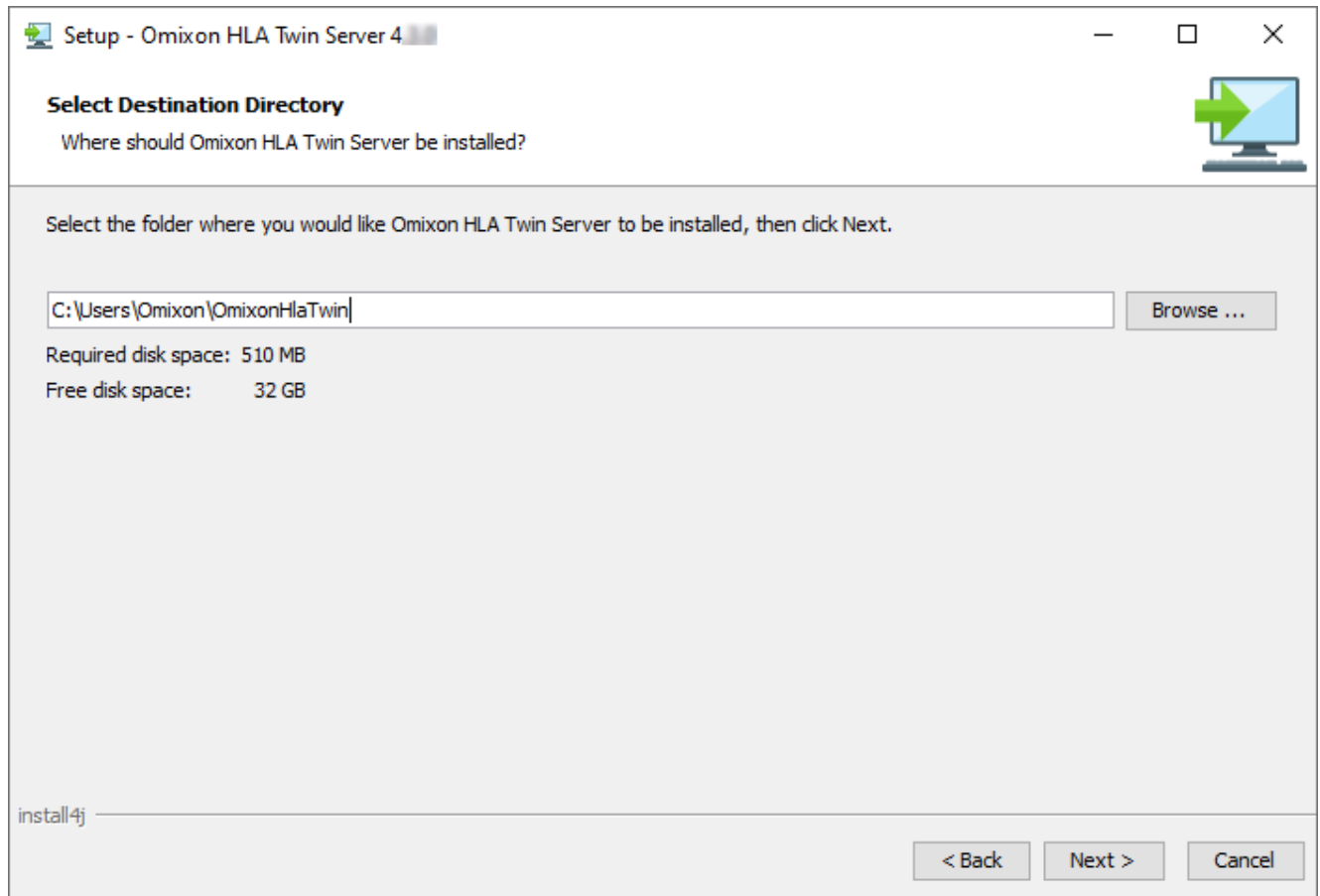


2. Acceptér licensaftalen.

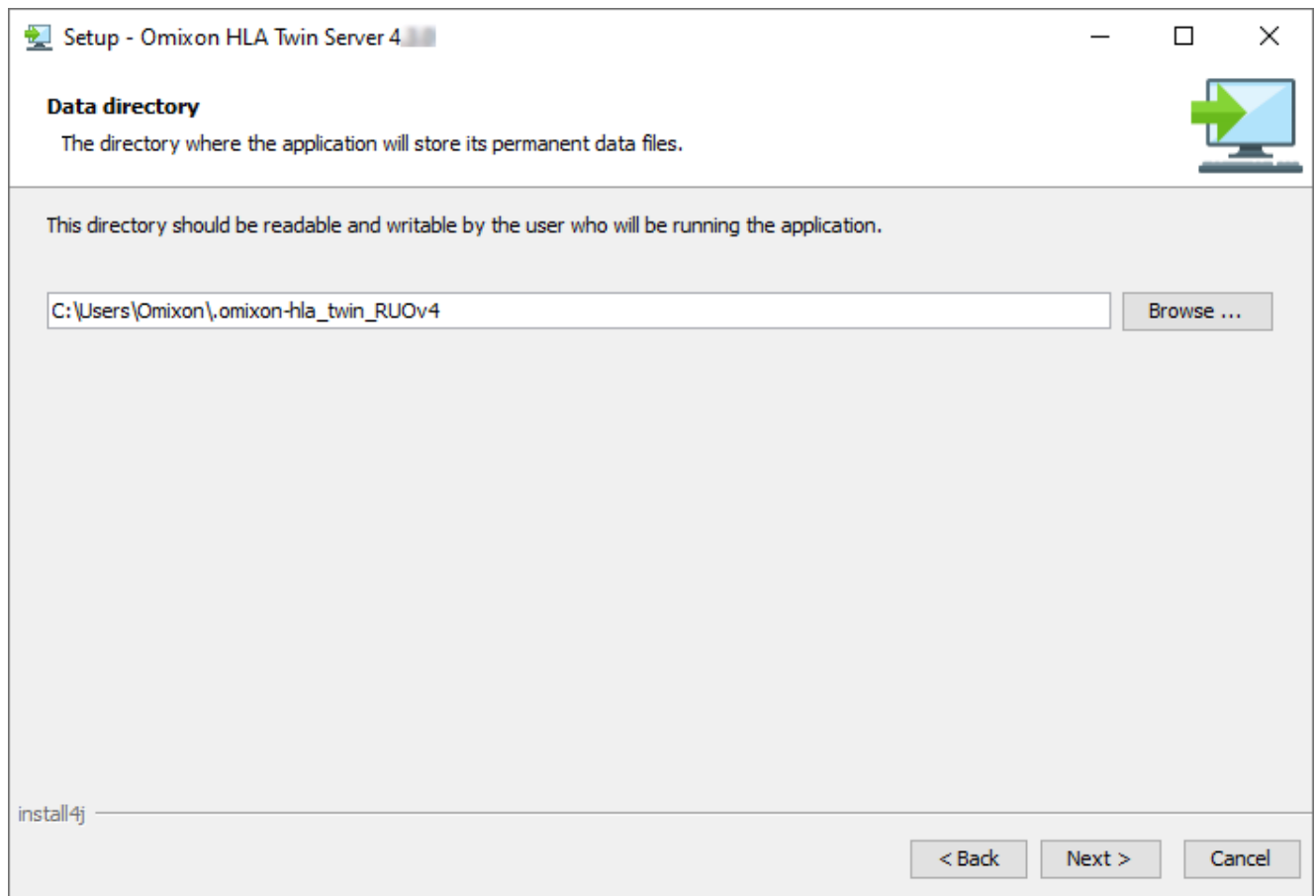


3. Vælg en installationsmappe.

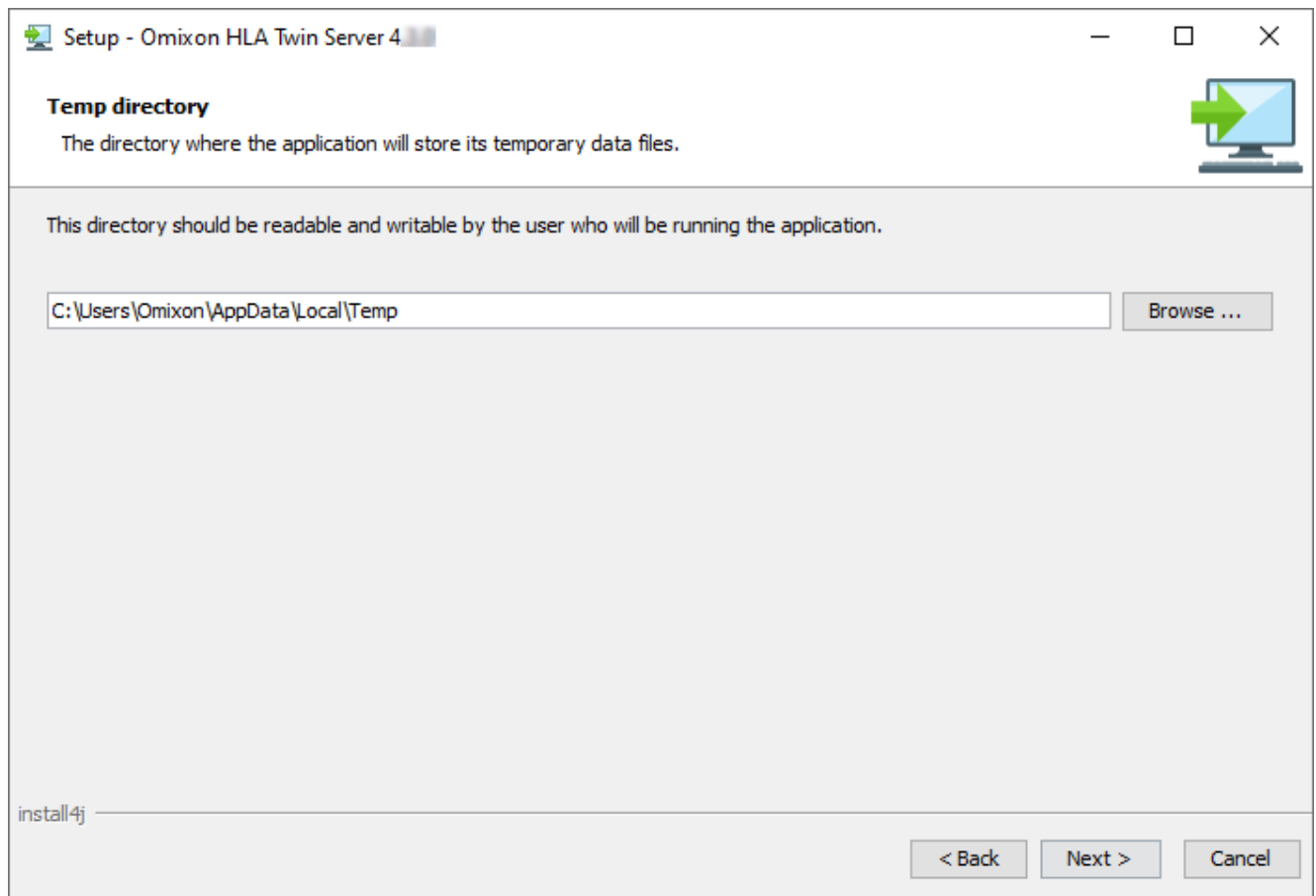
Windows-brugere: Vær opmærksom på, at du måske skal ændre destinationsmappen, så andre brugere i Windows kan få adgang til softwaren (det samme gælder også for de andre installationsmapper i de næste trin).



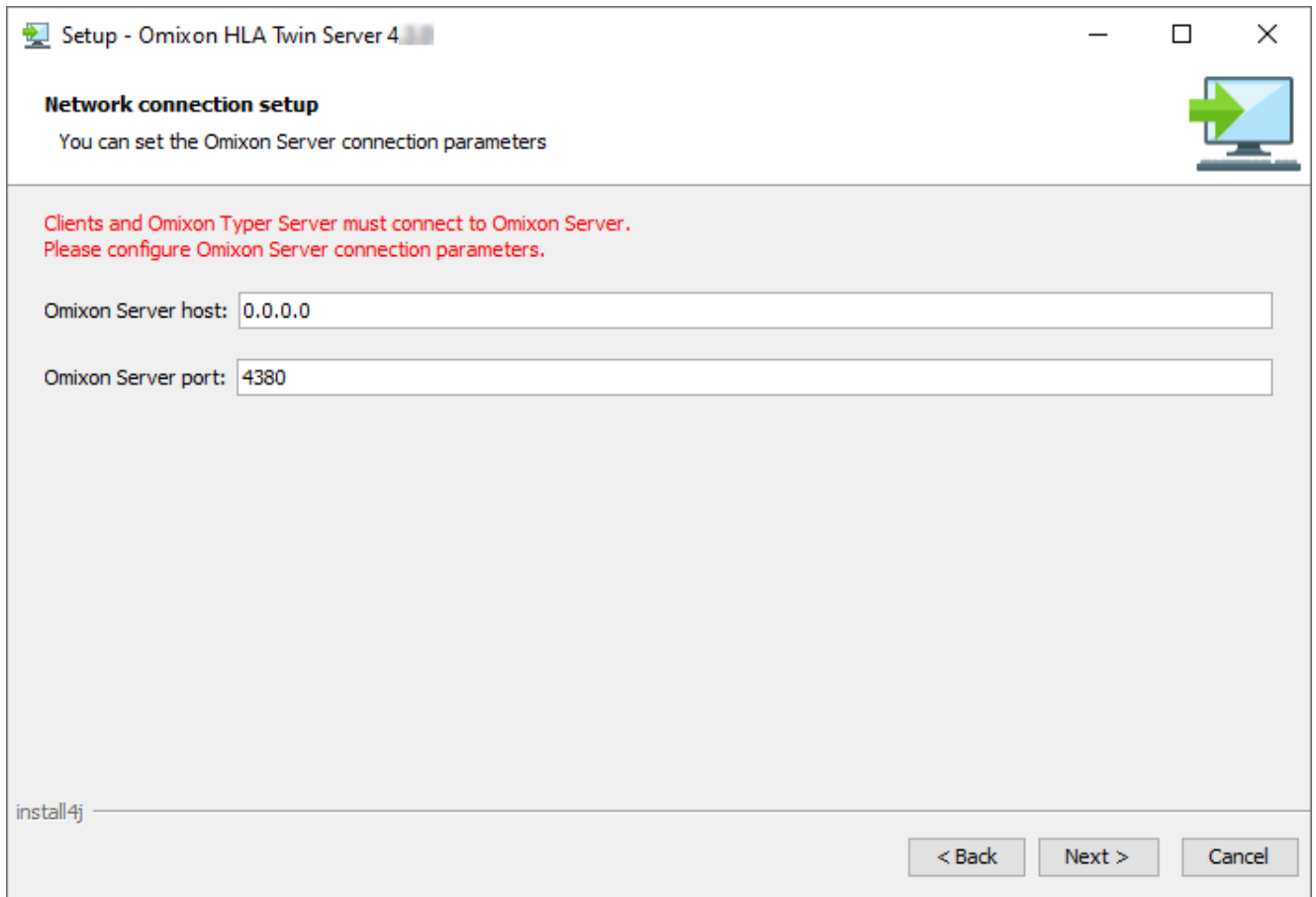
4. Vælg en mappe til referencedatabasefiler.



5. Vælg en mappe til midlertidige filer.



6. Konfigurer den IP-adresse og det portnummer, som HLA Twin Server skal bruge til kommunikation (lokal 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. Below the title bar, the text "Network connection setup" is displayed in bold, followed by the instruction "You can set the Omixon Server connection parameters". To the right of this text is a small icon of a computer monitor with a green arrow pointing towards it. Below this, a red message states: "Clients and Omixon Typer Server must connect to Omixon Server. Please configure Omixon Server connection parameters." 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, the text "install4j" is visible. At the bottom right, there are three buttons: "< Back", "Next >", and "Cancel".

Setup - Omixon HLA Twin Server 4

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.

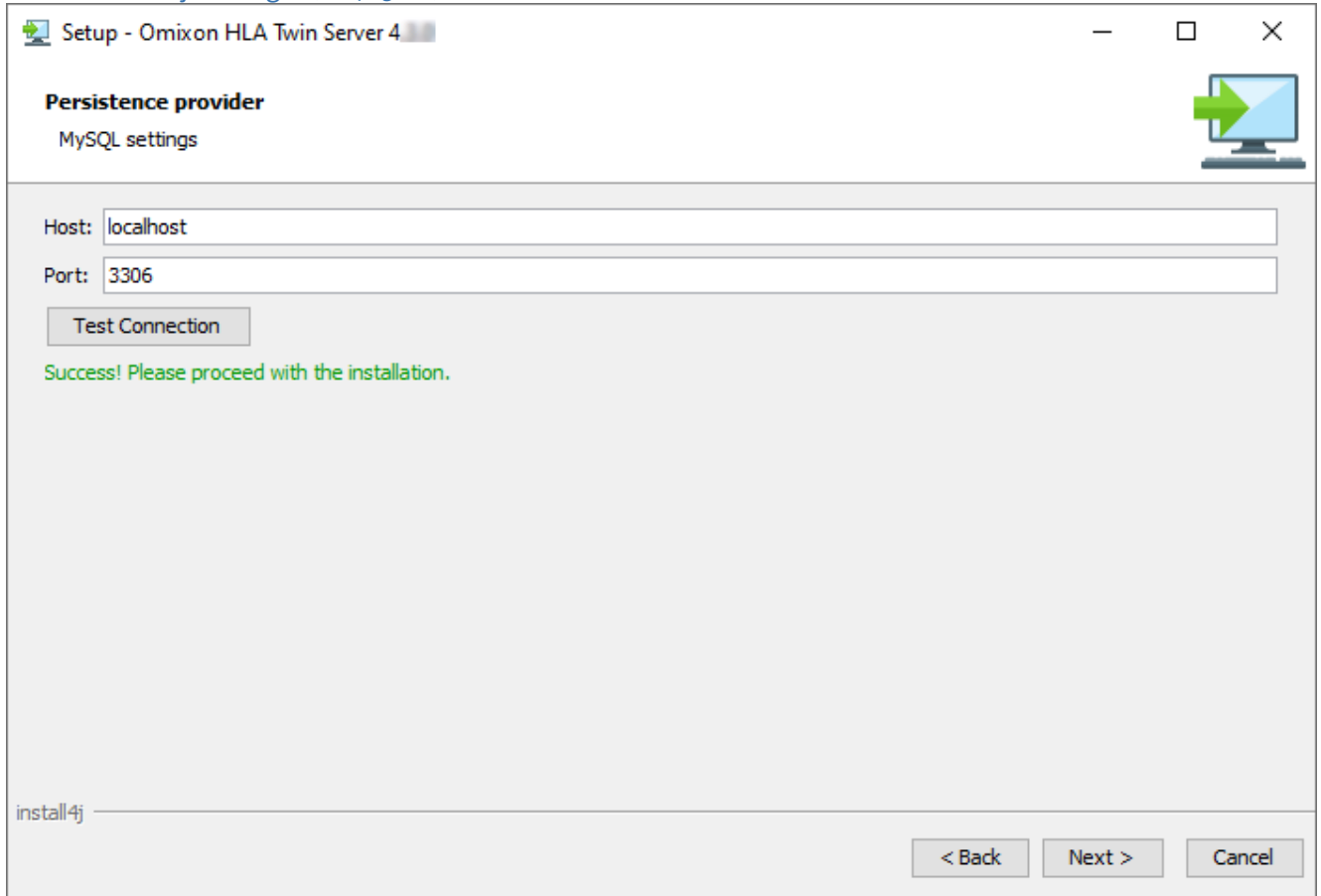
Omixon Server host: 0.0.0.0

Omixon Server port: 4380

install4j

< Back Next > Cancel

7. Angiv IP-adressen og portnummeret til MySQL-databasen (standardindstillingerne bør fungere fint, hvis du har installeret MySQL lokalt). [Der henvises til kapitlet Installation af MySQL angående installationsvejledninger.](#)(see page 15)



Setup - Omixon HLA Twin Server 4

Persistence provider
MySQL settings

Host: localhost

Port: 3306

Test Connection

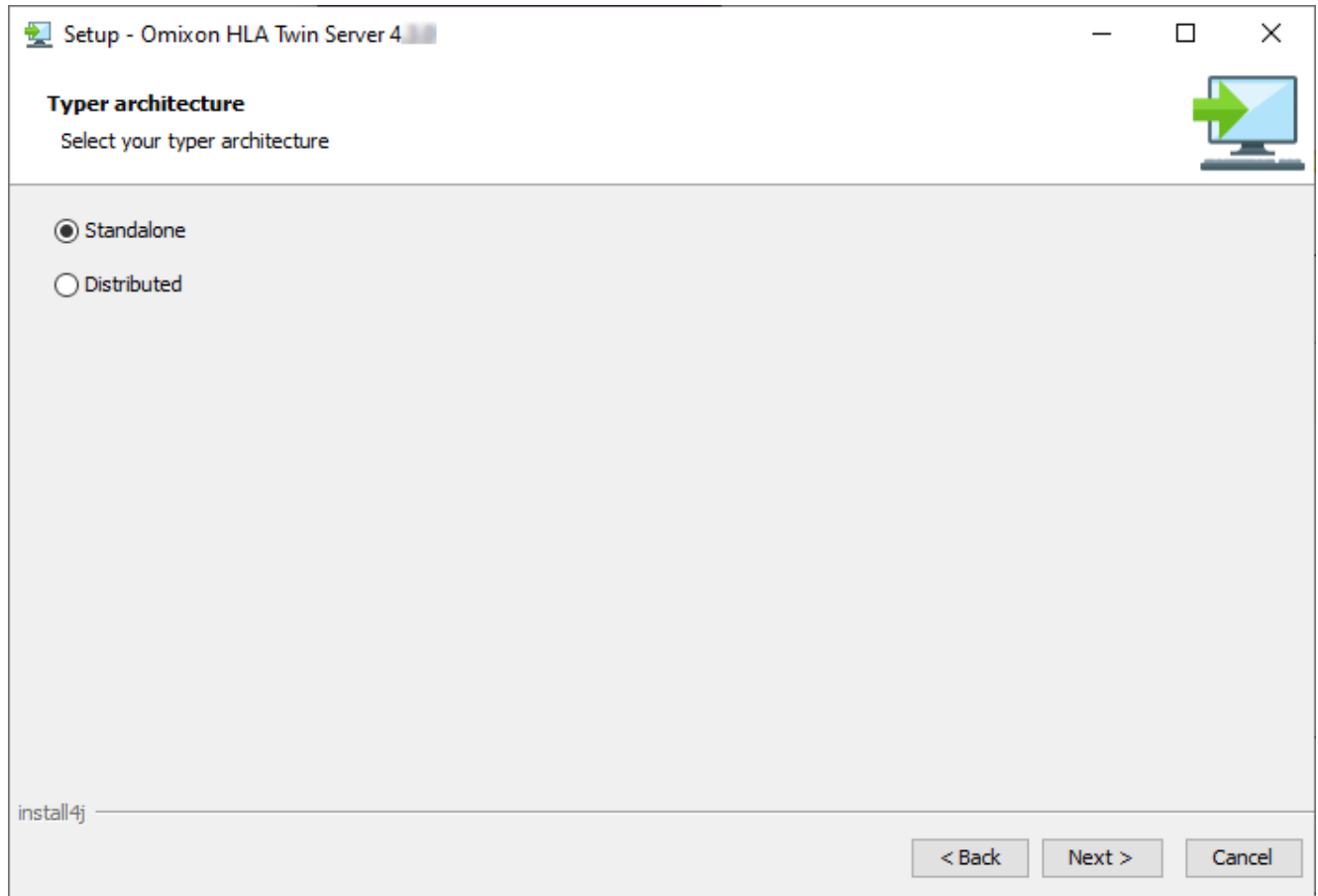
Success! Please proceed with the installation.

install4j

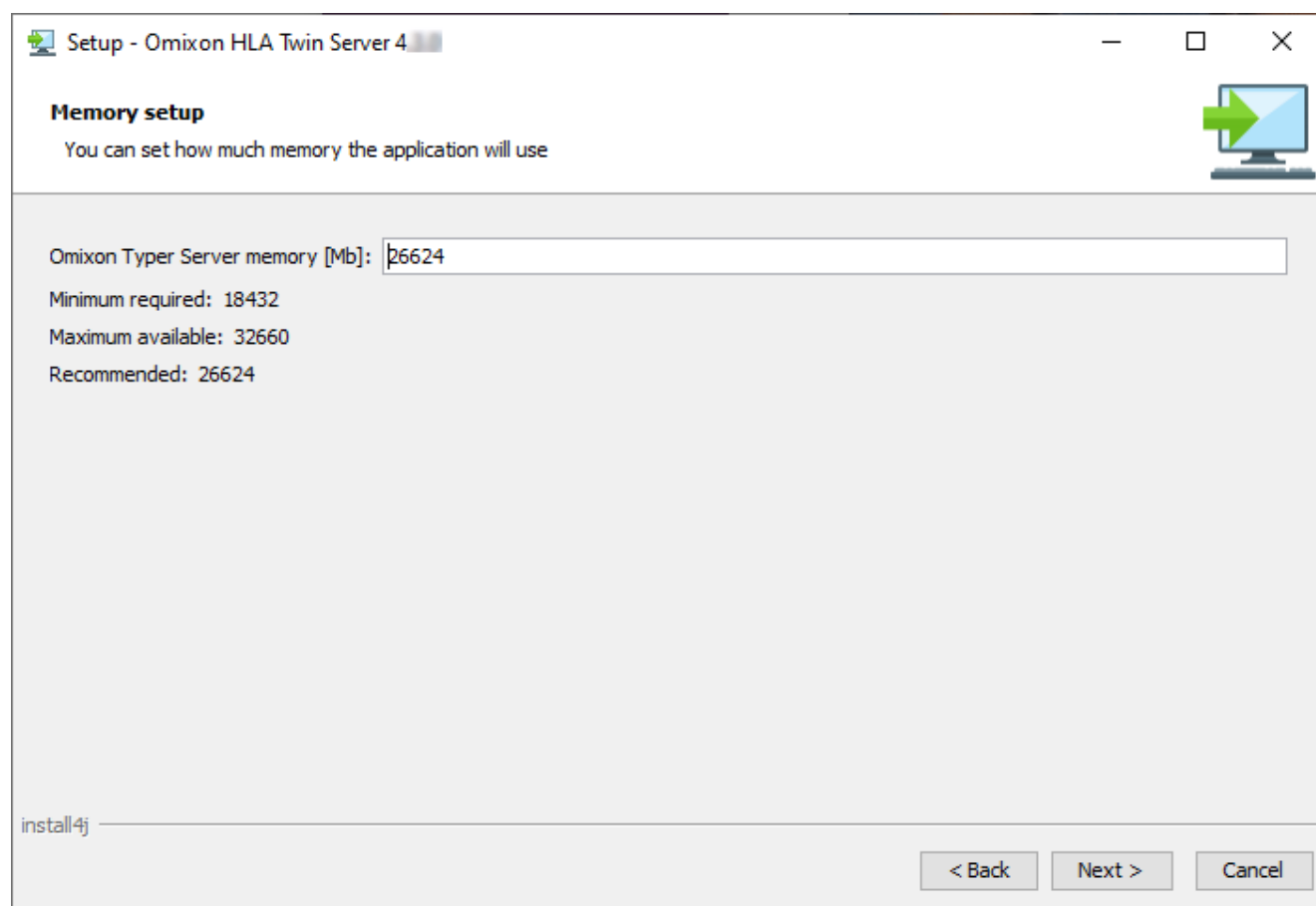
< Back Next > Cancel

Du **kan ikke fortsætte**, før en forbindelsestest gennemføres korrekt!

8. Vælg den enkeltstående arkitektur (for den distribuerede konfiguration med flere HLA Twin Typere på særskilte servere følges oplysningerne i kapitlet Server (distribueret) i softwareinstallationsvejledningen).



9. Konfigurer hukommelsesindstillingerne.



Setup - Omixon HLA Twin Server 4

Memory setup

You can set how much memory the application will use

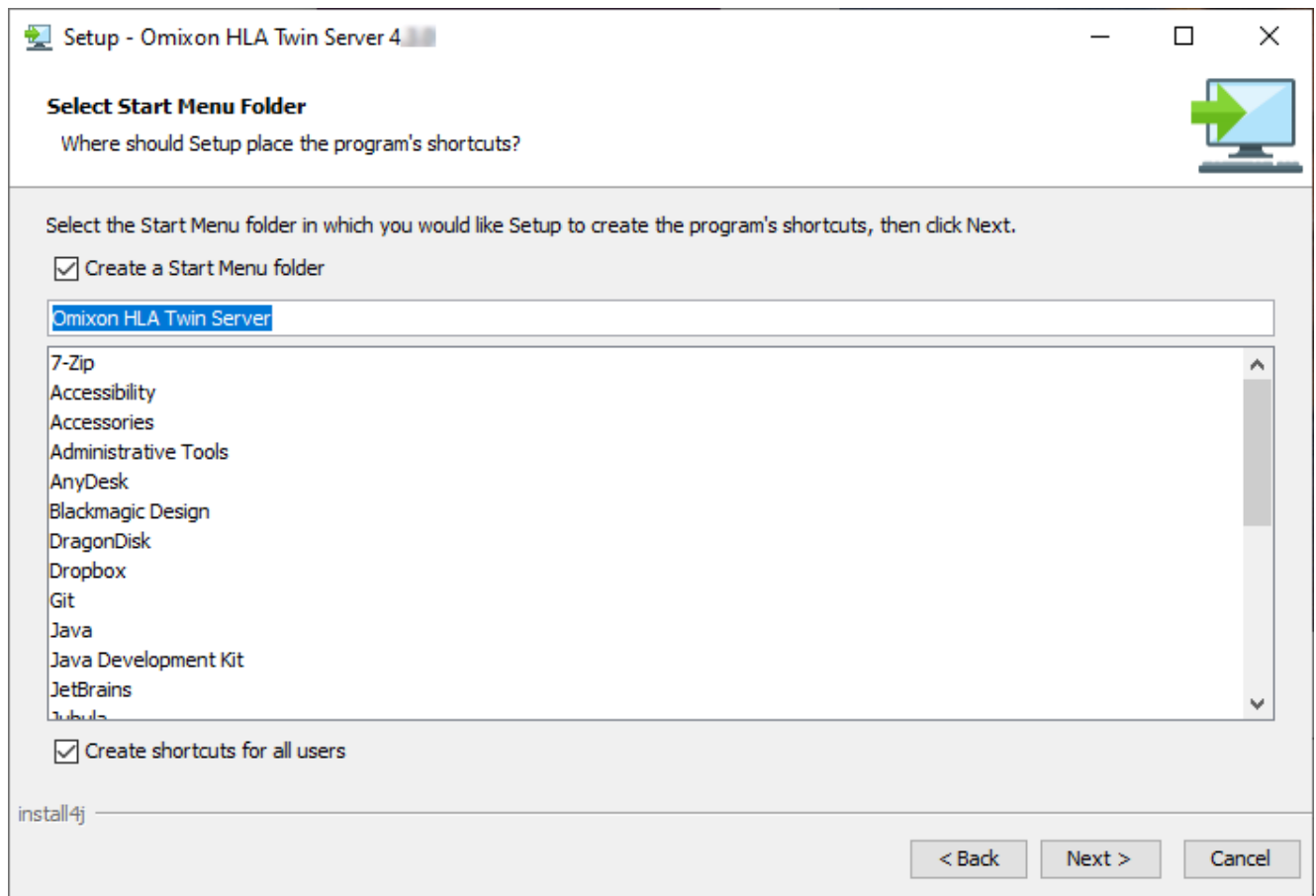
Omixon Typer Server memory [Mb]:

Minimum required: 18432
Maximum available: 32660
Recommended: 26624

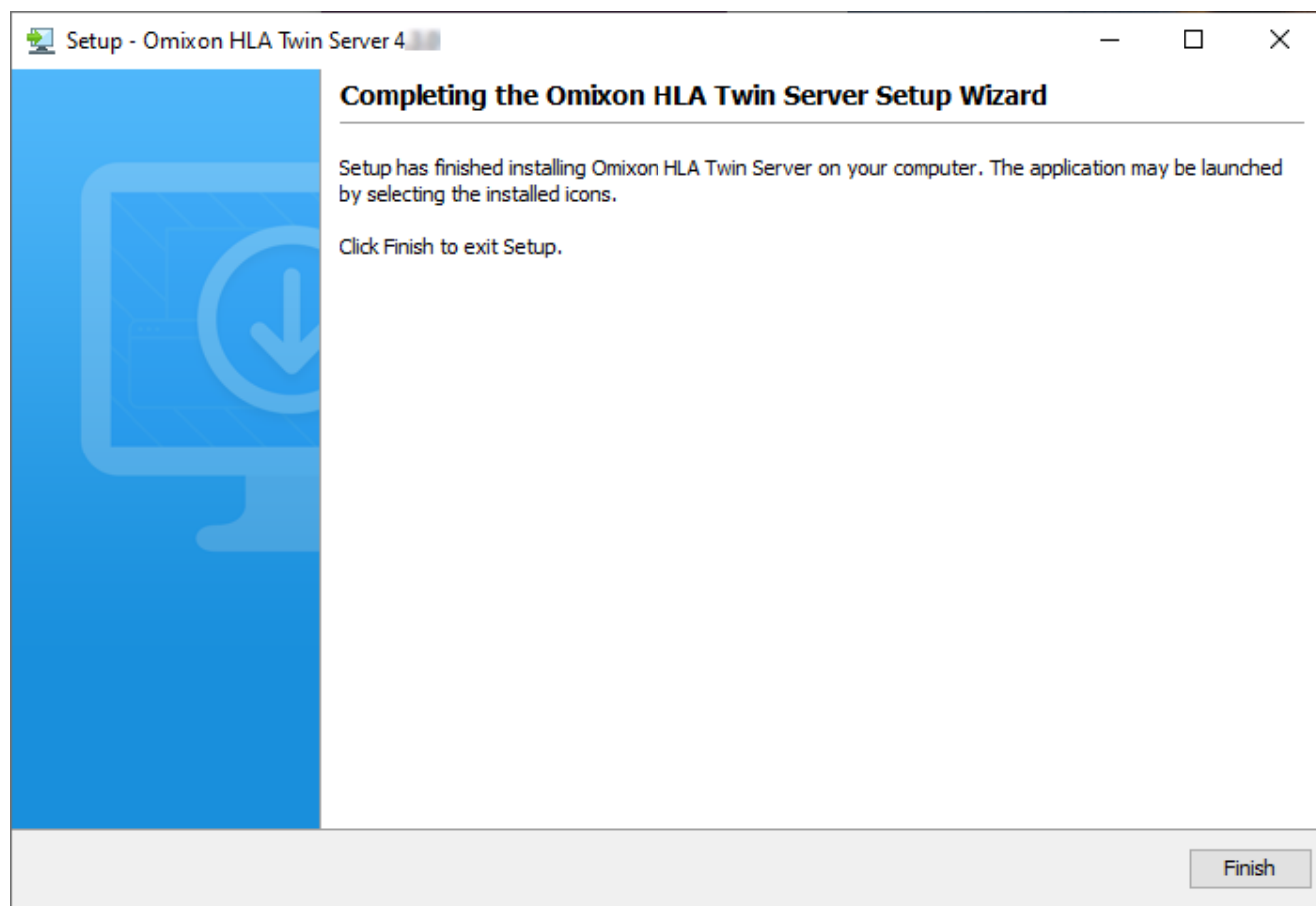
install4j

< Back Next > Cancel

10. Vælg Start-menumappen.



11. Klik på "Finish" (Afslut).



3.8 Klientinstallation

3.8.1 Opdatering fra HLA Twin 3.1.3 eller ældre

- Du vil ikke kunne opdatere din tidligere version af HLA Twin 3.1.3 Client, som det var muligt i tidligere versioner. Installationsprogrammet tillader heller ikke, at du installerer den nye HLA Twin i den samme mappe, som en ældre version var installeret i.
- Vær opmærksom på, at softwareversionen af HLA Twin Client og HLA Twin Server skal stemme overens.

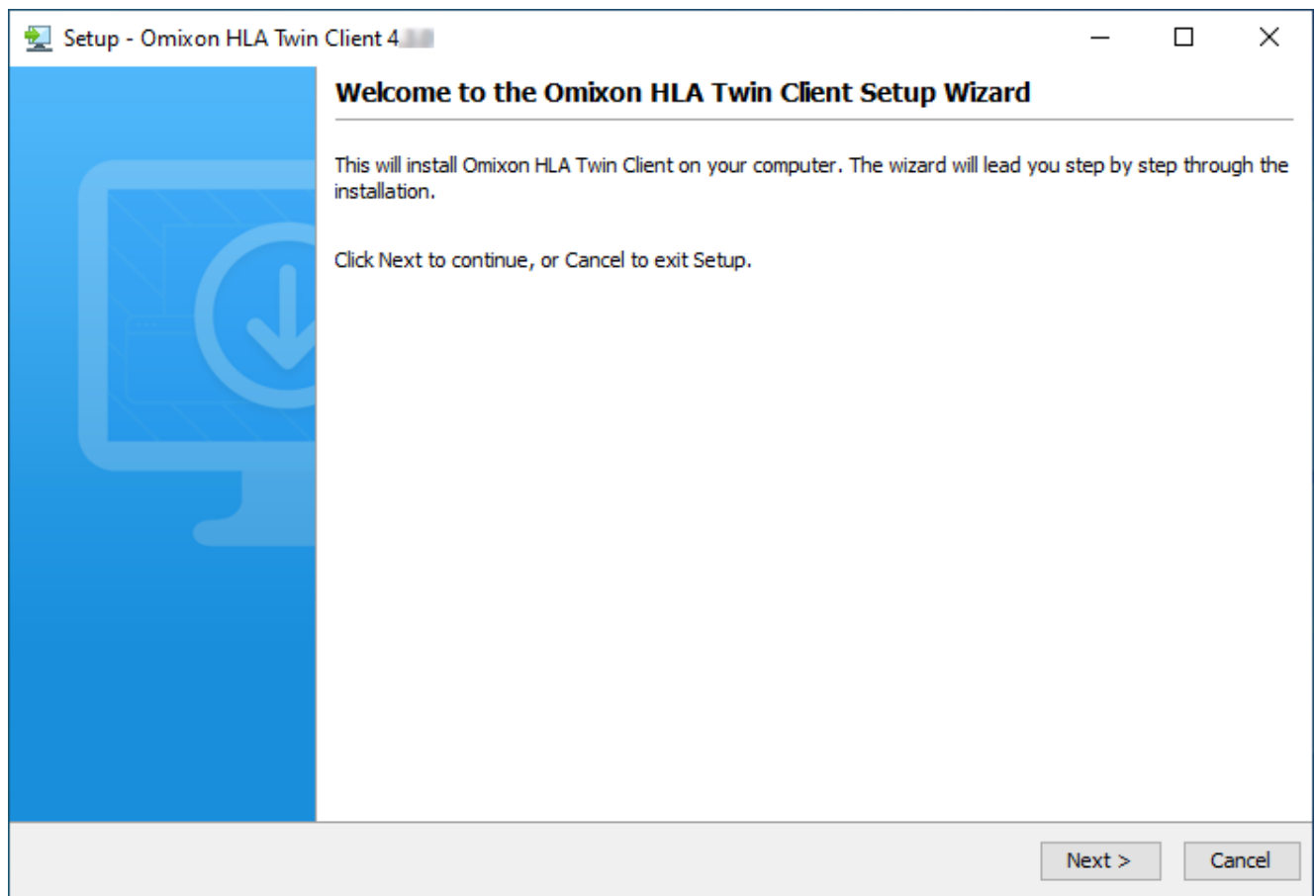
3.8.2 Bemærkninger inden installation

Netværk: HLA Twin Server kommunikerer med HLA Twin-klienter på port 4380 og 4381 som standard. Sørg for at tillade dem på din firewall.

3.8.3 Installation af HLA Twin Client

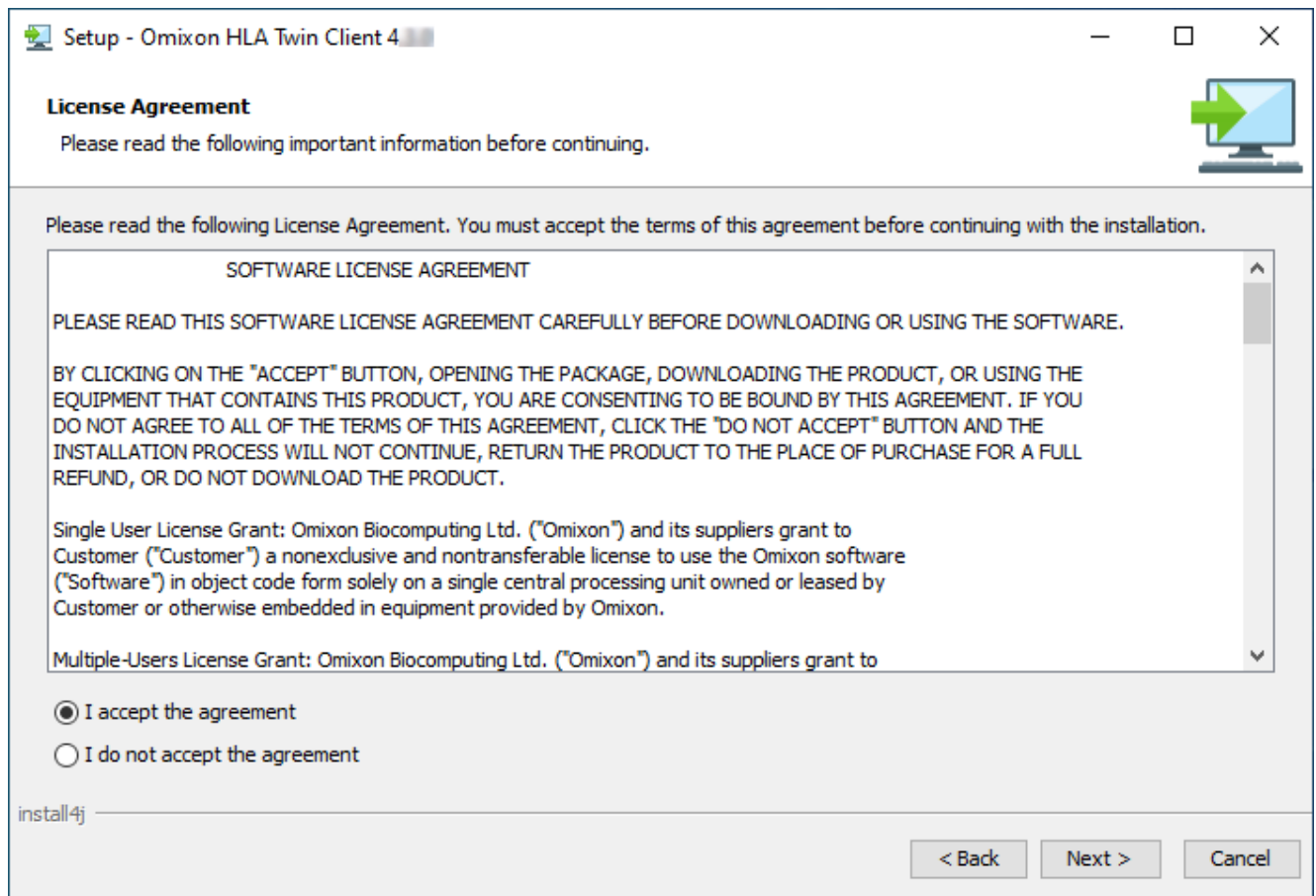
1. Dette trin afhænger af det operativsystem, som du bruger.

- **Windows-brugere:** Åbn installationsprogrammet (omixon_hla_twin_XXX_windows-x64_with_jre-**client**.exe)
- **Linux-brugere:** Åbn et terminalvindue, hent tilladelser til installationsprogrammet (chmod +x omixon_hla_twin_XXX_unix_with_jre-**client**.sh), og kød derefter installationsprogrammet.
- **OSX-brugere:** Åbn installationsprogrammet (omixon_hla_twin_XXX_macos_with_jre-**client**.dmg) (hvis du bruger OSX 10.14.6 Mojave eller nyere, får du muligvis en fejlmeddelelse. I givet fald bedes du kontakte os på support@omixon.com¹⁰)



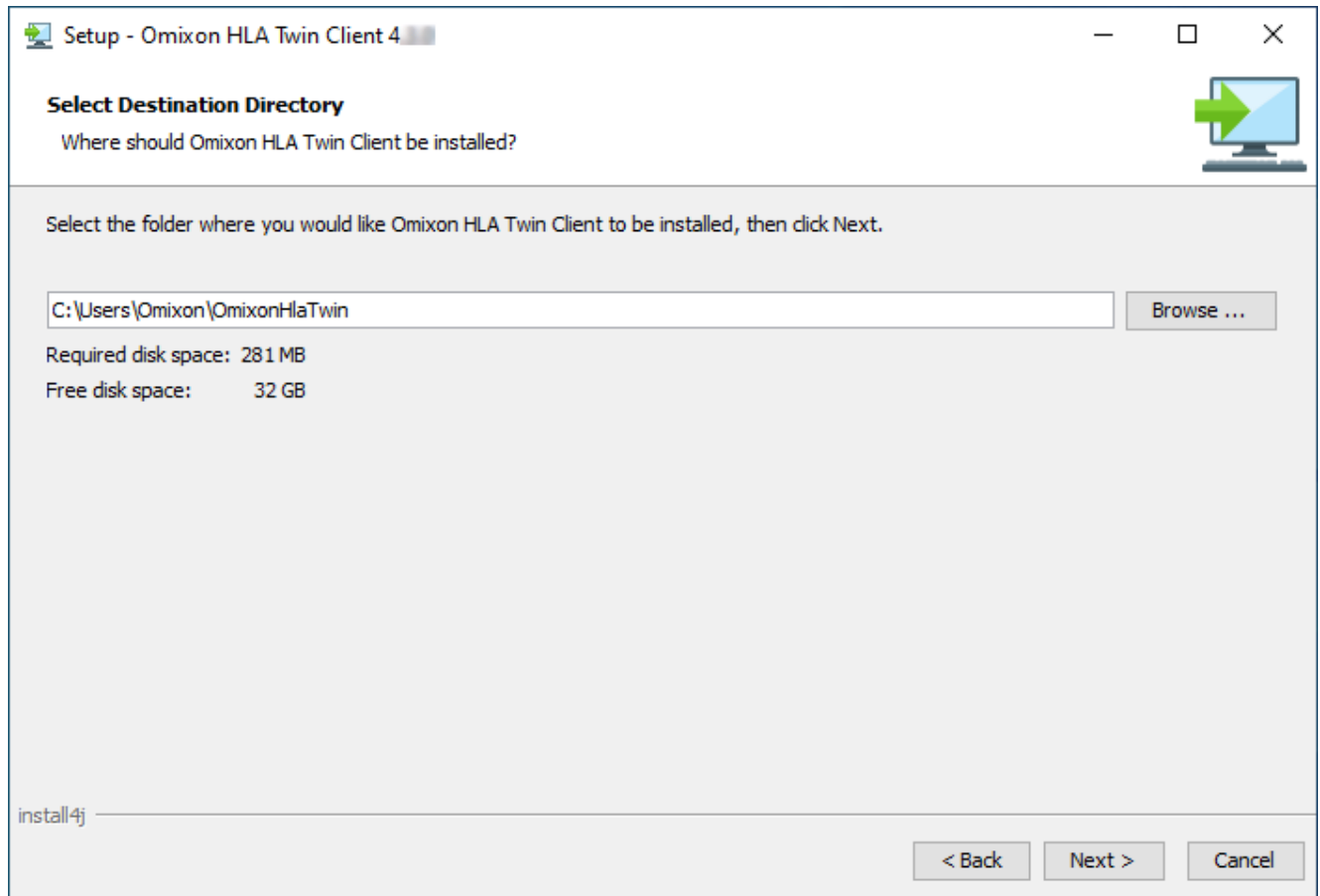
¹⁰ <mailto:support@omixon.com>

2. Acceptér licensaftalen.

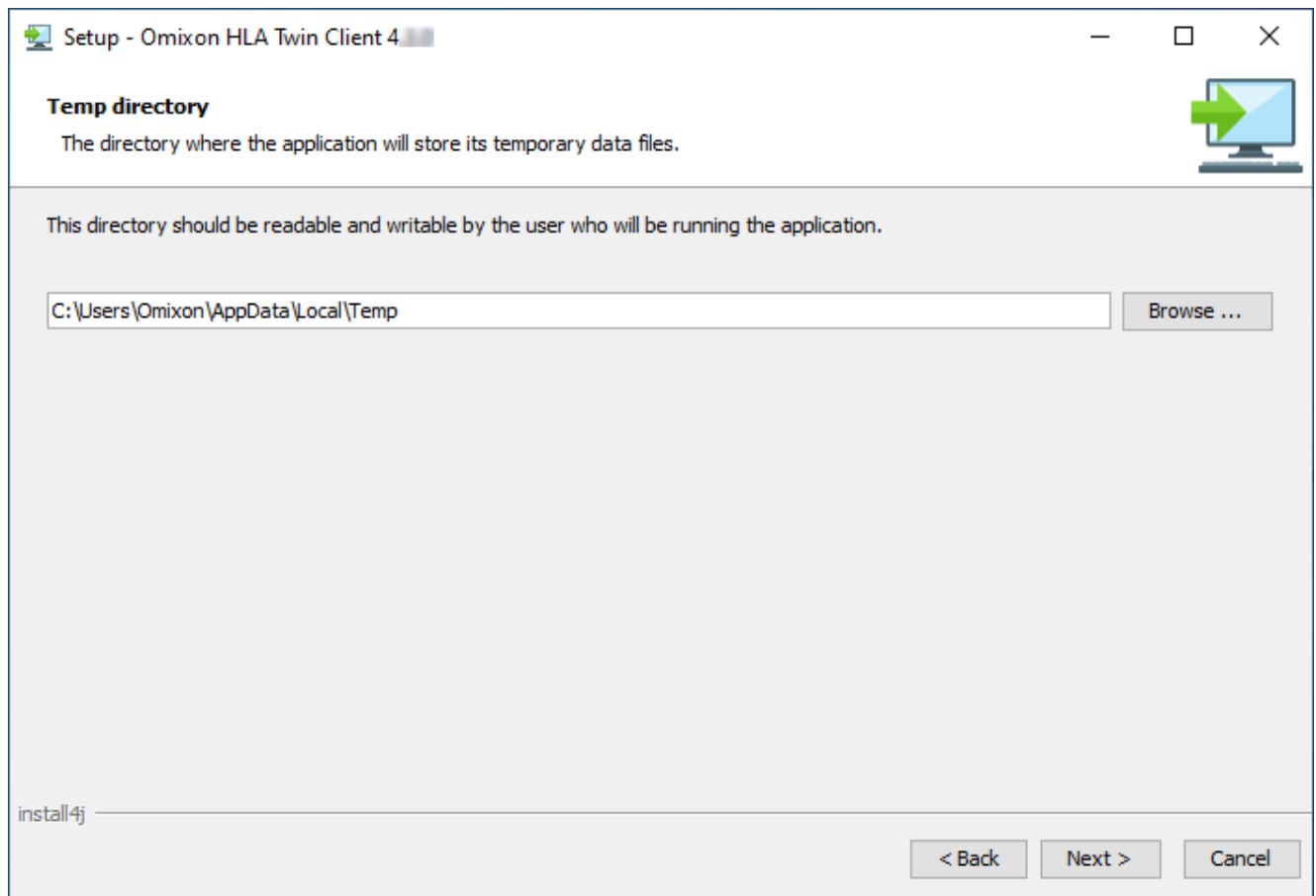


3. Vælg en installationsmappe.

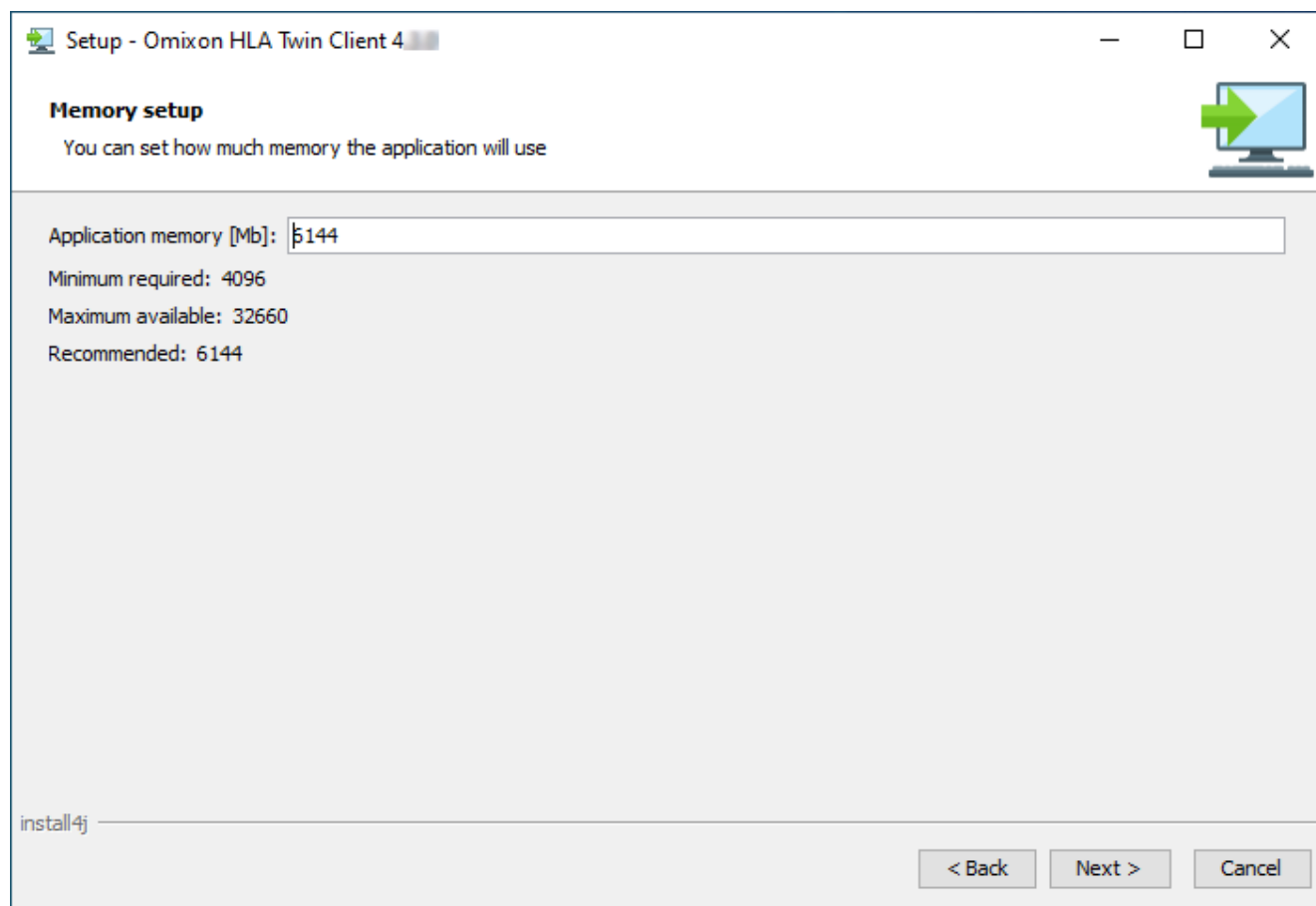
Windows-brugere: Vær opmærksom på, at du måske skal ændre destinationsmappen, så andre brugere i Windows kan få adgang til softwaren (det samme gælder også for de andre installationsmapper i de næste trin).



4. Vælg en mappe til midlertidige filer.



5. Konfigurer hukommelsesindstillingerne.



Setup - Omixon HLA Twin Client 4.4.1

Memory setup

You can set how much memory the application will use

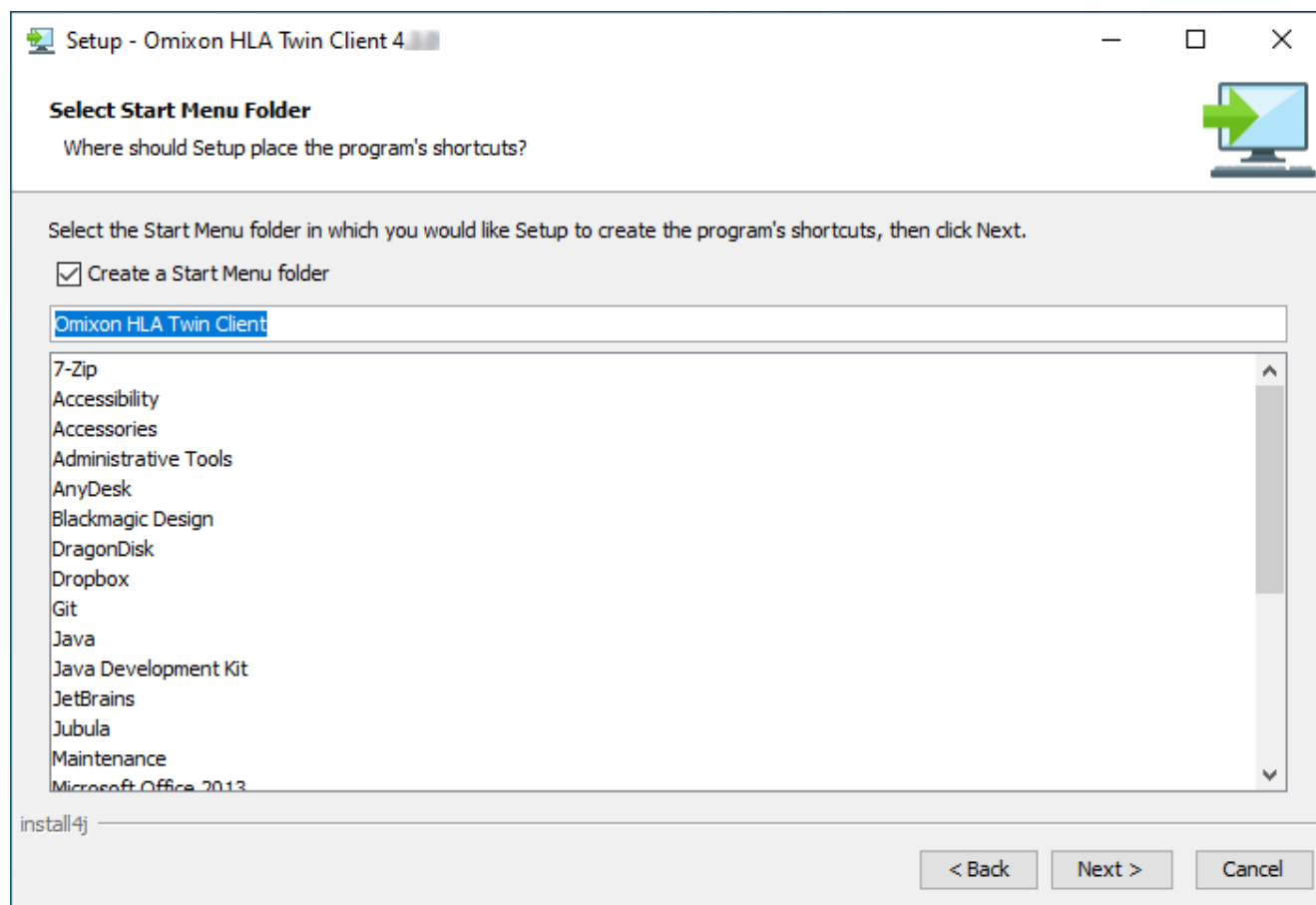
Application memory [Mb]: 6144

Minimum required: 4096
Maximum available: 32660
Recommended: 6144

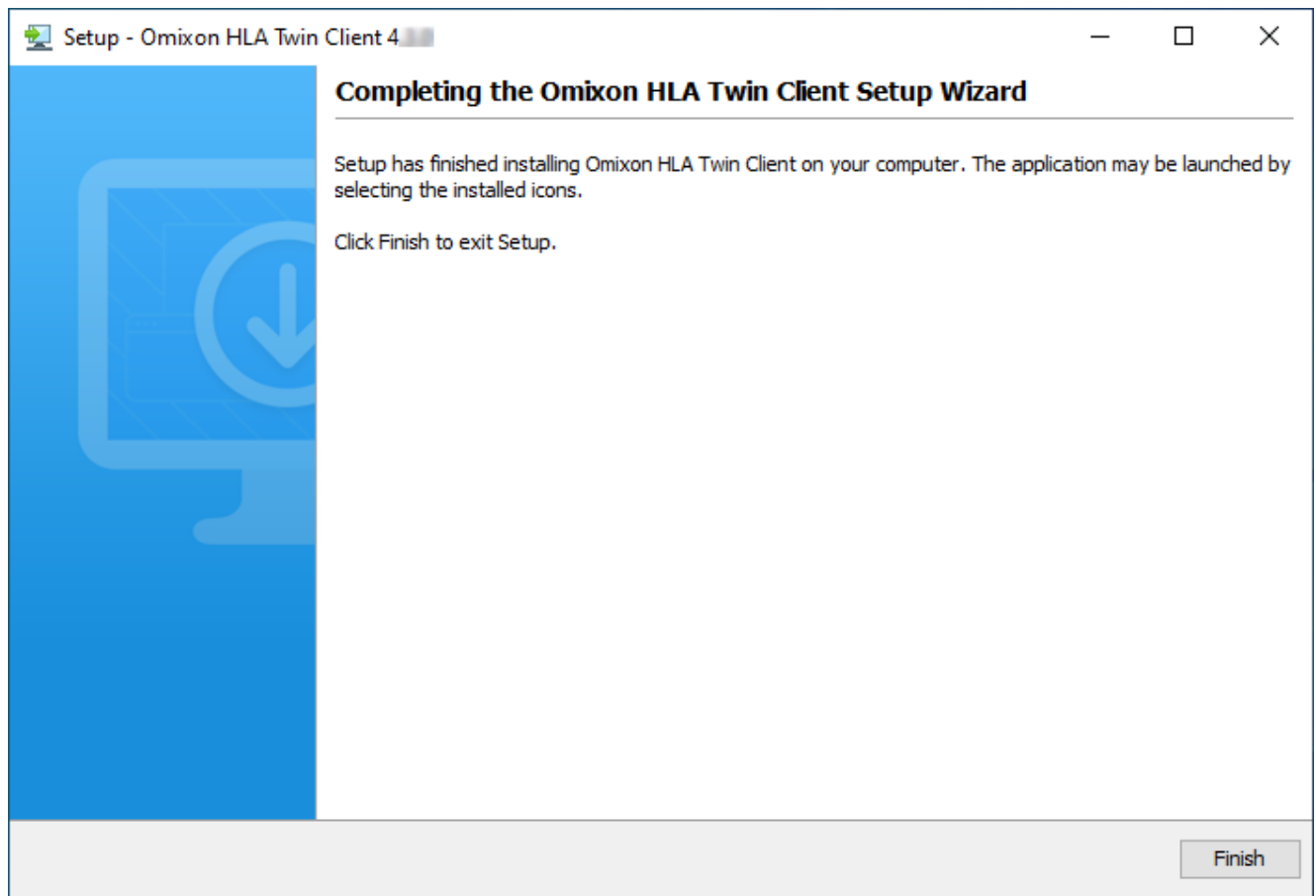
install4j

< Back Next > Cancel

6. Vælg Start-menumappen.



7. Klik på Finish (Afslut), når installationen er afsluttet.



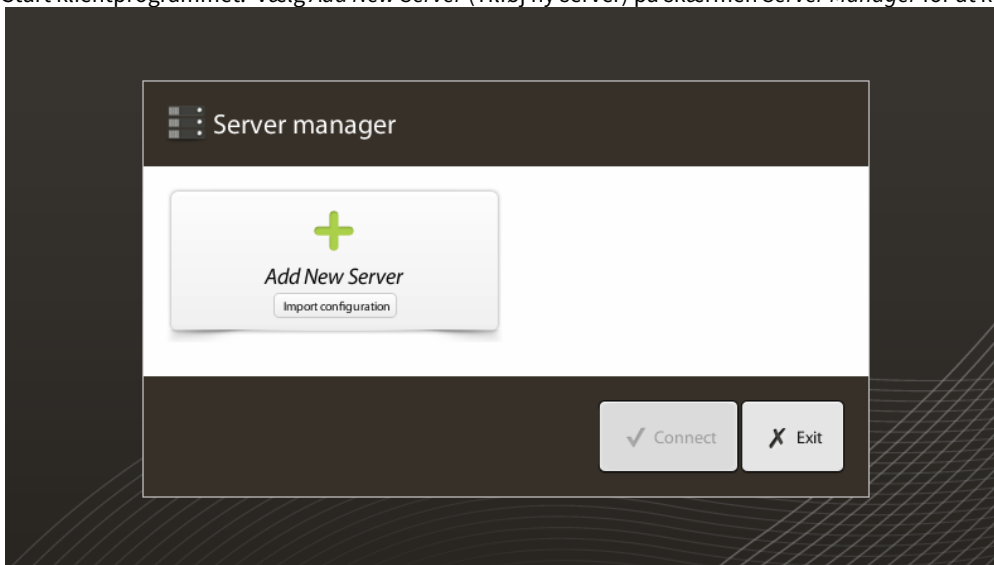
3.9 Anvisninger til brug første gang

3.9.1 Oprettelse af forbindelse til serveren

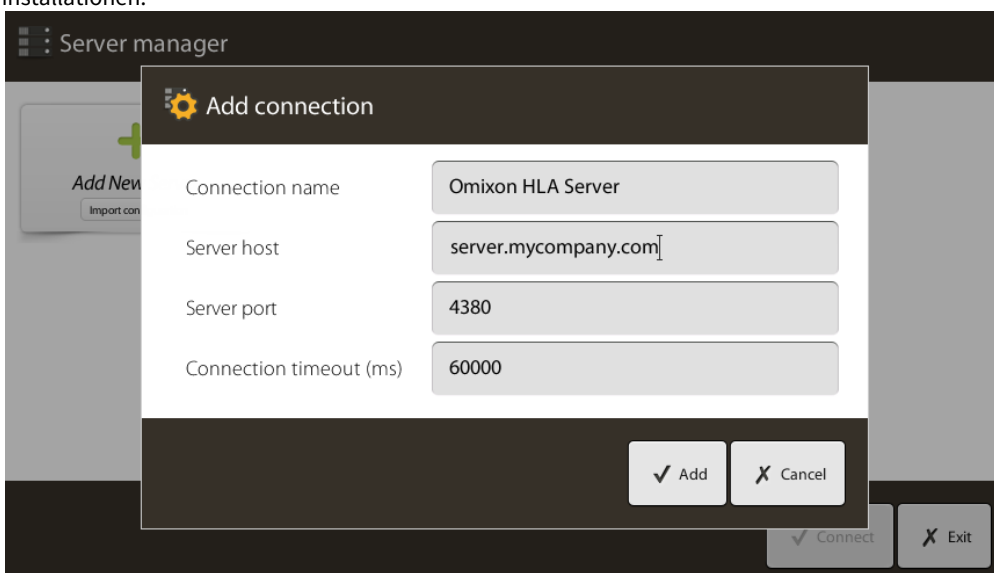
Når serveren er sat op og startet, lytter den efter indgående klientforbindelsesansøgninger.

Tilslutning af klienten

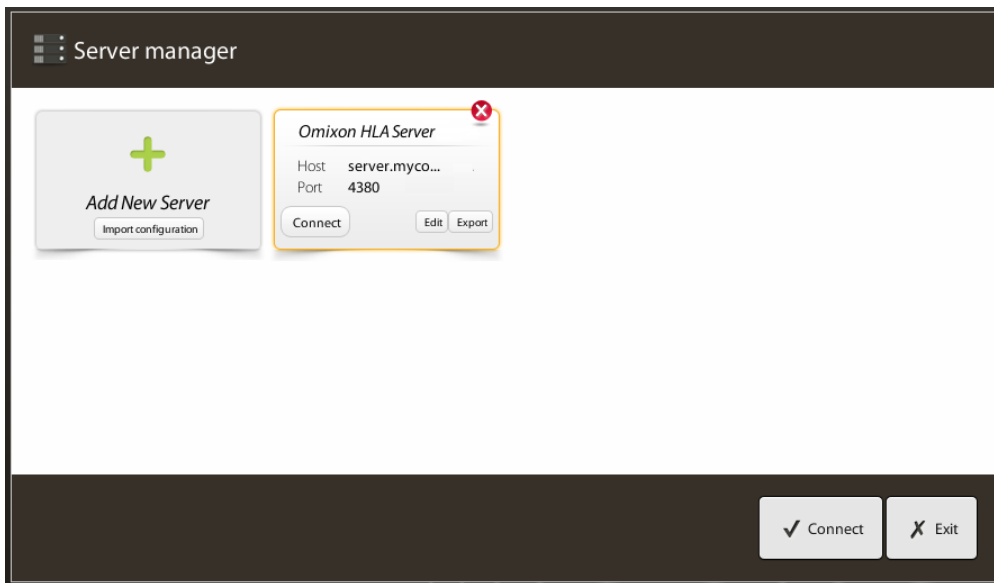
Start klientprogrammet. Vælg *Add New Server* (Tilføj ny server) på skærmen *Server Manager* for at konfigurere klient-server-forbindelsen.



Giv forbindelsen et navn, og indtast præcis de samme host- og portindstillinger, som blev angivet for serveren under eller efter installationen.



Vælg serverforbindelsen, og tryk på *Connect* (Tilslut).

**VIGTIGT**

Kontrollér firewall-indstillingerne på servercomputeren. Konfigurer firewall'en til at lade Omixon HLA Server acceptere indgående forbindelser. Sørg endvidere for, at udgående forbindelser er aktiveret for Omixon HLA Server, så tilsluttede klienter kan modtage statusopdateringer (f.eks. for at vise oplysninger om opgavestatus).

Eksport og import af forbindelseskonfiguration

I stedet for at konfigurere forbindelsen manuelt kan brugerne vælge at importere en konfigurationsfil ved at klikke på knappen *Import configuration* (Importer konfiguration) på kortet *Add New Server* (Tilføj ny server) i dialogboksen *Server Manager*. Hvis du ønsker at vælge denne mulighed, skal du bede din systemadministrator om at få en forbindelsesfil. Forbindelsesindstillinger kan eksporteres til en fil ved at klikke på *Export* (Eksportér) på den valgte forbindelse i dialogboksen *Server Manager*.

3.9.2 Oprettelse af den første bruger

Når du starter desktopprogrammet eller opretter forbindelse til Omixon Server den første gang, bliver du bedt om at oprette den allerførste programbruger. Den første bruger, der registreres, bliver som standard *Superuser* (Superbruger), hvilket betyder, at vedkommende har adgang til softwarens fulde funktionalitet, herunder oprettelse af yderligere brugerkonti. Det anbefales, at systemadministratoren registrerer sig først for at gennemføre opsætningen.

Læs kapitlet om *indstillingsdashboard/brugeradministration* i håndbogen til Omixon for at få yderligere oplysninger om brugerroller og rettigheder.

4 Hurtigt i gang

4.1 Log ind

Når kørslen af HLA-softwaren er initialiseret, skal brugeren logge på programmet.

Indtast brugernavn og adgangskode til felterne, og klik på login. Ved første login oprettes der en superbruger.

4.2 Genotypebestemmelsesdashboard

Når du er logget på softwaren, vises genotypebestemmelsesdashboardet. Dette er startside i softwaren. Alle genotypebestemmelsesfunktioner er tilgængelige herfra.

Dashboardet består af følgende underskræmme:

- Informationspanel: Det indeholder alle hovedfunktionerne og nogle højniveauoplysninger om den aktuelle mappe og de valgte filer. Det viser også oplysninger om den aktuelle bruger og aktive IMGT-database samt indeholder nogle navigationsfunktioner.
- Filbrowser: Denne del af skærmen kan bruges til navigering mellem alle tilgængelige mapper.
- Bundpanel:

Informationspanelet er placeret øverst på skærmen. Det har 3 forskellige sektioner.

- Den øverste del viser:
 - den aktuelle brugers id
 - widgetpanelet for hukommelsesforbrug
 - statuspanelet for procesmanageren
 - knappen til velkomsttutorial
 - log ud-knappen
 - afslut-knappen
- Den mellemste del viser:
 - navigationsknapperne: Back (Tilbage), Forward (Frem), Up (Op) og Home (Hjem) (Home går tilbage til genotypebestemmelsesdashboardet).
 - de tilgængelige oplysninger om den anvendte IMGT-database til højre for navigationsknapperne
 - de bogmærke- og kontekstspecifikke hjælpeknapper til højre på skærmen
- Den nederste del indeholder en serie knapper, som giver dig mulighed for at vælge mellem hovedfunktionerne på dette dashboard.
 - typebestemmelses- og dataanalysefunktionerne til at afsende genotypebestemmelse
 - typebestemmelses- og dataanalysefunktionerne til at visualisere resultater
 - filbrowserfunktionerne til at navigere mellem prøver og mapper
 - Typen Manager for udrulning og fjernelse af typer-noder i distribuerede serverkonfigurationer
 - Anvendelsesindstillinger

Skærmens hovedsektion er filbrowseren, hvor du kan navigere ved at klikke på drev- og mappenavne – ligesom i enhver anden filbrowser. Brug browseren til at navigere til den mappe, hvor prøverne til genotypebestemmelse ligger. Hver prøvefil er markeret med et lille DNA-tegn og har sit eget unikke navn, som er identisk med det navn, der er genereret af prøvearket. For parrede aflæsninger parrer softwaren automatisk filer ud fra filnavnene, og kun "R1" FASTQ-filen vises i filbrowseren, for at mindske redundansen og gøre det nemmere at navigere. Når du lader musen hvile over prøvefilen, kan du se de enkelte FASTQ-filers størrelse.

Når en prøve er analyseret, vises der en separat fil, genotypebestemmelsesresultatfilen, i filbrowseren. Resultatet har filtypen .htr. Alle resultatfiler anbringes automatisk i den samme mappe, som prøvedataene ligger i. Hver analysefil er markeret med et lille tabeltegn. Analysefilens navn består af prøvenavnet og et tidsstempel, som svarer til det tidspunkt, hvor analysen blev afsendt. Når du lader musen hvile over eller vælger analysefilen, kan du se alle tilgængelige oplysninger om analysen i det nederste informationspanel. Når du ser på en .htr-fil, kan du helt til højre se en sammenfatning af høj kvalitet af typebestemmelsesresultaterne. Resultaterne er kommenteret med et "trafiklyssystem". Ligesom ved et rigtigt trafiklys bruges der tre forskellige farver med hver sin betydning. Til forskel fra et rigtigt trafiklys er der mulighed for "blandede farver".

Genotypebestemmelsesfunktionerne er deaktiveret – knapperne er grå – så længe der ikke er vist nogen prøver på skærmen. Så snart du finder en FASTQ-fil (eller et andet understøttet format), bliver flere genotypebestemmelsesknapper tilgængelige.

Følg afsnittet Analyse for at afsende en analyse.

Du kan finde nærmere oplysninger om denne skærm og alle tilgængelige funktioner i afsnittet om *dashboardet til genotypebestemmelse* i håndbogen til Omixon.

4.3 Analyse

Når mindst én prøve er fundet, har du flere muligheder for at påbegynde genotypebestemmelse.

4.3.1 Simpel genotypebestemmelse – anbefales til Holotype-prøver

Genotypebestemmelse med standardparametrene kan igangsættes ved blot at klikke på knappen "Analyse", som vises i hver række for hver prøve. Du kan indtaste flere prøver med Holotype-protokollen ved at med museklik og Ctrl- eller Shift-knappen og derefter trykke på knappen Simple Genotyping (Simpel genotypebestemmelse) i topmenuen. Du kan kontrollere, at typebestemmelsen kører, i den viste procesmanager i øverste højre hjørne. Du kan finde nærmere oplysninger om denne og andre relaterede funktioner som f.eks. genotypebestemmelse med brugerdefinerede parametre og reanalyse af prøver i afsnittet om *dashboardet til genotypebestemmelse*.

4.3.2 Resultater

Når programmet når 100 % i *Typer Scheduler*, vises der en ny resultatfil i filbrowseren. Hvis der indtastes flere prøver på samme tid, vises der et resultat for hver, så snart det er klar – du kan få vist de første resultater, mens resten stadig er under behandling. Resultatfilerne viser et trafiklysresultat, så du kan danne dig et hurtigt overblik, og du kan få vist yderligere oplysninger ved at klikke på "View" (Vis)-knappen efter hver række. Du kan få vist flere ved at klikke på Ctrl- eller Shift-knappen for at vælge dem og derefter klikke på knappen "View results" (Vis resultater) i topmenuen.

Når du arbejder med analyseresultater i Omixon HLA-softwaren, skal du være klar over, at primersekvenser ikke påvirker resultaterne, da de trimmes før analysen. Du kan finde nærmere oplysninger om fortolkning af resultaterne i afsnittet om *genotypebestemmelsesanalyseresultat* og *genotypebestemmelsesprøveresultat*.

4.4 Genotypebestemmelsesanalyseresultat

Som beskrevet i afsnittet Resultater kan du visualisere dine resultater ved at fremhæve en eller flere prøver og klikke på knappen "View results" (Vis resultater). Det fører dig til det næste afsnit i HLA Twin: Genotypebestemmelsesanalyseresultater.

Denne skærm består af tre hoveddele:

- Informationspanel: Strukturen i dette panel er stort set identisk med informationspanelet i genotypebestemmelsesdashboardet (se nærmere ovenfor)
- Funktionspanel: funktionsknapper til filtrering, tildeling, godkendelse osv.
- Resultattabel: en oversigtstabel med analyseresultaterne

Funktionspanelet indeholder følgende knapper:

- Prøvedetaljer og gennemse alignment
- Displayopsætningsknapper
- Tildelingsknapper
- Eksporter tabel
- Yderligere funktioner til at kommentere prøve/godkende prøve/annullere godkendelse af en prøve/vis koblingsuligevægt

I resultattabellen i genotypebestemmelsesanalyseresultaterne kan du se en oversigt over dine resultater for hvert locus i hver prøve.

Tabellen har følgende kolonner:

- Sample (Prøve)
 - Indeholder navnet på den .htr-fil, der genereres ud fra prøvens navn, og tidsstemplet, som angiver det tidspunkt, hvor analysen blev afsendt.
 - Hvis en prøve har været analyseret flere gange, følger visningen af prøverne analyserækkefølgen. Du kan bruge tidsstemplet til at spore forskellige analysetider.
 - Øverst til højre finder du det urformede ikon for tildelingshistorik og ikonet med indikator for godkendelsestilstand
- Separate kolonner til de analyserede loci:
 - Resultataller vises i to rækker, der signalerer de to kromosomer
 - Der vises en række markeringer af locus- og allelniveau i disse kolonner

I den øverste række for hvert locus vises de locus-specifikke markeringer. De omfatter:

- Trafiklys for kvalitetskontrol:

Disse lys er baseret på locusniveauets kvalitetskontrolforanstaltninger og kan være et af følgende:



(grøn) – BESTÅET: Locus har bestået alle QC-tests



(gul/grøn) – INFO: En eller flere QC-tests gav resultater, som var under gennemsnittet



(gul) – INSPICER: En eller flere QC-tests gav bekymrende resultater, manuel undersøgelse af resultaterne er nødvendig



(rød/gul) – UNDERSØG: En eller flere QC-tests viste lav resultatkvalitet, manuel inspektion og muligvis reanalyse er nødvendig



(rød) – DUMPET: En eller flere QC-tests viste meget lav resultatkvalitet, manuel inspektion er nødvendig for at finde frem til årsagen, og locus eller prøve skal sandsynligvis sekventeres eller typebestemmes på ny med alternative metoder.

- Zygositetsmarkeringer: Heterozygote loci har markeringen



, mens homozygote loci er markeret med



. Hemizygote loci er markeret med



. Hvis et locus er hemizygot, vises kun ét allel, og den anden celle er tom. Hvis et locus' zygositet ikke kan bestemmes ud fra de forhåndenværende data, er den markeret med



.

- Nyhedsmarkeringer: Loci med alleler, som indeholder exoniske (eller nye exons eller introns), er markeret med



, mens loci med nye alleler, der kun indeholder nye introns, er markeret med



.

Allelresultater kan også have en række markeringer, herunder:

- Bedste overensstemmelse og tildelingstilstand: Helt til venstre for det viste allelresultat kan du se det lille "hak"-ikon, som angiver, hvorvidt allelresultatet er en "bedst overensstemmende allel". Ikonet er blå for bedst overensstemmende alleler og gråt for resterende allelkandidater. Du kan tildele allelresultatet ved blot at klikke på hakket – tegnet bliver grønt og angiver, at resultatet er tildelt.

- Konkordanstrafiklys:

Konkordanstrafiklyssystemet har følgende output:



(grøn): Resultaterne af SG og CG er fuldt overensstemmende (på tredje felt),



(gul): Resultaterne af SG og CG er overensstemmende op til fire cifre (andet felt),



(rød/gul): Resultaterne af SG og CG er overensstemmende op til to cifre (første felt),



(rød): Resultaterne af SG og CG er ikke overensstemmende.

Bemærk, at konkordanstrafiklysene kun angives for de bedst overensstemmende alleler, og kun hvis resultatet blev frembragt med Twin-genotypebestemmelsesalgoritmen og den statistiske algoritme, der blev kørt for det specifikke locus.

- Homozygositet: Alleler, som er vist med blå skrift, er homozygote.
- Serologiske ækvivalente antigener: Hvis oplysninger angående de tilknyttede serologiske ækvivalente antigener er tilgængelige for locus, indeholder værktøjstippet til *antigenikonet*



disse oplysninger.

- Sjældne alleler er markeret med et *udråbstegn*

- Nye alleler, som indeholder exoniske (eller nye exons eller introns), er markeret med

, mens nye alleler, der kun indeholder nye introns, er markeret med

- Uligevægtige alleler er vist med *kursiv* skrift.
- Alleludvidelser: Alleler med længere allelsekvenser er markeret med et *plus*

- Lav amplificering: Hvis et mindre allel med velkendt lav amplificering er til stede på listen med uligevægtige mindre alleler, er allelet markeret med

- I dette tilfælde anbefales det kraftigt at validere det homozygot resultat med en alternativ genotypebestemmelsesmetode (f.eks. SSO).

Hvis du lader musen hvile over de forskellige dele i tabellen, vises der et værktøjstip med yderligere tilgængelige oplysninger om sektionerne.

Bemærk

Hvis der kan findes mere end 50 bedst overensstemmende-resultater på et locus, beregnes LD ikke. Hvis du trykker på knappen Show LD details (Vis LD-detajler), vises der ingen oplysninger.

Fra genotypebestemmelsesanalyseresultatdashboardet kan du gå til genotypebestemmelsesprøveresultatet eller direkte til genombrowseren.

I genotypebestemmelsesprøveresultaterne kan du se de detaljerede kvalitetsmetrikker for den analyserede prøve. Du får dem vist ved at fremhæve den prøve, du vil se, og klikke på knappen "Sample Details" (Prøveoplysninger) i den nederste række i topsektionen.

I genombrowseren kan du visualisere de detaljerede resultater for hvert af de typebestemte loci. Du fremhæver den prøve, du vil se, og klikker på knappen "Browse Alignment" (Gennemse alignment) i den nederste række i topsektionen.

Du kan finde yderligere oplysninger i afsnittet Genotypebestemmelsesanalyseresultater i Omixon-håndbogen (Omixon Handbook/ Genotyping Analysis result).

4.4.1 Fejlfinding af manglende resultater

Hvis der ikke kunne rapporteres nogen alleler for et ønsket gen, vises en markering, der beskriver den mulige årsag til det manglende allelkald. Yderligere oplysninger vises ved at lade markøren hvile over informationsikonet ved siden af markeringen og læse værktøjstippet. Følgende tilfælde kan rapporteres:

For ikke-DRB3/4/5 loci:

- *Ingen data til stede* – Ingen data til stede betyder, at locus enten ikke var målrettet i prøven, eller det er faldet ud under sekventering og skal sekventeres igen.
- *Utilstrækkelige data eller lav datakvalitet* – Der er utilstrækkelige data, eller dataenes kvalitet er lav i prøven. Kvalitetskontrolresultater skal kontrolleres for at få flere detaljer.

For DRB3/4/5:

- *Allel ikke forventet* – Der forventes ikke noget allel på dette locus baseret på kendt koblingsuligevægt med HLA-DRB1 og HLA-DQB1.
- *Forventet allel ikke fundet* – Denne markering betyder, at data var forventet for locus/allel baseret på oplysninger om kendt koblingsuligevægt, men blev ikke fundet.
- *Uventet allel fundet* – Data blev fundet for et locus/allel, som ikke var forventet baseret på oplysninger om kendt koblingsuligevægt.
- *Utilstrækkelige data eller lav datakvalitet* – Der er utilstrækkelige data, eller dataenes kvalitet er lav i prøven. Kvalitetskontrolresultater skal kontrolleres for at få flere detaljer.

Når der ikke rapporteres alleler for et ønsket gen, anbefales det at køre den pågældende prøve igen med et højere antal aflæsninger. (Antallet af behandlede aflæsninger kan indstilles i guiden *Advanced Genotyping* (Avanceret genotypebestemmelse)). Årsagerne til

resultaterne med manglende allelniveau kan skyldes, at dækningen ikke når den mindste tærskelværdi på allelet eller på exons, eller at dækningsdybden er for lille. Behandling af flere aflæsninger kan hjælpe med at styrke de signaler, der støtter de korrekte alleler.

4.5 Genotypebestemmelsesprøveresultat

På skærmen med genotypebestemmelsesprøveresultat kan du se nærmere oplysninger om genotypebestemmelsesresultaterne, kvalitetsmetrikkerne og datastatistikkerne for hvert locus i en valgt prøve.

Denne skærm kan opdeles i fire hovedsektioner:

- Informationspanel – bemærk, at strukturen i dette panel er stort set identisk med informationspanelet i genotypebestemmelsesdashboardet (se nærmere ovenfor)
- Funktionspanel: funktionsknapper til filtrering, tildeling, godkendelse osv.
- Resultattabel: Indholdet i resultattabellen er identisk med tabellen på skærmen med genotypebestemmelsesanalyseresultatet, men på denne skærm er tabellen vist i skjult tilstand for at give mere plads til detaljepanelet.
- Detaljepanel: Viser genotypebestemmelsesresultatet, kvalitetsmetrikkerne og datastatistikkerne

Funktionspanelet indeholder følgende knapper:

- Åbning af browseren
- Detaljerede oplysninger om genotypebestemmelse
- Tilpasning af viste resultater
- Tildeling af alleler
- Kommentarer

Den skjulte resultattabel viser det første bedst overensstemmende allelpar for hvert locus. Hvis der er flere bedst overensstemmende allelresultater, angives ambiguitetsgraden ved at farve de berørte felter røde i allelnavnet, mens overensstemmende felter efterlades sorte. I detaljepanelet kan du vælge mellem tre forskellige faner:

- Genotype
 - I sektionen Genotype kan du se den genotype, der er valgt af softwaren.
 - Du kan tilføje/fjerne alleler manuelt
- Quality control (Kvalitetskontrol)
 - Der beregnes flere kvalitetskontrolforanstaltninger for hvert locus. Hver foranstaltning for hvert locus er markeret med et trafiklyssystem.
 - Kvalitetskontrolltabellen har én kolonne til alle metrikkerne og separate kolonner til hvert af de viste loci.
 - Rækken "Overall" (Overordnet) angiver det samlede resultat for hvert af de individuelle loci baseret på trafiklyssystemet.
 - Hver metrik har sin egen række i tabellen. Lige ved siden af metrikkens navn vises et lille "i"-mærke. Hvis du lader musen hvile over "i"-mærket, vises der et popopvindue med en mere detaljeret beskrivelse af den valgte metrik.
 - For hver metrik kan du se trafiklyset, metrikkens værdi og et lille "i"-mærke med oplysningerne om de specifikke grænseværdier for metrikken. Hvis du lader musen hvile over "i"-mærket, vises der et popopvindue med mere detaljerede oplysningerne om den valgte metriks grænseværdier.
- Datastatistik
 - Oversigtssektion – Tælleraflæsninger og proportioner er tilgængelige for flere forskellige trin af analysen.
 - Allelubalancesektion – Denne figur viser allelubalancer pr. region for alle generne.
 - Fragmentstørrelsessektion – Dette histogram viser fordelingen af fragmentstørrelser for parrede aflæsninger.
 - Læsekvalitetssektion – på denne graf vises basiskvaliteten pr. 5 baser for de behandlede aflæsninger. Læsepositionerne er på x-aksen, mens kvalitetsværdierne er vist på y-aksen.

Forskellige loci kan vælges i venstre side af den nederste sektion.

For de valgte loci kan du gå ind i genombrowseren ved at klikke på knapperne "Browse Alignment" (Gennemse alignment), "Browse Allele 1" (Gennemse allel 1) og "Browse Allele 2" (Gennemse allel 2).

Du kan finde yderligere oplysninger i afsnittet Genotypebestemmelsesanalyseresultat i Omixon-håndbogen (Omixon Handbook/Genotyping Sample result).

4.6 Genbrowser

Genbrowseren giver mulighed for visuel inspektion af genomdata. Flere allelkandidater kan søges på samme tid.

Med standardindstillingerne er følgende spor tilgængelige i browseren:

- *Position track (Positionsspor)* – viser koordinaterne for alle synlige spor. Nummereringen starter fra 1.
- *Phasing track group (Fasningssporgruppe)*:

Phasing track (Fasningsspor) – Dette spor indeholder kommentarer til kontinuerligt fasede regioner (fasningsregioner).

Variants track (Variantspor) – Viser antallet af overlappende aflæsningspar mellem to konsekutive heterozygote positioner (dvs. to positioner, hvor de to konsensussekvenser er forskellige). Teksten 'Straight' (Lige) viser det antal aflæsninger for hver konsensus, som understøtter den fasning, der er vist i browseren, mens teksten 'Cross' (Kryds) viser antallet af understøttende aflæsninger for den anden mulige fasning af de to positioner.

- **Consensus sequence 1 (Konsensussekvens 1)** – Den genererede konsensussekvens for et af kromosomerne.
- **Coverage depth for consensus 1 (Dækningsdybde for konsensus 1)** – Viser dybden af dækning for hver position af konsensussekvens 1-assemblering.
- **Consensus sequence 2 (Konsensussekvens 2)** – Den genererede konsensussekvens for det andet kromosom.
- **Coverage depth for consensus 2 (Dækningsdybde for konsensus 2)** – Viser dybden af dækning for hver position af konsensussekvens 2-assemblering.
- **Allele 1 sequence (Allel 1-sekvens)** – Nukleotidsekvens af det allel, som matcher den første konsensus bedst.
- **Region annotation for allele 1 (Regionskommentar for allel 1)** – Kommentarer til exons, introns og UTR'er er vist for allel 1.
- **Coverage depth track for allele 1 (Dækningsdybdespor for allel 1)** – Viser dybden af dækning for hver position af allel 1-alignment.
- **Allele 2 sequence (Allel 2-sekvens)** – Nukleotidsekvens af det allel, som matcher den anden konsensus bedst.
- **Region annotation for allele 2 (Regionskommentar for allel 2)** – Kommentarer til exons, introns og UTR'er er vist for allel 2.
- **Coverage depth track for allele 2 (Dækningsdybdespor for allel 2)** – Viser dybden af dækning for hver position af allel 2-alignment.

For nye alleler vises der to referencespor: Referencesekvensen for det nye allel (*Novel ref*) og referencesekvensen for det nært beslægtede allel (*Rel ref*), hvorfra det nye allel er afledt.

Bemærk, at konsensussekvenser og de tilsvarende korte aflæsninger kan ses i browseren, også når der ikke er fundet nogen overensstemmende allelpar.

Yderligere spor:

- **Noise track (Støjspor)** – Viser systematisk støj, som er filtreret ud under konsensusassemblering. Støjkonsensus indeholder det største nukleotid for hver position.
- **Amino acid track (Aminosyrespor)** – Viser aminosyresekvensen for alle allel- og konsensussekvenser, herunder nye alleler, farvet efter aminosyrehydrofobicitet.

Som standard vises der detaljerede dækningsspor for allelalignments sammen med regionskommentarer. Dækningssporet har indbygget understøttelse af visualisering af basestatistikker: For baser i aflæsninger, som er forskellige fra den faktiske konsensus/referencebase vises den tilsvarende dækningsdybde med tilhørende nukleotidbasefarve proportionalt.

Andre funktioner til korte aflæsningsspor

Ud over standard *dækningsdybdefunktionen* er følgende alternative Visualiseringsfunktioner for korte aflæsninger tilgængelige for det korte aflæsningsspor:

- **Short read mode (Kort aflæsningsfunktion)** – Viser korte aflæsninger vist i strenge, så fremadstreng aflæsningerne (forward strand reads) (lyserød) og bagudstreng aflæsningerne (reverse strand reads) (gul) nemt kan skelnes i visningen.
- **Fragment mode (Fragmentfunktion)** – Parret visualiseringsfunktion, som viser de tilsvarende fremad- og bagud-aflæsninger i par i samme linje. Overlappende sektioner mellem aflæsningspar er markeret med blå, mens ikkeoverlappende aflæsninger er forbundet med en tynd linje.

I begge ovenstående funktioner kan de korte aflæsninger *skjules*, hvilket giver en oversigtsvisning af de korte aflæsninger (og tillader ikke, at den enkelte aflæsning kan inspiceres i detaljer).

4.7 Indstillingsdashboard

Indstillingsdashboardet, som åbnes via *genotypebestemmelsesdashboardet* ved hjælp af knappen *Application settings* (Anvendelsesindstillinger), viser en oversigt over indstillingerne i værktøjet og giver adgang til administrationsfunktionerne og displaykonfigurationerne. Nogle generelle oplysninger om den aktuelle version af softwaren og den aktuelle bruger er også tilgængelige på dette dashboard.

4.7.1 Generelle oplysninger

Der er tre blokke med oplysninger på indstillingsdashboardet:

- **Omixon HLA-udgave:** Denne del indeholder softwarens navn og version, build-id med en dedikeret kopi til udklipsholderknappen og nogle kontakt- og ophavsretsoplysninger.
- **Omixon HLA-udgave:** Denne del indeholder softwarens navn, version og referencenummer og version, build-id med en dedikeret kopi til udklipsholderknappen og nogle kontakt- og ophavsretsoplysninger.
- **Firmaoplysninger:** Denne del indeholder firmaets navn, adresse, websted, teknisk kontakt og salgskontakt.
- **Licensinfo:** Denne del viser antallet af tilgængelige credits og udløbsdatoen for licensen.

4.7.2 Sidebar

Den venstre sidebar indeholder følgende funktionssæt:

Generelt

I denne funktionsgruppe kan du angive, hvor analysedata og resultatfiler gemmes, oprette og administrere protokoller, angive de ønskede gener til analyse og vælge den analyseversion, der skal bruges. Du kan læse mere om protokollerne på hjælpesiden *Analysis Protocols (Analyseprotokoller)*.

Database

Med funktionen *Install New Database (Installer ny database)* kan du konfigurere en eller flere versioner af den IMGT-database, der bruges til genotypebestemmelse. Med funktionen *Select Active Database (Vælg aktiv database)* kan du angive den aktive version af databasen. Genotypebestemmelse igangsættes altid med den aktive version. Du kan angive, om der skal anvendes databaseudvidelser, i menuen *Configure Database Extensions (Konfigurer databaseudvidelser)*.

Administration

Med funktionen *User management (Brugeradministration)* kan du oprette, redigere og deaktivere brugere. Med funktionen *Display Hardware Key (Vis hardwarenøgle)* kan du få vist et alfanumerisk id for din computer, som kan bruges til at generere en licens til den specifikke maskine. Funktionen *Upload Licence (Upload licens)* kan bruges til at importere en licensfil til softwaren manuelt.

Automatisering

Med denne funktionsgruppe kan du konfigurere automatisk analyse på server-client-konfigurationer.

Skærmindstillinger

I denne funktionsgruppe kan du ændre displaykonfigurationerne for genbrowseren. Bemærk, at disse ændringer ændrer softwarens standardfunktionalitet og -udseende. Hvis du kun vil ændre browserindstillingerne midlertidigt, skal funktionen *Display configuration (Displaykonfiguration)* på browserskærmen anvendes. Du kan sætte alle parametrene tilbage til standardværdierne ved hjælp af funktionen *Restore defaults (Gendan standardindstillinger)*. Du kan læse mere om disse indstillinger på følgende hjælpeside: *Genbrowser*.